第43卷第5期

文章编号:1007-5321(2020)05-0064-07

**DOI**: 10. 13190/j. jbupt. 2019-255

# 一种利用随机森林方法检测睡眠呼吸暂停的研究

吕兴凤1, 李金宝2

(1. 黑龙江大学 计算机科学技术学院, 哈尔滨 150080; 2. 齐鲁工业大学(山东省科学院) 山东省人工智能研究院, 济南 250353)

摘要:多导睡眠仪中的多种呼吸信号使睡眠呼吸暂停检测过程变得复杂,影响患者睡眠,对此,提出一种利用随机森林方法进行自动睡眠呼吸暂停检测的方法.腹部呼吸信号经过希尔伯特-黄变换后,呼吸暂停与正常睡眠时的能量和边际谱分布显著不同,通过提取相关频域特征,结合时域特征,利用机器学习中的随机森林方法进行呼吸暂停的检测,有效地降低了检测复杂性,提高了检测准确性.实验结果表明,此方法在检测的便捷性和准确性上优于已有方法,更适用于家庭环境,具有广泛的应用前景.

关 键 词:机器学习;睡眠呼吸暂停;希尔伯特-黄变换;随机森林

中图分类号: TP391 文献标志码: A

## A Method of Detecting Sleep Apnea Using Random Forest

LÜ Xing-feng<sup>1</sup>, LI Jin-bao<sup>2</sup>

(1. School of Computer Science and Technology, Heilongjiang University, Harbin 150080, China;

2. Qilu University of Technology (Shandong Academy of Sciences), Shandong Artificial Intelligence Institute, Jinan 250353, China)

**Abstract:** To solve the problem that various respiratory signals in polysomnography make the detection of sleep apnea complicated and affect patients' sleep, a method of automatic sleep apnea detection using random forest is proposed. The energy and marginal spectrum distribution of sleep apnea is significantly different from that of normal sleep after Hilbert-Huang transform. By extracting the relevant frequency domain features, combining with the time domain features, the random forest method in machine learning method is used to detect sleep apnea, which effectively reduces the detection complexity and improve the accuracy. Experiments show that this method is more convenient and accurate than the existing method, more suitable for home environment, and has a wide range of application prospects.

Key words: machine learning; sleep apnea; Hilbert-Huang transform; random forest

睡眠呼吸暂停(SA, sleep apnea)是指睡眠过程中反复出现短暂呼吸停止的睡眠疾病,直接影响着人们的精神状态和大脑的思维能力,它与脑血管、心血管疾病有很大关联,因此对睡眠呼吸暂停进行检测至关重要[1]. 多导睡眠仪(PSG, polysomnography)

可有效地对睡眠进行监测,可以采集脑电、肌电、眼动、心电等多种生理信号,在采集过程中需要在身体上粘贴各种电极,影响患者正常睡眠. 使用 PSG 监测睡眠需要专用的睡眠实验室,需要睡眠专家手动评分,SA 检测成本比较高. 因此,使用少量或单一

收稿日期: 2019-12-12

基金项目: 国家自然科学基金项目(61370222); 黑龙江省自然科学基金重点项目(ZD2019F003); 黑龙江省属高等学校基本科研业务费基础研究项目(KJCX201815, KJCX201917)

**作者简介:** 吕兴凤(1980—), 女, 副教授.

通信作者: 李金宝(1969—), 男, 教授, 博士生导师, E-mail: lijinb@ sdas. org.

生理信号自动地检测 SA 具有重要的研究意义.

近些年,许多研究使用各种生理信号(心电信 号、呼吸信号以及血氧饱和度等) 检测 SA. 在这些 生理信号中,呼吸信号能直接反应睡眠时的呼吸 情况,经常被用于 SA 检测. 呼吸信号可以从口鼻、 胸部和腹部 3 个不同的部位获取, 在检测 SA 的研 究中,可以结合多个部位获取的呼吸信号进行检 测[2-6],也可以从口鼻或胸部获取的单一呼吸信号 检测 SA[7-12]. 但从多个部位获取呼吸信号需要的 设备种类多,会增加睡眠检测成本,从口鼻部位获 取呼吸信号需要在鼻内放置传感器,对正常睡眠 影响较严重,舒适性较差. 从胸部获取的呼吸信 号,易受心电和肌电信号的影响,许多研究者利用 机器学习方法检测 SA 时,通过对呼吸信号进行傅 里叶变换或小波变换提取频域特征. 傅里叶变换 只能给出信号的整体频率分布,不能直接反映频 率随时间变化的特征. 小波变换对时频域的局部 特征具有良好的表征,但小波基的选择直接影响 频域特征的提取.

