

受講生全員、どこかが該当します。や  
っていいことといけないことを書いてい  
ますので、一通り眺めておいてください

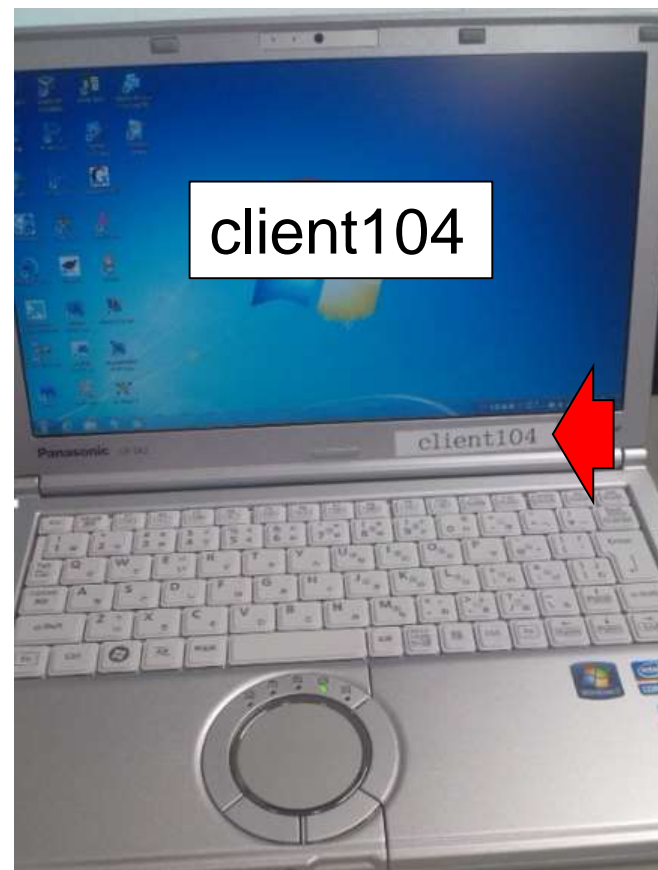
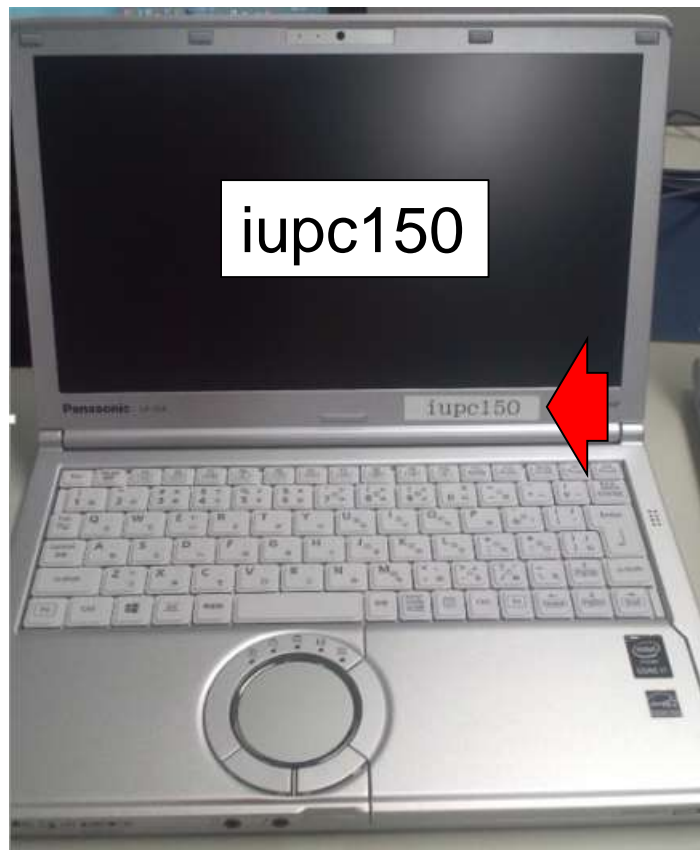
# Contents

1. 貸与PCのログインパスワード
2. 貸与PCのデスクトップ上のアイコンとフォルダ
3. 貸与PCのVirtualBox(初期状態と共有フォルダ設定確認)
4. 貸与PC利用上の注意
5. 持込PCの無線LAN設定
6. その他PC関係の注意
7. 7/19の自習関連
  - 7-1. 第1部出席予定者は...
  - 7-2. BSgenomeパッケージインストール失敗時の対処
  - 7-3. キーボード入力が思い通りにいかないときの対処
8. 第2部用と第3部用は別物です
9. 同時起動は非推奨



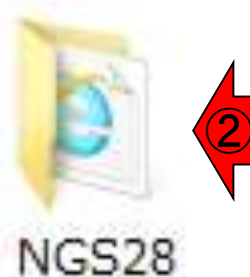
# 1. 貸与PCのログインパスワード

PCごとに異なります。赤矢印部分のclientXXやiupcXXです。スペルミスに注意

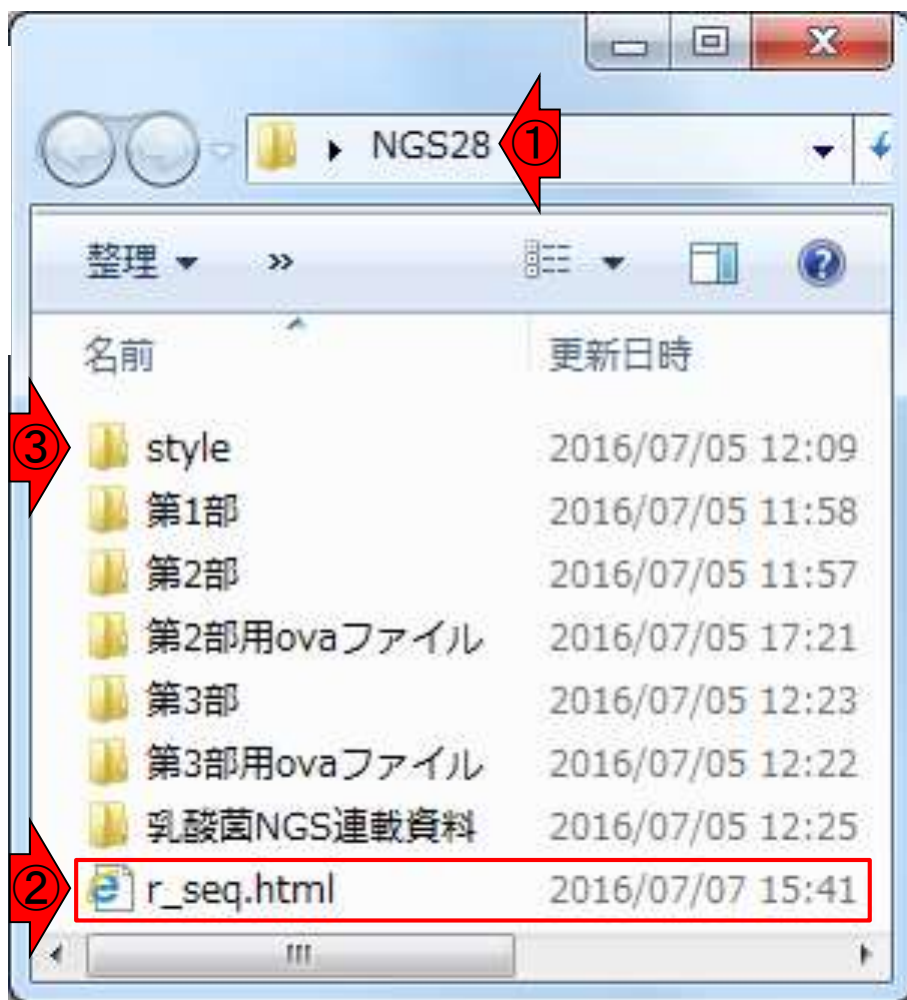


## 2.貸与PCのデスクトップ上のアイコンとフォルダ

講習会では、デスクトップ上にあるこれらの4つを用います。  
①R ver. 3.3.1だったとしても、おそらく問題ないです。②NGS28フォルダについては次のスライドで説明します



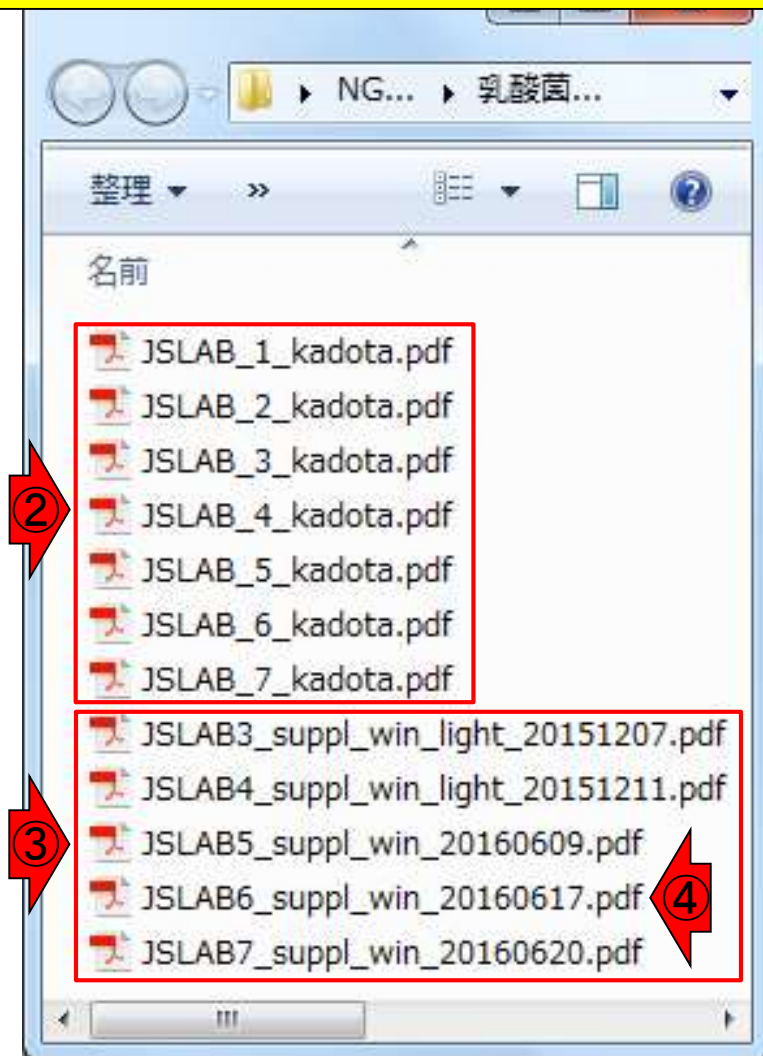
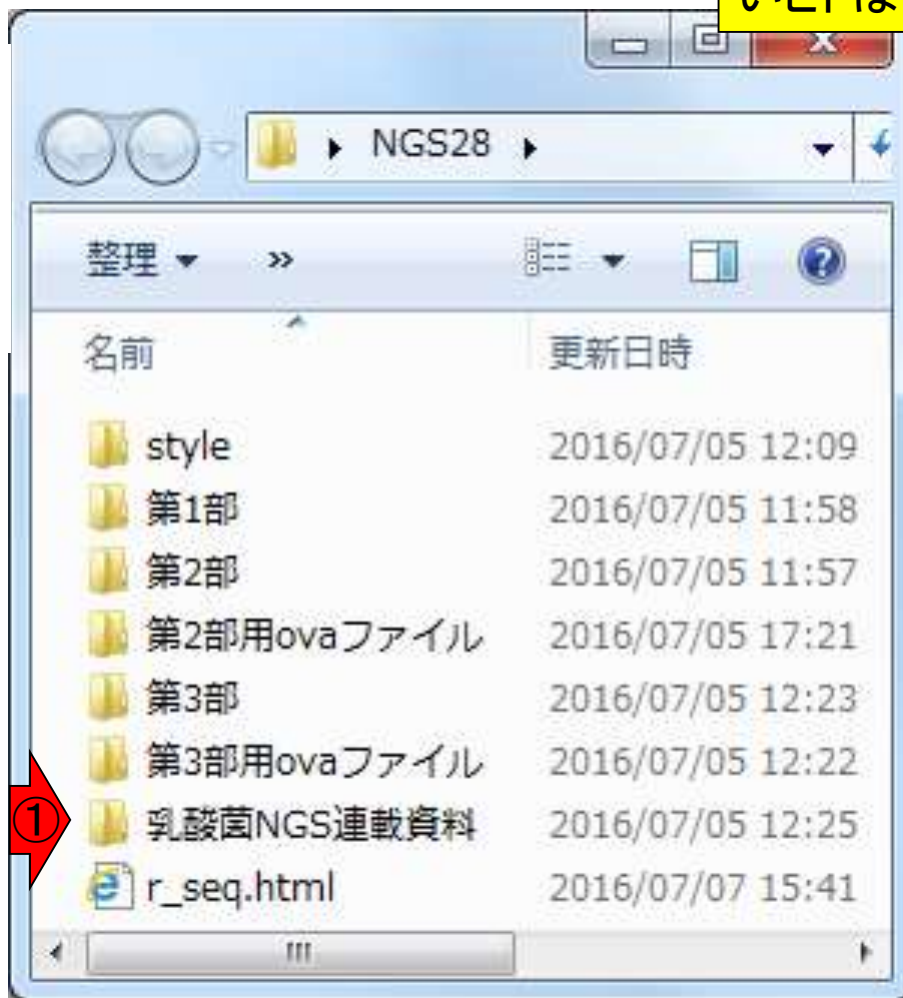
## 2.貸与PCのデスクトップ上 アイコンとフォルダ



①NGS28フォルダの中身はこんな感じ  
です。②r\_seq.htmlは「(Rで)塩基配列  
解析」のhtmlファイルです。7/7時点の  
ものですので、情報が若干古いです。  
講習会会場の無線LAN環境が不調の  
時は、これをダブルクリックしてローカ  
ルにウェブページを起動することで対  
処してください。第1部と第3部につい  
てはこれでどうにかかります。③style  
フォルダは、このhtmlの設定情報です

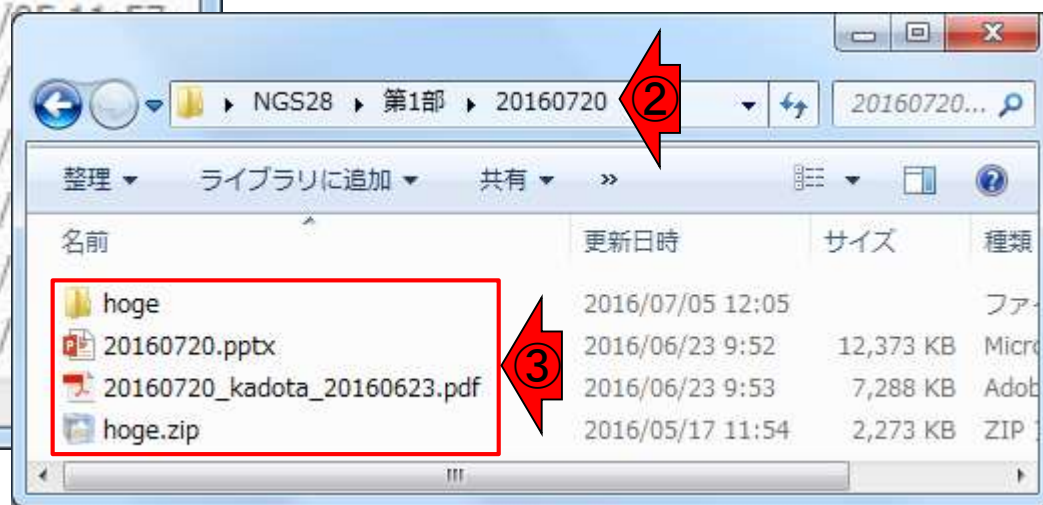
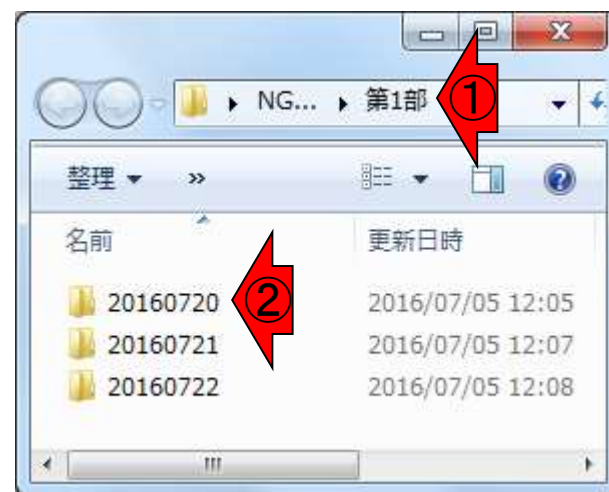
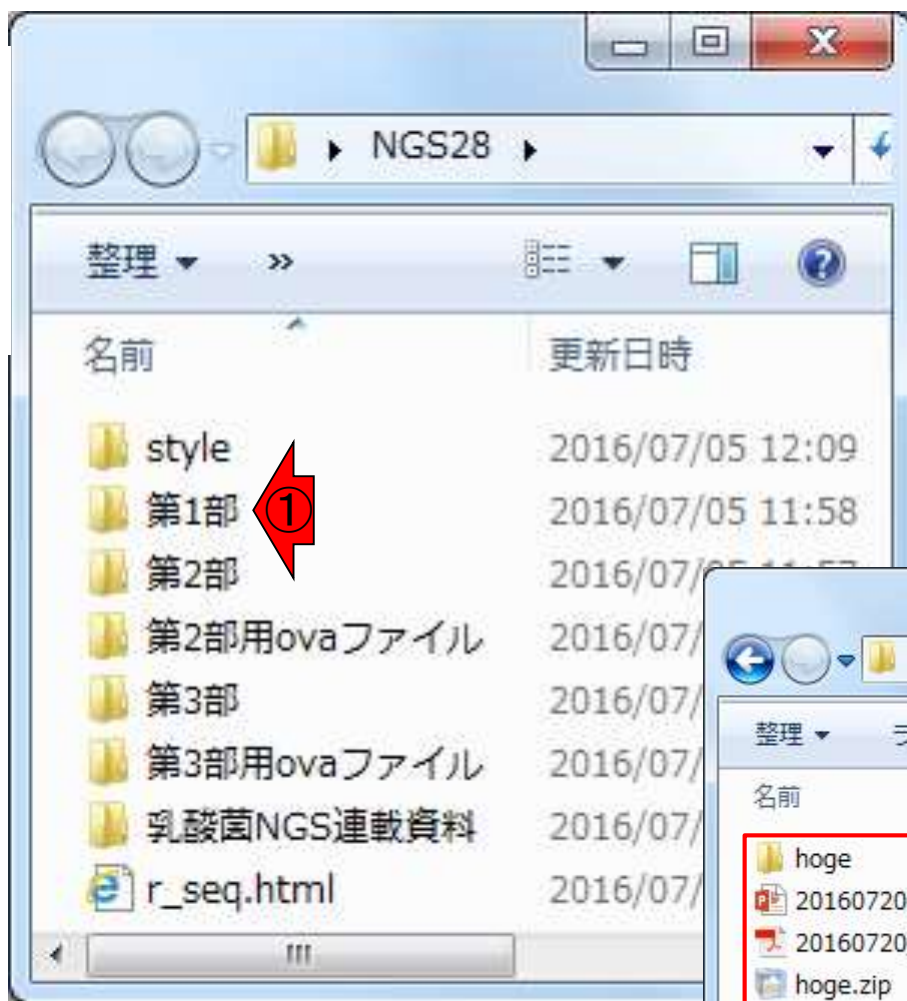
## 2.貸与PCのデスクトップアイコンとフォルダ

