

生物医学数据 APPLE II PLUS 微型计算机处理系统的软件设计

余 敏 忠

(中山医科大学生理学研究所, 广州)

在生理科学研究和临床中, 为了提取尽可能多的生物医学信息, 利用通用微型计算机处理生物医学数据, 灵活性大, 适应性广。本文介绍一种 APPLE II PLUS 微型计算机生物医学数据处理系统, 同时给出了此系统正弦波、方波及实际的脑电信号数字处理的一些结果。

一、生物医学数据 APPLE II PLUS 微型计算机处理系统的硬件

总框图如图 1 所示。本系统以 APPLE II PLUS 主机为基础, 包括 6502CPU、48 KRAM 和 16KROM, 配以包括 ADC0809 的 A/D 卡、12 英寸的绿色 CRT、FX-100 打印机、6522 卡和两个 $5\frac{1}{4}$ 英寸软盘驱动器, 还可以增设绘图机和录音机等外部设备。

本系统有键盘输入接口、CRT 接口、扬声器

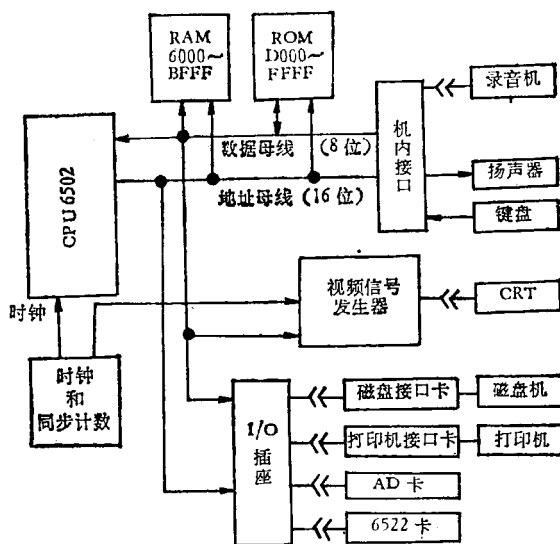


图 1 APPLE II PLUS 系统硬件总框图

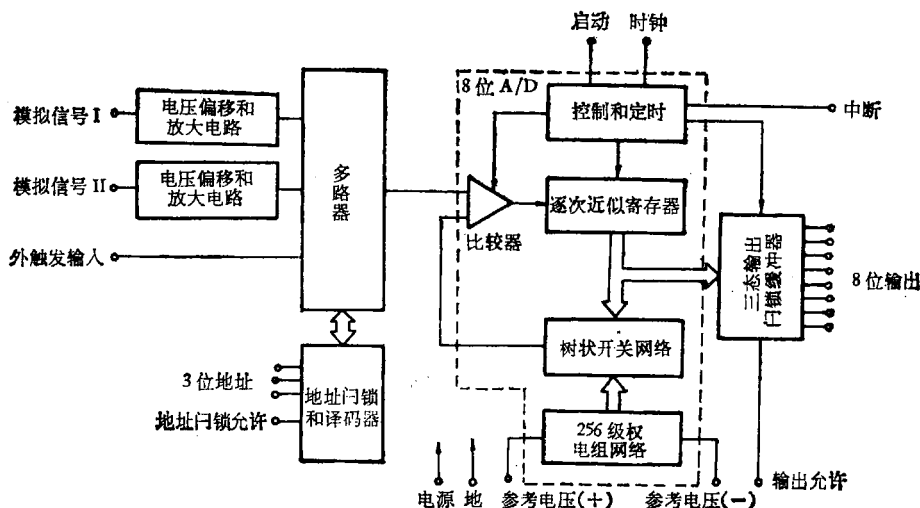


图 2 A/D 转换器原理框图

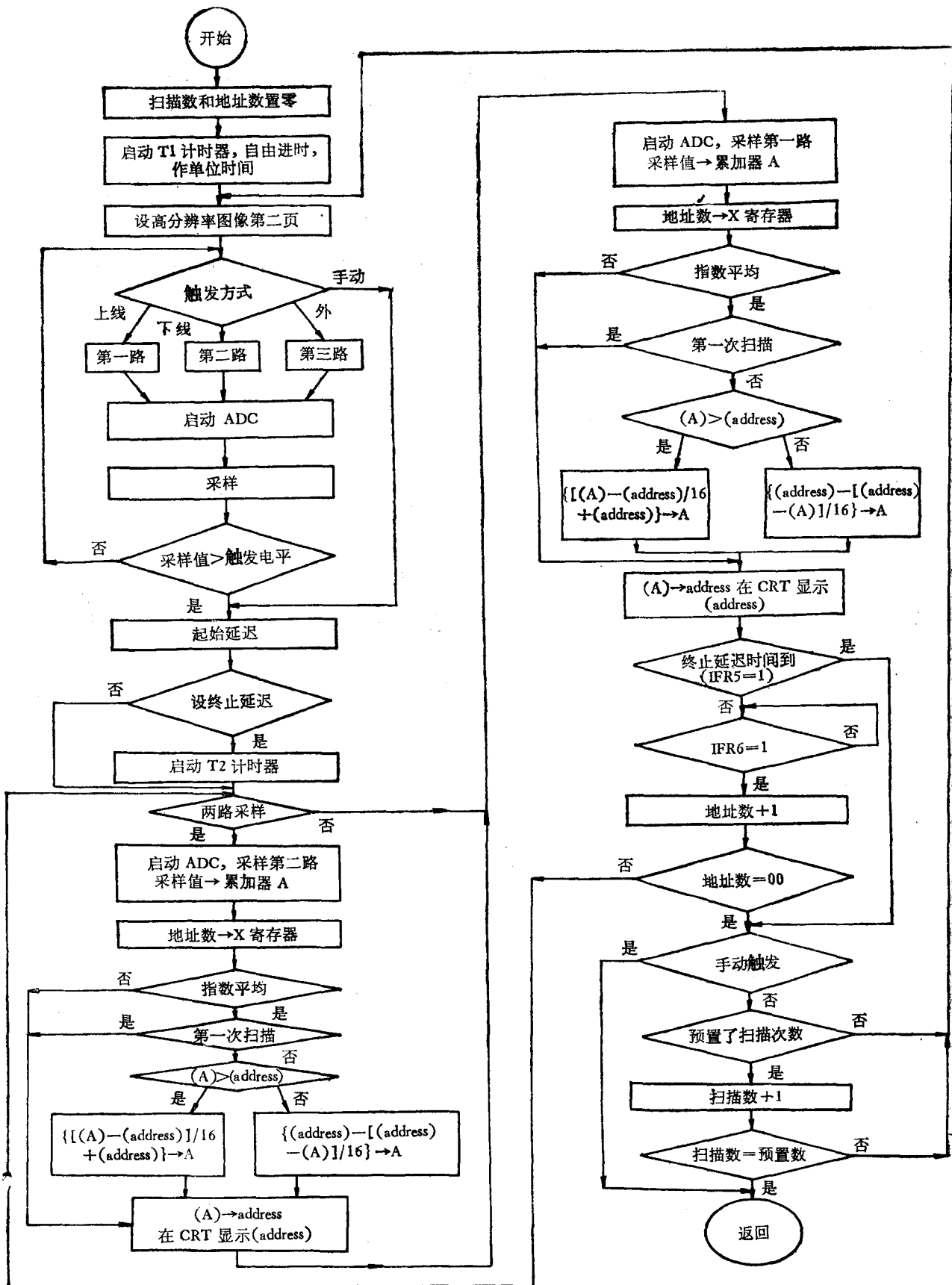


图 3 A/D 转换、指数平均和记忆示波程序流程图

图中, (address) 为地址 address 中的内容, (A) 为累加器 A 中的内容。

器输出接口、录音机 I/O 接口和八个外部设备 I/O 插座。A/D 卡、6522 卡、打印机接口卡、磁盘机接口卡分别插在这些插座上。CPU 和这些接口进行信息交换时,是把这些接口当作存储器的存贮单元进行寻址的。

