**氧结合蛋白的分类预测**

任务一：寻找可查看神经网络层数的包：autokeras

遇到问题：环境不匹配（py36）

修改环境后：出现问题：ImportError: /lib64/libstdc++.so.6: version `GLIBCXX\_3.4.21' not found (required by /home/jiajunh/miniconda3/envs/py36/lib/python3.6/site-packages/google/protobuf/pyext/\_message.cpython-36m-x86\_64-linux-gnu.so)

解释：出现该问题的根本原因是anaconda3中自带的libgcc版本和caffe中编译python需要的版本不一致。

问题:网上的解决方法需要在root根目录下升级标准库，但没有权限。（我后来删掉了autokeras和keras，tensorflow重新装就好了，猜想可能是autokeras改变了几个包的版本之类的问题）

任务二：运行3CNN（之前论文里的模型），同样使用五折交叉验证调超参，运行时间较长，刚刚跑完五折的超参，还没出结果。

打算：1.跑完超参，在每一折上跑结果取平均值，进行比较。

2.使用更之前论文中的svm模型跑结果比对。

3.疑问：我使用的依然是我的数据处理方法，是否需要改成他们的方法，比如3CNN他仅仅使用了20个氨基酸的组成成分。