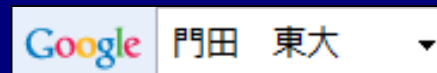


(共有フォルダ設定情報を含む) Bio-Linux 8のovaファイルの導入 手順: Windows版



東京大学・大学院農学生命科学研究科
門田 幸二

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

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

はじめに

②VirtualBoxおよびExtension Packを導入済みという前提です。

(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 2015/12/22, since 2011)

What's new

- このウェブRと必要な
(Windows20
(2015/04/03)
- 多群間比較

- 書籍 | トランスクリプトーム解析 | [4.3.3 2群間比較](#) (last modified 2014/04/28)
- 書籍 | トランスクリプトーム解析 | [4.3.4 他の実験デザイン\(3群間\)](#) (last modified 2014/04/28)
- 書籍 | [日本乳酸菌学会誌 | について](#) (last modified 2015/12/22) **NEW**

- 書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | [第1回イ](#)
- 書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | [第2回GUI](#)
- 書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | [第3回Linux](#)
- 書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | [第4回ク](#)
- 書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | [第5回ア](#)
- 書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | [第6回ゲ](#)
- イントロ | 一般 | [ランダムに行を抽出](#)
- イントロ | 一般 | [任意の文字列を行](#)
- イントロ | 一般 | [任意のキーワードを](#)

書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | について **NEW**

(このウェブページの取扱い上、書籍としていますが学会誌です) [日本乳酸菌学会誌](#)の連載原稿を書いています。NGSデータ解析初心者用に、各種情報収集先、Linux環境構築、Linuxコマンドなど、講習会などに出なくても十分な学習効果が得られるような情報提供を目指して執筆しています。情報もできるだけWindows用とMacintosh用の両方を作成しています。原稿PDF、ウェブ資料を含めフリーでダウンロード可能です。本文中で触れたウェブサイトのリンク先などの情報も辿れるようにしています。以下は主要なファイルのみリストアップしています。ダウンロードしたPDFファイルのトップページ右上にある日付のバージョンが古い場合は、利用しているウェブページのキャッシュに残っているのが表示されてしまう現象に遭遇してしまっています。対策は、「一時ファイルなどのキャッシュを削除」です。

- 第1回イントロダクション(2014年07月):
 - 原稿PDF
- 第2回GUI環境からコマンドライン環境へ(2014年11月):
 - 原稿PDF
 - ウェブ資料PDF(2015.07.03版; 約2MB)
 - 1. VirtualBox、および2. Extension Packのインストール手順:
 - Windows用(2015.11.18版; 約3MB)**
 - Macintosh用(2015.11.18版; 約8MB)**
 - 3. 仮想マシンの作成、および4. Bio-Linux 8のisoファイルからのインストール手順:
 - Windows用(2015.11.19版; 約6MB)
 - Macintosh用(2015.11.19版; 約5MB)
 - Bio-Linux 8のovaファイルからのインストール手順(2015/11/25追加):
 - Windows用(2015.11.24版; 約2MB)
 - Macintosh用(2015.11.25版; 約4MB)

はじめに

特に2番目の項目の、32 bitマシンでどんな不具合がでますか？的な質問をよく受けますが、答えは「やってみなければわかりません」です

- この資料作成は、VirtualBox ver. 5.0.10で行っています。
 - バージョンによってはうまくインストールできないかもしれません。
- Windows7 64bit環境(NTFSフォーマット)で動作確認を行っています
 - 32bit環境では(成功例も有るが)失敗する可能性が高い
 - FAT32フォーマットでは4GB以上の大きなファイルを扱えない

ovaファイルの準備

(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
(last modified 2015/12/26, since 2011)

(自分で用意した連載第3回終了時点以降のovaファイルでもよいが)Windows PC(ホストOS)上で、ユーザ名iuで連載第5回終了までの作業を行って作成したovaファイル(BioLinux8.ova; 約6.4GB)をダウンロード可能な状態にしています。ここでは①の手順に従って取得したovaファイルを用いて説明します。

What's new?

- このウェブページは[インストール | についての推奨手順 \(Windows2015.04.04版とMacintosh2015.04.03版\)](#)に従ってフリーソフトRと必要なパッケージをインストール済みであるという前提で記述しています。初心者の方は[基本的な利用法\(Windows2015.04.03版とMacintosh2015.04.03版\)](#)で自習してください。本ウェブページを体系的にまとめた[書籍](#)もあります。(2015/04/03)
- 多群間比較用の推奨ガイドライン提唱論文([Tang et al., BMC Bioinformatics, 2015](#))がpublishされました。論文概要については[門田](#)のページでも紹介しています。講習会でよく述べている「サンプル間クラスタリング結果からDEG検出結果のおおよその見積もりが可能である」という主張の根拠となる原著論文がこれになります。推奨ガイドライン周辺の関連項目もアップデートしました。(2015/11/05) **NEW**
- [日本乳酸菌学会誌のNGS関連連載](#)の第5回ウェブ資料を更新しました。2015年12月下旬に一気に全てやり直したので、若干プログラムのバージョンが上がっています。(2015/12/22) **NEW**
- [解析 | 一般 | アライメント | について](#)を追加しました。(2015/12/16) **NEW**
- [日本乳酸菌学会誌のNGS関連連載](#)の第4回ウェブ資料を更新しました。2015年12月初旬に一気に全てやり直したので、若干プログラムのバージョンが上がっています。各回終了時点のovaファイル(約6GB)も提供可能です。(権利関係上無条件公開はできませんので...)欲しい方は、メールのタイトルを「乳酸菌連載第x回終了時点のovaファイル希望」として私宛にメールしてください(本文は空でOK)。URLをお知らせします。(2015/12/11) **NEW**

①

ovaファイルの準備

まずは①赤下線の指示通りに本文は空で②メール送信。しばらくすると(門田がオンラインなら概ね数時間程度以内に) Google driveのURL情報が返信される。

(Rで)塩基配列解析

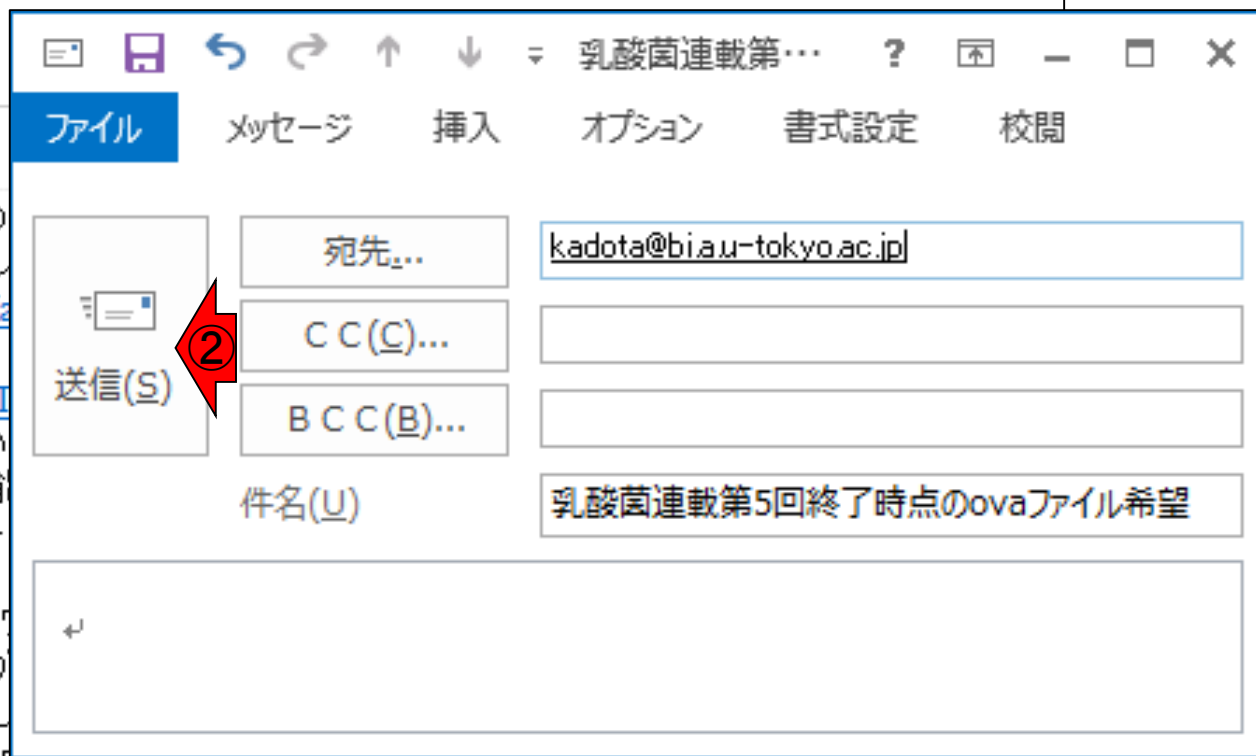
～NGS、RNA-seq、ゲノム、トランスクリプトーム、正規化、発現変動、統計、モデル、バイオインフォマティクス～
(last modified 2015/12/26, since 2011)

What's new?

