

(Rで)塩基配列解析(主に次世代シーケンサーのデータ) (last modified 2013/05/31, since 2010)

What's new?
 R/パッケージTCCの最新版は1.1.99です。6月6日に開催されるNAIST植物グローバル教育プロジェクト・平成25年度ワークショップでは、R(ver. 3.0.1)とTCC(ver. 1.1.99)をベースに話を予定。Rのバージョン自体は2.15.3でもたぶん大丈夫だとは思いますが。。Rのインストールと起動を実行したあとにTCC(ver. 1.1.99)のインストールも忘れずに行っておいてください。Windowsのヒト用の詳細なインストール方法は[こちら](#)です。また、当日はhoge.zipという圧縮ファイルを解凍して得られる“hoge”というフォルダがデスクトップ上にあるという前提でセミナーを行いますのでこの圧縮ファイルもダウンロードと解凍をやっておいてください。(2013/05/24)NEW

・平成25年6月27日、7月3、4日にこのウェブページ大生以外の外部の方も受講可能です。詳しくは[こちら](#)
 ・R3.0.1がリリースされていたのでこれに変更しました

- はじめに (last modified 2013/03/29)
- Rのインストールと起動 (last modified 2013/01/23)
- サンプルデータ (last modified 2013/01/23)
- イントロダクション | NGS | 各種覚書 (last m
- イントロダクション | NGS | 様々なプラットフォーム
- イントロダクション | NGS | リファレンス配列
- イントロダクション | NGS | リファレンス配列
- イントロダクション | NGS | リファレンス配列
- 2011/04/07)
- イントロダクション | NGS | アンテーション情報
- イントロダクション | NGS | アンテーション情報
- BioconductorのBiostringsのwebページ
- イントロダクション | 一般 | 遺伝子の転写開始
- イントロダクション | 一般 | 任意のキーワード
- イントロダクション | 一般 | ランダムな塩基配列
- イントロダクション | 一般 | 任意の長さの可
- イントロダクション | 一般 | 配列取得 (last m
- イントロダクション | 一般 | 指定した範囲の
- イントロダクション | 一般 | 翻訳配列(transl
- イントロダクション | 一般 | 相補鎖(complem
- イントロダクション | 一般 | 逆相補鎖(revers
- イントロダクション | 一般 | 逆鎖(reverse)を

Rのインストールと起動

基本的には[こちら](#)または[こちら](#)をご覧ください。
 よく分からぬWindowsユーザーの方へ:

- R-3.0.1-win.exe (32/64 bitともこれ)をクリックして「実行する」を選択
- 聞かれるがままに「次へ」などを押してとにかくインストールを完了させる
- Windows Vistaの人は(パッケージのインストール中に書き込み権限に関するエラーが出るのを避けるために)「コントロールパネル」-「ユーザーアカウント」-「ユーザーアカウント制御の有効化または無効化」で、「ユーザーアカウント制御(UAC)を使ってコンピュータの保護に役立たせる」のチェックをあらかじめ外しておくことを強くお勧めします。
- インストールが無事完了したら、デスクトップに出現する「R3.0.1 (32 bitの場合)」または「R x64 3.0.1 (64 bitの場合)」アイコンをダブルクリックして起動
- 以下を、「R コンソール画面上」でコピー&ペーストする。10GB程度のディスク容量を要しますが一番お手軽です。(どこからダウンロードするか?と聞かれるので、その場合は自分のいる場所から近いサイトを指定)

```
----- ここから -----
install.packages(available.packages()[,1])

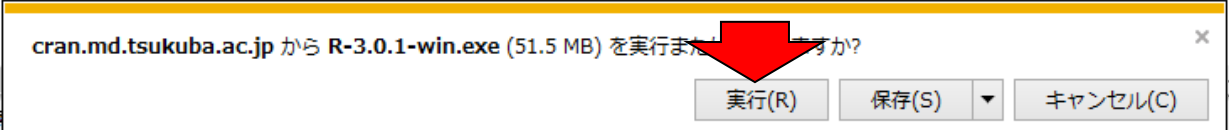
source("http://www.bioconductor.org/biocLite.R")
biocLite(all_group())

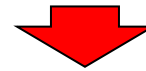
----- ここまで -----
```

#CRAN中にある全てのパッケージをインストール

#おまじない
 #Bioconductor中にある全てのパッケージをインストール

- 「コントロールパネル」-「フォルダオプション」-「表示(タブ)」-「詳細設定」のところ、「登録されている拡張子は表示しない」のチェックを外してください。





```
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
[Icons]

R Console
R version 3.0.1 (2013-05-16) -- "Good Sport"
Copyright (C) 2013 The R Foundation for Statistical Computing
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。

> |
```

```
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
[Icons]

R Console
R version 3.0.1 (2013-05-16) -- "Good Sport"
Copyright (C) 2013 The R Foundation for Statistical Computing
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。

> |
```

Rのインストールと起動

基本的には[こちら](#)または[こちら](#)をご覧ください。
よく分からない人でWindowsユーザーの方へ:

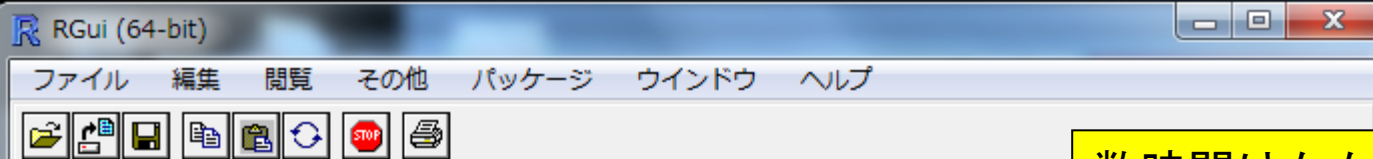
1. [R-3.0.1-win.exe](#) (32/64 bitともにこれ)をクリックして「実行する」を選択
2. 聞かれるがままに「次へ」などを押してとにかくインストールを完了させる
3. **Windows Vistaの人**は(パッケージのインストール中に書き込み権限に関するエラーが出るのを避けるために)「コントロールパネル」-「ユーザーアカウント」-「ユーザーアカウント制御の有効化または無効化」で、「ユーザーアカウント制御(UAC)を使ってコンピュータの保護に役立たせる」の**チェックをあらかじめ外しておくことを強くお勧め**します。
4. インストールが無事完了したら、デスクトップに出現する「R3.0.1 (32 bitの場合)」または「R x64 3.0.1 (64 bitの場合)」アイコンをダブルクリックして起動
5. 以下を、「R コンソール画面上」でコピー&ペーストする。10GB程度のディスク容量を要しますが一番お手軽です。(どこからダウンロードするか?と聞かれるので、その場合は自分のいる場所から近いサイトを指定)



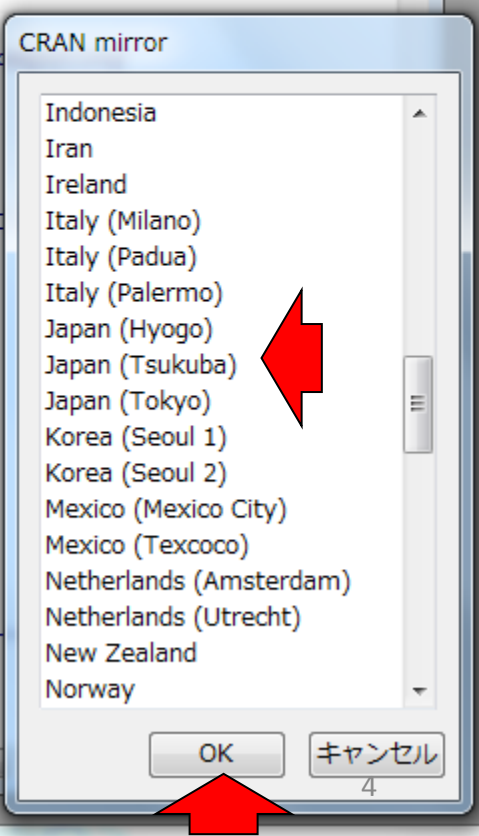
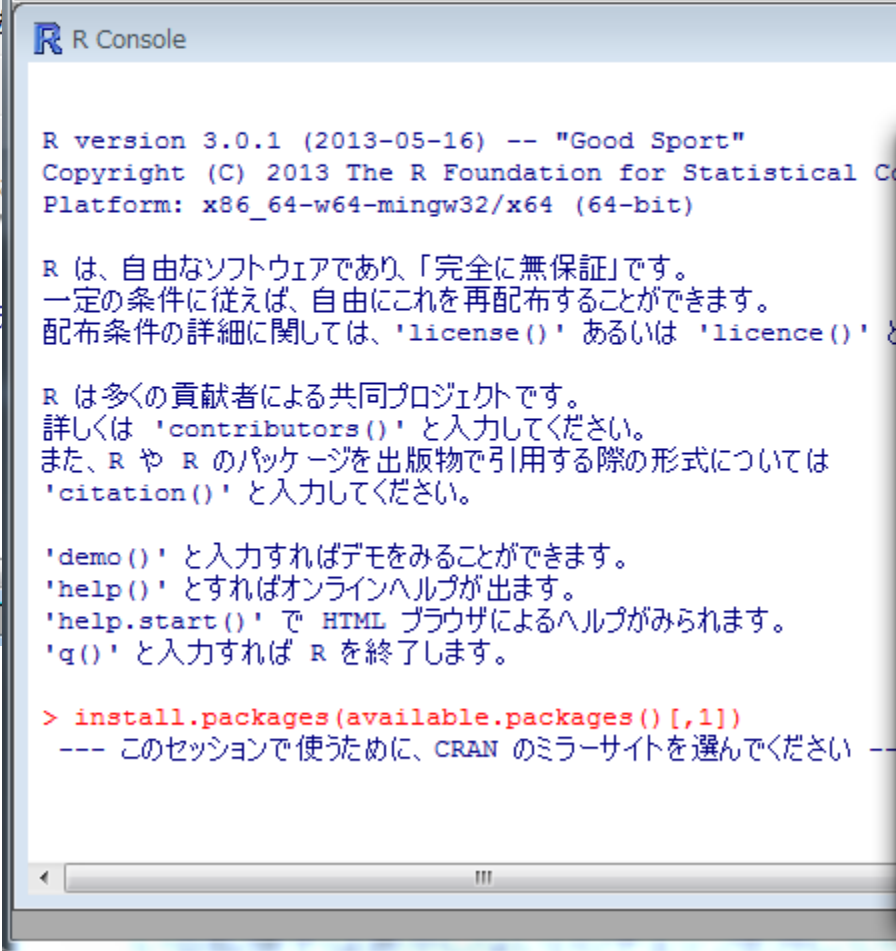
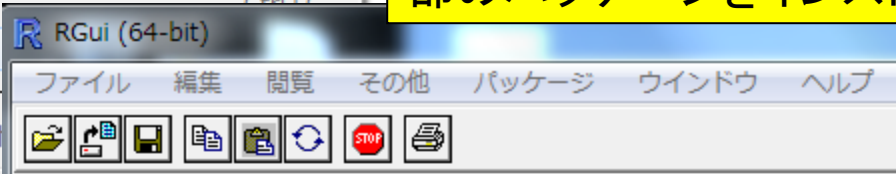
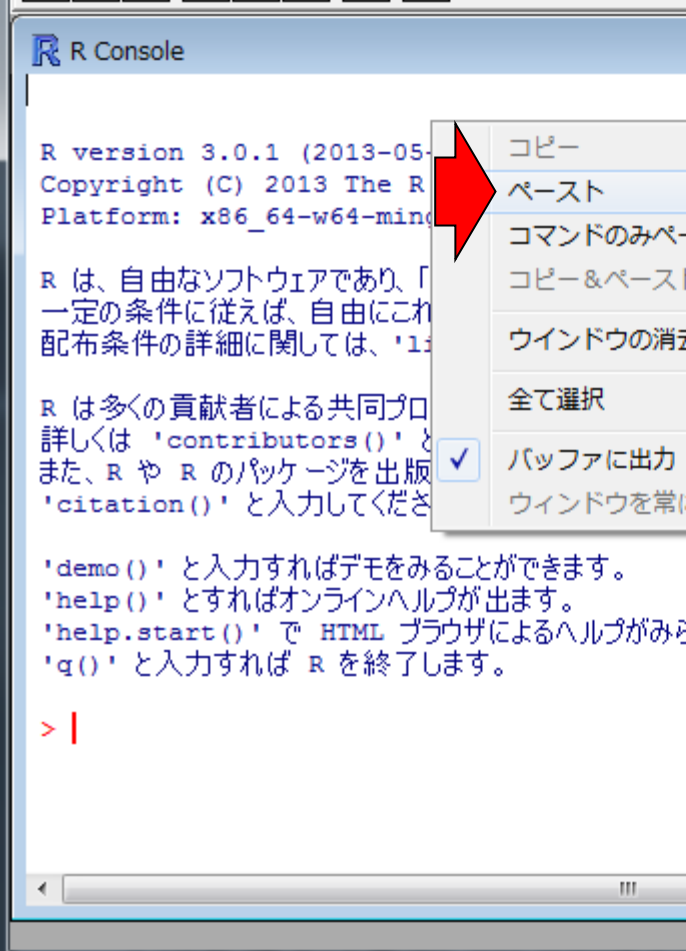
```
----- ここから -----
install.packages(available.packages()[,1])
source("http://www.bioconductor.org/biocLite.R")
biocLite(all_group())
----- ここまで -----
```

