

基于支持向量回归的血红蛋白浓度无创检测模型

彭福来¹, 水圆圆², 张宁玲¹, 陈财¹, 王卫东³

1. 山东中科先进技术有限公司, 山东 济南 250000; 2. 山东大学数学学院, 山东 济南 250100; 3. 中国人民解放军总医院医疗器械研发与临床评价中心, 北京 100853

【摘要】为实现血红蛋白浓度的无创检测,设计基于支持向量回归的血红蛋白浓度检测方法。首先,基于Beer-Lambert定律建立血红蛋白无创检测数学模型;然后,对采集的光电容脉搏波描记法(PPG)信号进行降噪和滤除基线漂移处理后提取出血红蛋白浓度特征信息,并使用递归特征消除算法对提取的特征信息进行选择,以去除冗余特征;最后,将筛选出的29个特征信息作为回归模型的输入特征,并采用支持向量回归算法构建血红蛋白预测回归模型。通过对249例临床数据进行试验验证(其中199例作为训练数据集,50例作为测试数据集),得出预测值与参考值的均方根误差为1.83 g/dL,相关系数为0.75($P<0.01$),试验结果表明本文方法与传统有创检测方法具有较强的一致性。

【关键词】血红蛋白浓度;无创检测;光电容脉搏波描记法;支持向量回归

【中图分类号】R318;R331

【文献标志码】A

【文章编号】1005-202X(2024)05-0594-06

Non-invasive detection model for hemoglobin concentration based on support vector regression

PENG Fulai¹, SHUI Yuanyuan², ZHANG Ningling¹, CHEN Cai¹, WANG Weidong³

1. Shandong Zhongke Advanced Technology Co., Ltd., Ji'nan 250000, China; 2. School of Mathematics, Shandong University, Ji'nan 250100, China; 3. Medical Device R&D and Clinical Evaluation Center of Chinese People's Liberation Army General Hospital, Beijing 100853, China

Abstract: To achieve non-invasive detection of hemoglobin concentration, a hemoglobin concentration detection method based on support vector regression is designed. A mathematical model for non-invasive hemoglobin detection is established based on the Beer-Lambert law. After removing the noise and baseline drift from the collected photoplethysmography signals, hemoglobin concentration information is extracted, and a recursive feature elimination algorithm is used to select the extracted information and eliminate redundant features. Finally, 29 key features are identified as input to construct a hemoglobin prediction model using support vector regression algorithm. Experimental validation is conducted on 249 clinical data samples (199 cases in training dataset and 50 in test dataset), resulting in a root mean square error of 1.83 g/dL between predicted values and references, with a correlation coefficient of 0.75 ($P<0.01$), demonstrating the high consistency of the proposed method and traditional invasive detection methods.

Keywords: hemoglobin concentration; non-invasive detection; photoplethysmography; support vector regression

前言

血红蛋白是人体血液主要成分,是临床常规的检测项目^[1]。通过检测血红蛋白浓度可以进行贫血筛查,同时血红蛋白浓度是临床输血的重要指标。传统的血红蛋白浓度检测方法通常采用有创的方

式,需要医护人员对患者进行指尖或静脉采血,然后经过专业人员通过检验设备进行检验。传统有创检测血红蛋白的方法虽然精度较高,但有创检测需要破皮取血,容易给患者造成生理和心理负担,而且容易造成感染,最关键的是有创检测方法无法连续动态监测患者的血红蛋白浓度变化趋势,不能及时为术中输血提供指标参考。因此,研究并开发无创血红蛋白浓度检测技术对贫血筛查、术中输血指导具有重要的临床意义^[2]。无创血红蛋白浓度检测是近些年来学术界和产业界研究的热点,国内外学者相继提出了大量研究方法,大致可以分为3类:(1)基于光电容脉搏波描记法(PPG)检测方法^[3-11],该方法

【收稿日期】2023-12-11

【基金项目】山东省自然科学基金(ZR2020QF024, ZR2021ZD40)