- このウェブページは[インストール | についての](#) 従ってフリーソフト R と必要なパッケージをインストールする [基本的な利用法\(Windows2015.04.03版と Mac版\)](#) 的にまとめた [書籍](#) もあります。(2015/04/03)
- 多群間比較用の推奨ガイドライン提唱論文(1) 概要については [門田](#) のページでも紹介しているから DEG 検出結果のおおよその見積もりが可能な [推奨ガイドライン](#) 周辺の関連項目もアップデート

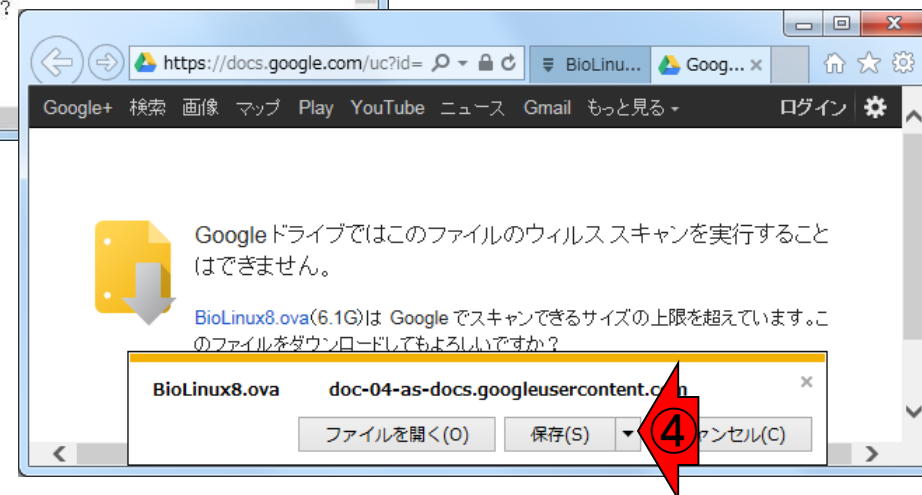
- [日本乳酸菌学会誌の NGS 関連連載](#) の第 5 回が公開されたので、若干プログラムのバージョンが上がりました。
- [解析 | 一般 | アライメント | について](#) を追加

- [日本乳酸菌学会誌の NGS 関連連載](#) の第 4 回ウェブ資料を更新しました。2015 年 12 月初旬に一気にまとめてアップ直したので、若干プログラムのバージョンが上がっています。各回終了時点の ova ファイル(約 6 GB)も提供可能です。(権利関係上無条件公開はできませんので...) 欲しい方は、メールの タイトルを「乳酸菌連載第 x 回終了時点の ova ファイル希望」として私宛にメールしてください(本文は空で OK)。URL をお知らせします。
(2015/12/11) **NEW**



ovaファイルの準備

Google driveの①リンク先にアクセスして約6.4GBのovaファイル(BioLinux8.ova)をダウンロードする。④まで行った後に、ダウンロード途中経過が出ないので不安な気持ちになる。が、ダウンロード場所として指定したフォルダ上でリロードすると、確かにファイルサイズが増えていくので大丈夫だろうと思える。東大有線LANで10分程度。

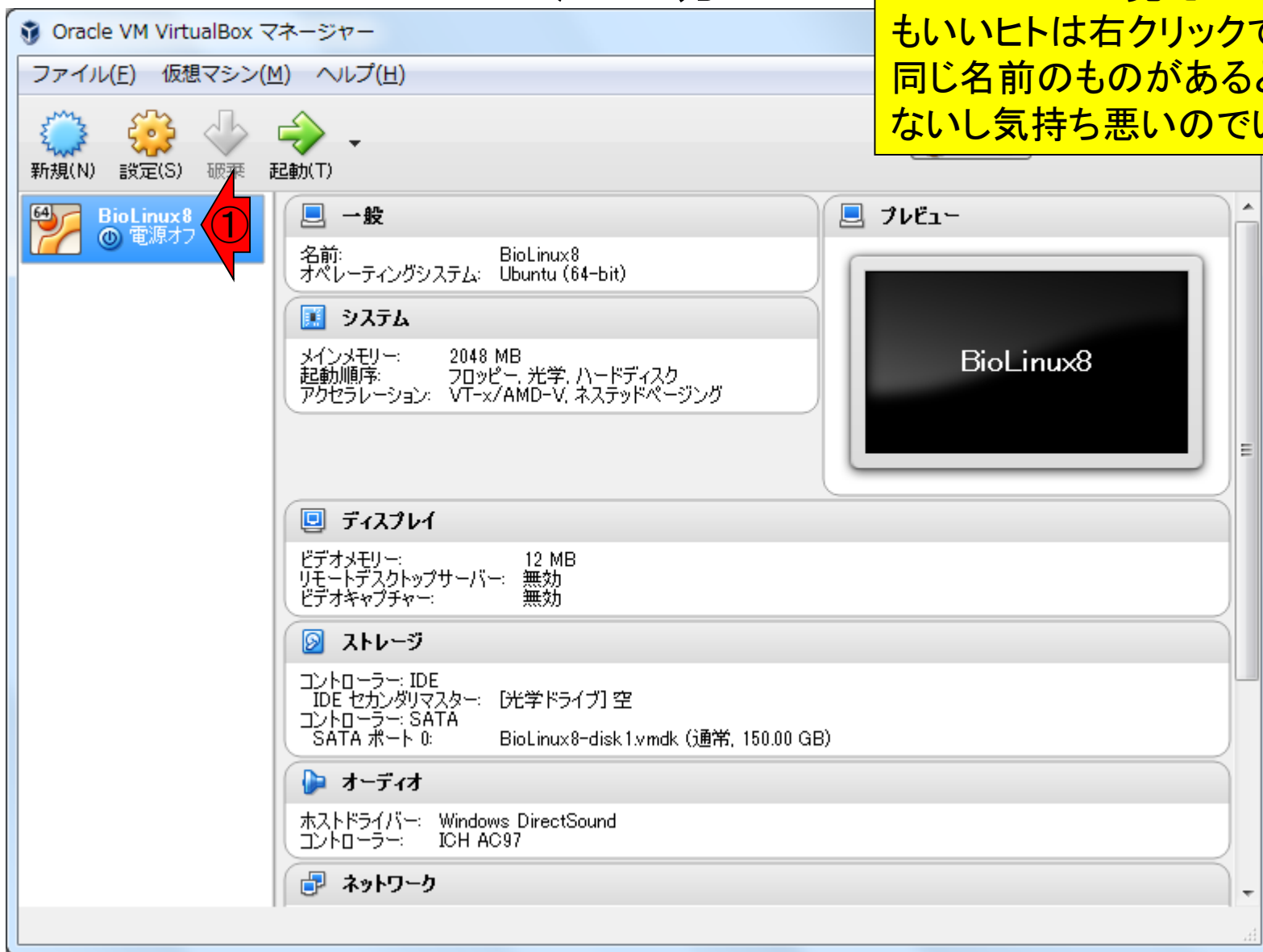


ovaファイルの準備



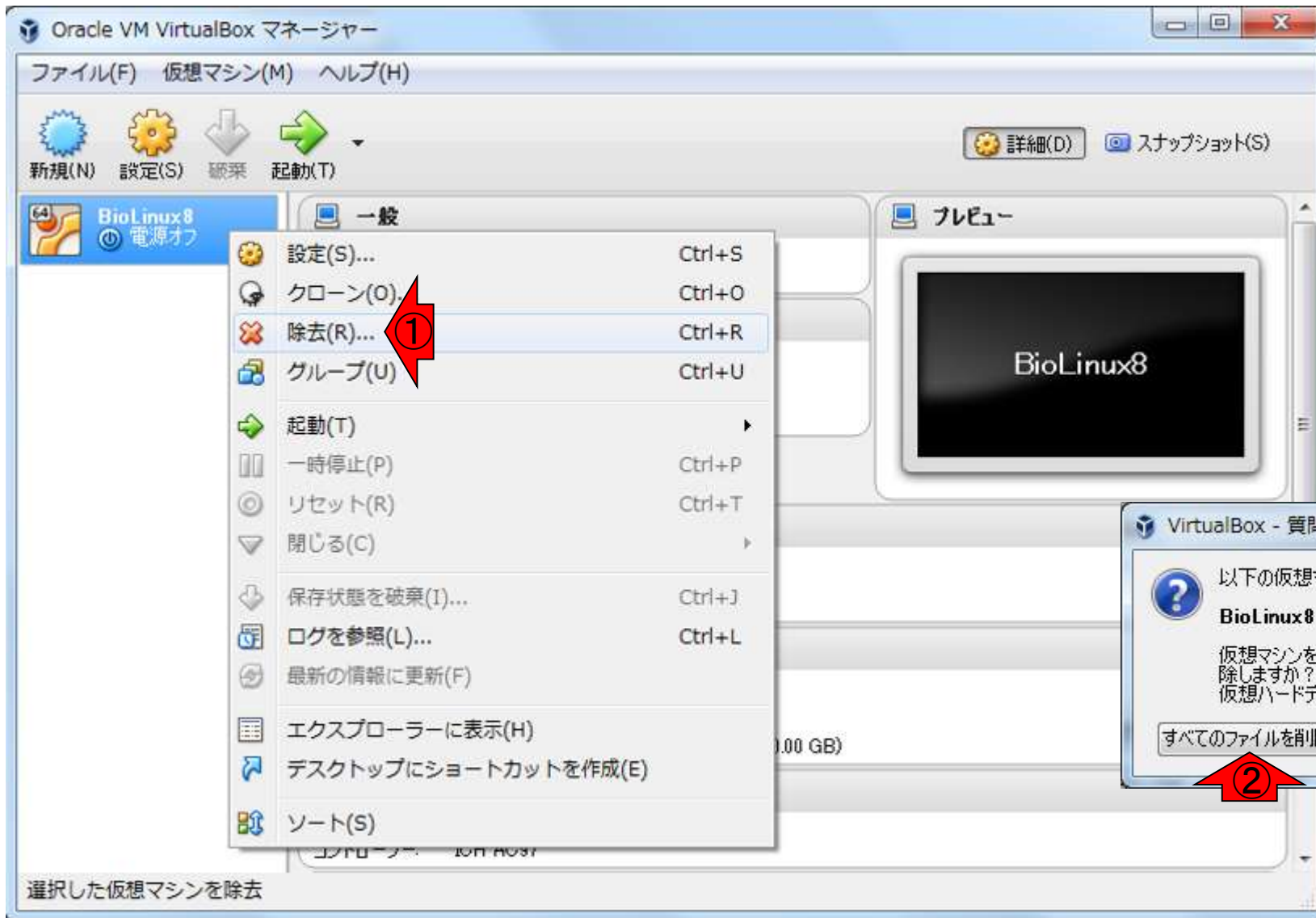
VirtualBoxの起動

以前に古いバージョンで一通りのインストール作業を行ったヒトは、①こんな感じで同じ名前のBioLinux8が見えているかもしれない。消してもいいヒトは右クリックで削除しておこう。(私は同じ名前のものがあるとエラーが出るかもしれないし気持ち悪いのでいつも削除しています)