6. 「コントロールパネル」-「フォルダオプション」-「表示の拡張子は表示しない」のチェックを外してくだ

A context menu is shown over the code block, with the 'コピー(C)' (Copy) option highlighted. A red arrow points to this option. Other menu items include '切り取り(T)', '貼り付け', 'すべて選択(A)', '印刷(I)...', '印刷プレビュー(N)...', 'Bing でマップ', 'Bing で翻訳', 'Google で検索', and '電子メール (Windows Live Hotmail)'.



数時間はかかります。途中で何か問い合わせてきたりもしますが、基本的に言われるがままに全部のパッケージをインストールしておきましょう



Rのインストールと起動

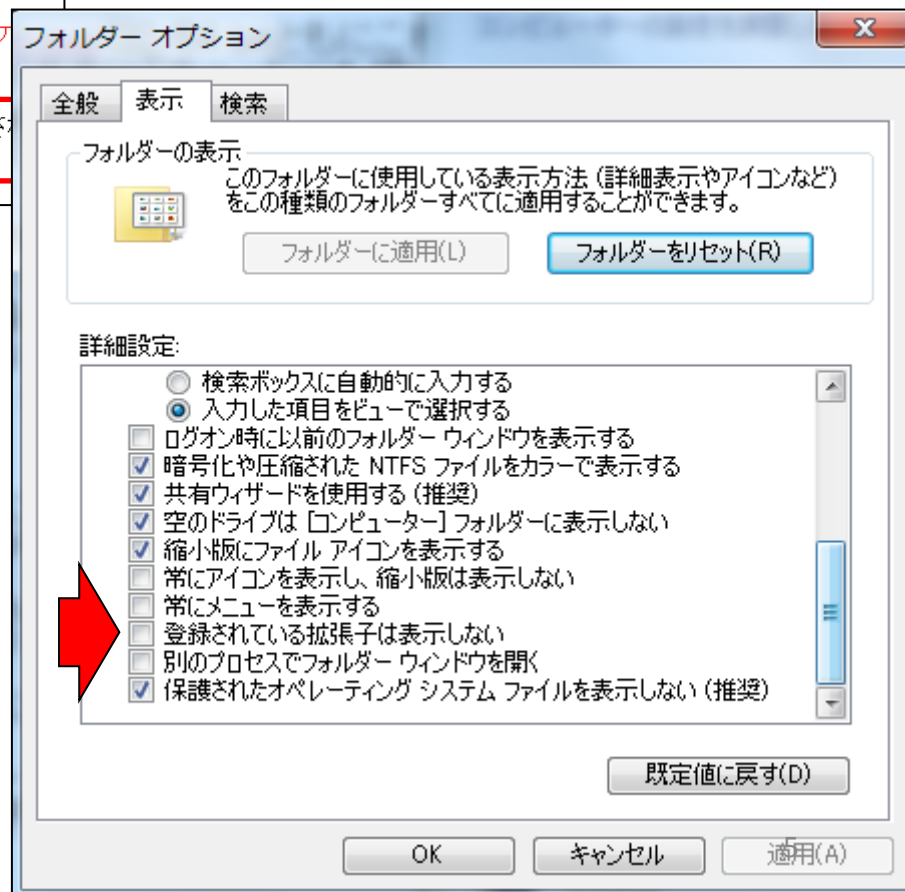
基本的には[こちら](#)または[こちら](#)をご覧ください。
よく分からない人でWindowsユーザーの方へ:

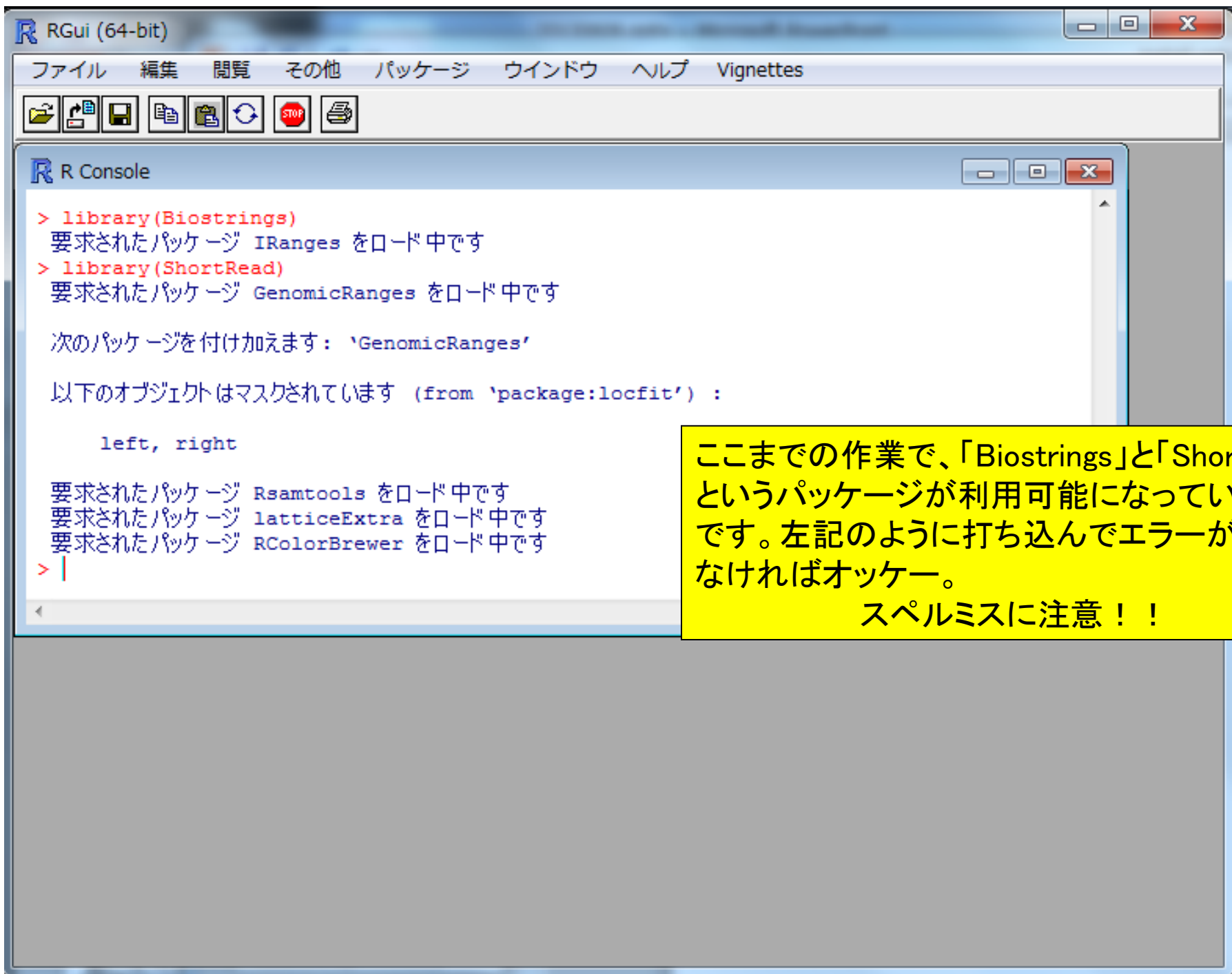
1. `R-3.0.1-win.exe` (32/64 bitとも(これ)をクリックして「実行する」を選択
2. 聞かれるがままに「次へ」などを押してとにかくインストールを完了させる
3. **Windows Vistaの人は**(パッケージのインストール中に書き込み権限に関するエラーが出るのを避けるために)「コントロールパネル」-「ユーザーアカウント」-「ユーザーアカウント制御の有効化または無効化」で、「ユーザーアカウント制御(UAC)を使ってコンピュータの保護に役立たせる」の**チェックを外す**ことを強くお勧めします。
4. インストールが無事完了したら、デスクトップに出現する「R3.0.1 (32 bitの場合)」または「R x64 3.0.1 (64 bitの場合)」アイコンをダブルクリックして起動
5. 以下を、「R コンソール画面上」でコピー&ペーストする。10GB程度のディスク容量を要しますが一番お手軽です。(どこからダウンロードするか?と聞かれるので、その場合は自分のいる場所から近いサイトを指定)

```
----- ここから -----  
install.packages(available.packages()[,1]) #CRAN中にある全てのパッケージをインストール  
  
source("http://www.bioconductor.org/biodLite.R") #おまじない  
biodLite(all_group()) #Bioconductor中にある全てのパッケージをインストール  
  
----- ここまで -----
```

