

次世代シーケンサーデータの解析手法

第19回 R Markdown

ウェブ資料

東京大学・大学院農学生命科学研究科
牧野磨音、清水謙多郎、門田幸二

Contents

■ R Markdown

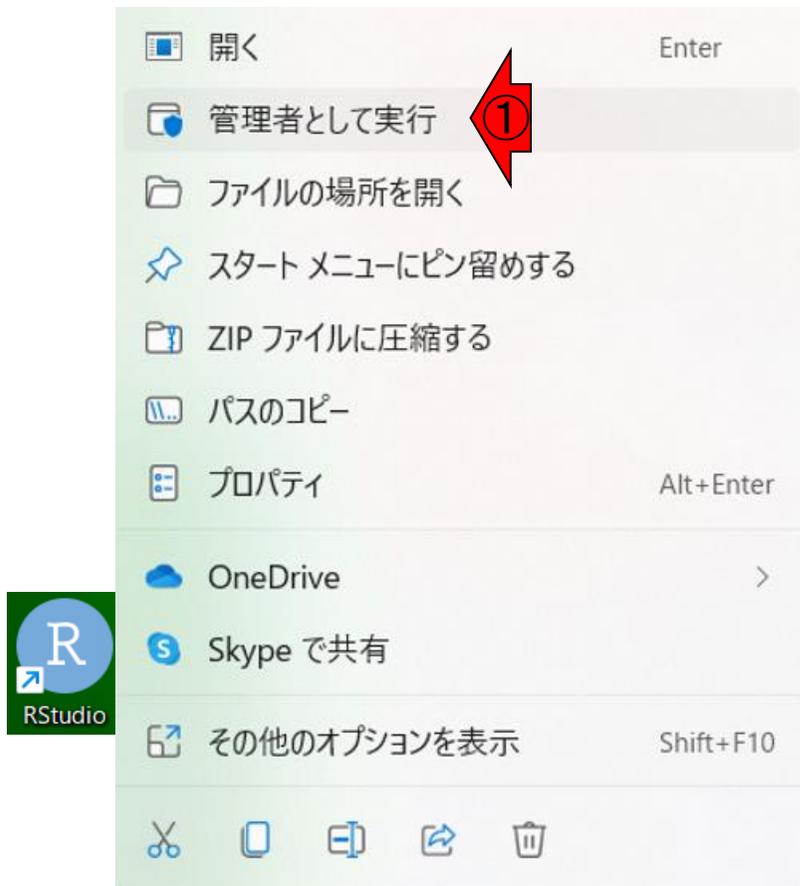
- W01: 事前準備、W02: インストール (rmarkdownとpandoc)
- W03: 依存関係、W04: R Markdownの基本的な利用法
- W05: JSLAB18.Rの一部をRmd化 (JSLAB18.Rmdの作成)、W06: Tips (YAMLヘッダ)

■ JSLAB18.Rの全部をRmd化 (JSLAB19.Rmdの作成)

- W07: パッケージのロード (チャンク1)
- W08: サンプルのクラスタリング (チャンク2)
- W09: 見出しやチャンク番号
- W10: ファイルの読込とsubsetting (チャンク3)
- W11: TCC正規化 (チャンク4)
- W12: MBCluster.Seq実行の共通部分 (チャンク5)
- W13: MBCluster.Seq本番 (K=3) (チャンク6)
- W14: MBCluster.Seq本番 (K=4~5) (チャンク7~8)
- W15: 作図 (元データの作成) (チャンク9)
- W16: 作図 (本番) (チャンク10)
- W17: Knit

W01: 事前準備1

RStudio起動時に「①管理者として実行」するのを忘れないようにしてください。理由は、W05でパッケージのインストールを行う際に不具合が生じやすいためです。



W01: 事前準備2

RStudio起動時に「①管理者として実行」するのを忘れないようにしてください。理由は、W05でパッケージのインストールを行う際に不具合が生じやすいためです。起動後の状態。

The screenshot shows the RStudio interface. The console on the left displays the R startup message and instructions. The Environment pane on the right shows an empty global environment. The Files pane at the bottom right shows the file explorer for the user's home directory.

```
R version 4.2.0 (2022-04-22 ucrt) -- "Vigorous Calisthenics"
Copyright (C) 2022 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: Global Environment (83 MIB)

Files: Home

Name	Size	Modified
その他		
Zoom		
R		
Officeのカスタム テンプレート		
My Videos		
My Pictures		
My Music		
MEGA X		
html		
desktop.ini	402 B	Dec 3, 2021
biostat		
2022		
2021		
2020		

W01: 事前準備3

RStudio起動時に「①管理者として実行」するのを忘れないようにしてください。理由は、W05でパッケージのインストールを行う際に不具合が生じやすいためです。起動後の状態。②Filesタブで見えている赤枠内はWindowsのヒトはドキュメントフォルダ直下の情報が見えています。

```
RStudio
File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help
Go to file/function Addins
R 4.2.0 · ~/
R version 4.2.0 (2022-04-22 ucrt) -- "vigorous calisthenics"
Copyright (C) 2022 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.
>
```



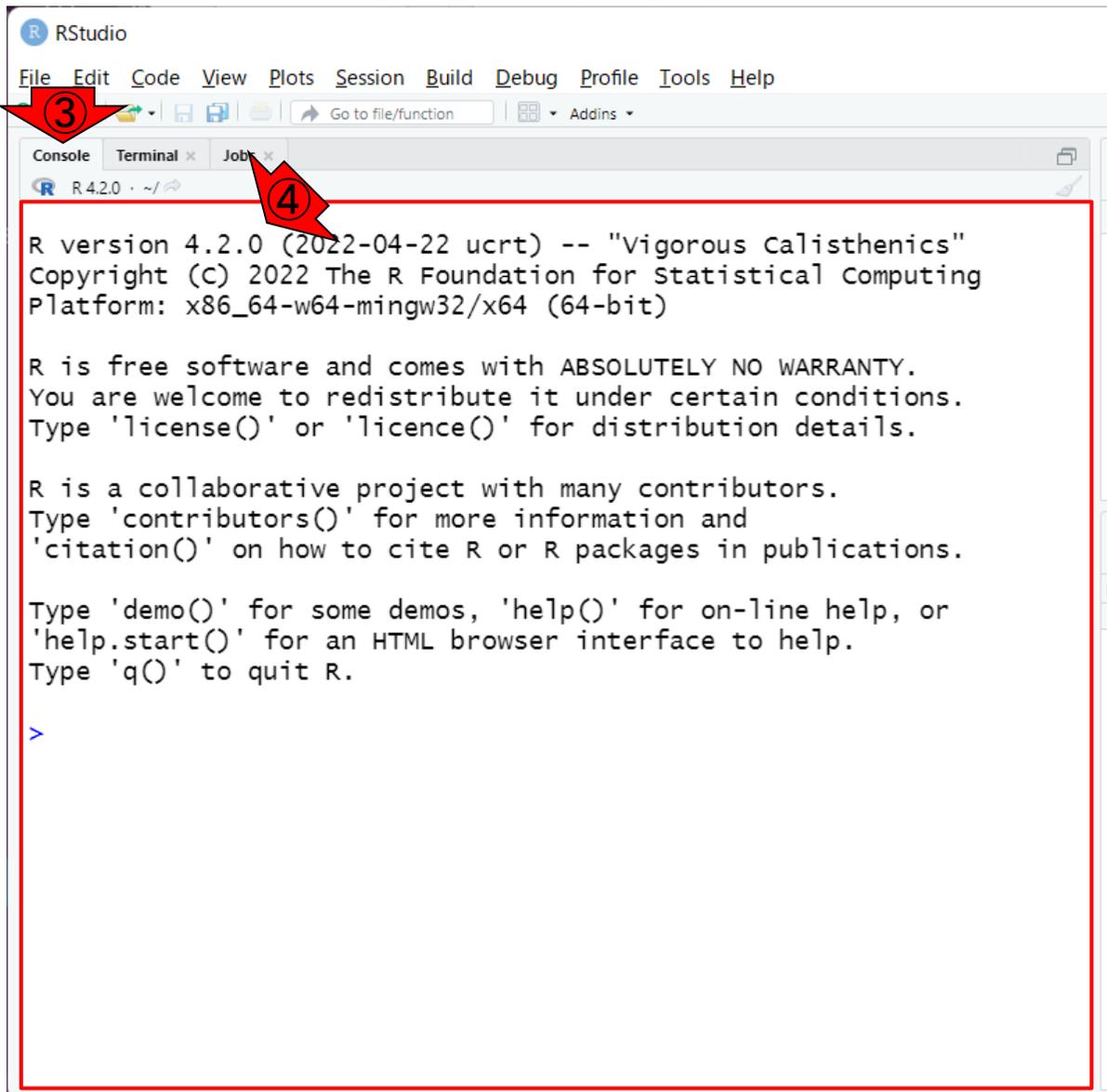
Files Plots Packages Help Viewer

Home

	Name	Size	Modified
<input type="checkbox"/>	その他		
<input type="checkbox"/>	Zoom		
<input type="checkbox"/>	R		
<input type="checkbox"/>	Officeのカスタム テンプレート		
<input type="checkbox"/>	My Videos		
<input type="checkbox"/>	My Pictures		
<input type="checkbox"/>	My Music		
<input type="checkbox"/>	MEGA X		
<input type="checkbox"/>	html		
<input type="checkbox"/>	desktop.ini	402 B	Dec 3, 2021
<input type="checkbox"/>	biostat		
<input type="checkbox"/>	2022		
<input type="checkbox"/>	2021		
<input type="checkbox"/>	2020		

W01: 事前準備4

RStudio起動時に「①管理者として実行」するのを忘れないようにしてください。理由は、W05でパッケージのインストールを行う際に不具合が生じやすいためです。起動後の状態。②Filesタブで見えている赤枠内はWindowsのヒトはドキュメントフォルダ直下の情報が見えています。③Consoleタブで見えている赤枠内がConsole画面と呼ばれるものです。④今回の内容はR ver. 4.2.0で行っています。



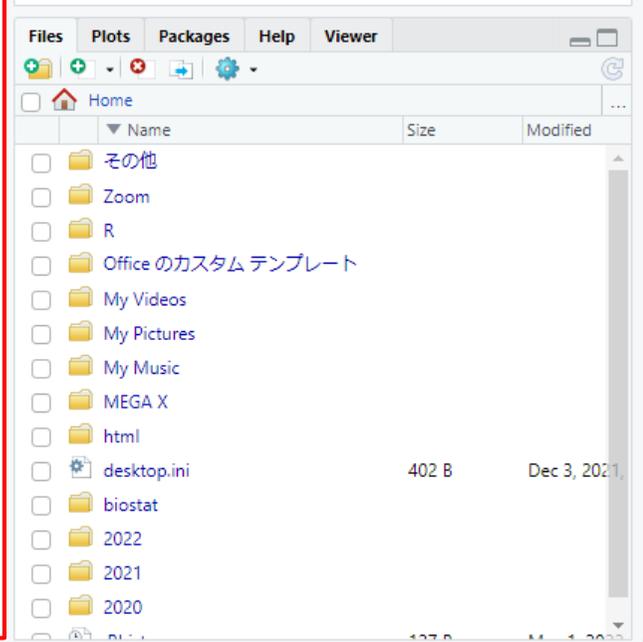
```
R version 4.2.0 (2022-04-22 ucrt) -- "Vigorous calisthenics"
Copyright (C) 2022 The R Foundation for Statistical Computing
Platform: x86_64-w64-mingw32/x64 (64-bit)

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.

>
```



W01: 事前準備5

作業ディレクトリの変更。第18回のW03とは異なるやり方です。①Session、②Set Working Directory、③Choose Directory。

RStudio

File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help

Console Terminal x Jobs x

R 4.2.0 · ~/

R version 4.2.0 (2022-01-05)
Copyright (C) 2022 The R Foundation for Statistical Computing
Platform: x86_64-w64-mingw-x86_64

R is free software; you are welcome to redistribute it under certain conditions. Type 'license()' or 'contributors()' to view the R license. 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.

> |

New Session

Interrupt R

Terminate R...

Restart R Ctrl+Shift+F10

Set Working Directory ↗

Load Workspace...

Save Workspace As...

Clear Workspace...

Quit Session... Ctrl+Q

To Source File Location

To Files Pane Location

Choose Directory... Shift+H

Environment History Connections Tutorial

Import Dataset 55 MIB

R Global Environment

Environment is empty

Files Plots Packages Help Viewer

Home

	Name	Size	Modified
<input type="checkbox"/>	その他		
<input type="checkbox"/>	Zoom		
<input type="checkbox"/>	R		
<input type="checkbox"/>	Officeのカスタム テンプレート		
<input type="checkbox"/>	My Videos		
<input type="checkbox"/>	My Pictures		
<input type="checkbox"/>	My Music		
<input type="checkbox"/>	html		
<input type="checkbox"/>	desktop.ini	402 B	Dec 3, 2021,
<input type="checkbox"/>	2022		
<input type="checkbox"/>	2021		
<input type="checkbox"/>	2020		
<input type="checkbox"/>	.Rhistory	208 B	May 20, 2021,

W01: 事前準備6

作業ディレクトリの変更。第18回のW03とは異なるやり方です。①Session、②Set Working Directory、③Choose Directory。④デスクトップ、⑤hoge、⑥Open。

RStudio

File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help

Go to file/function Addins

Environment History Connections Tutorial

Import Dataset 83 MIB

R Global Environment

R version 4.2.0 (2022-04-22 ucrt) -- "vigorous calisthenics"

Copyright Platform

R is free software. You are free to copy, modify, and redistribute it under the terms of the GNU General Public License. You should have received a copy of the GNU General Public License along with this program. If not, see https://www.gnu.org/licenses/gpl-3.0.html.

R is a cross-platform and language-independent environment for statistical computing and graphics.

Type 'help()' for help on the R console.

Type 'q()' to quit R.

>

Go To Folder

PC > デスクトップ > デスクトップの検索

整理 新しいフォルダー

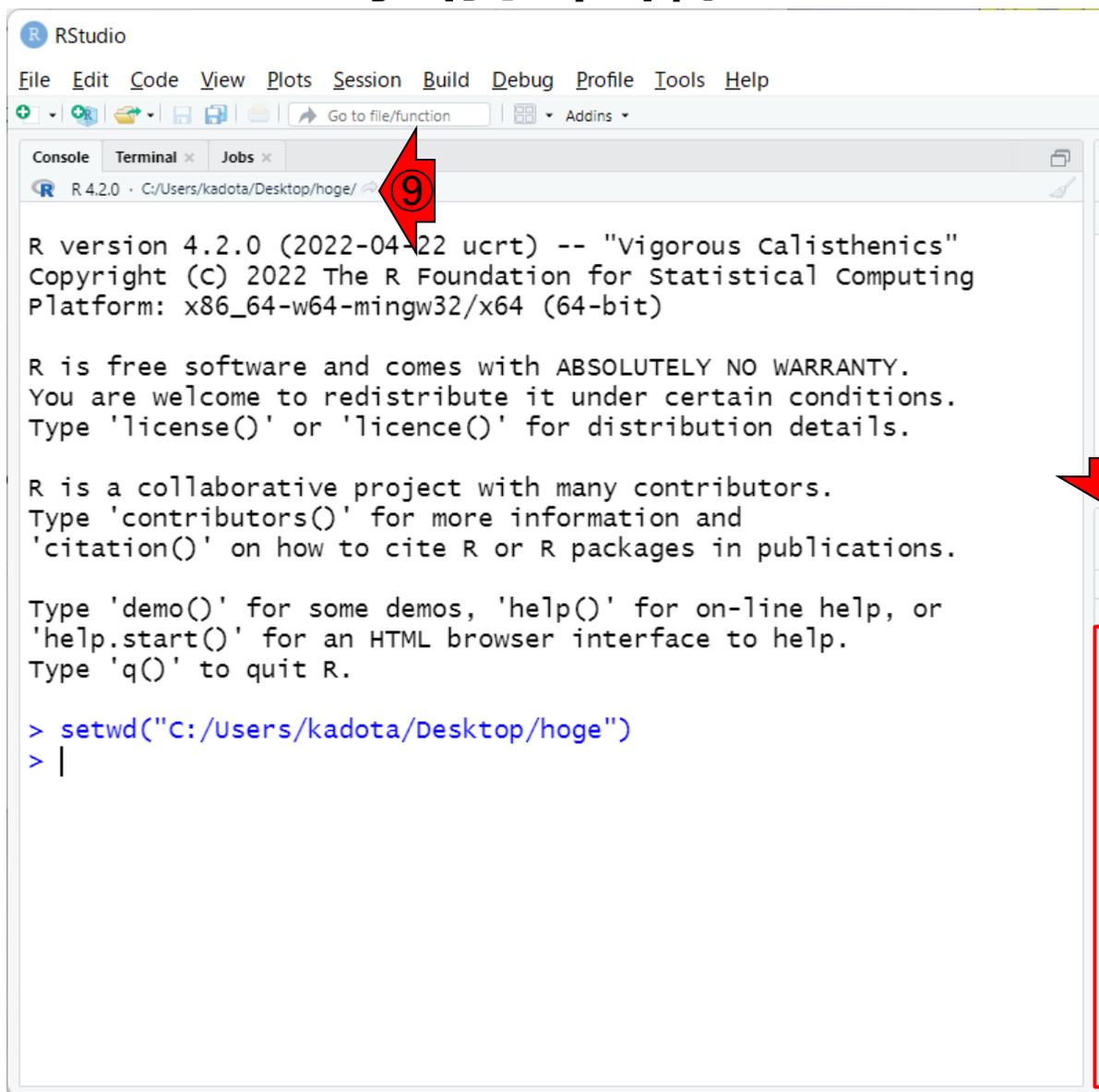
名前	更新日時	種類	サイズ
hoge	2022/05/02 21:50	ファイル フォルダ	

フォルダー: hoge

Open キャンセル

W01: 事前準備7

作業ディレクトリの変更。第18回のW03とは異なるやり方です。①Session、②Set Working Directory、③Choose Directory。④デスクトップ、⑤hoge、⑥Open。こんな感じになって、⑦Filesタブの中身が、⑧デスクトップ上のhogeフォルダのものになり、⑨も変更されます。この作業ディレクトリ変更法のメリットは、この段階で既に⑧と⑨が同じだということです。



RStudio

File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help

Go to file/function Addins

Console Terminal Jobs

R 4.2.0 · C:/Users/kadota/Desktop/hoge/ ⑨

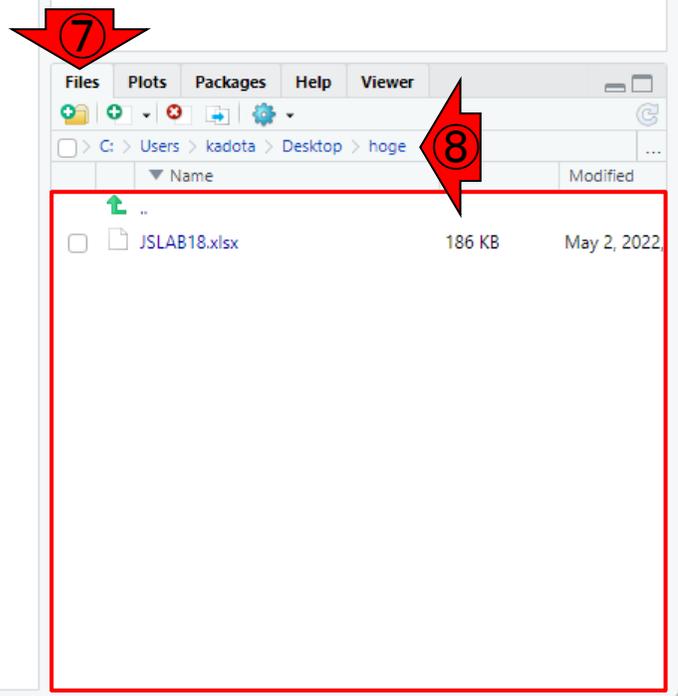
```
R version 4.2.0 (2022-04-22 ucrt) -- "Vigorous calisthenics"
Copyright (C) 2022 The R Foundation for Statistical Computing
Platform: x86_64-w64-mingw32/x64 (64-bit)

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.

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



Files Plots Packages Help Viewer

C: > Users > kadota > Desktop > hoge ⑧

Name	Modified
..	
JSLAB18.xlsx	186 KB May 2, 2022

Contents

■ R Markdown

- W01: 事前準備、W02: インストール (rmarkdownとpandoc)
- W03: 依存関係、W04: R Markdownの基本的な利用法
- W05: JSLAB18.Rの一部をRmd化 (JSLAB18.Rmdの作成)、W06: Tips (YAMLヘッダ)

■ JSLAB18.Rの全部をRmd化 (JSLAB19.Rmdの作成)

- W07: パッケージのロード (チャンク1)
- W08: サンプルのクラスタリング (チャンク2)
- W09: 見出しやチャンク番号
- W10: ファイルの読込とsubsetting (チャンク3)
- W11: TCC正規化 (チャンク4)
- W12: MBCluster.Seq実行の共通部分 (チャンク5)
- W13: MBCluster.Seq本番 (K=3) (チャンク6)
- W14: MBCluster.Seq本番 (K=4~5) (チャンク7~8)
- W15: 作図 (元データの作成) (チャンク9)
- W16: 作図 (本番) (チャンク10)
- W17: Knit

W02: インストール1

(こういうやり方をしなくてもよいといえはよいですが様々なやり方の1つとして...) R Markdownを利用するために必要な rmarkdownパッケージのインストールを行います。①Tools、②Install Packages。

The screenshot shows the RStudio interface. The 'Tools' menu is open, and 'Install Packages...' is highlighted. Red arrows labeled 1 and 2 point to the 'Tools' menu and the 'Install Packages...' option, respectively. The console shows the R version and the current working directory.

```
R version 4.2.0 (2022-04-22 ucrt) -- "Vi  
Copyright (C) 2022 The R Foundation for  
Platform: x86_64-w64-mingw32/x64 (64-bit  
  
R is free software and comes with ABSOLU  
You are welcome to redistribute it under  
Type 'license()' or 'licence()' for dist  
  
R is a collaborative project with many c  
Type 'contributors()' for more informati  
'citation()' on how to cite R or R packa  
  
Type 'demo()' for some demos, 'help()' f  
'help.start()' for an HTML browser interfa  
Type 'q()' to quit R.  
  
> setwd("C:/Users/kadota/Desktop/hoge")  
> |
```

W02: インストール2

(こういうやり方をしなくてもよいといえはよいですが様々なやり方の1つとして...) R Markdownを利用するために必要な rmarkdownパッケージのインストールを行います。①Tools、②Install Packages。こんな感じになるので、インストールしたパッケージ名を③に入力します。

RStudio

File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help

Go to file/function Addins

Console Terminal Jobs

R 4.2.0 · C:/Users/kadota/Desktop/hoge/

R version 4.2.0 (2022-04-22 ucrt) -- "Vigorous Calisthenics"
Copyright (C) 2022 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.

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

Environment is empty

Files Plots Packages Help Viewer

C: > Users > kadota > Desktop > hoge

Name	Size	Modified
..		
JSLAB18.xlsx	186 KB	May 2, 2022

W02: インストール3

(こういうやり方をしなくてもよいといえはよいですが様々なやり方の1つとして...) R Markdownを利用するために必要な rmarkdownパッケージのインストールを行います。①Tools、②Install Packages。こんな感じになるので、インストールしたパッケージ名を③に入力します。1文字ずつゆっくり打ち込んでいくとわかりませんが、候補がリストアップされます。例えば rmarkまで打ち込むと、Rmarkと rmarkdownの2つの候補に絞られるので、④目的のほうを選択。

The screenshot shows the RStudio interface. The console window displays the R version information and the R logo. The 'Install Packages' dialog box is open, and the 'Packages' field contains 'rmark'. The dropdown menu shows 'RMark' and 'rmarkdown'. Red arrows point to the input field (labeled 3) and the 'rmarkdown' option (labeled 4). The background shows the RStudio interface with the console and file explorer.

W02: インストール4

(こういうやり方をしなくてもよいといえはよいですが様々なやり方の1つとして…) R Markdownを利用するために必要な rmarkdownパッケージのインストールを行います。①Tools、②Install Packages。こんな感じになるので、インストールしたパッケージ名を③に入力します。1文字ずつゆっくり打ち込んでいくとわかりますが、候補がリストアップされます。例えば rmarkまで打ち込むと、Rmarkと rmarkdownの2つの候補に絞られるので、④目的のほうを選択。⑤の状態、⑥ Install。尚、デフォルトでは⑦にチェックが入っているので、⑤と依存関係にある他のパッケージ(この場合は後述する knitr)もインストールされる。

RStudio interface showing the R console and the 'Install Packages' dialog box. The console displays the R version 4.2.0 and the command `setwd("C:/Users/kadota/Desktop/hoge/")`. The 'Install Packages' dialog box is open, showing the 'Repository (CRAN)' selected, the 'Packages' field containing 'rmarkdown', and the 'Install to Library' field set to 'C:/Users/kadota/AppData/Local/R/win-library/4.2 [Default]'. The 'Install dependencies' checkbox is checked. Red arrows point to the 'Packages' field (5), the 'Install' button (6), and the 'Install dependencies' checkbox (7).

W02: インストール5

(こういうやり方をしなくてもよいといえはよいですが様々なやり方の1つとして…)
R Markdownを利用するために必要な rmarkdownパッケージのインストールを行います。①Tools、②Install Packages。こんな感じになるので、インストールしたパッケージ名を③に入力します。1文字ずつゆっくり打ち込んでいくとわかりますが、候補がリストアップされます。例えば rmarkまで打ち込むと、Rmarkと rmarkdownの2つの候補に絞られるので、④目的のほうを選択。⑤の状態、⑥ Install。尚、デフォルトでは⑦にチェックが入っているので、⑤と依存関係にある他のパッケージ(この場合は後述する knitr)もインストールされる。⑧のコマンドが自動的に実行されて、インストールが始まります。さきほどのGUIでの作業は⑧のコマンド入力と同義であることが理解できます。

```
RStudio
File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help
Go to file/function Addins
R 4.2.0 · C:/Users/kadota/Desktop/hoge/
R version 4.2.0 (2022-04-22 ucrt) -- "Vigorous Calisthenics"
Copyright (C) 2022 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.

> setwd("C:/Users/kadota/Desktop/hoge/")
> install.packages("rmarkdown")
WARNING: Rtools is required to build R packages but is not currently installed. Please download and install the appropriate version of Rtools before proceeding:
https://cran.rstudio.com/bin/windows/Rtools/
パッケージを 'C:/Users/kadota/AppData/Local/R/win-library/4.2' 中にインストールします
('lib' が指定されていないため)
```

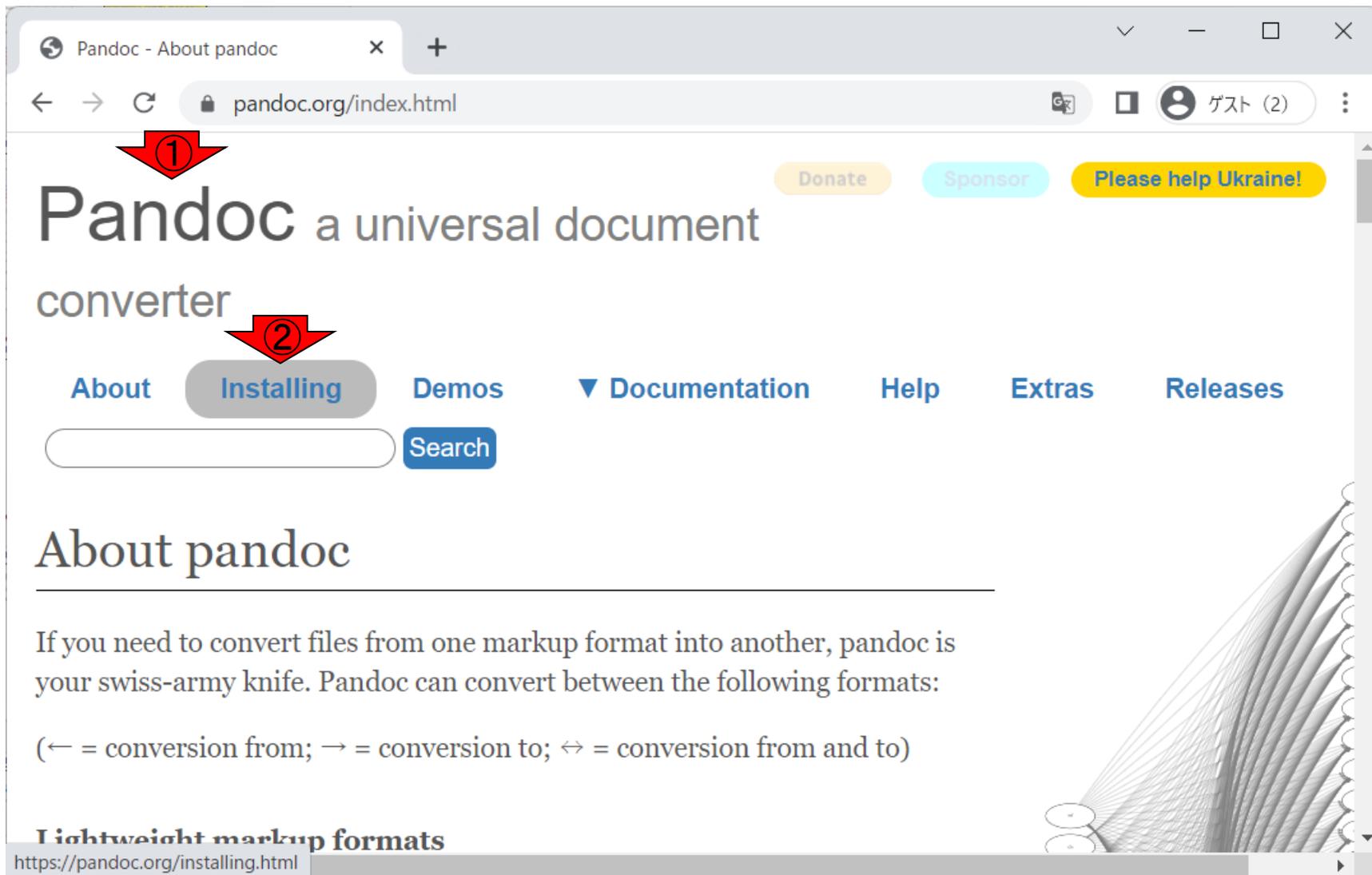
W02: インストール6

(こういうやり方をしなくてもよいといえはよいですが様々なやり方の1つとして…)
R Markdownを利用するために必要な rmarkdownパッケージのインストールを行います。①Tools、②Install Packages。こんな感じになるので、インストールしたパッケージ名を③に入力します。1文字ずつゆっくり打ち込んでいくとわかりますが、候補がリストアップされます。例えば rmarkまで打ち込むと、Rmarkと rmarkdownの2つの候補に絞られるので、④目的のほうを選択。⑤の状態、⑥ Install。尚、デフォルトでは⑦にチェックが入っているので、⑤と依存関係にある他のパッケージ(この場合は後述する knitr)もインストールされる。⑧のコマンドが自動的に実行されて、インストールが始まります。さきほどのGUIでの作業は⑧のコマンド入力と同義であることが理解できます。インストール完了後の状態。⑨rmarkdownと依存関係にあるknitrパッケージも自動的にインストール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 Jobs
R 4.2.0 · C:/Users/kadota/Desktop/hoge/
> setwd("C:/Users/kadota/Desktop/hoge")
> install.packages("rmarkdown")
WARNING: Rtools is required to build R packages but is not currently installed. Please download and install the appropriate version of Rtools before proceeding:
https://cran.rstudio.com/bin/windows/Rtools/
パッケージを 'C:/Users/kadota/AppData/Local/R/win-library/4.2' 中にインストールします
('lib' が指定されていないため)
依存対象 (dependency) 'knitr' もインストールします
trying URL 'https://cran.rstudio.com/bin/windows/contrib/4.2/knitr_1.39.zip'
Content type 'application/zip' length 1484653 bytes (1.4 MB)
downloaded 1.4 MB
trying URL 'https://cran.rstudio.com/bin/windows/contrib/4.2/rmarkdown_2.14.zip'
Content type 'application/zip' length 3714784 bytes (3.5 MB)
downloaded 3.5 MB
パッケージ 'knitr' は無事に展開され、MD5 サムもチェックされました
パッケージ 'rmarkdown' は無事に展開され、MD5 サムもチェックされました
ダウンロードされたパッケージは、以下にあります
C:\Users\kadota\AppData\Local\Temp\RtmpQ1WDeH\downloaded_packages
>
```

W02: インストール7

次は①pandocのインストール。②
Installingをクリック。



The screenshot shows the Pandoc website homepage. A red arrow with the number 1 points to the main heading 'Pandoc a universal document converter'. Another red arrow with the number 2 points to the 'Installing' link in the navigation menu. The browser's address bar shows 'pandoc.org/index.html'. The navigation menu includes 'About', 'Installing', 'Demos', 'Documentation', 'Help', 'Extras', and 'Releases'. Below the navigation menu is a search bar with a 'Search' button. The main content area starts with the heading 'About pandoc' and a paragraph: 'If you need to convert files from one markup format into another, pandoc is your swiss-army knife. Pandoc can convert between the following formats:'. Below this is a legend: '(← = conversion from; → = conversion to; ↔ = conversion from and to)'. At the bottom left, there is a section titled 'Lightweight markup formats' with a link to 'https://pandoc.org/installing.html'. The browser window title is 'Pandoc - About pandoc'.

W02: インストール8

次は①pandocのインストール。②
Installingをクリック。(Windowsの場合は)
③をクリック。

Pandoc - Installing pandoc

pandoc.org/installing.html

Donate Sponsor Please help Ukraine!

Pandoc a universal document converter

About Installing Demos Documentation Help Extras Releases

Search

Installing pandoc

The simplest way to get the latest pandoc release is to use the installer.

Download the latest installer for Windows (64-bit)

For alternative ways to install pandoc, see below under the heading for your operating system.

- Windows
- macOS
- Linux
- Chrome OS
- BSD
- Docker
- GitHub Actions
- GitLab CI/CD

https://pandoc.org/installing.html

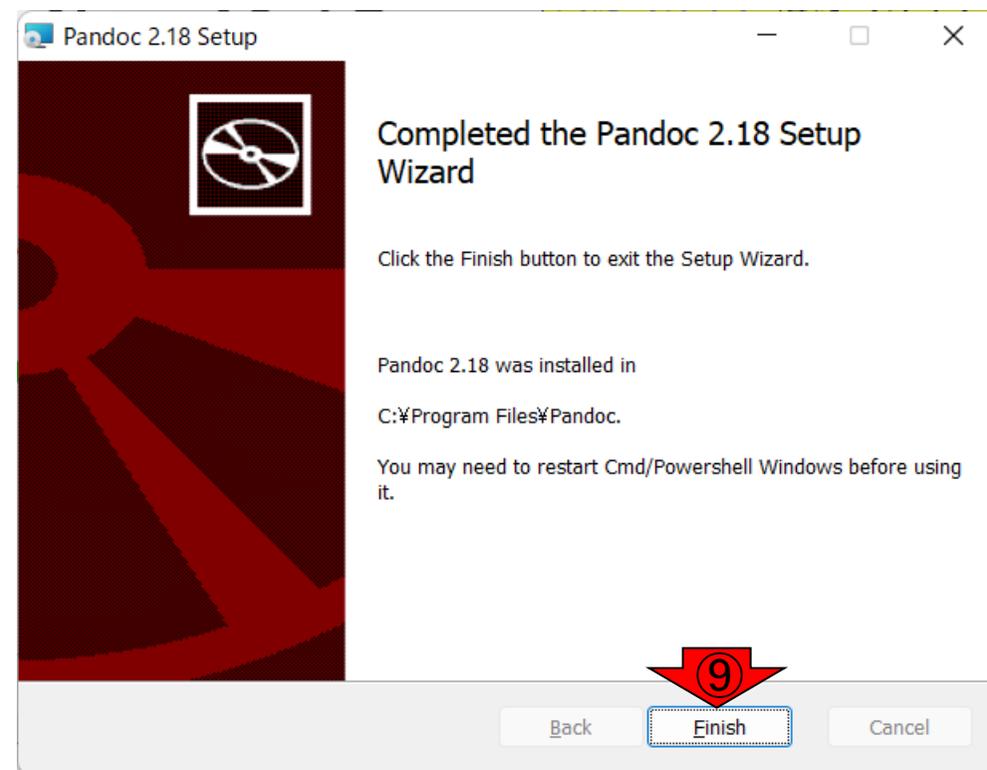
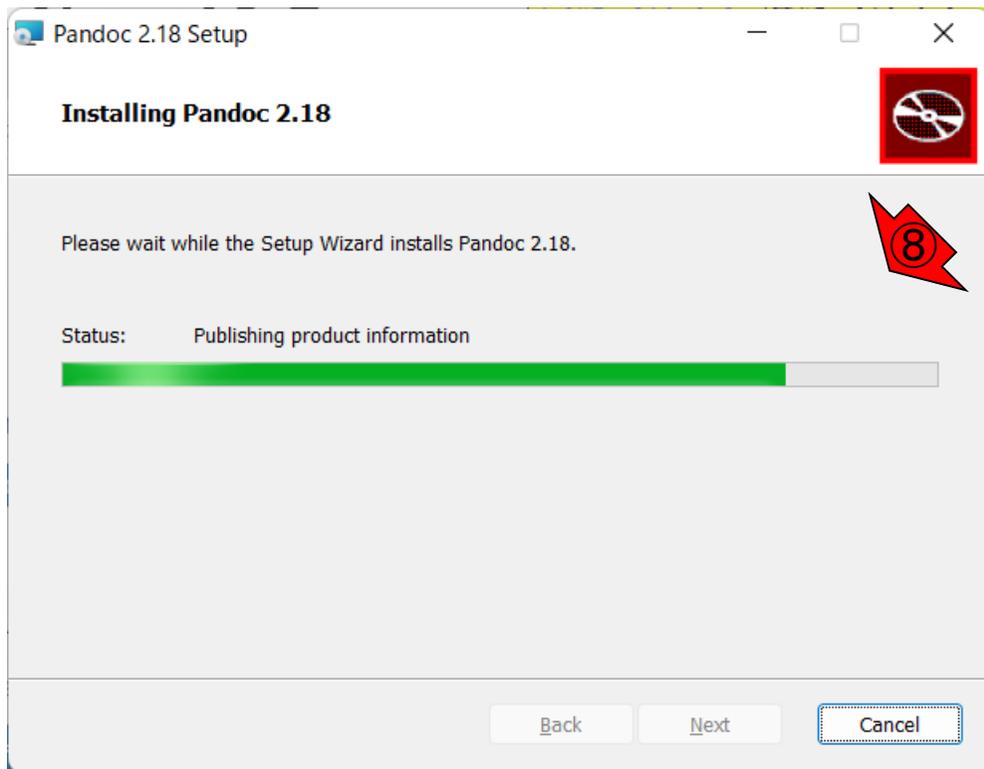
W02: インストール9

次は①pandocのインストール。② Installingをクリック。(Windowsの場合は) ③をクリック。④をクリック。⑤I accept...、⑥は自由、⑦Install。

The image shows a browser window displaying the Pandoc website's installation page. The browser's address bar shows 'pandoc.org/installing.html'. The website content includes a search bar and a prominent blue button labeled 'Download the latest installer for Windows'. A red arrow with the number 4 points to this button. Below the button, there is a link to 'pandoc-2.18-wind...msi'. Overlaid on the website is the 'Pandoc 2.18 Setup' window. The window title is 'Pandoc 2.18 Setup' and the main heading is 'Please read the Pandoc 2.18 License Agreement'. The license text is visible, including 'GNU GENERAL PUBLIC LICENSE' and 'Version 2, June 1991'. A red arrow with the number 5 points to the checked checkbox 'I accept the terms in the License Agreement'. Below this, there is a text block explaining the installation path and requirements. A red arrow with the number 6 points to the checked checkbox 'Install for all users of this machine'. At the bottom of the window, there are buttons for 'Print', 'Advanced', 'Install', and 'Cancel'. A red arrow with the number 7 points to the 'Install' button.

W02: インストール10

次は①pandocのインストール。② Installingをクリック。(Windowsの場合は)③をクリック。④をクリック。⑤I accept...、⑥は自由、⑦Install。⑧インストール中、⑨Finish。約1分。



Contents

■ R Markdown

- W01: 事前準備、W02: インストール (rmarkdownとpandoc)
- W03: 依存関係、W04: R Markdownの基本的な利用法
- W05: JSLAB18.Rの一部をRmd化 (JSLAB18.Rmdの作成)、W06: Tips (YAMLヘッダ)

■ JSLAB18.Rの全部をRmd化 (JSLAB19.Rmdの作成)

- W07: パッケージのロード (チャンク1)
- W08: サンプルのクラスタリング (チャンク2)
- W09: 見出しやチャンク番号
- W10: ファイルの読込とsubsetting (チャンク3)
- W11: TCC正規化 (チャンク4)
- W12: MBCluster.Seq実行の共通部分 (チャンク5)
- W13: MBCluster.Seq本番 (K=3) (チャンク6)
- W14: MBCluster.Seq本番 (K=4~5) (チャンク7~8)
- W15: 作図 (元データの作成) (チャンク9)
- W16: 作図 (本番) (チャンク10)
- W17: Knit

W03: 依存関係1

①rmarkdownのCRANのページ。②2022年5月22日現在のrmarkdownのバージョンは2.14。要件としては、③R本体のバージョンは3.0以上、④knitrはver. 1.22以上。

The screenshot shows the CRAN page for the rmarkdown package. The browser address bar shows the URL: `cran.r-project.org/web/packages/rmarkdown/index.html`. The page content includes the following information:

- Version:** 2.14 (Annotated with ②)
- Depends:** R (≥ 3.0) (Annotated with ③)
- Imports:** [bslib](#) ($\geq 0.2.1$), [evaluate](#) (≥ 0.13), [htmltools](#) ($\geq 0.3.5$), [jquerylib](#), [jsonlite](#), [knitr](#) (≥ 1.22), [methods](#), [stringr](#) ($\geq 1.2.0$), [tinytex](#) (≥ 0.31), [tools](#), [utils](#), [xfun](#) (≥ 0.30), [yaml](#) ($\geq 2.1.19$) (Annotated with ④)
- Suggests:** [digest](#), [dygraphs](#), [fs](#), [rsconnect](#), [downlit](#) ($\geq 0.4.0$), [katex](#) ($\geq 1.4.0$), [sass](#) ($\geq 0.4.0$), [shiny](#) ($\geq 1.6.0$), [testthat](#) ($\geq 3.0.3$), [tibble](#), [tufte](#), [vctrs](#), [withr](#) ($\geq 2.4.2$)
- Published:** 2022-04-25
- Author:** JJ Allaire [aut], Yihui Xie [aut, cre], Jonathan McPherson [aut], Javier Luraschi [aut], Kevin Ushey [aut], Aron Atkins [aut], Hadley Wickham [aut], Joe Cheng [aut], Winston Chang [aut], Richard Iannone [aut], Andrew Dunning [ctb], Atsushi Yasumoto [ctb, cph] (Number sections Lua filter), Barret Schloerke [ctb], Carson Sievert [ctb], Christophe Dervieux [ctb], Devon Ryan [ctb], Frederik Aust [ctb], Jeff Allen [ctb], JooYoung Seo [ctb], Malcolm Barrett [ctb], Rob Hyndman [ctb], Romain Lesur [ctb], Roy Storey [ctb], Ruben Arslan [ctb], Sergio Oller [ctb], RStudio, PBC [cph], jQuery UI contributors [ctb, cph] (jQuery UI library; authors listed in `inst/rmd/h/jqueryui-AUTHORS.txt`), Mark Otto [ctb] (Bootstrap library), Jacob Thornton [ctb] (Bootstrap library), Bootstrap contributors [ctb] (Bootstrap library), Twitter, Inc [cph] (Bootstrap

W03: 依存関係2

①rmarkdownのCRANのページ。②2022年5月22日現在のrmarkdownのバージョンは2.14。要件としては、③R本体のバージョンは3.0以上、④knitrはver. 1.22以上。⑤システム要件は、pandoc ver. 1.14以上。

CRAN - Package rmarkdown

cran.r-project.org/web/packages/rmarkdown/index.html

アプリ Settings Bookmarks 仕事 東大 新聞 Journal その他 おは

inst/rmd/h/jqueryui-AUTHORS.txt), Mark Otto [ctb] (Bootstrap library), Jacob Thornton [ctb] (Bootstrap library), Bootstrap contributors [ctb] (Bootstrap library), Twitter, Inc [cph] (Bootstrap library), Alexander Farkas [ctb, cph] (html5shiv library), Scott Jehl [ctb, cph] (Respond.js library), Ivan Sagalaev [ctb, cph] (highlight.js library), Greg Franko [ctb, cph] (tocify library), John MacFarlane [ctb, cph] (Pandoc templates), Google, Inc. [ctb, cph] (ioslides library), Dave Raggett [ctb] (slidy library), W3C [cph] (slidy library), Dave Gandy [ctb, cph] (Font-Awesome), Ben Sperry [ctb] (Ionicons), Drifty [cph] (Ionicons), Aidan Lister [ctb, cph] (jQuery StickyTabs), Benct Philip Jonsson [ctb, cph] (pagebreak Lua filter), Albert Krewinkel [ctb, cph] (pagebreak Lua filter)

Maintainer: Yihui Xie <xie at yihui.name>

BugReports: <https://github.com/rstudio/rmarkdown/issues>

License: [GPL-3](#)

URL: <https://github.com/rstudio/rmarkdown>, <https://pkgs.rstudio.com/rmarkdown/>

NeedsCompilation: no

SystemRequirements: pandoc (>= 1.14) - <http://pandoc.org>



Citation: [rmarkdown citation info](#)

Materials: [README NEWS](#)

In views: [ReproducibleResearch](#)

CRAN checks: [rmarkdown results](#)

W03: 依存関係3

① バイオインフォマティクス関係のQ&AサイトであるBiostarsで見られる、② DESeq2のインストールエラーのやりとり。エラーの原因は③依存関係にあるlocfitが利用不可能というものと記載されていることがわかります。

DESeq2 installation Error (ERROR) × +
biostars.org/p/9521183/#9521186



Bioinformatics e-book for beginners



DESeq2 installation Error (ERROR: dependency 'locfit' is not available for package 'DESeq2')



0 Hello everybody! I am trying to install DESeq2 and I keep getting errors. At first I had about 10 errors regarding packages I couldnt install. The main problem of that was that I couldnt install RCurl. From searching I managed to install RCurl but I still get the bellow error.