针对上述问题,提出一种利用随机森林(RF, random forest)方法检测 SA 的方法. 该方法仅利用单一腹部呼吸信号检测 SA,解决了从口鼻和胸部获取呼吸信号过程中舒适性差、易受干扰等问题. 针对非平稳的腹部呼吸信号,通过希尔伯特-黄变换(HHT, Hilbert-Huang transform),克服了傅里叶变换不能反映时频局部性的缺点,又不受小波基选择问题的局限,提取正常睡眠和 SA 时发生显著变化的频域特征,再结合时域特征,通过机器学习方法,进行自动 SA 检测,不需要睡眠专家手动分析每个睡眠分段,降低了睡眠检测成本.

# 1 利用腹部呼吸信号 SA 检测方法

#### 1.1 总体思想

为了解决呼吸信号采集过程舒适性差、非平稳的呼吸信号频域特征提取困难的缺点,提出利用 RF 方法自动检测 SA 的方案. 首先,需要对腹部呼吸信号进行预处理,过滤掉肌电、工频等干扰信号;其次,提取呼吸信号的时域特征和频域特征,考虑到腹部呼吸信号属于非平稳信号的特点,利用 HHT 提取频域相关特征,这些特征在正常睡眠和 SA 时存在显著不同,能够用来检测 SA;再次,由于特征间存在冗余,需要进行特征选择;最

后,将选择后的特征利用不同的机器学习算法检测 SA,并根据每个分段检测结果统计测试者的睡眠呼吸暂停次数,从而检测该测试者是否为睡眠呼吸暂停患者.

#### 1.2 预处理阶段

从腹部获取呼吸信号时,由于存在体动,有时会使呼吸信号产生空值,所以首先需要对呼吸信号中的空值进行补充,使用相邻数据的均值补充空值.将数据填充完整之后,需要对腹部呼吸信号按照60 s 的时间进行分段,每段数据包括60 × 100 个数据点,对应一个睡眠呼吸暂停(A, apnea)或正常睡眠(N, normal sleep)标签.

获取腹部呼吸信号时,存在工频和肌电等高频噪声,为了提高 SA 检测的准确性,预处理阶段需要对噪声进行过滤处理. 由于腹部呼吸信号的采样频率为 100 Hz,频谱的频率识别间隔为 100/6 000 = 0.017 Hz,成年人的呼吸频率为 12~25 次/min,呼吸频率范围在 0.2~0.416 7 Hz,而婴幼儿的呼吸频率最高可达到 44 次,呼吸频率可达 0.748 Hz,故可采用 8 阶的低通巴特沃斯进行过滤,截止频率为 0.8 Hz.

#### 1.3 特征提取

预处理后,需要提取每个腹部呼吸信号分段的特征.这些特征主要分为两类:一类为时域上的统计特征,包括波峰和波谷的极大值、极小值、均值和方差等;另一类为频域上的特征,需要将呼吸信号进行 HHT,提取变换后的相关特征,包括每个本征模态的瞬时振幅、能量百分比和边际谱等特征.

#### 1.3.1 时域特征

每个分段的腹部呼吸信号在提取时域特征时, 需要识别信号的波峰和波谷.根据腹部呼吸信号振 幅的变化和波峰、波谷的时间间隔,正确地识别波 峰、波谷.在此基础上,提取以下6个时域特征.

- 1) 波峰和波谷振幅的统计特征包括均值、方 差、最大值和最小值等特征.
- 2) 左斜率和右斜率的特征. 斜率通过波峰和波谷的振幅之差除以两点的时间差计算,分别提取左、右斜率的均值和标准差作为特征.
- 3)相邻波峰之间时间间隔的特性.将相邻波峰之间时间间隔的均值、标准差作为特征.
  - 4) 呼吸信号振幅的均值特征. 将每个分段腹

部呼吸信号振幅的均值作为特征.

