

配布するUSBメモリ中のhogeフォルダをデスクトップにコピーしておいてください。貸与PCは、デスクトップに下記内容のものがあることを確認しておいてください。

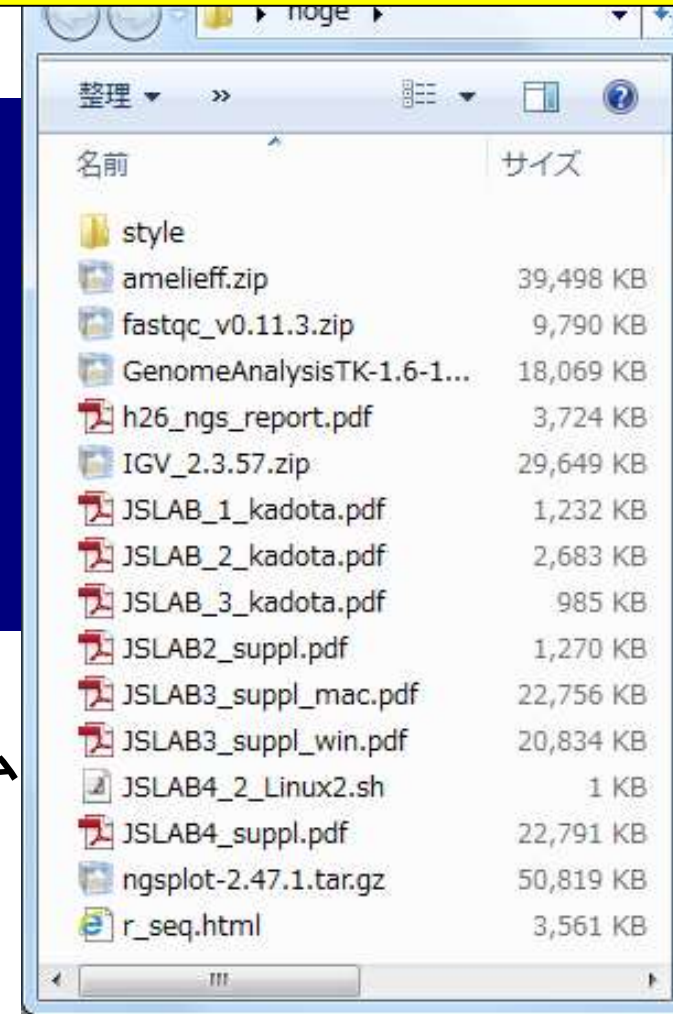
# NGSハンズオン講習会 Linux基礎

東京大学・大学院農学生命科学研究科  
アグリバイオインフォマティクス教育研究プログラム

門田幸二(かどた こうじ)

kadota@iu.a.u-tokyo.ac.jp

<http://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/>



# Linux基礎では

7/24以降で用いるデータのコピーやプログラムのインストール作業、乳酸菌学会誌連載第4回のウェブ資料W7-1以降の内容が中心。受講人数は7/10頃 → 7/16頃。

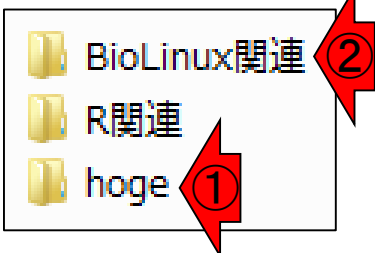
- 7月22日(水): 84 → 83名。Bio-Linux 8とRのインストール状況確認。基本自習(門田・寺田先生)
- 7月23日(木): 92 → 90名。Linux基礎。LinuxコマンドなどUNIXの基礎の理解(門田)
- 7月24日(金): 85 → 83名。スクリプト言語。シェルスクリプト(アメリエフ株式会社 服部恵美先生)
- 7月27日(月): 93 → 91名。スクリプト言語。Perl(アメリエフ 服部先生)
- 7月28日(火): 91 → 90名。スクリプト言語。Python(アメリエフ 服部先生)
- 7月29日(水): 94 → 88名。データ解析環境R(門田)
- 7月30日(木): 96 → 91名。データ解析環境R(門田)
- 8月3日(月): 89 → 84名。NGS解析。基礎(アメリエフ 山口昌雄先生)
- 8月4日(火): 85 → 80名。NGS解析。ゲノムReseq、変異解析(アメリエフ 山口先生)
- 8月5日(水): 86 → 81名。NGS解析。RNA-seq、統計解析(前半: 山口先生、後半: 門田)
- 8月6日(木): 104 → 98名。NGS解析。ChIP-seq(理研 森岡勝樹先生)
- 8月26日(水): 23 → 23名。NGS解析。基礎(アメリエフ 山口昌雄先生)
- 8月27日(木): 24 → 24名。NGS解析。ゲノムReseq、変異解析(アメリエフ 山口先生)
- 8月28日(金): 26 → 26名。NGS解析。RNA-seq、統計解析(前半: 山口先生、後半: 門田)

# 失敗してもたぶん大丈夫!

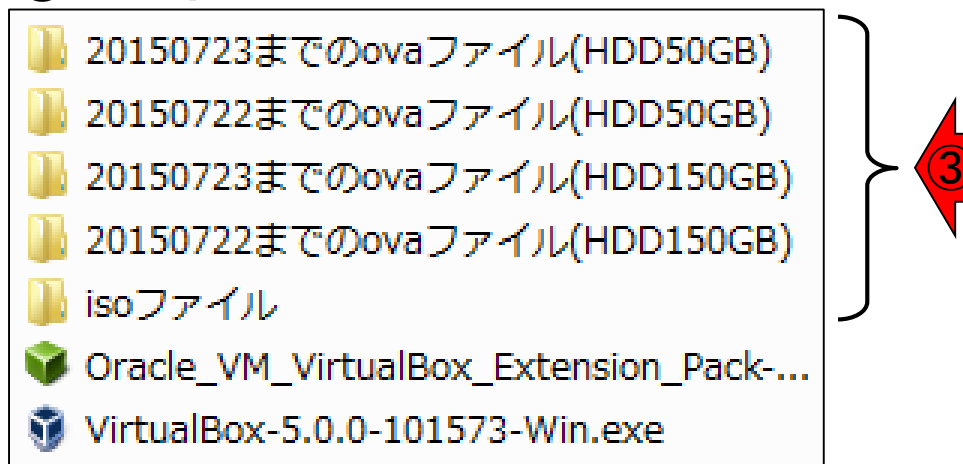
- 7/22までの環境構築済みのovaファイル
  - HDD150GBの推奨手順通りのもの(約4.2GB)
  - HDD50GBの推奨手順通りのもの(約4.3GB)
- 7/23までの環境構築済みのovaファイル
  - HDD150GBの推奨手順通りのもの(約5.2GB)
  - HDD50GBの推奨手順通りのもの(約4.5GB)
- Bio-Linux8オリジナルのisoファイル(約3.5GB)

isoファイルからのBio-Linux8のインストールは1時間程度かかりますが、7/22および7/23までのBioLinux8環境を構築済みのovaファイルをUSBメモリで何通りか用意しています。それは10分程度で導入可能です。貸与PCはダウンロードフォルダ中にあります。① hogeはデスクトップへ。②のように見えます。③の中から必要に応じてovaファイルを導入。

## USBメモリ



## ②の中身



# Linux(コマンド)習得の意義

- ほぼ全てのデータ解析のボトルネックが自分
  - クラウドベースのLinux-freeな方法では実装されていない新しい解析プログラムをサクサクインストールして利用
  - インストール済みプログラムのバージョンアップも可能
- 簡単な動作確認ができる
  - grepコマンドを駆使して(100%一致のk-mer出現頻度などの)解析結果を検証(乳酸菌学会誌連載第4回のW11-9)
  - 複数のインデックスを含むアダプター配列の検索を正規表現で一挙に検索(W12-1)
- シェルスクリプト、Perl、Python、RはLinux上でも動く
  - 合わせ技で自在に解析
  - 要素技術(例えばPerl)の基本スキルがあれば、多少のエラーへの対処が可能。 →プログラミング言語習得の意義

FastQC (ver. 0.11.3)のような非常に有名なプログラムにもバグ(--nogroupオプションをつけないK-mer Content結果など)がある。一般にリリース直後のプログラムや新規機能にはバグが多少なりとも存在する。複数のオプションや別のプログラムで同様の解析を行うなどしてLinux上で効率的に解析し、徹底的に動作確認するのが基本。IGVで眺めることも。

# Contents

- テストデータ取得
  - wgetの場合、ドラッグ&ドロップの場合、共有フォルダ経由の場合
- Integrative Genomics Viewer (IGV)のインストール
  - 7/23不参加者はwget、7/23参加者は共有フォルダ経由
- 日本乳酸菌学会誌のNGS連載第4回のW7-1以降
  - FastQC (ver. 0.10.1) preinstalled in Bio-Linux 8
  - FastQC (ver. 0.11.3):ダウンロード、解凍、正規表現
  - FastQC (ver. 0.11.3):パスを通す
- FastQC ver. 0.11.3とver. 0.10.1の違い
- Genome Analysis Toolkit (GATK) の取得

# ターミナル起動

アメリエフ様(山口先生、服部先生)担当部分で用いるデータ(zip圧縮ファイル)をゲストOSのデスクトップに置き、解凍します。①BioLinux8を起動。貸与PCのBioLinux8のパスワードはpass1409。②ターミナルを起動。



# pwd, ls

```
iu@bielinux[~]
① iu@bielinux[iu] pwd
/home/iu
② iu@bielinux[iu] ls
Desktop Downloads Pictures Templates
Documents Music Public Videos
iu@bielinux[iu] █
```

Linuxコマンドおさらい。①pwdはカレントディレクトリ(作業フォルダ)を表示。ユーザ名がiuの場合は、/home/iuと表示される。ログイン直後は、「ホームディレクトリ」が「カレントディレクトリ」となる。②lsはディレクトリの内容を表示させるコマンドだった。ここで見えているものはディレクトリ(フォルダ)だけであるが、ヒトによって見えるものは若干異なる。

[ 9:40午後 ]

# cd

①cdコマンドでDesktopに移動(change directory)。  
②ls実行結果はヒトによって若干異なるだろう。こ  
こ(/home/iu/Desktop)にファイルがあったり、以前  
作成した別名のディレクトリがあるかもしれないか  
らである。③mac\_shareという名前の共有フォル  
ダも見られる。

```
iu@bielinux[~/Desktop]
iu@bielinux[iu] pwd
/home/iu
iu@bielinux[iu] ls
Desktop    Downloads  Pictures   Templates
Documents  Music      Public     Videos
iu@bielinux[iu] cd Desktop [ 9:42午後 ]
iu@bielinux[Desktop] ls [ 9:42午後 ]
Bio-Linux Documentation hoge mac_share Sample Data
iu@bielinux[Desktop] pwd [ 9:42午後 ]
/home/iu/Desktop
iu@bielinux[Desktop] █ [ 9:42午後 ]
```





wgetコマンドでアグリバイオウェブサーバ上に置いてあるamelieff.zipをダウンロードするやり方。

# wget

## (Rで)塩基配列解析

～NGS, RNA-seq, ゲノム, トランスクリプトーム, 正規化, 発現変動, 統計, モデル, バイオインフォマティクス～  
(last modified 2015/07/08, since 2010)

### What's new?

- このウェブページに従ってフリーソフト的なまとめた書籍
- 「解析 | 発現変動 | 参考資料(講義, R ver. 3.2.0 (Gen

- 基本的な利用法 (last modified 2015/04/03)
- サンプルデータ (last modified 2015/06/15) **NEW**
- バイオインフォマティクス人材育成カリキュラム(次世代シーケンサ) | [NGSハンズオン講習会](#) (1)
- バイオインフォマティクス人材育成カリキュラム(次世代シーケンサ) | [速習コース2014](#) (last modified)
- 書籍 | [トランスクリプトーム解析 | について](#) (last modified 2014/05/12)
- 書籍 | [トランスクリプトーム解析 | 2.3.1 RNA-seqデータ\(EASTOファイル\)](#) (last modified 2014/04/15)
- 書籍 | [トランスクリプトーム解析 | 2.3.2 リ](#)
- 書籍 | [トランスクリプトーム解析 | 2.3.3 ア](#)
- 書籍 | [トランスクリプトーム解析 | 2.3.4 マ](#)
- 書籍 | [トランスクリプトーム解析 | 2.3.5 マ](#)
- 書籍 | [トランスクリプトーム解析 | 2.3.6 カ](#)
- 書籍 | [トランスクリプトーム解析 | 3.3.1 解](#)
- 書籍 | [トランスクリプトーム解析 | 3.3.2 デ](#)
- 書籍 | [トランスクリプトーム解析 | 3.3.3 ク](#)
- 書籍 | [トランスクリプトーム解析 | 2.3.4 変](#)



## バイオインフォマティクス人材育成カリキュラム(次世代シーケンサ) | NGSハンズオン講習会2015 **NEW**

NGSハンズオン講習会を2015年7月22日-8月6日の11日間で実施します。予定通り受講申込多数のため、予備日(8月26日、27日、28日)も実施することになっています。

はじめに(全員目を通しておきましょう)

- 講習会期間中アグリバイオノートPCを借りるヒトは、7/22の動作確認作業自体は行う必要は基本的ではありません。しかし、7/22のところに列挙した項目の予習は必須です。「エアーハンズオン」をするなりしてチェックリスト項目をクリアしておきましょう。
- 平成26年度開催の[NGS速習コース](#)関係
  - [報告書PDF](#)(h26\_ngs\_report.pdf, 約4MB)  
概要、スケジュール、アンケート結果、受講生のコメントなどを見られます。
  - [報告プレゼン資料](#)(20150126\_kadota.pdf, 約1MB)  
報告書PDFの短縮版のようなものです。Twitterやっているヒトは、ハッシュタグ #AJACS をつけて平成27年度も有効利用してください。
- 平成27年度開催のNGSハンズオン講習会関係
  - [前座プレゼン資料](#)(20150722\_kadota.pdf, 2014.07.14版; 約1MB)  
概要、注意事項、受講生の心構えなどをざっくりと書いてあります。

# wget

## バイオインフォマティクス人材育成カリキュラム(次世代シーケンサ) | NGSハンズオン講習会2015 NEW

NGSハンズオン講習会を2015年7月22日-8月6日の11日間で実施します。予定通り受講申込多数のため、予備日(8月26日、27日、28日)も実施することになっています。

はじめに(全員目を通しておきましょう)

- 講習会期間中アグリバイオノートPCを借りるヒトは、7/22の動作確認作業自体は行う必要は基本的にはありません。しかし、7/22のところに列挙した項目の予習は必須です。「エアハンズオン」をするなりしてチェックリスト項目をクリアしておきましょう。
- 平成26年度開催の[NGS速習コース](#)関係
  - [報告書PDF](#)(h26\_ngs\_report.pdf, 約4MB)  
 概要、スケジュール、アンケート結果、受講生のコメントなどを見られます。
  - [報告プレゼン資料](#)(20150126\_kadota.pdf, 約1MB)  
 報告書PDFの短縮版のようなものです。Twitterやっているヒトは、ハッシュタグ [#AJACS](#) をつけて平成27年度も有効利用してください。

- 平成27年度開催のNGS
  - [前座プレゼン資料](#)  
 概要、注意事項、

### 2015年7月23日(2015.07.23):Linux基礎(門田幸二)

[講義資料](#) (まだ作成途中で; 2015.07.15版; 約8MB)

- [Bio-Linux: Field et al., Nat Biotechnol., 2006](#)
- テストデータ取得: [amelieff.zip](#) (約39MB; 40,445,616 bytes; 2015.07.16更新)  
`wget -c http://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/bioinfo_ngs_sokushu_2015/amelieff.zip`
- [IGV\(Thorvaldsdóttir et al., Brief. Bioinform., 2013\)](#)のインストール  
`wget -c http://data.broadinstitute.org/igv/projects/downloads/IGV_2.3.57.zip`

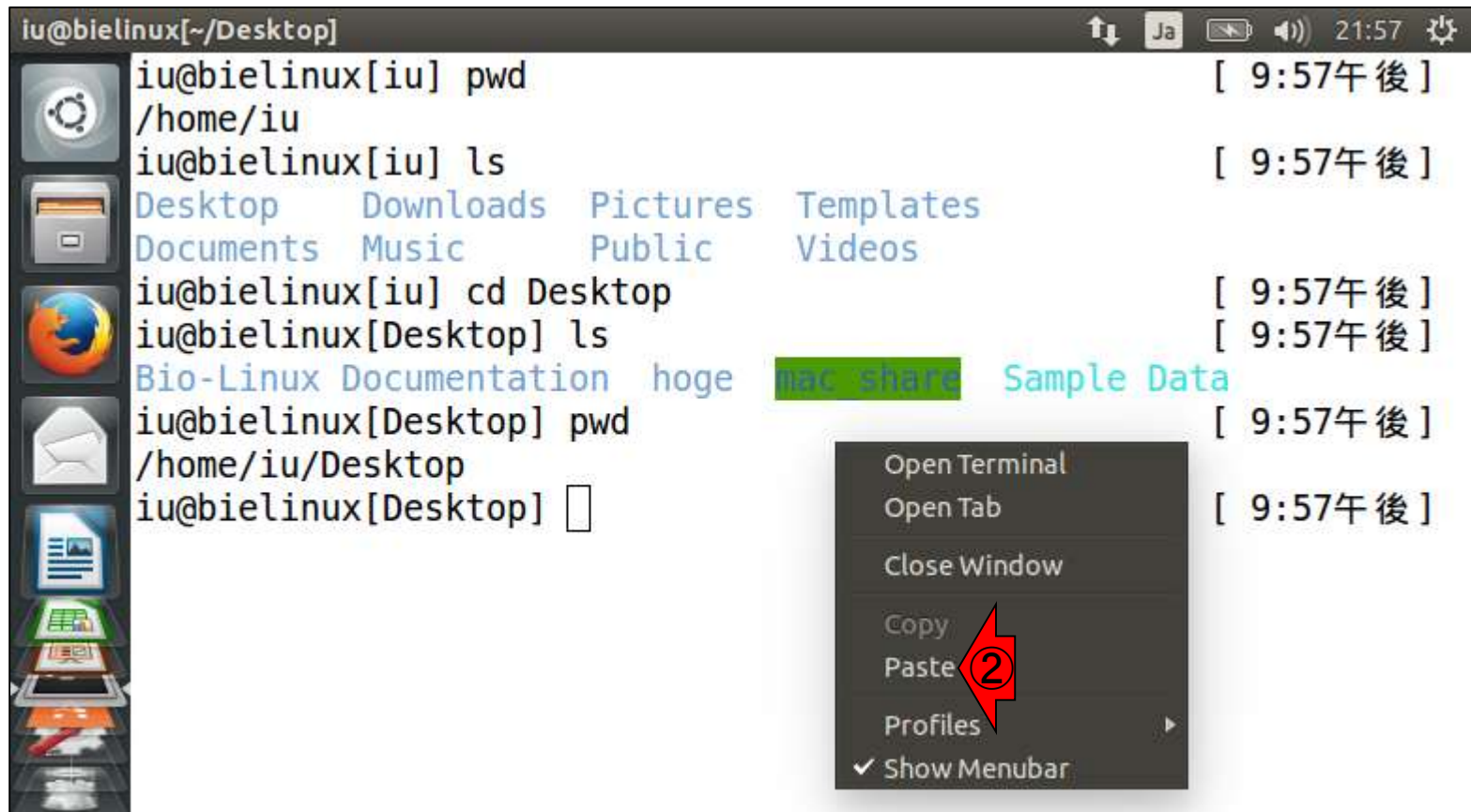
①  
 切り取り(T)  
 コピー(C)  
 貼り付け

# 基本は右クリック

ホストOS(ここではWindows7)上のウェブブラウザIEを開き、①一連のコマンドをコピー。  
②右クリックでペースト

• テストデータ取得: [amelieff.zip](#) (約39MB; 40,445,616 bytes; 2015.07.16更新)  
`wget -c http://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/bioinfo_ngs_sokushu_2015/amelieff.zip`

①



```
iu@bielinux[~/Desktop]
iu@bielinux[iu] pwd [ 9:57午後 ]
/home/iu
iu@bielinux[iu] ls [ 9:57午後 ]
Desktop Downloads Pictures Templates
Documents Music Public Videos
iu@bielinux[iu] cd Desktop [ 9:57午後 ]
iu@bielinux[Desktop] ls [ 9:57午後 ]
Bio-Linux Documentation hoge mac share Sample Data
iu@bielinux[Desktop] pwd [ 9:57午後 ]
/home/iu/Desktop
iu@bielinux[Desktop] █ [ 9:57午後 ]
```

Open Terminal  
Open Tab [ 9:57午後 ]  
Close Window  
Copy  
Paste ②  
Profiles ▶  
✓ Show Menubar

# wget -cや-qオプション

①リターンキーを押す。-cは失敗しても続きからダウンロードする(continue)ためのおまじない的なオプション。連載原稿中では-qも用いているが、これは単に途中経過を表示させない(quiet)ようにするオプション。

- テストデータ取得: [amelieff.zip](http://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/bioinfo_nginx_sokushu_2015/amelieff.zip) (約39MB; 40,445,616 bytes; 2015.07.16更新)  
`wget -c http://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/bioinfo_nginx_sokushu_2015/amelieff.zip`

```
iu@bielinux[~/Desktop]
iu@bielinux[iu] pwd [ 9:57午後 ]
/home/iu
iu@bielinux[iu] ls [ 9:57午後 ]
Desktop Downloads Pictures Templates
Documents Music Public Videos
iu@bielinux[iu] cd Desktop [ 9:57午後 ]
iu@bielinux[Desktop] ls [ 9:57午後 ]
Bio-Linux Documentation hoge mac share Sample Data
iu@bielinux[Desktop] pwd [ 9:57午後 ]
/home/iu/Desktop
iu@bielinux[Desktop] wget -c http://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/bioinfo_nginx_sokushu_2015/amelieff.zip
```

# ダウンロード正常終了の場合

- テストデータ取得: [amelieff.zip](http://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/bioinfo_ngs_sokushu_2015/amelieff.zip) (約39MB; 40,445,616 bytes; 2015.07.16更新)  
`wget -c http://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/bioinfo_ngs_sokushu_2015/amelieff.zip`

```
iu@bielinux[~/Desktop]
iu@bielinux[Desktop] pwd [10:05午後]
/home/iu/Desktop
iu@bielinux[Desktop] wget -c http://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/bioinfo_ngs_sokushu_2015/amelieff.zip
--2015-07-16 22:05:50-- http://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/bioinfo_ngs_sokushu_2015/amelieff.zip
Resolving www.iu.a.u-tokyo.ac.jp (www.iu.a.u-tokyo.ac.jp)... 133.11.224.26
Connecting to www.iu.a.u-tokyo.ac.jp (www.iu.a.u-tokyo.ac.jp)|133.11.224.26|:80... connected.
HTTP request sent, awaiting response... 200 OK
Length: 40445616 (39M) [application/zip]
Saving to: 'amelieff.zip'

100%[=====>] 40,445,616 11.0MB/s in 3.5s

2015-07-16 22:05:54 (11.0 MB/s) - 'amelieff.zip' saved [40445616/40445616]

iu@bielinux[Desktop] [10:06午後]
```

①画面をリフレッシュすべく、clear。  
「CTRL + L」でもよい。

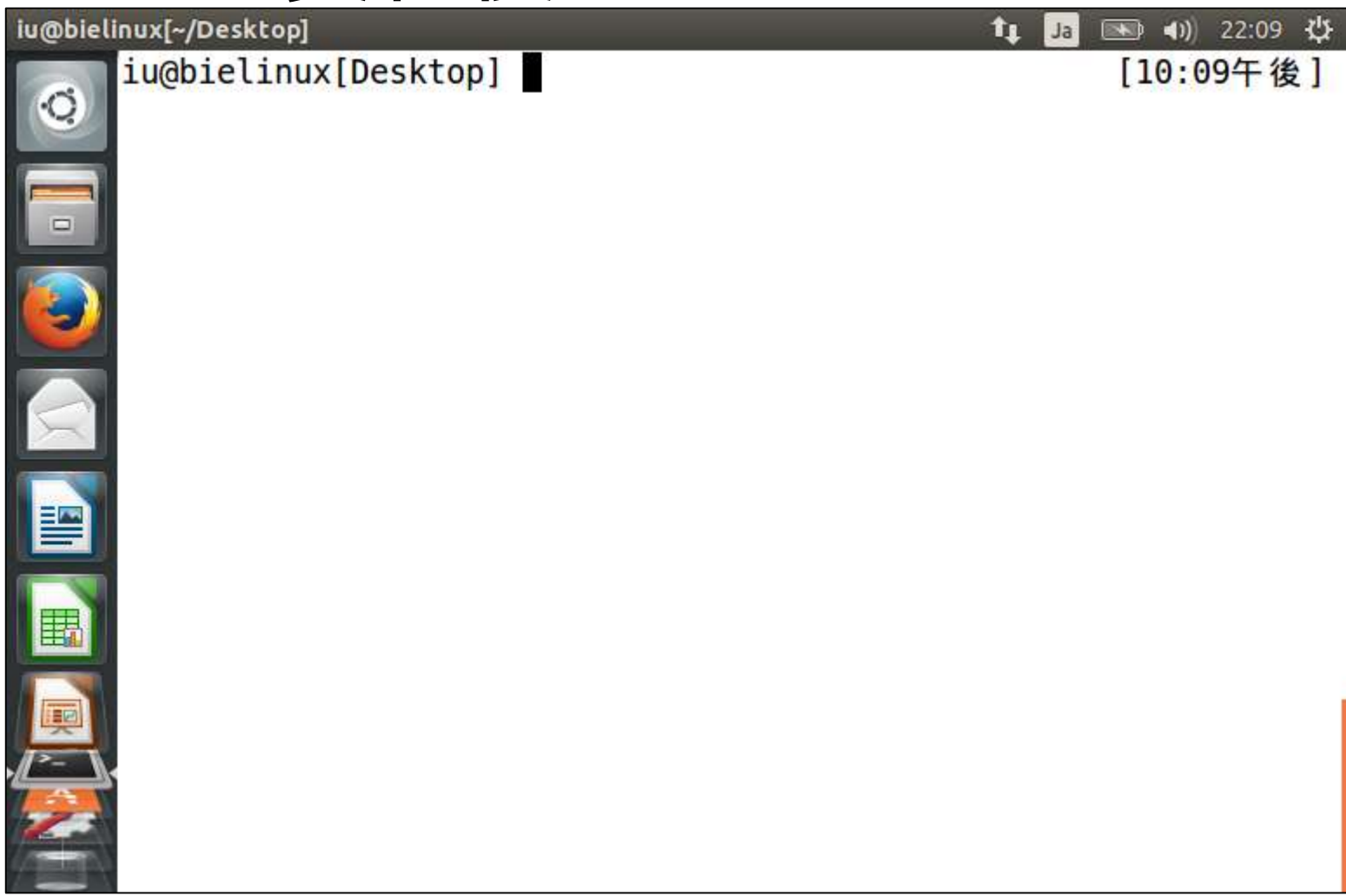
# clearで画面リフレッシュ

```
iu@bielinux[~/Desktop]
iu@bielinux[Desktop] pwd [10:05午後]
/home/iu/Desktop
iu@bielinux[Desktop] wget -c http://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/bioinfo_ngs_sokushu_2015/amelieff.zip
--2015-07-16 22:05:50-- http://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/bioinfo_ngs_sokushu_2015/amelieff.zip
Resolving www.iu.a.u-tokyo.ac.jp (www.iu.a.u-tokyo.ac.jp)... 133.11.224.26
Connecting to www.iu.a.u-tokyo.ac.jp (www.iu.a.u-tokyo.ac.jp)|133.11.224.26|:80... connected.
HTTP request sent, awaiting response... 200 OK
Length: 40445616 (39M) [application/zip]
Saving to: 'amelieff.zip'

100%[=====>] 40,445,616 11.0MB/s in 3.5s

2015-07-16 22:05:54 (11.0 MB/s) - 'amelieff.zip' saved [40445616/40445616]
① iu@bielinux[Desktop] clear [10:06午後]
```

# clear実行後



# ls -l

①今自分がどこで作業をしていて (pwd)、②そこに何があるか(ls)は、ときどき無意識に打つようにして把握するように努めましょう。③「ls -l」とすることで詳細情報が見られる。

```
iu@bielinux[~/Desktop]
1 iu@bielinux[Desktop] pwd [10:09午後]
/home/iu/Desktop
2 iu@bielinux[Desktop] ls [10:09午後]
amelieff.zip             hoge          Sample Data
Bio-Linux Documentation mac share
3 iu@bielinux[Desktop] ls -l [10:09午後]
total 39520
-rw-rw-r-- 1 iu iu 40445616 7月 16 11:16 amelieff.zip
drwxr-xr-x 2 iu iu 4096 7月 13 15:08 Bio-Linux Document
ation
drwxr-x--- 2 iu iu 4096 7月 13 17:07 hoge
drwxrwxrwx 1 root root 12288 7月 16 21:28 mac share
lrwxrwxrwx 1 iu iu 29 7月 13 15:08 Sample Data -> /usr/
local/bioinf/sampled
iu@bielinux[Desktop] [10:09午後]
```



# ls -l結果の読み取り方

- ①ダウンロードしたzipファイルが見られる。
- ②ファイルサイズは40,445,616 bytes。
- ③これはディレクトリではないので「-」。

```
iu@bielinux[~/Desktop]
iu@bielinux[Desktop] pwd [10:09午後]
/home/iu/Desktop
iu@bielinux[Desktop] ls [10:09午後]
amelieff.zip
Bio-Linux Documentation
iu@bielinux[Desktop] ls -l [10:09午後]
total 39520
-rw-rw-r-- 1 iu iu 40445616 7月 16 11:16 amelieff.zip
drwxr-xr-x 2 iu iu 4096 7月 13 15:08 Bio-Linux Document
ation
drwxr-x--- 2 iu iu 4096 7月 13 17:07 hoge
drwxrwxrwx 1 root root 12288 7月 16 21:28 mac share
lrwxrwxrwx 1 iu iu 29 7月 13 15:08 Sample Data -> /usr/
local/bioinf/sampledata/
iu@bielinux[Desktop] █ [10:09午後]
```



hoge Sample Data  
mac share

③ total 39520  
②  
①

①「ls -la」とすることで「. (どっと)」から始まるファイルなどを含んだ詳細情報が見られる。

# ls -la

```
iu@bielinux[~/Desktop]
iu@bielinux[Desktop] pwd [10:09午後]
/home/iu/Desktop
iu@bielinux[Desktop] ls [10:11午後]
amelieff.zip hoge Sample Data
Bio-Linux Documentation mac share
iu@bielinux[Desktop] ls -la [10:11午後]
total 39528
drwx----- 5 iu iu 4096 7月 16 22:05 .
drwxr-xr-x 21 iu iu 4096 7月 16 22:04 ..
-rw-rw-r-- 1 iu iu 40445616 7月 16 11:16 amelieff.zip
drwxr-xr-x 2 iu iu 4096 7月 13 15:08 Bio-Linux Document
tation
drwxr-x--- 2 iu iu 4096 7月 13 17:07 hoge
drwxrwxrwx 1 root root 12288 7月 16 21:28 mac share
lrwxrwxrwx 1 iu iu 29 7月 13 15:08 Sample Data -> /u
sr/local/bioinf/sampledata/
iu@bielinux[Desktop] [10:11午後]
```



drwx----- 5 iu iu 4096 7月 16 22:05 .  
drwxr-xr-x 21 iu iu 4096 7月 16 22:04 ..

# ターミナル横幅次第で...

lsだけだと、①「Bio-Linux Documentation」が2つのディレクトリからなると勘違いしそうになるが、②ls -laなどとすることで1つのディレクトリであることが確認できる。ターミナルの横幅次第で2行にわたって見える。このあたりは慣れ。

```
iu@bielinux[~/Desktop]
iu@bielinux[Desktop] pwd
/home/iu/Desktop
iu@bielinux[Desktop] ls
amelieff.zip             hoge             Sample Data
Bio-Linux Documentation mac share
iu@bielinux[Desktop] ls -la [10:11午後]
total 39528
drwx-----  5 iu  iu      4096  7月 16 22:05 .
drwxr-xr-x 21 iu  iu      4096  7月 16 22:04 ..
-rw-rw-r--  1 iu  iu    40445616  7月 16 11:16 amelieff.zip
drwxr-xr-x  2 iu  iu      4096  7月 13 15:08 Bio-Linux Document
tation
drwxr-x---  2 iu  iu      4096  7月 13 17:07 hoge
drwxrwxrwx  1 root root    12288  7月 16 21:28 mac share
lrwxrwxrwx  1 iu  iu         29  7月 13 15:08 Sample Data -> /u
sr/local/bioinf/sampledata/
iu@bielinux[Desktop] [10:11午後]
```



# ls -lh

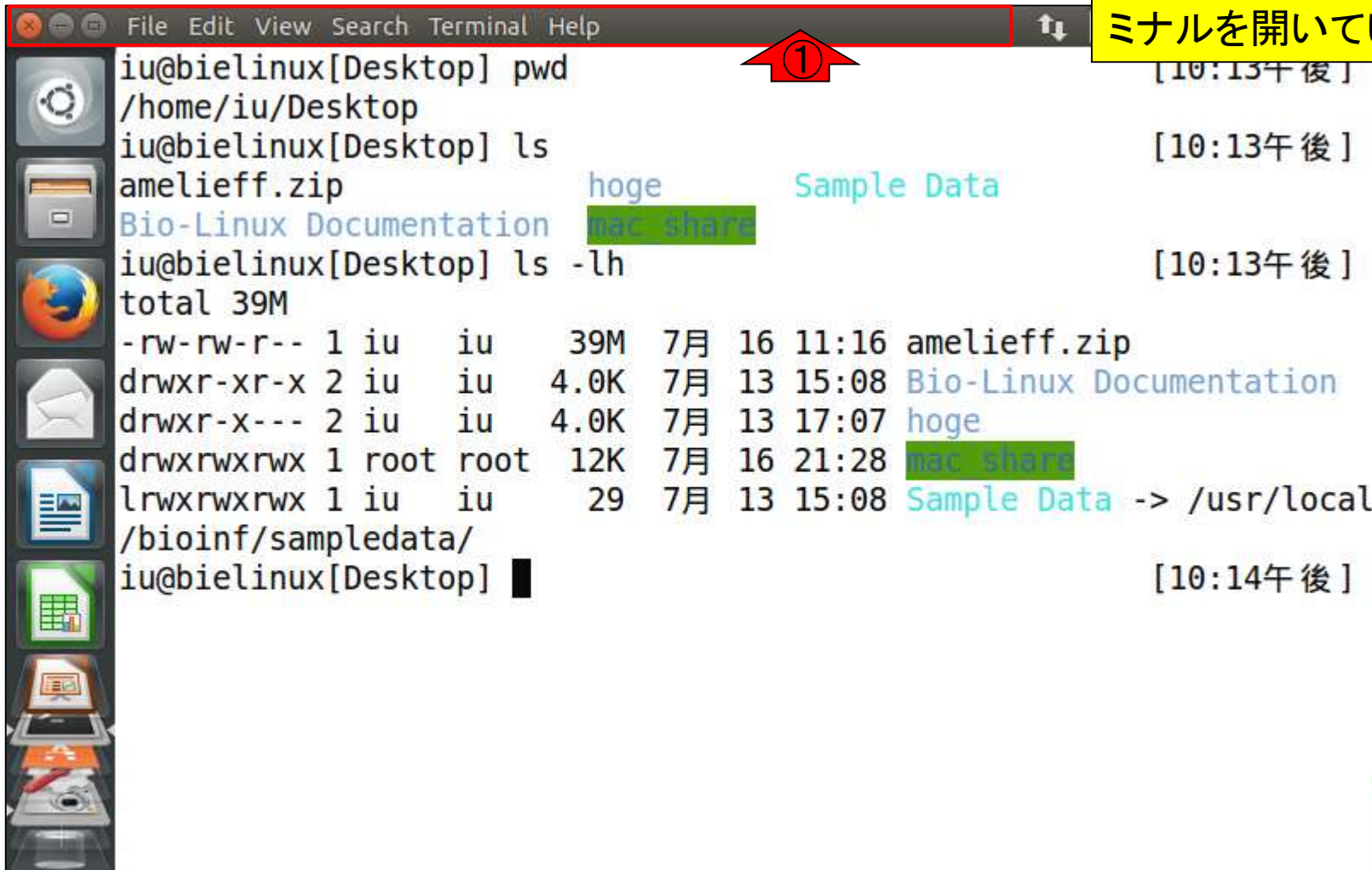
- ①「ls -lh」とすることでヒト(human)が判読しやすい表示形式になる。
- ②amelieff.zipは39MBだということ。
- ③赤枠内を眺めることで、ファイル(-)、ディレクトリ(d)、シンボリックリンク(l)などを判読可能。

```
iu@bielinux[~/Desktop]
iu@bielinux[Desktop] pwd
/home/iu/Desktop
iu@bielinux[Desktop] ls
amelieff.zip
Bio-Linux Documentation
iu@bielinux[Desktop] ls -lh
total 39M
-rw-rw-r-- 1 iu iu 39M 7月 16 11:16 amelieff.zip
drwxr-xr-x 2 iu iu 4.0K 7月 13 15:08 Bio-Linux Documentation
drwxr-x--- 2 iu iu 4.0K 7月 13 17:07 hoge
drwxrwxrwx 1 root root 12K 7月 16 21:28 mac share
lrwxrwxrwx 1 iu iu 29 7月 13 15:08 Sample Data -> /usr/local
/bioinf/sampledata/
iu@bielinux[Desktop]
```



# メニューバー

①赤枠部分にカーソルを移動させるとメニューバーが見られる。この状態は、ゲストOS内で全画面表示でターミナルを開いているのと同じです。

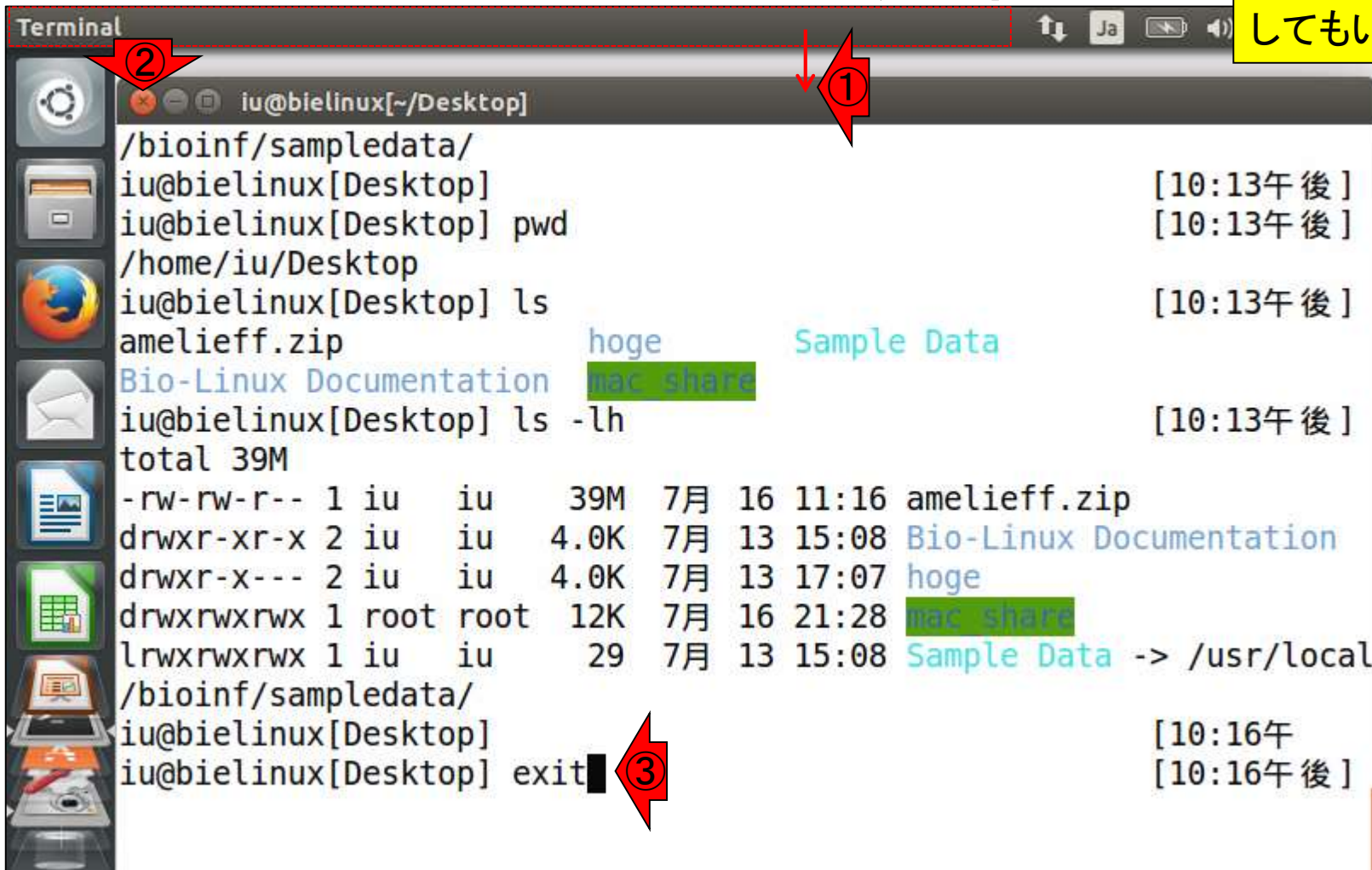


A terminal window on a Linux desktop environment. The window title is "Terminal". The menu bar at the top shows "File Edit View Search Terminal Help". A red arrow with the number "1" points to the menu bar. The terminal output shows the following commands and results:

```
iu@bielinux[Desktop] pwd [10:13午後]
/home/iu/Desktop
iu@bielinux[Desktop] ls [10:13午後]
amelieff.zip             hoge          Sample Data
Bio-Linux Documentation mac share
iu@bielinux[Desktop] ls -lh [10:13午後]
total 39M
-rw-rw-r-- 1 iu iu 39M 7月 16 11:16 amelieff.zip
drwxr-xr-x 2 iu iu 4.0K 7月 13 15:08 Bio-Linux Documentation
drwxr-x--- 2 iu iu 4.0K 7月 13 17:07 hoge
drwxrwxrwx 1 root root 12K 7月 16 21:28 mac share
lrwxrwxrwx 1 iu iu 29 7月 13 15:08 Sample Data -> /usr/local
/bioinf/sampledata/
iu@bielinux[Desktop] [10:14午後]
```

# ターミナル画面の移動・終了

①下のほうに移動させることができる。ターミナルを閉じたいときは、②×ボタンを押してもいいし、③exitでもよい。



The image shows a terminal window titled "Terminal" with a window title bar containing "iu@bielinux[~/Desktop]". The terminal content is as follows:

```
iu@bielinux[~/Desktop]
/bioinf/sampledata/
iu@bielinux[Desktop] [10:13午後]
iu@bielinux[Desktop] pwd [10:13午後]
/home/iu/Desktop
iu@bielinux[Desktop] ls [10:13午後]
amelieff.zip             hoge          Sample Data
Bio-Linux Documentation mac share
iu@bielinux[Desktop] ls -lh [10:13午後]
total 39M
-rw-rw-r-- 1 iu iu 39M 7月 16 11:16 amelieff.zip
drwxr-xr-x 2 iu iu 4.0K 7月 13 15:08 Bio-Linux Documentation
drwxr-x--- 2 iu iu 4.0K 7月 13 17:07 hoge
drwxrwxrwx 1 root root 12K 7月 16 21:28 mac share
lrwxrwxrwx 1 iu iu 29 7月 13 15:08 Sample Data -> /usr/local
/bioinf/sampledata/
iu@bielinux[Desktop] [10:16午
iu@bielinux[Desktop] exit [10:16午後]
```

Red arrows with circled numbers indicate key actions: ① points to the terminal content area, ② points to the window's close button (X), and ③ points to the 'exit' command.