①乳酸菌NGS連載資料の中身はこんな感じです。大きく②第1-7回の原稿PDFと、③第3-7回のウェブ資料PDFに分けられます。具体的な利用法として、2016年08月03日の必須予習事項として挙げられている④第6回ウェブ資料PDFの一部をまだ見していないヒトは当日までにしっかり予習しておきましょう



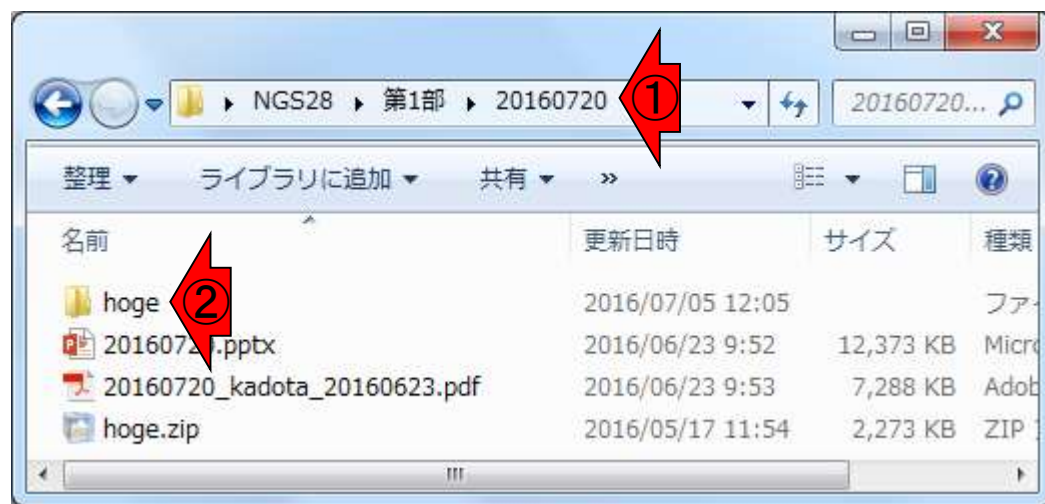
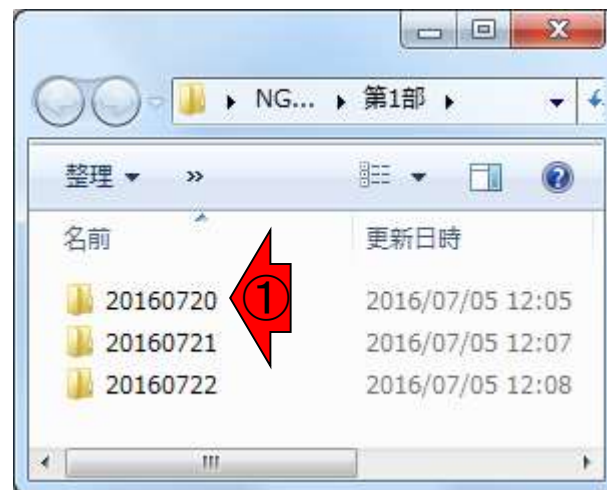
## 2.貸与PCのデスクトップ アイコンとフォルダ

①「第1部」フォルダの中身は、さらに7/20-22分の項目ごとのフォルダに分けられています。例えば②7/20のフォルダは「20160720」であり、その中には講義資料や実習用データを含むhogeフォルダがあります



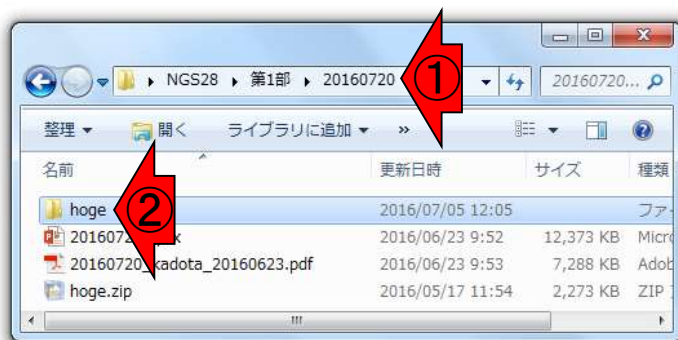
## 2.貸与PCのデスクトップ上 アイコンとフォルダ

例えば①7/20参加者は、②このhogeフォルダをデスクトップにコピーし、講義資料の1ページ目と同じ中身が見えていることを確認しておいてください



## 2.貸与PCのデスクトップ上

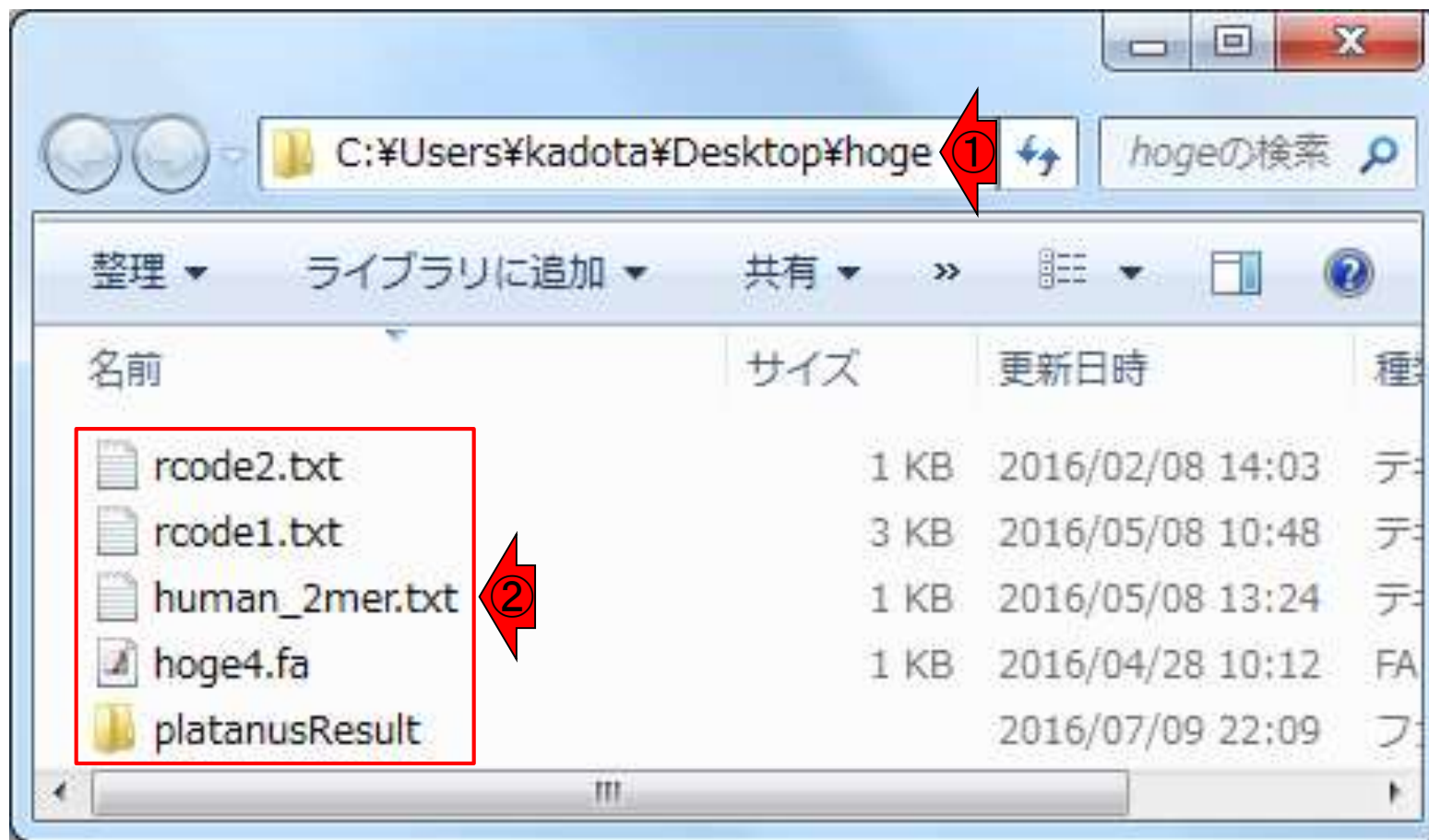
つまり①「NGS28 - 第1部 - 20160720」内に、②hogeフォルダが残っていて、デスクトップ上に③hogeフォルダがあるようにしておいてください、ということです。そして、





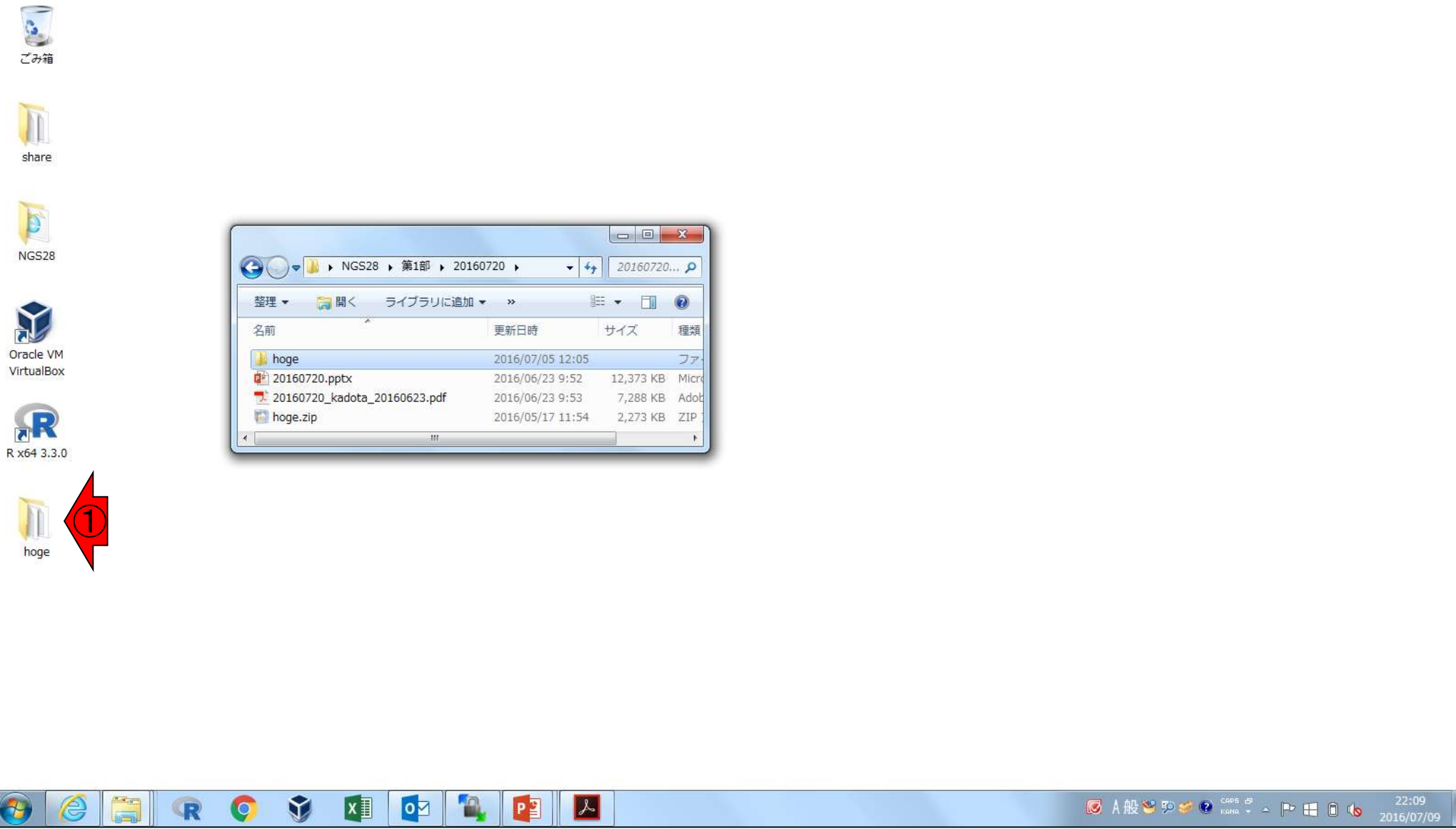
## 2.貸与PCのデスクトップ上の

①デスクトップ上にあるhogeフォルダの中身が、7/20の場合は②赤枠のようになっていることを確認しておいてください、ということです



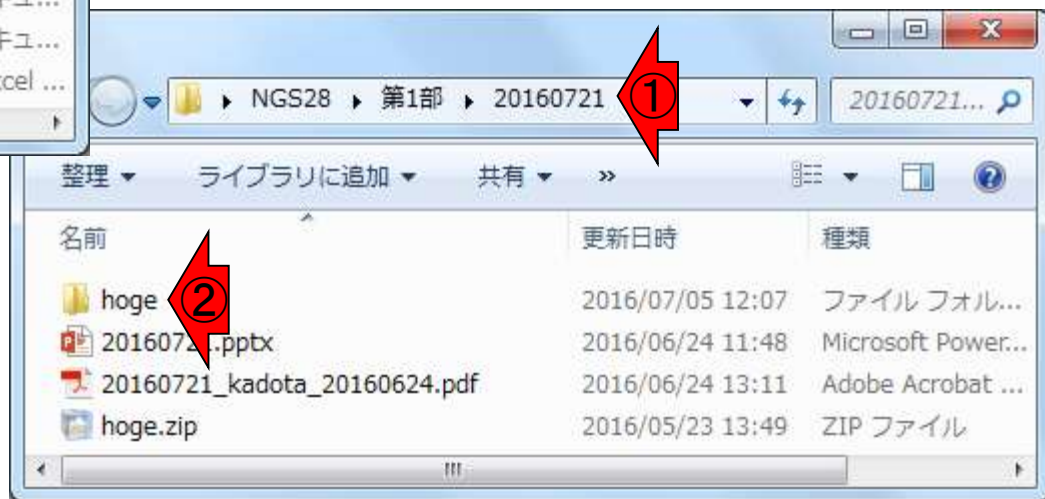
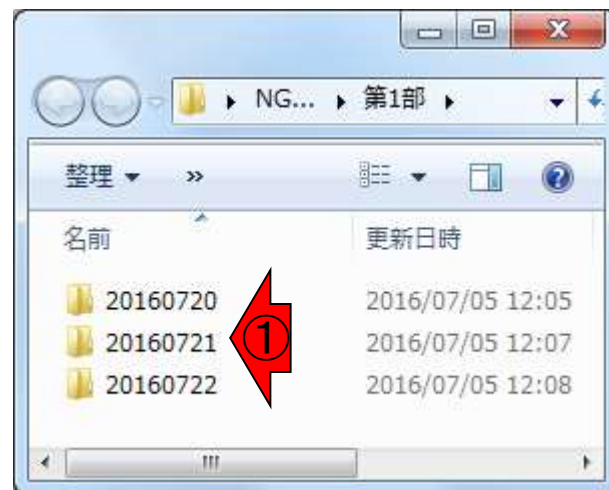
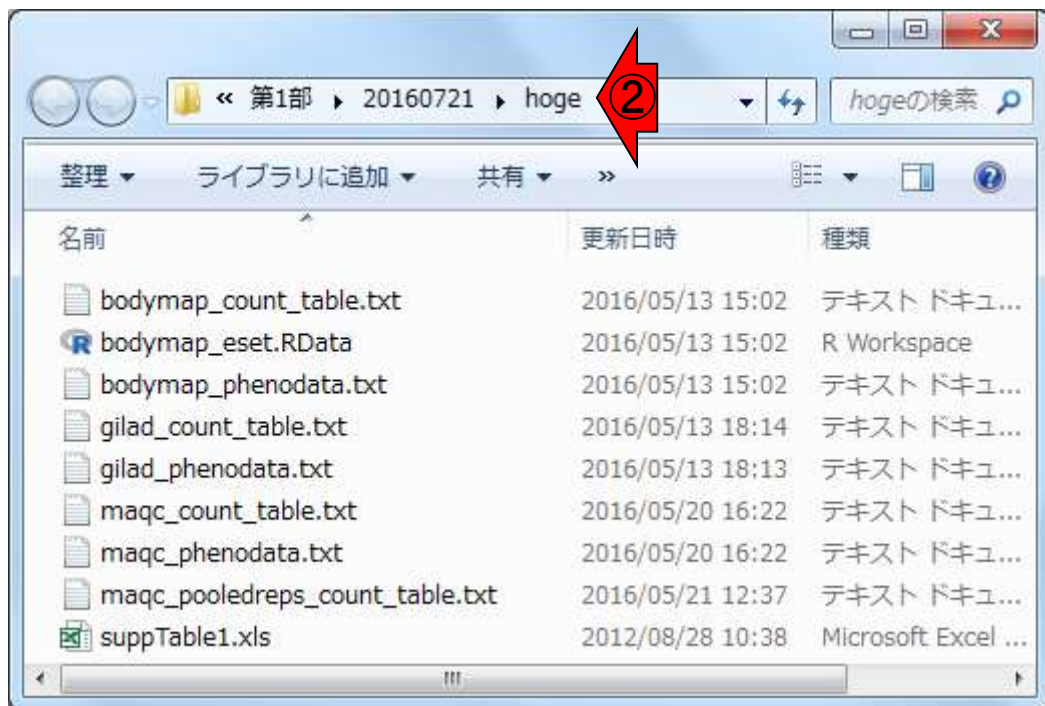
7/20の講義後は、①のhogeフォルダはごみ箱に入れといてください

# 2.貸与PCのデスクトップ上の

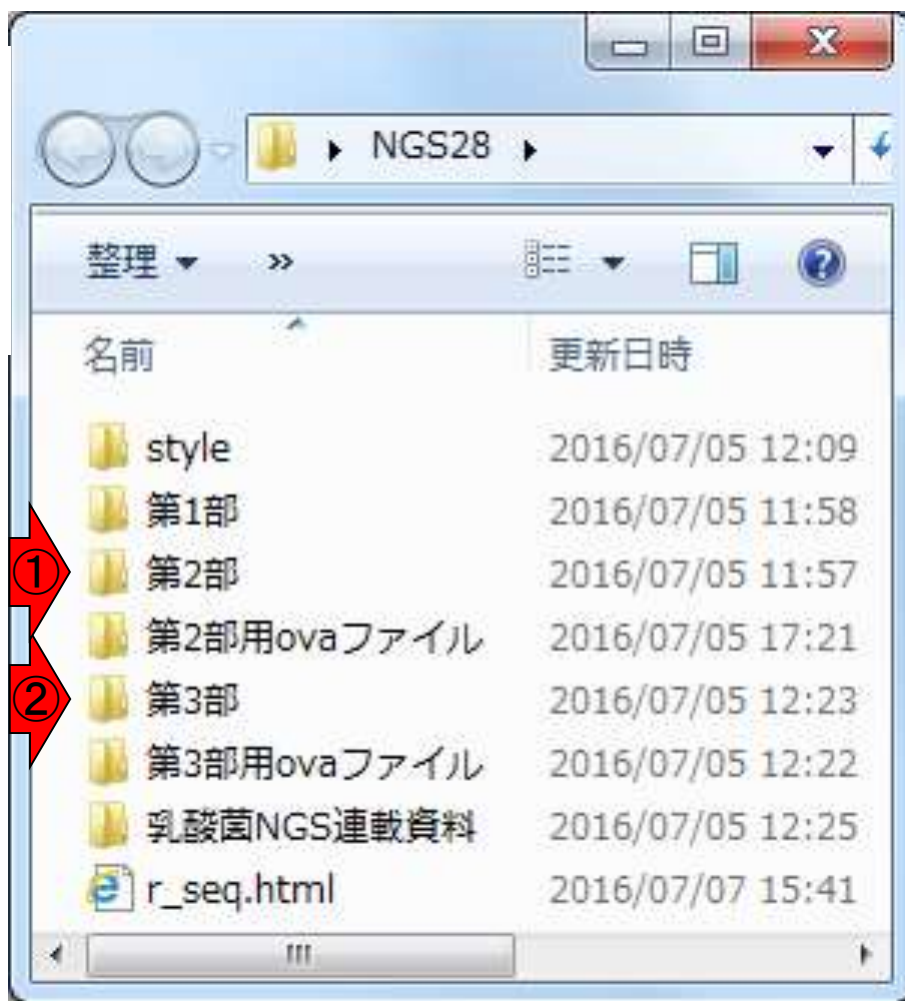


## 2.貸与PCのデスクトップ アイコンとフォルダ

理由は、①7/21用の②hogeフォルダの中身は、7/20用とは異なるからです。このあたりは、講義前に自分できっちり確認しておいてください。もし昨日のhogeフォルダが残っていたら消してやってください