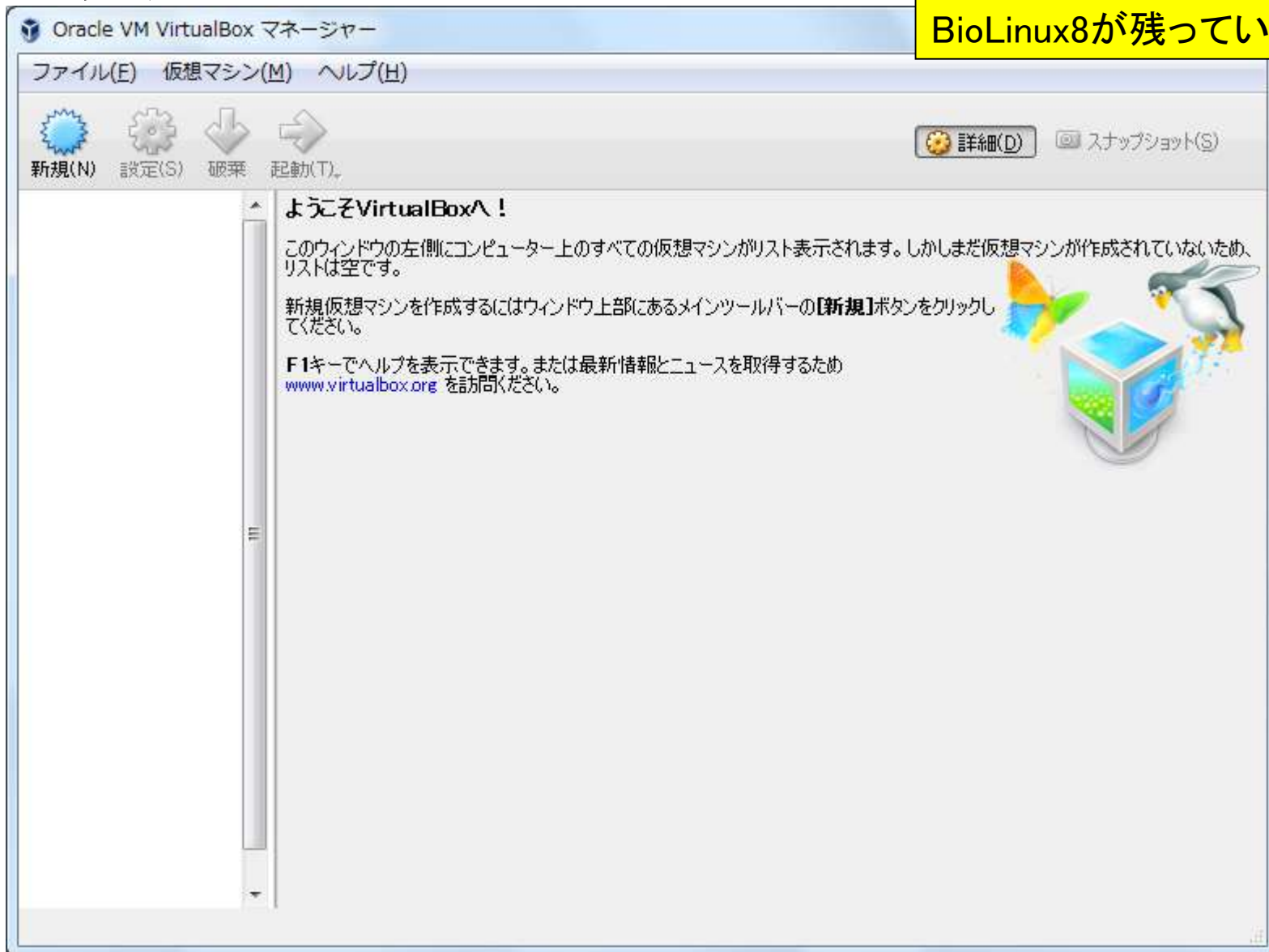
右クリックで①除去、②
すべてのファイルを削除

消していいBioLinux8の除去



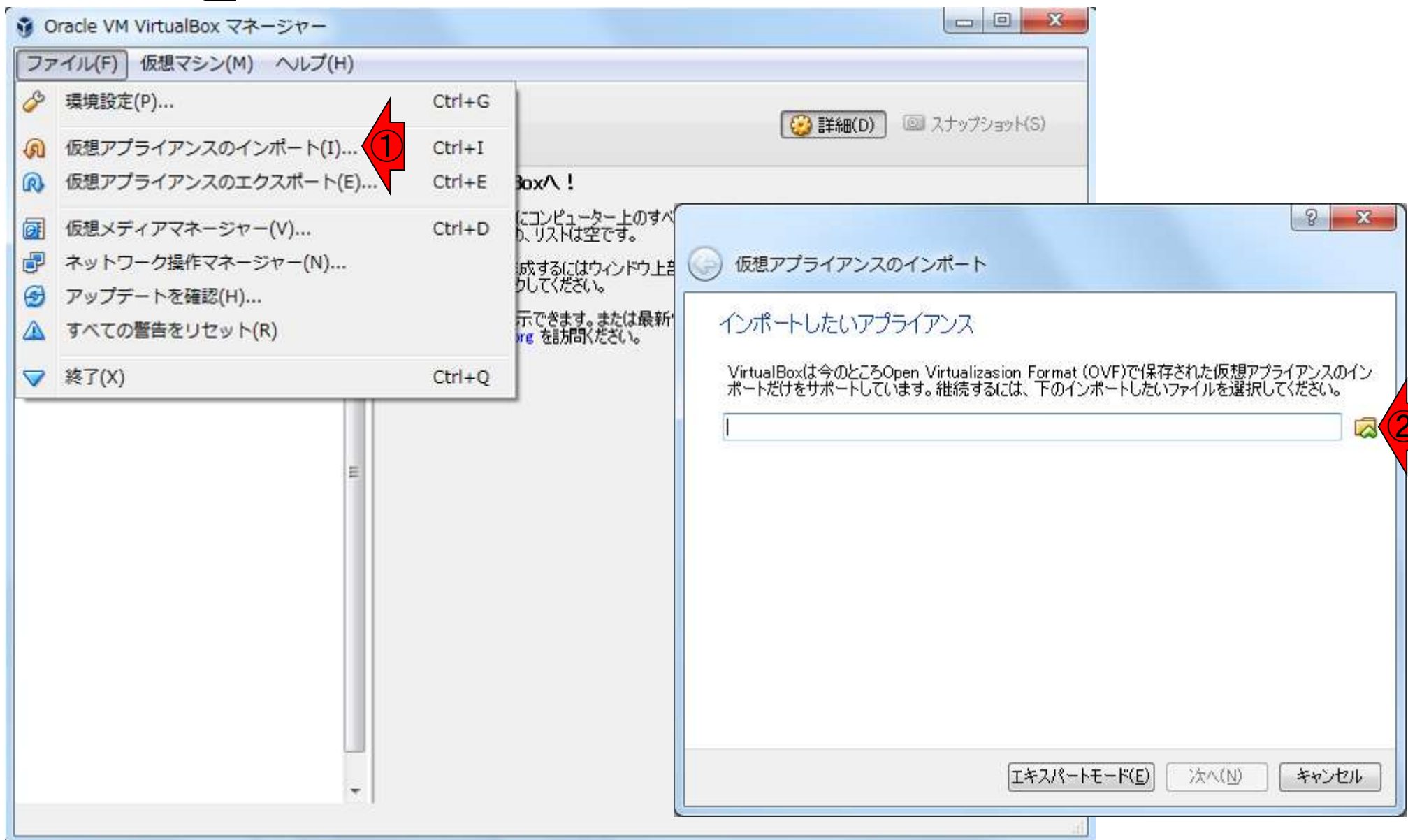
真っ新たな状態にする

こんな感じになればOK。もちろん全く別のovaファイル(bio-linux-8-latest.ovaやgalaxy-vm.ova)を導入(インポート)したい場合には、BioLinux8が残っていても問題ないでしょう。



