

# Raport

In aceasta lucrare se doreste obtinerea locatiei proteinelor in structura unei celule de drojdie, folosind informatii aflate din analiza aminoacidului acesteia. Astfel am realizat acest program pentru clasificarea tipurilor de proteine, folosind un perceptron multi-strat.

In baza de date avem 1484 de obiecte, fiecare avand 9 atribute si clasa din care face parte. Primul atribut, fiind folosit pentru recunoasterea in baza de date SWISS-PROT, nu este folosit.

Am folosit modulul `neural_network` din biblioteca `sklearn` pentru crearea perceptronului multi-strat. De asemenea am folosit biblioteca `numpy` pentru structurarea datelor intr-o matrice.

Pentru antrenarea si testarea perceptronului multi-strat am impartit obiectele din baza de date in proportii de 75% pentru antrenare, adica 1113 obiecte, iar 25%, restul de 371, au fost folosite pentru testare.

La masurarea performantei am verificat acuratetea perceptronului, variind numarul de straturi ascunse(1 sau 2), numarul de neuroni pe straturile ascunse(ambele de 8 neuroni sau primul de 8 si al doilea de 4) si rata de invatare(0.1 sau 0.01). Astfel, la testare sunt obtinute etichete corecte in proportii de 41-59%, avand in medie o acuratete de 51%.