# rmでファイル削除

ネットワークの不調などでwgetで取得できない局面がよくある。別の方法を示すべく、一旦①amelieff.zipファイルをrmコマンドで削除。-fオプションをつけると問合せをしない(赤四角)。②lsで消えていることを確認。

```
Terminal
iu@bielinux[~/Desktop]
iu@bielinux[Desktop] pwd [10:13午後]
/home/iu/Desktop
iu@bielinux[Desktop] ls [10:13午後]
amelieff.zip hoge Sample Data
Bio-Linux Documentation mac share
iu@bielinux[Desktop] ls -lh [10:13午後]
total 39M
-rw-rw-r-- 1 iu iu 39M 7月 16 11:16 amelieff.zip
drwxr-xr-x 2 iu iu 4.0K 7月 13 15:08 Bio-Linux Documentation
drwxr-x--- 2 iu iu 4.0K 7月 13 17:07 hoge
drwxrwxrwx 1 root root 12K 7月 16 21:28 mac share
lrwxrwxrwx 1 iu iu 29 7月 13 15:08 Sample Data -> /usr/local
/bioinf/sampledata/
iu@bielinux[Desktop] [10:16午
① iu@bielinux[Desktop] rm amelieff.zip [10:16午後]
rm: remove regular file 'amelieff.zip'? y
② iu@bielinux[Desktop] ls [10:18午後]
Bio-Linux Documentation hoge mac share Sample Data
iu@bielinux[Desktop] [10:18午後]
```

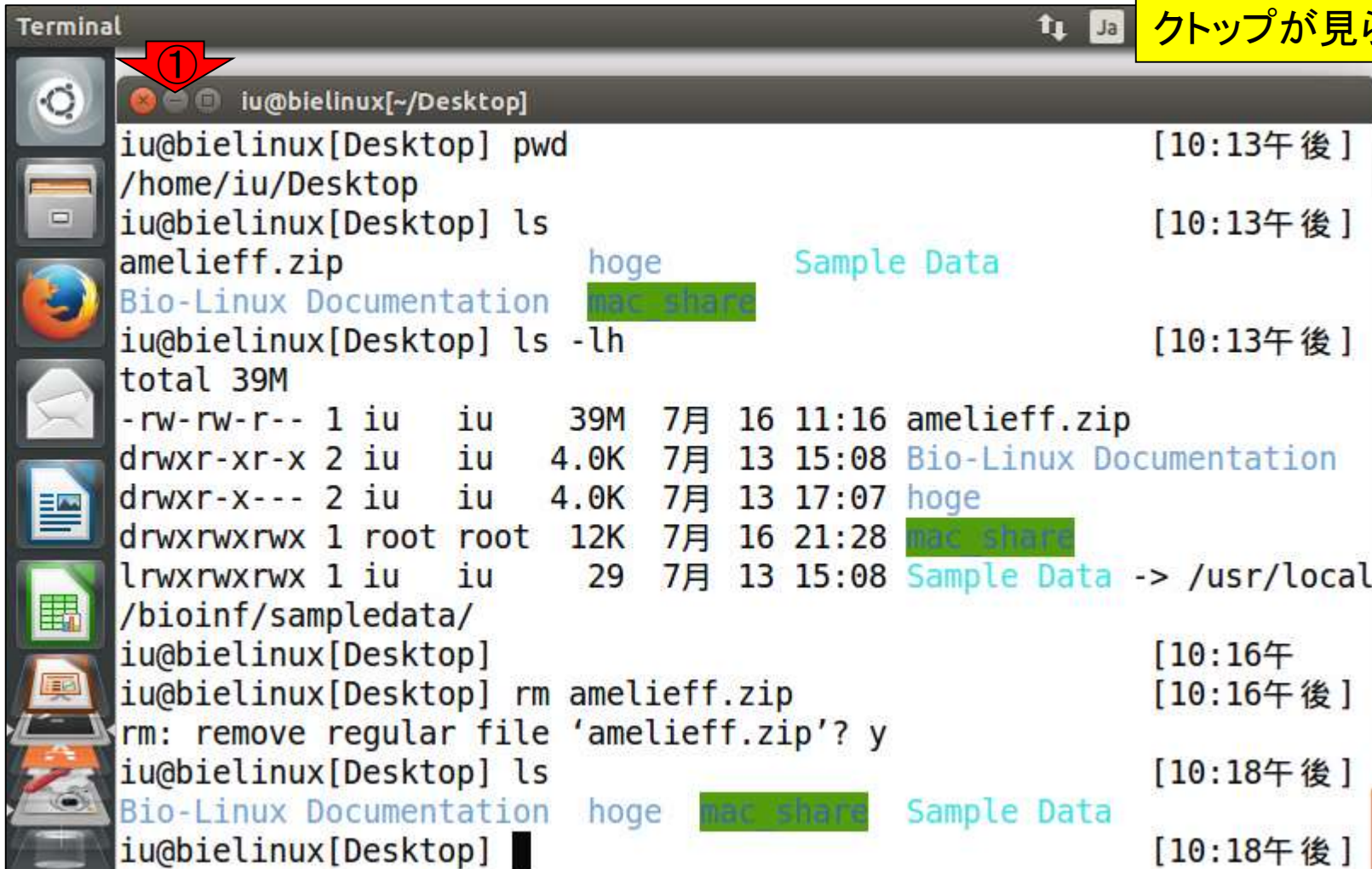
# Contents

- テストデータ取得
  - wgetの場合、ドラッグ&ドロップの場合、共有フォルダ経由の場合
- Integrative Genomics Viewer (IGV)のインストール
  - 7/23不参加者はwget、7/23参加者は共有フォルダ経由
- 日本乳酸菌学会誌のNGS連載第4回のW7-1以降
  - FastQC (ver. 0.10.1) preinstalled in Bio-Linux 8
  - FastQC (ver. 0.11.3):ダウンロード、解凍、正規表現
  - FastQC (ver. 0.11.3):パスを通す
- FastQC ver. 0.11.3とver. 0.10.1の違い
- Genome Analysis Toolkit (GATK) の取得



# ドラッグ&ドロップ戦略

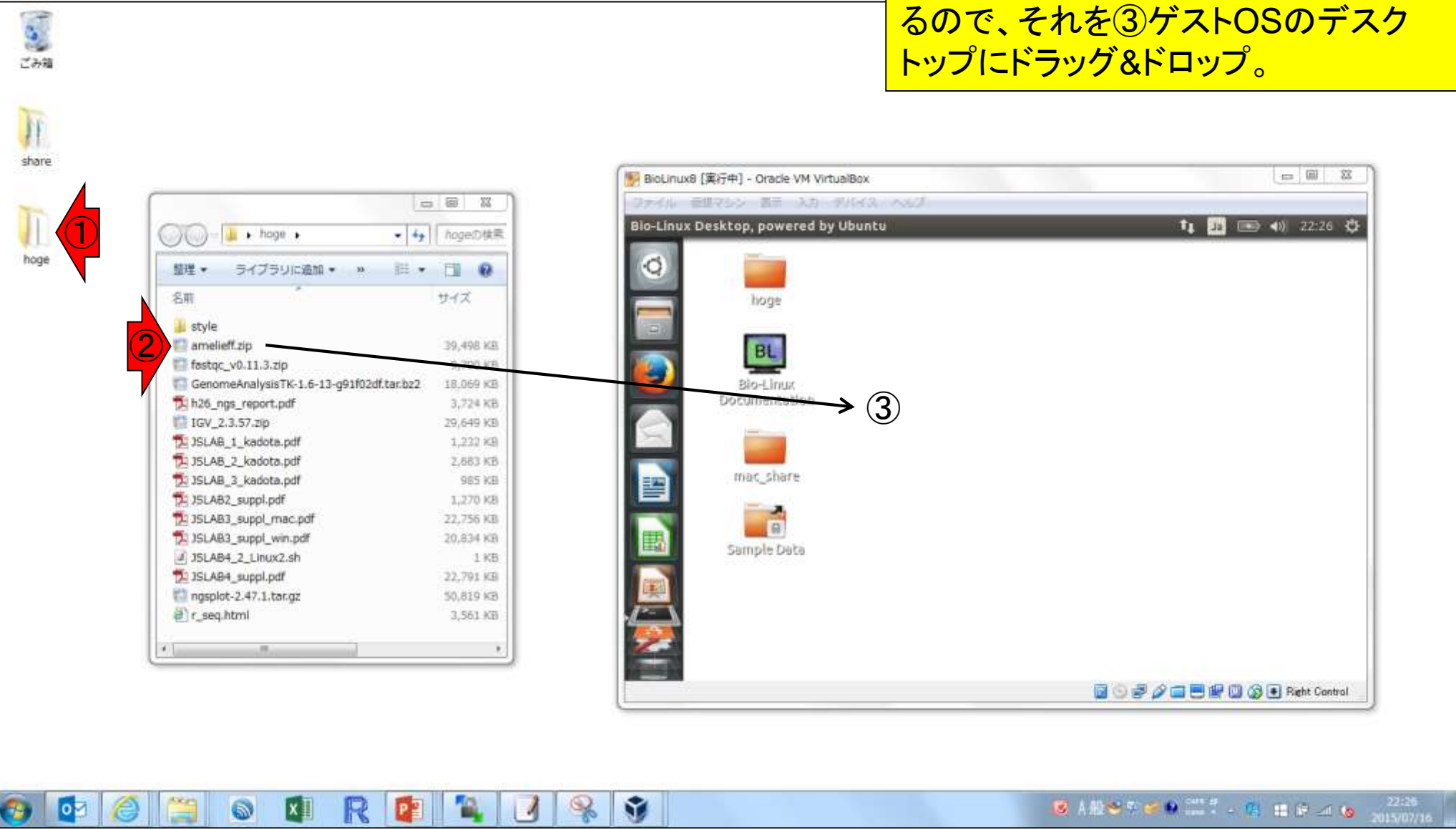
ホスト→ゲストは、ドラッグ&ドロップでファイルのコピーが可能。①ターミナル画面を最小化してデスクトップが見られるようにする。



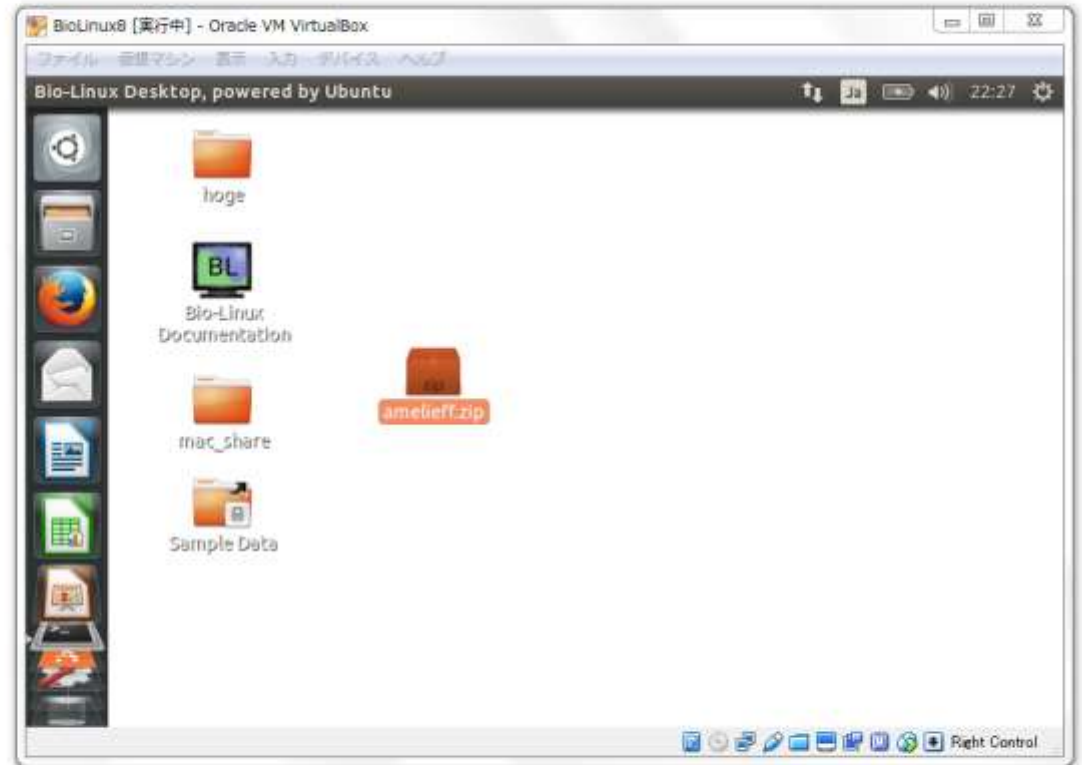
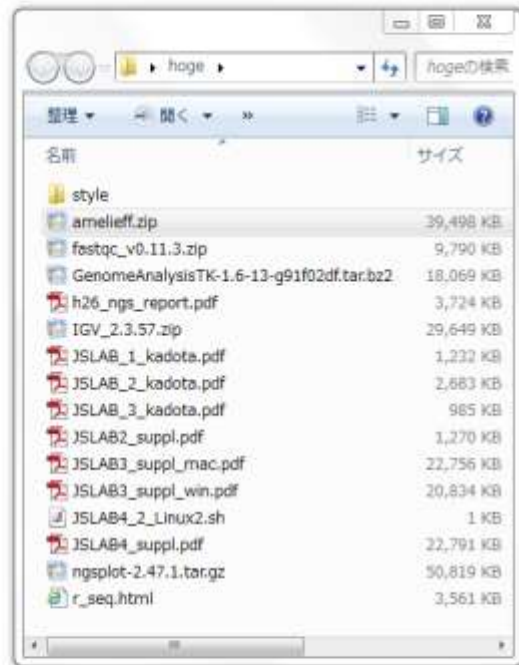
```
Terminal
iu@bielinux[~/Desktop]
iu@bielinux[Desktop] pwd [10:13午後]
/home/iu/Desktop
iu@bielinux[Desktop] ls [10:13午後]
amelieff.zip             hoge             Sample Data
Bio-Linux Documentation mac share
iu@bielinux[Desktop] ls -lh [10:13午後]
total 39M
-rw-rw-r-- 1 iu iu 39M 7月 16 11:16 amelieff.zip
drwxr-xr-x 2 iu iu 4.0K 7月 13 15:08 Bio-Linux Documentation
drwxr-x--- 2 iu iu 4.0K 7月 13 17:07 hoge
drwxrwxrwx 1 root root 12K 7月 16 21:28 mac share
lrwxrwxrwx 1 iu iu 29 7月 13 15:08 Sample Data -> /usr/local
/bioinf/sampledata/
iu@bielinux[Desktop] [10:16午
iu@bielinux[Desktop] rm amelieff.zip [10:16午後]
rm: remove regular file 'amelieff.zip'? y
iu@bielinux[Desktop] ls [10:18午後]
Bio-Linux Documentation hoge mac share Sample Data
iu@bielinux[Desktop] [10:18午後]
```

# ドラッグ&ドロップ戦略

ホストOS(Windows)上ではこんな感じに見えます。①デスクトップ上にあるhogeフォルダ中に②amelieff.zipがあるので、それを③ゲストOSのデスクトップにドラッグ&ドロップ。

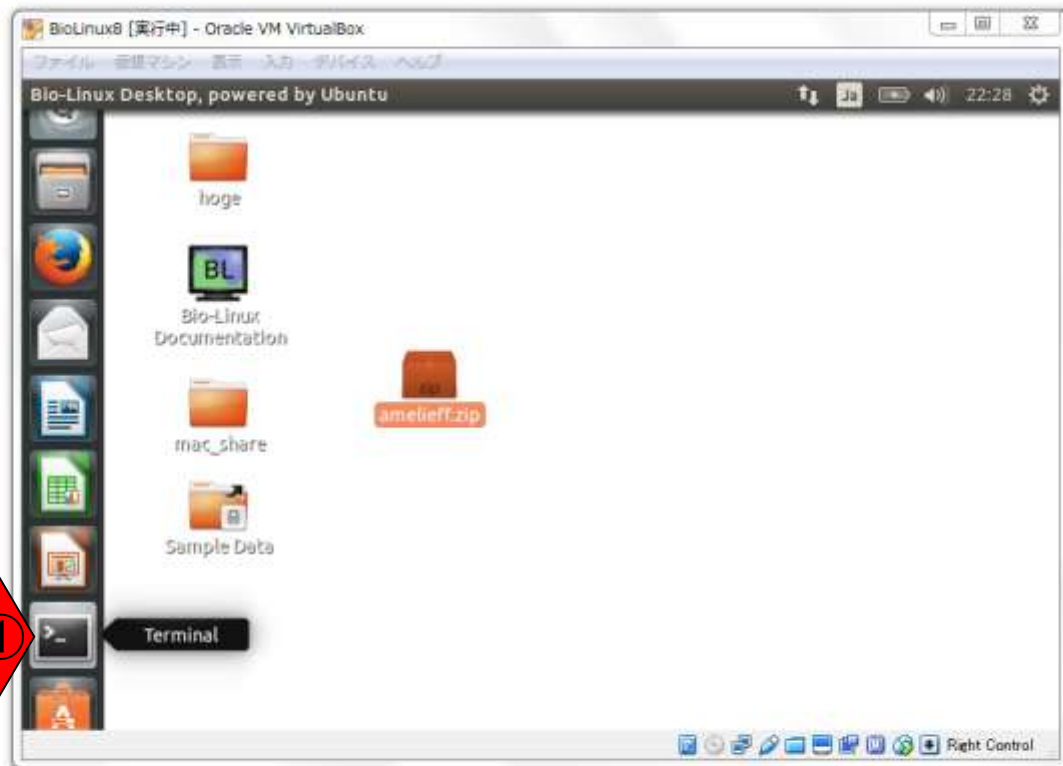
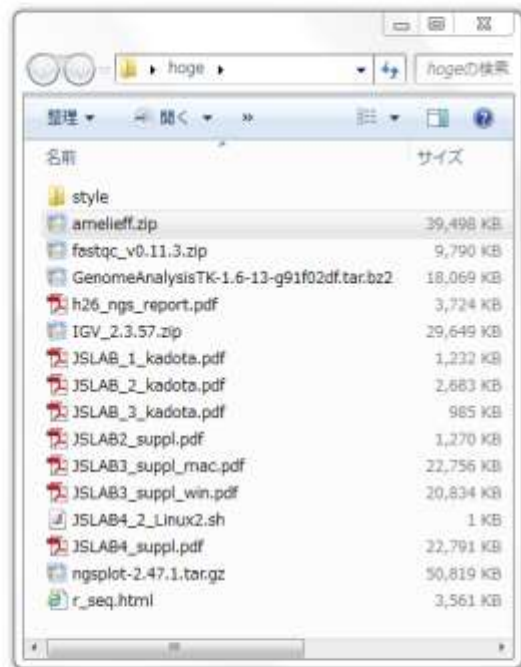


# ドラッグ&ドロップ戦略



# ドラッグ&ドロップ戦略

①ターミナル画面上で確認すべく、ターミナルアイコンを一回押すと、最小化されていたターミナルが復帰されます。



# ドラッグ&ドロップ戦略

①コピー前と②コピー後。確かに ameliEFF.zip が存在することがわかる。  
③pwdで一応カレントディレクトリを表示させているが、④や⑤を見れば自分の現在地がわかる。

```
Terminal
iu@bielinux[~/Desktop]
iu@bielinux[Desktop] [10:16午後]
iu@bielinux[Desktop] rm ameliEFF.zip [10:16午後]
rm: remove regular file 'ameliEFF.zip'? y
iu@bielinux[Desktop] ls [10:18午後]
Bio-Linux Documentation hoge mac share Sample Data
iu@bielinux[Desktop] ls [10:18午後]
ameliEFF.zip hoge Sample Data
Bio-Linux Documentation mac share
iu@bielinux[Desktop] ls -lh [10:31午後]
total 39M
-rw-rw-rw- 1 iu iu 39M 7月 16 22:27 ameliEFF.zip
drwxr-xr-x 2 iu iu 4.0K 7月 13 15:08 Bio-Linux Documentation
drwxr-x--- 2 iu iu 4.0K 7月 13 17:07 hoge
drwxrwxrwx 1 root root 12K 7月 16 21:28 mac share
lrwxrwxrwx 1 iu iu 29 7月 13 15:08 Sample Data -> /usr/local
/bioinf/sampledata/
iu@bielinux[Desktop] pwd [10:32午後]
/home/iu/Desktop
iu@bielinux[Desktop] [10:32午後]
```



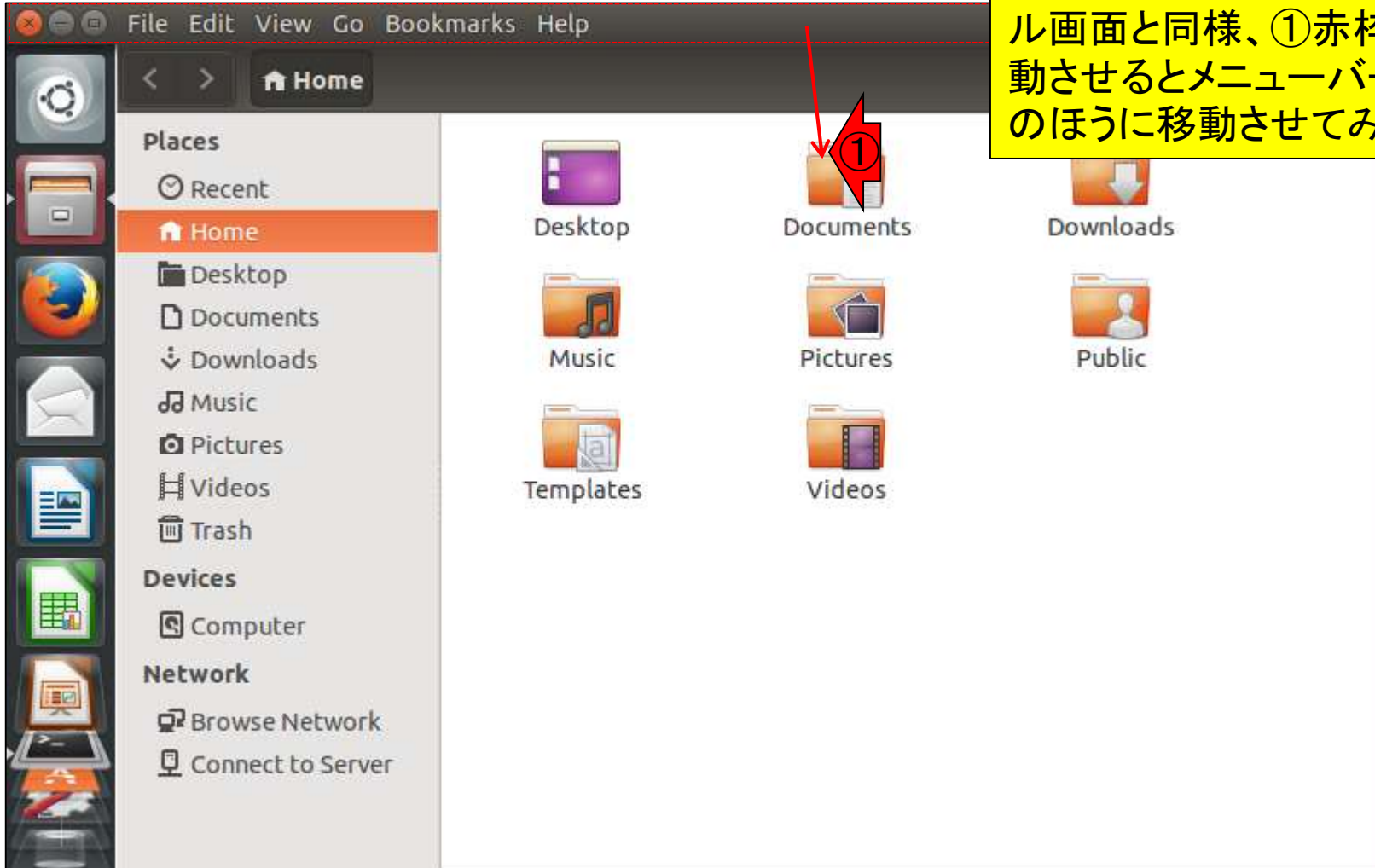
# ドラッグ&ドロップ戦略

①一旦ターミナルを最小化してもいいし、しなくてもよい。②引出しアイコンをクリックしてデスクトップにたどり着くやり方を示す。

```
Terminal
iu@bielinux[~/Desktop]
iu@bielinux[Desktop] [10:16午]
iu@bielinux[Desktop] rm amelieff.zip [10:16午後]
rm: remove regular file 'amelieff.zip'? y
iu@bielinux[Desktop] ls [10:18午後]
Bio-Linux Documentation hoge mac share Sample Data
iu@bielinux[Desktop] ls [10:18午後]
amelieff.zip hoge Sample Data
Bio-Linux Documentation mac share
iu@bielinux[Desktop] ls -lh [10:31午後]
total 39M
-rw-rw-rw- 1 iu iu 39M 7月 16 22:27 amelieff.zip
drwxr-xr-x 2 iu iu 4.0K 7月 13 15:08 Bio-Linux Documentation
drwxr-x--- 2 iu iu 4.0K 7月 13 17:07 hoge
drwxrwxrwx 1 root root 12K 7月 16 21:28 mac share
lrwxrwxrwx 1 iu iu 29 7月 13 15:08 Sample Data -> /usr/local
/bioinf/sampledata/
iu@bielinux[Desktop] pwd [10:32午後]
/home/iu/Desktop
iu@bielinux[Desktop] [10:32午後]
```

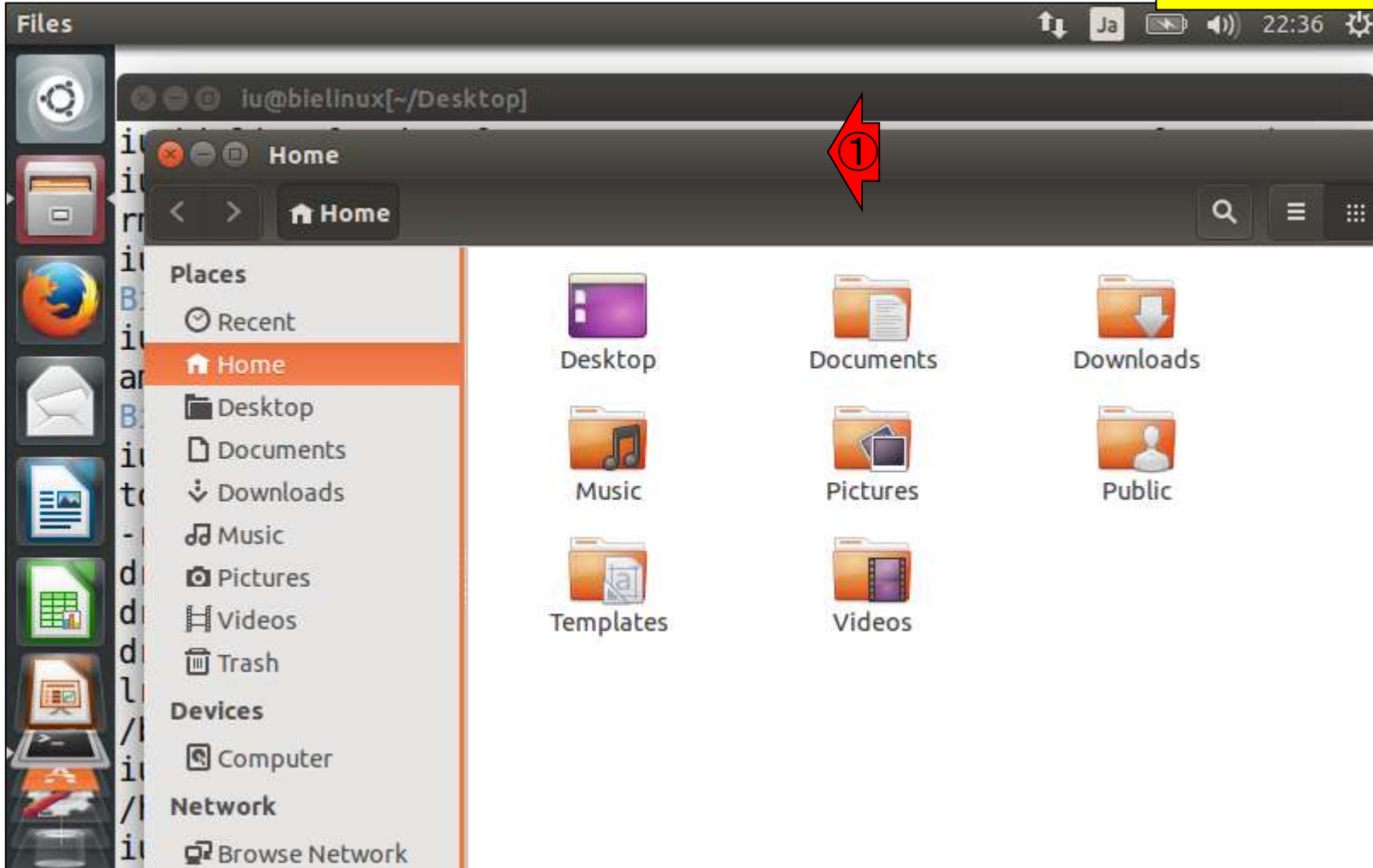
# ドラッグ&ドロップ戦略

こんな感じになります。デフォルトの場所はホームディレクトリ。/home/iuの場所でlsした結果と同じものが見えています。ターミナル画面と同様、①赤枠部分にカーソルを移動させるとメニューバーが現れるので、下のほうに移動させてみる。



# ドラッグ&ドロップ戦略

こんな感じになります。①後ろに隠れているのはターミナル画面。クリックすればアクティブになる。





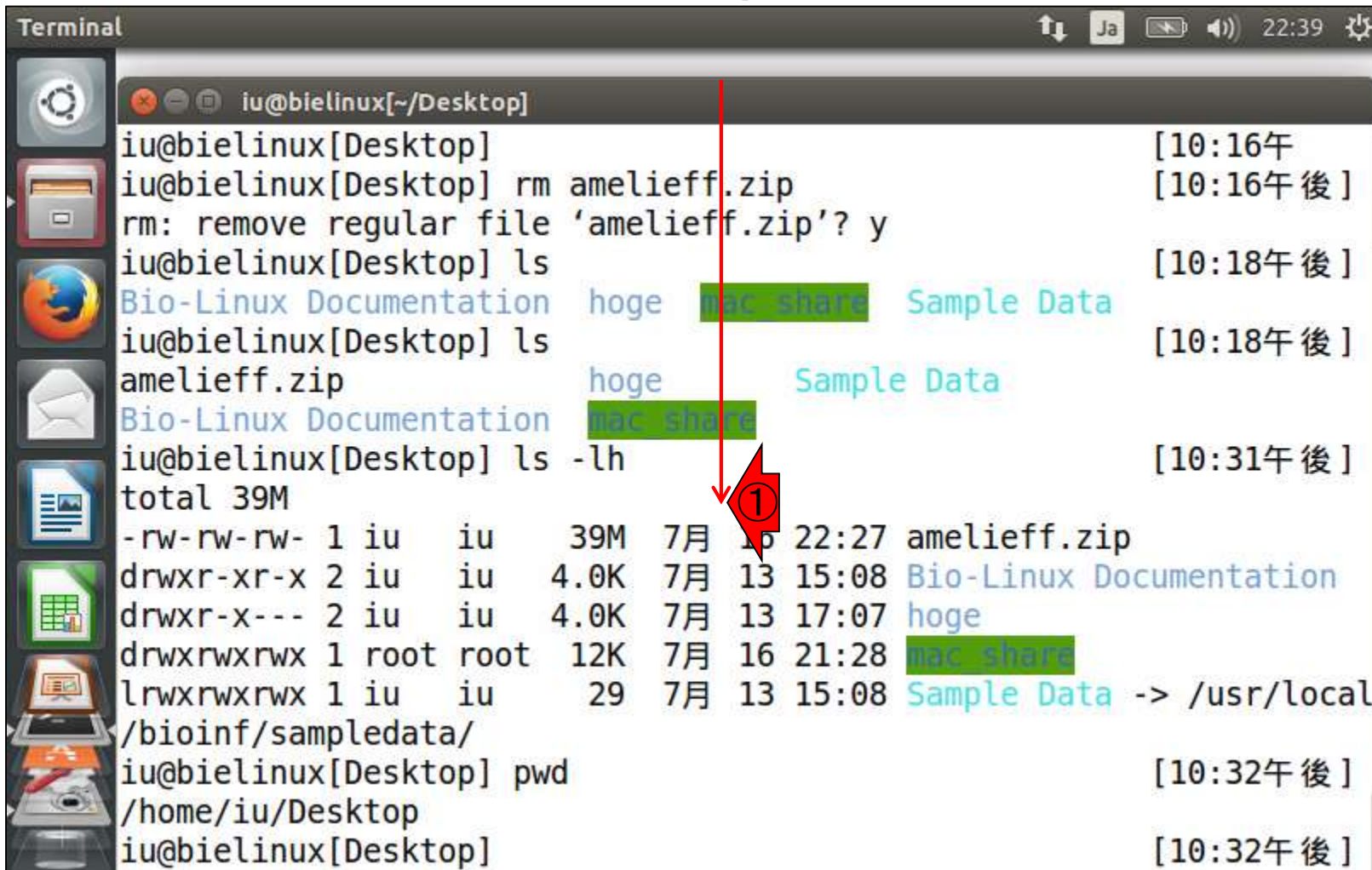
# ドラッグ&ドロップ戦略

```

Terminal
iu@bielinux[~/Desktop]
iu@bielinux[Desktop] [10:16午]
iu@bielinux[Desktop] rm amelieff.zip [10:16午後]
rm: remove regular file 'amelieff.zip'? y
iu@bielinux[Desktop] ls [10:18午後]
Bio-Linux Documentation hoge mac share Sample Data
iu@bielinux[Desktop] ls [10:18午後]
amelieff.zip hoge Sample Data
Bio-Linux Documentation mac share
iu@bielinux[Desktop] ls -lh [10:31午後]
total 39M
-rw-rw-rw- 1 iu iu 39M 7月 16 22:27 amelieff.zip
drwxr-xr-x 2 iu iu 4.0K 7月 13 15:08 Bio-Linux Documentation
drwxr-x--- 2 iu iu 4.0K 7月 13 17:07 hoge
drwxrwxrwx 1 root root 12K 7月 16 21:28 mac share
lrwxrwxrwx 1 iu iu 29 7月 13 15:08 Sample Data -> /usr/local
/bioinf/sampledata/
iu@bielinux[Desktop] pwd [10:32午後]
/home/iu/Desktop
iu@bielinux[Desktop] [10:32午後]
    
```

①画面サイズを小さくして、②「CTRL + L」で画面をリフレッシュ。

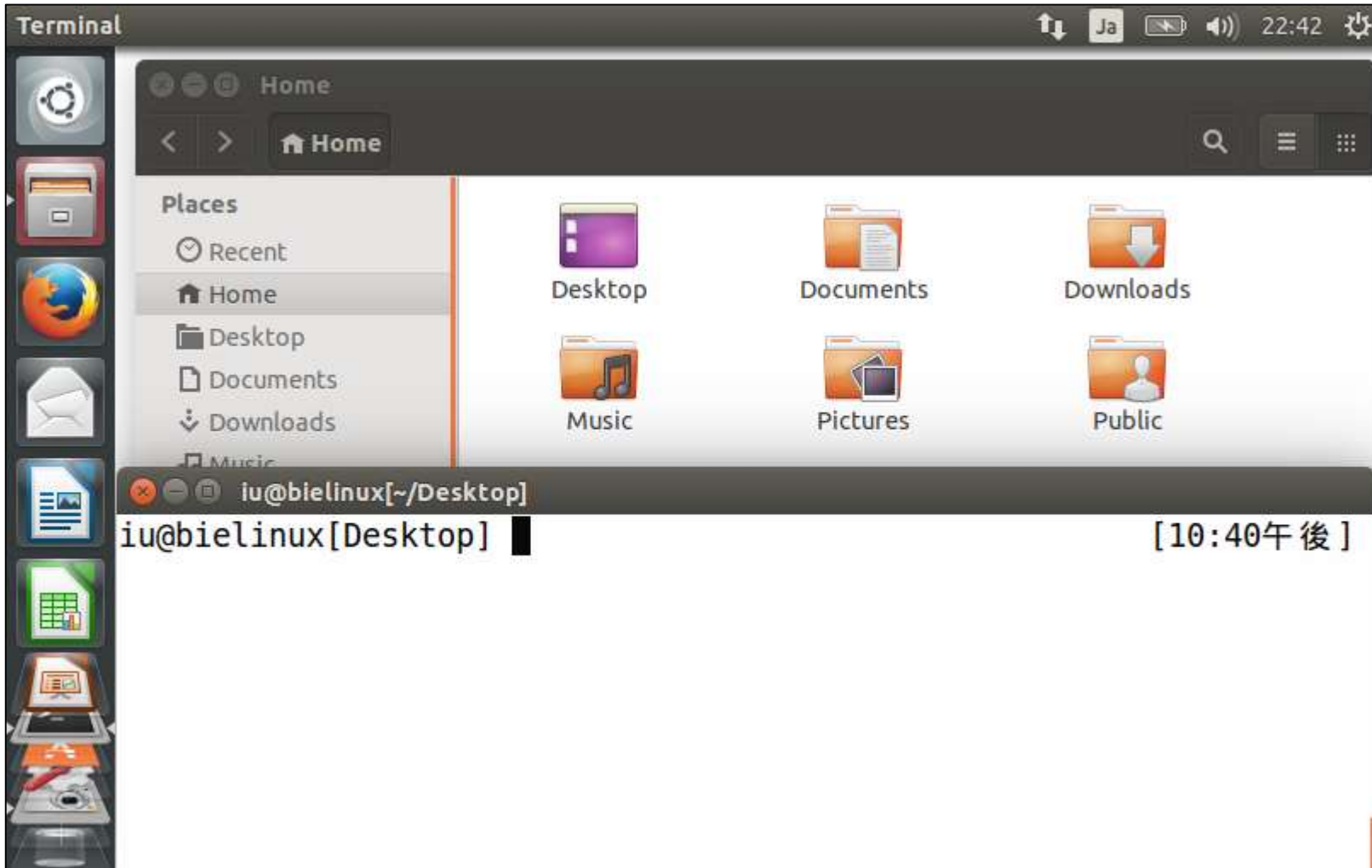
# ドラッグ&ドロップ戦略



```
Terminal
iu@bielinux[~/Desktop]
iu@bielinux[Desktop] [10:16午]
iu@bielinux[Desktop] rm amelieff.zip [10:16午後]
rm: remove regular file 'amelieff.zip'? y
iu@bielinux[Desktop] ls [10:18午後]
Bio-Linux Documentation hoge mac share Sample Data
iu@bielinux[Desktop] ls [10:18午後]
amelieff.zip hoge Sample Data
Bio-Linux Documentation mac share
iu@bielinux[Desktop] ls -lh [10:31午後]
total 39M
-rw-rw-rw- 1 iu iu 39M 7月 15 22:27 amelieff.zip
drwxr-xr-x 2 iu iu 4.0K 7月 13 15:08 Bio-Linux Documentation
drwxr-x--- 2 iu iu 4.0K 7月 13 17:07 hoge
drwxrwxrwx 1 root root 12K 7月 16 21:28 mac share
lrwxrwxrwx 1 iu iu 29 7月 13 15:08 Sample Data -> /usr/local
/bioinf/sampledata/
iu@bielinux[Desktop] pwd [10:32午後]
/home/iu/Desktop
iu@bielinux[Desktop] [10:32午後]
```

①画面サイズを小さくして、②「CTRL + L」で画面をリフレッシュ。

# ドラッグ&ドロップ戦略



# cd ..

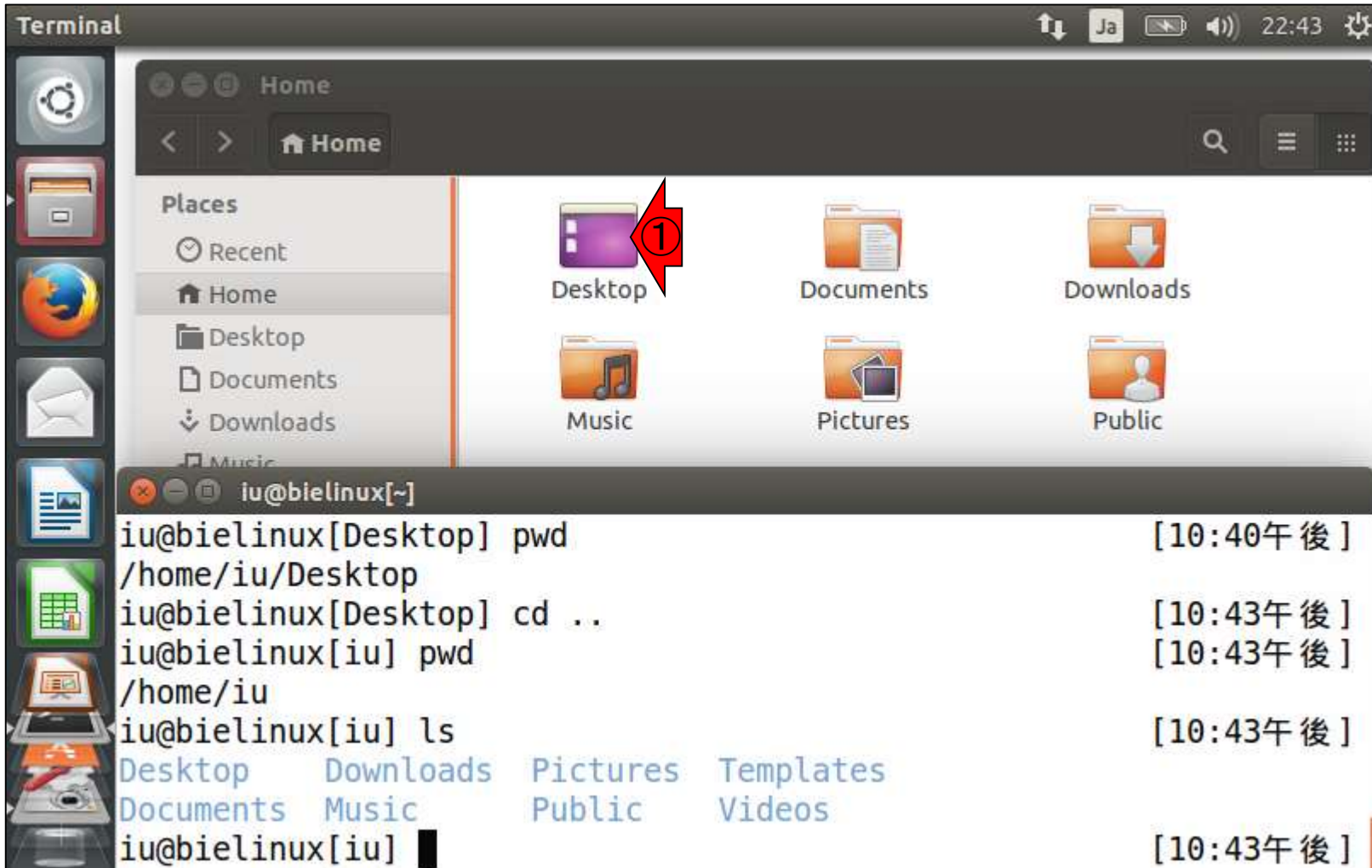
①1つ上の階層のディレクトリに移動するのは「cd ..」。この場合はホームディレクトリへの移動が目的なので、「cd」のみでもよい。  
③同じものが見えていることがわかる。

The image shows a Linux desktop environment with a terminal window and a file manager window. The terminal window displays the following commands and their outputs:

```
iu@bielinux[Desktop] pwd [10:40午後]
/home/iu/Desktop
① iu@bielinux[Desktop] cd .. [10:43午後]
iu@bielinux[iu] pwd [10:43午後]
/home/iu
② iu@bielinux[iu] ls [10:43午後]
Desktop Downloads Pictures Templates
Documents Music Public Videos
iu@bielinux[iu] [10:43午後]
```

The file manager window shows the 'Home' directory with a sidebar on the left listing 'Places' (Recent, Home, Desktop, Documents, Downloads, Music) and a main pane displaying icons for Desktop, Documents, Downloads, Music, Pictures, and Public. An arrow labeled '③' points from the 'Downloads' folder icon in the file manager to the 'Downloads' folder name in the terminal's 'ls' output, indicating that the same content is visible in both views after the directory change.

