

ゲノム情報解析基礎(第1回)

¹東京大学 情報学環・学際情報学府

²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ユニット

³東京大学・微生物科学イノベーション連携研究機構

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/>

各科目へのアクセス

①教育プログラム、②各講義のページ、
③「ゲノム情報解析基礎」の場合。ブラウザは、Google Chromeを推奨。



東京大学大学院農学系研究所
アグリバイオ
Agricultural Bioinformatics

ようこそ!!
アグリバイオ
教育研究ユニット

- + ホーム
- + 本ユニットについて
- + メンバー
- + 教育プログラム
- + 研究フォーラム
- + イベント
- + お問い合わせ
- + リンク

東京大学
THE UNIVERSITY OF TOKYO

東京大学大学院農学系研究所
アグリバイオ
Agricultural Bioinformatics

ようこそ!!
アグリバイオ
教育研究ユニット

お知らせ

- ▶ 2019年度の授業スケジュール
2019年4月5日(土)開講
受講希望者は4月5日(土)までに
2019年度の受講希望者登録を
▶ 講義日当日に受講登録をする場合は16:30までに事務局までお越しください。
▶ 2019年度受講生募集要項はこちら(PDF)です。NEW!!
▶ 受講に関する質問はまずこちらをごらんください。
Q & A集(本学の大学院生の方)
Q & A集(本学の大学院生以外の方)
▶ 成績証明書の発行を希望される方は申込用紙「Word形式、PDF形式」を事務局までご連絡ください。

教育プログラム

- ▼ プログラム概要
- ▼ 講義について
- ▼ 受講について
- ▼ 各講義のページ
- ▼ スケジュール

プログラム概要

本プログラムで開講する講義科目は(科目名をクリックすると各講義のページに移動します)に分けられます。カテゴリと

カテゴリ	目的
基礎	主にバイオインフォマティクス。生命科学のためのツールやソフトウェアを利用した様々なツールの活用。
方法論	「基礎」の科目を土台として、解析手法、質量分析法など最新の解析手法やモデル選択、分子シミュレーション(加)について解説します。

各講義のページ

(科目名をクリックすると各講義のページに移動します)

先端トピックス セミナー・討論形式 研究指導	農学生命情報科学特別演習			
	農学生命情報科学特論 I	農学生命情報科学特論 II	農学生命情報科学特論 III	農学生命情報科学特論 IV
方法論 講義・実習を一体化	生物配列統計学 システム生物学概論 知識情報処理論			
	オーム情報解析 機能ゲノム学 分子モデリングと分子シミュレーション			
基礎 講義・実習を一体化	フィールドインフォマティクス			
	ゲノム情報解析基礎	構造バイオインフォマティクス基礎	生物配列解析基礎	バイオスタティスティクス基礎論

ゲノム情報解析基礎

①教育プログラム、②各講義のページ、
③「ゲノム情報解析基礎」の場合。ブラウザは、Google Chromeを推奨。④「ゲノム情報解析基礎」のページ。

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ユニット
Agricultural Bioinformatics Research Unit

ホーム > 教育プログラム > 各講義のページ > ゲノム情報解析基礎

2. ゲノム情報解析基礎

授業の目標・概要

次世代シーケンサーの普及により、ゲノム情報を基盤とした膨大な塩基配列情報を自在に解析するスキルが要求される時代になっています。本科目では、データ解析環境（主にR）・公共塩基配列データベース全般、そしてメタゲノム解析に関する実習を含む講義を行います。

担当教員

門田幸二（専任・農・アグリバイオ / 准教授）
栗玉悠一（国立遺伝学研究所 / 特任研究員）
森 富史（国立遺伝学研究所 / 助教）

参考図書

藤澤幸・編、よくわかるバイオインフォマティクス入門、講談社、2018
功重秀雄・小野温徳・監修、生命科学データベース・ウェブツール、MEDSL、2018
功重秀雄、生命科学者のためのデータ解析実践講座、MEDSL、2019
長田道徳、進化で読み解くバイオインフォマティクス入門、森北出版、2019

お知らせ

講義では、Rの様々なパッケージを利用します。
持ち込み用PC利用希望者は「インストール」についてを参考にしてR本体および必要なパッケージ群を必ずインストールしておいてください。

講義日程（2020年度）

- 2020年04月07日（PC使用）
講師：門田 幸二
講義資料PDF(最終更新：2020.03.xx)
[Rで]塩基配列解析
[Rで]塩基配列解析のサブ
RStudio
- 2020年04月14日（PC使用）
講師：栗玉 悠一
- 2020年04月21日（PC使用）
講師：森 富史
- 2020年04月28日（PC使用）
講師：森 富史

ゲノム情報解析基礎

- ①教育プログラム、②各講義のページ、③「ゲノム情報解析基礎」の場合。ブラウザは、Google Chromeを推奨。④「ゲノム情報解析基礎」のページ。⑤講義資料。

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ユニット
Agricultural Bioinformatics Research Unit

ホーム > 教育プログラム > 各講義のページ > ゲノム情報解析基礎

2. ゲノム情報解析基礎

授業の目標・概要

担当教員

門田幸二 (専任、農学・農学系、アグリバイオ / 准教授)
児玉悠一 (国立遺伝学研究所 / 特任研究員)
森宙史 (国立遺伝学研究所 / 助教)

参考図書

藤博幸・編、よくわかるバイオインフォマティクス入門、講談社、2018
坊農秀雅・小野浩雅・監修、生命科学データベース・ウェブツール、MEDSI、2018
坊農秀雅、生命科学者のためのデータ解析実践道場、MEDSI、2019
長田直樹、進化で読み解くバイオインフォマティクス入門、森北出版、2019

お知らせ

講義では、Rの様々なパッケージを利用します。
持ち込み用PC利用希望者は [インストール | について](#) を参考にしてR本体および必要なパッケージ群を必ずインストールしておいてください。

講義日程 (2020年度)

- 2020年04月07日 (PC使用)
講師：門田 幸二
講義資料PDF(最終更新：2020.03.xx)
(Rで)塩基配列解析
(Rで)塩基配列解析のサブ
RStudio
- 2020年04月14日 (PC使用)
講師：児玉 悠一
- 2020年04月21日 (PC使用)
講師：森 宙史
- 2020年04月28日 (PC使用)
講師：森 宙史

参考図書

- 藤博幸・編、よくわかるバイオインフォマティクス入門、講談社、2018
坊農秀雅・小野浩雅・監修、生命科学データベース・ウェブツール、MEDSI、2018
坊農秀雅、生命科学者のためのデータ解析実践道場、MEDSI、2019
長田直樹、進化で読み解くバイオインフォマティクス入門、森北出版、2019

お知らせ

講義では、Rの様々なパッケージを利用します。
持ち込み用PC利用希望者は [インストール | について](#) を参考にしてR本体および必要なパッケージ群を必ずインストールしておいてください。

講義日程 (2020年度)

- 2020年04月07日 (PC使用)
講師：門田 幸二
講義資料PDF(最終更新：2020.03.xx)
(Rで)塩基配列解析
(Rで)塩基配列解析のサブ
RStudio
- 2020年04月14日 (PC使用)
講師：児玉 悠一
- 2020年04月21日 (PC使用)
講師：森 宙史
- 2020年04月28日 (PC使用)
講師：森 宙史

Contents

- Introduction、(Rで)塩基配列解析、(Rで)塩基配列解析のサブ
- 基本的な利用法、RStudioの起動、見栄えの統一、終了
- Console画面の見栄え、設定変更、枠の幅、電卓的な利用
- プロンプト(>)、Console画面クリア、計算の中断
- 翻訳配列取得
 - 項目と例題、入力ファイルの保存、作業ディレクトリの変更
 - 入力ファイルの確認、FASTA形式、コピー実行、出力ファイルの確認
- フィルタリング(任意のキーワードを含む行を抽出)
 - 全体像の把握、入力ファイルの保存、コピー実行、出力ファイルの確認
 - Winユーザ向け注意点、応用
- 警告メッセージ、ありがちなミス

Introduction1

- 04月13日月曜日(17:15-20:30)、門田幸二(かどた こうじ)
 - バイオインフォマティクスのイントロダクション
 - データ解析環境RStudioの基本的な利用法
- 04月14日火曜日(17:15-20:30)、児玉悠一(こだま ゆういち)
 - 生命科学における公共データベース全般
- 04月21日火曜日(17:15-20:30)、森 宙史(もり ひろし)
 - メタゲノム解析の基礎と応用
- 04月28日火曜日(17:15-20:30)、森 宙史(もり ひろし)
 - メタゲノム解析の基礎と応用

Introduction2

講義予定。全てPC使用予定です。2004年の設立当初からのアグリバイオの全体方針は「Rをなるべく利用」です。①教育プログラム、②各講義のページから見られる、③赤枠内の講義科目のうち…

The screenshot shows the website interface with several red arrows and boxes highlighting specific areas:

- Arrow 1:** Points to the '教育プログラム' (Education Program) link in the left sidebar.
- Arrow 2:** Points to the '各講義のページ' (Each Lecture Page) link in the top navigation bar.
- Arrow 3:** Points to the '各講義のページ' (Each Lecture Page) section, which is enclosed in a red border.

The '各講義のページ' section contains the following content:

(科目名をクリックすると各講義のページに移動します)

先端トピックス	農学生命情報科学特別演習			
セミナー・討論形式 研究指導	農学生命情報科学特論 I	農学生命情報科学特論 II	農学生命情報科学特論 III	農学生命情報科学特論 IV
方法論	生物配列統計学 システム生物学概論 知識情報処理論 オーム情報解析 機能ゲノム学 分子モデリングと分子シミュレーション フィールドインフォマティクス			
基礎	ゲノム情報解析基礎 構造バイオインフォマティクス基礎 生物配列解析基礎 バイオスタティスティクス基礎論			

東京大学大学院農学系
アグリバイオ
Agricultural Bioinformatics

教育プログラム

- ▼ プログラム概要
- ▼ 講義について
- ▼ 受講について
- ▼ 各講義のページ
- ▼ スケジュール

プログラム概要

本プログラムで開講する講義科目は()に分けられます。カテゴリーと

カテゴリー	目的
基礎	主にバイオインフォマティクス。生命科学のためのツールとして利用した様々なツ
方法論	「基礎」の科目を土台として、手法、質量分析法など。データ解析やモデル選択、分子シミュレーション(加)について解説し



お知らせ

- ▶ 2019年度の受講希望者は2019年4月5日までに事務局までお越しください。
- ▶ 2019年度受講生募集要項は [こちら](#) (PDF) です。 **NEW!!**
- ▶ 受講に関する質問はまずこちらをごらんください。
Q & A集(本学の大学院生の方)
Q & A集(本学の大学院生以外の方)
- ▶ 成績証明書の発行を希望される方は申込用紙「Word形式、PDF形式」を事務局までご連絡ください。



Introduction3

講義予定。全てPC使用予定です。2004年の設立当初からのアグリバイオの全体方針は「Rをなるべく利用」です。①教育プログラム、②各講義のページから見られる、③赤枠内の講義科目のうち…少なくとも8科目でデータ解析環境Rを利用予定。

東京大学大学院農学系
アグリバイオ
Agricultural Bioinformatics

ようこそ!! アグリバイオ教育研究ユニット

お知らせ

- ▶ 2019年度の受講希望者は2019年4月5日までに事務局までお越しください。
- ▶ 2019年度受講生募集要項は [こちら](#) (PDF) です。 **NEW!!**
- ▶ 受講に関する質問はまずこちらをごらんください。
Q & A集(本学の大学院生の方)
Q & A集(本学の大学院生以外の方)
- ▶ 成績証明書の発行を希望される方は申込用紙「Word形式、PDF形式」事務局までご連絡ください。

カテゴリー	目的
基礎	主にバイオインフォマティクス。生命科学のためのツールやソフトウェアを利用した様々なツールの活用。
方法論	「基礎」の科目を土台として、解析手法、質量分析法など最新の解析手法やモデル選択、分子シミュレーション(加)について解説し、実践的なスキルを身につける。

各講義のページ

(科目名をクリックすると各講義のページに移動します)

先端トピックス セミナー・討論形式 研究指導	農学生命情報科学特別演習			
	農学生命情報科学特論 I	農学生命情報科学特論 II	農学生命情報科学特論 III	農学生命情報科学特論 IV
方法論 講義・実習を一体化	生物配列統計学	システム生物学概論	知識情報処理論	
	オーム情報解析	機能ゲノム学	分子モデリングと分子シミュレーション	
	フィールドインフォマティクス			
基礎 講義・実習を一体化	ゲノム情報解析基礎	構造バイオインフォマティクス基礎		
	生物配列解析基礎	バイオスタティスティクス基礎論		

③

Introduction4

講義予定。全てPC使用予定です。2004年の設立当初からのアグリバイオの全体方針は「Rをなるべく利用」です。①教育プログラム、②各講義のページから見られる、③赤枠内の講義科目のうち…少なくとも8科目でデータ解析環境Rを利用予定。プログラミング言語としては、④「生物配列解析基礎」でPerlの基礎を…

東京大学大学院農学系
アグリバイオ
Agricultural Bioinformatics

教育プログラム

▼ プログラム概要 ▼ 講義について ▼ 受講について
▼ スケジュール

ようこそ!! アグリバイオ教育研究ユニット

お知らせ

- ▶ 2019年度の受講希望者は2019年4月5日までに事務局までお越しください。
- ▶ 2019年度受講生募集要項は [こちら](#) (PDF) です。 **NEW!!**
- ▶ 受講に関する質問はまずこちらをごらんください。
Q & A集(本学の大学院生の方)
Q & A集(本学の大学院生以外の方)
- ▶ 成績証明書の発行を希望される方は申込用紙「Word形式、PDF形式」事務局までご連絡ください。

カテゴリー	目的
基礎	主にバイオインフォマティクス。生命科学のためのデータ解析環境Rを利用した様々なツールやソフトウェアの活用。
方法論	「基礎」の科目を土台として、システム生物学概論、質量分析法など、データ解析環境Rを利用した様々なツールやソフトウェアの活用。

各講義のページ

(科目名をクリックすると各講義のページに移動します)

先端トピックス セミナー・討論形式研究指導	農学生命情報科学特別演習			
	農学生命情報科学特論 I	農学生命情報科学特論 II	農学生命情報科学特論 III	農学生命情報科学特論 IV
方法論 講義・実習を一体化	生物配列統計学 システム生物学概論 知識情報処理論 オーム情報解析 機能ゲノム学 分子モデリングと分子シミュレーション フィールドインフォマティクス			
	基礎 講義・実習を一体化	ゲノム解析基礎	構造バイオインフォマティクス基礎	バイオスタティスティクス基礎論

④ 生物配列解析基礎

Introduction5

講義予定。全てPC使用予定です。2004年の設立当初からのアグリバイオの全体方針は「Rをなるべく利用」です。①教育プログラム、②各講義のページから見られる、③赤枠内の講義科目のうち…少なくとも8科目でデータ解析環境Rを利用予定。プログラミング言語としては、④「生物配列解析基礎」でPerlの基礎を、そして⑤「農学生命情報科学特論I」でPythonをみっちり教える予定です。昨年度までとは講義内容が異なりますのでご注意ください。

東京大学大学院農学系研究センター
アグリバイオ
Agricultural Bioinformatics

教育プログラム

▼ プログラム概要 ▼ 講義について ▼ 受講について
▼ スケジュール

プログラム概要

本プログラムで開講する講義科目は(科目名をクリック)

カテゴリー	目的
基礎	主にバイオインフォマティクス。生命科学のためのデータ解析環境Rを利用した様々なツールの活用。
方法論	「基礎」の科目を土台として、手法、質量分析法などを用いた解析やモデル選択、分子モデリングなどについて解説します。

お知らせ

- ▶ 2019年度の受講希望者は2019年4月5日までに事務局までお越しください。
- ▶ 2019年度受講生募集要項はこちら(PDF)です。NEW!!
- ▶ 受講に関する質問はまずこちらをごらんください。
Q & A集(本学の大学院生の方)
Q & A集(本学の大学院生以外の方)
- ▶ 成績証明書の発行を希望される方は申込用紙「Word形式、PDF形式」事務局までご連絡ください。

各講義のページ

(科目名をクリック)

先端トピックス セミナー・討論形式 研究指導	農学生命情報科学特別演習			
	農学生命情報科学特論 I	農学生命情報科学特論 II	農学生命情報科学特論 III	農学生命情報科学特論 IV
方法論 講義・実習を一体化	生物配列統計学 システム生物学概論 知識情報処理論 オーム情報解析 機能ゲノム学 分子モデリングと分子シミュレーション フィールドインフォマティクス			
	基礎 講義・実習を一体化	ゲノム解析基礎 構造バイオインフォマティクス基礎 生物配列解析基礎 バイオスタティスティクス基礎論		

Introduction6

バイオインフォマティクスのリテラシー（活用能力）として、**教えたことと実際に教えられることには多少乖離があります。**

■ 主な制約

- 主に大学院講義の枠組みで行っているため、講義として成立させる必要性。
- バイオインフォマティクスを学ぶ上でLinux習得は基本だと思っているが、アグリバイオ固有の問題（受講人数は非常に多いが、講義補助が非常に少ない）のために、講義の枠組みで**Linuxスキルを実用上使えるレベルまで引き上げることは事実上不可能**。また、多数派を占める実験系の修士1年の学生の多くは、そこまでのレベルを求めている。
- 特に受講人数の多い基礎系科目では、**ウェブツールの利用も困難**。1つのサイトに同時期にアクセスすることになるため、実行結果が得られないヒトが続出してしまう。

Introduction7

バイオインフォマティクスのリテラシー（活用能力）として、教えたことと実際に教えられることには多少乖離があります。バイオインフォ全般については、①の参考書をご覧ください。

参考図書

藤博幸・編、よくわかるバイオインフォマティクス入門、講談社、2018
坊農秀雅・小野浩雅・監修、生命科学データベース・ウェブツール、MEDSI、2018
坊農秀雅、生命科学者のためのデータ解析実践道場、MEDSI、2019
長田直樹、進化で読み解くバイオインフォマティクス入門、森北出版、2019



お知らせ

講義では、Rの様々なパッケージを利用します。
持ち込み用PC利用希望者は [インストール | について](#) を参考にしてR本体および必要なパッケージ群を必ずインストールしておいてください。

講義日程（2020年度）

- 2020年04月07日（PC使用）
講師：門田 幸二
講義資料PDF(最終更新：2020.03.xx)
(Rで)塩基配列解析
(Rで)塩基配列解析のサブ
RStudio
- 2020年04月14日（PC使用）
講師：児玉 悠一
- 2020年04月21日（PC使用）
講師：森 宙史
- 2020年04月28日（PC使用）
講師：森 宙史

参考図書

藤博幸・編、よくわかるバイオインフォマティクス入門、講談社、2018
坊農秀雅・小野浩雅・監修、生命科学データベース・ウェブツール、MEDSI、2018
坊農秀雅、生命科学者のためのデータ解析実践道場、MEDSI、2019
長田直樹、進化で読み解くバイオインフォマティクス入門、森北出版、2019

お知らせ

講義では、Rの様々なパッケージを利用します。
持ち込み用PC利用希望者は [インストール | について](#) を参考にしてR本体および必要なパッケージ群を必ずインストールしておいてください。

講義日程（2020年度）

- 2020年04月07日（PC使用）
講師：門田 幸二
講義資料PDF(最終更新：2020.03.xx)
(Rで)塩基配列解析
(Rで)塩基配列解析のサブ
RStudio
- 2020年04月14日（PC使用）
講師：児玉 悠一
- 2020年04月21日（PC使用）
講師：森 宙史
- 2020年04月28日（PC使用）
講師：森 宙史

Contents

- Introduction、(Rで)塩基配列解析、(Rで)塩基配列解析のサブ
- 基本的な利用法、RStudioの起動、見栄えの統一、終了
- Console画面の見栄え、設定変更、枠の幅、電卓的な利用
- プロンプト(>)、Console画面クリア、計算の中断
- 翻訳配列取得
 - 項目と例題、入力ファイルの保存、作業ディレクトリの変更
 - 入力ファイルの確認、FASTA形式、コピー実行、出力ファイルの確認
- フィルタリング(任意のキーワードを含む行を抽出)
 - 全体像の把握、入力ファイルの保存、コピー実行、出力ファイルの確認
 - Winユーザ向け注意点、応用
- 警告メッセージ、ありがちなミス

(Rで)塩基配列解析1

2. ゲノム情報解析基礎 | アグリバイ | ×

保護されていない通信 | iu.a.u-tokyo.ac.jp/lectures/AG02/

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ユニット
Agricultural Bioinformatics Research Unit

ホーム > 教育プログラム > 各講義のページ > 2. ゲノム情報解析基礎

2. ゲノム情報解析基礎

授業の目標・概要

次世代シーケンサーの普及により、ゲノム情報を基盤とした膨大な塩基配列情報を自在に解析するスキルが要求される時代になっています。本科目では、データ解析環境（主にR）・公共塩基配列データベース全般、そしてメタゲノム解析に関する実習を併せて行います。

担当教員

門田幸二（農大・農・アグリバイオ / 准教授）
児玉悠一（国立遺伝学研究所 / 特任研究員）
森宙史（国立遺伝学研究所 / 助教）

参考図書

藤博幸・編、よくわかるバイオインフォマティクス入門、講談社、2018
坊農秀雅・小野浩雅・監修、生命科学データベース・ウェブツール、MEDSI、2018
坊農秀雅、生命科学者のためのデータ解析実践道場、MEDSI、2019
長田直樹、進化で読み解くバイオインフォマティクス入門、森北出版、2019

お知らせ

講義では、Rの様々なパッケージを利用します。
持ち込み用PC利用希望者は [インストール | について](#) を参考にしてR本体および必要なパッケージ群を必ずインストールしておいてください。

講義日程（2020年度）

- 2020年04月07日（PC使用）
講師：門田 幸二
講義資料PDF(最終更新：2020.03.xx)
(Rで)塩基配列解析
(Rで)塩基配列解析のサブ
RStudio
- 2020年04月14日（PC使用）
講師：児玉 悠一
- 2020年04月21日（PC使用）
講師：森 宙史
- 2020年04月28日（PC使用）
講師：森 宙史

参考図書

藤博幸・編、よくわかるバイオインフォマティクス入門、講談社、2018
坊農秀雅・小野浩雅・監修、生命科学データベース・ウェブツール、MEDSI、2018
坊農秀雅、生命科学者のためのデータ解析実践道場、MEDSI、2019
長田直樹、進化で読み解くバイオインフォマティクス入門、森北出版、2019

お知らせ

講義では、Rの様々なパッケージを利用します。
持ち込み用PC利用希望者は [インストール | について](#) を参考にしてR本体および必要なパッケージ群を必ずインストールしておいてください。

講義日程（2020年度）

- 2020年04月07日（PC使用）
講師：門田 幸二
講義資料PDF(最終更新：2020.03.xx)
(Rで)塩基配列解析
(Rで)塩基配列解析のサブ
RStudio
- 2020年04月14日（PC使用）
講師：児玉 悠一
- 2020年04月21日（PC使用）
講師：森 宙史
- 2020年04月28日（PC使用）
講師：森 宙史

(Rで)塩基配列解析2

①をクリック。こんな感じになります。②は、主にRでゲノム・トランスクリプトーム解析を行うために作り込んできたウェブサイト。

(Rで)塩基配列解析

保護されていない通信 | iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html#

(Rで)塩基配列解析

(last modified 2020/03/06, since 2010)

このウェブページのR関連部分は、[インストール | についての推奨手順](#) (Windows2019.10.09版とMacintosh2020.03.02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](#)(Windowsの2020.03.06版のPPTXとPDF ; Macintosh2019.03.12版)で自習してください。2018年7月に(Rで)塩基配列解析の一部(講習会・書籍・学会誌など)を切り分けて[サブページ](#)に移行しました。(2018/07/18)

What's new? ([過去のお知らせはこちら](#))

- 2020年の[アグリバイオインフォマティクス教育研究プログラム](#)の受講ガイダンスは、2020年4月3日(Fri.)17:15より東大農学部2号館2階化学第一講義室で開催します。東京大学の学生以外で受講を希望される方は[申請要項](#) (Word、PDF)をご確認の上、2020年3月19日(木)までにお申込みください。合格者には2020年[トップページ](#)までに通知します。昨年度から引き続き受講される場合も、東京大学の学生以外の方は申請が必要ですのでご注意ください

(Rで)塩基配列解析3

①をクリック。こんな感じになります。②は、主にRでゲノム・トランスクリプトーム解析を行うために作り込んできたウェブサイト。アグリバイオ貸与PCは、③R本体とパッケージ群のインストール済み。④のリンク先は…

(Rで)塩基配列解析

保護されていない通信 | iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html#

(Rで)塩基配列解析

(last modified 2020/03/06, since 2010)

このウェブページのR関連部分は、[インストール | についての推奨手順 \(Windows2019.10.09版とMacintosh2020.03.02版\)](#)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](#)(Windowsの2020.03.06版のPPTXとPDF ; [Macintosh2019.03.12版](#))で自習してください。2018年7月に[\(Rで\)塩基配列解析](#)の一部(講習会・書籍・学会誌など)を切り分けて[サブページ](#)に移行しました。(2018/07/18)

What's new? ([過去のお知らせはこちら](#))

- 2020年の[アグリバイオインフォマティクス教育研究プログラム](#)の受講ガイダンスは、2020年4月3日(Fri.)17:15より東大農学部2号館2階化学第一講義室で開催します。東京大学の学生以外で受講を希望される方は[申請要項 \(Word、PDF\)](#)をご確認の上、2020年3月19日(木)までにお申込みください。合格者には2020年[トップページ](#)までに通知します。昨年度から引き続き受講される場合も、東京大学の学生以外の方は申請が必要ですのでご注意ください

Contents

- Introduction、(Rで)塩基配列解析、(Rで)塩基配列解析のサブ
- 基本的な利用法、RStudioの起動、見栄えの統一、終了
- Console画面の見栄え、設定変更、枠の幅、電卓的な利用
- プロンプト(>)、Console画面クリア、計算の中断
- 翻訳配列取得
 - 項目と例題、入力ファイルの保存、作業ディレクトリの変更
 - 入力ファイルの確認、FASTA形式、コピー実行、出力ファイルの確認
- フィルタリング(任意のキーワードを含む行を抽出)
 - 全体像の把握、入力ファイルの保存、コピー実行、出力ファイルの確認
 - Winユーザ向け注意点、応用
- 警告メッセージ、ありがちなミス

サブ1



(Rで)塩基配列解析

(last modified 2020/03/06, since 2010)

このウェブページのR関連部分は、[インストール | についての推奨手順 \(Windows2019.10.09版とMacintosh2020.03.02版\)](#)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](#)(Windowsの2020.03.06版のPPTXとPDF ; [Macintosh2019.03.12版](#))で習ってください。2018年7月に[\(Rで\)塩基配列解析の一部 \(講習会・書籍・学会誌など\)](#)を切り分けてサブページに移行しました。(2018/07/18)

What's new? ([過去のお知らせはこちら](#))

- 2020年の[アグリバイオインフォマティクス教育研究プログラム](#)の受講ガイダンスは、2020年4月3日(Fri.)17:15より東大農学部2号館2階化学第一講義室で開催します。東京大学の学生以外で受講を希望される方は[申請要項 \(Word、PDF\)](#)をご確認の上、2020年3月19日(木)までにお申込みください。合格者には2020年[トップページ](#)へまでに通知します。昨年度から引き続き受講される場合も、東京大学の学生以外の方は申請が必要ですのでご注意ください

サブ2

ちなみに①サブページのリンク先は、②のリンク先と同じ。最近は、クラウド解析環境(ウェブツール)でのNGS解析の教材を提供しています。

The screenshot shows a web browser window with the URL ru.a.u-tokyo.ac.jp/lectures/AG02/. The page title is '2. ゲノム情報解析基礎 | アグリバイ'. The main content area is titled '2. ゲノム情報解析基礎' and includes sections for '授業の目標・概要', '担当教員', '参考図書', 'お知らせ', and '講義日程 (2020年度)'. A red arrow points to the link '(Rで)塩基配列解析のサブ RStudio' in the '参考図書' section.

参考図書

- 藤博幸・編、よくわかるバイオインフォマティクス入門、講談社、2018
- 坊農秀雅・小野浩雅・監修、生命科学データベース・ウェブツール、MEDSi、2018
- 坊農秀雅、生命科学者のためのデータ解析実践道場、MEDSi、2019
- 長田直樹、進化で読み解くバイオインフォマティクス入門、森北出版、2019

お知らせ

講義では、Rの様々なパッケージを利用します。
持ち込み用PC利用希望者は [インストール | について](#) を参考にしてR本体および必要なパッケージ群を必ずインストールしておいてください。

講義日程 (2020年度)

- 2020年04月07日 (PC使用)
講師：門田 幸二
講義資料PDF(最終更新：2020.03.xx)
[\(Rで\)塩基配列解析](#)
[\(Rで\)塩基配列解析のサブ RStudio](#)
- 2020年04月14日 (PC使用)
講師：児玉 悠一
- 2020年04月21日 (PC使用)
講師：森 宙史
- 2020年04月28日 (PC使用)
講師：森 宙史

②

サブ3

ちなみに①サブページのリンク先は、②のリンク先と同じ。最近は、クラウド解析環境(ウェブツール)でのNGS解析の教材を提供しています。③サブの見た目は、さきほどのメインのページと同じです。④下矢印キーを押してページ下部に移動。

(Rで)塩基配列解析のサブ

(last modified 2020/02/23, since 2018)

ここは、[\(Rで\)塩基配列解析](#)のサブページです。メインは[こちら](#)です。

What's new?

- 2020年も[アグリバイオインフォマティクス教育研究プログラム](#)を実施します。受講ガイダンスは、2月14日(Fri.)17:15より東大農学部2号館2階化学第一講義室で開催します。東京大学の学生以外で受講を希望する方は、[申請要項](#)([Word形式](#)、[PDF形式](#))をご確認の上、2020年3月19日(木)までにお申込みください。2020年3月31日(火)までに通知します。昨年度から引き続き受講される場合も、東京大学の学生以外で受講を希望する方は、[申請要項](#)が必要になります。ご注意ください。(2020/02/23) **NEW**
- [日本乳酸菌学会誌](#)のNGS関連連載の[第14回分原稿PDF](#)を公開しました。ウェブ資料も公開しました。(2020/12/22)



サブ4

ちなみに①サブページのリンク先は、②のリンク先と同じ。最近は、クラウド解析環境(ウェブツール)でのNGS解析の教材を提供しています。③サブの見た目は、さきほどのメインのページと同じです。④下矢印キーを押してページ下部に移動。このあたり(項目名が並んでいる最後のほう)。

(Rで)塩基配列解析のサブ × +
← → ↻ ⓘ 保護されていない通信 | iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq2.html

- 書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | [第3回Linux環境構築からNGSデータ取得まで](#) (last modified 2018/05/10)
- 書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | [第4回クオリティコントロールとプログラムのイ](#) (last modified 2018/05/10)
- 書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | [第5回アセンブル、マッピング、そしてQC](#) (last modified 2017/06/25)
- 書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | [第6回ゲノムアセンブリ](#) (last modified 2017/06/21)
- 書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | [第7回ロングリードアセンブリ](#) (last modified 2017/06/28)
- 書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | [第8回アセンブリ後の解析](#) (last modified 2017/06/28)
- 書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | [第9回ゲノムアノテーションとその可視化、DDBJへの登録](#) (last modified 2017/03/13)
- 書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | [第10回DDBJへの塩基配列の登録\(後編\)](#) (last modified 2017/06/28)
- 書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | [第11回統合データ解析環境Galaxy](#) (last modified 2017/11/13)
- 書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | [第12回Galaxy: ヒストリーとワークフロー](#) (last modified 2018/07/04)
- 書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | [第13回RNA-seq解析 \(その1\)](#) (last modified 2019/04/05)
- 書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | [第14回RNA-seq解析 \(その2\)](#) (last modified 2019/12/23)
- 書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | [第15回RNA-seq解析 \(その3\)](#) (last modified 2019/11/26)



サブ5

①がクラウド解析環境(ウェブツール Galaxy)でNGS解析を行う解説記事。

(Rで)塩基配列解析のサブ × +

保護されていない通信 | iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq2.html ゲスト

- 書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | [第3回Linux環境構築からNGSデータ取得まで](#) (last modified 2017/07/02)
- 書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | [第4回クオリティコントロールとプログラムのインストール](#) (last modified 2018/05/10)
- 書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | [第5回アセンブル、マッピング、そしてQC](#) (last modified 2017/06/25)
- 書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | [第6回ゲノムアセンブリ](#) (last modified 2017/06/21)
- 書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | [第7回ロングリードアセンブリ](#) (last modified 2017/06/28)
- 書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | [第8回アセンブリ後の解析](#) (last modified 2017/06/28)
- 書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | [第9回ゲノムアノテーションとその可視化、DDBJへの登録](#) (last modified 2017/03/13)
- 書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | [第10回DDBJへの塩基配列の登録\(後編\)](#) (last modified 2017/06/28)
- 書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | [第11回統合データ解析環境Galaxy](#) (last modified 2017/11/13)
- 書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | [第12回Galaxy: ヒストリーとワークフロー](#) (last modified 2018/07/04)
- 書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | [第13回RNA-seq解析 \(その1\)](#) (last modified 2019/04/05)
- 書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | [第14回RNA-seq解析 \(その2\)](#) (last modified 2019/12/23)
- 書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | [第15回RNA-seq解析 \(その3\)](#) (last modified 2019/11/26)

[トップページへ](#)

サブ6

①がクラウド解析環境(ウェブツール Galaxy)でNGS解析を行う解説記事。②のタイトルにあるDDBJ(DNA Data Bank of Japan)を含む公共データベースの話が...

(Rで)塩基配列解析のサブ × +
← → ↻ ⓘ 保護されていない通信 | iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq2.html

- 書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | [第3回Linux環境構築からNGSデータ取得まで](#) (last modified 2017/07/02)
- 書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | [第4回クオリティコントロールとプログラムのインストール](#) (last modified 2018/05/10)
- 書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | [第5回アセンブル、マッピング、そしてQC](#) (last modified 2017/06/25)
- 書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | [第6回ゲノムアセンブリ](#) (last modified 2017/06/21)
- 書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | [第7回ロングリードアセンブリ](#) (last modified 2017/06/28)
- 書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | [第8回アセンブリ後の解析](#) (last modified 2017/06/28)
- 書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | [第9回ゲノムアノテーションとその可視化、DDBJへの登録](#) (last modified 2017/03/13)
- 書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | [第10回DDBJへの塩基配列の登録\(後編\)](#) (last modified 2017/06/28)
- 書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | [第11回統合データ解析環境Galaxy](#) (last modified 2017/11/13)
- 書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | [第12回Galaxy: ヒストリーとワークフロー](#) (last modified 2018/07/04)
- 書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | [第13回RNA-seq解析 \(その1\)](#) (last modified 2019/04/05)
- 書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | [第14回RNA-seq解析 \(その2\)](#) (last modified 2019/12/23)
- 書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | [第15回RNA-seq解析 \(その3\)](#) (last modified 2019/11/26)

[トップページへ](#)



サブ7

①がクラウド解析環境(ウェブツール Galaxy)でNGS解析を行う解説記事。②のタイトルにあるDDBJ(DNA Data Bank of Japan)を含む公共データベースの話が…、③次回の予定講義内容。

- 04月07日火曜日(17:15-20:30)、門田幸二
 - バイオインフォマティクスのイントロダクション
 - データ解析環境RStudioの基本的な利用法
- 04月14日火曜日(17:15-20:30)、児玉悠一(こだま ゆういち)
 - 生命科学における公共データベース全般
- 04月21日火曜日(17:15-20:30)、森 宙史(もり ひろし)
 - メタゲノム解析の基礎と応用
- 04月28日火曜日(17:15-20:30)、森 宙史(もり ひろし)
 - メタゲノム解析の基礎と応用



サブ8

①がクラウド解析環境(ウェブツール Galaxy)でNGS解析を行う解説記事。②のタイトルにあるDDBJ(DNA Data Bank of Japan)を含む公共データベースの話が…、③次回の予定講義内容。④の一部である、アセンブリのアルゴリズムやゲノムアノテーション関連の話が…

(Rで)塩基配列解析のサブ

保護されていない通信 | iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq2.html

- 書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | [第3回Linux環境構築からNGSデータ取得まで](#) (last modified 2018/05/10)
- 書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | [第4回クオリティコントロールとプログラムのインストール](#) (last modified 2018/05/10)
- 書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | [第5回アセンブル、マッピング、そしてQC](#) (last modified 2017/06/25)
- 書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | [第6回ゲノムアセンブリ](#) (last modified 2017/06/21)
- 書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | [第7回ロングリードアセンブリ](#) (last modified 2017/06/28)
- 書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | [第8回アセンブリ後の解析](#) (last modified 2017/06/28)
- 書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | [第9回ゲノムアノテーションとその可視化、DDBJへの登録](#) (last modified 2017/03/13)
- 書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | [第10回DDBJへの塩基配列の登録\(後編\)](#) (last modified 2017/06/28)
- 書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | [第11回統合データ解析環境Galaxy](#) (last modified 2017/11/13)
- 書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | [第12回Galaxy: ヒストリーとワークフロー](#) (last modified 2018/07/04)
- 書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | [第13回RNA-seq解析 \(その1\)](#) (last modified 2019/04/05)
- 書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | [第14回RNA-seq解析 \(その2\)](#) (last modified 2019/12/23)
- 書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | [第15回RNA-seq解析 \(その3\)](#) (last modified 2019/11/26)



[トップページへ](#)

サブ9

①がクラウド解析環境(ウェブツール Galaxy)でNGS解析を行う解説記事。②のタイトルにあるDDBJ(DNA Data Bank of Japan)を含む公共データベースの話が…、③次回の予定講義内容。④の一部である、アセンブリのアルゴリズムやゲノムアノテーション関連の話が、⑤で行われる予定(谷澤先生担当分)。

東京大学大学院農学系研究科
アグリバイオインフォマティクス
Agricultural Bioinformatics

教育プログラム

▼ プログラム概要 ▼ 講義について ▼ 受講について
▼ スケジュール

ようこそ!! アグリバイオ教育研究ユニット

お知らせ

- ▶ 2019年度の受講希望者は2019年4月5日までに事務局までお越しください。
- ▶ 2019年度受講生募集要項は [こちら](#) (PDF) です。 **NEW!!**
- ▶ 受講に関する質問はまずこちらをごらんください。
Q & A集(本学の大学院生の方)
Q & A集(本学の大学院生以外の方)
- ▶ 成績証明書の発行を希望される方は申込用紙「Word形式、PDF形式」事務局までご連絡ください。

カテゴリー	目的
基礎	主にバイオインフォマティクスを利用した様々なツールの利用法を学ぶ。
方法論	「基礎」の科目を土台として、ゲノム解析法、質量分析法など最新の解析手法やモデル選択、分子シミュレーションなどについて解説し、実践的なスキルを身につける。

各講義のページ

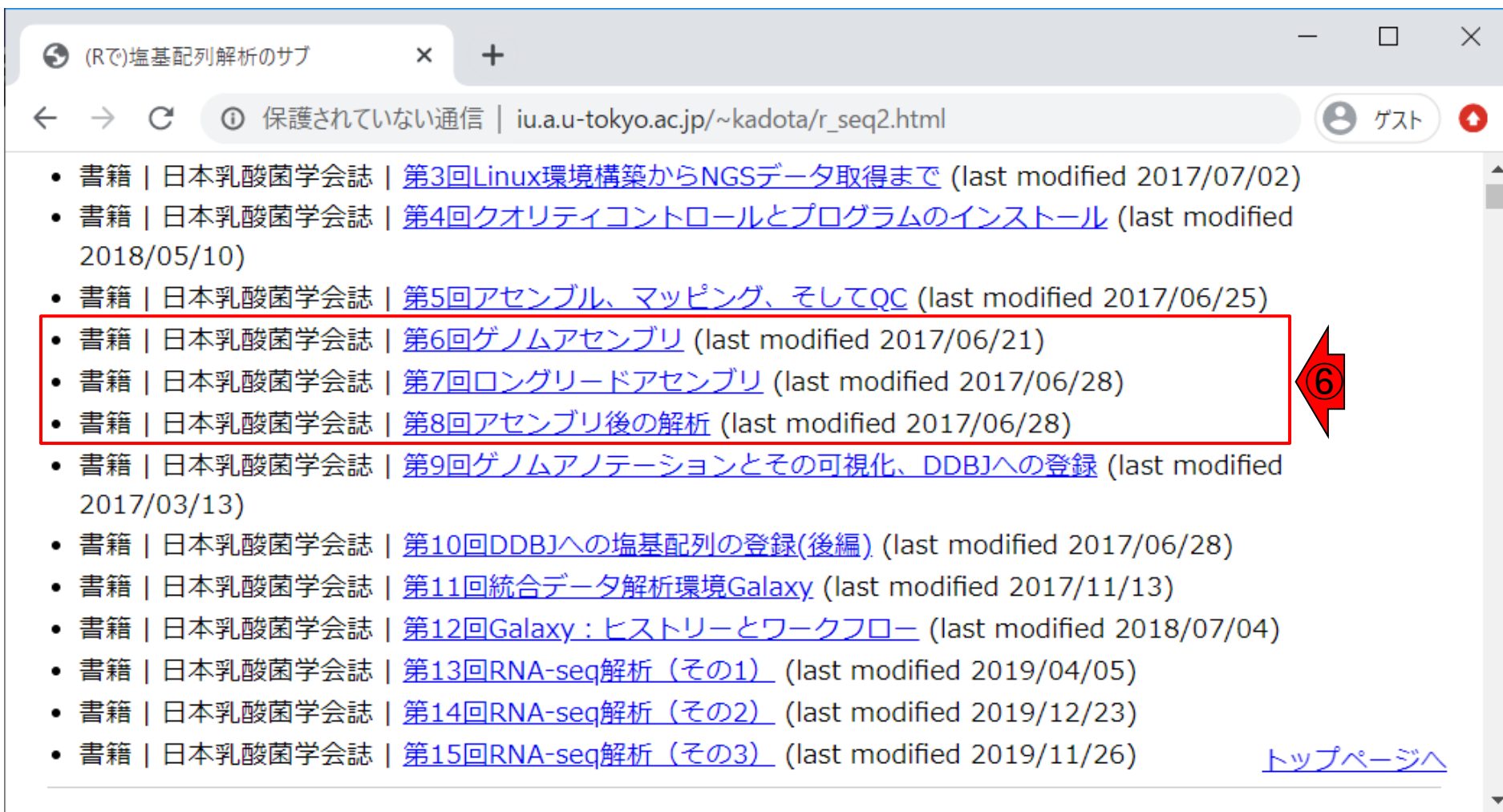
(科目名をクリックすると各講義のページに移動します)

先端トピックス セミナー・討論形式 研究指導	農学生命情報科学特別演習			
	農学生命情報科学特論 I	農学生命情報科学特論 II	農学生命情報科学特論 III	農学生命情報科学特論 IV
方法論 講義・実習を一体化	生物配列統計学	システム生物学概論	知識情報処理論	モデリングと分子シミュレーション
	オーム情報解析	機能ゲノム学	フィールドインフォマティクス	
基礎 講義・実習を一体化	ゲノム情報解析基礎			
	ゲノム情報解析基礎	構造バイオインフォマティクス基礎	生物配列解析基礎	バイオスタティスティクス基礎論



⑤

サブ10



(Rで)塩基配列解析のサブ × +

← → ↻ ⓘ 保護されていない通信 | iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq2.html ゲスト

- 書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | [第3回Linux環境構築からNGSデータ取得まで](#) (last modified 2017/07/02)
- 書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | [第4回クオリティコントロールとプログラムのインストール](#) (last modified 2018/05/10)
- 書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | [第5回アセンブル、マッピング、そしてQC](#) (last modified 2017/06/25)
- 書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | [第6回ゲノムアセンブリ](#) (last modified 2017/06/21)
- 書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | [第7回ロングリードアセンブリ](#) (last modified 2017/06/28)
- 書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | [第8回アセンブリ後の解析](#) (last modified 2017/06/28)
- 書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | [第9回ゲノムアノテーションとその可視化、DDBJへの登録](#) (last modified 2017/03/13)
- 書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | [第10回DDBJへの塩基配列の登録\(後編\)](#) (last modified 2017/06/28)
- 書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | [第11回統合データ解析環境Galaxy](#) (last modified 2017/11/13)
- 書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | [第12回Galaxy: ヒストリーとワークフロー](#) (last modified 2018/07/04)
- 書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | [第13回RNA-seq解析 \(その1\)](#) (last modified 2019/04/05)
- 書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | [第14回RNA-seq解析 \(その2\)](#) (last modified 2019/12/23)
- 書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | [第15回RNA-seq解析 \(その3\)](#) (last modified 2019/11/26)

[トップページへ](#)

サブ11

⑥に関連して、メタゲノム解析の話が、
⑦で行われる予定。ここでは、dada2と
phyloseqという二つのRパッケージを利用
予定ですが…

- 04月07日火曜日(17:15-20:30)、門田幸二(かした ゆうじ)
 - バイオインフォマティクスのイントロダクション
 - データ解析環境RStudioの基本的な利用法
- 04月14日火曜日(17:15-20:30)、児玉悠一(こだま ゆういち)
 - 生命科学における公共データベース全般
- 04月21日火曜日(17:15-20:30)、森 宙史(もり ひろし)
 - メタゲノム解析の基礎と応用
- 04月28日火曜日(17:15-20:30)、森 宙史(もり ひろし)
 - メタゲノム解析の基礎と応用



サブ12

⑥に関連して、メタゲノム解析の話が、⑦で行われる予定。ここでは、dada2とphyloseqという二つのRパッケージを利用予定ですが、⑧のほうの、⑨の手順通りに作業を行えば、これらのパッケージも自動的にインストールされます。

(Rで)塩基配列解析

(last modified 2020/03/06, since 2010)

このウェブページのR関連部分は、[インストール | についての推奨手順](#) (Windows2019.10.09版とMacintosh2020.03.02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](#)(Windowsの2020.03.06版のPPTXとPDF ; Macintosh2019.03.12版)で自習してください。2018年7月に(Rで)塩基配列解析の一部(講習会・書籍・学会誌など)を切り分けて[サブページ](#)に移行しました。(2018/07/18)

What's new? ([過去のお知らせはこちら](#))

- 2020年の[アグリバイオインフォマティクス教育研究プログラム](#)の受講ガイダンスは、2020年4月3日(Fri.)17:15より東大農学部2号館2階化学第一講義室で開催します。東京大学の学生以外で受講を希望される方は[申請要項](#) (Word、PDF)をご確認の上、2020年3月19日(木)までにお申込みください。合格者には2020年[トップページ](#)までに通知します。昨年度から引き続き受講される場合も、東京大学の学生以外の方は申請が必要ですのでご注意ください

Contents

- Introduction、(Rで)塩基配列解析、(Rで)塩基配列解析のサブ
- 基本的な利用法、RStudioの起動、見栄えの統一、終了
- Console画面の見栄え、設定変更、枠の幅、電卓的な利用
- プロンプト(>)、Console画面クリア、計算の中断
- 翻訳配列取得
 - 項目と例題、入力ファイルの保存、作業ディレクトリの変更
 - 入力ファイルの確認、FASTA形式、コピー実行、出力ファイルの確認
- フィルタリング(任意のキーワードを含む行を抽出)
 - 全体像の把握、入力ファイルの保存、コピー実行、出力ファイルの確認
 - Winユーザ向け注意点、応用
- 警告メッセージ、ありがちなミス

基本的な利用法1

アグリバイオでは、赤枠で示す多くの科目でデータ解析環境Rを利用予定なので...