5) 相邻波峰振幅差异的自相关系数. 自相关 系数是指同一事件在 2 个不同时期之间的相关程 度. 呼吸信号中的相关系数指相邻波峰振幅差异的 自相关系数,其计算公式为

$$\rho_{k} = \frac{\sum_{t=1}^{n-k} (R_{t} - \overline{R}) (R_{t+k} - R)}{\sum_{t=1}^{n} (R_{t} - \overline{R})^{2}}$$
(1)

其中: $R_t$ 为第 t 个波峰与第 t+1 个波峰振幅之间的差异,R为每个分段内波峰振幅差异的平均值,k 为自相关系数中滞后的步数.

6) 吸入呼吸面积与呼出呼吸面积的相关特征. 吸入、呼出呼吸面积为相邻波谷、波峰之间曲线所围成的面积. 每个分段吸入、呼出面积的平均值以及他们之间比值的计算过程为

$$I = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^{n} \sum_{j=i}^{i+T} (d_j - t_i)$$
 (2)

$$O = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^{n} \sum_{j=i}^{i+T} (d_j - t_{i+1})$$
 (3)

$$V = \frac{I}{O} \times 100\% \tag{4}$$

其中:T为相邻波峰和波谷之间的时间间隔, $t_i$ 为第 i个波谷, $d_j$ 为波峰和波谷之间的振幅值,n 为每个分段中吸入或呼出的次数.

#### 1.3.2 HHT 的频域特征

为了更好地提取腹部呼吸信号的频域特征,进行 SA 检测,需要对呼吸信号进行 HHT. HHT 需要对呼吸信号进行两步操作:首先进行经验模式分解(EMD, empirical mode decomposition),得到有限个本征模态函数(IMF, intrinsic mode functions);其次对每个 IMF 做希尔伯特变换,得到呼吸信号的瞬时相位和瞬时振幅信息.

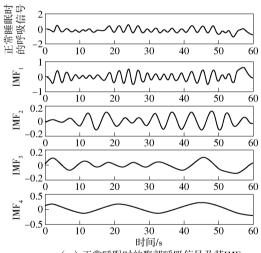
EMD 可以将信号中存在的不同尺度的波动分解,得到不同的 IMF,每个 IMF 满足 2 个条件:局部极值点和过零点的数目相等,或最多只差 1 个;局部最大值和局部最小值包络线的均值必须为 0. 呼吸信号经过 EMD 分解后得到

$$D(t) = \sum_{i=1}^{n} F_i + r(t)$$
 (5)

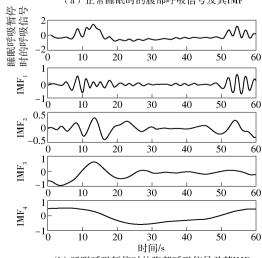
其中:D(t)为第 t min 的呼吸信号, $F_i$ 为第 i 个 IMF 的值,n 为 IMF 的总个数,r(t) 为分解后的残余分量.

EMD 分解具有自适应性,分解 IMF 的数目取决于信号的稳定性,信号越平稳,分解 IMF 的数目越少.由于腹部呼吸信号属于非平稳信号,每段呼吸信号分解得到的 IMF 数目不等.为了使每段呼吸信号提取相同数目的特征,需要统一 IMF 数目,由于IMF 是按照从高频到低频的频率变化排序的,所以选择前 4 个 IMF 用作提取特征.图 1(a)和(b)所示为正常睡眠和 SA 时 60 s 的腹部呼吸信号以及通过EMD 分解后得到的 4 个 IMF. 从图 1 可以看出,每个 IMF 包含不同的频率成分,可以根据这些频率成分提取相应的频域特征.