# GUI画面上での操作



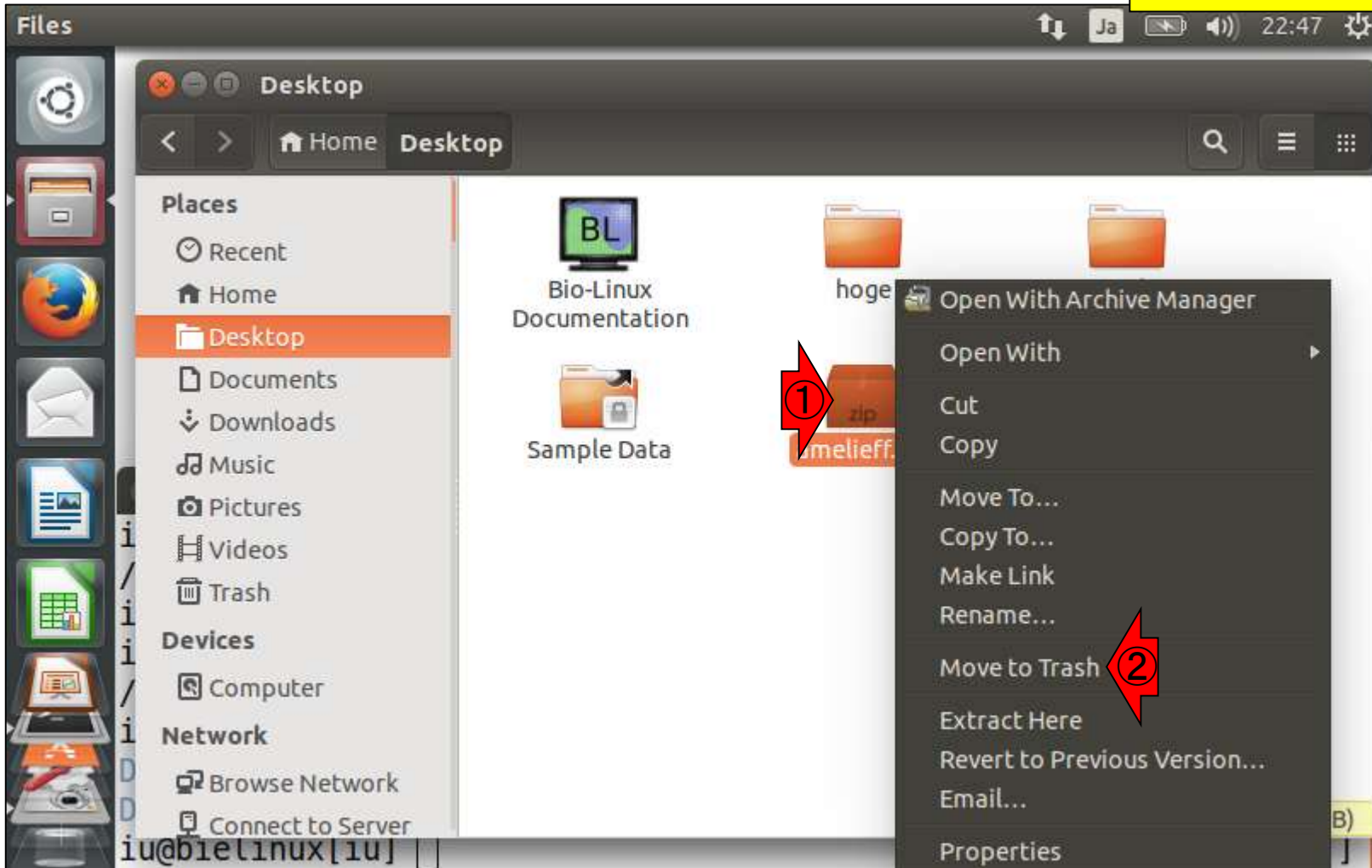
# GUI画面上での操作

①この部分で階層構造がわかる。pwd実行結果と同じようなものが常に表示されているイメージ。特に詳細に指示されていないなくても、この部分を見て自分で適切にフォルダ移動できるようになります。②もちろんGUI画面上でもファイルのコピーや削除などができます。



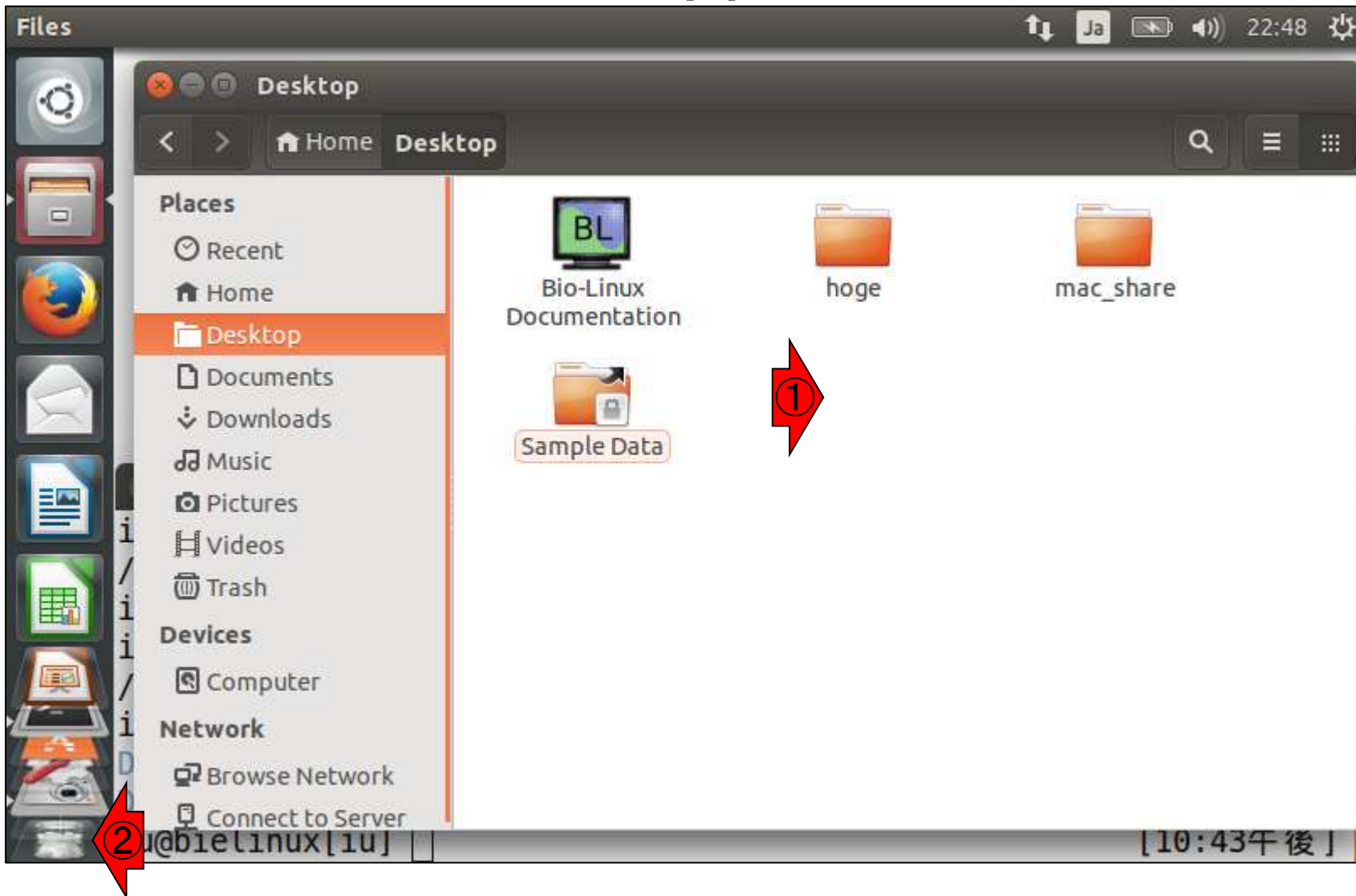
amelieff.zipのGUI画面上での削除(正確にはゴミ箱への移動)法。  
①右クリックで、②Move to Trash。

# GUI画面上での操作



①zipファイルが②ゴミ箱に移動したのがわかる。

# GUI画面上での操作



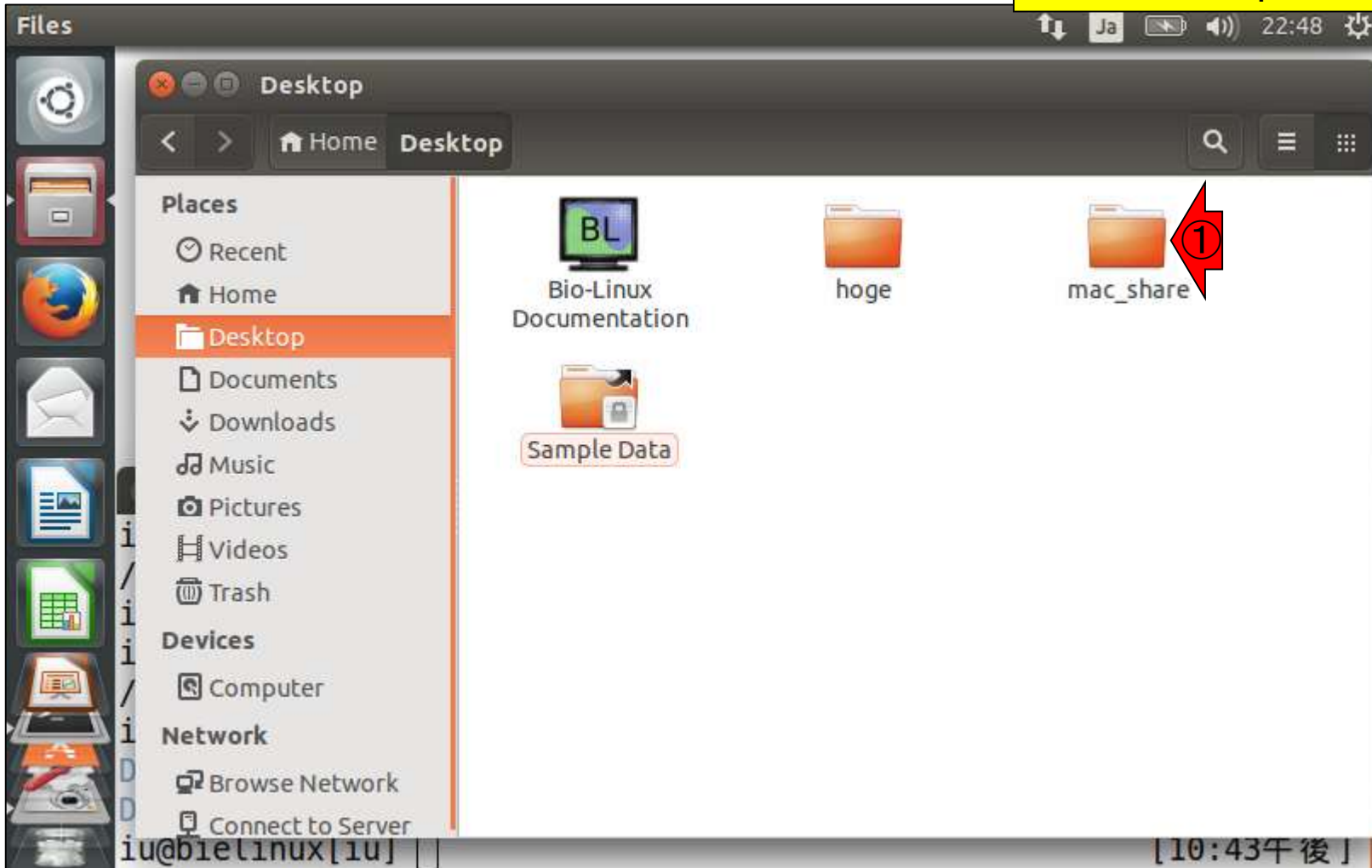


# Contents

- テストデータ取得
  - wgetの場合、ドラッグ&ドロップの場合、共有フォルダ経由の場合
- Integrative Genomics Viewer (IGV)のインストール
  - 7/23不参加者はwget、7/23参加者は共有フォルダ経由
- 日本乳酸菌学会誌のNGS連載第4回のW7-1以降
  - FastQC (ver. 0.10.1) preinstalled in Bio-Linux 8
  - FastQC (ver. 0.11.3):ダウンロード、解凍、正規表現
  - FastQC (ver. 0.11.3):パスを通す
- FastQC ver. 0.11.3とver. 0.10.1の違い
- Genome Analysis Toolkit (GATK) の取得

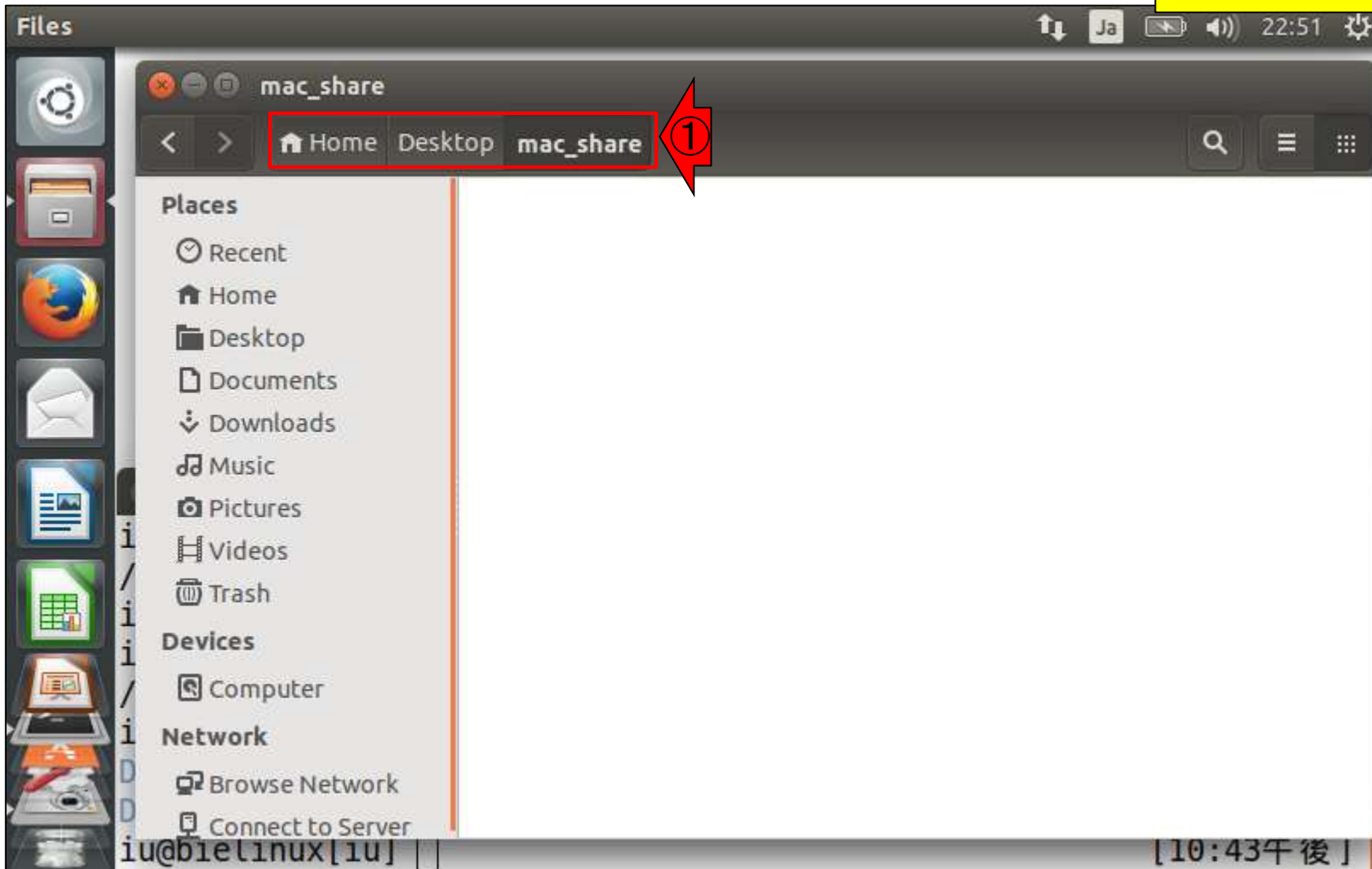
# 共有フォルダ

連載原稿手順通りだと、①ゲストOSの~/Desktop/mac\_shareの中身は、ホストOSのDesktopにあるshareフォルダと同じ。



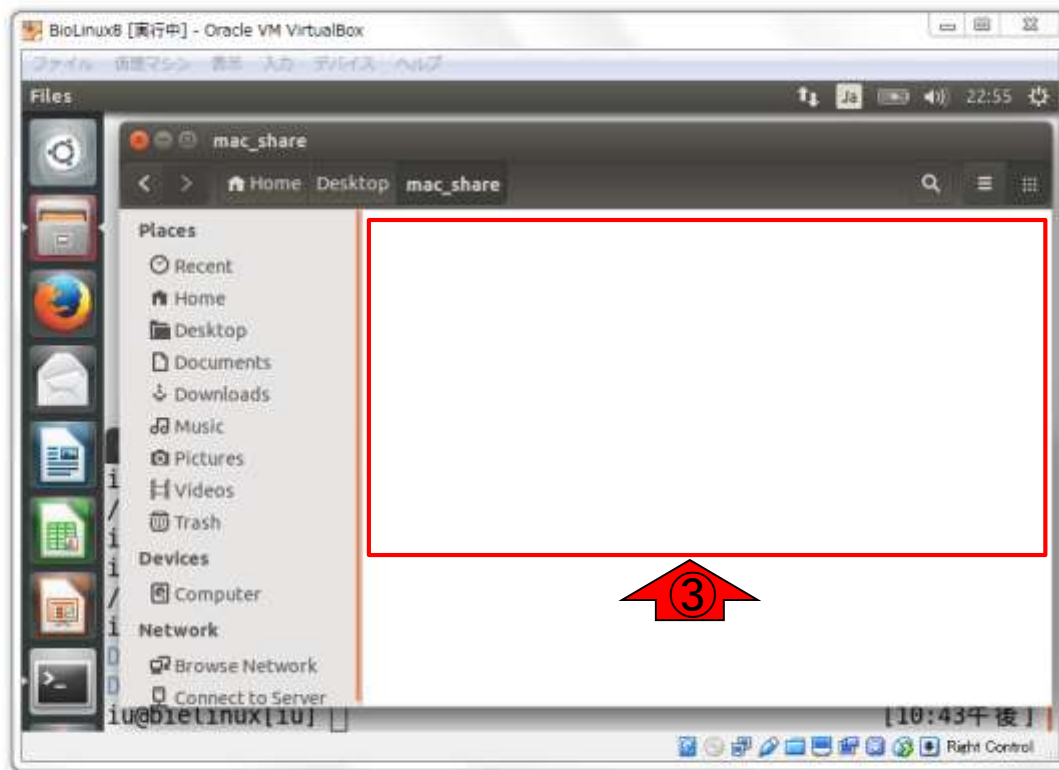
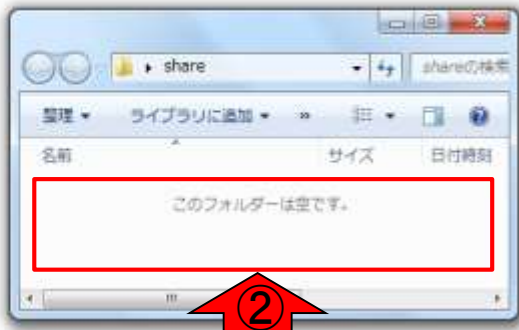
# 共有フォルダ

ここでは何も見えていないが、ヒトによっておそらく異なる。重要なものは、何が入っているかではない



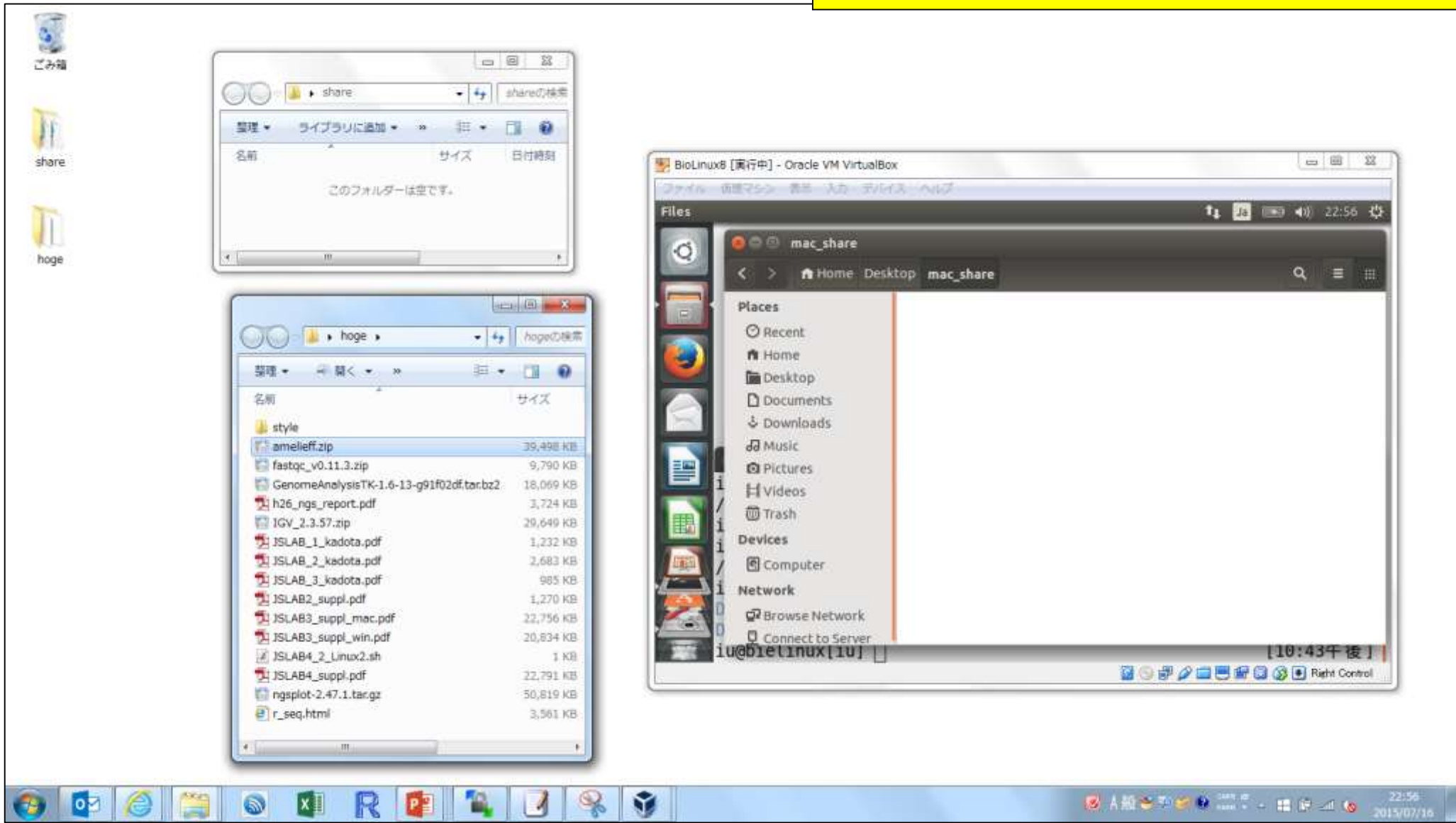
# 共有フォルダ

重要なのは、①ホストOSのデスクトップにあるshareフォルダの②中身と、③ゲストOSの~/Desktop/mac\_shareの中身が同じだということ。



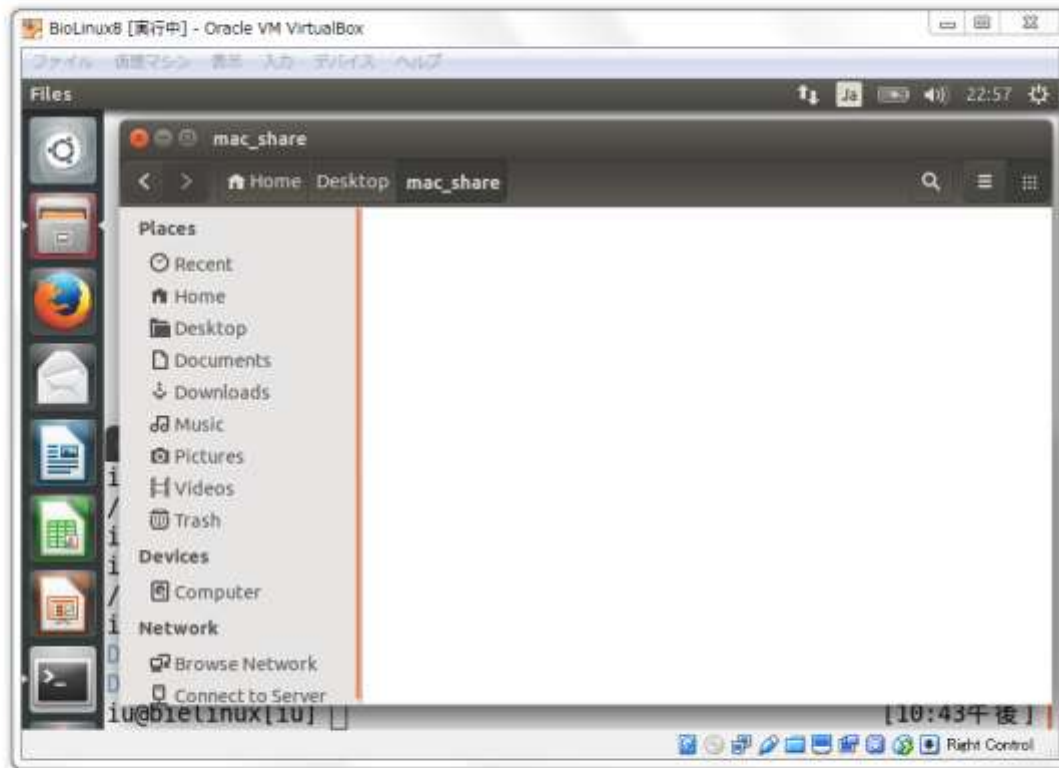
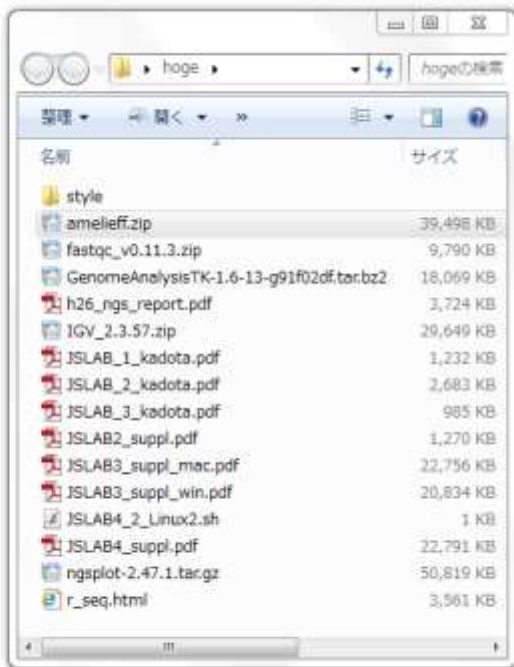
# 共有フォルダ

①ホストOSのデスクトップにあるhogeフォルダ中の②amelieff.zipを、③shareフォルダにコピー(そのまま移動させるのでもよい)



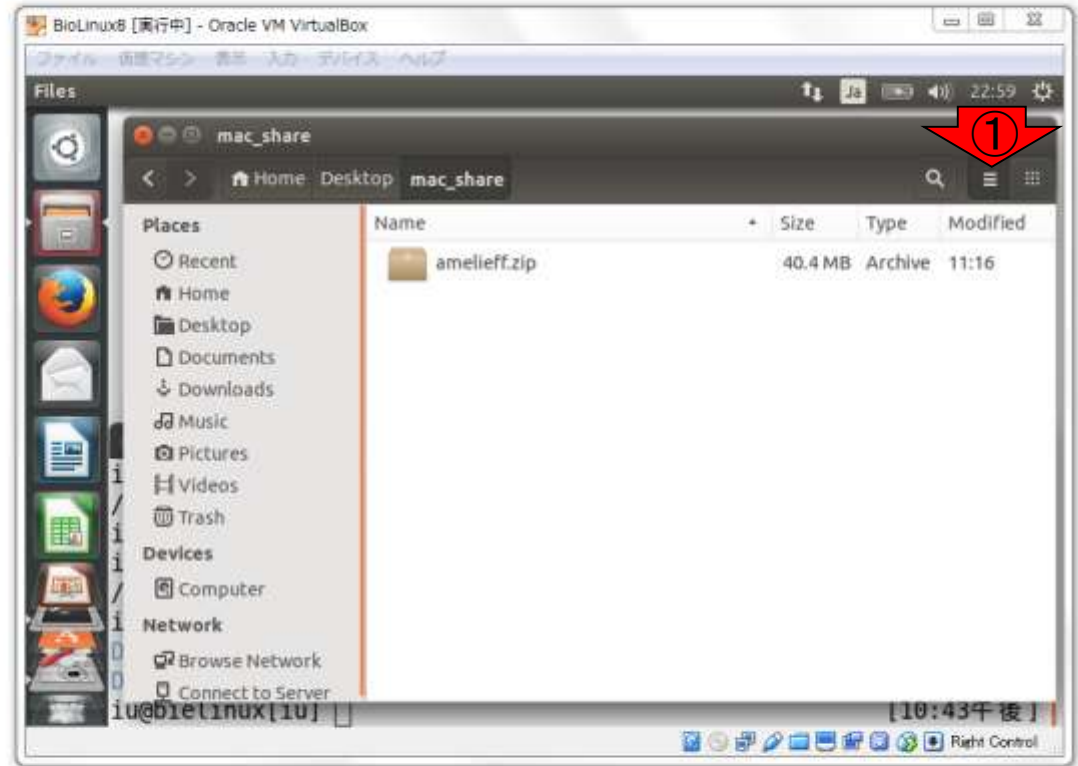
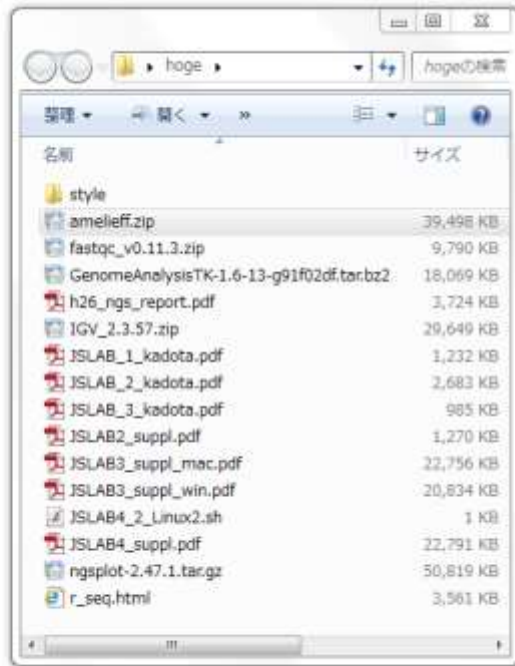
# 共有フォルダ

①コピー後の状態。②ホストOS上ではshareフォルダ中にamelieff.zipが見られるが、ゲストOS上では特に変化なし。



# 共有フォルダ

ウェブブラウザのリロードみたいなことをすればいいのだろうと思い、①表示形式を変更するボタンを押すと無事見られた。



ターミナル画面上でも見られるようになって  
います。①画面をリフレッシュすべく、clear。

# 共有フォルダ

The image shows a Mac OS file manager window titled 'mac\_share' displaying a folder named 'amelieff.zip' with a size of 40.4 MB and a type of 'Archive', modified on 7月 16. Below it is a terminal window titled 'iu@bielinux[~]' showing the following commands and outputs:

```
iu@bielinux[Desktop] pwd [10:40午後]
/home/iu/Desktop
iu@bielinux[Desktop] cd .. [10:43午後]
iu@bielinux[iu] pwd [10:43午後]
/home/iu
iu@bielinux[iu] ls [10:43午後]
Desktop Downloads Pictures Templates
Documents Music Public Videos
iu@bielinux[iu] clear [10:43午後]
```

A red arrow with the number '1' points to the 'clear' command in the terminal.



# 共有フォルダ

~/Desktop/mac\_shareに移動してamelieff.zip  
がターミナル上でも見られることを確認している  
だけです。②全画面表示にしておきましょう。

Terminal File Edit View Search Terminal Help

mac\_share

Home Desktop mac\_share

Places	Name	Size	Type	Modified
Recent	amelieff.zip	40.4 MB	Archive	7月 16
Home				
Desktop				
Documents				
Downloads				

```
iu@bielinux[~/Desktop/mac_share]
iu@bielinux[iu] pwd [ 9:43午前 ]
/home/iu
iu@bielinux[iu] cd Desktop/mac_share [ 9:43午前 ]
iu@bielinux[mac_share] ls [ 9:43午前 ]
amelieff.zip
iu@bielinux[mac_share] [ 9:43午前 ]
```

① amelieff.zipを1つ上のディレクトリにmvで移動。タブ補完を有効利用してますよね?