The screenshot shows the website's navigation structure. Red arrows and boxes indicate the following steps:

- ①** Click on the "教育プログラム" (Education Program) menu item in the left sidebar.
- ②** Click on "各講義のページ" (Each Lecture Page) in the top navigation bar.
- ③** Click on "農学生命情報科学特論 IV" (Advanced Topics in Agricultural and Life Information Science IV) in the "各講義のページ" section.

The "各講義のページ" section contains the following course listings:

- 先端トピックス** (Advanced Topics): セミナー・討論形式研究指導
- 農学生命情報科学特別演習** (Advanced Topics in Agricultural and Life Information Science Special Exercises):
 - 農学生命情報科学特論 I
 - 農学生命情報科学特論 II
 - 農学生命情報科学特論 III
 - 農学生命情報科学特論 IV (highlighted with a red box)
- 方法論** (Methodology): 講義・実習を一体化
 - 生物配列統計学 (highlighted with a red box)
 - システム生物学概論
 - 知識情報処理論 (highlighted with a red box)
 - オーム情報解析 (highlighted with a red box)
 - 機能ゲノム学 (highlighted with a red box)
 - 分子モデリングと分子シミュレーション
 - フィールドインフォマティクス (highlighted with a red box)
- 基礎** (Basic): 講義・実習を一体化
 - ゲノム情報解析基礎 (highlighted with a red box)
 - 構造バイオインフォマティクス基礎
 - 生物配列解析基礎 (highlighted with a red box)
 - バイオスタティスティクス基礎論 (highlighted with a red box)

カテゴリー	目的
基礎	主にバイオインフォマティクスを利用した様々なツールの利用法、質量分析法などを利用した様々なツールの利用法、モデル選択、分子シミュレーションなどについて解説します。
方法論	「基礎」の科目を土台として、システム生物学概論、知識情報処理論、オーム情報解析、機能ゲノム学、分子モデリングと分子シミュレーション、フィールドインフォマティクスなどについて解説します。

お知らせ

- ▶ 2019年度の受講希望者は2019年4月5日までに事務局までお越しください。
- ▶ 2019年度受講生募集要項は [こちら](#) (PDF) です。 **NEW!!**
- ▶ 受講に関する質問はまずこちらをごらんください。
Q & A集(本学の大学院生の方)
Q & A集(本学の大学院生以外の方)
- ▶ 成績証明書の発行を希望される方は申込用紙「Word形式、PDF形式」事務局までご連絡ください。

基本的な利用法2

アグリバイオでは、赤枠で示す多くの科目でデータ解析環境Rを利用予定なので、以降は、④で提供している、⑤「基本的な利用法」とほぼ同じ内容を伝授していきます。

(Rで)塩基配列解析

保護されていない通信 | iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html#

(Rで)塩基配列解析 ④

(last modified 2020/03/06, since 2010)

このウェブページのR関連部分は、[インストール | についての推奨手順 \(Windows2019.10.09版とMacintosh2020.03.02版\)](#)に⑤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](#)(Windowsの2020.03.06版のPPTXとPDF ; [Macintosh2019.03.12版](#))で自習してください。2018年7月に(Rで)塩基配列解析の一部(講習会・書籍・学会誌など)を切り分けてサブページに移行しました。(2018/07/18)

What's new? (過去のお知らせはこちら)

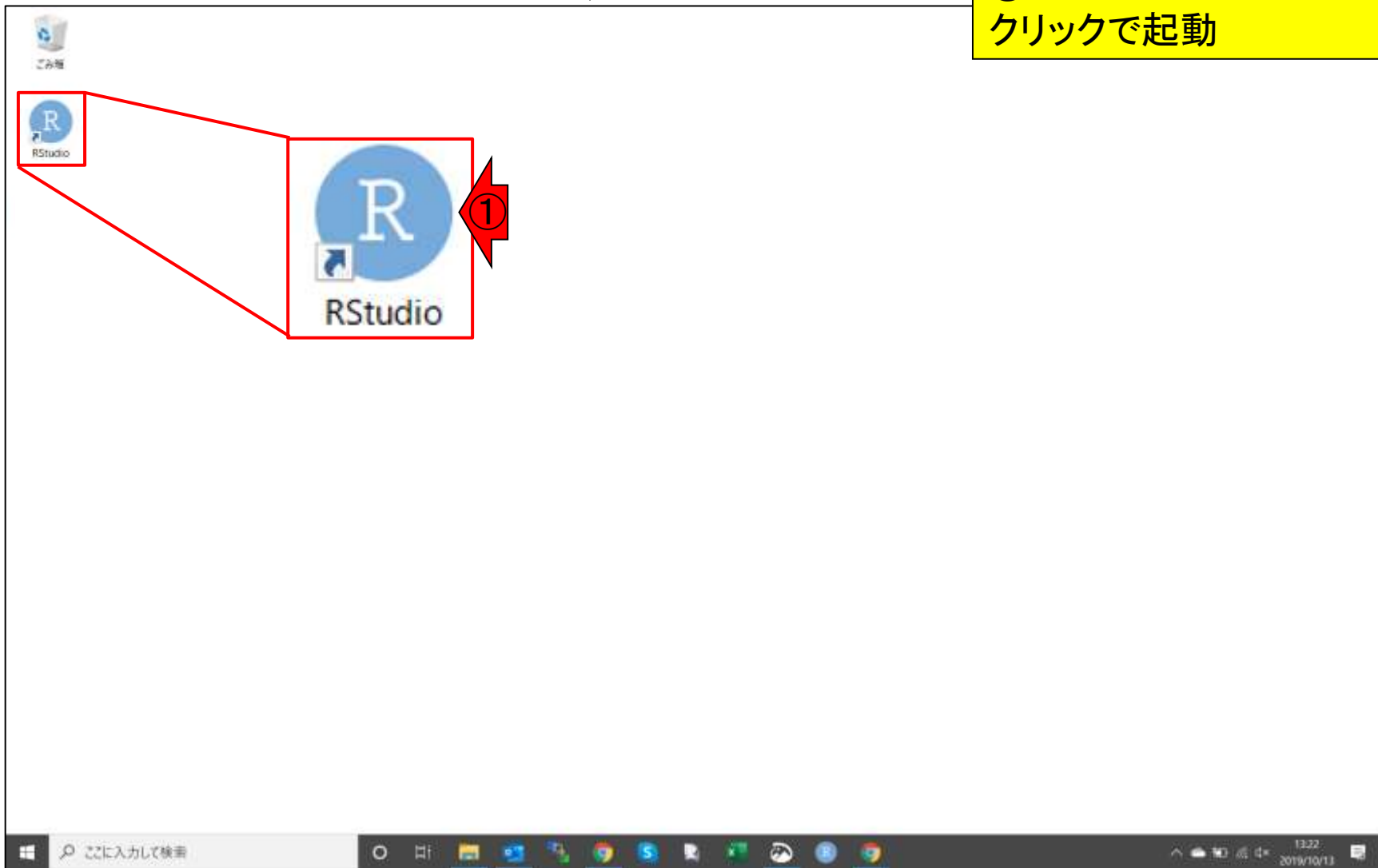
- 2020年の[アグリバイオインフォマティクス教育研究プログラム](#)の受講ガイダンスは、2020年4月3日(Fri.)17:15より東大農学部2号館2階化学第一講義室で開催します。東京大学の学生以外で受講を希望される方は申請要項([Word](#)、[PDF](#))をご確認の上、2020年3月19日(木)までにお申込みください。合格者には2020年[トップページ](#)へまでに通知します。昨年度から引き続き受講される場合も、東京大学の学生以外の方は申請が必要ですのでご注意ください

Contents

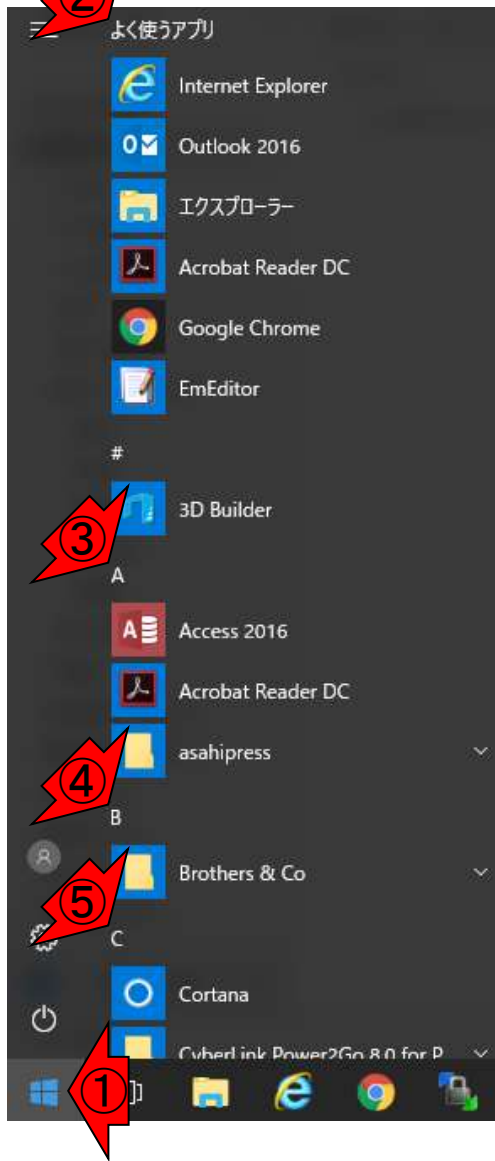
- Introduction、(Rで)塩基配列解析、(Rで)塩基配列解析のサブ
- 基本的な利用法、RStudioの起動、見栄えの統一、終了
- Console画面の見栄え、設定変更、枠の幅、電卓的な利用
- プロンプト(>)、Console画面クリア、計算の中断
- 翻訳配列取得
 - 項目と例題、入力ファイルの保存、作業ディレクトリの変更
 - 入力ファイルの確認、FASTA形式、コピー実行、出力ファイルの確認
- フィルタリング(任意のキーワードを含む行を抽出)
 - 全体像の把握、入力ファイルの保存、コピー実行、出力ファイルの確認
 - Winユーザ向け注意点、応用
- 警告メッセージ、ありがちなミス

RStudioの起動1

Windows10のデスクトップのスクショ。貸与PCのヒトは、おそらくデスクトップ上に①RStudioのアイコンがあるので、ダブルクリックで起動

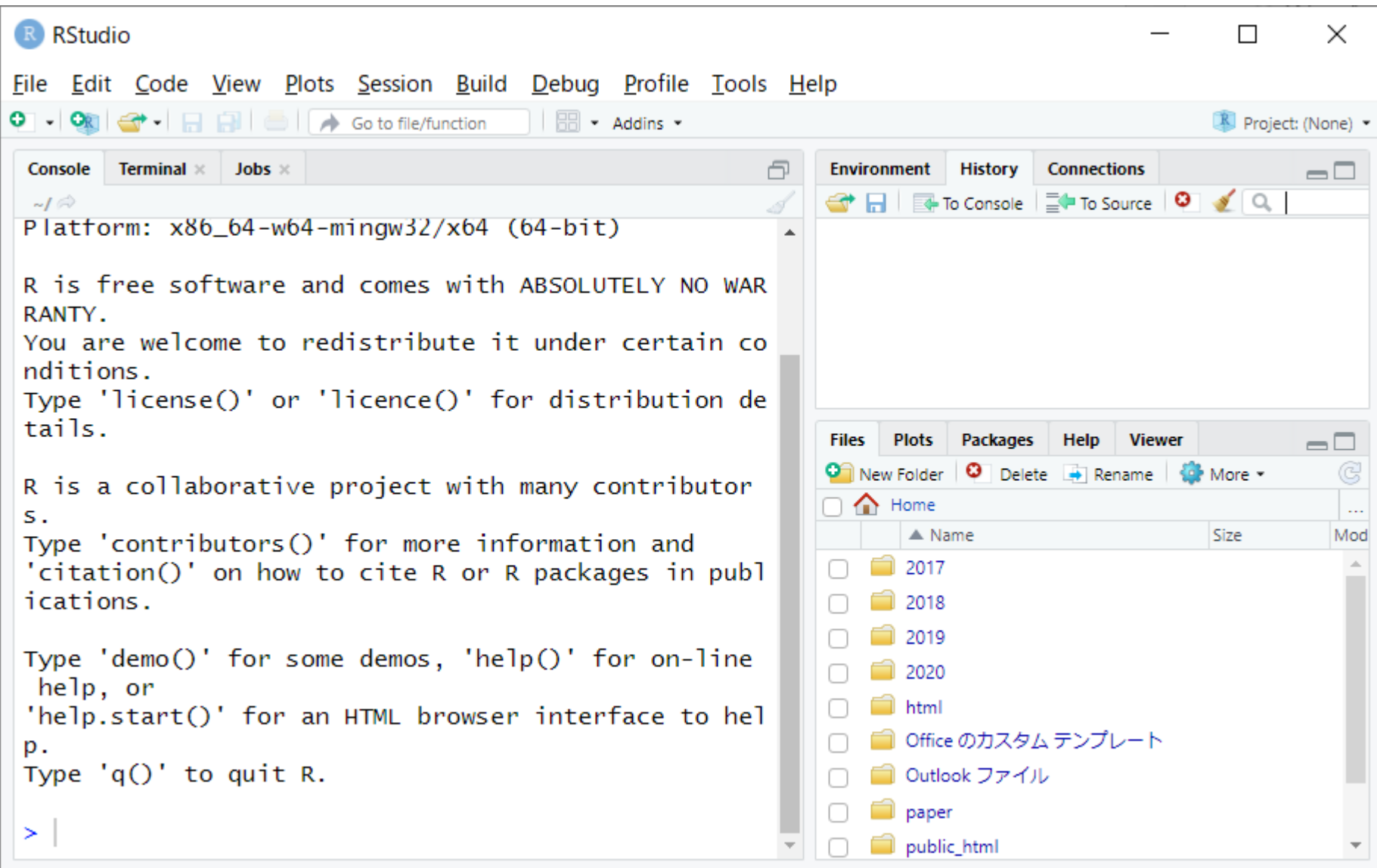


RStudioの起動2



Windows10の画面左下のあたりを表示。
②のあたりに着目して下のほうをずっと眺めていくと、③A、④B、⑤Cのようにアルファベット順になっていることがわかる。RからはじまるところにRStudioがあるはずですが。デスクトップアイコンを間違えて消してしまうヒトがいるので、その場合の対処法です。Excelについても同様に対処してください。

RStudioの起動3

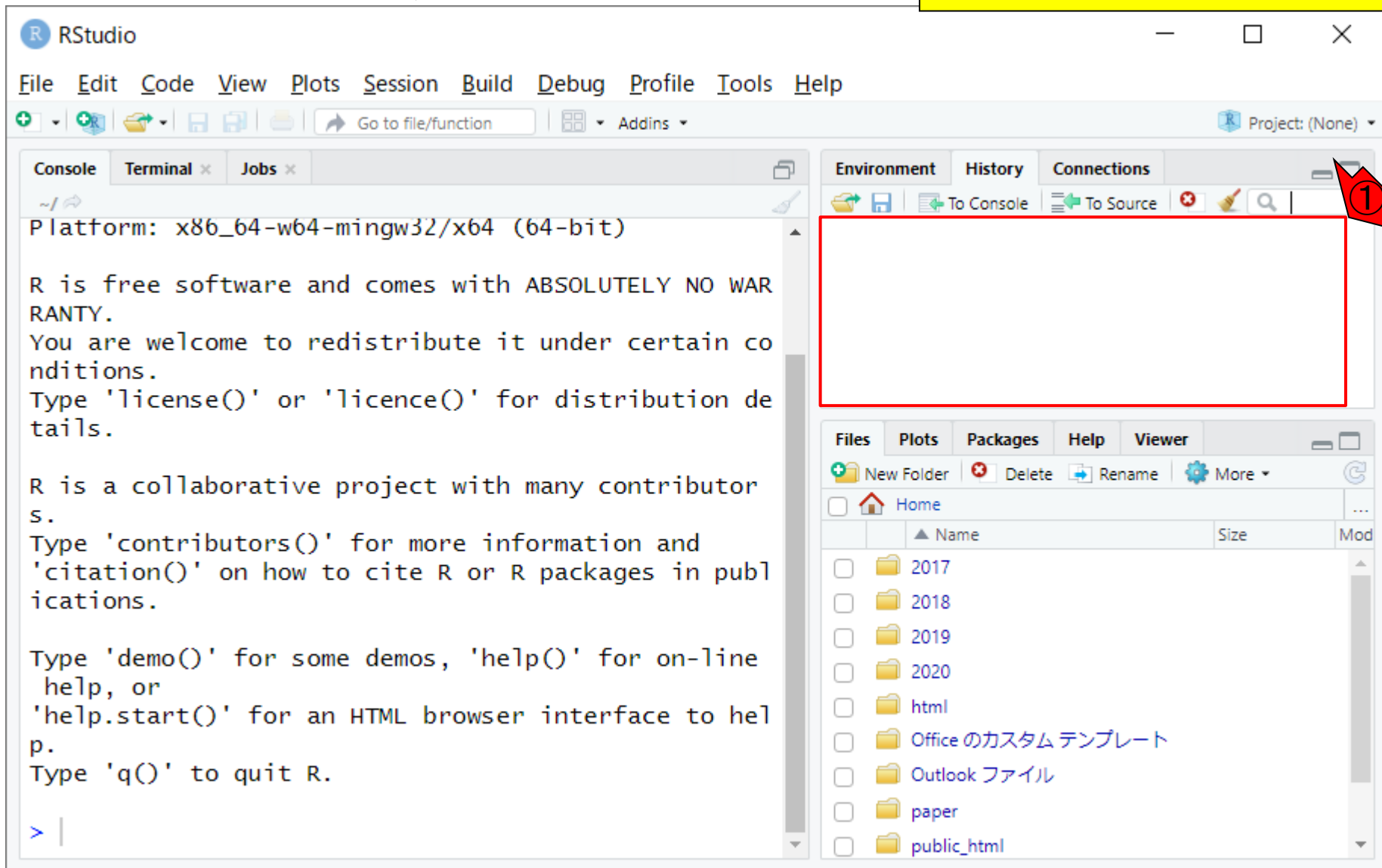


Contents

- Introduction、(Rで)塩基配列解析、(Rで)塩基配列解析のサブ
- 基本的な利用法、RStudioの起動、見栄えの統一、終了
- Console画面の見栄え、設定変更、枠の幅、電卓的な利用
- プロンプト(>)、Console画面クリア、計算の中断
- 翻訳配列取得
 - 項目と例題、入力ファイルの保存、作業ディレクトリの変更
 - 入力ファイルの確認、FASTA形式、コピー実行、出力ファイルの確認
- フィルタリング(任意のキーワードを含む行を抽出)
 - 全体像の把握、入力ファイルの保存、コピー実行、出力ファイルの確認
 - Winユーザ向け注意点、応用
- 警告メッセージ、ありがちなミス

見栄えの統一1

RStudio起動後の見え方はヒトによって異なる。赤枠内が①こんな感じになっているヒトもいれば、



見栄えの統一2

RStudio起動後の見え方はヒトによって異なる。赤枠内が①こんな感じになっているヒトもいれば、こんな感じでゴチャゴチャ文字が見えているヒトもいると思います。

The screenshot shows the RStudio interface with several panes. The top pane is the source editor, showing R code for installing BiocManager. The bottom-left pane is the console, showing help text for the BiocManager package. The bottom-right pane is the environment pane, showing the installed BiocManager package and its version (2.1.5). The code editor and environment pane are highlighted with red boxes.

```
5 install.packages("BiocManager") #BiocManager
6
7 #本番
8 BiocManager::install(param, update=F) #paramで
9
10 #後処理(ウェブサイト上で見えているバージョンと
11 BiocManager::valid(param) #TRUEはOK
12
```

```
~/
type `contributors()` for more information and
`citation()` on how to cite R or R packages in publ
ications.

Type `demo()` for some demos, `help()` for on-line
help, or
`help.start()` for an HTML browser interface to hel
p.
Type `q()` to quit R.

> |
```

```
Environment History Connections
BiocManager::install(param, update=
#後処理(ウェブサイト上で見えているページ...
BiocManager::valid(param) #TRUEはOK...
packageVersion(param) #バージョン情報...
library(rbamtools)
2.1.5
```

Name	Size	Mod
.Rhistory	11.7 KB	Oct
2017		
2018		
2019		
2020		
html		
identity	528 B	Sep
Officeのカスタム テンプレート		
Outlook ファイル		

見栄えの統一3

RStudio起動後の見え方はヒトによって異なる。赤枠内が①こんな感じになっているヒトもいれば、こんな感じでゴチャゴチャ文字が見えているヒトもいると思います。何をもちごちゃごちゃしていると言っているのかがそもそもわからんというヒトもいることは承知の上。これは、主に持込PCでこのようになっているヒト向けの話。

The screenshot displays the RStudio interface with several panes. The top pane is the source editor, showing R code for installing BiocManager. The right pane is the Environment pane, showing the loaded packages. The bottom pane is the File Explorer, showing the file system structure.

```
5 install.packages("BiocManager") #BiocManager
6
7 #本番
8 BiocManager::install(param, update=F) #paramで
9
10 #後処理(ウェブサイト上で見えているバージョンと
11 BiocManager::valid(param) #TRUEはOK
12
```

Environment pane:

```
BiocManager
#後処理
BiocManager::valid(param) #TRUEはOK
packageVersion(param) #バージョン情報
library(rbamtools)
2λ1.5
```

File Explorer:

Name	Size	Mod
.Rhistory	11.7 KB	Oct
2017		
2018		
2019		
2020		
html		
identity	528 B	Sep
Officeのカスタム テンプレート		
Outlook ファイル		

見栄えの統一4

①×を押すと、Saveするかどうか聞かれるので②Don't Save。この意味がわかっていて、Saveしたいヒトは自己責任で自由に。

The screenshot shows the RStudio interface. The top menu bar includes File, Edit, Code, View, Plots, Session, Build, Debug, Profile, Tools, and Help. The toolbar contains icons for file operations and a search bar. The main editor window shows a script with R code for installing BiocManager. A dialog box titled 'Untitled1 - Unsaved Changes' is open in the center, displaying a warning icon and the text: 'The document 'Untitled1' has unsaved changes. Do you want to save these changes?'. The 'Don't Save' button is highlighted with a red arrow labeled '2'. The background shows the console with R help text and a file browser pane on the right.

見栄えの統一5

①×を押すと、Saveするかどうか聞かれるので②Don't Save。この意味がわかっていて、Saveしたいヒトは自己責任で自由に。こんな感じになります。左下の画面が上のほうに伸びて、左側全体を占拠したような感じになっていることが（直前のスライドとの比較でなんとなく）わかります。

The screenshot shows the RStudio interface. The console pane on the left contains the following text:

```
Platform: x86_64-w64-mingw32/x64 (64-bit)

R is free software and comes with ABSOLUTELY NO WARRANTY.
You are welcome to redistribute it under certain conditions.
Type 'license()' or 'licence()' for distribution details.

R is a collaborative project with many contributors.
Type 'contributors()' for more information and
'citation()' on how to cite R or R packages in publications.

Type 'demo()' for some demos, 'help()' for on-line help, or
'help.start()' for an HTML browser interface to help.
Type 'q()' to quit R.

> |
```

The environment pane on the right shows the following objects:

```
BiocManager::install(param, update=...
#後処理(ウェブサイト上で見えているページ...
BiocManager::valid(param) #TRUEはOK...
packageVersion(param) #バージョン情報...
library(rbamtools)
2^1.5
```

The Files pane at the bottom shows a file explorer view of the Home directory with the following files and folders:

Name	Size	Mod
.Rhistory	11.7 KB	Oct
2017		
2018		
2019		
2020		
html		
Officeのカスタムテンプレート		
Outlook ファイル		
paper		

見栄えの統一6

①×次に、①を押して、赤枠内にごちゃごちゃ書かれている(記載事項はヒトによって異なる)のをすっきりさせます。

RStudio interface showing the Environment pane. The Environment pane displays the following code:

```
BiocManager::install(param, update=...
#後処理(ウェブサイト上で見えているページ...
BiocManager::valid(param) #TRUEはOK...
packageVersion(param) #バージョン情報...
library(rbamtools)
2^1.5
```

The Environment pane also shows a file browser view with the following files and folders:

Name	Size	Mod
.Rhistory	11.7 KB	Oct
2017		
2018		
2019		
2020		
html		
Officeのカスタムテンプレート		
Outlook ファイル		
paper		

見栄えの統一7

①×次に、①を押して、赤枠内にごちゃごちゃ書かれている(記載事項はヒトによって異なる)のをすっきりさせます。こんな感じになります。

The screenshot shows the RStudio interface. The top menu bar includes File, Edit, Code, View, Plots, Session, Build, Debug, Profile, Tools, and Help. Below the menu bar is a toolbar with icons for file operations and a search bar. The main window is divided into several panes:

- Console:** Displays the R startup message, including the platform (x86_64-w64-mingw32/x64 (64-bit)), the ABSOLUTELY NO WARRANTY disclaimer, and instructions on how to use R (e.g., 'license()', 'contributors()', 'demo()', 'help()').
- Environment:** Shows the current environment with tabs for Environment, History, and Connections.
- Files:** A file explorer showing the current directory structure, including folders for years (2017-2020), html, Office templates, Outlook files, paper, and public_html.

RStudioの終了

普通のソフトウェアと同様、①で終了。もし①×を押した後に、「Save workspace …」的なことを聞かれたら②Don't Save。

The screenshot shows the RStudio application window. The title bar reads 'RStudio'. The menu bar includes 'File', 'Edit', 'Code', 'View', 'Plots', 'Session', 'Build', 'Debug', 'Profile', 'Tools', and 'Help'. The toolbar contains various icons for file operations and navigation. The main console area displays the R startup message: 'Platform: x86_64-w64-mingw32/x64 (64-bit)', 'R is free software and comes with ABSOLUTELY NO WARRANTY.', and instructions on how to use R. A dialog box titled 'Quit R Session' is open in the center, asking 'Save workspace image to ~/.RData?'. The dialog has three buttons: 'Save', 'Don't Save', and 'Cancel'. A red arrow labeled '2' points to the 'Don't Save' button. Another red arrow labeled '1' points to the 'X' button in the top right corner of the RStudio window. The background shows a file explorer view with a list of folders including '2017', '2018', '2019', '2020', 'html', 'Officeのカスタム テンプレート', 'Outlook ファイル', 'paper', and 'public_html'.

Contents

- Introduction、(Rで)塩基配列解析、(Rで)塩基配列解析のサブ
- 基本的な利用法、RStudioの起動、見栄えの統一、終了
- Console画面の見栄え、設定変更、枠の幅、電卓的な利用
- プロンプト(>)、Console画面クリア、計算の中断
- 翻訳配列取得
 - 項目と例題、入力ファイルの保存、作業ディレクトリの変更
 - 入力ファイルの確認、FASTA形式、コピー実行、出力ファイルの確認
- フィルタリング(任意のキーワードを含む行を抽出)
 - 全体像の把握、入力ファイルの保存、コピー実行、出力ファイルの確認
 - Winユーザ向け注意点、応用
- 警告メッセージ、ありがちなミス

Console画面の見栄え1

おそらくまだ、貸与PCと持込PCで、① Console画面の②赤枠部分の文字の大きさや見栄えが異なっているヒトがいらっしゃると思います。

RStudio

File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help

Go to file/function Addins Project: (None)

Console Terminal x Jobs x

Environment History Connections

Files Plots Packages Help Viewer

Platform: x86_64-w64-mingw32/x64 (64-bit)

R is free software and comes with ABSOLUTELY NO WARRANTY.
You are welcome to redistribute it under certain conditions.
Type 'license()' or 'licence()' for distribution details.

R is a collaborative project with many contributors.
Type 'contributors()' for more information and
'citation()' on how to cite R or R packages in publications.

Type 'demo()' for some demos, 'help()' for on-line help, or
'help.start()' for an HTML browser interface to help.
Type 'q()' to quit R.

> |

	Name	Size	Mod
<input type="checkbox"/>	2017		
<input type="checkbox"/>	2018		
<input type="checkbox"/>	2019		
<input type="checkbox"/>	2020		
<input type="checkbox"/>	html		
<input type="checkbox"/>	Officeのカスタムテンプレート		
<input type="checkbox"/>	Outlook ファイル		
<input type="checkbox"/>	paper		
<input type="checkbox"/>	public_html		

Console画面の見栄え2

おそらくまだ、貸与PCと持込PCで、① Console画面の②赤枠部分の文字の大きさや見栄えが異なっているヒトがいらっしゃると思います。RStudioのGUI画面を③の方向で右下に広げるなどしてみてください。

The screenshot shows the RStudio interface. The top menu bar includes File, Edit, Code, View, Plots, Session, Build, Debug, Profile, Tools, and Help. Below the menu bar is a toolbar with icons for file operations and a search bar. The main workspace is divided into several panes: Environment, History, Connections, Files, Plots, Packages, Help, and Viewer. The Console pane is active and displays the following text:

```
Platform: x86_64-w64-mingw32/x64 (64-bit)

R is free software and comes with ABSOLUTELY NO WARRANTY.
You are welcome to redistribute it under certain conditions.
Type 'license()' or 'licence()' for distribution details.

R is a collaborative project with many contributors.
Type 'contributors()' for more information and
'citation()' on how to cite R or R packages in publications.

Type 'demo()' for some demos, 'help()' for on-line help, or
'help.start()' for an HTML browser interface to help.
Type 'q()' to quit R.

> |
```

A red box highlights the text in the Console pane. A red arrow labeled '1' points to the top-left corner of the RStudio window. A red arrow labeled '2' points to the top-right corner of the Console pane. A red arrow labeled '3' points to the bottom-right corner of the RStudio window.

Console画面の見栄え3

おそらくまだ、貸与PCと持込PCで、① Console画面の②赤枠部分の文字の大きさや見栄えが異なっているヒトがいらっしゃると思います。RStudioのGUI画面を③の方向で右下に広げるなどしてみてください。RStudioのGUI画面を③の方向で右下に広げて、全体を縮小した結果。②の部分の見栄えが自分のGUI画面と同じになって安心しているヒトもいると思います。

RStudio

File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help

Go to file/function Addins

Console Terminal x Jobs x

R version 3.6.1 (2019-07-05) -- "Action of the Toes"
Copyright (C) 2019 The R Foundation for Statistical Computing
Platform: x86_64-w64-mingw32/x64 (64-bit)

R is free software and comes with ABSOLUTELY NO WARRANTY.
You are welcome to redistribute it under certain conditions.
Type 'license()' or 'licence()' for distribution details.

R is a collaborative project with many contributors.
Type 'contributors()' for more information and
'citation()' on how to cite R or R packages in publications.

Type 'demo()' for some demos, 'help()' for on-line help, or
'help.start()' for an HTML browser interface to help.
Type 'q()' to quit R.

> |

Environment

Files Plots Packages Help Viewer

New Folder Delete Rename More

Home

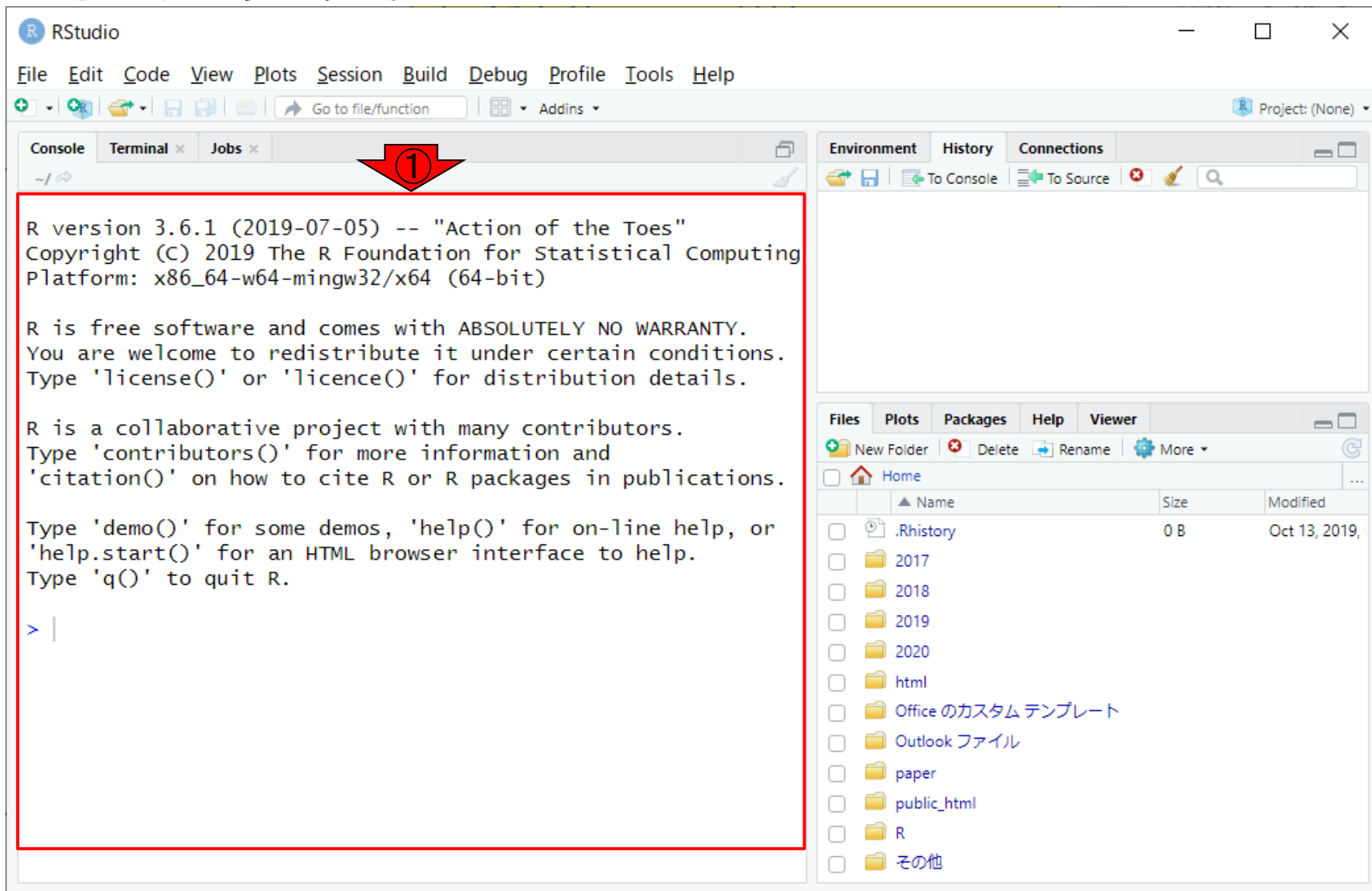
	Name	Size	Modified
<input type="checkbox"/>	.Rhistory	0 B	Oct 13, 2019,
<input type="checkbox"/>	2017		
<input type="checkbox"/>	2018		
<input type="checkbox"/>	2019		
<input type="checkbox"/>	2020		
<input type="checkbox"/>	html		
<input type="checkbox"/>	Officeのカスタム テンプレート		
<input type="checkbox"/>	Outlook ファイル		
<input type="checkbox"/>	paper		
<input type="checkbox"/>	public_html		
<input type="checkbox"/>	R		
<input type="checkbox"/>	その他		

Contents

- Introduction、(Rで)塩基配列解析、(Rで)塩基配列解析のサブ
- 基本的な利用法、RStudioの起動、見栄えの統一、終了
- Console画面の見栄え、設定変更、枠の幅、電卓的な利用
- プロンプト(>)、Console画面クリア、計算の中断
- 翻訳配列取得
 - 項目と例題、入力ファイルの保存、作業ディレクトリの変更
 - 入力ファイルの確認、FASTA形式、コピー実行、出力ファイルの確認
- フィルタリング(任意のキーワードを含む行を抽出)
 - 全体像の把握、入力ファイルの保存、コピー実行、出力ファイルの確認
 - Winユーザ向け注意点、応用
- 警告メッセージ、ありがちなミス

設定変更1

まずは①赤枠内の文字サイズの変更方法から。



The screenshot shows the RStudio interface. The console window is highlighted with a red border, and a red arrow with the number 1 points to it. The console text is as follows:

```
R version 3.6.1 (2019-07-05) -- "Action of the Toes"
Copyright (C) 2019 The R Foundation for Statistical Computing
Platform: x86_64-w64-mingw32/x64 (64-bit)

R is free software and comes with ABSOLUTELY NO WARRANTY.
You are welcome to redistribute it under certain conditions.
Type 'license()' or 'licence()' for distribution details.

R is a collaborative project with many contributors.
Type 'contributors()' for more information and
'citation()' on how to cite R or R packages in publications.

Type 'demo()' for some demos, 'help()' for on-line help, or
'help.start()' for an HTML browser interface to help.
Type 'q()' to quit R.

> |
```

The right-hand side of the interface shows the Environment, History, and Connections panes, and the Files pane displaying a file explorer view of the Home directory.

設定変更2

まずは①赤枠内の文字サイズの変更方法から。②Toolsメニューの、③Global Options。

The screenshot shows the RStudio interface. The 'Tools' menu is open, and 'Global Options...' is selected. A red box highlights the console output, and a red arrow points to the 'Tools' menu. Another red arrow points to the 'Global Options...' option in the menu.

① Console output (highlighted in red):

```
R version 3.6.1 (2019-07-05) -- "Action of the  
Copyright (C) 2019 The R Foundation for Statist  
Platform: x86_64-w64-mingw32/x64 (64-bit)  
  
R is free software and comes with ABSOLUTELY NO  
You are welcome to redistribute it under certain  
Type 'license()' or 'licence()' for distributio  
  
R is a collaborative project with many contribu  
Type 'contributors()' for more information and  
'citation()' on how to cite R or R packages in publications.  
  
Type 'demo()' for some demos, 'help()' for on-line help, or  
'help.start()' for an HTML browser interface to help.  
Type 'q()' to quit R.  
  
> |
```

② Tools menu options:

- Install Packages...
- Check for Package Updates...
- Version Control
- Shell...
- Terminal
- Jobs
- Addins
- Keyboard Shortcuts Help Alt+Shift+K
- Modify Keyboard Shortcuts...
- Project Options...
- Global Options...**

③ Global Options dialog (partially visible):

Name	Size	Modified
.Rhistory	0 B	Oct 13, 2019,
2017		
2018		
2019		
2020		
html		
Officeのカスタム テンプレート		
Outlook ファイル		
paper		
public_html		
R		
その他		

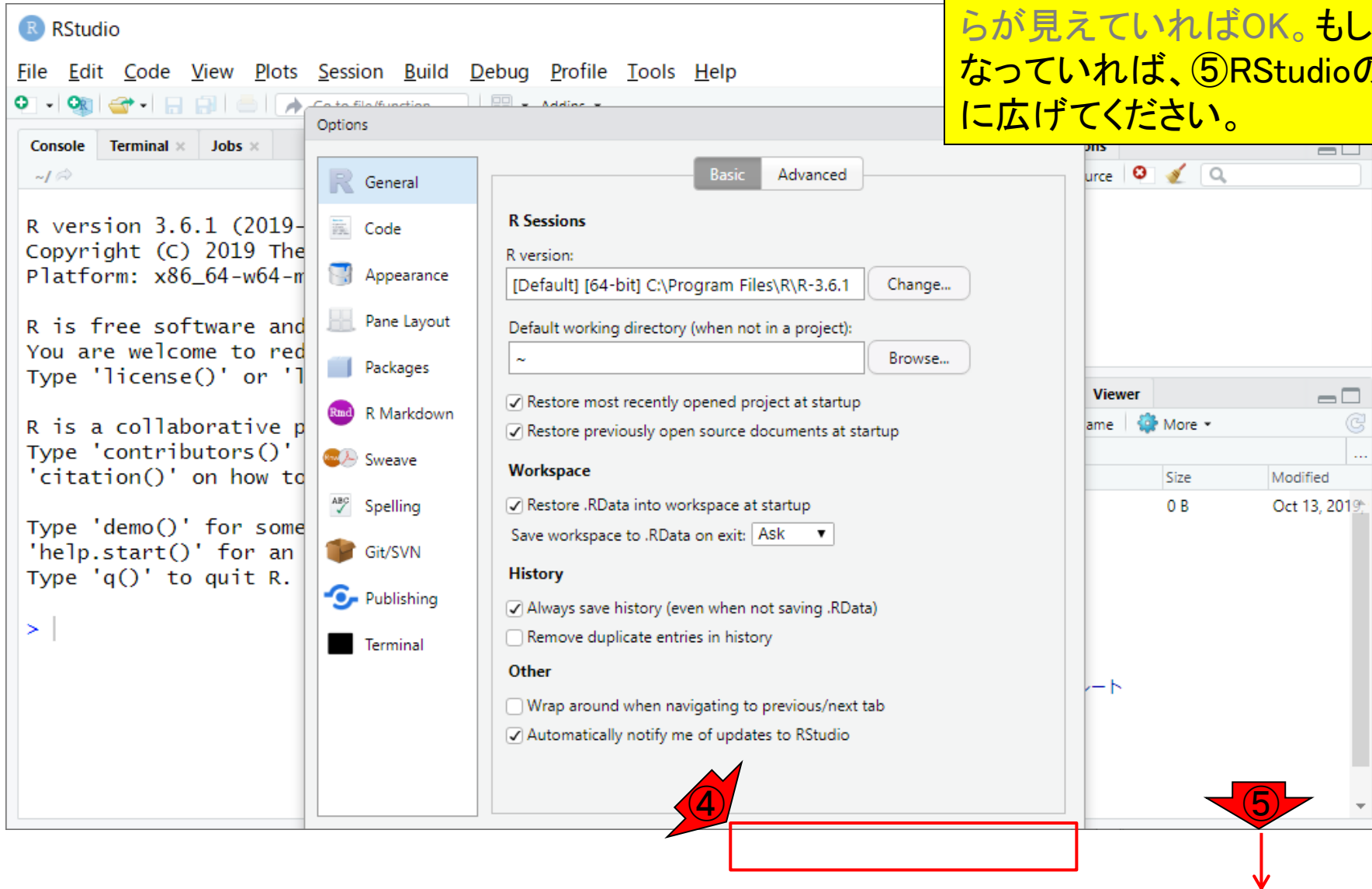
設定変更3

まずは①赤枠内の文字サイズの変更方法から。②Toolsメニューの、③Global Options。こんな感じになります。④これらが見えていればOK。

The screenshot shows the RStudio Options dialog box with the 'Basic' tab selected. The 'General' category is chosen in the left sidebar. The 'R Sessions' section includes fields for 'R version' (set to '[Default] [64-bit] C:\Program Files\R\R-3.6.1') and 'Default working directory' (set to '~'). The 'Workspace' section has checkboxes for 'Restore most recently opened project at startup' and 'Restore previously open source documents at startup', both checked. The 'History' section has 'Always save history (even when not saving .RData)' checked. The 'Other' section has 'Automatically notify me of updates to RStudio' checked. A red arrow with the number '4' points to the 'OK' button at the bottom right of the dialog box.

設定変更4

まずは①赤枠内の文字サイズの変更方法から。②Toolsメニューの、③Global Options。こんな感じになります。④これらが見えていればOK。もしこんな感じになっていれば、⑤RStudioのGUI画面を下に広げてください。



設定変更5

まずは①赤枠内の文字サイズの変更方法から。②Toolsメニューの、③Global Options。こんな感じになります。④これらが見えていればOK。もしこんな感じになっていれば、⑤RStudioのGUI画面を下に広げてください。こんな感じです。

The screenshot shows the RStudio Options dialog box with the 'Basic' tab selected. The 'General' category is chosen in the left sidebar. The 'R Sessions' section includes fields for 'R version' and 'Default working directory', along with checkboxes for restoring projects and source documents at startup. The 'Workspace' section has a checkbox for restoring .RData and a dropdown for saving workspace on exit. The 'History' section has checkboxes for saving history and removing duplicates. The 'Other' section has checkboxes for wrap-around navigation and update notifications. A red arrow labeled '4' points to the 'OK', 'Cancel', and 'Apply' buttons at the bottom. Another red arrow labeled '5' points to the bottom of the dialog box, indicating the need to expand the GUI.

RStudio

File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help

Options

Basic Advanced

General

Code

Appearance

Pane Layout

Packages

R Markdown

Sweave

Spelling

Git/SVN

Publishing

Terminal

R Sessions

R version: [Default] [64-bit] C:\Program Files\R\R-3.6.1 Change...

Default working directory (when not in a project): ~ Browse...

