一种数字助听器的自适应验配方法，其特征包括以下步骤:

1.语音信号的采集及验配模型的建立

（1-1）语音信号的采集

本发明将每帧语音信号划分为11个频段，各频段节点频率分别为125，250，500，750，1k,1.5k，2k，3k，4k，6k，8k（Hz）。数字助听器由麦克风采集一帧输入语音信号，表示离散时间点，将通过分析滤波器组分解为11个子带信号，各滤波器均为6阶的IIR滤波器，滤波频段如前所述，滤波器输出子带信号为：

 （式1）

上式中，表示子带号，，表示子带的输出，表示滤波器单位脉冲响应。

（1-2）计算各子代声压级

对于某一时段的语音信号，其有效声压的计算公式为：

 （式2）

其中，为瞬时声压。然而，由于数字助听器的信号均为有限的离散值，因此，声压级的近似计算公式为

 （式3）

将上式取10为底，再乘以20，则可得到声压级的计算公式：

 （式4）

（1-3）验配模型的建立

本发明采用响度曲面法作为听力补偿的方法，在该三维模型中，X轴为语音信号的频率（Hz），Y轴为语音信号的声压级（dB SPL），Z轴为听力补偿（dB SPL）。对于某一帧语音信号的特定频段子代信号，计算其声压级后，通过响度曲面三维模型即可确定所需补偿的声压级。响度曲面采用二维高斯模型，其公式如下：

 （式5）

其中，为子代语音信号的中心频率（Hz），为该子代语音信号的声压级（dB SPL），为该子代语音信号的听力补偿（dB SPL）。

1. 参数优化

本发明采用的参数优化方法为交互式遗传算法，算法各步骤如下所述。

（2-1）参数编码

待优化参数为式5所确立模型中35个参数，即，其中，。一旦这35个参数确定，则验配完成，对于任意时刻的语音信号，均可通过式5计算得到所需增益值。

，取值0~90，步长2.81，5比特编码；，取值1~90，步长2.81，5比特编码；，取值0~3.9，步长0.12，5比特编码（以10为底）；，取值0~3.9，步长0.12，5比特编码（以10为底）；取值0~1，步长0.125，3比特编码；取值0~30，步长1.88，4比特编码；取值1或-1，1比特编码。

（2-2）染色体选择

本发明采用了交互式遗传算法，其特点为用户参与评价体系，而不是设置专门的费用函数。考虑到人对语音的分辨能力以及患者的评价疲劳度，本发明采取的方式是将适应度分为5个等级，分别对应5个不同的具体数值，如1,4,9,16,25。这五个等级分别对应5个不同的评价等级，即“劣”，“差”，“中”，“良”，“优”。对于每组特定参数形成的语音，患者听取该段语音后，根据自己的主观感受进行5个等级的评价，若患者做出的评价为“良”，则改组语音信号所对应的适应度值即为“良”所对应的数值，该数值将作为改组参数遗传到下一代的概率依据。

具体将五个等级对应到哪五个不同的数值是一个比较复杂的问题，该数值的选定将直接影响算法性能的好坏。本发明按照超几何算子的方法选取适应度值，即对于评价等级N（本发明选择为5），每个等级对应的遗传概率为：

 （式6）

其中，的计算方式如公式（式7）：

 （式7）

（2-3）交叉操作

本发明采用的交叉方式是单点交叉。交叉步骤首先需要进行的是染色体的配对，而染色体的配对问题要先分析两个染色体之间的相关性，对于染色体以及染色体，定义和的不相关指数为：

 （式8）

本发明采取非等概率配对策略，给配对池中不相关指数较大的个体赋予较大的被选概率，配对染色体的选定过程如下：首先随机选定一个染色体x，染色体的配对池为，要在配对池中选定其中一个染色体和染色体x进行交叉操作。配对池中个体被选择与个体x进行配对交叉的概率定义如下：

 （式9）

式中，为常数，，，，。

本发明的交叉点的选方法为：首先确定有效交叉点区域，然后在有效交叉区域中随机选择一个位置作为交叉点，交叉区域为，以及由式（10）确定：

 （式10）

（2-4）变异操作

本发明中变异步骤采取简单二进制变异。首先通过轮盘赌方法判断某个染色体是否需要进行变异，变异概率的大小由式（11）确定：

 （式11）

其中，取值0.2，选取式（6）中的最大值，为式（6）中所有值的平均。若某个染色体通过上述方法确定为待变异染色体后，在该染色体中随机选取一个位置作为变异点，在变异点（包括该点）后所有编码0,1互换，形成新的染色体并加入到新的种群中。