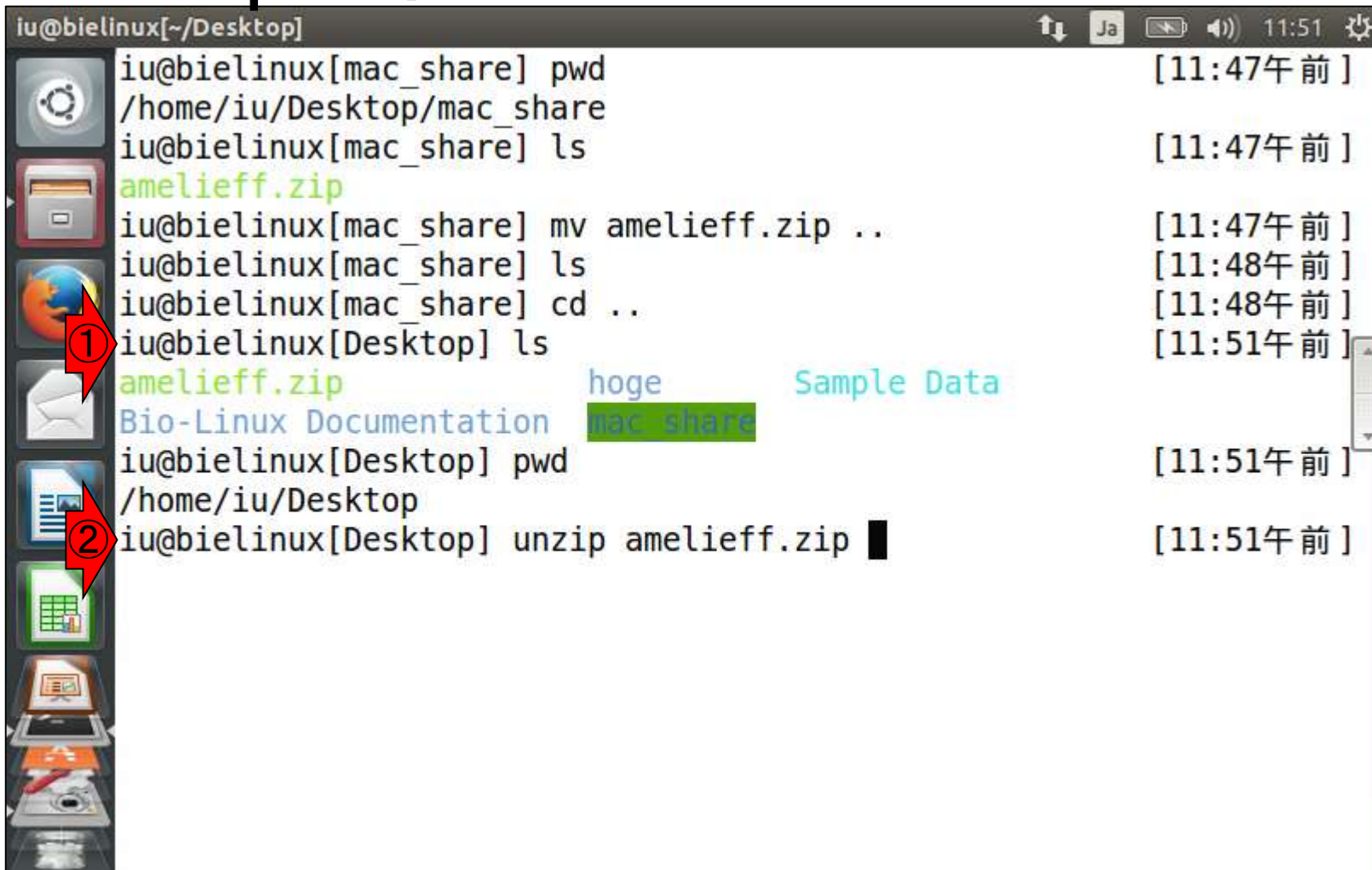
# デスクトップに移動

```
iu@bielinux[~/Desktop/mac_share]
iu@bielinux[mac_share] pwd [11:47午前]
/home/iu/Desktop/mac_share
iu@bielinux[mac_share] ls [11:47午前]
amelieff.zip
iu@bielinux[mac_share] mv amelieff.zip .. [11:47午前]
iu@bielinux[mac_share] ls [11:48午前]
iu@bielinux[mac_share] [11:48午前]
```

①カレントディレクトリも1つ上に移動し、②unzipコマンドで解凍。

# unzipで解凍

```
iu@bielinux[~/Desktop]
iu@bielinux[mac_share] pwd [11:47午前]
/home/iu/Desktop/mac_share
iu@bielinux[mac_share] ls [11:47午前]
amelieff.zip
iu@bielinux[mac_share] mv amelieff.zip .. [11:47午前]
iu@bielinux[mac_share] ls [11:48午前]
iu@bielinux[mac_share] cd .. [11:48午前]
iu@bielinux[Desktop] ls [11:51午前]
amelieff.zip             hoge          Sample Data
Bio-Linux Documentation mac_share
iu@bielinux[Desktop] pwd [11:51午前]
/home/iu/Desktop
iu@bielinux[Desktop] unzip amelieff.zip [11:51午前]
```



# unzipで解凍

```
iu@bielinux[~/Desktop] 11:55
inflating: amelieff/Scerevisiae/Chromosomes/IV.fa
inflating: amelieff/Scerevisiae/Chromosomes/IX.fa
inflating: amelieff/Scerevisiae/Chromosomes/MT.fa
inflating: amelieff/Scerevisiae/Chromosomes/V.fa
inflating: amelieff/Scerevisiae/Chromosomes/VI.fa
inflating: amelieff/Scerevisiae/Chromosomes/VII.fa
inflating: amelieff/Scerevisiae/Chromosomes/VIII.fa
inflating: amelieff/Scerevisiae/Chromosomes/X.fa
inflating: amelieff/Scerevisiae/Chromosomes/XI.fa
inflating: amelieff/Scerevisiae/Chromosomes/XII.fa
inflating: amelieff/Scerevisiae/Chromosomes/XIII.fa
inflating: amelieff/Scerevisiae/Chromosomes/XIV.fa
inflating: amelieff/Scerevisiae/Chromosomes/XV.fa
inflating: amelieff/Scerevisiae/Chromosomes/XVI.fa
  creating: amelieff/Scerevisiae/WholeGenomeFasta/
inflating: amelieff/Scerevisiae/WholeGenomeFasta/genome.dict
inflating: amelieff/Scerevisiae/WholeGenomeFasta/genome.fa
inflating: amelieff/Scerevisiae/WholeGenomeFasta/genome.fa.fai
inflating: amelieff/Scerevisiae/WholeGenomeFasta/GenomeSize.xml
iu@bielinux[Desktop] [11:55午前]
```

amelieffディレクトリが作成されているのがわかります

# 確認

```
iu@bielinux[~/Desktop]
inflating: amelieff/Scerevisiae/Chromosomes/XV.fa
inflating: amelieff/Scerevisiae/Chromosomes/XVI.fa
creating: amelieff/Scerevisiae/WholeGenomeFasta/
inflating: amelieff/Scerevisiae/WholeGenomeFasta/genome.dict
inflating: amelieff/Scerevisiae/WholeGenomeFasta/genome.fa
inflating: amelieff/Scerevisiae/WholeGenomeFasta/genome.fa.fai
inflating: amelieff/Scerevisiae/WholeGenomeFasta/GenomeSize.xml
iu@bielinux[Desktop] ls [11:55午前]
amelieff Bio-Linux Documentation mac share
amelieff.zip hoge Sample Data
iu@bielinux[Desktop] ls -lh [11:56午前]
total 39M
drwxrwxr-x 3 iu iu 4.0K 7月 17 11:55 amelieff
-rwxrwxrwx 1 iu iu 39M 7月 16 11:16 amelieff.zip
drwxr-xr-x 2 iu iu 4.0K 7月 13 15:08 Bio-Linux Documentation
drwxr-x--- 2 iu iu 4.0K 7月 13 17:07 hoge
drwxrwxrwx 1 root root 12K 7月 17 11:48 mac share
lrwxrwxrwx 1 iu iu 29 7月 13 15:08 Sample Data -> /usr/local
/bioinf/sampledata/
iu@bielinux[Desktop] [11:56午前]
```



# 確認

このように見えていればOK。ホストOSからゲストOSだけでなく、ゲストOSからホストOSへのファイルの移動も共有フォルダ経由で可能。使い慣れたホストOS環境を有効利用して効率的に解析を行おう。

```
iu@bielinux[Desktop] pwd
/home/iu/Desktop
iu@bielinux[Desktop] cd amelieff
iu@bielinux[amelieff] ls
1K_ERR038793_1.fastq 1K_ERR038793_sort.vcf Scerevisiae
1K_ERR038793_2.fastq 1K_SRR518891_1.fastq
1K_ERR038793.bam 1K_SRR518891_2.fastq
iu@bielinux[amelieff] ls -lh
total 1.5M
-rw-rw-r-- 1 iu iu 309K 7月 17 2014 1K_ERR038793_1.fastq
-rw-rw-r-- 1 iu iu 309K 7月 17 2014 1K_ERR038793_2.fastq
-rw-rw-r-- 1 iu iu 155K 7月 17 2014 1K_ERR038793.bam
-rw-rw-r-- 1 iu iu 46K 7月 17 2014 1K_ERR038793_sort.vcf
-rw-rw-r-- 1 iu iu 339K 7月 15 09:06 1K_SRR518891_1.fastq
-rw-rw-r-- 1 iu iu 339K 7月 15 09:07 1K_SRR518891_2.fastq
drwxrwxr-x 7 iu iu 4.0K 6月 25 18:49 Scerevisiae
iu@bielinux[amelieff]
```

# Contents

- テストデータ取得
  - wgetの場合、ドラッグ&ドロップの場合、共有フォルダ経由の場合
- Integrative Genomics Viewer (IGV)のインストール
  - 7/23不参加者はwget、7/23参加者は共有フォルダ経由
- 日本乳酸菌学会誌のNGS連載第4回のW7-1以降
  - FastQC (ver. 0.10.1) preinstalled in Bio-Linux 8
  - FastQC (ver. 0.11.3):ダウンロード、解凍、正規表現
  - FastQC (ver. 0.11.3):パスを通す
- FastQC ver. 0.11.3とver. 0.10.1の違い
- Genome Analysis Toolkit (GATK) の取得

# ダウンロード

日本乳酸菌学会誌の連載第4回ウェブ資料W18と基本的に同じです。IGVのインストール手順を示します。①Registrationをしてから、②Downloads。7/23参加者はダウンロード済みのzipファイルがhogeフォルダ中にあります。



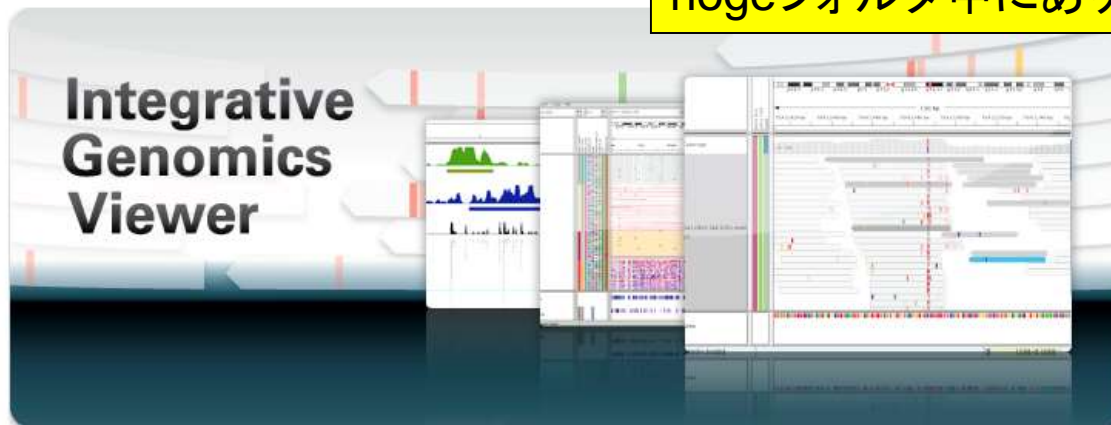
- Home
- Downloads ②
- Documents
- Hosted Genomes
- FAQ
- IGV User Guide
- File Formats
- Release Notes
- IGV for iPad
- Credits
- Contact

Search website

search  
[Broad Home](#)  
[Cancer Program](#)

BROAD INSTITUTE  
© 2013 Broad Institute

Home



## What's New

**NEWS** September 2014. The IGV iPad app can now be installed from the Apple App Store. *IGV for iPad* is a lightweight genomic data viewer that provides some of the functionality available in our regular desktop IGV. See the [IGV for iPad documentation](#) for details.

## Overview

The Integrative Genomics Viewer (IGV) is a high-performance visualization tool for interactive exploration of large, integrated genomic datasets. It supports a wide variety of data types, including array-based and next-generation sequence data, and genomic annotations.

## Downloads

Please [register](#) ① to download IGV. After registering, you can log in at any time using your email address. Permission to use IGV is granted under the GNU [LGPL license](#).

## Citing IGV

To cite your use of IGV in your publication:

James T. Robinson, Helga Thorvaldsdóttir, Wendy Winckler, Mitchell Guttman, Eric S. Lander, Gad Getz, Jill P. Mesirov. [Integrative Genomics Viewer](#). *Nature Biotechnology* 29, 24–26 (2011).

Helga Thorvaldsdóttir, James T. Robinson, Jill P. Mesirov. [Integrative Genomics Viewer \(IGV\): high-performance genomics data visualization and exploration](#). *Briefings in Bioinformatics* 14, 178-192 (2013).

## Funding

Development of IGV is made possible by funding from the [National Cancer Institute](#), the [National Institute of General Medical Sciences](#) of the [National Institutes of Health](#), and the [Starr Cancer Consortium](#).

IGV participates in the [GenomeSpace](#) initiative, which is funded by the [National Human Genome Research Institute](#).





# ダウンロード

①「Download Binary Distribution」をダウンロードすべく、右クリックで「ショートカットのコピー」などでURL情報を取得。

Home > Downloads  
Downloads

## Integrative Genomics Viewer (IGV) (Version 2.3)

### Install IGV

Options for installing and running IGV:

1. (Mac only) Download and run the Mac application; or
2. (All systems) Use the Java Web Start buttons (Mac users: see below for limitations); or
3. (All systems) Download the binary distribution and run IGV from the command prompt.

### 1. Mac Application

Download and unzip the Mac App archive, then double-click the IGV application. The application can be moved to the "Applications" folder, or anywhere else. **Note: The 7. Mac users with Java 6 (JRE 1.6) should use the binary distribution archive and the Java Web Start buttons below.**

### 2. Java Web Start

The buttons below use Java Web Start (JWS) to install and launch IGV directly from our web site.

**\*Mac Users:** The Java Web Start option is not recommended for Mac OSX Mountain Lion or higher. Using it requires that you set Gatekeeper security to its lowest level, and it is possible that even this will not be enough.

**Chrome:** Chrome does not automatically launch the Java Webstart files by default. Instead, the launch buttons below will download a "jnlp" file. This should appear in the lower left corner of the browser. Double-click the downloaded file to run.

**Windows users:** To run with more than 1.2 GB of memory you must install 64-bit Java. **Most Windows installs do not include 64-bit Java by default, even if the operating system is 64-bit.** Attempting to use the 2GB or greater launch options with 32-bit Java will result in the error "could not create virtual machine".

 Launch with 750 MB	 Launch with 1.2 GB Maximum usable memory for Windows OS with 32-bit Java.	 Launch with 2 GB Maximum usable memory for 32-bit MacOS.
--	---	--

### 2. Java Web Start

The buttons below use Java Web Start (JWS) to install and launch IGV directly from our web site.

**\*Mac Users:** The Java Web Start option is not recommended for Mac OSX Mountain Lion or higher. Using it requires that you set Gatekeeper security to its lowest level, and it is possible that even this will not be enough.

**Chrome:** Chrome does not automatically launch the Java Webstart files by default. Instead, the launch buttons below will download a "jnlp" file. This should appear in the lower left corner of the browser. Double-click the downloaded file to run.

**Windows users:** To run with more than 1.2 GB of memory you must install 64-bit Java. **Most Windows installs do not include 64-bit Java by default, even if the operating system is 64-bit.** Attempting to use the 2GB or greater launch options with 32-bit Java will result in the error "could not create virtual machine".

 Launch with 750 MB	 Launch with 1.2 GB Maximum usable memory for Windows OS with 32-bit Java.	 Launch with 2 GB Maximum usable memory for 32-bit MacOS.	 Launch with 10 GB For large memory machines with 64-bit Java.
---	---	--	---

### 3. Binary Distribution

Download and unzip the binary distribution archive in a folder of your choosing. IGV is launched from a command prompt -- follow instructions in the "readme" file. To launch igv on Mac or Linux platforms use the shell script "igv.sh". On Windows use "igv.bat".

 ①

### igvtools

Utilities for preprocessing data files.

- [igvtools\\_2.3.57.zip](#)

### Other IGV Versions

# 7/23不参加者

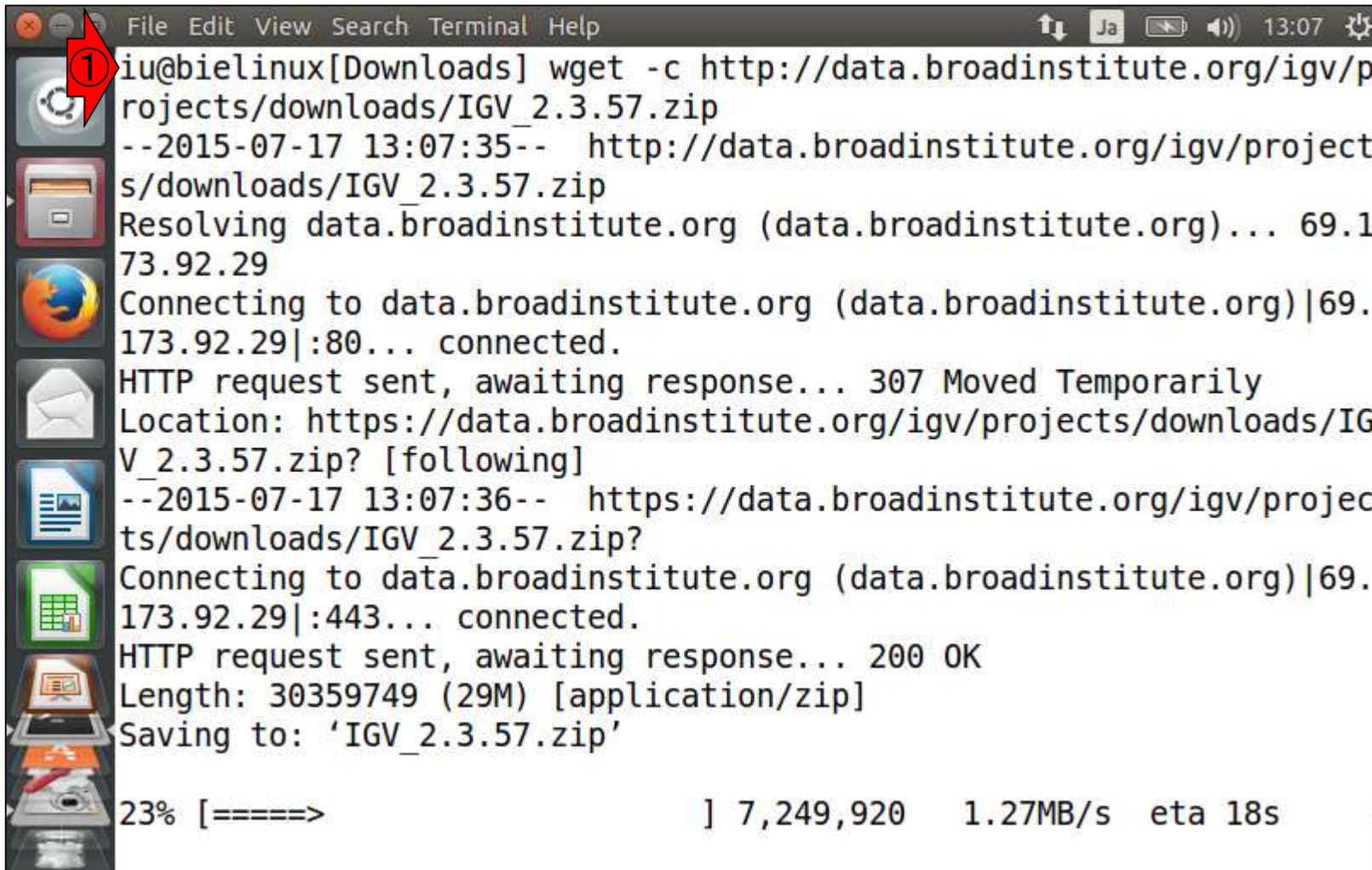
①wgetコマンドを用いてzipファイルのダウンロード。リターンキーを押す。約30MBです。  
②たとえDownloadsディレクトリ中に赤枠内のような今は無関係のものが見えていても気にしない。門田の環境では、これらを既にインストールしているので見えているだけです

```
iu@bielinux[~/Downloads]
iu@bielinux[Downloads] pwd
/home/iu/Downloads
iu@bielinux[Downloads] ls
FastQC fastqc_v0.11.3.zip
iu@bielinux[Downloads] wget -c http://data.broadinstitute.org/igv/projects/downloads/IGV_2.3.57.zip
```

①

②

# 7/23不参加者



```
File Edit View Search Terminal Help 13:07
iu@bielinux[Downloads] wget -c http://data.broadinstitute.org/igv/p
1 projects/downloads/IGV_2.3.57.zip
--2015-07-17 13:07:35-- http://data.broadinstitute.org/igv/project
s/downloads/IGV_2.3.57.zip
Resolving data.broadinstitute.org (data.broadinstitute.org)... 69.1
73.92.29
Connecting to data.broadinstitute.org (data.broadinstitute.org)|69.
173.92.29|:80... connected.
HTTP request sent, awaiting response... 307 Moved Temporarily
Location: https://data.broadinstitute.org/igv/projects/downloads/IG
V_2.3.57.zip? [following]
--2015-07-17 13:07:36-- https://data.broadinstitute.org/igv/projec
ts/downloads/IGV_2.3.57.zip?
Connecting to data.broadinstitute.org (data.broadinstitute.org)|69.
173.92.29|:443... connected.
HTTP request sent, awaiting response... 200 OK
Length: 30359749 (29M) [application/zip]
Saving to: 'IGV_2.3.57.zip'

23% [=====>] 7,249,920 1.27MB/s eta 18s
```

①この環境では、ダウンロードに23秒かかったことがわかる。②IGV\_2.3.57.zipは約29MB

# 7/23不参加者

```
iu@bielinux[~/Downloads]
Connecting to data.broadinstitute.org (data.broadinstitute.org)|69.173.92.29|:80... connected.
HTTP request sent, awaiting response... 307 Moved Temporarily
Location: https://data.broadinstitute.org/igv/projects/downloads/IGV_2.3.57.zip? [following]
--2015-07-17 13:12:39-- https://data.broadinstitute.org/igv/projects/downloads/IGV_2.3.57.zip?
Connecting to data.broadinstitute.org (data.broadinstitute.org)|69.173.92.29|:443... connected.
HTTP request sent, awaiting response... 200 OK
Length: 30359749 (29M) [application/zip]
Saving to: 'IGV_2.3.57.zip'

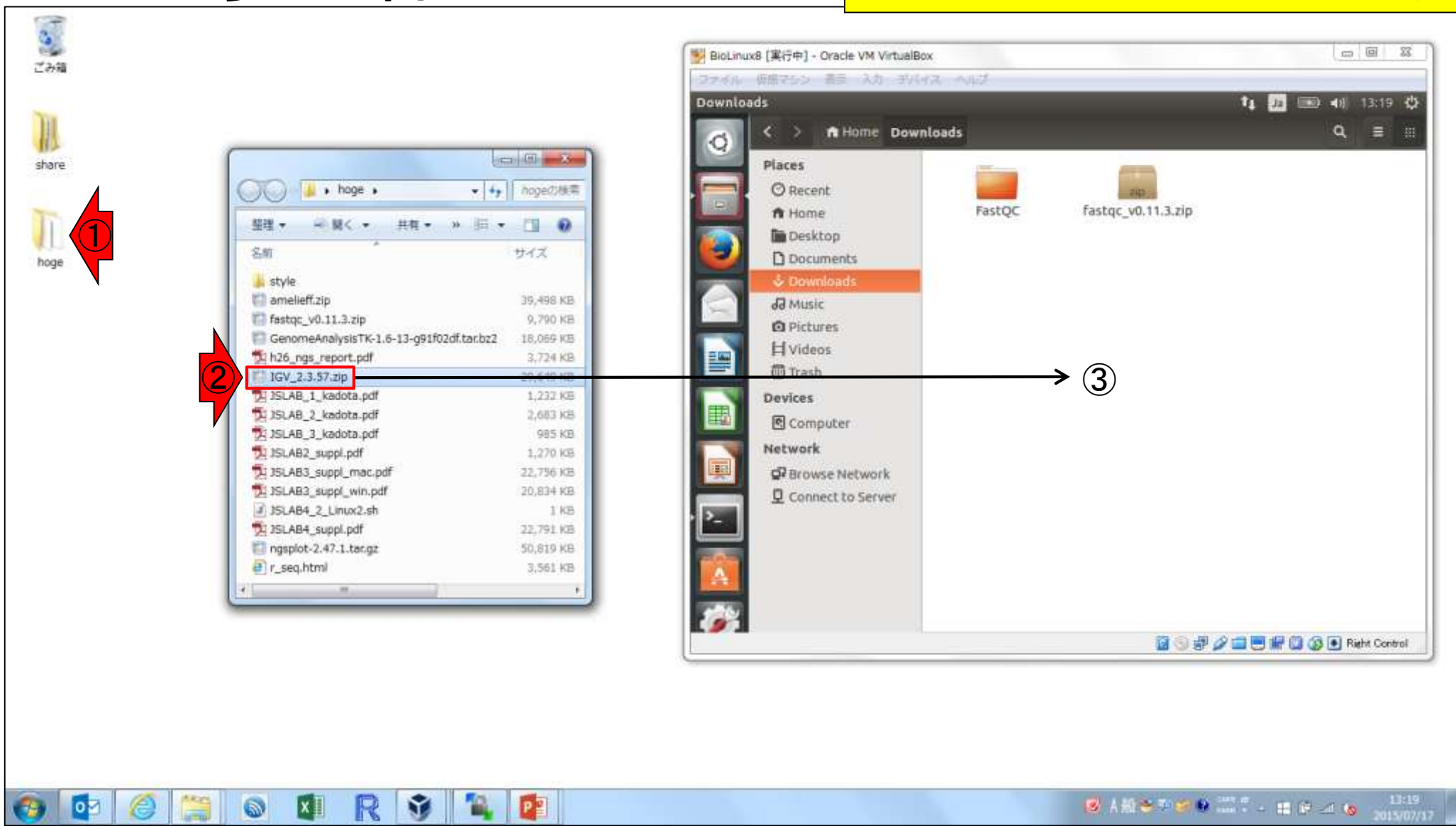
100%[=====>] 30,359,749  1.26MB/s  in 23s
2015-07-17 13:13:04 (1.25 MB/s) - 'IGV_2.3.57.zip' saved [30359749/30359749]

iu@bielinux[Downloads] ls -lh
total 39M
drwxrwxr-x 8 iu iu 4.0K  7月 15 20:43 FastQC
-rw-rw-rw- 1 iu iu 9.6M  7月 15 20:40 fastqc_v0.11.3.zip
-rw-rw-r-- 1 iu iu 29M   6月 24 01:17 IGV_2.3.57.zip
iu@bielinux[Downloads]
```



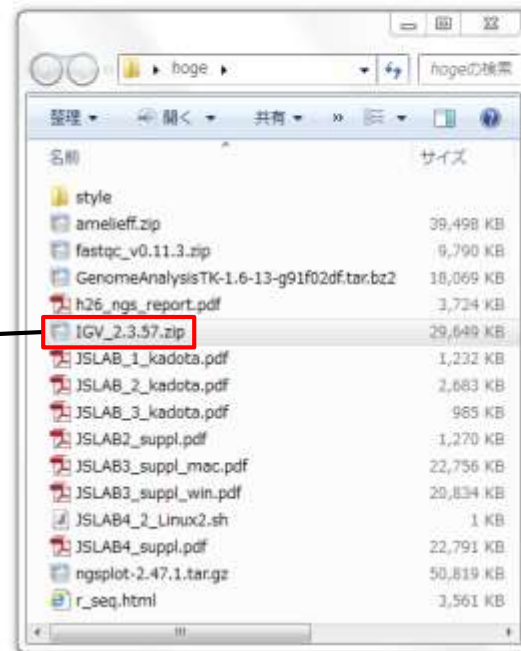
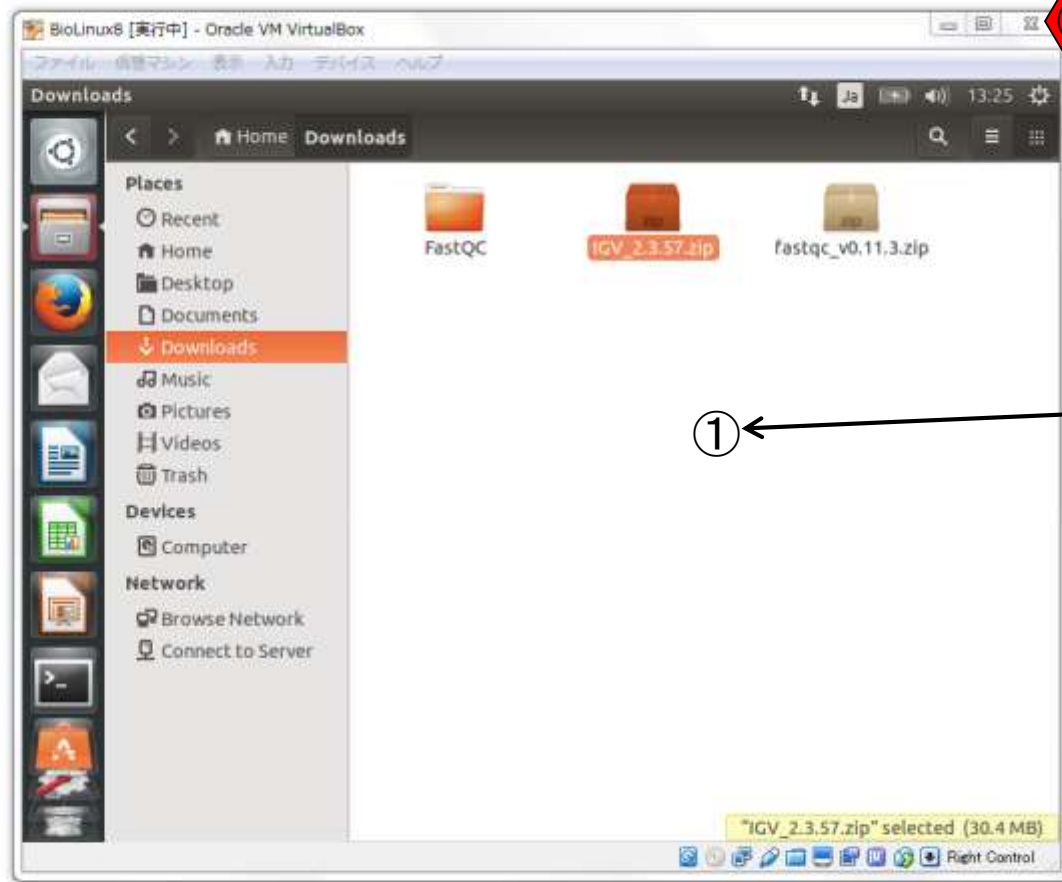
# 7/23参加者

①ホストOSのデスクトップにあるhogeフォルダ中の②IGV\_2.3.57.zipを、③ゲストOSの~/Downloadsにドラッグ&ドロップ。



# 7/23参加者

(駐車禁止マークが出るなどして)うまくドロップできないときもあります。①1つの対策は左右を入れ替えること。それでもうまくいかない場合は②一旦再起動。それでもだめなら③共有フォルダ経由などで、どうか迂回路を駆使してください。



# 7/23参加者

```
iu@bielinux[~/Downloads]
iu@bielinux[iu] ls [ 1:30午後 ]
Desktop Downloads Pictures Templates
Documents Music Public Videos
iu@bielinux[iu] cd Downloads [ 1:30午後 ]
iu@bielinux[Downloads] ls [ 1:30午後 ]
FastQC fastqc_v0.11.3.zip IGV_2.3.57.zip
iu@bielinux[Downloads] ls -lh [ 1:30午後 ]
total 39M
drwxrwxr-x 8 iu iu 4.0K 7月 15 20:43 FastQC
-rw-rw-rw- 1 iu iu 9.6M 7月 15 20:40 fastqc_v0.11.3.zip
-rw-rw-rw- 1 iu iu 29M 7月 17 13:25 IGV_2.3.57.zip
iu@bielinux[Downloads] [ 1:30午後 ]
```



# 解凍

①zip圧縮ファイル(IGV\_2.3.57.zip)を解凍。③IGV\_2.3.57というディレクトリが作成されていることがわかります。

```
iu@bielinux[~/Downloads]
iu@bielinux[Downloads] pwd [ 1:30午後 ]
/home/iu/Downloads
iu@bielinux[Downloads] ls [ 1:34午後 ]
FastQC fastqc_v0.11.3.zip IGV_2.3.57.zip
iu@bielinux[Downloads] unzip IGV_2.3.57.zip [ 1:34午後 ]
Archive: IGV_2.3.57.zip
  creating: IGV_2.3.57/
  inflating: IGV_2.3.57/igv.bat
  inflating: IGV_2.3.57/igv.command
  inflating: IGV_2.3.57/igv.sh
  inflating: IGV_2.3.57/batik-codec__V1.7.jar
  inflating: IGV_2.3.57/goby-io-igv__V1.0.jar
  inflating: IGV_2.3.57/igv.jar
  inflating: IGV_2.3.57/readme.txt
iu@bielinux[Downloads] ls -lh [ 1:34午後 ]
total 39M
drwxrwxr-x 8 iu iu 4.0K  7月 15 20:43 FastQC
-rw-rw-rw- 1 iu iu 9.6M  7月 15 20:40 fastqc_v0.11.3.zip
drwxr-xr-x 2 iu iu 4.0K  6月 23 12:17 IGV_2.3.57
-rw-rw-rw- 1 iu iu 29M  7月 17 13:25 IGV_2.3.57.zip
iu@bielinux[Downloads]
```



# igv.shが実体だが...

①~/Downloads/IGV\_2.3.57に移動。②この中のigv.shがIGVの実体。実行権限も付与されているので、「chmod 755 igv.sh」は必要ない。しかし、③igv.shと打っても実行されない。その理由は「パスが通ってないから」。

```
iu@bielinux[~/Downloads/IGV_2.3.57]
① iu@bielinux[Downloads] cd IGV_2.3.57
iu@bielinux[IGV_2.3.57] pwd
/home/iu/Downloads/IGV_2.3.57
iu@bielinux[IGV_2.3.57] ls -lh
total 32M
-rw-r--r-- 1 iu iu 174K  6月 23 12:17 batik-codec__V1.7.jar
-rw-r--r-- 1 iu iu 2.1M  6月 23 12:17 goby-io-igv__V1.0.jar
-rwxr-xr-x 1 iu iu  258  6月 23 12:17 igv.bat
-rwxr-xr-x 1 iu iu  696  6月 23 12:17 igv.command
-rw-r--r-- 1 iu iu 30M   6月 23 12:17 igv.jar
-rwxr-xr-x 1 iu iu  493  6月 23 12:17 igv.sh ②
-rw-r--r-- 1 iu iu 1.3K  6月 23 12:17 readme.txt
③ iu@bielinux[IGV_2.3.57] igv.sh
zsh: command not found: igv.sh
iu@bielinux[IGV_2.3.57] █
```

# パスを通す

①igv.shのシンボリックリンクを/usr/local/binに置く。パスワードを聞かれたら、ログインパスワード(pass1409)を打ち込む。

```
iu@bielinux[~/Downloads/IGV_2.3.57]
iu@bielinux[Downloads] cd IGV_2.3.57 [ 2:13午後 ]
iu@bielinux[IGV_2.3.57] pwd [ 2:13午後 ]
/home/iu/Downloads/IGV_2.3.57
iu@bielinux[IGV_2.3.57] ls -lh [ 2:13午後 ]
total 32M
-rw-r--r-- 1 iu iu 174K 6月 23 12:17 batik-codec__V1.7.jar
-rw-r--r-- 1 iu iu 2.1M 6月 23 12:17 goby-io-igv__V1.0.jar
-rwxr-xr-x 1 iu iu 258 6月 23 12:17 igv.bat
-rwxr-xr-x 1 iu iu 696 6月 23 12:17 igv.command
-rw-r--r-- 1 iu iu 30M 6月 23 12:17 igv.jar
-rwxr-xr-x 1 iu iu 493 6月 23 12:17 igv.sh
-rw-r--r-- 1 iu iu 1.3K 6月 23 12:17 readme.txt
iu@bielinux[IGV_2.3.57] igv.sh [ 2:13午後 ]
zsh: command not found: igv.sh
① iu@bielinux[IGV_2.3.57] sudo ln -s /home/iu/Downloads/IGV_2.3.57/ig
v.sh /usr/local/bin
[sudo] password for iu:
iu@bielinux[IGV_2.3.57] [ 2:19午後 ]
```

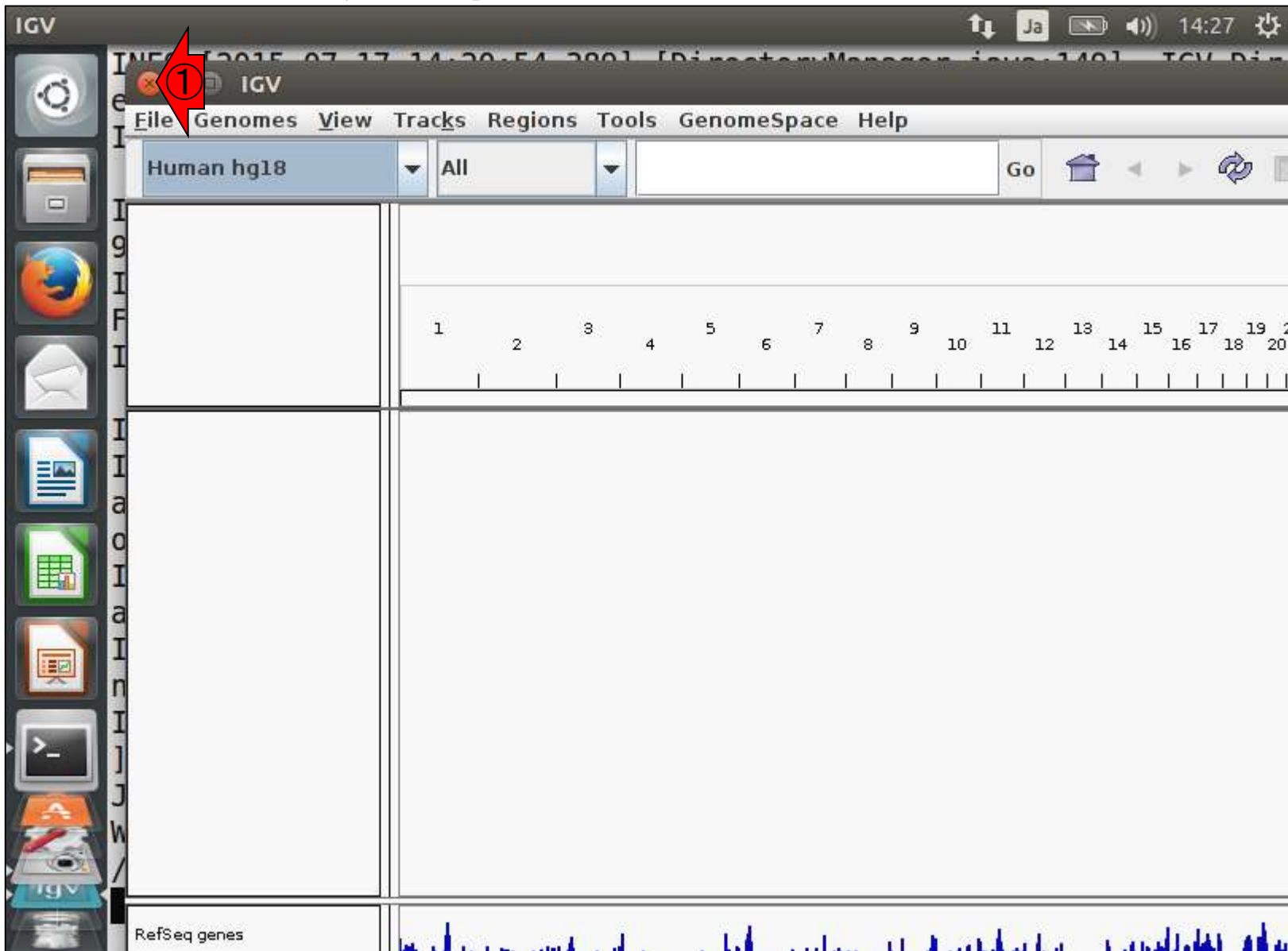
# パスを通す

①「sudo ln -s ...」後に、②もう一度igv.shと打つと、いろいろメッセージが表示される。③もし再び「command not found」となったら、rehashというコマンドを打ってからもう一度igv.shとやればうまくいくだろう。rehashは、設定変更(この場合シンボリックリンク)を現在開いているターミナル上で反映させるためコマンドです。ウェブブラウザのリロードのようなものです。

```
iu@bielinux[~/Downloads/IGV_2.3.57]
-rwxr-xr-x 1 iu iu 696 6月 23 12:17 igv.
-rw-r--r-- 1 iu iu 30M 6月 23 12:17 igv.
-rwxr-xr-x 1 iu iu 493 6月 23 12:17 igv.
-rw-r--r-- 1 iu iu 1.3K 6月 23 12:17 read
iu@bielinux[IGV_2.3.57] igv.sh
zsh: command not found: igv.sh
① iu@bielinux[IGV_2.3.57] sudo ln -s /home/iu/Downloads/IGV_2.3.57/ig
v.sh /usr/local/bin
[sudo] password for iu:
② iu@bielinux[IGV_2.3.57] igv.sh [ 2:19午後 ]
Jul 17, 2015 2:20:54 PM java.util.prefs.FileSystemPreferences$6 run
WARNING: Invalid preferences format in /home/iu/.java/.userPrefs/or
g/broad/igv/prefs.xml
INFO [2015-07-17 14:20:54,389] [DirectoryManager.java:149] [main]
IGV Directory: /home/iu/igv
INFO [2015-07-17 14:20:54,389] [DirectoryManager.java:149] IGV Dir
ectory: /home/iu/igv
INFO [2015-07-17 14:20:54,396] [Main.java:85] [main] Startup IGV
Version 2.3.57 (84)06/23/2015 12:09 PM
INFO [2015-07-17 14:20:54,415] [Main.java:86] [main] Java 1.7.0_7
9
INFO [2015-07-17 14:20:54,415] [DirectoryManager.java:58] [main]
Fetching user directory...
```

# IGV起動と終了

こんな感じでIGVが起動すればOK。①×を押して閉じる。



①コマンド入力待ち状態  
になっているはずですが。

# IGV終了後

```
iu@bielinux[~/Downloads/IGV_2.3.57] 14:28
INFO [2015-07-17 14:20:54,389] [DirectoryManager.java:149] IGV Dir
ectory: /home/iu/igv
INFO [2015-07-17 14:20:54,396] [Main.java:85] [main] Startup IGV
Version 2.3.57 (84)06/23/2015 12:09 PM
INFO [2015-07-17 14:20:54,415] [Main.java:86] [main] Java 1.7.0_7
9
INFO [2015-07-17 14:20:54,415] [DirectoryManager.java:58] [main]
Fetching user directory...
INFO [2015-07-17 14:20:55,103] [Main.java:87] [main] Default User
Directory: /home/iu
INFO [2015-07-17 14:20:55,104] [Main.java:88] [main] OS: Linux
INFO [2015-07-17 14:21:19,065] [GenomeManager.java:1002] [main] j
ava.io.FileNotFoundException: /home/iu/igv/genomes/user-defined-gen
omes.txt (No such file or directory)
INFO [2015-07-17 14:21:19,694] [GenomeManager.java:130] [main] Lo
ading genome: /home/iu/igv/genomes/hg18.genome
INFO [2015-07-17 14:21:22,384] [GenomeManager.java:177] [main] Ge
nome loaded. id= hg18
INFO [2015-07-17 14:21:22,890] [CommandListener.java:91] [Thread-6
] Listening on port 60151
Jul 17, 2015 2:21:24 PM java.util.prefs.FileSystemPreferences$6 run
WARNING: Prefs file removed in background /home/iu/.java/.userPrefs
/org/broad/igv/prefs.xml
iu@bielinux[IGV_2.3.57] [ 2:28午後]
```



# パスを通す意味

どのディレクトリ上からでもigv.shを実行できるようにしたいがためにパスを通すのです。①の場合は、カレントディレクトリ(作業ディレクトリ)上にigv.shがあるので、あまり説得力はありません(爆)

```
iu@bielinux[~/Downloads/IGV_2.3.57]
iu@bielinux[IGV_2.3.57] pwd [ 2:28午後 ]
/home/iu/Downloads/IGV_2.3.57
iu@bielinux[IGV_2.3.57] ls [ 2:29午後 ]
batik-codec_V1.7.jar igv.bat igv.jar readme.txt
goby-io-igv_V1.0.jar igv.command igv.sh
iu@bielinux[IGV_2.3.57] igv.sh [ 2:29午後 ]
```