Restore most recently opened project at startup

Restore previously open source documents at startup

Workspace

Restore .RData into workspace at startup

Save workspace to .RData on exit: Ask

History

Always save history (even when not saving .RData)

Remove duplicate entries in history

Other

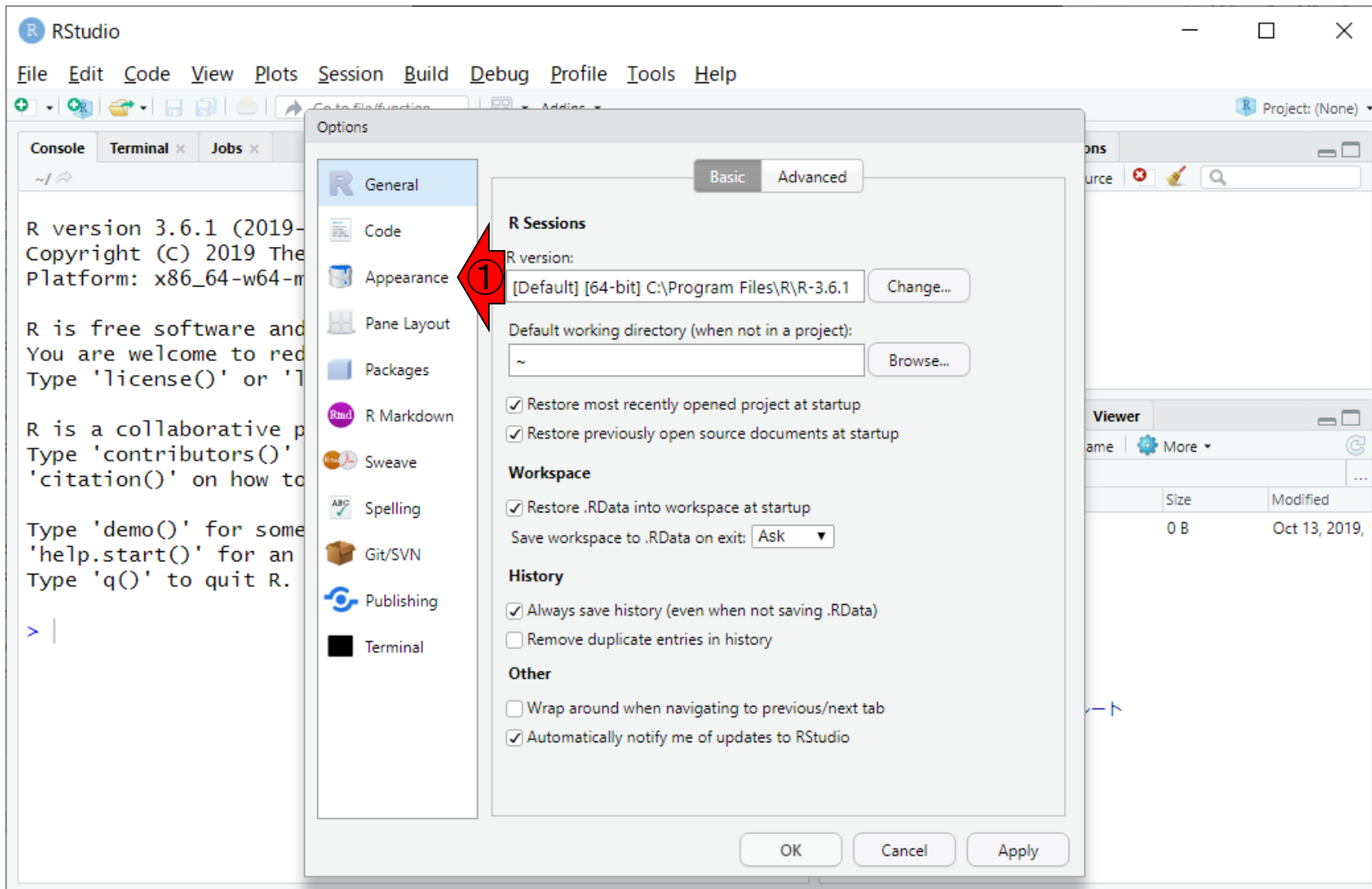
Wrap around when navigating to previous/next tab

Automatically notify me of updates to RStudio

OK Cancel Apply

設定変更6

本題の文字サイズ変更は、① Appearanceのところ可能です。



設定変更7

本題の文字サイズ変更は、① Appearanceのところ可能です。こんな感じになります。② Editor font sizeのところサイズ変更を行います。確かデフォルトは10だったと思いますが、私はすでに12に変更済みなのでこんな感じになっています。

The screenshot shows the RStudio Options dialog box with the 'Appearance' tab selected. The 'Editor font size' is set to 12. The 'Editor theme' is set to 'Material'. The 'Code' editor shows a snippet of R code. The 'Viewer' pane shows a table with columns 'Size' and 'Modified'.

Options dialog box settings:

- RStudio theme: Modern
- Zoom: 100%
- Editor font: Lucida Console
- Editor font size: 12
- Editor theme: Material

Code editor content:

```
# plotting of R object
plot <- function(x, y, ...
{
  if (is.function(x) &&
      is.null(attr(x, "class")))
  {
    if (missing(y))
      y <- NULL

    # check for ylab argument
    hasylab <- function(...)
      !all(is.na(
        pmatch(names(list(...)),
                 "ylab")))

    if (hasylab(...))
      plot.function(x, y, ...)

    else
      plot.function(
        x, y,
        ylab = paste(
          deparse(substitute(x)),

```

Viewer pane content:

Size	Modified
0 B	Oct 13, 2019,

設定変更8

本題の文字サイズ変更は、① Appearanceのところ可能です。こんな感じになります。② Editor font sizeのところサイズ変更を行います。確かデフォルトは10だったと思いますが、私はすでに12に変更済みなのでこんな感じになっています。③例えば14に変更して、④ Applyすると…

The screenshot shows the RStudio Options dialog box with the 'Appearance' tab selected. The 'Editor font size' is set to 14. The 'Apply' button is highlighted with a red arrow labeled 4. The background shows the RStudio interface with a code editor and a terminal window.

Annotations in the image:

- ① Points to the 'Appearance' tab in the Options dialog.
- ② Points to the 'Editor font size' dropdown menu.
- ③ Points to the '14' value in the 'Editor font size' dropdown.
- ④ Points to the 'Apply' button at the bottom of the dialog.

```
# plotting of R
plot <- function(x, y) {
  if (is.function(x) &&
      is.null(attr(x, "
  {
    if (missing(y))
      y <- NULL

# check for ylab argument
hasylab <- function(x) {
  !all(is.na(
    pmatch(names(1:length(x$ylab)),
            "ylab")))
}

if (hasylab(...))
  plot.function(x, y)
else
  plot.function(x, y,
```

設定変更9

本題の文字サイズ変更は、① Appearanceのところ可能です。こんな感じになります。② Editor font sizeのところサイズ変更を行います。確かデフォルトは10だったと思いますが、私はすでに12に変更済みなのでこんな感じになっています。③例えば14に変更して、④ Applyすると、こんな感じになります。⑤ Console画面と呼ばれる赤枠部分の文字が大きくなったのがわかります。こんな感じで、見やすい大きさに変更してください。⑥OK。

The screenshot shows the RStudio Options dialog box with the 'Appearance' tab selected. The 'Editor font size' is set to 14. A red arrow labeled '5' points to the 'Console' tab in the background. Another red arrow labeled '6' points to the 'OK' button at the bottom of the dialog box. The console window in the background shows R code and output, with the text in the console window being larger than in the original image.

```
R version 3.6.1 (2019-10-10)
Copyright (c) 2019 The R Foundation for Statistical Computing
Platform: x86_64-w64-mingw32/x64

R is free software; you can redistribute it and/or modify it
under the terms of the GNU General Public License as published by
the Free Software Foundation; either version 2 of the License, or
(at your option) any later version.

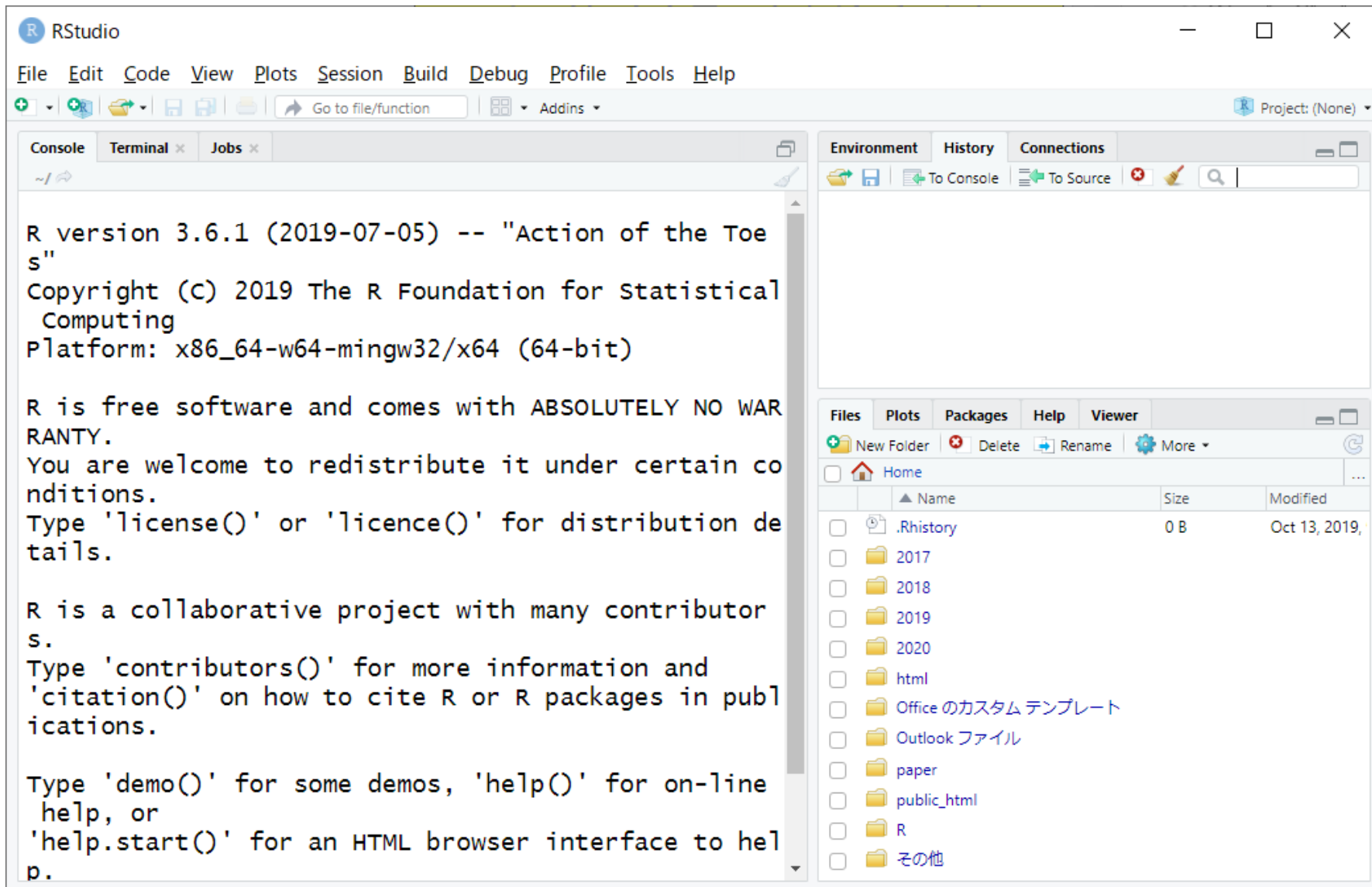
R is a collaborative project. Many thanks to the contributors
('citation()' on how to cite R articles and their respective
contributions).

Type 'demo()' for some demos, 'help()' for on-line help, or
'help.start()' for an HTML browser interface to help.
Type 'q()' to quit R.

>
```

ここまでで、「字が小さすぎて読めない！」問題が概ね解決。

設定変更10



The screenshot shows the RStudio interface. The console window displays the following text:

```
R version 3.6.1 (2019-07-05) -- "Action of the Toes"  
Copyright (C) 2019 The R Foundation for Statistical Computing  
Platform: x86_64-w64-mingw32/x64 (64-bit)  
  
R is free software and comes with ABSOLUTELY NO WARRANTY.  
You are welcome to redistribute it under certain conditions.  
Type 'license()' or 'licence()' for distribution details.  
  
R is a collaborative project with many contributors.  
Type 'contributors()' for more information and  
'citation()' on how to cite R or R packages in publications.  
  
Type 'demo()' for some demos, 'help()' for on-line help, or  
'help.start()' for an HTML browser interface to help.
```

The file explorer window shows the following table of files and folders:

Name	Size	Modified
.Rhistory	0 B	Oct 13, 2019,
2017		
2018		
2019		
2020		
html		
Officeのカスタム テンプレート		
Outlook ファイル		
paper		
public_html		
R		
その他		

Contents

- Introduction、(Rで)塩基配列解析、(Rで)塩基配列解析のサブ
- 基本的な利用法、RStudioの起動、見栄えの統一、終了
- Console画面の見栄え、設定変更、枠の幅、電卓的な利用
- プロンプト(>)、Console画面クリア、計算の中断
- 翻訳配列取得
 - 項目と例題、入力ファイルの保存、作業ディレクトリの変更
 - 入力ファイルの確認、FASTA形式、コピー実行、出力ファイルの確認
- フィルタリング(任意のキーワードを含む行を抽出)
 - 全体像の把握、入力ファイルの保存、コピー実行、出力ファイルの確認
 - Winユーザ向け注意点、応用
- 警告メッセージ、ありがちなミス

枠の幅1

RStudioは、ここで見えているだけでも画面が3分割されていることがわかります。それぞれの画面の高さや幅を変更することができます。

RStudio

File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help

Go to file/function Addins Project: (None)

Console Terminal x Jobs x

```
R version 3.6.1 (2019-07-05) -- "Action of the Toes"
Copyright (C) 2019 The R Foundation for Statistical Computing
Platform: x86_64-w64-mingw32/x64 (64-bit)

R is free software and comes with ABSOLUTELY NO WARRANTY.
You are welcome to redistribute it under certain conditions.
Type 'license()' or 'licence()' for distribution details.

R is a collaborative project with many contributors.
Type 'contributors()' for more information and
'citation()' on how to cite R or R packages in publications.

Type 'demo()' for some demos, 'help()' for on-line help, or
'help.start()' for an HTML browser interface to help.
```

Environment History Connections

To Console To Source

Files Plots Packages Help Viewer

New Folder Delete Rename More

Name	Size	Modified
.Rhistory	0 B	Oct 13, 2019,
2017		
2018		
2019		
2020		
html		
Officeのカスタム テンプレート		
Outlook ファイル		
paper		
public_html		
R		
その他		

枠の幅2

例えば、①や②のところにカーソルを持っていき、右に移動させると…

The screenshot shows the RStudio interface. The console pane on the left contains the following text:

```
R version 3.6.1 (2019-07-05) -- "Action of the Toes"  
Copyright (C) 2019 The R Foundation for Statistical Computing  
Platform: x86_64-w64-mingw32/x64 (64-bit)  
  
R is free software and comes with ABSOLUTELY NO WARRANTY.  
You are welcome to redistribute it under certain conditions.  
Type 'license()' or 'licence()' for distribution details.  
  
R is a collaborative project with many contributors.  
Type 'contributors()' for more information and  
'citation()' on how to cite R or R packages in publications.  
  
Type 'demo()' for some demos, 'help()' for on-line help, or  
'help.start()' for an HTML browser interface to help.
```

The environment pane on the right shows a file explorer view of the Home directory. The file list includes:

Name	Size	Modified
.Rhistory	0 B	Oct 13, 2019
2017		
2018		
2019		
2020		
html		
Officeのカスタム テンプレート		
Outlook ファイル		
paper		
public_html		
R		
その他		

Red arrows labeled ① and ② point to the vertical scrollbar in the console pane, indicating the width of the scrollbar.

枠の幅3

例えば、①や②のところにカーソルを持っていき、右に移動させると…③
Console(こんそーる)画面の幅を広くすることができます。

The screenshot shows the RStudio interface. The Console window is highlighted with a red border. A red arrow labeled '3' points to the top-left corner of the Console window. Another red arrow labeled '1' points to the top-right corner of the Console window. A third red arrow labeled '2' points to the bottom-right corner of the Console window. The Console text reads:

```
R version 3.6.1 (2019-07-05) -- "Action of the Toes"  
Copyright (C) 2019 The R Foundation for Statistical Computing  
Platform: x86_64-w64-mingw32/x64 (64-bit)  
  
R is free software and comes with ABSOLUTELY NO WARRANTY.  
You are welcome to redistribute it under certain conditions.  
Type 'license()' or 'licence()' for distribution details.  
  
R is a collaborative project with many contributors.  
Type 'contributors()' for more information and  
'citation()' on how to cite R or R packages in publications.  
  
Type 'demo()' for some demos, 'help()' for on-line help, or  
'help.start()' for an HTML browser interface to help.  
Type 'q()' to quit R.  
  
> |
```

The right-hand side of the RStudio interface shows the Environment, History, and Connections panes at the top, and the Files pane below. The Files pane shows a directory listing with columns for Name and Size.

Name	Size
.Rhistory	0 B
2017	
2018	
2019	
2020	
html	
Officeのカスタム テンプレート	
Outlook ファイル	
paper	
public_html	
R	
その他	

枠の幅4

①の部分も同様にして上下させることで
…。

The screenshot shows the RStudio interface. The console window on the left displays the R startup message for version 3.6.1. The file explorer on the right shows the 'Home' directory with a list of folders. A red arrow with the number '1' points to the 'Packages' tab in the file explorer, which is highlighted in the original image.

```
R version 3.6.1 (2019-07-05) -- "Action of the Toes"
Copyright (C) 2019 The R Foundation for Statistical Computing
Platform: x86_64-w64-mingw32/x64 (64-bit)

R is free software and comes with ABSOLUTELY NO WARRANTY.
You are welcome to redistribute it under certain conditions.
Type 'license()' or 'licence()' for distribution details.

R is a collaborative project with many contributors.
Type 'contributors()' for more information and
'citation()' on how to cite R or R packages in publications.

Type 'demo()' for some demos, 'help()' for on-line help, or
'help.start()' for an HTML browser interface to help.
Type 'q()' to quit R.

> |
```

Name	Size
.Rhistory	0 B
2017	
2018	
2019	
2020	
html	
Officeのカスタム テンプレート	
Outlook ファイル	
paper	
public_html	
R	
その他	

枠の幅5

①の部分も同様にして上下させることで…右側の画面の上下幅を変更することができます。状況に応じて見やすいようにいじってください。

The screenshot shows the RStudio interface. The console window on the left displays the R startup message and instructions. The file explorer on the right shows a directory structure with a red arrow pointing to the 'Plots' tab header.

RStudio

File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help

Go to file/function Addins Project: (None)

Console Terminal x Jobs x

```
R version 3.6.1 (2019-07-05) -- "Action of the Toes"
Copyright (C) 2019 The R Foundation for Statistical Computing
Platform: x86_64-w64-mingw32/x64 (64-bit)

R is free software and comes with ABSOLUTELY NO WARRANTY.
You are welcome to redistribute it under certain conditions.
Type 'license()' or 'licence()' for distribution details.

R is a collaborative project with many contributors.
Type 'contributors()' for more information and
'citation()' on how to cite R or R packages in publications.

Type 'demo()' for some demos, 'help()' for on-line help, or
'help.start()' for an HTML browser interface to help.
Type 'q()' to quit R.

> |
```

Environment History Connections

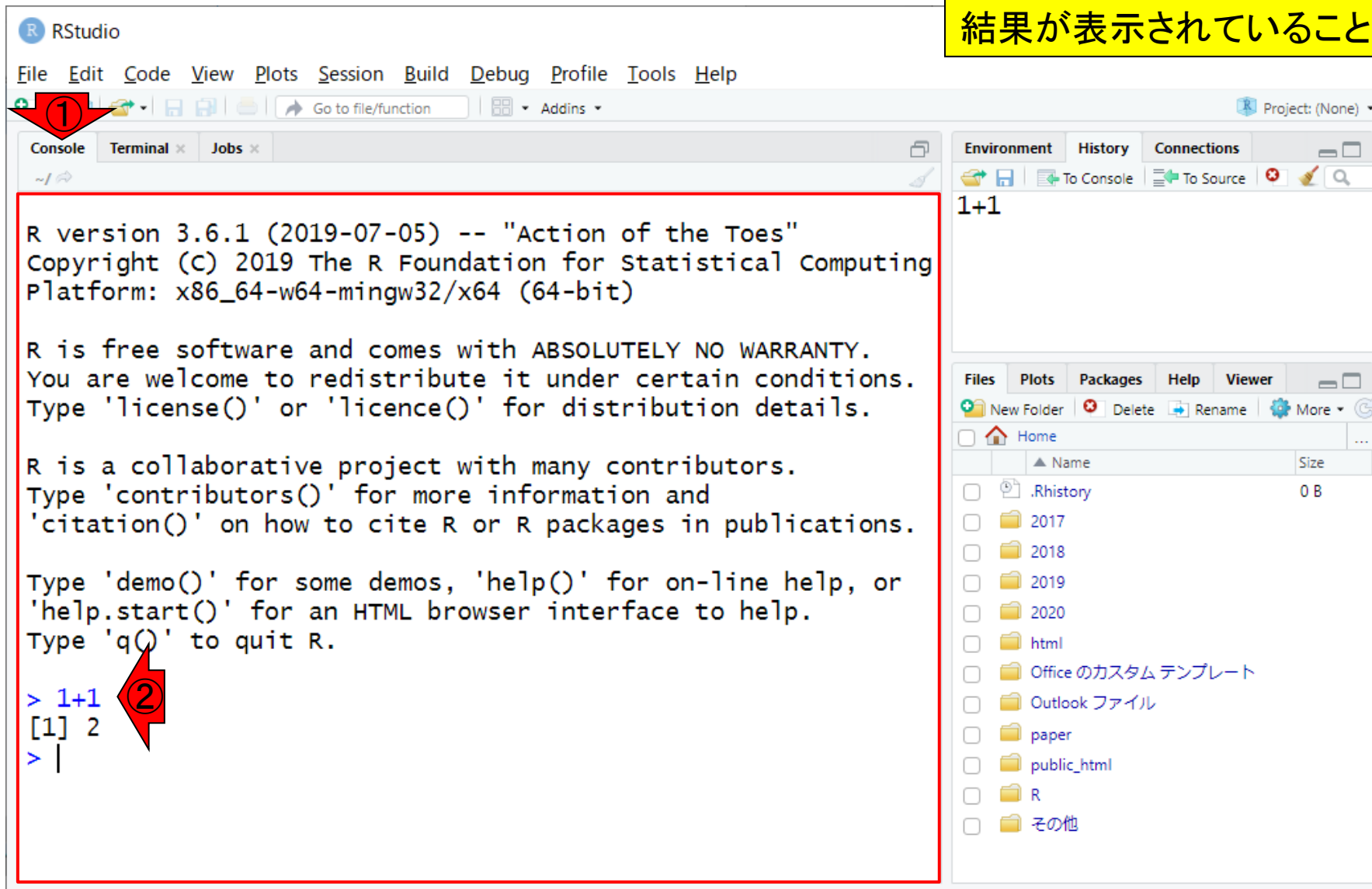
Files Plots Packages Viewer

Home

	Name	Size
<input type="checkbox"/>	.Rhistory	0 B
<input type="checkbox"/>	2017	
<input type="checkbox"/>	2018	
<input type="checkbox"/>	2019	
<input type="checkbox"/>	2020	
<input type="checkbox"/>	html	
<input type="checkbox"/>	Officeのカスタム テンプレート	
<input type="checkbox"/>	Outlook ファイル	
<input type="checkbox"/>	paper	
<input type="checkbox"/>	public_html	
<input type="checkbox"/>	R	
<input type="checkbox"/>	その他	

電卓的な利用1

(字が小さすぎて見辛いでしょうが…)①
Console画面上で、②「1+1」と打ち込んでからリターンキーを押したところ。2という結果が表示されていることがわかる。



RStudio

File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help

Go to file/function Addins

Project: (None)

Environment History Connections

To Console To Source

1+1

Files Plots Packages Help Viewer

New Folder Delete Rename More

Home

	Name	Size
<input type="checkbox"/>	.Rhistory	0 B
<input type="checkbox"/>	2017	
<input type="checkbox"/>	2018	
<input type="checkbox"/>	2019	
<input type="checkbox"/>	2020	
<input type="checkbox"/>	html	
<input type="checkbox"/>	Officeのカスタム テンプレート	
<input type="checkbox"/>	Outlook ファイル	
<input type="checkbox"/>	paper	
<input type="checkbox"/>	public_html	
<input type="checkbox"/>	R	
<input type="checkbox"/>	その他	

```
R version 3.6.1 (2019-07-05) -- "Action of the Toes"
Copyright (C) 2019 The R Foundation for Statistical Computing
Platform: x86_64-w64-mingw32/x64 (64-bit)

R is free software and comes with ABSOLUTELY NO WARRANTY.
You are welcome to redistribute it under certain conditions.
Type 'license()' or 'licence()' for distribution details.

R is a collaborative project with many contributors.
Type 'contributors()' for more information and
'citation()' on how to cite R or R packages in publications.

Type 'demo()' for some demos, 'help()' for on-line help, or
'help.start()' for an HTML browser interface to help.
Type 'q()' to quit R.

> 1+1
[1] 2
> |
```

電卓的な利用2

(字が小さすぎて見辛いでしょうが…)①
Console画面上で、②「1+1」と打ち込んでからリターンキーを押したところ。2という結果が表示されていることがわかる。今度は、③「10*5」で、50という結果が表示されている。

The screenshot shows the RStudio interface. The top menu bar includes File, Edit, Code, View, Plots, Session, Build, Debug, Profile, Tools, and Help. Below the menu bar is a toolbar with icons for file operations and a search bar. The main console window displays the R startup message and user input/output. A red box highlights the console output, and red arrows with numbers 1, 2, and 3 point to specific elements: 1 points to the console window, 2 points to the first input/output pair, and 3 points to the second input/output pair. A file explorer window is open in the bottom right, showing a directory structure.

```
R version 3.6.1 (2019-07-05) -- "Action of the Toes"
Copyright (C) 2019 The R Foundation for Statistical Computing
Platform: x86_64-w64-mingw32/x64 (64-bit)

R is free software and comes with ABSOLUTELY NO WARRANTY.
You are welcome to redistribute it under certain conditions.
Type 'license()' or 'licence()' for distribution details.

R is a collaborative project with many contributors.
Type 'contributors()' for more information and
'citation()' on how to cite R or R packages in publications.

Type 'demo()' for some demos, 'help()' for on-line help, or
'help.start()' for an HTML browser interface to help.
Type 'q()' to quit R.

> 1+1
[1] 2
> 10*5
[1] 50
>
```

Files | Plots | Packages | Help | Viewer

- New Folder
- Delete
- Rename
- More

Home

Name	Size
.Rhistory	0 B
2017	
2018	
2019	
2020	
html	
Officeのカスタム テンプレート	
Outlook ファイル	
paper	
public_html	
R	
その他	

Contents

- Introduction、(Rで)塩基配列解析、(Rで)塩基配列解析のサブ
- 基本的な利用法、RStudioの起動、見栄えの統一、終了
- Console画面の見栄え、設定変更、枠の幅、電卓的な利用
- プロンプト(>)、Console画面クリア、計算の中断
- 翻訳配列取得
 - 項目と例題、入力ファイルの保存、作業ディレクトリの変更
 - 入力ファイルの確認、FASTA形式、コピー実行、出力ファイルの確認
- フィルタリング(任意のキーワードを含む行を抽出)
 - 全体像の把握、入力ファイルの保存、コピー実行、出力ファイルの確認
 - Winユーザ向け注意点、応用
- 警告メッセージ、ありがちなミス

プロンプト (>)

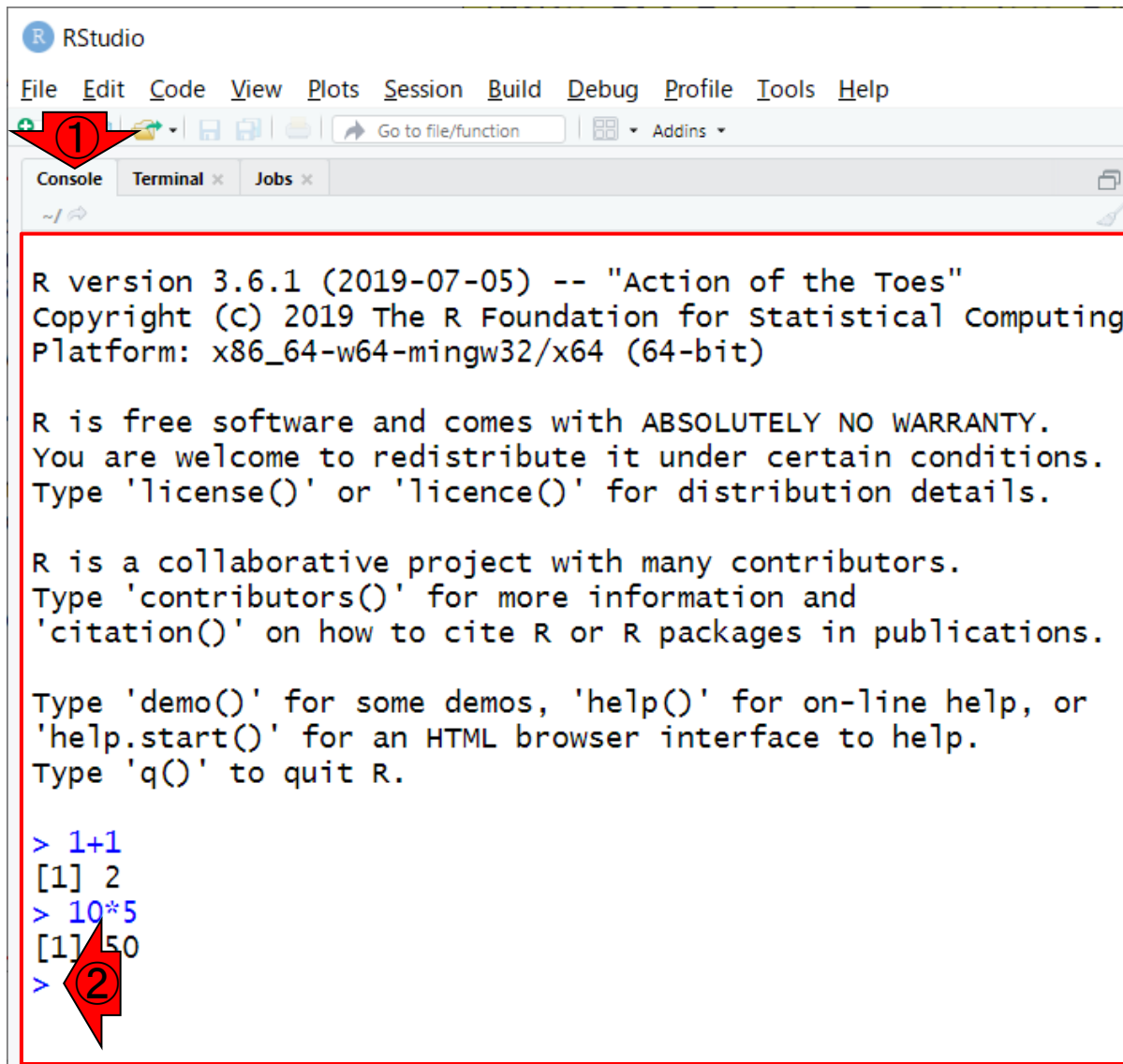
ここまでの作業で、コマンドを実行すると、その結果が表示されるとともに、①「>」が表示されます。これを「プロンプト」と言います。これが見えていれば、「直前のコマンド実行が完了している」と解釈してよいです。

```
RStudio  
File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help  
Go to file/function Addins  
Console Terminal x Jobs x  
~ /  
R version 3.6.1 (2019-07-05) -- "Action of the Toes"  
Copyright (C) 2019 The R Foundation for Statistical Computing  
Platform: x86_64-w64-mingw32/x64 (64-bit)  
  
R is free software and comes with ABSOLUTELY NO WARRANTY.  
You are welcome to redistribute it under certain conditions.  
Type 'license()' or 'licence()' for distribution details.  
  
R is a collaborative project with many contributors.  
Type 'contributors()' for more information and  
'citation()' on how to cite R or R packages in publications.  
  
Type 'demo()' for some demos, 'help()' for on-line help, or  
'help.start()' for an HTML browser interface to help.  
Type 'q()' to quit R.  
  
> 1+1  
[1] 2  
> 10*5  
[1] 50  
> ①
```

Environment History Connections
To Console To Source
1+1
10*5
Files Plots Packages Help Viewer
New Folder Delete Rename More
Home
Name Size
.Rhistory 0 B
2017
2018
2019
2020
html
Office のカスタム テンプレート
Outlook ファイル
paper
public_html
R
その他

Console画面クリア1

このあと、一行一行コマンドを打ち込んでいくと、常に①Console画面上の下部である、②のあたりに入力をするようになります。しかし、これだと講義室で教わる側がスクリーン下部になり見えづらくなります。それゆえ、スクリーン下部が見えづらくなる状況を避けるべく、必要に応じて①Console画面をクリアー(Clear Console)して、上部でコマンド入力できるようにするやり方を示します。



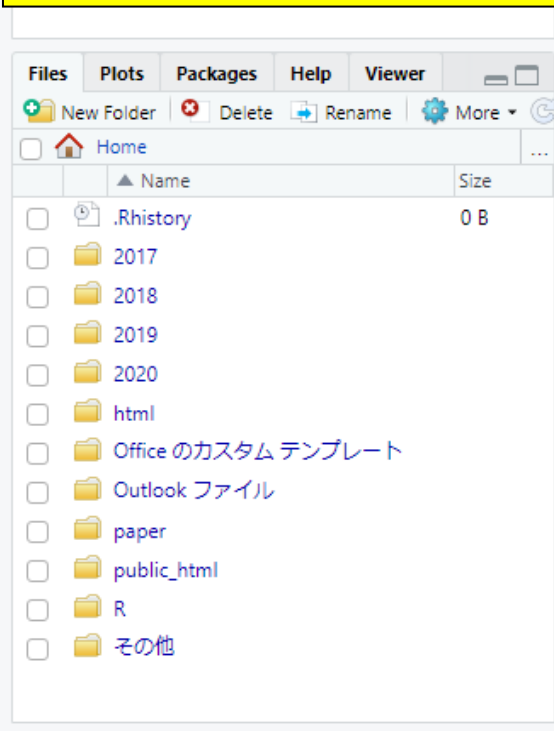
```
R version 3.6.1 (2019-07-05) -- "Action of the Toes"
Copyright (C) 2019 The R Foundation for Statistical Computing
Platform: x86_64-w64-mingw32/x64 (64-bit)

R is free software and comes with ABSOLUTELY NO WARRANTY.
You are welcome to redistribute it under certain conditions.
Type 'license()' or 'licence()' for distribution details.

R is a collaborative project with many contributors.
Type 'contributors()' for more information and
'citation()' on how to cite R or R packages in publications.

Type 'demo()' for some demos, 'help()' for on-line help, or
'help.start()' for an HTML browser interface to help.
Type 'q()' to quit R.

> 1+1
[1] 2
> 10*5
[1] 50
>
```



Console画面クリア2

①を押すだけ。②Editメニューから、③ Clear Console。④キーボード上で「Ctrl」キーを押しながら「L」キーを押すのもよい。

The screenshot shows the RStudio interface with the console window open. The console contains the following text:

```
R is a collaborative project with many contributors.
Type 'contributors()' for more information and
'citation()' on how to cite R or R packages in publications.

Type 'demo()' for some demos, 'help()' for on-line help, or
'help.start()' for an HTML browser interface to help.
Type 'q()' to quit R.

> 1+1
[1] 2
> 10*5
[1] 50
>
```

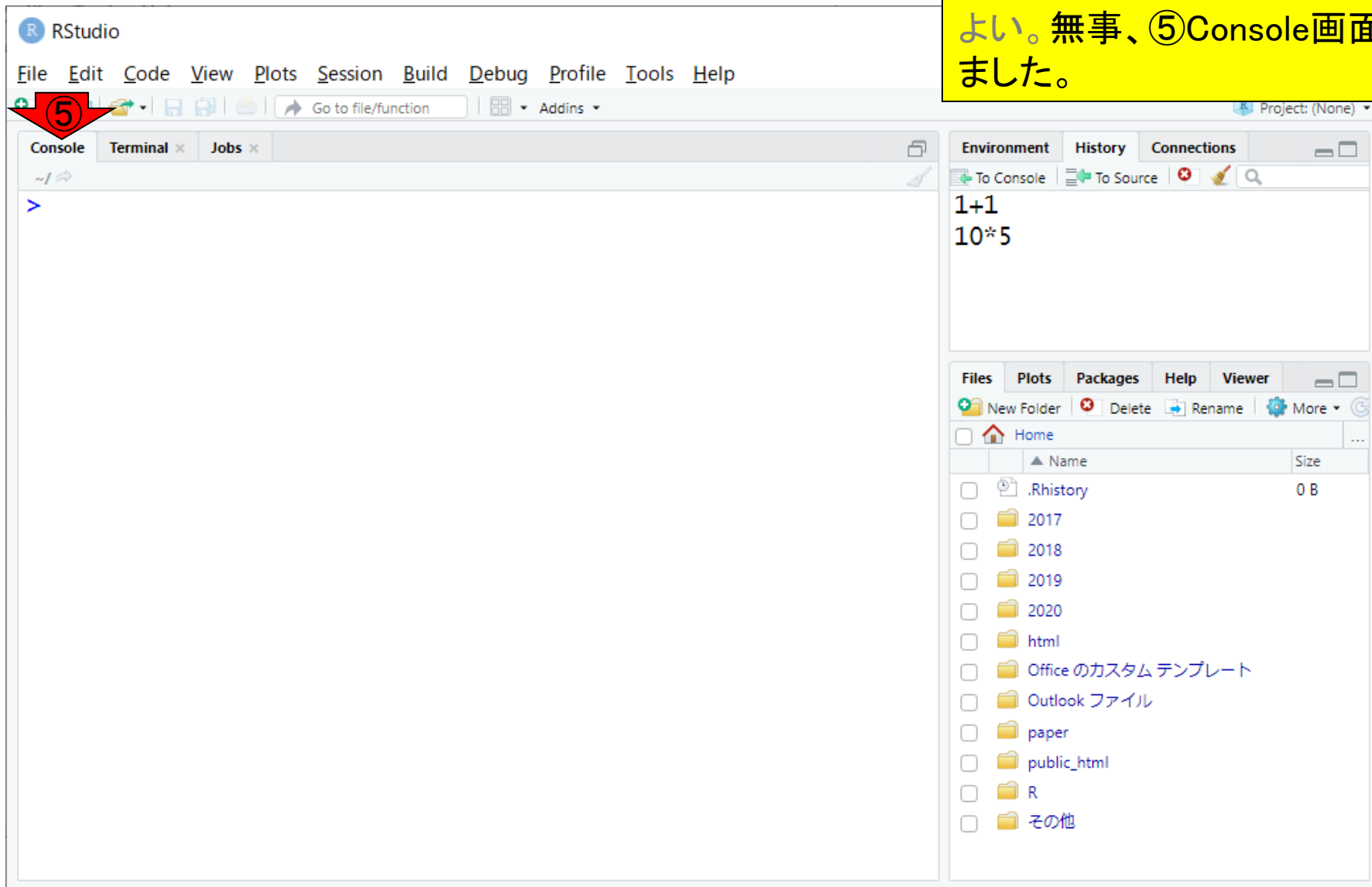
Annotations on the screenshot:

- ②: Points to the Edit menu.
- ③: Points to the 'Clear Console' option in the Edit menu.
- ④: Points to the 'Clear Console' option in the Edit menu.
- ①: Points to the 'Ctrl+L' keyboard shortcut in the Edit menu.

The console also shows the output of the commands: `> 1+1` resulting in `[1] 2` and `> 10*5` resulting in `[1] 50`.

Console画面クリア3

①を押すだけ。②Editメニューから、③Clear Console。④キーボード上で「Ctrl」キーを押しながら「L」キーを押すのもよい。無事、⑤Console画面がクリアされました。

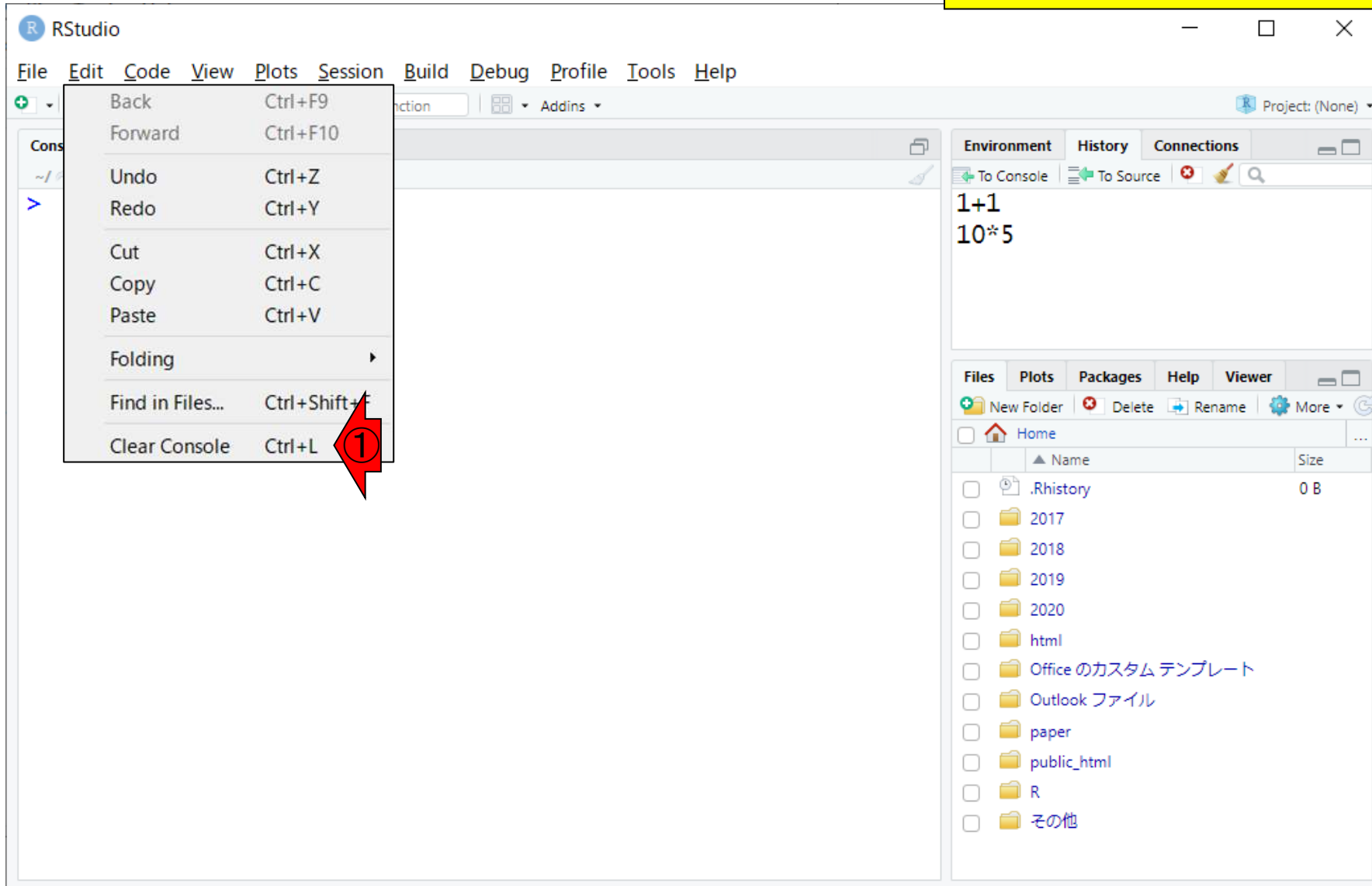


Contents

- Introduction、(Rで)塩基配列解析、(Rで)塩基配列解析のサブ
- 基本的な利用法、RStudioの起動、見栄えの統一、終了
- Console画面の見栄え、設定変更、枠の幅、電卓的な利用
- プロンプト(>)、Console画面クリア、計算の中断
- 翻訳配列取得
 - 項目と例題、入力ファイルの保存、作業ディレクトリの変更
 - 入力ファイルの確認、FASTA形式、コピー実行、出力ファイルの確認
- フィルタリング(任意のキーワードを含む行を抽出)
 - 全体像の把握、入力ファイルの保存、コピー実行、出力ファイルの確認
 - Winユーザ向け注意点、応用
- 警告メッセージ、ありがちなミス

計算の中断1

さきほどの①「Ctrl + L」は、「Ctrlキーを押しながらLキーを押す」という意味で使いました。



計算の中断2

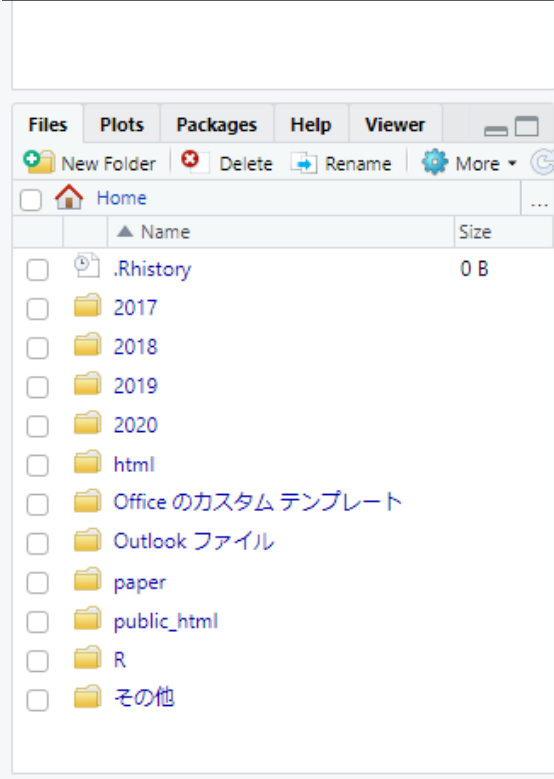
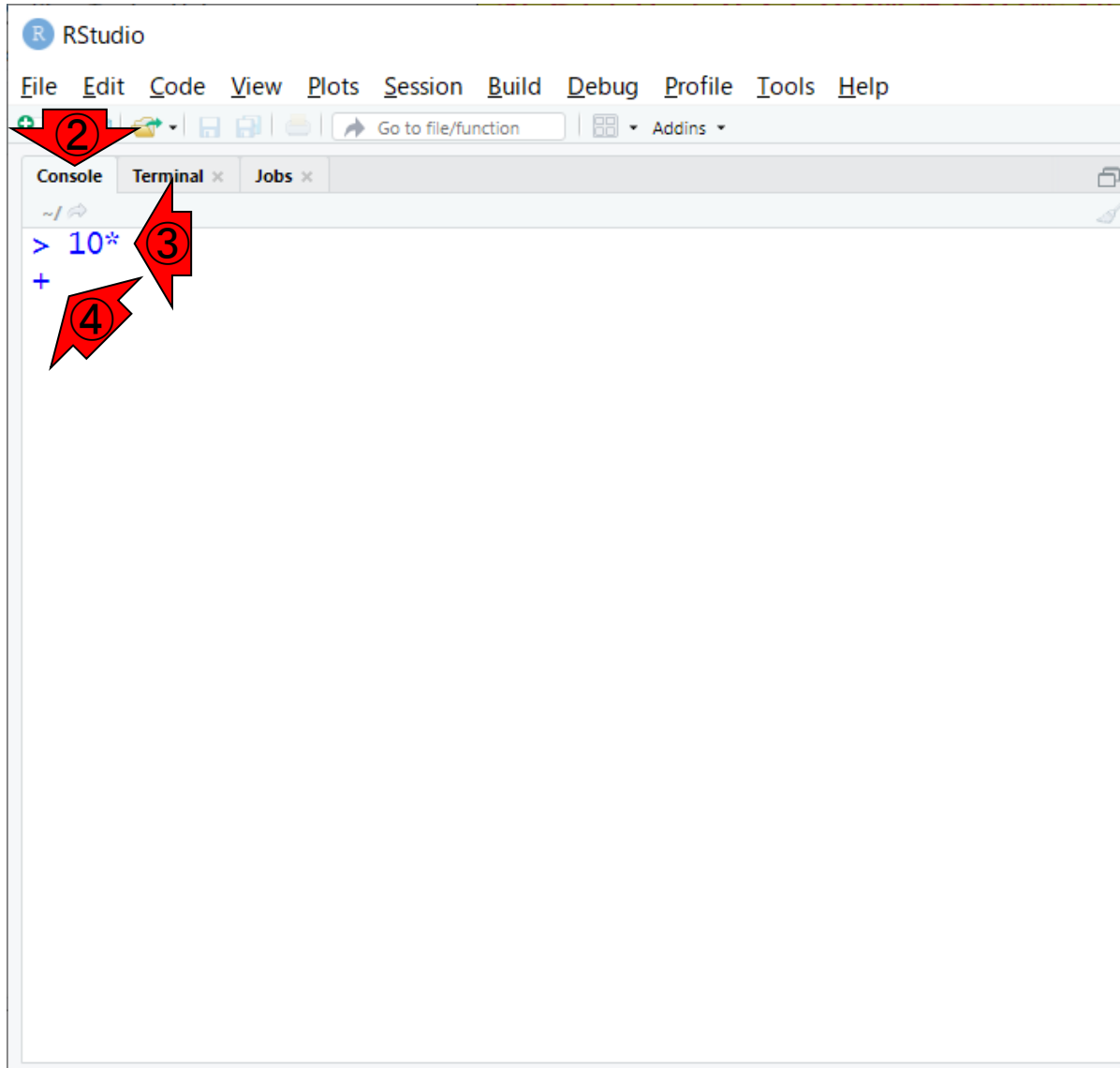
さきほどの①「Ctrl + L」は、「Ctrlキーを押しながらLキーを押す」という意味で使いました。次に②Console画面上で、コマンド入力が不完全な状態のときに表示される「+」とその解決策を示します。

The screenshot shows the RStudio interface. The top menu bar includes File, Edit, Code, View, Plots, Session, Build, Debug, Profile, Tools, and Help. Below the menu bar is a toolbar with icons for saving, opening, and navigating. The main console area on the left shows a prompt `>` with a red arrow pointing to it. The right-hand pane is divided into several sections: Environment, History, Connections, Files, Plots, Packages, Help, and Viewer. The History section shows the commands `1+1` and `10*5`. The Files section shows a file explorer view of the home directory with a list of folders and files.