```
install('DESeq2', lib = '/home/kostas/R/x86_64-pc-linux-gnu-library/3.6') 'getOption("repos")' replaces  
Bioconductor standard repositories, see '?repositories' for details
```

```
replacement repositories:  
CRAN: https://cloud.r-project.org
```

```
Bioconductor version 3.10 (BiocManager 1.30.17), R 3.6.3 (2020-02-29)
```

Traffic: 901 users visited in the last hour 'DESeq2'

W03: 依存関係4

① バイオインフォマティクス関係のQ&AサイトであるBiostarで見られる、② DESeq2のインストールエラーのやりとり。エラーの原因は③依存関係にあるlocfitが利用不可能というものと記載されていることがわかります。④ LocfitのCRANサイト。確かに要件として、⑤ R ver. 4.1.0以上だと書かれていることがわかります。

CRAN - Package locfit

cran.r-project.org/web/packages/locfit/index.html

locfit: Local Regression, Likelihood and Density Estimation

Local regression, likelihood and density estimation methods as described in the 1

Version: 1.5-9.5

Depends: R ($\geq 4.1.0$)

Imports: [lattice](#)

Suggests: [interp](#), [gam](#)

Published: 2022-03-03

Author: Catherine Loader [aut], Jiayang Sun [ctb], Lucent Technologies [cph], Andy Liaw [cre]

Maintainer: Andy Liaw <andy_liaw at merck.com>

License: [GPL-2](#) | [GPL-3](#) [expanded from: GPL (≥ 2)]

NeedsCompilation: yes

Materials: [README](#) [NEWS](#)

In views: [Survival](#)

CRAN checks: [locfit results](#)

Documentation:

Reference manual: [locfit.pdf](#)

Downloads:

[locfit_1.5-9.5.tar.gz](#)

Contents

■ R Markdown

- W01: 事前準備、W02: インストール (rmarkdownとpandoc)
- W03: 依存関係、W04: R Markdownの基本的な利用法
- W05: JSLAB18.Rの一部をRmd化 (JSLAB18.Rmdの作成)、W06: Tips (YAMLヘッダ)

■ JSLAB18.Rの全部をRmd化 (JSLAB19.Rmdの作成)

- W07: パッケージのロード (チャンク1)
- W08: サンプルのクラスタリング (チャンク2)
- W09: 見出しやチャンク番号
- W10: ファイルの読込とsubsetting (チャンク3)
- W11: TCC正規化 (チャンク4)
- W12: MBCluster.Seq実行の共通部分 (チャンク5)
- W13: MBCluster.Seq本番 (K=3) (チャンク6)
- W14: MBCluster.Seq本番 (K=4~5) (チャンク7~8)
- W15: 作図 (元データの作成) (チャンク9)
- W16: 作図 (本番) (チャンク10)
- W17: Knit

W04: R Markdown... 1

新規のR Markdownファイルを作成します。①File、②New File、③R Markdown。

The screenshot shows the RStudio interface with the 'File' menu open. The 'New File' option is selected, and the 'R Markdown...' option is highlighted in the submenu. Red arrows with numbers 1, 2, and 3 point to the 'File' menu, 'New File' option, and 'R Markdown...' option respectively. The 'Environment' pane shows 'Environment is empty'. The 'Files' pane shows a file named 'JSLAB18.xlsx' with a size of 186 KB and a modification date of May 2, 2022.

① File

② New File

③ R Markdown...

Environment is empty

Name	Size	Modified
..		
JSLAB18.xlsx	186 KB	May 2, 2022

W04: R Markdown...2

新規のR Markdownファイルを作成します。①File、②New File、③R Markdown。インストールしたばかりなのになぜかrmarkdownパッケージのアップデート版のインストールを要求されるのは腑に落ちないが、とりあえず言われるがまま④Yes。

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

```
R version 4.2.0 (2022-04-22 ucrt) -- "vigorous calisthenics"
Copyright (C) 2022 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 introductory material, and
'help.start()' for an HTML browser interface to help.
Type 'q()' to quit R.

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

An "Install Required Packages" dialog box is overlaid on the terminal. It contains the following text:

Creating R Markdown documents requires an updated version of the markdown package.

Do you want to install this package now?

Buttons for "Yes" and "No" are visible at the bottom. A red arrow with the number "4" points to the "Yes" button.

W04: R Markdown...3

新規のR Markdownファイルを作成します。①File、②New File、③R Markdown。インストールしたばかりなのになぜかrmarkdownパッケージのアップデート版のインストールを要求されるのは腑に落ちないが、とりあえず言われるがまま④Yes。このときは、一瞬画面が切り替わって何かインストールしようという気配を見せつつ、結局何も実行されずにこのような状態になりました。⑤デフォルトはDocumentで、⑥出力形式はHTMLです。

The screenshot shows the RStudio interface. The console displays the R version (4.2.0) and the R Markdown welcome message. The 'New R Markdown' dialog box is open, showing the 'Document' option selected (indicated by a red arrow with the number 5) and the 'HTML' output format selected (indicated by a red arrow with the number 6). The dialog box also shows the title 'Untitled', author, date, and a checkbox for 'Use current date when rendering document'. The 'Default Output Format' section includes options for HTML, PDF, and Word, with HTML being the selected option. The console output shows the R version and the R Markdown welcome message, followed by the command `> setwd("C:/Users/kadota/Desktop/hoge/"); > |`.

The screenshot shows a Windows File Explorer window displaying the contents of the 'hoge' directory. The directory contains a file named 'JSLAB18.xlsx' with a size of 186 KB and a modification date of May 2, 2022.

W04: R Markdown...4

新規のR Markdownファイルを作成します。①File、②New File、③R Markdown。インストールしたばかりなのになぜかrmarkdownパッケージのアップデート版のインストールを要求されるのは腑に落ちないが、とりあえず言われるがまま④Yes。このときは、一瞬画面が切り替わって何かインストールしようという気配を見せつつ、結局何も実行されずにこのような状態になりました。⑤デフォルトはDocumentで、⑥出力形式はHTMLです。後でも変更可能なため現時点で深く考える必要はないが、ここでは⑦TitleをJSLAB_test、AuthorをMAKINO Manonとして、⑧OKボタンを押すと…

RStudio

File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help

Go to file/function Addins

Console Terminal x Jobs x

R 4.2.0 · C:/Users/kadota/Desktop/hoge/

R version 4.2.0 (2022-04-22 ucrt) -- "vigorous calisthenics"
Copyright (C) 2022
Platform: x86_64-w64-mingw-x86_64

R is free software
You are welcome to
Type 'license()' on
R is a collaborative
Type 'contributors'
'citation()' on how
Type 'demo()' for
'help.start()' for
Type 'q()' to quit

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

New R Markdown

Document
Presentation
Shiny
From Template

Title: JSLAB_test
Author: MAKINO Manon
Date: 2022-05-23

Use current date when rendering document

Default Output Format:

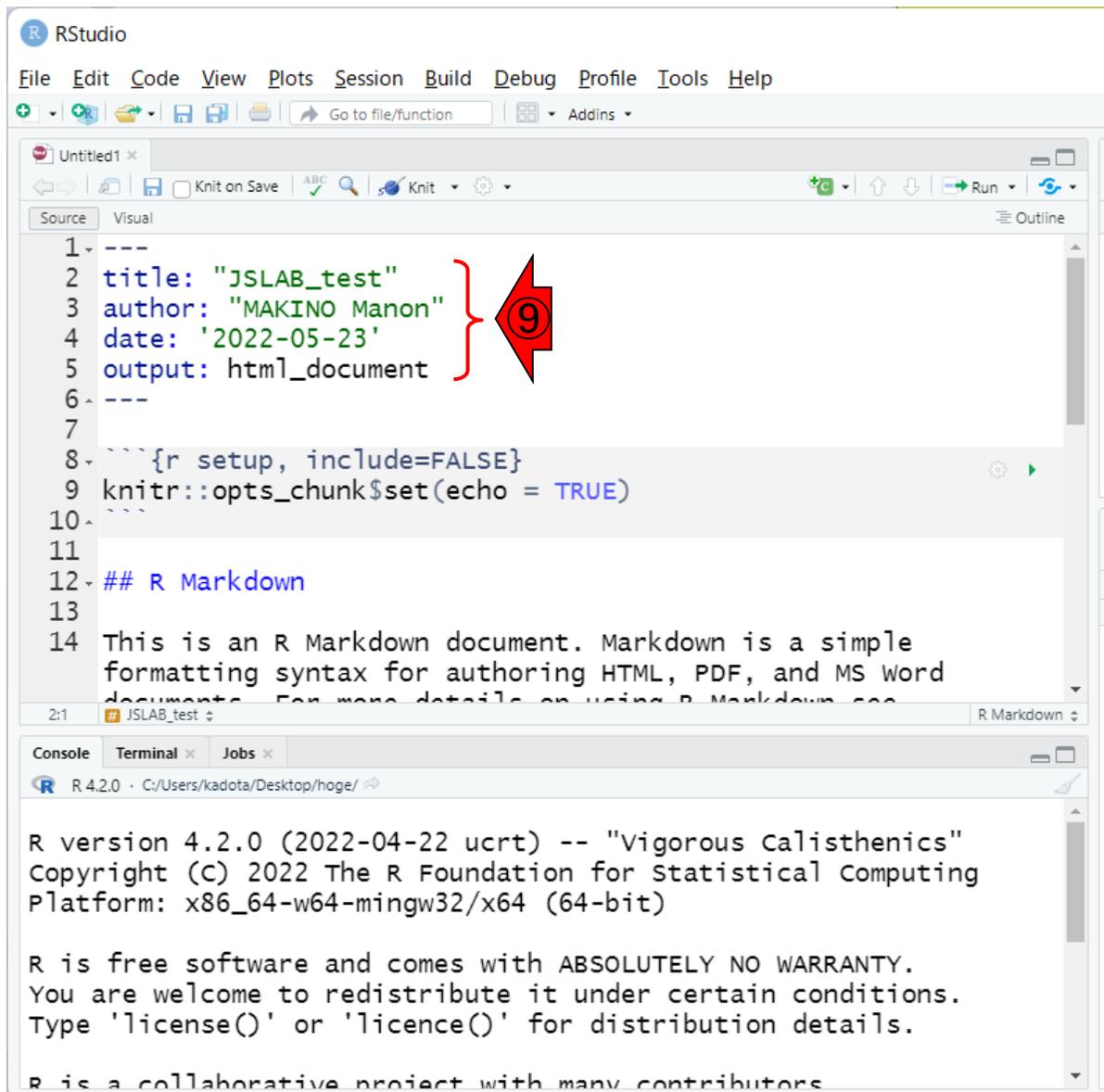
HTML
Recommended format for authoring (you can switch to PDF or Word output anytime).

PDF
PDF output requires TeX (MiKTeX on Windows, MacTeX 2013+ on OS X, TeX Live 2013+ on Linux).

Word
Previewing Word documents requires an installation of MS Word (or Libre/Open Office on Linux).

Create Empty Document OK Cancel

W04: R Markdown...5



```
1 ---
2 title: "JSLAB_test"
3 author: "MAKINO Manon"
4 date: '2022-05-23'
5 output: html_document
6 ---
7
8 ```{r setup, include=FALSE}
9 knitr::opts_chunk$set(echo = TRUE)
10 ```
11
12 ## R Markdown
13
14 This is an R Markdown document. Markdown is a simple
15 formatting syntax for authoring HTML, PDF, and MS Word
16 documents. For more details on using R Markdown see
17 https://rmarkdown.rstudio.com/
```

```
R version 4.2.0 (2022-04-22 ucrt) -- "Vigorous Calisthenics"
Copyright (C) 2022 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.
```

新規のR Markdownファイルを作成します。①File、②New File、③R Markdown。インストールしたばかりなのになぜかrmarkdownパッケージのアップデート版のインストールを要求されるのは腑に落ちないが、とりあえず言われるがまま④Yes。このときは、一瞬画面が切り替わって何かインストールしようという気配を見せつつ、結局何も実行されずにこのような状態になりました。⑤デフォルトはDocumentで、⑥出力形式はHTMLです。後でも変更可能なため現時点で深く考える必要はないが、ここでは⑦TitleをJSLAB_test、AuthorをMAKINO Manonとして、⑧OKボタンを押すと、こんな感じになります。⑨は直前まで見えていた情報になります。

W04: R Markdown...6

①8行目以降を見ていくと、いろいろ書かれていることがわかります。②下へ。

The screenshot shows the RStudio interface with the following content:

```
1 ---
2 title: "JSLAB_test"
3 author: "MAKINO Manon"
4 date: '2022-05-23'
5 output: html_document
6
7
8 { setup, include=FALSE}
9 knitr::opts_chunk$set(echo = TRUE)
10
11
12 ## R Markdown
13
14 This is an R Markdown document. Markdown is a simple
15 formatting syntax for authoring HTML, PDF, and MS Word
16 documents. For more details on using R Markdown see
17 https://rmarkdown.rstudio.com/creating-a-r-markdown-document-with-revealjs.html
```

The Environment pane on the right shows "Environment is empty".

The Console pane at the bottom shows the R version and license information:

```
R version 4.2.0 (2022-04-22 ucrt) -- "Vigorous Calisthenics"
Copyright (C) 2022 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.
```

W04: R Markdown...7

①8行目以降を見ていくと、いろいろ書かれていることがわかります。②下へ。8-31行目はただのテンプレート(こんな感じで書くという例示のようなもの)です。

The screenshot shows the RStudio interface with the following components:

- Source Editor:** Contains R Markdown code from line 19 to 31. A red box highlights lines 19-31. A red arrow with the number '2' points to line 30. The code includes a `summary(cars)` chunk, a section header `## Including Plots`, an explanatory paragraph, an R code chunk `{r pressure, echo=FALSE}` containing `plot(pressure)`, and a note about the `echo = FALSE` parameter.
- Environment Panel:** Shows 'Global Environment' and 'Environment is empty'.
- Files Panel:** Shows the file explorer for 'C:\Users\kadota\Desktop\hoge' with a file 'JSLAB18.xlsx' (186 KB, May 2, 2022).
- Terminal:** Shows the R version 4.2.0 startup message and license information.

W04: R Markdown...8

①8行目以降を見ていくと、いろいろ書かれていることがわかります。②下へ。8-31行目はただのテンプレート(こんな感じで書くという例示のようなもの)です。スッキリさせるために削除します。

The screenshot displays the RStudio interface with an R Markdown document open. The document content is as follows:

```
1 ---
2 title: "JSLAB_test"
3 author: "MAKINO Manon"
4 date: '2022-05-23'
5 output: html_document
6 ---
7
8 {r setup, include=FALSE}
9 knitr::opts_chunk$set(echo = TRUE)
10 {r}
11
12 ## R Markdown
13
14 This is an R Markdown document. Markdown is a simple
15 formatting syntax for authoring HTML, PDF, and MS Word
16 documents. For more details on using R Markdown see
17 https://rmarkdown.rstudio.com.
```

The console output shows the R version and license information:

```
R version 4.2.0 (2022-04-22 ucrt) -- "Vigorous Calisthenics"
Copyright (C) 2022 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.
```

The Environment pane on the right shows "Environment is empty". The Files pane at the bottom shows the current directory structure:

Name	Size	Modified
..		
JSLAB18.xlsx	186 KB	May 2, 2022

W04: R Markdown...9

①8行目以降を見ていくと、いろいろ書かれていることがわかります。②下へ。8-31行目はただのテンプレート(こんな感じで書くという例示のようなもの)です。スッキリさせるために削除します。削除後。

The screenshot displays the RStudio interface with the following components:

- Source Editor:** Shows an R Markdown file with the following content:

```
1 ---
2 title: "JSLAB_test"
3 author: "MAKINO Manon"
4 date: '2022-05-23'
5 output: html_document
6 ---
7
8 |
```
- Environment Panel:** Shows "Environment is empty".
- Files Panel:** Shows the current directory path as `C:\Users\kadota\Desktop\hoge` and a file named `JSLAB18.xlsx` with a size of 186 KB and a modification date of May 2, 2022.
- Terminal:** Shows the R version and copyright information:

```
R version 4.2.0 (2022-04-22 ucrt) -- "Vigorous Calisthenics"
Copyright (C) 2022 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.
```

W04: R Markdown... 10

R Markdownは、R + Markdownであり、RのコードとMarkdown形式の文書を組み合わせて記述していくものです。1-6行目はMarkdown形式の文書に相当します。Rのコードは、①のInsert a new code chunkボタンを押して...

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 various icons. The main editor window shows a code chunk with the following content:

```
1 ---
2 title: "JSLAB_test"
3 author: "MAKINO Manon"
4 date: '2022-05-23'
5 output: html_document
6 ---
7
8
```

A red arrow with the number 1 points to the 'Insert a new code chunk (Ctrl+Alt+I)' button in the toolbar. The environment pane on the right shows 'Environment is empty'. The file explorer at the bottom right shows the directory 'C:\Users\kadota\Desktop\hoge' with a file 'JSLAB18.xlsx' (186 KB, May 2, 2022). The console at the bottom shows the R version information and license details.

W04: R Markdown... 11

R Markdownは、R + Markdownであり、RのコードとMarkdown形式の文書を組み合わせて記述していくものです。1-6行目はMarkdown形式の文書に相当します。Rのコードは、①のInsert a new code chunkボタンを押して、②Rを選ぶと...

The screenshot shows the RStudio interface with an R Markdown document open. The source editor contains a document with a title, author, and date. A red arrow labeled '1' points to the 'Insert a new code chunk' button in the toolbar. Another red arrow labeled '2' points to the 'R' option in the dropdown menu that appears after clicking the button. The console window at the bottom shows the R version and copyright information.

```
1 ---  
2 title: "JSLAB_test"  
3 author: "MAKINO Manon"  
4 date: '2022-05-23'  
5 output: html_document  
6 ---  
7  
8
```

R version 4.2.0 (2022-04-22 ucrt) -- "Vigorous Calisthenics"
Copyright (C) 2022 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.

W04: R Markdown... 12

R Markdownは、R + Markdownであり、RのコードとMarkdown形式の文書を組み合わせて記述していくものです。1-6行目はMarkdown形式の文書に相当します。Rのコードは、①のInsert a new code chunkボタンを押して、②Rを選ぶと、こんな感じになります。Rのコードは、チャンク(chunk)と呼ばれるブロック単位で実行されます。今挿入された8~10行目の8行目がチャンクの開始行、10行目が終了行ということになり、9行目の部分に実際に実行させたいコードを書き込んでいきます。

The screenshot shows the RStudio interface. The top pane displays an R Markdown document with the following content:

```
1 ---
2 title: "JSLAB_test"
3 author: "MAKINO Manon"
4 date: '2022-05-23'
5 output: html_document
6 ---
7
8 {r}
9
10
11
12
```

The bottom pane shows the R terminal output:

```
R 4.2.0 · C:/Users/kadota/Desktop/hoge/
R version 4.2.0 (2022-04-22 ucrt) -- "Vigorous Calisthenics"
Copyright (C) 2022 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
```

Below the terminal, a file explorer window shows the directory `C:\Users\kadota\Desktop\hoge` containing a file named `JSLAB18.xlsx` with a size of 186 KB and a modification date of May 2, 2022.

W04: R Markdown... 13

実際にコマンドを書き込んでいきます。と
りあえず①1+1と打ち込んで、②Run
Current Chunkをクリック(再生ボタンっ
ぽいものだと覚えればよいです)。

The screenshot shows the RStudio interface with an R Markdown document open. The source editor contains the following code:

```
1 ---  
2 title: "JSLAB_test"  
3 author: "MAKINO Manon"  
4 date: '2022-05-23'  
5 output: html_document  
6 ---  
7  
8 {r}  
9 1+1  
10  
11  
12
```

Red arrows indicate the steps: ① points to the code '1+1' and ② points to the 'Run Current Chunk' button. The Environment pane shows 'Environment is empty'. The Console pane shows the R version information and license text.

Environment is empty

Name	Size	Modified
..		
JSLAB18.xlsx	186 KB	May 2, 2022

```
R version 4.2.0 (2022-04-22 ucrt) -- "Vigorous Calisthenics"  
Copyright (C) 2022 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
```

W04: R Markdown...14

実際にコマンドを書き込んでいきます。とりあえず①1+1と打ち込んで、②Run Current Chunkをクリック(再生ボタンっぽいものだと覚えればよいです)。実行結果。③Console画面だけでなく、④8~10行目のRチャンクの下側に計算結果が表示されていることがわかります。⑤や⑥を押すと表示結果をクリアすることができます。

The screenshot shows the RStudio interface with an R Markdown document open. The source editor contains the following code:

```
1 ---
2 title: "JSLAB_test"
3 author: "MAKINO Manon"
4 date: '2022-05-23'
5 output: html_document
6 ---
7
8 {r}
9 1+1
10
11
12
```

The console window shows the execution of the R chunk:

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

Red arrows with numbers 3, 4, 5, and 6 point to specific elements in the interface:

- ③ points to the "Run" button (a green play icon) in the toolbar above the source editor.
- ④ points to the output "[1] 2" displayed in the source editor below the R chunk.
- ⑤ points to the "Clear" button (a red 'x' icon) in the toolbar above the console window.
- ⑥ points to the "Run" button (a green play icon) in the toolbar above the console window.

W04: R Markdown... 15

実際にコマンドを書き込んでいきます。とりあえず①1+1と打ち込んで、②Run Current Chunkをクリック(再生ボタンっぽいものだと覚えればよいです)。実行結果。③Console画面だけでなく、④8-10行目のRチャンクの下側に計算結果が表示されていることがわかります。⑤や⑥を押すと表示結果をクリアすることができます。クリア後の状態。

The screenshot displays the RStudio interface. The main editor window shows an R Markdown document with the following content:

```
1 ---
2 title: "JSLAB_test"
3 author: "MAKINO Manon"
4 date: '2022-05-23'
5 output: html_document
6 ---
7
8 {r}
9 1+1
10 }
11
12
```

The console window at the bottom shows the R prompt and the output of the chunk:

```
R 4.2.0 · C:/Users/kadota/Desktop/hoge/
>
1
```

The right-hand pane shows a file explorer view of the directory `C:\Users\kadota\Desktop\hoge`, containing a file named `JSLAB18.xlsx` with a size of 186 KB, last modified on May 2, 2022.

W04: R Markdown... 16

もちろんチャンク内のコードは複数行になってもかまいません。①では9~10行目に2行分の簡単な数値計算を行うコードを書き込んで、②実行しています。

The screenshot shows the RStudio interface with an R Markdown document open. The code editor contains the following content:

```
1 ---
2 title: "JSLAB_test"
3 author: "MAKINO Manon"
4 date: '2022-05-23'
5 output: html_document
6 ---
7
8 ```{r}
9 1+1
10 3*4+2
11 ```
```

A red arrow labeled '1' points to the R code block. A red arrow labeled '2' points to the 'Run Current Chunk' button. The console shows the output of the R code:

```
R 4.2.0 · C:/Users/kadota/Desktop/hoge/
> 1+1
[1] 2
> 3*4+2
[1] 14
> |
```

The Environment pane shows "Environment is empty". The Files pane shows the current directory structure:

Name	Size	Modified
..		
JSLAB18.xlsx	186 KB	May 2, 2022

W04: R Markdown...17

もちろんチャンク内のコードは複数行になってもかまいません。①では9~10行目に2行分の簡単な数値計算を行うコードを書き込んで、②実行しています。Markdown形式の文書は、③や④のようなチャンク外の部分に書くことができます。

The screenshot displays the RStudio interface with an R Markdown document. The source editor shows the following code:

```
1 ---
2 title: "JSLAB_test"
3 author: "MAKINO Manon"
4 date: '2022-05-23'
5 output: html_document
6 ---
7
8 {r}
9 1+1
10 3*4+2
11 }
```

Red arrows point to specific parts of the code: ③ points to the metadata block, ① points to the code block, and ④ points to the chunk separator. The console shows the output of the code:

```
> 1+1
[1] 2
> 3*4+2
[1] 14
```

The file explorer shows the output file JSLAB18.xlsx with a size of 186 KB and a modification date of May 2, 2022.

W04: R Markdown...18

もちろんチャンク内のコードは複数行になってもかまいません。①では9~10行目に2行分の簡単な数値計算を行うコードを書き込んで、②実行しています。Markdown形式の文書は、③や④のようなチャンク外の部分に書くことができます。③の部分に記載した結果。Rスクリプトファイルのときは、#はコメントを意味しました。R Markdownでは、⑤7行目先頭の#はhtmlファイル作成後の見出しに相当します。そもそもMarkdownを書くチャンク外の部分自体がコメントに相当しますので、8行目のように#をつけずに書くことができます。

The screenshot shows the RStudio interface with an R Markdown document titled "Untitled1". The document content is as follows:

```
1 ---
2 title: "JSLAB_test"
3 author: "MAKINO Manon"
4 date: '2022-05-23'
5 output: html_document
6 ---
7 # R Markdownの練習
8 単純な数値計算です。
9 {r}
10 1+1
11 3*4+2
12
```

The rendered output of the document is shown below the source editor:

```
[1] 2
[1] 14
```

The console window at the bottom shows the execution of the code:

```
R 4.2.0 · C:/Users/kadota/Desktop/hoge/
> 1+1
[1] 2
> 3*4+2
[1] 14
>
```

Red arrows and numbers 1-5 highlight specific features:

- ①: Points to the code lines 10 and 11 within the R chunk.
- ②: Points to the "Run" button for the R chunk.
- ③: Points to the comment line 7.
- ④: Points to the rendered output of the R chunk.
- ⑤: Points to the output of the R chunk in the console window.

W04: R Markdown... 19

①の部分がUntitled*のようになっていますが、この*は編集集中(何らかの変更がなされた)であることを意味します。この.Rmdファイル自体がまだ保存されていないので、②フロッピーディスクマークを押して一旦保存します。

The screenshot shows the RStudio interface with the following details:

- File Name:** Untitled1*.Rmd (indicated by red arrow ①)
- Source Editor:**

```
1 title: "JSLAB_test"
2 author: "MAKINO Manon"
3 date: '2022-05-23'
4 output: html_document
5 ----
6 # R Markdownの練習
7 単純な数値計算です。
8 {r}
9
10 1+1
11 3*4+2
12
```
- Console:**

```
> 1+1
[1] 2
> 3*4+2
[1] 14
>
```
- File Explorer:** Shows the file 'JSLAB18.xlsx' (186 KB, May 2, 2022) on the desktop.

W04: R Markdown...20

①の部分がUntitled*のようになっていますが、この*は編集中心(何らかの変更がなされた)であることを意味します。この.Rmdファイル自体がまだ保存されていないので、②フロッピーディスクマークを押して一旦保存します。③作業ディレクトリ上で、④test19.Rmdとして(名前はなんでもよいですが拡張子は.Rmd)、⑤Save。

The screenshot shows the RStudio interface with a file save dialog box open. The dialog box is titled "Save File - Untitled1". The file path is set to "PC > デスクトップ > hoge", indicated by a red arrow labeled "3". The file name field contains "test19.Rmd", indicated by a red arrow labeled "4". The file type is set to "All Files (*)". The "Save" button is highlighted with a red arrow labeled "5".

```
1 ---
2 title:
3 author:
4 date:
5 output:
6 ---
7 # R Markdown
8 単純な数式
9 {r}
10 1+1
11 3*4+2
12
```

[1] 2
[1] 14

64 JSLAB_test

Console Terminal

R 4.2.0 · C:/Users/k...

```
> 1+1
[1] 2
> 3*4+2
[1] 14
>
```

名前	更新日時	種類	サイズ
JSLAB18.xlsx	2022/05/02 21:50	Microsoft Excel ワ...	186

ファイル名(N): test19.Rmd
ファイルの種類(T): All Files (*)

Save キャンセル

W04: R Markdown...21

①の部分がUntitled*のようになっていますが、この*は編集中心(何らかの変更がなされた)であることを意味します。この.Rmdファイル自体がまだ保存されていないので、②フロッピーディスクマークを押して一旦保存します。③作業ディレクトリ上で、④test19.Rmdとして(名前はなんでもよいですが拡張子は.Rmd)、⑤Save。実行後。⑥test19.Rmdになりました。⑦リロードすると、⑧ここでも見られます。

RStudio interface showing the R Markdown editor and console. The editor displays the following code:

```
1 ---
2 title: "JSLAB_test"
3 author: "MAKINO Manon"
4 date: '2022-05-23'
5 output: html_document
6 ---
7 # R Markdownの練習
8 単純な数値計算です。
9 ```{r}
10 1+1
11 3*4+2
12 ```
```

The console shows the output of the R code:

```
> 1+1
[1] 2
> 3*4+2
[1] 14
```

A red arrow labeled '6' points to the floppy disk icon in the top toolbar.

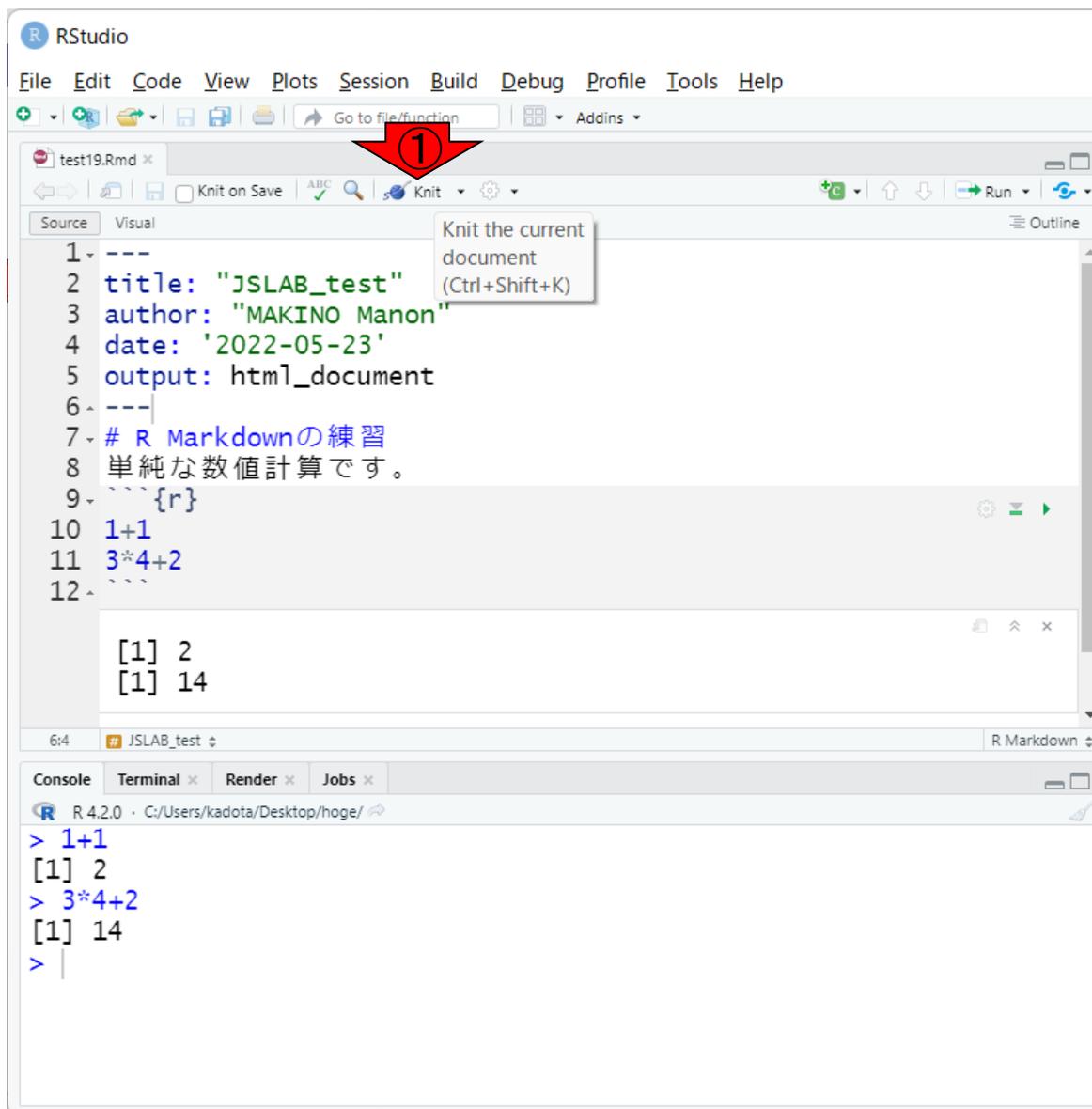
Windows File Explorer showing the file test19.Rmd in the directory C:\Users\kadota\Desktop\hoge. The file list is as follows:

Name	Size	Modified
..		
test19.Rmd	180 B	May 25, 2022, 2:50 PM
JSLAB18.xlsx	186 KB	May 2, 2022, 9:50 PM

A red arrow labeled '7' points to the File Explorer window, and a red arrow labeled '8' points to the test19.Rmd file.

W04: R Markdown...22

次はRmdファイルからhtmlファイルを生成する作業です。このようなある情報をもとにして別のものを生成する作業のことをレンダリング (rendering) といいます。htmlファイルを入力として与えてウェブブラウザで視覚的に見やすくするような作業もレンダリングの1種です。RStudioでは、①Knitを押せばhtmlファイルを生成できます。

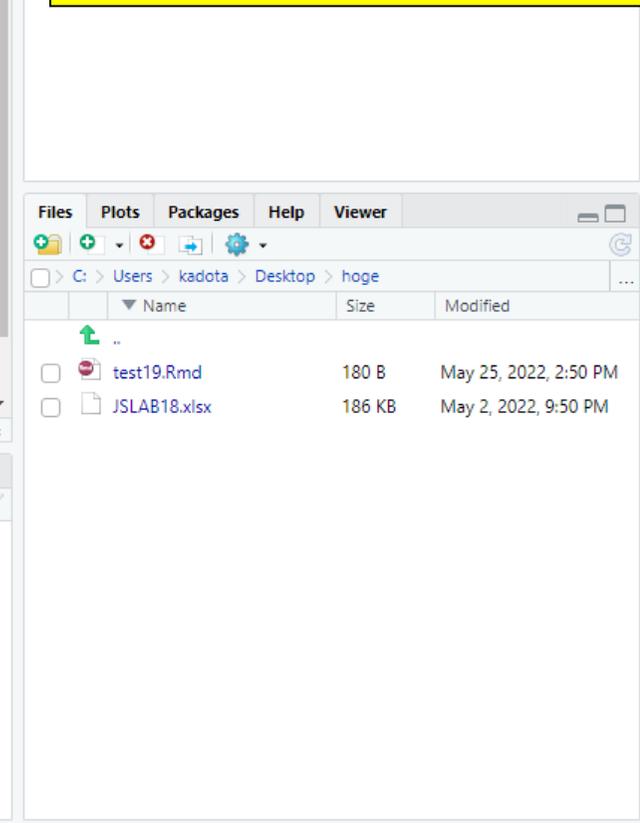


The screenshot shows the RStudio interface with the 'test19.Rmd' file open. A red arrow with the number '1' points to the 'Knit' button in the toolbar. A tooltip for the Knit button is visible, stating 'Knit the current document (Ctrl+Shift+K)'. The source editor shows the following R Markdown code:

```
1 ---
2 title: "JSLAB_test"
3 author: "MAKINO Manon"
4 date: '2022-05-23'
5 output: html_document
6 ---
7 # R Markdownの練習
8 単純な数値計算です。
9 ```{r}
10 1+1
11 3*4+2
12 ```
```

The console output shows the results of the R code:

```
[1] 2
[1] 14
```



The screenshot shows a Windows File Explorer window displaying the contents of the 'C:\Users\kadota\Desktop\hoge' directory. The files listed are:

Name	Size	Modified
..		
test19.Rmd	180 B	May 25, 2022, 2:50 PM
JSLAB18.xlsx	186 KB	May 2, 2022, 9:50 PM

W04: R Markdown...23

次はRmdファイルからhtmlファイルを生成する作業です。このようなある情報をもとにして別のものを生成する作業のことをレンダリング (rendering) といいます。htmlファイルを入力として与えてウェブブラウザで視覚的に見やすくするような作業もレンダリングの1種です。RStudioでは、①Knitを押せばhtmlファイルを生成できます。①を押して数秒後の状態。②Renderタブがアクティブになり、赤枠内がごちゃごちゃ出力されて...