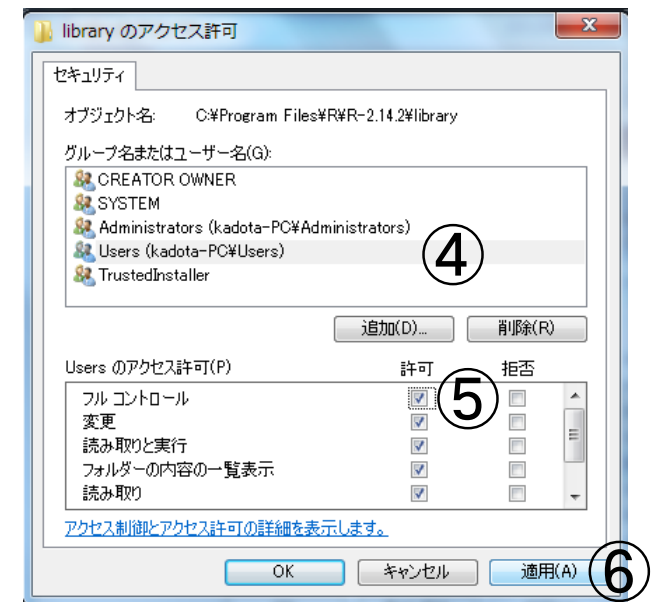
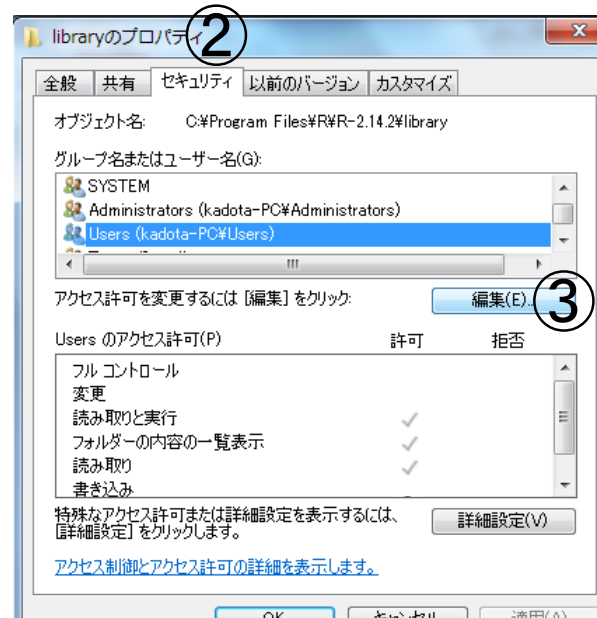
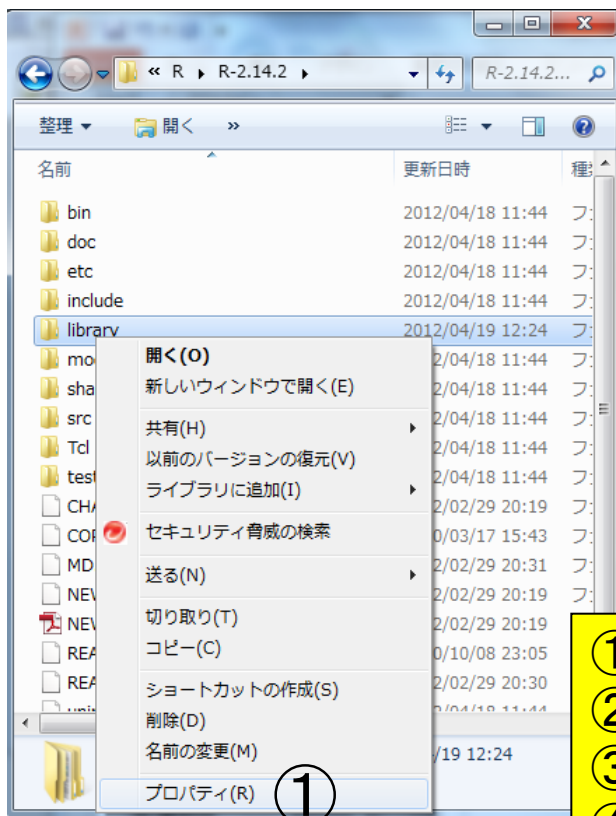
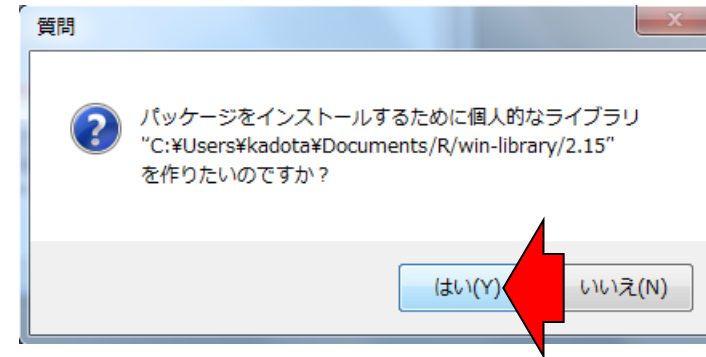
6. 「コントロールパネル」-「フォルダオプション」-「表示(タブ)」-「詳細設定」のところ、「登録されている拡張子は表示しない」のチェックを外してください。

チェックが外れていればおっけーです。





「“C:/Program Files/R/R-3.0.1/library”に書き込み権限がない」的なエラーが出てしまった人は、書き込み権限を取得してもう一度トライ



- ① 文句を言われたフォルダ上で右クリックでプロパティを選択
- ② セキュリティタブを選択
- ③ 編集をクリック
- ④ ログインしているユーザーを選択(フルコントロールにチェックなし)
- ⑤ フルコントロールにチェックを入れる
- ⑥ 適用をクリック

(Rで)塩基配列解析(主に次世代シーケンサーのデータ) (last modified 2013/05/24, since 2010)

What's new?

RパッケージTCCの最新版は1.1.99です。6月6日に開催されるNAIST植物グローバル教育プロジェクト・平成25年度ワークショップでは、R(ver. 3.0.1)とTCC(ver. 1.1.99)をベースに話を予定しています。Rのバージョン自体は2.15.3でもたぶん大丈夫だとは思いますが。。Rのインストールと起動を実行したあとにTCC(ver. 1.1.99)のインストールも忘れずに行ってください。Windowsのヒト用の詳細なインストール方法は[こちら](#)です。また、当日はhoge.zipという圧縮ファイルを解凍して得られる“hoge”というフォルダがデスクトップ上にあるという前提でセミナーを行いますのでこの圧縮ファイルもダウンロードと解凍をやってください。(2013/05/24)NEW

- 平成25年6月27日、7月3、4日にこのウェブページ関連の実習を含む講義(農学生命情報科学特論)を行います。東大生以外の外部の方も受講可能です。詳しくは事務局までお問い合わせください。(2013/05/23)NEW
- R3.0.1がリリースされていたのでこれに変更しました。(2013/05/17)NEW

- [はじめに](#) (last modified 2012/03/29)
- [Rのインストールと起動](#) (last modified 2013/05/17) NEW
- [サンプルデータ](#) (last modified 2013/01/23)
- イントロダクション | NGS | [各種覚書](#) (last modified 2010/12/10)
- イントロダクション | NGS | [様々なプラットフォーム](#) (last modified 2011/07/15)
- イントロダクション | NGS | [リファレンス配列取得\(マップされる側\)](#) (last modified 2011/02/03)
- イントロダクション | NGS | [リファレンス配列取得後の各種情報抽出\(特にRefSeq\)](#) (last modified 2011/03/20)
- イントロダクション | NGS | [リファレンス配列取得後の各種情報抽出2\(readFASTA関数の利用\)](#) (last modified 2011/04/07)
- イントロダクション | NGS | [リファレンス配列取得後の各種情報抽出3\(readFASTA関数の利用\)](#) (last modified 2011/04/07)

次はTCCというRパッケージのインストールです。



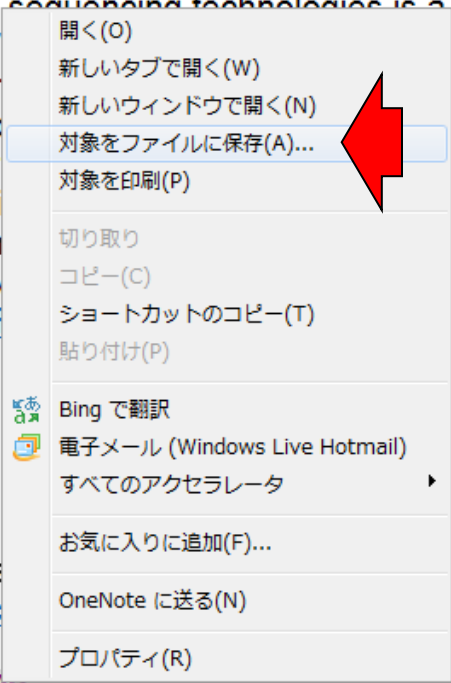
TCC ver. 1.1.99というパッケージの圧縮ファイル(*.tar.gz形式のファイル)をデスクトップにダウンロードします。

