## 目前我已完成的工作:

- 1,写了两个软件(只要修改配置文件就可以运行),分别对应于有控制组的查找和无控制组的查找。
- 2, 多进程优化,根据实验测得的结果,至少有10倍的提升,如果机器的核数更多,则优化的结果更好,为大数据集的计算提供了方便。
  - 3,根据软件测得的数据显示,DNB子网的存在很明显,在两个数据集中都显示出较大的突变。
  - 4, 人种的数据, 正在进行, 在数据解析上遇到困难。

## 下面是具体结果:

1.对于 liver\_case\_data.txt 数据集

具体的数据集描述:

10729 个特征 5个 sample

5个 采样时间点

采用单进程 运行时间为: 2210.847s 运行多进程 运行时间为: 244.355s

找到的 DNB 分子在五个不同的采样时间点的 CI 值为:

 $0.35883081250218973, \, 1.7131192380251437, \, 1.5796586827518977, \\ 95.860459889094926, \, 9.8820995875867403$ 

2 对于 GSE64538\_case\_data.txt 数据集 具体的数据集描述 30246 个特征 3个 sample 4个 采样时间点

多进程运行时间 using time: 2458.0296s

找到的 DNB 在五个不同的采样时间点的 CI 值为: 0.75463542729576127, 116.21874716665505, 0.61741229946992371, 1.2609393741583383