Name	Size
.Rhistory	0 B
2017	
2018	
2019	
2020	
html	
Office のカスタム テンプレート	
Outlook ファイル	
paper	
public_html	
R	
その他	

計算の中断3

さきほどの①「Ctrl + L」は、「Ctrlキーを押しながらLキーを押す」という意味で使いました。次に②Console画面上で、コマンド入力が不完全な状態のときに表示される「+」とその解決策を示します。例として、「10*5」と入力するつもりだったが、意図的に間違えて③「10*」まででリターンキーを押してみましょう。④のようになればOK。



計算の中断4

非推奨ですが、どうにかしてこのままの状態
で10*5を計算したい場合は①「5」と
打ち込んでリターンキーを押せばよい。

The screenshot shows the RStudio interface. The console window on the left contains the text `> 10*` followed by a cursor. A red arrow with the number 1 inside points to the cursor. The top menu bar includes File, Edit, Code, View, Plots, Session, Build, Debug, Profile, Tools, and Help. The right-hand side of the interface shows the Environment pane with a list of objects: `1+1`, `10*5`, and `10*`. Below that is the Files pane showing a directory tree with folders like `.Rhistory`, `2017`, `2018`, `2019`, `2020`, `html`, `Officeのカスタム テンプレート`, `Outlook ファイル`, `paper`, `public_html`, `R`, and `その他`.

計算の中断5

非推奨ですが、どうにかしてこのままの状態
で10*5を計算したい場合は①「5」と
打ち込んでリターンキーを押せばよい。
②無事「10*5」の計算結果である50が表
示され、③プロンプトが表示されているこ
とがわかります。

RStudio

File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help

Go to file/function Addins

Console Terminal x Jobs x

```
> 10*  
+ 5  
[1] 50  
>
```

Environment History Connections

To Console To Source

```
1+1  
10*5  
10*  
5
```

Files Plots Packages Help Viewer

New Folder Delete Rename More

Home

	Name	Size
<input type="checkbox"/>	.Rhistory	0 B
<input type="checkbox"/>	2017	
<input type="checkbox"/>	2018	
<input type="checkbox"/>	2019	
<input type="checkbox"/>	2020	
<input type="checkbox"/>	html	
<input type="checkbox"/>	Office のカスタム テンプレート	
<input type="checkbox"/>	Outlook ファイル	
<input type="checkbox"/>	paper	
<input type="checkbox"/>	public_html	
<input type="checkbox"/>	R	
<input type="checkbox"/>	その他	

計算の中断6

①もう一回同じ状況にする。「プロンプト (>)」ではなく、②「+」になってしまったときの推奨手順は、③「Esc」キー。または「Ctrl + C」または「Ctrl + Z」。

The screenshot shows the RStudio interface. In the console, the following commands and output are visible:

```
> 10*  
+ 5  
[1] 50  
> 10*  
+
```

Red arrows with numbers 1, 2, and 3 point to the prompt (>), the plus sign (+), and the Esc key on a keyboard, respectively. The keyboard image shows the Esc key, function keys (F1-F3), and other keys like Tab, Caps Lock, Shift, Fn, Ctrl, and Alt.

計算の中断7

①もう一回同じ状況にする。「プロンプト(>)」ではなく、②「+」になってしまったときの推奨手順は、③「Esc」キー。または「Ctrl + C」または「Ctrl + Z」。④「Esc」キーを押した結果。確かにプロンプト(>)が出ていますね。

The screenshot shows the RStudio interface. The console window contains the following text:

```
> 10*  
+ 5  
[1] 50  
> 10*  
+  
> |
```

A red arrow with the number 4 inside points to the prompt character (>) on the line following the plus sign. The right-hand pane shows the Environment window with a list of objects: 1+1, 10*5, 10*, 5, and 10*.

計算の中断8

The screenshot shows the RStudio interface. The console pane on the left contains the following text:

```
> 10*  
+ 5  
[1] 50  
> 10*  
+  
> |
```

The Environment pane on the right shows a tooltip for the 'Clear Console (Ctrl+L)' button. The tooltip text is:

Clear Console
(Ctrl+L)

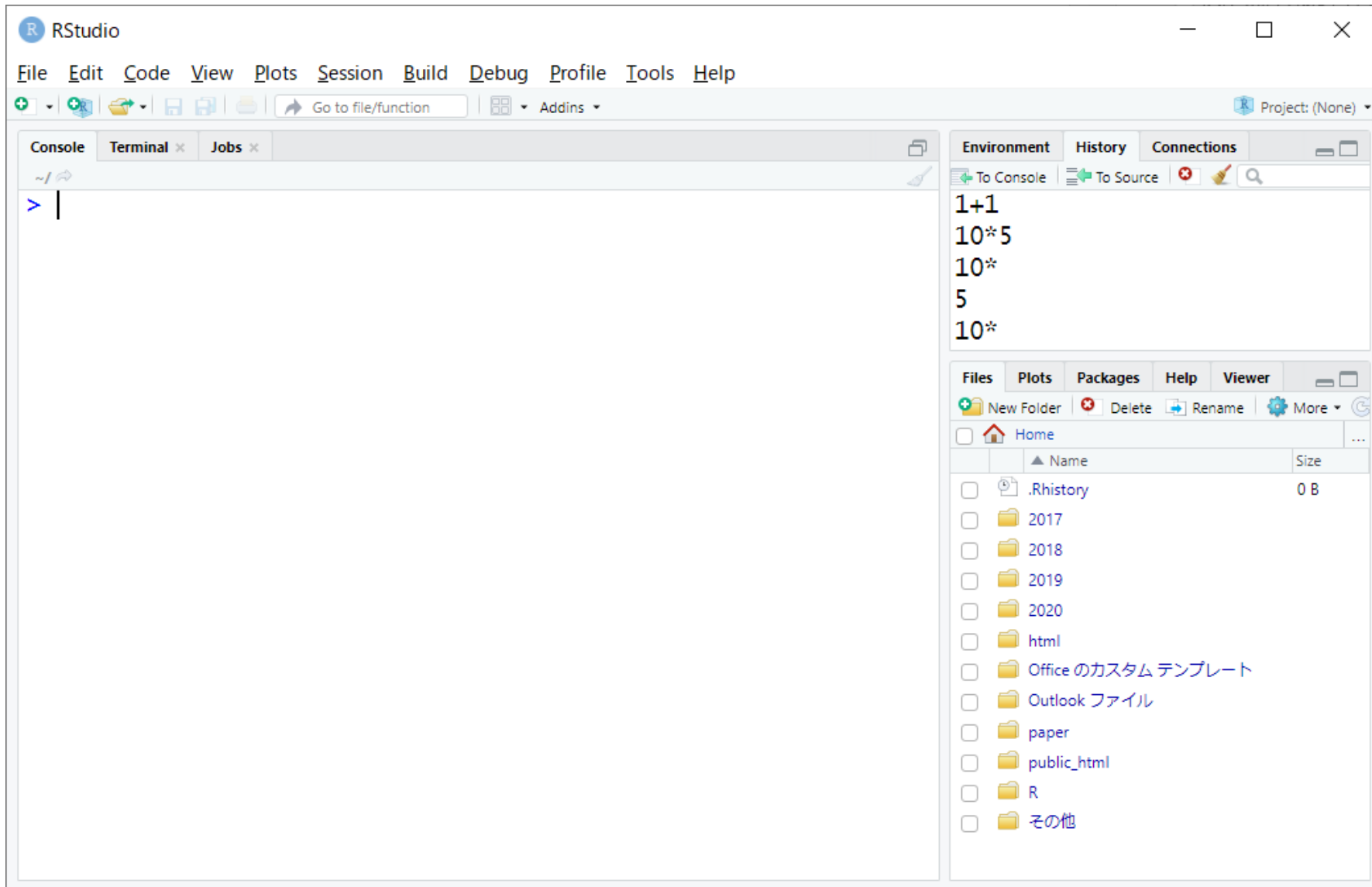
The Environment pane also displays the following text:

```
10*  
5  
10*
```

The Files pane on the right shows a file explorer view with the following items:

Name	Size
.Rhistory	0 B
2017	
2018	
2019	
2020	
html	
Officeのカスタム テンプレート	
Outlook ファイル	
paper	
public_html	
R	
その他	

計算の中断9



The screenshot shows the RStudio interface. The console pane on the left contains the prompt `>` and a vertical cursor. The environment pane on the right displays the following objects:

```
1+1
10*5
10*
5
10*
```

The Files pane at the bottom right shows a file explorer view of the home directory with the following items:

Name	Size
.Rhistory	0 B
2017	
2018	
2019	
2020	
html	
Officeのカスタム テンプレート	
Outlook ファイル	
paper	
public_html	
R	
その他	

Contents

- Introduction、(Rで)塩基配列解析、(Rで)塩基配列解析のサブ
- 基本的な利用法、RStudioの起動、見栄えの統一、終了
- Console画面の見栄え、設定変更、枠の幅、電卓的な利用
- プロンプト(>)、Console画面クリア、計算の中断
- 翻訳配列取得
 - 項目と例題、入力ファイルの保存、作業ディレクトリの変更
 - 入力ファイルの確認、FASTA形式、コピー実行、出力ファイルの確認
- フィルタリング(任意のキーワードを含む行を抽出)
 - 全体像の把握、入力ファイルの保存、コピー実行、出力ファイルの確認
 - Winユーザ向け注意点、応用
- 警告メッセージ、ありがちなミス

項目と例題

① (Rで)塩基配列解析のページでは、基本的な塩基配列解析から、NGSデータ取得、マッピング、統計解析、作図などができます。このウェブページは、サンプルデータと解析例を徹底的に充実させています。項目数が非常に多いですが、慣れです。項目だけのものや古いものも多数あります。

(Rで)塩基配列解析

x +

← → ↻ 保護されていない通信 | iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html#

(Rで)塩基配列解析

①

(last modified 2020/03/03, since 2010)

このウェブページのR関連部分は、[インストール | についての推奨手順](#) ([Windows2019.10.09版](#)と[Macintosh2020.03.02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](#) ([Windows2019.03.12版](#)と [Macintosh2019.03.12版](#))で自習してください。2018年7月に(Rで)塩基配列解析の一部(講習会・書籍・学会誌など)を切り分けて[サブページ](#)に移行しました。(2018/07/18)

What's new? ([過去のお知らせ](#)はこちら)

- 2020年の[アグリバイオインフォマティクス教育研究プログラム](#)の受講ガイダンスは、2020年4月3日(Fri.)17:15より東大農学部2号館2階化学第一講義室で開催します。東京大学の学生以外で受講を希望される方は申請要項([Word](#)、[PDF](#))をご確認の上、2020年3月19日(木)までにお申込みください。合格者には2020年3月31日(火)までに通知します。昨年度から引き続き受講される場合も、東京大学の学生以外の方は申請が必要ですのでご注意ください。(2020/02/23) **NEW**

- [はじめに](#) (last modified 2018/08/04)
- [過去のお知らせ](#) (last modified 2020/03/03) **NEW**
- [インストール | について](#) (last modified 2019/10/09)
- インストール | R本体とRStudio | 最新版 | [Win用](#) (last modified 2019/10/08) 推奨
- インストール | R本体とRStudio | 最新版 | [Mac用](#) (last modified 2020/03/03) 推奨 **NEW**
- インストール | R本体 | 過去版 | [Win用](#) (last modified 2015/03/22)
- インストール | R本体 | 過去版 | [Mac用](#) (last modified 2015/03/22)
- [インストール | Rパッケージ | について](#) (last modified 2018/11/13)
- インストール | Rパッケージ | [必要最小限 プラスアルファ](#) (last modified 2020/03/02) 推奨 **NEW**
- インストール | Rパッケージ | [個別\(2018年11月以降\)](#) (last modified 2018/11/12)
- インストール | Rパッケージ | [個別\(2018年11月以前\)](#) (last modified 2018/11/12)

[トップページ](#)へ

Apr 13, 2020

項目と例題

①(Rで)塩基配列解析のページでは、基本的な塩基配列解析から、NGSデータ取得、マッピング、統計解析、作図などができます。このウェブページは、サンプルデータと解析例を徹底的に充実させています。項目数が非常に多いですが、慣れです。項目だけのものや古いものも多数あります。②をクリック。

(Rで)塩基配列解析

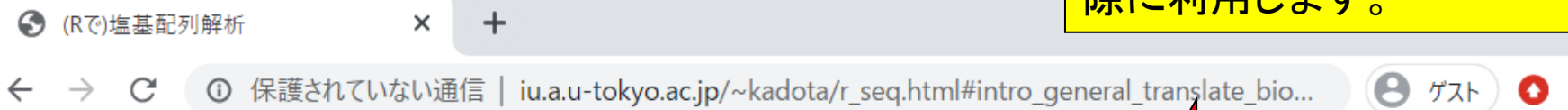
保護されていない通信 | iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html#intro_g

- [インストール | Rパッケージ | 個別\(2018年11月以降\)](#) (last modified 2018/11)
- [インストール | Rパッケージ | 個別\(2018年11月以前\)](#) (last modified 2018/11)
- [基本的な利用法](#) (last modified 2019/03/12)
- [サンプルデータ](#) (last modified 2019/09/06)
- [イントロ | 一般 | ランダムに行を抽出](#) (last modified 2014/07/17)
- [イントロ | 一般 | 任意の文字列を行の最初に挿入](#) (last modified 2014/07/17)
- [イントロ | 一般 | 任意のキーワードを含む行を抽出\(基礎\)](#) (last modified 2019/04/24)
- [イントロ | 一般 | ランダムな塩基配列を生成](#) (last modified 2014/06/16)
- [イントロ | 一般 | 任意の長さの可能な全ての塩基配列を作成](#) (last modified 2015/02/19)
- [イントロ | 一般 | 任意の位置の塩基を置換](#) (last modified 2013/09/12)
- [イントロ | 一般 | 指定した範囲の配列を取得 | について](#) (last modified 2019/09/06)
- [イントロ | 一般 | 指定した範囲の配列を取得 | Biostring](#) (last modified 2019/09/06)
- [イントロ | 一般 | 指定したID\(染色体やdescription\)の配列を取得](#) (last modified 2014/03/10)
- [イントロ | 一般 | 翻訳配列\(translate\)を取得 | について](#) (last modified 2019/09/06)
- [イントロ | 一般 | 翻訳配列\(translate\)を取得 | Biostrings](#) ② (last modified 2015/09/12)
- [イントロ | 一般 | 翻訳配列\(translate\)を取得 | seqinr\(Char, 2005\)](#) (last modified 2015/03/09)
- [イントロ | 一般 | 相補鎖\(complement\)を取得](#) (last modified 2019/03/10)
- [イントロ | 一般 | 逆相補鎖\(reverse complement\)を取得](#) (last modified 2019/03/10)
- [イントロ | 一般 | 逆鎖\(reverse\)を取得](#) (last modified 2019/03/10)

[トップページへ](#)

項目と例題

こんな感じになります。①この項目は、塩基配列を入力として読み込んで、その翻訳配列であるアミノ酸配列を出力する際に利用します。



イントロ | 一般 | 翻訳配列(translate)を取得 | Biostrings ①

Biostringsパッケージを用いて塩基配列を読み込んでアミノ酸配列に翻訳するやり方を示します。翻訳のための遺伝コード(genetic code)は、Standard Genetic Codeだそうです。もちろん生物種?!によって多少違い(variants)があるようで、"Standard", "SGC0", "Vertebrate Mitochondrial", "SGC1"などいろいろ選べるようです。

「ファイル」 - 「ディレクトリの変更」で解析したいファイルを置いてあるディレクトリに移動し以下をコピー。

1. FASTA形式ファイル(sample1.fasta)の場合 :

multi-FASTAではないsingle-FASTA形式ファイルです。

```

in_f <- "sample1.fasta"      #入力ファイル名を指定してin_fに格納
out_f <- "hoge1.fasta"      #出力ファイル名を指定してout_fに格納

#必要なパッケージをロード
library(Biostrings)        #パッケージの読み込み

#入力ファイルの読み込み
fasta <- readDNAStringSet(in_f, format="fasta")#in_fで指定したファイルの読み込み
fasta                                #確認してるだけです

#本番
fasta <- translate(fasta)    #アミノ酸配列に翻訳した結果をfastaに格納
fasta                                #確認してるだけです

#ファイルに保存
writeXStringSet(fasta, file=out_f, format="fasta", width=50)#fastaの中身を指定したファイル名で保存

```

[トップページへ](#)

項目と例題

こんな感じになります。①この項目は、塩基配列を入力として読み込んで、その翻訳配列であるアミノ酸配列を出力する際に利用します。大抵の項目は、いくつかの例題を提供しています。例えば、②が例題1で...

イントロ | 一般 | 翻訳配列(translate)を取得 | Biostrings ①

Biostringsパッケージを用いて塩基配列を読み込んでアミノ酸配列に翻訳するやり方を示します。翻訳のための遺伝コード(genetic code)は、Standard Genetic Codeだそうです。もちろん生物種?!によって多少違い(variants)があるようで、"Standard", "SGC0", "Vertebrate Mitochondrial", "SGC1"などいろいろ選べるようです。

「②ファイル」 - 「ディレクトリの変更」で解析したいファイルを置いてあるディレクトリに移動し以下をコピー。

1. FASTA形式ファイル(sample1.fasta)の場合 :

multi-FASTAではないsingle-FASTA形式ファイルです。

```
in_f <- "sample1.fasta" #入力ファイル名を指定してin_fに格納
out_f <- "hoge1.fasta" #出力ファイル名を指定してout_fに格納

#必要なパッケージをロード
library(Biostrings) #パッケージの読み込み

#入力ファイルの読み込み
fasta <- readDNASTringSet(in_f, format="fasta") #in_fで指定したファイルの読み込み
fasta #確認してるだけです

#本番
fasta <- translate(fasta) #アミノ酸配列に翻訳した結果をfastaに格納
fasta #確認してるだけです

#ファイルに保存
writeXStringSet(fasta, file=out_f, format="fasta", width=50) #fastaの中身を指定したファイル名で保存
```

[トップページへ](#)

項目と例題

こんな感じになります。①この項目は、塩基配列を入力として読み込んで、その翻訳配列であるアミノ酸配列を出力する際に利用します。大抵の項目は、いくつかの例題を提供しています。例えば、②が例題1で、③が例題2だと解釈します。この画面は6行分ほどページ下部に移動させただけです。④クリックする項目を間違えて困った人は、「トップページへ」で一番上からやり直してください。

(Rで)塩基配列解析

保護されていない通信 | iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html#intro_g

1. FASTA形式ファイル(sample1.fasta)の場合 :

multi-FASTAではないsingle-FASTA形式ファイルです。

```

in_f <- "sample1.fasta"      #入力ファイル名を指定してin_fに格納
out_f <- "hoge1.fasta"      #出力ファイル名を指定してout_fに格納

#必要なパッケージをロード
library(Biostrings)        #パッケージの読み込み

#入力ファイルの読み込み
fasta <- readDNAStringSet(in_f, format="fasta")#in_fで指定したファイルの読み込み
fasta                                #確認してるだけです

#本番
fasta <- translate(fasta)   #アミノ酸配列に翻訳した結果をfastaに格納
fasta                       #確認してるだけです

#ファイルに保存
writeXStringSet(fasta, file=out_f, format="fasta", width=50)#fastaの中身を指定したファイル名で保存

```

2. (multi-)FASTA形式ファイル(sample4.fasta)の場合 :

配列中にACGT以外のものが存在するためエラーが出る例です。4番目の配列(つまりgene_4)の17番目のポジションがNなので妥当です。

```

in_f <- "sample4.fasta"      #入力ファイル名を指定してin_fに格納
out_f <- "hoge2.fasta"      #出力ファイル名を指定してout_fに格納

```

[トップページへ](#)

Apr 13, 2020

Contents

- Introduction、(Rで)塩基配列解析、(Rで)塩基配列解析のサブ
- 基本的な利用法、RStudioの起動、見栄えの統一、終了
- Console画面の見栄え、設定変更、枠の幅、電卓的な利用
- プロンプト(>)、Console画面クリア、計算の中断
- 翻訳配列取得
 - 項目と例題、入力ファイルの保存、作業ディレクトリの変更
 - 入力ファイルの確認、FASTA形式、コピー実行、出力ファイルの確認
- フィルタリング(任意のキーワードを含む行を抽出)
 - 全体像の把握、入力ファイルの保存、コピー実行、出力ファイルの確認
 - Winユーザ向け注意点、応用
- 警告メッセージ、ありがちなミス

入力ファイルの保存1

(Rで)塩基配列解析

← ① iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html#intro_general_translate_bio...

1. FASTA形式ファイル(sample1.fasta)の場合 :

multi-FASTAではないsingle-FASTA形式ファイルです。

```

in_f <- "sample1.fasta"      #入力ファイル名を指定してin_fに格納
out_f <- "hoge1.fasta"      #出力ファイル名を指定してout_fに格納

#必要なパッケージをロード
library(Biostrings)        #パッケージの読み込み

#入力ファイルの読み込み
fasta <- readDNASTringSet(in_f, format="fasta")#in_fで指定したファイルの読み込み
fasta                                #確認してるだけです

#本番
fasta <- translate(fasta)    #アミノ酸配列に翻訳した結果をfastaに格納
fasta                                #確認してるだけです

#ファイルに保存
writeXStringSet(fasta, file=out_f, format="fasta", width=50)#fastaの中身を指定したファイル名で保存
    
```

2. (multi-)FASTA形式ファイル(sample4.fasta)の場合 :

配列中にACGT以外のものが存在するためエラーが出る例です。4番目の配列(つまりgene_4)の17番目のポジションがNなので妥当です。

```

in_f <- "sample4.fasta"    #入力ファイル名を指定してin_fに格納
out_f <- "hoge2.fasta"    #出力ファイル名を指定してout_fに格納
    
```

[トップページへ](#)

入力ファイルの保存2

①例題1をやります。②デスクトップ上に、(名前は何でもよいですが)hogeというフォルダを作成し、そこに入力ファイルとして用いる③sample1.fastaを保存すべく...

(Rで)塩基配列解析

← ① 保護されていない通信 | [iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html#intro_general_translate_bio...](#)

1. FASTA形式ファイル(sample1.fasta)の場合 :

multi-FASTAではないsingle-FASTA形式ファイルです。

```
in_f <- "sample1.fasta"
out_f <- "hoge1.fasta"

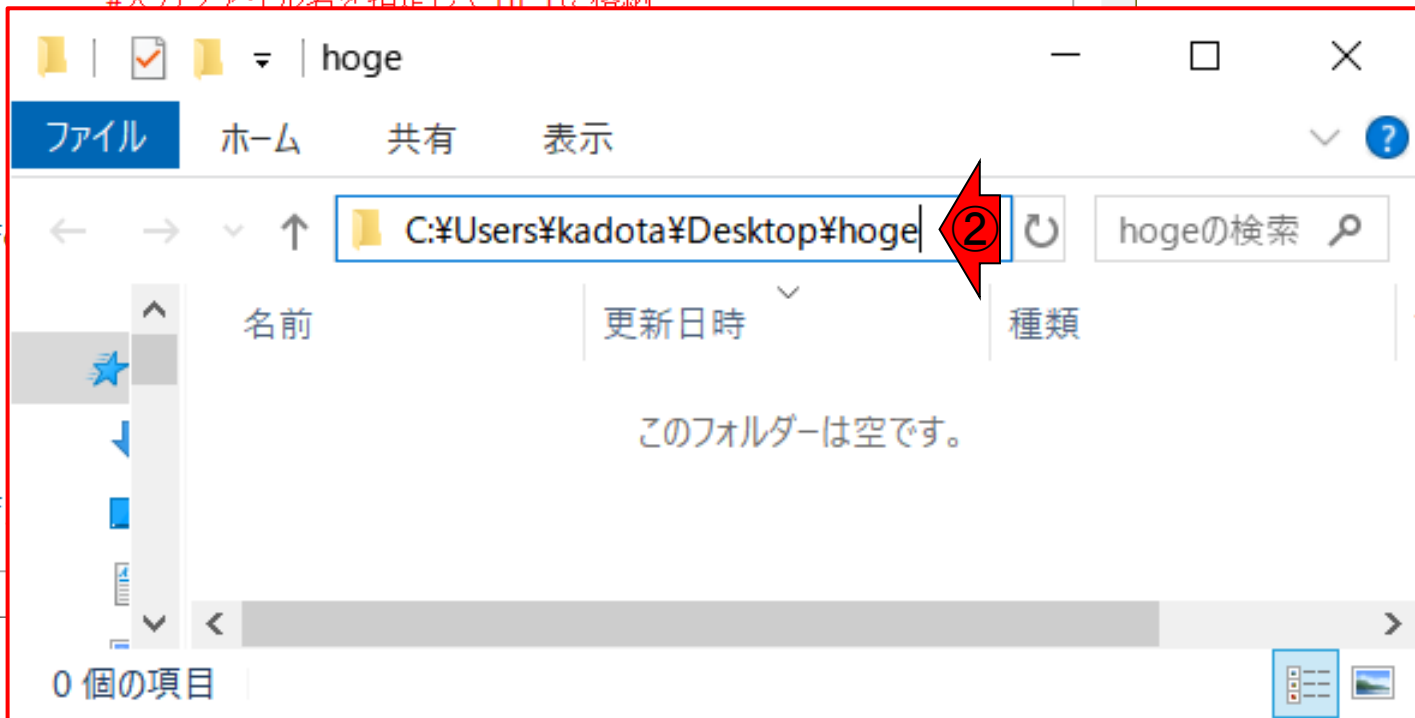
#必要なパッケージをロード
library(Biostrings)

#入力ファイルの読み込み
fasta <- readDNAStringSet(in_f, f
fasta

#本番
fasta <- translate(fasta)
fasta

#ファイルに保存
writeXStringSet(fasta, file=out_f
```

#入力ファイル名を指定してin_fに格納



入力ファイルの保存3

①例題1をやります。②デスクトップ上に、(名前は何でもよいですが)hogeというフォルダを作成し、そこに入力ファイルとして用いる③sample1.fastaを保存すべく、右クリックで④保存。

1. FASTA形式ファイル(sample1.fasta)の場合・

```
multi-FASTAではないsingle-FASTAの場合  
in_f <- "sample1.fasta"  
out_f <- "hoge1.fasta"  
  
#必要なパッケージをロード  
library(Biostrings)  
  
#入力ファイルの読み込み  
fasta <- readDNAStringSet(in_f, fromfile=TRUE)  
fasta  
  
#本番  
fasta <- translate(fasta)  
fasta  
  
#ファイルに保存  
writeXStringSet(fasta, file=out_f, format="fasta", width=50)
```

新しいタブで開く(T)
新しいウィンドウで開く(W)
シークレット ウィンドウで開く(G)
名前を付けてリンク先を保存(K)...
リンクのアドレスをコピー(E)
検証(I) Ctrl+Shift+I

に格納
(に格納)
ルの読み込み
#fastaの中身を指定したファイル名で保存
トップページへ

入力ファイルの保存4

①例題1をやります。②デスクトップ上に、(名前は何でもよいですが)hogeというフォルダを作成し、そこに入力ファイルとして用いる③sample1.fastaを保存すべく、右クリックで④保存。⑤デスクトップ、⑥hogeを選択して、⑦保存。⑧ときどき勝手に.txtが追加されることがあるので注意してください。sample1.fastaが正解

1. FASTA形式ファイル(sample1.fasta)の場合・

multi-FASTAではないsingle-FAS

```
in_f <- "sample1.fasta"  
out_f <- "hoge1.fasta"
```

```
#必要なパッケージをロード  
library(Biostrings)
```

```
#入力ファイルの読み込み  
fasta <- readDNAStringSet(i  
fasta
```

```
#本番  
fasta <- translate(fasta)  
fasta
```

```
#ファイルに保存  
writeXStringSet(fasta, file
```



入力ファイルの保存5

①例題1をやります。②デスクトップ上に、(名前は何でもよいですが)hogeというフォルダを作成し、そこに入力ファイルとして用いる③sample1.fastaを保存すべく、右クリックで④保存。⑤デスクトップ、⑥hogeを選択して、⑦保存。⑧ときどき勝手に.txtが追加されることがあるので注意してください。sample1.fastaが正解。こんな感じになれば無事ダウンロードできているはず。⑨×。

1. FASTA形式ファイル(sample1.fasta)の場合 :

multi-FASTAではないsingle-FASTA形式ファイルです。

```
in_f <- "sample1.fasta" #入力ファイル名を指定してin_f(
out_f <- "hoge1.fasta" #出力ファイル名を指定してout_f(

#必要なパッケージをロード
library(Biostrings) #パッケージの読み込み

#入力ファイルの読み込み
fasta <- readDNAStringSet(in_f, format="fasta")#in_fで指定したファイルの読み込み
fasta #確認してるだけです

#本番
fasta <- translate(fasta) #アミノ酸配列に翻訳した結果をfastaに格納
fasta #確認してるだけです

#ファイルに保存
writeXStringSet(fasta, file=out_f, format="fasta", width=50)#fastaの中身を指定したファイル名で保存
```

[トップページへ](#)

sample1.fasta

すべて表示

×

9

入力ファイルの保存6

①例題1をやります。②デスクトップ上に、(名前は何でもよいですが)hogeというフォルダを作成し、そこに入力ファイルとして用いる③sample1.fastaを保存すべく、右クリックで④保存。⑤デスクトップ、⑥hogeを選択して、⑦保存。⑧ときどき勝手に.txtが追加されることがあるので注意してください。sample1.fastaが正解。こんな感じになれば無事ダウンロードできているはず。⑨×。⑩hogeフォルダの中身が、⑪のようになればOK。

1. FASTA形式ファイル(sample1.fasta)の場合：

multi-FASTAではないsingle-FASTA形式ファイルです。

```
in_f <- "sample1.fasta"
out_f <- "hoge1.fasta"

#必要なパッケージをロード
library(Biostrings)

#入力ファイルの読み込み
fasta <- readDNAStringSet(in_f, fromFile=TRUE)

#本番
fasta <- translate(fasta)

#ファイルに保存
writeXStringSet(fasta, file=out_f)
```

#入力ファイル名を指定してin_f(

ファイル ホーム 共有 表示

C:\Users\kadota\Desktop\hoge

名前	更新日時	種類
sample1.fasta	2020/03/04 16:43	FASTA ファイル

1 個の項目

Contents

- Introduction、(Rで)塩基配列解析、(Rで)塩基配列解析のサブ
- 基本的な利用法、RStudioの起動、見栄えの統一、終了
- Console画面の見栄え、設定変更、枠の幅、電卓的な利用
- プロンプト(>)、Console画面クリア、計算の中断
- 翻訳配列取得
 - 項目と例題、入力ファイルの保存、作業ディレクトリの変更
 - 入力ファイルの確認、FASTA形式、コピー実行、出力ファイルの確認
- フィルタリング(任意のキーワードを含む行を抽出)
 - 全体像の把握、入力ファイルの保存、コピー実行、出力ファイルの確認
 - Winユーザ向け注意点、応用
- 警告メッセージ、ありがちなミス

作業ディレクトリの変更1

①hogeフォルダ(ディレクトリ)内にある、
②sample1.fastaが目的のファイルだが、
現実には、②のファイル名と同じものが別のフォルダにあるかもしれません。**作業ディレクトリの変更という作業は、RStudio上で作業する場所(ディレクトリ or フォルダ)を宣言すること。これによって、以降の作業を③「ファイル名のみ」を与えることで済ませられるので便利です。**

1. FASTA形式ファイル(sample1.fasta)の場合:

multi-FASTAではないsingle-FASTA形式ファイルです。

```
in_f <- "sample1.fasta"
out_f <- "hoge1.fasta"

#必要なパッケージをロード
library(Biostrings)

#入力ファイルの読み込み
fasta <- readDNAStringSet(in_f, f
fasta

#本番
fasta <- translate(fasta)
fasta

#ファイルに保存
writeXStringSet(fasta, file=out_f
```



作業ディレクトリの変更2

私の環境では、①の場所を作業ディレクトリに設定することになります。正確には、「C:¥Users...」という①の全ての情報(フルパス、といいます)を指定することで、作業ディレクトリがどこであっても②を読み込むことはできます。そういうやり方を教えるヒトもいると思います。

1. FASTA形式ファイル(sample1.fasta)の場合 :

multi-FASTAではないsingle-FASTA形式ファイルです。

```
in_f <- "sample1.fasta"
out_f <- "hoge1.fasta"

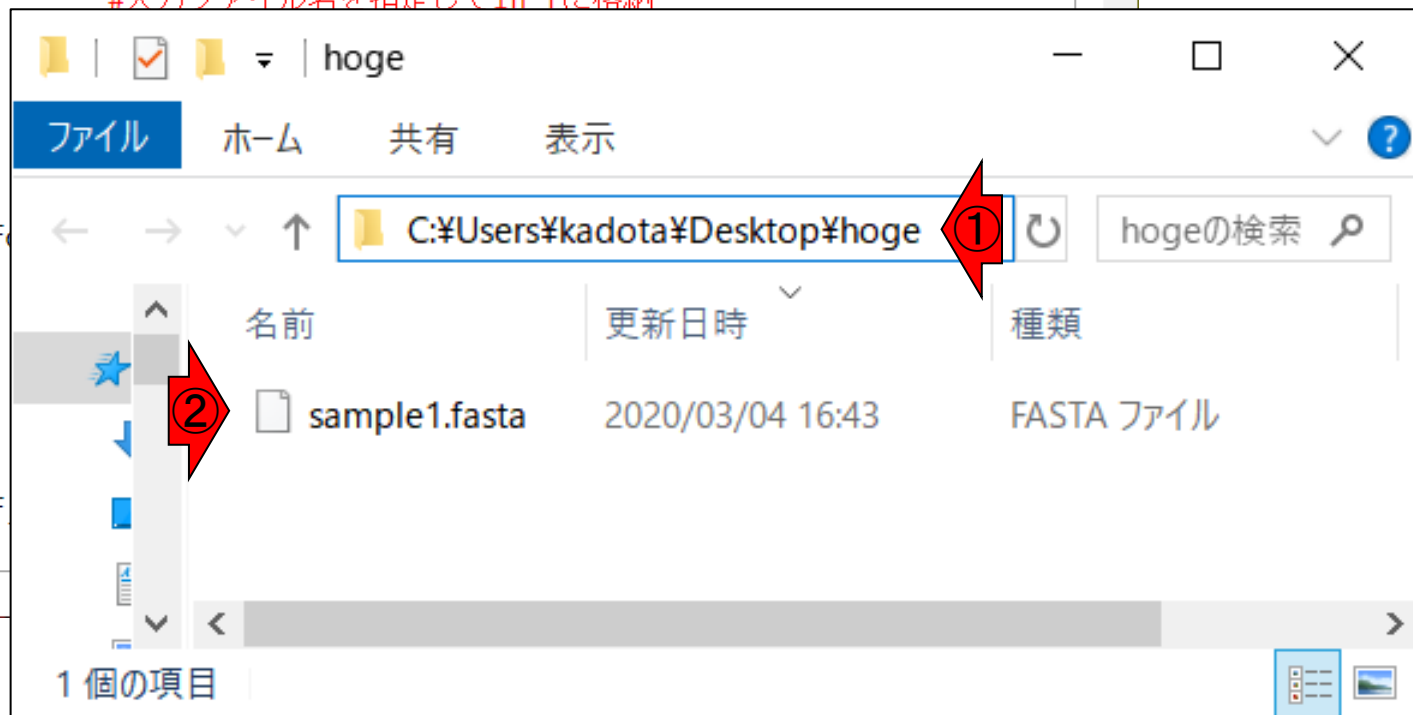
#必要なパッケージをロード
library(Biostrings)

#入力ファイルの読み込み
fasta <- readDNAStringSet(in_f, f
fasta

#本番
fasta <- translate(fasta)
fasta

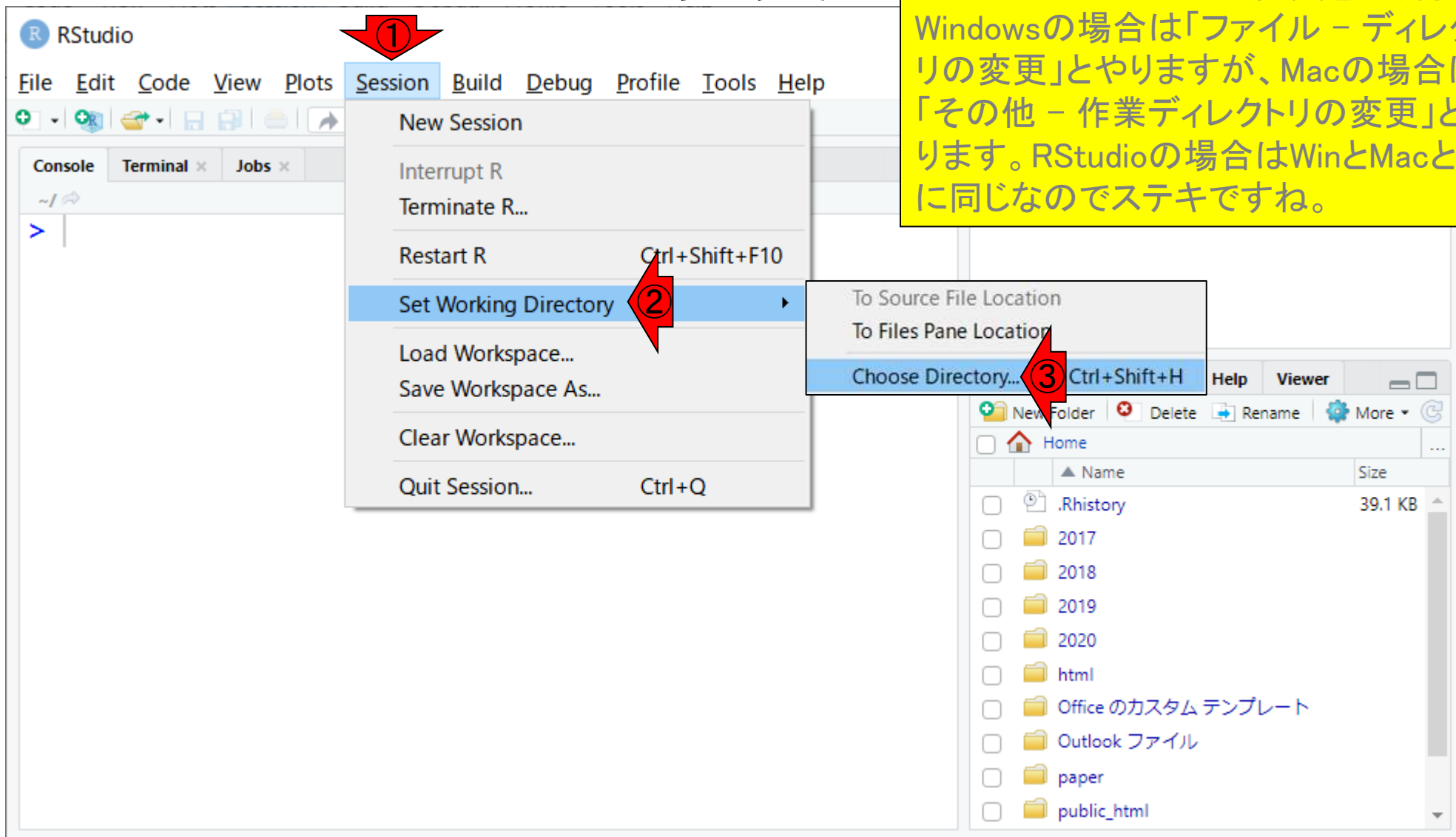
#ファイルに保存
writeXStringSet(fasta, file=out_f
```

#入力ファイル名を指定してin_fに格納



作業ディレクトリの変更3

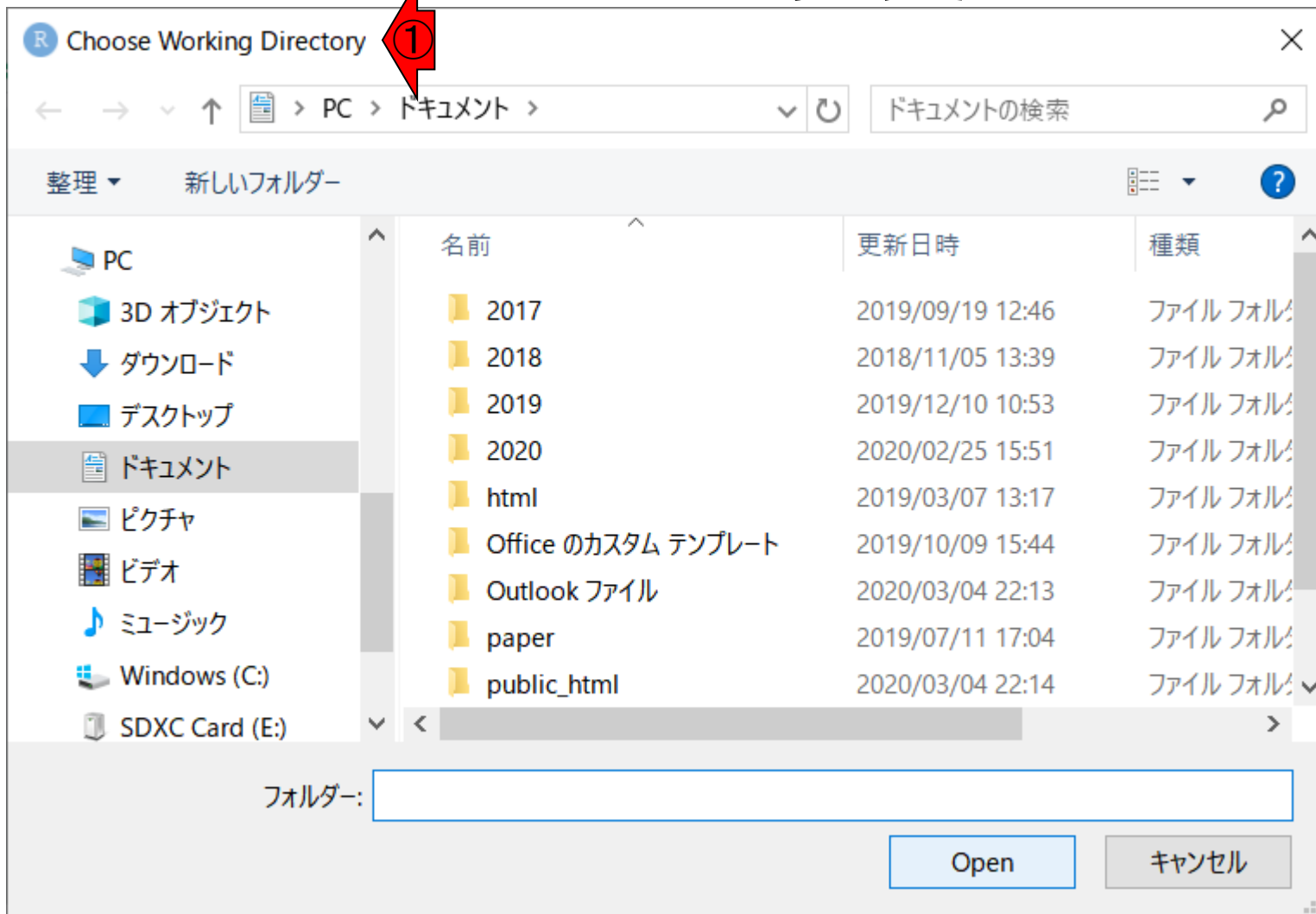
①Session、②Set Working Directory、③Choose Directory…。RStudioではなくR上で作業ディレクトリの変更を行う際は、Windowsの場合は「ファイル - ディレクトリの変更」とやりますが、Macの場合は「その他 - 作業ディレクトリの変更」とやります。RStudioの場合はWinとMacともに同じなのでステキですね。



①こんな感じのフォルダ選択画面が出ますので…

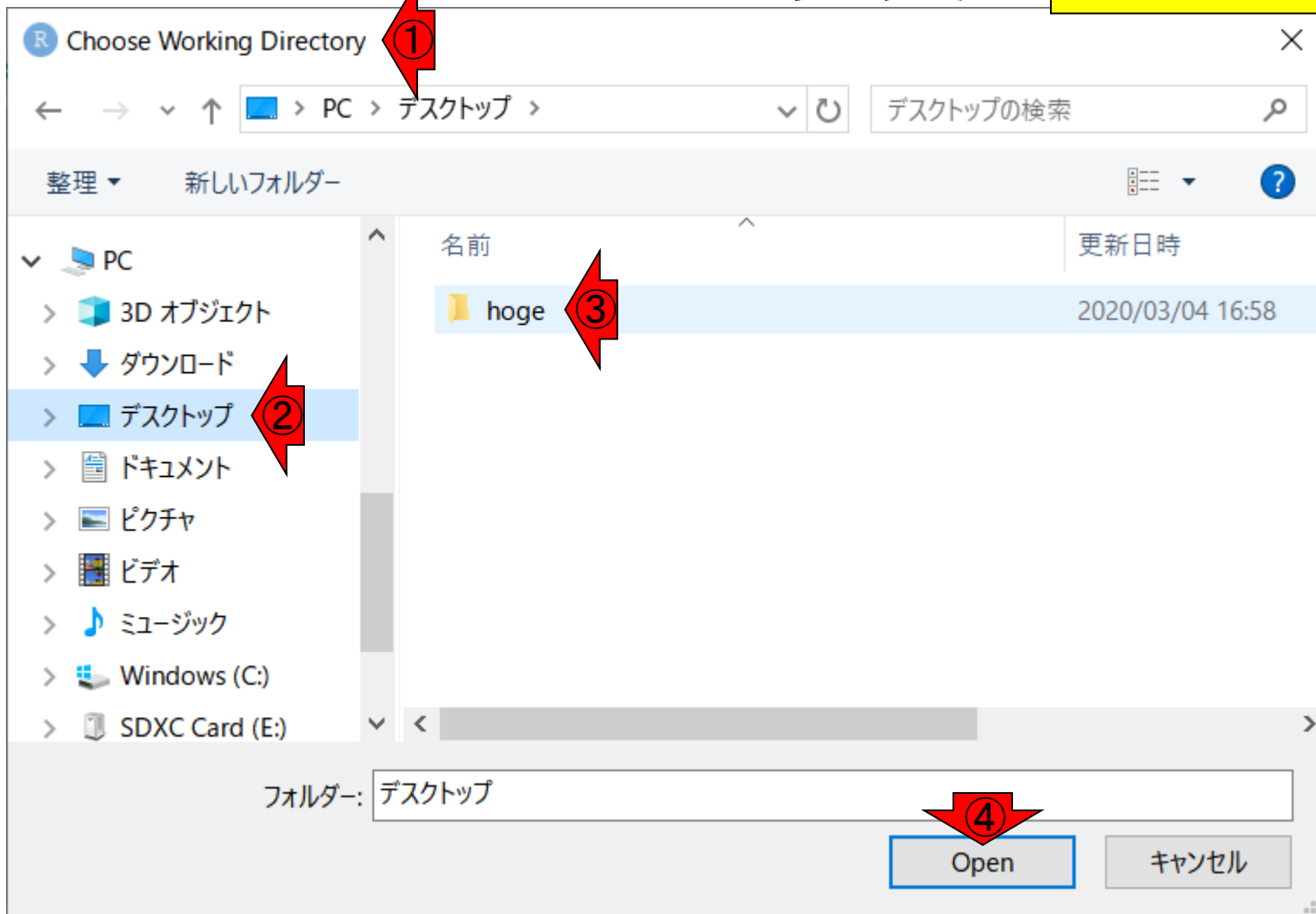
作業ディレクトリの変更4

①



作業ディレクトリの変更5

①こんな感じのフォルダ選択画面が出ますので、②③④のような感じで変更を完了してください。



作業ディレクトリの変更6

The screenshot shows the RStudio interface with the following components:

- Console:** Displays the command `> setwd("C:/Users/kadota/Desktop/hoge")` and a subsequent prompt `> |`.
- Environment:** Shows the command `setwd("C:/Users/kadota/Desk...`.
- Files:** Shows the file explorer for the directory `C:/Users/kadota/Desktop/hoge`. It contains a file named `sample1.fasta` with a size of 23 B.

