



当前位置: 首页>>科研成果>>高水平论文

An integrated platform and meta-learner for feature engineering machine learning analysis and modeling of DNA, RNA and protein sequence data

期刊名称	Briefings in Bioinformatics	发表年份	2020
全部作者			
访问统计	489	添加时间	2021年09月18日

论文简介: 一个全面和通用的基于python的工具包, 集成了特征提取、聚类、归一化、选择、降维、预测器构建、最佳描述符/模型选择、集成学习和DNA、RNA和蛋白质序列结果可视化的功能。用户只需要上传自己的数据集, 并从中计算出自己需要的功能, 所有必要的程序和优化设置都由软件自动完成。iLearn包括DNA、RNA和蛋白质的各种描述符, 支持四种特征输出格式, 以便于直接使用输出或与其他计算工具通信。总的来说, iLearn包含16种不同类型的特征聚类、选择、归一化和降维算法, 以及5种常用的机器学习算法, 极大地方便了特征分析和预测器构建。

原文链接: <https://academic.oup.com/bib/article/21/3/1047/5475015>

打印本页

网站地图 | 联系我们 |



版权所有 中国农业科学院棉花研究所 豫ICP备12016946号-1 地址: 河南省安阳市黄河大道38号 邮编: 455000

Tel: (0372)2562200 E-mail: mianhuasuo@caas.cn 豫公网安备41050202000117号

技术支持: 中国农业科学院农业信息研究所

TOP