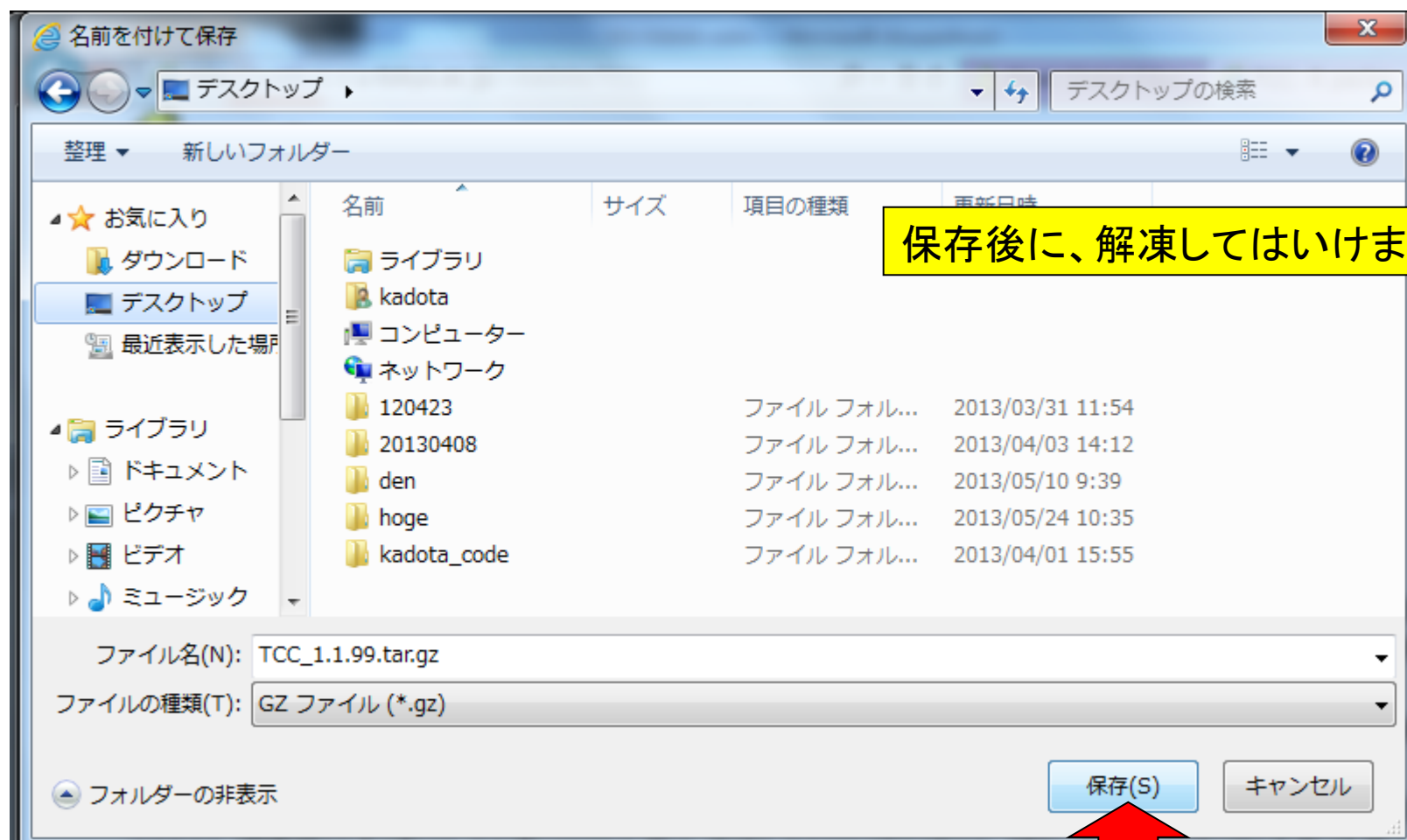
TCC: an R package for comparing tag count data with robust normalization strategies

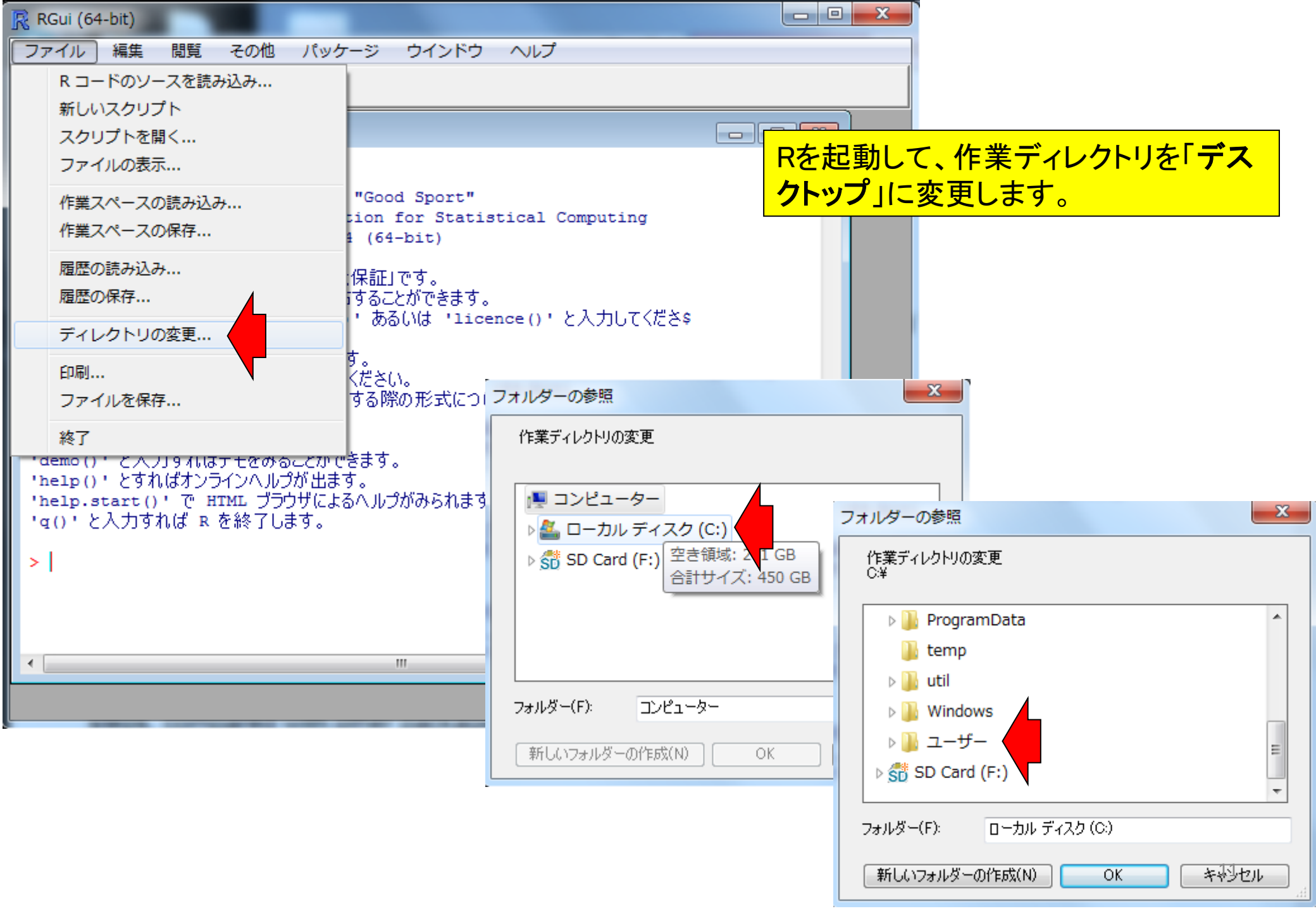
The R package, **TCC** provides users with a robust and accurate framework to perform differential expression analysis of tag count data. Differential expression analysis of tag count data (such as RNA-seq) from high-throughput sequencing technologies is a fundamental means of studying gene expression. We developed a normalization method ([TbT](#); Kadota et al., 2012) for replicates. The strategy is to remove data that are poor genes (DEGs) before performing the data normalization. We developed an elimination strategy (called DEGES) for data normalization. We developed a well-ranked gene list in which true DEGs are top-ranked. **TCC** provides integrated analysis pipelines in several steps, compared with other packages such as [edgeR](#) and [DESeq2](#) by appropriately combining their functionalities.

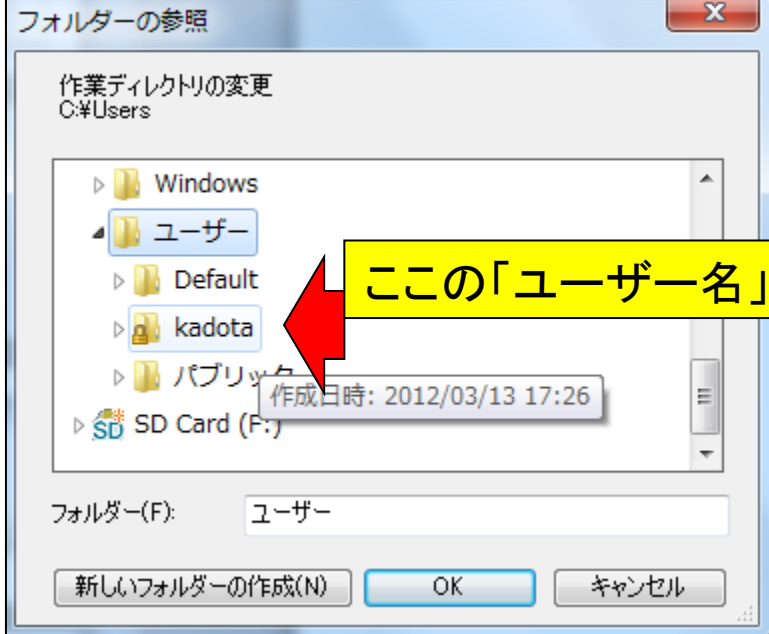
Important note! (last modified: May 22, 2013)

While the older version ([ver. 1.1.3](#)) of this package is available in the [CRAN](#) repository, we are now moving it from [CRAN](#) to [Bioconductor](#) until the next release (perhaps, ver. 1.2.0) of TCC is available. The latest version available on this webpage is [ver. 1.1.99](#).