## 2.貸与PCのデスクトップ アイコンとフォルダ

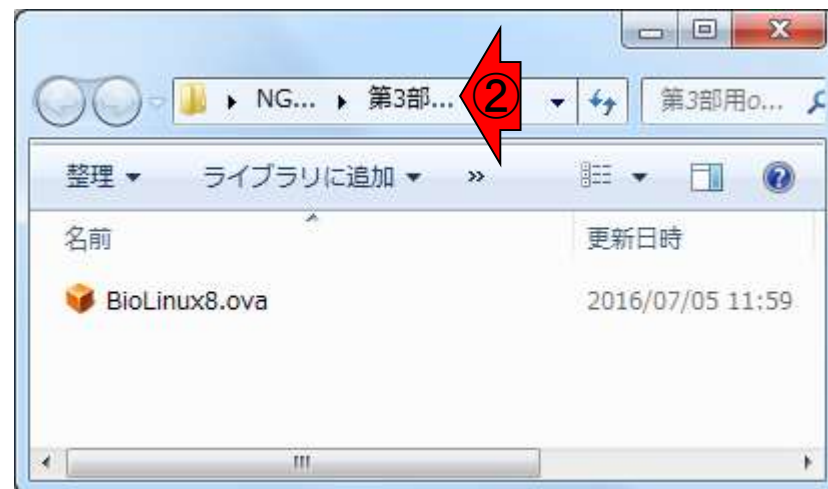
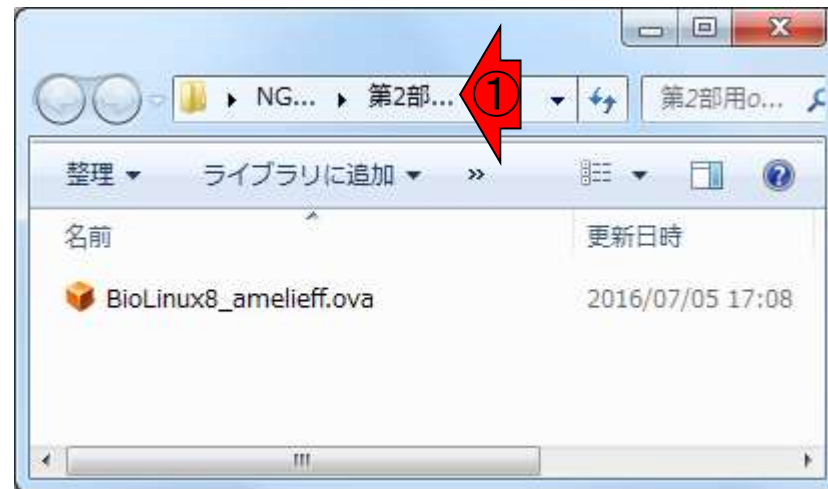
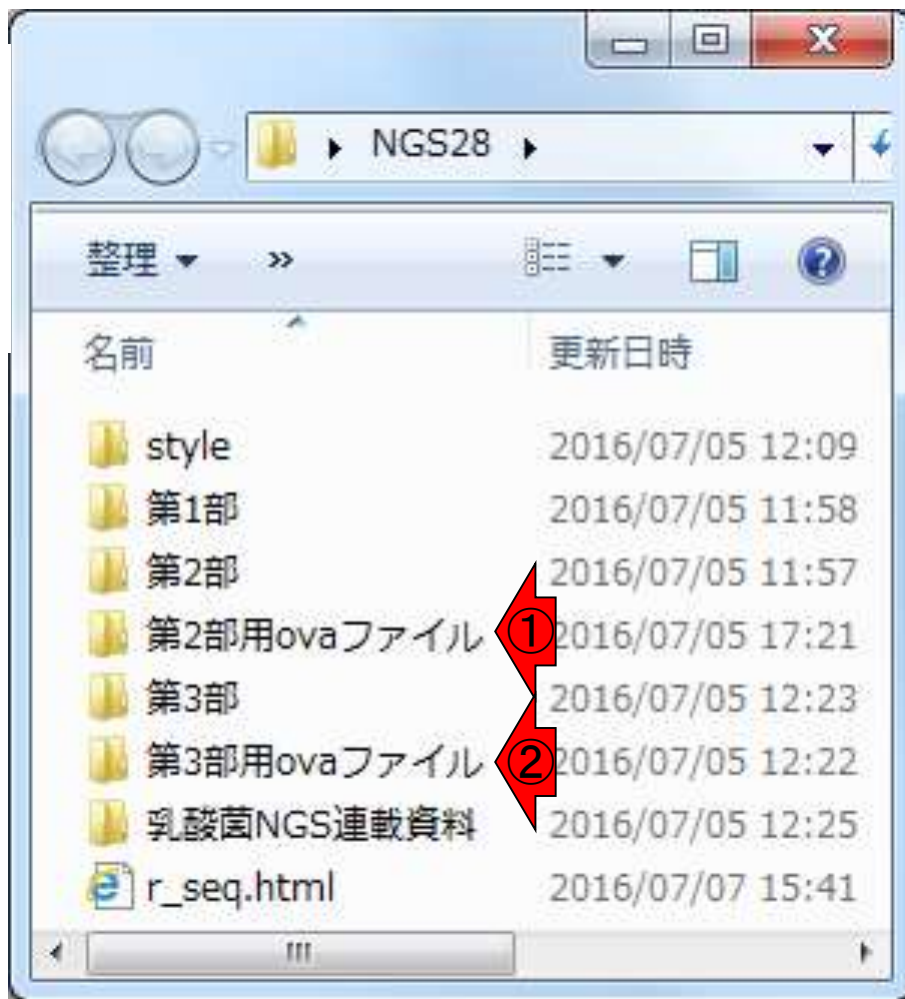


①第2部のフォルダの中身は空です(ゆとりができればスタッフが第2部用の講義資料PDFを手作業でダウンロードしておきますが期待しないでください)。7/8に門田が思いつきで作成しただけなので、このようになっているだけです。②第3部は一応中身が入ってはいますが、多少当日までに修正すると思いますがそれらを全部入れ替えるゆとりはおそらくありません。それゆえ、あくまでもネットワーク環境に不具合などが生じたときなどの予備的なものという位置づけです。ないよりはあったほうがいいと思ったヒト用です。この方針に異論のあるヒトは見ないでくださいw。第2部と第3部用はあくまでもおまけで、受講人数が非常に多い第1部をいかに効率的に行うかに重点を置いています。周りのヒトでhogeフォルダの中身で困っているヒトがいたら助けてあげてください



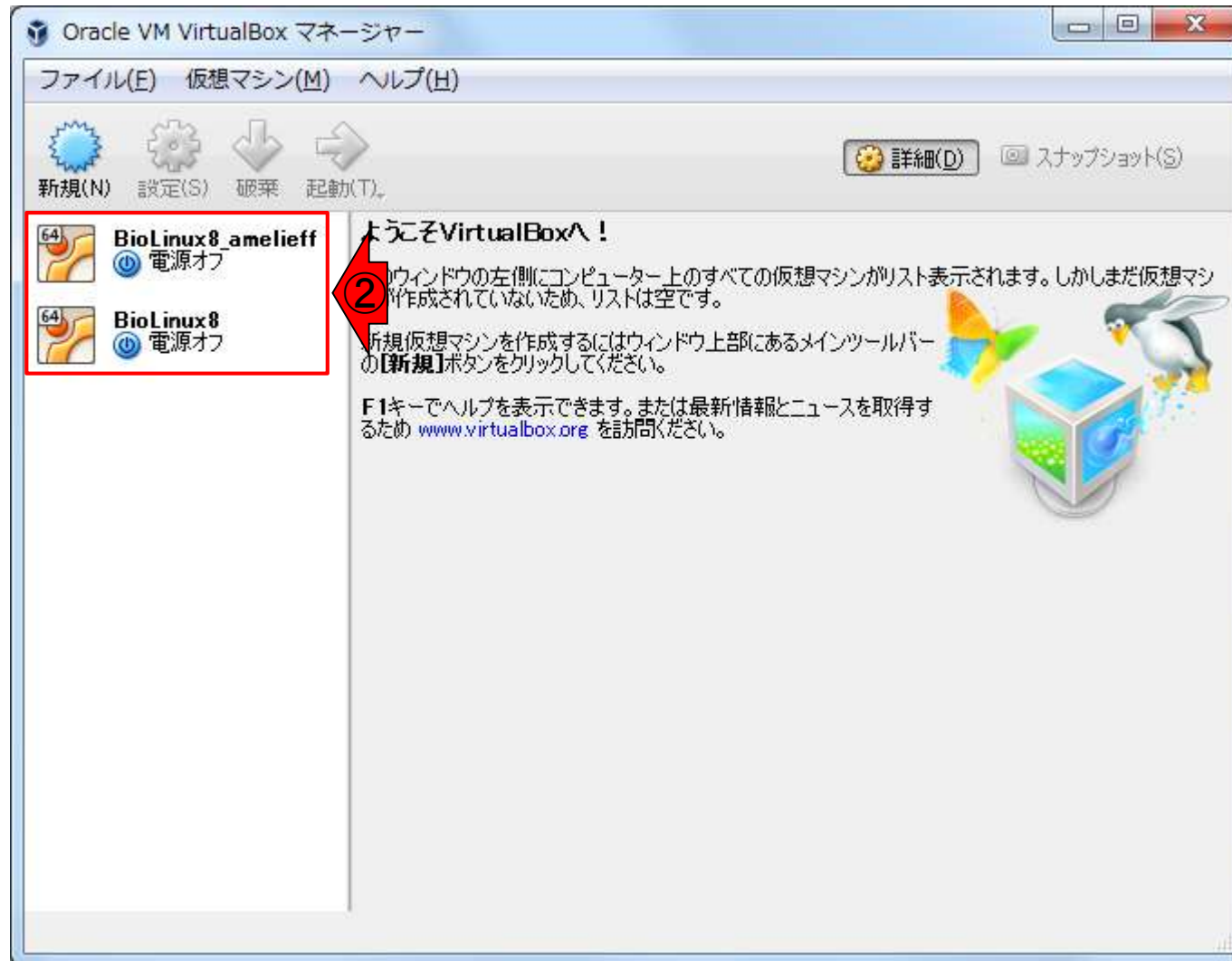
## 2. 貸与PCのデスクトップアイコンとフォルダ

①第2部用ovaファイル、および②第3部用ovaファイル、という名前のフォルダの中身です。貸与PCは、このフォルダ中にあるovaファイルをVirtualBox上でインポートしています



①VirtualBox起動後の初期状態は、②こんな感じです

# 3. 貸与PCのVirtualBox



①第2部用と、②第3部用です。  
このように複数のovaを独立に  
インポートすることができます

# 3. 貸与PCのVirtualBox



Oracle VM VirtualBox マネージャー

ファイル(F) 仮想マシン(M) ヘルプ(H)

新規(N) 設定(S) 破棄 起動(O) 詳細(D) スナップショット(S)

64 BioLinux8\_amelieff 電源オフ

64 BioLinux8 電源オフ

ようこそVirtualBoxへ！

このウィンドウの左側にコンピューター上のすべての仮想マシンがリスト表示されます。しかしまだ仮想マシンが作成されていないため、リストは空です。

新規仮想マシンを作成するにはウィンドウ上部にあるメインツールバーの[新規]ボタンをクリックしてください。

F1キーでヘルプを表示できます。または最新情報とニュースを取得するため [www.virtualbox.org](http://www.virtualbox.org) を訪問ください。

# 3. 貸与PCのVirtualBox

①第2部用のovaファイルインポート直後は、②共有フォルダ設定が、③のようになっていますが…



The screenshot shows the Oracle VM VirtualBox Manager interface. The main window displays a list of virtual machines, with 'BioLinux8\_amelieff' selected. A red arrow labeled '①' points to the 'BioLinux8\_amelieff' entry. Below it, the '設定' (Settings) window is open, showing the '共有フォルダー' (Shared Folders) tab. The left sidebar of the settings window has a red arrow labeled '②' pointing to the '共有フォルダー' category. The main area of the settings window shows a table of shared folders. A red arrow labeled '③' points to the path 'C:%Users%株式会社%Desktop%share' in the 'パス' (Path) column.

名前	パス	自動マウント	アクセス権
共有フォルダー			
share	<u>C:%Users%株式会社%Desktop%share</u>		完全



# 3. 貸与PCのVirtualBox

貸与PCは③の株式会社の部分がiu  
になっているはずですが、もしなってい  
なかったら、このあたりをダブルクリ  
ックして、④デスクトップ上のshareフ  
ォルダへのパスに変更してください



Oracle VM VirtualBox マネージャー

ファイル(E) 仮想マシン(M) ヘルプ(H)

新規(N) 設定(S) 破棄 起動

詳細(D) スナップショット(S)

64 BioLinux8\_amelieff 電源オフ

このウィンドウの左側にコンピュータ上のすべての仮想マシンがリスト表示されます。しかしまだ仮想マシ

64 BioLinux8\_amelieff - 設定

共有フォルダー

フォルダーリスト(E)

名前	パス	自動マウント	アクセス権
共有フォルダー			
share	C:%Users%株式会社%Desktop%share		完全

一般 システム ディスプレイ ストレージ オーディオ ネットワーク シリアルポート USB 共有フォルダー ユーザーインターフェイス

OK キャンセル ヘルプ(H)

# 3. 貸与PCのVirtualBox

①のあたりをダブルクリックして、  
②設定の編集で「その他」を選び、



The screenshot shows the Oracle VM VirtualBox Manager interface. The main window displays the settings for a virtual machine named 'BioLinux8\_amelieff'. The '共有フォルダー' (Shared Folders) section is selected in the left-hand menu. The main area shows a list of shared folders with columns for '名前' (Name) and 'パス' (Path). A red arrow labeled '1' points to the '共有フォルダー' section. A dialog box titled '設定の編集' (Edit Settings) is open, showing the 'フォルダーのパス' (Folder Path) as 'C:\Users%\Desktop\share' and the 'フォルダー名' (Folder Name) as 'その他...' (Other...). A red arrow labeled '2' points to the 'その他...' option. The dialog box also has checkboxes for '読み込み専用(R)' (Read-only) and '自動マウント(A)' (Auto-mount), and buttons for 'OK' and 'キャンセル' (Cancel).

①のshareを選択して、②OK。③貸与PCはここがiuになっています

# 3. 貸与PCのVirtualBox



Oracle VM VirtualBox マネージャー

ファイル(E) 仮想マシン(M) ヘルプ(H)

新規(N) 設定(S) 破棄 起動(T)

64 BioLinux8\_amelieff 電源オフ

64 BioLinux8 電源オフ

ようこそVirtualBoxへ！

このウィンドウの左側にコンピューター上のすべての仮想マシンが作成されていないため、リストは空です。

新規仮想マシンを作成するにはウィンドウ上部にあるの[新規]ボタンをクリックしてください。

F1キーでヘルプを表示できます。または最新情報とるため [www.virtualbox.org](http://www.virtualbox.org) を訪問ください。

フォルダーの参照

Select a directory

- デスクトップ
- ライブラリ
- ホームグループ
- kadota
- コンピュータ
- Windows (C:)
  - bcd07134bb9a65412dea63f3a8
  - Intel
  - PerfLogs
  - Program Files
  - Program Files (x86)
  - util
  - Windows
  - ユーザー
- SD Card (D:)
- ネットワーク
- NGS28
  - share

新しいフォルダーの作成(N) OK キャンセル

①貸与PCはkadotaではなくiuになっています。②OK

# 3. 貸与PCのVirtualBox



Oracle VM  
VirtualBox

Oracle VM VirtualBox マネージャー

ファイル(E) 仮想マシン(M) ヘルプ(H)

新規(N) 設定(S) 破棄 起動(T) 詳細(D) スナップショット(S)

64 BioLinux8\_amelieff よこそVirtualBoxへ!  
電源オフ このウィンドウの左側にコンピューター上のすべての仮想マシンがリスト表示されます。しかしまだ仮想マシ

64 BioLinux8\_amelieff - 設定

共有フォルダー

フォルダーリスト(E)

名前	パス	自動マウント	アクセス権
共有フォルダー			
share	C:\Users\kadota\Desktop\share		完全

設定の編集

フォルダーのパス: C:\Users\kadota\Desktop\share

フォルダー名: share

読み込み専用(R)

自動マウント(A)

ゲストC

OK キャンセル

OK キャンセル ヘルプ(H)

①貸与PCはkadotaではなくiuになっています。②OK

# 3. 貸与PCのVirtualBox



The screenshot shows the Oracle VM VirtualBox Manager interface. The main window displays the 'BioLinux8\_amelieff' VM settings. The '共有フォルダー' (Shared Folders) section is active, showing a list of shared folders. The path 'C:\Users\kadota\Desktop\share' is highlighted with a red arrow labeled '1'. The 'OK' button at the bottom right is highlighted with a red arrow labeled '2'.

名前	パス	自動マウント	アクセス権
共有フォルダー			
share	C:\Users\kadota\Desktop\share		完全

①第3部用(や持込PC)についても同様な手順で共有フォルダ設定確認を行ってください

# 3. 貸与PCのVirtualBox



Oracle VM VirtualBox マネージャー

ファイル(E) 仮想マシン(M) ヘルプ(H)

新規(N) 設定(S) 破棄 起動(T)

詳細(D) スナップショット(S)

ようこそVirtualBoxへ！

このウィンドウの左側にコンピューター上のすべての仮想マシンがリスト表示されます。しかしまだ仮想マシンが作成されていないため、リストは空です。

新規仮想マシンを作成するにはウィンドウ上部にあるメインツールバーの**[新規]**ボタンをクリックしてください。

F1キーでヘルプを表示できます。または最新情報とニュースを取得するため [www.virtualbox.org](http://www.virtualbox.org) を訪問ください。

特に①の注意事項に違反した  
ヒトは、退場していただきます!