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 various icons, including a red arrow pointing to the Knit button (labeled ①). The source editor shows R Markdown code with a red arrow pointing to the Knit button (labeled ②). The console shows the output of the R code and the command used to render the R Markdown file to HTML.

```
1 ---
2 title: "JSLAB_test"
3 author: "MAKINO Manon"
4 date: '2022-05-23'
5 output: html_document
6 ---
7 # R Markdownの練習
8 単純な数値計算です。
9 ```{r}
10 1+1
11 3*4+2
12 ```
```

```
[1] 2
[1] 14
```

```
n\rmarkdown\lua\latex-div.lua" --self-contained --variable bs3=TR
UE --standalone --section-divs --template "C:\Users\kadota\AppData
a\Local\R\win-library\4.2\rmarkdown\rmd\h\default.html" --no-high
light --variable highlightjs=1 --variable theme=bootstrap --mathj
ax --variable "mathjax-url=https://mathjax.rstudio.com/latest/Mat
hJax.js?config=TeX-AMS-MML_HTMLorMML" --include-in-header "C:\Use
rs\kadota\AppData\Local\Temp\Rtmpaw4OLO\rmarkdown-str6e50de07833.
html"
```

The screenshot shows a Windows File Explorer window displaying the contents of a folder named 'hoge'. The files listed are 'test19.Rmd' (180 B, May 25, 2022, 2:50 PM) and 'JSLAB18.xlsx' (186 KB, May 2, 2022, 9:50 PM).

Name	Size	Modified
..		
test19.Rmd	180 B	May 25, 2022, 2:50 PM
JSLAB18.xlsx	186 KB	May 2, 2022, 9:50 PM

W04: R Markdown...24

The screenshot shows the RStudio interface with a browser window open. The browser window title is "C:/Users/kadota/Desktop/hoge/test19.html" and the address bar shows "test19.html". The rendered content includes:

```
1  
2  
3  
4  
5 JSLAB_test  
6  
7 MAKINO Manon  
8  
9 2022-05-23  
10  
11 R Markdownの練習  
12  
単純な数値計算です。  
  
1+1  
## [1] 2  
  
3*4+2  
## [1] 14
```

次はRmdファイルからhtmlファイルを生成する作業です。このようなある情報をもとにして別のものを生成する作業のことをレンダリング (rendering) といいます。htmlファイルを入力として与えてウェブブラウザで視覚的に見やすくするような作業もレンダリングの1種です。RStudioでは、①Knitを押せばhtmlファイルを生成できます。①を押して数秒後の状態。②Renderタブがアクティブになり、赤枠内がごちゃごちゃ出力されて、③生成されたhtmlファイルが表示されます。リロードすると④test19.htmlが確かに存在することがわかります。

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

Name	Size	Modified
test19.Rmd	180 B	May 25, 2022
test19.html	609.6 KB	May 25, 2022
JSLAB18.xlsx	186 KB	May 2, 2022

W04: R Markdown...25

①と②が対応、③と④が対応していることがわかります。

The image shows the RStudio interface with an R Markdown document open. The source editor on the left shows the following code:

```
1 ---  
2 title: "JSLAB_test"  
3 author: "MAKINO Manon"  
4 date: '2022-05-23'  
5 output: htm1_document  
6 ---  
7 # R Markdownの練習  
8 単純な数値計算です。  
9 ```{r}  
10 1+1  
11 3*4+2  
12 ```
```

The console at the bottom shows the execution results:

```
> 1+1  
[1] 2  
> 3*4+2  
[1] 14  
>
```

The rendered HTML output on the right is shown in a browser window. It displays the following content:

JSLAB_test
MAKINO Manon
2022-05-23

R Markdownの練習

単純な数値計算です。

1+1

```
## [1] 2
```

3*4+2

```
## [1] 14
```

Red arrows and brackets indicate the mapping between the source code and the rendered output:

- ①: The title, author, and date fields in the source code correspond to the rendered header information.
- ②: The main title and author name in the source code correspond to the rendered header text.
- ③: The R code chunk in the source code corresponds to the rendered code blocks and their output.
- ④: The R code chunk in the source code corresponds to the rendered code blocks and their output.

W04: R Markdown...26

①と②が対応、③と④が対応していることがわかります。④のように見えていないヒトは、⑤7行目の先頭の#の直後にスペースがないヒトです。

The screenshot shows the RStudio interface with a source editor on the left and a browser window on the right. The source editor contains the following R Markdown code:

```
1 ---
2 title: "JSLAB_test"
3 author: "MAKINO Manon"
4 date: '2022-05-23'
5 out: htm_document
6
7 # R Markdownの練習 } ③
8 単純な数値計算です。
9 {r}
10 1+1
11 3*4+2
12
```

The rendered HTML output in the browser window is as follows:

```
JSLAB_test
MAKINO Manon
2022-05-23

R Markdownの練習 } ④
単純な数値計算です。

1+1

## [1] 2

3*4+2

## [1] 14
```

Red arrows and numbers ③ and ④ point to the corresponding elements in the source code and the rendered output. A red arrow with the number ⑤ points to the `out: htm_document` line in the source code.

W04: R Markdown...27

①と②が対応、③と④が対応していることがわかります。④のように見えていないヒトは、⑤7行目の先頭の#の直後にスペースがないヒトです。ここでは逆パターンをやりますが、例えば⑥のようにスペースをなくして、⑦上書き保存し、再度⑧Knitすれば、見出しではなくなります。

The screenshot shows the RStudio interface with the R Markdown source code on the left and the rendered HTML output on the right. Red arrows point to specific parts of the code: ① points to the title, ② to the author, ③ to the date, ④ to the output type, ⑤ to the R code block, ⑥ to the R code block, ⑦ to the Knit button, and ⑧ to the Knit button.

```
1 # current document (Ctrl+S)
2 title: "JSLAB_test"
3 author: "MAKINO Manon"
4 date: "2022-05-23"
5 output: html_document
6
7 #R Markdownの練習
8 単純な数値計算です。
9 ```{r}
10 1+1
11 3*4+2
12 ```
```

Rendered HTML output:

JSLAB_test

MAKINO Manon
2022-05-23

R Markdownの練習

単純な数値計算です。

```
1+1
```

```
## [1] 2
```

```
3*4+2
```

```
## [1] 14
```

Console output:

```
> 1+1
[1] 2
> 3*4+2
[1] 14
>
```

W04: R Markdown...28

①と②が対応、③と④が対応していることがわかります。④のように見えていないヒトは、⑤7行目の先頭の#の直後にスペースがないヒトです。ここでは逆パターンをやりますが、例えば⑥のようにスペースをなくして、⑦上書き保存し、再度⑧Knitすれば、見出しではなくなります。⑨確かに意図通り、見出しではなくなっていることが分かります。つまり、⑥の部分で#のうしろにちゃんとスペースを入れないといけないということです。



```
1 ---  
2 title: "JSLAB_test"  
3 author: "MAKINO Manon"  
4 date: "2022-05-23"  
5 out: htm_document  
6  
7 #R Markdownの練習  
8 単純な数値計算です。  
9 {r}  
10 1+1  
11 3*4+2  
12
```

[1] 2
[1] 14

```
R C:/Users/kadota/Desktop/hoge/test19.  
test19.html | Open in Browser | Find  
JSLAB_test  
MAKINO Manon  
2022-05-23  
#R Markdownの練習 単純な数値計算です。  
1+1  
## [1] 2  
3*4+2  
## [1] 14
```

```
R 4.2.0 · C:/Users/kadota/Desktop/hoge/  
> 1+1  
[1] 2  
> 3*4+2  
[1] 14  
>
```

Contents

■ R Markdown

- W01: 事前準備、W02: インストール (rmarkdownとpandoc)
- W03: 依存関係、W04: R Markdownの基本的な利用法
- W05: JSLAB18.Rの一部をRmd化 (JSLAB18.Rmdの作成)、W06: Tips (YAMLヘッダ)

■ JSLAB18.Rの全部をRmd化 (JSLAB19.Rmdの作成)

- W07: パッケージのロード (チャンク1)
- W08: サンプルのクラスタリング (チャンク2)
- W09: 見出しやチャンク番号
- W10: ファイルの読込とsubsetting (チャンク3)
- W11: TCC正規化 (チャンク4)
- W12: MBCluster.Seq実行の共通部分 (チャンク5)
- W13: MBCluster.Seq本番 (K=3) (チャンク6)
- W14: MBCluster.Seq本番 (K=4~5) (チャンク7~8)
- W15: 作図 (元データの作成) (チャンク9)
- W16: 作図 (本番) (チャンク10)
- W17: Knit

W05: JSLAB18.R...1

①作業ディレクトリ上に、②第18回で利用したJSLAB18.Rと、③W04で作成したtest19.Rmdがある前提でスタートします。
③test19.Rmdをテンプレートとして利用すべく...

hoge

新規作成 剪 複製 印刷 共有 削除 並び替え

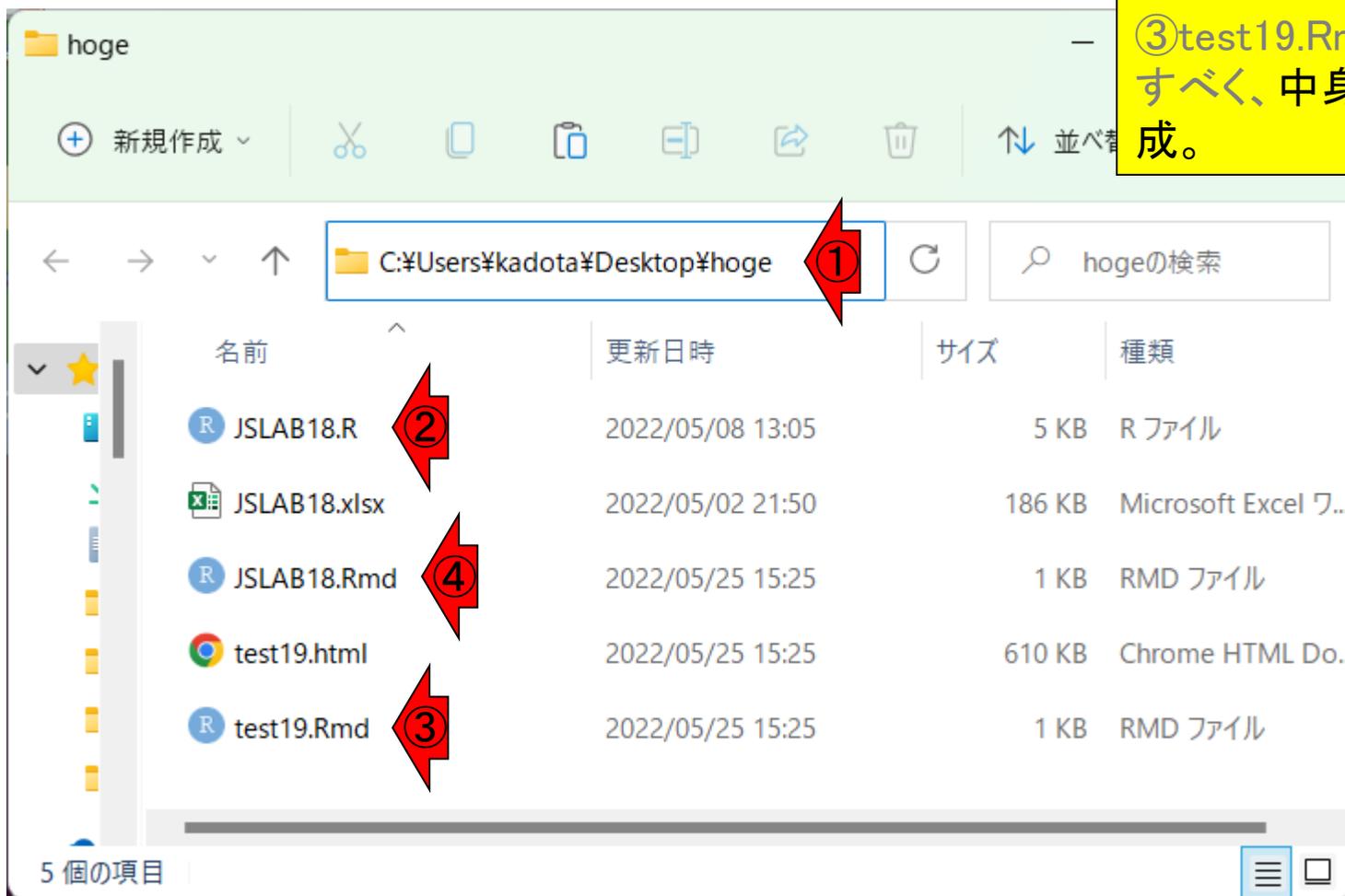
C:\Users\kadota\Desktop\hoge

名前	更新日時	サイズ	種類
JSLAB18.R	2022/05/08 13:05	5 KB	R ファイル
JSLAB18.xlsx	2022/05/02 21:50	186 KB	Microsoft Excel ワ...
test19.html	2022/05/25 15:25	610 KB	Chrome HTML Do...
test19.Rmd	2022/05/25 15:25	1 KB	RMD ファイル

4 個の項目

W05: JSLAB18.R...2

①作業ディレクトリ上に、②第18回で利用したJSLAB18.Rと、③W04で作成したtest19.Rmdがある前提でスタートします。
③test19.Rmdをテンプレートとして利用すべく、中身が同じ④JSLAB18.Rmdを作成。



W05: JSLAB18.R...3

①作業ディレクトリ上に、②第18回で利用したJSLAB18.Rと、③W04で作成したtest19.Rmdがある前提でスタートします。
③test19.Rmdをテンプレートとして利用すべく、中身が同じ④JSLAB18.Rmdを作成。RStudio画面に戻り、⑤リロードすると、先ほど作成した④JSLAB18.Rmdが確かに見えるようになります。

The screenshot shows the RStudio interface with the source editor open to test19.Rmd. The code in the editor is as follows:

```
1 ---
2 title: "JSLAB_test"
3 author: "MAKINO Manon"
4 date: '2022-05-23'
5 output: html_document
6 ---
7 # R Markdownの練習
8 単純な数値計算です。
9 ```{r}
10 1+1
11 3*4+2
12 ```
```

The console output shows the results of the R code:

```
[1] 2
[1] 14
```

The screenshot shows the RStudio Environment and Viewer panes. The Environment pane is empty. The Viewer pane shows a file explorer view of the directory C:\Users\kadota\Desktop\hoge. The files listed are:

Name	Size	Modified
..		
JSLAB18.R	4.2 KB	May 8, 2022, 1:05 PM
JSLAB18.Rmd	180 B	May 25, 2022, 3:25 PM
JSLAB18.xlsx	186 KB	May 2, 2022, 9:50 PM
test19.html	609.6 KB	May 25, 2022, 3:25 PM
test19.Rmd	180 B	May 25, 2022, 3:25 PM

Red arrows labeled 4 and 5 point to the JSLAB18.Rmd file in the file explorer and the Refresh button in the Viewer pane, respectively.

W05: JSLAB18.R...4

①作業ディレクトリ上に、②第18回で利用したJSLAB18.Rと、③W04で作成したtest19.Rmdがある前提でスタートします。
③test19.Rmdをテンプレートとして利用すべく、中身が同じ④JSLAB18.Rmdを作成。RStudio画面に戻り、⑤リロードすると、先ほど作成した④JSLAB18.Rmdが見えるようになります。このRmdファイルをRエディタ上で編集するため、⑥File、⑦Open File。

The screenshot shows the RStudio interface. The 'File' menu is open, with 'Open File...' selected and highlighted by a red arrow labeled '7'. A red arrow labeled '6' points to the 'File' menu icon. In the bottom right, a file explorer window shows the directory 'C:\Users\kadota\Desktop\hoge' with a list of files:

Name	Size	Modified
..		
JSLAB18.R	4.2 KB	May 8, 2022, 1:05 PM
JSLAB18.Rmd	180 B	May 25, 2022, 3:25 PM
JSLAB18.xlsx	186 KB	May 2, 2022, 9:50 PM
test19.html	609.6 KB	May 25, 2022, 3:25 PM
test19.Rmd	180 B	May 25, 2022, 3:25 PM

W05: JSLAB18.R...5

①作業ディレクトリ上に、②第18回で利用したJSLAB18.Rと、③W04で作成したtest19.Rmdがある前提でスタートします。
③test19.Rmdをテンプレートとして利用すべく、中身が同じ④JSLAB18.Rmdを作成。RStudio画面に戻り、⑤リロードすると、先ほど作成した④JSLAB18.Rmdが見えるようになります。このRmdファイルをRエディタ上で編集するため、⑥File、⑦Open File。⑧作業ディレクトリ上にある、⑨JSLAB18.Rmdを選択して、⑩Open。

The image shows a screenshot of the RStudio interface and a Windows File Explorer window. The RStudio window displays a code editor with R Markdown content and a console window showing the execution of R code. The Windows File Explorer window is open to the 'PC > デスクトップ > hoge' directory. The file 'JSLAB18.Rmd' is selected, and the 'Open' button is highlighted. Red arrows with circled numbers 8, 9, and 10 point to the file path, the selected file, and the 'Open' button, respectively.

RStudio interface showing the code editor and console output. The code editor contains R Markdown content, and the console shows the execution of R code.

Windows File Explorer window showing the file 'JSLAB18.Rmd' selected in the 'hoge' directory. The file name 'JSLAB18.Rmd' is entered in the 'ファイル名(N):' field.

名前	更新日時	種類	サイズ
JSLAB18.R	2022/05/08 13:05	R ファイル	5
JSLAB18.Rmd	2022/05/25 15:25	RMD ファイル	1
JSLAB18.xlsx	2022/05/02 21:50	Microsoft Excel ワ...	186
test19.html	2022/05/25 15:25	Chrome HTML Do...	610
test19.Rmd	2022/05/25 15:25	RMD ファイル	1

W05: JSLAB18.R...6

①作業ディレクトリ上に、②第18回で利用したJSLAB18.Rと、③W04で作成したtest19.Rmdがある前提でスタートします。③test19.Rmdをテンプレートとして利用すべく、中身が同じ④JSLAB18.Rmdを作成。RStudio画面に戻り、⑤リロードすると、先ほど作成した④JSLAB18.Rmdが見えるようになります。このRmdファイルをRエディタ上で編集するため、⑥File、⑦Open File。⑧作業ディレクトリ上にある、⑨JSLAB18.Rmdを選択して、⑩Open。実行結果。Rエディタ上に、⑪JSLAB18.Rmdのタブが追加されたことがわかります。

RStudio interface showing the JSLAB18.Rmd file being edited. The file content is as follows:

```
1 ---
2 title: "JSLAB_test"
3 author: "MAKINO Manon"
4 date: '2022-05-23'
5 output: html_document
6 ---
7 # R Markdownの練習
8 単純な数値計算です。
9 ```{r}
10 1+1
11 3*4+2
12 ```
```

The console output shows the results of the R code execution:

```
> 1+1
[1] 2
> 3*4+2
[1] 14
>
```

Name	Size	Modified
..		
JSLAB18.R	4.2 KB	May 8, 2022, 1:05 PM
JSLAB18.Rmd	180 B	May 25, 2022, 3:25 PM
JSLAB18.xlsx	186 KB	May 2, 2022, 9:50 PM
test19.html	609.6 KB	May 25, 2022, 3:25 PM
test19.Rmd	180 B	May 25, 2022, 3:25 PM

W05: JSLAB18.R...7

①JSLAB18.Rmdタブのほうを編集していきます。②の部分はYAMLヘッダと呼ばれる部分です(やむる、と読みます)。例えばHTMLファイルをテキストエディタで開くと、冒頭(ヘッダ)部分にHTML形式で書かれた文書であるという宣言が書かれていることが分かりますが、それと同じようなものだという理解でよいです。

```
1 ---
2 title: "JSLAB_test"
3 author: "MAKINO Manon"
4 date: '2022-05-23'
5 output: html_document
6 ---
7 # R Markdownの練習
8 単純な数値計算です。
9 ```{r}
10 1+1
11 3*4+2
12 ```
13
14
```

Console

```
R 4.2.0 · C:/Users/kadota/Desktop/hoge/
> 1+1
[1] 2
> 3*4+2
[1] 14
>
```

Environment is empty

Name	Size	Modified
..		
JSLAB18.R	4.2 KB	May 8, 2022, 1:05 PM
JSLAB18.Rmd	180 B	May 25, 2022, 3:25 PM
JSLAB18.xlsx	186 KB	May 2, 2022, 9:50 PM
test19.html	609.6 KB	May 25, 2022, 3:25 PM
test19.Rmd	180 B	May 25, 2022, 3:25 PM

W05: JSLAB18.R...8

①JSLAB18.Rmdタブのほうを編集していきます。②の部分はYAMLヘッダと呼ばれる部分です(やむる、と読みます)。例えばHTMLファイルをテキストエディタで開くと、冒頭(ヘッダ)部分にHTML形式で書かれた文書であるという宣言が書かれていることが分かりますが、それと同じようなものだという理解でよいです。Rmd自体はテキストファイルなので、このように自由に編集できます。

```
1 ---
2 title: "JSLAB18.Rの一部をRmd化"
3 author: "MAKINO Manon"
4 date: '2022-05-26'
5 output: html_document
6 ---
7 # R Markdownの練習
8 単純な数値計算です。
9 ```{r}
10 1+1
11 3*4+2
12 ```
13
14
```

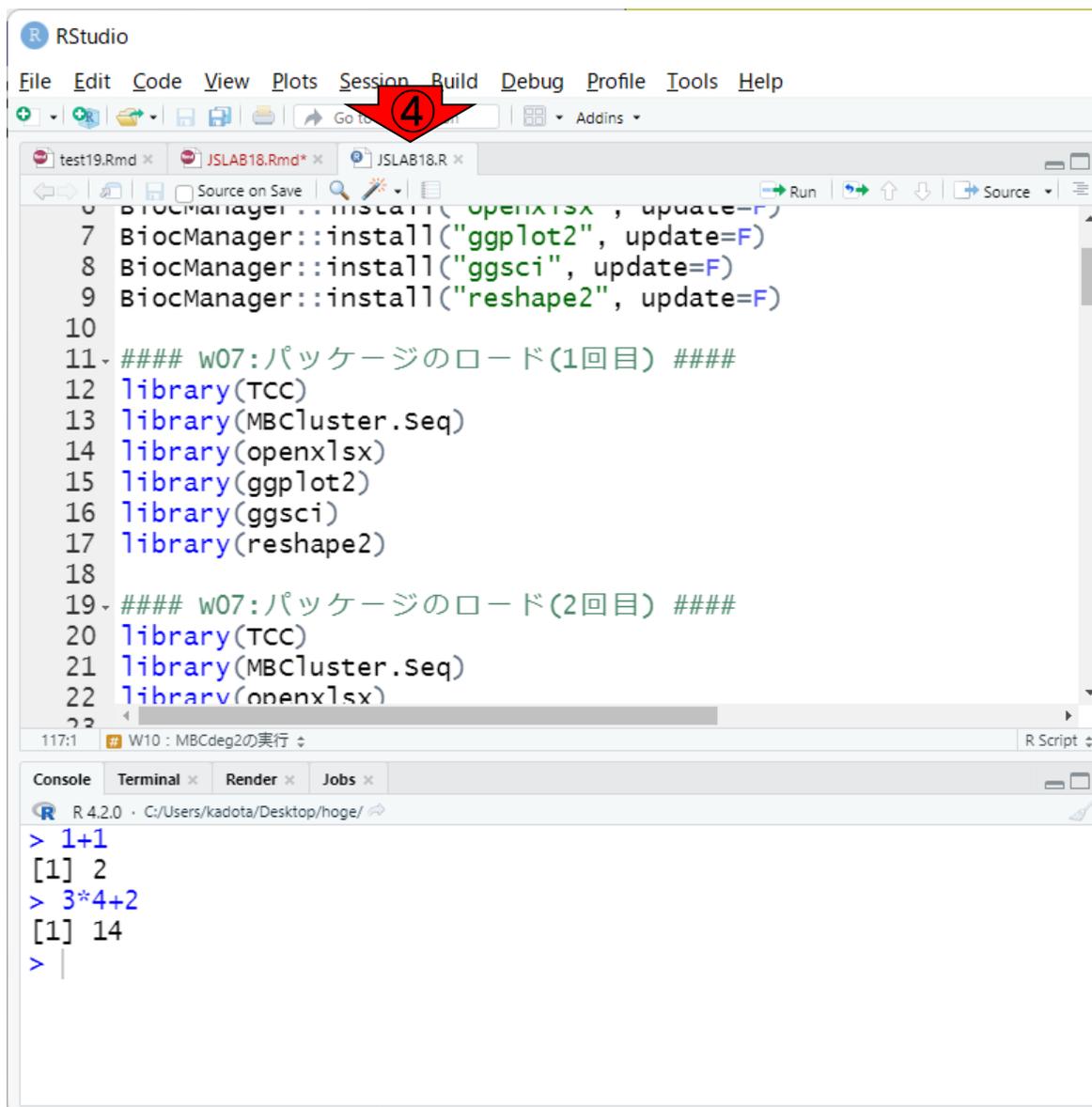
Console

```
R 4.2.0 · C:/Users/kadota/Desktop/hoge/
> 1+1
[1] 2
> 3*4+2
[1] 14
>
```

Name	Size	Modified
..		
JSLAB18.R	4.2 KB	May 8, 2022, 1:05 PM
JSLAB18.Rmd	180 B	May 25, 2022, 3:25 PM
JSLAB18.xlsx	186 KB	May 2, 2022, 9:50 PM
test19.html	609.6 KB	May 25, 2022, 3:25 PM
test19.Rmd	180 B	May 25, 2022, 3:25 PM

W05: JSLAB18.R...9

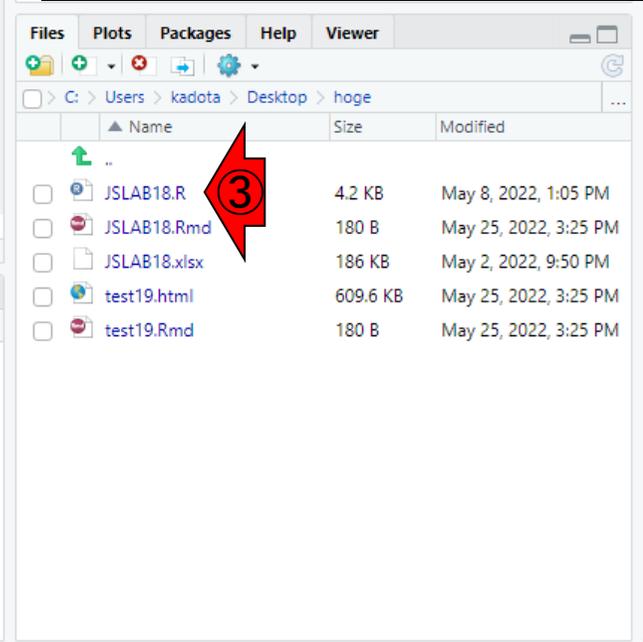
①JSLAB18.Rmdタブのほうを編集していきます。②の部分はYAMLヘッダと呼ばれる部分です(やむる、と読みます)。例えばHTMLファイルをテキストエディタで開くと、冒頭(ヘッダ)部分にHTML形式で書かれた文書であるという宣言が書かれていることが分かりますが、それと同じようなものだという理解でよいです。Rmd自体はテキストファイルなので、このように自由に編集できます。③
JSLAB18.Rもクリックして、④のようにエディタで開いておきましょう。



```
BiocManager::install("openxlsx", update=F)
7 BiocManager::install("ggplot2", update=F)
8 BiocManager::install("ggsci", update=F)
9 BiocManager::install("reshape2", update=F)
10
11- ##### w07:パッケージのロード(1回目) #####
12 library(TCC)
13 library(MBCluster.Seq)
14 library(openxlsx)
15 library(ggplot2)
16 library(ggsci)
17 library(reshape2)
18
19- ##### w07:パッケージのロード(2回目) #####
20 library(TCC)
21 library(MBCluster.Seq)
22 library(openxlsx)
```

Console

```
R 4.2.0 · C:/Users/kadota/Desktop/hoge/
> 1+1
[1] 2
> 3*4+2
[1] 14
>
```



Name	Size	Modified
..		
JSLAB18.R	4.2 KB	May 8, 2022, 1:05 PM
JSLAB18.Rmd	180 B	May 25, 2022, 3:25 PM
JSLAB18.xlsx	186 KB	May 2, 2022, 9:50 PM
test19.html	609.6 KB	May 25, 2022, 3:25 PM
test19.Rmd	180 B	May 25, 2022, 3:25 PM

W05: JSLAB18.R...10

RStudio interface showing R code and console output. The code includes:

```
BiocManager::install("openxlsx", update=F)
BiocManager::install("ggplot2", update=F)
BiocManager::install("ggsci", update=F)
BiocManager::install("reshape2", update=F)
##### w07:パッケージのロード(1回目) #####
library(TCC)
library(MBCluster.Seq)
library(openxlsx)
library(ggplot2)
library(ggsci)
library(reshape2)
##### w07:パッケージのロード(2回目) #####
library(TCC)
library(MBCluster.Seq)
library(openxlsx)
```

The console shows the execution of `1+1` and `3*4+2`.

①JSLAB18.Rmdタブのほうを編集していきます。②の部分はYAMLヘッダと呼ばれる部分です(やむる、と読みます)。例えばHTMLファイルをテキストエディタで開くと、冒頭(ヘッダ)部分にHTML形式で書かれた文書であるという宣言が書かれていることが分かりますが、それと同じようなものだという理解でよいです。Rmd自体はテキストファイルなので、このように自由に編集できます。③ JSLAB18.Rもクリックして、④のようにエディタで開いておきましょう。⑤パッケージのインストール部分は不要なので、⑥まずはパッケージのロード部分を1つのチャンクとして作成してみます。反転させた部分をコピーして...

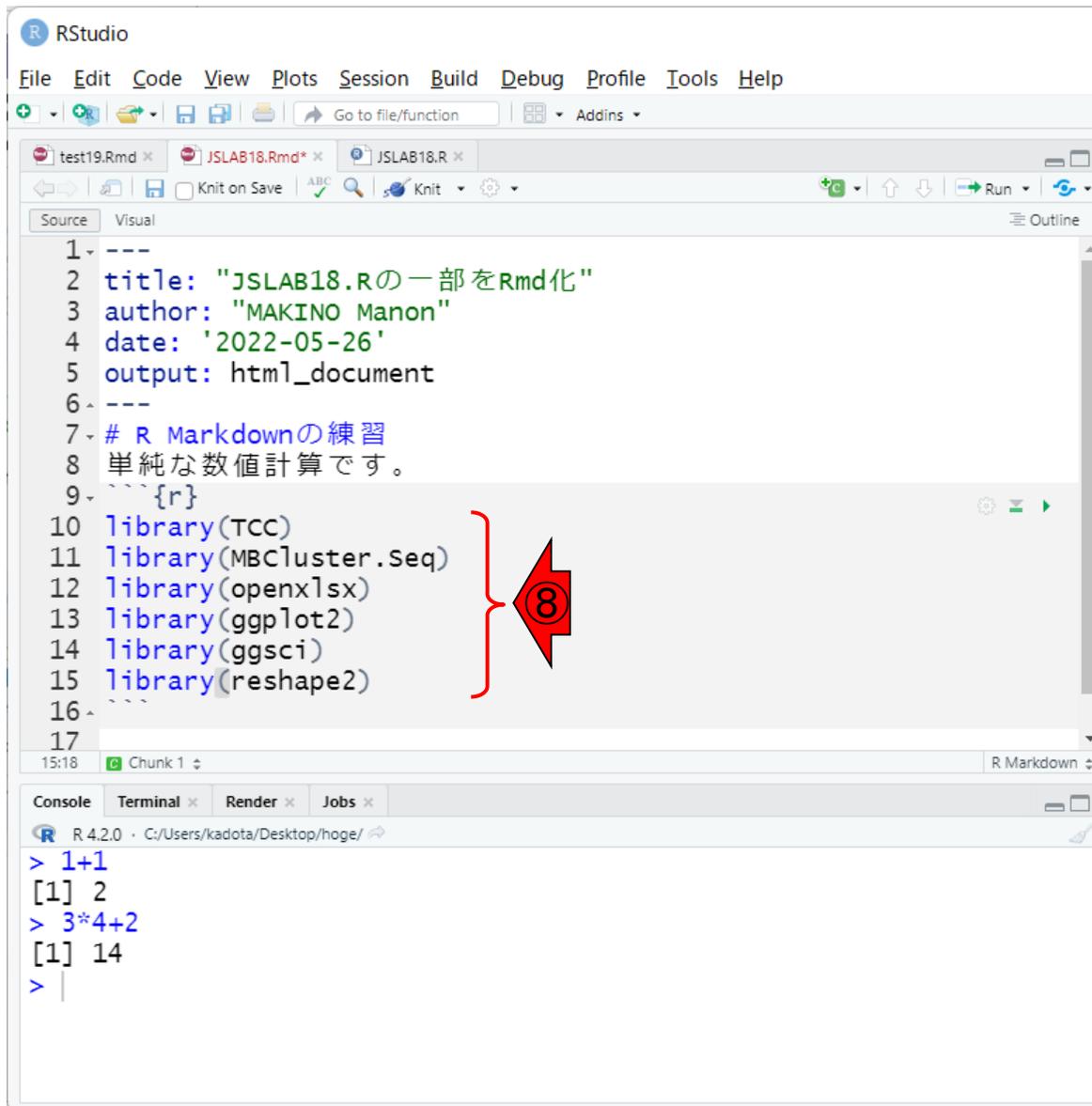
File Name	Size	Last Modified
JSLAB18.xlsx	186 KB	May 2, 2022, 9:50 PM
test19.html	609.6 KB	May 25, 2022, 3:25 PM
test19.Rmd	180 B	May 25, 2022, 3:25 PM

W05: JSLAB18.R...11

RStudio interface showing the JSLAB18.Rmd file being edited. The code in the editor includes a title, author, date, and output format, followed by a code chunk with R code. A context menu is open over the code chunk, with a red arrow labeled '7' pointing to the 'Paste' option. The console shows the output of the R code: 1+1 and 3*4+2.

①JSLAB18.Rmdタブのほうを編集していきます。②の部分はYAMLヘッダと呼ばれる部分です(やむる、と読みます)。例えばHTMLファイルをテキストエディタで開くと、冒頭(ヘッダ)部分にHTML形式で書かれた文書であるという宣言が書かれていることが分かりますが、それと同じようなものだという理解でよいです。Rmd自体はテキストファイルなので、このように自由に編集できます。③JSLAB18.Rもクリックして、④のようにエディタで開いておきましょう。⑤パッケージのインストール部分は不要なので、⑥まずはパッケージのロード部分を1つのチャンクとして作成してみます。反転させた部分をコピーして、①編集していくJSLAB18.Rmdタブの置換したい部分で、⑦Paste。

W05: JSLAB18.R...12



```
1 ---
2 title: "JSLAB18.Rの一部をRmd化"
3 author: "MAKINO Manon"
4 date: '2022-05-26'
5 output: html_document
6 ---
7 # R Markdownの練習
8 単純な数値計算です。
9 ```{r}
10 library(TCC)
11 library(MBCluster.Seq)
12 library(openxlsx)
13 library(ggplot2)
14 library(ggsci)
15 library(reshape2)
16 ```
17
```

```
> 1+1
[1] 2
> 3*4+2
[1] 14
>
```

①JSLAB18.Rmdタブのほうを編集していきます。②の部分はYAMLヘッダと呼ばれる部分です(やむる、と読みます)。例えばHTMLファイルをテキストエディタで開くと、冒頭(ヘッダ)部分にHTML形式で書かれた文書であるという宣言が書かれていることが分かりますが、それと同じようなものだという理解でよいです。Rmd自体はテキストファイルなので、このように自由に編集できます。③JSLAB18.Rもクリックして、④のようにエディタで開いておきましょう。⑤パッケージのインストール部分は不要なので、⑥まずはパッケージのロード部分を1つのチャンクとして作成してみます。反転させた部分をコピーして、①編集していくJSLAB18.Rmdタブの置換したい部分で、⑦Paste。こんな感じになればOK。⑧がペーストされた部分です。

W05: JSLAB18.R...13

The screenshot shows the RStudio interface with the following components:

- Source Editor:** Contains R Markdown code. Lines 7-8 are highlighted in blue, and a red arrow with the number '1' points to the text '単純な数値計算です。'.
- Environment:** Shows 'Environment is empty'.
- Files:** Shows a file explorer view of the project directory with the following files:

Name	Size	Modified
..		
JSLAB18.R	4.2 KB	May 8, 2022, 1:05 PM
JSLAB18.Rmd	180 B	May 25, 2022, 3:25 PM
JSLAB18.xlsx	186 KB	May 2, 2022, 9:50 PM
test19.html	609.6 KB	May 25, 2022, 3:25 PM
test19.Rmd	180 B	May 25, 2022, 3:25 PM
- Console:** Shows the execution of R code:

```
> 1+1
[1] 2
> 3*4+2
[1] 14
>
```

W05: JSLAB18.R...14

①次はMarkdown部分の変更。②ここではシンプルに見出しのみにしました。③スペースも忘れずに。④コンソール画面のクリアをしておくと、この後の結果部分との区別がしやすいです。

The screenshot displays the RStudio interface with the following components:

- Source Editor:** Contains R Markdown code for a document titled "JSLAB18.Rの一部をRmd化". The code includes a title, author ("MAKINO Manon"), date ("2022-05-26"), and a code chunk for loading packages: `library(TCC)`, `library(MBCcluster.Seq)`, `library(openxlsx)`, `library(ggplot2)`, `library(ggsci)`, and `library(reshape2)`. Red arrows point to the `html_document` output type (③) and the code chunk header (②).
- Environment:** Shows "Environment is empty".
- Files:** A file browser showing the current directory with files: `JSLAB18.R` (4.2 KB), `JSLAB18.Rmd` (180 B), `JSLAB18.xlsx` (186 KB), `test19.html` (609.6 KB), and `test19.Rmd` (180 B). A red arrow points to the `test19.Rmd` file (④).
- Console:** Shows the execution of `1+1` resulting in `[1] 2` and `3*4+2` resulting in `[1] 14`.

W05: JSLAB18.R...15

①次はMarkdown部分の変更。②ここではシンプルに見出しのみにしました。③スペースも忘れずに。④コンソール画面のクリアをしておく、この後の結果部分との区別がしやすいです。⑤このRチャンクを実行。

The screenshot shows the RStudio interface with the following components:

- Source Editor:** Contains R Markdown code for a document titled "JSLAB18.Rの一部をRmd化". The code includes metadata (author: MAKINO Manon, date: 2022-05-26) and a chunk for loading R packages: `library(TCC)`, `library(MBCcluster.Seq)`, `library(openxlsx)`, `library(ggplot2)`, `library(ggsci)`, and `library(reshape2)`.
- Environment Pane:** Shows "Environment is empty".
- File Explorer:** Displays the file structure on the desktop, including `JSLAB18.R`, `JSLAB18.Rmd`, `JSLAB18.xlsx`, `test19.html`, and `test19.Rmd`.
- Run Button:** A red arrow labeled "5" points to the "Run Current Chunk" button in the source editor.