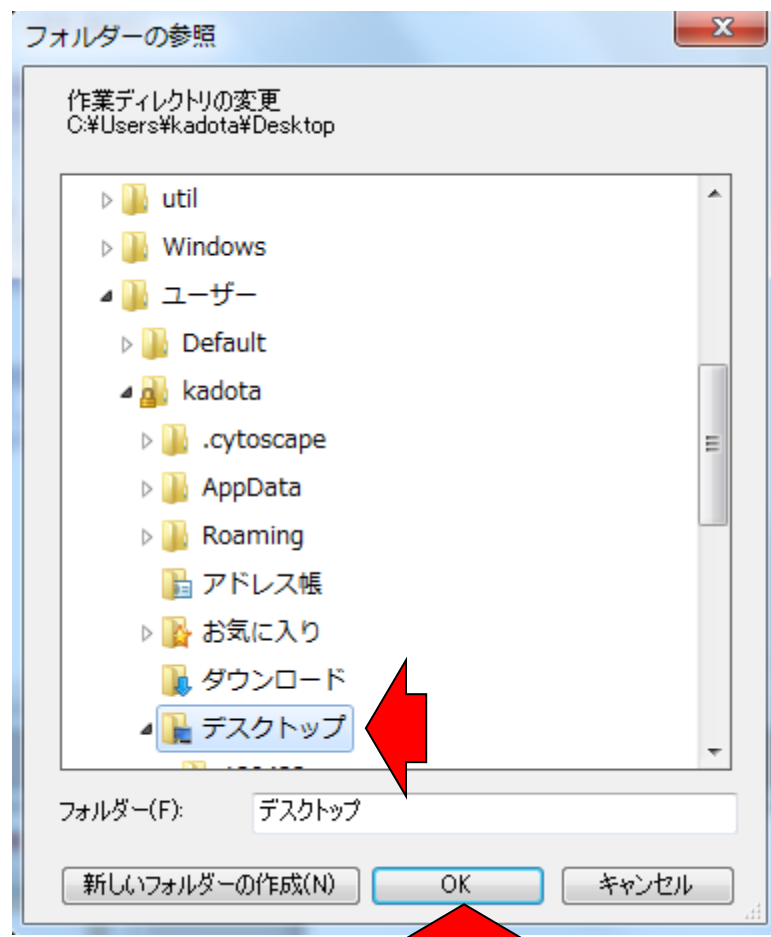


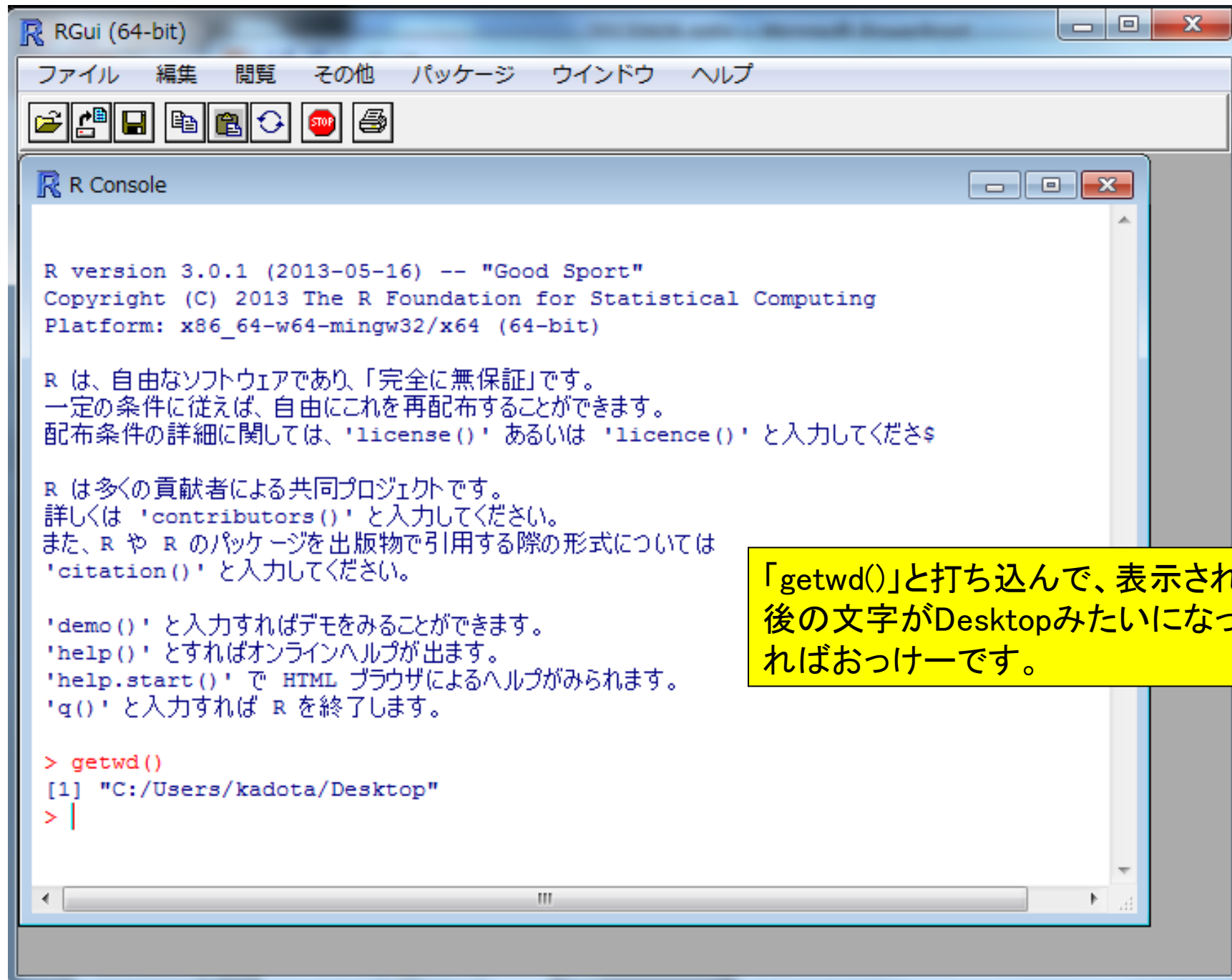






この「ユーザー名」はひとそれぞれ





TCC: an R package for comparing tag count data with robust normalization strategies

The R package, **TCC** provides users with a robust and accurate framework to perform differential expression analysis of tag count data. Differential expression analysis of tag count data (such as RNA-seq) from high-throughput sequencing technologies is a fundamental means of studying gene expression. We recently developed a multi-step normalization method ([TbT](#); Kadota et al., 2012) for two-group RNA-seq data with replicates. The strategy is to remove data that are potential differentially expressed genes (DEGs) before performing the data normalization. We demonstrated that the DEG elimination strategy (called DEGES) for data normalization is essential for obtaining a well-ranked gene list in which true DEGs are top-ranked and non-DEGs are bottom ranked. **TCC** provides integrated analysis pipelines with improved data normalization steps, compared with other packages such as [edgeR](#), [DESeq](#), and [baySeq](#), appropriately combining their functionalities.

TCCパッケージのウェブサイトに行って、左下部分のコマンドをコピー

Important note! (last modified: May 22, 2013)

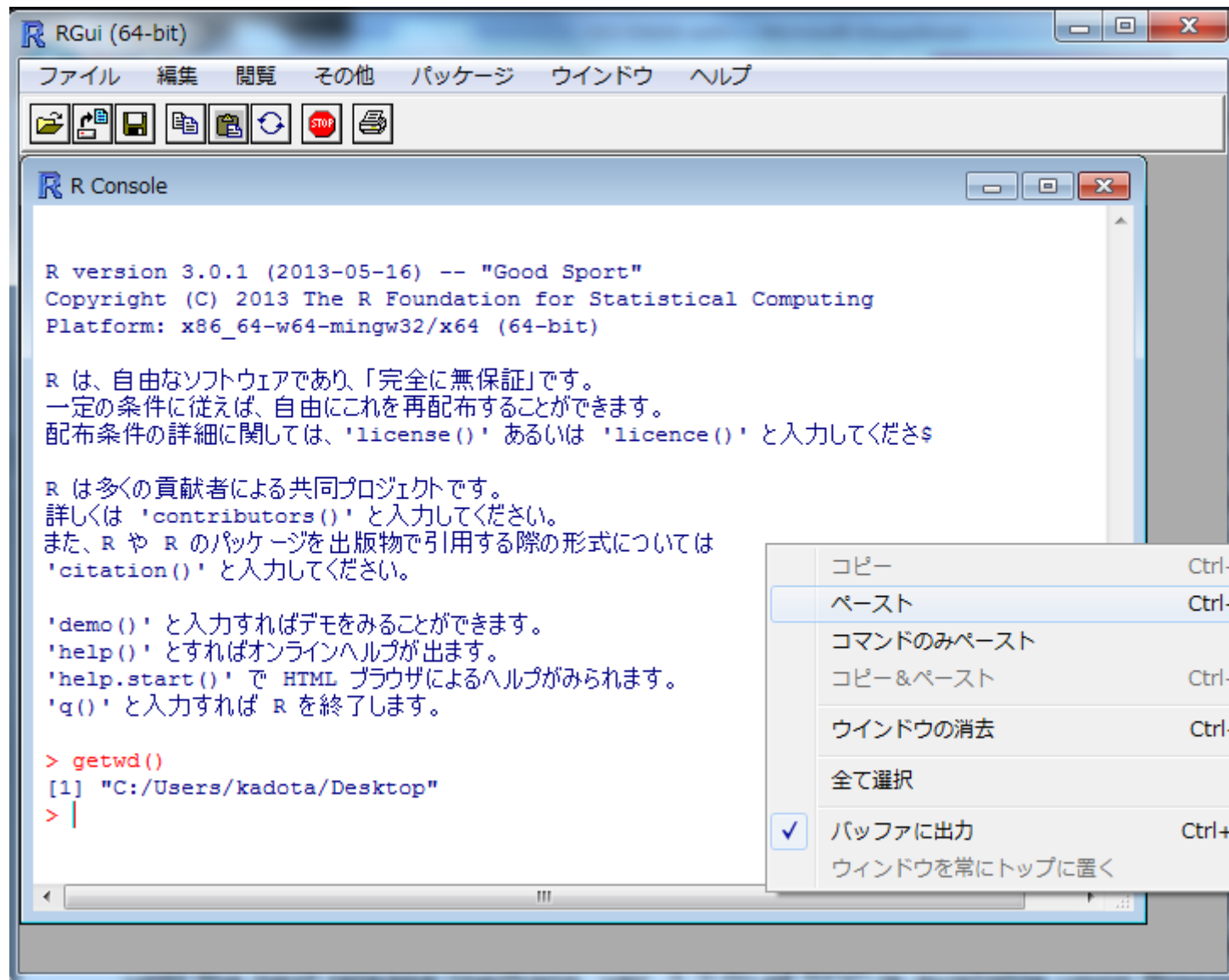
While the older version ([ver. 1.1.3](#)) of this package is currently available at repository, we are now moving it from [CRAN](#) to [Bioconductor](#). This webpage will remain available until the next release (perhaps, ver. 1.2.0) of TCC is available upon Bioconductor. The latest version available on this webpage is [ver. 1.1.99](#).

