

## DNNGP 使用手册

DNNGP, a deep neural network-based method for genomic prediction using multi-omics data in plants

**Authors:** Kelin Wang, Muhammad Ali Abid, Awais Rasheed, Jose Crossa, Sarah Hearne, **Huihui Li\***

版本 3.0

编码: UTF-8

2023-03-24

许可协议: GUN, GPLv3

引用: Wang K, Abid MA, Rasheed A, Crossa J, Hearne S, Li H. DNNGP, a deep neural network-based method for genomic prediction using multi-omics data in plants. Mol Plant. 2023 Jan 2;16:279-293.

Doi: [10.1016/j.molp.2022.11.004](https://doi.org/10.1016/j.molp.2022.11.004), PMID: [36366781](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/36366781/)

联系我们

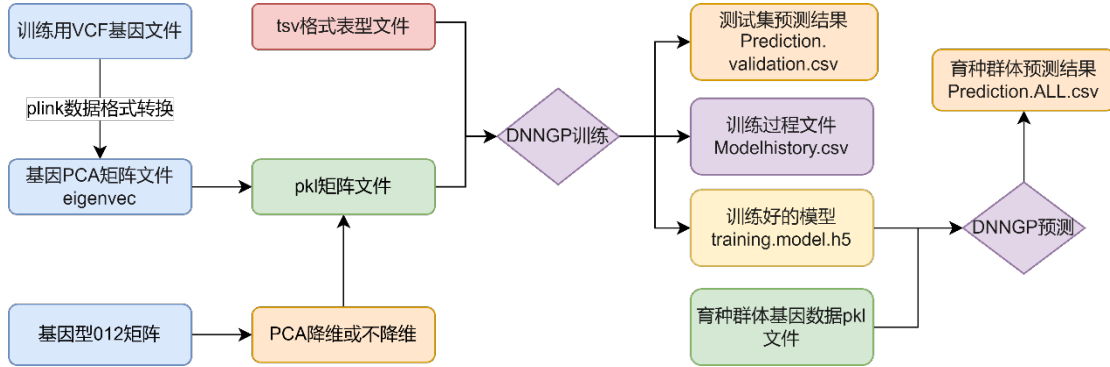
李慧慧: [lihuihui@caas.cn](mailto:lihuihui@caas.cn)

# 目录

1. DNNGP 项目概述 .....	- 1 -
1.1 项目地址 .....	- 1 -
1.2 文件目录结构 .....	- 1 -
2. 数据准备.....	- 2 -
3. DNNGP 环境搭建 .....	- 3 -
4. 输入数据文件 .....	- 3 -
5. DNNGP 模型训练.....	- 4 -
6. 使用训练好的模型对待测数据进行预测 .....	- 6 -
7. 特别说明.....	- 6 -

## 1. DNNGP 项目概述

DNNGP 是一个基于深度学习理论建立的全基因组预测模型，旨在利用全基因组标记预测植物和动物表型。此外，DNNGP 还可用于植物和动物的多组学数据预测。该模型主要使用 Python 3.9.16 和 TensorFlow 2.6.0 编写。DNNGP 的训练和预测过程如下所示：



### 1.1 项目地址：<https://github.com/AIBreeding/DNNGP>

### 1.2 文件目录结构

DNNGP:

```
| bash_me_first.sh
| bash_Start_DNNGP.sh
| CN 使用说明.docx
| requirements.txt
|
|---Input_files
|   tsv2pkl.py
|   tsv2pklGUI
|   wheat1.tsv
|   wheat599_pc95.pkl
|   wheat599_pc95.tsv
|
|---Output_files
|---Scripts
|   config_dnngp.cpython-39-x86_64-linux-gnu.so
|   DNNGP
|   DNNGP-PreGUI.py
|   dnngp.cpython-39-x86_64-linux-gnu.so
|   dnngp_runner.py
|   environment.yaml
|   Pre-Batch_run.py
|   Pre_config_dnngp.cpython-39-x86_64-linux-gnu.so
|   Pre_dnngp.cpython-39-x86_64-linux-gnu.so
```

Pre\_runner.py

Train\_Batch\_run.py 文件主要包含以下五部分：

### (1) GUI 文件

该部分文件主要包括三个文件，分别为：1. `bash_me_first.sh`、2. `Input_files/tsv2pklGUI`、3. `bash_Start_DNNGP.sh`。在 Linux 平台下，bash 启动 1. `bash_click_me_first.sh` 即可进行环境的搭建。双击 2. `Input_files/tsv2pklGUI` 根据 GUI 提示可以将 tsv 文件转换为 pkl 文件。而后 bash 启动 3. `bash_Start_DNNGP.sh` 可以进行模型的训练和预测。

