CSE3315 Assignment 2
Classification and Clustering for the Microarray Data Analysis

README

12191656 이채연

Programming language

C++ programming language를 사용하여 K-nearest neighbor (KNN) classification과 K-means clustering(KMC)를 구현하였다.

How to run the program

1) K-nearest neighbor (KNN) classification

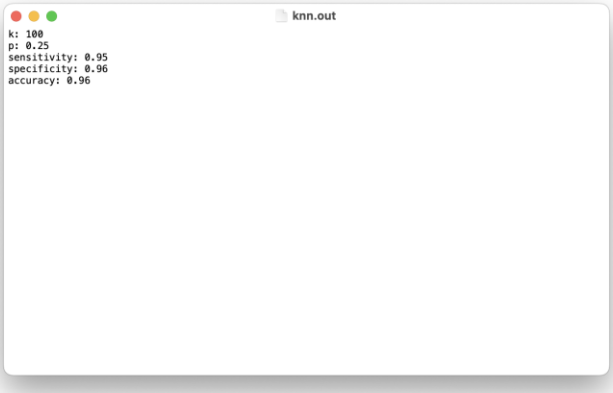
K-nearest neighbor (KNN) classification 프로그램을 구현한 source code의 이름은 knn.cpp이고, executable file의 이름은 knn이다.

knn executable file을 실행하기 위해서 먼저 knn executable file이 실행될 위치에 ribo-data.txt 와 nonribo-data.txt파일이 있어야 한다. 그리고 터미널을 열어 knn executable file이 실행될 위치로 이동 후, ‘./knn’ 을 입력하면 knn executable file이 실행된다.

K-nearest neighbor (KNN) classification을 수행하는 이 프로그램은 사용자로부터 parameter K와 parameter p를 입력 받는다.
Parameter K와 parameter p를 입력하면 터미널 창에 output이 출력되며, knn executable file을 실행한 위치에 있는 knn.out file에도 output이 출력된다.

```
(tf) chaeyeon@ichaeyeon-ui-MacBookPro HW2 % ./knn
K 와  p를  입 력 하 세 요 .
K : 100
p : 0.25

k: 100
p: 0.25
sensitivity: 0.95
specificity: 0.96
accuracy: 0.96
```



2) K-means clustering (KMC)

K-means clustering (KMC) 프로그램을 구현한 source code의 이름은 kmc.cpp이고, executable file의 이름은 kmc이다.

kmc executable file을 실행하기 위해서 먼저 kmc executable file이 실행될 위치에 ribo-data.txt 와 nonribo-data.txt 파일이 있어야 한다. 그리고 터미널을 열어 kmc executable file이 실행될 위치로 이동 후, './kmc' 을 입력하면 kmc executable file이 실행된다.

K-means clustering (KMC)을 수행하는 이 프로그램은 사용자로부터 cluster의 개수를 의미하는 parameter K와 starting center로 지정할 data point 번호를 입력받는다.

- ribo.txt와 nonribo.txt에서 first data point를 starting center로 지정하고 싶은 경우
  첫 번째 data point이므로 1을 입력하면 된다.

```
(tf) chaeyeon@ichaeyeon-ui-MacBookPro HW2 % ./kmc
cluster의 개수 K : 2
starting center로 지정할 data point 번호를 입력하시오 (0 : random data point) : 1

ribosomal gene cluster에 있는 ribosomal gene들의 비율 : 0.216606

non-ribosomal gene cluster에 있는 ribosomal gene들의 비율 : 0.000522739

non-ribosomal gene으로 잘못 clustering된 ribosomal gene number : 121
```

- ribo.txt와 nonribo.txt에서 random data point를 starting center로 지정하고 싶은 경우
  0이 random data point를 의미하므로 0을 입력하면 된다.

```
(tf) chaeyeon@ichaeyeon-ui-MacBookPro HW2 % ./kmc
cluster의 개수 K : 2
starting center로 지정할 data point 번호를 입력하시오 (0 : random data point) : 0

ribosomal gene cluster에 있는 ribosomal gene들의 비율 : 0.207972

non-ribosomal gene cluster에 있는 ribosomal gene들의 비율 : 0.000529101

non-ribosomal gene으로 잘못 clustering된 ribosomal gene number : 121
```

parameter K와 starting center로 지정할 data point 번호를 입력하면 다음 정보들이 터미널 창에 출력된다.

- ribosomal gene cluster에 있는 ribosomal gene들의 비율
- non-ribosomal gene cluster에 있는 ribosomal gene들의 비율
- non-ribosomal gene으로 잘못 clustering된 ribosomal gene number