A/D 转换器原理框图如图 2 所示。A/D 转换器采用八位的 ADC0809,ADC 转换时间为 $100\mu s$,输入电压范围为 $0-+5$ 伏。本系统利用 ADC 0809 的第一和第二路作为生物电信号的输入口,第三路作为同步触发信号的输入口。在第一和第二路输入端前用前置电压偏移

及放大电路把 $-1-+1$ 伏的输入电压转换成 $0-+5$ 伏的电压再输入 ADC 0809,以适应生物电和 ADC 各自的电压范围。

本系统的扫描的单位时间和终止延迟分别由 6522 的 T1 与 T2 时段计时器控制。它们的基本原理是:一个数目被载入计数器,然后依系统时钟脉冲速率渐减,直到它为零为止;此时,中断标志寄存器内一个标志被设定。这两个计时器的各种特性是受辅助控制寄存器(ACR),中断标志寄存器(IFR)及中断允许寄存器(IER)内诸数元的状态所控制。

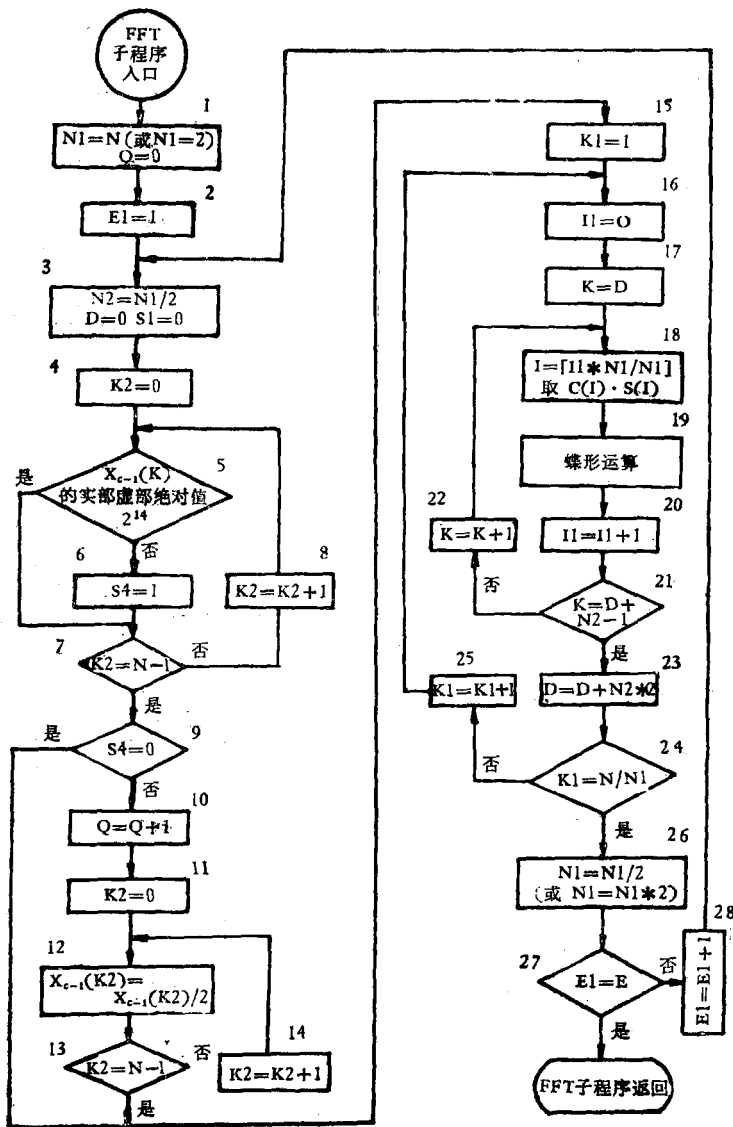


图 4 FFT 子程序流程图

二、系统的软件设计

(一) 系统的软件设计

整个系统的软件包括两路或一路 A/D 转换、指数平均^[1]、记忆示波、信号平滑、FFT 功率谱分析、相关分析、微分、积分。本系统采用节目单方式列出各种项目供使用者选择。不同的处理方式对应不同的模块。本文只选摘部分程序进行讨论。