### (2) requirements.txt / environment.yaml

用于环境搭建，环境配置所需的包及其版本。

### (3) Input\_files

该目录下为输入数据的示例文件。

### (4) Scripts

该目录下包含训练模型及预测需要的脚本。

**训练模型：**完成后终端显示模型预测结果用于评估训练效果。同时输出三个文件：训练好的模型（`training.model.h5`）和验证集预测值（`Prediction.validation.csv`）以及训练过程中每一个 epoch 的各项数值（`Modelhistory.csv`）。

**模型预测：**通过读取上一步训练好的模型，对育种群体表型进行预测，并输出所有个体的预测值（`Prediction.ALL.csv`）。

### (5) Output\_files

该目录下包括 DNNGP 方法执行输入示例文件后的输出文件。

模型的使用需遵照以下顺序进行：①搭建运行环境②准备数据③训练模型④使用训练模型进行预测

## 2. 数据准备

基于 plink2 软件的基因型数据处理

```
./plink2 --threads 30 --vcf *.vcf --pca 10 --out pca10
```

`--threads 30` 使用 30 个线程

`--vcf *.vcf` 读取 vcf 文件

`--pca 10` 取 PC1-PC10(可设定值≤样本个数≤8000)

`--out pca10` 输出文件名为 pca10

若存在非数字染色体编号则需添加--allow-extra-chr 参数

```
./plink2 --allow-extra-chr --threads 30 --vcf *.vcf --pca 10 --out pca10
```

结果会生成两个文件，后缀名分别为.eigenval 和.eigenvec，eigenval 显示了每个 PC 所占的比重，各个 PC 的比重/比重和为每个 PC 的解释度。eigenval 为我们需要使用的 PCA 矩阵。

#### 提别提示：

(1) 以上命令适用于 windows 平台下的 Powershell 终端以及 Linux、Mac 终端。

若在 windows 平台下的 cmd 终端使用请将./plink2 更换为 plink2。

(2) 若使用 PCA 手段对基因数据进行转换，需要首先将育种群体与训练群体的数据合并再进行 PCA 分析，得到 PCA 矩阵后再将二者分开。

### 3. DNNGP 环境搭建

(1) 下载项目地址：<https://github.com/AIBreeding/DNNGP>

(2) 运行 DNNGP 首先需要搭建运行环境：

首先安装：Miniconda (<https://docs.conda.io/en/latest/miniconda.html>)，并将其添加进系统环境。（安装 miniconda 时可以勾选，使用 GUI 所必须的。）

Linux 平台下可以直接通过 `bash bash_click_me_first.sh` 命令实现一键搭建环境。

若一键搭建环境失败，则使用以下命令搭建运行环境：


```
conda create -n DNNGP3 python=3.9.16
conda activate DNNGP3
cd dnngp
conda install --yes --file requirements.txt
conda install -c nvidia cuda-nvcc
pip install framework-reproducibility==0.4.0
```

### 4. 输入数据文件

在环境搭建后，需要按照示例数据格式准备各项数据文件，示例数据文件位于以下目录：

```
../DNNGP/input_file/
```

其中包含以下四个文件：

 **wheat1.tsv**：以制表符分隔的表型数据文件。

🚦 **wheat599\_pc95.tsv**: 以制表符分隔的主成分矩阵文件。

🚦 **wheat599\_pc95.pkl**: 模型可读取的主成分矩阵文件。

🚦 **tsv2pkl.py**: 由 tsv 转为 pkl 文件的格式转换脚本。

其中, **wheat599\_pc95.pkl** 文件可由 **wheat599\_pc95.tsv** 文件通过运行 **tsv2pkl.py** (**tsv2pkl.exe**) 转换而来。也可由 plink2 生成的 eigenval 文件通过 **tsv2pkl.py** 直接转换。

转换方式如下

打开 **tsv2pkl.py** 后修改第五行 **inpath**、以及第六行 **outpath** 内的文件路径为自己的文件路径即可。然后在 conda 创建的 DNNGP3 环境中运行 **tsv2pkl.py** 即可。

```
python tsv2pkl.py
```

Linux 平台下, 可以双击 **Input\_files** 目录下的 **tsv2pklGUI** 程序使用 GUI 界面完成文件格式的转换。

表型数据文本文件格式如下:

```
ID env1
M1 1.67162948
M2 -0.25270276
M3 0.341815127
M4 0.785439489
M5 0.998317613
M6 2.336096876
M7 0.617410817
```

主成分矩阵 tsv 文件格式如下:

ID	PC1	PC2	PC3	...
M1	7.0408269	2.053877771	-6.161150675	...
M2	5.924749016	1.137903031	1.132296531	...
M3	5.953045926	1.082444715	1.139961515	...