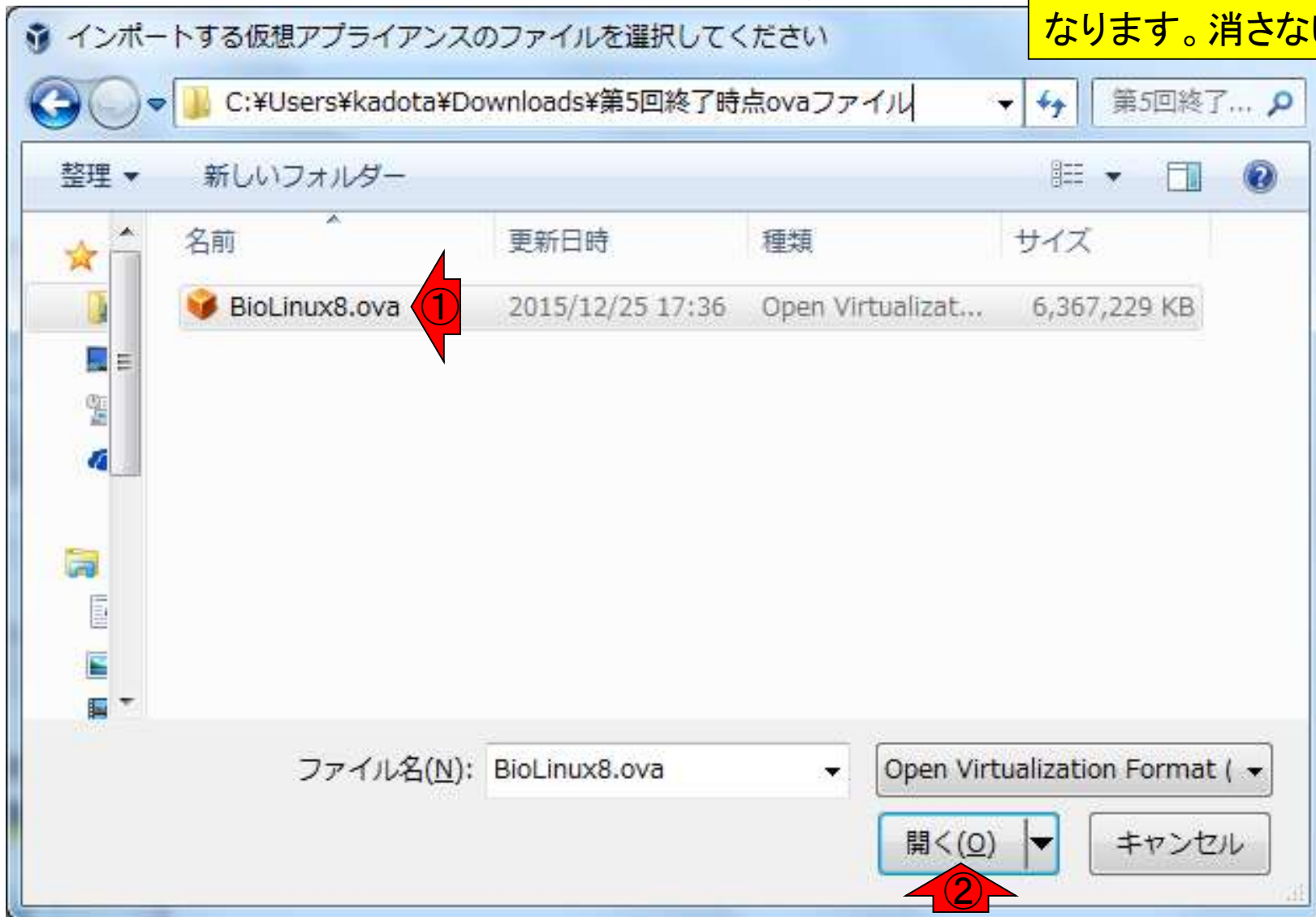
ovaをインポート

①仮想アプライアンスのインポート、②のところを押す



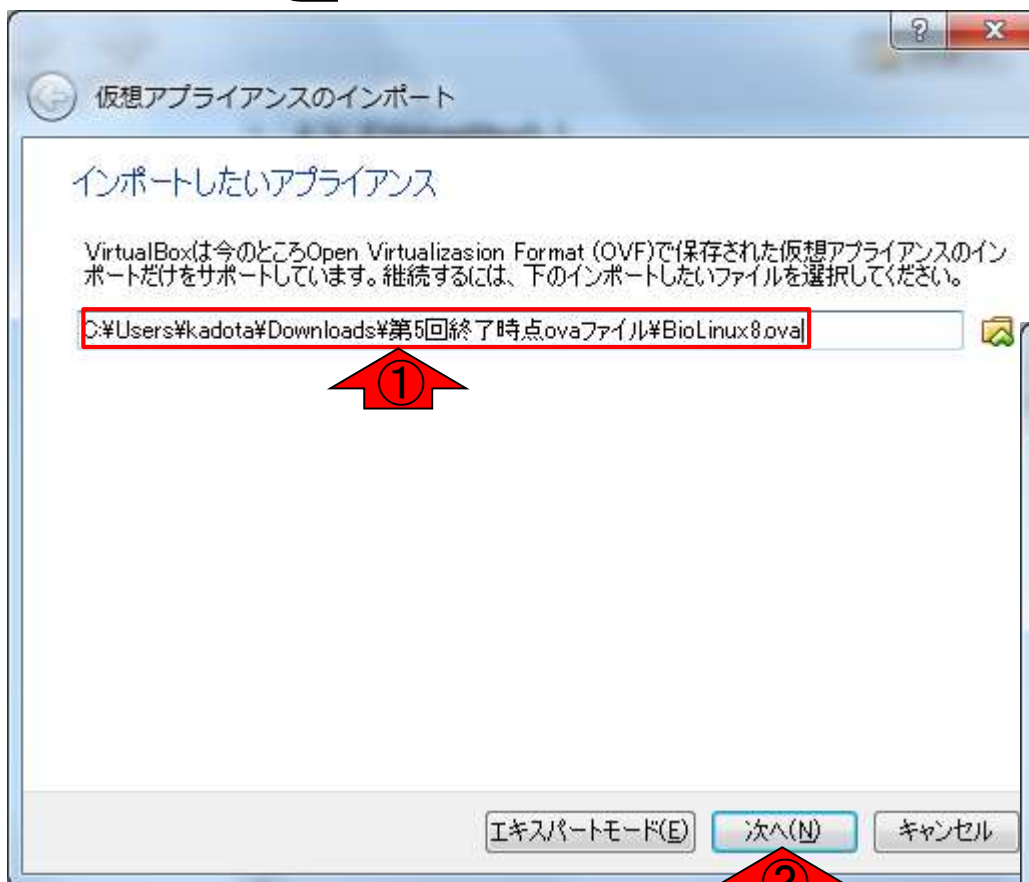
BioLinux8.ovaを選択

インポートしたいovaファイル(ここでは①BioLinux8.ova)を選択して、②開く。このovaファイルは、消すと動作しくなくなります。消さないよう注意しましょう。

