

Zbiory danych sekwencyjnych

mcrA

16S rRNA

mcrA & 16S rRNA

Ekstrakcja n-gramów

1-6

1-6

1-6

Wybór informatywnych n-gramów

10%, 25%, 50%

10%, 25%, 50%

10%, 25%, 50%

Strojenie (liczba drzew)

250, 500, 750, 1000

250, 500, 750, 1000

250, 500, 750, 1000

Strojenie (minimalny rozmiar węzła)

3, 5, 7

3, 5, 7

3, 5, 7

Wybór najlepszej kombinacji parametrów

Las losowy

Las losowy

Las losowy

5-krotna WK

3-krotna WK