【作者简介】彭福来,博士,高级工程师,研究方向:医学信号处理与分析, E-mail: pengfulai1112@163.com

【通信作者】王卫东,博士,研究员,研究方向:医学电子与仪器, E-mail: wangwd301@126.com

检测原理为:光子照射入人体组织后,由于动脉血的搏动,穿过动脉血液的那部分光子被吸收的程度会随着动脉血的搏动而呈周期性的变化,通过对出射光进行探测,会得到出射光强度随心跳变化的信号,即PPG信号,该信号携带大量的组织成分信息。通过采用多种不同波长、对血红蛋白敏感的光作为光源,可以获得多路不同光源的PPG信号,通过对这些信号进行处理分析,可以实现血红蛋白浓度检测;(2)光谱成像方法^[12-17],该方法采用白光、近红外等光源照射组织,通过CCD成像器件对组织进行成像,由于血红蛋白对近红外光的吸收作用,得到的成像会包含血红蛋白浓度信息,通过对图像数据进行处理,建立图像与血红蛋白浓度的映射关系,实现血红蛋白浓度检测;(3)光声光谱方法^[18],该方法利用近红外激光脉冲对人体组织照射,组织对光能量的吸收产生局部热膨胀,该局部热膨胀会产生机械压力,并以声波的形式向周围扩散,由于声波的参数与吸光物质的浓度有关,通过对声波进行检测处理,建立声波与血红蛋白浓度的映射关系,实现血红蛋白浓度检测,该方法具有较高的时间分辨率,但由于产生的声波信号非常微弱,很容易淹没在噪声中。基于PPG的检测方法由于具有精度高、可实现性强、成本低等优点,是目前主流的研究方法。目前国际上两款产品(美国Masimo公司的Rainbow系列和以色列OrSense公司的NBM200)均是基于该原理实现的,但是国内目前还未见相关产品。

基于PPG检测方法的研究主要集中在数据采集方法、信号预处理方法^[19]和数值处理以及预测模型的建模等方面,常用的回归建模方法包括多元线性回归^[20]、主成分回归^[21]、偏最小二乘回归^[22]、人工神经网络^[23]以及支持向量机(Support Vector Machine, SVM)回归^[24]等方法。虽然多元线性回归直接建模自变量和因变量之间的关系,拥有较强的可解释性,但是结果容易受到异常值和离群点的影响。主成分回归和偏最小二乘回归都可以通过降维来简化模型复杂度,能够解决多重共线性的问题,但是它们对于非线性关系的建模效果不佳。因为非线性激活函数的加入,人工神经网络有很强的自学习能力和非线性建模能力,对于噪声的容错能力也有大幅度提高,但是该方法对数据量的需求较大且模型可解释性能差。SVM回归模型综合了以上方法的优点,能够建模复杂的非线性关系的同时对噪声点有一定的容错能力。本文采用基于SVM回归的方法对血红蛋白浓度进行建模分析。为了进一步提高血红蛋白浓度检测能力,本文提出一种基于多波长近红外光的无创检测方法,基于Beer-Lambert定律建立不同光谱下的血红蛋白浓度检测模

型,并基于支持向量回归(Support Vector Regression, SVR)来构建血红蛋白浓度预测模型。

1 血红蛋白浓度无创检测原理

基于PPG信号的无创血红蛋白检测方法的原理基础是Beer-Lambert定律^[25]。Beer-Lambert定律描述的是物质对光的吸收程度与物质的浓度、消光系数以及光在物质中传播的路径长度有关,表示为:

$$I = I_0 e^{-\varepsilon(\lambda)cd} \quad (1)$$

其中, I_0 为入射光的强度, I 为出射光的强度, $\varepsilon(\lambda)$ 为物质对波长为 λ 的光的摩尔消光系数, c 为吸光物质浓度, d 为光在介质中传播的路径长度,称为光程长。对式(1)进行变换得到吸光度为:

$$A = -\ln T = \varepsilon(\lambda)cd \quad (2)$$

人体组织结构复杂,皮肤、肌肉、脂肪、骨骼等组织为非跳变组织,这些组织对确定入射光的吸收及散射程度是固定不变的,而动脉血的搏动则会造成出射光强的改变,因此可以通过测量吸光度的改变量来去除皮肤等非跳变组织的影响,从而检测血红蛋白浓度信息。入射光波长为 λ_1 时,因动脉血搏动引起的吸光度变化量可表示为:

$$\Delta A_1 = [\varepsilon_{1,1}(\lambda_1)c_1 + \varepsilon_{1,2}(\lambda_1)c_2] \Delta < L > \quad (3)$$