W05: JSLAB18.R...16

①次はMarkdown部分の変更。②ここではシンプルに見出しのみにしました。③スペースも忘れずに。④コンソール画面のクリアをしておくと、この後の結果部分との区別がしやすいです。⑤このRチャンクを実行。実行中…。今どこの行をやっているかが⑥の部分の緑色の遷移でわかります。

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

```
1 ---
2 title: "JSLAB18.Rの一部をRmd化"
3 author: "MAKINO Manon"
4 date: '2022-05-26'
5 output: html_document
6 ---
7 パッケージのロード
8 {r}
9 library(TCC)
10 library(MBCcluster.Seq)
11 library(openxlsx)
12 library(ggplot2)
13 library(ggsci)
14 library(reshape2)
15 ~~~~
16
17
```

A red arrow points to line 8, which is highlighted in green. The console shows the output:

```
rowMedians
以下のオブジェクトは 'package:matrixStats' からマスクされています:
anyMissing, rowMedians
```

The Environment pane shows "Environment is empty". The Files pane shows the following files:

Name	Size	Modified
..		
JSLAB18.R	4.2 KB	May 8, 2022
JSLAB18.Rmd	271 B	May 26, 2022
JSLAB18.xlsx	186 KB	May 2, 2022
test19.html	609.6 KB	May 25, 2022
test19.Rmd	180 B	May 25, 2022

W05: JSLAB18.R...17

①次はMarkdown部分の変更。②ここではシンプルに見出しのみにしました。③スペースも忘れずに。④コンソール画面のクリアをしておく、この後の結果部分との区別がしやすいです。⑤このRチャンクを実行。実行中…。今どこの行をやっているかが⑥の部分の緑色の遷移でわかります。実行完了後の状態。⑦のあたりからパッケージロード時の長～いメッセージが表示されているのがわかります。

The screenshot shows the RStudio interface. The top pane displays R code for loading packages. The bottom-left pane shows the console output, including a red message box with package loading status. The bottom-right pane shows a file explorer window listing files in the 'hoge' directory.

```
5 output: ntm1_document
6 ---
7 # パッケージのロード
8 ```{r}
9 library(TCC)
10 library(MBCluster.Seq)
11 library(openxlsx)
12 library(ggplot2)
13 library(ggsci)
14 library(reshape2)
15 ```
```

要求されたパッケージ DESeq2 をロード中です
要求されたパッケージ S4Vectors をロード中です
要求されたパッケージ stats4 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

```
> library(MBCluster.Seq)
> library(openxlsx)
> library(ggplot2)
Learn more about the underlying theory at
https://ggplot2-book.org/
> library(ggsci)
> library(reshape2)
>
```

Name	Size	Modified
..		
JSLAB18.R	4.2 KB	May 8, 2022,
JSLAB18.Rmd	271 B	May 26, 202,
JSLAB18.xlsx	186 KB	May 2, 2022,
test19.html	609.6 KB	May 25, 202,
test19.Rmd	180 B	May 25, 202,

W05: JSLAB18.R...18

①次はMarkdown部分の変更。②ここではシンプルに見出しのみにしました。③スペースも忘れずに。④コンソール画面のクリアをしておく、この後の結果部分との区別がしやすいです。⑤このRチャンクを実行。実行中…。今どこの行をやっているかが⑥の部分の緑色の遷移でわかります。実行完了後の状態。⑦のあたりからパッケージロード時の長いメッセージが表示されているのがわかります。仮にこの状態でレンダリング(⑧ Knit)すると…

RStudio interface showing a code chunk with the following content:

```
5 output: ntm1_document
6 ---
7 # パッケージのロード
8 ```{r}
9 library(TCC)
10 library(MBCluster.Seq)
11 library(openxlsx)
12 library(ggplot2)
13 library(ggsci)
14 library(reshape2)
15 ```
```

Below the code chunk, a message box displays the following text:

要求されたパッケージ DESeq2 をロード中です
要求されたパッケージ S4Vectors をロード中です
要求されたパッケージ stats4 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

The console window shows the following output:

```
R 4.2.0 · C:/Users/kadota/Desktop/hoge/
> library(MBCluster.Seq)
> library(openxlsx)
> library(ggplot2)
Learn more about the underlying theory at
https://ggplot2-book.org/
> library(ggsci)
> library(reshape2)
>
```

Windows File Explorer window showing a directory listing of files:

Name	Size	Modified
..		
JSLAB18.R	4.2 KB	May 8, 2022
JSLAB18.Rmd	271 B	May 26, 2022
JSLAB18.xlsx	186 KB	May 2, 2022
test19.html	609.6 KB	May 25, 2022
test19.Rmd	180 B	May 25, 2022

W05: JSLAB18.R...19

こんな感じで、得られる①JSLAB18.htmlの中身が、赤枠で示すようなロード時のメッセージだらけになってしまいます。



```
C:/Users/kadota/Desktop/hoge/JSLAB18.html
JSLAB18.html Open in Browser Find Publish

JSLAB18.Rの一部をRmd化
MAKINO Manon
2022-05-26

パッケージのロード

library(TCC)

## 要求されたパッケージ DESeq2 をロード中です
## 要求されたパッケージ S4Vectors をロード中です
## 要求されたパッケージ stats4 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

## 次のパッケージを付け加えます: 'BiocGenerics'

## 以下のオブジェクトは 'package:stats' からマスクされています:
## IQR, mad, sd, var, xtabs

## 以下のオブジェクトは 'package:base' からマスクされています:
## anyDuplicated, append, as.data.frame, basename, cbind, colnames,
## dirname, do.call, duplicated, eval, evalq, Filter, Find, get, gre
## repl, intersect, is.unsorted, lapply, Map, mapply, match, mget,
## order, paste, pmax, pmax.int, pmin, pmin.int, Position, rank,
```

```
C:/Users/kadota/Desktop/hoge/JSLAB18.html
JSLAB18.html Open in Browser Find Publish

## 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 'package:DESeq2' からマスクされています:
## plotMA

## 以下のオブジェクトは 'package:BiocGenerics' からマスクされています:
## 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 parallel 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' からマスクされています:
## calcNormFactors

library(MBCluster.Seq)
library(openxlsx)
library(ggplot2)
library(ggsci)
library(reshape2)
```



W05: JSLAB18.R...20

こんな感じで、得られる①JSLAB18.htmlの中身が、赤枠で示すようなロード時のメッセージだらけになってしまいます。これを回避すべく、②を押して表示結果を削除してから、③再度Knitしても結果は同じですので無意味です。

Source Visual

```
5 output: ntm1_document
6 ---
7 # パッケージのロード
8 {r}
9 library(TCC)
10 library(MBCluster.Seq)
11 library(openxlsx)
12 library(ggplot2)
13 library(ggsci)
14 library(reshape2)
15
```

要求されたパッケージ DESeq2 をロード中です
要求されたパッケージ S4Vectors をロード中です
要求されたパッケージ stats4 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

Environment is empty

Name	Size	Modified
JSLAB18.html	614.9 KB	May 26, 2022
JSLAB18.R	4.2 KB	May 8, 2022
JSLAB18.Rmd	271 B	May 26, 2022
JSLAB18.xlsx	186 KB	May 2, 2022
test19.html	609.6 KB	May 25, 2022
test19.Rmd	180 B	May 25, 2022

Console Terminal Render Jobs

```
R 4.2.0 · C:/Users/kadota/Desktop/hoge/
> library(MBCluster.Seq)
> library(openxlsx)
> library(ggplot2)
Learn more about the underlying theory at
https://ggplot2-book.org/
> library(ggsci)
> library(reshape2)
>
```

W05: JSLAB18.R...21

もちろん、④[r]のRチャンクオプションを利用することで、パッケージのロード部分などの任意のチャンクをレポートに組み込まないようにすることができます。

The screenshot shows the RStudio interface with the following components:

- Source Editor:** Contains R Markdown code. A red arrow with the number 4 points to the chunk option `{r}` on line 8. The code includes a title, author, date, output format, and several library calls.
- Environment Panel:** Shows "Environment is empty".
- Files Panel:** Shows a file explorer view of the desktop directory "hoge", listing files like JSLAB18.html, JSLAB18.R, JSLAB18.Rmd, JSLAB18.xlsx, test19.html, and test19.Rmd.
- Console:** Shows the execution of the library() functions from the R Markdown file, including a link to the ggplot2 book.

```
1 ---
2 title: "JSLAB18.Rの一部をRmd化"
3 author: "MAKINO Manon"
4 date: '2022-05-26'
5 output: html_document
6 ---
7 # パッケージのロード
8 {r}
9 library(TCC)
10 library(MBCluster.Seq)
11 library(openxlsx)
12 library(ggplot2)
13 library(ggsci)
14 library(reshape2)
15 ---
16
17
```

```
> library(MBCluster.Seq)
> library(openxlsx)
> library(ggplot2)
Learn more about the underlying theory at
https://ggplot2-book.org/
> library(ggsci)
> library(reshape2)
>
```

W05: JSLAB18.R...22

もちろん、④[r]のRチャンクオプションを利用することで、パッケージのロード部分などの任意のチャンクをレポートに組み込まないようにすることができます。「include=FALSE」というオプションをつけるのが基本形ですが、incまで打つと補完してくれます。⑤をクリック。

The screenshot shows the RStudio interface with the following content:

```
1 ---
2 title: "JSLAB18.Rの一部をRmd化"
3 author: "MAKINO Manon"
4 date: '2022-05-26'
5 output: html_document
6 ---
7 # パッケージのロード
8 {r, inc}
9 library(include=
10 library(MBCluster)
11 library(openxlsx)
12 library(ggplot2)
13 library(ggsci)
14 library(reshape2)
15 ---
16
17
```

Annotations: A red arrow labeled ④ points to the `{r, inc}` chunk options, and another red arrow labeled ⑤ points to the `include=` option in the `library` call.

Environment is empty

Files | Plots | Packages | Help | Viewer

C: > Users > kadota > Desktop > hoge

Name	Size	Modified
..		
JSLAB18.html	614.9 KB	May 26, 2022
JSLAB18.R	4.2 KB	May 8, 2022
JSLAB18.Rmd	271 B	May 26, 2022
JSLAB18.xlsx	186 KB	May 2, 2022
test19.html	609.6 KB	May 25, 2022
test19.Rmd	180 B	May 25, 2022

Console

```
R 4.2.0 · C:/Users/kadota/Desktop/hoge/
> library(MBCluster)
> library(openxlsx)
> library(ggplot2)
Learn more about the underlying theory at
https://ggplot2-book.org/
> library(ggsci)
> library(reshape2)
>
```

W05: JSLAB18.R...23

もちろん、④[r]のRチャンクオプションを利用することで、パッケージのロード部分などの任意のチャンクをレポートに組み込まないようにすることができます。「include=FALSE」というオプションをつけるのが基本形ですが、incまで打つと補完してくれます。⑤をクリック。このオプションはTRUE or FALSEを選択可能だとわかります。⑥FALSEをクリック。

The screenshot shows the RStudio interface with the following content:

Source Editor:

```
1 ---
2 title: "JSLAB18.Rの一部をRmd化"
3 author: "MAKINO Manon"
4 date: '2022-05-26'
5 output: html_document
6 ---
7 # パッケージのロード
8 ```{r, include=}
9 library(TCC)
10 library(MBCluster)
11 library(openxlsx)
12 library(ggplot2)
13 library(ggsci)
14 library(reshape2)
15 ```
16
17
```

A red arrow labeled ⑥ points to the `FALSE` option in the dropdown menu for the `include` parameter on line 8.

Console:

```
R 4.2.0 · C:/Users/kadota/Desktop/hoge/
> library(MBCluster.Seq)
> library(openxlsx)
> library(ggplot2)
Learn more about the underlying theory at
https://ggplot2-book.org/
> library(ggsci)
> library(reshape2)
>
```

Files Panel:

Name	Size	Modified
..		
JSLAB18.html	614.9 KB	May 26, 2022
JSLAB18.R	4.2 KB	May 8, 2022
JSLAB18.Rmd	271 B	May 26, 2022
JSLAB18.xlsx	186 KB	May 2, 2022
test19.html	609.6 KB	May 25, 2022
test19.Rmd	180 B	May 25, 2022

W05: JSLAB18.R...24

もちろん、④[r]のRチャンクオプションを利用することで、パッケージのロード部分などの任意のチャンクをレポートに組み込まないようにすることができます。「include=FALSE」というオプションをつけるのが基本形ですが、incまで打つと補完してくれます。⑤をクリック。このオプションはTRUE or FALSEを選択可能だとわかります。⑥FALSEをクリック。⑦オプション追加完了後の状態で、⑧Knit。

The screenshot shows the RStudio interface with the following elements:

- Source Editor:** Contains R Markdown code. A red arrow labeled ⑧ points to the Knit button in the toolbar. A red arrow labeled ⑦ points to the `{r, include=FALSE}` option in the code.
- Code:**

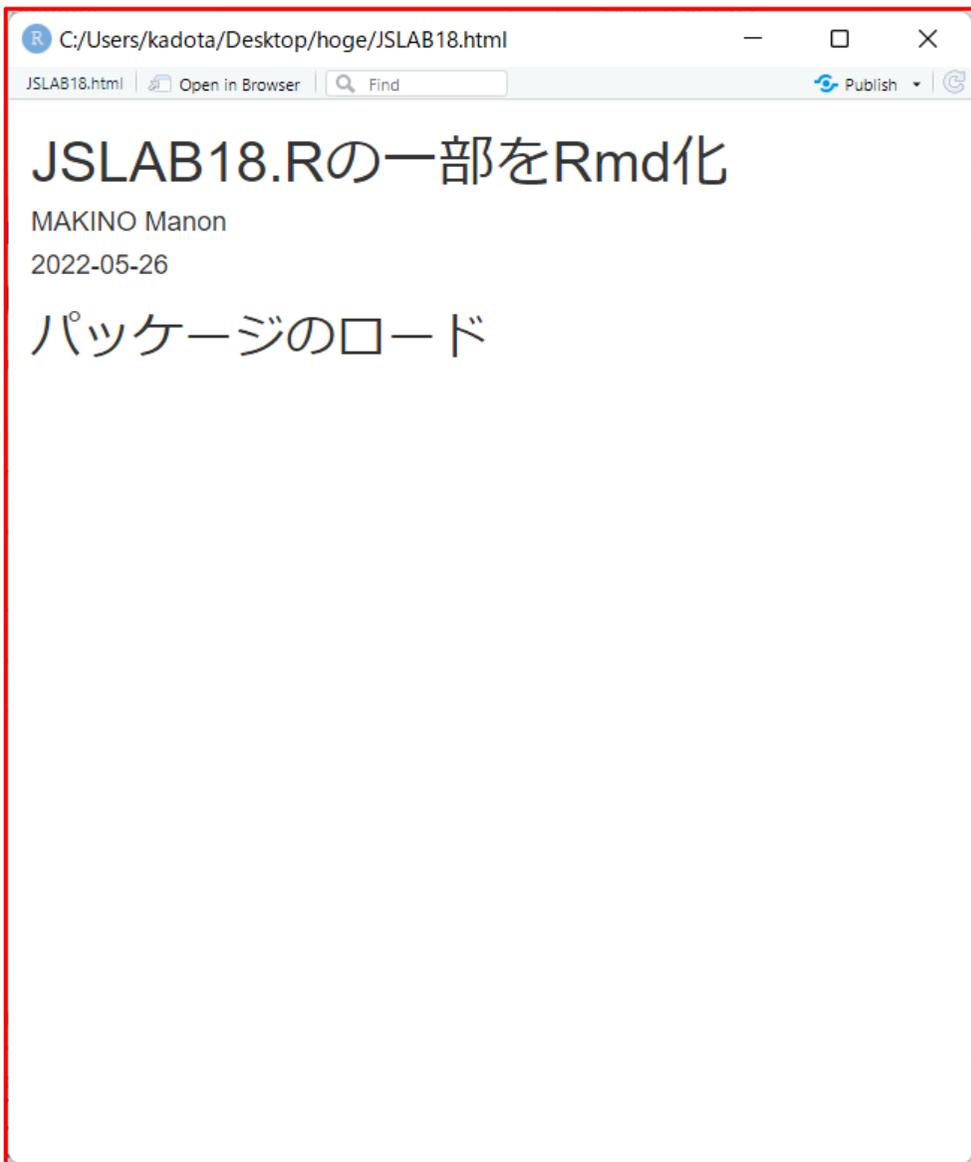
```
1 ---
2 title: "JSLAB18.Rの一部をRmd化"
3 author: "MAKINO Manon"
4 date: '2022-05-26'
5 output: html_document
6 ---
7 # パッケージのロード
8 {r, include=FALSE}
9 library(TCC)
10 library(MBCluster.Seq)
11 library(openxlsx)
12 library(ggplot2)
13 library(ggsci)
14 library(reshape2)
15 ---
16
17
```
- Terminal:** Shows the execution of library loading commands:

```
> library(MBCluster.Seq)
> library(openxlsx)
> library(ggplot2)
Learn more about the underlying theory at
https://ggplot2-book.org/
> library(ggsci)
> library(reshape2)
>
```
- Files Panel:** Shows a file explorer view of the directory `C:\Users\kadota\Desktop\hoge` with the following files:

Name	Size	Modified
..		
JSLAB18.html	614.9 KB	May 26, 2022
JSLAB18.R	4.2 KB	May 8, 2022
JSLAB18.Rmd	271 B	May 26, 2022
JSLAB18.xlsx	186 KB	May 2, 2022
test19.html	609.6 KB	May 25, 2022
test19.Rmd	180 B	May 25, 2022

W05: JSLAB18.R...25

もちろん、④[r]のRチャンクオプションを利用することで、パッケージのロード部分などの任意のチャンクをレポートに組み込まないようにすることができます。「include=FALSE」というオプションをつけるのが基本形ですが、incまで打つと補完してくれます。⑤をクリック。このオプションはTRUE or FALSEを選択可能だとわかります。⑥FALSEをクリック。⑦オプション追加完了後の状態で、⑧Knit。⑨得られるJSLAB18.htmlの中身がこんな感じになって、Rチャンクと実行結果がともに表示されなければOK。



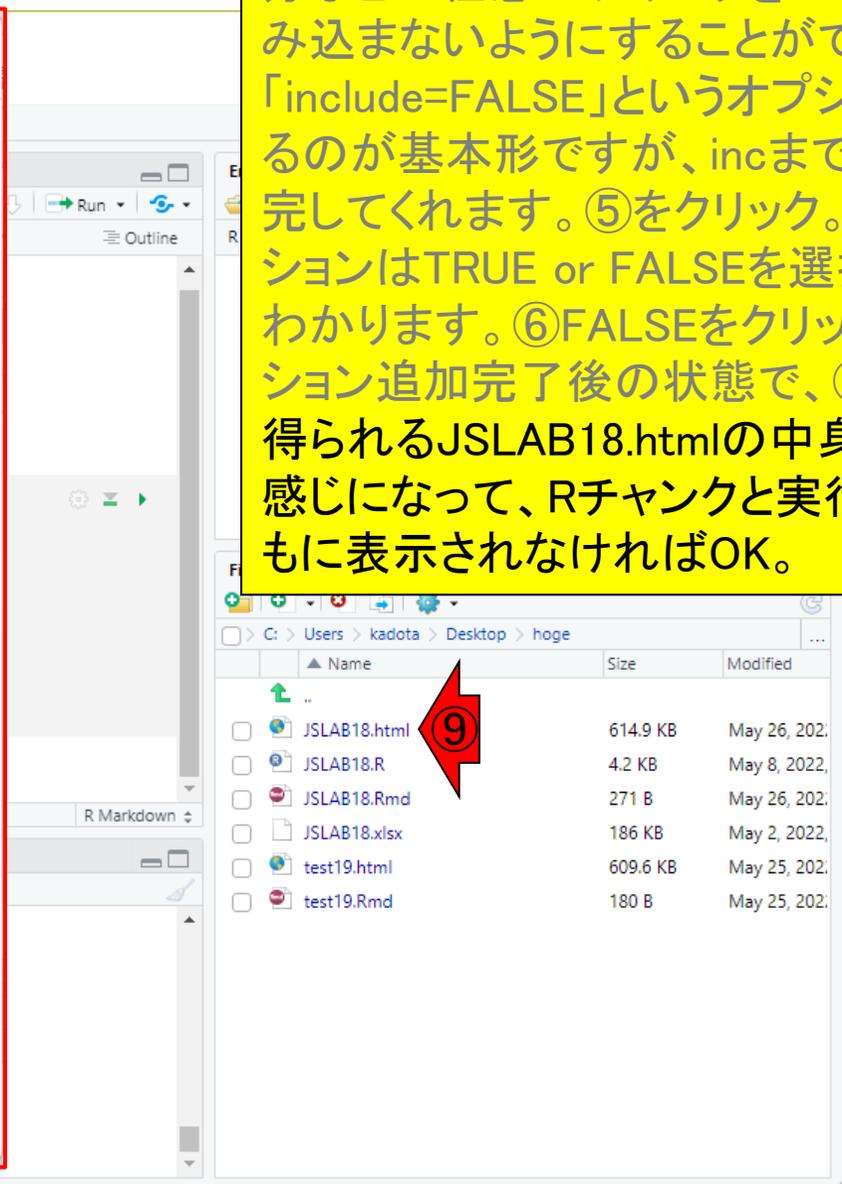
C:/Users/kadota/Desktop/hoge/JSLAB18.html

JSLAB18.html Open in Browser Find Publish

JSLAB18.Rの一部をRmd化

MAKINO Manon
2022-05-26

パッケージのロード



C: > Users > kadota > Desktop > hoge

Name	Size	Modified
..		
JSLAB18.html	614.9 KB	May 26, 2022
JSLAB18.R	4.2 KB	May 8, 2022
JSLAB18.Rmd	271 B	May 26, 2022
JSLAB18.xlsx	186 KB	May 2, 2022
test19.html	609.6 KB	May 25, 2022
test19.Rmd	180 B	May 25, 2022

W05: JSLAB18.R...26

ちなみに、JSLAB18.Rmdファイル中の9～14行目のどのパッケージをロードしたかという情報のみレポートに含めたい場合は、①「`message=FALSE`」とすればよいです。本文中では言及していませんが、文字通り「ロード時のメッセージをレポートに含めない」という指令に相当します。

The screenshot shows the RStudio interface with the following content:

```
1 ---
2 title: "JSLAB18.Rの一部をRmd化"
3 author: "MAKINO Manon"
4 date: '2022-05-26'
5 output: html_document
6 ---
7 # パッケージのロード
8 {r, include=FALSE}
9 library(TCC)
10 library(MBCluster.Seq)
11 library(openxlsx)
12 library(ggplot2)
13 library(ggsci)
14 library(reshape2)
15 ---
16
17
```

Environment is empty

Files	Plots	Packages	Help	Viewer
C: > Users > kadota > Desktop > hoge				
Name	Size	Modified		
..				
JSLAB18.html	614.9 KB	May 26, 2022		
JSLAB18.R	4.2 KB	May 8, 2022		
JSLAB18.Rmd	271 B	May 26, 2022		
JSLAB18.xlsx	186 KB	May 2, 2022		
test19.html	609.6 KB	May 25, 2022		
test19.Rmd	180 B	May 25, 2022		

```
R 4.2.0 · C:/Users/kadota/Desktop/hoge/
> library(MBCluster.Seq)
> library(openxlsx)
> library(ggplot2)
Learn more about the underlying theory at
https://ggplot2-book.org/
> library(ggsci)
> library(reshape2)
>
```

W05: JSLAB18.R...27

①次はJSLAB18.Rの、②サンプルのクラスタリング部分です。作成手段は様々ですが、ここでは見出しの大きさを変更するテクニックなども伝授したいので、計3つのチャンクに分けます。まずは③の部分から。

RStudio interface showing R code for clustering and plotting. The code is annotated with red circles and arrows:

- ①: Points to the top menu bar (File, Edit, Code, View, Plots, Session, Build, Debug, Profile, Tools, Help).
- ②: Points to the plot function arguments in the code: `png("fig7.png", pointsize=13, width=500, height=400)`.
- ③: Points to the data loading and clustering code block (lines 27-36):

```
27 ##### w08 : サンプルのクラスタリング #####
28 ## データの読み込み ##
29 data <- read.xlsx("JSLAB18.xlsx", rowNames=TRUE)
30 ## サンプルクラスタリング ##
31 out <- clusterSample(data, dist.method="spearman",
32                       hc1ust.method="average", unique.pattern=TRUE)
33 ## ファイルに保存(図7の作成) ##
34 png("fig7.png", pointsize=13, width=500, height=400)
35 plot(out)
36 dev.off()
```

The console output shows the following commands and their results:

```
> library(MBCluster.Seq)
> library(openxlsx)
> library(ggplot2)
Learn more about the underlying theory at
https://ggplot2-book.org/
> library(ggsci)
> library(reshape2)
>
```

The Environment pane shows "Environment is empty". The Files pane shows the following files:

Name	Size	Modified
..		
JSLAB18.html	609.5 KB	May 26, 2022
JSLAB18.R	4.2 KB	May 8, 2022
JSLAB18.Rmd	286 B	May 26, 2022
JSLAB18.xlsx	186 KB	May 2, 2022
test19.html	609.6 KB	May 25, 2022
test19.Rmd	180 B	May 25, 2022

W05: JSLAB18.R...28

①次はJSLAB18.Rの、②サンプルのクラスタリング部分です。作成手段は様々ですが、ここでは見出しの大きさを変更するテクニックなども伝授したいので、計3つのチャンクに分けます。まずは③の部分から。④JSLAB18.Rmdタブに切り替えて、⑤まずはMarkdownのほうから。見出しは#だと最初に説明しましたが、#は1番大きい見出し(章レベル)、##は2番目に大きい見出し(節レベル)、###は3番目に大きい見出し(項レベル)のように使い分けることができます。

```
1 ---
2 title: "JSLAB18.Rの一部をRmd化"
3 author: "MAKINO Manon"
4 date: '2022-05-26'
5 output: html_document
6 ---
7 # パッケージのロード
8 ```{r, include=FALSE}
9 library(TCC)
10 library(MBCcluster.Seq)
11 library(openxlsx)
12 library(ggplot2)
13 library(ggsci)
14 library(reshape2)
15 ```
16 # サンプルのクラスタリング }
17 ## データの読み込み
18
```

Console Terminal Render Jobs

```
R 4.2.0 · C:/Users/kadota/Desktop/hoge/
> library(MBCcluster.Seq)
> library(openxlsx)
> library(ggplot2)
Learn more about the underlying theory at
https://ggplot2-book.org/
> library(ggsci)
> library(reshape2)
```

Name	Size	Modified
..		
JSLAB18.html	609.5 KB	May 26, 2022
JSLAB18.R	4.2 KB	May 8, 2022
JSLAB18.Rmd	286 B	May 26, 2022
JSLAB18.xlsx	186 KB	May 2, 2022
test19.html	609.6 KB	May 25, 2022
test19.Rmd	180 B	May 25, 2022

W05: JSLAB18.R...29

RStudio interface showing the JSLAB18.Rmd file. The code in the editor is as follows:

```
5 output: html_document
6 ---
7 # パッケージのロード
8 {r, include=FALSE}
9 library(TCC)
10 library(MBCluster.Seq)
11 library(openxlsx)
12 library(ggplot2)
13 library(ggsci)
14 library(reshape2)
15 ---
16 # サンプルのクラスタリング } ⑤
17 ## データの読み込み
18 {r} } ⑧
19 ---
20
21
22
```

The console shows the execution of the library calls:

```
R 4.2.0 · C:/Users/kadota/Desktop/hoge/
> library(MBCluster.Seq)
> library(openxlsx)
> library(ggplot2)
Learn more about the underlying theory at
https://ggplot2-book.org/
> library(ggsci)
> library(reshape2)
```

Annotations in the image:

- ⑤: Points to the comment "# サンプルのクラスタリング" on line 16.
- ⑥: Points to the "Insert a new R chunk" menu.
- ⑦: Points to the "R" option in the menu.
- ⑧: Points to the R code block "{r}" on line 18.

①次はJSLAB18.Rの、②サンプルのクラスタリング部分です。作成手段は様々ですが、ここでは見出しの大きさを変更するテクニックなども伝授したいので、計3つのチャンクに分けます。まずは③の部分から。④JSLAB18.Rmdタブに切り替えて、⑤まずはMarkdownのほうから。見出しは#だと最初に説明しましたが、#は1番大きい見出し(章レベル)、##は2番目に大きい見出し(節レベル)、###は3番目に大きい見出し(項レベル)のように使い分けることができます。18行目にカーソルがある状態で、⑥⑦の手順で、⑧新規Rチャンクを作成(後の状態)。

Name	Size	Modified
..		
JSLAB18.html	609.5 KB	May 26, 2022
JSLAB18.R	4.2 KB	May 8, 2022
JSLAB18.Rmd	286 B	May 26, 2022
JSLAB18.xlsx	186 KB	May 2, 2022
test19.html	609.6 KB	May 25, 2022
test19.Rmd	180 B	May 25, 2022

W05: JSLAB18.R...30

①JSLAB18.Rタブ上の、②をコピーして

...

The screenshot shows the RStudio interface with the following components:

- Source Editor:** Contains R code for data loading and clustering. Line 29 is highlighted with a blue selection box and a red arrow labeled '2' pointing to it. A red arrow labeled '1' points to the 'Go To' field in the top toolbar.
- Environment Panel:** Shows 'Global Environment' and 'Environment is empty'.
- Files Panel:** Shows a file explorer view of the 'C:\Users\kadota\Desktop\hoge' directory. The files listed are:

Name	Size	Modified
..		
JSLAB18.html	609.5 KB	May 26, 2022
JSLAB18.R	4.2 KB	May 8, 2022
JSLAB18.Rmd	286 B	May 26, 2022
JSLAB18.xlsx	186 KB	May 2, 2022
test19.html	609.6 KB	May 25, 2022
test19.Rmd	180 B	May 25, 2022
- Console:** Shows the execution of library loading commands:

```
> library(MBCcluster.seq)
> library(openxlsx)
> library(ggplot2)
Learn more about the underlying theory at
https://ggplot2-book.org/
> library(ggsci)
> library(reshape2)
```

W05: JSLAB18.R...31

①JSLAB18.Rタブ上の、②をコピーして、
③JSLAB18.Rmdタブ上の、④の行で
ペーストした状態。

The screenshot shows the RStudio interface with the following elements:

- Source Editor:** Contains R code for loading packages and reading an Excel file. A red arrow labeled '3' points to the menu bar, and another red arrow labeled '4' points to line 19.
- Environment Panel:** Shows 'Environment is empty'.
- Files Panel:** Shows a file explorer view of the desktop directory 'C:\Users\kadota\Desktop\hoge'. It lists several files including 'JSLAB18.html', 'JSLAB18.R', 'JSLAB18.Rmd', 'JSLAB18.xlsx', 'test19.html', and 'test19.Rmd'.
- Console:** Shows the output of the R commands: `> library(MBCluster.Seq)`, `> library(openxlsx)`, `> library(ggplot2)`, `> library(ggsci)`, and `> library(reshape2)`. Below the commands is a red text link: `Learn more about the underlying theory at https://ggplot2-book.org/`.

W05: JSLAB18.R...32

①JSLAB18.Rタブ上の、②をコピーして、
③JSLAB18.Rmdタブ上の、④の行で
ペーストした状態。⑤は⑥Console画面
での実行指令に相当するものであり、⑦
のhtml生成とは無関係ですが、最初のう
ちは、まず⑤を実行して⑥Console画面
上でエラーが出ないことを確認してから、
⑥のほうが無難だと思います。

The screenshot shows the RStudio interface with the following elements:

- Source Editor:** Contains R code for loading packages and reading data. A red arrow labeled ⑦ points to the top toolbar. A red arrow labeled ⑤ points to the Run button in the source editor.
- Console:** Shows the execution of the code from the source editor. A red arrow labeled ⑥ points to the console output.
- Files Panel:** Shows a file explorer view of the current project directory, listing files like JSLAB18.html, JSLAB18.R, JSLAB18.Rmd, JSLAB18.xlsx, test19.html, and test19.Rmd.

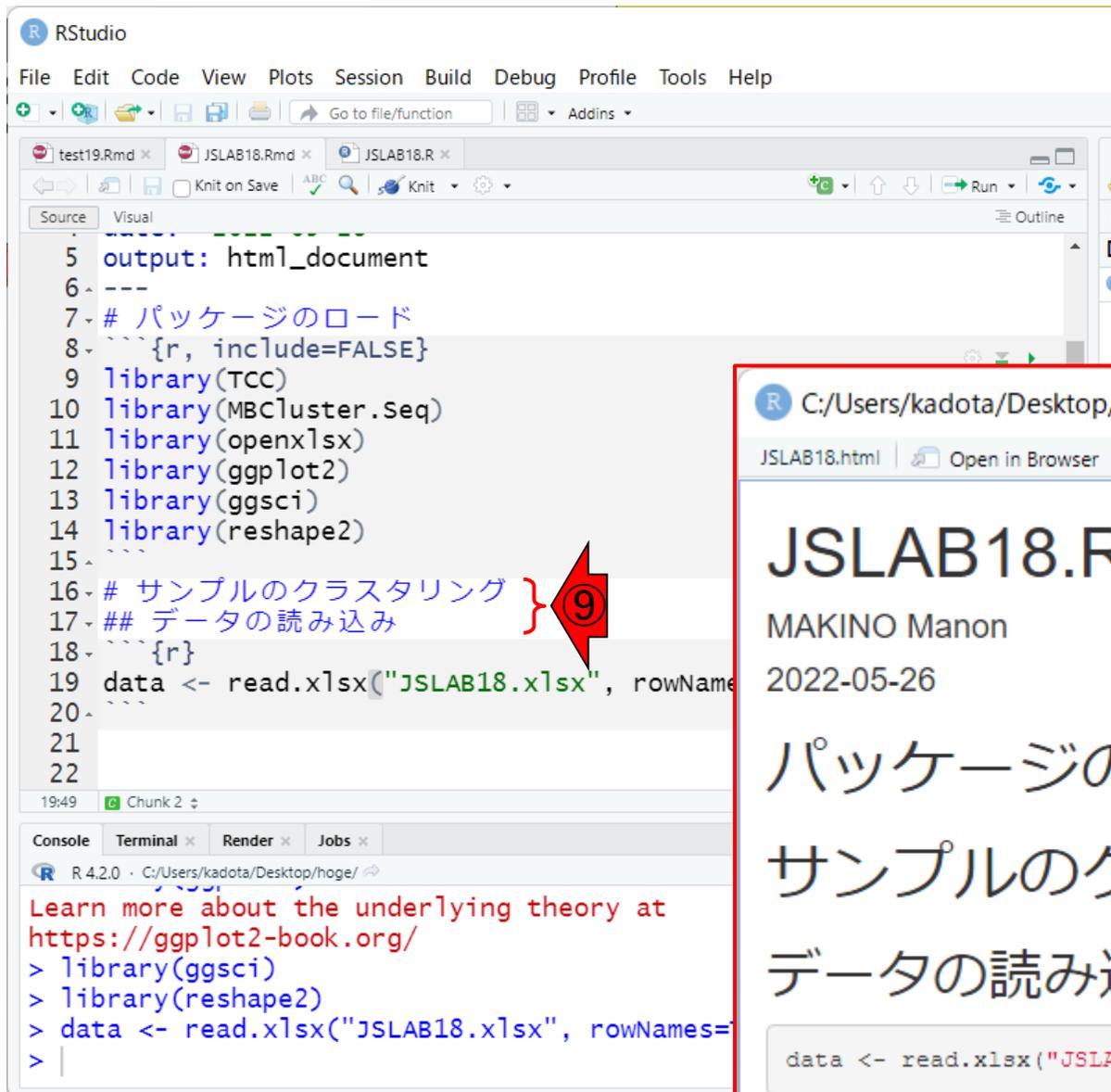
```
5 output: html_document
6 ---
7 # パッケージのロード
8 {r, include=FALSE}
9 library(TCC)
10 library(MBCluster.Seq)
11 library(openxlsx)
12 library(ggplot2)
13 library(ggsci)
14 library(reshape2)
15 ---
16 # サンプルのクラスタリング
17 ## データの読み込み
18 {r}
19 data <- read.xlsx("JSLAB18.xlsx", rowNames=TRUE)
20 ---
21
```

```
R 4.2.0 · C:/Users/kadota/Desktop/hoge/
Learn more about the underlying theory at
https://ggplot2-book.org/
> library(ggsci)
> library(reshape2)
> data <- read.xlsx("JSLAB18.xlsx", rowNames=TRUE)
>
```

Name	Size	Modified
..		
JSLAB18.html	609.8 KB	May 26, 2022
JSLAB18.R	4.2 KB	May 8, 2022
JSLAB18.Rmd	418 B	May 26, 2022
JSLAB18.xlsx	186 KB	May 2, 2022
test19.html	609.6 KB	May 25, 2022
test19.Rmd	180 B	May 25, 2022

W05: JSLAB18.R...33

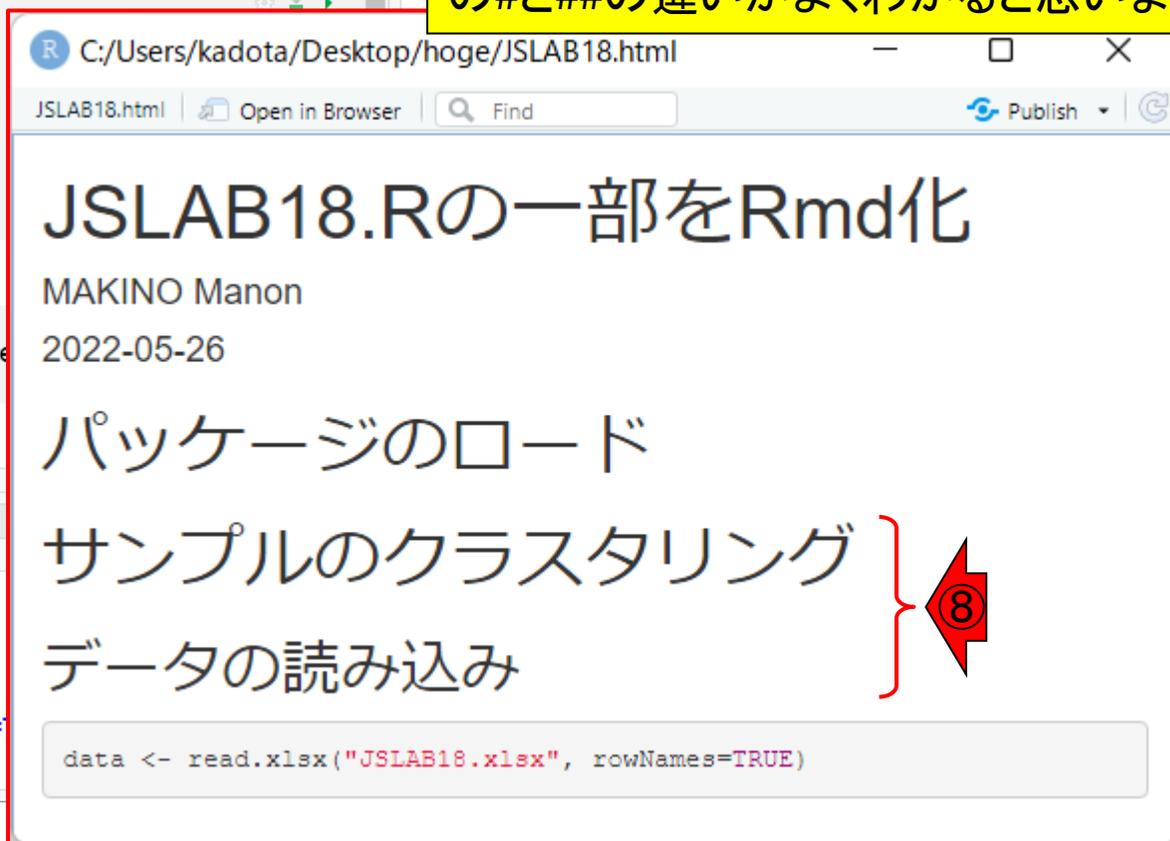
①JSLAB18.Rタブ上の、②をコピーして、③JSLAB18.Rmdタブ上の、④の行でペーストした状態。⑤は⑥Console画面での実行指令に相当するものであり、⑦のhtml生成とは無関係ですが、最初のうちは、まず⑤を実行して⑥Console画面上でエラーが出ないことを確認してから、⑥のほうが無難だと思います。⑧HTMLファイルの文字の大きさと、⑨Markdownの#と##の違いがよくわかると思います。



```
5 output: html_document
6 ---
7 # パッケージのロード
8 {r, include=FALSE}
9 library(TCC)
10 library(MBCcluster.Seq)
11 library(openxlsx)
12 library(ggplot2)
13 library(ggsci)
14 library(reshape2)
15 ---
16 # サンプルのクラスタリング }
17 ## データの読み込み } ⑨
18 {r}
19 data <- read.xlsx("JSLAB18.xlsx", rowNames=TRUE)
20 ---
21
22
```

Console

```
R 4.2.0 · C:/Users/kadota/Desktop/hoge/
Learn more about the underlying theory at
https://ggplot2-book.org/
> library(ggsci)
> library(reshape2)
> data <- read.xlsx("JSLAB18.xlsx", rowNames=TRUE)
>
```



C:/Users/kadota/Desktop/hoge/JSLAB18.html

JSLAB18.Rの一部をRmd化

MAKINO Manon
2022-05-26

パッケージのロード
サンプルのクラスタリング } ⑧
データの読み込み

```
data <- read.xlsx("JSLAB18.xlsx", rowNames=TRUE)
```

W05: JSLAB18.R...34

①Rmdファイルのほうの21~25行目を追加してKnitした結果。

The image shows a screenshot of the RStudio interface. The main editor window displays R code with line numbers 9 through 26. A red arrow with the number '1' points to the 'Knit' button in the top toolbar. The code includes library calls, comments in Japanese, and data processing steps. The console at the bottom shows the execution output. An inset window shows the rendered HTML file, which contains the same code blocks as the R script, with the first three blocks highlighted in red.

```
9 library(TCC)
10 library(MBCluster.Seq)
11 library(openxlsx)
12 library(ggplot2)
13 library(ggsci)
14 library(reshape2)
15 ~~~
16 # サンプルのクラスタリング
17 ## データの読み込み
18 ```{r}
19 data <- read.xlsx("JSLAB18.xlsx", rowNames=TRUE)
20 ~~~
21 ## サンプルクラスタリング
22 ```{r}
23 out <- clusterSample(data, dist.method="spearman",
24                       hclust.method="average", unique.pattern=TRUE)|
25 ~~~
26
```

Console output:

```
> library(ggsci)
> library(reshape2)
> data <- read.xlsx("JSLAB18.xlsx", rowNames=TRUE)
> out <- clusterSample(data, dist.method="spearman",
+                       hclust.method="average", unique.pattern=TRUE)
>
```

Rendered HTML content (highlighted blocks):

```
data <- read.xlsx("JSLAB18.xlsx", rowNames=TRUE)

サンプルクラスタリング

out <- clusterSample(data, dist.method="spearman",
                     hclust.method="average", unique.pattern=TRUE)
```

W05: JSLAB18.R...35

最後の作図の部分です。①で新規Rチャンネルの作成みたいなことをせずとも、例えば21~25行目を反転させて②コピー

...