# パスを通す意味

igv.shがカレントディレクトリ上にないところ(例えば①の~/Desktop)でigv.shを実行してみると、より納得できるでしょう。

```
iu@bielinux[~/Desktop]
iu@bielinux[IGV_2.3.57] pwd [ 2:29午後 ]
/home/iu/Downloads/IGV_2.3.57
iu@bielinux[IGV_2.3.57] cd ~/Desktop [ 2:31午後 ]
iu@bielinux[Desktop] pwd [ 2:31午後 ]
/home/iu/Desktop
iu@bielinux[Desktop] ls [ 2:31午後 ]
amelieff Bio-Linux Documentation mac share
amelieff.zip hoge Sample Data
iu@bielinux[Desktop] igv.sh [ 2:31午後 ]
```



①

# Contents

- テストデータ取得
  - wgetの場合、ドラッグ&ドロップの場合、共有フォルダ経由の場合
- Integrative Genomics Viewer (IGV)のインストール
  - 7/23不参加者はwget、7/23参加者は共有フォルダ経由
- 日本乳酸菌学会誌のNGS連載第4回のW7-1以降
  - FastQC (ver. 0.10.1) preinstalled in Bio-Linux 8
  - FastQC (ver. 0.11.3):ダウンロード、解凍、正規表現
  - FastQC (ver. 0.11.3):パスを通す
- FastQC ver. 0.11.3とver. 0.10.1の違い
- Genome Analysis Toolkit (GATK) の取得



# データ解析の全体像

①FastQCはこのあたりで使うものです。  
FastQC (ver. 0.10.1) は、Bio-Linux8  
にプレインストールされています

## マイクロアレイ

## RNA-seq

公共データ取得	GEO, ArrayExpress	GEO, ArrayExpress, NCBI SRA, EBI ENA, DDBJ SRA (DRA)
解析対象生物種	配列情報既知(アレイが提供されているもののみ)	モデル・非モデル問わず
生データ	プローブレベル数値データ	塩基配列(数億リード程度、数百塩基長)
		QC (Quality Control): クオリティチェック、フィルタリング、トリミング アセンブリでトランスクリプトーム配列取得(マッピング時のリファレンスとしても利用) マッピング(bowtie2, TopHat2など)でSAM/BAMファイル取得
発現行列作成	前処理法(MAS5, RMAなど)適用後に遺伝子発現行列を得る	アノテーションファイルを利用してカウントデータ、配列長補正後のRPKM/FPKM、転写物レベルの発現情報など取得
発現変動遺伝子(DEG)同定	基本Rを利用(limma, SAM, Rank productsなど)	基本Rを利用(cuffdiff2, edgeR, DESeq2, TCCなど)
機能解析	GSEA, GSA, Cytoscapeなど R/パッケージ SeqGSEAなどを利用。	



# FastQC: 初期状態

スタート地点。①作業ディレクトリは  
~/Documents/srp017156。②この2つのフ  
ァイルがあれば基本OK。ここでは、gzip  
圧縮ファイル(.gz)になっているが、.bz2や  
非圧縮ファイルも試してみるとよい。

```
iu@bielinux[~/Documents/srp017156]
① iu@bielinux[srp017156] pwd
/home/iu/Documents/srp017156
iu@bielinux[srp017156] ls -lh
total 136M
-rw-rw-rw- 1 iu iu 360  7月 13 17:06 JSLAB4_1_Linux.sh
-rw-rw-rw- 1 iu iu 364  7月 13 17:06 JSLAB4_1.sh
-rw-rw-rw- 1 iu iu 72M  7月 13 17:06 SRR616268sub_1.fastq.gz
-rw-rw-rw- 1 iu iu 65M  7月 13 17:06 SRR616268sub_2.fastq.gz
iu@bielinux[srp017156]
[12:59午後]
[12:59午後]
```



②

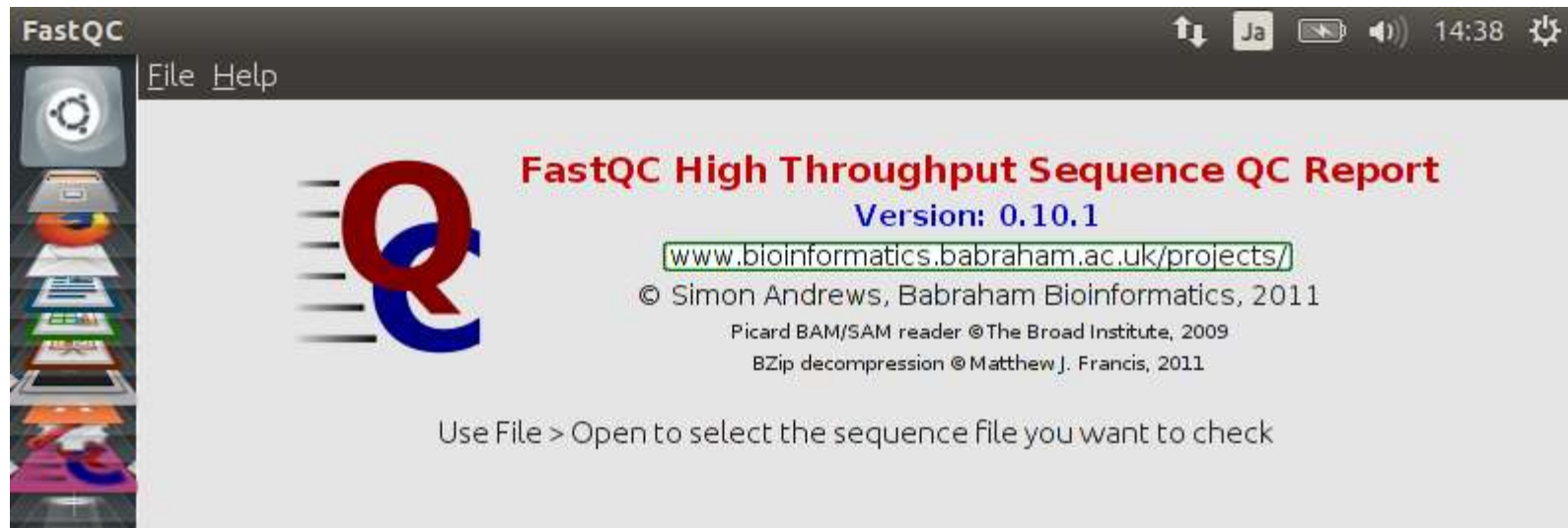
# 間違ってもあせるな

想定外の状態になってしまった場合の対処法。①「fastqc」と打ってから、間違ってもそのままリターンキーを押すと、②右下のような画面になってしまう。この状態から脱出するには…。

```
iu@bielinux[~/Documents/srp017156]
iu@bielinux[srp017156] pwd
/home/iu/Documents/srp017156
iu@bielinux[srp017156] ls -lh
total 136M
-rw-rw-rw- 1 iu iu 360  7月 13 17:06 JSLAB4_1_Linux.sh
-rw-rw-rw- 1 iu iu 364  7月 13 17:06 JSLAB4_1.sh
-rw-rw-rw- 1 iu iu 72M  7月 13 17:06 SRR616268sub_1.fastq.gz
-rw-rw-rw- 1 iu iu 65M  7月 13 17:06 SRR616268sub_2.fastq.gz
iu@bielinux[srp017156] fastqc
```

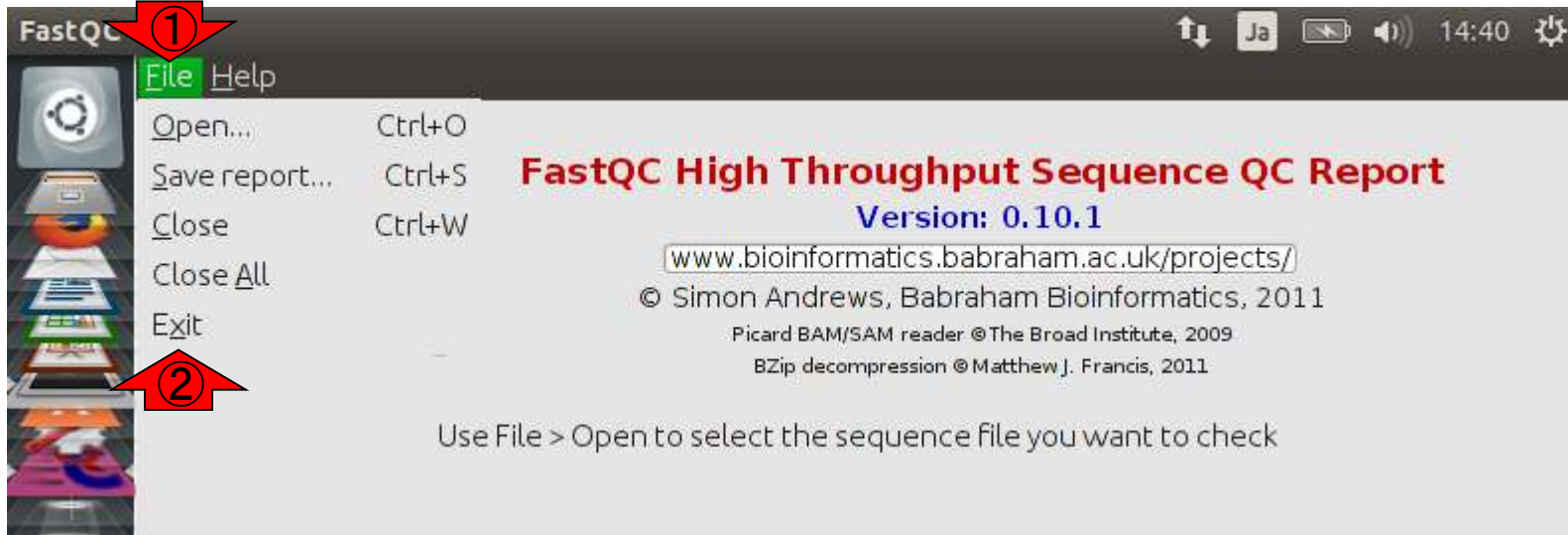
[12:59午後]

[12:59午後]



この状態から脱出するには、「①File - ②Exit」。右下は復帰後のターミナル画面。

# 間違ってもあせるな



```
iu@bielinux[~/Documents/srp017156]
iu@bielinux[srp017156] pwd [12:59午後]
/home/iu/Documents/srp017156
iu@bielinux[srp017156] ls -lh [12:59午後]
total 136M
-rw-rw-rw- 1 iu iu 360 7月 13 17:06 JSLAB4_1_Linux.sh
-rw-rw-rw- 1 iu iu 364 7月 13 17:06 JSLAB4_1.sh
-rw-rw-rw- 1 iu iu 72M 7月 13 17:06 SRR616268sub_1.fastq.gz
-rw-rw-rw- 1 iu iu 65M 7月 13 17:06 SRR616268sub_2.fastq.gz
iu@bielinux[srp017156] fastqc [12:59午後]
iu@bielinux[srp017156] [1:55午後]
```

# fastqc

基本的な使い方は「fastqc 任意のファイル名」。「SRR」まで打ってからTabキーを押すなどのタブ補完を利用するのも一つだが、他のやり方として、入力したいファイル名を反転させ、①右クリックでコピー、②右クリックでペースト、というのも一般的です。

iu@bielinux[~/Documents/srp017156]

iu@bielinux[srp017156] pwd

/home/iu/Documents/srp017156

iu@bielinux[srp017156] ls -lh

total 136M

-rw-rw-rw- 1 iu iu 360 7月 13 17:06 JSLAB4\_1\_Linux.sh

-rw-rw-rw- 1 iu iu 364 7月 13 17:06 JSLAB4\_1.sh

-rw-rw-rw- 1 iu iu 72M 7月 13 17:06 SRR616268sub\_1.fastq.gz

-rw-rw-rw- 1 iu iu 65M 7月 13 17:06 SRR616268sub\_2.fastq.gz

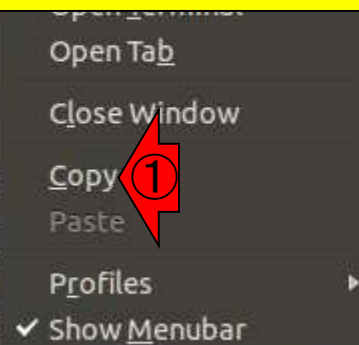
iu@bielinux[srp017156] fastqc [12:59]

iu@bielinux[srp017156] ls -lh SRR616268sub \* [1:55]

-rw-rw-rw- 1 iu iu 72M 7月 13 17:06 SRR616268sub\_1.fastq.gz

-rw-rw-rw- 1 iu iu 65M 7月 13 17:06 SRR616268sub\_2.fastq.gz

iu@bielinux[srp017156] fastqc



[ 2:01午後 ]

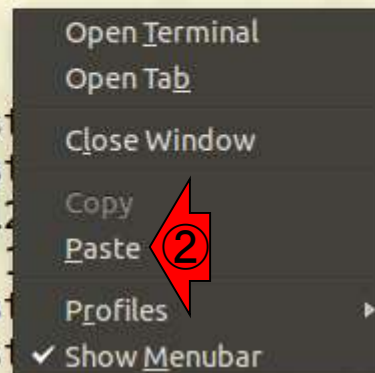
# fastqc

基本的な使い方は「fastqc 任意のファイル名」。「SRR」まで打ってからTabキーを押すなどのタブ補完を利用するのも一つだが、他のやり方として、入力したいファイル名を反転させ、①右クリックでコピー、②右クリックでペースト、というのも一般的です。

```

iu@bielinux[~/Documents/srp017156]
iu@bielinux[srp017156] pwd
/home/iu/Documents/srp017156
iu@bielinux[srp017156] ls -lh
total 136M
-rw-rw-rw- 1 iu iu 360  7月 13 17:06 JSLAB4_1_Linux.sh
-rw-rw-rw- 1 iu iu 364  7月 13 17:06 JSLAB4_1.sh
-rw-rw-rw- 1 iu iu 72M  7月 13 17:06 SRR616268sub_1.fastq
-rw-rw-rw- 1 iu iu 65M  7月 13 17:06 SRR616268sub_2.fastq
iu@bielinux[srp017156] fastqc
iu@bielinux[srp017156] ls -lh SRR616268sub_*
-rw-rw-rw- 1 iu iu 72M  7月 13 17:06 SRR616268sub_1.fastq
-rw-rw-rw- 1 iu iu 65M  7月 13 17:06 SRR616268sub_2.fastq
iu@bielinux[srp017156] fastqc

```



[ 2:01午後 ]

# fastqc実行

```
iu@bielinux[~/Documents/srp017156]
iu@bielinux[ srp017156] fastqc SRR616268sub_1.fastq.gz [ 2:01午後 ]
Started analysis of SRR616268sub_1.fastq.gz
Approx 5% complete for SRR616268sub_1.fastq.gz
Approx 10% complete for SRR616268sub_1.fastq.gz
Approx 15% complete for SRR616268sub_1.fastq.gz
Approx 20% complete for SRR616268sub_1.fastq.gz
Approx 25% complete for SRR616268sub_1.fastq.gz
Approx 30% complete for SRR616268sub_1.fastq.gz
Approx 35% complete for SRR616268sub_1.fastq.gz
Approx 40% complete for SRR616268sub_1.fastq.gz
Approx 45% complete for SRR616268sub_1.fastq.gz
Approx 50% complete for SRR616268sub_1.fastq.gz
Approx 55% complete for SRR616268sub_1.fastq.gz
Approx 60% complete for SRR616268sub_1.fastq.gz
Approx 65% complete for SRR616268sub_1.fastq.gz
Approx 70% complete for SRR616268sub_1.fastq.gz
Approx 75% complete for SRR616268sub_1.fastq.gz
Approx 80% complete for SRR616268sub_1.fastq.gz
Approx 85% complete for SRR616268sub_1.fastq.gz
Approx 90% complete for SRR616268sub_1.fastq.gz
Approx 95% complete for SRR616268sub_1.fastq.gz
Approx 100% complete for SRR616268sub_1.fastq.gz
Analysis complete for SRR616268sub_1.fastq.gz
iu@bielinux[ srp017156] [ 2:05午後 ]
```

# fastqc

①「ls -lh」実行結果。②赤枠部分がfastqcコマンドで作成されたもの。1つはSRR616268sub\_1\_fastqcという名前のディレクトリ。もう1つはそのzip圧縮ファイル。③「ls -lh SRR616268sub\_\*」実行結果。ls -lh実行時にディレクトリも指定していることになるので、④ディレクトリの中身をリストアップしている

```

iu@bielinux[~/Documents/srp017156]
① iu@bielinux[srp017156] ls -lh
total 136M
-rw-rw-rw- 1 iu iu 360 7月 13 17:06 JS
-rw-rw-rw- 1 iu iu 364 7月 13 17:06 JSLAB4 1.sh
drwxrwxr-x 4 iu iu 4.0K 7月 15 14:05 SRR616268sub_1_fastqc
-rw-rw-r-- 1 iu iu 293K 7月 15 14:05 SRR616268sub_1_fastqc.zip
-rw-rw-rw- 1 iu iu 72M 7月 13 17:06 SRR616268sub_1.fastq.gz
-rw-rw-rw- 1 iu iu 65M 7月 13 17:06 SRR616268sub_2.fastq.gz
③ iu@bielinux[srp017156] ls -lh SRR616268sub_* [ 2:08午後 ]
-rw-rw-r-- 1 iu iu 293K 7月 15 14:05 SRR616268sub_1_fastqc.zip
-rw-rw-rw- 1 iu iu 72M 7月 13 17:06 SRR616268sub_1.fastq.gz
-rw-rw-rw- 1 iu iu 65M 7月 13 17:06 SRR616268sub_2.fastq.gz

SRR616268sub_1_fastqc:
total 88K
-rw-rw-r-- 1 iu iu 26K 7月 15 14:05 fastqc_data.txt
-rw-rw-r-- 1 iu iu 48K 7月 15 14:05 fastqc_report.html
drwxrwxr-x 2 iu iu 4.0K 7月 15 14:05 Icons
drwxrwxr-x 2 iu iu 4.0K 7月 15 14:05 Images
-rw-rw-r-- 1 iu iu 575 7月 15 14:05 summary.txt
iu@bielinux[srp017156] [ 2:09午後 ]

```



# fastqc -h

プログラムのマニュアルを眺めるのは、パスが通っていれば基本的にどのディレクトリ上で行ってもよい。①「fastqc -h」と打ってリターン。

```
iu@bielinux[~/Documents/srp017156]
iu@bielinux[srp017156] pwd [ 2:09午後 ]
/home/iu/Documents/srp017156
iu@bielinux[srp017156] ls -lh [ 2:16午後 ]
total 136M
-rw-rw-rw- 1 iu iu 360 7月 13 17:06 JSLAB4_1_Linux.sh
-rw-rw-rw- 1 iu iu 364 7月 13 17:06 JSLAB4_1.sh
drwxrwxr-x 4 iu iu 4.0K 7月 15 14:05 SRR616268sub_1_fastqc
-rw-rw-r-- 1 iu iu 293K 7月 15 14:05 SRR616268sub_1_fastqc.zip
-rw-rw-rw- 1 iu iu 72M 7月 13 17:06 SRR616268sub_1.fastq.gz
-rw-rw-rw- 1 iu iu 65M 7月 13 17:06 SRR616268sub_2.fastq.gz
iu@bielinux[srp017156] fastqc -h [ 2:16午後 ]
```

①

# fastqc -h

マニュアルが一気に表示されて何が何だかわからない(爆)。そういうときはパイプ(|)でlessやmoreに流し込む。ここでは①lessを用いる例を示す。上矢印キーを有効利用!

iu@bielinux[~/Documents/srp017156]

```

be ignored.

-k --kmers          Specifies the length of Kmer to look for in the
Kmer content       module. Specified Kmer length must be between 2
                    and 10. Default length is 5 if not specified.

-q --quiet          Supress all progress messages on stdout and onl
y report errors.

BUGS

Any bugs in fastqc should be reported either to simon.andrews@b
abraham.ac.uk
or in www.bioinformatics.babraham.ac.uk/bugzilla/

%
iu@bielinux[srp017156] fastqc -h | less [ 2:17午後 ]

```

①

この状態は、fastqcのマニュアルページをlessで眺めていると解釈すればよい。基本的に、上下矢印キーでページをスクロール。

# fastqc -h

```
iu@bielinux[~/Documents/srp017156]
FastQC - A high throughput sequence QC analysis tool

SYNOPSIS

fastqc seqfile1 seqfile2 .. seqfileN

fastqc [-o output dir] [--(no)extract] [-f fastq|bam|sam]
       [-c contaminant file] seqfile1 .. seqfileN

DESCRIPTION

FastQC reads a set of sequence files and produces from each one a quality
control report consisting of a number of different modules, each one of
which will help to identify a different potential type of problem in your
data.

If no files to process are specified on the command line then the program
:
```

# fastqc -h

①進捗状況を非表示にしたい場合は、-qオプションをつければよさそうであることが分かる。②(END)となったら、下矢印キーで一番下まで来た状態であることを示す。この状態から抜けるには、qキーを押せばよい。

```

iu@bielinux[~/Documents/srp017156]
The file must contain sets
form name[tab]sequence. Lines prefixed with a hash will
be ignored.

-k --kmers          Specifies the length of Kmer to look for in the Kmer content
                    module. Specified Kmer length must be between 2 and 10. Defau
                    length is 5 if not specified.

-q --quiet          Supress all progress messages on stdout and only report error
                    s.

BUGS

Any bugs in fastqc should be reported either to simon.andrews@babraham.ac.uk
or in www.bioinformatics.babraham.ac.uk/bugzilla/

```



(END)

②

# fastqc -h

lessから抜け出した状態。このように、ちょっとした場面で様々なLinuxコマンドを駆使して合理的に作業を行うのが一般的。基本的なコマンドを使いこなせないと対処法を思いつかない。数日程度で習熟できるものではなく、数週間程度はかかるのが一般的。

```

iu@bielinux[~/Documents/srp017156]
form name[tab]sequence.
be ignored.

-k --kmers          Specifies the length of Kmer to look for in the Kmer content
                    module. Specified Kmer length must be between 2 and 10. Defau
                    length is 5 if not specified.

-q --quiet          Supress all progress messages on stdout and only report error
                    s.

BUGS

Any bugs in fastqc should be reported either to simon.andrews@babraham.ac.uk
or in www.bioinformatics.babraham.ac.uk/bugzilla/

iu@bielinux[srp017156] fastqc -h | less
iu@bielinux[srp017156]

```

[ 2:33午後 ]

[ 2:33午後 ]

# fastqc -q

①「-q」オプションをつけてfastqcを実行。確かにW7-3と違って進捗状況を非表示にできていることがわかる。②赤枠のように実行結果として「ディレクトリ」と「同じ内容のzipファイル」がちゃんと生成されている。このようにしてオプション利用の幅を広げていく。

```

iu@bielinux[~/Documents/srp017156]
iu@bielinux[srp017156] fastqc -h | less
iu@bielinux[srp017156] ls -lh
total 136M
-rw-rw-rw- 1 iu iu 360 7月 13 17:06 JSLAB4_1_Linux.sh
-rw-rw-rw- 1 iu iu 364 7月 13 17:06 JSLAB4_1.sh
drwxrwxr-x 4 iu iu 4.0K 7月 15 14:05 SRR616268sub_1_fastqc
-rw-rw-r-- 1 iu iu 293K 7月 15 14:05 SRR616268sub_1_fastqc.zip
-rw-rw-rw- 1 iu iu 72M 7月 13 17:06 SRR616268sub_1.fastq.gz
-rw-rw-rw- 1 iu iu 65M 7月 13 17:06 SRR616268sub_2.fastq.gz
① iu@bielinux[srp017156] fastqc -q SRR616268sub_2.fastq.gz [ 2:35午後 ]
iu@bielinux[srp017156] ls -lh [ 2:36午後 ]
total 137M
-rw-rw-rw- 1 iu iu 360 7月 13 17:06 JSLAB4_1_Linux.sh
-rw-rw-rw- 1 iu iu 364 7月 13 17:06 JSLAB4_1.sh
drwxrwxr-x 4 iu iu 4.0K 7月 15 14:05 SRR616268sub_1_fastqc
-rw-rw-r-- 1 iu iu 293K 7月 15 14:05 SRR616268sub_1_fastqc.zip
-rw-rw-rw- 1 iu iu 72M 7月 13 17:06 SRR616268sub_1.fastq.gz
drwxrwxr-x 4 iu iu 4.0K 7月 15 14:36 SRR616268sub_2_fastqc
-rw-rw-r-- 1 iu iu 243K 7月 15 14:36 SRR616268sub_2_fastqc.zip
-rw-rw-rw- 1 iu iu 65M 7月 13 17:06 SRR616268sub_2.fastq.gz
iu@bielinux[srp017156]

```

[ 2:35午後 ]  
[ 2:36午後 ]

[ 2:37午後 ]

W7-4や①で示すように、ls -lhだと\*fastqc\*中にディレクトリを含む場合には、ディレクトリの中身まで表示される。②ディレクトリもファイルと同じように表示したい場合はdオプションをつければよい。

# Tips: ls -d

```

iu@bielinux[~/Documents/srp017156]
iu@bielinux[ srp017156] ls -lh *fastqc*
-rw-rw-r-- 1 iu iu 293K  7月 15 14:05 SRR616268sub_1_fastqc.zip
-rw-rw-r-- 1 iu iu 243K  7月 15 14:36 SRR616268sub_2_fastqc.zip

SRR616268sub_1_fastqc:
total 88K
-rw-rw-r-- 1 iu iu  26K  7月 15 14:05 fastqc_data.txt
-rw-rw-r-- 1 iu iu  48K  7月 15 14:05 fastqc_report.html
drwxrwxr-x 2 iu iu 4.0K  7月 15 14:05 Icons
drwxrwxr-x 2 iu iu 4.0K  7月 15 14:05 Images
-rw-rw-r-- 1 iu iu  575  7月 15 14:05 summary.txt

SRR616268sub_2_fastqc:
total 56K
-rw-rw-r-- 1 iu iu  16K  7月 15 14:36 fastqc_data.txt
-rw-rw-r-- 1 iu iu  26K  7月 15 14:36 fastqc_report.html
drwxrwxr-x 2 iu iu 4.0K  7月 15 14:36 Icons
drwxrwxr-x 2 iu iu 4.0K  7月 15 14:36 Images
-rw-rw-r-- 1 iu iu  575  7月 15 14:36 summary.txt

iu@bielinux[ srp017156] ls -lhd *fastqc*
drwxrwxr-x 4 iu iu 4.0K  7月 15 14:05 SRR616268sub_1_fastqc
-rw-rw-r-- 1 iu iu 293K  7月 15 14:05 SRR616268sub_1_fastqc.zip
drwxrwxr-x 4 iu iu 4.0K  7月 15 14:36 SRR616268sub_2_fastqc
-rw-rw-r-- 1 iu iu 243K  7月 15 14:36 SRR616268sub_2_fastqc.zip
iu@bielinux[ srp017156]

```

おさらい。rmコマンドの-fは、消してよいかを問い合わせる警告メッセージを表示しない、というオプション。①「rm -f」ではディレクトリは削除できない

# Tips: rm -f

```
iu@bielinux[~/Documents/srp017156]
iu@bielinux[srp017156] ls -lhd *fastqc* [ 2:43午後 ]
drwxrwxr-x 4 iu iu 4.0K  7月 15 14:05 SRR616268sub_1_fastqc
-rw-rw-r-- 1 iu iu 293K  7月 15 14:05 SRR616268sub_1_fastqc.zip
drwxrwxr-x 4 iu iu 4.0K  7月 15 14:36 SRR616268sub_2_fastqc
-rw-rw-r-- 1 iu iu 243K  7月 15 14:36 SRR616268sub_2_fastqc.zip
iu@bielinux[srp017156] rm -f *fastqc* [ 2:48午後 ]
rm: cannot remove 'SRR616268sub_1_fastqc': Is a directory
rm: cannot remove 'SRR616268sub_2_fastqc': Is a directory
iu@bielinux[srp017156] ls -lhd *fastqc* [ 2:48午後 ]
drwxrwxr-x 4 iu iu 4.0K  7月 15 14:05 SRR616268sub_1_fastqc
drwxrwxr-x 4 iu iu 4.0K  7月 15 14:36 SRR616268sub_2_fastqc
iu@bielinux[srp017156] █ [ 2:49午後 ]
```



# Tips: rm -rf

```
iu@bielinux[~/Documents/srp017156] [ 2:43午後 ]
iu@bielinux[srp017156] ls -lhd *fastqc*
drwxrwxr-x 4 iu iu 4.0K  7月 15 14:05 SRR616268sub_1_fastqc
-rw-rw-r-- 1 iu iu 293K  7月 15 14:05 SRR616268sub_1_fastqc.zip
drwxrwxr-x 4 iu iu 4.0K  7月 15 14:36 SRR616268sub_2_fastqc
-rw-rw-r-- 1 iu iu 243K  7月 15 14:36 SRR616268sub_2_fastqc.zip
iu@bielinux[srp017156] rm -f *fastqc* [ 2:48午後 ]
rm: cannot remove 'SRR616268sub_1_fastqc': Is a directory
rm: cannot remove 'SRR616268sub_2_fastqc': Is a directory
iu@bielinux[srp017156] ls -lhd *fastqc* [ 2:48午後 ]
drwxrwxr-x 4 iu iu 4.0K  7月 15 14:05 SRR616268sub_1_fastqc
drwxrwxr-x 4 iu iu 4.0K  7月 15 14:36 SRR616268sub_2_fastqc
① iu@bielinux[srp017156] rm -rf *fastqc* [ 2:51午後 ]
iu@bielinux[srp017156] ls -lhd *fastqc* [ 2:51午後 ]
zsh: no matches found: *fastqc*
iu@bielinux[srp017156] ls -lh [ 2:51午後 ]
total 136M
-rw-rw-rw- 1 iu iu 360  7月 13 17:06 JSLAB4_1_Linux.sh
-rw-rw-rw- 1 iu iu 364  7月 13 17:06 JSLAB4_1.sh
-rw-rw-rw- 1 iu iu 72M  7月 13 17:06 SRR616268sub_1.fastq.gz
-rw-rw-rw- 1 iu iu 65M  7月 13 17:06 SRR616268sub_2.fastq.gz
iu@bielinux[srp017156] [ 2:51午後 ]
```

# シェルスクリプト

7/24のシェルスクリプトの基本形を示す。① wgetでファイルをコピー。「ホスト-ゲスト」間でのコピペがうまくいかない場合は、共有フォルダを使うなり、ゲストOSのウェブブラウザを使うなり個別対処!②でエラーが出ていなければ、③のファイルが作成されるはず。

```

iu@bielinux[~/Documents/srp017156]
iu@bielinux[srp017156] pwd
/home/iu/Documents/srp017156
iu@bielinux[srp017156] ls -lh JS*
-rw-rw-rw- 1 iu iu 360  7月 13 17:06 JSLAB4_1_Linux.sh
-rw-rw-rw- 1 iu iu 364  7月 13 17:06 JSLAB4_1.sh
iu@bielinux[srp017156] wget -c http://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/book/JSLAB4_
2_Linux2.sh
--2015-07-15 16:19:33--  http://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/book/JSLAB4_2_Linu
x2.sh
Resolving www.iu.a.u-tokyo.ac.jp (www.iu.a.u-tokyo.ac.jp)... 133.11.224.26
Connecting to www.iu.a.u-tokyo.ac.jp (www.iu.a.u-tokyo.ac.jp)|133.11.224.26|:80..
. connected.
HTTP request sent, awaiting response... 200 OK
Length: 450 [application/x-sh]
Saving to: 'JSLAB4_2_Linux2.sh'

100%[=====>] 450          --.-K/s   in 0s

2015-07-15 16:19:33 (21.3 MB/s) - 'JSLAB4_2_Linux2.sh' saved [450/450]

iu@bielinux[srp017156] ls -lh JS*                                     [ 4:19午後 ]
-rw-rw-rw- 1 iu iu 360  7月 13 17:06 JSLAB4_1_Linux.sh
-rw-rw-rw- 1 iu iu 364  7月 13 17:06 JSLAB4_1.sh
-rw-rw-r-- 1 iu iu 450  7月 15 16:16 JSLAB4_2_Linux2.sh
iu@bielinux[srp017156] █                                           [ 4:19午後 ]
  
```

実行権限が付与されていない場合は、①chmodで付与しておく。

# chmodで権限変更

```
iu@bielinux[~/Documents/srp017156]
iu@bielinux[srp017156] ls -lh JS* [ 4:20午後 ]
-rw-rw-rw- 1 iu iu 360 7月 13 17:06 JSLAB4_1_Linux.sh
-rw-rw-rw- 1 iu iu 364 7月 13 17:06 JSLAB4_1.sh
-rw-rw-r-- 1 iu iu 450 7月 15 16:16 JSLAB4_2_Linux2.sh
iu@bielinux[srp017156] chmod 755 JSLAB4_2_Linux2.sh [ 4:20午後 ]
iu@bielinux[srp017156] ls -lh JS* [ 4:20午後 ]
-rw-rw-rw- 1 iu iu 360 7月 13 17:06 JSLAB4_1_Linux.sh
-rw-rw-rw- 1 iu iu 364 7月 13 17:06 JSLAB4_1.sh
-rwxr-xr-x 1 iu iu 450 7月 15 16:16 JSLAB4_2_Linux2.sh
iu@bielinux[srp017156] [ 4:21午後 ]
```

# moreで確認

①moreはファイルの中身を表示。②赤枠がJSLAB4\_2\_Linux2.shの中身。データを取得した大元のDDBJのURLや、どのようにサブセットを抽出してきたのかが分かる。

```

iu@bielinux[~/Documents/srp017156]
iu@bielinux[srp017156] pwd [ 4:22午後 ]
/home/iu/Documents/srp017156
iu@bielinux[srp017156] ls [ 4:22午後 ]
JSLAB4_1_Linux.sh JSLAB4_2_Linux2.sh SRR616268sub_2.fastq.gz
JSLAB4_1.sh SRR616268sub_1.fastq.gz
iu@bielinux[srp017156] more JSLAB4_2_Linux2.sh [ 4:22午後 ]
#wget -c ftp://ftp.ddbj.nig.ac.jp/ddbj_database/dra/fastq/SRA061/SRA061483/SRX204226/
SRR616268_1.fastq.bz2
#wget -c ftp://ftp.ddbj.nig.ac.jp/ddbj_database/dra/fastq/SRA061/SRA061483/SRX204226/
SRR616268_2.fastq.bz2
#bzip2 -dc SRR616268_1.fastq.bz2 | head -n 4000000 | gzip > SRR616268sub_1.fastq.gz
#bzip2 -dc SRR616268_2.fastq.bz2 | head -n 4000000 | gzip > SRR616268sub_2.fastq.gz
fastqc -q SRR616268sub_1.fastq.gz
fastqc -q SRR616268sub_2.fastq.gz
iu@bielinux[srp017156] [ 4:22午後 ]

```

①シェルスクリプトの実行。②実際に実行されるのは、行頭に#がついていない赤枠部分のみ。③実行結果として生成されるもの

# shで実行

```

iu@bielinux[~/Documents/srp017156]
iu@bielinux[srp017156] pwd [ 4:22午後 ]
/home/iu/Documents/srp017156
iu@bielinux[srp017156] ls [ 4:22午後 ]
JSLAB4_1_Linux.sh JSLAB4_2_Linux2.sh SRR616268sub_2.fastq.gz
JSLAB4_1.sh SRR616268sub_1.fastq.gz
iu@bielinux[srp017156] more JSLAB4_2_Linux2.sh [ 4:22午後 ]
#wget -c ftp://ftp.ddbj.nig.ac.jp/ddbj_database/dra/fastq/SRA061/SRA061483/SRX204226/
SRR616268_1.fastq.bz2
#wget -c ftp://ftp.ddbj.nig.ac.jp/ddbj_database/dra/fastq/SRA061/SRA061483/SRX204226/
SRR616268_2.fastq.bz2
#bzip2 -dc SRR616268_1.fastq.bz2 | head -n 4000000 | gzip > SRR616268sub_1.fastq.gz
#bzip2 -dc SRR616268_2.fastq.bz2 | head -n 4000000 | gzip > SRR616268sub_2.fastq.gz
fastqc -q SRR616268sub_1.fastq.gz
fastqc -q SRR616268sub_2.fastq.gz
iu@bielinux[srp017156] sh JSLAB4_2_Linux2.sh [ 4:22午後 ]
iu@bielinux[srp017156] ls -lhd SRR616268sub_* [ 4:26午後 ]
drwxrwxr-x 4 iu iu 4.0K 7月 15 16:26 SRR616268sub_1_fastqc
-rw-rw-r-- 1 iu iu 293K 7月 15 16:26 SRR616268sub_1_fastqc.zip
-rw-rw-rw- 1 iu iu 72M 7月 13 17:06 SRR616268sub_1.fastq.gz
drwxrwxr-x 4 iu iu 4.0K 7月 15 16:26 SRR616268sub_2_fastqc
-rw-rw-r-- 1 iu iu 243K 7月 15 16:26 SRR616268sub_2_fastqc.zip
-rw-rw-rw- 1 iu iu 65M 7月 13 17:06 SRR616268sub_2.fastq.gz
iu@bielinux[srp017156] [ 4:28午後 ]

```

# cp -r

```
iu@bielinux[~/Documents/srp017156]
iu@bielinux[srp017156] pwd [ 5:10午後 ]
/home/iu/Documents/srp017156
iu@bielinux[srp017156] ls -lhd SRR616268sub_* [ 5:10午後 ]
drwxrwxr-x 4 iu iu 4.0K 7月 15 16:26 SRR616268sub_1_fastqc
-rw-rw-r-- 1 iu iu 293K 7月 15 16:26 SRR616268sub_1_fastqc.zip
-rw-rw-rw- 1 iu iu 72M 7月 13 17:06 SRR616268sub_1.fastq.gz
drwxrwxr-x 4 iu iu 4.0K 7月 15 16:26 SRR616268sub_2_fastqc
-rw-rw-r-- 1 iu iu 243K 7月 15 16:26 SRR616268sub_2_fastqc.zip
-rw-rw-rw- 1 iu iu 65M 7月 13 17:06 SRR616268sub_2.fastq.gz
iu@bielinux[srp017156] ls -lh ~/Desktop/mac_share [ 5:10午後 ]
total 0
iu@bielinux[srp017156] cp -r SRR616268sub_1_fastqc ~/Desktop/mac_share [ 5:11午後 ]
iu@bielinux[srp017156] ls -lh ~/Desktop/mac_share [ 5:11午後 ]
total 4.0K
drwxrwxrwx 1 root root 4.0K 7月 15 2015 SRR616268sub_1_fastqc
iu@bielinux[srp017156] █ [ 5:11午後 ]
```

①SRR616268sub\_1\_fastqcディレクトリを  
、②共有フォルダ(~/Desktop/mac\_share)  
にコピーしている。

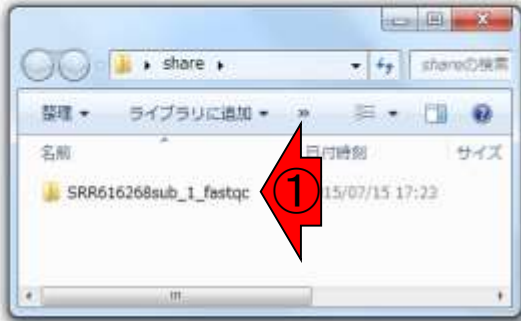
# cp -r

```

iu@bielinux[~/Documents/srp017156]
iu@bielinux[srp017156] pwd [ 5:10午後 ]
/home/iu/Documents/srp017156
iu@bielinux[srp017156] ls -lhd SRR616268sub_* [ 5:10午後 ]
drwxrwxr-x 4 iu iu 4.0K 7月 15 16:26 SRR616268sub_1_fastqc
-rw-rw-r-- 1 iu iu 293K 7月 15 16:26 SRR616268sub_1_fastqc.zip
-rw-rw-rw- 1 iu iu 72M 7月 13 17:06 SRR616268sub_1.fastq.gz
drwxrwxr-x 4 iu iu 4.0K 7月 15 16:26 SRR616268sub_2_fastqc
-rw-rw-r-- 1 iu iu 243K 7月 15 16:26 SRR616268sub_2_fastqc.zip
-rw-rw-rw- 1 iu iu 65M 7月 13 17:06 SRR616268sub_2.fastq.gz
iu@bielinux[srp017156] ls -lh ~/Desktop/mac_share [ 5:10午後 ]
total 0
iu@bielinux[srp017156] cp -r SRR616268sub_1_fastqc ~/Desktop/mac_share [ 5:11午後 ]
iu@bielinux[srp017156] ls -lh ~/Desktop/mac_share [ 5:11午後 ]
total 4.0K
drwxrwxrwx 1 root root 4.0K 7月 15 2015 SRR616268sub_1_fastqc
iu@bielinux[srp017156] █ [ 5:11午後 ]

```

## 共有フォルダのおかげで



```

BioLinux8 [実行中] - Oracle VM VirtualBox
ファイル 仮想マシン 表示 入力 デバイス ヘルプ
File Edit View Search Terminal Help
iu@bielinux[srp017156] pwd [ 5:22午後 ]
/home/iu/Documents/srp017156
iu@bielinux[srp017156] ls -lhd SRR616268sub_* [ 5:22午後 ]
drwxrwxr-x 4 iu iu 4.0K 7月 15 16:26 SRR616268sub_1_fastqc
-rw-rw-r-- 1 iu iu 293K 7月 15 16:26 SRR616268sub_1_fastqc.zip
-rw-rw-rw- 1 iu iu 72M 7月 13 17:06 SRR616268sub_1.fastq.gz
drwxrwxr-x 4 iu iu 4.0K 7月 15 16:26 SRR616268sub_2_fastqc
-rw-rw-r-- 1 iu iu 243K 7月 15 16:26 SRR616268sub_2_fastqc.zip
-rw-rw-rw- 1 iu iu 65M 7月 13 17:06 SRR616268sub_2.fastq.gz
iu@bielinux[srp017156] ls -lh ~/Desktop/mac_share [ 5:22午後 ]
total 0
iu@bielinux[srp017156] cp -r SRR616268sub_1_fastqc ~/Desktop/mac_share [ 5:23午後 ]
iu@bielinux[srp017156] ls -lh ~/Desktop/mac_share [ 5:23午後 ]
total 4.0K
drwxrwxrwx 1 root root 4.0K 7月 15 2015 SRR616268sub_1_fastqc
iu@bielinux[srp017156] █ [ 5:23午後 ]
  
```



# 共有フォルダのおかげで

コマンドライン環境から少しでも解放されたいヒトはこちら。ただ、そういうヒトはLinuxではなくGalaxyなどのLinux-free?!系をお勧めします

The screenshot shows a Linux desktop environment with a file manager window open. The desktop has icons for 'hoge', 'Bfo-Linux Documentation', and 'mac\_share'. The file manager window shows a list of files and folders, including 'SRR616268sub\_1\_fastqc', 'SRR616268sub\_2\_fastqc', 'JSLAB4\_1.sh', 'JSLAB4\_1\_Linux.sh', 'JSLAB4\_2\_Linux2.sh', and various fastq.gz and zip files. An arrow points from the 'mac\_share' folder on the desktop to the 'SRR616268sub\_2\_fastqc' folder in the file manager.