(二) A/D 转换、指数平均和记忆示波

本程序用机器语言组成(图 3),占 3/8K 内存。采样点数为 256。可对一或二路输入信号同时进行处理,系统最小采样时间为 250 μ s。每采样一点,就处理一点,显示一点。启动本程序在 CRT 上扫描显示指数平均或记忆示波结果,有五种触发方式:外触发、上线自动触发、下线自动触发、连续、手动触发、触发电平可以在 0—+5 伏(外触发)或 0—+1 伏(其它触发方式)间选择。结果以 256 点/行、192 行/帧的高分辨率图像在 CRT 上显示,然后可根据需要,在打印机打印该结果的高分辨率图像。起始延迟有十四档(0、1、2、5、10、20、50、100、200、500、1000、2000、10000ms),用软件延时回路实现。终止延迟有五档(5、10、20、60、 ∞ ms),由 6522 T2 计时器控制。单位时间有八档(0.25、0.5、1、2、5、10、20、60ms),由 T1 计时器控制。

为了一开始就获得幅度较稳定的输出波形,考虑到我们一般处理的动物大脑皮层诱发电位各次诱发反应之间的电位变化缓慢,系统采用了精度高、稳定性好的指数平均法。对于某一固定时间延迟 iT 的采样点 i 来说,第 m 次扫描的指数平均结果为:

$$M_m^i = M_{m-1}^i + \frac{f(t_m + iT) - M_{m-1}^i}{X},$$

$$M_0^i = f(t_1 + iT), m = 1, 2, 3, \dots$$

信噪比改善为 $\sqrt{2X}$, 其中 $f(t_m + iT)$ 为第 i 点第 m 次的采样值, T 为单位时间, X 为一固定值。考虑到被处理的动物大脑皮层诱发电位的信噪比范围和为了编程方便,取 $X = 2^4$ 。