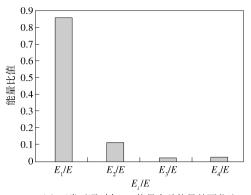
针对每个 IMF 进行希尔伯特变换,得到瞬时振幅和瞬时相位.通过计算瞬时振幅的平方和可以得到能量值.由于每个 IMF 包含不同的频率成分,则各 IMF 的能量形成了呼吸信号能量在频率域上的一种自动划分,各频带能量的变化表明了睡眠时的呼吸情况.图 1(c)和(d)中的 *E;/E* 表示第 *i* 个 IMF



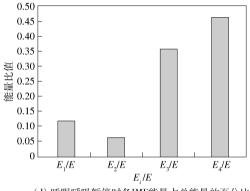
(a) 正常睡眠时的腹部呼吸信号及其IMF



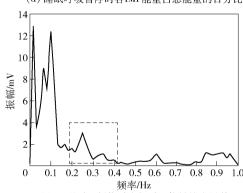
(b) 睡眠呼吸暂停时的腹部呼吸信号及其IMF



(c) 正常睡眠时各IMF能量占总能量的百分比



(d) 睡眠呼吸暂停时各IMF能量占总能量的百分比



(e) 睡眠呼吸暂停时腹部呼吸信号的边际谱

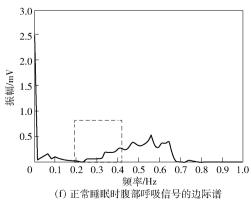


图 1 正常睡眠和睡眠呼吸暂停时的信号与特征对比

的能量占总能量的百分比,可以发现,正常睡眠时 IMF,所占能量的百分比很高,而 SA 时 IMF,和 IMF<sub>4</sub> 所占的能量百分比较高. 在2 种睡眠状态下各 IMF 能量占总能量的百分比存在明显不同,因此可以将各 IMF 的能量百分比作为检测 SA 的特征.

对每个 IMF 作希尔伯特变换后累加得到希尔伯特谱,在时间上对希尔伯特谱进行积分,得到呼吸信号的边际谱. 希尔伯特谱是时间、频率、振幅三者的共同表现. 边际谱是每一个频率值所对应的总幅度值,表示整个时间跨度内信号在每个频率点上能量累积的分布情况. 正常睡眠和 SA 时边际谱的波动程度不同,如图 1(e)和(f)所示,其中虚线矩形框内的曲线为呼吸信号的边际谱,正常睡眠时边际谱的变化较为平缓,而 SA 时边际谱的起伏较大. 由此可以看出,在 2 种睡眠状态下,边际谱曲线存在显著差异,可以将边际谱作为检测 SA 的频域特征.

腹部呼吸信号经过 HHT 变换后,根据各 IMF 的瞬时振幅和边际谱的值提取了以下 3 个特征.

- 1) 各 IMF 瞬时振幅的特征. 包括  $IMF_1$ 到  $IMF_4$  瞬时振幅的均值和标准差.
- 2) 各 IMF 的能量百分比特征. 将各 IMF 能量占总能量的百分比作为检测 SA 的特征.
- 3) 边际谱的相似性特征. 由于正常睡眠和 SA 时边际谱的曲线波动程度不同,为了更好地描述每个 IMF 的边际谱特征,根据所有正常睡眠的边际谱构造了一个模板,再计算每个分段的边际谱与该模板的相似性,将相似性作为检测 SA 的特征. 构造了一个模板,再计算每个分段的边际谱与该模板的相似性,将相似性作为检测 SA 的特征.

#### 1.4 特征选择方法

针对每个分段的腹部呼吸信号,共提取 43 个特征,包括 27 个时域特征和 16 个 HHT 相关特征.由于这些特征之间存在冗余,对分类的准确性产生影响,在分类之前需要对特征进行选择.主要采用对特征子集进行评估的特征选择方法,使用最佳优先的完全搜索方法,从空属性集开始向前搜索,迭代地添加与类关联度最高的属性,并且在已选子集中没有与该属性关联度高的属性.如果连续若干个特征都不能使 SA 的检测性能有所改进,则停止搜索.通过这种方法可以选择与类别相关性高、特征间相关性低的特征.