作業ディレクトリの変更7

こんな感じになります。入力したわけでもないのに、①こんなコマンドを実行したことになります。逆にいえば、さきほどの作業は、①のコマンドをコピー実行することでも代用可能だということです。

The screenshot shows the RStudio interface. The top menu bar includes File, Edit, Code, View, Plots, Session, Build, Debug, Profile, Tools, and Help. Below the menu is a toolbar with icons for file operations and a search bar. The main workspace is divided into several panes. On the left, the Console pane shows the command `> setwd("C:/Users/kadota/Desktop/hoge")` entered, with a red lightning bolt icon and the number 1 pointing to it. The Environment pane on the right shows the command `setwd("C:/Users/kadota/Desk...`. Below the Environment pane is a File Explorer pane showing the directory `C:/Users/kadota/Desktop/hoge` with a file named `sample1.fasta` of size 23 B.

作業ディレクトリの変更8

こんな感じになります。入力したわけでもないのに、①こんなコマンドを実行したことになっています。逆にいえば、さきほどの作業は、①のコマンドをコピー実行することでも代用可能だということです。次は、②右下の赤枠に注目。自動的に作業ディレクトリに移動し、その中身が見えていることが分かります。もし何らかの拍子で③Filesタブがアクティブになっていない場合は、ここをクリック。

RStudio
File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help

Go to file/function Addins

Console Terminal x Jobs x

C:/Users/kadota/Desktop/hoge/ ↗

```
> setwd("C:/Users/kadota/Desktop/hoge")
```

```
> |
```



Files Plots Packages Help Viewer

New Folder Delete Rename More

C: > Users > kadota > Desktop > hoge

	Name	Size
	..	
	sample1.fasta	23 B

貸与PCのヒトは、①の部分がstudentになっていると思います。

作業ディレクトリの変更9

The screenshot shows the RStudio interface. The console on the left displays the command `setwd("C:/Users/kadota/Desktop/hoge")` being entered. The file explorer on the right shows the current directory as `C:\Users\kadota\Desktop\hoge`. A red arrow with the number 1 points to the 'Packages' tab in the file explorer, which is highlighted in red. The file explorer also shows a file named `sample1.fasta` with a size of 23 B.

作業ディレクトリの変更10

貸与PCのヒトは、①の部分がstudentになっていると思います。②赤枠内の任意のフォルダをクリックできますが、移動先のフォルダの中身が見られるだけです。作業ディレクトリの変更はできませんのでご注意ください。

The screenshot displays the RStudio environment. The console window on the left shows the command `setwd("C:/Users/kadota/Desktop/hoge")` being entered. On the right, the Environment pane shows the current working directory as `setwd("C:/Users/kadota/Desk...")`. Below this, the File Explorer window is open to the path `C:\Users\kadota\Desktop\hoge`, which is highlighted with a red box and a red arrow labeled '2'. The file explorer shows a folder named `..` and a file named `sample1.fasta` with a size of 23 B.

作業ディレクトリの変更11

貸与PCのヒトは、①の部分がstudentになっていると思います。②赤枠内の任意のフォルダをクリックできますが、移動先のフォルダの中身が見られるだけです。作業ディレクトリの変更はできませんのでご注意ください。作業ディレクトリの確認は、②ではなく③で行います。

The screenshot displays the RStudio interface. The top-left pane shows the R console with the command `setwd("C:/Users/kadota/Desktop/hoge")` entered. A red arrow with the number 3 points to the `setwd` function. The bottom-right pane shows a Windows File Explorer window with the address bar set to `C:\Users\kadota\Desktop\hoge`, which is highlighted with a red box and a red arrow with the number 2. The file explorer shows a folder named `..` and a file named `sample1.fasta` with a size of 23 B.

Contents

- Introduction、(Rで)塩基配列解析、(Rで)塩基配列解析のサブ
- 基本的な利用法、RStudioの起動、見栄えの統一、終了
- Console画面の見栄え、設定変更、枠の幅、電卓的な利用
- プロンプト(>)、Console画面クリア、計算の中断
- 翻訳配列取得
 - 項目と例題、入力ファイルの保存、作業ディレクトリの変更
 - 入力ファイルの確認、FASTA形式、コピー実行、出力ファイルの確認
- フィルタリング(任意のキーワードを含む行を抽出)
 - 全体像の把握、入力ファイルの保存、コピー実行、出力ファイルの確認
 - Winユーザ向け注意点、応用
- 警告メッセージ、ありがちなミス

①hogeフォルダ内の、②sample1.fastaをクリックしてみましょう。

入力ファイルの確認1

The screenshot shows the RStudio interface. The console window on the left contains the command `setwd("C:/Users/kadota/Desktop/hoge")`. The file explorer on the right shows the directory `C:/Users/kadota/Desktop/hoge` with a file named `sample1.fasta` (23 B) listed. Red arrows with circled numbers 1 and 2 point to the folder path and the file name, respectively.

入力ファイルの確認2

①hogeフォルダ内の、②sample1.fastaをクリックしてみましょう。こんな感じになります。

The screenshot shows the RStudio interface. The main editor window displays the contents of 'sample1.fasta':

```
1 |>kadota
2 | AGTGACGGTCTT
3 |
```

The console window shows the command `setwd("C:/Users/kadota/Desktop/hoge")` being executed. The file explorer window on the right shows the directory `C:\Users\kadota\Desktop\hoge` with a file named `sample1.fasta` (23 B) highlighted by a red arrow labeled ②. Another red arrow labeled ① points to the 'hoge' folder path in the file explorer.

入力ファイルの確認3

①hogeフォルダ内の、②sample1.fastaをクリックしてみましょう。こんな感じになります。赤枠が、③sample1.fastaの中身に相当します。

The screenshot shows the RStudio interface with the following components:

- File Explorer:** Located at the bottom right, showing the path `C:\Users\kadota\Desktop\hoge`. The file `sample1.fasta` is selected and highlighted with a red arrow labeled ②.
- Editor:** The main window displays the contents of `sample1.fasta`, which are:

```
1 >kadota
2 AGTGACGGTCTT
3
```

A red box labeled ③ highlights the entire content of the file.
- Terminal:** The terminal window at the bottom left shows the command `setwd("C:/Users/kadota/Desktop/hoge")` being executed.
- Environment/Console:** The top right pane shows the command `setwd("C:/Users/kadota/Desk...` in the console.
- Navigation:** A red arrow labeled ① points to the `hoge` folder in the file explorer.

入力ファイルの確認4

①hogeフォルダ内の、②sample1.fastaをクリックしてみましょう。こんな感じになります。赤枠が、③sample1.fastaの中身に相当します。④行番号情報です。1行が長いデータの場合に、④を眺めることで行の区切りを把握します。

The screenshot shows the RStudio interface with several components:

- Environment Panel:** Shows the current working directory set to `setwd("C:/Users/kadota/Desktop/hoge")`.
- Files Panel:** Displays the file explorer for the `hoge` directory, showing a file named `sample1.fasta` (23 B). Red arrow ① points to the folder path, and red arrow ② points to the file.
- Editor Panel:** Shows the content of `sample1.fasta` with a red box around it. The content is:

```
1 >kadota
2 AGTGACGGTCTT
3
```

Red arrow ③ points to the file name in the tab, and red arrow ④ points to the line numbers on the left.
- Console Panel:** Shows the terminal output of the `setwd` command: `> setwd("C:/Users/kadota/Desktop/hoge")`.

入力ファイルの確認5

The screenshot shows the RStudio interface. The top-left pane displays a FASTA file named 'sample1.fasta' with the following content:

```
1 >kadota
2 AGTGACGGTCTT
3
```

A red arrow with the number 1 points to the cursor position at the end of the first line. The bottom-left pane shows the console with the command `setwd("C:/Users/kadota/Desktop/hoge")` entered. The bottom-right pane shows a file explorer view of the directory `C:/Users/kadota/Desktop/hoge`, listing the file `sample1.fasta` with a size of 23 B.

今はカーソルが①の位置にあるので、②の位置に変更しただけ。

入力ファイルの確認6

The screenshot shows the RStudio interface. The top menu bar includes File, Edit, Code, View, Plots, Session, Build, Debug, Profile, Tools, and Help. The toolbar contains icons for file operations and a search bar. The main editor window shows a file named 'sample1.fasta' with the following content:

```
1 >kadota
2 AGTGACGGTCTT|
3
```

Red arrows point to the file name 'sample1.fasta' (labeled ①) and the cursor position at the end of the second line (labeled ②). The terminal window at the bottom shows the command `setwd("C:/Users/kadota/Desktop/hoge")` being executed. The file browser on the right shows the current directory `C:/Users/kadota/Desktop/hoge` containing a file named `sample1.fasta` with a size of 23 B.

入力ファイルの確認7

今はカーソルが①の位置にあるので、②の位置に変更しただけ。③の拡大図が示すように、①のカーソル位置「1:1」から②のカーソル位置「2:13」に変更されていることも分かります。そこそこのエディタには普通についている機能ではありますが、ゲノム情報を解析する場合は、例えば②の位置が何番目の塩基に相当するのを知りたい場合があるので便利。

The screenshot shows the RStudio interface with a text editor window open to a file named 'sample1.fasta'. The editor contains the following text:

```
1 >kadota
2 AGTGACGGTCTT|
3
```

Annotations in the image include:

- ①: A red arrow pointing to the first character 'k' on line 1.
- ②: A red arrow pointing to the vertical bar '|' at the end of line 2.
- ③: A red arrow pointing to a zoomed-in view of the text '2:13' in the status bar below the editor.

The status bar at the bottom of the editor shows '2:13' and 'Text File'.

The screenshot shows a file explorer window with the following details:

- Files: Plots, Packages, Help, Viewer
- Actions: New Folder, Delete, Rename, More
- Path: C: > Users > kadota > Desktop > hoge
- Table:

Name	Size
..	
sample1.fasta	23 B

Contents

- Introduction、(Rで)塩基配列解析、(Rで)塩基配列解析のサブ
- 基本的な利用法、RStudioの起動、見栄えの統一、終了
- Console画面の見栄え、設定変更、枠の幅、電卓的な利用
- プロンプト(>)、Console画面クリア、計算の中断
- 翻訳配列取得
 - 項目と例題、入力ファイルの保存、作業ディレクトリの変更
 - 入力ファイルの確認、FASTA形式、コピー実行、出力ファイルの確認
- フィルタリング(任意のキーワードを含む行を抽出)
 - 全体像の把握、入力ファイルの保存、コピー実行、出力ファイルの確認
 - Winユーザ向け注意点、応用
- 警告メッセージ、ありがちなミス

①赤枠で見えているのが「FASTA形式」です。

FASTA形式1

The screenshot shows the RStudio interface with a text editor window open to 'sample1.fasta'. The editor contains the following text:

```
1 >kadota
2 AGTGACGGTCTT
3
```

A red box highlights the sequence 'AGTGACGGTCTT' on line 2, and a red arrow points to it from a circled '1'. The terminal window shows the command 'setwd("C:/Users/kadota/Desktop/hoge")' and the file browser shows 'sample1.fasta'.

FASTA形式2

①赤枠で見えているのが「FASTA形式」です。最初に②「大なり記号(>)」、その後③任意の記述内容(この場合はkadota)からなる1行の「description行」があり、その次の行に④塩基 or アミノ酸配列がある(複数行になってもよい)ような形式です。

The screenshot shows the RStudio interface. The main editor window displays a text file named 'sample1.fasta' with the following content:

```
1 >kadota
2 AGTGACGGTCTT
3
```

Red arrows with circled numbers point to specific parts of the FASTA format: arrow 2 points to the greater-than sign (>), arrow 3 points to the sequence identifier 'kadota', and arrow 4 points to the sequence 'AGTGACGGTCTT'. The terminal window at the bottom shows the command `setwd("C:/Users/kadota/Desktop/hoge")` being executed. The file explorer on the right shows the current directory containing the file 'sample1.fasta' with a size of 23 B.

FASTA形式3

①赤枠で見えているのが「FASTA形式」です。最初に②「大なり記号(>)」、その後③任意の記述内容(この場合はkadota)からなる1行の「description行」があり、その次の行に④塩基 or アミノ酸配列がある(複数行になってもよい)ような形式です。⑤の部分は任意に変更可能なので、例えばdescription1にしてみると、⑥何か変更したことを意味するアスタリスク(*)が付加されます。

RStudio interface showing a FASTA file editor. The editor displays the following content:

```
1 >description1
2 AGTGACGGTCTT
3
```

Red arrows point to the description line (labeled 5) and the asterisk at the end of the sequence (labeled 6). The console shows the command:

```
> setwd("C:/Users/kadota/Desktop/hoge")
> |
```

Windows File Explorer window showing the contents of a folder named 'hoge'. The folder contains a file named 'sample1.fasta' with a size of 23 B.

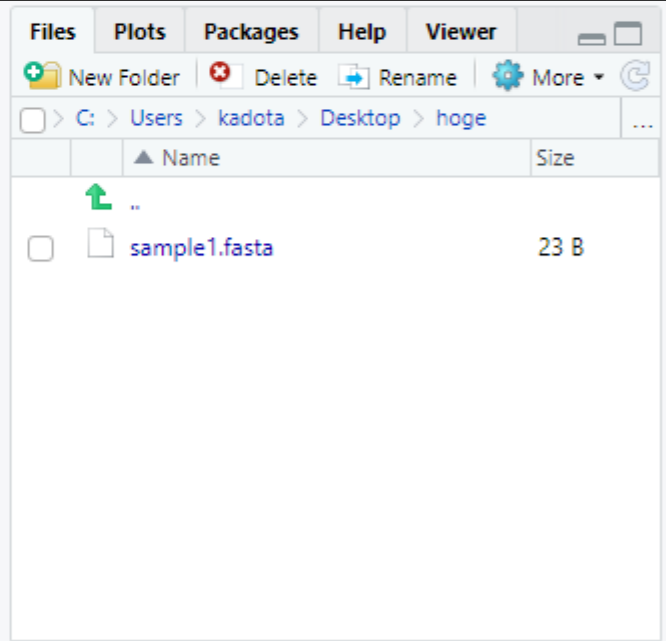
Name	Size
..	
sample1.fasta	23 B

FASTA形式4

①赤枠で見えているのが「FASTA形式」です。最初に②「大なり記号(>)」、その後③任意の記述内容(この場合はkadota)からなる1行の「description行」があり、その次の行に④塩基 or アミノ酸配列がある(複数行になってもよい)ような形式です。⑤の部分は任意に変更可能なので、例えばdescription1にしてみると、⑥何か変更したことを意味するアスタリスク(*)が付加されます。⑦を押して保存すると…

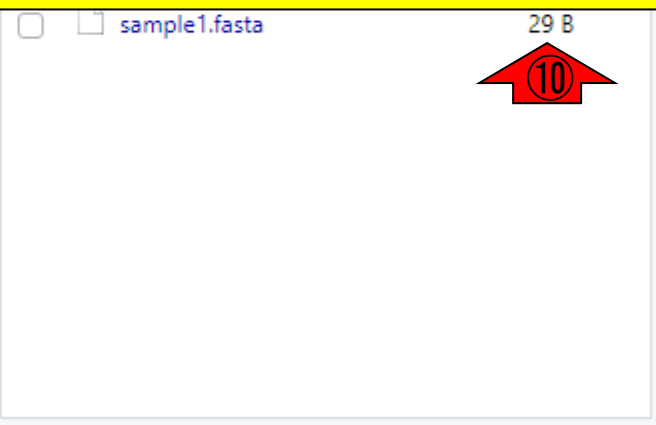
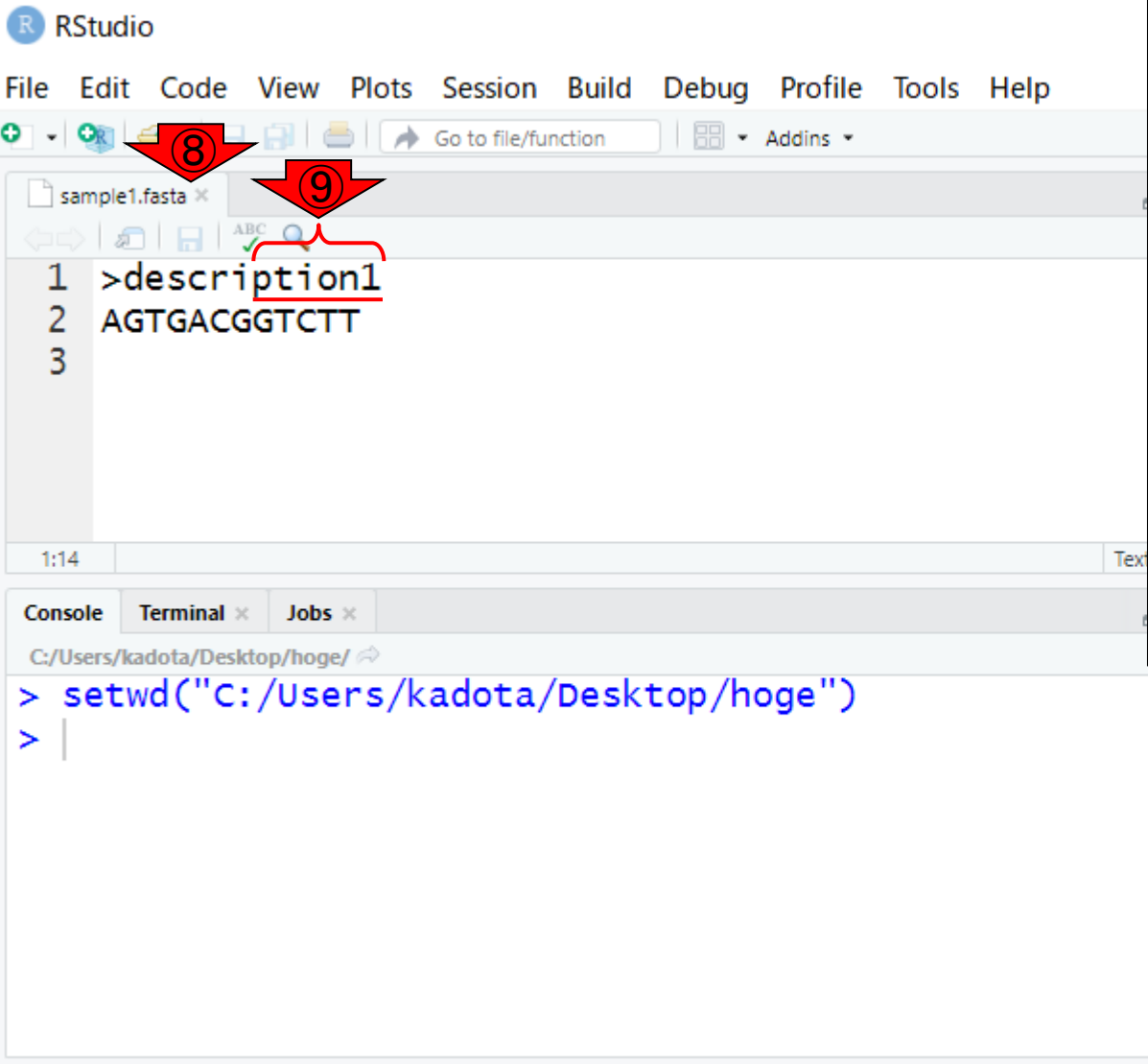
```
RStudio  
File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help  
Go to file/function Addins  
sample1.fasta*  
1 >description1  
2 AGTGACGGTCTT  
3
```

```
Console Terminal Jobs  
C:/Users/kadota/Desktop/hoge/  
> setwd("C:/Users/kadota/Desktop/hoge")  
> |
```



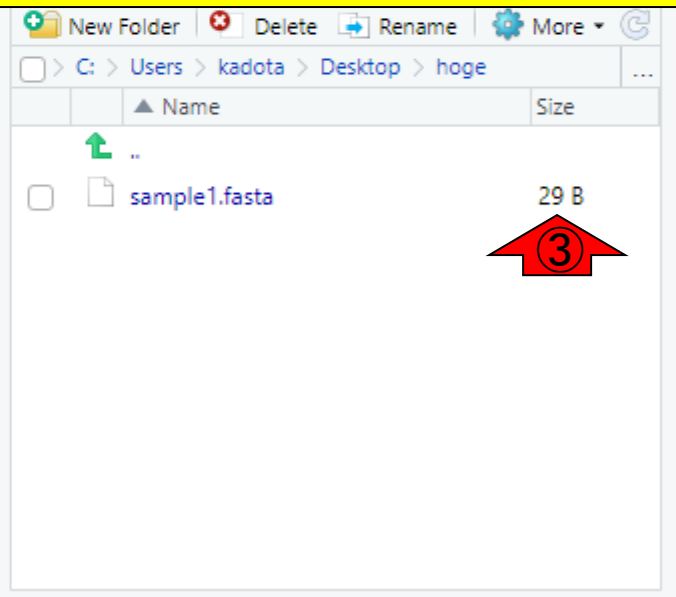
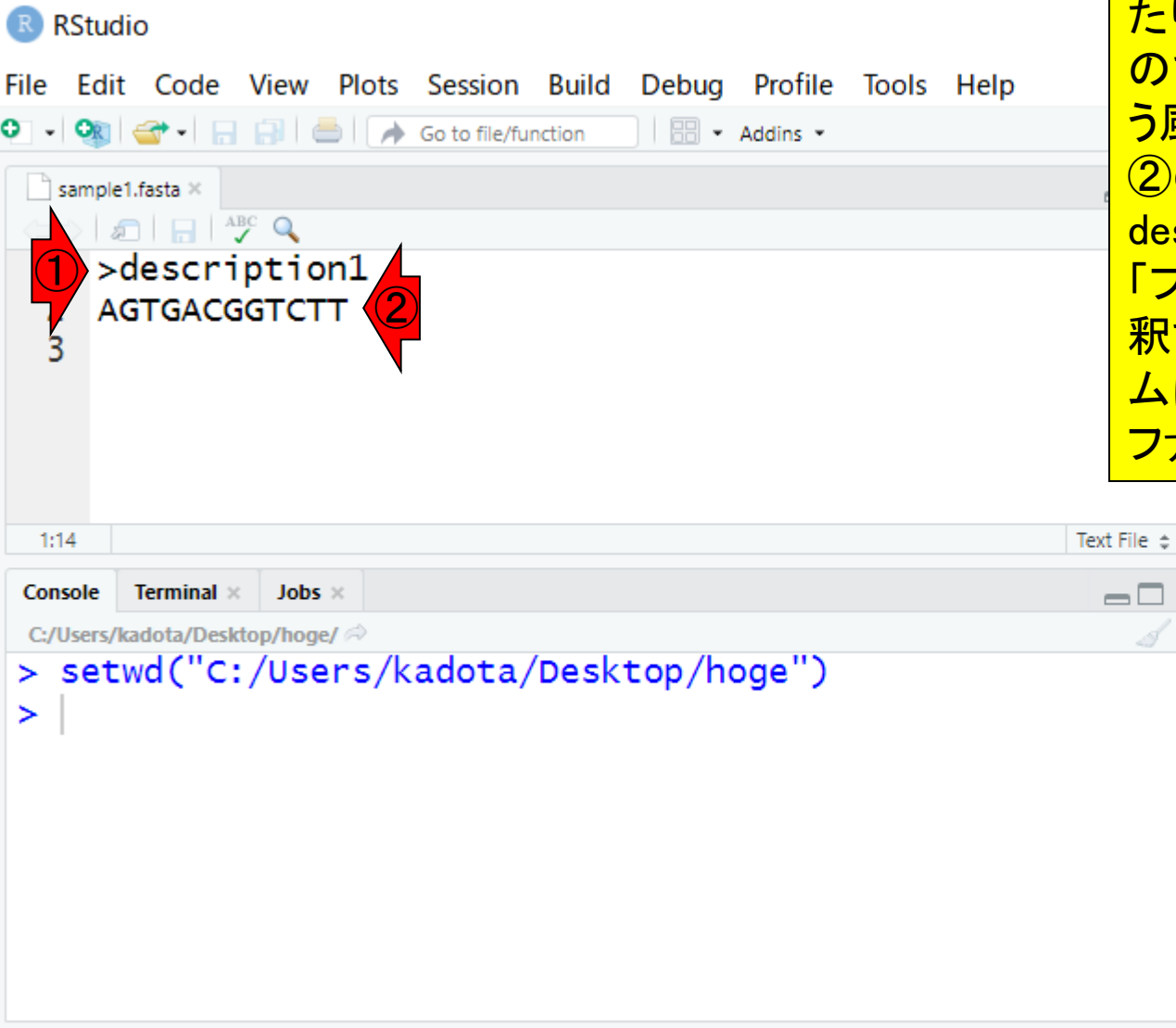
FASTA形式5

①赤枠で見えているのが「FASTA形式」です。最初に②「大なり記号(>)」、その後③任意の記述内容(この場合はkadota)からなる1行の「description行」があり、その次の行に④塩基 or アミノ酸配列がある(複数行になってもよい)ような形式です。⑤の部分は任意に変更可能なので、例えばdescription1にしてみると、⑥何か変更したことを意味するアスタリスク(*)が付加されます。⑦を押して保存すると、⑧*が消え、⑨kadotaの6文字からdescription1の12文字になったので増えた6文字分だけ、⑩ファイルサイズが大きくなっている(23 → 29 bytes)ことが分かります。



FASTA形式6

①description行の文字数は13、②塩基配列の文字数は12。1文字あたり1 byteと計算します。Windowsの場合は1行あたりの改行コードに2 bytes分使いますので、③ $(13 + 12 + 2 + 2) = 29$ bytesという風になります。ゲノム情報の場合は、②の塩基配列情報のほうが圧倒的に①description行の情報よりも多いので、③「ファイルサイズ \approx ゲノムサイズ」と解釈する場合があります。実際、ヒトゲノムは30億塩基対と言われますが、そのファイルサイズは約3GBです。



赤枠がRのエディタ画面。①×を押して編集を終了させると…

FASTA形式7

The screenshot shows the RStudio interface. The main editor window displays a FASTA file named 'sample1.fasta' with the following content:

```
1 >description1
2 AGTGACGGTCTT
3
```

A red arrow points to the close button (marked with a circled '1') in the editor's title bar. The console window shows the command `setwd("C:/Users/kadota/Desktop/hoge")` being executed. The file browser on the right shows the directory `C:/Users/kadota/Desktop/hoge` containing the file `sample1.fasta` (29 B).

FASTA形式8

赤枠がRのエディタ画面。①×を押して編集を終了させると、こんな感じになります。

The screenshot shows the RStudio interface. The top menu bar includes File, Edit, Code, View, Plots, Session, Build, Debug, Profile, Tools, and Help. Below the menu bar is a toolbar with icons for file operations and a search bar. The main workspace is divided into several panes:

- Console:** Shows the command `> setwd("C:/Users/kadota/Desktop/hoge")` and a prompt `> |`.
- Environment:** Shows the command `setwd("C:/Users/kadota/Desk...`.
- Files:** Shows the directory `C:/Users/kadota/Desktop/hoge` with a file `sample1.fasta` of size 29 B.

Contents

- Introduction、(Rで)塩基配列解析、(Rで)塩基配列解析のサブ
- 基本的な利用法、RStudioの起動、見栄えの統一、終了
- Console画面の見栄え、設定変更、枠の幅、電卓的な利用
- プロンプト(>)、Console画面クリア、計算の中断
- 翻訳配列取得
 - 項目と例題、入力ファイルの保存、作業ディレクトリの変更
 - 入力ファイルの確認、FASTA形式、コピー実行、出力ファイルの確認
- フィルタリング(任意のキーワードを含む行を抽出)
 - 全体像の把握、入力ファイルの保存、コピー実行、出力ファイルの確認
 - Winユーザ向け注意点、応用
- 警告メッセージ、ありがちなミス

コピペ実行1

さきほどdescription行部分を変更した① sample1.fastaを入力として、その翻訳配列を②hoge1.fastaというファイル名で出力する一連のスク립トをコピペ実行します。

(Rで)塩基配列解析

保護されていない通信 | iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html#intro_general_translate_bio...

1. FASTA形式ファイル(sample1.fasta)の場合 :

multi-FASTAではないsingle-FASTA形式ファイルです。

```
in_f <- "sample1.fasta" #入力ファイル名を指定してin_fに格納
out_f <- "hoge1.fasta" #出力ファイル名を指定してout_fに格納

#必要なパッケージをロー
library(Biostrings) #パッケージの読み込み

#入力ファイルの読み込み
fasta <- readDNAStringSet(in_f, format="fasta")#in_fで指定したファイルの読み込み
fasta #確認してるだけです

#本番
fasta <- translate(fasta) #アミノ酸配列に翻訳した結果をfastaに格納
fasta #確認してるだけです

#ファイルに保存
writeXStringSet(fasta, file=out_f, format="fasta", width=50)#fastaの中身を指定したファイル名で保存
```

[トップページへ](#)

コピペ実行2

さきほど description 行部分を変更した① sample1.fastaを入力として、その翻訳配列を②hoge1.fastaというファイル名で出力する一連のスク립トをコピペ実行します。赤枠内を全選択して(反転させて)...

(Rで)塩基配列解析

保護されていない通信 | iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html#intro_general_translate_bio...

1. FASTA形式ファイル(sample1.fasta)の場合 :

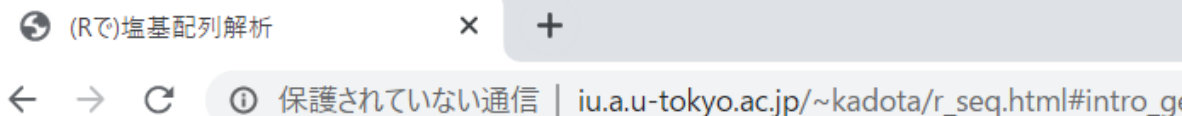
multi-FASTAではないsingle-FASTA形式ファイルです。

```
in f <- "sample1.fasta" #入力ファイル名を指定してin fに格納
out_f <- "hoge1.fasta" #出力ファイル名を指定してout_fに格納
#必要なパッケージをロード
library(Biostrings) #パッケージの読み込み
#入力ファイルの読み込み
fasta <- readDNAStringSet(in f, format="fasta")#in fで指定したファイルの読み込み
fasta #確認してるだけです
#本番
fasta <- translate(fasta) #アミノ酸配列に翻訳した結果をfastaに格納
fasta #確認してるだけです
#ファイルに保存
writeXStringSet(fasta, file=out_f, format="fasta", width=50)#fastaの中身を指定したファイル名で保存
```

[トップページへ](#)

コピペ実行3

さきほど description 行部分を変更した① sample1.fasta を入力として、その翻訳配列を② hoge1.fasta というファイル名で出力する一連のスク립トをコピペ実行します。赤枠内を全選択して(反転させて)、
②コピー、



1. FASTA形式ファイル(sample1.fasta)の場合 :

multi-FASTAではないsingle-FASTA形式ファイルです。

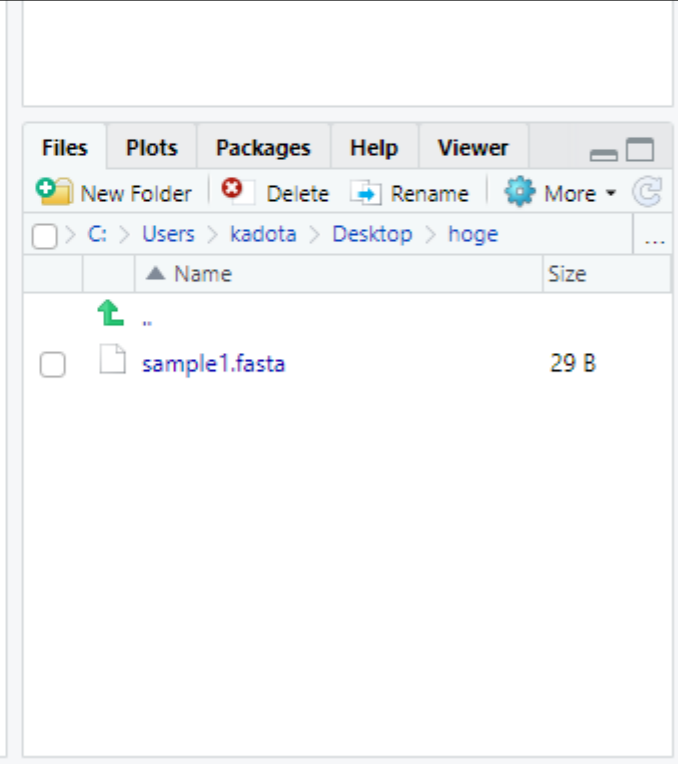
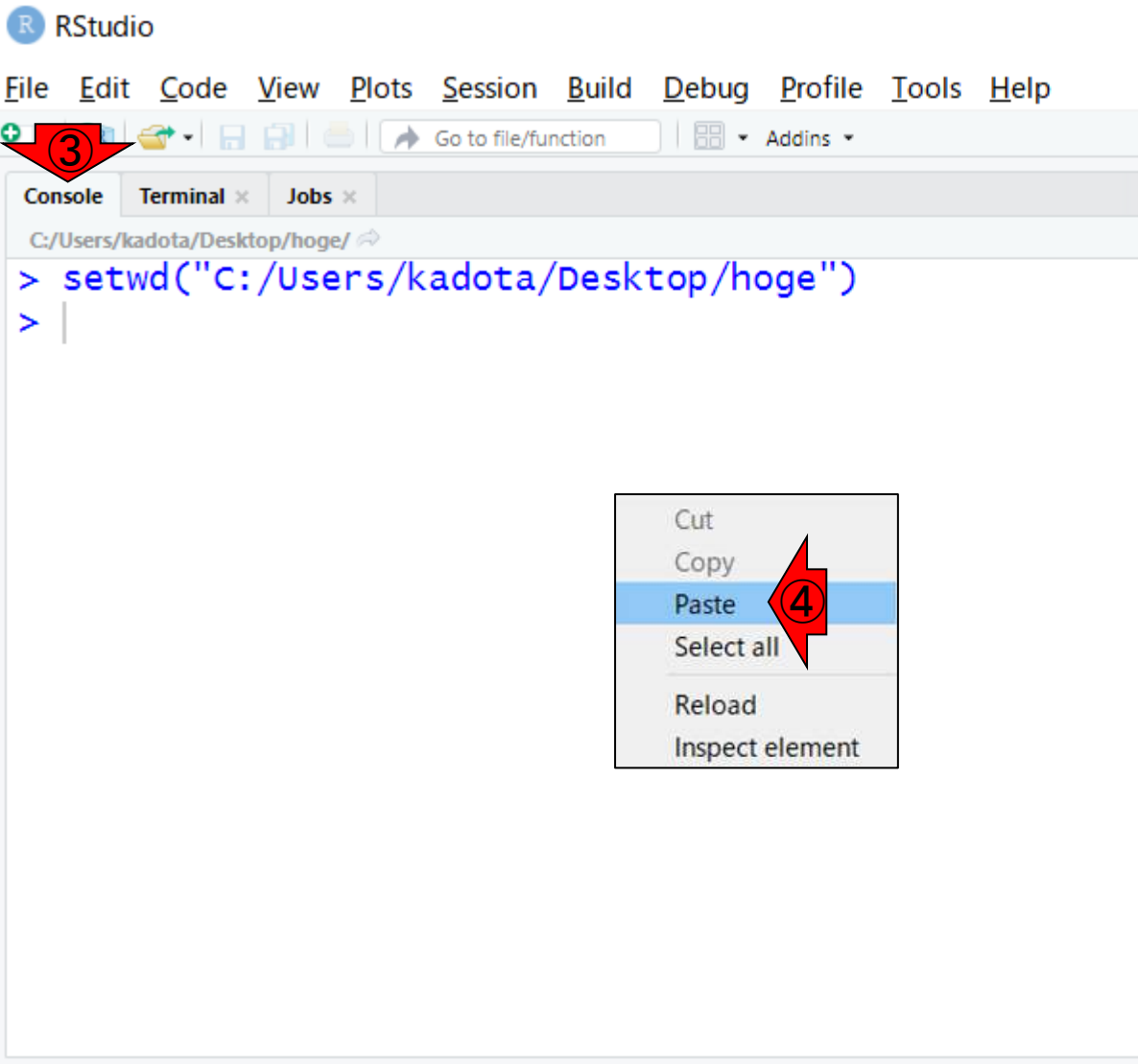
```
in f <- "sample1.fasta" #入力ファイル名を指定してin fに格納
out_f <- "hoge1.fasta"
#必要なパッケージをロード
library(Biostrings)
#入力ファイルの読み込み
fasta <- readDNAStrings
fasta
#本番
fasta <- translate(fasta) #アミノ酸配列に翻訳した結果をfastaに格納
fasta #確認してるだけです
#ファイルに保存
writeXStringSet(fasta, file=out_f, format="fasta", width=50)#fastaの中身を指定したファイル名で保存
```

コピー(C)	Ctrl+C
Google で「in_f <- "sample1.fasta" #入力ファイル名を...」を検索(S)	
印刷(P)...	Ctrl+P
検証(I)	Ctrl+Shift+I

[トップページへ](#)

コピペ実行4

さきほどdescription行部分を変更した① sample1.fastaを入力として、その翻訳配列を②hoge1.fastaというファイル名で出力する一連のスク립トをコピペ実行します。赤枠内を全選択して(反転させて)、②コピー、③Consoleがアクティブな状態であることを確認して、④右クリックでペースト。(うまくいかないヒトは「Ctrl + V」もトライしてください。)

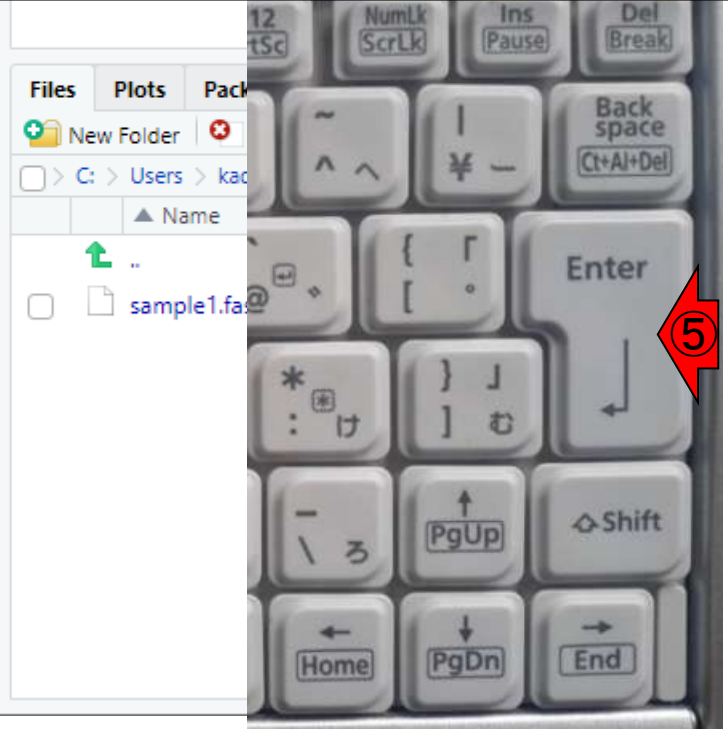


コピペ実行5

さきほどdescription行部分を変更した① sample1.fastaを入力として、その翻訳配列を②hoge1.fastaというファイル名で出力する一連の скриプトをコピペ実行します。赤枠内を全選択して(反転させて)、②コピー、③Consoleがアクティブな状態であることを確認して、④右クリックでペースト。(うまくいかないヒトは「Ctrl + V」もトライしてください。)こんな感じになればOK。⑤リターンキーを押す。

```
RStudio
File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help
Go to file/function
Addins
Console Terminal x Jobs x
C:/Users/kadota/Desktop/hoge/
library(Biostrings)
読み込み

#入力ファイルの読み込み
fasta <- readDNASTringSet(in_f, format="fasta")
#in_fで指定したファイルの読み込み
fasta                                     #確認してるだけ
#本番
fasta <- translate(fasta)                #アミノ酸配列
#翻訳した結果をfastaに格納
fasta                                     #確認してるだけ
#ファイルに保存
writeXStringSet(fasta, file=out_f, format="fasta",
width=50)#fastaの中身を指定したファイル名で保存
```



コピー実行6

実行完了後の状態。①赤枠内がこんな感じになればOK。出力ファイルである、②hoge1.fastaが作成されていることも分かります。もし①の画面になっていて、②が見られない場合は、③リロードしてみてください。

The screenshot shows the RStudio interface. The console window on the left contains the following R code and output:

```
> 
> #本番
> fasta <- translate(fasta) #アミノ酸配列に
#翻訳した結果をfastaに格納
> fasta #確認してるだけ
#確認してるだけ
#確認してるだけ
> 
> #ファイルに保存
> writeXStringSet(fasta, file=out_f, format="fasta", width=50)#fastaの中身を指定したファイル名で保存
> 
>
```

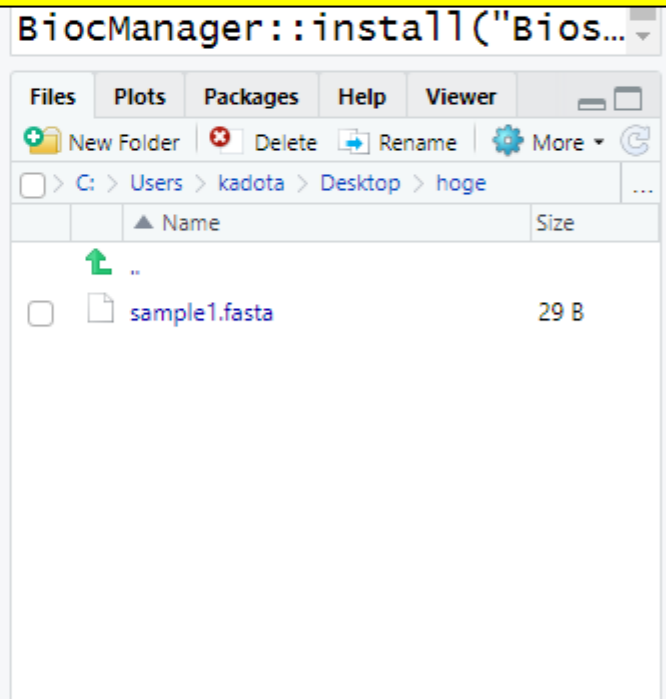
The output shows a DNAStringSet instance of length 1 with width seq 12 and names description1. The first element is [1] 12 AGTGACGGTCTT. Below this, there is a comment "#アミノ酸配列に" and "#確認してるだけ".

The file explorer window on the right shows the directory C:\Users\kadota\Desktop\hoge. It contains two files: sample1.fasta (29 B) and hoge1.fasta (21 B). Red arrows point to the console output (1), the file explorer (2), and the file explorer's refresh button (3).

コピペ実行7

実行完了後の状態。①赤枠内がこんな感じになればOK。出力ファイルである、②hoge1.fastaが作成されていることも分かります。もし①の画面になっていて、②が見られない場合は、③リロードしてみてください。④のような感じでエラーが出たヒトは、前提条件を満たしていない(この場合はBiostringsパッケージのインストールができてない)ことを意味します。しかるべき作業を行ってください。

```
RStudio
File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help
Go to file/function Addins
Console Terminal x Jobs x
C:/Users/kadota/Desktop/hoge/
> setwd("C:/Users/kadota/Desktop/hoge")
> in_f <- "sample1.fasta" #入力ファイル名
を指定してin_fに格納
> out_f <- "hoge1.fasta" #出力ファイル名
を指定してout_fに格納
>
> #必要なパッケージをロード
> library(Biostrings) #パッケージの読み込み
library(Biostrings) でエラー:
'Biostrings' という名前のパッケージはありません
>
> #入力ファイルの読み込み
> fasta <- readDNAStringSet(in_f, format="fasta")#in_f
で指定したファイルの読み込み
readDNAStringSet(in_f, format = "fasta") でエラー:
関数 "readDNAStringSet" を見つけることができませんでした
> fasta #確認してるだけ
です
```



Contents

- Introduction、(Rで)塩基配列解析、(Rで)塩基配列解析のサブ
- 基本的な利用法、RStudioの起動、見栄えの統一、終了
- Console画面の見栄え、設定変更、枠の幅、電卓的な利用
- プロンプト(>)、Console画面クリア、計算の中断
- 翻訳配列取得
 - 項目と例題、入力ファイルの保存、作業ディレクトリの変更
 - 入力ファイルの確認、FASTA形式、コピー実行、出力ファイルの確認
- フィルタリング(任意のキーワードを含む行を抽出)
 - 全体像の把握、入力ファイルの保存、コピー実行、出力ファイルの確認
 - Winユーザ向け注意点、応用
- 警告メッセージ、ありがちなミス

出力ファイルの確認1

①赤枠内の、②の③DNA塩基配列情報、および④の⑤アミノ酸(Amino Acids)配列情報からもなんとなく分かりますが…

RStudio interface showing R code execution and file explorer. The console output is as follows:

```

> 
> #本番
> fasta <- translate(fasta) #アミノ酸配列に
#翻訳した結果をfastaに格納
> fasta #確認してるだけ
> 
A DNASTringSet instance of length 1
width seq names
[1] 12 AGTGACGGTCTT description1
> 
> #ファイルに保存
> writeXStringSet(fasta, file=out_f, format="fasta", width=50)#fastaの中身を指定したファイル名で保存
> 
> 
A AAStringSet instance of length 1
width seq names
[1] 4 SDGL description1
> 
> 

```

The file explorer on the right shows the directory structure: C:\Users\kadota\Desktop\hoge, containing files sample1.fasta (29 B) and hoge1.fasta (21 B).