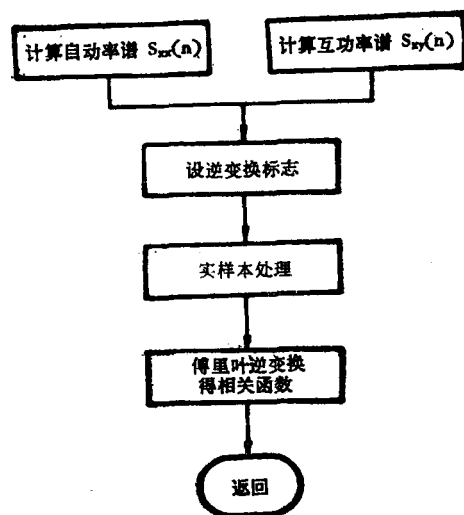


图 5 计算相关函数的程序流程图

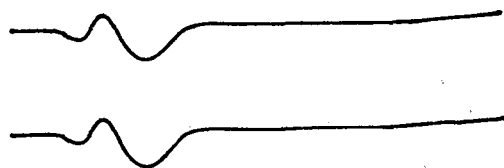


图 6 指数平均十次所得到的猫大脑皮层诱发电位

上下线是由同一信号分路输入所记录的
单位时间: 2ms 采样点: 256

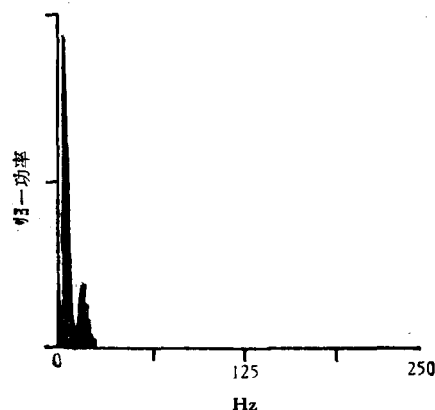


图 7 图 6 所示的诱发电位的自动率谱

(三) 几种信号处理程序

1. FFT 子程序

用 FFT 算法计算 DFT 的整个递推运算过程是由三个嵌套的循环所构成的, 外层的一个循环控制着各层叠代递推, 内层的两个循环一起控制同一次叠代中的各个蝶形运算。它们

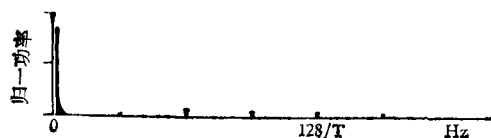


图8 周期为 T 的方波的自功率谱
(线性归一化谱)

再进行分工,最内层的一个控制同一种类型的蝶形,另一个则保证各种类型的蝶形全被做到。第一个参加蝶形运算的数的地址是容易被确定的,其它的地址可以利用它们之间的间距的变化规律得到。

2. 相关函数程序

众所周知,功率谱密度与相关函数之间是一对傅里叶变换对。当我们求得自功率谱 $S_{xx}(n)$ 及互功率谱 $S_{xy}(n)$ 后,通过傅里叶逆变换处理就可以得到自相关函数和互相关函数。

在应用上述各程序之前,原始数据序列经过了汉明窗处理,有些情况还进行补零处理,这

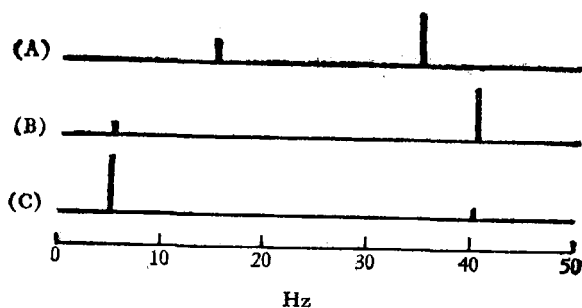


图9 含有两种频率成分的信号的自功率谱

A	15 Hz	0.2V	C	5 Hz	0.4V
	35 Hz	0.3V		40 Hz	0.2V
B	5 Hz	0.2V			
	40 Hz	0.4V			

图示为线性归一化谱,每条曲线的最大峰值为 1

些在此不赘述。

三、信号处理结果示例

图 6—9 为一些实际信号经 APPLE II PLUS 系统处理的结果。各图的意义请参阅图注中的说明。

参 考 文 献

[1] 沈兰荪等:《电子技术应用》,7,28,1984.

[本文于1985年2月25日收到]

计算机模式识别技术在蛋白质二级结构预测中的应用

何东明 陈农安

(中国科学院上海生物化学研究所)

目前,计算机技术在生化领域中的应用正在受到重视,研究工作已经取得了一些可喜的结果。我们在将计算机模式识别技术应用于蛋白质二级结构预测中做了一点工作,现简介如下。

我们从 Chou-Fasman 法中得到构成蛋白质的 20 个氨基酸中的每一个氨基酸出现于二级结构中的 α -螺旋、 β -折叠和无规卷曲的概率参

数 P_{α} 、 P_{β} 和 P_c ; 在预测方法上采用了与 Chou-Fasman 法完全不同的,适合于计算机处理的电位函数法:即现有 α -螺旋、 β -折叠和无规卷曲这三类模式,对每类模式用电位函数分别构造一个判别函数,以此作为分类的依据来预测蛋白质的二级结构。本工作主要分三部分:(1)问题的提出及训练模式的提取。(2)判别函数的构成。(3)牛胰蛋白酶抑制剂和牛胰核糖核