文件夹内容说明如下:

1. code_compareToOtherAlgorithm/

说明: rifs 以及与 rifs 对比的 filter, wrapper 算法的代码及结果(20倍交叉验证)

2. code testDefaultParam/

说明: 测试 rifs 的最佳参数(停止条件和搜索的组数百分比)的代码

3. methylation/

说明: 甲基化数据处理步骤的代码

4. rifs single/

说明:对单个数据应用 rifs 的算法的代码

5. 17 datasets/

说明:对17个数据集应用 rifs 算法的代码

6. rifs_featureSelection_mulprocessing/

说明:对17个数据集应用 rifs 算法的代码,为了快速跑完17个数据集,加入了多进程机制。

7.dataset/

说明:数据集和类标集

注: 1. 对于需要跑多个数据的代码,只需将 dataset 放入代码所在的文件夹内就可以运行。

2. 对于需要跑单个数据的代码,只要将此数据的数据集和类标放入代码所在的文件夹内就可以运行。

3. 所需要的包在所有代码文件的开头都已经说明。