其中, c_1 、 c_2 分别为含氧血红蛋白浓度和还原血红蛋白浓度, $\Delta < L >$ 为因动脉血搏动引起的平均光程长的变化量, $\varepsilon_{1,1}(\lambda_1)$ 为含氧血红蛋白对 λ_1 波长光的吸光度, $\varepsilon_{1,2}(\lambda_1)$ 为还原血红蛋白对 λ_1 波长光的吸光度。同理,采用波长为 λ_2 的入射光照射人体组织时:

$$\Delta A_2 = [\varepsilon_{2,1}(\lambda_2)c_1 + \varepsilon_{2,2}(\lambda_2)c_2] \Delta < L > \quad (4)$$

其中, $\varepsilon_{2,1}(\lambda_2)$ 为含氧血红蛋白对 λ_2 波长光的吸光度, $\varepsilon_{2,2}(\lambda_2)$ 为还原血红蛋白对 λ_2 波长光的吸光度,由式(3)和式(4)可得:

$$\frac{\Delta A_1}{\Delta A_2} = \frac{[\varepsilon_{1,1}(\lambda_1)c_1 + \varepsilon_{1,2}(\lambda_1)c_2] \ln(\frac{I_{\min}}{I_{\max}})_{\lambda_1}}{[\varepsilon_{2,1}(\lambda_2)c_1 + \varepsilon_{2,2}(\lambda_2)c_2] \ln(\frac{I_{\min}}{I_{\max}})_{\lambda_2}} \approx \frac{AC_{\lambda_1}/DC_{\lambda_1}}{AC_{\lambda_2}/DC_{\lambda_2}} \quad (5)$$

对于绝大部分正常人而言,总血红蛋白浓度可以看作含氧血红蛋白浓度和还原血红蛋白浓度之和。通过进一步推导,可以得出总血红蛋白浓度为:

$$c_{\text{Hb}} = f(R_{12}, \dots, R_{1N}, R_{21}, \dots, R_{2N}, \dots, R_{N1}, \dots, R_{N,N-1}) \quad (6)$$

上式的 R_{ij} 为:

$$R_{ij} = \frac{R_i}{R_j} = \frac{AC_{\lambda_i}/DC_{\lambda_i}}{AC_{\lambda_j}/DC_{\lambda_j}} \quad (7)$$

其中, AC_{λ_i} 和 DC_{λ_i} 分别为光波长为 λ_i 获取到的PPG信号的跳变成分(AC)和非跳变成分(DC)的幅值强度。

由上述推导结果可知,血红蛋白浓度与特征值 R_{ij} 成某种映射关系,而特征值 R_{ij} 可以通过检测到的PPG信号计算得到。

2 模型构建

模型构建主要包含PPG信号预处理、特征信息提取与选择和回归模型构建3个主要步骤。

2.1 PPG信号预处理

由于外界环境干扰、元器件内部噪声以及信号采集过程中出现的非预期波形变化,如运动干扰等不利因素,采集的PPG信号中难免含有大量的噪声干扰,为了保证后续模型构建的质量,需要首先进行PPG信号的预处理,包括去除高频噪声、工频干扰、基线漂移等无用信息。PPG信号反映的是因人体心脏跳动引起的动脉血搏动而导致的出射光强的变化,其频率通常为1~10 Hz^[5],因此本文首先采用截止频率为10 Hz的有限冲激响应低通滤波器来滤除高频噪声。在信号采集过程中,PPG信号基线成分由于呼吸作用以及受测者姿态改变而缓慢变化,称为基线漂移。基线漂移会给后续特征信息提取带来误差,

进而影响血红蛋白浓度计算的精度,因此需要对基线漂移加以滤除。本文采用小波变换对基线漂移进行提取消除,首先利用“coif5”小波对输入PPG信号进行分解,在尺度为7及以上时,信号主要为基线漂移成分,因此将PPG信号分为7层后,将第7层逼近系数置零,然后将剩余层进行小波重构得到去除基线漂移的PPG信号。