Name	Size	Type	Modified
SRR616268sub_1_fastqc	5 items	Folder	16:26
SRR616268sub_2_fastqc	5 items	Folder	16:26
JSLAB4_1.sh	364 bytes	Program	7月 13
JSLAB4_1_Linux.sh	360 bytes	Program	7月 13
JSLAB4_2_Linux2.sh	450 bytes	Program	16:16
SRR616268sub_1.fastq.gz	74.9 MB	Archive	7月 13
SRR616268sub_1_fastqc.zip	299.9 kB	Archive	16:26
SRR616268sub_2.fastq.gz	67.2 MB	Archive	7月 13
SRR616268sub_2_fastqc.zip	248.2 kB	Archive	16:26

# バージョン

同じプログラム名(この場合FastQC)でも、様々なバージョンが存在する。「コマンド名 -v」でバージョン情報を見られる場合が多い。FastQCの場合は、①小文字でも②大文字でもどちらでも同じ結果になる。このバージョン情報(FastQC ver. 0.10.1)は忘れずに論文中に記載しましょう。もし -V or -vのいずれでもうまく表示されない場合は③「man コマンド名」または④「コマンド名 -h」でマニュアル中のバージョン情報表示法を調べる

```
iu@bielinux[~/Documents/srp017156]
```

```
iu@bielinux[srp017156] pwd
```

```
/home/iu/Documents/srp017156
```

① iu@bielinux[srp017156] fastqc -v  
FastQC v0.10.1

② iu@bielinux[srp017156] fastqc -V  
FastQC v0.10.1

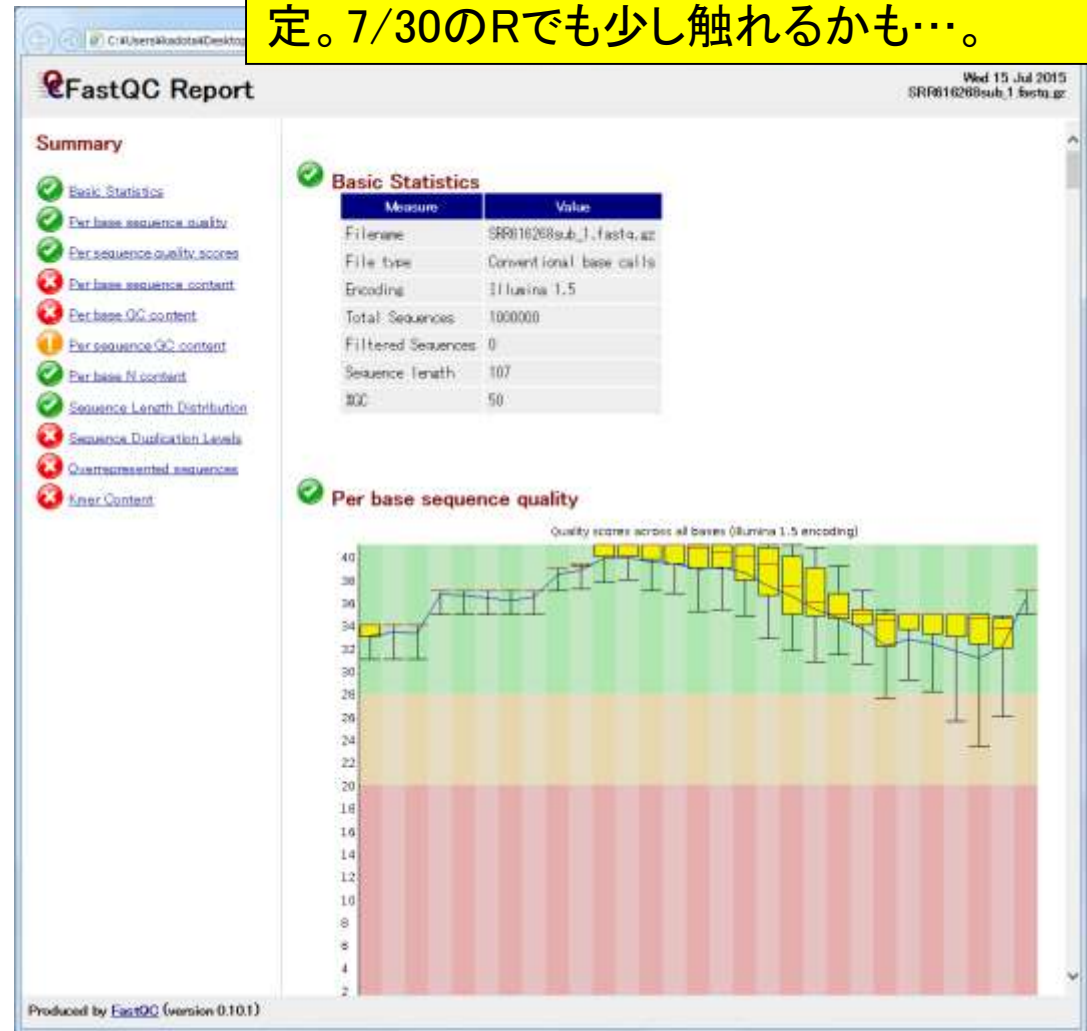
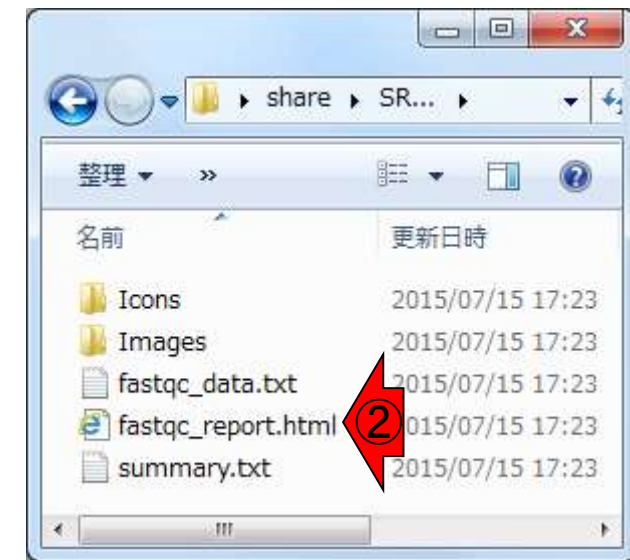
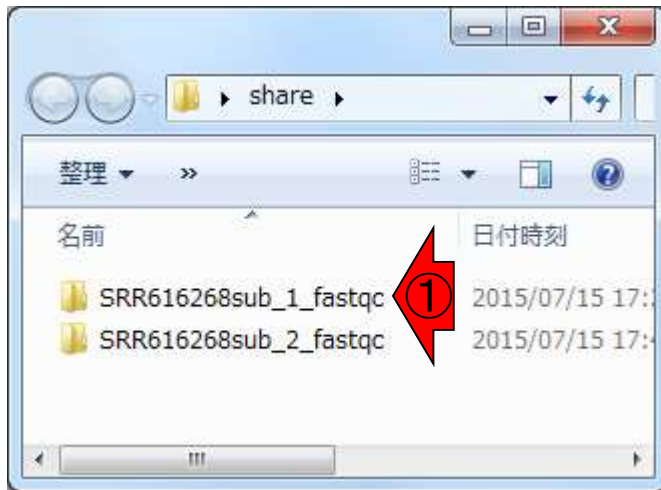
③ iu@bielinux[srp017156] man fastqc  
No manual entry for fastqc

④ iu@bielinux[srp017156] fastqc -h  
See 'man 7 undocumented' for help when manual pages are not available.

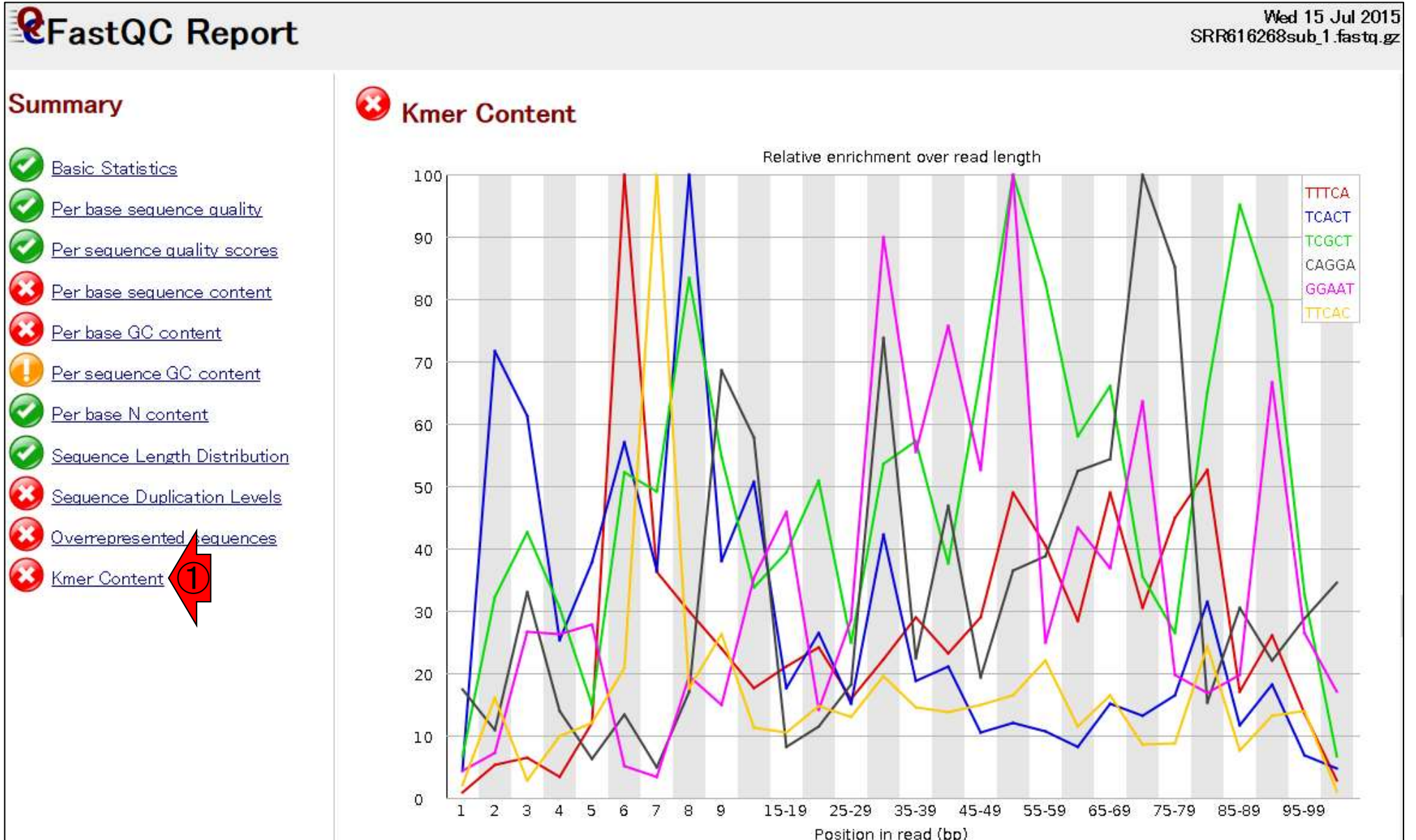
[ 5:51午後 ]

# FastQC ver. 0.10.1

FastQC (ver. 0.10.1)実行結果(htmlレポート)を眺めることで、総リード数や全体的なクオリティ、アダプター配列やプライマー配列の混入状況などを様々な角度から概観できる。詳細は8/3以降の講習会で予定。7/30のRでも少し触れるかも…。



# FastQC ver. 0.10.1



# 最新版は0.11.3

FastQCのウェブサイトの場合、ページ下部のChangelogを眺めると、リリースされたバージョンの歴史をたどることができる。2015年7月15日現在のFastQCプログラムの①最新版は、ver. 0.11.3。Bio-Linux8にプレインストールされているver. 0.10.1以降、下記のような②新機能やバグ修正がなされている。

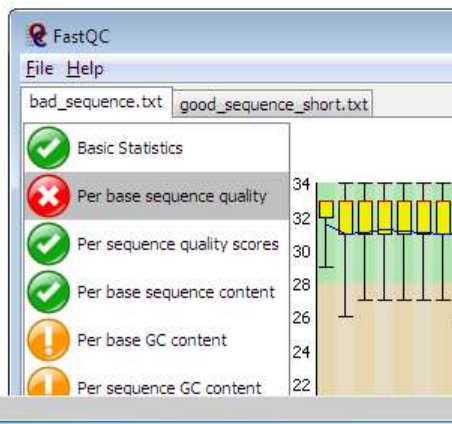


<b>Function</b>	A quality control
<b>Language</b>	Java
<b>Requirements</b>	A suitable Java
<b>Code Maturity</b>	Stable. Mature
<b>Code Released</b>	Yes, under G
<b>Initial Contact</b>	Simon Andrew

## Changelog



- 25-3-15: Version 0.11.3 released
  - Fixed a bug when disabling the per-tile plot from limits.txt
  - Fixed a bug which caused the program to continue when processing of multiple files
  - Fixed a bug which meant format selection in the interactive application didn't work
  - Added checks for mis-identifying tile numbers in confusing sample ids
  - Added the SOLID smallRNA adapter to the standard search set
  - Fixed a bug when extracting casava names from uncompressed fastq files
  - Added support for processing files of Oxford Nanopore reads
- 6-6-14: Version 0.11.2 released
  - Fixed incorrect warn/fail defaults for per-seq quality plot
  - Fixed memory leaks in Kmer and per-seq quality modules
  - Added an option to use a custom limits file
  - Fixed a bug in the naming of the folder inside the zip output file
  - Fixed a bug in the --extract option
- 2-6-14: Version 0.11.1 released
  - Added configurable warn/fail thresholds for all modules
  - Allow modules to be selectively turned off
  - Added a per-tile quality plot for Illumina libraries
  - Added an adapter content plot
  - Improved the duplication plot
  - Improved the Kmer module



# Contents

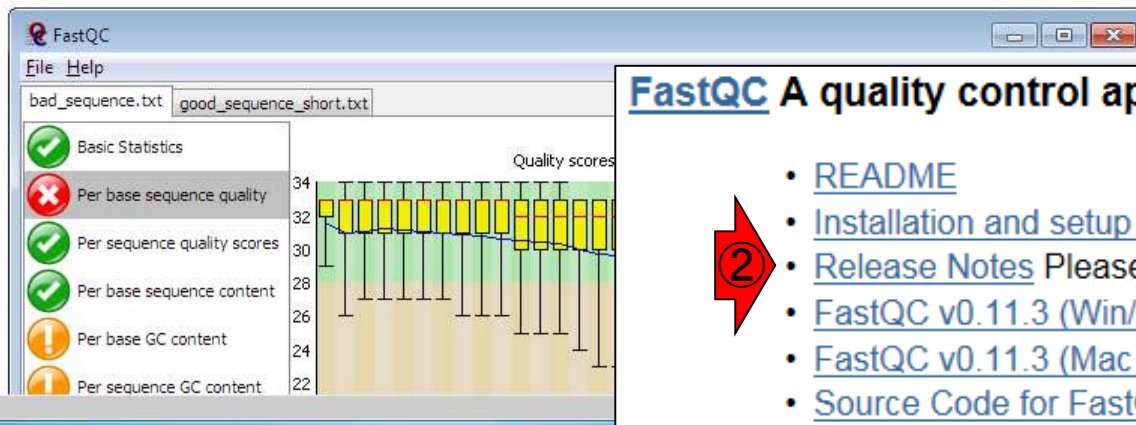
- テストデータ取得
  - wgetの場合、ドラッグ&ドロップの場合、共有フォルダ経由の場合
- Integrative Genomics Viewer (IGV)のインストール
  - 7/23不参加者はwget、7/23参加者は共有フォルダ経由
- 日本乳酸菌学会誌のNGS連載第4回のW7-1以降
  - FastQC (ver. 0.10.1) preinstalled in Bio-Linux 8
  - FastQC (ver. 0.11.3):ダウンロード、解凍、正規表現
  - FastQC (ver. 0.11.3):パスを通す
- FastQC ver. 0.11.3とver. 0.10.1の違い
- Genome Analysis Toolkit (GATK) の取得

# インストール

Changelogよりも、②の「Release Notes」が一般的かもしれません。③基本的には、ここを見ながら自力でインストールします。リンク先のマニュアルをざっと眺めても、現時点でもchmodなどいくつかのコマンドや相対パスの意味は分かるようになっているでしょう。

FastQC

<b>Function</b>	A quality control tool for high throughput sequence data.
<b>Language</b>	Java
<b>Requirements</b>	A <a href="#">suitable Java Runtime Environment</a>
	The <a href="#">Picard</a> BAM/SAM Libraries (included in download)
<b>Code Maturity</b>	Stable. Mature code, but feedback is appreciated.
<b>Code Released</b>	Yes, under <a href="#">GPL v3 or later</a> .
<b>Initial Contact</b>	<a href="#">Simon Andrews</a>
	<a href="#">Download Now</a>



## FastQC A quality control application for high throughput sequence data

- [README](#)
- [Installation and setup instructions](#)
- [Release Notes](#) Please read these before using the program.
- [FastQC v0.11.3 \(Win/Linux zip file\)](#)
- [FastQC v0.11.3 \(Mac DMG image\)](#)
- [Source Code for FastQC v0.11.3 \(zip file\)](#)

# インストール

Linux上でのプログラムのインストール作業は、「このプログラムを実行するためにはこれが必要で…」という前もって必要な事柄 (prerequisite) やプログラムの依存関係 (dependency) との格闘。以下は、②ターミナル上で「java -version」と打ち込み、javaが入っていること、および③バージョンが1.5以上であることを確認せよ、と読み取る。

## FastQC A quality control application for high throughput sequencing data

- [README](#)
- [Installation and setup instructions](#) ①
- [Release Notes](#) Please read these before using the program.
- [FastQC v0.11.3 \(Windows\)](#)
- [FastQC v0.11.3 \(MacOS\)](#)
- [Source Code for FastQC](#)

### Installing FastQC

FastQC is a java application. In order to run it needs your system to have a suitable Java Runtime Environment (JRE) installed. Before you try to run FastQC you should therefore ensure that you have a suitable JRE. There are a number of different JREs available however the one we have tested is the v1.6 JRE from Oracle. This is available for a number of different platforms from [www.java.com](http://www.java.com) (click the download now button at the top).

If you're not sure whether you have java installed then you can test this from a command prompt. To get a command prompt try:

Windows: Select Start > Run, and type 'cmd' (no quotes) in the box which appears, press OK

MaxOSX: Run Applications > Utilities > Terminal

Linux: From your applications menu look for an application called 'Terminal' or 'Konsole'. Either of these will give you a usable shell.

②

At the command prompt type 'java -version' and press enter. You should see something like:

```
java version "1.6.0_17"
Java(TM) SE Runtime Environment (build 1.6.0_17-b04-248-10M3025)
Java HotSpot(TM) Client VM (build 14.3-b01-101, mixed mode)
```

③

If you get an error then you don't have java installed. If the version listed on the first line is less than 1.5 then you might have problems running FastQC.

Actually installing FastQC is as simple as unzipping the zip file it comes in into a suitable location. That's it. Once unzipped it's ready to go.



# java -version

作業ディレクトリはどこでもよいので「java -version」と打ち込み、javaが入っており、そのバージョンが1.5以上(ver. 1.7.0\_79)であることを確認。ヒトによって、多少バージョン番号が違うかもしれないが条件さえ満たしていれば問題ない

```

iu@bielinux[~/Desktop]
iu@bielinux[iu] pwd
/home/iu
iu@bielinux[iu] java -version
java version "1.7.0_79"
OpenJDK Runtime Environment (IcedTea 2.5.5) (7u79-2.5.5-0ubuntu0.14.04.2)
OpenJDK 64-Bit Server VM (build 24.79-b02, mixed mode)
iu@bielinux[iu] java -v
Unrecognized option: -v
Error: Could not create the Java Virtual Machine.
Error: A fatal exception has occurred. Program will exit.
iu@bielinux[iu] cd Desktop
iu@bielinux[Desktop] java -version
java version "1.7.0_79"
OpenJDK Runtime Environment (IcedTea 2.5.5) (7u79-2.5.5-0ubuntu0.14.04.2)
OpenJDK 64-Bit Server VM (build 24.79-b02, mixed mode)
iu@bielinux[Desktop]

```

[ 8:05午後 ]

[ 8:05午後 ]

[ 8:06午後 ]

# ダウンロード

①zipファイルのURL情報を②で取得。③ Downloadsディレクトリで作業を行う。「wget -c」と打ち込んだ後に、④コピーしたURL情報をペースト。⑤ls -lhで確認。zipファイルは約10MB。7/23参加者はホストOSのデスクトップにあるhogeフォルダ中にfastqc\_v0.11.3.zipがあるので「ドラッグ&ドロップ」か「共有フォルダ経由」でサクッとやりましょう。

## FastQC A quality control application for high throughput sequencing data

- [README](#)
- [Installation and setup instructions](#)
- [Release Notes](#) Please read these before using the program.
- ① [FastQC v0.11.3 \(Win/Linux zip file\)](#)
- [FastQC v0.11.3 \(Mac DMG image\)](#)
- [Source Code for FastQC v0.11.3 \(git\)](#)

開く(O)  
新しいタブで開く(W)  
新しいウィンドウで開く(N)  
対象をファイルに保存(A)...  
対象を印刷(P)

切り取り  
コピー(C)  
② ショートカットのコピー(T)

data

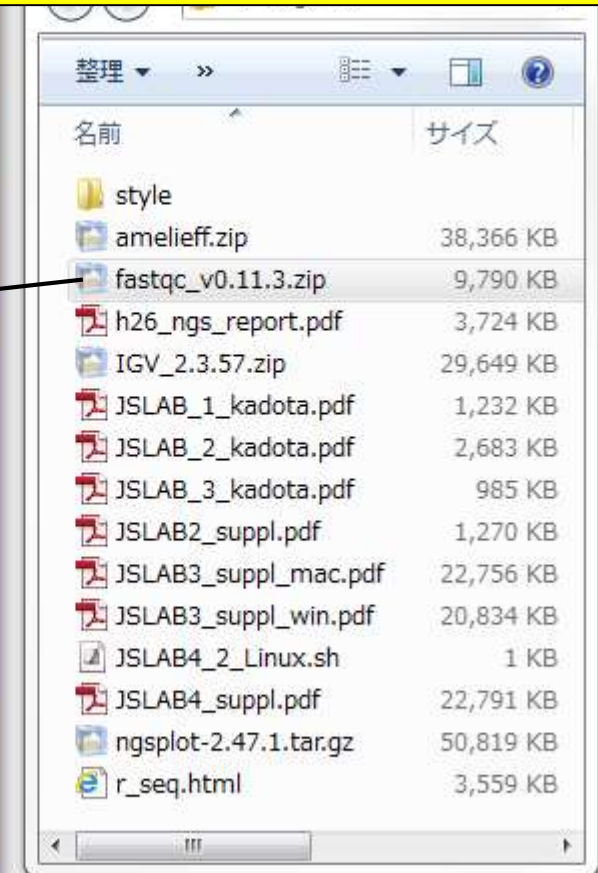
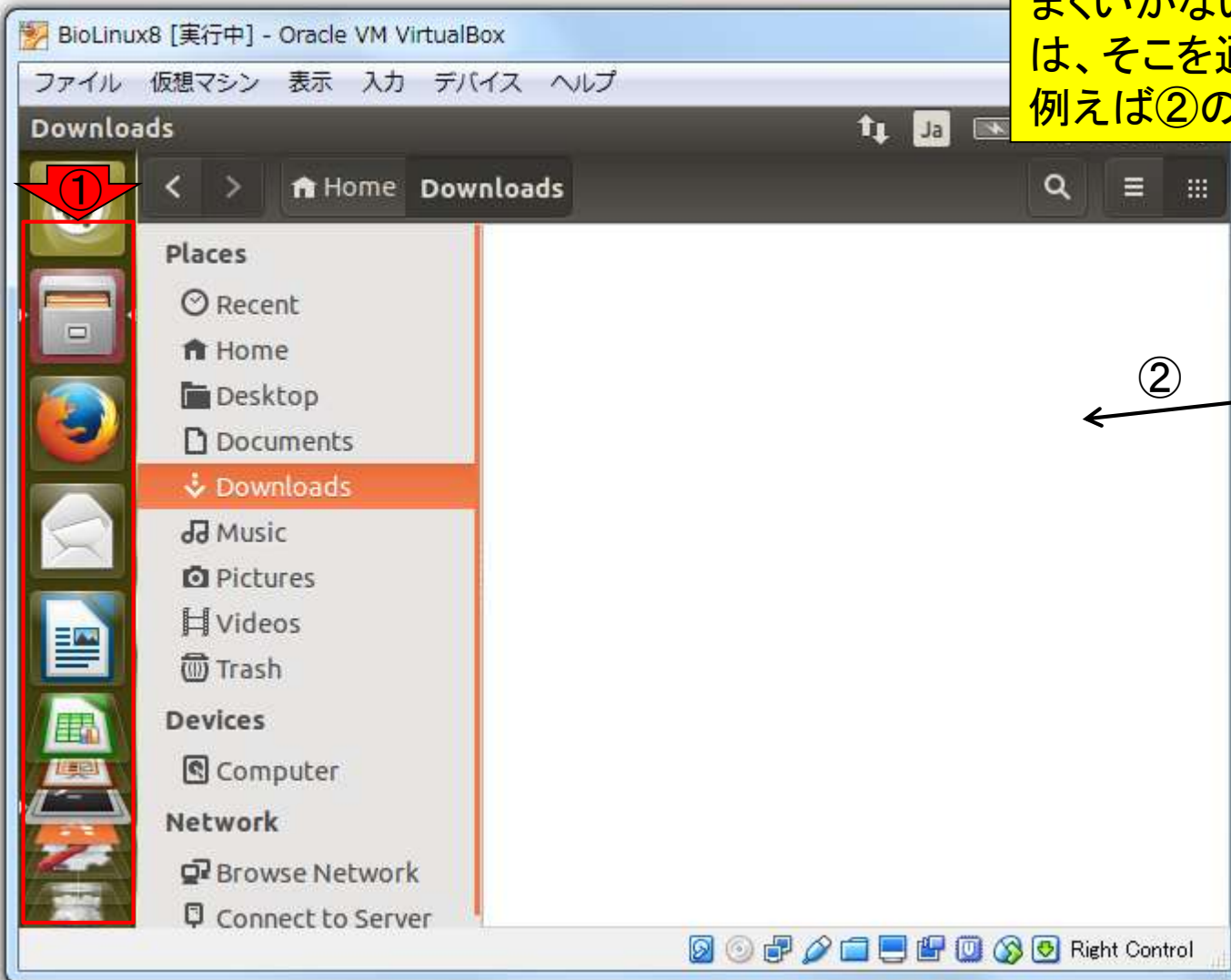
## FastQ Screen A screening application for high throughput sequencing data

- [README](#)
- [Release Notes](#) Please read these before using the program.
- [FastQ Screen v0.4.4](#)

```
iu@bielinux[~/Downloads]
iu@bielinux[Downloads] pwd
/home/iu/Downloads
iu@bielinux[Downloads] wget -cq http://www.bioinformatics.babraham.ac.uk/projects/fastqc/fastqc_v0.11.3.zip
iu@bielinux[Downloads] ls -lh
total 9.6M
-rw-rw-r-- 1 iu iu 9.6M  3月 25 18:40 fastqc_v0.11.3.zip
iu@bielinux[Downloads]
```

# ダウンロード

「ドラッグ&ドロップ」でサクッとやる場合。何度かヤラレタ経験があるかもしれませんが、①ゲストOSの赤枠付近を通過してドラッグ&ドロップしようとする、移動中に画面が遷移してうまくいかない場合があります。そういう場合は、そこを通らないようにうまくやりましょう。例えば②のように右から左といった具合。



# unzip -q

①(余分な)進捗状況を非表示にして(-qオプションをつけて)zipファイルを解凍するunzipコマンドを実行。②FastQCというディレクトリが作成されていることが分かる。③このディレクトリ中のfastqcが実行コマンド

```

iu@bielinux[~/Downloads]
iu@bielinux[Downloads] pwd
/home/iu/Downloads
iu@bielinux[Downloads] ls -lh
total 9.6M
-rw-rw-rw- 1 iu iu 9.6M  7月 15 20:40 fastqc_v0.11.3.zip
iu@bielinux[Downloads] unzip -q fastqc_v0.11.3.zip
iu@bielinux[Downloads] ls -lh
total 9.6M
drwxrwxr-x 8 iu iu 4.0K  7月 15 20:43 FastQC
-rw-rw-rw- 1 iu iu 9.6M  7月 15 20:40 fastqc_v0.11.3.zip
iu@bielinux[Downloads] ls FastQC
cisd-jhdf5.jar      jbzip2-0.9.jar      RELEASE_NOTES.txt
Configuration      LICENSE_JHDF5.txt   run_fastqc.bat
fastqc              LICENSE.txt          sam-1.103.jar
fastqc_icon.ico    net                  Templates
Help                org                  uk
INSTALL.txt        README.txt
iu@bielinux[Downloads]

```

# 解凍後の作業

解凍後の作業は、chmodで実行権限を付与さえすればよいようだ。これが「You may need to make this file executable」に相当。

**FastQC** A quality control application for high throughput sequence data

- [README](#)
- [Installation and setup instructions](#) ①
- [Release Notes](#) Please read these before using the program.
- [FastQC v0.11.3 \(Win/Linux zip file\)](#)
- [FastQC v0.11.3 \(Mac DMG image\)](#)
- [Source Code](#)

Running FastQC Interactively

Windows: Simply double click on the run\_fastqc bat file. If you want to make a pretty shortcut then we've included an icon file in the top level directory so you don't have to use the generic bat file icon.

MacOSX: There is an application bundle for MacOSX which you can use to install and run FastQC. Just drag the application from the disk image to your Applications folder (or wherever you want to install the program).

Linux: We have included a wrapper script, called 'fastqc' which is the easiest way to start the program. The wrapper is in the top level of the FastQC installation. You may need to make this file executable:

②

chmod 755 fastqc

..but once you have done that you can run it directly

③

./fastqc

..or place a link in /usr/local/bin to be able to run the program from any location:

sudo ln -s /path/to/FastQC/fastqc /usr/local/bin/fastqc

# chmod 755

```
iu@bielinux[~/Downloads/FastQC]
iu@bielinux[Downloads] pwd [ 8:54午後 ]
/home/iu/Downloads
iu@bielinux[Downloads] ls [ 8:54午後 ]
FastQC fastqc_v0.11.3.zip
iu@bielinux[Downloads] cd FastQC [ 8:54午後 ]
iu@bielinux[FastQC] pwd [ 8:54午後 ]
/home/iu/Downloads/FastQC
iu@bielinux[FastQC] ls -lh fastqc* [ 8:54午後 ]
-rw-rw-r-- 1 iu iu 14K 3月 24 16:23 fastqc
-rw-rw-r-- 1 iu iu 2.2K 3月 21 2012 fastqc_icon.ico
iu@bielinux[FastQC] chmod 755 fastqc [ 8:54午後 ]
iu@bielinux[FastQC] ls -lh fastqc* [ 8:54午後 ]
-rwxr-xr-x 1 iu iu 14K 3月 24 16:23 fastqc
-rw-rw-r-- 1 iu iu 2.2K 3月 21 2012 fastqc_icon.ico
iu@bielinux[FastQC] █ [ 8:54午後 ]
```

# chmod 755

もし打ち間違えて「chmod 666 fastqc」などとしちやったとしても、もう一度「chmod 755 fastqc」と打てばよい。最終的に①赤枠のようにrwxr-xr-xのようになっていけばよい。

```
iu@bielinux[~/Downloads/FastQC]
iu@bielinux[Downloads] pwd [ 8:54午後 ]
/home/iu/Downloads
iu@bielinux[Downloads] ls [ 8:54午後 ]
FastQC fastqc_v0.11.3.zip
iu@bielinux[Downloads] cd FastQC [ 8:54午後 ]
iu@bielinux[FastQC] pwd [ 8:54午後 ]
/home/iu/Downloads/FastQC
iu@bielinux[FastQC] ls -lh fastqc* [ 8:54午後 ]
-rw-rw-r-- 1 iu iu 14K 3月 24 16:23 fastqc
-rw-rw-r-- 1 iu iu 2.2K 3月 21 2012 fastqc_icon.ico
iu@bielinux[FastQC] chmod 755 fastqc [ 8:54午後 ]
iu@bielinux[FastQC] ls -lh fastqc* [ 8:54午後 ]
① -rwxr-xr-x 1 iu iu 14K 3月 24 16:23 fastqc
-rw-rw-r-- 1 iu iu 2.2K 3月 21 2012 fastqc_icon.ico
iu@bielinux[FastQC] █ [ 8:54午後 ]
```

# パス(のイントロ)

①実行権限を付与した後にfastqcのバージョン情報を表示すると、Bio-Linux 8にプレインストールされているFastQC (ver. 0.10.1)のままとなっている[W7-10]。

```
iu@bielinux[~/Downloads/FastQC]
iu@bielinux[FastQC] pwd [ 9:18午後 ]
/home/iu/Downloads/FastQC
iu@bielinux[FastQC] ls -lh fastqc* [ 9:18午後 ]
-rwxr-xr-x 1 iu iu 14K 3月 24 16:23 fastqc
-rw-rw-r-- 1 iu iu 2.2K 3月 21 2012 fastqc_icon.ico
① iu@bielinux[FastQC] fastqc -v [ 9:18午後 ]
FastQC v0.10.1
iu@bielinux[FastQC] █ [ 9:18午後 ]
```





# パス(のイントロ)

```

iu@bielinux[~/Downloads/FastQC]
iu@bielinux[FastQC] pwd
/home/iu/Downloads/FastQC
iu@bielinux[FastQC] ls -lh fastqc*
-rwxr-xr-x 1 iu iu 14K  3月 24 16:23 fastqc
-rw-rw-r-- 1 iu iu 2.2K  3月 21  2012 fastqc_icon.
1 iu@bielinux[FastQC] fastqc -v
FastQC v0.10.1
2 iu@bielinux[FastQC] ./fastqc -v
FastQC v0.11.3
3 iu@bielinux[FastQC] /home/iu/Downloads/FastQC/fastqc -v
FastQC v0.11.3
4 iu@bielinux[FastQC] ~/Downloads/FastQC/fastqc -v
FastQC v0.11.3
iu@bielinux[FastQC] ~Downloads/FastQC/fastqc -v
zsh: no such user or named directory: Downloads
iu@bielinux[FastQC]

```

②「./fastqc -v」とやると、カレントディレクトリ(.)中にある最新版のfastqcコマンドが実行される。これは一種の相対パス指定でのコマンド実行に相当。③「/home/iu/Downloads/FastQC/fastqc」と絶対パス指定にしてもよいし、④ホームディレクトリ(~)からの相対パス指定でもよい。

# パス(のイントロ)

但し、通常の作業ディレクトリは「~/Downloads/FastQC」ではない。そのため、②の「./fastqc -v」は非現実的。

```

iu@bielinux[~/Downloads/FastQC]
iu@bielinux[FastQC] pwd [ 9:22午後 ]
/home/iu/Downloads/FastQC
iu@bielinux[FastQC] ls -lh fastqc* [ 9:22午後 ]
-rwxr-xr-x 1 iu iu 14K 3月 24 16:23 fastqc
-rw-rw-r-- 1 iu iu 2.2K 3月 21 2012 fastqc_icon.ico
① iu@bielinux[FastQC] fastqc -v [ 9:22午後 ]
FastQC v0.10.1
② iu@bielinux[FastQC] ./fastqc -v [ 9:22午後 ]
FastQC v0.11.3
③ iu@bielinux[FastQC] /home/iu/Downloads/FastQC/fastqc -v
FastQC v0.11.3
④ iu@bielinux[FastQC] ~/Downloads/FastQC/fastqc -v
FastQC v0.11.3
iu@bielinux[FastQC] ~Downloads/FastQC/fastqc -v
zsh: no such user or named directory: Downloads
iu@bielinux[FastQC] [ 9:22午後 ]
  
```

# バージョンの違い

この目的は、FastQCのver. 0.10.1と0.11.3では、出力結果が異なることを示すこと。まずは実行結果のおさらい。  
 ①以前の作業ディレクトリに移動し、  
 ②入出力ファイル群をリストアップ。

```
iu@bielinux[~/Documents/srp017156]
iu@bielinux[FastQC] cd ~/Documents/srp017156
iu@bielinux[srp017156] pwd
/home/iu/Documents/srp017156
iu@bielinux[srp017156] ls -lhd SRR616268sub_* [10:06午後]
drwxrwxr-x 4 iu iu 4.0K 7月 15 22:05 SRR616268sub_1_fastqc
-rw-rw-r-- 1 iu iu 293K 7月 15 22:05 SRR616268sub_1_fastqc.zip
-rw-rw-rw- 1 iu iu 72M 7月 13 17:06 SRR616268sub_1_fastq.gz
drwxrwxr-x 4 iu iu 4.0K 7月 15 22:05 SRR616268sub_2_fastqc
-rw-rw-r-- 1 iu iu 243K 7月 15 22:05 SRR616268sub_2_fastqc.zip
-rw-rw-rw- 1 iu iu 65M 7月 13 17:06 SRR616268sub_2_fastq.gz
iu@bielinux[srp017156] [10:06午後]
```

# 正規表現

②このとき、タブ補完時に分かるが、「SRR616268sub\_」以降で複数の可能性が存在。これを全て表現するのが「\*」。

```
iu@bielinux[~/Documents/srp017156]
iu@bielinux[FastQC] cd ~/Documents/srp017156 [10:06午後]
iu@bielinux[srp017156] pwd [10:06午後]
/home/iu/Documents/srp017156
iu@bielinux[srp017156] ls -lhd SRR616268sub_* [10:06午後]
drwxrwxr-x 4 iu iu 4.0K 7月 15 22:05 SRR616268sub_1_fastqc
-rw-rw-r-- 1 iu iu 293K 7月 15 22:05 SRR616268sub_1_fastqc.zip
-rw-rw-rw- 1 iu iu 72M 7月 13 17:06 SRR616268sub_1.fastq.gz
drwxrwxr-x 4 iu iu 4.0K 7月 15 22:05 SRR616268sub_2_fastqc
-rw-rw-r-- 1 iu iu 243K 7月 15 22:05 SRR616268sub_2_fastqc.zip
-rw-rw-rw- 1 iu iu 65M 7月 13 17:06 SRR616268sub_2.fastq.gz
iu@bielinux[srp017156]
```

# 正規表現

②の実行結果中、赤枠のものがFastQC ver. 0.10.1実行結果。ver. 0.11.3を実行してどのような出力結果が得られるか知りたいので、赤枠のもののみ一旦削除したい。

```
iu@bielinux[~/Documents/srp017156]
1 iu@bielinux[FastQC] cd ~/Documents/srp017156 [10:06午後]
iu@bielinux[srp017156] pwd [10:06午後]
/home/iu/Documents/srp017156
2 iu@bielinux[srp017156] ls -lhd SRR616268sub_* [10:06午後]
drwxrwxr-x 4 iu iu 4.0K 7月 15 22:05 SRR616268sub_1_fastqc
-rw-rw-r-- 1 iu iu 293K 7月 15 22:05 SRR616268sub_1_fastqc.zip
-rw-rw-rw- 1 iu iu 72M 7月 13 17:06 SRR616268sub_1.fastq.gz
drwxrwxr-x 4 iu iu 4.0K 7月 15 22:05 SRR616268sub_2_fastqc
-rw-rw-r-- 1 iu iu 243K 7月 15 22:05 SRR616268sub_2_fastqc.zip
-rw-rw-rw- 1 iu iu 65M 7月 13 17:06 SRR616268sub_2.fastq.gz
iu@bielinux[srp017156] [10:06午後]
```

「削除したいもの」と「残したいもの」の違いは、ピンク色部分あたり。これらの違いをうまく利用して、赤枠の削除したいものを表現する。

# 正規表現

```

iu@bielinux[~/Documents/srp017156]
1 iu@bielinux[FastQC] cd ~/Documents/srp017156 [10:06午後]
iu@bielinux[srp017156] pwd [10:06午後]
/home/iu/Documents/srp017156
2 iu@bielinux[srp017156] ls -lhd SRR616268sub_* [10:06午後]
drwxrwxr-x 4 iu iu 4.0K 7月 15 22:05 SRR616268sub_1 fastqc
-rw-rw-r-- 1 iu iu 293K 7月 15 22:05 SRR616268sub_1 fastqc.zip
-rw-rw-rw- 1 iu iu 72M 7月 13 17:06 SRR616268sub_1.fastqc.gz
drwxrwxr-x 4 iu iu 4.0K 7月 15 22:05 SRR616268sub_2 fastqc
-rw-rw-r-- 1 iu iu 243K 7月 15 22:05 SRR616268sub_2 fastqc.zip
-rw-rw-rw- 1 iu iu 65M 7月 13 17:06 SRR616268sub_2.fastqc.gz
iu@bielinux[srp017156]