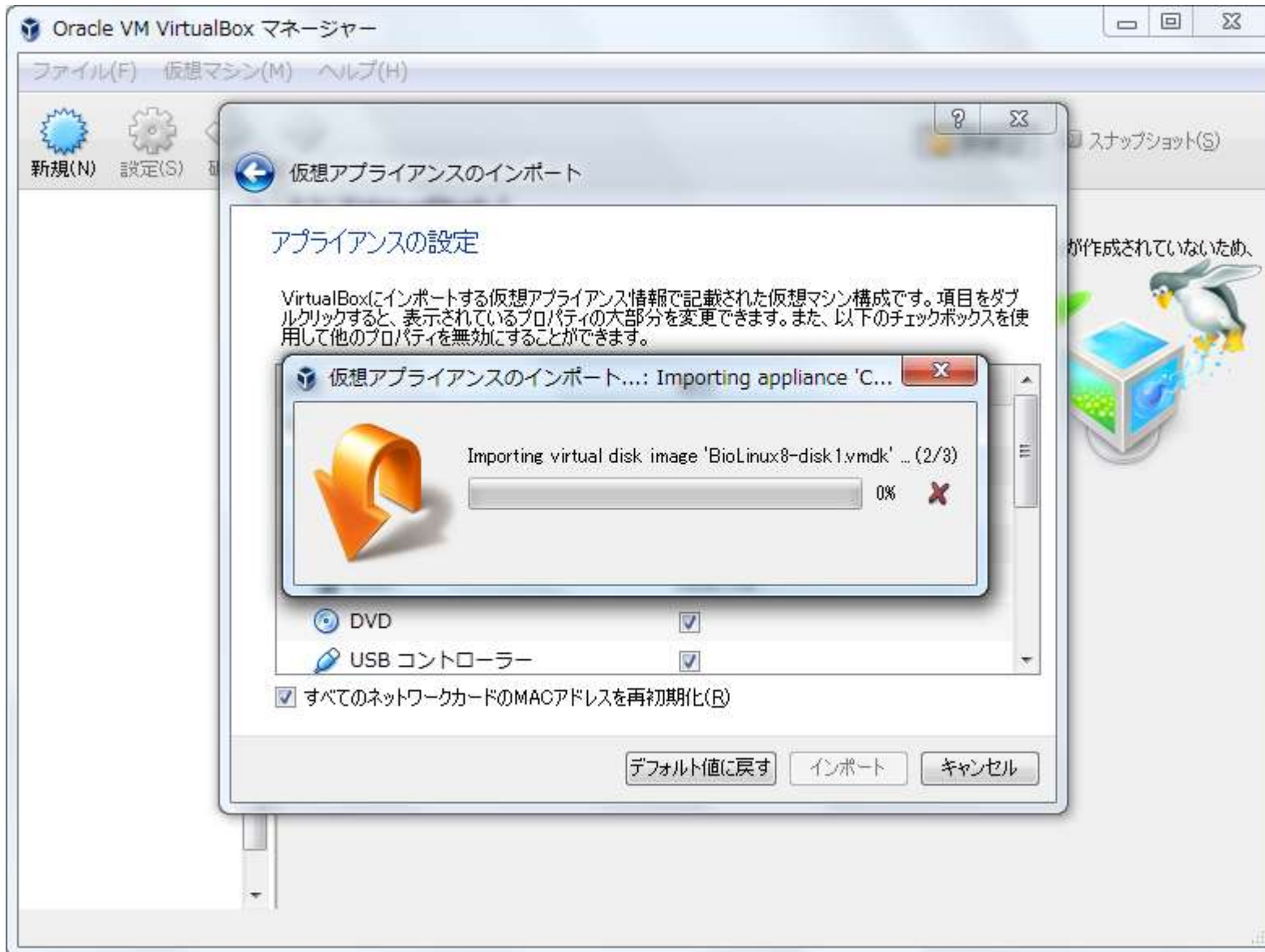


ovaをインポート

①赤枠部分の見栄えはヒトによって異なる。②次へ。③「すべてのネットワークカードのMACアドレスを再初期化」にチェックを入れて、④インポート。

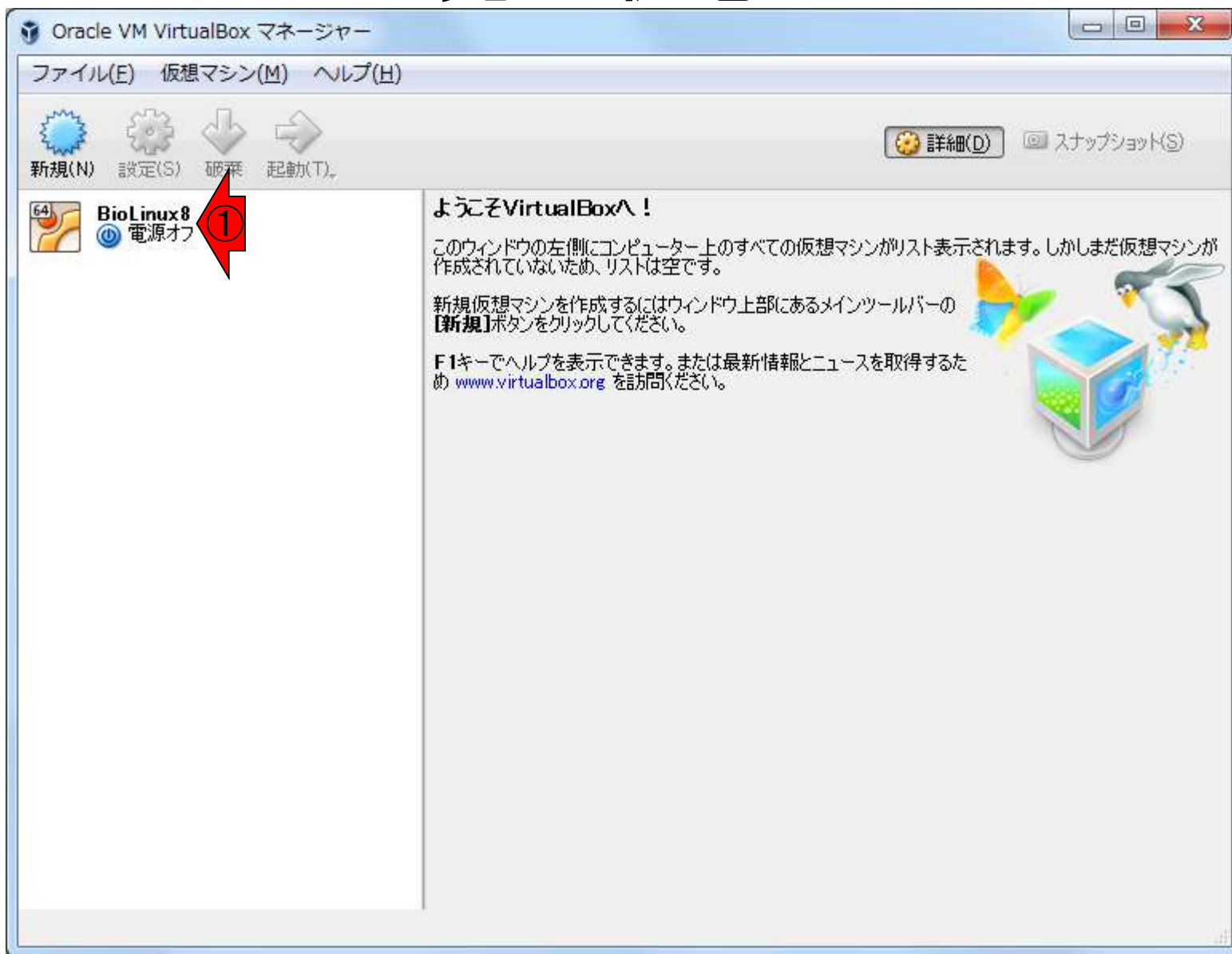


インポート中



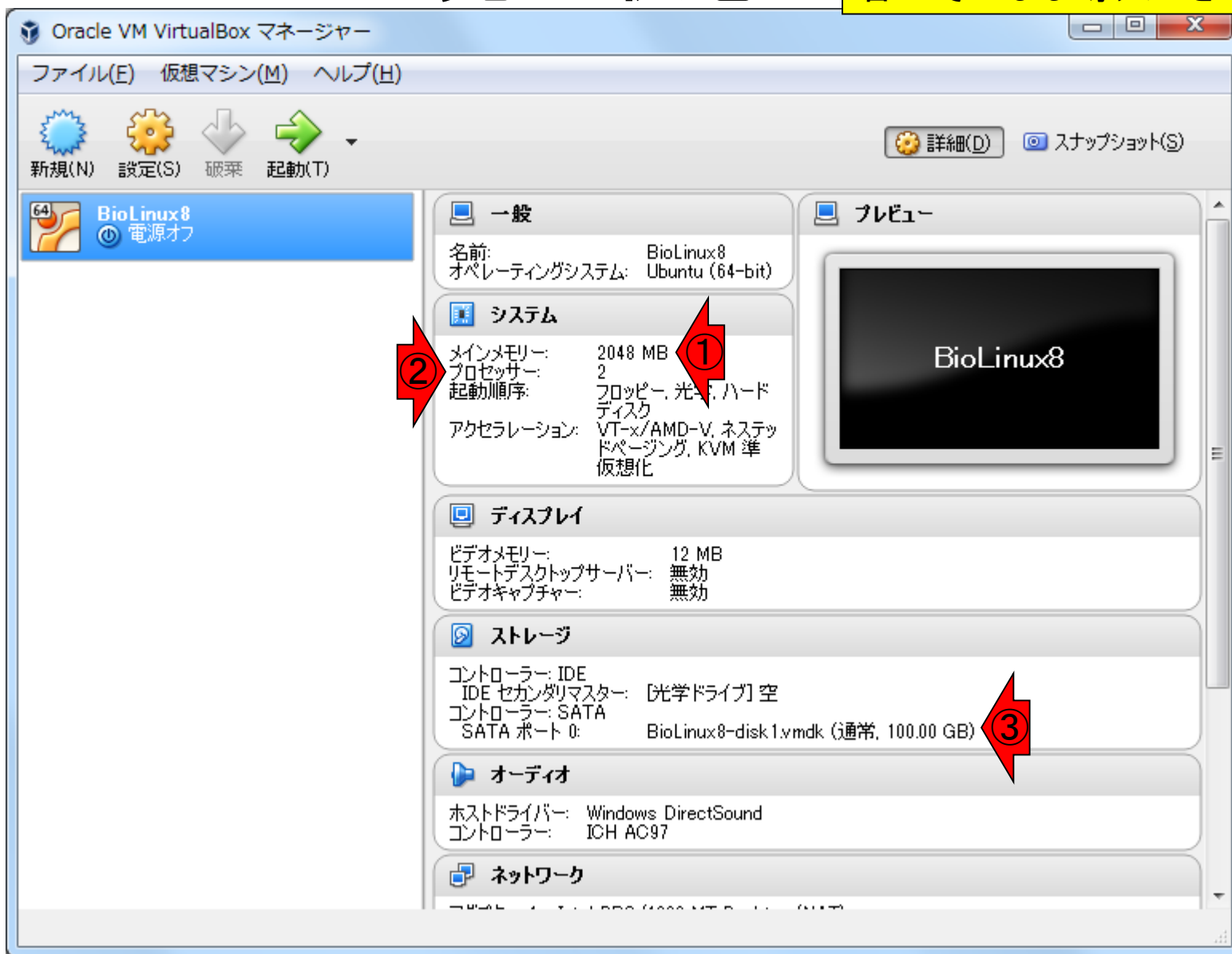
インポート完了状態

こんな感じになっていればOK。
①ここをクリックすると…。



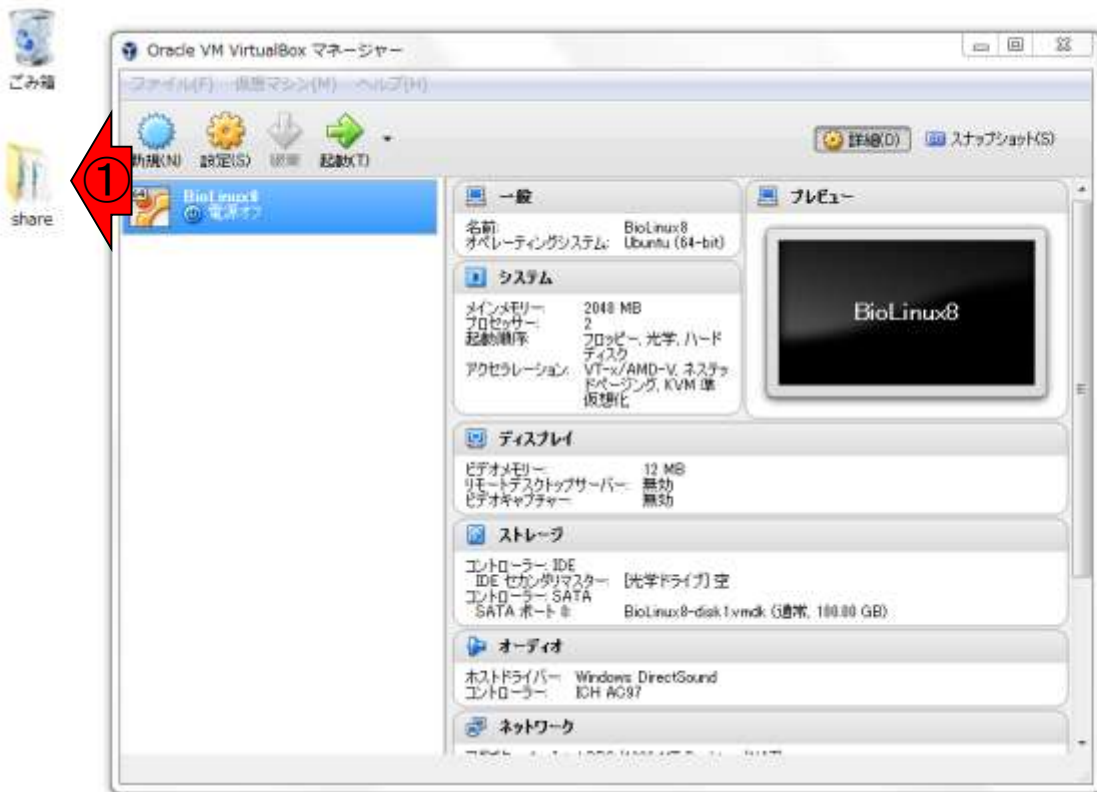
インポート完了状態

こんな感じになります。①メモリ、② CPU、③ HDD 100GBとなっており、手順通りに設定した内容がそのまま導入できていることがわかります。



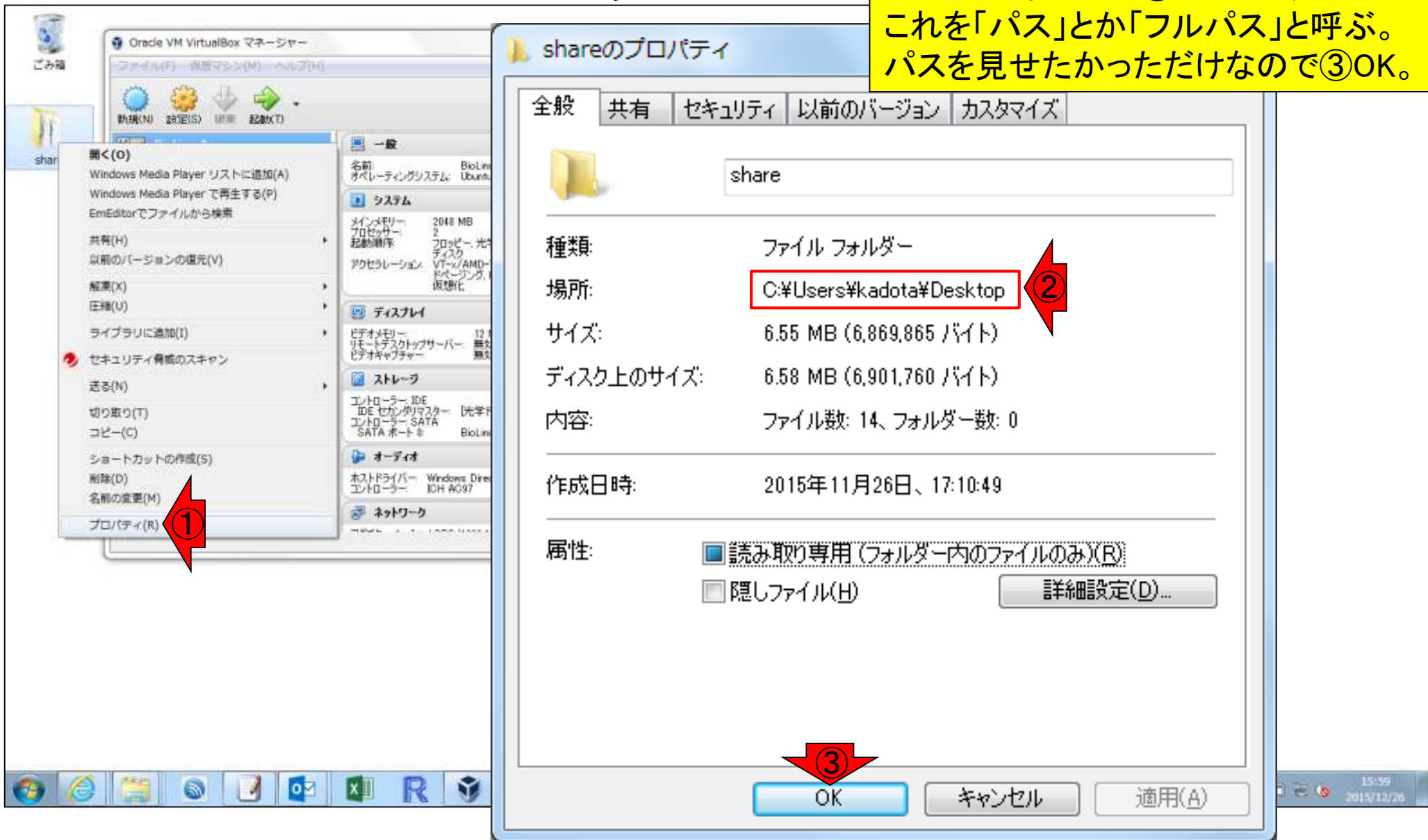