出力ファイルの確認2

①赤枠内の、②の③DNA塩基配列情報、および④の⑤アミノ酸(Amino Acids)配列情報からもなんとなく分かりますが、出力ファイルである⑥hoge1.fastaをクリックして見られる情報は…

```
> fasta <- translate(fasta)
#アミノ酸配列に
#確認してるだけです
#ファイルに保存
writeXStringSet(fasta, file=out_f, format="fasta", width=50)
#fastaの中身を指定したファイル名で保存
```

Environment History Connections
fasta <- translate(fasta) ...
fasta #確認してるだけです
#ファイルに保存
writeXStringSet(fasta, fil...

Name	Size
..	
sample1.fasta	29 B
hoge1.fasta	21 B

出力ファイルの確認3

①赤枠内の、②の③DNA塩基配列情報、および④の⑤アミノ酸(Amino Acids)配列情報からもなんとなく分かりますが、出力ファイルである⑥hoge1.fastaをクリックして見られる情報は、⑦こんな感じ。

The screenshot shows the RStudio interface. The editor window displays the following FASTA file content:

```
1 |>description1
2 | SDGL
3 |
```

The console window shows the following R commands and output:

```
A AASCTINGSet instance of length 1
  width seq          names
[1]     4 SDGL       description1
>
> #ファイルに保存
> writeXStringSet(fasta, file=out_f, format="fasta", width=50)#fastaの中身を指定したファイル名で保存
>
> |
```

The Environment pane shows the following R objects:

```
tasta <- translate(tasta) ...
fasta #確認してるだけです
writeXStringSet(fasta, fil...
```

The Files pane shows the following files:

Name	Size
..	
sample1.fasta	29 B
hoge1.fasta	21 B

出力ファイルの確認4

①赤枠内の、②の③DNA塩基配列情報、および④の⑤アミノ酸(Amino Acids)配列情報からもなんとなく分かりますが、出力ファイルである⑥hoge1.fastaをクリックして見られる情報は、⑦こんな感じ。⑧得られるアミノ酸配列SDGLは、⑨で見えているものと同じですね。

The screenshot shows the RStudio interface with three main components: a script editor, a console, and a file explorer.

- Script Editor (Left):** Contains a file named 'hoge1.fasta' with the following content:

```
1 |>description1
2 | SDGL
3 |
```

Red arrow ⑧ points to the 'SDGL' sequence.
- Console (Bottom Left):** Shows the execution of R code:

```
A AASCTingSet instance of length 1
width seq          names
[1]      4 SDGL      description1
>
> #ファイルに保存
> writeXStringSet(fasta, file=out_f, format="fasta", width=50)#fastaの中身を指定したファイル名で保存
>
> |
```

Red arrow ⑨ points to the 'SDGL' sequence in the console output.
- Script Editor (Right):** Shows the R code used to read and write the FASTA file:

```
fasta <- translate(fasta) ...
fasta #確認してるだけです
writeXStringSet(fasta, fil...
```

Red arrow ⑦ points to the 'fasta' variable.
- File Explorer (Bottom Right):** Shows the directory structure on the desktop:

Name	Size
..	
sample1.fasta	29 B
hoge1.fasta	21 B

Red arrow ⑥ points to the 'hoge1.fasta' file.

出力ファイルの確認5

①赤枠内の、②の③DNA塩基配列情報、および④の⑤アミノ酸(Amino Acids)配列情報からもなんとなく分かりますが、出力ファイルである⑥hoge1.fastaをクリックして見られる情報は、⑦こんな感じ。⑧得られるアミノ酸配列SDGLは、⑨で見えているものと同じですね。⑩sample1.fastaもクリックして、⑪エディタ上に表示。⑫hoge1.fastaのタブと行き来させれば入出力の関係が理解しやすい。

The screenshot shows the RStudio interface. The top menu bar includes File, Edit, Code, View, Plots, Session, Build, Debug, Profile, Tools, and Help. Below the menu is a toolbar with icons for file operations and a search bar. The main editor window has two tabs: 'hoge1.fasta' and 'sample1.fasta'. The 'hoge1.fasta' tab is active, showing the following content:

```
1 >description1
2 AGTGACGGTCTT
3 |
```

The console window at the bottom shows the following R code and output:

```
>
> #ファイルに保存
> writeXStringSet(fasta, file=out_f, format="fasta", width=50)#fastaの中身を指定したファイル名で保存
>
> |
```

The console output shows:

```
A AASCTINGSet instance of length 1
  width seq          names
[1]     4 SDGL       description1
```

The screenshot shows a file explorer window with the following content:

Name	Size
..	
sample1.fasta	29 B
hoge1.fasta	21 B

A red arrow labeled ⑩ points to the 'sample1.fasta' file.

Contents

- Introduction、(Rで)塩基配列解析、(Rで)塩基配列解析のサブ
- 基本的な利用法、RStudioの起動、見栄えの統一、終了
- Console画面の見栄え、設定変更、枠の幅、電卓的な利用
- プロンプト(>)、Console画面クリア、計算の中断
- 翻訳配列取得
 - 項目と例題、入力ファイルの保存、作業ディレクトリの変更
 - 入力ファイルの確認、FASTA形式、コピー実行、出力ファイルの確認
- フィルタリング(任意のキーワードを含む行を抽出)
 - 全体像の把握、入力ファイルの保存、コピー実行、出力ファイルの確認
 - Winユーザ向け注意点、応用
- 警告メッセージ、ありがちなミス

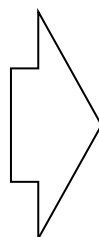
全体像の把握1

アノテーションファイル(annotation.txt)中の第1列目に対して、リストファイル(genelist1.txt)中の文字列と一致する行を抜き出して、hoge1.txtというファイル名で出力したい。

入力:アノテーションファイル(annotation.txt)

	A	B	C	D
1	gene name	accession	description	subcellular_location
2	gene1	hoge01	plasma_mem	nuclear
3	gene2	hoge02	hohinu	membrane
4	gene3	hoge03	agribio	endoplasmic
5	gene4	hoge04	genesis	endoplasmic
6	gene5	hoge05	kamo	membrane
7	gene6	hoge06	netteba	humei
8	gene7	hoge07	tebasaki	nuclear
9	gene8	hoge08	biiru	nuclear
10	gene9	hoge09	nihonshu	nuclear
11	gene10	hoge10	agene1	membrane
12	gene11	hoge11	iyaaaa	endoplasmic

出力:hoge1.txt



	A	B	C	D
1	gene name	accession	description	subcellular_location
2	gene1	hoge01	plasma_mem	nuclear
3	gene7	hoge07	tebasaki	nuclear
4	gene9	hoge09	nihonshu	nuclear

入力:リストファイル(genelist1.txt)

	A
1	gene1
2	gene7
3	gene9

全体像の把握2

アノテーションファイル(annotation.txt)中の第1列目に対して、リストファイル(genelist1.txt)中の文字列と一致する行を抜き出して、hoge1.txtというファイル名で出力したい。①を押して一番上に移動。

(Rで)塩基配列解析

保護されていない通信 | iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html#intro_general_translate_bio...

1. FASTA形式ファイル(sample1.fasta)の場合 :

multi-FASTAではないsingle-FASTA形式ファイルです。

```
in_f <- "sample1.fasta" #入力ファイル名を指定してin_fに格納
out_f <- "hoge1.fasta" #出力ファイル名を指定してout_fに格納

#必要なパッケージをロード
library(Biostrings) #パッケージの読み込み

#入力ファイルの読み込み
fasta <- readDNAStringSet(in_f, format="fasta")#in_fで指定したファイルの読み込み
fasta #確認してるだけです

#本番
fasta <- translate(fasta) #アミノ酸配列に翻訳した結果をfastaに格納
fasta #確認してるだけです

#ファイルに保存
writeXStringSet(fasta, file=out_f, format="fasta", width=50)#fastaの中身を指定したファイル名で保存
```

[トップページへ](#)

全体像の把握3

アノテーションファイル(annotation.txt)中の第1列目に対して、リストファイル(genelist1.txt)中の文字列と一致する行を抜き出して、hoge1.txtというファイル名で出力したい。①を押して一番上に移動。ここから②下矢印キーを押して…

(Rで)塩基配列解析

(last modified 2020/03/03, since 2010)

このウェブページのR関連部分は、[インストール | についての推奨手順](#) ([Windows2019.10.09版](#)と[Macintosh2020.03.02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います。初心者の方は[基本的な利用法](#) ([Windows2019.03.12版](#)と[Macintosh2019.03.12版](#))で自習してください。2018年7月に[\(Rで\)塩基配列解析](#)の一部(講習会・書籍・学会誌など)を切り分けて[サブページ](#)に移行した。(2018/07/18)

What's new? ([過去のお知らせはこちら](#))

- 2020年の[アグリバイオインフォマティクス教育研究プログラム](#)の受講ガイダンスは、2020年4月3日(Fri.)より東大農学部2号館2階化学第一講義室で開催します。東京大学の学生以外で受講を希望される方は[申請要項](#) ([Word](#)、[PDF](#))をご確認の上、2020年3月19日(木)までにお申込みください。合格者には2020年[トップ](#)までに通知します。昨年度から引き続き受講される場合も、東京大学の学生以外の方は申請が必要ですので



全体像の把握4

アノテーションファイル(annotation.txt)中の第1列目に対して、リストファイル(genelist1.txt)中の文字列と一致する行を抜き出して、hoge1.txtというファイル名で出力したい。①を押して一番上に移動。ここから②下矢印キーを押して、③さきほど行った項目の上部にある、④をクリック。

(Rで)塩基配列解析

保護されていない通信 | iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html#

- [インストール | Rパッケージ | 個別\(2018年11月以前\)](#) (last modified 2018/11)
- [基本的な利用法](#) (last modified 2019/03/12)
- [サンプルデータ](#) (last modified 2019/09/06)
- [イントロ | 一般 | ランダムに行を抽出](#) (last modified 2014/07/17)
- [イントロ | 一般 | 任意の文字列を行の最初に挿入](#) (last modified 2014/07/17)
- [イントロ | 一般 | 任意のキーワードを含む行を抽出\(基礎\)](#) ④ (last modified 2019/04/24)
- [イントロ | 一般 | ランダムな塩基配列を生成](#) (last modified 2014/06/16)
- [イントロ | 一般 | 任意の長さの可能な全ての塩基配列を作成](#) (last modified 2015/02/19)
- [イントロ | 一般 | 任意の位置の塩基を置換](#) (last modified 2013/09/12)
- [イントロ | 一般 | 指定した範囲の配列を取得 | について](#) (last modified 2019/09/06)
- [イントロ | 一般 | 指定した範囲の配列を取得 | Biostring](#) (last modified 2019/09/06)
- [イントロ | 一般 | 指定したID\(染色体やdescription\)の配列を取得](#) (last modified 2014/03/10)
- [イントロ | 一般 | 翻訳配列\(translate\)を取得 | について](#) (last modified 2019/09/06)
- [イントロ | 一般 | 翻訳配列\(translate\)を取得 | Biostrings](#) ③ (last modified 2015/09/12)
- [イントロ | 一般 | 翻訳配列\(translate\)を取得 | seqinr\(Char, 2005\)](#) (last modified 2015/03/09) [トップページへ](#)
- [イントロ | 一般 | 相補鎖\(complement\)を取得](#) (last modified 2019/03/10)

こんな感じになります。①例題1が一番上になるように、5行分ほど下部に移動。

全体像の把握5

(Rで)塩基配列解析

保護されていない通信 | iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html#intro_general_grep_kiso

イントロ | 一般 | 任意のキーワードを含む行を抽出(基礎)

例えばタブ区切りテキストファイルが手元があり、この中からリストファイル中の文字列を含む行を抽出するやり方を示します。Linux (UNIX)のgrepコマンドのようなものであり、perlのハッシュのようなものです。

① 「ファイル」 - 「ディレクトリの変更」で解析したいファイルを置いてあるディレクトリに移動し以下をコピー。

1. 目的のタブ区切りテキストファイル([annotation.txt](#))中の第1列目をキーとして、リストファイル([genelist1.txt](#))中のものが含まれる行全体を出力したい場合：

```

in_f1 <- "annotation.txt" #入力ファイル名を指定してin_f1に格納(アノテーションファイル)
in_f2 <- "genelist1.txt" #入力ファイル名を指定してin_f2に格納(リストファイル)
out_f <- "hoge1.txt" #出力ファイル名を指定してout_fに格納
param <- 1 #アノテーションファイル中の検索したい列番号を指定

#入力ファイルの読み込み
data <- read.table(in_f1, header=TRUE, sep="\t", quote="") #in_f1で指定したファイルの読み込み
keywords <- readLines(in_f2) #in_f2で指定したファイルの読み込み
dim(data) #オブジェクトdataの行数と列数を表示

#本番
obj <- is.element(as.character(data[,param]), keywords) #条件を満たすかどうかを判定した結果をobjに格納
out <- data[obj,] #objがTRUEとなる行のみ抽出した結果をoutに格納
dim(out) #オブジェクトoutの行数と列数を表示

#ファイルに保存
write.table(out, out_f, sep="\t", append=F, quote=F, row.names=F) #outの中身を指定したファイル名で保

```

[トップページへ](#)

Apr 13, 2020

全体像の把握6

こんな感じになります。①例題1が一番上になるように、5行分ほど下部に移動。
こんな感じ。

1. 目的のタブ区切りテキストファイル([annotation.txt](#))中の第1列目をキーとして、リストファイル([genelist1.txt](#))中のものが含まれる行全体を出力したい場合：

```
in_f1 <- "annotation.txt"
in_f2 <- "genelist1.txt"
out_f  <- "hoge1.txt"
param <- 1

#入力ファイルの読み込み
data <- read.table(in_f1, header=TRUE, sep="\t", quote="")#in_f1で指定したファイルの読み込み
keywords <- readLines(in_f2) #in_f2で指定したファイルの読み込み
dim(data) #オブジェクトdataの行数と列数を表示

#本番
obj <- is.element(as.character(data[,param]), keywords)#条件を満たすかどうかを判定した結果をobjに格納
out <- data[obj,] #objがTRUEとなる行のみ抽出した結果をoutに格納
dim(out) #オブジェクトoutの行数と列数を表示

#ファイルに保存
write.table(out, out_f, sep="\t", append=F, quote=F, row.names=F)#outの中身を指定したファイル名で保
```

[トップページへ](#)

Contents

- Introduction、(Rで)塩基配列解析、(Rで)塩基配列解析のサブ
- 基本的な利用法、RStudioの起動、見栄えの統一、終了
- Console画面の見栄え、設定変更、枠の幅、電卓的な利用
- プロンプト(>)、Console画面クリア、計算の中断
- 翻訳配列取得
 - 項目と例題、入力ファイルの保存、作業ディレクトリの変更
 - 入力ファイルの確認、FASTA形式、コピー実行、出力ファイルの確認
- フィルタリング(任意のキーワードを含む行を抽出)
 - 全体像の把握、入力ファイルの保存、コピー実行、出力ファイルの確認
 - Winユーザ向け注意点、応用
- 警告メッセージ、ありがちなミス

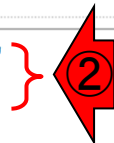
入力ファイルの保存1

こんな感じになります。①例題1が一番上になるように、5行分ほど下部に移動。こんな感じ。②が入力ファイルであり、③と④からダウンロード可能なので、右クリックで「デスクトップ上にあるhogeフォルダ」に保存。

(Rで)塩基配列解析 × +
保護されていない通信 | iu.as^③ec.jp/~kadota/r_seq.html#intro_g

1. 目的のタブ区切りテキストファイル(annotation.txt)中の第1列目をキーとして、リストファイル(genelist1.txt)中のものが含まれる行全体を出力したい場合：

^④
in_f1 <- "annotation.txt"
in_f2 <- "genelist1.txt"
out_f <- "hoge1.txt"
param <- 1



#入力ファイル名を指定してin_f1に格納(アノテーションファイル)
#入力ファイル名を指定してin_f2に格納(リストファイル)
#出力ファイル名を指定してout_fに格納
#アノテーションファイル中の検索したい列番号を指定

#入力ファイルの読み込み

data <- read.table(in_f1, header=TRUE, sep="\t", quote="")#in_f1で指定したファイルの読み込み
keywords <- readLines(in_f2) #in_f2で指定したファイルの読み込み
dim(data) #オブジェクトdataの行数と列数を表示

#本番

obj <- is.element(as.character(data[,param]), keywords)#条件を満たすかどうかを判定した結果をobjに格納
out <- data[obj,] #objがTRUEとなる行のみ抽出した結果をoutに格納
dim(out) #オブジェクトoutの行数と列数を表示

#ファイルに保存

write.table(out, out_f, sep="\t", append=F, quote=F, row.names=F)#outの中身を指定したファイル名で保
[トップページへ](#)

入力ファイルの保存2

正しく保存できれば、RStudio上の① hogeフォルダは、②のように見えてい
と思います。③必要に応じてリロードも
行ってください。

The screenshot shows the RStudio interface with the following components:

- Source Editor:** Contains R code:

```
1 >description1
2 AGTGACGGTCTT
3 |
```
- Console:** Shows the output of the code execution:

```
A AASCTingSet instance of length 1
  width seq          names
[1]    4 SDGL        description1
>
> #ファイルに保存
> writeXStringSet(fasta, file=out_f, format="fasta", w
idth=50)#fastaの中身を指定したファイル名で保存
>
> |
```
- Environment/History/Connections:** Shows the execution history:

```
tasta <- translate(tasta) ...
fasta #確認してるだけです
#ファイルに保存
writeXStringSet(fasta, fil...
```
- Files Panel:** Shows the file explorer for the 'hoge' folder:

Name	Size
..	
sample1.fasta	29 B
hoge1.fasta	21 B
annotation.txt	383 B
genelist1.txt	18 B

入力ファイルの保存3

正しく保存できれば、RStudio上の① hogeフォルダは、②のように見えていると思います。③必要に応じてリロードも行ってください。④⑤⑥⑦を押して全体をすっきりさせます。

The screenshot shows the RStudio interface with the following elements:

- File Editor:** Two files are open: `hoge1.fasta` and `sample1.fasta`. The content of `hoge1.fasta` is:

```
1 >description1
2 AGTGACGGTCTT
3 |
```
- Environment:** Shows the execution of `tasta <- translate(tasta)` and `fasta #確認してるだけです #ファイルに保存`. A red arrow labeled ⑥ points to the refresh icon.
- Console:** Shows the execution of `writeXStringSet(fasta, file=out_f, format="fasta", width=50)` and the resulting output:

```
A AASTringSet instance of length 1
width seq          names
[1]    4 SDGL      description1
```
- Dialog Box:** A "Confirm Clear History" dialog box is open, asking "Are you sure you want to clear all history entries?". A red arrow labeled ⑦ points to the "Yes" button.
- File Explorer:** Shows the file structure in the `hoge` directory:

File	Size
sample1.fasta	29 B
hoge1.fasta	21 B
annotation.txt	383 B
genelist1.txt	18 B

入力ファイルの保存4

正しく保存できれば、RStudio上の① hogeフォルダは、②のように見えていると思います。③必要に応じてリロードも行ってください。④⑤⑥⑦を押して全体をすっきりさせます。⑧も押します。

The screenshot shows the RStudio interface. The top menu bar includes File, Edit, Code, View, Plots, Session, Build, Debug, Profile, Tools, and Help. Below the menu is a toolbar with icons for file operations and a search bar. The main workspace is divided into several panes. On the left, the Console pane shows the following R code and output:

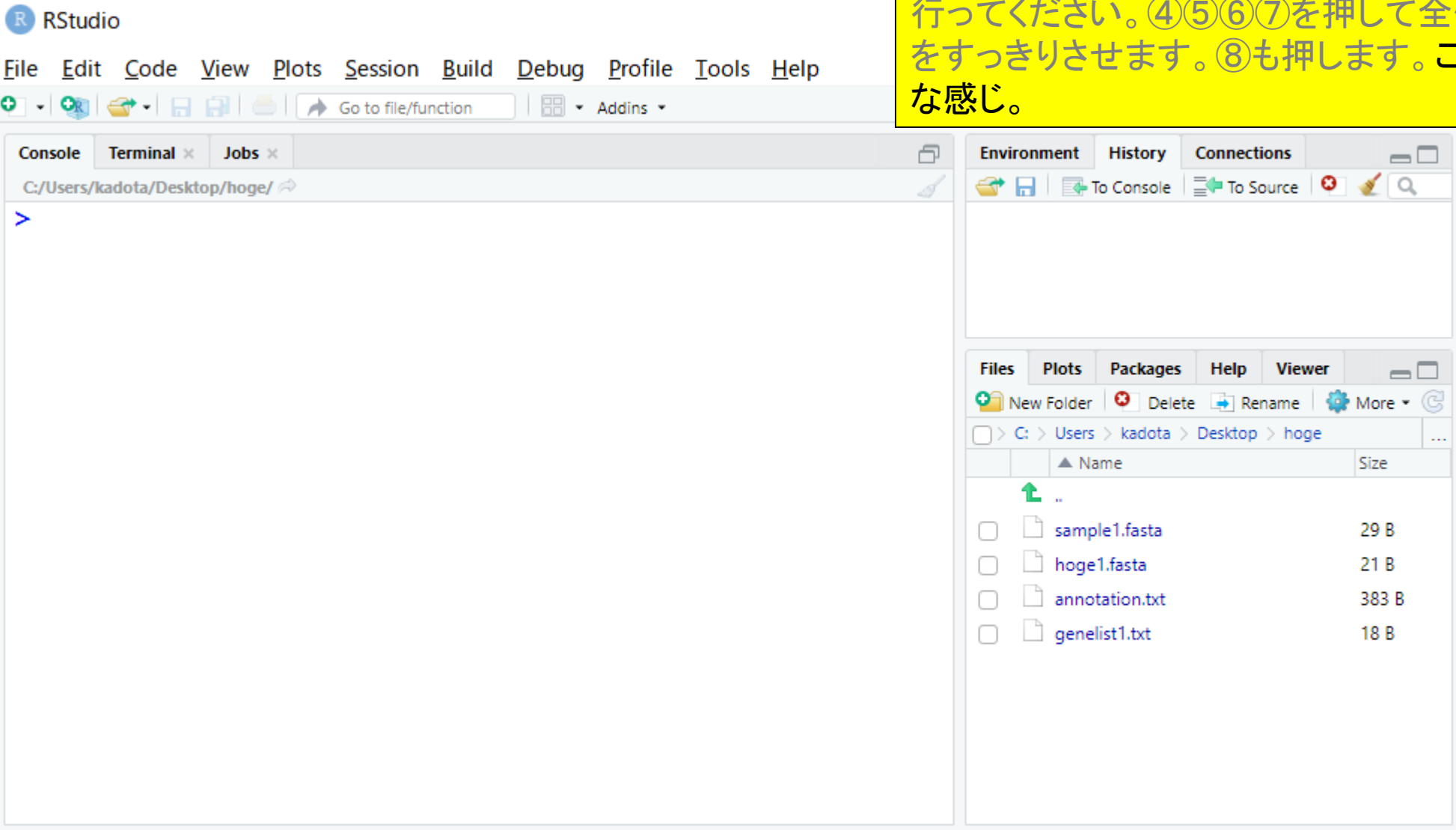
```
>
> #本番
> fasta <- translate(fasta)           #アミノ酸配列に
翻訳した結果をfastaに格納
> fasta                               #確認してるだけ
です
A DNASTringSet instance of length 1
  width seq          names
[1]    12 AGTGACGGTCTT description1
>
> #ファイルに保存
> writeXStringSet(fasta, file=out_f, format="fasta", width=50)#fastaの中身を指定したファイル名で保存
>
> |
```

On the right, the Environment pane shows a tooltip for the 'Clear Console (Ctrl+L)' button, which is highlighted with a red arrow and the number 8. Below the Environment pane is the Files pane, which shows a file explorer view of the project directory. The file explorer shows the following files:

Name	Size
..	
sample1.fasta	29 B
hoge1.fasta	21 B
annotation.txt	383 B
genelist1.txt	18 B

入力ファイルの保存5

正しく保存できれば、RStudio上の① hogeフォルダは、②のように見えていると思います。③必要に応じてリロードも行ってください。④⑤⑥⑦を押して全体をすっきりさせます。⑧も押します。こんな感じ。



入力ファイルの保存6

入力: アノテーションファイル(annotation.txt)

	A	B	C	D
1	gene name	accession	description	subcellular_location
2	gene1	hoge01	plasma_mem	nuclear
3	gene2	hoge02	hohinu	membrane
4	gene3	hoge03	agribio	endoplasmic
5	gene4	hoge04	genesis	endoplasmic
6	gene5	hoge05	kamo	membrane
7	gene6	hoge06	netteba	humei
8	gene7	hoge07	tebasaki	nuclear
9	gene8	hoge08	biiru	nuclear
10	gene9	hoge09	nihonshu	nuclear
11	gene10	hoge10	agene1	membrane
12	gene11	hoge11	iyaaaa	endoplasmic

入力: リストファイル(genelist1.txt)

	A
1	gene1
2	gene7
3	gene9

アノテーションファイル(annotation.txt)中の第1列目に対して、リストファイル(genelist1.txt)中の文字列と一致する行を抜き出して、hoge1.txtというファイル名で出力したい、という目的を達成する上で必要な①2つの入力ファイルが作業ディレクトリ上に存在するのでready-to-analyze。

出力: hoge1.txt

	A	B	C	D
1	gene name	accession	description	subcellular_location
2	gene1	hoge01	plasma_mem	nuclear
3	gene7	hoge07	tebasaki	nuclear
4	gene9	hoge09	nihonshu	nuclear

Contents

- Introduction、(Rで)塩基配列解析、(Rで)塩基配列解析のサブ
- 基本的な利用法、RStudioの起動、見栄えの統一、終了
- Console画面の見栄え、設定変更、枠の幅、電卓的な利用
- プロンプト(>)、Console画面クリア、計算の中断
- 翻訳配列取得
 - 項目と例題、入力ファイルの保存、作業ディレクトリの変更
 - 入力ファイルの確認、FASTA形式、コピー実行、出力ファイルの確認
- フィルタリング(任意のキーワードを含む行を抽出)
 - 全体像の把握、入力ファイルの保存、コピー実行、出力ファイルの確認
 - Winユーザ向け注意点、応用
- 警告メッセージ、ありがちなミス

コピー実行1

(Rで)塩基配列解析

保護されていない通信 | iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html#intro_general_grep_kiso

ゲスト

1. 目的のタブ区切りテキストファイル([annotation.txt](#))中の第1列目をキーとして、リストファイル([genelist1.txt](#))中のものが含まれる行全体を出力したい場合：

```

in_f1 <- "annotation.txt"      #入力ファイル名を指定してin_f1に格納(アノテーションファイル)
in_f2 <- "genelist1.txt"      #入力ファイル名を指定してin_f2に格納(リストファイル)
out_f <- "hoge1.txt"          #出力ファイル名を指定してout_fに格納
param <- 1                     #アノテーションファイル中の検索したい列番号を指定

#入力ファイルの読み込み
data <- read.table(in_f1, header=TRUE, sep="\t", quote="")#in_f1で指定したファイルの読み込み
keywords <- readLines(in_f2)  #in_f2で指定したファイルの読み込み
dim(data)                     #オブジェクトdataの行数と列数を表示

#本番
obj <- is.element(as.character(data[,param]), keywords)#条件を満たすかどうかを判定した結果をobjに格納
out <- data[obj,]              #objがTRUEとなる行のみ抽出した結果をoutに格納
dim(out)                       #オブジェクトoutの行数と列数を表示

#ファイルに保存
write.table(out, out_f, sep="\t", append=F, quote=F, row.names=F)#outの中身を指定したファイル名で保

```

[トップページへ](#)

コピペ実行2

赤枠内をコピー実行。①RStudioのConsole画面上で、②Paste直後の状態。③リターンキーを押す。

The screenshot shows the RStudio interface. The console window contains the following R code with Japanese comments:

```
keywords <- readLines(in_f2) #in_f2で指定したファイルの読み込み
dim(data) #オブジェクトdataの行数と列数を表示

#本番
obj <- is.element(as.character(ram), keywords)#条件を満たすかどうかを格納
out <- data[obj,] #objがTRUEとなる行のみ抽出した結果をoutに格納
dim(out) #オブジェクトoutの行数と列数を表示

#ファイルに保存
write.table(out, out_f, sep="\t", append=F, quote=F, row.names=F)#outの中身を指定したファイル名で保存
```

A context menu is open over the code, with the 'Paste' option highlighted. A red arrow labeled '2' points to the 'Paste' option. Another red arrow labeled '1' points to the top toolbar of the RStudio window. A keyboard overlay is shown on the right, with a red arrow labeled '3' pointing to the 'Enter' key.

コピー実行3

赤枠内をコピー実行。①RStudioのConsole画面上で、②Paste直後の状態。③リターンキーを押す。こんな感じになって、④指定した出力ファイル(hoge1.txt)が作成できれば基本成功です。④をクリック。

The screenshot shows the RStudio interface with the following components:

- Console:** Contains R code and its output. The code filters rows containing 'da' and 't' from a dataset 'data' and saves the result to 'hoge1.txt'.

```
> dim(data) #オブジェクトdataの行数と列数を表示
[1] 11 4
>
> #本番
> obj <- is.element(as.character(data[,param]), keywords) #条件を満たすかどうかを判定した結果をobjに格納
> out <- data[obj,] #objがTRUEとなる行のみ抽出した結果をoutに格納
> dim(out) #オブジェクトoutの行数と列数を表示
[1] 3 4
> #ファイルに保存
> write.table(out, out_f, sep="\t", append=F, quote=F, row.names=F) #outの中身を指定したファイル名で保存
>
>
```
- Environment/History:** Shows the execution of the final command: `write.table(out, out_f, sep="\t", append=F, quote=F, row.names=F)`.
- Files:** A file explorer window showing the directory `C:\Users\kadota\Desktop\hoge` with a list of files. A red arrow points to the newly created file `hoge1.txt` (148 B).

出力ファイルの確認1

赤枠内をコピー実行。①RStudioのConsole画面上で、②Paste直後の状態。③リターンキーを押す。こんな感じになって、④指定した出力ファイル(hoge1.txt)が作成されれば基本成功です。④をクリック。⑤のような感じで出力ファイルの中身が見られます。

```
RStudio  
File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help  
Go to file/function Addins  
hoge1.txt ×  
1 gene_name accession description subcellular_location  
2 gene1 hoge01 plasma_mem nuclear  
3 gene7 hoge07 tebasaki nuclear  
4 gene9 hoge09 nihonshu nuclear  
5
```

```
Console Terminal × Jobs ×  
C:/Users/kadota/Desktop/hoge/ ↗  
> dim(out) #オブジェクトoutの行数と列数を表示  
[1] 3 4  
>  
> #ファイルに保存  
> write.table(out, out_f, sep="\t", append=F, quote=F, row.names=F)#outの中身を指定したファイル名で保存  
>  
> |
```

```
out <- data[obj,] #objがTR...  
dim(out) #オブジェクトoutの行..  
#ファイルに保存  
write.table(out, out_f, se...
```

Files	Plots	Packages	Help	Viewer
New Folder	Delete	Rename	More	
C: > Users > kadota > Desktop > hoge				
Name	Size			
..				
sample1.fasta	29 B			
hoge1.fasta	21 B			
annotation.txt	383 B			
genelist1.txt	18 B			
hoge1.txt	148 B			

出力ファイルの確認2

入力: アノテーションファイル(annotation.txt)

	A	B	C	D
1	gene name	accession	description	subcellular_location
2	gene1	hoge01	plasma_mem	nuclear
3	gene2	hoge02	hohinu	membrane
4	gene3	hoge03	agribio	endoplasmic
5	gene4	hoge04	genesis	endoplasmic
6	gene5	hoge05	kamo	membrane
7	gene6	hoge06	netteba	humei
8	gene7	hoge07	tebasaki	nuclear
9	gene8	hoge08	biiru	nuclear
10	gene9	hoge09	nihonshu	nuclear
11	gene10	hoge10	agene1	membrane
12	gene11	hoge11	iyaaaa	endoplasmic

入力: リストファイル(genelist1.txt)

	A
1	gene1
2	gene7
3	gene9

赤枠内をコピー実行。①RStudioのConsole画面上で、②Paste直後の状態。③リターンキーを押す。こんな感じになって、④指定した出力ファイル(hoge1.txt)が作成できれば基本成功です。④をクリック。⑤のような感じで出力ファイルの中身が見られます。最初に見せたものと同じ結果が得られていますね。

出力: hoge1.txt

	A	B	C	D
1	gene name	accession	description	subcellular_location
2	gene1	hoge01	plasma_mem	nuclear
3	gene7	hoge07	tebasaki	nuclear
4	gene9	hoge09	nihonshu	nuclear

Contents

- Introduction、(Rで)塩基配列解析、(Rで)塩基配列解析のサブ
- 基本的な利用法、RStudioの起動、見栄えの統一、終了
- Console画面の見栄え、設定変更、枠の幅、電卓的な利用
- プロンプト(>)、Console画面クリア、計算の中断
- 翻訳配列取得
 - 項目と例題、入力ファイルの保存、作業ディレクトリの変更
 - 入力ファイルの確認、FASTA形式、コピー実行、出力ファイルの確認
- フィルタリング(任意のキーワードを含む行を抽出)
 - 全体像の把握、入力ファイルの保存、コピー実行、出力ファイルの確認
 - Winユーザ向け注意点、応用
- 警告メッセージ、ありがちなミス

Winユーザ向け注意点1

先にExcelで開いているものと同じファイルをRエディタで開こうとすると意味不明なエラーが出るという注意点です。

The screenshot shows the RStudio interface. The editor window displays a text file named 'hoge1.txt' with the following content:

```
1 gene_name accession description subcellular_location
2 gene1 hoge01 plasma_mem nuclear
3 gene7 hoge07 tebasaki nuclear
4 gene9 hoge09 nihonshu nuclear
5
```

The console window shows the following R commands and their output:

```
> dim(out) #オブジェクトoutの行数と列数を表示
[1] 3 4
> #ファイルに保存
> write.table(out, out_f, sep="\t", append=F, quote=F, row.names=F) #outの中身を指定したファイル名で保存
```

The file explorer on the right shows the directory 'C:\Users\kadota\Desktop\hoge' containing several files, including 'hoge1.txt' which is highlighted with a red arrow labeled '1'.

Winユーザー向け注意点2

先にExcelで開いているものと同じファイルをRエディタで開こうとすると意味不明なエラーが出るという注意点です。先に①hoge1.txtを、②Rエディタ上で開いた状態では、問題なくExcelで開くことができます。

The screenshot shows the RStudio interface. The main editor window displays a text file named 'hoge1.txt' with the following content:

```
1 gene_name accession description subcellular_location
2 gene1 hoge01 plasma_mem nuclear
3 gene7 hoge07 tebasaki nuclear
4 gene9 hoge09 nihonshu nuclear
5
```

The console window shows the following commands and output:

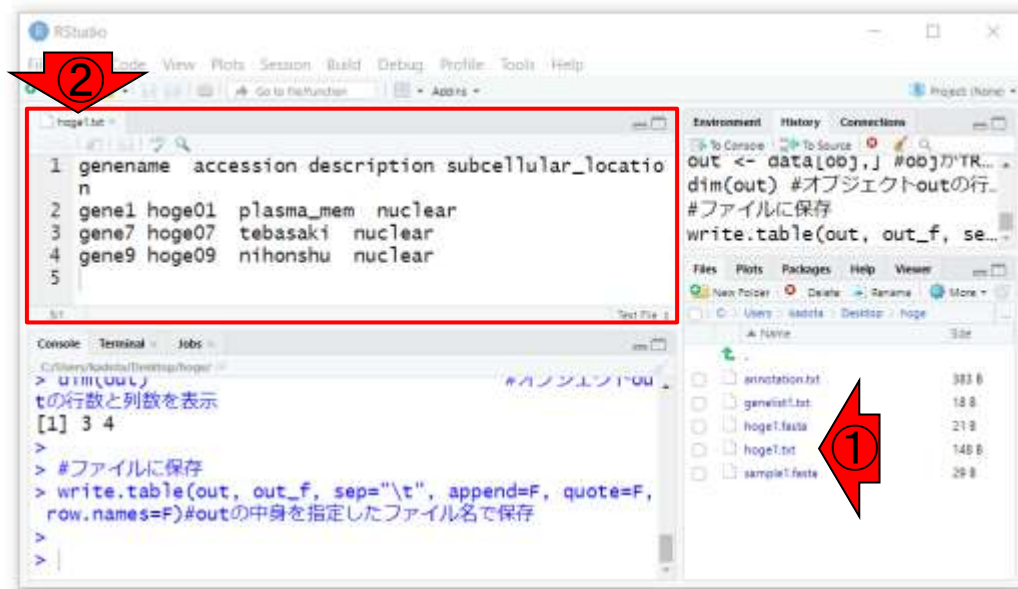
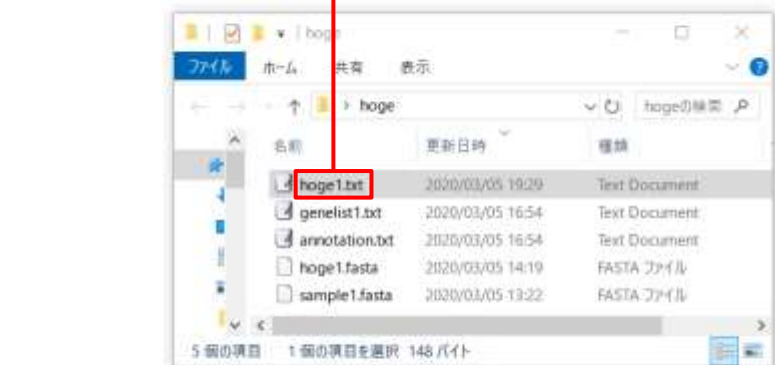
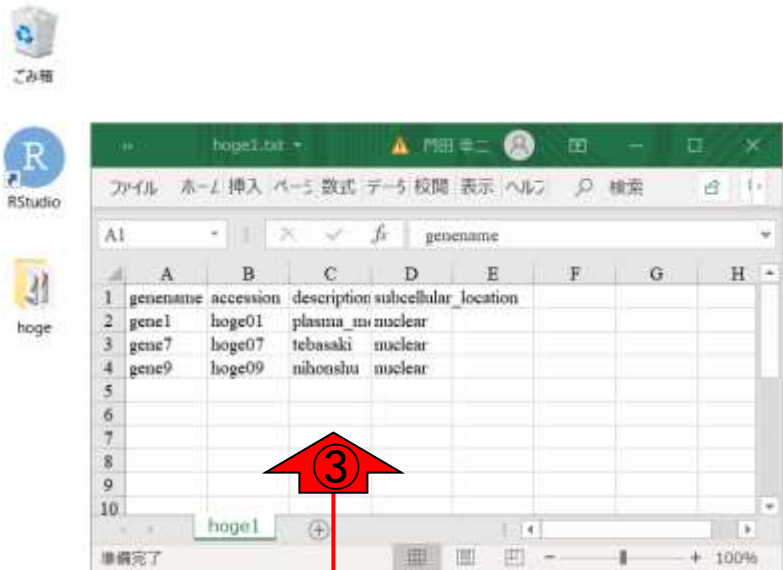
```
> dim(out) #オブジェクトoutの行数と列数を表示
[1] 3 4
> #ファイルに保存
> write.table(out, out_f, sep="\t", append=F, quote=F, row.names=F) #outの中身を指定したファイル名で保存
```

The file explorer on the right shows the directory 'C:\Users\kadota\Desktop\hoge' with the following files:

Name	Size
..	
sample1.fasta	29 B
hoge1.fasta	21 B
annotation.txt	383 B
genelist1.txt	18 B
hoge1.txt	148 B

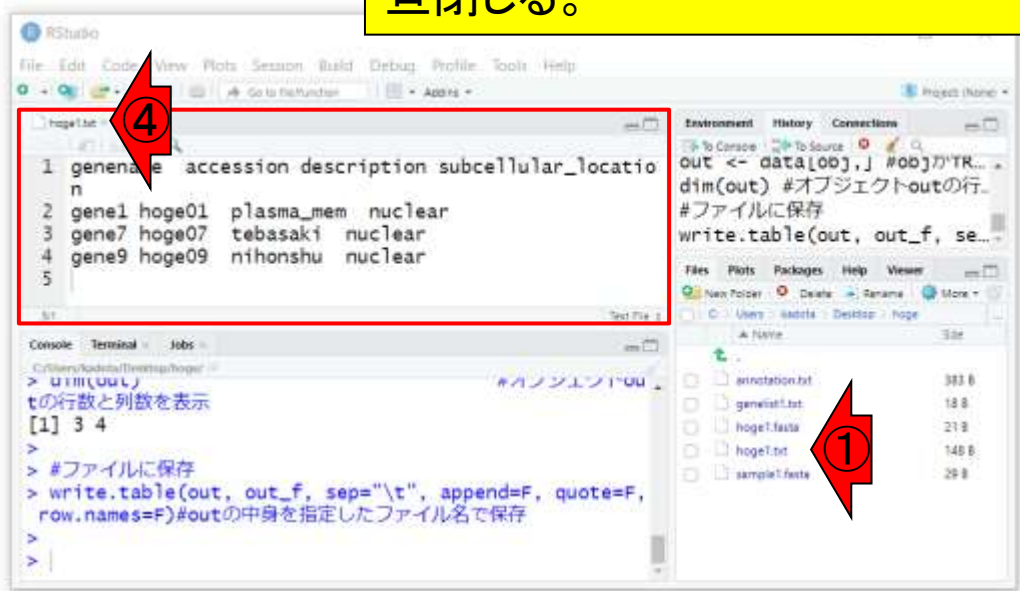
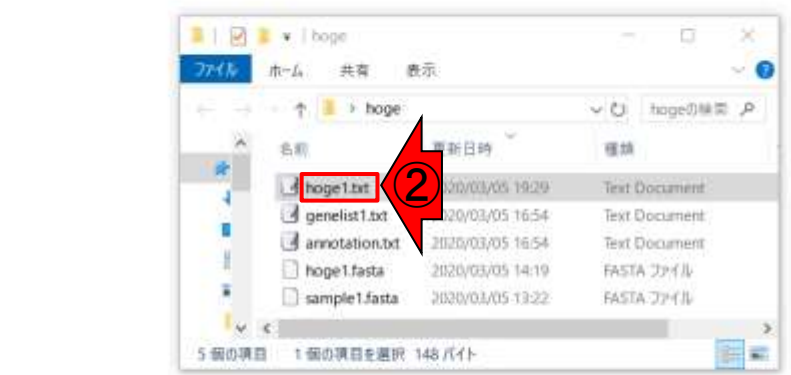
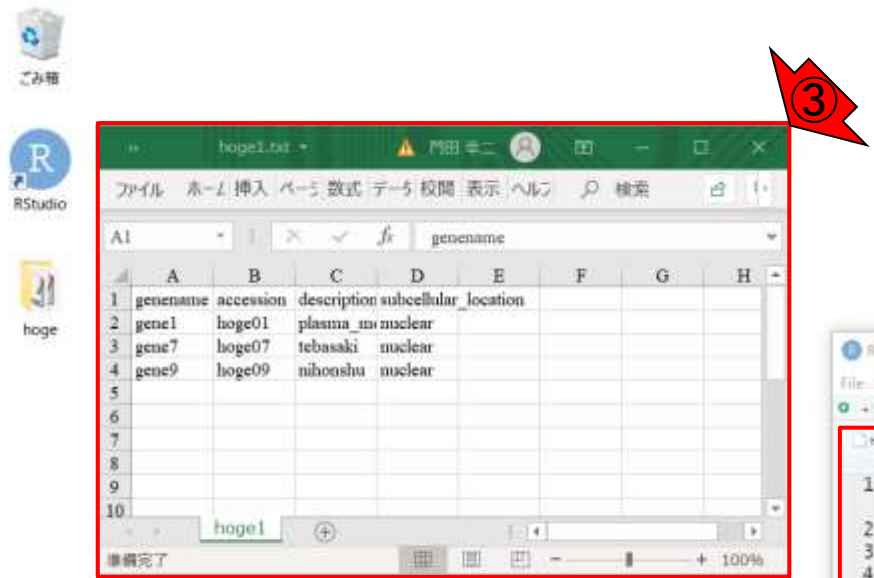
Winユーザー向け注意点3

先にExcelで開いているものと同じファイルをRエディタで開こうとすると意味不明なエラーが出るという注意点です。先に①hoge1.txtを、②Rエディタ上で開いた状態では、③問題なくExcelで開くことができます。つまりこういうこと。



Winユーザ向け注意点4

先にExcelで開いているものと同じファイルをRエディタで開こうとすると意味不明なエラーが出るという注意点です。先に①hoge1.txtを、②Rエディタ上で開いた状態では、③問題なくExcelで開くことができます。つまりこういうこと。次に、① or ②を③Excelで開いている状態で、④Rエディタ上で開いているhoge1.txtを一旦閉じる。

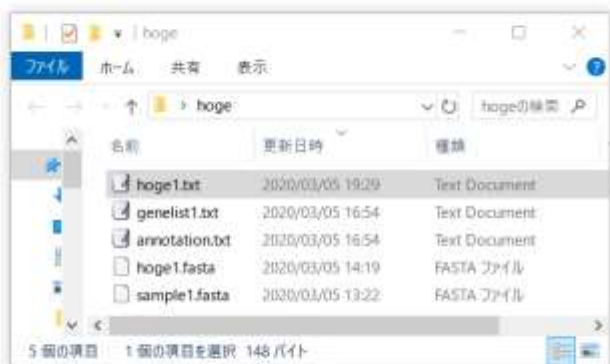


Winユーザ向け注意点5

先にExcelで開いているものと同じファイルをRエディタで開こうとすると意味不明なエラーが出るという注意点です。先に①hoge1.txtを、②Rエディタ上で開いた状態では、③問題なくExcelで開くことができます。つまりこういうこと。次に、① or ②を③Excelで開いている状態で、④Rエディタ上で開いているhoge1.txtを一旦閉じる。つまりこういうこと。この状態で、再度①hoge1.txtをクリックして開こうとすると…



gene	accession	description	subcellular_location
gene1	hoge01	plasma_m	nuclear
gene7	hoge07	tebasaki	nuclear
gene9	hoge09	nihonshu	nuclear



```
RStudio
File Edit Code View Plots Session Build
Console Terminal Jobs
C:\Users\hoge\Documents\hoge\
> dim(data)
#オブジェクトdata
taの行数と列数を表示
[1] 11 4
> #本番
> obj <- is.element(as.character(data[,param]), keywords)
#条件を満たすかどうかを判定した結果をobjに格納
> out <- data[obj,]
#objがTRUEとなる行のみ抽出した結果をoutに格納
> dim(out)
#オブジェクトoutの行数と列数を表示
[1] 3 4
> #ファイルに保存
> write.table(out, out_f, sep="\t", append=F, quote=F, row.names=F)
#outの中身を指定したファイル名で保存
>
```

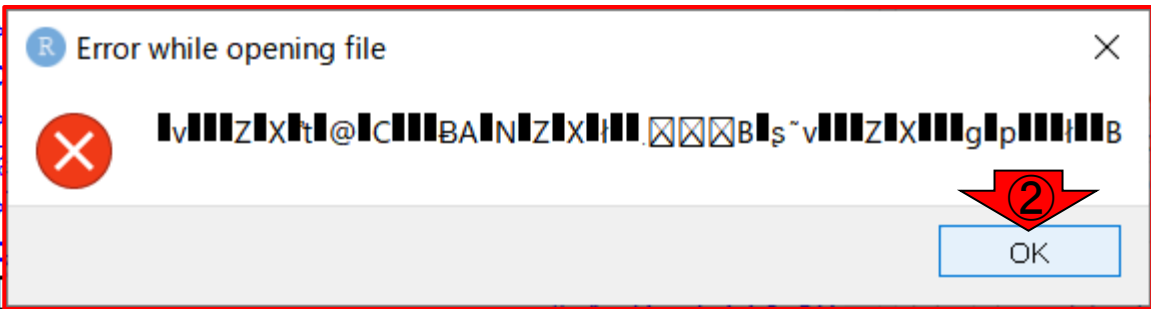
```
out <- data[obj,] #objがTRUE...
dim(out) #オブジェクトoutの行...
#ファイルに保存
write.table(out, out_f, se...
Files Plots Packages Help Viewer
New Folder Delete Rename More
C:\Users\hoge\Desktop\hoge
hoge
annotation.txt 383 B
genelists.txt 18 B
hoge1.fasta 21 B
hoge1.txt 148 B
sample1.fasta 29 B
```



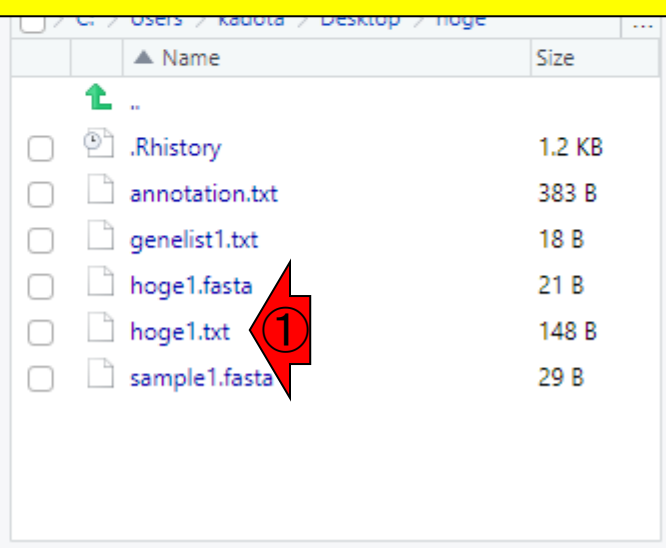
Winユーザ向け注意点6

先にExcelで開いているものと同じファイルをRエディタで開こうとすると意味不明なエラーが出るという注意点です。先に①hoge1.txtを、②Rエディタ上で開いた状態では、③問題なくExcelで開くことができます。つまりこういうこと。次に、①or ②を③Excelで開いている状態で、④Rエディタ上で開いているhoge1.txtを一旦閉じる。つまりこういうこと。この状態で、再度①hoge1.txtをクリックして開こうとすると、こんな感じの意味不明なエラーメッセージが出ますのでお気をつけください。この状態で②OKを押すと…

```
RStudio
File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help
Go to file/function
Console Terminal x Jobs x
C:/Users/kadota/Desktop/hoge/
> dim(data) #オブジェクト
taの行数と列数を表示
[1] 11 4
>
> #本番
```



```
>
> #ファイルに保存
> write.table(out, out_f, sep="\t", append=F, quote=F,
row.names=F)#outの中身を指定したファイル名で保存
>
> |
```



Winユーザ向け注意点7

こんな風に意味不明な状態になりますのでお気をつけください。こうなったら、**RStudioを再起動するのが一番手っ取り早い**です。出力予定ファイルと同一のものをExcelで開いているような場合にも同様の不具合が起こりますのでご注意ください。

The screenshot shows the RStudio interface with a console window displaying an error. The error message is: `write.table(out, out_f, sep="\t", append=F, quote=F, row.names=F)#outの中身を指定したファイル名で保存`. The console also shows the output of `dim(out)` as `[1] 3 4`. A file explorer window is open in the background, showing the directory `C:\Users\kadota\Desktop\hoge` with files like `.Rhistory`, `annotation.txt`, `genelist1.txt`, `hoge1.fasta`, `hoge1.txt`, and `sample1.fasta`.