2.2 特征信息提取与选择

2.2.1 特征信息提取 本文采用8个波长(610、630、660、690、750、805、850和940 nm)的近红外光获取血红蛋白浓度信息,根据上一节推导的血红蛋白浓度检测模型,从8个波长光源产生的PPG信号提取特征信息 R_{ij} ,先对预处理后的8个PPG信号进行加窗处理(窗长为5 s),截取有效数据,然后按照式(7)计算特征值信息 R_{ij} ,采用差分方法提取AC成分,以PPG信号的幅值平均值作为DC成分,8个波长的通道数据可以获得56个特征信息。每个通道的PPG信号特征提取流程如图1所示。另外,血红蛋白浓度与患者年龄和性别有一定关系,因此本文将患者年龄和性别也作为血红蛋白浓度检测的特征信息。

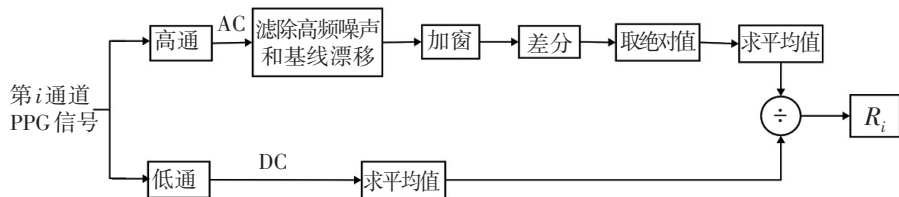


图1 特征提取流程图

Figure 1 Feature extraction process

2.2.2 特征信息选择 由于本文提取的特征信息难免存在信息交叉冗余问题,为了给后续模型构建提供精练、准确的特征信息,本文采用基于序列后向选择思想的递归特征消除(Recursive Feature Elimination, RFE)算法进行特征选择,RFE算法流程图如图2所示。

采用基于SVR的RFE算法(SVR-RFE)进行特征选择,从58个特征信息中选出对血红蛋白浓度预测贡献最高的前几个特征,处理结果如图3所示。由图3可知,当特征信息数量为29时,也即选取前29个贡献率最高的特征时,SVR模型的预测精度达到最高,因此选择前29个贡献率最高的特征进行回归建模。

2.3 基于SVM回归模型构建

SVR是一种基于SVM的回归算法,它通过寻找将数据划分为两类的超平面来找到回归问题中的最

佳拟合曲线,从而将预测误差降至最低。SVM的核心思想是在核函数的作用下,将低维特征空间中线性不可分的样本映射到更高维特征空间使其线性可分。类似的,SVR算法借助核函数的非线性,通过将训练数据以非线性的方式从低维空间映射到高维空间中,以寻找最佳超平面,使得该超平面到离它最远的数据点的距离最小化。

对于给定的包含 m 个样本的数据集 $D = \{(x_1, y_1), (x_2, y_2), \dots, (x_m, y_m)\}$,所要求的超平面表达式定义为:

$$f(x) = W^T \Phi(x) + b \quad (8)$$

式中, $\Phi(x)$ 为非线性映射函数, W 、 b 为待确定的模型参数。模型在函数 $f(x)$ 上构建一个宽度为 2ε 的间隔带,如果预测结果落入此间隔带,则认为预测结果正确,即默认此时模型的误差为0。

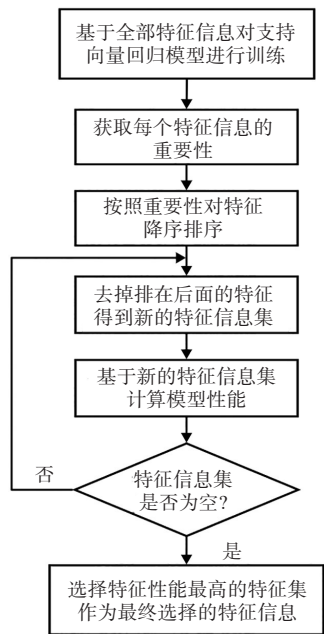


图2 RFE特征选择流程图
Figure 2 RFE feature selection flowchart

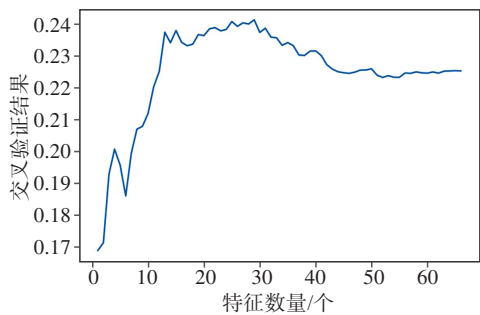


图3 特征数量对SVR模型预测精度的影响
Figure 3 Effects of different quantities of features on the predication accuracy of SVR model