```

# 正規表現

```

iu@bielinux[~/Documents/srp017156]
iu@bielinux[FastQC] cd ~/Documents/srp017156 [10:06午後]
iu@bielinux[srp017156] pwd [10:06午後]
/home/iu/Documents/srp017156
iu@bielinux[srp017156] ls -lhd SRR616268sub_* [10:06午後]
drwxrwxr-x 4 iu iu 4.0K 7月 15 22:05 SRR616268sub_1_fastqc
-rw-rw-r-- 1 iu iu 293K 7月 15 22:05 SRR616268sub_1_fastqc.zip
-rw-rw-rw- 1 iu iu 72M 7月 13 17:06 SRR616268sub_1_fastqc.gz
drwxrwxr-x 4 iu iu 4.0K 7月 15 22:05 SRR616268sub_2_fastqc
-rw-rw-r-- 1 iu iu 243K 7月 15 22:05 SRR616268sub_2_fastqc.zip
-rw-rw-rw- 1 iu iu 65M 7月 13 17:06 SRR616268sub_2_fastqc.gz
iu@bielinux[srp017156] ls -lhd SRR616268sub_*_* [10:06午後]
drwxrwxr-x 4 iu iu 4.0K 7月 15 22:05 SRR616268sub_1_fastqc
-rw-rw-r-- 1 iu iu 293K 7月 15 22:05 SRR616268sub_1_fastqc.zip
drwxrwxr-x 4 iu iu 4.0K 7月 15 22:05 SRR616268sub_2_fastqc
-rw-rw-r-- 1 iu iu 243K 7月 15 22:05 SRR616268sub_2_fastqc.zip
iu@bielinux[srp017156] ls -lhd *fastqc* [10:10午後]
drwxrwxr-x 4 iu iu 4.0K 7月 15 22:05 SRR616268sub_1_fastqc
-rw-rw-r-- 1 iu iu 293K 7月 15 22:05 SRR616268sub_1_fastqc.zip
drwxrwxr-x 4 iu iu 4.0K 7月 15 22:05 SRR616268sub_2_fastqc
-rw-rw-r-- 1 iu iu 243K 7月 15 22:05 SRR616268sub_2_fastqc.zip
iu@bielinux[srp017156]

```

# 正規表現

```

iu@bielinux[~/Documents/srp017156]
iu@bielinux[FastQC] cd ~/Documents/srp017156 [10:06午後]
iu@bielinux[srp017156] pwd [10:06午後]
/home/iu/Documents/srp017156
iu@bielinux[srp017156] ls -lhd SRR616268sub_* [10:06午後]
drwxrwxr-x 4 iu iu 4.0K 7月 15 22:05 SRR616268sub_1_fastqc
-rw-rw-r-- 1 iu iu 293K 7月 15 22:05 SRR616268sub_1_fastqc.zip
-rw-rw-rw- 1 iu iu 72M 7月 13 17:06 SRR616268sub_1_fastqc.gz
drwxrwxr-x 4 iu iu 4.0K 7月 15 22:05 SRR616268sub_2_fastqc
-rw-rw-r-- 1 iu iu 243K 7月 15 22:05 SRR616268sub_2_fastqc.zip
-rw-rw-rw- 1 iu iu 65M 7月 13 17:06 SRR616268sub_2_fastqc.gz
iu@bielinux[srp017156] ls -lhd SRR616268sub_*_* [10:06午後]
drwxrwxr-x 4 iu iu 4.0K 7月 15 22:05 SRR616268sub_1_fastqc
-rw-rw-r-- 1 iu iu 293K 7月 15 22:05 SRR616268sub_1_fastqc.zip
drwxrwxr-x 4 iu iu 4.0K 7月 15 22:05 SRR616268sub_2_fastqc
-rw-rw-r-- 1 iu iu 243K 7月 15 22:05 SRR616268sub_2_fastqc.zip
iu@bielinux[srp017156] ls -lhd *fastqc* [10:10午後]
drwxrwxr-x 4 iu iu 4.0K 7月 15 22:05 SRR616268sub_1_fastqc
-rw-rw-r-- 1 iu iu 293K 7月 15 22:05 SRR616268sub_1_fastqc.zip
drwxrwxr-x 4 iu iu 4.0K 7月 15 22:05 SRR616268sub_2_fastqc
-rw-rw-r-- 1 iu iu 243K 7月 15 22:05 SRR616268sub_2_fastqc.zip
iu@bielinux[srp017156]

```



# rm -rf

①rmで、ディレクトリも含めて(-r)、消してい  
いか聞くことなく(-f)、SRR616268sub\_\*\_\*と  
いう条件を満たすファイル群を消去。この種  
のテクニックは、特にファイル数が多い場合  
に威力を発揮する。

```

iu@bielinux[~/Documents/srp017156]
iu@bielinux[srp017156] pwd
/home/iu/Documents/srp017156
iu@bielinux[srp017156] ls -lhd SRR616268sub_* [ 1:36午後 ]
drwxrwxr-x 4 iu iu 4.0K 7月 15 22:05 SRR616268sub_1_fastqc
-rw-rw-r-- 1 iu iu 293K 7月 15 22:05 SRR616268sub_1_fastqc.zip
-rw-rw-rw- 1 iu iu 72M 7月 13 17:06 SRR616268sub_1.fastq.gz
drwxrwxr-x 4 iu iu 4.0K 7月 15 22:05 SRR616268sub_2_fastqc
-rw-rw-r-- 1 iu iu 243K 7月 15 22:05 SRR616268sub_2_fastqc.zip
-rw-rw-rw- 1 iu iu 65M 7月 13 17:06 SRR616268sub_2.fastq.gz
① iu@bielinux[srp017156] rm -rf SRR616268sub_*_* [ 1:36午後 ]
iu@bielinux[srp017156] ls -lhd SRR616268sub_* [ 1:36午後 ]
-rw-rw-rw- 1 iu iu 72M 7月 13 17:06 SRR616268sub_1.fastq.gz
-rw-rw-rw- 1 iu iu 65M 7月 13 17:06 SRR616268sub_2.fastq.gz
iu@bielinux[srp017156] █ [ 1:36午後 ]

```

# FastQC ver. 0.11.3

①FastQC ver. 0.11.3の実行コマンド  
 (~Downloads/FastQC/fastqc)で再度  
 FastQCを実行。-qは途中経過を表示させない  
 ようにするオプション。つけてもつけなくとも  
 よい。この段階でFastQC ver. 0.11.3を最低  
 限動かせる状態までたどり着いたことになる

```

iu@bielinux[~/Documents/srp017156]
iu@bielinux[srp017156] pwd
/home/iu/Documents/srp017156
iu@bielinux[srp017156] ls -lhd SRR616268sub_*
drwxrwxr-x 4 iu iu 4.0K 7月 15 22:05 SRR616268sub_1_fastqc
-rw-rw-r-- 1 iu iu 293K 7月 15 22:05 SRR616268sub_1_fastqc.zip
-rw-rw-rw- 1 iu iu 72M 7月 13 17:06 SRR616268sub_1.fastq.gz
drwxrwxr-x 4 iu iu 4.0K 7月 15 22:05 SRR616268sub_2_fastqc
-rw-rw-r-- 1 iu iu 243K 7月 15 22:05 SRR616268sub_2_fastqc.zip
-rw-rw-rw- 1 iu iu 65M 7月 13 17:06 SRR616268sub_2.fastq.gz
iu@bielinux[srp017156] rm -rf SRR616268sub_*_* [ 1:36午後 ]
iu@bielinux[srp017156] ls -lhd SRR616268sub_* [ 1:36午後 ]
-rw-rw-rw- 1 iu iu 72M 7月 13 17:06 SRR616268sub_1.fastq.gz
-rw-rw-rw- 1 iu iu 65M 7月 13 17:06 SRR616268sub_2.fastq.gz
iu@bielinux[srp017156] ~/Downloads/FastQC/fastqc -q SRR616268sub_1.fastq.gz
iu@bielinux[srp017156] ~/Downloads/FastQC/fastqc -q SRR616268sub_2.fastq.gz
iu@bielinux[srp017156] ls -lhd SRR616268sub_* [ 1:56午後 ]
-rw-rw-r-- 1 iu iu 357K 7月 16 13:56 SRR616268sub_1_fastqc.html
-rw-rw-r-- 1 iu iu 406K 7月 16 13:56 SRR616268sub_1_fastqc.zip
-rw-rw-rw- 1 iu iu 72M 7月 13 17:06 SRR616268sub_1.fastq.gz
-rw-rw-r-- 1 iu iu 331K 7月 16 13:56 SRR616268sub_2_fastqc.html
-rw-rw-r-- 1 iu iu 369K 7月 16 13:56 SRR616268sub_2_fastqc.zip
-rw-rw-rw- 1 iu iu 65M 7月 13 17:06 SRR616268sub_2.fastq.gz
iu@bielinux[srp017156] [ 1:56午後 ]
  
```

# FastQC ver. 0.11.3

それが、マニュアルの②の部分に相当。「./fastqc」が通用するのは、作業ディレクトリが「~/Downloads/FastQC」の場合に限定されることも、今ならわかるだろう。

**FastQC** A quality control application for high throughput sequencing

- [README](#)
- [Installation and setup instructions](#) ①
- [Release Notes](#) Please read these before using the program.
- [FastQC v0.11.3 \(Win/Linux zip file\)](#)
- [FastQC v0.11.3 \(Mac DMG image\)](#)
- [Source Code](#)

## Running FastQC Interactively

-----  
 Windows: Simply double click on the run\_fastqc bat file. If you want to make a pretty shortcut then we've included an icon file in the top level directory so you don't have to use the generic bat file icon.

MacOSX: There is an application bundle for MacOSX which you can use to install and run FastQC. Just drag the application from the disk image to your Applications folder (or wherever you want to install the program).

Linux: We have included a wrapper script, called 'fastqc' which is the easiest way to start the program. The wrapper is in the top level of the FastQC installation. You may need to make this file executable:

```
chmod 755 fastqc
```

..but once you have done that you can run it directly

② ./fastqc

..or place a link in /usr/local/bin to be able to run the program from any location:

```
sudo ln -s /path/to/FastQC/fastqc /usr/local/bin/fastqc
```

# FastQC ver. 0.11.3

```

iu@bielinux[~/Documents/srp017156] [ 1:11午後 ]
iu@bielinux[srp017156] pwd [ 1:11午後 ]
/home/iu/Documents/srp017156
iu@bielinux[srp017156] ls -lhd SRR616268sub_* [ 1:36午後 ]
drwxrwxr-x 4 iu iu 4.0K 7月 15 22:05 SRR616268sub_1_fastqc
-rw-rw-r-- 1 iu iu 293K 7月 15 22:05 SRR616268sub_1_fastqc.zip
-rw-rw-rw- 1 iu iu 72M 7月 13 17:06 SRR616268sub_1.fastq.gz
drwxrwxr-x 4 iu iu 4.0K 7月 15 22:05 SRR616268sub_2_fastqc
-rw-rw-r-- 1 iu iu 243K 7月 15 22:05 SRR616268sub_2_fastqc.zip
-rw-rw-rw- 1 iu iu 65M 7月 13 17:06 SRR616268sub_2.fastq.gz
iu@bielinux[srp017156] rm -rf SRR616268sub_*_* [ 1:36午後 ]
iu@bielinux[srp017156] ls -lhd SRR616268sub_* [ 1:36午後 ]
-rw-rw-rw- 1 iu iu 72M 7月 13 17:06 SRR616268sub_1.fastq.gz
-rw-rw-rw- 1 iu iu 65M 7月 13 17:06 SRR616268sub_2.fastq.gz
iu@bielinux[srp017156] ~/Downloads/FastQC/fastqc -q SRR616268sub_1.fastq.gz
iu@bielinux[srp017156] ~/Downloads/FastQC/fastqc -q SRR616268sub_2.fastq.gz
iu@bielinux[srp017156] ls -lhd SRR616268sub_* [ 1:56午後 ]
-rw-rw-r-- 1 iu iu 357K 7月 16 13:56 SRR616268sub_1_fastqc.html
-rw-rw-r-- 1 iu iu 406K 7月 16 13:56 SRR616268sub_1_fastqc.zip
-rw-rw-rw- 1 iu iu 72M 7月 13 17:06 SRR616268sub_1.fastq.gz
-rw-rw-r-- 1 iu iu 331K 7月 16 13:56 SRR616268sub_2_fastqc.html
-rw-rw-r-- 1 iu iu 369K 7月 16 13:56 SRR616268sub_2_fastqc.zip
-rw-rw-rw- 1 iu iu 65M 7月 13 17:06 SRR616268sub_2.fastq.gz
iu@bielinux[srp017156] [ 1:56午後 ]

```

# Contents

- テストデータ取得
  - wgetの場合、ドラッグ&ドロップの場合、共有フォルダ経由の場合
- Integrative Genomics Viewer (IGV)のインストール
  - 7/23不参加者はwget、7/23参加者は共有フォルダ経由
- 日本乳酸菌学会誌のNGS連載第4回のW7-1以降
  - FastQC (ver. 0.10.1) preinstalled in Bio-Linux 8
  - FastQC (ver. 0.11.3):ダウンロード、解凍、正規表現
  - FastQC (ver. 0.11.3):パスを通す
- FastQC ver. 0.11.3とver. 0.10.1の違い
- Genome Analysis Toolkit (GATK) の取得

# パス

①の結果を眺め、Bio-Linux 8にプレインストールされているfastqcコマンドの実体はどこか？なぜ(lsやpwdのような基本コマンドと同様)どのディレクトリ上でもfastqcコマンドを打つとFastQC (ver. 0.10.1)が実行されるのかが気になる。これがパスの概念を知るスタート地点

```

iu@bielinux[~/Documents/srp017156]
iu@bielinux[srp017156] pwd
/home/iu/Documents/srp017156
iu@bielinux[srp017156] ls
JSLAB4_1_Linux.sh          SRR616268sub_1.fastq.gz
JSLAB4_1.sh                SRR616268sub_2_fastqc.html
JSLAB4_2_Linux2.sh        SRR616268sub_2_fastqc.zip
SRR616268sub_1_fastqc.html SRR616268sub_2.fastq.gz
SRR616268sub_1_fastqc.zip
① iu@bielinux[srp017156] fastqc -v          [ 2:41午後 ]
FastQC v0.10.1
iu@bielinux[srp017156] █                [ 2:41午後 ]

```

## パス

コマンドを実行するプログラムの場所を知りたい場合には、②「whereis コマンド名」、③「which コマンド名」、または④「where コマンド名」と打てばよい。FastQC (ver. 0.10.1)の実体であるfastqcコマンドは/usr/local/binというディレクトリ上に存在することがわかる。

```

iu@bielinux[~/Documents/srp017156]
iu@bielinux[srp017156] pwd
/home/iu/Documents/srp017156
iu@bielinux[srp017156] ls
JSLAB4_1_Linux.sh          SRR616268sub_1_fastq.gz
JSLAB4_1.sh                SRR616268sub_2_fastqc.html
JSLAB4_2_Linux2.sh        SRR616268sub_2_fastqc.zip
SRR616268sub_1_fastqc.html SRR616268sub_2_fastq.gz
SRR616268sub_1_fastqc.zip
① iu@bielinux[srp017156] fastqc -v          [ 2:49午後 ]
FastQC v0.10.1
② iu@bielinux[srp017156] whereis fastqc    [ 2:49午後 ]
fastqc: /usr/local/bin/fastqc
③ iu@bielinux[srp017156] which fastqc     [ 2:49午後 ]
/usr/local/bin/fastqc
④ iu@bielinux[srp017156] where fastqc     [ 2:49午後 ]
/usr/local/bin/fastqc
iu@bielinux[srp017156] █                 [ 2:49午後 ]

```

## パス

⑥のFastQC (ver. 0.11.3)の実体である /home/iu/Downloads/FastQC/fastqcも、 /usr/local/binにコマンドのショートカットを置いておけば、プログラムの実体がどこにあるかを覚えておかなくていいので楽ができる。この作業を「パスを通す」という

```

iu@bielinux[~/Documents/srp017156]
iu@bielinux[srp017156] pwd
/home/iu/Documents/srp017156
iu@bielinux[srp017156] ls
JSLAB4_1_Linux.sh          SRR616268sub_1.fastq.gz
JSLAB4_1.sh               SRR616268sub_2_fastqc.html
JSLAB4_2_Linux2.sh       SRR616268sub_2_fastqc.zip
SRR616268sub_1_fastqc.html SRR616268sub_2.fastq.gz
SRR616268sub_1_fastqc.zip
① iu@bielinux[srp017156] fastqc -v          [ 2:55午後 ]
FastQC v0.10.1
② iu@bielinux[srp017156] whereis fastqc    [ 2:55午後 ]
fastqc: /usr/local/bin/fastqc
③ iu@bielinux[srp017156] which fastqc     [ 2:56午後 ]
/usr/local/bin/fastqc
④ iu@bielinux[srp017156] where fastqc    [ 2:56午後 ]
/usr/local/bin/fastqc
⑤ iu@bielinux[srp017156] /usr/local/bin/fastqc -v [ 2:56午後 ]
FastQC v0.10.1
⑥ iu@bielinux[srp017156] /home/iu/Downloads/FastQC/fastqc -v
FastQC v0.11.3
iu@bielinux[srp017156] █                [ 2:56午後 ]

```



## パス

① /usr/local/binに移動し、② ls。  
fastqcコマンドは確かに存在する。  
これの詳細情報をls -lhで眺める。

```

iu@bielinux[/usr/local/bin]
iu@bielinux[srp017156] cd /usr/local/bin [ 3:11午後 ]
iu@bielinux[bin] pwd [ 3:12午後 ]
/usr/local/bin
iu@bielinux[bin] ls [ 3:12午後 ]
ace_contig_coverage.pl  dotter.LIN          LRmapqtl            Qstats
ace_split.pl           Emap                map_db              rbs_finder
act                    Eqtl                mb-multi            Rcross
archaeopteryx          export2sam          melt.pl             Rmap
art                    fasta               mesquite            roche2gap
artemis                fasta36_t           MImapqtl            roche454ace2gap
big_blast              fastf               mrbayes             roche454ace2gap.sh
big-blast              fastf36_t           msatfinder          Rqtl
big_blast.pl           fastm               mspcrunch           soap2sam
big-blast.pl           fastm36_t           MSPcrunch.LIN       splitstree
blast2sam              fastqc              MultiRegress        squint
blixem                 fasts               mview               SRmapqtl
blixem.LIN             fasts36_t           nd_clip             ss-count.pl
bowtie2sam             fastx               novo2sam            ssearch
BTmapqtl              fastx36_t           nrdb                ssearch36_t
caf2ace                fasty               nrdb.linux          stars
caf2fastq             fasty36_t           nrdb.linux-x86     stars-setup
caf2gap                fix_qual            ocount              startkde
caf2phrap              formcon            oligoarray          taxinspector
caf_build_consensus   gap2caf            oligoarray_cl       tetra
cafcat                 ggsearch

```

# パス

① /usr/local/bin中のfastq\*の条件を満たすファイル(実質的にfastqcのみ)の詳細情報を表示。「lrwxrwxrwx」となっている。この一番左側のl(エル)は、fastqcコマンド自体がシンボリックリンクであることを意味する。実体のないショートカットのようなもの、という捉え方でよい。そして、実体は赤下線部分に存在する。

```
iu@bielinux[/usr/local/bioinf/fastqc/fastqc]
iu@bielinux[bin] pwd
/usr/local/bin
iu@bielinux[bin] ls -lh fastq*
lrwxrwxrwx 1 root root 30  7月 13 14:53 fastqc -> ../bioinf/fastqc/fastqc/fastqc
iu@bielinux[bin] cd ../bioinf/fastqc/fastqc
iu@bielinux[fastqc] pwd
/usr/local/bioinf/fastqc/fastqc
iu@bielinux[fastqc] ls -lh
total 648K
drwxrwxr-x 2 root root 4.0K  7月  5  2014 Contaminants
-rwxr-xr-x 1 root root 8.3K  3月 21  2012 fastqc
-rw-rw-r-- 1 root root 2.2K  3月 21  2012 fastqc_icon.ico
drwxrwxr-x 5 root root 4.0K  7月  5  2014 Help
-rw-rw-r-- 1 root root 49K  3月 21  2012 jbzip2-0.9.jar
-rw-rw-r-- 1 root root 35K  3月 21  2012 LICENSE.txt
-rw-rw-r-- 1 root root 2.1K  3月 21  2012 README.txt
-rw-rw-r-- 1 root root 26K  5月  3  2012 RELEASE_NOTES.txt
-rw-rw-r-- 1 root root 496K  3月 21  2012 sam-1.32.jar
drwxrwxr-x 3 root root 4.0K  7月  5  2014 Templates
drwxrwxr-x 3 root root 4.0K  7月  5  2014 uk
iu@bielinux[fastqc]
```

# パス

赤下線で書かれているままに、②「../bioinf/fastqc/fastqc」ディレクトリに移動。これは「/usr/local/bin」から1つ上のディレクトリ(..)にあるbioinf/fastqc/fastqcディレクトリに移動するという意味。相対パスの概念 [W4-6]を理解できていれば、③のpwdの結果に納得できるはず。④確かにFastQC (ver. 0.10.1)のfastqcコマンドの実体がある。

```
iu@bielinux[/usr/local/bioinf/fastqc/fastqc]
iu@bielinux[bin] pwd
/usr/local/bin
① iu@bielinux[bin] ls -lh fastqc*
lrwxrwxrwx 1 root root 30 7月 13 14:53 fastqc -> ../bioinf/fastqc/fastqc/fastqc
② iu@bielinux[bin] cd ../bioinf/fastqc/fastqc
iu@bielinux[fastqc] pwd ← ③
/usr/local/bioinf/fastqc/fastqc
iu@bielinux[fastqc] ls -lh
total 648K
drwxrwxr-x 2 root root 4.0K 7月 5 2014 Contaminants
-rwxr-xr-x 1 root root 8.3K 3月 21 2012 fastqc ④
-rw-rw-r-- 1 root root 2.2K 3月 21 2012 fastqc_icon.ico
drwxrwxr-x 5 root root 4.0K 7月 5 2014 Help
-rw-rw-r-- 1 root root 49K 3月 21 2012 jbzip2-0.9.jar
-rw-rw-r-- 1 root root 35K 3月 21 2012 LICENSE.txt
-rw-rw-r-- 1 root root 2.1K 3月 21 2012 README.txt
-rw-rw-r-- 1 root root 26K 5月 3 2012 RELEASE_NOTES.txt
-rw-rw-r-- 1 root root 496K 3月 21 2012 sam-1.32.jar
drwxrwxr-x 3 root root 4.0K 7月 5 2014 Templates
drwxrwxr-x 3 root root 4.0K 7月 5 2014 uk
iu@bielinux[fastqc]
```

# パスを通す

**FastQC** A quality control application for high throughput sequencing data

- [README](#)
- [Installation and setup instructions](#) ①
- [Release Notes](#) Please read these before using the program.
- [FastQC v0.11.3 \(Win/Linux zip file\)](#)
- [FastQC v0.11.3 \(Mac DMG image\)](#)
- [Source Code](#)

Running FastQC Interactively

Windows: Simply double click on the run\_fastqc bat file. If you want to make a pretty shortcut then we've included an icon file in the top level directory so you don't have to use the generic bat file icon.

MacOSX: There is an application bundle for MacOSX which you can use to install and run FastQC. Just drag the application from the disk image to your Applications folder (or wherever you want to install the program).

Linux: We have included a wrapper script, called 'fastqc' which is the easiest way to start the program. The wrapper is in the top level of the FastQC installation. You may need to make this file executable:

```
chmod 755 fastqc
```

..but once you have done that you can run it directly

```
./fastqc
```

② ..or place a link in /usr/local/bin to be able to run the program from any location:

```
sudo ln -s /path/to/FastQC/fastqc /usr/local/bin/fastqc
```

FastQC (ver. 0.11.3)の実行コマンド

/home/iu/Downloads/FastQC/fastqcをこのディレクトリ上からも利用できるようにするためには、/usr/local/binにシンボリックリンクを張っておけばいいことがわかっている。その状態で②赤下線部分の説明書きを眺めると、何を言わんとしているのかがわかる。

# パスを通す

②は、実行コマンド/path/to/FastQC/fastqcをどこ  
のディレクトリ上からも利用できるようにするために  
、③/usr/local/binにfastqcという名前で、管理者権  
限(sudo)でシンボリックリンクを張る(ln -s)ということ

```
./fastqc
```

② ..or place a link in /usr/local/bin to be able to run the progr

③ sudo ln -s /path/to/FastQC/fastqc /usr/local/bin/fastqc

<http://www.bioinformatics.babraham.ac.uk/projects/fastqc/INSTALL.txt>

ただし、ゲストOS (Bio-Linux 8)環境では、④  
 /usr/local/bin/fastqcは、FastQC (ver. 0.10.1)の実行  
 コマンドとして既に存在する。これはただのリマインド

# パスを通す

./fastqc

② ..or place a link in /usr/local/bin to be able to run the progr

③ sudo ln -s /path/to/FastQC/fastqc /usr/local/bin/fastqc

<http://www.bioinformatics.babraham.ac.uk/projects/fastqc/INSTALL.txt>

```

iu@bielinux[~/Downloads/FastQC]
iu@bielinux[FastQC] pwd [ 4:05午後 ]
/home/iu/Downloads/FastQC
iu@bielinux[FastQC] ls -lh fastqc* [ 4:05午後 ]
-rwxr-xr-x 1 iu iu 14K 3月 24 16:23 fastqc
-rw-rw-r-- 1 iu iu 2.2K 3月 21 2012 fastqc_icon.ico
iu@bielinux[FastQC] /home/iu/Downloads/FastQC/fastqc -v
FastQC v0.11.3
④ iu@bielinux[FastQC] /usr/local/bin/fastqc -v [ 4:06午後 ]
FastQC v0.10.1
iu@bielinux[FastQC] ls -lh /usr/local/bin/fastqc* [ 4:06午後 ]
lrwxrwxrwx 1 root root 30 7月 13 14:53 /usr/local/bin/fastqc
-> ../bioinf/fastqc/fastqc/fastqc
iu@bielinux[FastQC] █ [ 4:06午後 ]
  
```

それゆえ、(上書きしちゃってもいいが)ここでは  
 /home/iu/Downloads/FastQC/fastqcをfastqc2とい  
 う名前で/usr/local/binにシンボリックリンクを張る。

# パスを通す

./fastqc

② ..or place a link in /usr/local/bin to be able to run the progr

③ sudo ln -s /path/to/FastQC/fastqc /usr/local/bin/fastqc

<http://www.bioinformatics.babraham.ac.uk/projects/fastqc/INSTALL.txt>

```

iu@bielinux[~/Downloads/FastQC]
iu@bielinux[FastQC] pwd [ 4:05午後 ]
/home/iu/Downloads/FastQC
iu@bielinux[FastQC] ls -lh fastqc* [ 4:05午後 ]
-rwxr-xr-x 1 iu iu 14K 3月 24 16:23 fastqc
-rw-rw-r-- 1 iu iu 2.2K 3月 21 2012 fastqc icon.ico
iu@bielinux[FastQC] /home/iu/Downloads/FastQC/fastqc -v
FastQC v0.11.3
iu@bielinux[FastQC] /usr/local/bin/fastqc -v [ 4:06午後 ]
FastQC v0.10.1
iu@bielinux[FastQC] ls -lh /usr/local/bin/fastqc* [ 4:06午後 ]
lrwxrwxrwx 1 root root 30 7月 13 14:53 /usr/local/bin/fastqc
-> ../bioinf/fastqc/fastqc/fastqc
iu@bielinux[FastQC] [ 4:06午後 ]
  
```

①は管理者権限(sudo)で実行しないと失敗するという例。  
 ②sudoをつけてリトライ。パスワードを要求されたら、「ログインパスワード(pass1409)」を打ち込む。③/usr/local/bin中のfastqc\*の条件を満たすコマンド群を表示。

# パスを通す

```
./fastqc
```

```
..or place a link in /usr/local/bin to be able to run the progr
```

```
sudo ln -s /path/to/FastQC/fastqc /usr/local/bin/fastqc
```

<http://www.bioinformatics.babraham.ac.uk/projects/fastqc/INSTALL.txt>

```
iu@bielinux[~/Downloads/FastQC]
iu@bielinux[FastQC] pwd [ 4:06午後 ]
/home/iu/Downloads/FastQC
iu@bielinux[FastQC] ls -lh fastqc [ 4:23午後 ]
-rwxr-xr-x 1 iu iu 14K 3月 24 16:23 fastqc
① iu@bielinux[FastQC] ln -s /home/iu/Downloads/FastQC/fastqc /usr/local/bin/fastqc2
ln: failed to create symbolic link '/usr/local/bin/fastqc2': Permission denied
② iu@bielinux[FastQC] sudo ln -s /home/iu/Downloads/FastQC/fastqc /usr/local/bin/fastqc2
[sudo] password for iu:
③ iu@bielinux[FastQC] ls -lh /usr/local/bin/fastqc* [ 4:23午後 ]
lrwxrwxrwx 1 root root 30 7月 13 14:53 /usr/local/bin/fastqc
-> ../bioinf/fastqc/fastqc/fastqc
lrwxrwxrwx 1 root root 32 7月 16 16:23 /usr/local/bin/fastqc2
-> /home/iu/Downloads/FastQC/fastqc
iu@bielinux[FastQC] [ 4:24午後 ]
```



# 確認

(作業ディレクトリはどこでもよい)①whereでfastqc2  
 コマンドの場所を表示。確かにパスが通っていること  
 がわかる。②コマンドもタブ補完で表示可能。例えば  
 fastqまで打ち込んでから、Tabキーを押す。そうする  
 とfastqから始まる利用可能なコマンドが表示される。

```

iu@bielinux[~/Downloads/FastQC]
iu@bielinux[FastQC] pwd
/home/iu/Downloads/FastQC
iu@bielinux[FastQC] ls -lh /usr/local/bin/fastqc* [ 4:35午後 ]
lrwxrwxrwx 1 root root 30  7月 13 14:53 /usr/local/bin/fastqc ->
../bioinf/fastqc/fastqc/fastqc
lrwxrwxrwx 1 root root 32  7月 16 16:23 /usr/local/bin/fastqc2 ->
/home/iu/Downloads/FastQC/fastqc
① iu@bielinux[FastQC] where fastqc2 [ 4:35午後 ]
/usr/local/bin/fastqc2
② iu@bielinux[FastQC] fastq [ 4:36午後 ]
fastq fastq_quality_boxplot_graph.sh
fastq-clipper fastq_quality_converter
fastq-join fastq_quality_filter
fastq_masker fastq_quality_trimmer
fastq-mcf fastq-stats
fastq-multx fastq_to_fasta
  
```

# rehash

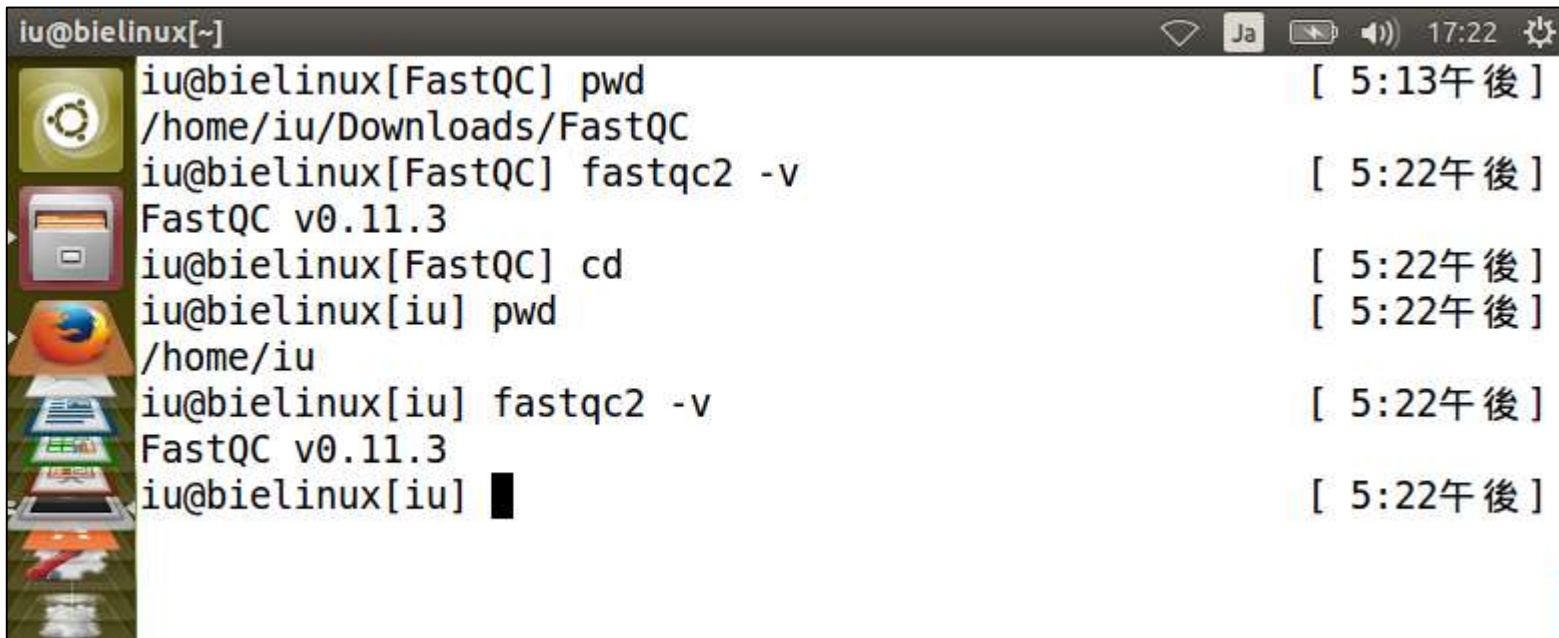
ここにfastqc2が見られるはずだが…見られない理由は、現在開いているターミナルの環境設定が起動したときの状態のままだから。①ウェブブラウザのリロードボタンに相当するのがrehash。その後、もう一度fastqまで打ってからTabキーを押すと、②fastqc2が見られる

```

iu@bielinux[~/Downloads/FastQC]
iu@bielinux[FastQC] pwd
/home/iu/Downloads/FastQC
iu@bielinux[FastQC] ls -lh /usr/local/bin/fastq
lrwxrwxrwx 1 root root 30  7月 13 14:53 /usr/local/bin/fastq ->
../bioinf/fastqc/fastqc/fastqc
lrwxrwxrwx 1 root root 32  7月 16 16:23 /usr/local/bin/fastqc2 ->
/home/iu/Downloads/FastQC/fastqc
iu@bielinux[FastQC] where fastqc2
/usr/local/bin/fastqc2
[ 4:35午後 ]
iu@bielinux[FastQC] rehash
[ 4:36午後 ]
iu@bielinux[FastQC] fastq
[ 5:13午後 ]
fastq
fastqc
fastq-clipper
fastq-join
fastq_masker
fastq-mcf
fastq-multx
fastq_quality_boxplot_graph.sh
fastq_quality_converter
fastq_quality_filter
fastq_quality_trimmer
fastq-stats
fastq_to_fasta

```

# 確認



A terminal window titled 'iu@bielinux[~]' with a system tray at the top showing 'Ja', battery, volume, and time '17:22'. The terminal shows a sequence of commands and their outputs:

```
iu@bielinux[FastQC] pwd [ 5:13午後 ]
/home/iu/Downloads/FastQC
iu@bielinux[FastQC] fastqc2 -v [ 5:22午後 ]
FastQC v0.11.3
iu@bielinux[FastQC] cd [ 5:22午後 ]
iu@bielinux[iu] pwd [ 5:22午後 ]
/home/iu
iu@bielinux[iu] fastqc2 -v [ 5:22午後 ]
FastQC v0.11.3
iu@bielinux[iu] [ 5:22午後 ]
```

# Contents

- テストデータ取得
  - wgetの場合、ドラッグ&ドロップの場合、共有フォルダ経由の場合
- Integrative Genomics Viewer (IGV)のインストール
  - 7/23不参加者はwget、7/23参加者は共有フォルダ経由
- 日本乳酸菌学会誌のNGS連載第4回のW7-1以降
  - FastQC (ver. 0.10.1) preinstalled in Bio-Linux 8
  - FastQC (ver. 0.11.3):ダウンロード、解凍、正規表現
  - FastQC (ver. 0.11.3):パスを通す
- FastQC ver. 0.11.3とver. 0.10.1の違い
- Genome Analysis Toolkit (GATK) の取得

# FastQC ver. 0.11.3

①W9-3で実行したFastQC (ver. 0.11.3)を一旦削除。様々な削除法があります。  
②fastqc2コマンドを再実行。

```

iu@bielinux[~/Documents/srp017156]
iu@bielinux[srp017156] pwd [ 5:46午後 ]
/home/iu/Documents/srp017156
iu@bielinux[srp017156] ls [ 5:47午後 ]
JSLAB4_1_Linux.sh SRR616268sub_1.fastq.gz
JSLAB4_1.sh SRR616268sub_2_fastqc.html
JSLAB4_2_Linux2.sh SRR616268sub_2_fastqc.zip
SRR616268sub_1_fastqc.html SRR616268sub_2.fastq.gz
SRR616268sub_1_fastqc.zip
① iu@bielinux[srp017156] rm -f *.html *.zip [ 5:47午後 ]
iu@bielinux[srp017156] ls [ 5:48午後 ]
JSLAB4_1_Linux.sh JSLAB4_2_Linux2.sh SRR616268sub_2.fastq.gz
JSLAB4_1.sh SRR616268sub_1.fastq.gz
② iu@bielinux[srp017156] fastqc2 -q SRR616268sub_1.fastq.gz
iu@bielinux[srp017156] fastqc2 -q SRR616268sub_2.fastq.gz
iu@bielinux[srp017156] ls [ 5:49午後 ]
JSLAB4_1_Linux.sh SRR616268sub_1.fastq.gz
JSLAB4_1.sh SRR616268sub_2_fastqc.html
JSLAB4_2_Linux2.sh SRR616268sub_2_fastqc.zip
SRR616268sub_1_fastqc.html SRR616268sub_2.fastq.gz
SRR616268sub_1_fastqc.zip
iu@bielinux[srp017156] [ 5:56午後 ]

```

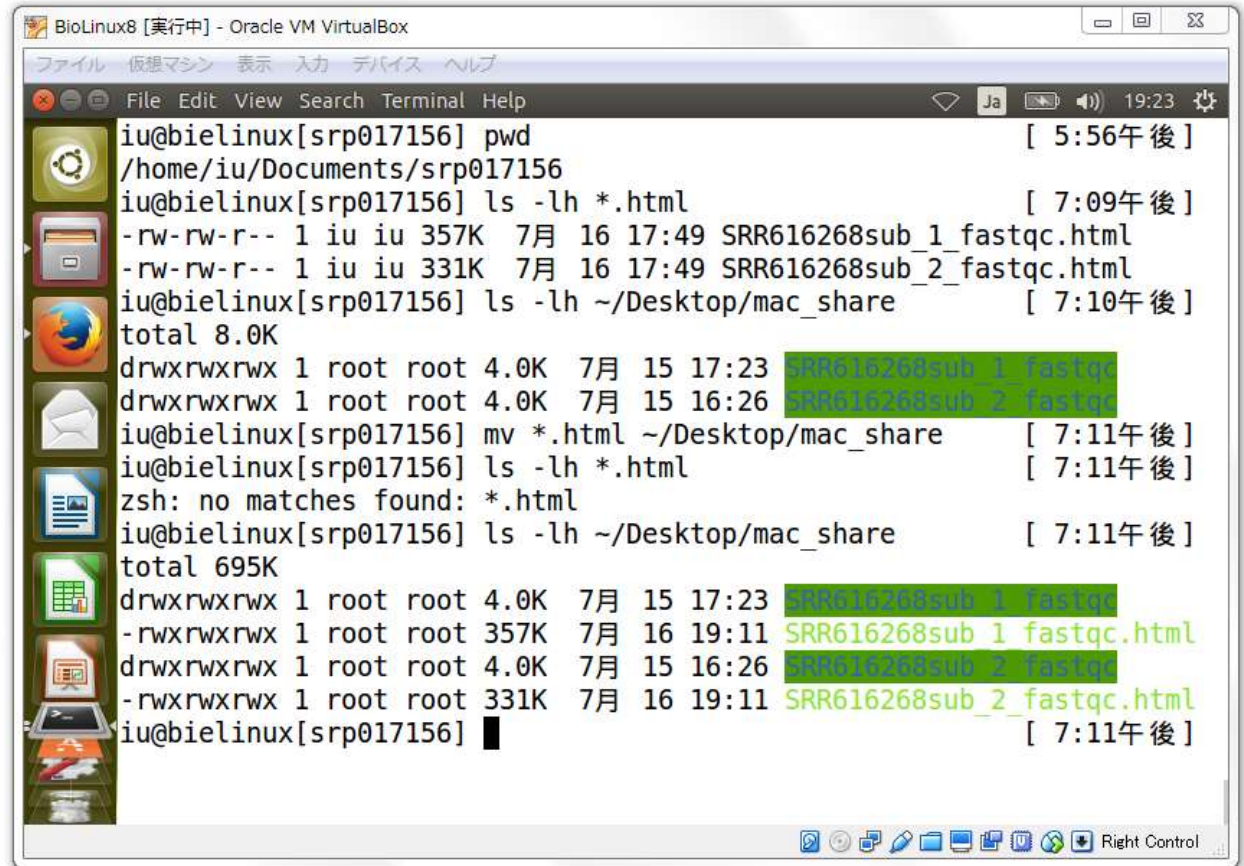
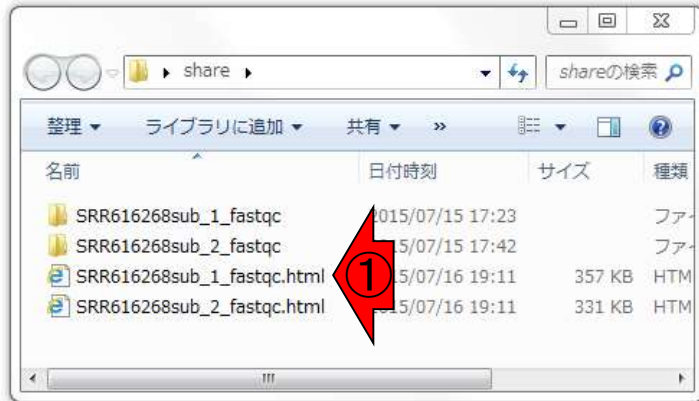
# mvで共有フォルダへ