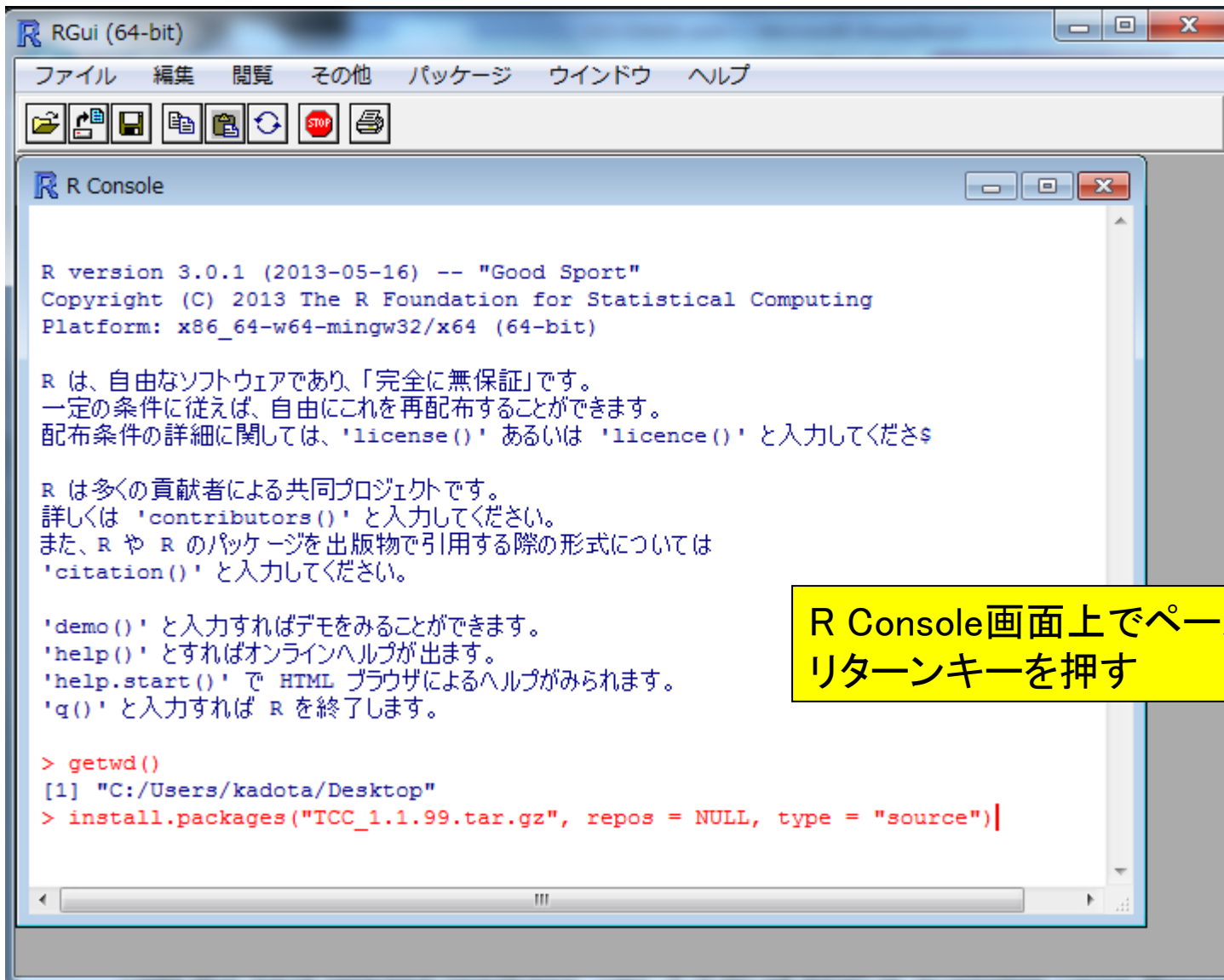
Installation

To install the latest version ([ver. 1.1.99](#)) of this package, download the [source code](#) and enter the following command after starting [R](#):

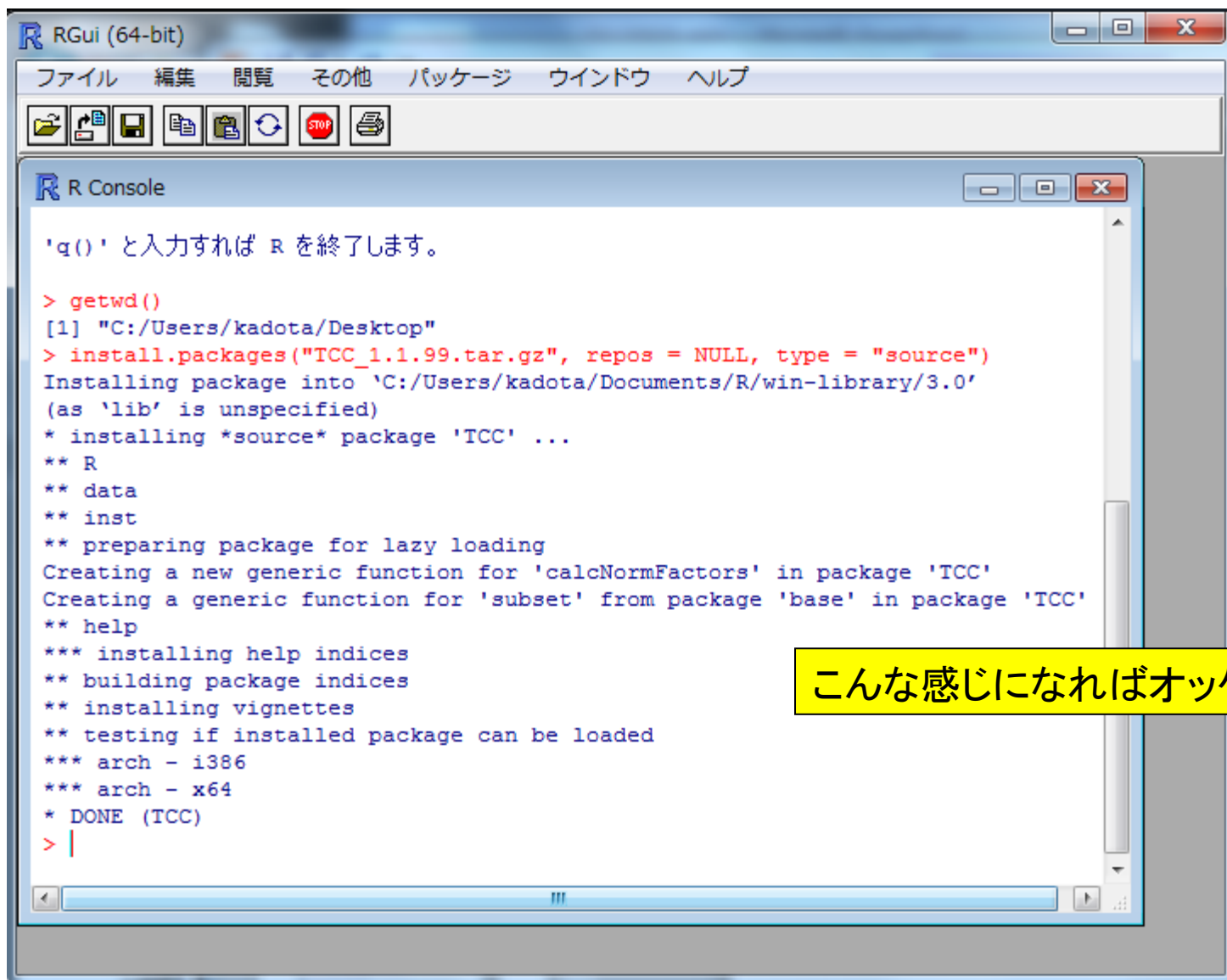
```
install.packages("TCC 1.1.99.tar.gz", repos = NULL, type = "source")
```

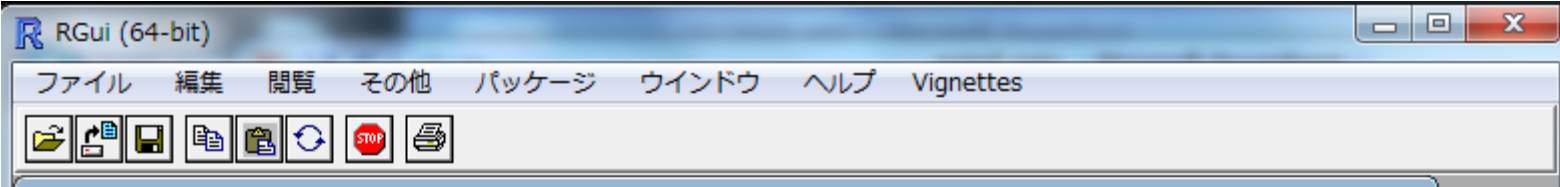
- 切り取り(T)
- コピー(C)
- 貼り付け
- すべて選択(A)
- 印刷(I)...
- 印刷プレビュー(N)...
- Bing でマップ
- Bing で翻訳
- Google で検索
- 電子メール (Windows Live Hotm...)
- すべてのアクセラレータ
- OneNote に送る(N)





R Console画面上でペーストしたのちに、
リターンキーを押す





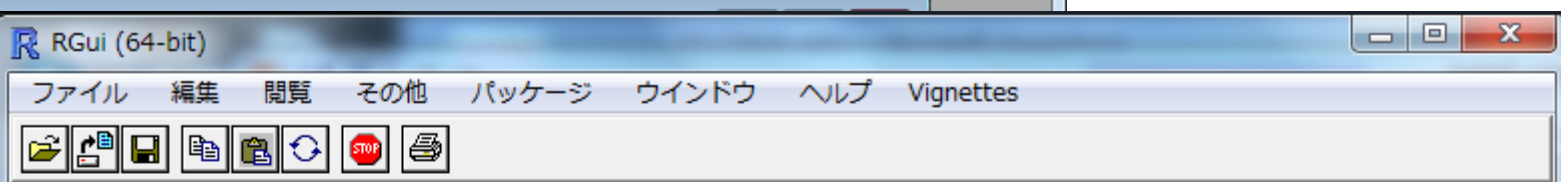
```
R Console
> library(TCC)
要求されたパッケージ DESeq をロード中です
要求されたパッケージ Biobase をロード中です
要求されたパッケージ BiocGenerics をロード中です
要求されたパッケージ parallel をロード中です

次のパッケージを付け加えます: 'BiocParallel'
以下のオブジェクトはマスクされています
  clusterApply, clusterApplyLB, clusterExport, clusterMap,
  parLapplyLB, parRapply, pmap

以下のオブジェクトはマスクされています
  xtabs

以下のオブジェクトはマスクされています
  anyDuplicated, as.data.frame, Filter, Find, get, inters,
  order, paste, pmax, pmax.col, rbind, Reduce, rep.int, r
  tapply, union, unique, un

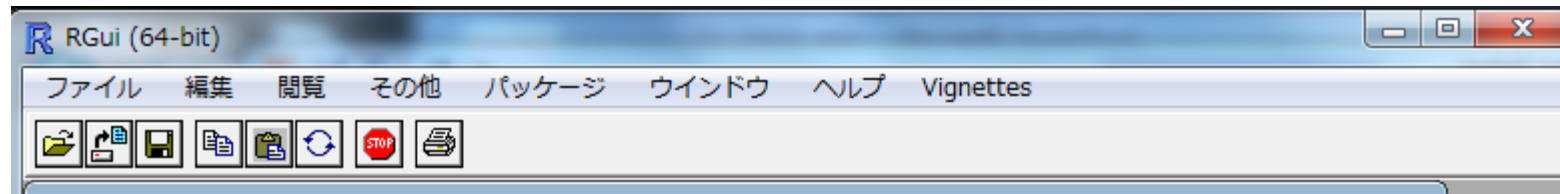
Welcome to Bioconductor
```



```
R Console
次のパッケージを付け加えます: 'limma'
以下のオブジェクトはマスクされています (from 'package:DESeq') :
  plotMA
要求されたパッケージ baySeq をロード中です
次のパッケージを付け加えます: 'baySeq'
以下のオブジェクトはマスクされています (from 'package:BiocGenerics') :
  rbind
以下のオブジェクトはマスクされています (from 'package:edgeR') :
  rbind
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マスクされています (from 'package:edgeR') :
  calcNormFactors

> |
```