#### 1.5 分类算法的选择

在经过特征选择后,使用朴素贝叶斯(NB,naïve Bayes)、支持向量机(SVM,support vector machines)、

逻辑回归(LR,logistic regression)、决策树(DT\_J48, decision tree\_J48)等典型的机器学习算法检测 SA, 或者使用将多个弱学习器结合,完成分类任务的集成算法,如自适应提升(AB,adaBoosting)和 RF 方法检测 SA. RF 是一个包含多个决策树的分类器,输出的类别由各个子树投票决定. RF 与其他分类算法相比,具有准确度高、对噪声和异常值有较强的鲁棒性、实现简单等特点. 针对PhysioNet 上的 Apnea-ECG 数据集,在典型分类算法上采用十折交叉验证方法,从准确度(Acc,accuracy)、召回率(Rec,recall)、接收者操作特征(ROC,receiver operating characteristic)曲线、马修斯相关系数(MCC, matthews correlation coefficient)评估分类算法的性能.

### 2 实验结果与分析

#### 2.1 实验数据源

为了验证 SA 检测方法的有效性,使用 Physio-Net 网站上的 Apnea-ECG 数据集作为训练和测试数 据. PhysioNet 是一个由美国国家通用医学科学院、 国家生物医学成像和生物工程院共同支持的、面向 科研人员免费提供生理信号库和其处理工具的资源 网站. 该网站的 Apnea-ECG 数据集中有 8 个被测试 者的夜间呼吸信号,这些呼吸信号分别从鼻、胸部和 腹部3个部位进行采集,为了减少通道数量,不影响 测试者的正常睡眠,仅利用腹部缚带采集的呼吸信 号. 采用感应体积描记技术,在缚带上固定两条绝 缘线圈,线圈围绕面积因呼吸运动发生改变,从而描 记腹部呼吸运动曲线. 呼吸信号的采样频率为 100 Hz, 分辨率为 16 bit. 数据集中每个测试者的年龄在 27~63 岁之间,体重为35~135 kg,睡眠监测时长为 7~10 h. 这8个测试者共包含4953个睡眠分段,每 个分段的时长为60 s. 睡眠专家按照美国睡眠医学 会标准,为每分段的呼吸信号打好标签.

#### 2.2 特征选择结果

通过对特征子集进行评估,删除冗余特征,最后选择16个特征放入分类算法中,包括10个时域特征和6个频域特征,特征选择结果如表1所示.

#### 2.3 分类算法的性能比较

利用典型的机器学习算法进行 SA 检测,使用 Acc、Rec、精确度(Pre, precision)等性能指标评估各种算法的性能. 各机器学习算法的参数设置直接影响分类的准确性,根据 SA 检测的结果,可不断调整

表 1 特征选择结果及特征的描述

特征名称	特征的描述			
Imf <sub>3</sub> _a_ave, Imf <sub>3</sub> _a_std	IMF <sub>3</sub> 的均值和标准差			
${\rm Imf_4\_a\_ave}$ , ${\rm Imf_4\_a\_std}$	IMF <sub>4</sub> 的均值和标准差			
Imfl_e/E	IMF <sub>1</sub> 占总能量的百分比			
Peak_std	波峰的最大值			
peak_max, peak_min	波峰的最小值和标准差			
$Left\_slope\_std$	左斜率的标准差			
Left_slope_min	左斜率的最小值			
Right_slope_std	右斜率的标准差			
Peak_to_peak_std	波峰之间间隔的最小值			
Peak_to_peak_min	波峰之间间隔的标准差			
Row_dat_std	呼吸信号的标准差			
Autocorrl	滞后一步的相关系数			
Marginal_spe_sim	呼吸信号的边际谱的相似性			

各分类算法的参数,最后确定各算法的参数如下: SVM 算法使用高斯径向基作为核函数;决策树算法 J48 的置信因子设置为 0.25,每个叶子的最小实例数为 2;LR 使用最大似然方式来求解模型,使用 L2 正则项;集成分类 AB 算法使用决策桩作为基分类器,迭代次数为 10;RF 方法中设置树的个数为 100棵,树的深度不限制,每棵树使用 6 个特征.

各分类算法检测 SA 的性能如表 2 所示. 可见, RF 方法在各性能指标上的表现均为最好,其准确度可以达到 95%. 由于 RF 方法属于集成分类算法,采用有放回的随机抽样来训练多个分类器,使用投票机制决定最后的分类结果,检测的性能比单个分类算法要好,而且通过平均决策树,可降低过拟合的风险性.