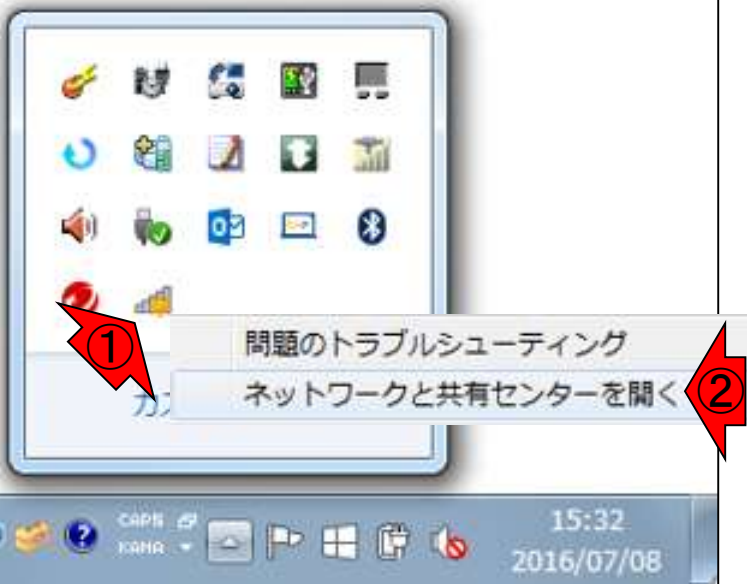
## 4. 貸与PC利用上の注意

- PC借用者は、貸与PC番号を名札にご記入下さい。
- 翌日以降、名札に記入された番号の貸与PCをお受取下さい。
- 状況次第で、同じPCを多くの人と共有して使うことになるかもしれません。自分の情報が漏洩しないよう、十分に注意してください。
  - 具体的には、インターネットエクスプローラーのメニューから、「セーフティー」→「閲覧の履歴の削除」を開き、すべての項目にチェックを入れて「削除」
- 講師が特に指示しない限りソフトウェアのインストールや設定変更はしないでください。
- Windows10へのアップグレード禁止！
- 蓋のない飲み物の持ち込みは禁止。
- 座席で昼食を摂られる際、貸与PCは必ず閉じた状態にして下さい。
  - 万が一、貸与PCに飲料等による故障が生じた場合には、別途、アグリバイオ事務局からご相談させていただきます。



# 5. 持込PCの無線LAN設定

PC画面右下の①「ネットワーク」のアイコンを右クリックして、②「ネットワークと共有センターを開く」





①「ワイヤレスネットワークの管理」をクリック

# 5. 持込PCの無線LAN設定

The screenshot shows the Windows Control Panel window titled "ネットワークと共有センター" (Network and Sharing Center). The address bar shows the path: "コントロールパネル > すべてのコントロールパネル項目 > ネットワークと共有センター".

**Left Sidebar (Control Panel Home):**

- コントロールパネル ホーム
- ワイヤレス ネットワークの管理** (highlighted with a red box and a red arrow with the number 1)
- アダプターの設定の変更
- 共有の詳細設定の変更

**Main Content Area:**

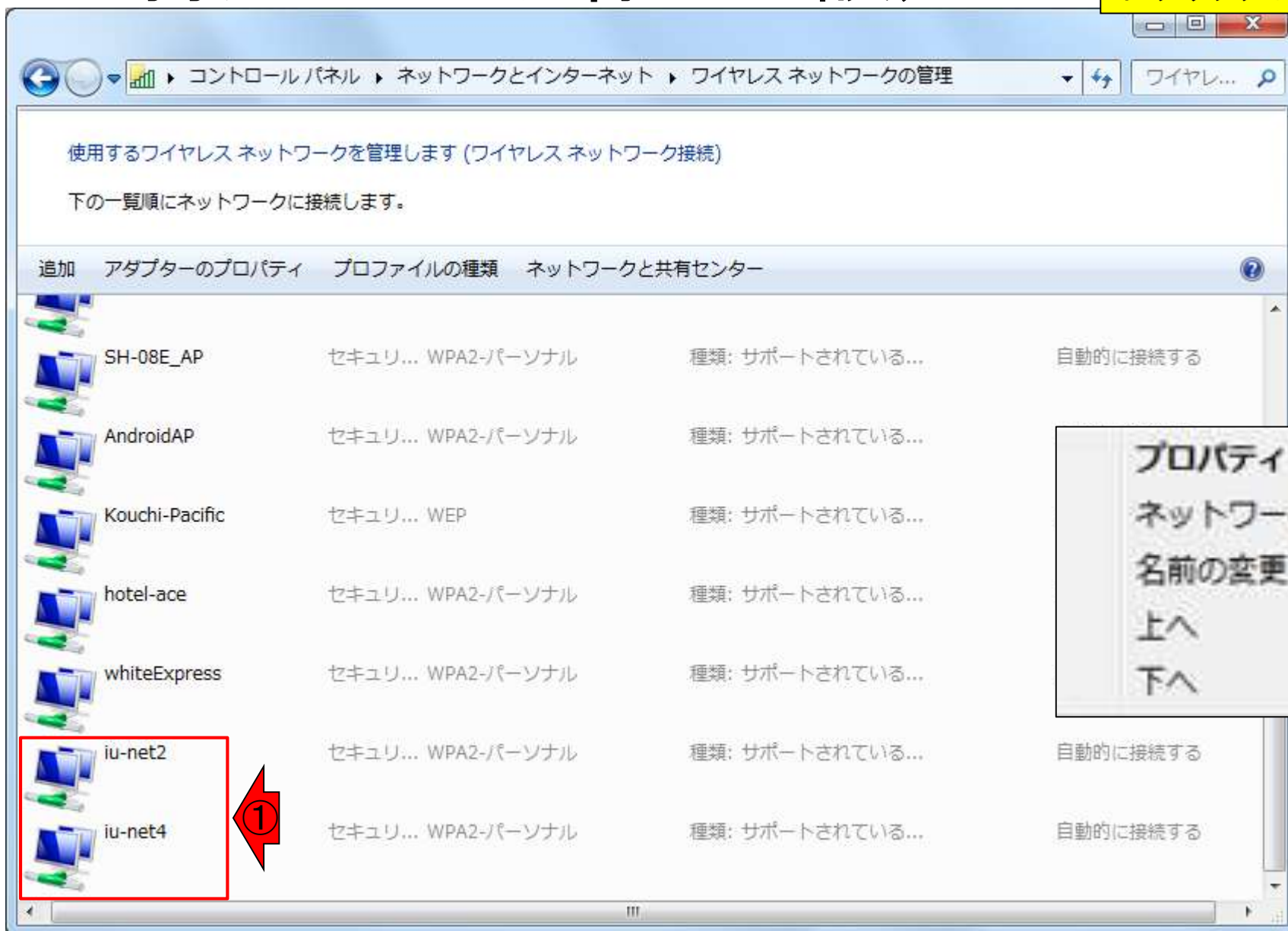
- 基本ネットワーク情報の表示と接続のセットアップ
- フル マップの表示
- Network diagram showing "KADOTA-PC (このコンピューター)" and "インターネット" connected by a line with a red 'X' over it, indicating a connection issue.
- アクティブなネットワークの表示: ネットワークに接続  
現在どのネットワークにも接続していません
- ネットワーク設定の変更
- 新しい接続またはネットワークのセットアップ  
ワイヤレス、ブロードバンド、ダイヤルアップ、アドホック、または VPN 接続をセットアップします。あるいは、ルーターまたはアクセス ポイントをセットアップします。
- ネットワークに接続  
ワイヤレス (無線)、ワイヤード (有線)、ダイヤルアップ、または VPN ネットワーク接続を確立または再確立します。
- ホームグループと共有に関するオプションを選択する  
他のネットワーク コンピューター上にあるファイルやプリンターを利用します。または、共有設定を変更します。
- 問題のトラブルシューティング  
ネットワークの問題を診断して修復します。または、トラブルシューティングに関する情報を入力します。

**Bottom Left (Related Items):**

- 関連項目
- Windows ファイアウォール
- インターネット オプション
- インテル(R) PROSet/Wireless
- ホームグループ

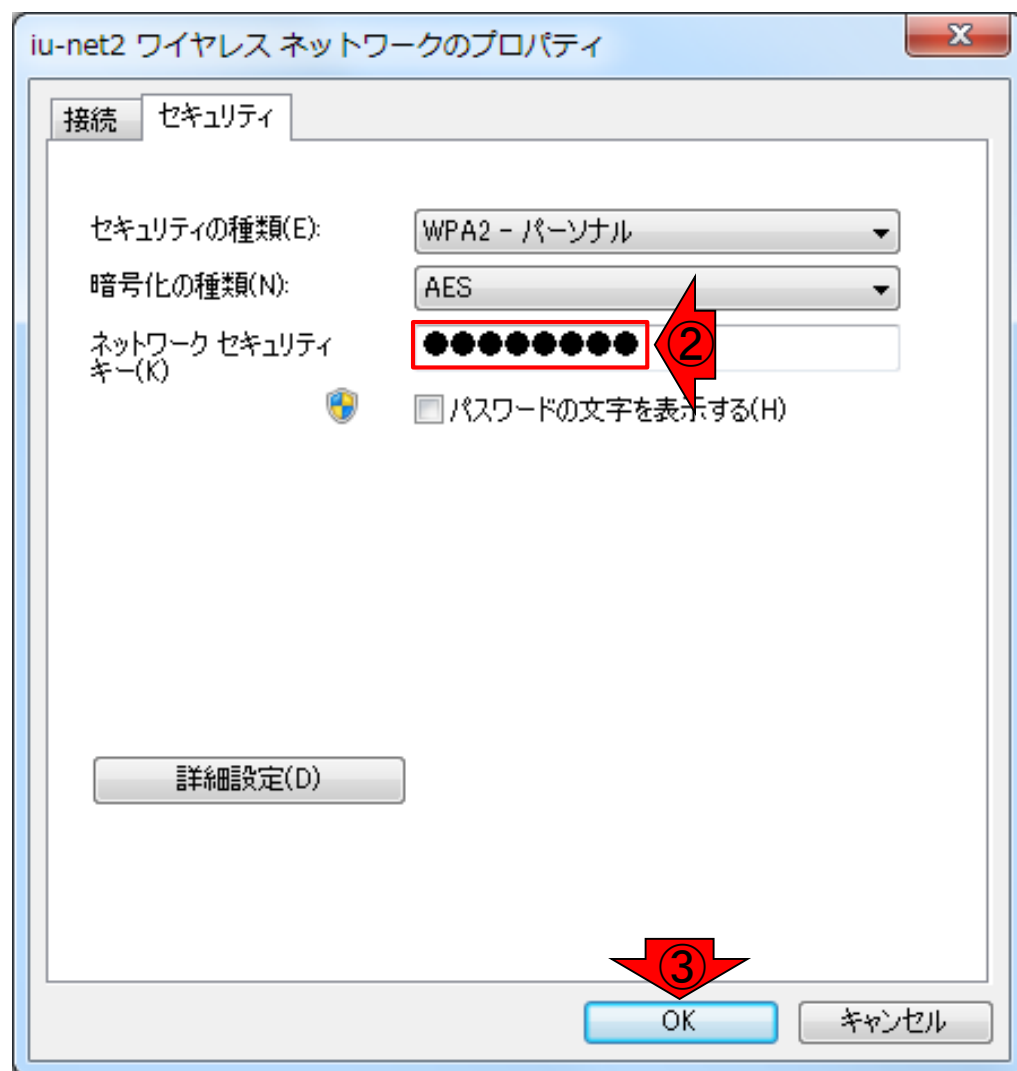
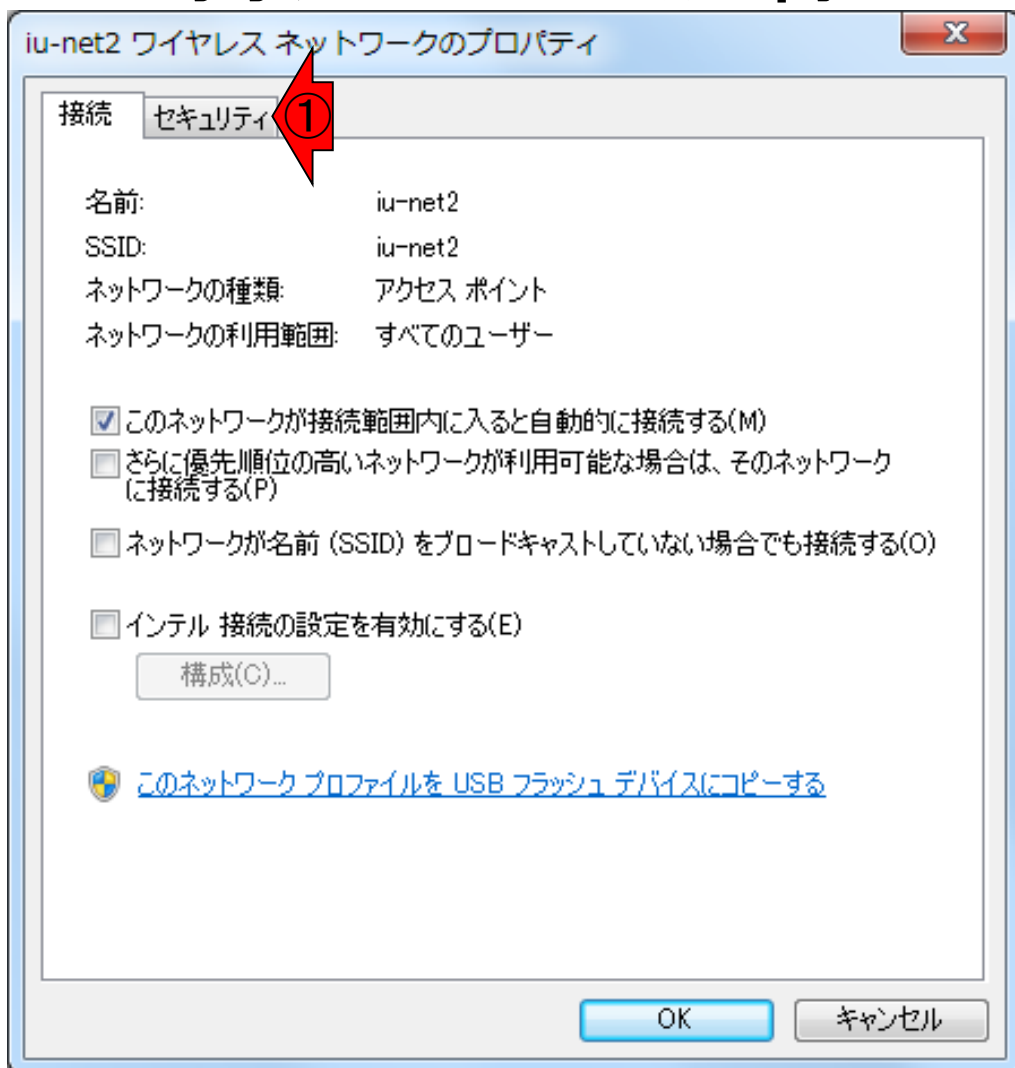
# 5. 持込PCの無線LAN設定

①iu-net2, iu-net3, iu-net4  
のいずれかのアイコン上で  
右クリックして、②プロパティ



# 5. 持込PCの無線LAN設定

①セキュリティ、②スタッフから教えてもらった「ネットワークセキュリティキー」を入力して、③OK。これで無線LANが使えるはずです



## 6. その他PC関係の注意

- 東大アグリバイオの無線LAN利用時は講習会に関係のないサイトへのアクセス禁止！
- PC、携帯、スマホの充電関係。机1つ分につき、ACタップを1つ配置する予定です。電源容量的な観点から、講習会時間の半分程度の時間を目安にランダムに充電してください。概ね4時間程度分は電源を指しておいて構いません。PC、携帯、スマホなど、全部込みです。つまり、PCのみの充電なら4時間程度使っています。つまり、携帯やスマホなども充電したい場合はその分を差し引いて使ってください。
- 「PC貸与希望」していなくても、不具合があればノートPCをお貸しますのでスタッフに申し出てください(講義室での利用のみ)

足を引っかけたり引っかけられたりすることがあります。充分注意！充電は講義中のみにして休み時間になったら抜いておくというのがいいかも…。主催・共催機関はこれ系のトラブルには関与しませんので、当事者同士で解決してください

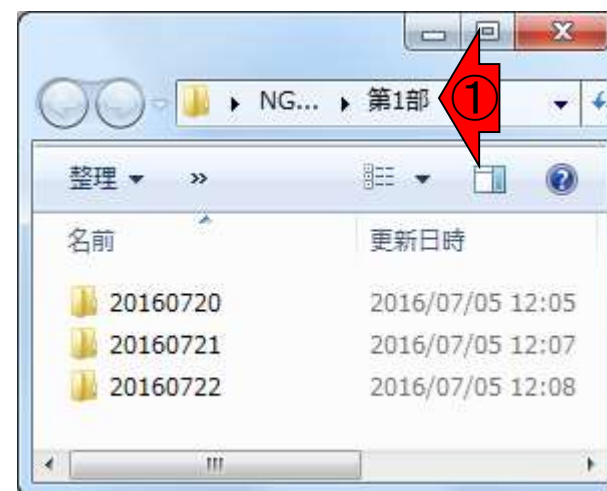
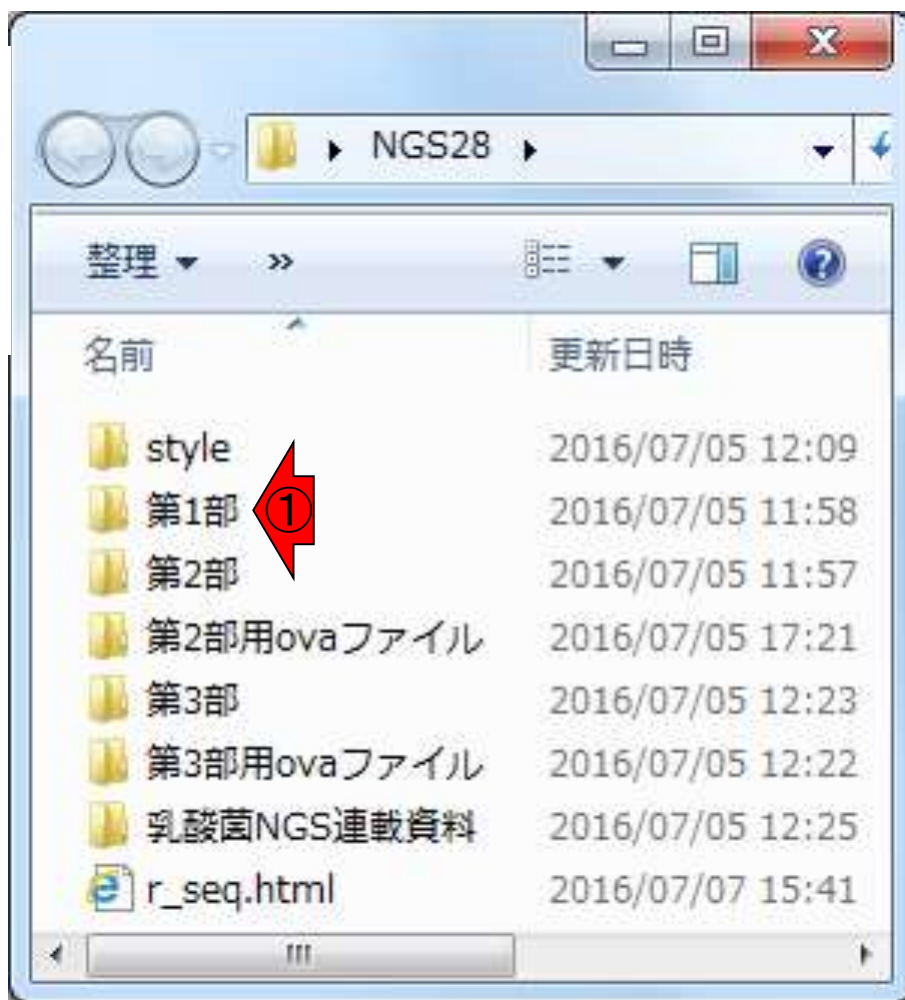


# Contents

1. 貸与PCのログインパスワード
2. 貸与PCのデスクトップ上のアイコンとフォルダ
3. 貸与PCのVirtualBox(初期状態と共有フォルダ設定確認)
4. 貸与PC利用上の注意
5. 持込PCの無線LAN設定
6. その他PC関係の注意
7. **7/19の自習関連**
  - 7-1. 第1部出席予定者は...
  - 7-2. BSgenomeパッケージインストール失敗時の対処
  - 7-3. キーボード入力が思い通りにいかないときの対処
8. 第2部用と第3部用は別物です
9. 同時起動は非推奨