「library(TCC)」と打ち込んで、エラーが出ないか確認しているだけです。スペルミスに注意！！



```
R Console
> sessionInfo()
R version 3.0.1 (2013-05-16)
Platform: x86_64-w64-mingw32/x64 (64-bit)

locale:
 [1] LC_COLLATE=Japanese_Japan.932
 [3] LC_MONETARY=Japanese_Japan.932
 [5] LC_TIME=Japanese_Japan.932

attached base packages:
 [1] parallel stats graphics grDevices

other attached packages:
 [1] TCC_1.1.99 ROC_1.36.0
 [5] limma_3.16.4 DESeq_1.12.0
 [9] Biobase_2.20.0 BiocGenerics_0.6.0

loaded via a namespace (and not attached)
 [1] annotate_1.38.0 AnnotationDbi_1.32.0
 [4] genefilter_1.42.0 geneplotter_1.38.0 grid_3.0.1
 [7] IRanges_1.18.1 RColorBrewer_1.0-5 RSQlite_0.11.3
 [10] splines_3.0.1 stats4_3.0.1 survival_2.37-4
 [13] XML_3.96-1.1 xtable_1.7-1
```

RGui (64-bit)

```
R Console
> sessionInfo()
R version 3.0.1 (2013-05-16)
Platform: x86_64-w64-mingw32/x64 (64-bit)

locale:
 [1] LC_COLLATE=Japanese_Japan.932 LC_CTYPE=Japanese_Japan.932
 [3] LC_MONETARY=Japanese_Japan.932 LC_NUMERIC=Japanese_Japan.932
 [5] LC_TIME=Japanese_Japan.932

attached base packages:
 [1] parallel stats graphics grDevices

other attached packages:
 [1] TCC_1.1.99 ROC_1.36.0
 [5] limma_3.16.4 DESeq_1.12.0
 [9] Biobase_2.20.0 BiocGenerics_0.6.0

loaded via a namespace (and not attached)
 [1] annotate_1.38.0 AnnotationDbi_1.32.0 grid_3.0.1
 [4] genefilter_1.42.0 geneplotter_1.38.0 RSQlite_0.11.3
 [7] IRanges_1.18.1 RColorBrewer_1.0-5 survival_2.37-4
 [10] splines_3.0.1 stats4_3.0.1 xtable_1.7-1
 [13] XML_3.96-1.1
```

コピー	Ctrl+C
ペースト	Ctrl+V
コマンドのみペースト	
コピー&ペースト	Ctrl+X
ウインドウの消去	Ctrl+L
全て選択	
<input checked="" type="checkbox"/> バッファに出力	Ctrl+W

もしエラーが出る場合は「sessionInfo()」と打ち込んで表示される情報をコピーして...

インストールできません - メッセージ (テキスト形式)

ファイル メッセージ 挿入 オプション 書式設定 校閲 活用しよう! アウトLOOK

送信(S) 差出人(M) kadota@iu.a.u-tokyo.ac.jp

宛先... CC(C)... BCC(B)...

件名(U): インストールできません

```
たすけてください。。。↵
↵
> sessionInfo()↵
R version 3.0.1 (2013-05-16)↵
Platform: x86_64-w64-mingw32/x64 (64-bit)↵
↵
locale:↵
[1] LC_COLLATE=Japanese_Japan.932  LC_CTYPE=Japanese_Japan.932  ↵
[3] LC_MONETARY=Japanese_Japan.932 LC_NUMERIC=C                ↵
[5] LC_TIME=Japanese_Japan.932     ↵
↵
attached base packages:↵
[1] parallel  stats    graphics  grDevices  utils      datasets  methods   base      ↵
↵
other attached packages:↵
[1] TCC_1.1.99      ROC_1.36.0      baySeq_1.14.0   edgeR_3.2.3     ↵
[5] limma_3.16.4    DESeq_1.12.0    lattice_0.20-15 locfit_1.5-9.1  ↵
[9] Biobase_2.20.0  BiocGenerics_0.6.0↵
↵
loaded via a namespace (and not attached):↵
[1] annotate_1.38.0  AnnotationDbi_1.22.5 DBI_0.2-7        ↵
[4] genefilter_1.42.0  geneplotter_1.38.0  grid_3.0.1      ↵
[7] IRanges_1.18.1   RColorBrewer_1.0-5  RSQLite_0.11.3  ↵
[10] splines_3.0.1    stats4_3.0.1       survival_2.37-4 ↵
[13] XML_3.96-1.1     xtable_1.7-1       ↵
>↵
↵
```

メールを出す

(Rで)塩基配列解析(主に次世代シーケンサーのデータ) (last modified 2013/05/24, since 2010)

What's new?

RパッケージTCCの最新版は1.1.99です。6月6日に開催されるNAIST植物グローバル教育プロジェクト・平成25年度ワークショップでは、R(ver. 3.0.1)とTCC(ver. 1.1.99)をベースに話を予定しています。Rのバージョン自体は2.15.3でもたぶん大丈夫だとは思いますが。。Rのインストールと起動を実行したあとにTCC(ver. 1.1.99)のインストールも忘れずに行ってください。Windowsのヒト用の詳細なインストール方法はこちらです。また、当日はhoge.zipという圧縮ファイルを解凍して得られる“hoge”というフォルダがデスクトップ上にあるという前提でセミナーを行いますのでこの圧縮ファイルもダウンロードと解凍をやってください。(2013/05/24)NEW

- ・平成25年6月27日、7月3、4日にこのウェブページ関連の実習を含む講義(農学生命情報科学特論)を行います。東大生以外の外部の方も受講可能です。詳しくは事務局までお問い合わせください。(2013/05/23)NEW
- ・R3.0.1がリリースされていたのでこれに変更しました。(2013/05/17)NEW

最後にhoge.zipのダウンロードです。

- ・はじめに (last modified 2012/03/29)
- ・Rのインストールと起動 (last modified 2013/05/17) NEW
- ・サンプルデータ (last modified 2013/01/23)
- ・イントロダクション | NGS | 各種覚書 (last modified 2010/12/10)
- ・イントロダクション | NGS | 様々なプラットフォーム (last modified 2011/07/15)
- ・イントロダクション | NGS | リファレンス配列取得(マップされる側) (last modified 2011/02/03)
- ・イントロダクション | NGS | リファレンス配列取得後の各種情報抽出(特にRefSeq) (last modified 2011/03/20)
- ・イントロダクション | NGS | リファレンス配列取得後の各種情報抽出2(readFASTA関数の利用) (last modified 2011/04/07)
- ・イントロダクション | NGS | ... (last modified 2010/10/07)

(Rで)塩基配列解析(主に次世代シーケンサーのデータ) (last modified 2013/05/24, since 2010)

What's new?

RパッケージTOCの最新版は1.1.99です。6月6日に開催されるNAIST植物グローバル教育プロジェクト・平成25年度ワークショップでは、R(ver. 3.0.1)とTOC(ver. 1.1.99)をベースに話をする予定です。Rのバージョン自体は2.15.3でもたぶん大丈夫だとは思いますが。。。Rのインストールと起動を実行したあとにTOC(ver. 1.1.99)のインストールも忘れずに行っておいてください。Windowsのヒト用の詳細なインストール方法は[こちら](#)です。また、当日はhoge.zipという圧縮ファイルを解凍して得られる“hoge”というフォルダがデスクトップ上にあるという前提でセミナーを行います。ファイルもダウンロードと解凍をやっておいてください。(2013/05/24)NEW

- ・平成25年6月27日、7月3, 4日にこのウェブページ関連の実習を含む講義(農学生命情報科学特講)に大生以外の外部の方も受講可能です。詳しくは[事務局](#)までお問い合わせください。(2013/05/23)NEW
- ・R3.0.1がリリースされていたのでこれに変更しました。(2013/05/17)NEW

- ・ [はじめに](#) (last modified 2012/03/29)
- ・ [Rのインストールと起動](#) (last modified 2013/05/17) NEW
- ・ [サンプルデータ](#) (last modified 2013/01/23)
- ・ [イントロダクション](#) | NGS | [各種覚書](#) (last modified 2010/12/10)
- ・ [イントロダクション](#) | NGS | [様々なプラットフォーム](#) (last modified 2011/07/15)

- 開く(O)
- 新しいタブで開く(W)
- 新しいウィンドウで開く(N)
- 対象をファイルに保存(A)...
- 対象を印刷(P)
- 切り取り
- コピー(C)
- ショートカットのコピー(T)
- 貼り付け(P)
- Bing で翻訳
- 電子メール (Windows Live H

(Rで)塩基配列解析(主に次世代シーケンサーのデータ) (last modified 2013/05/24, since 2010)

What's new?

RパッケージTOCの最新版は1.1.99です。6月6日に開催される[NAIST植物グローバル教育プロジェクト・平成25年度ワークショップ](#)では、R(ver. 3.0.1)とTOC(ver. 1.1.99)をベースに話をする予定です。Rのバージョン自体は2.15.3でもたぶん大丈夫だとは思いますが。。。 [Rのインストールと起動](#)を実行したあとにTOC(ver. 1.1.99)のインストールも忘れずに行っておいてください。Windowsのヒト用の詳細なインストール方法は[こちら](#)です。また、当日はhoge.zipという圧縮ファイルを解凍して得られる“hoge”というフォルダがデスクトップ上にあるという前提でセミナーを行いますのでこの圧縮ファイルもダウンロードと解凍をやっておいてください。(2013/05/24)NEW

- ・平成25年6月27日、7月3, 4日にこのウェブページ関連の実習を含む講義([農学生命情報科学特論](#))を行います。東大生以外の外部の方も受講可能です。詳しくは[事務局](#)までお問い合わせください。(2013/05/23)NEW
- ・R3.0.1がリリースされていたのでこれに変更しました。(2013/05/17)NEW

- ・ [はじめに](#) (last modified 2012/03/29)
- ・ [Rのインストールと起動](#) (last modified 2013/05/17) NEW
- ・ [サンプルデータ](#) (last modified 2013/01/23)
- ・ [イン](#)
- ・ [イン](#)

iu.a.u-tokyo.ac.jp から hoge.zip (3.33 MB) を開くか、または保存しますか?