表 2 不同分类算法的性能评估

方法	Acc/%	Pre/%	Rec/%	F-M	MCC	ROC
SVM	0. 832	0. 841	0. 832	0. 833	0.665	0. 838
LR	0. 947	0. 947	0. 947	0. 947	0.890	0. 985
NB	0. 932	0. 935	0. 932	0. 932	0.864	0.962
J48	0. 931	0. 932	0. 931	0. 931	0. 858	0. 926
AB	0. 932	0. 934	0. 932	0. 932	0.862	0. 974
RF	0. 950	0. 951	0.950	0. 951	0.898	0. 990

#### 2.4 AHI 的评估

为了判断每个测试者是否为睡眠呼吸暂停患者,需要计算睡眠呼吸暂停低通气指数(AHI,apnea

hypopnea index)的值,即单位时间内呼吸暂停的次数.使用 RF 方法检测 SA 后计算得到的 AHI 与患者真实的 AHI 进行比较,从实验结果中可以发现,计算得到的与真实的 AHI 值非常接近. 若将 AHI 为 5 作为判断一个测试者是否为睡眠呼吸暂停患者的阈值,即每小时呼吸暂停的次数大于等于 5,则为睡眠呼吸暂停患者;否则测试者属于正常睡眠,每个测试者的检测结果与睡眠专家的分类结果一致.

#### 2.5 对比分析

利用腹部呼吸信号检测 SA,与现有典型方法在准确度、敏感度(Sen, sensitivity)和特异度(Spe, specificity)上进行对比分析,结果如表 3 所示. 可以发现,同时使用鼻气流(AF, airflow)、胸部(TE, thoracic effort)和腹部(AE, abdominal effort)呼吸信号检测SA可以得到较高的准确度.

表 3 本文方法与其他方法的 SA 检测性能对比

	信号	分类器	Acc/%	Sen/%	Spe/%
Cafer <sup>[2]</sup>	AF AE TE	RF	98. 6	_	_
Haidar <sup>[3]</sup>	AF AE TE	CNN	83.5	_	_
Koley <sup>[7]</sup>	AF	SVM	89. 6	92. 8	88. 9
Gutierrez <sup>[8]</sup>	AF	AB-CART	86. 5	89. 0	80. 0
Bianchi <sup>[9]</sup>	TE	阈值	92. 0	90. 2	84. 6
本文	AE	RF	95.0	94. 4	96. 0

Cafer 等<sup>[2]</sup>对 3 种呼吸信号进行了小波变换,分解得到 11 个子信号,提取每个子信号的 8 个统计特征,再利用 RF 算法检测 SA,可以得到 98.6%的准确度,但此过程对小波基的选择比较敏感,而且这些算法需要同时获取多个部位的呼吸信号和多种设备,不但增加检测成本,而且影响患者的正常睡眠.而腹部呼吸信号可通过带有压力传感器的床垫、视频监控等便携式设备获取,便于家庭环境检测 SA. Haidar 等<sup>[3]</sup>利用卷积神经网络(CNN, convolutional neural network)自动学习特征,将鼻气流、腹部和胸部呼吸同时输入检测模型中,针对 2 057 个患者多次利用卷积和池化操作自动检测 SA,可以达到83.5%的准确度,但此算法需要大量的数据,而且训练的时间比较长.

在利用鼻气流呼吸信号检测 SA 的算法中, Koley 等<sup>[7]</sup>提取 3 个时域特征,利用 SVM 算法检测 SA 和低通气综合征,可以得到 89.6% 的准确度和 92.8% 的敏感度. RF 算法在泛化能力、噪声鲁棒性 和不平衡分类上都优于 SVM 算法,因此,利用 RF 算法可达到 95% 的准确度、较高的敏感度和特异度. Gutiérrez 等<sup>[8]</sup>提取功率谱特征和非线性特征,利用自适应提升算法——分类回归树 (AB-CART, adaBoost-classification and regression tree),准确度达到 86.5%,低于 RF 算法的准确度. Bianchi 等<sup>[9]</sup>利用设定阈值的方法,根据胸部呼吸信号振幅下降比例和低振幅持续时间,采用自适应阈值方法检测 SA,得到 92% 的准确度,但此方法适用于中度、重度 SA 患者. 利用 RF 自动检测 SA 的方法,通过对腹部呼吸信号进行 HHT 变换,提取频域特征,再结合时域特征进行 SA 检测,在准确度、敏感度和特异度上都优于其他单一呼吸信号的检测方法,在便捷性上优于多种呼吸信号的检测方法.

