请您首先在您的服务器上安装requirements中的对应的版本。

我们为您提供了测试部分的代码，您可以使用您自己的数据测试我们的模型，输入的格式与训练代码相同，该部分的代码放在test文件夹中，我们的test部分的代码不仅会输出F1分数，准确度和召回率，还会生成相应的小提琴图，和字典格式的PKL文件，key值是RNA序列，value值是配对矩阵。如果您不想生成小提琴图，我们还在test代码中添加了生成CT文件的代码，您可以用您自己的测试数据批量生成对应的CT文件。

我们也为您提供了训练的代码，就在train文件夹中，我们为您提供测试的数据，就在data文件夹中，您可以直接使用提供的数据进行训练，当然您也可以查看提供数据的格式，然后您可以使用自己的数据进行训练，所需要的代码均在shuju.py中，当然在处理数据的时候一定要确定shuju.py文件和fm文件夹在同一个目录下，如果您不想使用RNA-FM模型生成的嵌入进行预测，我们还提供使用one-hot编码进行预测的版本。

您在您的服务器上运行的时候，只需要在当前文件夹上运行python train.py就可以了

我们的GHA算法的可执行文件和源码在GHA文件夹中，您可以直接使用可执行文件，同时您也可以是使用下面的语句对源码进行编译

# 1. 编译

g++ -std=c++11 -O2 -o hungarian\_rna hungarian\_rna.cpp

# 2. 检查编译结果

ls -la hungarian\_rna

# 3. 添加执行权限

chmod +x hungarian\_rna

# 4. 创建测试文件进行测试

echo -e "0.1 0.2 0.8 0.1\n0.2 0.1 0.2 0.7\n0.8 0.2 0.1 0.2\n0.1 0.7 0.2 0.1" > test\_fg.mat

echo -e "0.5 0.5 0.5 0.5\n0.5 0.5 0.5 0.5\n0.5 0.5 0.5 0.5\n0.5 0.5 0.5 0.5" > test\_bg.mat

# 5. 测试运行

./hungarian\_rna test\_fg.mat test\_bg.mat