shareフォルダ作成

①ホストOSのデスクトップ上にshareという名前のフォルダを作成。既にある場合は何もしなくてもいいです。



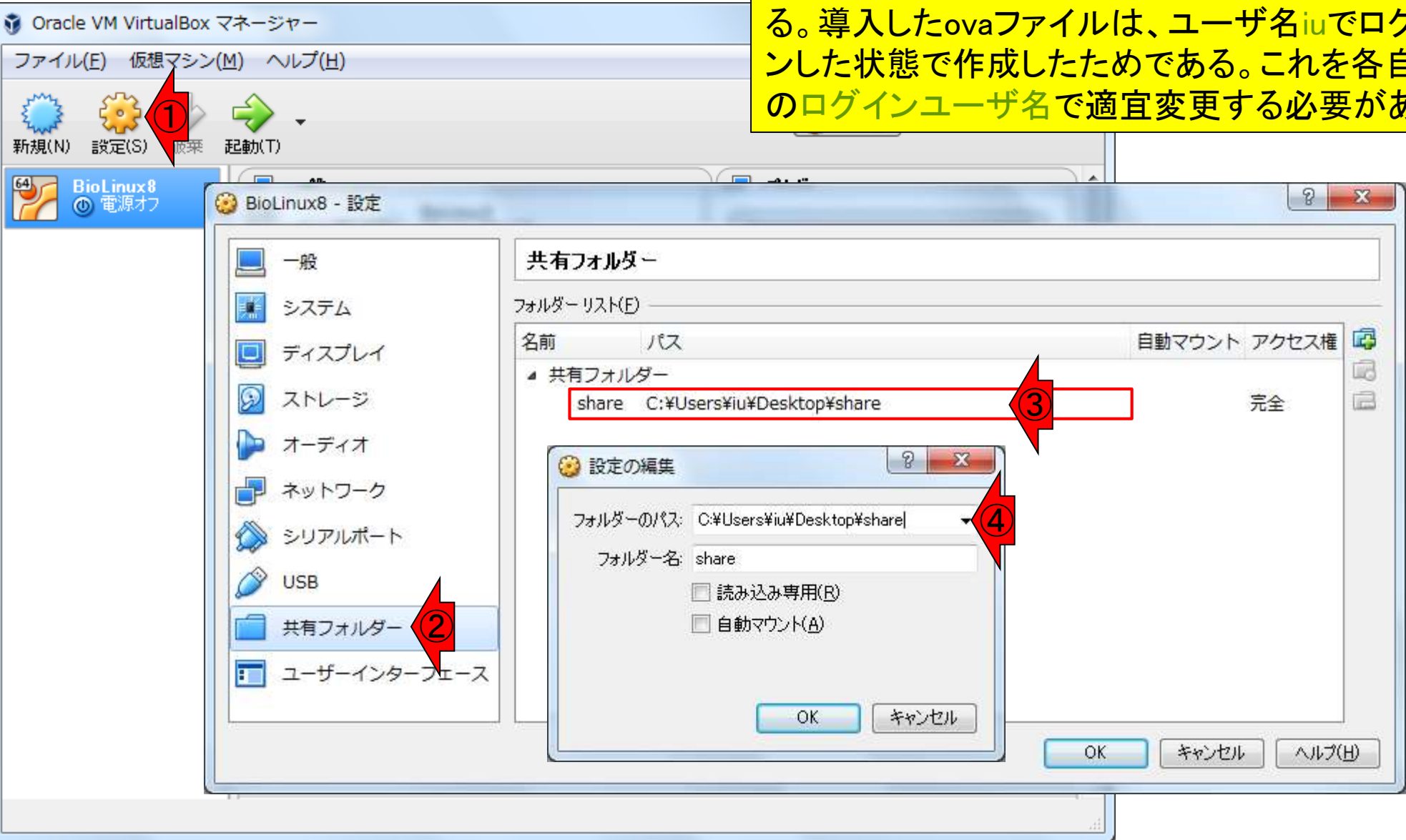
shareフォルダの場所

shareフォルダ上で右クリックし、①プロパティ。ユーザ名kadotaでログインしている私の環境では②のように見える。これを「パス」とか「フルパス」と呼ぶ。パスを見せたかったただけなので③OK。



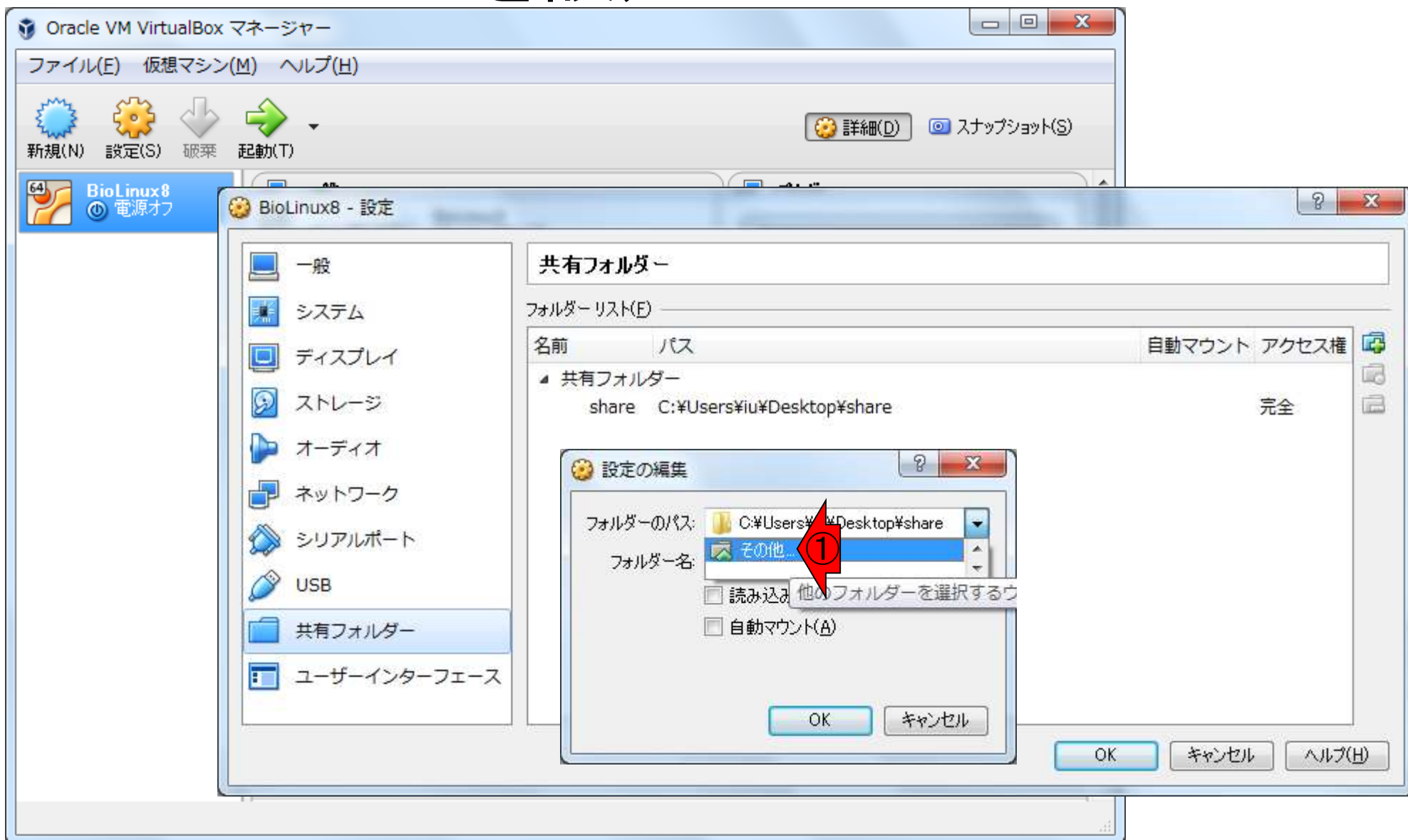
shareのパスを設定

①設定、②共有フォルダー、③赤枠でダブルクリック。④フォルダーのパスのところがデフォルトでは「C:¥Users¥iu¥Desktop¥share」となっている。導入したovaファイルは、ユーザ名iuでログインした状態で作成したためである。これを各自のログインユーザ名で適宜変更する必要がある