### 3 结束语

利用 RF 自动检测 SA 的方法,通过使用单一的腹部呼吸信号,降低了多种生理信号的复杂性,提高了检测的便捷性;通过 HHT 将呼吸信号分解为若干个平稳信号,并提取能量特征和边际谱特征,这些特征能够更好地区分正常睡眠和 SA,提高了检测的准确性;利用集成分类算法 RF 自动检测 SA,简化睡眠专家的手动评分过程,降低检测成本,更适应于家庭检测环境. 实验结果表明,单一的腹部呼吸信号通过 HHT 变换后,提取的频域特征利用 RF 方法可得到很好分类性能,优于其他检测方法.

由于 Apnea-ECG 数据集中的信号使用 PSG 设备采集,信号中含噪声成分比较少,但适合家庭使用的便携式设备采集的呼吸信号质量通常比较差,今后将会研究如何利用这些低质量的呼吸信号进行睡眠呼吸暂停检测. 在利用 RF 方法检测 SA 的方案中,目前只能检测每一分段的呼吸信号是否属于睡眠呼吸暂停,并未检测出 SA 的发生时间,下一步工作将会研究如何实时监测 SA.

#### 参考文献:

- [1] Wu H, Stone W S, Hsi X, et al. Effects of different sleep restriction protocols on sleep architecture and daytime vigilance in healthy men [J]. Physiological Research, 2010, 59(5): 821-829.
- [2] Cafer A, Ahmet A, Feng L, et al. Sleep apnea classification based on respiration signals by using ensemble methods [J]. Bio-Medical Materials and Engineering,

- 2015, 26(1): 1703-1710.
- [3] Haidar R, McCloskey S, Koprinska I, et al. Convolutional neural networks on multiple respiratory channels to detect hypopnea and obstructive apnea events [C] // International Joint Conference on Neural Networks. [S. l.]: IEEE Press, 2018: 1-7.
- [4] Kagawa M, Tojima H, Matsui T. Non-contact diagnostic system for sleep apnea-hypopnea syndrome based on amplitude and phase analysis of thoracic and abdominal Doppler radars [J]. Medical & Biological Engineering & Computing, 2016, 54(5); 789-798.
- [5] Chen Y C, Hsiao T C. Instantaneous phase difference analysis between thoracic and abdominal movement signals based on complementary ensemble empirical mode decomposition [J]. BioMedical Engineering OnLine, 2016, 15(1); 1-21.
- [6] Maali Y, Al-Jumaily A. Automated detecting sleep apnea syndrome: a novel system based on genetic SVM[C] // International Conference on Hybrid Intelligent Systems. Melacca: IEEE Press, 2011: 590-594.
- [7] Koley B L, Dey D. Automated detection of apnea and hypopnea events [C] // Third International Conference on Emerging Applications of Information Technology. Kolk-

- ata: IEEE Press, 2013: 85-88.
- [8] Gutiérrez-Tobal G, Alvarez D, Del Campo F, et al. Utility of adaBoost to detect sleep apnea-hypopnea syndrome from single-channel airflow [J]. IEEE Transactions on Biomedical Engineering, 2016, 63(3): 636-647.
- [9] Bianchi M T, Lipoma T, Darling C, et al. Automated sleep apnea quantification based on respiratory movement [J]. International Journal of Medical Sciences, 2014, 11 (8): 796-802.
- [10] Koley B L, Dey D. Real-time adaptive apnea and hypopnea event detection methodology for portable sleep apnea monitoring devices[J]. IEEE Transactions on Biomedical Engineering, 2013, 60(12): 3354-3363.
- [11] Barroso-García V, Gutiérrez-Tobal G, Leila K G, et al. Irregularity and variability analysis of airflow recordings to facilitate the diagnosis of paediatric sleep apnoea-hypopnoea syndrome [J]. Entropy, 2017, 19(9): 447-463.
- [12] Minu P, Amithab M. SAHS detection based on ANFIS using single channel airflow signal [J]. International Journal of Innovative Research in Science, Engineering and Technology, 2016, 5(7): 13053-13061.