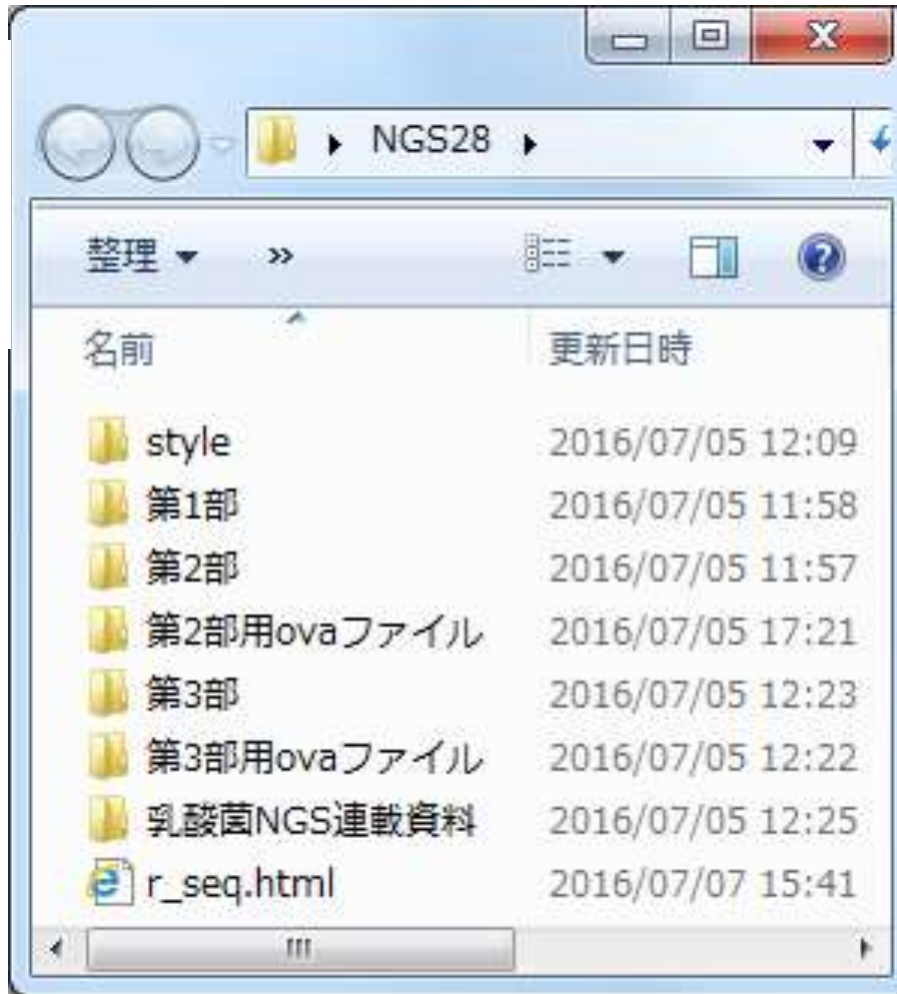
# 7. 7/19の自習関連

7/19に出席して、貸与PCを利用して自習する方への注意です。①第1部の自習をする場合は、項目2(貸与PCのデスクトップ上のアイコンとフォルダ)は絶対に消さないでください！



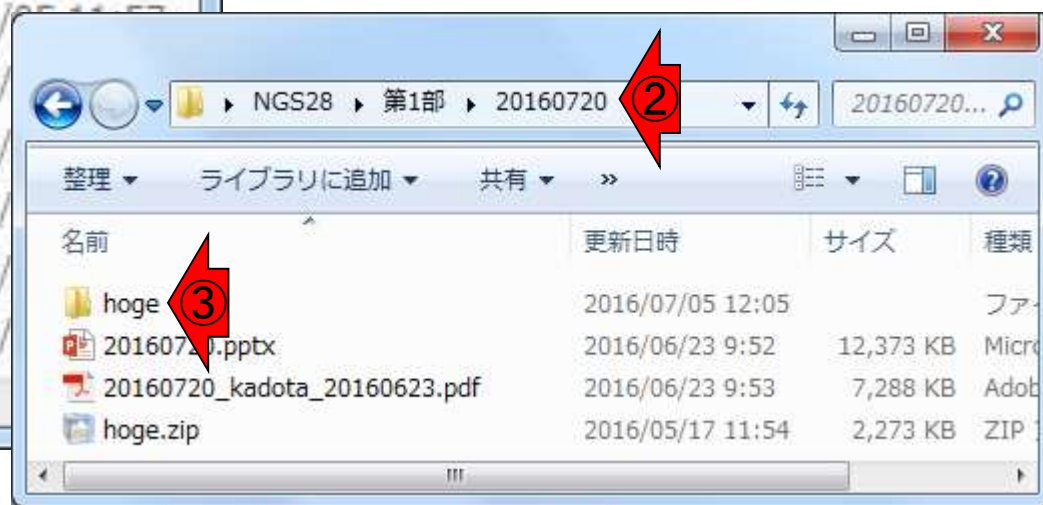
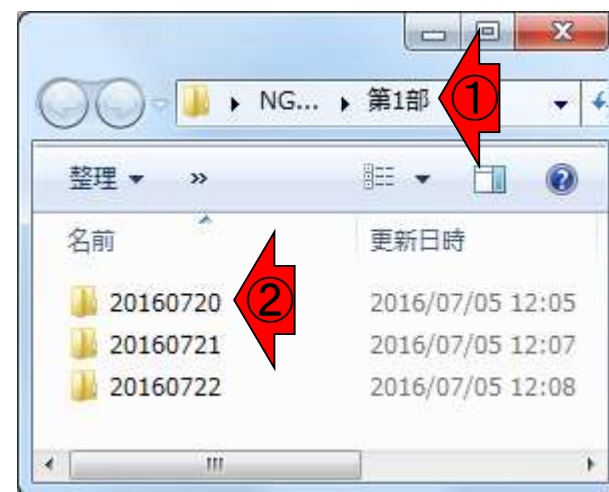
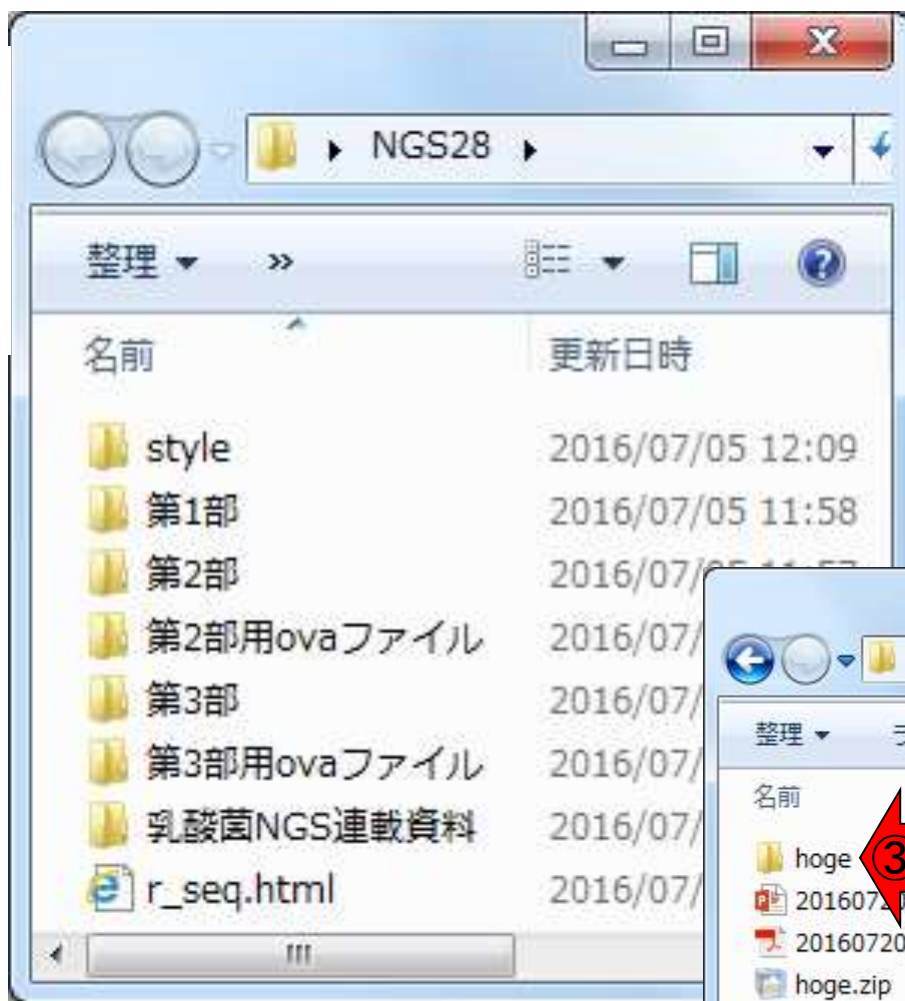
また、①デスクトップ上にある「NGS28」フォルダ中に、ファイルを勝手に作成しないでください！

## 7. 7/19の自習関連



# 7. 7/19の自習関連

例えば③のフォルダを作業ディレクトリとしてRで自習をしないでください！。これは主に第1部の話です

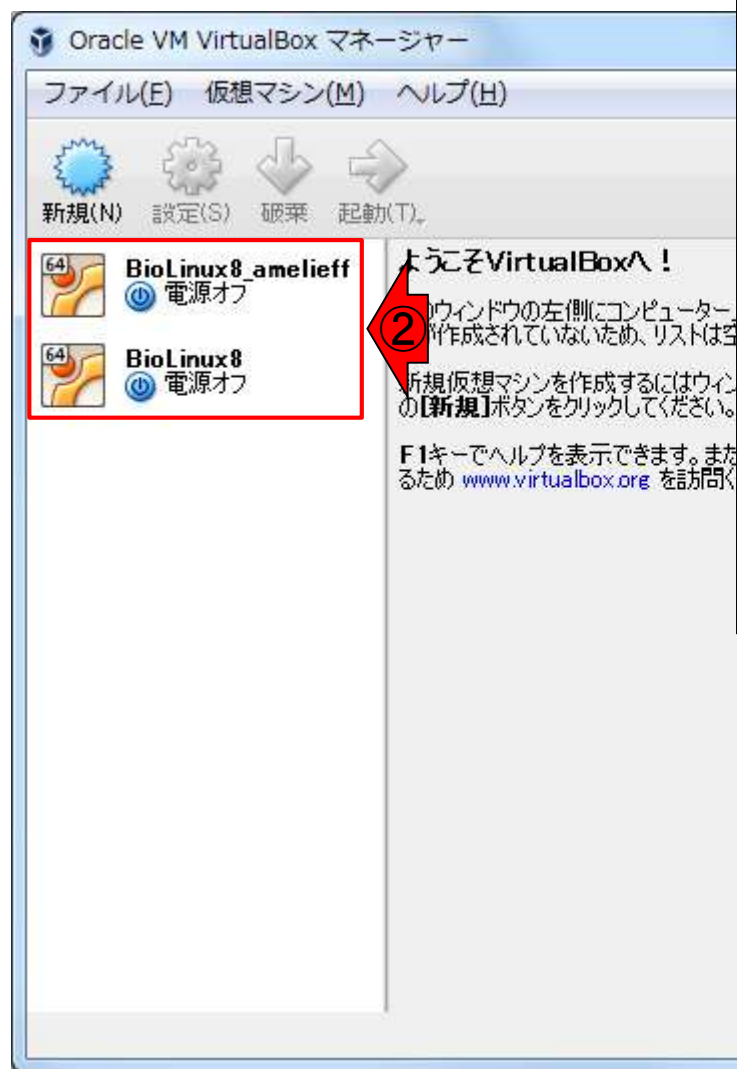




# 7. 7/19の自習関連



Oracle VM  
VirtualBox



基本的に貸与PCのヒトの話です。第2部と第3部については、講習会の自習範囲に限り、自由にファイルを作成して構いません。自習後はそのままゲストOSのシャットダウンをやっておけばいいです。ファイルの削除なども行う必要はありません。7/19の週は7/20-22の第1部のみであり、第2部と第3部は開催されません。どのPCが使われたかは主催側が把握しております。利用された貸与PCについては、第1部終了後から第2部開始前までに②のovaファイルをインポートしなおしますので、第2部のスタート時には真っ新たな状態に戻せます。持込みPCのヒトも、このような考え方で(もちろんインポートしなおすのは自分ですが)7/19にガスガス自習してみるといいと思います

# Contents

1. 貸与PCのログインパスワード
2. 貸与PCのデスクトップ上のアイコンとフォルダ
3. 貸与PCのVirtualBox(初期状態と共有フォルダ設定確認)
4. 貸与PC利用上の注意
5. 持込PCの無線LAN設定
6. その他PC関係の注意
7. 7/19の自習関連
  - 7-1. 第1部出席予定者は...
  - 7-2. BSgenomeパッケージインストール失敗時の対処
  - 7-3. キーボード入力が思い通りにいかないときの対処
8. 第2部用と第3部用は別物です
9. 同時起動は非推奨



貸与PCのヒトも持込PCのヒトも、①の利用パッケージの確認を7/19にしておくといいいでしょう

# 7-1. 第1部出席予定者は…

## 第1部 | 統計解析 | について

第1部は、Bio-Linux上のR環境ではなく、Windows(またはMacintosh)上のR環境で行います。多少変更するかもしれませんが、ほぼ完成です(2016年6月20日現在)。2016年6月14日に、第1部の心構え(掟)を追加しました。

### • 予習事項(必須)

講習会期間中、ノートPC (Windows 7)の貸与を希望する方も、きに貸与PCに慣れておくことを推奨。

1. [インストール| | についての推奨手順 \(Windows2015.04.04\)](#)  
Rと必要なパッケージをインストール。本講義用にカスタマたら、講義資料の充実に費やします)ので利用しないパッケージを入れないのは自由です。
2. 下記パッケージを利用予定です(2016年5月30日現在;随どうかを確認しておきましょう。

①

```
library(Biostrings) #2016-05-30  
library(BSgenome.Hsapiens.NCBI.GRCh38) #2016-05-30  
library(MBCluster.Seq) #2016-05-30  
library(TCC) #2016-05-30
```

```
RGui (64-bit)  
ファイル 編集 閲覧 その他 パッケージ ウィンドウ ヘルプ  
R Console  
R version 3.3.0 (2016-05-03) -- "Supposedly Educati  
Copyright (C) 2016 The R Foundation for Statistical  
Platform: x86_64-w64-mingw32/x64 (64-bit)  
  
R は、自由なソフトウェアであり、「完全に無保証」で$  
一定の条件に従えば、自由にこれを再配布することがで$  
配布条件の詳細に関しては、'license()'あるいは 'lic$  
  
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$  
'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$  
'q()' と入力すれば R を終了します。  
  
> |
```

# 7-1. 第1部出席予定者は

1回目のコピペだとよくわからないが、②もう一度コピペすることで、4つのパッケージ全てで問題ないことがわかります

## 第1部 | 統計解析 | について

第1部は、Bio-Linux上のR環境ではなく、Windows(またはMacintosh)上のR環境で行います。多少変更するかもしれませんが、ほぼ完成です(2016年6月20日現在)。2016年6月14日に、第1部の心構え(掟)を追加しました。

### • 予習事項(必須)

講習会期間中、ノートPC (Windows 7)の貸与を希望する方も、きに貸与PCに慣れておくことを推奨。

1. [インストール| | についての推奨手順 \(Windows2015.04.04\)](#)  
Rと必要なパッケージをインストール。本講義用にカスタマたら、講義資料の充実に費やします)ので利用しないパッケージを入れないのは自由です。
2. 下記パッケージを利用予定です(2016年5月30日現在;随どうかを確認しておきましょう。

①

```
library(Biostings) #2016.07.2$  
library(BSgenome.Hsapiens.NCBI.GRCh38) #2016.07.2$  
library(MBCluster.Seq) #2016.07.2$  
library(TCC) #2016.07.2$
```

②

```
RGui (64-bit)  
ファイル 編集 閲覧 その他 パッケージ ウィンドウ ヘルプ Vignettes  
R Console  
  
plotMA  
要求されたパッケージ baySeq をロード中です  
要求されたパッケージ abind をロード中です  
要求されたパッケージ perm をロード中です  
要求されたパッケージ ROC をロード中です  
  
次のパッケージを付け加えます: 'TCC'  
  
以下のオブジェクトは 'package:edgeR' からマスク$  
  
calcNormFactors  
  
> library(Biostings) #2016.07.2$  
> library(BSgenome.Hsapiens.NCBI.GRCh38) #2016.07.2$  
> library(MBCluster.Seq) #2016.07.2$  
> library(TCC) #2016.07.2$  
> |
```

# 7-1. 第1部出席予定者は...

もし①で示すように、ヒトゲノムパッケージでインストール失敗が判明したヒトは、スタッフに声を掛けてください

## 第1部 | 統計解析 | について

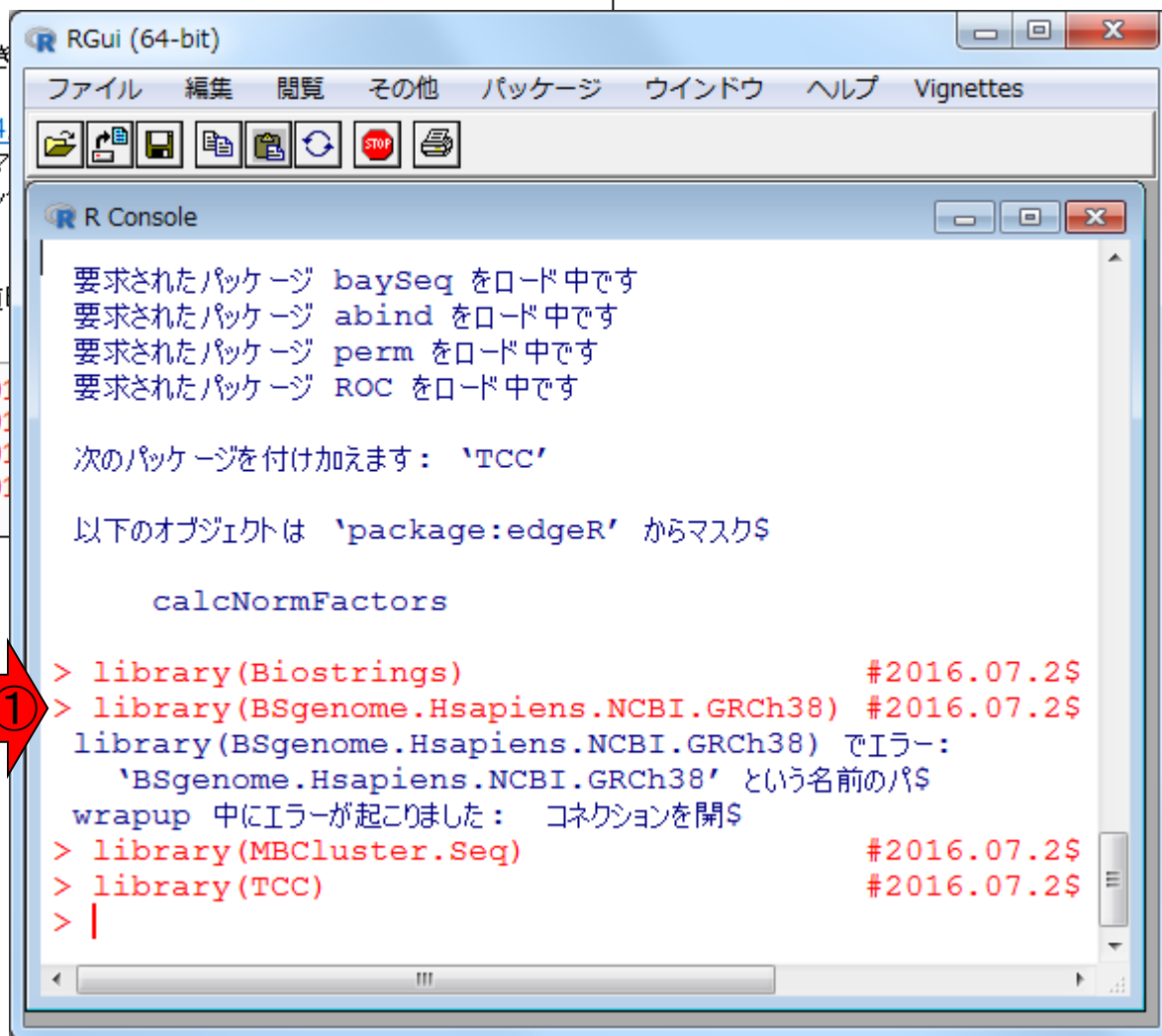
第1部は、Bio-Linux上のR環境ではなく、Windows(またはMacintosh)上のR環境で行います。多少変更するかもしれませんが、ほぼ完成です(2016年6月20日現在)。2016年6月14日に、第1部の心構え(掟)を追加しました。