SVR的核心在于找到最合适的超平面使式(9)中 $E(w)$ 取最小值:

$$E(w)=\frac{1}{2}\|w\|^2+C\sum_{i=1}^ml_e(x_i,y_i,f)\tag{9}$$

其中, C 为惩罚参数, ε 为不敏感值, l_e 为不敏感损失函数,定义为:

$$l_e(x_i,y_i,f)=\max\{0,|y_i-f(x_i)|-\varepsilon\}\tag{10}$$

利用非负松弛变量 ζ_i 和 ζ_i^* ,将目标转化为:

$$\begin{aligned} \min_{w,b,\zeta_i} \quad & \frac{1}{2}\|w\|^2+C\sum_{i=1}^m(\zeta_i+\zeta_i^*) \\ \text{s.t.} \quad & f(x_i)-y_i\leq\varepsilon+\zeta_i, y_i-f(x_i)\geq\varepsilon+\zeta_i^* \\ & \zeta_i\geq 0, \zeta_i^*\geq 0, i=1,2,\cdots,m \end{aligned}\tag{11}$$

根据KKT条件,可以得到SVR回归的表达式为:

$$f(x)=\sum_{i=1}^m(\beta_i^*-\beta_i)K(x,x_i)+b\tag{12}$$

其中, β_i 和 β_i^* 分别为松弛变量 ζ_i 和 ζ_i^* 对应的Lagrange乘数。 $K(x,x_i)$ 为满足Mercer条件的核函数。

核函数的选择有很多,为了降低模型复杂度,本文选择参数只有一项的非线性函数径向基函数作为核函数,此时需要选择的超参数有两个(惩罚参数 C 和核函数参数 g),这里采用网格搜索方法寻找组合参数最优解。

3 结果

3.1 数据采集

选取参加医院体检的249例志愿者作为试验对象,其中男100例,女149例,受试者平均年龄为(41.7±24.3)岁,平均身高为(167±12)cm,平均体质量为(67±15)kg,血氧饱和度值为97%±2%。受试者需要在开始测量前静息5 min。在测量过程中,对每位受试者进行指端末梢采血20 μL,并通过全自动血细胞分析仪(希森美康XS-1000i)对血红蛋白浓度进行检测,由此获得Hb的检测值并作为真实值。同时,使用研发的八波长PPG信号采集系统对受试者未采血的手进行2 min的信号采集,并将采集的数据进行保存用于后续处理。

3.2 样本集划分

将采集到的249例样本数据按照8:2的比例随机划分为训练集和测试集,划分后,训练集包含199例样本,测试集包含50例样本。

3.3 试验结果

采用训练集对本文设计的无创血红蛋白浓度检测模型进行训练,采用测试集对模型的性能进行评价,最后得到测试集均方根误差为1.83 g/dL,相关系数为0.75($P<0.01$)。图4为对测试集样本进行预测的结果图,横坐标为传统方法检测的血红蛋白浓度参考值,纵坐标为模型预测的血红蛋白浓度值。

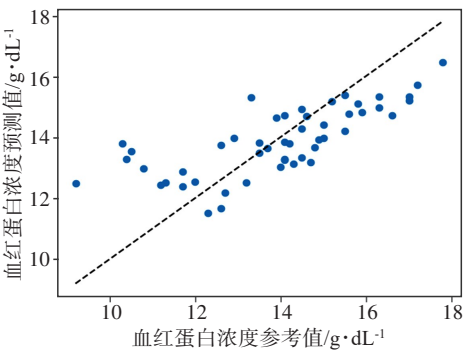


图4 血红蛋白浓度参考值与SVR模型预测值散点图
Figure 4 Scatter plot of hemoglobin concentration reference values and SVR model predicted values

图5为血红蛋白浓度参考值与模型预测值之间的Bland-Altman描述图,横坐标为血红蛋白浓度值,纵坐标为预测值与真实值之间的残差。从图5可以看出,50例测试数据都在95%一致性界限内,表明两种方法具有较好的一致性,说明本文设计的预测模型方法对血红蛋白浓度预测具有一定的鲁棒性和适应性。