ファイルを開く(O)

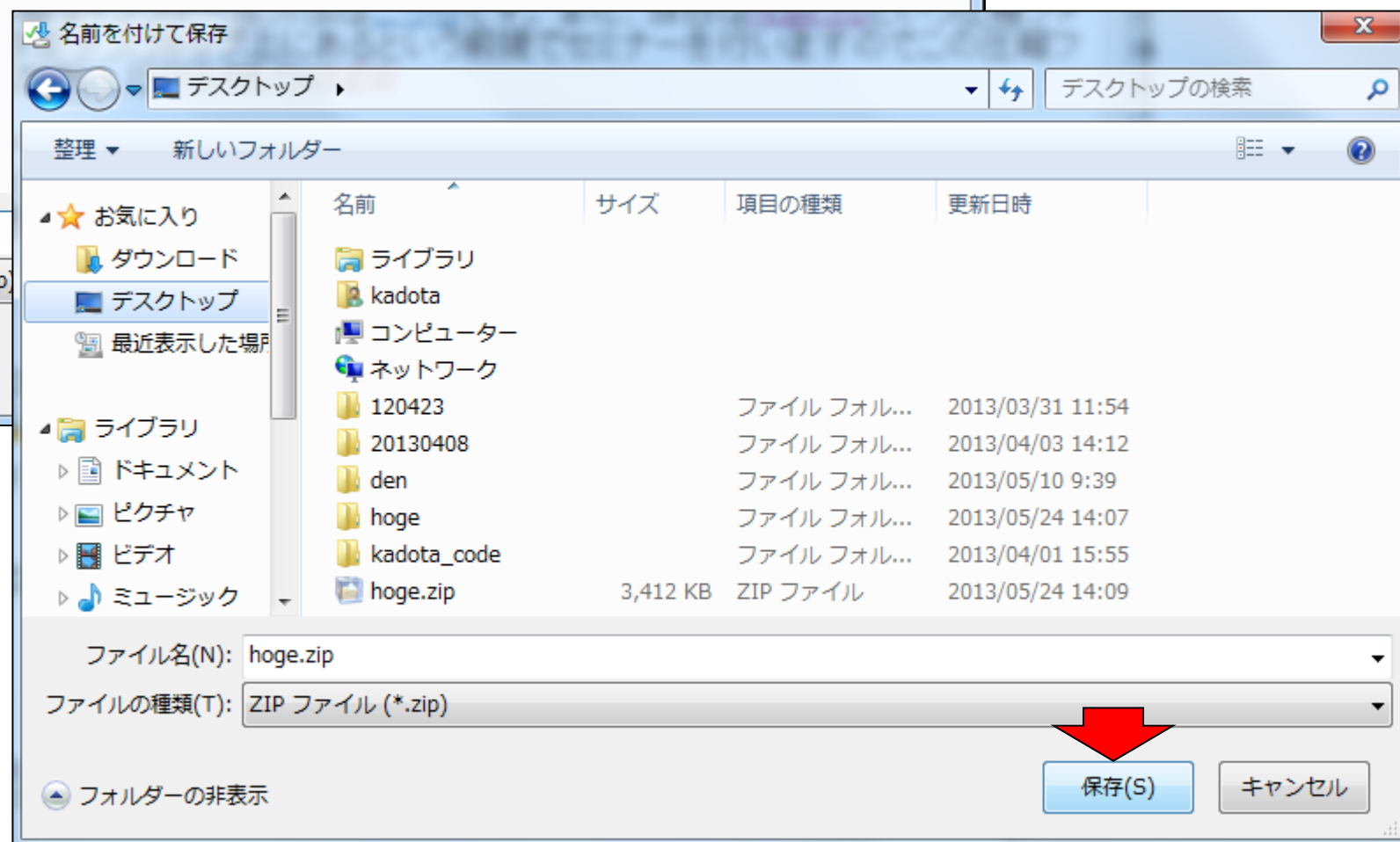
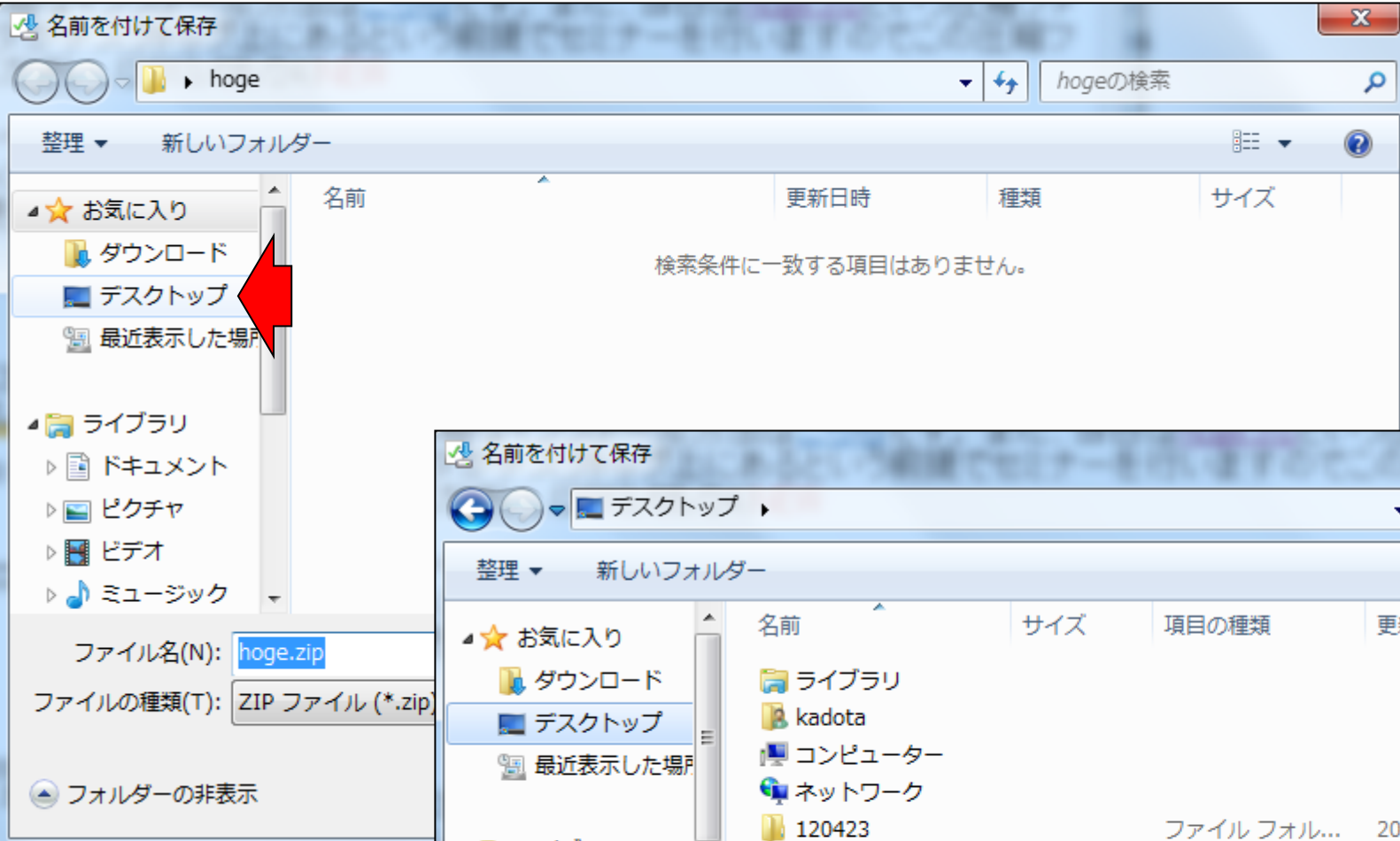
保存(S)

キャンセル(C)

保存(S)

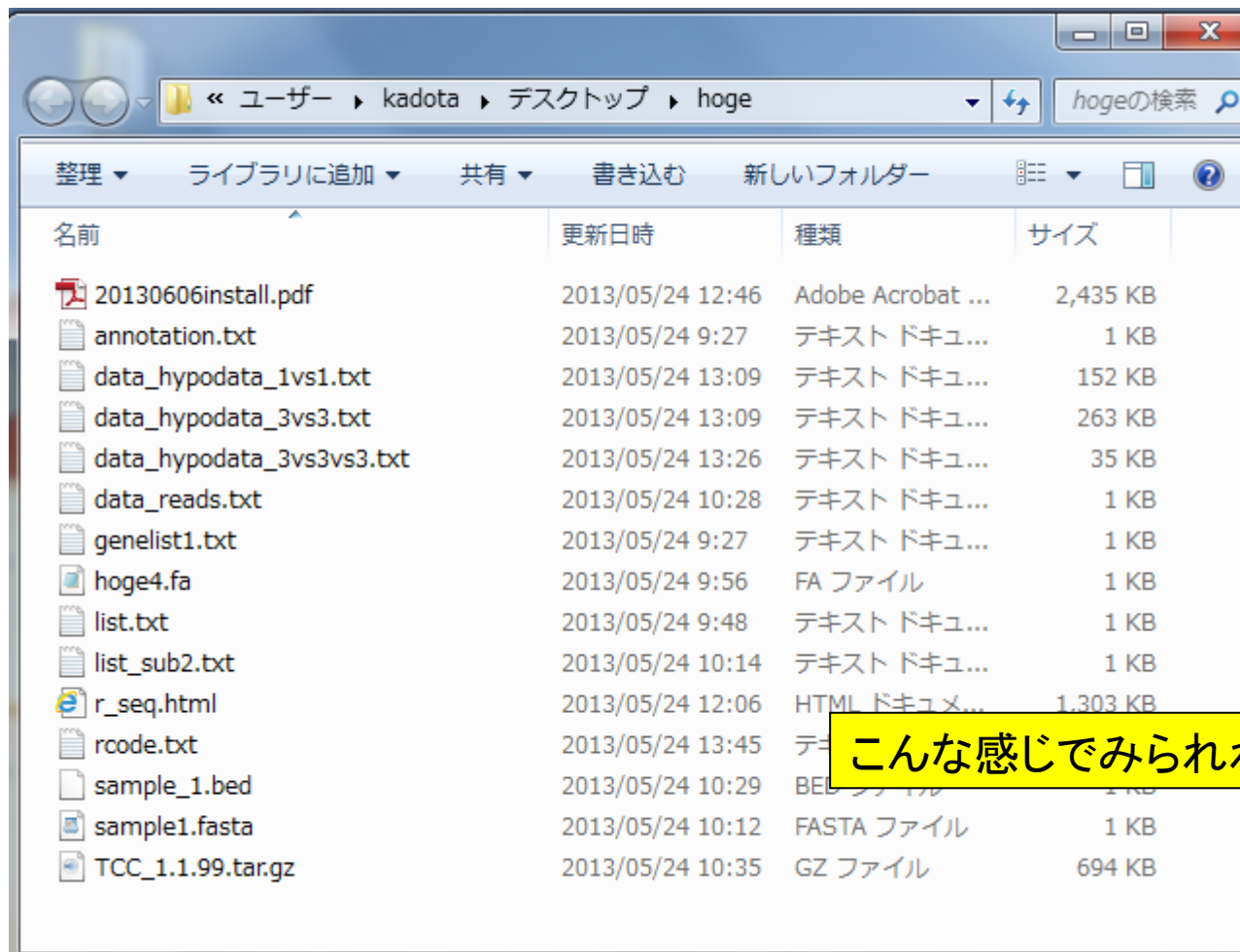
名前を付けて保存(A)

保存して開く(O)





デスクトップ上にダウンロードされた hoge.zipを(ダブルクリックするなり、解凍ソフトなりにかけるなり、どうにかして)解凍してください。



こんな感じでみられればおっけー