The screenshot shows the RStudio interface with the following elements:

- Source Editor:** Contains R code for loading libraries, reading data, and performing hierarchical clustering. Lines 21-25 are highlighted, and a context menu is open with 'Copy' selected.
- Environment:** Shows the current environment with 'data' (2949 obs. of 9 variables) and 'out' (List of 7).
- Files:** A file explorer showing the project files: JSLAB18.html, JSLAB18.R, JSLAB18.Rmd, JSLAB18.xlsx, test19.html, and test19.Rmd.
- Console:** Shows the output of the R code execution.

```
> library(ggsci)
> library(reshape2)
> data <- read.xlsx("JSLAB18.xlsx", rowNames=TRUE)
> out <- clustersample(data, dist.method="spearman",
+                       hclust.method="average", unique.pattern=TRUE)
>
```

W05: JSLAB18.R...36

最後の作図の部分です。①で新規Rチャンネルの作成みたいなことをせずとも、例えば21～25行目を反転させて②コピー、③26行目でペーストして編集していくこともできます。

The screenshot shows the RStudio interface with the following components:

- Source Editor:** Contains R code for data loading and clustering. Lines 21-25 and 26-30 are highlighted with a red box, and a red arrow labeled '3' points to line 26.
- Environment Panel:** Shows the current environment with 'data' (2949 obs. of 9 variables) and 'out' (List of 7).
- Files Panel:** Shows a file explorer view of the 'C:\Users\kadota\Desktop\hoge' directory, listing files like 'JSLAB18.html', 'JSLAB18.R', 'JSLAB18.Rmd', 'JSLAB18.xlsx', 'test19.html', and 'test19.Rmd'.
- Console:** Shows the execution of R commands: `library(ggsci)`, `library(reshape2)`, `data <- read.xlsx("JSLAB18.xlsx", rowNames=TRUE)`, and `out <- clusterSample(data, dist.method="spearman", hclust.method="average", unique.pattern=TRUE)`.

W05: JSLAB18.R...37

最後の作図の部分です。①で新規Rチャンネルの作成みたいなことをせずとも、例えば21~25行目を反転させて②コピー、③26行目でペーストして編集していくこともできます。赤枠内のように書き換えて④実行すれば、⑤fig7.pngが確かに得られます。

The screenshot shows the RStudio interface. The source editor displays R code for hierarchical clustering and plotting. A red box highlights the plotting code (lines 26-31), with a red arrow labeled '4' pointing to the execution button. The console shows the output of the code. The file explorer on the right shows the 'hoge' directory on the desktop, with a red arrow labeled '5' pointing to the 'fig7.png' file.

```
## サンプルクラスタリング
## {r}
out <- clustersample(data, dist.method="spearman",
  hclust.method="average", unique.pattern=TRUE)
##
## 作図
## {r}
png("fig7.png", pointsize=13, width=500, height=400)
plot(out)
dev.off()
##
```

Console output:

```
> out <- clustersample(data, dist.method="spearman",
+ hclust.method="average", unique.pattern=TRUE)
> png("fig7.png", pointsize=13, width=500, height=400)
> plot(out)
> dev.off()
null device
1
```

Name	Size	Modified
..		
fig7.png	4.5 KB	May 27, 2022
JSLAB18.html	610.1 KB	May 26, 2022
JSLAB18.R	4.2 KB	May 8, 2022
JSLAB18.Rmd	580 B	May 26, 2022
JSLAB18.xlsx	186 KB	May 2, 2022
test19.html	609.6 KB	May 25, 2022
test19.Rmd	180 B	May 25, 2022

W05: JSLAB18.R...38

最後の作図の部分です。①で新規Rチャンネルの作成みたいなことをせずとも、例えば21~25行目を反転させて②コピー、③26行目でペーストして編集していくこともできます。赤枠内のように書き換えて④実行すれば、⑤fig7.pngが確かに得られます。しかし、この状態でレンダリング(Knitしてhtmlを作成)しても、⑥HTMLファイル中には、⑦fig7.pngの中身は反映されません。

```
C:/Users/kadota/Desktop/hoge/JSLAB18.html
```

JSLAB18.html Open in Browser Find Publish

JSLAB18.Rの一部をRmd化

MAKINO Manon
2022-05-26

パッケージのロード

サンプルのクラスタリング

データの読み込み

```
data <- read.xlsx("JSLAB18.xlsx", rowNames=TRUE)
```

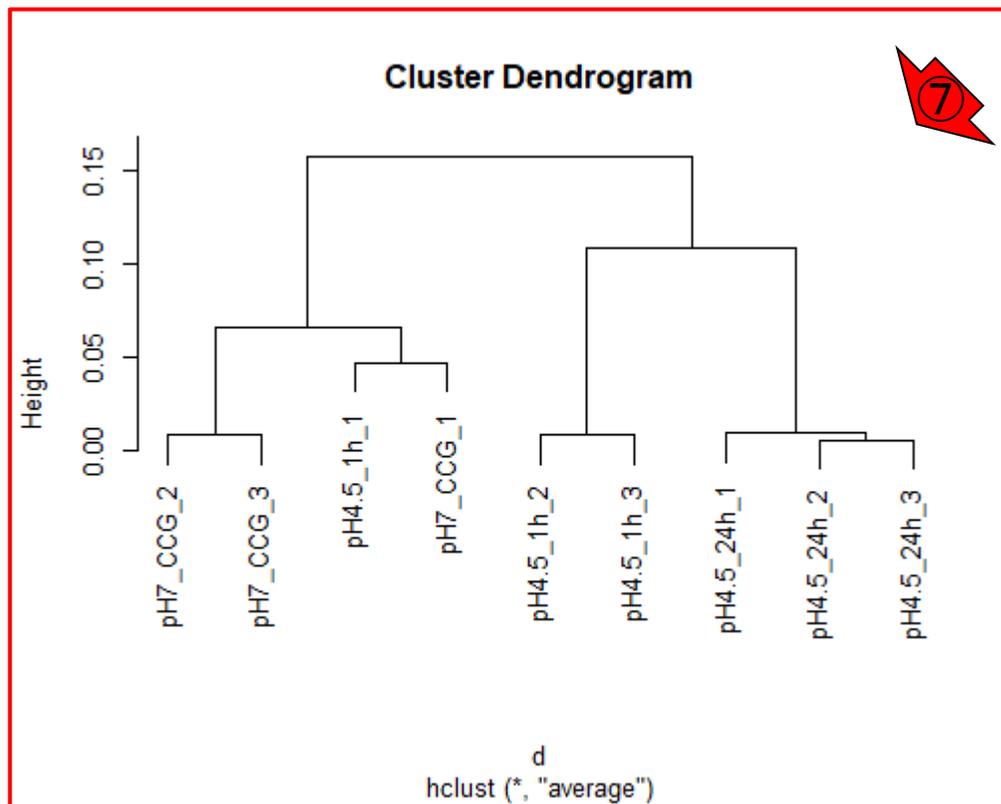
サンプルクラスタリング

```
out <- clusterSample(data, dist.method="spearman",  
  hclust.method="average", unique.pattern=TRUE)
```

作図

```
png("fig7.png", pointsize=13, width=500, height=400)  
plot(out)  
dev.off()
```

```
## png  
## 2
```



W05: JSLAB18.R...39

作図結果をHTMLファイルに含めたい場合は、①Rチャンクオプションとして、横幅と縦幅を指定(単位はインチ)したのち、②Rコードをシンプルにして、③以前の実行結果を削除して、④Knitすると…

The screenshot shows the RStudio interface with the following code in the source editor:

```
19 data <- read.xlsx("JSLAB10.xlsx", rownames=TRUE)
20 ~~~~
21 ## サンプルクラスタリング
22 ~~~~{r}
23 out <- clustersample(data, dist.method="spearman",
24                     hclust.method="average", unique.pattern=TRUE)
25 ~~~~
26 ## 作図
27 ~~~~{r, fig.width=5, fig.height=4}
28 plot(out)
29 ~~~~
null device
1
```

Annotations in the image:

- ①: Points to the R chunk options `{r, fig.width=5, fig.height=4}`.
- ②: Points to the `plot(out)` line.
- ③: Points to the `~` lines above the plot code, indicating the removal of previous execution results.
- ④: Points to the Knit button in the top toolbar.

The console output shows the execution of the code:

```
> out <- clustersample(data, dist.method="spearman",
+                     hclust.method="average", unique.pattern=TRUE)
> png("fig7.png", pointsize=13, width=500, height=400)
> plot(out)
> dev.off()
null device
1
>
```

The Environment pane shows the following data objects:

Object	Description
data	2949 obs. of 9 variab...
out	List of 7

The Files pane shows the following files in the current directory:

Name	Size	Modified
..		
fig7.png	4.5 KB	May 27, 2022
JSLAB18.html	639.3 KB	May 27, 2022
JSLAB18.R	4.2 KB	May 8, 2022
JSLAB18.Rmd	642 B	May 27, 2022
JSLAB18.xlsx	186 KB	May 2, 2022
test19.html	609.6 KB	May 25, 2022
test19.Rmd	180 B	May 25, 2022

W05: JSLAB18.R...40

作図結果をHTMLファイルに含めたい場合は、①Rチャックオプションとして、横幅と縦幅を指定(単位はインチ)したのち、②Rコードをシンプルにして、③以前の実行結果を削除して、④Knitすると、⑤こんな感じでHTMLファイル内にクラスタリング結果が含まれるようになります。

C:/Users/kadota/Desktop/hoge/JSLAB18.html

JSLAB18.html Open in Browser Find Publish

JSLAB18.Rの一部をRmd化

MAKINO Manon
2022-05-26

パッケージのロード

サンプルのクラスタリング

データの読み込み

```
data <- read.xlsx("JSLAB18.xlsx", rowNames=TRUE)
```

サンプルクラスタリング

```
out <- clusterSample(data, dist.method="spearman",  
  hclust.method="average", unique.pattern=TRUE)
```

作図

```
plot(out)
```

Cluster Dendrogram

Height

0.00 0.10

pH7_CCG_2
pH7_CCG_3
pH4.5_1h_1
pH7_CCG_1
pH4.5_1h_2
pH4.5_1h_3
pH4.5_24h_1
pH4.5_24h_2
pH4.5_24h_3

d
hclust(*, "average")

Contents

■ R Markdown

- W01: 事前準備、W02: インストール (rmarkdownとpandoc)
- W03: 依存関係、W04: R Markdownの基本的な利用法
- W05: JSLAB18.Rの一部をRmd化 (JSLAB18.Rmdの作成)、W06: Tips (YAMLヘッダ)

■ JSLAB18.Rの全部をRmd化 (JSLAB19.Rmdの作成)

- W07: パッケージのロード (チャンク1)
- W08: サンプルのクラスタリング (チャンク2)
- W09: 見出しやチャンク番号
- W10: ファイルの読込とsubsetting (チャンク3)
- W11: TCC正規化 (チャンク4)
- W12: MBCluster.Seq実行の共通部分 (チャンク5)
- W13: MBCluster.Seq本番 (K=3) (チャンク6)
- W14: MBCluster.Seq本番 (K=4~5) (チャンク7~8)
- W15: 作図 (元データの作成) (チャンク9)
- W16: 作図 (本番) (チャンク10)
- W17: Knit

W06: Tips (YAML... 1

①YAML(やむる)ヘッダもいろいろと調整可能です。例として、まずウェブページの冒頭に目次が見られるようにするやり方を示します。

The screenshot shows the RStudio interface with an R Markdown file open. The source editor displays the following code:

```
1 ---
2 title: "JSLAB18.Rの一部をRmd化"
3 author: "MAKINO Manon"
4 date: '2022-05-26'
5 output: html_document
6 ---
7 # パッケージのロード
8 ```{r, include=FALSE}
9 library(TCC)
10 library(MBCluster.Seq)
11 library(openxlsx)
12 library(ggplot2)
13 library(ggsci)
14 library(reshape2)
15 ```
16 # サンプルのクラスタリング
17 ## データの読み込み
```

A red arrow points to the YAML header section (lines 1-6). The console shows the following R code being executed:

```
> out <- clustersample(data, dist.method="spearman",
+                       hclust.method="average", unique.pattern=TRUE)
> png("fig7.png", pointsize=13, width=500, height=400)
> plot(out)
> dev.off()
null device
      1
>
```

The Environment pane shows the Global Environment with a data object containing 2949 observations of 9 variables and an out object which is a list of 7 elements. The Files pane shows the current directory containing files like fig7.png, JSLAB18.html, JSLAB18.R, JSLAB18.Rmd, JSLAB18.xlsx, test19.html, and test19.Rmd.

W06: Tips (YAML...2)

①YAML(やむる)ヘッダもいろいろと調整可能です。例として、まずウェブページの冒頭に目次が見られるようにするやり方を示します。②のように変更(2文字の字下げは重要!)するだけです。③Knitすると、④確かに冒頭に目次が追加されます。見出しのレベル(#の数)が正しく反映されていることが分かります。

```
RStudio
File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help
test19.Rmd x JSLAB18.Rmd x JSLAB18.Rmd x
Go to file/function Addins
Knit on Save Knit
Source Visual
1 ---
2 title: "JSLAB18.Rの一部をRmd化"
3 author: "MAKINO Manon"
4 date: '2022-05-26'
5 output:
6   html_document:
7     toc: TRUE
8 ---
9 # パッケージのロード
10 {r, include=FALSE}
11 library(TCC)
12 library(MBCluster.Seq)
13 library(openxlsx)
14 library(ggplot2)
15 library(ggsci)
16 library(reshape2)
17
5:1 JSLAB18.Rの一部をRmd化
Console Terminal x Render x Jobs x
R 4.2.0 C:/Users/kadota/Desktop/hoge/
> out <- clustersample(data, dist.method="spearman",
+                       hclust.method="average", unique.pattern
> png("fig7.png", pointsize=13, width=500, height=400)
> plot(out)
> dev.off()
null device
      1
> |
```

C:/Users/kadota/Desktop/hoge/ JSLAB18.html Open in browser Publish

JSLAB18.Rの一部をRmd化

MAKINO Manon
2022-05-26

- パッケージのロード
- サンプルのクラスタリング
 - データの読み込み
 - サンプルクラスタリング
 - 作図

パッケージのロード
サンプルのクラスタリング
データの読み込み

```
data <- read.xlsx("JSLAB18.xlsx", rowNames=TRUE)
```

W06: Tips (YAML...3)

①を追加すれば、目次をウェブページの冒頭から左側に変更することができます。

The screenshot shows the RStudio interface with a source editor on the left and a file explorer on the right. The source editor contains a YAML file with the following content:

```
1 ---
2 title: "JSLAB18.Rの一部をRmd化"
3 author: "MAKINO Manon"
4 date: '2022-05-26'
5 output:
6   html_document:
7     toc: TRUE
8     toc_float: TRUE
9 ---
10 # パッケージのロード
11 {r, include=FALSE}
12 library(TCC)
13 library(MBCcluster.Seq)
14 library(openxlsx)
15 library(ggplot2)
16 library(ggsci)
17 library(reshape2)
```

A red lightning bolt icon with the number 1 inside is pointing to the line `toc_float: TRUE` in the YAML file.

The file explorer on the right shows the following files and folders:

Name	Size	Modified
..		
fig7.png	4.5 KB	May 27, 2022
JSLAB18.html	862.8 KB	May 27, 2022
JSLAB18.R	4.2 KB	May 8, 2022
JSLAB18.Rmd	683 B	May 27, 2022
JSLAB18.xlsx	186 KB	May 2, 2022
test19.html	609.6 KB	May 25, 2022
test19.Rmd	180 B	May 25, 2022

The console at the bottom shows the following R commands:

```
> out <- clustersample(data, dist.method="spearman",
+                       hclust.method="average", unique.pattern=TRUE)
> png("fig7.png", pointsize=13, width=500, height=400)
> plot(out)
> dev.off()
null device
      1
>
```

W06: Tips (YAML...4

①を追加すれば、目次をウェブページの冒頭から左側に変更することができます。こんな感じのものが得られます。②最初は「#が1つの1番大きい見出し(章レベル)」のみしか見えていないことが、③との比較からもわかります。

C:/Users/kadota/Desktop/hoge/JSLAB18.html

JSLAB18.html Open in Browser Find

パッケージのロード

サンプルのクラスタリング



JSLAB18.Rの一部をREADMEに

MAKINO Manon

2022-05-26

パッケージのロード

サンプルのクラスタリング

データの読み込み

```
data <- read.xlsx("JSLAB18.xlsx", rowNames=TRUE)
```

サンプルクラスタリング

```
out <- clusterSample(data, dist.method="spearman",  
  hclust.method="average", unique.pattern=TRUE)
```

作図

```
plot(out)
```



Cluster Dendrogram

W06: Tips (YAML...5)

①を追加すれば、目次をウェブページの冒頭から左側に変更することができます。こんな感じのものが得られます。②最初は「#が1つの1番大きい見出し(章レベル)」のみしか見えていないことが、③との比較からもわかります。④のあたりをクリックすると、⑤で見えているような「##の2番目に大きい見出し(節レベル)」が出現すると同時に、⑥対応するウェブページの冒頭位置になります。この表示法は、長~いウェブページの場合に非常に便利です。

C:/Users/kadota/Desktop/hoge/JSLAB18.html

JSLAB18.html Open in Browser Find

パッケージのロード

サンプルのクラスタリング

データの読み込み

サンプルクラスタリング

作図

⑥ サンプルのクラスタリング
データの読み込み

```
data <- read.xlsx("JSLAB18.xlsx", rowName
```

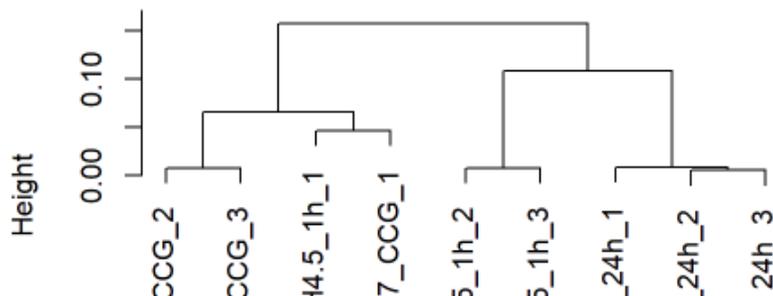
サンプルクラスタリング

```
out <- clusterSample(data, dist.method="s  
hclust.method="average", unique.pattern=TRUE)
```

作図

```
plot(out)
```

Cluster Dendrogram



Contents

■ R Markdown

- W01: 事前準備、W02: インストール (rmarkdownとpandoc)
- W03: 依存関係、W04: R Markdownの基本的な利用法
- W05: JSLAB18.Rの一部をRmd化 (JSLAB18.Rmdの作成)、W06: Tips (YAMLヘッダ)

■ JSLAB18.Rの全部をRmd化 (JSLAB19.Rmdの作成)

- W07: パッケージのロード (チャンク1)
- W08: サンプルのクラスタリング (チャンク2)
- W09: 見出しやチャンク番号
- W10: ファイルの読込とsubsetting (チャンク3)
- W11: TCC正規化 (チャンク4)
- W12: MBCluster.Seq実行の共通部分 (チャンク5)
- W13: MBCluster.Seq本番 (K=3) (チャンク6)
- W14: MBCluster.Seq本番 (K=4~5) (チャンク7~8)
- W15: 作図 (元データの作成) (チャンク9)
- W16: 作図 (本番) (チャンク10)
- W17: Knit

W07: パッケージの...1

①JSLAB18.Rmdの、②10行目では「レベル1の見出し(#が1つの章レベルの見出し)」をつけていましたが...

The screenshot shows the RStudio interface with the following details:

- Source Editor:** Contains R Markdown code for JSLAB18.Rmd. A red arrow labeled '1' points to the file name in the tab bar. Another red arrow labeled '2' points to the heading `# パッケージのロード` on line 10.
- Environment Panel:** Shows "Environment is empty".
- Files Panel:** Displays a file list for the directory `C:\Users\kadota\Desktop\hoge`.

Name	Size	Modified
..		
JSLAB18.R	4.2 KB	May 8, 2022, 1:05 PM
JSLAB18.Rmd	683 B	May 27, 2022, 2:02 PM
JSLAB18.xlsx	186 KB	May 2, 2022, 9:50 PM
JSLAB19.html	897.6 KB	May 30, 2022, 7:34 PM
JSLAB19.Rmd	3.8 KB	May 31, 2022, 2:03 PM
test19.html	609.6 KB	May 25, 2022, 3:25 PM
test19.Rmd	180 B	May 25, 2022, 3:25 PM
- Console:** Shows the R prompt with the command `> setwd("C:/Users/kadota/Desktop/hoge")`.

W07: パッケージの...2

①JSLAB18.Rmdの、②10行目では「レベル1の見出し(#が1つの章レベルの見出し)」をつけていましたが、③JSLAB19.Rmdの、④対応する箇所では削除しています。これは、11行目の⑤パッケージのロードを行うRチャンクのオプションとして、HTMLレポートに反映させないinclude=FALSEをつけているからです。もちろん②の見出しを残しつつ、⑤で「include=FALSE」の代わりに「message=FALSE」としても構いません。

```
1 ---
2 title: "JSLAB19.Rmd"
3 author: "MAKINO Manon"
4 date: '2022-05-31'
5 output:
6   html_document:
7     toc: TRUE
8     toc_float: TRUE
9 ---
10 
11 {r, include=FALSE}
12 library(TCC)
13 library(MBCluster.Seq)
14 library(openxlsx)
15 library(ggplot2)
16 library(ggsci)
17 library(reshape2)
18 
19
```

Console

```
R 4.2.0 · C:/Users/kadota/Desktop/hoge/
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.

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

Name	Size	Modified
..		
JSLAB18.R	4.2 KB	May 8, 2022, 1:05 PM
JSLAB18.Rmd	683 B	May 27, 2022, 2:02 PM
JSLAB18.xlsx	186 KB	May 2, 2022, 9:50 PM
JSLAB19.html	897.6 KB	May 30, 2022, 7:34 PM
JSLAB19.Rmd	3.8 KB	May 31, 2022, 2:03 PM
test19.html	609.6 KB	May 25, 2022, 3:25 PM
test19.Rmd	180 B	May 25, 2022, 3:25 PM

W07: パッケージの...3

今この状態は、RStudioをすっきりさせるべく、一旦再起動して①作業ディレクトリの変更や、②JSLAB18.Rmdと③JSLAB19.Rmdを開いて示しています。ウェブ資料上でこれらのファイルはダウンロードできますので、適宜同じ環境にしてください。④のチャンクを実行。

The screenshot shows the RStudio interface with the following content:

```
1 ---
2 title: "JSLAB19.Rmd"
3 author: "MAKINO Manon"
4 date: '2022-05-31'
5 output:
6   html_document:
7     toc: TRUE
8     toc_float: TRUE
9 ---
10
11 {r, include=FALSE}
12 library(TCC)
13 library(MBCluster.Seq)
14 library(openxlsx)
15 library(ggplot2)
16 library(ggsci)
17 library(reshape2)
18
19
```

Console output:

```
R 4.2.0 · C:/Users/kadota/Desktop/hoge/
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.

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

Files pane (C:/Users/kadota/Desktop/hoge):

Name	Size	Modified
..		
JSLAB18.R	4.2 KB	May 8, 2022, 1:05 PM
JSLAB18.Rmd	683 B	May 27, 2022, 2:02 PM
JSLAB18.xlsx	186 KB	May 2, 2022, 9:50 PM
JSLAB19.html	897.6 KB	May 30, 2022, 7:34 PM
JSLAB19.Rmd	3.8 KB	May 31, 2022, 2:03 PM
test19.html	609.6 KB	May 25, 2022, 3:25 PM
test19.Rmd	180 B	May 25, 2022, 3:25 PM

W07: パッケージの...4

今この状態は、RStudioをすっきりさせるべく、一旦再起動して①作業ディレクトリの変更や、②JSLAB18.Rmdと③JSLAB19.Rmdを開いて示しています。ウェブ資料上でこれらのファイルはダウンロードできますので、適宜同じ環境にしてください。④のチャンクを実行。実行後の状態。

The screenshot shows the RStudio interface with the following content:

```
1 | |
2 | title: "JSLAB19.Rmd"
3 | author: "MAKINO Manon"
4 | date: '2022-05-31'
5 | output:
6 |   html_document:
7 |     toc: TRUE
8 |     toc_float: TRUE
9 | ---
10 |
11 | {r, include=FALSE}
12 | library(TCC)
13 | library(MBCluster.Seq)
14 | library(openxlsx)
15 | library(ggplot2)
16 | library(ggsci)
17 | library(reshape2)
18 |
19 |
```

The console shows the execution of the library loading commands:

```
R 4.2.0 · C:/Users/kadota/Desktop/hoge/
> library(MBCluster.Seq)
> library(openxlsx)
> library(ggplot2)
> library(ggsci)
> library(reshape2)
>
```

The Environment pane shows "Environment is empty". The Files pane shows the following file listing:

Name	Size	Modified
..		
JSLAB18.R	4.2 KB	May 8, 2022, 1:05 PM
JSLAB18.Rmd	683 B	May 27, 2022, 2:02 PM
JSLAB18.xlsx	186 KB	May 2, 2022, 9:50 PM
JSLAB19.html	897.6 KB	May 30, 2022, 7:34 PM
JSLAB19.Rmd	3.8 KB	May 31, 2022, 2:03 PM
test19.html	609.6 KB	May 25, 2022, 3:25 PM
test19.Rmd	180 B	May 25, 2022, 3:25 PM

Contents

■ R Markdown

- W01: 事前準備、W02: インストール (rmarkdownとpandoc)
- W03: 依存関係、W04: R Markdownの基本的な利用法
- W05: JSLAB18.Rの一部をRmd化 (JSLAB18.Rmdの作成)、W06: Tips (YAMLヘッダ)

■ JSLAB18.Rの全部をRmd化 (JSLAB19.Rmdの作成)

- W07: パッケージのロード (チャンク1)
- W08: サンプルのクラスタリング (チャンク2)
- W09: 見出しやチャンク番号
- W10: ファイルの読込とsubsetting (チャンク3)
- W11: TCC正規化 (チャンク4)
- W12: MBCluster.Seq実行の共通部分 (チャンク5)
- W13: MBCluster.Seq本番 (K=3) (チャンク6)
- W14: MBCluster.Seq本番 (K=4~5) (チャンク7~8)
- W15: 作図 (元データの作成) (チャンク9)
- W16: 作図 (本番) (チャンク10)
- W17: Knit

W08: サンプルの...1

①JSLAB18.Rmdでは、②サンプルのクラスタリングを3つの見出し(レベル2)とチャンクに分けて実行したが...

The screenshot shows the RStudio interface with the following components:

- Source Editor:** Contains R code for loading libraries, reading data, performing hierarchical clustering, and plotting. A red box highlights the clustering and plotting code, with a red arrow labeled '2' pointing to it.
- Environment Panel:** Shows 'Environment is empty'.
- Files Panel:** Shows a file explorer view of the 'hoge' directory on the desktop, listing files like JSLAB18.R, JSLAB18.Rmd, JSLAB18.xlsx, JSLAB19.html, JSLAB19.Rmd, test19.html, and test19.Rmd.
- Console:** Shows the execution of library loading commands: `library(MBCluster.Seq)`, `library(openxlsx)`, `library(ggplot2)`, `library(ggsci)`, and `library(reshape2)`.

```
16 library(ggsci)
17 library(reshape2)
18 ~~~
19 # サンプルのクラスタリング
20 ## データの読み込み
21 ~~~ {r}
22 data <- read.xlsx("JSLAB18.xlsx", rowNames=TRUE)
23 ~~~
24 ## サンプルクラスタリング
25 ~~~ {r}
26 out <- clustersample(data, dist.method="spearman",
27                       hc1ust.method="average", unique.pattern=TRUE)
28 ~~~
29 ## 作図
30 ~~~ {r, fig.width=5, fig.height=4}
31 plot(out)
32 ~~~
33
34
```

```
> library(MBCluster.Seq)
> library(openxlsx)
> library(ggplot2)
> library(ggsci)
> library(reshape2)
>
```

W08: サンプルの...2

①JSLAB18.Rmdでは、②サンプルのクラスタリングを3つの見出し(レベル2)とチャンクに分けて実行したが、③JSLAB19.Rmdでは、④1つのチャンク内に書き込んでいます。

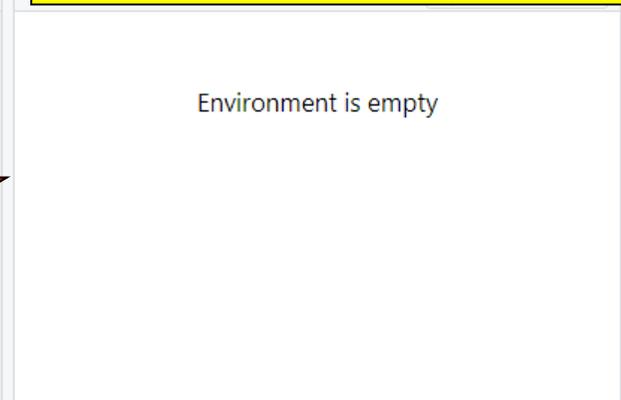
The screenshot shows the RStudio interface with the following components:

- Source Editor:** Contains R code for loading libraries, performing hierarchical clustering, and reading data. A red arrow labeled '3' points to the top toolbar. A red arrow labeled '4' points to a code chunk containing clustering and plotting code.
- Environment Panel:** Shows 'Global Environment' and 'Environment is empty'.
- Files Panel:** Shows a file explorer view of the desktop directory 'C:\Users\kadota\Desktop\hoge', listing files like JSLAB18.R, JSLAB18.Rmd, JSLAB18.xlsx, JSLAB19.html, JSLAB19.Rmd, test19.html, and test19.Rmd.
- Console:** Shows the execution of library loading commands: `library(MBCluster.Seq)`, `library(openxlsx)`, `library(ggplot2)`, `library(ggsci)`, and `library(reshape2)`.

W08: サンプルの...3

①JSLAB18.Rmdでは、②サンプルのクラスタリングを3つの見出し(レベル2)とチャンクに分けて実行したが、③JSLAB19.Rmdでは、④1つのチャンク内に書き込んでいます。⑤のオプションは、⑥の作図の際の縦横のサイズ指定です。⑦実行。

```
RStudio
File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help
Go to file/function Addins
JSLAB19.Rmd x JSLAB18.Rmd x
Knit on Save Knit Run
Source Visual Outline
16 library(ggsci)
17 library(reshape2)
18 ~~~
19
20 # サンプルのクラスタリング
21
22 {r, fig.width=5, fig.height=4}
23 data <- read.xlsx("JSLAB18.xlsx", rowNames=TRUE)
24 out <- clustersample(data, dist.method="spearman",
25                       hclust.method="average", unique.pattern=TRUE)
26 plot(out)
27 ~~~
28
29 # MBCdeg2の実行
30
31 ## 1. データの読み込みとsubsetting
32 {r}
33 data_all <- read.xlsx("JSLAB18.xlsx", rowNames=TRUE)
34 data <- data_all[, 4:9]
```



Name	Size	Modified
..		
JSLAB18.R	4.2 KB	May 8, 2022, 1:05 PM
JSLAB18.Rmd	683 B	May 27, 2022, 2:02 PM
JSLAB18.xlsx	186 KB	May 2, 2022, 9:50 PM
JSLAB19.html	897.6 KB	May 30, 2022, 7:34 PM
JSLAB19.Rmd	3.8 KB	May 31, 2022, 2:03 PM
test19.html	609.6 KB	May 25, 2022, 3:25 PM
test19.Rmd	180 B	May 25, 2022, 3:25 PM

```
Console Terminal x Jobs x
R 4.2.0 · C:/Users/kadota/Desktop/hoge/
> library(MBCluster.Seq)
> library(openxlsx)
> library(ggplot2)
> library(ggsci)
> library(reshape2)
>
```

W08: サンプルの...4

①JSLAB18.Rmdでは、②サンプルのクラスタリングを3つの見出し(レベル2)とチャンクに分けて実行したが、③JSLAB19.Rmdでは、④1つのチャンク内に書き込んでいます。⑤のオプションは、⑥の作図の際の縦横のサイズ指定です。⑦実行。実行結果。

The screenshot shows the RStudio interface with the following components:

- Source Editor:** Contains R code for reading data and performing hierarchical clustering. The code is as follows:

```
19  
20 # サンプルのクラスタリング  
21  
22 {r, fig.width=5, fig.height=4}  
23 data <- read.xlsx("JSLAB18.xlsx", rowNames=TRUE)  
24 out <- clusterSample(data, dist.method="spearman",  
25 hclust.method="average", unique.pattern=TRUE)  
26 plot(out)  
27
```
- Visual Panel:** Displays a "Cluster Dendrogram" plot. The y-axis is labeled "Height" and ranges from 0.00 to 0.10. The x-axis shows sample labels: 2, 3, 1h_1, CG_1, 2, 3, 1, 2, 3. The dendrogram shows hierarchical clustering of these samples.
- Console:** Shows the execution of the R code:

```
> library(reshape2)  
> data <- read.xlsx("JSLAB18.xlsx", rowNames=TRUE)  
> out <- clusterSample(data, dist.method="spearman",  
+ hclust.method="average", unique.pattern=TRUE)  
> plot(out)  
>
```
- Data Viewer:** Shows the output of the code, including a table with 2949 observations and a list of 7 items.
- Files Panel:** Shows the file explorer with a list of files and folders, including JSLAB18.R, JSLAB18.Rmd, JSLAB18.xlsx, JSLAB19.html, JSLAB19.Rmd, test19.html, and test19.Rmd.

Contents

■ R Markdown

- W01: 事前準備、W02: インストール (rmarkdownとpandoc)
- W03: 依存関係、W04: R Markdownの基本的な利用法
- W05: JSLAB18.Rの一部をRmd化 (JSLAB18.Rmdの作成)、W06: Tips (YAMLヘッダ)

■ JSLAB18.Rの全部をRmd化 (JSLAB19.Rmdの作成)

- W07: パッケージのロード (チャンク1)
- W08: サンプルのクラスタリング (チャンク2)
- W09: 見出しやチャンク番号
- W10: ファイルの読込とsubsetting (チャンク3)
- W11: TCC正規化 (チャンク4)
- W12: MBCluster.Seq実行の共通部分 (チャンク5)
- W13: MBCluster.Seq本番 (K=3) (チャンク6)
- W14: MBCluster.Seq本番 (K=4~5) (チャンク7~8)
- W15: 作図 (元データの作成) (チャンク9)
- W16: 作図 (本番) (チャンク10)
- W17: Knit

W09: 見出しやチャンク1

次は、①のMBCdeg2の実行(見出しレベル1)。①以降のコードは全てMBCdeg2実行に関するものであるため、②や③は見出しレベル2にしている。

The screenshot shows the RStudio interface with the following components:

- Source Editor:** Contains R code with three red lightning bolt annotations labeled ①, ②, and ③. ① points to the comment "# MBCdeg2の実行" on line 29. ② points to the comment "## 1. ファイルの読込とsubsetting" on line 31. ③ points to the comment "## 2. 群ラベル情報の作成とTCC正規化" on line 37.
- Environment:** Shows the Global Environment with variables: data (2949 obs. of 9 varia...) and out (List of 7).
- Files:** Shows a file browser for the path C:\Users\kadota\Desktop\hoge, listing files like JSLAB18.R, JSLAB18.Rmd, JSLAB18.xlsx, JSLAB19.html, JSLAB19.Rmd, test19.html, and test19.Rmd.
- Console:** Shows the execution of the following R code:

```
> library(reshape2)
> data <- read.xlsx("JSLAB18.xlsx", rowNames=TRUE)
> out <- clusterSample(data, dist.method="spearman",
+                       hclust.method="average", unique.pattern=TRUE)
> plot(out)
>
```

W09: 見出しやチャンク2

次は、①のMBCdeg2の実行(見出しレベル1)。①以降のコードは全てMBCdeg2実行に関するものであるため、②や③は見出しレベル2にしている。④をクリックすると、⑤JSLAB19.Rmdファイル中の見出しやチャンク番号がよくわかります。

The screenshot shows the RStudio interface with the following elements:

- Source Editor:** Contains R code for reading an Excel file and performing hierarchical clustering. A red arrow labeled '5' points to the menu icon in the top-left corner of the editor.
- Chunk Menu:** A dropdown menu is open, listing chunks and sections. A red arrow labeled '4' points to the 'MBCdeg2の実行' (MBCdeg2 execution) section.
- Console:** Shows the execution of the following R code:

```
> library(reshape2)
> data <- read.xlsx("JSLAB18.xlsx", rowNames=TRUE)
> out <- clusterSample(data, dist.method="spearman",
+                       hclust.method="average", unique.pattern=TRUE)
> plot(out)
>
```
- Data Viewer:** Shows a table with 2 columns: 'data' (2949 obs. of 9 variables) and 'out' (List of 7).
- Files Panel:** Shows a file explorer view of the desktop directory 'C:\Users\kadota\Desktop\hoge', listing files like JSLAB18.R, JSLAB18.Rmd, JSLAB18.xlsx, JSLAB19.html, JSLAB19.Rmd, test19.html, and test19.Rmd.

W09: 見出しやチャンク3

次は、①のMBCdeg2の実行(見出しレベル1)。①以降のコードは全てMBCdeg2実行に関するものであるため、②や③は見出しレベル2にしている。④をクリックすると、⑤JSLAB19.Rmdファイル中の見出しやチャンク番号がよくわかります。例えば、⑥のところが高ライトされている理由は、対応する⑦の行にカーソルがあるためです。

The screenshot shows the RStudio interface with the following elements:

- Code Editor:** Contains R Markdown code. Line 29 has a comment "# MBCdeg2の実行" (①). Line 33 has the code `data_all <- read.xlsx("JSLAB18.xlsx", rowNames=TRUE)` (②). Line 39 has the chunk header "MBCdeg2の実行" (③).
- Left Sidebar:** Shows a list of chunks. "MBCdeg2の実行" is highlighted (④). Below it, sub-chunks are listed: "1. ファイルの読込とsubsetting", "2. 群ラベル情報の作成とTCC正規化", and "3. MBCCluster.Seq実行の共通部分".
- File Explorer:** Shows a directory listing on the Desktop. The file "JSLAB19.Rmd" is highlighted (⑤).
- Console:** Shows the execution of R commands: `library(reshape2)`, `data <- read.xlsx("JSLAB18.xlsx", rowNames=TRUE)`, `out <- clusterSample(data, dist.method="spearman", hclust.method="average", unique.pattern=TRUE)`, and `plot(out)`.

Red arrows with circled numbers point to these specific elements: ① points to the comment in the code editor; ② points to the `read.xlsx` function call; ③ points to the "MBCdeg2の実行" chunk header in the sidebar; ④ points to the same header, which is highlighted; ⑤ points to the "JSLAB19.Rmd" file in the file explorer; ⑥ points to the highlighted "MBCdeg2の実行" header; ⑦ points to the comment in the code editor.

W09: 見出しやチャンク4

次は、①のMBCdeg2の実行(見出しレベル1)。①以降のコードは全てMBCdeg2実行に関するものであるため、②や③は見出しレベル2にしている。④をクリックすると、⑤JSLAB19.Rmdファイル中の見出しやチャンク番号がよくわかります。例えば、⑥のところが高ライトされている理由は、対応する⑦の行にカーソルがあるためです。⑧と⑨が対応するのはすぐにわかるので…

The screenshot shows the RStudio interface with the following components:

- Source Editor:** Contains R code for reading an Excel file and performing hierarchical clustering. Line 31 is highlighted with a red arrow labeled ⑨.
- Outline Panel:** Shows a list of chunks. 'MBCdeg2の実行' is highlighted with a red arrow labeled ⑧.
- Console:** Shows the execution of the code from the source editor.
- Files Panel:** Shows a file explorer view of the 'hoge' directory on the desktop, listing files like JSLAB18.R, JSLAB18.Rmd, JSLAB18.xlsx, JSLAB19.html, JSLAB19.Rmd, test19.html, and test19.Rmd.

W09: 見出しやチャンク5

次は、①のMBCdeg2の実行(見出しレベル1)。①以降のコードは全てMBCdeg2実行に関するものであるため、②や③は見出しレベル2にしている。④をクリックすると、⑤JSLAB19.Rmdファイル中の見出しやチャンク番号がよくわかります。例えば、⑥のところが高ライトされている理由は、対応する⑦の行にカーソルがあるためです。⑧と⑨が対応するのはすぐにわかるので、必然的に⑩が、このRmdファイル中の⑪3番目のチャンク(Chunk 3)なのだとわかります。⑪あたりをクリックすると…

The screenshot shows the RStudio interface. The main editor displays R code with line numbers 28 to 44. A red arrow labeled '10' points to line 31. A context menu is open over line 39, with a red arrow labeled '11' pointing to 'MBCdeg2の実行'. The console at the bottom shows the execution of the code.

```
28
29 # MBCdeg2の実行
30
31 ## 1. ファイルの読込とsubsetting
32 {r}
33 data_all <- read.xlsx("JSLAB18.xlsx", rowNames=TRUE)
34 data <- data_all[ 4:9]
35
36
37 サンプルのクラスタリング
38
39 MBCdeg2の実行
40 1. ファイルの読込とsubsetting
41
42 2. 群ラベル情報作成とTCC正規化
43
44 3. MBCCluster.Seq実行の共通部分
```

```
> library(reshape2)
> data <- read.xlsx("JSLAB18.xlsx", rowNames=TRUE)
> out <- clusterSample(data, dist.method="spearman",
+                       hclust.method="average", unique.pattern=TRUE)
> plot(out)
>
```

The screenshot shows a Windows File Explorer window displaying a file list. The files are sorted by name and include JSLAB18.R, JSLAB18.Rmd, JSLAB18.xlsx, JSLAB19.html, JSLAB19.Rmd, test19.html, and test19.Rmd.