## 5. DNNGP 模型训练

该部分需要输入两个文件, 即上一步准备完成的主成分矩阵文件以及表型数据文件。具体格式请参照上一部分说明。

参数说明：

**--batch\_size** 训练模型所调用的样本量

**--lr** 初始学习率（Learning rate）

**--epoch** 迭代次数

**--dropout1** 第一次特征抛弃（防止过拟合）

**--dropout2** 第二次特征抛弃（防止过拟合）

**--patience** 无提升则减小学习率阈值（当模型在无提升次数抵达阈值时，自动降低学习率）

**--seed** 随机种子（Random seed）

**--cv** 设定交叉验证折数

**--part** 设定选取第几折数据为验证集

**--earlystopping** 无提升则停止训练阈值（当模型在无提升次数抵达阈值时，自动停止训练，并保存最佳参数）

**--snp** 主成分矩阵文件路径

**--pheno** 表型数据文件路径

**--output** 输出目录

以上参数除--snp、--pheno 以及--output 外，均为数值型参数。

进入 Scripts 目录示例命令：

```
cd Scripts
```

训练模型示例命令：

```
python dnngp_runner.py --batch_size 28 --lr 0.001 --epoch 100 --dropout1 0.5
--dropout2 0.3 --patience 5 --seed 123 --cv10 --part 1 --earlystopping 10 --snp
"./input_files/wheat599_pc95.pkl" --pheno  "./input_files/wheat1.tsv" --output
/Your_path/
```

Linux 平台下可以直接通过 `bash bash_Start_DNNGP.sh` 命令启动 GUI 后根据 GUI 提示进行操作。GUI 右侧会输出标准命令以及训练过程。

训练模型输出文件

训练完成后会在指定输出目录下生成 3 个输出文件，分别是：

**Prediction.validation.csv:** DNNGP 模型对验证集的预测结果（第一列的序号代表预测值个体在原数据集中的名称）。

**training.model.h5:** 训练好的模型文件，用于下一步对育种群体表型性状预测。

**Modelhistory.csv:** 记录了训练过程中，各项数值的变化情况。

训练完成后，终端显示预测值与真实值之间的 Pearson 相关系数，如下所示：

```
'Corrobs vs pred =', (0.582, 0.001)
```

第一个数字是相关系数（0.582），第二个数字是  $p$  值（0.001）。

## 6. 使用训练好的模型对待测数据进行预测

在得到训练好的模型文件后，我们要对待测数据集（即育种群体）表型性状进行预测。该部分需要两个输入文件，一个是上一步训练生成的模型文件即 **training.model.h5**，第二个是育种群体主成分矩阵文件（\*.pkl），格式与上一步训练模型时所用文件格式相同。

预测育种群体表型性状示例命令：

```
python Pre_runner.py --Model "/Your_path/training.model.h5" --SNP "/Your_path/wheat599_pc95.pkl" --output /Your_path/
```

**DNNGP 预测参数说明：**

**--Model:** 训练模型时生成的.h5 模型文件路径

**--SNP:** 待预测数据集的基因数据文件路径

**--output:** 预测结果文件的生成目录

Linux 平台下可以通过上一步启动的 GUI 界面（`bash bash_Start_DNNGP.sh`），然后根据 GUI 提示进行预测操作。

## 模型预测输出文件

DNNGP 模型完成预测后将在指定目录下生成结果文件 **Prediction.ALL.csv**，该文件即是对育种群体所有个体的表型性状预测结果。

## 7. 特别说明：

Script 目录下含有名为 Train-Batch\_run.py 和 Pre-Batch\_run.py 的 Python 脚本可以进行批量测试，其中前者为训练模型批量脚本后者为模型预测批量脚本。

运行示例命令：

```
python Train-Batch_run.py 或 python Pre-Batch_run.py
```



v2.0 在线版使用说明: <https://www.wolai.com/xgq9jknGjCApQqs7xQiaTd>