### • 予習事項(必須)

講習会期間中、ノートPC (Windows 7)の貸与を希望する方も、きに貸与PCに慣れておくことを推奨。

1. [インストール| | についての推奨手順 \(Windows2015.04.04\)](#)  
Rと必要なパッケージをインストール。本講義用にカスタマたら、講義資料の充実に費やします)ので利用しないパッケージを入れるのは自由です。
2. 下記パッケージを利用予定です(2016年5月30日現在;随どうかを確認しておきましょう。

```
library(Biostings) #2016.07.25
library(BSgenome.Hsapiens.NCBI.GRCh38) #2016.07.25
library(MBCluster.Seq) #2016.07.25
library(TCC) #2016.07.25
```



```
RGui (64-bit)
ファイル 編集 閲覧 その他 パッケージ ウィンドウ ヘルプ Vignettes

R Console
要求されたパッケージ baySeq をロード中です
要求されたパッケージ abind をロード中です
要求されたパッケージ perm をロード中です
要求されたパッケージ ROC をロード中です

次のパッケージを付け加えます: 'TCC'

以下のオブジェクトは 'package:edgeR' からマスク$

      calcNormFactors

> library(Biostings) #2016.07.25
> library(BSgenome.Hsapiens.NCBI.GRCh38) #2016.07.25
library(BSgenome.Hsapiens.NCBI.GRCh38) でエラー:
  'BSgenome.Hsapiens.NCBI.GRCh38' という名前のパ$
wrapup 中にエラーが起きました: コネクションを開$
> library(MBCluster.Seq) #2016.07.25
> library(TCC) #2016.07.25
> |
```

# 7-2. BSgenome...

①800MBほどのgzip圧縮ファイル入りのUSBメモリを渡されますので、これをデスクトップにコピーしておき、②「Install package(s) from local files...」

## 第1部 | 統計解析 | について

第1部は、Bio-Linux上のR環境ではなく、Windows(またはMacintosh)上のR環境で行います。多少変更するかもしれませんが、ほぼ完成です(2016年6月20日現在)。2016年6月14日に、第1部の心構え(掟)を追加しました。

### 予習事項(必須)

講習会期間中、ノートPC (Windows 7)の貸与を希望する方も、きに貸与PCに慣れておくことを推奨。

#### 1. インストール| についての推奨手順 (Windows2015.04.04)

Rと必要なパッケージをインストール。本講義用にカスタマたら、講義資料の充実に費やします)ので利用しないパッケージを入れないのは自由です。

#### 2. 下記パッケージを利用予定です(2016年5月30日現在;随

どうかを確認しておきましょう。

```
library(Biostings) #2016.07.25
library(BSgenome.Hsapiens.NCBI.GRCh38) #2016.07.25
library(MBCluster.Seq) #2016.07.25
library(TCC) #2016.07.25
```



BSgenome.Hsapiens.NCBI.GRCh38\_1.3.1000.tar.gz



RGui (64-bit)

ファイル 編集 閲覧 その他 パッケージ ウィンドウ ヘルプ Vignettes

パッケージの読み込み...  
CRAN ミラーサイトの設定...  
ダウンロードサイトの選択...  
パッケージのインストール...  
パッケージの更新...  
Install package(s) from local files... ②

R Console

```
要求されたパッケージ baySeq をインストール中$
要求されたパッケージ abind をインストール中$
要求されたパッケージ perm をインストール中$
要求されたパッケージ ROC をインストール中$

次のパッケージを付け加えます: 'TCC'

以下のオブジェクトは 'package:edgeR' からマスク$

calcNormFactors

> library(Biostings) #2016.07.25
> library(BSgenome.Hsapiens.NCBI.GRCh38) #2016.07.25
library(BSgenome.Hsapiens.NCBI.GRCh38) でエラー:
'BSgenome.Hsapiens.NCBI.GRCh38' という名前のパ$
wrapup 中にエラーが起きました: コネクションを開$
> library(MBCluster.Seq) #2016.07.25
> library(TCC) #2016.07.25
> |
```

# 7-2. BSgenome...

## 第1部 | 統計解析 | について

第1部は、Bio-Linux上のR環境ではなく、Windows(またはMacintosh)上のR環境で行います。多少変更するかもしれませんが、ほぼ完成です(2016年6月20日現在)。2016年6月14日に、第1部の心構え(掟)を追加しました。

### • 予習事項(必須)

講習会期間中、ノートPC (Windows)に貸与PCIに慣れておくことを

#### 1. インストール | について

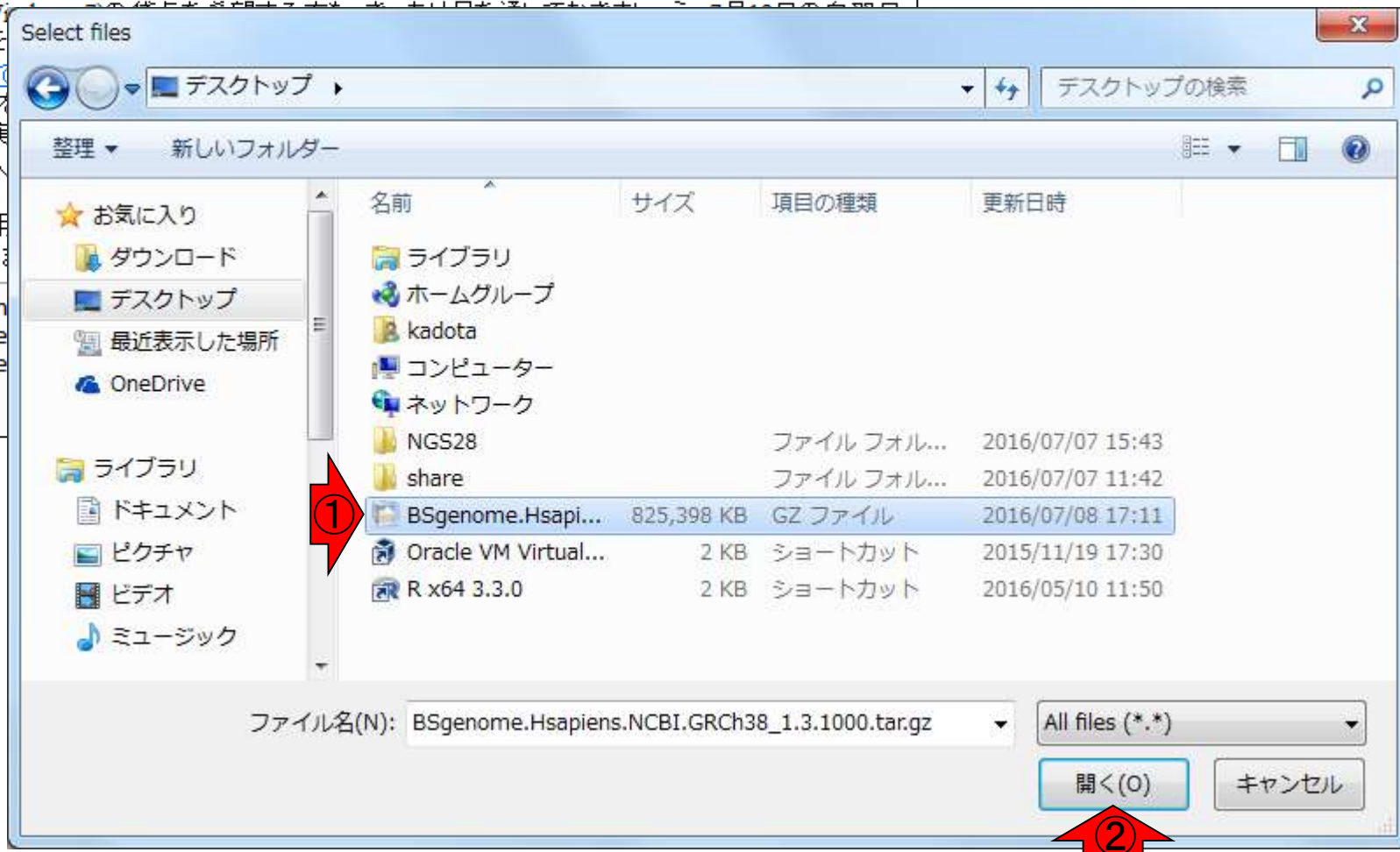
Rと必要なパッケージをインストールしたら、講義資料の充実されるパッケージを入

#### 2. 下記パッケージを利用 どうかを確認しておき

library(Biostri  
library(BSgenome  
library(MBCluste  
library(TCC)



BSgenome.Hsapiens.NCBI.GRCh38\_1.3.1000.tar.gz



そうすると、RGui画面が①のところではしばしばフリーズ状態になりますが…約5分ほどで…

## 7-2. BSgenome…

### 第1部 | 統計解析 | について

第1部は、Bio-Linux上のR環境ではなく、Windows(またはMacintosh)上のR環境で行います。多少変更するかもしれませんが、ほぼ完成です(2016年6月20日現在)。2016年6月14日に、第1部の心構え(掟)を追加しました。

#### • 予習事項(必須)

講習会期間中、ノートPC(Windows 7)の貸与を希望する方も、きに貸与PCに慣れておくことを推奨。

1. [インストール| についての推奨手順 \(Windows2015.04.04\)](#)  
Rと必要なパッケージをインストール。本講義用にカスタマ  
たら、講義資料の充実に費やします)ので利用しないパッ  
われるパッケージを入れないのは自由です。
2. 下記パッケージを利用予定です(2016年5月30日現在;随  
どうかを確認しておきましょう。

```
library(Biostings) #2016.07.2$  
library(BSgenome.Hsapiens.NCBI.GRCh38) #2016.07.2$  
library(MBCluster.Seq) #2016.07.2$  
library(TCC) #2016.07.2$
```

```
RGui (64-bit)  
ファイル 編集 閲覧 その他 パッケージ ウィンドウ ヘルプ Vignettes  
R Console  
要求されたパッケージ abind をロード中です  
要求されたパッケージ perm をロード中です  
要求されたパッケージ ROC をロード中です  
  
次のパッケージを付け加えます: 'TCC'  
  
以下のオブジェクトは 'package:edgeR' からマスク$  
  
calcNormFactors  
  
> library(Biostings) #2016.07.2$  
> library(BSgenome.Hsapiens.NCBI.GRCh38) #2016.07.2$  
library(BSgenome.Hsapiens.NCBI.GRCh38) でエラー:  
'BSgenome.Hsapiens.NCBI.GRCh38' という名前のパ$  
wrapup 中にエラーが起きました: コネクションを開$  
> library(MBCluster.Seq) #2016.07.2$  
> library(TCC) #2016.07.2$  
> utils:::menuInstallLocal() ①
```



# 7-2. BSgenome...

①こんな感じになって、ローカルファイルからのパッケージのインストールが完了します

## 第1部 | 統計解析 | について

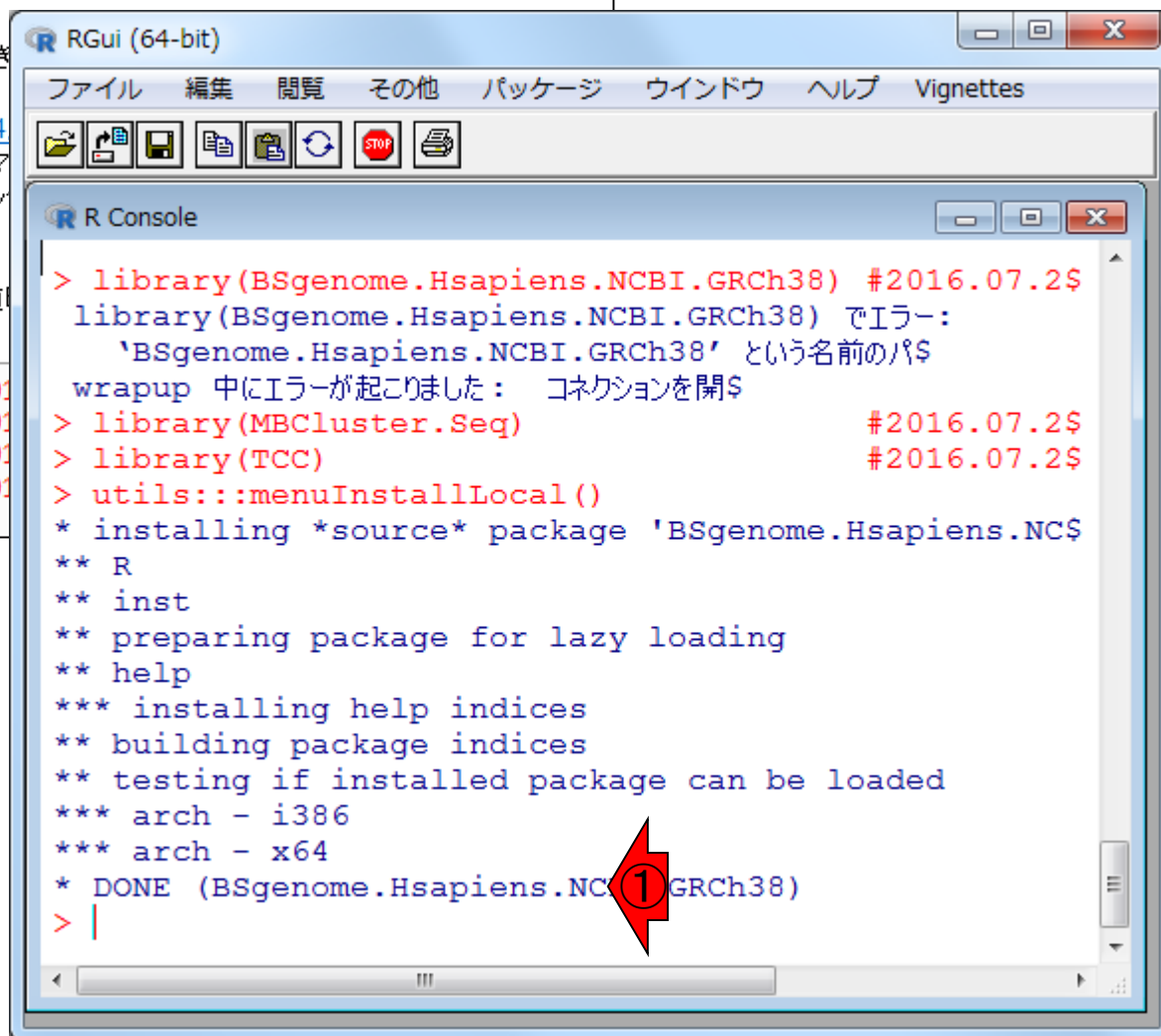
第1部は、Bio-Linux上のR環境ではなく、Windows(またはMacintosh)上のR環境で行います。多少変更するかもしれませんが、ほぼ完成です(2016年6月20日現在)。2016年6月14日に、第1部の心構え(掟)を追加しました。

### • 予習事項(必須)

講習会期間中、ノートPC (Windows 7)の貸与を希望する方も、きに貸与PCに慣れておくことを推奨。

1. [インストール| | についての推奨手順 \(Windows2015.04.04\)](#)  
Rと必要なパッケージをインストール。本講義用にカスタマ  
たら、講義資料の充実に費やします)ので利用しないパッ  
われるパッケージを入れないのは自由です。
2. 下記パッケージを利用予定です(2016年5月30日現在;随  
どうかを確認しておきましょう。

```
library(Biostings) #2016.07.2$
library(BSgenome.Hsapiens.NCBI.GRCh38) #2016.07.2$
library(MBCluster.Seq) #2016.07.2$
library(TCC) #2016.07.2$
```



①改めてこのパッケージのロードを行い、確認します

## 7-2. BSgenome...

### 第1部 | 統計解析 | について

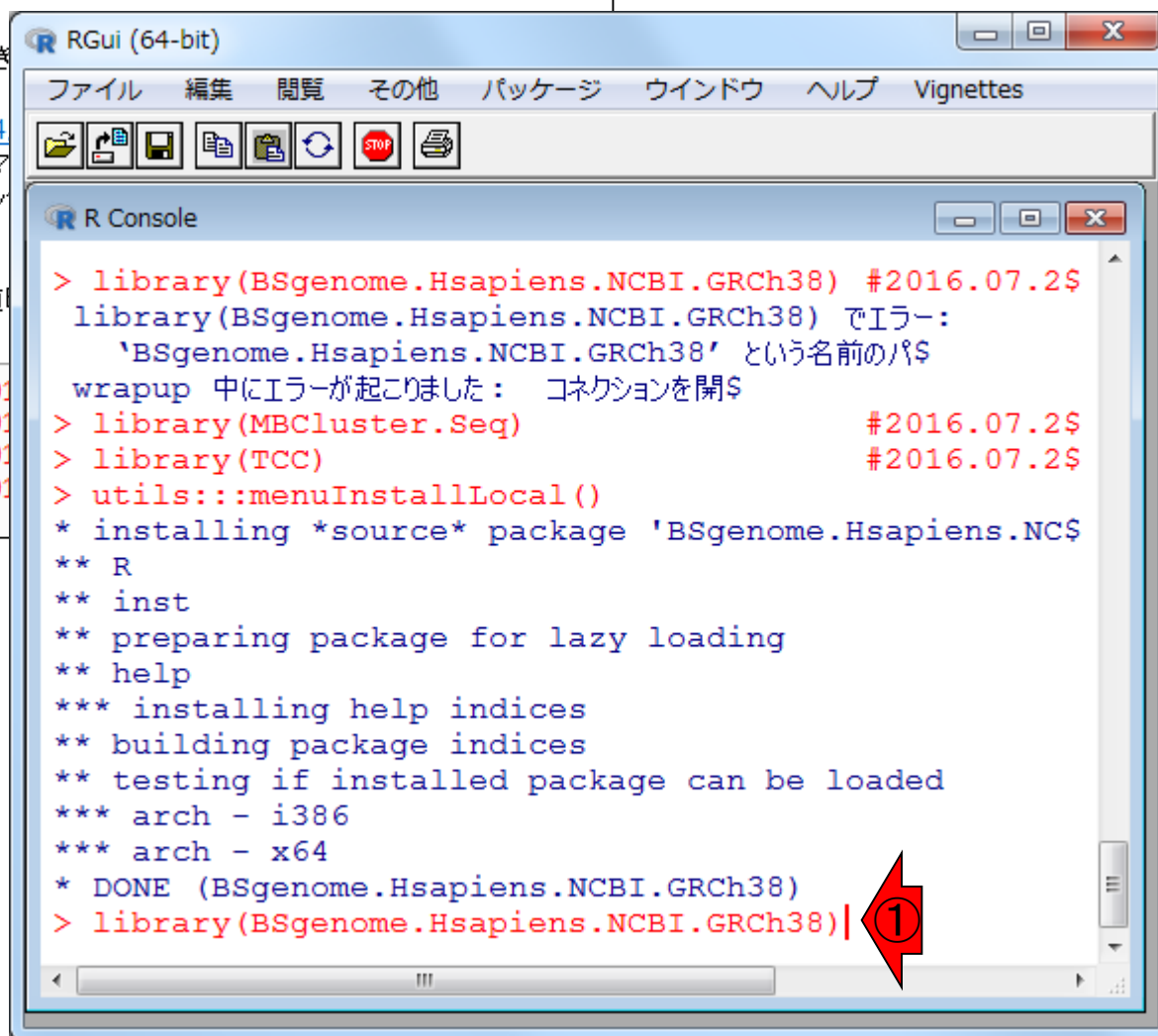
第1部は、Bio-Linux上のR環境ではなく、Windows(またはMacintosh)上のR環境で行います。多少変更するかもしれませんが、ほぼ完成です(2016年6月20日現在)。2016年6月14日に、第1部の心構え(掟)を追加しました。