Contents

- Introduction、(Rで)塩基配列解析、(Rで)塩基配列解析のサブ
- 基本的な利用法、RStudioの起動、見栄えの統一、終了
- Console画面の見栄え、設定変更、枠の幅、電卓的な利用
- プロンプト(>)、Console画面クリア、計算の中断
- 翻訳配列取得
 - 項目と例題、入力ファイルの保存、作業ディレクトリの変更
 - 入力ファイルの確認、FASTA形式、コピー実行、出力ファイルの確認
- フィルタリング(任意のキーワードを含む行を抽出)
 - 全体像の把握、入力ファイルの保存、コピー実行、出力ファイルの確認
 - Winユーザ向け注意点、応用
- 警告メッセージ、ありがちなミス

応用1

①例題1は、②の中身をもつ、③リストファイル(hoge1.txt)を読み込んで、④1列目で一致する行を抽出するスクリプトでした。

(Rで)塩基配列解析

← ① iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html#intro_general_grep_kiso ゲスト

1. 目的のタブ区切りテキストファイル(annotation.txt)中の第1列目をキーとして、リストファイル(genelist1.txt)中のものが含まれる行全体を出力したい場合:

```

in_f1 <- "annotation.txt"
in_f2 <- "genelist1.txt"
out_f <- "hoge1.txt"
param <- 1

#入力ファイルの読み込み
data <- read.table(in_f1, header=T, quote="")#in_f1で指定したファイルの読み込み
keywords <- readLines(in_f2)#in_f2で指定したファイルの読み込み
dim(data)#データオブジェクトdataの行数と列数を表示

#本番
obj <- is.element(as.character(data[,param]), keywords)#条件を満たすかどうかを判定した結果をobjに格納
out <- data[obj,]#objの行数と列数を表示
write.table(out, out_f, row.names=F)#outの中身を指定したファイル名で保存

```

②

```

gene1
gene7
gene9

```

③

	A	B	C	D
1	gene name	accession	description	subcellular_location
2	gene1	hoge01	plasma_mem	nuclear
3	gene2	hoge02	hohinu	membrane
4	gene3	hoge03	agribio	endoplasmic
5	gene4	hoge04	genesis	endoplasmic
6	gene5	hoge05	kamo	membrane
7	gene6	hoge06	netteba	humei
8	gene7	hoge07	tebasaki	nuclear
9	gene8	hoge08	biiru	nuclear
10	gene9	hoge09	nihonshu	nuclear
11	gene10	hoge10	agene1	membrane
12	gene11	hoge11	iyaaaa	endoplasmic

④

row.names=F)#outの中身を指定したファイル名で保存

[トップページ](#)

応用2

①例題1は、②の中身をもつ、③リストファイル(hoge1.txt)を読み込んで、④1列目で一致する行を抽出するスクリプトでした。応用として、⑤新たに作成したリストファイル(list.txt)を読み込んで、⑥4列目で一致する行の抽出を行います。

1. 目的のタブ区切りテキストファイル(annotation.txt)中の第1列目をキーとして、リストファイル(genelist1.txt)中のものが含まれる行全体を出力したい場合:

```
in_f1 <- "annotation.txt"
in_f2 <- "genelist1.txt"
out_f <- "hoge1.txt"
param <- 1
```

#入力ファイルの読み込み

```
data <- read.table(in_f1, header=T, as.is=T, quote="")
keywords <- readLines(in_f2)
dim(data)
```

#本番

```
obj <- is.element(as.character(data[,param]), keywords)
out <- data[obj,]
dim(out)
```

#ファイルに書き出す

```
write.table(out, out_f, as.is=T, quote="")
```

gene1
gene7
gene9

nuclear
membrane

	A	B	C	D
1	gene name	accession	description	subcellular_location
2	gene1	hoge01	plasma_mem	nuclear
3	gene2	hoge02	hohinu	membrane
4	gene3	hoge03	agribio	endoplasmic
5	gene4	hoge04	genesis	endoplasmic
6	gene5	hoge05	kamo	membrane
7	gene6	hoge06	netteba	humei
8	gene7	hoge07	tebasaki	nuclear
9	gene8	hoge08	biiru	nuclear
10	gene9	hoge09	nihonshu	nuclear
11	gene10	hoge10	agene1	membrane
12	gene11	hoge11	iyaaaa	endoplasmic

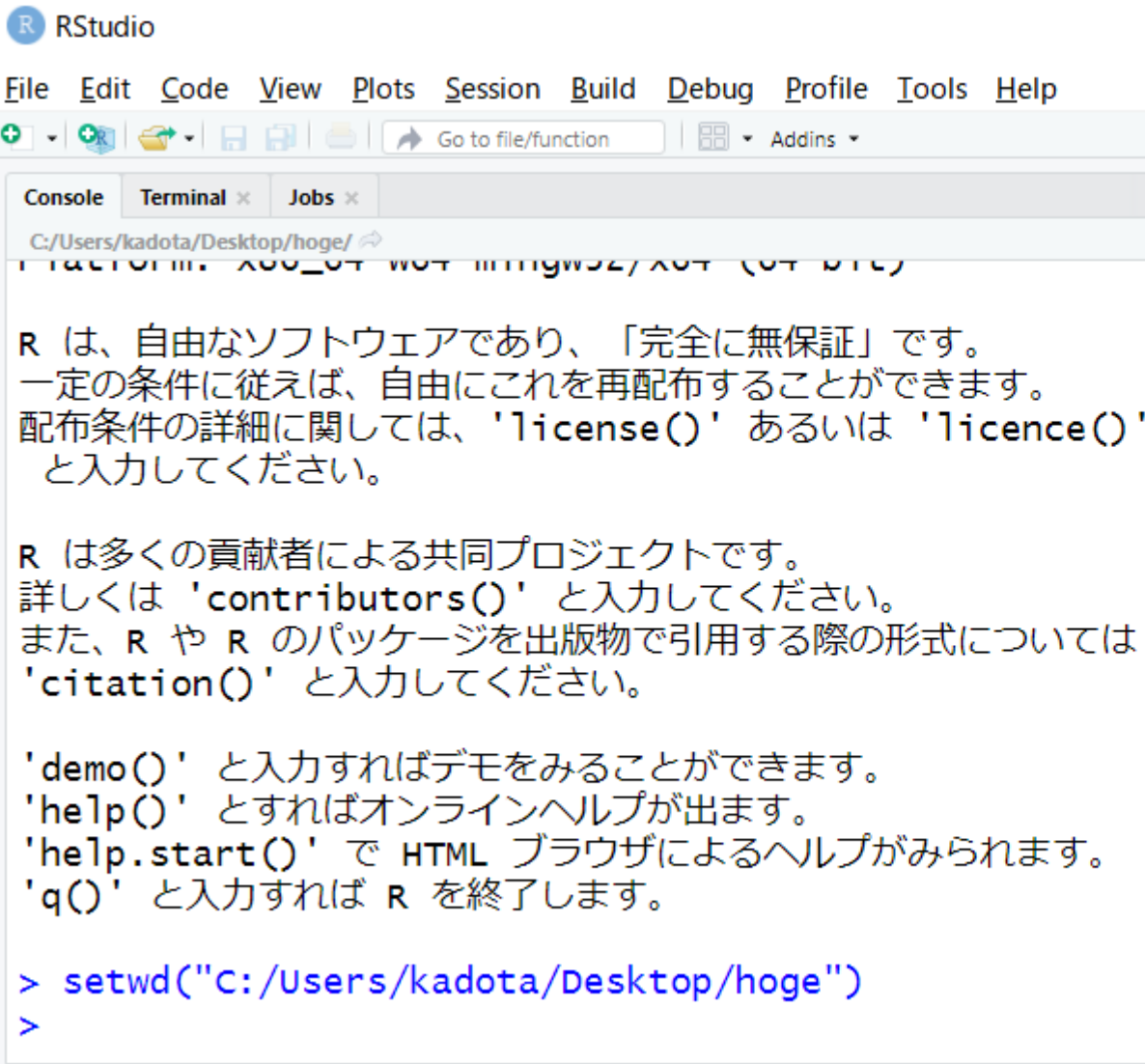
	A	B	C	D
1	gene name	accession	description	subcellular_location
2	gene1	hoge01	plasma_mem	nuclear
3	gene2	hoge02	hohinu	membrane
4	gene3	hoge03	agribio	endoplasmic
5	gene4	hoge04	genesis	endoplasmic
6	gene5	hoge05	kamo	membrane
7	gene6	hoge06	netteba	humei
8	gene7	hoge07	tebasaki	nuclear
9	gene8	hoge08	biiru	nuclear
10	gene9	hoge09	nihonshu	nuclear
11	gene10	hoge10	agene1	membrane
12	gene11	hoge11	iyaaaa	endoplasmic

抽出された行のみ抽出した行数と

row name

応用3

①例題1は、②の中身をもつ、③リストファイル(hoge1.txt)を読み込んで、④1列目で一致する行を抽出するスクリプトでした。応用として、⑤新たに作成したリストファイル(list.txt)を読み込んで、⑥4列目で一致する行の抽出を行います。これはRStudioを再起動して、⑦作業ディレクトリの変更まで終了した状態。

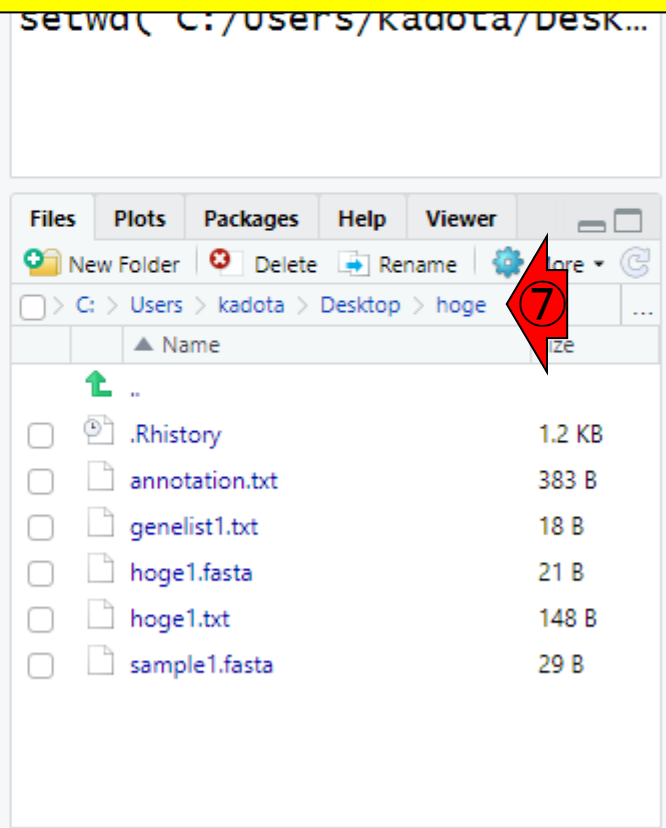


R は、自由なソフトウェアであり、「完全に無保証」です。一定の条件に従えば、自由にこれを再配布することができます。配布条件の詳細に関しては、'license()' あるいは 'licence()' と入力してください。

R は多くの貢献者による共同プロジェクトです。詳しくは 'contributors()' と入力してください。また、R や R のパッケージを出版物で引用する際の形式については 'citation()' と入力してください。

'demo()' と入力すればデモをみることができます。
'help()' とすればオンラインヘルプが出ます。
'help.start()' で HTML ブラウザによるヘルプがみられます。
'q()' と入力すれば R を終了します。

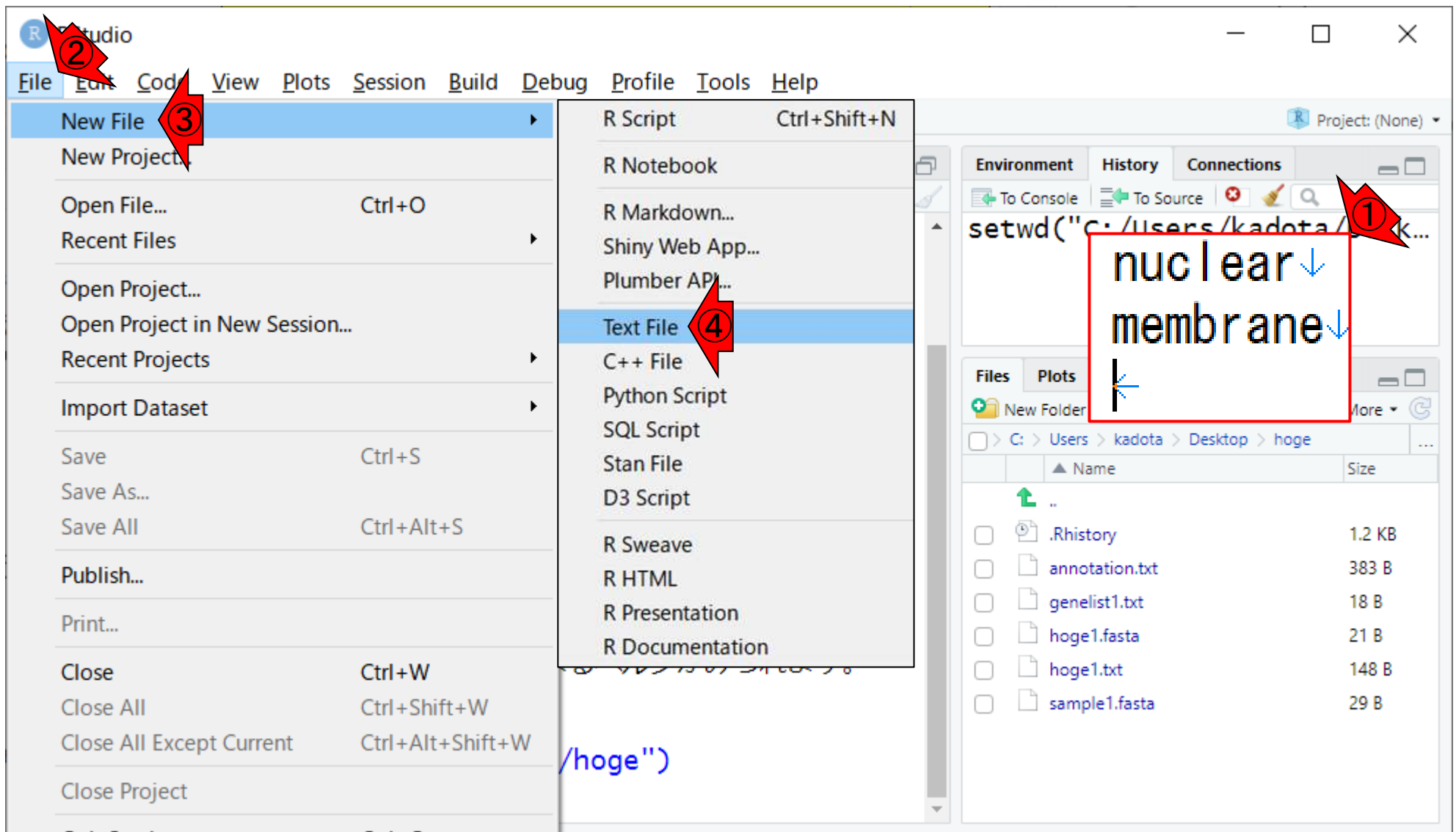
```
> setwd("C:/Users/kadota/Desktop/hoge")  
>
```



Name	Size
..	
.Rhistory	1.2 KB
annotation.txt	383 B
genelist1.txt	18 B
hoge1.fasta	21 B
hoge1.txt	148 B
sample1.fasta	29 B

応用4

まずは①リストファイル(list.txt)を作成
すべく、②File、③New File、④Text File。



応用5

まずは①リストファイル(list.txt)を作成
すべく、②File、③New File、④Test File。
こんな感じになります。

The screenshot shows the RStudio environment. The top menu bar includes File, Edit, Code, View, Plots, Session, Build, Debug, Profile, Tools, and Help. The toolbar contains various icons for file operations and navigation. The main editor window shows a single line of code: `1`. The console window at the bottom displays the following text:

```
C:\Users\kadota\Desktop\hoge/
C:\Users\kadota\Desktop\hoge/

'demo()' と入力すればデモをみることができます。
'help()' とすればオンラインヘルプが出ます。
'help.start()' で HTML ブラウザによるヘルプがみられます。
'q()' と入力すれば R を終了します。

> setwd("C:/Users/kadota/Desktop/hoge")
>
```

The Environment pane on the right shows the current working directory: `setwd("C:/Users/kadota/Desktop/hoge")`. Below this, a list of files is displayed:

Name	Size
..	
.Rhistory	1.2 KB
annotation.txt	383 B
genelist1.txt	18 B
hoge1.fasta	21 B
hoge1.txt	148 B
sample1.fasta	29 B

A red box highlights the text "nuclear" and "membrane" in the Environment pane, with a red arrow pointing to the number "1" in the top right corner of the Environment pane.

応用6

まずは①リストファイル(list.txt)を作成すべく、②File、③New File、④Test File。こんな感じになります。①と同じように抽出したいキーワードを入力。この際、②の部分で最後にリターンキーを「押すか押さないか」でコピー実行時に「警告が出ないか出るか」の違いがでますがそれも含めて楽しんでください。

```
1 nuclear
2 membrane
3
```

Console

```
C:/Users/kadota/Desktop/hoge/
C:\> cd C:/Users/kadota/Desktop/hoge/

'demo()' と入力すればデモをみることができます。
'help()' とすればオンラインヘルプが出ます。
'help.start()' で HTML ブラウザによるヘルプがみられます。
'q()' と入力すれば R を終了します。

> setwd("C:/Users/kadota/Desktop/hoge")
> |
```

Files Plots

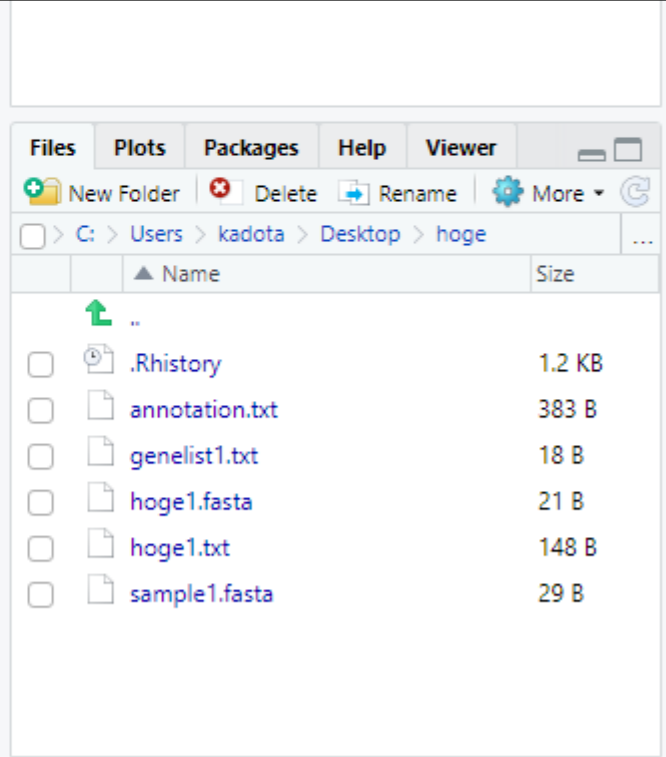
New Folder

C:\> Users > kadota > Desktop > hoge

Name	Size
..	
.Rhistory	1.2 KB
annotation.txt	383 B
genelist1.txt	18 B
hoge1.fasta	21 B
hoge1.txt	148 B
sample1.fasta	29 B

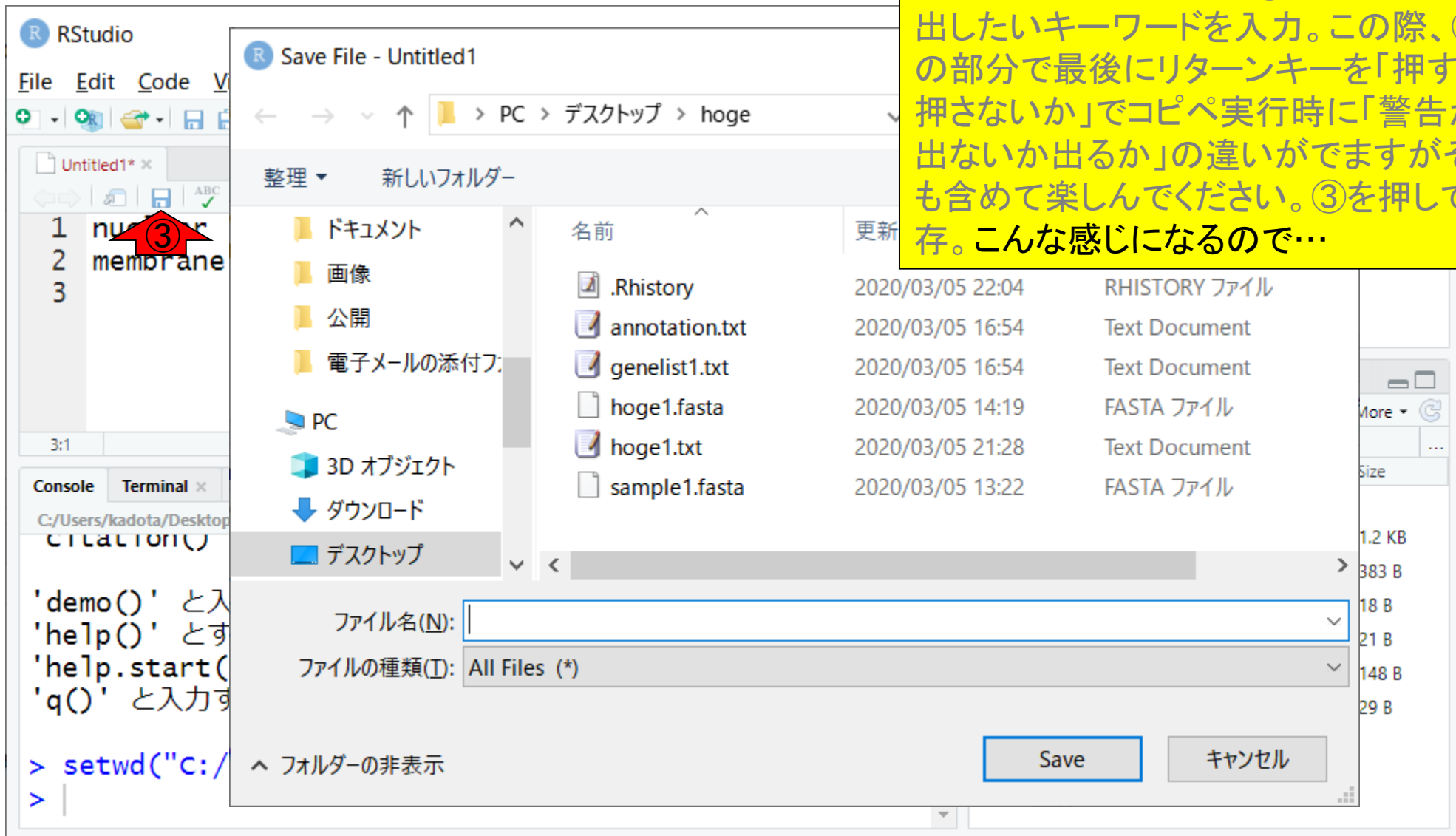
応用7

まずは①リストファイル(list.txt)を作成すべく、②File、③New File、④Test File。こんな感じになります。①と同じように抽出したいキーワードを入力。この際、②の部分で最後にリターンキーを「押すか押さないか」でコピー実行時に「警告が出ないか出るか」の違いがでますがそれも含めて楽しんでください。③を押して保存。



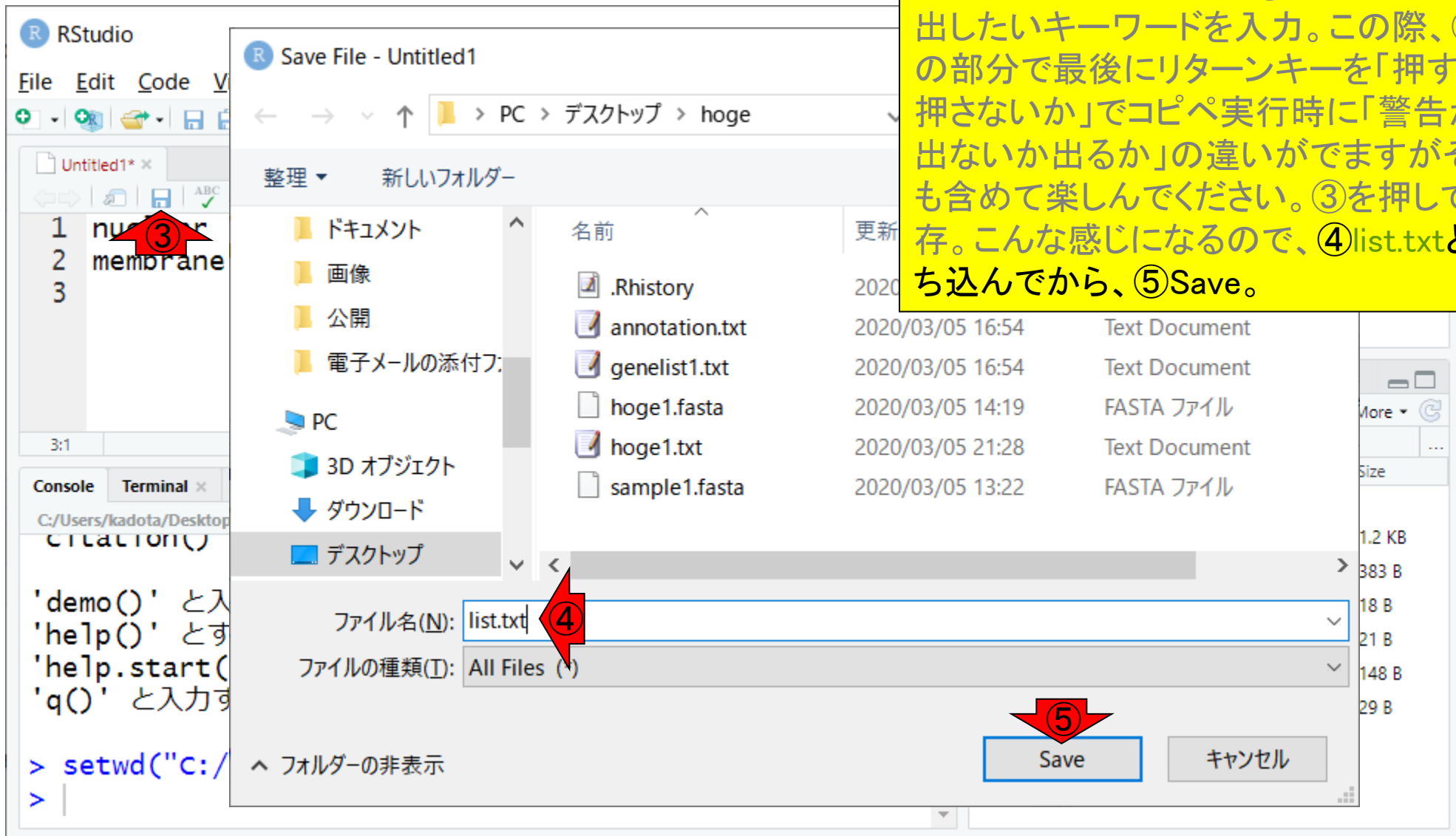
応用8

まずは①リストファイル(list.txt)を作成すべく、②File、③New File、④Test File。こんな感じになります。①と同じように抽出したいキーワードを入力。この際、②の部分で最後にリターンキーを「押すか押さないか」でコピペ実行時に「警告が出ないか出るか」の違いがでますがそれも含めて楽しんでください。③を押して保存。こんな感じになるので…



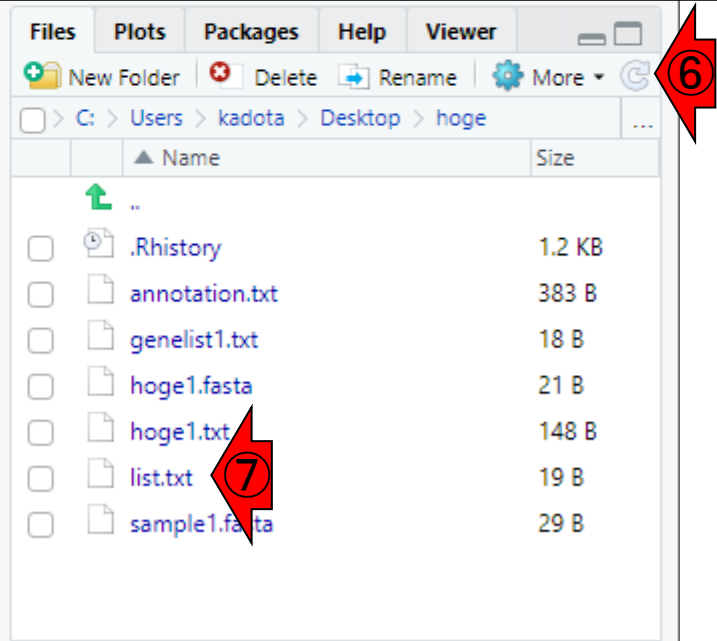
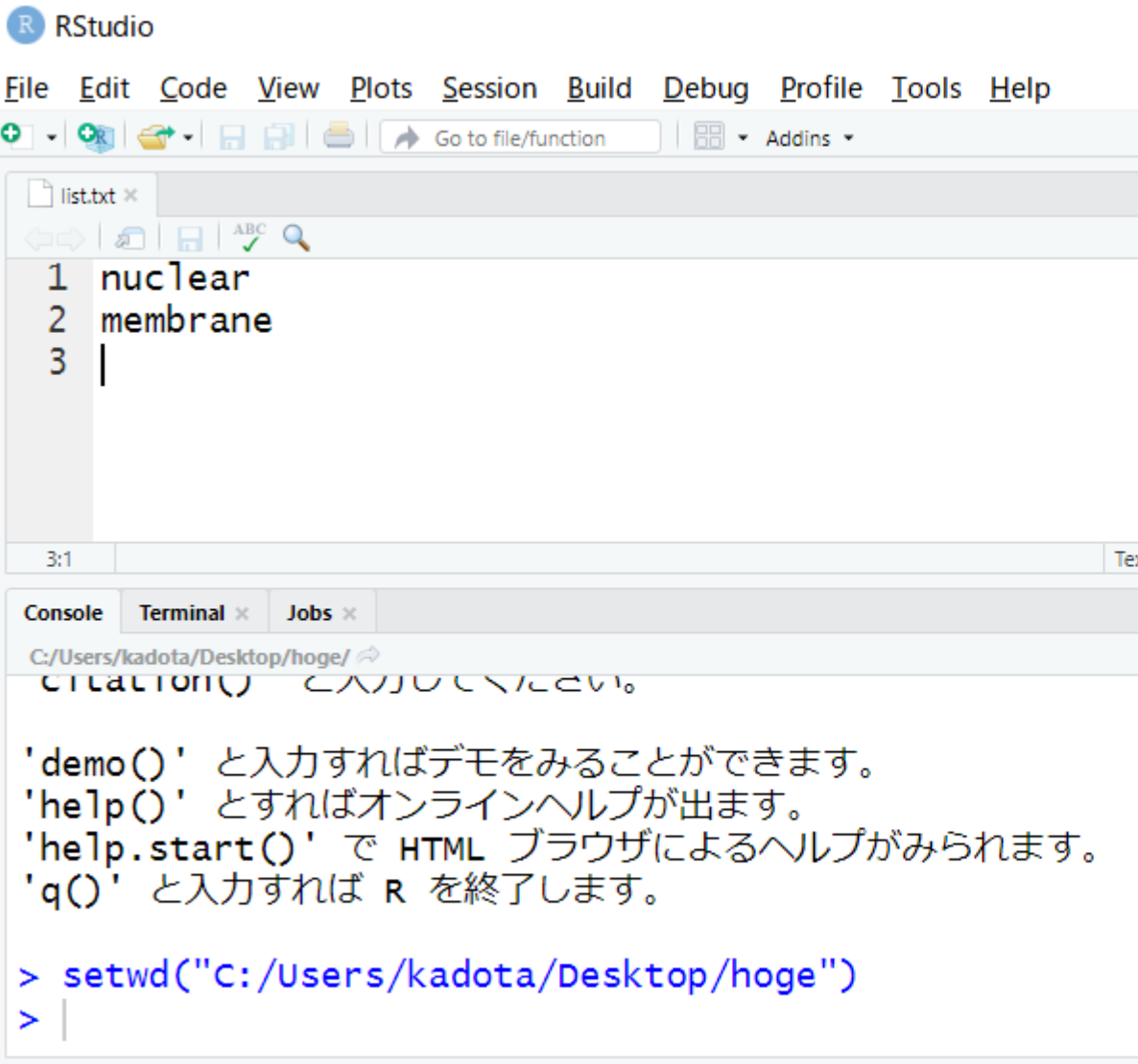
応用9

まずは①リストファイル(list.txt)を作成すべく、②File、③New File、④Test File。こんな感じになります。①と同じように抽出したいキーワードを入力。この際、②の部分で最後にリターンキーを「押すか押さないか」でコピペ実行時に「警告が出ないか出るか」の違いがでますがそれも含めて楽しんでください。③を押して保存。こんな感じになるので、④list.txtと打ち込んでから、⑤Save。



応用10

まずは①リストファイル(list.txt)を作成すべく、②File、③New File、④Test File。こんな感じになります。①と同じように抽出したいキーワードを入力。この際、②の部分で最後にリターンキーを「押すか押さないか」でコピー実行時に「警告が出ないか出るか」の違いがでますがそれも含めて楽しんでください。③を押して保存。こんな感じになるので、④list.txtと打ち込んでから、⑤Save。私の場合は、⑥リロードすると、⑦list.txtが見えました。



次は、①例題1のスクリプト(or コード)を
テンプレートとして利用したいので…

応用11

1. 目的のタブ区切りテキストファイル([annotation.txt](#))中の第1列目をキーとして、リストファイル([genelist1.txt](#))中のものが含まれる行全体を出力したい場合：

```
in_f1 <- "annotation.txt" #入力ファイル名を指定してin_f1に格納(アノテーションファイル)
in_f2 <- "genelist1.txt" #入力ファイル名を指定してin_f2に格納(リストファイル)
out_f <- "hoge1.txt" #出力ファイル名を指定してout_fに格納
param <- 1 #アノテーションファイル中の検索したい列番号を指定

#入力ファイルの読み込み
data <- read.table(in_f1, header=TRUE, sep="\t", quote="") #in_f1で指定したファイルの読み込み
keywords <- readLines(in_f2) #in_f2で指定したファイルの読み込み
dim(data) #オブジェクトdataの行数と列数を表示

#本番
obj <- is.element(as.character(data[,param]), keywords) #条件を満たすかどうかを判定した結果をobjに格納
out <- data[obj,] #objがTRUEとなる行のみ抽出した結果をoutに格納
dim(out) #オブジェクトoutの行数と列数を表示

#ファイルに保存
write.table(out, out_f, sep="\t", append=F, quote=F, row.names=F) #outの中身を指定したファイル名で保
```

[トップページへ](#)

応用12

次は、①例題1のスクリプト(or コード)を
テンプレートとして利用したいので、②赤
枠内のコード全体をコピーしておく。

(Rで)塩基配列解析

← ① 保護されていない通信 | iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html#intro_general_grep_kiso

1. 目的のタブ区切りテキストファイル([annotation.txt](#))中の第1列目をキーとして、リストファイル([genelist1.txt](#))中のものが含まれる行全体を出力したい場合：

```
in f1 <- "annotation.txt" #入力ファイル名を指定してin f1に格納(アノテーションファイル)
in f2 <- "genelist1.txt" #入力ファイル名を指定してin f2に格納(リストファイル)
out f <- "hoge1.txt" #出力ファイル名を指定してout fに格納
param <- 1
#入力ファイルの読み込み
data <- read.table(in f1)
keywords <- readLines(in f2)
dim(data)
#本番
obj <- is.element(as.character(data[,param]), keywords)#条件を満たすかどうかを判定した結果をobjに格納
out <- data[obj,] #objがTRUEとなる行のみ抽出した結果をoutに格納
dim(out) #オブジェクトoutの行数と列数を表示
#ファイルに保存
write.table(out, out_f, sep="\t", append=F, quote=F, row.names=F)#outの中身を指定したファイル名で保
```

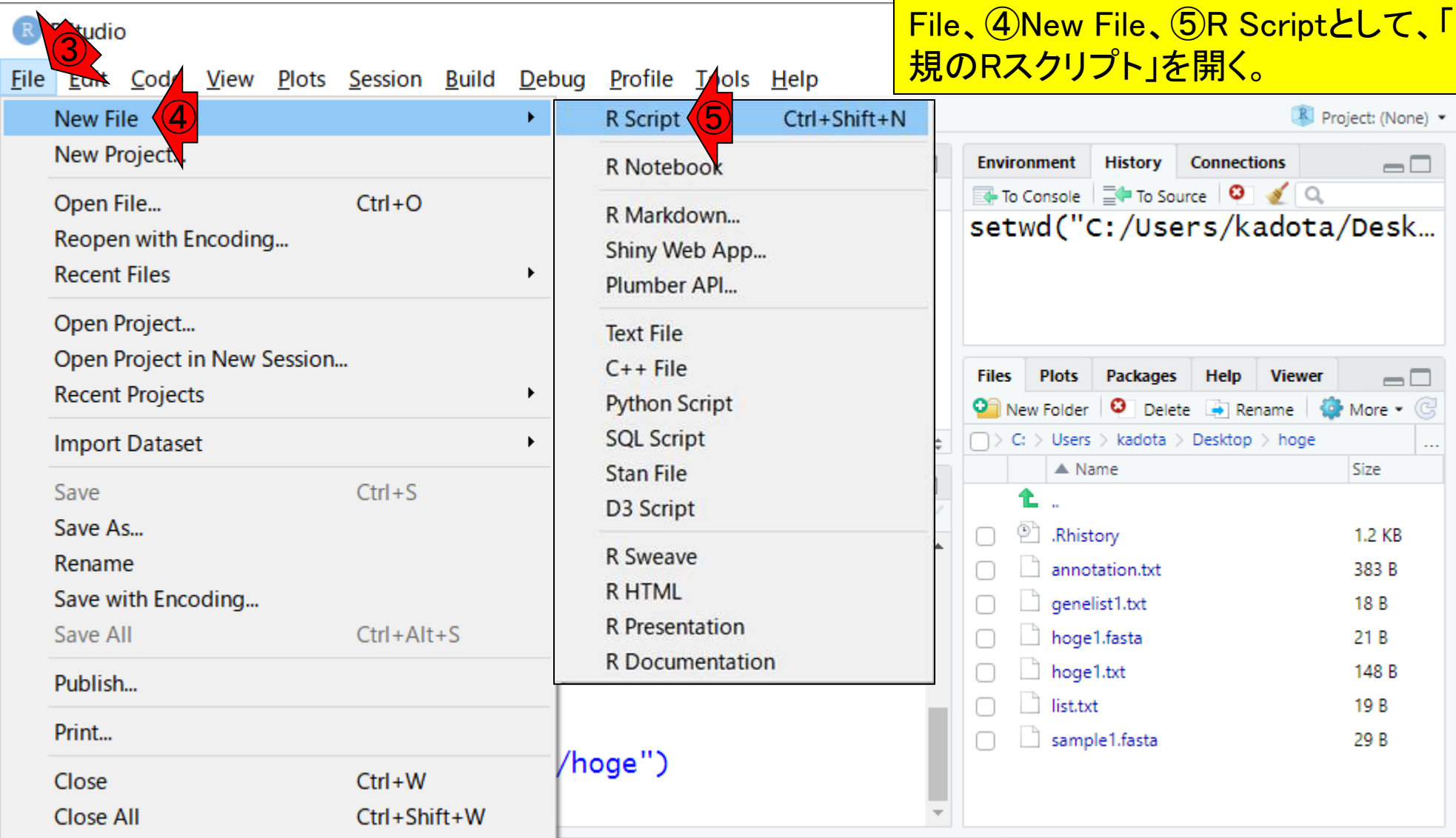
②

コピー(C)	Ctrl+C
Google で「in_f1 <- "annotation.txt" #入力ファイル名を...」を検索(S)	
印刷(P)...	Ctrl+P
検証(I)	Ctrl+Shift+I

[トップページへ](#)

応用13

次は、①例題1のスクリプト(or コード)をテンプレートとして利用したいので、②赤枠内のコード全体をコピーしておく。③ File、④New File、⑤R Scriptとして、「新規のRスクリプト」を開く。



応用14

次は、①例題1のスクリプト(or コード)をテンプレートとして利用したいので、②赤枠内のコード全体をコピーしておく。③File、④New File、⑤R Scriptとして、「新規のRスクリプト」を開く。こんな感じになって、⑥Untitled1という中身が空っぽの新規スクリプトファイルが開きます。(Wordで「名称未設定」の新規文書を開くようなものですね。)

RStudio

File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help

Go to file/function Addins

list.txt x Untitled1 x

Source on Save Run Source

1

1:1 (Top Level) R Script

Console Terminal x Jobs x

C:/Users/kadota/Desktop/hoge/

CT&acton() と入力してください。

'demo()' と入力すればデモをみることができます。
'help()' とすればオンラインヘルプが出ます。
'help.start()' で HTML ブラウザによるヘルプがみられます。
'q()' と入力すれば R を終了します。

```
> setwd("C:/Users/kadota/Desktop/hoge")  
> |
```

Files Plots Packages Help Viewer

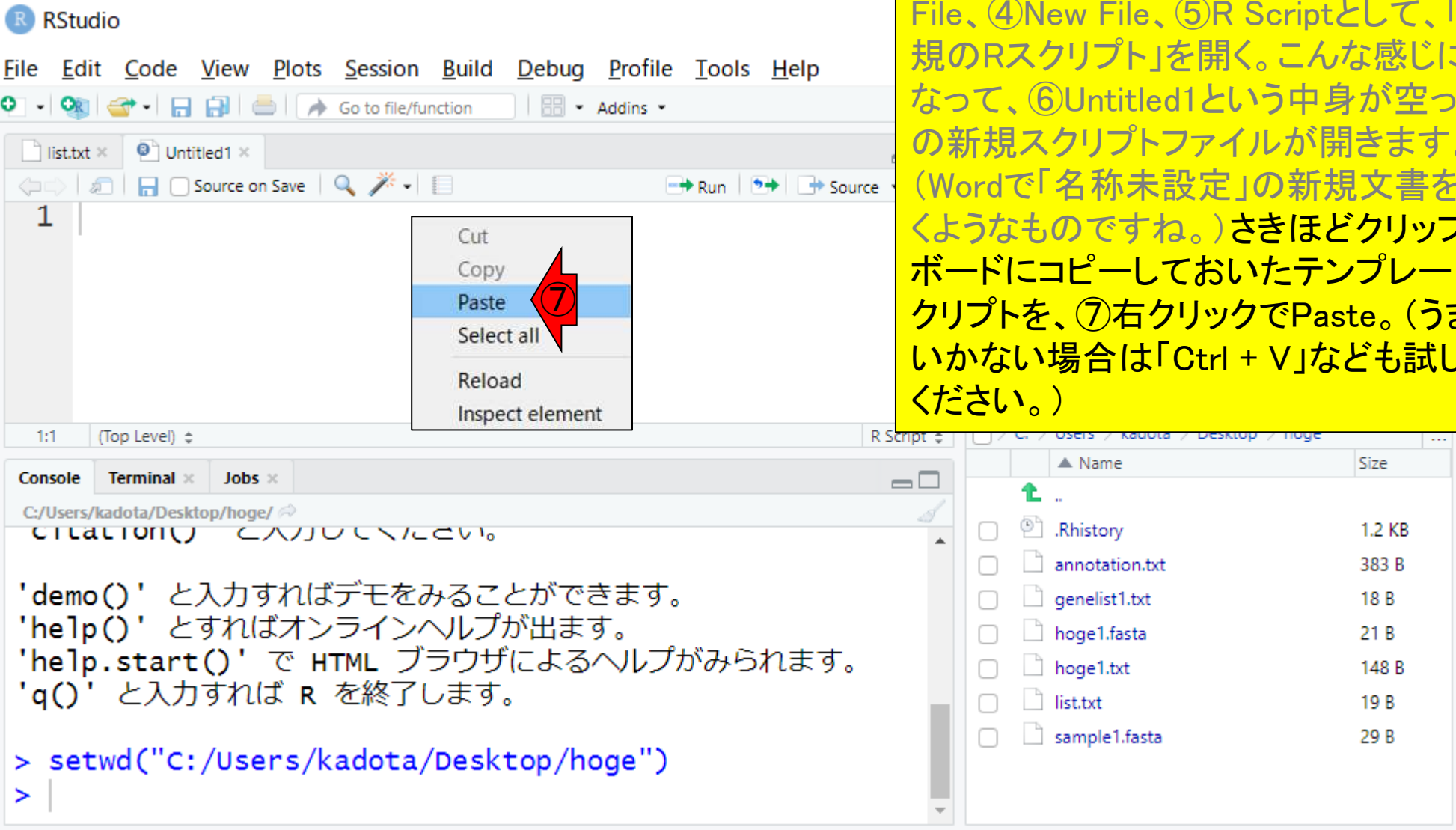
New Folder Delete Rename More

C: > Users > kadota > Desktop > hoge

	Name	Size
	..	
	.Rhistory	1.2 KB
	annotation.txt	383 B
	genelist1.txt	18 B
	hoge1.fasta	21 B
	hoge1.txt	148 B
	list.txt	19 B
	sample1.fasta	29 B

応用15

次は、①例題1のスクリプト(or コード)をテンプレートとして利用したいので、②赤枠内のコード全体をコピーしておく。③File、④New File、⑤R Scriptとして、「新規のRスクリプト」を開く。こんな感じになって、⑥Untitled1という中身が空っぽの新規スクリプトファイルが開きます。(Wordで「名称未設定」の新規文書を開くようなものですね。)さきほどクリップボードにコピーしておいたテンプレートスクリプトを、⑦右クリックでPaste。(うまくいかない場合は「Ctrl + V」なども試してください。)



応用16

The screenshot shows the RStudio interface with the following components:

- Source Editor:** Contains R code for saving a table to a file.


```

12 obj <- ts.element(as.character(data[,param]), keyv
13 out <- data[obj,] #objがTRUE
14 dim(out) #オブジェクト
15
16 #ファイルに保存
17 write.table(out, out_f, sep="\t", append=F, quote=
18 '
            
```
- Environment Panel:** Shows the current working directory:


```
setwd("C:/Users/kadota/Desktop/hoge")
```
- Files Panel:** Displays a file explorer view of the directory `C:\Users\kadota\Desktop\hoge`.