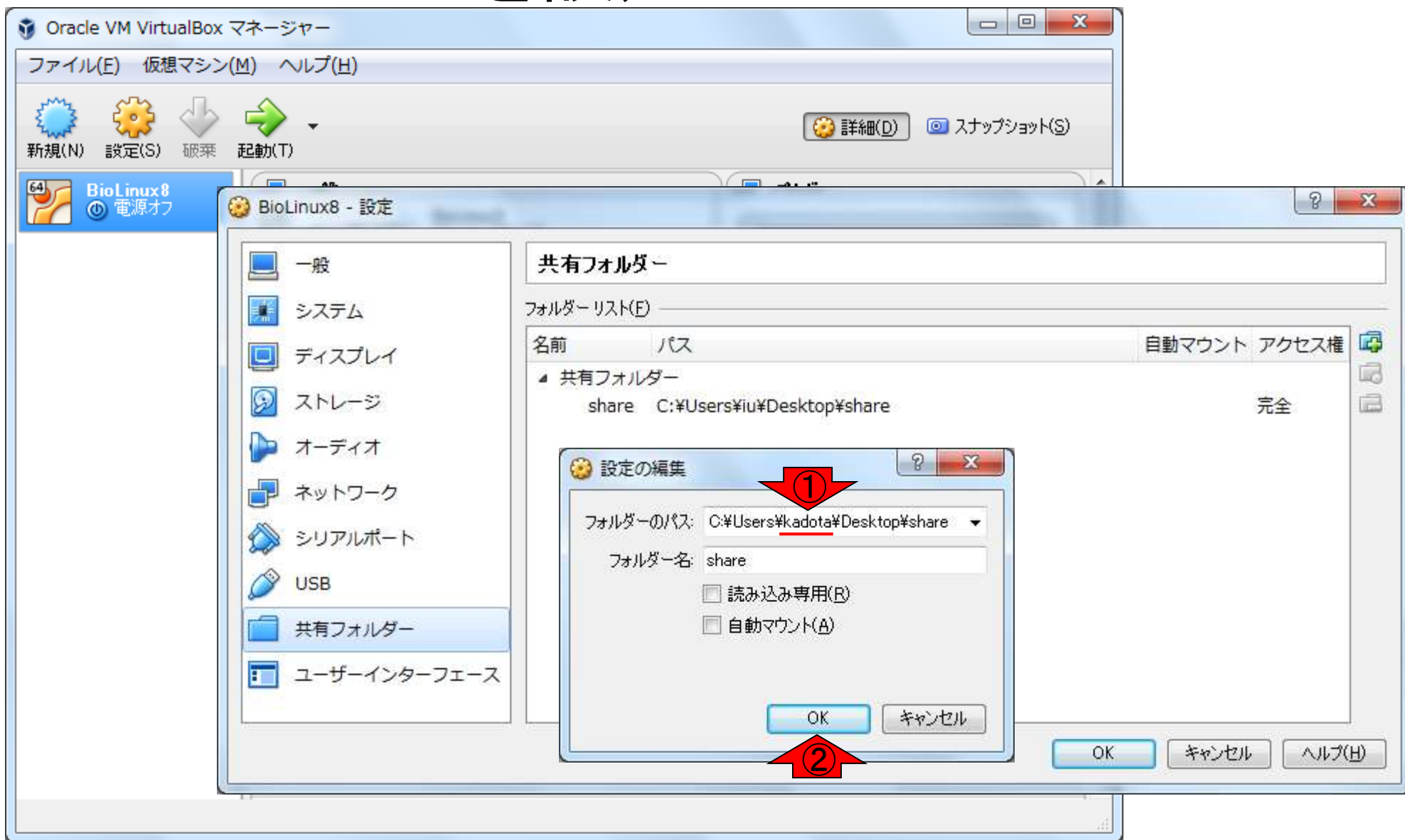
shareのパスを設定

①「その他」を選んで、本来の「デスクトップ - share」のパスを指定。



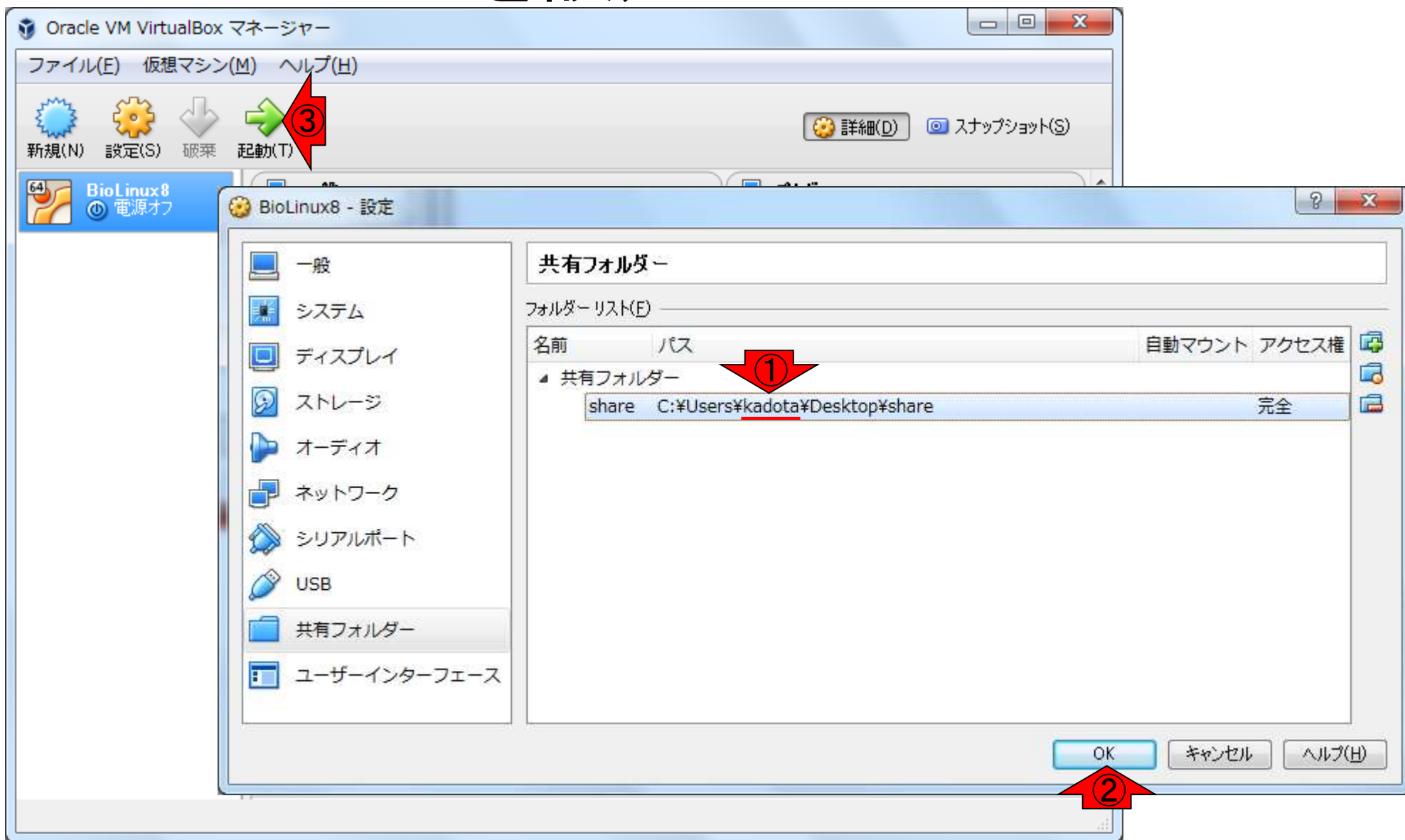
shareのパスを設定

ユーザ名kadotaのPC環境
では①のようになる。②OK



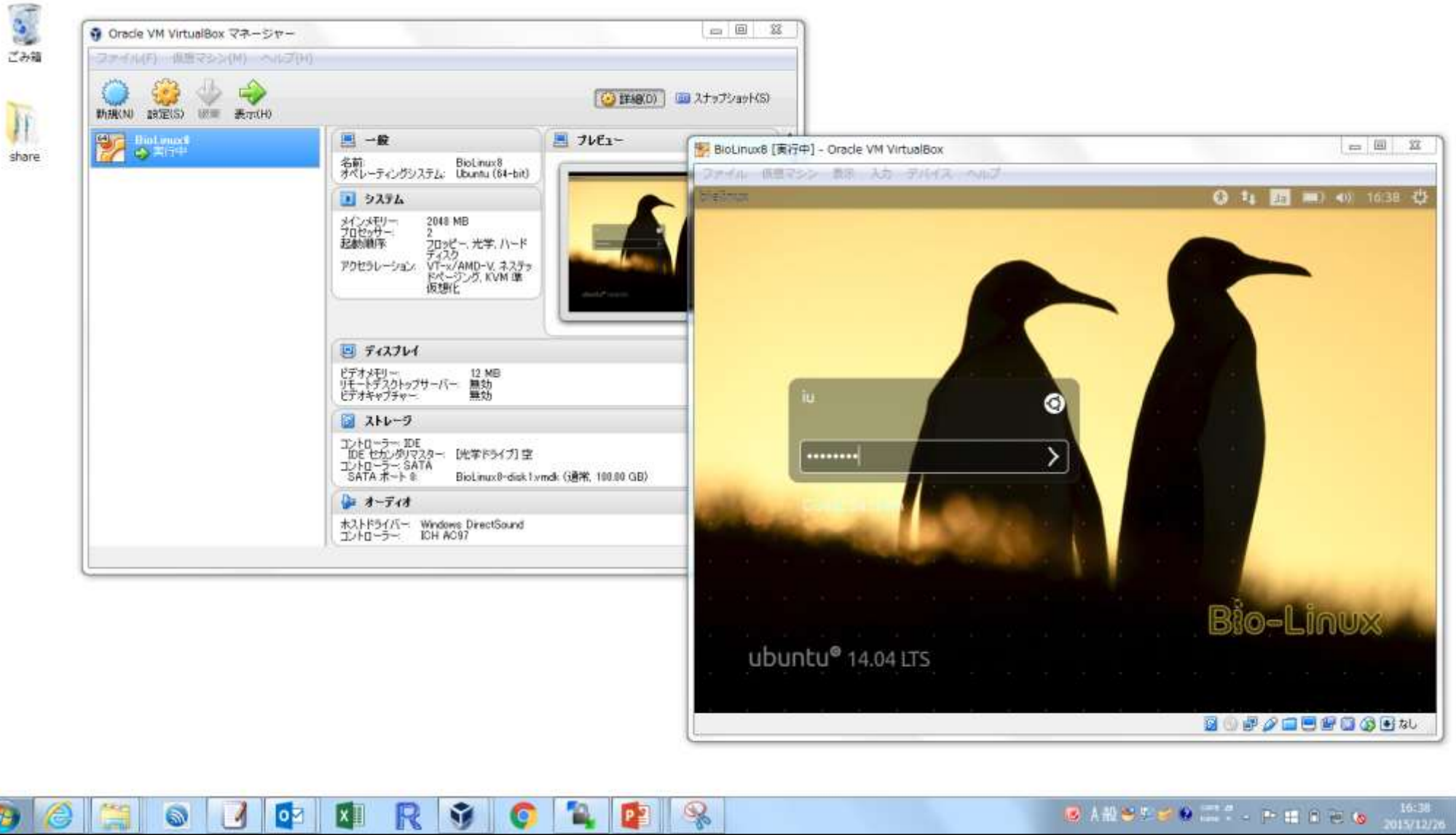
shareのパスを設定

①の部分を変更されていることがわかります。②OK、③起動。



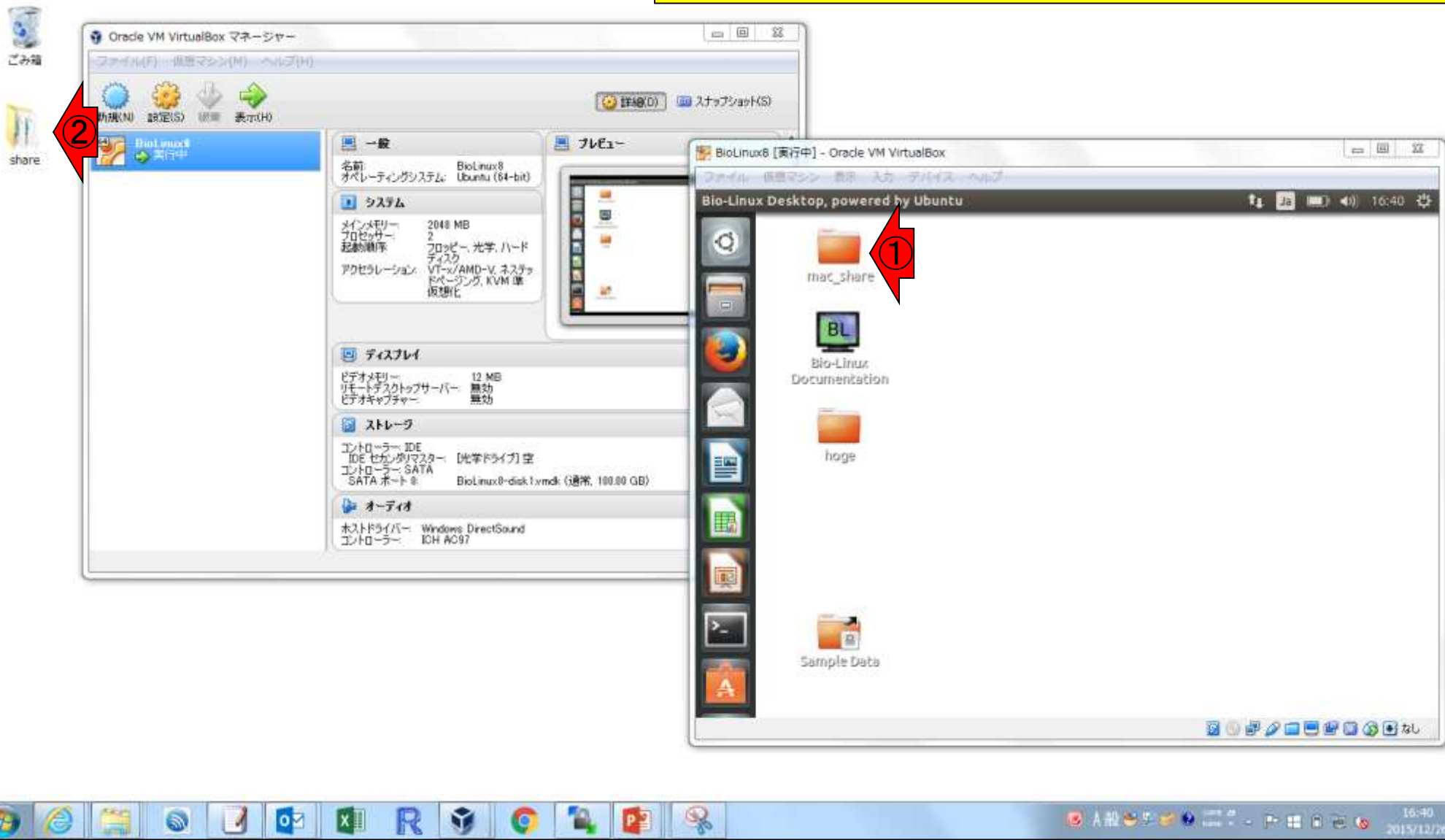