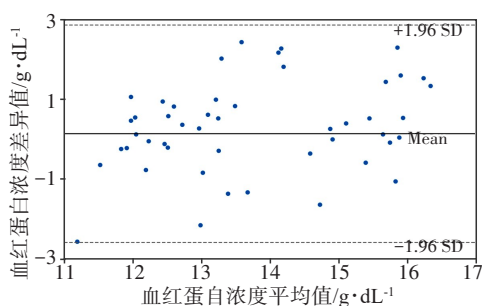


图5 参考值与预测值的Bland-Altman描述图

Figure 5 Blank Altman description of reference and predicted values

为了进一步验证本文所提方法在无创血红蛋白检测中的有效性,将SVR模型的性能与线性回归(Linear Regression, LR)、随机森林(Random Forest, RF)和自适应增强(Adaptive Boost, AdaBoost)经典方法在血红蛋白浓度预测方面进行对比,结果如图6所示,试验结果表明,采用SVR方法可以获得更加准确的预测结果。

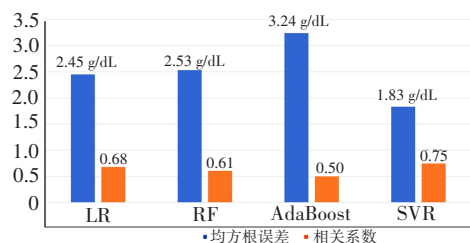


图6 SVR与其他方法在血红蛋白浓度检测中的性能比较

Figure 6 Performance comparison between SVR and other methods

4 结 语

本文提出一种基于SVR的无创血红蛋白浓度检测方法。首先,基于Beer-Lambert定律推导了血红蛋白浓度无创检测模型;然后,对采集的多通道PPG信号进行低通滤波和小波变换等预处理,以滤除高频噪声和基线漂移,并使用SVR-RFE算法对提取的特征信息进行选择,以提高血红蛋白浓度检测的准确性和可靠性。最后,采用SVR算法建立血红蛋白浓

度检测模型,使用199例样本数据对模型进行训练,采用50例样本数据对模型进行测试验证,得出预测血红蛋白浓度值与传统检测方法的均方根误差为1.83 g/dL,相关系数为0.75 ($P<0.01$)。试验结果表明,本文设计的血红蛋白无创检测模型与传统检测方法具有很强的一致性,该方法可以为贫血筛查、术中输血动态监测等临床应用提供一种新的选择。