#### • 予習事項(必須)

講習会期間中、ノートPC(Windows 7)の貸与を希望する方も、きに貸与PCに慣れておくことを推奨。

1. [インストール| についての推奨手順\(Windows2015.04.04\)](#)  
Rと必要なパッケージをインストール。本講義用にカスタマ  
たら、講義資料の充実に費やします)ので利用しないパッ  
われるパッケージを入れないのは自由です。
2. 下記パッケージを利用予定です(2016年5月30日現在;随  
どうかを確認しておきましょう。

```
library(Biostings) #2016.07.2$
library(BSgenome.Hsapiens.NCBI.GRCh38) #2016.07.2$
library(MBCluster.Seq) #2016.07.2$
library(TCC) #2016.07.2$
```



```
RGui (64-bit)
ファイル 編集 閲覧 その他 パッケージ ウィンドウ ヘルプ Vignettes

R Console
> library(BSgenome.Hsapiens.NCBI.GRCh38) #2016.07.2$
library(BSgenome.Hsapiens.NCBI.GRCh38) でエラー:
'BSgenome.Hsapiens.NCBI.GRCh38' という名前のパ$
wrapup 中にエラーが起きました: コネクションを開$
> library(MBCluster.Seq) #2016.07.2$
> library(TCC) #2016.07.2$
> utils:::menuInstallLocal()
* installing *source* package 'BSgenome.Hsapiens.NC$
** R
** inst
** preparing package for lazy loading
** help
*** installing help indices
** building package indices
** testing if installed package can be loaded
*** arch - i386
*** arch - x64
* DONE (BSgenome.Hsapiens.NCBI.GRCh38)
> library(BSgenome.Hsapiens.NCBI.GRCh38) | ①
```

## 7-2. BSgenome...

### 第1部 | 統計解析 | について

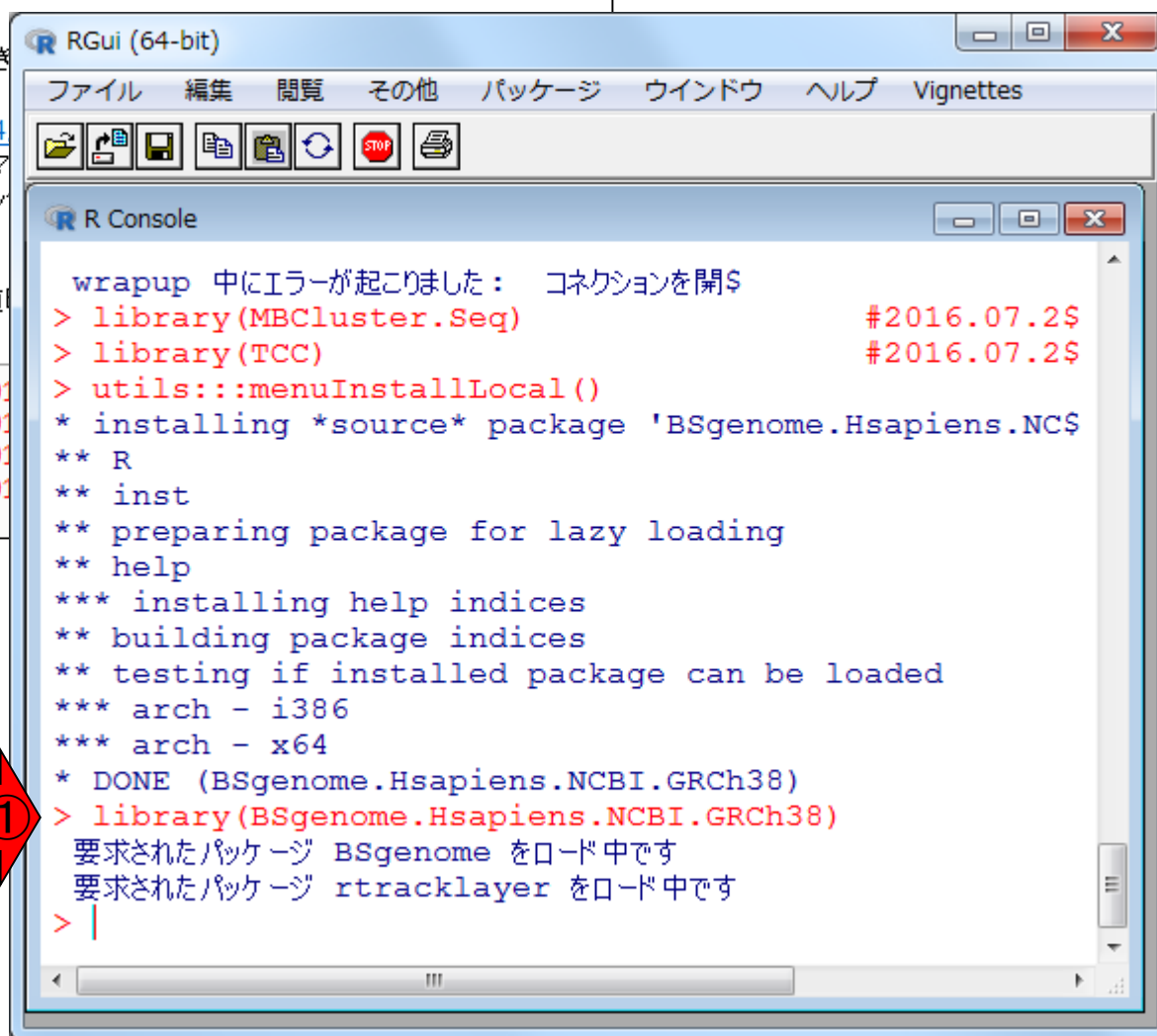
第1部は、Bio-Linux上のR環境ではなく、Windows(またはMacintosh)上のR環境で行います。多少変更するかもしれませんが、ほぼ完成です(2016年6月20日現在)。2016年6月14日に、第1部の心構え(掟)を追加しました。

#### • 予習事項(必須)

講習会期間中、ノートPC(Windows 7)の貸与を希望する方も、きに貸与PCに慣れておくことを推奨。

1. [インストール| についての推奨手順\(Windows2015.04.04\)](#)  
Rと必要なパッケージをインストール。本講義用にカスタマ  
たら、講義資料の充実に費やします)ので利用しないパッ  
われるパッケージを入れないのは自由です。
2. 下記パッケージを利用予定です(2016年5月30日現在;随  
どうかを確認しておきましょう。

```
library(Biostrings) #2016.07.25
library(BSgenome.Hsapiens.NCBI.GRCh38) #2016.07.25
library(MBCluster.Seq) #2016.07.25
library(TCC) #2016.07.25
```



```
RGui (64-bit)
ファイル 編集 閲覧 その他 パッケージ ウィンドウ ヘルプ Vignettes

R Console
wrapup 中にエラーが起きました: コネクションを開$
> library(MBCluster.Seq) #2016.07.25
> library(TCC) #2016.07.25
> utils:::menuInstallLocal()
* installing *source* package 'BSgenome.Hsapiens.NCBI.GRCh38'
** R
** inst
** preparing package for lazy loading
** help
*** installing help indices
** building package indices
** testing if installed package can be loaded
*** arch - i386
*** arch - x64
* DONE (BSgenome.Hsapiens.NCBI.GRCh38)
> library(BSgenome.Hsapiens.NCBI.GRCh38)
要求されたパッケージ BSgenome をロード中です
要求されたパッケージ rtracklayer をロード中です
> |
```

# 7-2. BSgenome...

## 第1部 | 統計解析 | について

第1部は、Bio-Linux上のR環境ではなく、Windows(またはMacintosh)上のR環境で行います。多少変更するかもしれませんが、ほぼ完成です(2016年6月20日現在)。2016年6月14日に、第1部の心構え(掟)を追加しました。

### • 予習事項(必須)

講習会期間中、ノートPC (Windows 7)の貸与を希望する方も、きに貸与PCに慣れておくことを推奨。

1. [インストール| についての推奨手順 \(Windows2015.04.04\)](#)  
Rと必要なパッケージをインストール。本講義用にカスタマ  
たら、講義資料の充実に費やします)ので利用しないパッ  
われるパッケージを入れないのは自由です。
2. 下記パッケージを利用予定です(2016年5月30日現在;随  
どうかを確認しておきましょう。

```
library(Biostrings) #201
library(BSgenome.Hsapiens.NCBI.GRCh38) #201
library(MBCluster.Seq) #201
library(TCC) #201
```

```
RGui (64-bit)
ファイル 編集 閲覧 その他 パッケージ ウィンドウ ヘルプ Vignettes

R Console
> library(MBCluster.Seq) #2016.07.2$
> library(TCC) #2016.07.2$
> utils:::menuInstallLocal()
* installing *source* package 'BSgenome.Hsapiens.NCBI.GRCh38'
** R
** inst
** preparing package for lazy loading
** help
*** installing help indices
** building package indices
** testing if installed package can be loaded
*** arch - i386
*** arch - x64
* DONE (BSgenome.Hsapiens.NCBI.GRCh38)
> library(BSgenome.Hsapiens.NCBI.GRCh38)
要求されたパッケージ BSgenome をロード中です
要求されたパッケージ rtracklayer をロード中です
> library(BSgenome.Hsapiens.NCBI.GRCh38)
> |
```

# 7-2. BSgenome...

ちなみに①のファイルは、②このパッケージのBioconductorのサイトの、③ページ下部まで行けば見られる、④です

http://bioconductor.org/packages/release/data/annotation/html/BSgenome

Bioconductor - BSgeno...

Bioconductor  
OPEN SOURCE SOFTWARE FOR BIOINFORMATICS

Home Install Help Developers About

Home » Bioconductor 3.3 » Annotation Packages » BSgenome.Hsapiens.NCBI.GRCh38

## BSgenome.Hsapiens.NCBI.GRCh38

platforms all downloads top 50% posts 0

Documentation »

Bioconductor

- Package vignettes and manuals.
- Workflows for learning and use.
- Course and conference material.
- Videos.
- Community resources and tutorials.

Full genome sequences for Homo sapiens (GRCh38)

Bioconductor version: Release (3.3)

Full genome sequences for Homo sapiens (Human) as provided by NCBI (GRCh38, 2013-11-14) stored in Biostings objects.

Author: The Bioconductor Dev Team

Maintainer: Bioconductor Package Maintainer <maintainer at bioconductor.org>

BSgenome.Hsapiens.NCBI.GRCh38\_1.3.1000.tar.gz

http://bioconductor.org/packages/release/data/annotation/html/BSgenome

Bioconductor - BSgeno...

### Package Archives

Follow [Installation](#) instructions to use this package in your R session.

Package Source	<a href="#">BSgenome.Hsapiens.NCBI.GRCh38_1.3.1000.tar.gz</a>
Windows Binary	
Mac OS X 10.9 (Mavericks)	
Package Short Url	<a href="http://bioconductor.org/packages/BSgenome.Hsapiens.NCBI.GRCh38/">http://bioconductor.org/packages/BSgenome.Hsapiens.NCBI.GRCh38/</a>
Package Downloads Report	<a href="#">Download Stats</a>

Contact us: [support.bioconductor.org](mailto:support.bioconductor.org)  
Copyright © 2003 - 2016, Bioconductor

Bioconductor  
OPEN SOURCE SOFTWARE FOR BIOINFORMATICS

<b>Home</b>	<b>Install</b>	<b>Help</b>	<b>Developers</b>	<b>About</b>
	Install R	Workflows	Package Guidelines	Advisory Board
	Find Bioconductor Packages	Package Vignettes	Package Submission	Annual Reports
	Install Bioconductor Packages	FAQ	Release Schedule	Core Team
	Update Bioconductor Packages	Support	Source Control	Mirrors
		Using R		Related Projects
		Courses		
		Publications		
		Cloud AMI		
		Community Resources		

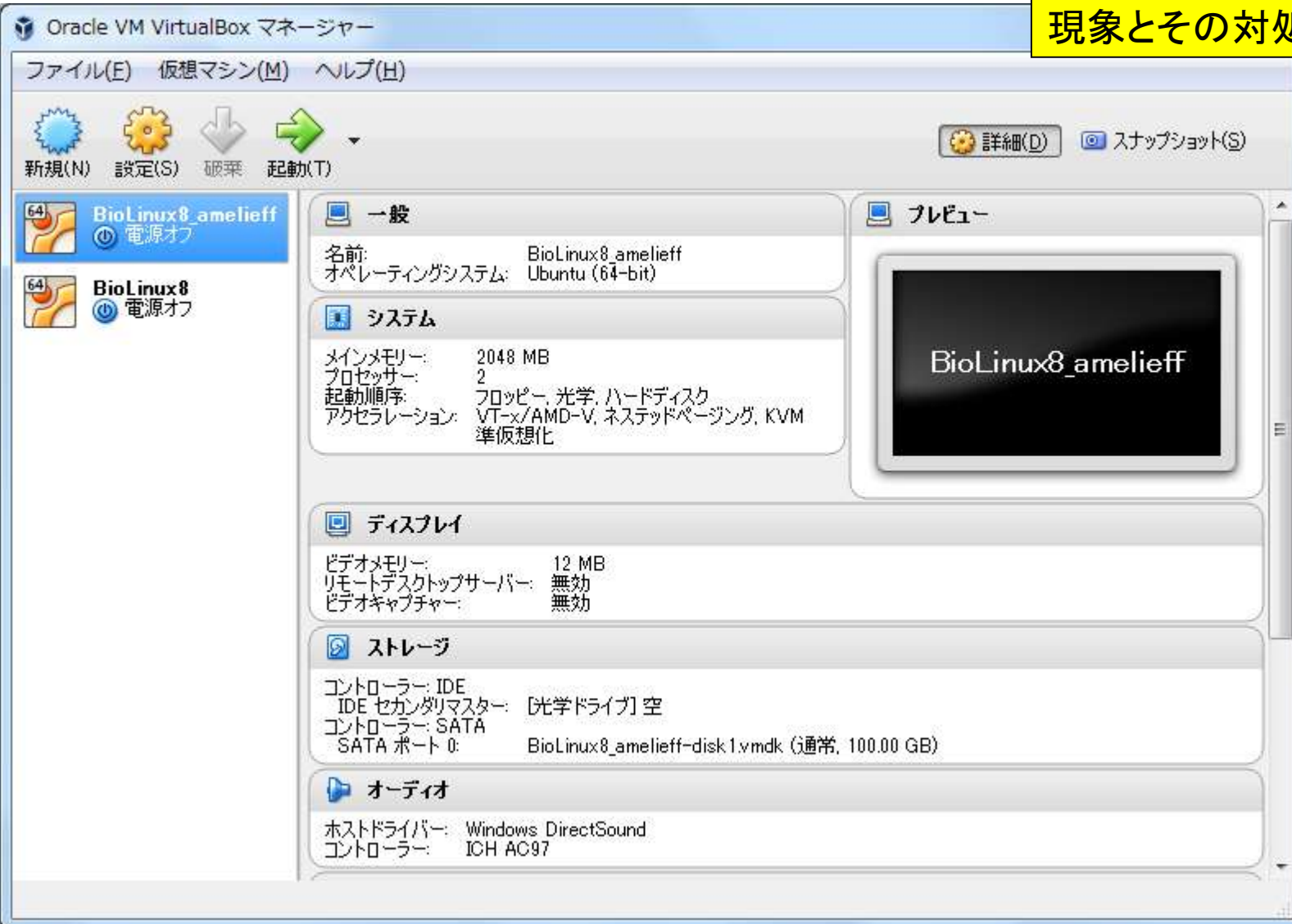
# Contents

1. 貸与PCのログインパスワード
2. 貸与PCのデスクトップ上のアイコンとフォルダ
3. 貸与PCのVirtualBox(初期状態と共有フォルダ設定確認)
4. 貸与PC利用上の注意
5. 持込PCの無線LAN設定
6. その他PC関係の注意
7. 7/19の自習関連
  - 7-1. 第1部出席予定者は...
  - 7-2. BSgenomeパッケージインストール失敗時の対処
  - 7-3. キーボード入力が思い通りにいかないときの対処
8. 第2部用と第3部用は別物です
9. 同時起動は非推奨



# 7-3. キーボード入力…

主にBio-Linux関連でときどき起こる問題です。知らないとかなりハマりますので、我々がこれまでに経験した現象とその対処法を伝授しておきます



# 7-3. キーボード入力

例えば①第2部用のBio-Linuxを②起動後に、何気なくターミナル上で③pwd、④lsをしたら、「ls」にならずに「3s」になったりすることがあります。これはおそらく一部のWindowsのみで起こる現象

The screenshot shows the Oracle VM VirtualBox Manager interface on the left and a terminal window on the right. In the VM Manager, the 'Start' button (green arrow) is highlighted with a red arrow labeled '2', and the 'BioLinux8\_amelieff' VM is selected with a red arrow labeled '1'. The terminal window shows the following sequence of events:

```
iu@bielinux[~]
iu@bielinux[iu] pwd [ 7:39午後]
/home/iu
iu@bielinux[iu] 3s [ 7:39午後]
```

The terminal output shows that the command 'ls' was entered but the output was '3s' instead of a directory listing. A drawing of a surprised face is placed next to the '3s' output. The terminal window title is 'BioLinux8\_amelieff [実行中] - Oracle VM VirtualBox'. The system tray at the bottom right shows the time as 19:42.