Name	Size	Modified
..		
JSLAB18.R	4.2 KB	May 8, 2022, 1:05 PM
JSLAB18.Rmd	683 B	May 27, 2022, 2:02 PM
JSLAB18.xlsx	186 KB	May 2, 2022, 9:50 PM
JSLAB19.html	897.6 KB	May 30, 2022, 7:34 PM
JSLAB19.Rmd	3.8 KB	Jun 1, 2022, 3:24 PM
test19.html	609.6 KB	May 25, 2022, 3:25 PM
test19.Rmd	180 B	May 25, 2022, 3:25 PM

W09: 見出しやチャンク6

次は、①のMBCdeg2の実行(見出しレベル1)。①以降のコードは全てMBCdeg2実行に関するものであるため、②や③は見出しレベル2にしている。④をクリックすると、⑤JSLAB19.Rmdファイル中の見出しやチャンク番号がよくわかります。例えば、⑥のところが高ライトされている理由は、対応する⑦の行にカーソルがあるためです。⑧と⑨が対応するのはすぐにわかるので、必然的に⑩が、このRmdファイル中の⑪3番目のチャンク(Chunk 3)なのだわかります。⑪あたりをクリックすると、⑫当該チャンクの先頭行にカーソルが移動するとともに、⑬の部分もChunk 3に切り替わります。こんな感じで任意のチャンクや見出しのところに簡単に飛べますので、行数の多いRmdファイルの場合は便利です。

```
RStudio
File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help
JSLAB19.Rmd x JSLAB18.Rmd x
Source Visual
hclust(*, "average")
28
29 # MBCdeg2の実行
30
31 ⑫ ファイルの読込とsubsetting
32 {
33 data_all <- read.xlsx("JSLAB18.xlsx", rowNames=TRUE)
34 data <- data_all[, 4:9]
35
36
37 ## 2. 群ラベル情報の作成とTCC正規化
38 {r}
39 data.c1 <- c(1,1,1,2,2,2)
40 tcc <- new('TCC', data, data.c1)
41 tcc <- calcNormFactors(tcc, norm.method="tmm", test.method="edge",
42 iteration=3, FDR=0.1, floorPDEG=0.05)
32:1 Chunk 3 ⑬ R Markdown
Console Terminal x Render x Jobs x
R 4.2.0 · C:/Users/kadota/Desktop/hoge/
> library(reshape2)
> data <- read.xlsx("JSLAB18.xlsx", rowNames=TRUE)
> out <- clusterSample(data, dist.method="spearman",
+ hclust.method="average", unique.pattern=TRUE)
> plot(out)
>
```

<input type="checkbox"/>	JSLAB18.xlsx	186 KB	May 2, 2022, 9:50 PM
<input type="checkbox"/>	JSLAB19.html	897.6 KB	May 30, 2022, 7:34 PM
<input type="checkbox"/>	JSLAB19.Rmd	3.8 KB	Jun 1, 2022, 3:24 PM
<input type="checkbox"/>	test19.html	609.6 KB	May 25, 2022, 3:25 PM
<input type="checkbox"/>	test19.Rmd	180 B	May 25, 2022, 3:25 PM

Contents

■ R Markdown

- W01: 事前準備、W02: インストール (rmarkdownとpandoc)
- W03: 依存関係、W04: R Markdownの基本的な利用法
- W05: JSLAB18.Rの一部をRmd化 (JSLAB18.Rmdの作成)、W06: Tips (YAMLヘッダ)

■ JSLAB18.Rの全部をRmd化 (JSLAB19.Rmdの作成)

- W07: パッケージのロード (チャンク1)
- W08: サンプルのクラスタリング (チャンク2)
- W09: 見出しやチャンク番号
- W10: ファイルの読込とsubsetting (チャンク3)
- W11: TCC正規化 (チャンク4)
- W12: MBCluster.Seq実行の共通部分 (チャンク5)
- W13: MBCluster.Seq本番 (K=3) (チャンク6)
- W14: MBCluster.Seq本番 (K=4~5) (チャンク7~8)
- W15: 作図 (元データの作成) (チャンク9)
- W16: 作図 (本番) (チャンク10)
- W17: Knit

W10: ファイルの読込...1

The screenshot shows the RStudio interface with the following components:

- Source Editor:** Contains R code for reading an Excel file and performing hierarchical clustering. A red arrow points to the execution button (a green play icon) next to line 33.
- Environment/History/Connections/Tutorial:** Shows the current environment with a 'Data' section containing 'data' (2949 obs. of 9 variables) and 'out' (List of 7).
- Files/Plots/Packages/Help/Viewer:** Shows a file explorer view of the Desktop directory, listing files like JSLAB18.R, JSLAB18.Rmd, JSLAB18.xlsx, JSLAB19.html, JSLAB19.Rmd, test19.html, and test19.Rmd.
- Console:** Shows the output of the R code, including the command `library(reshape2)` and the execution of `clusterSample` and `plot`.

```
hclust(*, "average")

28
29 # MBCdeg2の実行
30
31 ## 1. ファイルの読込とsubsetting
32 {r}
33 data_all <- read.xlsx("JSLAB18.xlsx", rowNames=TRUE)
34 data <- data_all[, 4:9]
35
36
37 ## 2. 群ラベル情報の作成とTCC正規化
38 {r}
39 data.cl <- c(1,1,1,2,2,2)
40 tcc <- new('TCC', data, data.cl)
41 tcc <- calcNormFactors(tcc, norm.method="tmm", test.method="edge",
42                       iteration=3, FDR=0.1, floorPDEG=0.05)
```

```
> library(reshape2)
> data <- read.xlsx("JSLAB18.xlsx", rowNames=TRUE)
> out <- clusterSample(data, dist.method="spearman",
+                      hclust.method="average", unique.pattern=TRUE)
> plot(out)
>
```

W10: ファイルの読込...2

①チャンク3を実行。実行結果。② Environmentタブ上の、③が変わっていることがわかる。特に④dataオブジェクトは列数が9から6になっている。

The screenshot shows the RStudio interface with the following components:

- Source Editor:** Contains R code for reading a file and performing hierarchical clustering. A red arrow labeled '4' points to the `data` object definition.
- Environment Panel:** Shows the state of objects in memory. A red arrow labeled '2' points to the panel header. A red arrow labeled '3' points to the `data` and `data_all` objects. A table below shows the objects:

Object	Description
data	2949 obs. of 6 varia...
data_all	2949 obs. of 9 varia...
out	List of 7

- Files Panel:** Shows the file explorer for the current project, listing files like `JSLAB18.R`, `JSLAB18.Rmd`, `JSLAB18.xlsx`, etc.
- Console:** Shows the execution output of the code, including the `clustersample` function call and the `data` object structure.

W10: ファイルの読込...3

①チャンク3を実行。実行結果。② Environmentタブ上の、③が変わっていることがわかる。特に④dataオブジェクトは列数が9から6になっている。これは、⑤33行目でJSLAB18.xlsxを読み込んだ結果を、まずはdata_allオブジェクトに格納しているから。

The screenshot shows the RStudio interface with the following components:

- Source Editor:** Contains R code for reading an Excel file and performing hierarchical clustering. A red arrow labeled '5' points to line 33: `data_all <- read.xlsx("JSLAB18.xlsx", rowNames=TRUE)`.
- Environment Panel:** Shows the current environment with three objects:

Object	Description
data	2949 obs. of 6 variables
data_all	2949 obs. of 9 variables
out	List of 7
- Files Panel:** Shows a file explorer view of the Desktop directory, listing files like JSLAB18.R, JSLAB18.Rmd, JSLAB18.xlsx, JSLAB19.html, JSLAB19.Rmd, test19.html, and test19.Rmd.
- Console:** Shows the execution output of the code, including the results of `clusterSample`, `plot`, and `read.xlsx`.

W10: ファイルの読込...4

①チャンク3を実行。実行結果。② Environmentタブ上の、③が変わっていることがわかる。特に④dataオブジェクトは列数が9から6になっている。これは、⑤33行目でJSLAB18.xlsxを読み込んだ結果を、まずはdata_allオブジェクトに格納しているから。⑥34行目では、2,949行×9列からなるdata_allオブジェクトの中から、4~9列目のみ抜き出した情報をdataという名前で保存している。

```
RStudio
File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help
Go to file/function Addins
JSLAB19.Rmd x JSLAB18.Rmd x
Knit on Save ABC Knit Run
Source Visual Outline
hclust(*, "average")
28
29 # MBCdeg2の実行
30
31 ## 1. ファイルの読込とsubsetting
32 {r}
33 data_all <- read.xlsx("JSLAB18.xlsx", rowNames=TRUE)
34 data <- data_all[, 4:9]
35
36
37 ## 2. 群ラベル情報の作成とTCC正規化
38 {r}
39 data.c1 <- c(1,1,1,2,2,2)
40 tcc <- new('TCC', data, data.c1)
41 tcc <- calcNormFactors(tcc, norm.method="tmm", test.method="edge",
42 iteration=3, FDR=0.1, floorPDEG=0.05)
32:1 Chunk 3 R Markdown
```

```
R 4.2.0 · C:/Users/kadota/Desktop/hoge/
> out <- clusterSample(data, dist.method="spearman",
+ hclust.method="average", unique.pattern=TRUE)
> plot(out)
> data_all <- read.xlsx("JSLAB18.xlsx", rowNames=TRUE)
> data <- data_all[, 4:9]
>
```

Files Plots Packages Help Viewer

C:\Users\kadota\Desktop\hoge

Name	Size	Modified
..		
JSLAB18.R	4.2 KB	May 8, 2022, 1:05 PM
JSLAB18.Rmd	683 B	May 27, 2022, 2:02 PM
JSLAB18.xlsx	186 KB	May 2, 2022, 9:50 PM
JSLAB19.html	897.6 KB	May 30, 2022, 7:34 PM
JSLAB19.Rmd	3.8 KB	Jun 1, 2022, 3:24 PM
test19.html	609.6 KB	May 25, 2022, 3:25 PM
test19.Rmd	180 B	May 25, 2022, 3:25 PM

W10: ファイルの読込...5

それゆえ、⑥の実行結果として得られたdataオブジェクトの列数が9から6になっている。

The screenshot displays the RStudio interface with the following components:

- Source Editor:** Contains R code for reading an Excel file and performing hierarchical clustering. Line 34, `data <- data_all[, 4:9]`, is highlighted in yellow and has a red arrow pointing to it with the number 6 inside a red circle.
- Environment Pane:** Shows the current environment with two data objects:
 - `data`: 2949 obs. of 6 variables (pH4.5_24h_1, pH4.5_24h_2, pH4.5_24h_3, pH7_CCG_1, pH7_CCG_2, pH7_CCG_3).
 - `data_all`: 2949 obs. of 9 variables.
- Files Pane:** Shows the project directory structure, including files like `JSLAB18.R`, `JSLAB18.Rmd`, `JSLAB18.xlsx`, `JSLAB19.html`, `JSLAB19.Rmd`, `test19.html`, and `test19.Rmd`.

```
hclust(*, "average")

28
29 # MBCdeg2の実行
30
31 ## 1. ファイルの読込とsubsetting
32 {r}
33 data_all <- read.xlsx("JSLAB18.xlsx", rowNames=TRUE)
34 data <- data_all[, 4:9]
35 {r}
36
37 ## 2. 群ラベル情報の作成とTCC正規化
38 {r}
39 data.c1 <- c(1,1,1,2,2,2)
40 tcc <- new('TCC', data, data.c1)
41 tcc <- calcNormFactors(tcc, norm.method="tmm", test.method="edge",
42                       iteration=3, FDR=0.1, floorPDEG=0.05)
```

```
> out <- clusterSample(data, dist.method="spearman",
+                       hclust.method="average", unique.pattern=TRUE)
> plot(out)
> data_all <- read.xlsx("JSLAB18.xlsx", rowNames=TRUE)
> data <- data_all[, 4:9]
>
```

Contents

■ R Markdown

- W01: 事前準備、W02: インストール (rmarkdownとpandoc)
- W03: 依存関係、W04: R Markdownの基本的な利用法
- W05: JSLAB18.Rの一部をRmd化 (JSLAB18.Rmdの作成)、W06: Tips (YAMLヘッダ)

■ JSLAB18.Rの全部をRmd化 (JSLAB19.Rmdの作成)

- W07: パッケージのロード (チャンク1)
- W08: サンプルのクラスタリング (チャンク2)
- W09: 見出しやチャンク番号
- W10: ファイルの読込とsubsetting (チャンク3)
- W11: TCC正規化 (チャンク4)
- W12: MBCluster.Seq実行の共通部分 (チャンク5)
- W13: MBCluster.Seq本番 (K=3) (チャンク6)
- W14: MBCluster.Seq本番 (K=4~5) (チャンク7~8)
- W15: 作図 (元データの作成) (チャンク9)
- W16: 作図 (本番) (チャンク10)
- W17: Knit

W11:TCC正規化1

次は、①をクリックして見られる、②「2. 群ラベル情報の作成とTCC正規化」に移動。

The screenshot shows the RStudio interface with the following elements:

- Source Editor:** Contains R code for hierarchical clustering and data reading. A table of contents on the left lists sections: "1. ファイルの読込とsubsetting" (highlighted with a red arrow and circled '1'), "2. 群ラベル情報の作成とTCC正規化" (highlighted with a red arrow and circled '2'), and "3. MBClustSeq実行の共通部分".
- Console:** Shows the execution of the following R commands:

```
> out <- clusterSample(data, dist.method="spearman",  
+ hclust.method="average", unique.pattern=TRUE)  
> plot(out)  
> data_all <- read.xlsx("JSLAB18.xlsx", rowNames=TRUE)  
> data <- data_all[, 4:9]  
>
```
- Environment Panel:** Lists objects: 'data' (2949 obs. of 6 variables) and 'data_all' (2949 obs. of 9 variables).
- Files Panel:** Shows a file explorer view of the desktop directory 'C:\Users\kadota\Desktop\hoge', listing files like 'JSLAB18.R', 'JSLAB18.Rmd', 'JSLAB18.xlsx', etc.

W11: TCC正規化2

次は、①をクリックして見られる、②「2. 群ラベル情報の作成とTCC正規化」に移動。移動後、③の話になります。

The screenshot shows the RStudio interface with the following components:

- Source Editor:** Contains R code for data loading and normalization. A red arrow with the number 3 points to the second code block.
- Environment/History:** Shows the current data objects: 'data' (2949 obs. of 6 variables) and 'data_all' (2949 obs. of 9 variables).
- Files Panel:** Shows a file explorer view of the desktop directory 'C:\Users\kadota\Desktop\hoge', listing files like 'JSLAB18.R', 'JSLAB18.Rmd', 'JSLAB18.xlsx', etc.
- Console:** Shows the execution output of the code, including cluster sampling and plotting commands.

```
30
31- ## 1. ファイルの読込とsubsetting
32- {r}
33 data_all <- read.xlsx("JSLAB18.xlsx", rowNames=TRUE)
34 data <- data_all[, 4:9]
35- {r}
36
37- ## 2. 群ラベル情報の作成とTCC正規化
38- {r}
39 data.cl <- c(1,1,1,2,2,2)
40 tcc <- new('TCC',data,data.cl)
41 tcc <- calcNormFactors(tcc,norm.method="tmm",test.method="edge",
42                       iteration=3, FDR=0.1,floorPDEG=0.05)
43 norm.factors <- tcc$norm.factors
44 ef.libsizes <- colSums(data)*norm.factors
45 size.factors <- ef.libsizes/mean(ef.libsizes)
46- {r}
47
```

```
> out <- clusterSample(data, dist.method="spearman",
+                       hclust.method="average", unique.pattern=TRUE)
> plot(out)
> data_all <- read.xlsx("JSLAB18.xlsx", rowNames=TRUE)
> data <- data_all[, 4:9]
>
```

W11:TCC正規化3

次は、①をクリックして見られる、②「2. 群ラベル情報の作成とTCC正規化」に移動。移動後、③の話になります。ここでは、④dataオブジェクト中のどの列がどの群に属するかという群ラベル情報を、⑤で定義した結果をdata.clという整数ベクトルのオブジェクトに格納しています。ちなみにdata.clのcl(しーえる)は、class labelの略というイメージです。

The screenshot shows the RStudio interface with the following code in the editor:

```
30
31- ## 1. ファイルの読込とsubsetting
32- {r}
33 data_all <- read.xlsx("JSLAB18.xlsx", rowNames=TRUE)
34 data <- data_all[, 4:9]
35- {r}
36
37- ## 2. 群ラベル情報の作成とTCC正規化
38- {r}
39 data.cl <- c(1,1,1,2,2,2)
40 tcc <- new('TCC',data,data.cl)
41 tcc <- calcNormFactors(tcc,norm.method="tmm",test.method="edge",
42                       iteration=3, FDR=0.1,floorPDEG=0.05)
43 norm.factors <- tcc$norm.factors
44 ef.libsizes <- colSums(data)*norm.factors
45 size.factors <- ef.libsizes/mean(ef.libsizes)
46- {r}
47
```

The console shows the following output:

```
> out <- clusterSample(data, dist.method="spearman",
+                       hclust.method="average", unique.pattern=TRUE)
> plot(out)
> data_all <- read.xlsx("JSLAB18.xlsx", rowNames=TRUE)
> data <- data_all[, 4:9]
>
```

The environment pane shows the following objects:

data_all	2949 obs. of 9 varia...
out	List of 7

The Files pane shows the following files:

Name	Size	Modified
..		
JSLAB18.R	4.2 KB	May 8, 2022, 1:05 PM
JSLAB18.Rmd	683 B	May 27, 2022, 2:02 PM
JSLAB18.xlsx	186 KB	May 2, 2022, 9:50 PM
JSLAB19.html	897.6 KB	May 30, 2022, 7:34 PM
JSLAB19.Rmd	3.8 KB	Jun 1, 2022, 3:24 PM
test19.html	609.6 KB	May 25, 2022, 3:25 PM
test19.Rmd	180 B	May 25, 2022, 3:25 PM

W11:TCC正規化4

⑤data.clは、④dataオブジェクト中の、⑥最初の3列分が1つめの群、⑦残りの3列分が2つめの群として割り当てると宣言に相当します。どの列にどのラベルをペタッと貼るかみたいなイメージで捉えるとよいと思います。

The screenshot shows the RStudio interface with the following code in the source editor:

```
30
31- ## 1. ファイルの読込とsubsetting
32- {r}
33 data_all <- read.xlsx("JSLAB18.xlsx", rowNames=TRUE)
34 data <- data_all[, 4:9]
35-
36
37- ## 2. 群ラベル情報の作成とTCC正規化
38- {r}
39 data.cl <- c(1,1,1,2,2,2)
40 tcc <- new('TCC',data,data.cl)
41 tcc <- calcNormFactors(tcc,norm.method="tmm",test.method="edge",
42                        iteration=3, FDR=0.1,floorPDEG=0.05)
43 norm.factors <- tcc$norm.factors
44 ef.libsizes <- colSums(data)*norm.factors
45 size.factors <- ef.libsizes/mean(ef.libsizes)
46-
47
```

The console shows the following output:

```
> out <- clusterSample(data, dist.method="spearman",
+                       hclust.method="average", unique.pattern=TRUE)
> plot(out)
> data_all <- read.xlsx("JSLAB18.xlsx", rowNames=TRUE)
> data <- data_all[, 4:9]
>
```

The Environment pane shows the following objects:

Object	Description
data	2949 obs. of 6 variables
data_all	2949 obs. of 9 variables
out	List of 7

The Files pane shows the following files:

Name	Size	Modified
..		
JSLAB18.R	4.2 KB	May 8, 2022, 1:05 PM
JSLAB18.Rmd	683 B	May 27, 2022, 2:02 PM
JSLAB18.xlsx	186 KB	May 2, 2022, 9:50 PM
JSLAB19.html	897.6 KB	May 30, 2022, 7:34 PM
JSLAB19.Rmd	3.8 KB	Jun 1, 2022, 3:24 PM
test19.html	609.6 KB	May 25, 2022, 3:25 PM
test19.Rmd	180 B	May 25, 2022, 3:25 PM

W11:TCC正規化5

①この見出しというかチャンクで行っていることは、②2群間比較用の発現データと、③群ラベル情報を入力として、TCCパッケージの特徴である頑健な正規化を行うための情報を得ることです。

The screenshot shows the RStudio interface with the following components:

- Source Editor:** Contains R code for reading data, creating group labels, and performing TCC normalization. Red arrows point to specific lines: arrow 1 points to the TCC normalization function call (lines 40-41), arrow 2 points to the data loading code (lines 33-34), and arrow 3 points to the group label creation code (lines 39-40).

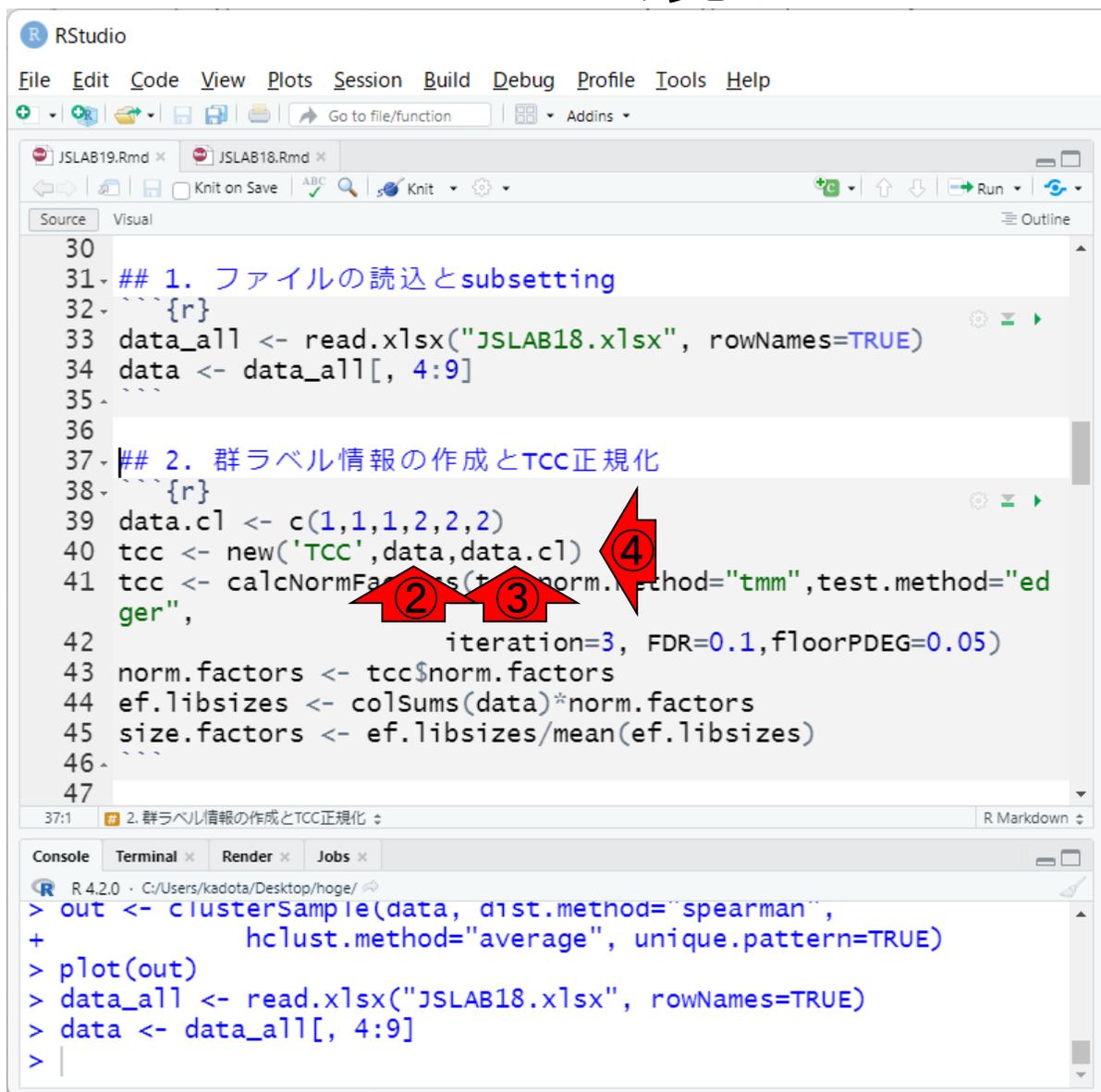
```
30
31- ## 1. ファイルの読込とsubsetting
32- {r}
33 data_all <- read.xlsx("JSLAB18.xlsx", rowNames=TRUE)
34 data <- data_all[, 4:9]
35- {r}
36
37- ## 2. 群ラベル情報の作成とTCC正規化
38- {r}
39 data.cl <- c(1,1,1,2,2,2)
40 tcc <- new('TCC',data,data.cl)
41 tcc <- calcNormFactors(tcc,norm.method="tmm",test.method="edge",
42                       iteration=3, FDR=0.1, floorPDEG=0.05)
43 norm.factors <- tcc$norm.factors
44 ef.libsizes <- colSums(data)*norm.factors
45 size.factors <- ef.libsizes/mean(ef.libsizes)
46- {r}
47
```

- Environment Panel:** Shows the current environment with objects: 'data' (2949 obs. of 6 variables) and 'data_all' (2949 obs. of 9 variables). The 'Data' section lists variables like pH4.5_24h_1, pH4.5_24h_2, pH4.5_24h_3, pH7_CCG_1, pH7_CCG_2, and pH7_CCG_3.
- Files Panel:** Shows the file explorer for the current project directory, listing files like JSLAB18.R, JSLAB18.Rmd, JSLAB18.xlsx, JSLAB19.html, JSLAB19.Rmd, test19.html, and test19.Rmd.
- Console:** Shows the execution of the following commands:

```
> out <- clusterSample(data, dist.method="spearman",
+                       hclust.method="average", unique.pattern=TRUE)
> plot(out)
> data_all <- read.xlsx("JSLAB18.xlsx", rowNames=TRUE)
> data <- data_all[, 4:9]
>
```

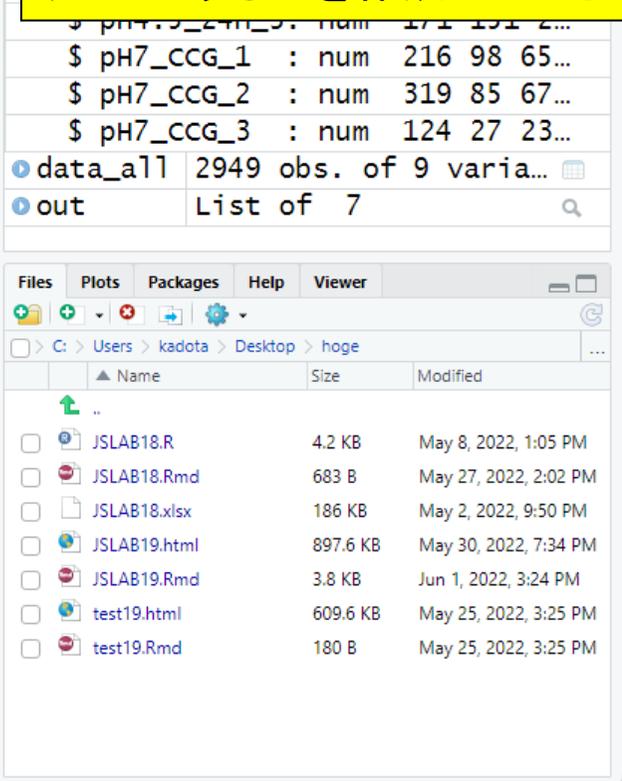
W11:TCC正規化6

①この見出しというかチャンクで行っていることは、②2群間比較用の発現データと、③群ラベル情報を入力として、TCCパッケージの特徴である頑健な正規化を行うための情報を得ることです。④はマニアックなところであり、実用上は意識する必要はありませんが、②発現データオブジェクトdataと、③群ラベル情報を入力として与えて、tccというクラスオブジェクトというものを作成しています。



```
30
31- ## 1. ファイルの読込とsubsetting
32- {r}
33 data_all <- read.xlsx("JSLAB18.xlsx", rowNames=TRUE)
34 data <- data_all[, 4:9]
35-
36
37- ## 2. 群ラベル情報の作成とTCC正規化
38- {r}
39 data.c1 <- c(1,1,1,2,2,2)
40 tcc <- new('TCC', data, data.c1)
41 tcc <- calcNormFactors(tcc, norm.method="tmm", test.method="edge",
42                        iteration=3, FDR=0.1, floorPDEG=0.05)
43 norm.factors <- tcc$norm.factors
44 ef.libsizes <- colSums(data)*norm.factors
45 size.factors <- ef.libsizes/mean(ef.libsizes)
46-
47
```

```
> out <- clusterSample(data, dist.method="spearman",
+                       hclust.method="average", unique.pattern=TRUE)
> plot(out)
> data_all <- read.xlsx("JSLAB18.xlsx", rowNames=TRUE)
> data <- data_all[, 4:9]
>
```



Environment window:

\$ pH7_CCG_1	: num	216	98	65...
\$ pH7_CCG_2	: num	319	85	67...
\$ pH7_CCG_3	: num	124	27	23...

Global Environment window:

data_all	2949 obs. of 9 varia...
out	List of 7

Files window:

Name	Size	Modified
JSLAB18.R	4.2 KB	May 8, 2022, 1:05 PM
JSLAB18.Rmd	683 B	May 27, 2022, 2:02 PM
JSLAB18.xlsx	186 KB	May 2, 2022, 9:50 PM
JSLAB19.html	897.6 KB	May 30, 2022, 7:34 PM
JSLAB19.Rmd	3.8 KB	Jun 1, 2022, 3:24 PM
test19.html	609.6 KB	May 25, 2022, 3:25 PM
test19.Rmd	180 B	May 25, 2022, 3:25 PM

W11:TCC正規化7

①では、calcNormFactors関数を用いてTCCの特徴である頑健な正規化情報を得る作業を行っています。出力結果もtccのままであることがわかりますが、これはcalcNormFactors関数実行結果の情報がtccオブジェクト中にいろいろ追加されたのだと理解すればよいです。②このチャンクを実行。

The screenshot shows the RStudio interface with the following code in the editor:

```
30
31- ## 1. ファイルの読込とsubsetting
32- {r}
33 data_all <- read.xlsx("JSLAB18.xlsx", rowNames=TRUE)
34 data <- data_all[, 4:9]
35-
36
37- ## 2. 群ラベル情報の作成とTCC正規化
38- {r}
39 data.cl <- c(1,1,1,2,2,2)
40 tcc <- new('TCC',data,data.cl)
41 tcc <- calcNormFactors(tcc,norm.method="tmm",test.method="edge",
42                       iteration=3, FDR=0.1,floorPDEG=0.05)
43 norm.factors <- tcc$norm.factors
44 ef.libsizes <- colSums(data)*norm.factors
45 size.factors <- ef.libsizes/mean(ef.libsizes)
46-
47
```

The console shows the execution of the code:

```
> out <- clusterSample(data, dist.method="spearman",
+                       hclust.method="average", unique.pattern=TRUE)
> plot(out)
> data_all <- read.xlsx("JSLAB18.xlsx", rowNames=TRUE)
> data <- data_all[, 4:9]
>
```

The Environment pane shows the following objects:

Object	Value
data	2949 obs. of 6 varia...
\$ pH4.5_24h_1:	num 143 96 22...
\$ pH4.5_24h_2:	num 323 318 5...
\$ pH4.5_24h_3:	num 171 151 2...
\$ pH7_CCG_1 :	num 216 98 65...
\$ pH7_CCG_2 :	num 319 85 67...
\$ pH7_CCG_3 :	num 124 27 23...
data_all	2949 obs. of 9 varia...
out	List of 7

The File pane shows the following files:

Name	Size	Modified
..		
JSLAB18.R	4.2 KB	May 8, 2022, 1:05 PM
JSLAB18.Rmd	683 B	May 27, 2022, 2:02 PM
JSLAB18.xlsx	186 KB	May 2, 2022, 9:50 PM
JSLAB19.html	897.6 KB	May 30, 2022, 7:34 PM
JSLAB19.Rmd	3.8 KB	Jun 1, 2022, 3:24 PM
test19.html	609.6 KB	May 25, 2022, 3:25 PM
test19.Rmd	180 B	May 25, 2022, 3:25 PM

Red arrows labeled ① and ② point to the `calcNormFactors` function call and the `## 2. 群ラベル情報の作成とTCC正規化` chunk header, respectively.

W11:TCC正規化8

①では、calcNormFactors関数を用いてTCCの特徴である頑健な正規化情報を得る作業を行っています。出力結果もtccのままであることがわかりますが、これはcalcNormFactors関数実行結果の情報がtccオブジェクト中にいろいろ追加されたのだと理解すればよいです。②このチャンクを実行。実行結果。

The screenshot shows the RStudio interface with the following components:

- Source Editor:** Contains R code for creating a TCC object and calculating normalization factors using the DEGES pipeline.
- Console:** Shows the execution of the code and the output of the calcNormFactors function, including the message: "TCC::INFO: Calculating normalization factors using DEGES (iDEGES pipeline : tmm - [edger - tmm] x 3)".
- Viewer:** Displays the output of the calcNormFactors function, showing the structure of the tcc object and the values of the normalization factors.

```
## 2. 群ラベル情報の作成とTCC正規化
data.c1 <- c(1,1,1,2,2,2)
tcc <- new('TCC',data,data.c1)
tcc <- calcNormFactors(tcc,norm.method="tmm",test.method="edger",
                      iteration=3, FDR=0.1,floorPDEG=0.05)
norm.factors <- tcc$norm.factors
ef.libsizes <- colSums(data)*norm.factors
size.factors <- ef.libsizes/mean(ef.libsizes)
```

TCC::INFO: Calculating normalization factors using DEGES
TCC::INFO: (iDEGES pipeline : tmm - [edger - tmm] x 3)
TCC::INFO: Done.

```
$ pH7_CCG_2 : num 319 85 67...
$ pH7_CCG_3 : num 124 27 23...
data_all 2949 obs. of 9 varia...
Values
data.c1 num [1:6] 1 1 1 2 2 2
ef.libsizes Named num [1:6] 99791...
norm.factors Named num [1:6] 1.063...
size.factors Named num [1:6] 0.637...
tcc <Object containing ac...
```

W11:TCC正規化9

TCCのcalcNormFactors関数実行によって算出された正規化係数(normalization factors)は、①tccオブジェクト中の、②norm.factorsという場所に格納されています。③間に\$がついていますが、これは、④で見えている\$と似たようなものだろうという程度の認識でよいです。

The screenshot shows the RStudio interface with the following components:

- Source Editor:** R code for TCC normalization. Red arrows point to specific parts: ① points to `colSums`, ② points to `norm.factors`, ③ points to `tcc$norm.factors`, and ④ points to the `$` operator in `tcc$norm.factors`.
- Console:** Shows the execution of the code and the output of `calcNormFactors`:

```
TCC::INFO: Calculating normalization factors using DEGES
TCC::INFO: (iDEGES pipeline : tmm - [ edger - tmm ] x 3 )
TCC::INFO: Done.
> norm.factors <- tcc$norm.factors
> ef.libsizes <- colSums(data)*norm.factors
> size.factors <- ef.libsizes/mean(ef.libsizes)
>
```
- Environment Viewer:** Shows the `tcc` object containing various factors:

Variable	Value
<code>data.c1</code>	num [1:6] 1 1 1 2 2 2
<code>ef.libsizes</code>	Named num [1:6] 99791...
<code>norm.factors</code>	Named num [1:6] 1.063...
<code>size.factors</code>	Named num [1:6] 0.637...
<code>tcc</code>	<Object containing ac...>

W11:TCC正規化10

TCCのcalcNormFactors関数実行によって算出された正規化係数(normalization factors)は、①tccオブジェクト中の、②norm.factorsという場所に格納されています。③間に\$がついていますが、これは、④で見えている\$と似たようなものだろうという程度の認識でよいです。⑤自体は、単に「取り扱うオブジェクト名をちょっと短くしたい」程度の位置づけです。得られたnorm.factorsというオブジェクトの中身は数値ベクトルであり、これがTCCパッケージで得られる正規化係数というものに相当します。

The screenshot shows the RStudio interface with the following components:

- Source Editor:** Contains R code for TCC normalization. A red diamond with the number 5 points to the `tcc$norm.factors` property access in line 43.
- Console:** Shows the execution output of the code, including the message: `TCC::INFO: Calculating normalization factors using DEGES` and `TCC::INFO: (iDEGES pipeline : tmm - [edger - tmm] x 3)`.
- Environment/Viewer:** Shows the `tcc` object as a list containing `norm.factors`.
- File Explorer:** Shows the file structure on the desktop, including `JSLAB18.R`, `JSLAB18.Rmd`, `JSLAB18.xlsx`, `JSLAB19.html`, `JSLAB19.Rmd`, `test19.html`, and `test19.Rmd`.

```
35 ~
36 ~
37 ## 2. 群ラベル情報の作成とTCC正規化
38 {r}
39 data.c1 <- c(1,1,1,2,2,2)
40 tcc <- new('TCC',data,data.c1)
41 tcc <- calcNormFactors(tcc,norm.method="tmm",test.method="edger",
42                        iteration=3, alpha=0.1,floorPDEG=0.05)
43 norm.factors <- tcc$norm.factors
44 ef.libsizes <- colSums(data)*norm.factors
45 size.factors <- ef.libsizes/mean(ef.libsizes)
46 ~
47 ~

TCC::INFO: Calculating normalization factors using DEGES
TCC::INFO: (iDEGES pipeline : tmm - [ edger - tmm ] x 3 )
TCC::INFO: Done.

> norm.factors <- tcc$norm.factors
> ef.libsizes <- colSums(data)*norm.factors
> size.factors <- ef.libsizes/mean(ef.libsizes)
>
```

W11:TCC正規化11

①の部分に移行。②正規化係数 (norm.factors) は、③有効ライブラリサイズ (effective library sizes; ef.libsizes) というものを計算する際に利用する数値です。ライブラリサイズというのは、④この場合はcolSums(data)に相当します。

The screenshot shows the RStudio interface with the following components:

- Source Editor:** Contains R code for TCC normalization. Red arrows point to specific parts: ① points to the `norm.factors` assignment, ② points to the `norm.factors` variable, ③ points to the `ef.libsizes` assignment, and ④ points to the `colSums(data)` expression.
- Console:** Shows the execution output:

```
TCC::INFO: Calculating normalization factors using DEGES
TCC::INFO: (iDEGES pipeline : tmm - [ edger - tmm ] x 3 )
TCC::INFO: Done.
> norm.factors <- tcc$norm.factors
> ef.libsizes <- colSums(data)*norm.factors
> size.factors <- ef.libsizes/mean(ef.libsizes)
>
```
- Environment:** Shows the state of the R environment:

Variable	Class	Attributes
data.c1	num [1:6]	1 1 1 2 2 2
ef.libsizes	Named num [1:6]	99791...
norm.factors	Named num [1:6]	1.063...
size.factors	Named num [1:6]	0.637...
tcc	<Object containing ac...	
- Files Panel:** Shows a directory listing of files on the desktop, including JSLAB18.R, JSLAB18.Rmd, JSLAB18.xlsx, JSLAB19.html, JSLAB19.Rmd, test19.html, and test19.Rmd.

W11:TCC正規化12

①の部分に移行。②正規化係数 (norm.factors) は、③有効ライブラリサイズ (effective library sizes; ef.libsizes) というものを計算する際に利用する数値です。ライブラリサイズというのは、④この場合はcolSums(data)に相当します。もし②の正規化係数が全サンプルで1だったとしたら、実質的に第15回で示したような、サンプル間で総カウント数のみを揃えるCPM正規化と同じ結果になります。つまり、③有効ライブラリサイズと、④ライブラリサイズが同じということです。

norm.fa...	Named num [1:6] 1.063...
size.fa...	Named num [1:6] 0.637...
tcc	<Object containing ac...