【参考文献】

- [1] 赵荣荣, 陈彬, 王玉, 等. 多波长光谱无创装置在血红蛋白测量中的应用[J]. 神经损伤与功能重建, 2022, 17(12): 739-741.
- [2] 杨宇祥, 吴彬, 林海军, 等. 无创血糖检测技术研究进展[J]. 分析测试学报, 2022, 41(4): 578-586.
- [3] Sánchez A, Abdallah O, Schöchlin J, et al. Signalprocessing in transmission pulse hemometry[J]. Biomed Tech (Berl), 2002, 47(1 Pt 2): 839-841.
- [4] Fine I, Shvartsman L. Method of optical measurements for determining various parameters of the patient's blood: US 7317939 B2[P]. 2008-01-08.
- [5] 张志勇, 门剑龙, 李刚, 等. 动态光谱法用于人体血红蛋白浓度的无创测量[J]. 光谱学与光谱分析, 2010, 30(1): 150-153.
- [6] Golap MA, Raju SM, Haque MR, et al. Hemoglobin and glucose level estimation from PPG characteristics features of fingertip video using MGGP-based model[J]. Biomed Signal Process Control, 2021, 67: 102478.
- [7] Tian H, Zhang LN, Li M, et al. WSPXY combined with BP-ANN method for hemoglobin determination based on near-infrared spectroscopy[J]. Infrared Phys Technol, 2019, 102: 103003.
- [8] Acharya S, Swaminathan D, Das S, et al. Non-invasive estimation of hemoglobin using a multi-model stacking regressor[J]. IEEE J Biomed Health Inform, 2020, 24(6): 1717-1726.
- [9] Hossain S, Gupta SS, Kwon TH, et al. Derivation and validation of gray-box models to estimate noninvasive *in-vivo* percentage glycated hemoglobin using digital volume pulse waveform[J]. Sci Rep, 2021, 11(1): 12169.
- [10] Kwon TH, Kim KD. Machine-learning-based noninvasive *in vivo* estimation of HbA1c using photoplethysmography signals[J]. Sensors, 2022, 22(8): 2963.
- [11] Zhu JM, Sun RY, Liu HL, et al. A non-invasive hemoglobin detection device based on multispectral photoplethysmography[J]. Biosensors, 2024, 14(1): 22.
- [12] Nadeau RG, Groner W. The role of a new noninvasive imaging technology in the diagnosis of anemia[J]. J Nutr, 2001, 131(5): 1610S-1614S.
- [13] Kinoshita Y, Yamane T, Takubo T, et al. Measurement of hemoglobin concentrations using the astrim noninvasive blood vessel monitoring apparatus[J]. Acta Haematol, 2002, 108(2): 109-110.
- [14] Hasan MK, Haque MM, Adib R, et al. SmartHeLP: smartphone-based hemoglobin level prediction using an artificial neural network[J]. AMIA Annu Symp Proc, 2018, 2018: 535-544.
- [15] Fan ZP, Zhou Y, Zhai HY, et al. A smartphone-based biosensor for non-invasive monitoring of total hemoglobin concentration in humans with high accuracy[J]. Biosensors (Basel), 2022, 12(10): 781.
- [16] Dimauro G, Griseta ME, Camporeale MG, et al. An intelligent non-invasive system for automated diagnosis of anemia exploiting a novel dataset[J]. Artif Intell Med, 2023, 136: 102477.
- [17] Li G, Cheng LY, Liu SY, et al. Non-invasive detection of haemoglobin, platelets, and total bilirubin using hyperspectral cameras[J]. Talanta,

2023, 260: 124634.

[18] Esenaliev RO, Petrov YY, Hartrumpf O, et al. Continuous, noninvasive monitoring of total hemoglobin concentration by an optoacoustic technique[J]. Appl Opt, 2004, 43(17): 3401-3407.

[19] Ram MR, Madhav KV, Krishna EH, et al. Adaptive reduction of motion artifacts from PPG signals using a synthetic noise reference signal[C]//2010 IEEE EMBS Conference on Biomedical Engineering and Sciences (IECBES). Piscataway, NJ, USA: IEEE, 2010: 315-319.

[20] 毛郑霞, 张红飞, 包正荣, 等. 妊娠期糖尿病孕妇分娩前糖化血红蛋白与新生儿血糖及出生体重的相关性分析[J]. 中华糖尿病杂志, 2022, 14(1): 38-42.

 Mao ZX, Zhang HF, Bao ZR, et al. Association between maternal glycated hemoglobin A 1c before delivery in gestational diabetes mellitus pregnancies and neonatal blood glucose and birth weight[J]. Chinese Journal of Diabetes Mellitus, 2022, 14(1): 38-42.

[21] Das S, Kesarwani A, Kisku DR, et al. Non-invasive haemoglobin estimation by observing nail color: a PCA based approach[C]//2022 IEEE 6th Conference on Information and Communication Technology (CICT). Piscataway, NJ, USA: IEEE, 2022: 1-5.

[22] Liu HY, Peng FL, Hu ML, et al. Development and validation of a photoplethysmography system for noninvasive monitoring of hemoglobin concentration[J]. J Electr Comput Eng, 2020, 2020: 3034260.

[23] 徐翠敏, 李世勇, 曾若生, 等. 基于BP神经网络的血红蛋白浓度预测模型研究[J]. 传感器与微系统, 2020, 39(8): 32-35.

 Xu CM, Li SY, Zeng RS, et al. Research on prediction model for hemoglobin concentration based on BP neural network[J]. Transducer and Microsystem Technologies, 2020, 39(8): 32-35.

[24] Oyehan TA, Alade IO, Bagudu A, et al. Predicting of the refractive index of haemoglobin using the hybrid GA-SVR approach[J]. Comput Biol Med, 2018, 98: 85-92.

[25] Webster JG. Design of pulse oximeters[M]. Boca Raton: CRC Press, 1997.

(编辑:陈丽霞)