Name	Size
..	
.Rhistory	1.2 KB
annotation.txt	383 B
genelist1.txt	18 B
hoge1.fasta	21 B
hoge1.txt	148 B
list.txt	19 B
sample1.fasta	29 B
- Console:** Shows the execution of `setwd("C:/Users/kadota/Desktop/hoge")` and Japanese instructions for using R help functions:


```

> setwd("C:/Users/kadota/Desktop/hoge")
>
            
```

'demo()' と入力すればデモをみることができます。
 'help()' とすればオンラインヘルプが出ます。
 'help.start()' で HTML ブラウザによるヘルプがみられます。
 'q()' と入力すれば R を終了します。

応用17

こんな感じになればOK。今は①エディタ画面と②Console画面の縦幅が非常に狭い。例えば①エディタ画面を広く使いたい場合は、③を押す。

The screenshot shows the RStudio interface with the following components:

- Menu Bar:** File, Edit, Code, View, Plots, Session, Build, Debug, Profile, Tools, Help
- Toolbar:** Includes icons for file operations and a search bar.
- Editor:** Contains R code:

```
12 obj <- ts.element(as.character(data[,param]), keyv...
13 out <- data[obj,] #objがTRUE
14 dim(out) #オブジェクト
15
16 #ファイルに保存
17 write.table(out, out_f, sep="\t", append=F, quote=
18 '
```
- Environment/History/Connections:** Shows 'setwd("C:/Users/kadota/Desktop/hoge...")'.
- Files/Plots/Packages/Help/Viewer:** Shows a file explorer view of 'C:/Users/kadota/Desktop/hoge' with files like '.Rhistory', 'annotation.txt', 'genelist1.txt', 'hoge1.fasta', 'hoge1.txt', 'list.txt', and 'sample1.fasta'.
- Console/Terminal/Jobs:** Shows R help text and a command:

```
> setwd("C:/Users/kadota/Desktop/hoge")
```

Annotations:

- ③: Points to the maximize button in the Environment/History/Connections panel.
- ①: Points to the editor window.
- ②: Points to the console window.

応用18

こんな感じになればOK。今は①エディタ画面と②Console画面の縦幅が非常に狭い。例えば①エディタ画面を広く使いたい場合は、③を押す。こんな感じになります。もう一度③を押すと元に戻せる。

The screenshot shows the RStudio interface with the following components:

- Code Editor:** Contains R code for reading a table and writing it to a file. A vertical scrollbar is highlighted with a red arrow labeled ①.
- Environment:** Shows the current working directory as "C:/Users/kadota/Desktop/hoge".
- Files:** A file explorer view showing the contents of the "hoge" directory, including files like ".Rhistory", "annotation.txt", "genelist1.txt", "hoge1.fasta", "hoge1.txt", "list.txt", and "sample1.fasta".
- Console:** The bottom panel where R commands are executed. It is highlighted with a red arrow labeled ②.
- Code Editor Maximize:** The maximize button of the code editor window is highlighted with a red arrow labeled ③.

応用19

元に戻りました。④はエディタ画面の縦幅を最小にする操作であり、⑤Console画面をを最大にする操作と同じです。以降は特に明記しませんが、見やすいように適宜いじってください。

The screenshot shows the RStudio interface with the following components:

- Code Editor:** Contains R code for saving a table to a file. A red arrow labeled '4' points to the top of the editor.
- Environment/History/Connections:** Shows the current working directory set to 'C:/Users/kadota/Desktop/hoge'.
- Files Panel:** Shows a file explorer view of the 'hoge' directory with a red arrow labeled '5' pointing to the top of the panel.
- Console:** Shows the output of the 'demo()' function and the execution of 'setwd()'. A red arrow labeled '5' points to the top of the console.

```
12 obj <- ts.element(as.character(data[,param]), keyv
13 out <- data[obj,] #objがTRUE
14 dim(out) #オブジェクト
15
16 #ファイルに保存
17 write.table(out, out_f, sep="\t", append=F, quote=
18 '
```

Console output:

```
C:/Users/kadota/Desktop/hoge/
demo()
'demo()' と入力すればデモをみることができます。
'help()' とすればオンラインヘルプが出ます。
'help.start()' で HTML ブラウザによるヘルプがみられます。
'q()' と入力すれば R を終了します。
> setwd("C:/Users/kadota/Desktop/hoge")
> 
```

Name	Size
..	
.Rhistory	1.2 KB
annotation.txt	383 B
genelist1.txt	18 B
hoge1.fasta	21 B
hoge1.txt	148 B
list.txt	19 B
sample1.fasta	29 B

応用20

The screenshot shows the RStudio interface. The script editor contains the following R code:

```
1 in_f1 <- "annotation.txt" #入力ファイ
2 in_f2 <- "genelist1.txt" #入力ファ
3 out_f <- "hoge1.txt" #出力ファイ
4 param <- 1 #アノテーシ
5
6 #入力ファイルの読み込み
7 data <- read.table(in_f1, header=TRUE, sep="\t")
8
```

The console shows the following output:

```
> demo()
'demo()' と入力すればデモをみることができます。
'help()' とすればオンラインヘルプが出ます。
'help.start()' で HTML ブラウザによるヘルプがみられます。
'q()' と入力すれば R を終了します。

> setwd("C:/Users/kadota/Desktop/hoge")
>
```

The file explorer shows the current directory: C:\Users\kadota\Desktop\hoge. The files listed are:

Name	Size
..	
.Rhistory	1.2 KB
annotation.txt	383 B
genelist1.txt	18 B
hoge1.fasta	21 B
hoge1.txt	148 B
list.txt	19 B
sample1.fasta	29 B

応用21

①エディタ画面の上部に移動したところ。
今は、②の部分のファイル名を、③
list.txtに置き換えたい。

The screenshot shows the RStudio interface. The script editor contains the following code:

```
1 in_f1 <- "annotation.txt" #入力ファイ  
2 in_f2 <- "genelist1.txt" #入力ファ  
3 out_f <- "hoge1.txt" #出力ファイ  
4 param <- 1 #アノテーシ  
5  
6 #入力ファイルの読み込み  
7 data <- read.table(in_f1, header=TRUE, sep="\t")
```

Red arrows point to specific parts of the code: arrow ① points to the file path in the comment on line 1, arrow ② points to the filename "genelist1.txt" on line 2, and arrow ③ points to the file path in the Environment pane.

The Environment pane shows the following variables:

```
setwd("C:/Users/kadota/Desktop/hoge")  
nuclear  
membrane
```

The Files pane shows the following files:

Name	Size
..	
.Rhistory	1.2 KB
annotation.txt	383 B
genelist1.txt	18 B
hoge1.fasta	21 B
hoge1.txt	148 B
list.txt	19 B
sample1.fasta	29 B

The Console shows the following output:

```
> setwd("C:/Users/kadota/Desktop/hoge")  
> |
```

応用22

①エディタ画面の上部に移動したところ。今は、②の部分のファイル名を、③ list.txtに置き換えたい。また、④1列目ではなく、⑤4列目で一致する行を抽出したいので…

```
1 in_f1 <- "annotation.txt" #入力ファイ
2 in_f2 <- "genelist1.txt" #入力ファイ
3 out_f <- "hoge1.txt" #出力ファイ
4 param <- 1 #アノテーシ
5
6 #入力ファイルの読み込み
7 data <- read.table(in_f1, header=TRUE, sep="\t")
8
```

Environment: setwd("C:/Users/kadota/Desktop/hoge")

	A	B	C	D
1	gene name	accession	description	subcellular_location
2	gene1	hoge01	plasma_mem	nuclear
3	gene2	hoge02	hohinu	membrane
4	gene3	hoge03	agribio	endoplasmic
5	gene4	hoge04	genesis	endoplasmic
6	gene5	hoge05	kamo	membrane
7	gene6	hoge06	netteba	humei
8	gene7	hoge07	tebasaki	nuclear
9	gene8	hoge08	biiru	nuclear
10	gene9	hoge09	nihonshu	nuclear
11	gene10	hoge10	age ne1	membrane
12	gene11	hoge11	iyaaaa	endoplasmic

Console: 'demo()' と入力すればデモをみることができます。 'help()' とすればオンラインヘルプが出ます。 'help.start()' で HTML ブラウザによるヘルプがみられます。 'q()' と入力すれば R を終了します。

```
> setwd("C:/Users/kadota/Desktop/hoge")
>
```

応用23

①エディタ画面の上部に移動したところ。
今は、②の部分のファイル名を、③
list.txtに置き換えたい。また、④1列目では
なく、⑤4列目で一致する行を抽出したい
ので、⑥こんな感じで書き替えます。

The screenshot shows the RStudio interface. The script editor contains the following code:

```
1 in_f1 <- "annotation.txt" #入力ファイ
2 in_f2 <- "list.txt" #入力ファイル名:
3 out_f <- "hoge1.txt" #出力ファイ
4 param <- 4 #アノテーシ
5
6 #入力ファイルの読み込み
7 data <- read.table(in_f1, header=TRUE, sep="\t")
8
```

Red arrows labeled '6' point to the file names in lines 2 and 3, and the value '4' in line 4.

The Environment pane shows the command: `setwd("C:/Users/kadota/Desktop/hoge...")`

The Files pane shows the directory `C:/Users/kadota/Desktop/hoge` with the following files:

Name	Size
..	
.Rhistory	1.2 KB
annotation.txt	383 B
genelist1.txt	18 B
hoge1.fasta	21 B
hoge1.txt	148 B
list.txt	19 B
sample1.fasta	29 B

The Console shows the following output:

```
> setwd("C:/Users/kadota/Desktop/hoge")
> |
```

The console also contains help text:

```
'demo()' と入力すればデモをみることができます。
'help()' とすればオンラインヘルプが出ます。
'help.start()' で HTML ブラウザによるヘルプがみられます。
'q()' と入力すれば R を終了します。
```


応用24

①エディタ画面の上部に移動したところ。今は、②の部分のファイル名を、③ list.txtに置き換えたい。また、④1列目ではなく、⑤4列目で一致する行を抽出したいので、⑥こんな感じで書き替えます。⑦を押して、(.txtにしても特に問題はありませんが)Rスクリプトであることを明示した拡張子.Rをつけて、⑨Save。

The screenshot shows the RStudio interface on the left and a Windows Explorer window titled "Save File - Untitled1" on the right. The Explorer window is open to the path "PC > デスクトップ > hoge".

In the RStudio editor, the following code is visible:

```
1 in_1 <-  
2 in_r2 <-  
3 out_f <-  
4 param <-  
5  
6 #入力フ  
7 data <-  
8
```

A red arrow labeled ⑦ points to line 7. The Explorer window shows a list of files:

名前	更新日時	種類
.Rhistory	2020/03/05 22:04	RHISTORY ファイル
annotation.txt	2020/03/05 16:54	Text Document
genelist1.txt	2020/03/05 16:54	Text Document
hoge1.fasta	2020/03/05 14:19	FASTA ファイル
hoge1.txt	2020/03/05 21:28	Text Document
list.txt	2020/03/05 22:29	Text Document
sample1.fasta	2020/03/05 13:22	FASTA ファイル

The "ファイル名(N):" field contains "hoge.R" (indicated by a red arrow labeled ⑧). The "ファイルの種類(I):" is set to "All Files (*)". The "Save" button is highlighted with a red arrow labeled ⑨.

応用25

①エディタ画面の上部に移動したところ。今は、②の部分のファイル名を、③ list.txtに置き換えたい。また、④1列目ではなく、⑤4列目で一致する行を抽出したいので、⑥こんな感じで書き替えます。⑦を押して、(.txtにしても特に問題はありませんが)Rスクリプトであることを明示した拡張子.Rをつけて、⑨Save。私の場合は、⑩リロードすると、⑪hoge.Rが見えました。

RStudio interface showing the R script editor and the file explorer. The R script editor displays the following code:

```
1 in_f1 <- "annotation.txt" #入力ファイル名
2 in_f2 <- "list.txt" #入力ファイル名
3 out_f <- "hoge1.txt" #出力ファイル名
4 param <- 4 #アノテーション数
5
6 #入力ファイルの読み込み
7 data <- read.table(in_f1, header=TRUE, sep="\t")
```

The file explorer shows the directory `C:/Users/kadota/Desktop/hoge` with the following files:

Name	Size
..	
.Rhistory	1.2 KB
annotation.txt	383 B
genelist1.txt	18 B
hoge.R	1.2 KB
hoge1.fasta	21 B
hoge1.txt	148 B
list.txt	19 B
sample1.fasta	29 B

The console shows the following output:

```
> setwd("C:/Users/kadota/Desktop/hoge")
>
```

応用26

いよいよ変更後のスクリプトの実行。①
赤枠内のコード全体を選択。

The screenshot shows the RStudio interface. The script editor contains the following code:

```
1 in_f1 <- "annotation.txt" #入力ファイル名
2 in_f2 <- "list.txt" #入力ファイル名
3 out_f <- "hoge1.txt" #出力ファイル名
4 param <- 4 #アノテーション
5
6 #入力ファイルの読み込み
7 data <- read.table(in_f1, header=TRUE, sep="\t")
```

The Environment pane shows the current working directory: `setwd("C:/Users/kadota/Desktop/hoge")`.

The Console pane displays the following text:

```
> setwd("C:/Users/kadota/Desktop/hoge")
> |
```

The Files pane shows the directory structure:

Name	Size
..	
.Rhistory	1.2 KB
annotation.txt	383 B
genelist1.txt	18 B
hoge.R	1.2 KB
hoge1.fasta	21 B
hoge1.txt	148 B
list.txt	19 B
sample1.fasta	29 B

応用27

いよいよ変更後のスクリプトの実行。①
赤枠内のコード全体を選択。こんな感じ。

The screenshot shows the RStudio interface. The script editor on the left contains R code with a red box highlighting lines 12 through 18. A red arrow with the number '1' points to the 'Run' button. The console at the bottom shows the execution of the highlighted code, including the `setwd` command.

```
12 obj <- ls.element(as.character(data[,param]), keyv...  
13 out <- data[obj,] #objがTRUE  
14 dim(out) #オブジェクト  
15  
16 #ファイルに保存  
17 write.table(out, out_f, sep="\t", append=F, quote=  
18 |
```

Console output:

```
> setwd("C:/Users/kadota/Desktop/hoge")  
> |
```

Files panel (C:\Users\kadota\Desktop\hoge):

Name	Size
..	
.Rhistory	1.2 KB
annotation.txt	383 B
genelist1.txt	18 B
hoge.R	1.2 KB
hoge1.fasta	21 B
hoge1.txt	148 B
list.txt	19 B
sample1.fasta	29 B

応用28

いよいよ変更後のスクリプトの実行。①
赤枠内のコード全体を選択。こんな感じ。
この状態で②Runを押すと…

The screenshot shows the RStudio interface. The script editor contains the following code:

```
12 obj <- ls.element(as.character(data[,param]), keyv  
13 out <- data[obj,] #objがTRUE  
14 dim(out) #オブジェクト  
15  
16 #ファイルに保存  
17 write.table(out, out_f, sep="\t", append=F, quote=  
18 |
```

The code from line 12 to 18 is highlighted in blue. A red box surrounds this code. A red arrow labeled '2' points to the Run button in the toolbar. Another red arrow labeled '1' points to the Environment pane on the right, which shows the current working directory set to 'C:/Users/kadota/Desktop/hoge'.

The console output is as follows:

```
> setwd("C:/Users/kadota/Desktop/hoge")  
> |
```

The console also displays help text for the R environment:

```
'demo()' と入力すればデモをみることができます。  
'help()' とすればオンラインヘルプが出ます。  
'help.start()' で HTML ブラウザによるヘルプがみられます。  
'q()' と入力すれば R を終了します。
```

応用29

いよいよ変更後のスクリプトの実行。①赤枠内のコード全体を選択。こんな感じ。この状態で②Runを押すと、出力予定ファイル(hoge1.txt)をExcelで開いている状態で実行したWinユーザは③のような感じでエラーが出ます。

The screenshot shows the RStudio interface. The source editor contains the following R code:

```
12 obj <- rs.element(as.character(data[,param]), keyv...
13 out <- data[obj,] #objがTRUE
14 dim(out) #オブジェクト
15
16 #ファイルに保存
17 write.table(out, out_f, sep="\t", append=F, quote=
18 |
```

The console shows an error message:

```
C:/Users/kadota/Desktop/hoge/
row.names=F)#outの中身を指定したファイル名で保存
file(file, ifelse(append, "a", "w")) でエラー:
  コネクションを開くことができません
追加情報: 警告メッセージ:
file(file, ifelse(append, "a", "w")) で:
  ファイル 'hoge1.txt' を開くことができません: Permission
denied
> |
```

A red arrow with the number 3 points to the console output.

The Environment pane shows the following code:

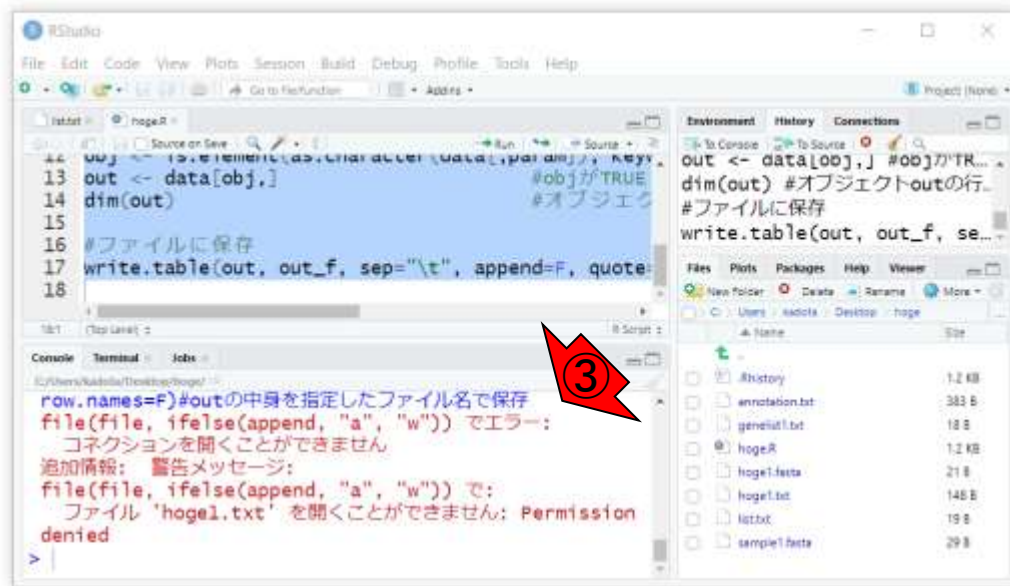
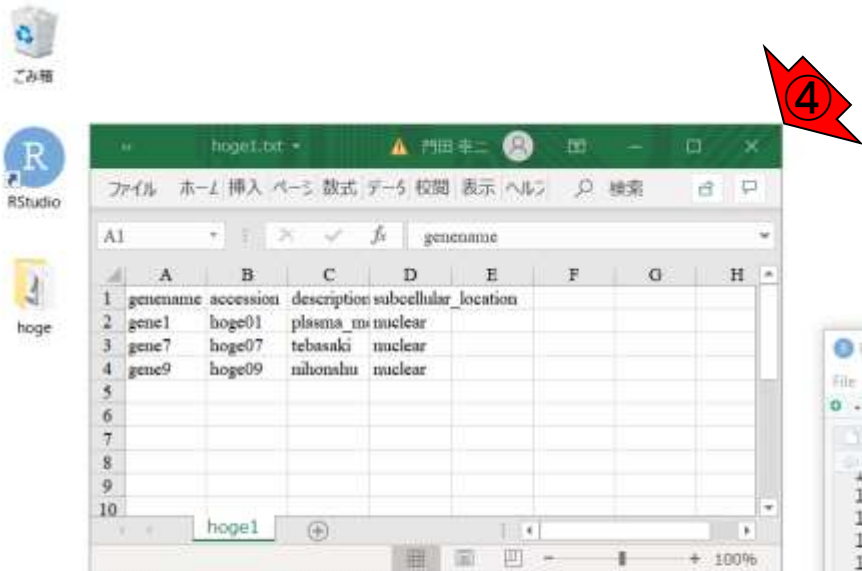
```
out <- data[obj,] #objがTR...
dim(out) #オブジェクトoutの行..
#ファイルに保存
write.table(out, out_f, se...
```

The Files pane shows the directory structure:

Name	Size
..	
.Rhistory	1.2 KB
annotation.txt	383 B
genelist1.txt	18 B
hoge.R	1.2 KB
hoge1.fasta	21 B
hoge1.txt	148 B
list.txt	19 B
sample1.fasta	29 B

応用30

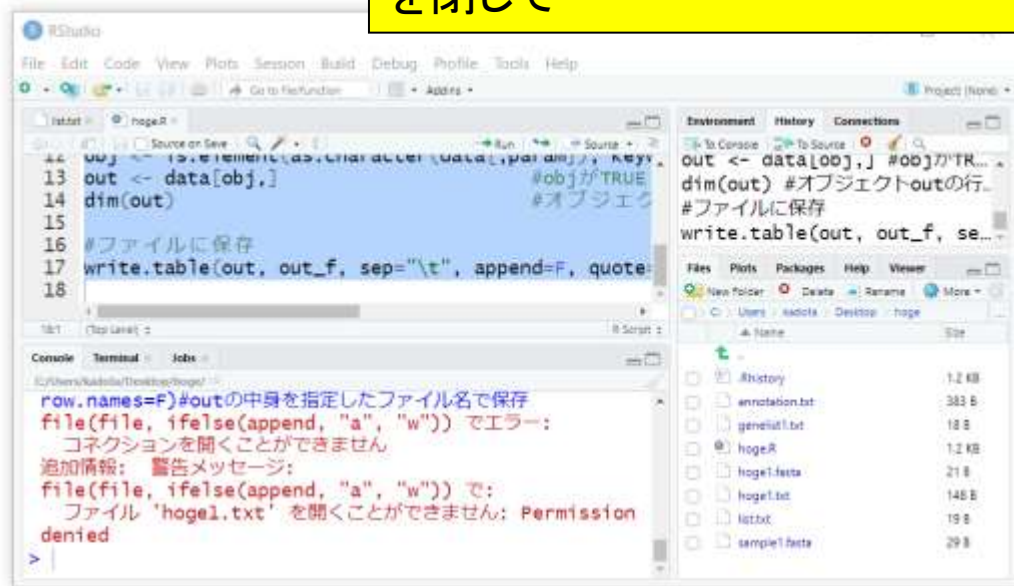
いよいよ変更後のスクリプトの実行。①赤枠内のコード全体を選択。こんな感じ。この状態で②Runを押すと、出力予定ファイル(hoge.1.txt)をExcelで開いている状態で実行したWinユーザは③のような感じでエラーが出ます。つまり、先に④のようにしていると、③のようになるということ。



応用31



いよいよ変更後のスクリプトの実行。①赤枠内のコード全体を選択。こんな感じ。この状態で②Runを押すと、出力予定ファイル(hoge.1.txt)をExcelで開いている状態で実行したWinユーザは③のような感じでエラーが出ます。つまり、先に④のようにしていると、③のようになるということ。④Excelで開いているhoge1.txtを閉じて…



応用32

いよいよ変更後のスクリプトの実行。①赤枠内のコード全体を選択。こんな感じ。この状態で②Runを押すと、出力予定ファイル(hoge1.txt)をExcelで開いている状態で実行したWinユーザは③のような感じでエラーが出ます。つまり、先に④のようにしていると、③のようになるということ。④Excelで開いているhoge1.txtを閉じて、⑤Runを押してリトライ。この作業自体はコピペ実行と同じです。



```
12 obj <- ts.element(as.character(data[,param]), K)
13 out <- data[obj,] #objがTRUE
14 dim(out) #オブジェクトの次元
15
16 #ファイルに保存
17 write.table(out, out_f, sep="\t", append=F, quote=
18
```

Console Terminal x Jobs x

C:/Users/kadota/Desktop/hoge/ ↗

row.names=F)#outの中身を指定したファイル名で保存
file(file, ifelse(append, "a", "w")) でエラー:
コネクションを開くことができません
追加情報: 警告メッセージ:
file(file, ifelse(append, "a", "w")) で:
ファイル 'hoge1.txt' を開くことができません: Permission
denied

write.table(out, out_f, se...

Files Plots Packages Help Viewer

New Folder Delete Rename More

C: > Users > kadota > Desktop > hoge

	Name	Size
	..	
	.Rhistory	1.2 KB
	annotation.txt	383 B
	genelist1.txt	18 B
	hoge.R	1.2 KB
	hoge1.fasta	21 B
	hoge1.txt	148 B
	list.txt	19 B
	sample1.fasta	29 B

応用33

いよいよ変更後のスクリプトの実行。①赤枠内のコード全体を選択。こんな感じ。この状態で②Runを押すと、出力予定ファイル(hoge.1.txt)をExcelで開いている状態で実行したWinユーザは③のような感じでエラーが出ます。つまり、先に④のようにしていると、③のようになるということ。④Excelで開いているhoge1.txtを閉じて、⑤Runを押してリトライ。この作業自体はコピペ実行と同じです。実行結果。エラーは出なくなりましたね。⑥をクリックして中身をエディタで表示させてみましょう。

The screenshot shows the RStudio interface. The top pane contains an R script with the following code:

```
12 obj <- ts.element(as.character(data[,param]), ke...
13 out <- data[obj,] #objがTRUE
14 dim(out) #オブジェクトの次元
15
16 #ファイルに保存
17 write.table(out, out_f, sep="\t", append=F, quot...
18
```

The bottom-left pane (Console) shows the execution output:

```
> dim(out) #オブジェクトout
tの行数と列数を表示
[1] 7 4
>
> #ファイルに保存
> write.table(out, out_f, sep="\t", append=F, quote=F,
row.names=F)#outの中身を指定したファイル名で保存
>
```

The bottom-right pane shows a file explorer view of the directory `C:/Users/kadota/Desktop/hoge/`. The files listed are:

Name	Size
..	
.Rhistory	1.2 KB
annotation.txt	383 B
genelist1.txt	18 B
hoge.R	1.2 KB
hoge1.fasta	21 B
hoge1.txt	265 B
list.txt	19 B
sample1.fasta	29 B

A red arrow with the number 6 points to the `hoge1.txt` file in the file explorer.

応用34

いよいよ変更後のスクリプトの実行。①赤枠内のコード全体を選択。こんな感じ。この状態で②Runを押すと、出力予定ファイル(hoge1.txt)をExcelで開いている状態で実行したWinユーザは③のような感じでエラーが出ます。つまり、先に④のようにしていると、③のようになるということ。④Excelで開いているhoge1.txtを閉じて、⑤Runを押してリトライ。この作業自体はコピー実行と同じです。実行結果。エラーは出なくなりましたね。⑥をクリックして中身をエディタで表示させてみましょう。⑦表示結果。

The screenshot shows the RStudio interface. The script editor contains a table with 7 rows and 4 columns. The console shows the execution of `dim(out)` resulting in `[1] 7 4`, and `write.table` being used to save the output to `hoge1.txt`. A file explorer window is open, showing the contents of the `hoge` directory, with `hoge1.txt` selected and highlighted by a red arrow labeled ⑥.

```
1 gene_name accession description subcellular_location
2 gene1 hoge01 plasma_mem nuclear
3 gene2 hoge02 hohinu membrane
4 gene5 hoge05 kamo membrane
5 gene7 hoge07 tebasaki nuclear
6 gene8 hoge08 biiru nuclear
7 gene9 hoge09 nihonryu nuclear
```

```
> dim(out) #オブジェクトout
tの行数と列数を表示
[1] 7 4
>
> #ファイルに保存
> write.table(out, out_f, sep="\t", append=F, quote=F, row.names=F)#outの中身を指定したファイル名で保存
>
```

Name	Size
..	
.Rhistory	1.2 KB
annotation.txt	383 B
genelist1.txt	18 B
hoge.R	1.2 KB
hoge1.fasta	21 B
hoge1.txt	265 B
list.txt	19 B
sample1.fasta	29 B

応用35

いよいよ変更後のスクリプトの実行。①赤枠内のコード全体を選択。こんな感じ。この状態で②Runを押すと、出力予定ファイル(hoge1.txt)をExcelで開いている状態で実行したWinユーザは③のような感じでエラーが出ます。つまり、先に④のようにしていると、③のようになるということ。④Excelで開いているhoge1.txtを閉じて、⑤Runを押してリトライ。この作業自体はコピペ実行と同じです。実行結果。エラーは出なくなりましたね。⑥をクリックして中身をエディタで表示させてみましょう。⑦表示結果。確かに意図通り⑧4列目がnuclear or membraneとなっている行の抽出ができていますね。

RStudio interface showing a script execution process. The script filters rows from a table based on the 4th column containing 'nuclear' or 'membrane'. The console shows the R commands and the resulting dimensions of the output object. A file explorer shows the resulting 'hoge1.txt' file.

```
1 gene_name accession description subcellular_location
2 gene1 hoge01 plasma_mem nuclear
3 gene2 hoge02 hohinu membrane
4 gene5 hoge05 kamo membrane
5 gene7 hoge07 tebasaki nuclear
6 gene8 hoge08 biiru nuclear
7 gene9 hoge09 nihonaki nuclear
```

```
> dim(out)
#オブジェクトout
tの行数と列数を表示
[1] 7 4
>
> #ファイルに保存
> write.table(out, out_f, sep="\t", append=F, quote=F, row.names=F)#outの中身を指定したファイル名で保存
>
```

File Explorer contents:

File Name	Size
.Rhistory	1.2 KB
annotation.txt	383 B
genelist1.txt	18 B
hoge.R	1.2 KB
hoge1.fasta	21 B
hoge1.txt	265 B
list.txt	19 B
sample1.fasta	29 B

Contents

- Introduction、(Rで)塩基配列解析、(Rで)塩基配列解析のサブ
- 基本的な利用法、RStudioの起動、見栄えの統一、終了
- Console画面の見栄え、設定変更、枠の幅、電卓的な利用
- プロンプト(>)、Console画面クリア、計算の中断
- 翻訳配列取得
 - 項目と例題、入力ファイルの保存、作業ディレクトリの変更
 - 入力ファイルの確認、FASTA形式、コピー実行、出力ファイルの確認
- フィルタリング(任意のキーワードを含む行を抽出)
 - 全体像の把握、入力ファイルの保存、コピー実行、出力ファイルの確認
 - Winユーザ向け注意点、応用
- 警告メッセージ、ありがちなミス

警告メッセージ1

The screenshot shows the RStudio interface with the following components:

- Source Editor:** Contains a table with columns: gene name, accession, description, and subcellular location.

gene name	accession	description	subcellular_location
gene1	hoge01	plasma_mem	nuclear
gene2	hoge02	hohinu	membrane
gene5	hoge05	kamo	membrane
gene7	hoge07	tebasaki	nuclear
gene8	hoge08	biiru	nuclear
gene9	hoge09	nihonku	nuclear
- Console:** Shows the execution of R code:


```
> dim(out) #オブジェクトoutの行数と列数を表示
[1] 7 4
> #ファイルに保存
> write.table(out, out_f, sep="\t", append=F, quote=F, row.names=F) #outの中身を指定したファイル名で保存
>
```
- Environment/Files Panel:** Shows a file explorer view of the 'hoge' directory on the desktop, listing files like .Rhistory, annotation.txt, genelist1.txt, hoge.R, hoge1.fasta, hoge1.txt, list.txt, and sample1.fasta.

Red arrows indicate the following actions:

- ①: Clicking the 'Text' button in the Environment/Files panel to maximize the console.
- ②: Clicking the 'Console' tab in the bottom-left pane to maximize the console window.

警告メッセージ2

①を押して、②Console画面を最大化。こんな感じになります。③ページ上部に移動して、コピペ実行したコードの最初のほうが見えるようにします。

The screenshot shows the RStudio interface. The console window on the left contains the following R code and its output:

```
> dim(data) #オブジェクトdataの行数と列数を表示
[1] 11 4
>
> #本番
> obj <- is.element(as.character(data[,param]), keywords) #条件を満たすかどうかを判定した結果をobjに格納
> out <- data[obj,] #objがTRUEとなる行のみ抽出した結果をoutに格納
> dim(out) #オブジェクトoutの行数と列数を表示
[1] 7 4
>
> #ファイルに保存
> write.table(out, out_f, sep="\t", append=F, quote=F, row.names=F) #outの中身を指定したファイル名で保存
>
```

The file explorer on the right shows the directory structure: C:\Users\kadota\Desktop\hoge. The files listed are:

Name	Size
..	
.Rhistory	1.2 KB
annotation.txt	383 B
genelist1.txt	18 B
hoge.R	1.2 KB
hoge1.fasta	21 B
hoge1.txt	265 B
list.txt	19 B
sample1.fasta	29 B

A red arrow labeled '3' points to the scroll bar of the file explorer, indicating the action of scrolling to the top of the directory listing.

警告メッセージ3

①を押して、②Console画面を最大化。こんな感じになります。③ページ上部に移動して、コピペ実行したコードの最初のほうが見えるようにします。こんな感じ。

The screenshot shows the RStudio interface. The console on the left contains the following R code and its output:

```
> in_f1 <- "annotation.txt" #入力ファイル名
#入力ファイル名を指定してin_f1に格納(アノテーションファイル)
> in_f2 <- "list.txt" #入力ファイル名を指定
#入力ファイル名を指定してin_f2に格納(リストファイル)
> out_f <- "hoge1.txt" #出力ファイル名
#出力ファイル名を指定してout_fに格納
> param <- 4 #アノテーション
#アノテーションファイル中の検索したい列番号を指定
>
> #入力ファイルの読み込み
> data <- read.table(in_f1, header=TRUE, sep="\t", quote="")#in_f1で指定したファイルの読み込み
> keywords <- readLines(in_f2) #in_f2で指定したファイルの読み込み
> dim(data) #オブジェクトdataの行数と列数を表示
[1] 11 4
```

The right-hand pane shows the 'Files' view of the current project directory, listing files such as `annotation.txt`, `hoge.R`, `hoge1.fasta`, `hoge1.txt`, `list.txt`, and `sample1.fasta`. A red arrow with the number 3 points to the top of the file list.

警告メッセージ4

①を押して、②Console画面を最大化。こんな感じになります。③ページ上部に移動して、コピペ実行したコードの最初のほうが見えるようにします。こんな感じ。これは、④の部分で改行を入れた、⑤ list.txtを、⑥の部分で読み込ませたもの。特に何のメッセージも表示されていない。

RStudio interface showing the following code in the console:

```
> in_f1 <- "annotation.txt" #入力ファイル名
#入力ファイル名を指定してin_f1に格納(アノテーションファイル)
> in_f2 <- "list.txt" #入力ファイル名を指定
#入力ファイル名を指定してin_f2に格納(リストファイル)
> out_f <- "hoge1.txt" #出力ファイル名
#出力ファイル名を指定してout_fに格納
> param <- 4 #アノテーション
#アノテーションファイル中の検索したい列番号を指定
>
> #入力ファイルの読み込み
> data <- read.table(in_f1, header=TRUE, sep="\t", quote="") #in_f1で指定したファイルの読み込み
> keywords <- readLines(in_f2) #in_f2で指定したファイルの読み込み
> dim(data) #オブジェクトdataの行数と列数を表示
[1] 11 4
```

The file explorer shows the following files:

Name	Size
..	
.Rhistory	1.2 KB
annotation.txt	383 B
genelist1.txt	18 B
hoge.R	1.2 KB
hoge1.fasta	21 B
hoge1.txt	265 B
list.txt	19 B
sample1.fasta	29 B

警告メッセージ5

④の部分で改行を入れずに⑤list.txtで実行すると、⑥当該ファイルの読み込み部分で、警告メッセージがでます。この場合は⑧出力ファイルを眺めることで結果には影響しないことがわかる。Rは警告メッセージ後の記述内容が比較的分かりやすいのでよく読むべし。

The screenshot shows the RStudio interface with the following elements:

- Source Editor:** Contains R code for reading files and searching for keywords. Annotations ⑤, ⑥, and ⑦ point to specific lines of code.
- Console:** Shows the execution output, including a warning message from `readLines` and the start of a `dim` function call. Annotation ④ points to the `nuclear` keyword in the output.
- Files Panel:** Shows a file explorer view of the `hoge` directory. Annotation ⑧ points to the `list.txt` file.

```
> in_f1 <- "annotation.txt" #入力ファイル名
#入力ファイル名を指定してin_f1に格納(アノテーションファイル)
> in_f2 <- "list.txt" #入力ファイル名を指定
#入力ファイル名を指定してin_f2に格納(リストファイル)
> out_f <- "hoge1.txt" #出力ファイル名
#出力ファイル名を指定してout_fに格納
> param <- 4 #アノテーション
#アノテーションファイル中の検索したい列番号を指定
>
> #入力ファイルの読み込み
> data <- read.table(in_f1, header=TRUE, sep="\t", quote="")#in_f1で指定したファイルの読み込み
> keywords <- readLines(in_f2) #in_f2で指定したファイルの読み込み
警告メッセージ:
readLines(in_f2) で: 'list.txt' で不完全な最終行が見つかりました
dim(data) #オブジェクトの
```

Contents

- Introduction、(Rで)塩基配列解析、(Rで)塩基配列解析のサブ
- 基本的な利用法、RStudioの起動、見栄えの統一、終了
- Console画面の見栄え、設定変更、枠の幅、電卓的な利用
- プロンプト(>)、Console画面クリア、計算の中断
- 翻訳配列取得
 - 項目と例題、入力ファイルの保存、作業ディレクトリの変更
 - 入力ファイルの確認、FASTA形式、コピー実行、出力ファイルの確認
- フィルタリング(任意のキーワードを含む行を抽出)
 - 全体像の把握、入力ファイルの保存、コピー実行、出力ファイルの確認
 - Winユーザ向け注意点、応用
- 警告メッセージ、ありがちなミス

ありがちなミス0

この後エラーを意図的に出すので、まずはうまくいく例を必要最小限のコードで示す。

The screenshot shows the RStudio interface. The console pane on the left displays the following R code and its output:

```
> in_f1 <- "annotation.txt" #
> in_f2 <- "genelist1.txt" #
> out_f <- "hoge1.txt" #
> param <- 1 #
>
> #入力ファイルの読み込み
> data <- read.table(in_f1, header=TRUE, sep="\t", quote="")#
> keywords <- readLines(in_f2) #
> dim(data) #
[1] 11 4
>
> #本番
> obj <- is.element(as.character(data[,param]), keywords)#
> out <- data[obj,] #
> dim(out) #
[1] 3 4
>
> #ファイルに保存
> write.table(out, out_f, sep="\t", append=F, quote=F, row.names=F)#
> |
```

The environment pane on the right shows the current environment with the following objects:

```
obj <- is.element(as.char...
out <- data[obj,] #
dim(out) #
#ファイルに保存
```

The Files pane at the bottom right shows the current directory structure:

Name	Size
..	
annotation.txt	383 B
genelist1.txt	18 B

ありがちなミス1

①作業ディレクトリの変更を忘れているため、②in_f1で指定した最初のファイルの読み込み段階で、③エラーが出る。作業ディレクトリ内には入力ファイルは存在しないので当然。

The screenshot shows the RStudio interface. The console window displays the following R code and its output:

```
> in_f1 <- "annotation.txt" #
> in_f2 <- "genelist1.txt" #
> out_f <- "hogel.txt" #
> param <- 1 #
>
> #入力ファイルの読み込み
> data <- read.table(in_f1, header=TRUE, sep="\t", quote="")#
file(file, "rt") でエラー: コネクションを開くことができません
追加情報: 警告メッセージ:
file(file, "rt") で:
ファイル 'annotation.txt' を開くことができません: No such file or directory
> keywords <- readLines(in_f2) #
file(con, "r") でエラー: コネクションを開くことができません
追加情報: 警告メッセージ:
file(con, "r") で:
ファイル 'genelist1.txt' を開くことができません: No such file or directory
> dim(data) #
[1] 11 4
>
```

Red arrows point to the file paths in the code: ② points to "annotation.txt" and ③ points to "genelist1.txt".

The Environment pane on the right shows the following R code:

```
out <- data[obj,] #
dim(out) #
#ファイルに保存
write.table(out, out_f, s...
```

The Files pane on the right shows the file explorer view, with a red arrow ① pointing to the Home directory. The file explorer shows a list of folders: 2017, 2018, 2019, 2020, html, Officeのカスタムテンプレート, Outlookファイル, paper, and public_html.

ありがちなミス2

①作業ディレクトリの変更はできているが、②in_f2で指定した最初のファイルが③存在しないので、④その読み込み段階でエラーが出る。

The screenshot shows the RStudio interface. The console window displays the following R code and its output:

```
> in_f1 <- "annotation.txt" #
> in_f2 <- "genelist1.txt" #
> out_f <- "hoge1.txt" #
> param <- 1 #
>
> #入力ファイルの読み込み
> data <- read.table(in_f1, header=TRUE, sep="\t", quote="")#
> keywords <- readLines(in_f2) #
file(con, "r") でエラー: コネクションを開くことができません
追加情報: 警告メッセージ:
file(con, "r") で:
  ファイル 'genelist1.txt' を開くことができません: No such file or direc
tory
> dim(data) #
[1] 11 4
>
> #本番
> obj <- is.element(as.character(data[,param]), keywords)#
> out <- data[obj,] #
> dim(out) #
[1] 3 4
```

The file explorer on the right shows the current directory path: C:\Users\kadota\Desktop\hoge. The files listed are .. and annotation.txt. Red arrows with numbers 1, 2, 3, and 4 point to specific elements: 1 points to the file explorer, 2 points to the in_f2 assignment, 3 points to the annotation.txt file, and 4 points to the readLines function call.

ありがちなミス3

①出力予定ファイルが既に作業ディレクトリ内に存在し、それを②Excelなど別のプログラムで開いているWinユーザは、③最後のwrite.table関数のところでエラーが出る。

RStudio Console:

```
> #入力ファイルの読み込み
> data <- read.table(in_f
> keywords <- readLines(i
> dim(data)
[1] 11 4
>
> #本番
> obj <- is.element(as.ch
> out <- data[obj,]
> dim(out)
[1] 3 4
>
> #ファイルに保存
> write.table(out, out_f, sep="\t", append=F, quote=F, row.names=F)#
file(file, ifelse(append, "a", "w")) でエラー:
コネクションを開くことができません
追加情報: 警告メッセージ:
file(file, ifelse(append, "a", "w")) で:
ファイル 'hoge1.txt' を開くことができません: Permission denied
>
```

	A	B	C	D	E
1	gene1	hoge01	plasma_m	nuclear	
2	gene2	hoge02	hohinu	membrane	
3	gene5	hoge05	kamo	membrane	
4	gene7	hoge07	tebasaki	nuclear	
5	gene8	hoge08	biiru	nuclear	
6	gene9	hoge09	nihonshu	nuclear	
7	gene10	hoge10	agen1	membrane	
8					
9					

Environment Panel:

```
out <- data[obj,] #
dim(out) #
#ファイルに保存
write.table(out, out_f, s...
```

Files Panel:

- ..
- annotation.txt
- genelist1.txt
- hoge1.txt