Name	Size	Modified
..		
JSLAB18.R	4.2 KB	May 8, 2021
JSLAB18.Rmd	683 B	May 27, 2021
JSLAB18.xlsx	186 KB	May 2, 2021
JSLAB19.html	897.6 KB	May 30, 2021
JSLAB19.Rmd	3.8 KB	Jun 1, 2022
test19.html	609.6 KB	May 25, 2021
test19.Rmd	180 B	May 25, 2021

```
35  
36  
37 ## 2. 群ラベル情報の作成とTCC正規化  
38 {r}  
39 data.c1 <- c(1,1,1,2,2,2)  
40 tcc <- new('TCC',data,data.c1)  
41 tcc <- calcNormFactors(tcc,norm.method="tmm",test.method="edger",  
42 iteration=3, FDR=0.1,floorPDEG=0.05)  
43 norm.factors <- tcc$norm.factors  
44 ef.libsizes <- colSums(data)*norm.factors  
45 size.factors <- ef.libsizes/mean(ef.libsizes)  
46
```

```
TCC::INFO: Calculating normalization factors using DEGES  
TCC::INFO: (iDEGES pipeline : tmm - [ edger - tmm ] x 3 )  
TCC::INFO: Done.
```

```
> norm.factors <- tcc$norm.factors  
> ef.libsizes <- colSums(data)*norm.factors  
> size.factors <- ef.libsizes/mean(ef.libsizes)  
>
```

W11:TCC正規化13

①の部分に移行。②正規化係数 (norm.factors)は、③有効ライブラリサイズ (effective library sizes; ef.libsizes) というものを計算する際に利用する数値です。ライブラリサイズというのは、④この場合はcolSums(data)に相当します。もし②の正規化係数が全サンプルで1だったとしたら、実質的に第15回で示したような、サンプル間で総カウント数のみを揃えるCPM正規化と同じ結果になります。つまり、③有効ライブラリサイズと、④ライブラリサイズが同じということです。⑤この正規化係数とか有効ライブラリサイズという言葉を使っているのが、edgeRとTCCパッケージです。

```
RStudio
File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help
Go to file/function Addins
JSLAB19.Rmd x JSLAB18.Rmd x
Knit on Save ABC Knit Run
Source Visual Outline
35
36
37 ## 2. 群ラベル情報の作成とTCC正規化
38 {r}
39 data.c1 <- c(1,1,1,2,2,2)
40 tcc <- new('TCC',data,data.c1)
41 tcc <- calcNormFactors(tcc,norm.method="tmm",test.method="ed
42 ger",
43 iteration=3, FDR=0.1, floorPDEG=0.05)
44 norm.factors <- tcc$norm.factors
45 ef.libsizes <- colSums(data)*norm.factors
46 size.factors <- ef.libsizes/mean(ef.libsizes)
47
TCC::INFO: Calculating normalization factors using DEGES
TCC::INFO: (iDEGES pipeline : tmm - [ edger - tmm ] x 3 )
TCC::INFO: Done.
47
37:1 2. 群ラベル情報の作成とTCC正規化 R Markdown
```

Name	Size	Modified
..		
JSLAB18.R	4.2 KB	May 8, 2021
JSLAB18.Rmd	683 B	May 27, 2021
JSLAB18.xlsx	186 KB	May 2, 2021
JSLAB19.html	897.6 KB	May 30, 2021
JSLAB19.Rmd	3.8 KB	Jun 1, 2022
test19.html	609.6 KB	May 25, 2021
test19.Rmd	180 B	May 25, 2021

W11:TCC正規化14

```
RStudio
File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help
Go to file/function Addins
JSLAB19.Rmd x JSLAB18.Rmd x
Knit on Save ABC Knit Run
Source Visual Outline
35 ^
36
37 ## 2. 群ラベル情報の作成とTCC正規化
38 {r}
39 data.c1 <- c(1,1,1,2,2,2)
40 tcc <- new('TCC',data,data.c1)
41 tcc <- calcNormFactors(tcc,norm.method="tmm",test.method="ed
42 ger",
43 iteration=3, FDR=0.1,floorPDEG=0.05)
44 norm.factors <- tcc$norm.factors
45 ef.libsizes <- colSums(data)*norm.factors
46 size.factors <- ef.libsizes/mean(ef.libsizes)
47
TCC::INFO: Calculating normalization factors using DEGES
TCC::INFO: (iDEGES pipeline : tmm - [ edger - tmm ] x 3 )
TCC::INFO: Done.
47
37:1 2. 群ラベル情報の作成とTCC正規化 R Markdown
Console Terminal x Jobs x
R 4.2.0 · C:/Users/kadota/Desktop/hoge/
TCC::INFO: (iDEGES pipeline : tmm - [ edger - tmm ] x 3 )
TCC::INFO: Done.
> norm.factors <- tcc$norm.factors
> ef.libsizes <- colSums(data)*norm.factors
> size.factors <- ef.libsizes/mean(ef.libsizes)
>
```



①の部分に移行。②正規化係数 (norm.factors)は、③有効ライブラリサイズ (effective library sizes; ef.libsizes) というものを計算する際に利用する数値です。ライブラリサイズというのは、④この場合はcolSums(data)に相当します。もし②の正規化係数が全サンプルで1だったとしたら、実質的に第15回で示したような、サンプル間で総カウント数のみを揃えるCPM正規化と同じ結果になります。つまり、③有効ライブラリサイズと、④ライブラリサイズが同じということです。⑤この正規化係数とか有効ライブラリサイズという言葉を使っているのが、edgeRとTCCパッケージです。edgeRと双璧をなす、もう1つの有名なRパッケージであるDESeq2は、⑥正規化係数ではなくサイズファクター (size.factors) という言葉を使っており、MBCluster.Seqもそれに準じています。サイズファクターは、有効ライブラリサイズをその平均値で割ったものです。

W11:TCC正規化15

```
RStudio
File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help
JSLAB19.Rmd x JSLAB18.Rmd x
Go to file/function Addins
Source Visual Outline
35 ^
36
37 ## 2. 群ラベル情報の作成とTCC正規化
38 {r}
39 data.c1 <- c(1,1,1,2,2,2)
40 tcc <- new('TCC',data,data.c1)
41 tcc <- calcNormFactors(tcc,norm.method="tmm",test.method="ed
42 ger",
43 iteration=3, FDR=0.1,floorPDEG=0.05)
44 norm.factors <- tcc$norm.factors
45 ef.libsizes <- colSums(data)*norm.factors
46 size.factors <- ef.libsizes/mean(ef.libsizes)
47
TCC::INFO: Calculating normalization factors using DEGES
TCC::INFO: (iDEGES pipeline : tmm - [ edger - tmm ] x 3 )
TCC::INFO: Done.
47
37:1 2. 群ラベル情報の作成とTCC正規化 R Markdown
```

①の部分に移行。②正規化係数 (norm.factors)は、③有効ライブラリサイズ (effective library sizes; ef.libsizes) というものを計算する際に利用する数値です。ライブラリサイズというのは、④この場合はcolSums(data)に相当します。もし②の正規化係数が全サンプルで1だったとしたら、実質的に第15回で示したような、サンプル間で総カウント数のみを揃えるCPM正規化と同じ結果になります。つまり、③有効ライブラリサイズと、④ライブラリサイズが同じということです。⑤この正規化係数とか有効ライブラリサイズという言葉を使っているのが、edgeRとTCCパッケージです。edgeRと双璧をなす、もう1つの有名なRパッケージであるDESeq2は、⑥正規化係数ではなくサイズファクター (size.factors)という言葉を使っており、MBCluster.Seqもそれに準じています。サイズファクターは、有効ライブラリサイズをその平均値で割ったものです。⑦が正規化係数とサイズファクターの全体的な関係ということになります。

Contents

■ R Markdown

- W01: 事前準備、W02: インストール (rmarkdownとpandoc)
- W03: 依存関係、W04: R Markdownの基本的な利用法
- W05: JSLAB18.Rの一部をRmd化 (JSLAB18.Rmdの作成)、W06: Tips (YAMLヘッダ)

■ JSLAB18.Rの全部をRmd化 (JSLAB19.Rmdの作成)

- W07: パッケージのロード (チャンク1)
- W08: サンプルのクラスタリング (チャンク2)
- W09: 見出しやチャンク番号
- W10: ファイルの読込とsubsetting (チャンク3)
- W11: TCC正規化 (チャンク4)
- W12: MBCluster.Seq実行の共通部分 (チャンク5)
- W13: MBCluster.Seq本番 (K=3) (チャンク6)
- W14: MBCluster.Seq本番 (K=4~5) (チャンク7~8)
- W15: 作図 (元データの作成) (チャンク9)
- W16: 作図 (本番) (チャンク10)
- W17: Knit

W12: MBC... 共通部分1

次は、①をクリックして見られる、②「3. MBCcluster.Seq実行の共通部分」に移動。

The screenshot shows the RStudio interface with the following components:

- Source Editor:** Contains R code for data normalization and MBC cluster analysis. The code includes comments in Japanese and R commands like `data.c1 <- c(1,1,1,2,2,2)`, `tcc <- new('TCC', data, data.c1)`, and `calcNormFactors`.
- Environment:** Shows the current R environment with variables like `data.c1`, `ef.libsi...`, `norm.fac...`, `size.fac...`, and `tcc`.
- Console:** Displays the output of the R commands, including the message `TCC::INFO: (1DEGES pipeline : tmm - [edger - tmm] X 3)` and the command `> norm.factors <- tcc$norm.factors`.
- Chunk List:** A list of code chunks on the left side of the source editor. A red arrow labeled ② points to the chunk titled "3. MBCcluster.Seq実行の共通部分".
- Terminal:** Shows the R session path: `R 4.2.0 · C:/Users/kadota/Desktop/hoge/`.

W12: MBC... 共通部分2

次は、①をクリックして見られる、②「3. MBCcluster.Seq実行の共通部分」に移動。移動後。③の話になります。MBCcluster.Seqは乱数を発生させるので、実行結果が同じになるように、set.seed関数を最初の実行させています。2022という数値は、発生させる乱数種の番号です。2022でなくても、98とか7とかでも構いません。実用上は、④set.seedを埋め込んでおくことで、実行ごとに結果が変わるのを防ぐために使うのだと覚えておけばよいです。

The screenshot shows the RStudio interface with the following content:

```
TCC::INFO: Calculating normalization factors using DEGES
TCC::INFO: (iDEGES pipeline : tmm - [ edger - tmm ] X 3 )
TCC::INFO: Done.

47
48 ## 3. MBCcluster.Seq実行の共通部分
49 {r}
50 set.seed(2022)
51 hoge <- RNASeq.Data(Count = data, Treatment = data.c1,
52 Normalizer=log(size.factors))
53
54
55 ## 4. MBCcluster.Seq(k=3)の実行部分
56 {r}
57 K <- 3 #クラスター数を指定
58 out_f <- "MBCdeg_k3.xlsx" #出力ファイル名を指定
59 c0 <- KmeansPlus.RNASeq(data=hoge, nK=K,
```

The console output at the bottom shows:

```
R 4.2.0 · C:/Users/kadota/Desktop/hoge/
TCC::INFO: (iDEGES pipeline : tmm - [ edger - tmm ] X 3 )
TCC::INFO: Done.
> norm.factors <- tcc$norm.factors
> ef.libsizes <- colSums(data)*norm.factors
> size.factors <- ef.libsizes/mean(ef.libsizes)
>
```

Red lightning bolt icons with numbers 3 and 4 point to the code lines: 48 (comment) and 50 (set.seed(2022)).

W12: MBC... 共通部分3

入力は、①2,949遺伝子×6サンプルの数値行列であるdataオブジェクト、②酸ストレス長期暴露群(pH4.5_24h)に1、対照群(pH7_CCG)に2というラベルを割り当てるためのクラスラベル情報、そして③TCC正規化によって得られたサイズファクターの対数です。

```
47
48 ## 3. MBCcluster.Seq実行の共通部分
49 {r}
50 set.seed(2022)
51 hoge <- RNASeq.Data(Count = data, Treatment = data.c1,
52                    Normalizer= log(size.factors))
53
54
55 ## 4. MBCcluster.Seq(k=3)の実行部分
56 {r}
57 K <- 3 #クラスター数を指定
58 out_f <- "MBCdeg_k3.xlsx" #出力ファイル名を指定
59 c0 <- KmeansPlus.RNASeq(data=hoge, nK=K,
```

Console output:

```
TCC::INFO: (1DEGES pipeline : tmm - [ edger - tmm ] X 3 )
TCC::INFO: Done.
> norm.factors <- tcc$norm.factors
> ef.libsizes <- colSums(data)*norm.factors
> size.factors <- ef.libsizes/mean(ef.libsizes)
>
```

W12: MBC... 共通部分4

入力は、①2,949遺伝子×6サンプルの数値行列であるdataオブジェクト、②酸ストレス長期暴露群(pH4.5_24h)に1、対照群(pH7_CCG)に2というラベルを割り当てるためのクラスラベル情報、そして③TCC正規化によって得られたサイズファクターの対数です。④RNASeq.Dataという関数を用いて得られた、⑤hogeという名前のオブジェクトは、⑥の部分などで入力として利用されています。

The screenshot shows the RStudio interface with the following content:

```
TCC::INFO: Calculating normalization factors using DEGES
TCC::INFO: (iDEGES pipeline : tmm - [ edger - tmm ] X 3 )
TCC::INFO: Done.
```

```
47
48 ## 3. MBCcluster.Seq実行の共通部分
49 {r}
50 set.seed(2022)
51 hoge <- RNASeq.Data(Count = data, Treatment = data.c1,
52                     Normalizer= log(size.factors))
53
54
55 ## 4. MBCcluster.Seq(k=3)の実行部分
56 {r}
57 K <- 3
58 out_f <- "MBCdeg_k3.xlsx" #出力ファイル名を指定
59 c0 <- KmeansPlus.RNASeq(data=hoge, nK=K,
```

The console output at the bottom shows:

```
R 4.2.0 > C:/Users/kadota/Desktop/hoge/
TCC::INFO: (iDEGES pipeline : tmm - [ edger - tmm ] X 3 )
TCC::INFO: Done.
> norm.factors <- tcc$norm.factors
> ef.libsizes <- colSums(data)*norm.factors
> size.factors <- ef.libsizes/mean(ef.libsizes)
>
```

The Environment pane on the right shows the following objects:

Object	Class	Value
data.c1	num [1:6]	1 1 1 2 2 2
ef.libsi...	Named num [1:6]	997916 2...
norm.fac...	Named num [1:6]	1.063 1...
size.fac...	Named num [1:6]	0.637 1...
tcc	<Object containing activ...	

The Files pane on the right shows the directory structure:

Name	Size	Modified
..		
JSLAB18.R	4.2 KB	May 8, 2022, 1:05
JSLAB18.Rmd	683 B	May 27, 2022, 2:01
JSLAB18.xlsx	186 KB	May 2, 2022, 9:50
JSLAB19.html	897.6 KB	May 30, 2022, 7:33
JSLAB19.Rmd	3.8 KB	Jun 4, 2022, 11:51
test19.html	609.6 KB	May 25, 2022, 3:21
test19.Rmd	180 B	May 25, 2022, 3:21

⑦このチャンクを実行(約2分)。

W12: MBC... 共通部分5

The screenshot displays the RStudio interface with the following components:

- Source Editor:** Shows R code with comments in Japanese. A red arrow points to a code chunk starting with `## 3. MBCcluster.Seq実行の共通部分`. The code includes `set.seed(2022)` and `hoge <- RNASeq.Data(Count = data, Treatment = data.c1, Normalizer= log(size.factors))`.
- Console:** Displays the output of the TCC normalization process, including the message: `TCC::INFO: Calculating normalization factors using DEGES` and `TCC::INFO: (iDEGES pipeline : tmm - [edger - tmm] X 3)`.
- Environment:** Shows the state of the R environment, including the `data.c1` matrix and the `tcc` object.
- Files:** Shows the file explorer with a directory named `hoge` containing files like `JSLAB18.R`, `JSLAB18.Rmd`, and `JSLAB18.xlsx`.

W12: MBC... 共通部分6

⑦このチャンクを実行(約2分)。実行結果。確かに出力である⑤hogeオブジェクトが作成されたことが、⑧でわかります。これをクリックするとごちゃごちゃと様々な情報が格納されていることがわかりますが、MBCcluster.Seq開発者の趣味的な部分もあるので、特に詳細を理解する必要はありません。

The screenshot shows the RStudio interface with the following elements:

- Source Editor:** Contains R code for normalizing RNA-seq data and performing MBC cluster analysis. A red arrow labeled '5' points to the `hoge` object creation line (line 52).
- Console:** Shows the execution of the code from the source editor, including the `colSums` and `size.factors` calculations.
- Environment:** Lists the objects in the environment, including `hoge` (List of 7) and `tcc` (Object containing activ...). A red arrow labeled '8' points to the `hoge` object.
- Files Panel:** Shows the file explorer for the `hoge` directory on the desktop, listing files like `JSLAB18.R`, `JSLAB18.Rmd`, and `JSLAB18.xlsx`.
- Terminal:** Shows the R prompt and the execution of the code from the source editor.

Contents

■ R Markdown

- W01: 事前準備、W02: インストール (rmarkdownとpandoc)
- W03: 依存関係、W04: R Markdownの基本的な利用法
- W05: JSLAB18.Rの一部をRmd化 (JSLAB18.Rmdの作成)、W06: Tips (YAMLヘッダ)

■ JSLAB18.Rの全部をRmd化 (JSLAB19.Rmdの作成)

- W07: パッケージのロード (チャンク1)
- W08: サンプルのクラスタリング (チャンク2)
- W09: 見出しやチャンク番号
- W10: ファイルの読込とsubsetting (チャンク3)
- W11: TCC正規化 (チャンク4)
- W12: MBCluster.Seq実行の共通部分 (チャンク5)
- W13: MBCluster.Seq本番 (K=3) (チャンク6)
- W14: MBCluster.Seq本番 (K=4~5) (チャンク7~8)
- W15: 作図 (元データの作成) (チャンク9)
- W16: 作図 (本番) (チャンク10)
- W17: Knit

W13: MBC...本番1

①MBCcluster.Seqを実行するメイン部分。
ここ(チャンク6)では、②K=3で実行した
結果をMBCdeg_K3.xlsxというファイルに
保存することを目的としています。のちに
K=4と5の場合についても実行したいの
で、使いまわしやすさを意識して、③赤
枠の共通部分については変更を加えな
いようにしています。

```
## 4. MBCcluster.Seq本番(K=3)
{r}
K <- 3 #クラスター数を指定
out_f <- "MBCdeg_K3.xlsx" #出力ファイル名を指定
c0 <- KmeansPlus.RNASeq(data=hoge, nK=K,
  model="nbinom", print.steps=F)
cls <- cluster.RNASeq(data=hoge, model="nbinom",
  centers=c0$centers, method="EM")
PP <- cls$probability
colnames(PP) <- paste("c", 1:K, sep="")
tmp <- cbind(rownames(data), data, PP, cls$cluster)
write.xlsx(x=tmp, file=out_f)
cls$centers
table(cls$cluster)
cls_k3 <- cls

## 5. MBCcluster.Seq本番(K=4)
```

Console output:

```
R 4.2.0 · C:/Users/kadota/Desktop/hoge/
> ef.libsizes <- colSums(data)*norm.factors
> size.factors <- ef.libsizes/mean(ef.libsizes)
> set.seed(2022)
> hoge <- RNASeq.Data(Count = data, Treatment = data.c1,
+ Normalizer= log(size.factors))
>
```

W13: MBC...本番2

①MBCcluster.Seqを実行するメイン部分。ここ(チャンク6)では、②K=3で実行した結果をMBCdeg_K3.xlsxというファイルに保存することを目的としています。のちにK=4と5の場合についても実行したいので、使いまわしやすさを意識して、③赤枠の共通部分については変更を加えないようにしています。メインは、④59~62行目のKmeansPlus.RNASeqとCluster.RNASeqという2つの関数部分。主な結果は⑤clsというオブジェクトに格納され、63行目以降の赤下線部分で使われています。⑥のチャンクを実行。

The screenshot shows the RStudio interface with the following code in the source editor:

```
55 ## 4. MBCcluster.Seq本番(K=3)
56 {r}
57 K <- 3 #クラスター数を指定
58 out_f <- "MBCdeg_K3.xlsx" #出力ファイル名を指定
59 KmeansPlus.RNASeq(data=hoge, nK=K,
60 model="nbinom", print.steps=F)
61 cls <- Cluster.RNASeq(data=hoge, model="nbinom",
62 centers=c0$centers, method="EM")
63 PP <- cls$probability
64 colnames(PP) <- paste("c", 1:K, sep="")
65 tmp <- cbind(rownames(data), data, PP, cls$cluster)
66 write.xlsx(x=tmp, file=out_f)
67 cls$centers
68 table(cls$cluster)
69 cls_k3 <- cls
70
71
72 ## 5. MBCcluster.Seq本番(K=4)
73 {r}
```

Annotations in the image:

- ④: A red arrow pointing to the function calls `KmeansPlus.RNASeq` (lines 59-60) and `Cluster.RNASeq` (lines 61-62).
- ⑤: A red arrow pointing to the `cls object returned by Cluster.RNASeq (line 61).`
- ⑥: A red arrow pointing to the chunk header `## 4. MBCcluster.Seq本番(K=3)` (line 55).

The console shows the following output:

```
R 4.2.0 · C:/Users/kadota/Desktop/hoge/
> ef.libsizes <- colSums(data)*norm.factors
> size.factors <- ef.libsizes/mean(ef.libsizes)
> set.seed(2022)
> hoge <- RNASeq.Data(Count = data, Treatment = data.c1,
+ Normalizer= log(size.factors))
>
```

The file explorer on the right shows the directory `C:\Users\kadota\Desktop\hoge` with files including `JSLAB18.R`, `JSLAB18.Rmd`, `JSLAB18.xlsx`, `JSLAB19.html`, `JSLAB19.Rmd`, `test19.html`, and `test19.Rmd`.

W13: MBC...本番3

The screenshot displays the RStudio interface with the following components:

- Source Editor:** Contains R code for performing MBC cluster analysis with K=3 clusters. The code includes data loading, model fitting, and file saving.
- Environment:** Shows the current environment with objects:
 - `cls_k3`: List of 3
 - `data`: 2949 obs. of 6 variables

\$ pH4.5_24h_1:	num	143	96	22790...
\$ pH4.5_24h_2:	num	323	318	5755...
\$ pH4.5_24h_3:	num	171	151	2892...
\$ pH7_CCG_1 :	num	216	98	65311...
\$ pH7_CCG_2 :	num	319	85	67686...
\$ pH7_CCG_3 :	num	124	27	23262...
 - `data_all`: 2949 obs. of 9 variables
 - `hoge`: List of 7
 - `PP`: num [1:2949, 1:3] 9.84
- Files Panel:** Shows the file explorer for the project directory `C:\Users\kadota\Desktop\hoge`, listing files like `JSLAB18.R`, `JSLAB18.Rmd`, `JSLAB18.xlsx`, `JSLAB19.html`, `JSLAB19.Rmd`, `test19.html`, and `test19.Rmd`.
- Console:** Shows the execution of `table(cls$cluster)` resulting in a 3x3 matrix:


```

      1    2    3
1303  222 1424
      
```

 The subsequent command `cls_k3 <- cls` is also shown.

W13: MBC...本番4

それぞれのペイン(4分割されている個々のサブ画面のこと)の幅や高さを説明しやすいように調整しただけ。主な実行結果である①clsオブジェクトの、②中身はこんな感じ。

The screenshot shows the RStudio interface with the following components:

- Source Editor:** Contains R code for a function that processes RNA-seq data. A red arrow labeled '1' points to the `cls` object creation line (line 61).
- Environment Panel:** Shows the objects created in the global environment. A red arrow labeled '2' points to the `cls` object. The environment shows:
 - `c0`: List of 2
 - `cls`: List of 3
 - `$ probability`: num [1:2949, 1:3] 9.84e-...
 - `$ centers`: 'logFC' num [1:3, 1:2] -...
 - `..- attr(*, "dimnames")=List of 2`
 - `.. ..$`: NULL
 - `.. ..$`: chr [1:2] "1" "2"
 - `$ cluster`: int [1:2949] 1 3 1 1 3 3...
 - `cls_k3`: List of 3
 - `data`: 2949 obs. of 6 variables
 - `data_all`: 2949 obs. of 9 variables
 - `hoge`: List of 7
 - `PP`: num [1:2949, 1:3] 9.84e-01 ...
- Console:** Shows the execution of `cls$centers` and `table(cls$cluster)`.
 - `cls$centers` output:

```
      1      2
[1,] -0.2996681  0.2996681
[2,]  1.7270041 -1.7270041
[3,]  0.1801454 -0.1801454
attr(,"class")
[1] "logFC"
```
 - `table(cls$cluster)` output:

```
  1  2  3
1303 222 1424
```
 - `cls_k3 <- cls` is also executed.
- Files Panel:** Shows the file explorer with a list of files in the `hoge` directory, including `JSLAB18.R`, `JSLAB18.Rmd`, `JSLAB18.xlsx`, `JSLAB19.html`, `JSLAB19.Rmd`, `test19.html`, and `test19.Rmd`.

W13: MBC...本番5

②clsの中の、③probabilityという場所には、遺伝子ごとの各クラスへの属しやすさを表す事後確率(Posterior Probability; PP)の情報が格納されています。2,949遺伝子で、K=3で実行した結果なので、④2,949行×3列の、⑤数値(number)なのだと解釈します。

The screenshot shows the RStudio interface with the following components:

- Source Editor:** Contains R code for performing K-means clustering on RNA-seq data. A red arrow labeled '2' points to the `cls` object creation line (line 61).
- Environment:** Lists objects in the environment. A red arrow labeled '5' points to the `cls` object, which is a list of length 3. A red arrow labeled '3' points to the `probability` element within `cls`. A red arrow labeled '4' points to the dimensions of the `probability` matrix, which is 2949 rows by 3 columns.
- Console:** Shows the execution of `cls$centers` and `table(cls$cluster)`. The `cls$centers` output is a 3x2 matrix of log-fold change values. The `table(cls$cluster)` output shows the distribution of genes across the three clusters: 1303 in cluster 1, 222 in cluster 2, and 1424 in cluster 3.
- Files Panel:** Shows the file explorer for the current project directory, listing files like `JSLAB18.R`, `JSLAB18.Rmd`, `JSLAB18.xlsx`, `JSLAB19.html`, `JSLAB19.Rmd`, `test19.html`, and `test19.Rmd`.

W13: MBC...本番6

②clsの中の、③probabilityという場所には、遺伝子ごとの各クラスへの属しやすさを表す事後確率(Posterior Probability; PP)の情報が格納されています。2,949遺伝子で、K=3で実行した結果なので、④2,949行×3列の、⑤数値(number)なのだと解釈します。⑥cls\$probabilityという名前だとちょっと長いので、PPという名前を取り扱おうとしています。

The screenshot shows the RStudio interface with the following content:

```
60 model="nbinom", print.steps=F)
61 cls <- cluster.RNASeq(data=hoge, model="nbinom",
62 centers=c0$centers, method="EM")
63 PP <- cls$probability
64 colnames(PP) <- paste("c", 1:K, sep="")
65 tmp <- cbind(rownames(data), data, PP, cls$cluster)
66 write.xlsx(x=tmp, file=out_f)
67 cls$centers
68 table(cls$cluster)
69 cls_k3 <- cls
70
```

Console output:

```
> cls$centers
      1      2
[1,] -0.2996681  0.2996681
[2,]  1.7270041 -1.7270041
[3,]  0.1801454 -0.1801454
attr(,"class")
[1] "logFC"
> table(cls$cluster)
      1      2      3
1303  222 1424
> cls_k3 <- cls
>
```

Environment pane:

Object	Class
c0	Global Environment
cls	list
cls\$probability	matrix
cls\$centers	matrix
cls_k3	list
data	matrix
data_all	matrix
hoge	list
PP	matrix

Files pane:

Name	Size	Modified
JSLAB18.R	4.2 KB	May 8, 2022, 1:05 PM
JSLAB18.Rmd	683 B	May 27, 2022, 2:02 PM
JSLAB18.xlsx	186 KB	May 2, 2022, 9:50 PM
JSLAB19.html	897.6 KB	May 30, 2022, 7:34 PM
JSLAB19.Rmd	3.7 KB	Jun 4, 2022, 4:53 PM
test19.html	609.6 KB	May 25, 2022, 3:25 PM
test19.Rmd	180 B	May 25, 2022, 3:25 PM

W13: MBC...本番7

当然①cls\$probabilityと②PPは、ともに2,949行×3列の遺伝子ごとの各クラスターへの属しやすさを表す事後確率情報が含まれていることはわかっていますが、③colnames(PP)で表される、行列PPの列名がちょっとわかりにくいので...

```
60 model="nbinom", print.steps=F)
61 <- cluster.RNASeq(data=hoge, model="nbinom",
62 centers=c0$centers, method="EM")
63 PP <- cls$probability
64 colnames(PP) <- paste("C", 1:K, sep="")
65 tmp <- rbind(rownames(data), data, PP, cls$cluster)
66 write.xlsx(x=tmp, file=out_f)
67 cls$centers
68 table(cls$cluster)
69 cls_k3 <- cls
70
```

```
> cls$centers
      1      2
[1,] -0.2996681  0.2996681
[2,]  1.7270041 -1.7270041
[3,]  0.1801454 -0.1801454
attr(,"class")
[1] "logFC"
> table(cls$cluster)
      1      2      3
1303  222 1424
> cls_k3 <- cls
>
```

W13: MBC...本番8

当然①cls\$probabilityと②PPは、ともに2,949行×3列の遺伝子ごとの各クラスターへの属しやすさを表す事後確率情報が含まれていることはわかっていますが、③colnames(PP)で表される、行列PPの列名がちょっとわかりにくいので、④でその中身(③行列PPの列名)を"c1", "c2", "c3"に変更しています。

The screenshot shows the RStudio interface with the following components:

- Source Editor:** Contains R code for performing hierarchical clustering. Red arrows point to line 63 (labeled ③) and line 64 (labeled ④).
- Environment Panel:** Lists objects in the environment, including 'c0', 'cls', 'cls_k3', 'data', 'data_all', 'hoge', and 'PP'. The 'PP' object is highlighted.
- Console:** Shows the execution of `cls$centers` and `table(cls$cluster)`, with their respective outputs.
- Files Panel:** Shows a file explorer view of the 'hoge' directory, listing files like 'JSLAB18.R', 'JSLAB18.Rmd', 'JSLAB18.xlsx', 'JSLAB19.html', 'JSLAB19.Rmd', 'test19.html', and 'test19.Rmd'.

```
60 model="nbinom", print.steps=F)
61 cls <- Cluster.RNASeq(data=hoge, model="nbinom",
62 centers=c0$centers, method="EM")
63 PP <- cls$probability
64 colnames(PP) <- paste("c", 1:K, sep="")
65 tmp <- rbind(rownames(data), data, PP, cls$cluster)
66 write.xlsx(x=tmp, file=out_f)
67 cls$centers
68 table(cls$cluster)
69 cls_k3 <- cls
70
```

```
> cls$centers
      1      2
[1,] -0.2996681  0.2996681
[2,]  1.7270041 -1.7270041
[3,]  0.1801454 -0.1801454
attr(,"class")
[1] "logFC"
> table(cls$cluster)
      1      2      3
1303  222 1424
> cls_k3 <- cls
>
```

W13: MBC...本番9

```
RStudio
File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help
Go to file/function Addins
JSLAB19.Rmd JSLAB18.R JSLAB18.Rmd
Knit on Save Knit Run
Source Visual Outline
60 model="nbinom", print.steps=F)
61 cls <- cluster.RNASeq(data=hoge, model="nbinom",
62 center=cls$centers, method="EM")
63 PP <- cls$probability
64 colnames(PP) <- paste("c", 1:K, sep="")
65 tmp <- rbind(rownames(PP), data, PP, cls$cluster)
66 write.csv(x=tmp, file="f")
67 cls$centers
68 table(cls$cluster)
69 cls_k3 <- cls
70
```

```
R 4.2.0 · C:/Users/kadota/Desktop/hoge/
> cls$centers
      1      2
[1,] -0.2996681  0.2996681
[2,]  1.7270041 -1.7270041
[3,]  0.1801454 -0.1801454
attr(,"class")
[1] "logFC"
> table(cls$cluster)

 1    2    3
1303 222 1424
> cls_k3 <- cls
>
```

当然①cls\$probabilityと②PPは、ともに2,949行×3列の遺伝子ごとの各クラスターへの属しやすさを表す事後確率情報が含まれていることはわかっていますが、③colnames(PP)で表される、行列PPの列名がちょっとわかりにくいので、④でその中身(③行列PPの列名)を"c1", "c2", "c3"に変更しています。⑤paste関数は、⑥と⑦で指定した文字や数字を、⑧""の中身で指定した区切り文字で連結するものです。⑥は"c"という1つのアルファベット、⑦の1:Kは、この場合K=3なので、1:3、つまり(1, 2, 3)という数値ベクトルを作成していることになります。⑧では区切り文字として何も指定していないことを意味するので、⑥と⑦がそのまま連結されることになります。⑥が1つの"c"のみなので、⑦の要素数(=3)分だけ繰り返されます。結果的として、("c1", "c2", "c3")という文字列ベクトルが、③colnames(PP)に代入されるのです。

W13: MBC...本番10

①65行目では、最終的にEXCELファイル
に出力したい情報である、②tmpという
オブジェクトの中身を作成しています。③
tmpの中身が2,949行×11列になってい
る理由は...

The screenshot shows the RStudio interface with three main panes:

- Source:** Contains R code from line 60 to 70. Red arrow ① points to line 65: `tmp <- cbind(rownames(data), data, PP, cls$cluster)`. Red arrow ② points to line 68: `table(cls$cluster)`.
- Environment:** Shows the current environment with objects: `cls` (List of 3), `cls_k3` (List of 3), `data` (2949 obs. of 6 variables), `data_all` (2949 obs. of 9 variables), `hoge` (List of 7), `PP` (num [1:2949, 1:3] 9.84e-01 ...), and `tmp` (2949 obs. of 11 variables). Red arrow ③ points to the `tmp` object.
- Console:** Shows the execution of `cls$centers` and `table(cls$cluster)`. The output for `table(cls$cluster)` is:

```
  1    2    3
1303 222 1424
```

W13: MBC...本番11

①65行目では、最終的にEXCELファイルに出力したい情報である、②tmpというオブジェクトの中身を作成しています。③tmpの中身が2,949行×11列になっている理由は、同じ行数からなる行列(または同じ要素数からなるベクトル)同士を、④cbindという関数を用いて列方向で結合しているからです。

The screenshot shows the RStudio interface with the following components:

- Source Editor:** Contains R code for cluster analysis. Line 65 is highlighted with a red arrow and a circled '4', corresponding to the text in the yellow box. The code includes: `model="nbinom", print.steps=F`, `cls <- Cluster.RNASeq(data=hoge, model="nbinom", centers=c0$centers, method="EM")`, `PP <- cbind(probability)`, `colnames(tmp) <- paste("c", 1:K, sep="")`, `tmp <- cbind(rownames(data), data, PP, cls$cluster)`, `write.xlsx(x=tmp, file=out_f)`, `cls$centers`, `table(cls$cluster)`, `cls_k3 <- cls`.
- Environment Panel:** Lists objects: `cls` (matrix), `cls_k3` (List of 3), `data` (2949 obs. of 6 variables), `data_all` (2949 obs. of 9 variables), `hoge` (List of 7), `PP` (matrix), `tmp` (2949 obs. of 11 variables).
- Console:** Shows the execution of `cls$centers` and `table(cls$cluster)`. The output for `table(cls$cluster)` is a 3x3 matrix:

	1	2	3
1303	222	1424	
- Files Panel:** Shows a file explorer view of the 'hoge' directory containing files like JSLAB18.R, JSLAB18.Rmd, JSLAB18.xlsx, JSLAB19.html, JSLAB19.Rmd, test19.html, and test19.Rmd.

W13: MBC...本番12

⑤行列dataの行名情報が1列分、⑥行列dataそのものが⑦6列分、⑧事後確率情報のPPが⑨3列分...

The screenshot shows the RStudio interface with the following components:

- Source Editor:** Contains R code for a cluster analysis. Red arrows point to:
 - Line 64: `colnames(PP) <- paste("c", 1:K, sep="")` (Arrow 8)
 - Line 65: `tmp <- cbind(rownames(data), data, PP, cls$cluster)` (Arrow 5)
 - Line 66: `write.xlsx(x=tmp, file=out_f)` (Arrow 6)
- Environment Panel:** Lists objects in the Global Environment:
 - `cls`: List of 3 (probability, centers, cluster)
 - `cls_k3`: List of 3
 - `data`: 2949 obs. of 6 variables
 - `data_all`: 2949 obs. of 9 variables
 - `hoge`: List of 7
 - `PP`: num [1:2949, 1:3] 9.84e-01 ...
 - `tmp`: 2949 obs. of 11 variables
- Console:** Shows the execution of `cls$centers` and `table(cls$cluster)`. Red arrows point to:
 - Line 65: `rownames(data)` (Arrow 5)
 - Line 66: `file=out_f` (Arrow 6)
 - Line 68: `table(cls$cluster)` (Arrow 7)
 - Line 69: `cls_k3 <- cls` (Arrow 9)
- Files Panel:** Shows the file explorer for the 'hoge' directory, listing files like `JSLAB18.R`, `JSLAB18.Rmd`, `JSLAB18.xlsx`, `JSLAB19.html`, `JSLAB19.Rmd`, `test19.html`, and `test19.Rmd`.

W13: MBC...本番13

⑤行列dataの行名情報が1列分、⑥行列dataそのものが⑦6列分、⑧事後確率情報のPPが⑨3列分、そして最後の⑩cls\$clusterが⑪2,949個の要素からなる数値ベクトルなので1列分。なので全部合わせて⑫11列分というわけです。尚、⑩cls\$clusterの中身は、どの遺伝子がどのクラスターに属するかというクラスター番号情報です。例えば、⑬2番目の遺伝子はクラスター3に属すると解釈します。

```
60 model="nbinom", print.steps=F)
61 cls <- cluster.RNASeq(data=hoge, model="nbinom",
62 centers=c0$centers, method="EM")
63 PP <- cls$probability
64 colnames(PP) <- paste("c", 1:K, sep="")
65 tmp <- cbind(rownames(data), data, PP, cls$cluster)
66 write.xlsx(x=tmp, file=out_f)
67 cls$centers
68 table(cls$cluster)
69 cls_k3 <- cls
70
```

Environment

cls	
\$ proba	
\$ cente	
.. - at	
.. .. \$.. NULL
.. .. \$: chr [1:2] "1" "2"
cls\$ cluster	: int [1:2949] 1 3 1 1 3 3...
cls_k3	List of 3
data	2949 obs. of 6 variables
data_all	2949 obs. of 9 variables
hoge	List of 7
PP	num [1:2949, 1:3] 9.84e-01 ...
tmp	2949 obs. of 11 variables

Values

Files	Plots	Packages	Help	Viewer
Folder	Blank File	Delete	Rename	
C: > Users > kadota > Desktop > hoge				
Name	Size	Modified		
..				
JSLAB18.R	4.2 KB	May 8, 2022, 1:05 PM		
JSLAB18.Rmd	683 B	May 27, 2022, 2:02 PM		
JSLAB18.xlsx	186 KB	May 2, 2022, 9:50 PM		
JSLAB19.html	897.6 KB	May 30, 2022, 7:34 PM		
JSLAB19.Rmd	3.7 KB	Jun 4, 2022, 4:53 PM		
test19.html	609.6 KB	May 25, 2022, 3:25 PM		
test19.Rmd	180 B	May 25, 2022, 3:25 PM		

```
> cls$centers
      1      2
[1,] -0.2996681  0.2996681
[2,]  1.7270041 -1.7270041
[3,]  0.1801454 -0.1801454
attr(,"class")
[1] "logFC"
> table(cls$cluster)
      1      2      3
1303  222 1424
> cls_k3 <- cls
>
```

W13: MBC...本番14

①をクリックして、②出力ファイル情報に相当するtmpオブジェクトの中身を表示。

The screenshot shows the RStudio interface with the following components:

- Source Editor:** Contains R code for a cluster analysis. A red arrow labeled '1' points to the `tmp` object creation line (line 65).
- Environment Panel:** Shows the `tmp` object with 2949 observations and 11 variables. A red arrow labeled '2' points to the `table(c1)` command in the source editor.
- Console:** Shows the output of `table(c1)` and `table(c1$cluster)`.
- Files Panel:** Shows a file explorer view of the `hoge` directory.

```
60 model="nbinom", print.steps=F)
61 cls <- Cluster.RNASeq(data=hoge, model="nbinom",
62   centers=c0$centers, method="EM")
63 PP <- cls$probability
64 colnames(PP) <- paste("c", 1:K, sep="")
65 tmp <- cbind(rownames(data), data, PP, cls$cluster)
66 write.xlsx(x=tmp, file=out_f)
67 cls$centers
68 table(c1)
69 cls_k3 <- cls
70
```

Environment: Global Environment

Variable	Class	Value
<code>\$ rownames(data)</code>	chr	"EBG00001128470"...
<code>\$ pH4.5_24h_1</code>	num	143 96 22790 160...
<code>\$ pH4.5_24h_2</code>	num	323 318 57552 40...
<code>\$ pH4.5_24h_3</code>	num	171 151 28927 20...
<code>\$ pH7_CCG_1</code>	num	216 98 65311 328...
<code>\$ pH7_CCG_2</code>	num	319 85 67686 403...
<code>\$ pH7_CCG_3</code>	num	124 27 23262 116...
<code>\$ c1</code>	num	9.84e-01 3.90e-6...
<code>\$ c2</code>	num	2.31e-56 6.34e-1...
<code>\$ c3</code>	num	1.63e-02 1.00 9...
<code>\$ cls\$cluster</code>	int	1 3 1 1 3 3 3 3 ...