①W9-3で実行したFastQC (ver. 0.11.3)を一旦削除。様々な削除法があります。  
②fastqc2コマンドを再実行。

```
iu@bielinux[~/Documents/srp017156]
iu@bielinux[srp017156] pwd [ 5:56午後 ]
/home/iu/Documents/srp017156
iu@bielinux[srp017156] ls -lh *.html [ 7:09午後 ]
-rw-rw-r-- 1 iu iu 357K 7月 16 17:49 SRR616268sub_1_fastqc.html
-rw-rw-r-- 1 iu iu 331K 7月 16 17:49 SRR616268sub_2_fastqc.html
iu@bielinux[srp017156] ls -lh ~/Desktop/mac_share [ 7:10午後 ]
total 8.0K
drwxrwxrwx 1 root root 4.0K 7月 15 17:23 SRR616268sub_1_fastqc
drwxrwxrwx 1 root root 4.0K 7月 15 16:26 SRR616268sub_2_fastqc
① iu@bielinux[srp017156] mv *.html ~/Desktop/mac_share [ 7:11午後 ]
iu@bielinux[srp017156] ls -lh *.html [ 7:11午後 ]
zsh: no matches found: *.html
iu@bielinux[srp017156] ls -lh ~/Desktop/mac_share [ 7:11午後 ]
total 695K
drwxrwxrwx 1 root root 4.0K 7月 15 17:23 SRR616268sub_1_fastqc
-rwxrwxrwx 1 root root 357K 7月 16 19:11 SRR616268sub_1_fastqc.html
drwxrwxrwx 1 root root 4.0K 7月 15 16:26 SRR616268sub_2_fastqc
-rwxrwxrwx 1 root root 331K 7月 16 19:11 SRR616268sub_2_fastqc.html
iu@bielinux[srp017156] █ [ 7:11午後 ]
```

こんな感じになります。①FastQC ver. 0.11.3の結果を眺めてみる。

# ホストOS上では



# FastQC ver. 0.11.3

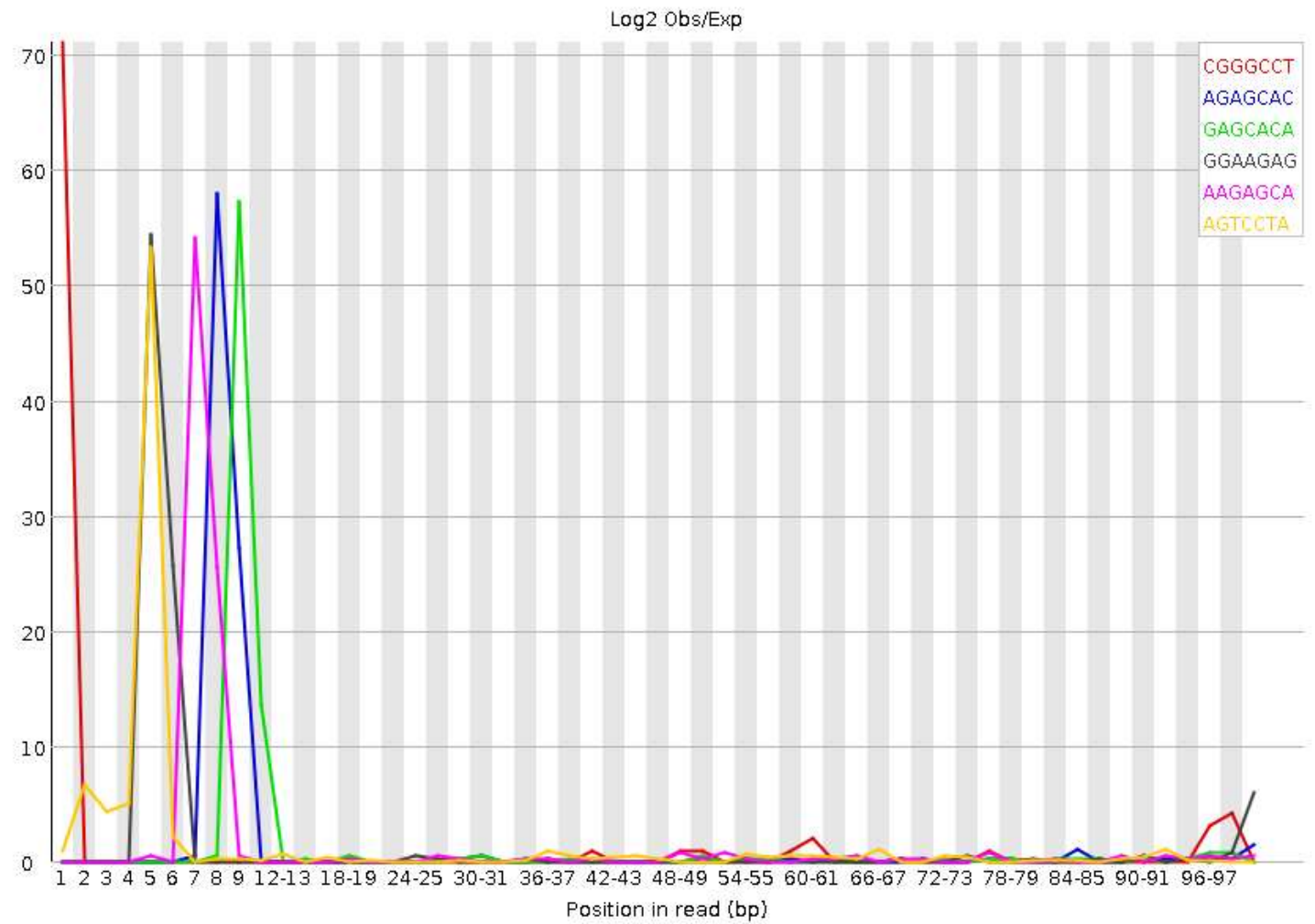
① ver. 0.11.3では(正確にはver. 0.11.1以降) Adapter Contentという項目が追加されている。  
② Kmer Contentのk値のデフォルトが変更されている(ver. 0.11.3ではk=7; ver. 0.10.1ではk=5)。

## FastQC Report

### Summary

- ✓ Basic Statistics
- ✓ Per base sequence quality
- ✓ Per tile sequence quality
- ✓ Per sequence quality scores
- ✗ Per base sequence content
- ! Per sequence GC content
- ✓ Per base N content
- ✓ Sequence Length Distribution
- ✗ Sequence Duplication Levels
- ✗ Overrepresented sequences
- ✓ Adapter Content ①
- ✗ Kmer Content ②

### ✗ Kmer Content





# FastQC ver. 0.10.1

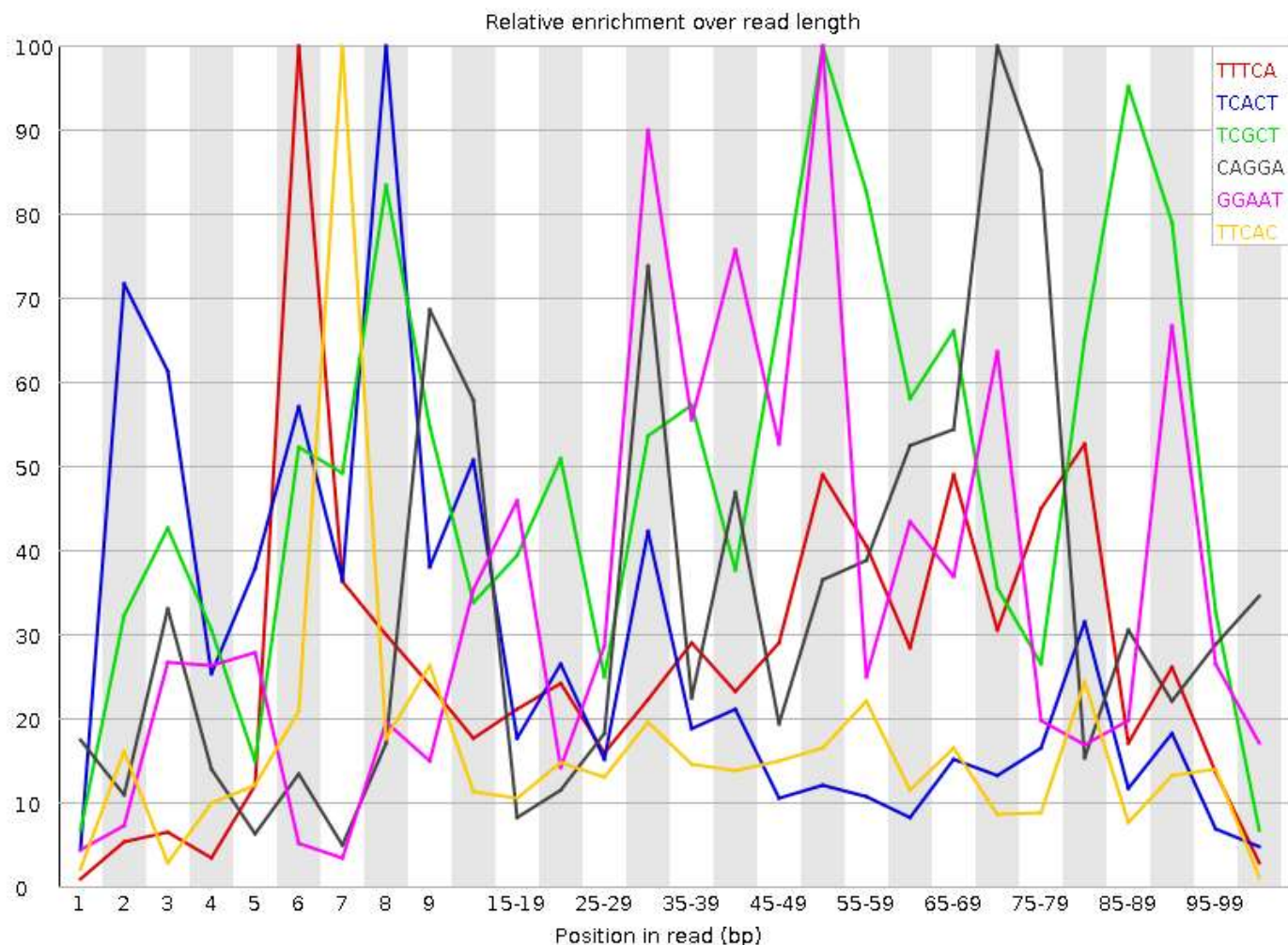
① ver. 0.11.3では(正確にはver. 0.11.1以降) Adapter Contentという項目が追加されている。  
 ② Kmer Contentのk値のデフォルトが変更されている(ver. 0.11.3ではk=7; ver. 0.10.1ではk=5)。

## FastQC Report

### Summary

- [Basic Statistics](#)
- [Per base sequence quality](#)
- [Per sequence quality scores](#)
- [Per base sequence content](#)
- [Per base GC content](#)
- [Per sequence GC content](#)
- [Per base N content](#)
- [Sequence Length Distribution](#)
- [Sequence Duplication Levels](#)
- [Overrepresented sequences](#)
- [Kmer Content](#) **①**

### Kmer Content

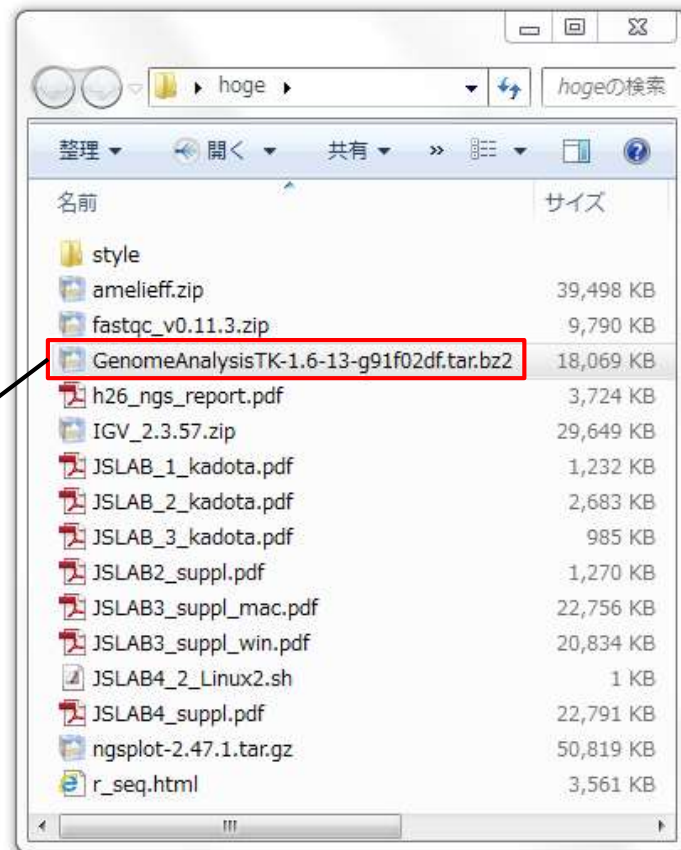
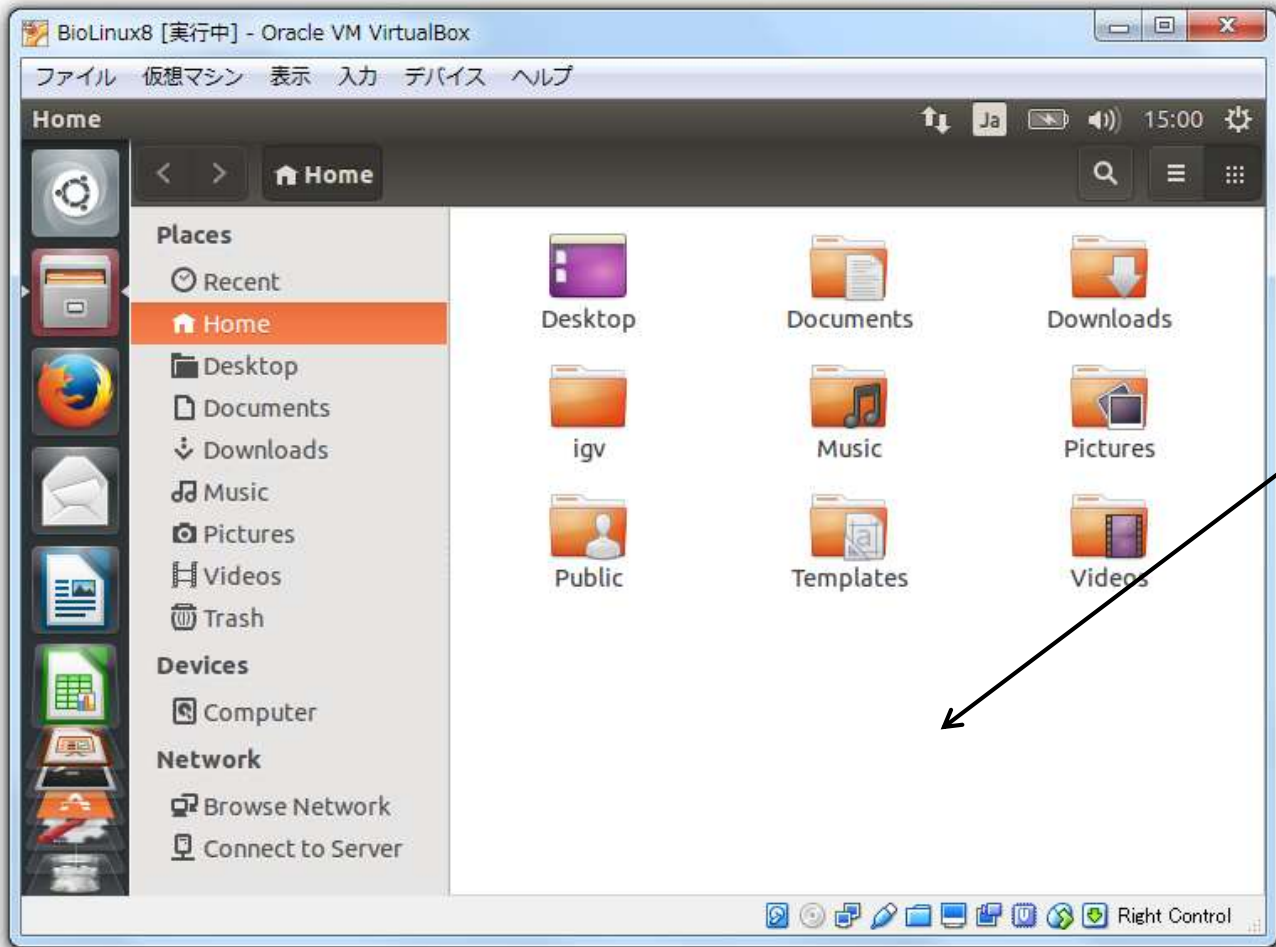


# Contents

- テストデータ取得
  - wgetの場合、ドラッグ&ドロップの場合、共有フォルダ経由の場合
- Integrative Genomics Viewer (IGV)のインストール
  - 7/23不参加者はwget、7/23参加者は共有フォルダ経由
- 日本乳酸菌学会誌のNGS連載第4回のW7-1以降
  - FastQC (ver. 0.10.1) preinstalled in Bio-Linux 8
  - FastQC (ver. 0.11.3):ダウンロード、解凍、正規表現、
  - FastQC (ver. 0.11.3):パスを通す
- FastQC ver. 0.11.3とver. 0.10.1の違い
- Genome Analysis Toolkit (GATK) の取得

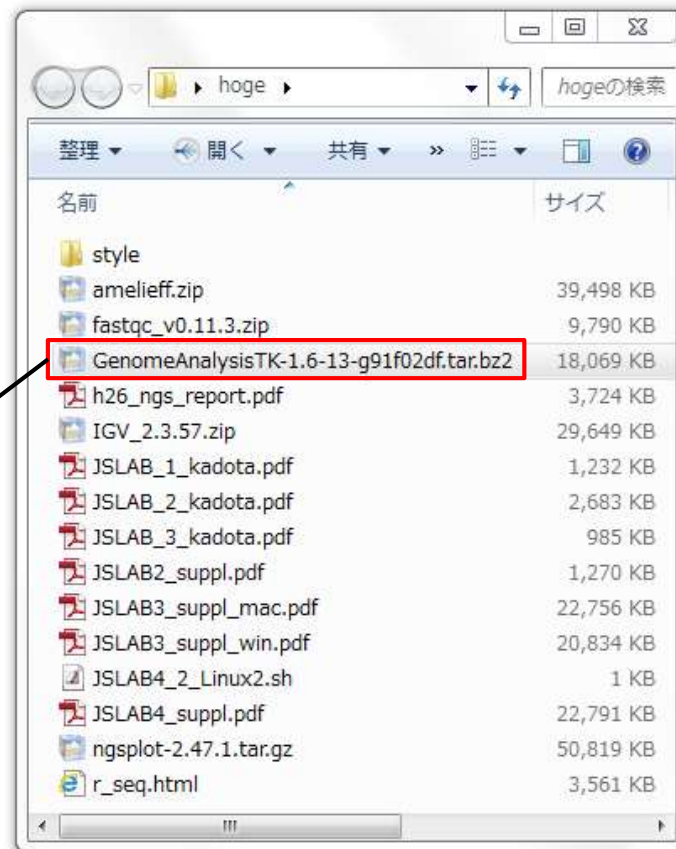
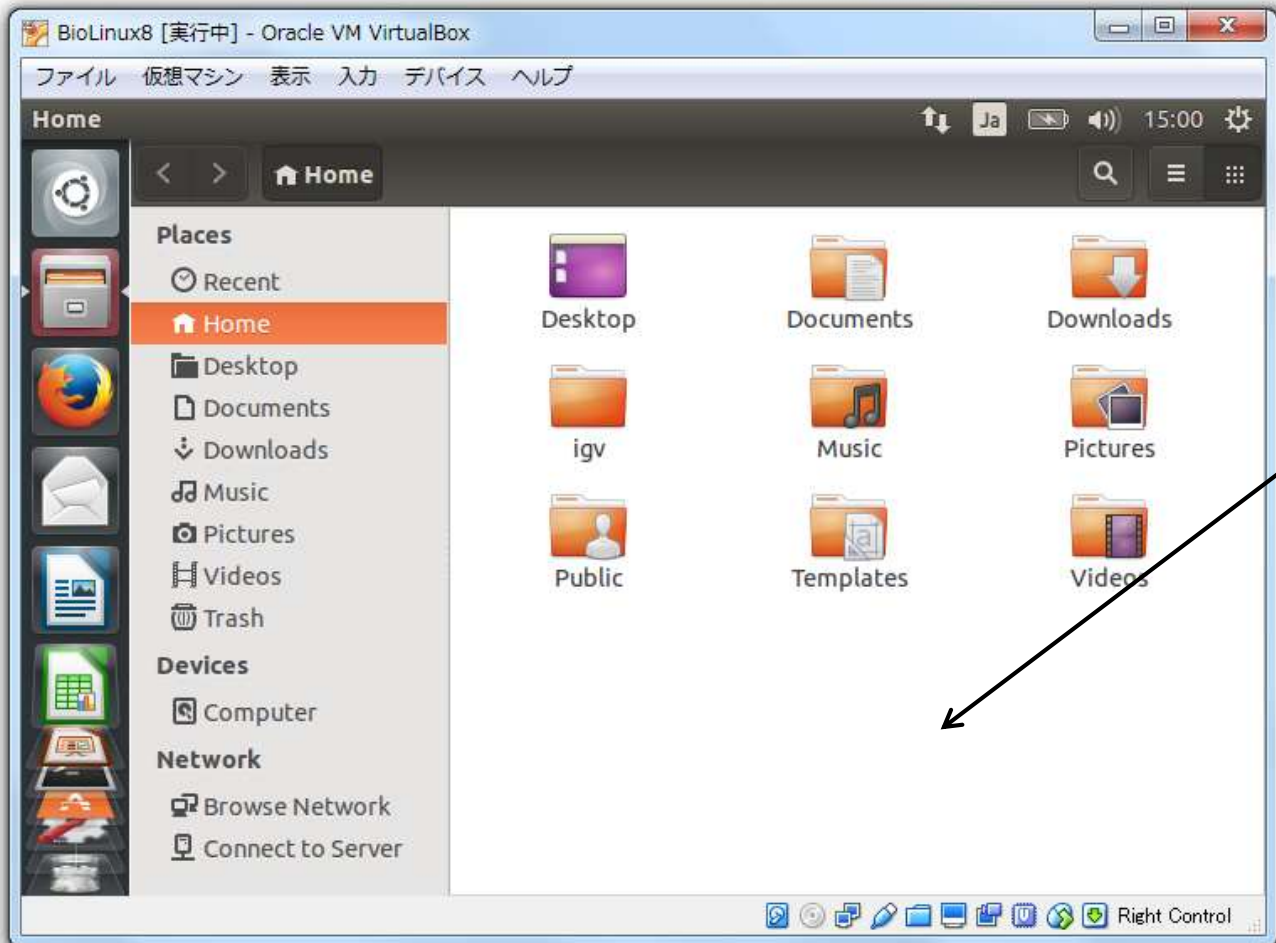
# 7/23参加者

「ホストOS – デスクトップ – hoge」フォルダ中にある① GenomeAnalysisTK…というbzip2圧縮ファイルをゲストOSのホームディレクトリにコピー（ドラッグ&ドロップ）。

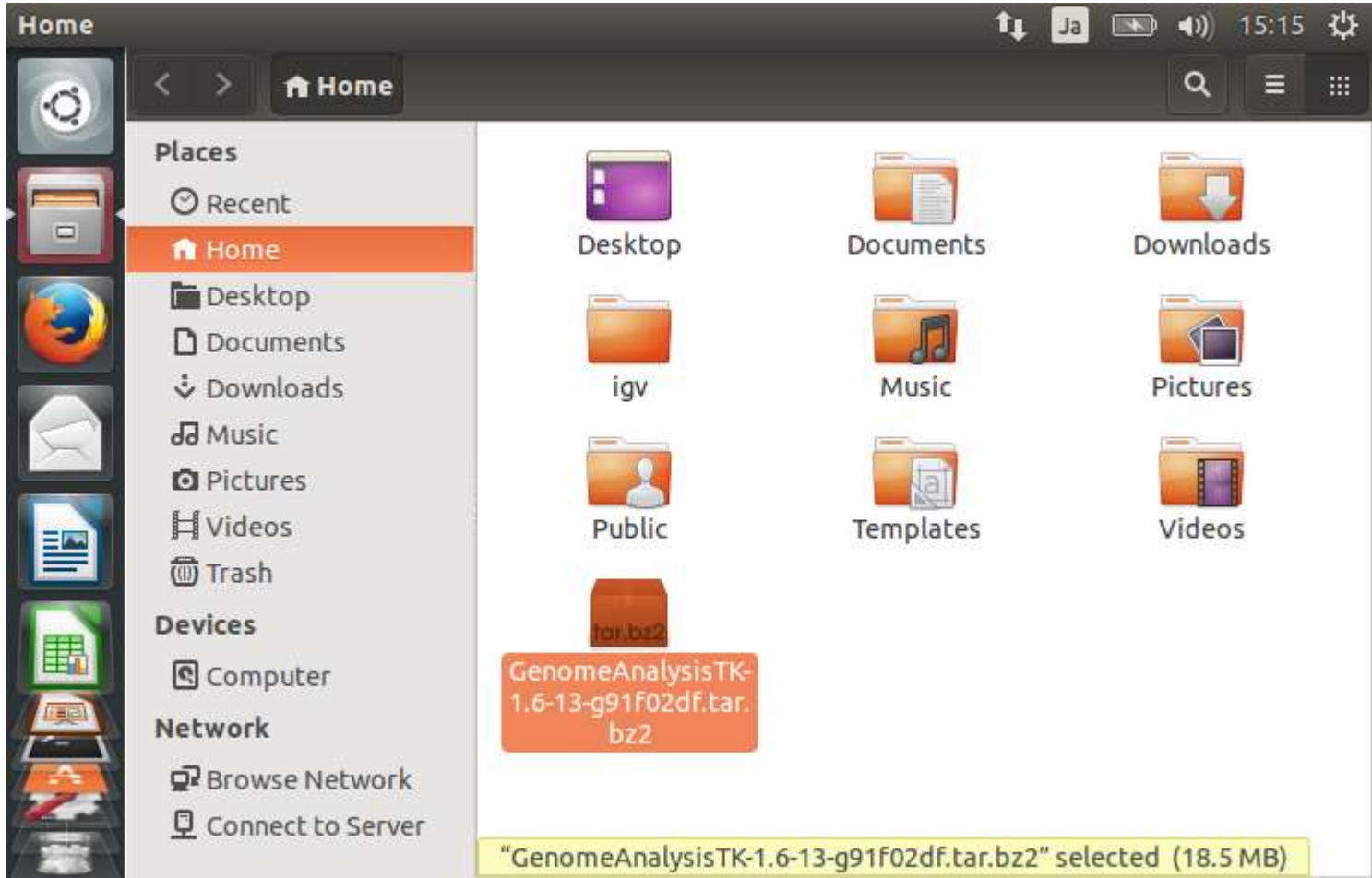


# 7/23不参加者

事務局から送られるURLからダウンロードで取得するなりしてください。作業自体は大したことないので、講習会参加当日早めに来て、USBメモリ経由で対応するのでもいいと思います。



# 全員



# 目的

ホームディレクトリ(/home/iu) 上にある  
GenomeAnalysisTK-1.6-13\*.tar.bz2を  
/usr/local/srcに置いて、そこで解凍。

```
iu@bielinux[~]
iu@bielinux[iu] pwd [ 3:16午後 ]
/home/iu
iu@bielinux[iu] ls -lh [ 3:16午後 ]
total 18M
drwx----- 6 iu iu 4.0K 7月 17 11:55 Desktop
drwxr-xr-x 3 iu iu 4.0K 7月 13 17:06 Documents
drwxr-xr-x 4 iu iu 4.0K 7月 17 13:34 Downloads
-rw-rw-rw- 1 iu iu 18M 7月 17 15:14 GenomeAnalysisTK-1.6-13
-g91f02df.tar.bz2
drwxrwxr-x 3 iu iu 4.0K 7月 17 14:10 igv
drwxr-xr-x 2 iu iu 4.0K 7月 13 15:44 Music
drwxr-xr-x 2 iu iu 4.0K 7月 13 15:44 Pictures
drwxr-xr-x 2 iu iu 4.0K 7月 13 15:44 Public
drwxr-xr-x 2 iu iu 4.0K 7月 13 15:44 Templates
drwxr-xr-x 2 iu iu 4.0K 7月 13 15:44 Videos
iu@bielinux[iu] [ 3:16午後 ]
```

# sudoを使う意味

①単純にcpコマンドで/usr/local/srcに置こうとしても、権限がない(Permission denied)と言われて置けません(爆)。

```
iu@bielinux[~]
iu@bielinux[iu] pwd [ 3:26午後 ]
/home/iu
iu@bielinux[iu] ls -lh [ 3:27午後 ]
total 18M
drwx----- 6 iu iu 4.0K 7月 17 11:55 Desktop
drwxr-xr-x 3 iu iu 4.0K 7月 13 17:06 Documents
drwxr-xr-x 4 iu iu 4.0K 7月 17 13:34 Downloads
-rw-rw-rw- 1 iu iu 18M 7月 17 15:14 GenomeAnalysisTK-1.6-13-g91f02df.tar.bz2
drwxrwxr-x 3 iu iu 4.0K 7月 17 14:10 igv
drwxr-xr-x 2 iu iu 4.0K 7月 13 15:44 Music
drwxr-xr-x 2 iu iu 4.0K 7月 13 15:44 Pictures
drwxr-xr-x 2 iu iu 4.0K 7月 13 15:44 Public
drwxr-xr-x 2 iu iu 4.0K 7月 13 15:44 Templates
drwxr-xr-x 2 iu iu 4.0K 7月 13 15:44 Videos
① iu@bielinux[iu] cp GenomeAnalysisTK-1.6-13-g91f02df.tar.bz2 /usr/local/src
cp: cannot create regular file '/usr/local/src/GenomeAnalysisTK-1.6-13-g91f02df.tar.bz2': Permission denied
iu@bielinux[iu] [ 3:27午後 ]
②
```

# 所有者はrootさん

①lsで/usr/localを詳細表示。②/usr/local/srcの所有者はrootという1番偉いヒトだということわかる。super userともいいます。③ちなみに自分はiuという一般ユーザ。

```
iu@bielinux[~]
iu@bielinux[iu] pwd
/home/iu
iu@bielinux[iu] ls -lh /usr/local
total 36K
drwxr-xr-x  2 root root 4.0K  7月 17 14:19 bin
drwxr-xr-x 41 root root 4.0K  7月  8 2014 bioinf
drwxr-xr-x  2 root root 4.0K  4月 17 2014 etc
drwxr-xr-x  2 root root 4.0K  4月 17 2014 games
drwxr-xr-x  2 root root 4.0K  4月 17 2014 include
drwxr-xr-x  6 root root 4.0K 12月 11 2014 lib
lrwxrwxrwx  1 root root    9  7月 13 14:53 man -> share/man
drwxr-xr-x  2 root root 4.0K  6月 17 01:39 sbin
drwxr-xr-x 10 root root 4.0K  7月  5 2014 share
drwxr-xr-x  2 root root 4.0K  4月 17 2014 src
iu@bielinux[iu] whoami
iu
iu@bielinux[iu] █
```





# 所有者はrootさん

①一般ユーザiuさんが/usr/local/srcに対して与えられている権限は、読み込み(read)と実行(execute)のみであり、書き込み(write)権限は与えられていない。だからファイルを置こうとしてPermission deniedとなったのである。

```
iu@bielinux[~]
iu@bielinux[iu] pwd
/home/iu
iu@bielinux[iu] ls -lh /usr/local
total 36K
drwxr-xr-x  2 root root 4.0K  7月 17 14:19 bin
drwxr-xr-x 41 root root 4.0K  7月  8 2014 bioinf
drwxr-xr-x  2 root root 4.0K  4月 17 2014 etc
drwxr-xr-x  2 root root 4.0K  4月 17 2014 games
drwxr-xr-x  2 root root 4.0K  4月 17 2014 include
drwxr-xr-x  6 root root 4.0K 12月 11 2014 lib
lrwxrwxrwx  1 root root    9  7月 13 14:53 man -> share/man
drwxr-xr-x  2 root root 4.0K  6月 17 01:39 sbin
drwxr-xr-x 10 root root 4.0K  7月  5 2014 share
drwxr-xr-x  2 root root 4.0K  4月 17 2014 src
iu@bielinux[iu] whoami
iu
iu@bielinux[iu] █
```

[ 3:35午後 ]

[ 3:35午後 ]

[ 3:35午後 ]



# 所有者はrootさん

もちろんrootさん(super user)は/usr/local/srcの①所有者なので、②全ての権限をもつ。

```
iu@bielinux[~]
iu@bielinux[iu] pwd [ 3:35午後 ]
/home/iu
iu@bielinux[iu] ls -lh /usr/local [ 3:35午後 ]
total 36K
drwxr-xr-x  2 root root 4.0K  7月 17 14:19 bin
drwxr-xr-x 41 root root 4.0K  7月  8 2014 bioinf
drwxr-xr-x  2 root root 4.0K  4月 17 2014 etc
drwxr-xr-x  2 root root 4.0K  4月 17 2014 games
drwxr-xr-x  2 root root 4.0K  4月 17 2014 include
drwxr-xr-x  6 root root 4.0K 12月 11 2014 lib
lrwxrwxrwx  1 root root   9  7月 13 14:53 man -> share/man
drwxr-xr-x  2 root root 4.0K  6月 17 01:39 sbin
drwxr-xr-x 10 root root 4.0K  7月  5 2014 share
drwxr-xr-x  2 root root 4.0K  4月 17 2014 src
iu@bielinux[iu] hoami [ 3:35午後 ]
iu
iu@bielinux[iu] [ 3:35午後 ]
```

②

①

# sudoを使う意味

①sudo (super user do)は、一時的にrootとして実行するためのコマンド。②そのターミナルでsudoを使うおそらく初回のみ、パスワードを聞かれる。

```
iu@bielinux[~]
iu@bielinux[iu] pwd [ 3:35午後 ]
/home/iu
iu@bielinux[iu] ls -lh /usr/local [ 3:35午後 ]
total 36K
drwxr-xr-x  2 root root 4.0K  7月 17 14:19 bin
drwxr-xr-x 41 root root 4.0K  7月  8 2014 bioinf
drwxr-xr-x  2 root root 4.0K  4月 17 2014 etc
drwxr-xr-x  2 root root 4.0K  4月 17 2014 games
drwxr-xr-x  2 root root 4.0K  4月 17 2014 include
drwxr-xr-x  6 root root 4.0K 12月 11 2014 lib
lrwxrwxrwx  1 root root    9  7月 13 14:53 man -> share/man
drwxr-xr-x  2 root root 4.0K  6月 17 01:39 sbin
drwxr-xr-x 10 root root 4.0K  7月  5 2014 share
drwxr-xr-x  2 root root 4.0K  4月 17 2014 src
iu@bielinux[iu] whoami [ 3:35午後 ]
iu
① iu@bielinux[iu] sudo cp GenomeAnalysisTK-1.6-13-g91f02df.tar. [ 3:58午後 ]
bz2 /usr/local/src
[sudo] password for iu: ②
iu@bielinux[iu] █
```

# 権限と所有者

① /usr/local/srcに確かにコピーできていることがわかる。所有者がrootであり、rw-r--r--という状況を鑑み、適切に対処すべし！

```
iu@bielinux[~]
drwxr-xr-x  2 root root 4.0K  7月 17 14:19 bin
drwxr-xr-x 41 root root 4.0K  7月  8 2014 bioinf
drwxr-xr-x  2 root root 4.0K  4月 17 2014 etc
drwxr-xr-x  2 root root 4.0K  4月 17 2014 games
drwxr-xr-x  2 root root 4.0K  4月 17 2014 include
drwxr-xr-x  6 root root 4.0K 12月 11 2014 lib
lrwxrwxrwx  1 root root    9  7月 13 14:53 man -> share/man
drwxr-xr-x  2 root root 4.0K  6月 17 01:39 sbin
drwxr-xr-x 10 root root 4.0K  7月  5 2014 share
drwxr-xr-x  2 root root 4.0K  4月 17 2014 src
iu@bielinux[iu] whoami
iu
iu@bielinux[iu] sudo cp GenomeAnalysisTK-1.6-13-g91f02df.tar.
bz2 /usr/local/src
[sudo] password for iu:
iu@bielinux[iu] ls -lh /usr/local/src
total 18M
-rw-r--r--  1 root root 18M  7月 17 15:58 GenomeAnalysisTK-1.6
-13-g91f02df.tar.bz2
iu@bielinux[iu]
```



# chmod 755

このあたりは「これを実行しないことによる実害」を被ることで経験値を積む以外にない。私は755になっていなければ、反射的にchmod 755をやっておきます。この場合は、おそらくやらなくてもうまくいくと思います

```
iu@bielinux[/usr/local/src]
iu@bielinux[src] pwd [ 4:39午後 ]
/usr/local/src
iu@bielinux[src] ls -lh [ 4:39午後 ]
total 18M
-rw-r--r-- 1 root root 18M 7月 17 15:58 GenomeAnalysisTK-1.6
-13-g91f02df.tar.bz2
iu@bielinux[src] sudo chmod 755 GenomeAnalysisTK-1.6-13-g91f0
2df.tar.bz2
iu@bielinux[src] ls -lh [ 4:40午後 ]
total 18M
-rwxr-xr-x 1 root root 18M 7月 17 15:58 GenomeAnalysisTK-1.6
-13-g91f02df.tar.bz2
iu@bielinux[src] █ [ 4:40午後 ]
```

# tar.bz2の解凍

基本形は、「bzip2 -dc ファイル名 | tar xvf -」。パイプで連結しているので、二箇所に入れている。このあたりも実害を被りながら経験を積んでいく。

```
iu@bielinux[/usr/local/src]
iu@bielinux[src] pwd [ 5:10午後 ]
/usr/local/src
iu@bielinux[src] ls -lh [ 5:12午後 ]
total 18M
-rw-r--r-- 1 root root 18M 7月 17 15:58 GenomeAnalysisTK-1.6
-13-g91f02df.tar.bz2
iu@bielinux[src] sudo chmod 755 GenomeAnalysisTK-1.6-13-g91f0
2df.tar.bz2
iu@bielinux[src] ls -lh [ 5:12午後 ]
total 18M
-rwxr-xr-x 1 root root 18M 7月 17 15:58 GenomeAnalysisTK-1.6
-13-g91f02df.tar.bz2
iu@bielinux[src] sudo bzip2 -dc GenomeAnalysisTK-1.6-13-g91f0
2df.tar.bz2 | sudo tar xvf -
```

# 解凍コマンド実行結果

```
iu@bielinux[/usr/local/src]
GenomeAnalysisTK-1.6-13-g91f02df/AnalyzeCovariates.jar
GenomeAnalysisTK-1.6-13-g91f02df/GenomeAnalysisTK.jar
GenomeAnalysisTK-1.6-13-g91f02df/resources/CountLociWalker.java
GenomeAnalysisTK-1.6-13-g91f02df/resources/CountReadsWalker.java
GenomeAnalysisTK-1.6-13-g91f02df/resources/DepthOfCoverageWalker.java
GenomeAnalysisTK-1.6-13-g91f02df/resources/PileupWalker.java
GenomeAnalysisTK-1.6-13-g91f02df/resources/PrintReadsWalker.java
GenomeAnalysisTK-1.6-13-g91f02df/resources/ValidatingPileupWalker.java
GenomeAnalysisTK-1.6-13-g91f02df/resources/exampleBAM.bam
GenomeAnalysisTK-1.6-13-g91f02df/resources/exampleBAM.bam.bai
GenomeAnalysisTK-1.6-13-g91f02df/resources/exampleFASTA.dict
GenomeAnalysisTK-1.6-13-g91f02df/resources/exampleFASTA.fasta
GenomeAnalysisTK-1.6-13-g91f02df/resources/exampleFASTA.fasta.fai
iu@bielinux[src] [ 5:13午後 ]
```

# 確認

```
iu@bielinux[/usr/local/src/GenomeAnalysisTK-1.6-13-g91f02df] [ 5:30午後 ]
iu@bielinux[src] pwd [ 5:30午後 ]
/usr/local/src
iu@bielinux[src] ls -lh [ 5:30午後 ]
total 18M
drwxr-xr-x 3 root root 4.0K 6月 27 2012 GenomeAnalysisTK-1.6-13-g91f02df
-rwxr-xr-x 1 root root 18M 7月 17 15:58 GenomeAnalysisTK-1.6-13-g91f02df.tar.bz2
iu@bielinux[src] cd GenomeAnalysisTK-1.6-13-g91f02df [ 5:30午後 ]
iu@bielinux[GenomeAnalysisTK-1.6-13-g91f02df] pwd [ 5:30午後 ]
/usr/local/src/GenomeAnalysisTK-1.6-13-g91f02df
iu@bielinux[GenomeAnalysisTK-1.6-13-g91f02df] ls -lh [ 5:30午後 ]
total 20M
-rw-r--r-- 1 root root 8.2M 6月 27 2012 AnalyzeCovariates.jar
-rw-r--r-- 1 root root 12M 6月 27 2012 GenomeAnalysisTK.jar
drwxr-xr-x 2 root root 4.0K 7月 17 17:13 resources
iu@bielinux[GenomeAnalysisTK-1.6-13-g91f02df] [ 5:30午後 ]
```