起動

①起動、②パスワードはpass1409
(BioLinux8.ova作成時に設定したもの)。



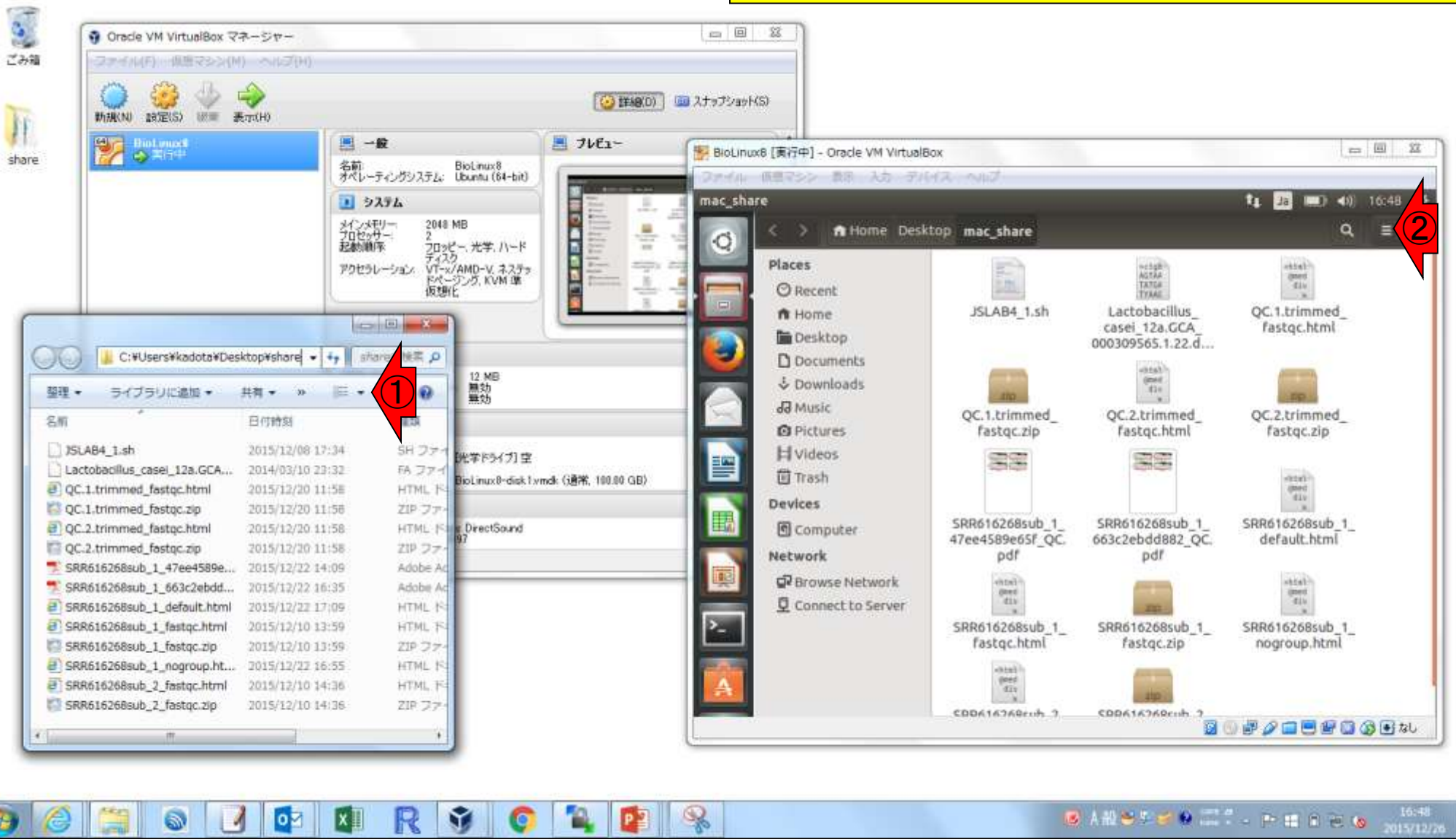
起動直後の状態

こんな感じです。①「ゲストOS - Desktop - mac_shareフォルダ」と②「ホストOS - Desktop - shareフォルダ」の中身が同じことを確認。



共有フォルダ確認

確かに同じです。Windowsの場合は、①でアイコンの大きさを変更可能ですが、Bio-Linuxも②の部分をクリックすれば同じような見栄えにできます



共有フォルダ確認

