

理论研究

基因的无树评估

李川¹, 唐常杰¹, 陈瑜¹, 代术成¹, 邱江涛¹, 罗谦¹, 朱军²

1. 四川大学 计算机学院, 成都 610065

2. 中国出生缺陷监测中心, 成都 610065

收稿日期 2008-1-18 修回日期 2008-3-25 网络版发布日期 2008-5-6 接受日期

摘要 传统基于表达式树ET的基因评估从性能角度讲主要缺点是: 重复遍历表达式树和进行大量重复计算。提出基于Scale的基因评估。变量矩阵用来避免基因评估中的重复计算。实验表明, 在绝大多数数据分布下和参数选择情况下: 基于Scale的基因评估较基于 ET 的基因评估快 3~5 倍。

关键词 [数据挖掘](#) [基因表达式编程](#) [基于Scale的基因表达](#)

分类号

Evaluating genes without expression trees construction

LI Chuan¹, TANG Chang-jie¹, CHEN Yu¹, DAI Shu-cheng¹, QIU Jiang-tao¹, LUO Qian¹, ZHU Jun²

1. School of Computer, Sichuan University, Chengdu 610065, China

2. Birth Defects Supervising Centre, Chengdu 610065, China

Abstract

Traditional ET(Expression Tree)-based GEP has a major performance defect: Repetitive ET traverses and calculations. This paper proposes a novel model called Scale-Based GEP to solve the problem. Variable matrix is used to avoid repetitive calculations and traversing in ET-based gene evaluation. Experiments show that Scale-based evaluation outperforms ET-based method 3~5 times constantly.

Key words [data mining](#) [gene expression programming](#) [Scale-based gene expression](#)

DOI:

通讯作者 李川 tangchangjie@cs.scu.edu.cn

扩展功能

本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF\(547KB\)](#)

▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)

▶ [参考文献](#)

服务与反馈

▶ [把本文推荐给朋友](#)

▶ [加入我的书架](#)

▶ [加入引用管理器](#)

▶ [复制索引](#)

▶ [Email Alert](#)

▶ [文章反馈](#)

▶ [浏览反馈信息](#)

相关信息

▶ 本刊中 [包含“数据挖掘”的相关文章](#)

▶ 本文作者相关文章

- [李川](#)
- [唐常杰](#)
- [陈瑜](#)
- [代术成](#)
- [邱江涛](#)
- [罗谦](#)
- [朱军](#)