**程序说明**

本程序的主要功能为从训练集的心率、动脉收缩、舒张、平均压、脉搏、呼吸、血氧参数中分别提取均值、中位数、标准差、偏度、百分位数、峰度、四分位数、平均绝对偏差、极差、方差、协方差等11个特征值，再根据相关性分析，从77个特征值中选择出和发生低血压相关性最大的特征量，训练分类模型，预测测试集中的数据是否会发生急性低血压。

程序主要分为特征值提取、分类模型训练、预测三大部分，且各部分需顺序执行。

1. **yuce.m提取特征值**

本部分程序的主要功能为从训练集中提取各生理参数的特征值，构成特征值矩阵。

程序加载数据wuchuan.mat，该文件中保存着训练集中T0前10小时以及T0之后1小时的所有有创及无创生理参数（共7个），每个参数提取11个特征值，加上两位0/1值表示的是否发生急性低血压的结果，构成60\*79的特征值及结果矩阵。最终结果保存在当前文件夹中，名称为flagvalue\_dis.mat.

* 1. **yout=mmMissingValues( data,maxmium)函数**

该函数的主要功能为对data数据内的缺失数据以及正常值范围的异常数据进行先行插值。

**输入参数：**

data：待处理数据

maximum：正常值上限

**输出参数：**

yout：插值处理后的数据

**1.2[ data\_value] = tezhengzhi( data)函数**

该函数的主要功能为求输入数据的特征值。

**输入参数：**

data: 需要计算统计量的输入数据；

**输出参数：**

data\_value(1): data\_mean, 均值

data\_value(2): data\_median, 中位数

data\_value(3): data\_std, 标准差

data\_value(4): data\_skewness,: 偏度

data\_value(5): data\_prctile, 百分位数（75%）

data\_value(6): data\_kurtosis, 峰度（峭度）

data\_value(7): data\_iqr, 四分位数

data\_value(8): data\_mad, 平均绝对偏差

data\_value(9): data\_range, 极差

data\_value(10): data\_var, 方差

data\_value(11): data\_cov, 协方差

**1.3 [ output] = pro\_nan( data)函数**

该函数的功能是处理特征值矩阵中含有NAN的项。当某一样本的某一生理参数值全部缺失时，求得的特征值为非法值或0值，对于此类情况，将0值或非法值，用该列其他数据的平均值代替。输入数据data为待处理的特征值矩阵，特点是相同的特征值在同1列，输出output为处理后的特征值矩阵。

该函数针对的是提取11个特征值的情况。

1. **mainTrain.m训练分类模型**

本部分程序主要利用第一步得到的特征值及结果矩阵，训练用于对是否发生急性低血压进行预测的神经网络模型。

程序首先加载第一步的运行结果，当前文件夹的flagvalue\_dis.mat文件；对该文件中除最后两列结果外的其他77列生理参数的特征值进行归一化处理；根据SPSS相关性分析的结果，构造模型训练时的输入矩阵；由于训练集数据量较少，所以通过10折交叉验证的方式训练分类模型，并从中挑选出最优的分类模型。

1. **Event.m对测试集数据进行分类**

本程序的主要功能为利用第2步得到的神经网络模型对测试集的数据是否会发生急性低血压进行预测。

程序加载测试集数据testA.mat及testB.mat，分别包含两个测试集中的全部10小时有创及无创生理参数；同时加载第2步中训练好的分类模型。

对测试集数据进行缺失值插值、降采样处理后，分别提取11个特征值，然后根据SPSS相关性分析结构，构造分类模型所需要的输入矩阵。最终的分类结果为data\_output.mat，1 0 表示判断结果为T0之后会发生急性低血压；0 1 表示判断结果为T0之后不会发生急性低血压。

**3.1[ outputdata ] = reSample( inputdata)函数**

该函数的主要功能为对测试集的数据进行重采样，每60个数计算1次平均值，当作该分钟的记录。