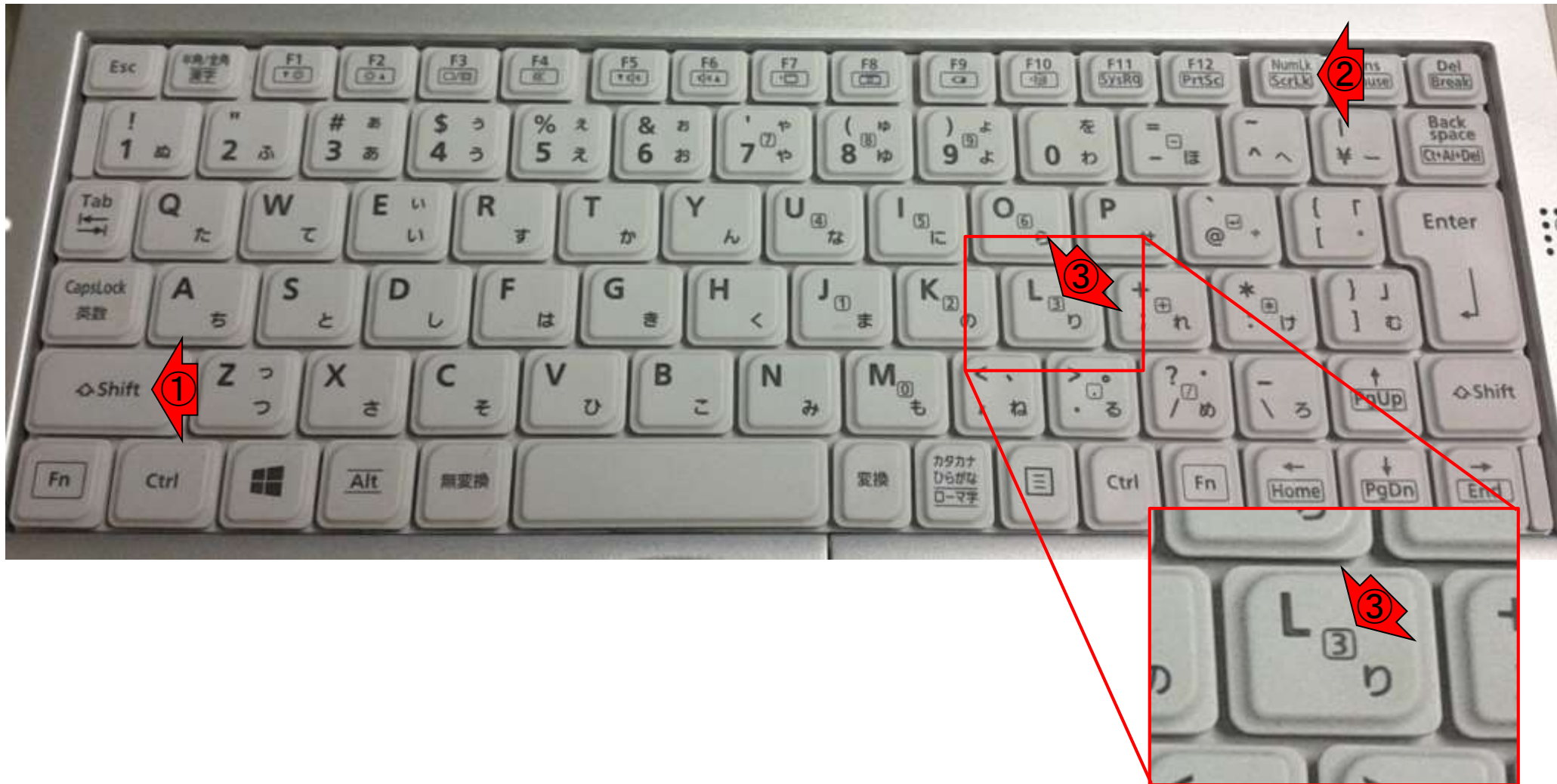
## 7-3. キーボード入力

①「ls」のlの位置はここ。lが3になる原因は、(自分がやったかどうかとは無関係に) num lockがかかっているからです。それゆえ、□の中の数字が入力されてしまうのが原因です



## 7-3. キーボード入力

対処法は、①shiftキーを押しながら、②NumLk。これで、③キーボードの真ん中の□で囲われた数字が入力されてしまう現象を回避できます



# 7-3. キーボード入力…

The screenshot displays the Oracle VM VirtualBox interface. On the left, the 'Oracle VM VirtualBox マネージャー' window shows two virtual machines: 'BioLinux8\_amelieff' and 'BioLinux8'. The main window shows the 'BioLinux8\_amelieff [実行中] - Oracle VM VirtualBox' terminal. The terminal output is as follows:

```
iu@bielinux[~]
iu@bielinux[iu] pwd [ 7:39午後]
/home/iu
iu@bielinux[iu] 3s [ 7:39午後]
zsh: command not found: 3s
iu@bielinux[iu] ls [ 8:06午後]
```

A red arrow with the number '1' points to the 'ls' command. A cartoon mouse cursor is visible on the terminal screen.

# 7-3. キーボード入力...

次は(多少表現に語弊があるが...) **日本語キーボードと英語キーボードの違いに起因する問題の紹介とその対処法**。赤下線で示すDoから始まる2つのディレクトリのみをlsしようとして、「ls Do\*」と打ったつもりが「ls Do"」になってしまう現象に遭遇するヒトもいることでしょう

Oracle VM VirtualBox マネージャー

ファイル(E) 仮想マシン(M) ヘルプ(H)


新規(N) 設定(S) 破棄 起動(T)

BioLinux8\_amelieff [実行中] - Oracle VM

ファイル 仮想マシン 表示 入力 デバイス ヘルプ

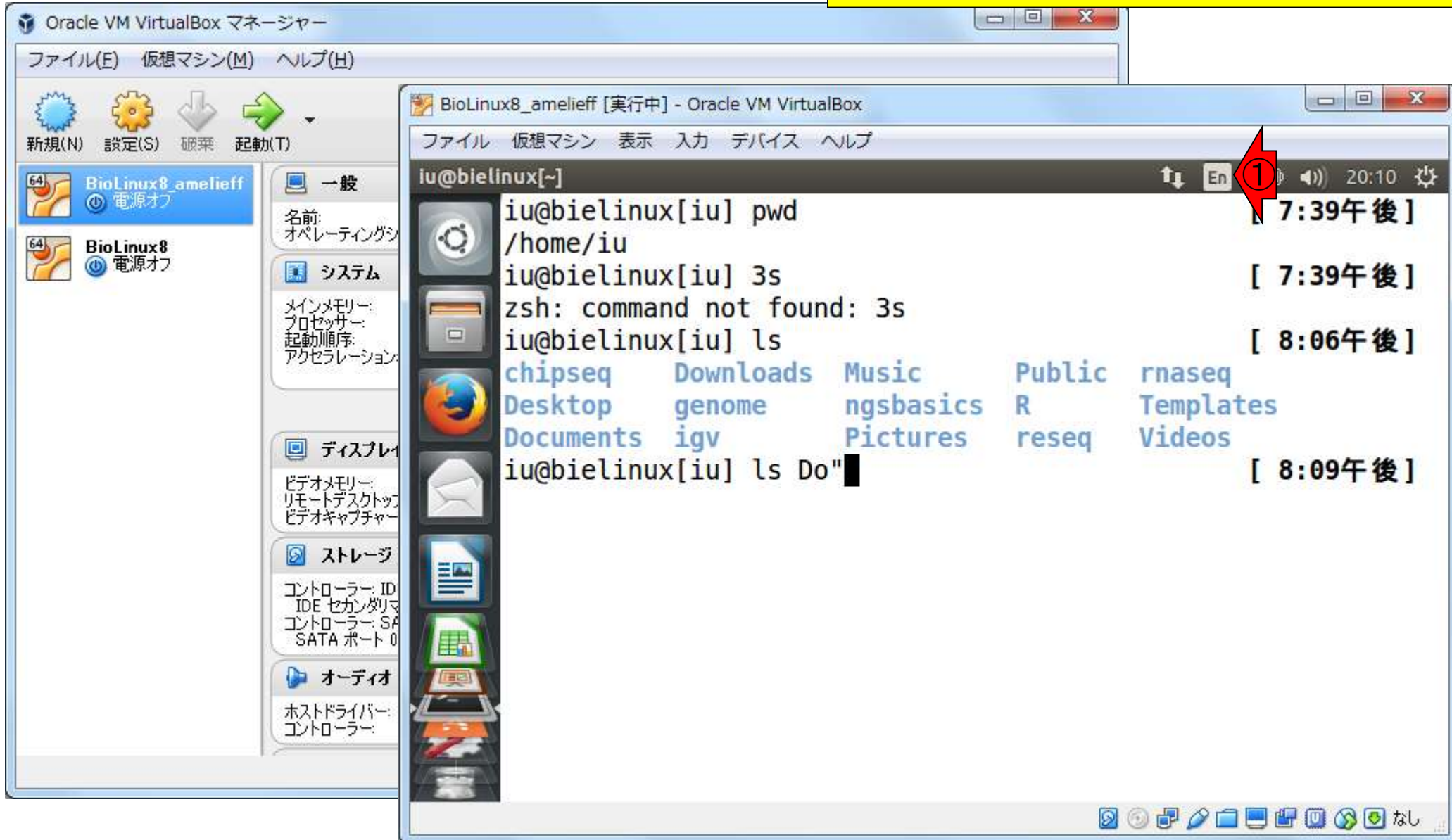
```
iu@bielinux[~]
iu@bielinux[iu] pwd [ 7:39午後 ]
/home/iu
iu@bielinux[iu] 3s [ 7:39午後 ]
zsh: command not found: 3s
iu@bielinux[iu] ls [ 8:06午後 ]
chipseq Downloads Music Public rnaseq
Desktop genome ngsbasics R Templates
Documents igv Pictures reseq Videos
iu@bielinux[iu] ls Do" [ 8:09午後 ]
```

①



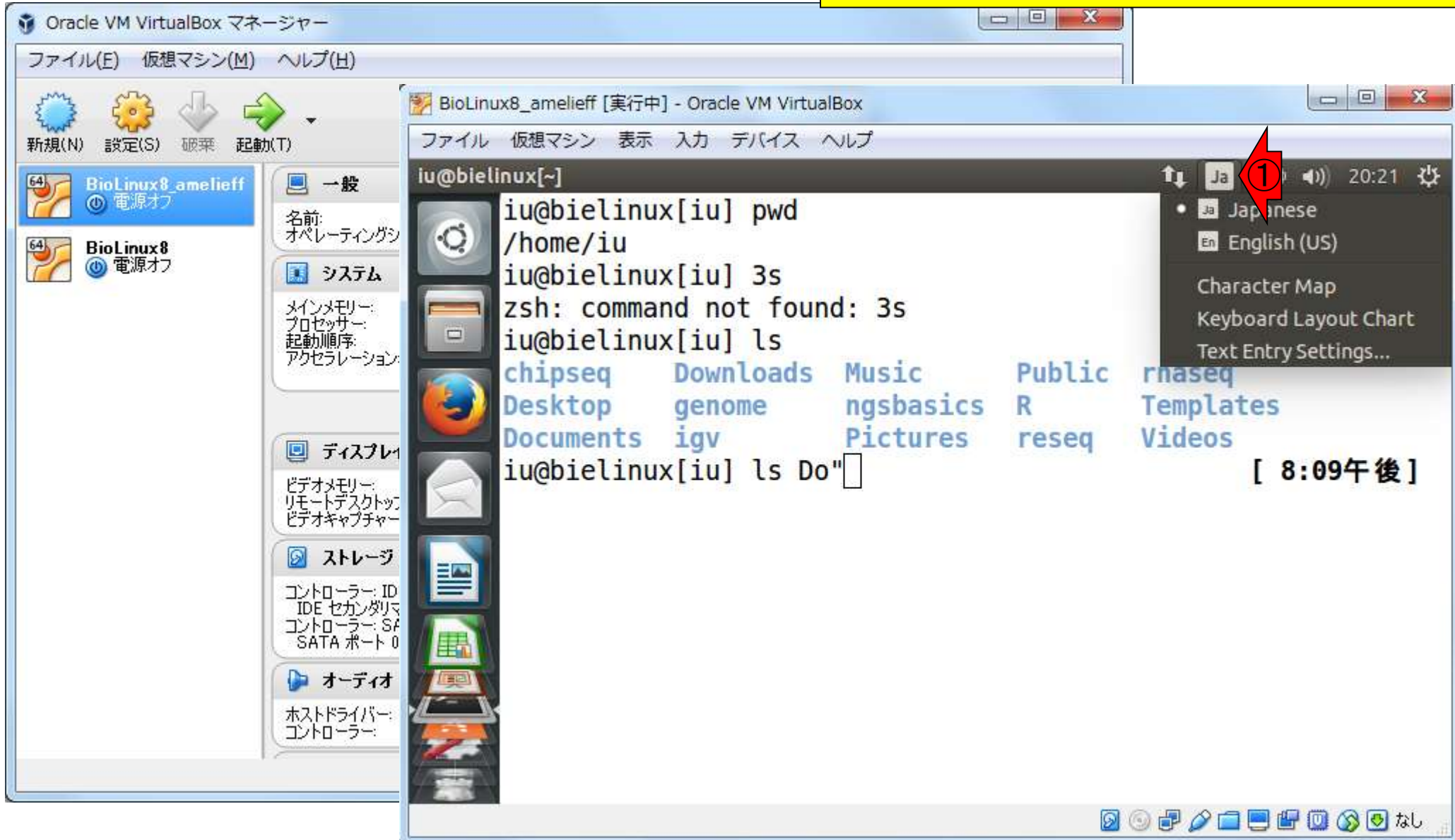
# 7-3. キーボード入力…

「ls Do\*」が「ls Do"」となってしまったときは、おそらく①のところが英語キーボードであることを示す「En」になっていることでしょう



# 7-3. キーボード入力…

①のところに日本語キーボードであることを示す「Ja」に変更すれば「\*出せない問題」が解決します



# 7-3. キーボード入力…

The image shows the Oracle VM VirtualBox Manager interface on the left and a terminal window for a BioLinux8 VM on the right. The terminal window displays the following commands and their outputs:

```
iu@bielinux[~]
iu@bielinux[iu] pwd [ 7:39午後 ]
/home/iu
iu@bielinux[iu] 3s [ 7:39午後 ]
zsh: command not found: 3s
iu@bielinux[iu] ls [ 8:06午後 ]
chipseq Downloads Music Public rnaseq
Desktop genome ngsbasics R Templates
Documents igv Pictures reseq Videos
iu@bielinux[iu] ls Do* [ 8:09午後 ]
Documents:
srp017156
Downloads:
FaQCs fastqc_v0.11.4.zip IGV_2.3.67.zip
FastQC IGV_2.3.67
iu@bielinux[iu] █ [ 8:25午後 ]
```

A red arrow with the number 1 points to the command `ls Do*` in the terminal. A mouse cursor is visible over the terminal window.

# Contents

1. 貸与PCのログインパスワード
2. 貸与PCのデスクトップ上のアイコンとフォルダ
3. 貸与PCのVirtualBox(初期状態と共有フォルダ設定確認)
4. 貸与PC利用上の注意
5. 持込PCの無線LAN設定
6. その他PC関係の注意
7. 7/19の自習関連
  - 7-1. 第1部出席予定者は...
  - 7-2. BSgenomeパッケージインストール失敗時の対処
  - 7-3. キーボード入力が思い通りにいかないときの対処
8. 第2部用と第3部用は別物です
9. 同時起動は非推奨





# 8. 第2部用と第3部用は別物

①今回はたまたま第2部用で発見しましたが、②第3部用でも不具合があるかもしれませんので注意して下さい

Oracle VM VirtualBox マネージャー

ファイル(E) 仮想マシン(M) ヘルプ(H)

新規(N) 設定(S) 破棄 起動(T)

BioLinux8\_amelieff [実行中] - Oracle VM VirtualBox

名前: BioLinux8\_amelieff  
オペレーティングシステム: Linux

システム  
メインメモリー: 2048 MB  
プロセッサ: 2  
起動順序: SATA  
アクセラレーション: 有効

ディスプレイ  
ビデオメモリー: 128 MB  
リモートデスクトップ: 無効  
ビデオキャプチャー: 無効

ストレージ  
コントローラー: IDE  
IDE セカンダリマ: /dev/sda  
コントローラー: SATA  
SATA ポート 0: /dev/sdb

オーディオ  
ホストドライバ: Auto  
コントローラー: Auto

```
iu@bielinux[~]
iu@bielinux[iu] pwd [ 7:39午後 ]
/home/iu
iu@bielinux[iu] 3s [ 7:39午後 ]
zsh: command not found: 3s
iu@bielinux[iu] ls [ 8:06午後 ]
chipseq Downloads Music Public rnaseq
Desktop genome ngsbasics R Templates
Documents igv Pictures reseq Videos
iu@bielinux[iu] ls Do* [ 8:09午後 ]
Documents:
srp017156
Downloads:
FaQCs fastqc_v0.11.4.zip IGV_2.3.67.zip
FastQC IGV_2.3.67
iu@bielinux[iu] [ 8:25午後 ]
```

# 8. 第2部用と第3部用は別物

一見中身も同じに見えるかもしれませんが違います！  
例えば①第1部用のホームディレクトリ上には、赤下線で示すようなディレクトリが見られますが…

The screenshot shows the Oracle VM VirtualBox Manager interface. On the left, the VM list includes 'BioLinux8\_amelieff' (powered off) and 'BioLinux8' (powered off). A red arrow points to the 'BioLinux8\_amelieff' entry, which has a circled '1' next to it. The main window displays the terminal for 'BioLinux8\_amelieff' [実行中]. The terminal shows the following commands and outputs:

```
iu@bielinux[~] pwd [ 7:39午後 ]
/home/iu
iu@bielinux[iu] 3s [ 7:39午後 ]
zsh: command not found: 3s
iu@bielinux[iu] ls [ 8:06午後 ]
chipseq Downloads Music Public rnaseq
Desktop genome ngsbasics R Templates
Documents igv Pictures reseq Videos
iu@bielinux[iu] ls Do* [ 8:09午後 ]
Documents:
srp017156

Downloads:
FaQCs fastqc_v0.11.4.zip IGV_2.3.67.zip
FastQC IGV_2.3.67
iu@bielinux[iu] █ [ 8:25午後 ]
```

# 8. 第2部用と第3部用は別物

②第2部用のホームディレクトリ上には、そのようなディレクトリはありませんので、起動するものを間違えないようにしてください

The screenshot shows the Oracle VM VirtualBox Manager interface. On the left, the VM list shows 'BioLinux8\_amelieff' with a power button icon and 'BioLinux8' with a green arrow icon and a red arrow pointing to it with the number '2'. The main window shows the 'BioLinux8 [実行中]' VM. The terminal window displays the following commands and output:

```
iu@bielinux[~]
iu@bielinux[iu] pwd [ 9:11午後 ]
/home/iu
iu@bielinux[iu] ls [ 9:11午後 ]
Desktop Downloads Music Public Videos
Documents igv Pictures Templates
iu@bielinux[iu] [ 9:11午後 ]
```

# 9. 同時起動は非推奨

①第2部用と②第3部用を同時起動することは一応できますが…。かなり不安定になり、(ゲストOSのみならまだいいのですが…)いきなりホストOS側の再起動がかかったりします。**同時起動は非推奨**です！



Oracle VM VirtualBox マネージャー

ファイル(E) 仮想マシン(M) ヘルプ(H)

新規(N) 設定(S) 破棄 表示(H)

64 BioLinux8\_amelieff 電源オフ

64 BioLinux8 実行中

① ②

一般

名前: BioLinux8  
オペレーティングシステム: Ubuntu (64-bit)

システム

メインメモリー: 2048 MB  
プロセッサ: 2  
起動順序: フロッピー, 光学, ハードディスク  
アクセラレーション: VT-x/AMD-V, ネステッドページング, KVM 準仮想化

ディスプレイ

ビデオメモリー: 12 MB  
リモートデスクトップサーバー: 無効  
ビデオキャプチャー: 無効

ストレージ

コントローラー: IDE  
IDE セカンダリマスター: [光学ドライブ] 空  
コントローラー: SATA  
SATA ポート 0: BioLinux8-disk1.vmdk (通常, 100.00 GB)

オーディオ

ホストドライバ: Windows DirectSound  
コントローラー: ICH AC97

詳細(D) スナップショット(S)

プレビュー

```
lubuntu@lubuntu:~$ pwd
/home/lubuntu
lubuntu@lubuntu:~$ ls
Desktop  Downloads  Music  Public  Videos
Documents  Lubuntu  Pictures  Templates
lubuntu@lubuntu:~$
```