Titel

Naam1, naam2, Naam 3 {s1, s2, s3}@student.hesleiden.nl

Bio-informatica, Hogeschool Leiden, Leiden, Netherlands

**Abstract**

[Hier komt je samenvatting te staan]

**Introductie**

[Achtergrond informatie (met bronvermeling)]

**Materiaal & Methode**

Voor dit project is er gebruik gemaakt van Python versie 3.6.1. Het is gebruikt om een script te schijven om de verkregen data om te zetten naar een format dat deze gelezen kon worden door Rapidminer versie 7.5. Dit is gedaan door naar de twee file die verkregen waren proberen samen te voegen. Dit is gedaan om eerst de foute data in beide files te verwijderen. Hieronder valt “tabs” die spontaan in de file zitten, maar ook inconsistent gebruik van vraagtekens en unknown gebruiken voor onbekende data. Als laatste is er voor het schoon maken van de file de dubbelen genen weg gehaald. Nadat de files schoon waren van fouten zijn de losse regels omgezet in lijsten. Hierna zijn de twee losse files omgezet naar één complete bestand.

Dit bestand is hierna ingelezen in Rapidminer versie 7.5. Dit programma is gebruikt vanwege zijn overzichtelijke manier van verbanden in kaart brengen en relaties zoeken in de data.

welke tools/software (en versie) gebruikt?]

stappenplan en/of schematische overzicht van werkwijze]

[plaatje/figuur]

*Figure 1. Titel van Figuur 1, Beschrijving van figuur 1. (bronvermelding van figuur 1).*

**Resultaten**

[Welke resultaten heb je verkregen? ]

[Welk model heeft de hoogste accuracy?]

[Welke attributen waren kenmerkend voor het voorspellen?]

**Discussie**

[Wat vertellen je resultaten?]

[Welke mogelijke conclusies kan je trekken gebaseerd op de resultaten en (achtergrond)informatie?]

**Conclusie**

[Wat is je conclusie]

[terugkoppeling naar literatuur]

[Wat is je advies?]

**Referentie**

1.www.website.com, geraadpleegd op datum

2. Eerste naam van de auteurs et al., jaartal, titel, journal, bladzijde.