Values

Variable	Class	Value
<code>data.c1</code>	num	[1:6] 1 1 1 2 2 2

Files Panel:

Name	Size	Modified
..		
JSLAB18.R	4.2 KB	May 8, 2022, 1:05 PM
JSLAB18.Rmd	683 B	May 27, 2022, 2:02 PM
JSLAB18.xlsx	186 KB	May 2, 2022, 9:50 PM
JSLAB19.html	897.6 KB	May 30, 2022, 7:34 PM
JSLAB19.Rmd	3.7 KB	Jun 4, 2022, 4:53 PM
test19.html	609.6 KB	May 25, 2022, 3:25 PM
test19.Rmd	180 B	May 25, 2022, 3:25 PM

Console:

```
> cls$centers
      1      2
[1,] -0.2996681  0.2996681
[2,]  1.7270041 -1.7270041
[3,]  0.1801454 -0.1801454
attr(,"class")
[1] "logFC"
> table(c1)
      1      2      3
1303  222 1424
> cls_k3 <- cls
>
```

W13: MBC...本番15

①をクリックして、②出力ファイル情報に相当するtmpオブジェクトの中身を表示。
③行列dataの行名情報が、④に相当します。

The screenshot shows the RStudio interface with the following components:

- Source Editor:** Contains R code for a cluster analysis. A red arrow labeled ③ points to the `rownames(data)` argument in the `cbind` function on line 65.
- Environment Pane:** Shows the `tmp` object with 2949 observations and 11 variables. A red arrow labeled ④ points to the `$ rownames(data)` entry, which lists the row names of the data matrix.
- Console:** Shows the output of the R commands. The `cls$centers` command outputs a 3x2 matrix of values. The `table(cls$cluster)` command outputs a 1x3 vector of counts for each cluster.
- Files Pane:** Shows a file explorer view of the `hoge` directory, listing files like `JSLAB18.R`, `JSLAB18.Rmd`, `JSLAB18.xlsx`, `JSLAB19.html`, `JSLAB19.Rmd`, `test19.html`, and `test19.Rmd`.

W13: MBC...本番16

①をクリックして、②出力ファイル情報に相当するtmpオブジェクトの中身を表示。
③行列dataの行名情報が、④に相当します。⑤事後確率情報PPが、⑥に相当します。

The screenshot shows the RStudio interface with the following components:

- Source Editor:** Contains R code for a cluster analysis. A red arrow labeled ⑤ points to the `PP` variable assignment on line 63.
- Environment Panel:** Shows the `tmp` object with 2949 observations and 11 variables. A red arrow labeled ⑥ points to the `PP` variable within the `tmp` object.
- Console:** Shows the output of `cls$centers` and `table(cls$cluster)`.
- Files Panel:** Shows a file explorer view of the `hoge` directory.

```
60 model="nbinom", print.steps=F)
61 cls <- Cluster.RNASeq(data=hoge, model="nbinom",
62   centers=c0$centers, method="EM")
63 PP <- cls$probability
64 colnames(PP) <- paste("c", 1:K, sep="")
65 tmp <- cbind(rownames(data), data, PP, cls$cluster)
66 write.xlsx(x=tmp, file=out_f)
67 cls$centers
68 table(cls$cluster)
69 cls_k3 <- cls
70
```

```
> cls$centers
      1      2
[1,] -0.2996681  0.2996681
[2,]  1.7270041 -1.7270041
[3,]  0.1801454 -0.1801454
attr(,"class")
[1] "logFC"
> table(cls$cluster)
      1      2      3
1303  222 1424
> cls_k3 <- cls
>
```

Variable	Class	Value
\$ rownames(data)	chr	"EBG00001128470"...
\$ pH4.5_24h_1	num	143 96 22790 160...
\$ pH4.5_24h_2	num	323 318 57552 40...
\$ pH4.5_24h_3	num	171 151 28927 20...
\$ pH7_CCG_1	num	216 98 65311 328...
\$ pH7_CCG_2	num	319 85 67686 403...
\$ pH7_CCG_3	num	124 27 23262 116...
\$ c1	num	9.84e-01 3.90e-6...
\$ c2	num	2.31e-56 6.34e-1...
\$ c3	num	1.63e-02 1.00 9...
\$ cls\$cluster	int	1 3 1 1 3 3 3 3 ...

Variable	Class	Value
data.c1	num	[1:6] 1 1 1 2 2 2

Name	Size	Modified
..		
JSLAB18.R	4.2 KB	May 8, 2022, 1:05 PM
JSLAB18.Rmd	683 B	May 27, 2022, 2:02 PM
JSLAB18.xlsx	186 KB	May 2, 2022, 9:50 PM
JSLAB19.html	897.6 KB	May 30, 2022, 7:34 PM
JSLAB19.Rmd	3.7 KB	Jun 4, 2022, 4:53 PM
test19.html	609.6 KB	May 25, 2022, 3:25 PM
test19.Rmd	180 B	May 25, 2022, 3:25 PM

W13: MBC...本番17

①をクリックして、②出力ファイル情報に相当するtmpオブジェクトの中身を表示。
③行列dataの行名情報が、④に相当します。⑤事後確率情報PPが、⑥に相当します。⑦PPの列名を、⑧の部分で“c1”, “c2”, “c3”に変更していたので、⑥のように見えるのです。

The screenshot shows the RStudio interface with the following components:

- Source Editor:** Contains R code for a cluster analysis. Red arrows point to specific lines: ⑦ points to `tmp <- rbind(rownames(data), data, PP, cls$cluster)` and ⑧ points to `colnames(PP) <- paste("c", 1:K, sep="")`.
- Environment:** Shows the `tmp` object with 2949 observations and 11 variables. A red bracket labeled ⑥ highlights the columns `c1`, `c2`, and `c3`. A red arrow labeled ④ points to the `rownames(data)` row.
- Console:** Shows the output of `cls$centers` and `table(cls$cluster)`. Red arrows point from the source editor to these outputs.
- Files Panel:** Shows a file explorer view of the `hoge` directory, listing files like `JSLAB18.R`, `JSLAB18.Rmd`, `JSLAB18.xlsx`, `JSLAB19.html`, `JSLAB19.Rmd`, `test19.html`, and `test19.Rmd`.

W13: MBC...本番18

①最初の遺伝子がクラスター1に属すると判定された理由は、②それぞれのクラスターに属する事後確率を比べればわかります。

The screenshot shows the RStudio interface with the following components:

- Source Editor:** Contains R code for clustering analysis using the `cluster.RNASEq` function. The code defines a model, clusters data, and outputs a table of cluster assignments.
- Environment:** Shows the `tmp` object with 2949 observations and 11 variables. The `cls$cluster` variable is highlighted with a red arrow labeled ②, showing cluster assignments for each gene.
- Console:** Shows the execution of `cls$centers` and `table(cls$cluster)`. The `table` output shows the number of genes in each cluster: 1303 in cluster 1, 222 in cluster 2, and 1424 in cluster 3. A red arrow labeled ① points to the first column of this table.
- Files Panel:** Shows the file explorer for the `hoge` directory, listing files like `JSLAB18.R`, `JSLAB18.Rmd`, `JSLAB18.xlsx`, `JSLAB19.html`, `JSLAB19.Rmd`, `test19.html`, and `test19.Rmd`.

W13: MBC...本番19

①最初の遺伝子がクラスター1に属すると判定された理由は、②それぞれのクラスターに属する事後確率を比べればわかります。③赤枠内が1番目の遺伝子のクラスターごとの事後確率情報。最も事後確率の高いクラスターに割り当てられるので、この場合は0.984の①クラスター1に属すると判定されたというわけです。

```
60 model="nbinom", print.steps=F)
61 cls <- cluster.RNASeq(data=hoge, model="nbinom",
62 centers=c0$centers, method="EM")
63 PP <- cls$probability
64 colnames(PP) <- paste("c", 1:K, sep="")
65 tmp <- cbind(rownames(data), data, PP, cls$cluster)
66 write.xlsx(x=tmp, file=out_f)
67 cls$centers
68 table(cls$cluster)
69 cls_k3 <- cls
70
```

```
> cls$centers
      1      2
[1,] -0.2996681  0.2996681
[2,]  1.7270041 -1.7270041
[3,]  0.1801454 -0.1801454
attr(,"class")
[1] "logFC"
> table(cls$cluster)
 1    2    3
1303 222 1424
> cls_k3 <- cls
>
```

	num	1	2	2
\$ rownames(data): chr				
\$ pH4.5_24h_1	num	143	96	22790
\$ pH4.5_24h_2	num	323	318	57552
\$ pH4.5_24h_3	num	171	151	28927
\$ pH7_CCG_1	num	216	98	65311
\$ pH7_CCG_2	num	319	85	67086
\$ pH7_CCG_3	num	124	27	2116
\$ c1	num	9.84e-01	3.90e-6	
\$ c2	num	2.31e-56	6.34e-1	
\$ c3	num	1.63e-02	1.00	9....
\$ cls\$cluster	int	1	3	1 1 3 3 3 3 ...

Files: JSLAB18.R (4.2 KB), JSLAB18.Rmd (683 B), JSLAB18.xlsx (186 KB), JSLAB19.html (897.6 KB), JSLAB19.Rmd (3.7 KB), test19.html (609.6 KB), test19.Rmd (180 B)

W13: MBC...本番20

もう1つの例として、④2番目の遺伝子の事後確率情報が⑤です。c1とc2の事後確率が何なのかは判然としませんが、c3が1.00であることだけははっきりわかるので、④2番目の遺伝子はクラスター3に属すると判定されたのです。

The screenshot displays the RStudio interface with the following components:

- Source Editor:** Contains R code for performing a multinomial cluster analysis. The code defines a model, clusters data, and outputs a table of cluster assignments.
- Console:** Shows the execution of the code. The output for `cls$centers` is a 3x2 matrix of log-odds ratios. The output for `table(cls$cluster)` is a 3x3 matrix of counts for each cluster.
- Environment:** Shows the `tmp` object containing the results. The `cls$cluster` variable is highlighted with a red box and a red arrow labeled ④. The `c3` posterior probability is highlighted with a red box and a red arrow labeled ⑤.
- Files Panel:** Shows the file explorer with various files related to the analysis.

```
60 model="nbinom", print.steps=F)
61 cls <- Cluster.RNASeq(data=hoge, model="nbinom",
62 centers=c0$centers, method="EM")
63 PP <- cls$probability
64 colnames(PP) <- paste("c", 1:K, sep="")
65 tmp <- cbind(rownames(data), data, PP, cls$cluster)
66 write.xlsx(x=tmp, file=out_f)
67 cls$centers
68 table(cls$cluster)
69 cls_k3 <- cls
70
```

```
> cls$centers
      1      2
[1,] -0.2996681  0.2996681
[2,]  1.7270041 -1.7270041
[3,]  0.1801454 -0.1801454
attr(,"class")
[1] "logFC"
> table(cls$cluster)
      1      2      3
1303  222 1424
> cls_k3 <- cls
>
```

Variable	Value
rownames(data)	chr "EBG00001128470"...
pH4.5_24h_1	num 143 96 22790 160...
pH4.5_24h_2	num 323 318 57552 40...
pH4.5_24h_3	num 171 151 28927 20...
pH7_CCG_1	num 216 98 65311 328...
pH7_CCG_2	num 319 85 67686 403...
pH7_CCG_3	num 124 27 23262 116...
c1	num 9.84e-01 3.90e-6...
c2	num 2.31e-56 6.34e-1...
c3	num 1.63e-02 1.00 9...
cls\$cluster	int 1 3 1 1 3 3 3 ...

data.c1	Value
1	1
2	2

W13: MBC...本番21

こんな感じで①Environmentタブを有効
利用すれば、②出力ファイル(
MBCdeg_K3.xlsx)を眺めなくてもざっくり
と理解できます。

The screenshot shows the RStudio interface with the following components:

- Source Editor:** Contains R code for cluster analysis using the `cluster.RNASEq` function. The code defines a model, clusters data, and saves the results to an Excel file.
- Environment Panel:** Shows the `tmp` object with 2949 observations and 11 variables. It lists variables like `rownames(data)`, `pH4.5_24h_1`, `pH7_CCG_1`, `c1`, `c2`, `c3`, and `cls$cluster`.
- Console:** Shows the output of `cls$centers` and `table(cls$cluster)`.
- Files Panel:** Shows the file explorer with a list of files including `JSLAB18.R`, `JSLAB18.Rmd`, `JSLAB18.xlsx`, `JSLAB19.html`, `JSLAB19.Rmd`, `MBCdeg_K3.xlsx`, and `test19.html`.

Red arrows point to the Environment tab (labeled ①) and the `MBCdeg_K3.xlsx` file in the Files panel (labeled ②).

```
60 model="nbinom", print.steps=F)
61 cls <- cluster.RNASEq(data=hoge, model="nbinom",
62 centers=c0$centers, method="EM")
63 PP <- cls$probability
64 colnames(PP) <- paste("c", 1:K, sep="")
65 tmp <- cbind(rownames(data), data, PP, cls$cluster)
66 write.xlsx(x=tmp, file=out_f)
67 cls$centers
68 table(cls$cluster)
69 cls_k3 <- cls
70
```

```
> cls$centers
      1      2
[1,] -0.2996681  0.2996681
[2,]  1.7270041 -1.7270041
[3,]  0.1801454 -0.1801454
attr(,"class")
[1] "logFC"
> table(cls$cluster)
      1      2      3
1303  222 1424
> cls_k3 <- cls
>
```

Variable	Type	Value
<code>rownames(data)</code>	chr	"EBG00001128470"...
<code>pH4.5_24h_1</code>	num	143 96 22790 160...
<code>pH4.5_24h_2</code>	num	323 318 57552 40...
<code>pH4.5_24h_3</code>	num	171 151 28927 20...
<code>pH7_CCG_1</code>	num	216 98 65311 328...
<code>pH7_CCG_2</code>	num	319 85 67686 403...
<code>pH7_CCG_3</code>	num	124 27 23262 116...
<code>c1</code>	num	9.84e-01 3.90e-6...
<code>c2</code>	num	2.31e-56 6.34e-1...
<code>c3</code>	num	1.63e-02 1.00 9...
<code>cls\$cluster</code>	int	1 3 1 1 3 3 3 3 ...

File Name	Size	Modified
..		
JSLAB18.R	4.2 KB	May 8, 2022, 1:05 PM
JSLAB18.Rmd	683 B	May 27, 2022, 2:02 PM
JSLAB18.xlsx	186 KB	May 2, 2022, 9:50 PM
JSLAB19.html	897.6 KB	May 30, 2022, 7:34 PM
JSLAB19.Rmd	3.7 KB	Jun 4, 2022, 4:53 PM
MBCdeg_K3.xlsx	231.3 KB	Jun 4, 2022, 8:33 PM
test19.html	609.6 KB	May 25, 2022, 3:25 PM

W13: MBC...本番22

こんな感じで①Environmentタブを有効
利用すれば、②出力ファイル(
MBCdeg_K3.xlsx)を眺めなくてもざっくり
と理解できます。③tmpオブジェクトの名
前あたりをクリックすることで、④tmpの
表形式の中身が表示されるので...

The screenshot displays the RStudio environment with the following components:

- Environment Pane:** Shows the 'tmp' object with 2949 observations and 11 variables. A red arrow labeled '3' points to the object name.
- Table View:** A data table with columns: rownames(data), pH4.5_24h_1, pH4.5_24h_2, pH4.5_24h_3, pH7_CCG_1, pH7_CCG_2. A red arrow labeled '4' points to the 'tmp' tab in the top pane.
- Console:** Shows the execution of the following R code:

```
> table(cls$cluster)
 1     2     3
1303  222 1424
> cls_k3 <- cls
> View(tmp)
>
```
- Files Pane:** Shows a file explorer view of the 'C:\Users\kadota\Desktop\hoge' directory, listing files like JSLAB18.R, JSLAB18.Rmd, JSLAB18.xlsx, JSLAB19.html, JSLAB19.Rmd, MBCdeg_K3.xlsx, and test19.html.

W13: MBC...本番23

こんな感じで①Environmentタブを有効
利用すれば、①出力ファイル(
MBCdeg_K3.xlsx)を眺めなくてもざっくり
と理解できます。③tmpオブジェクトの名
前あたりをクリックすることで、④tmpの
表形式の中身が表示されるので、⑤右
のほうに移動させて、⑥のあたりの関係
性をじっくり理解してもよいと思います。

The screenshot shows the RStudio interface with the following components:

- Environment Tab:** Shows a table with columns: 4h_3, pH7_CCG_1, pH7_CCG_2, pH7_CCG_3, c1, c2, c3, and cls\$cluster. A red arrow labeled '6' points to the column headers.
- Environment Tab (Right):** Shows the 'tmp' object with its structure: \$rownames(data): chr "EBG00001128470"...; \$pH4.5_24h_1: num 143 96 22790 160...; \$pH4.5_24h_2: num 323 318 57552 40...; \$pH4.5_24h_3: num 171 151 28927 20...; \$pH7_CCG_1: num 216 98 65311 328...; \$pH7_CCG_2: num 319 85 67686 403...; \$pH7_CCG_3: num 124 27 23262 116...; \$c1: num 0.98370657135972...; \$c2: num 2.31e-56 6.34e-1...; \$c3: num 0.01629342864027...; \$cls\$cluster: int 1 3 1 1 3 3 3 3... A red arrow labeled '5' points to the 'tmp' object name.
- Console:** Shows the following R code and output:

```
[1,] -0.2996681 0.2996681
[2,] 1.7270041 -1.7270041
[3,] 0.1801454 -0.1801454
attr(,"class")
[1] "logFC"
> table(cls$cluster)

 1    2    3
1303 222 1424
> cls_k3 <- cls
> View(tmp)
>
```
- Files Panel:** Shows a file explorer view of the directory 'C:\Users\kadota\Desktop\hoge' containing files like JSLAB18.R, JSLAB18.Rmd, JSLAB18.xlsx, JSLAB19.html, JSLAB19.Rmd, MBCdeg_K3.xlsx, and test19.html.

W13: MBC...本番24

横幅を変更して、⑦入力データも見えるようにしただけ。⑦と⑧が対応します。

The screenshot shows the RStudio interface with a data table and a console window. Red arrows labeled ⑦, ⑥, and ⑧ point to specific elements in the interface.

Table Data:

rownames(data)	pH4.5_24h_1	pH4.5_24h_2	pH4.5_24h_3	pH7_CCG_1	pH7_CCG_2	pH7_CCG_3	c1	c2	c3	cls\$cluster
EBG00001128470	143	323	171	216	319	124	9.837066e-01	2.309235e-56	1.629343e-02	1
EBG00001128476	96	318	151	98	85	27	3.901404e-67	6.335387e-142	1.000000e+00	3
EBG00001128500	22790	57552	28927	65311	67686	23262	1.000000e+00	0.000000e+00	9.769445e-32	1
EBG00001128509	160	404	208	328	403	116	9.999995e-01	4.284458e-215	4.545553e-07	1
EBG00001128529	0	0	0	0	0	0	4.406537e-01	7.475869e-02	4.845876e-01	
LGG_00001	359	1115	510	780	544	181	8.890475e-19	0.000000e+00	1.000000e+00	
LGG_00002	863	2552	1163	1896	1703	531	4.270666e-09	0.000000e+00	1.000000e+00	3
LGG_00003	50	142	78	84	79	28	9.971263e-13	7.993044e-174	1.000000e+00	3

Console Output:

```
> cls$centers
      1      2
[1,] -0.2996681  0.2996681
[2,]  1.7270041 -1.7270041
[3,]  0.1801454 -0.1801454
attr(,"class")
[1] "logFC"
> table(cls$cluster)

 1    2    3
1303 222 1424
> cls_k3 <- cls
> View(tmp)
>
```

Environment Pane:

- tmp 294...
- \$ rowna...
- \$ pH4.5...
- \$ pH4.5...
- \$ pH4.5...
- \$ pH7_c...
- \$ pH7_c...
- \$ pH7_c...
- \$ c1 ...
- \$ c2 ...
- \$ c3 ...
- \$ cls\$c...

W13: MBC...本番25

①が遺伝子ごとの各クラスタへの属しやすさを表す事後確率情報。行ごとの確率の総和は1です。

The screenshot shows the RStudio interface with a data table and a console window. A red arrow labeled '1' points to the columns 'c1', 'c2', and 'c3' in the table. Another red arrow labeled '2' points to the 'cls\$cluster' column. The console shows the execution of several R commands and their output.

rownames(data)	pH4.5_24h_1	pH4.5_24h_2	pH4.5_24h_3	pH7_CCG_1	pH7_CCG_2	pH7_CCG_3	c1	c2	c3	cls\$cluster
EBG00001128470	143	323	171	216	319	124	9.837066e-01	2.309235e-56	1.629343e-02	1
EBG00001128476	96	318	151	98	85	27	3.901404e-67	6.335387e-142	1.000000e+00	3
EBG00001128500	22790	57552	28927	65311	67686	23262	1.000000e+00	0.000000e+00	9.769445e-32	1
EBG00001128509	160	404	208	328	403	116	9.999995e-01	4.284458e-215	4.545553e-07	1
EBG00001128529	0	0	0	0	0	0	4.406537e-01	7.475869e-02	4.845876e-01	3
LGG_00001	359	1115	510	780	544	181	8.890475e-19	0.000000e+00	1.000000e+00	3
LGG_00002	863	2552	1163	1896	1703	531	4.270666e-09	0.000000e+00	1.000000e+00	3
LGG_00003	50	142	78	84	79	28	9.971263e-13	7.993044e-174	1.000000e+00	3

```
> cls$centers
      1      2
[1,] -0.2996681  0.2996681
[2,]  1.7270041 -1.7270041
[3,]  0.1801454 -0.1801454
attr(,"class")
[1] "logFC"
> table(cls$cluster)
      1      2      3
1303  222 1424
> cls_k3 <- cls
> View(tmp)
>
```

W13: MBC...本番26

ちょっと見えづらいですが、②の遺伝子は、①の部分を見比べると、c1の事後確率が最大値の1なので、③割り当てられたクラス番号が1なのだと解釈します。

The screenshot shows the RStudio interface with a data table and a console window. The table has columns for rownames and various pH and logFC values. The console window shows the execution of R code to calculate cluster centers and assign clusters to data points. Red arrows point to specific parts of the table and environment pane.

rownames(data)	pH4.5_24h_1	pH4.5_24h_2	pH4.5_24h_3	pH7_CCG_1	pH7_CCG_2	pH7_CCG_3	c1	c2	c3	cls\$cluster
EBG00001128470	143	323	171	216	319	124	9.837066e-01	2.309235e-56	1.629343e-02	1
EBG00001128476	96	318	151	98	85	27	3.901404e-67	6.335387e-142	1.000000e+00	3
EBG00001128500	22790	57552	28927	65311	67686	23262	1.000000e+00	0.000000e+00	9.769445e-32	1
EBG00001128509	160	404	208	328	403	116	9.999995e-01	4.284458e-215	4.545553e-07	1
EBG00001128529	0	0	0	0	0	0	4.406537e-01	7.475869e-02	4.845876e-01	3
LGG_00001	359	1115	510	780	544	181	8.890475e-19	0.000000e+00	1.000000e+00	3
LGG_00002	863	2552	1163	1896	1703	531	4.270666e-09	0.000000e+00	1.000000e+00	3
LGG_00003	50	142	78	84	79	28	9.971263e-13	7.993044e-174	1.000000e+00	3

```
> cls$centers
      1      2
[1,] -0.2996681  0.2996681
[2,]  1.7270041 -1.7270041
[3,]  0.1801454 -0.1801454
attr(,"class")
[1] "logFC"
> table(cls$cluster)
      1      2      3
1303  222 1424
> cls_k3 <- cls
> View(tmp)
>
```

W13: MBC...本番27

もう1つの例として、①の遺伝子は、②の部分を見比べると、c3の事後確率が最大値の1なので、③割り当てられたクラス番号が3なのだと解釈します。

The screenshot shows the RStudio interface with a data table and a console window. The data table has columns for various pH and CCG values, and three columns labeled c1, c2, and c3. The clsCluster column shows values 1 or 3. The console window shows the execution of `cls$centers` and `table(cls$cluster)`.

rownames(data)	pH4.5_24h_1	pH4.5_24h_2	pH4.5_24h_3	pH7_CCG_1	pH7_CCG_2	pH7_CCG_3	c1	c2	c3	clsCluster
EBG00001128470	143	323	171	216	319	124	9.837066e-01	2.309235e-56	1.629343e-02	1
EBG00001128476	96	318	151	98	85	27	3.901404e-67	6.335387e-142	1.000000e+00	3
EBG00001128500	22790	57552	28927	65311	67686	23262	1.000000e+00	0.000000e+00	9.769445e-32	1
EBG00001128509	160	404	208	328	403	116	9.999995e-01	4.284458e-215	4.545553e-07	1
EBG00001128529	0	0	0	0	0	0	4.406537e-01	7.475869e-02	4.845876e-01	3
LGG_00001	359	1115	510	780	544	181	8.890475e-19	0.000000e+00	1.000000e+00	3
LGG_00002	863	2552	1163	1896	1703	531	4.270666e-09	0.000000e+00	1.000000e+00	3
LGG_00003	50	142	78	84	79	28	9.971263e-13	7.993044e-174	1.000000e+00	3

```
> cls$centers
      1      2
[1,] -0.2996681  0.2996681
[2,]  1.7270041 -1.7270041
[3,]  0.1801454 -0.1801454
attr(,"class")
[1] "logFC"
> table(cls$cluster)
 1    2    3
1303 222 1424
> cls_k3 <- cls
> View(tmp)
>
```

W13: MBC...本番28

この種の解析では、通常どのクラスターに何個の遺伝子が属していたのかという議論がなされます。そのために必要な基礎情報が①になります。

The screenshot shows the RStudio interface. The top pane displays a data table with columns: rownames(data), pH4.5_24h_1, pH4.5_24h_2, pH4.5_24h_3, pH7_CCG_1, pH7_CCG_2, pH7_CCG_3, c1, c2, c3, and cls\$cluster. A red arrow with the number 1 points to the search bar above the table. The bottom pane shows the R console with the following commands and output:

```
> cls$centers
      1      2
[1,] -0.2996681  0.2996681
[2,]  1.7270041 -1.7270041
[3,]  0.1801454 -0.1801454
attr(,"class")
[1] "logFC"
> table(cls$cluster)

 1    2    3
1303 222 1424
> cls_k3 <- cls
> View(tmp)
>
```

W13: MBC...本番29

Rでは、①の数値ベクトルを入力として、②table関数を実行することで、③要素ごとの出現回数情報を得ることができます。例えば、クラス2(c2)に属する遺伝子数は222個だと解釈します。

The screenshot shows the RStudio interface. The top part displays a data table with columns for various pH and CCG values, and cluster assignments (c1, c2, c3, clsCluster). A red arrow labeled '1' points to the search bar in the table header. The bottom part shows the R console with the following code and output:

```
> cls$centers
      1      2
[1,] -0.2996681  0.2996681
[2,]  1.7270041 -1.7270041
[3,]  0.1801454 -0.1801454
attr(,"class")
[1] "logFC"
> table(cls$cluster)
      1      2      3
1303  222 1424
> cls_k3 <- cls
> View(tmp)
>
```

Red arrows labeled '2' and '3' point to the `table(cls$cluster)` command and its output, respectively.

The Environment pane on the right shows the current workspace with variables like `tmp`, `rowna...`, `ph4.5...`, `ph7_c...`, `c1`, `c2`, `c3`, and `cls$cl...`.

Contents

■ R Markdown

- W01: 事前準備、W02: インストール (rmarkdownとpandoc)
- W03: 依存関係、W04: R Markdownの基本的な利用法
- W05: JSLAB18.Rの一部をRmd化 (JSLAB18.Rmdの作成)、W06: Tips (YAMLヘッダ)

■ JSLAB18.Rの全部をRmd化 (JSLAB19.Rmdの作成)

- W07: パッケージのロード (チャンク1)
- W08: サンプルのクラスタリング (チャンク2)
- W09: 見出しやチャンク番号
- W10: ファイルの読込とsubsetting (チャンク3)
- W11: TCC正規化 (チャンク4)
- W12: MBCluster.Seq実行の共通部分 (チャンク5)
- W13: MBCluster.Seq本番 (K=3) (チャンク6)
- W14: MBCluster.Seq本番 (K=4~5) (チャンク7~8)
- W15: 作図 (元データの作成) (チャンク9)
- W16: 作図 (本番) (チャンク10)
- W17: Knit

W14: K=4で実行

The screenshot shows the RStudio interface with the following components:

- Source Editor:** Contains R code for performing K-means clustering with K=4. A red arrow points to line 72: `## 5. MBCcluster.Seq本番(K=4)`.


```

72- ## 5. MBCcluster.Seq本番(K=4)
73- {r}
74 K <- 4 #クラスター数を指定
75 out_f <- "MBCdeg_K4.xlsx" #出力ファイル名を指定
76 c0 <- KmeansPlus.RNASeq(data=hoge, nK=K,
77 model="nbinom", print.steps=F)
78 cls <- cluster.RNASeq(data=hoge, model="nbinom",
79 centers=c0$centers, method="EM")
80 PP <- cls$probability
81 colnames(PP) <- paste("c", 1:K, sep="")
82 tmp <- cbind(rownames(data), data, PP, cls$cluster)
83 write.xlsx(x=tmp, file=out_f)
84 cls$centers
85 table(cls$cluster)
86 cls_k4 <- cls
87-

```
- Environment:** Shows the current environment with variables like `c0`, `cls`, `cls_k3`, `cls_k4`, `data`, `data_all`, `hoge`, `PP`, and `tmp`.
- Console:** Shows the execution output:


```

R 4.2.0 · C:/Users/kadota/Desktop/hoge/
attr(,"class")
[1] "logFC"
> table(cls$cluster)

 1    2    3    4
94 684 1270 901
> cls_k4 <- cls
>

```
- Files:** Shows a file explorer view of the `hoge` directory, listing files like `JSLAB18.R`, `JSLAB18.Rmd`, `JSLAB18.xlsx`, `JSLAB19.html`, `JSLAB19.Rmd`, `MBCdeg_K3.xlsx`, `MBCdeg_K4.xlsx`, and `test19.html`.

W14: K=5で実行

RStudio interface showing the execution of R code for K=5. A red arrow points to the line `## 6. MBCluster.Seq本番(K=5)`.

```

89- ## 6. MBCluster.Seq本番(K=5)
90- {r}
91- K <- 5 #クラスター数を指定
92- out_f <- "MBCdeg_K5.xlsx" #出力ファイル名を指定
93- c0 <- kmeansPlus.RNASeq(data=hoge, nK=K,
94-   model="nbinom", print.steps=F)
95- cls <- cluster.RNASeq(data=hoge, model="nbinom",
96-   centers=c0$centers, method="EM")
97- PP <- cls$probability
98- colnames(PP) <- paste("c", 1:K, sep="")
99- tmp <- cbind(rownames(data), data, PP, cls$cluster)
100- write.xlsx(x=tmp, file=out_f)
101- cls$centers
102- table(cls$cluster)
103- cls_k5 <- cls
104-

```

Environment pane (Global Environment):

Object	Type
c0	List of 2
cls	List of 3
cls_k3	List of 3
cls_k4	List of 3
cls_k5	List of 3
data	2949 obs. of 6 var...
data_all	2949 obs. of 9 var...
hoge	List of 7
PP	num [1:2949, 1:5] ...
tmp	2949 obs. of 13 va...

Console output:

```

R 4.2.0 · C:/Users/kadota/Desktop/hoge/
attr(,"class")
[1] "logFC"
> table(cls$cluster)

 1  2  3  4  5
84 984 763 263 855
> cls_k5 <- cls
>

```

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

Name	Size	Modified
..		
JSLAB18.R	4.2 KB	May 1
JSLAB18.Rmd	683 B	May 1
JSLAB18.xlsx	186 KB	May 1
JSLAB19.html	897.6 KB	May 1
JSLAB19.Rmd	3.7 KB	Jun 4
MBCdeg_K3.xlsx	231.3 KB	Jun 4
MBCdeg_K4.xlsx	272.8 KB	Jun 9
MBCdeg_K5.xlsx	315 KB	Jun 9

Contents

■ R Markdown

- W01: 事前準備、W02: インストール (rmarkdownとpandoc)
- W03: 依存関係、W04: R Markdownの基本的な利用法
- W05: JSLAB18.Rの一部をRmd化 (JSLAB18.Rmdの作成)、W06: Tips (YAMLヘッダ)

■ JSLAB18.Rの全部をRmd化 (JSLAB19.Rmdの作成)

- W07: パッケージのロード (チャンク1)
- W08: サンプルのクラスタリング (チャンク2)
- W09: 見出しやチャンク番号
- W10: ファイルの読込とsubsetting (チャンク3)
- W11: TCC正規化 (チャンク4)
- W12: MBCluster.Seq実行の共通部分 (チャンク5)
- W13: MBCluster.Seq本番 (K=3) (チャンク6)
- W14: MBCluster.Seq本番 (K=4~5) (チャンク7~8)
- **W15: 作図 (元データの作成) (チャンク9)**
- W16: 作図 (本番) (チャンク10)
- W17: Knit

W15: 作図(元データ..1

①ここではK=3, 4, 5で実行したクラスタ中心の発現パターンを描画するべく、元データの作成を行っています。

The screenshot shows the RStudio interface with the following components:

- Source Editor:** Contains R code for creating a data frame and performing a melt operation. A red arrow with the number 1 points to the comment `## 7. 作図(元データの作成)`.
- Environment:** Lists variables in the Global Environment, including 'c0', 'cls', 'cls_k3', 'cls_k4', 'cls_k5', 'data', 'data_a...', 'hoge', 'out', 'PP', and 'tmp'.
- Terminal:** Shows the output of the R code, including a table of cluster assignments and the creation of a new variable 'cls_k5'.
- Files Panel:** Shows the file explorer for the 'hoge' directory, listing files like 'JSLAB18.R', 'JSLAB18.Rmd', 'JSLAB18.xlsx', 'JSLAB19.html', 'JSLAB19.Rmd', 'MBCdeg_K3.xlsx', 'MBCdeg_K4.xlsx', and 'MBCdeg_K5.xlsx'.

```
106 - ## 7. 作図(元データの作成)
107 - {r}
108 dat <- data.frame(
109   c1 = c(cls_k3$centers[1,],cls_k4$centers[1,],cls_k5$centers[1,]),
110   c2 = c(cls_k3$centers[2,],cls_k4$centers[2,],cls_k5$centers[2,]),
111   c3 = c(cls_k3$centers[3,],cls_k4$centers[3,],cls_k5$centers[3,]),
112   c4 = c(rep(NA,2),cls_k4$centers[4,],cls_k5$centers[4,]),
113   c5 = c(rep(NA,2),rep(NA,2),cls_k5$centers[5,])
114 )
115 melt(dat)
116 matome <- data.frame(melt(dat),k=rep(c(rep('K=3',2),rep('K=4',2),re
117   p('K=5',2)),5),u=rep(1:2,15))
118
```

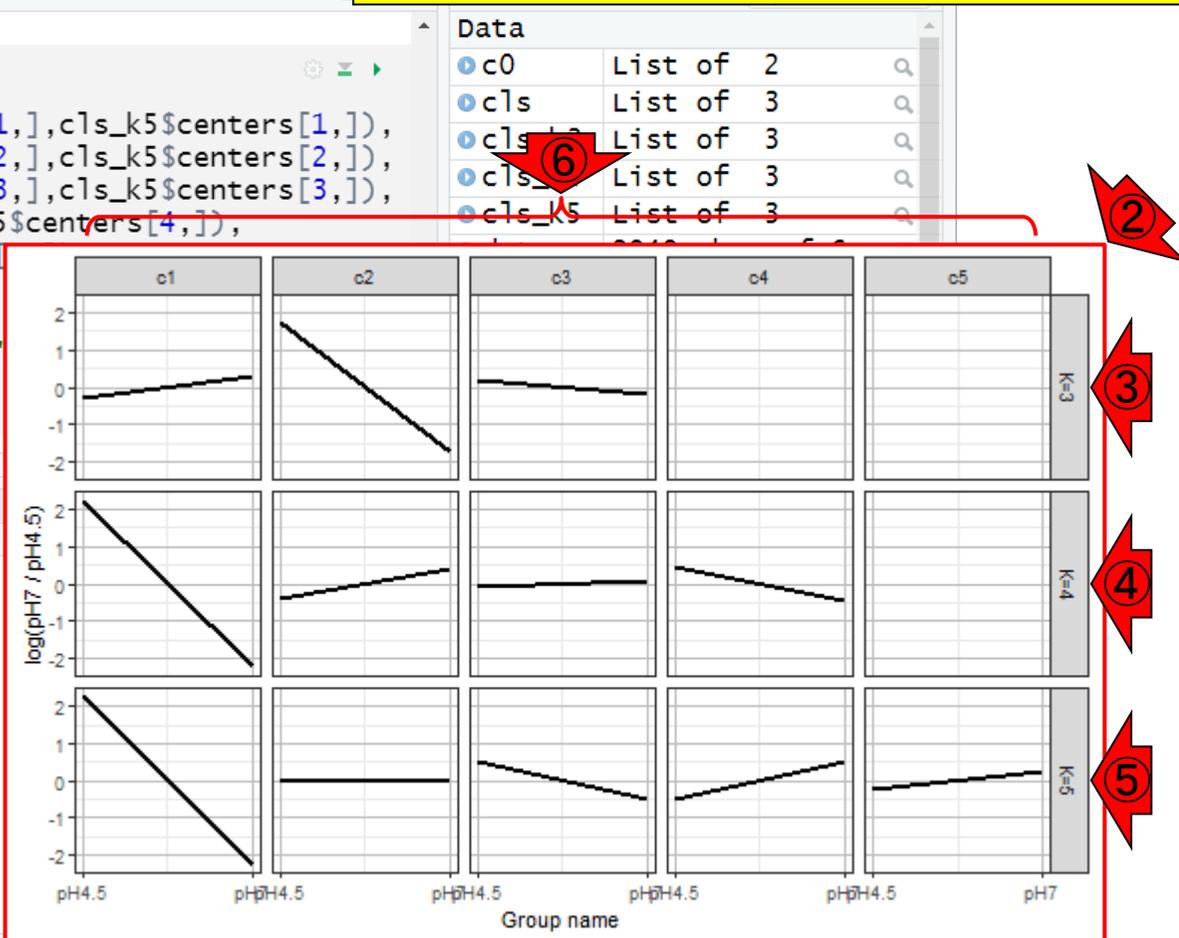
```
R 4.2.0 · C:/Users/kadota/Desktop/hoge/
[3,] 0.52731362 -0.52731362
[4,] -0.52035924 0.52035924
[5,] -0.24576894 0.24576894
attr(,"class")
[1] "logFC"
> table(cls$cluster)

 1  2  3  4  5
84 984 763 263 855
> cls_k5 <- cls
>
```

W15: 作図(元データ..2)

①ここではK=3, 4, 5で実行したクラスタ中心の発現パターンを描画するべく、元データの作成を行っています。②のようなものを作成するのが目的です。③K=3、④K=4、⑤K=5の、⑥クラスタごとの発現パターン情報を1つのオブジェクトにまとめているのがこのチャンクです。

```
RStudio
File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help
JSLAB19.Rmd JSLAB18.R JSLAB18.Rmd
Go to file/function Addins
Source Visual
106 ## 7. 作図(元データの作成)
107 {r}
108 dat <- data.frame(
109   c1 = c(cls_k3$centers[1,],cls_k4$centers[1,],cls_k5$centers[1,]),
110   c2 = c(cls_k3$centers[2,],cls_k4$centers[2,],cls_k5$centers[2,]),
111   c3 = c(cls_k3$centers[3,],cls_k4$centers[3,],cls_k5$centers[3,]),
112   c4 = c(rep(NA,2),cls_k4$centers[4,],cls_k5$centers[4,]),
113   c5 = c(rep(NA,2),rep(NA,2),cls_k5$centers[5,])
114 )
115 melt(dat)
116 matome <- data.frame(melt(dat),k=rep(c(rep('K=3',2)),5),u=rep(1:2,15))
117
118
106:18 7. 作図(元データの作成)
Console Terminal Jobs
R 4.2.0 C:/Users/kadota/Desktop/hoge/
[3,] 0.52731362 -0.52731362
[4,] -0.52035924 0.52035924
[5,] -0.24576894 0.24576894
attr(,"class")
[1] "logFC"
> table(cls$cluster)
 1  2  3  4  5
84 984 763 263 855
> cls_k5 <- cls
>
```



W15: 作図(元データ..3

赤下線部分は、①K=3で得られたクラス
タ中心の発現パターン(代表パターン)情
報であり、3行×2列の数値行列です。

The screenshot shows the RStudio interface. The source editor contains R code for creating a data frame. The console shows the execution of `c1s_k3$centers` and subsequent indexing operations. A red arrow points to the first row of the console output, which is circled with a red '1'.

```
## 7. 作図(元データの作成)
{r}
dat <- data.frame(
  c1 = c(c1s_k3$centers[1,], c1s_k4$centers[1,], c1s_k5$centers[1,]),
  c2 = c(c1s_k3$centers[2,], c1s_k4$centers[2,], c1s_k5$centers[2,]),
  c3 = c(c1s_k3$centers[3,], c1s_k4$centers[3,], c1s_k5$centers[3,]),
  c4 = c(rep(NA, 2), c1s_k4$centers[4,], c1s_k5$centers[4,]),
  c5 = c(rep(NA, 2), rep(NA, 2), c1s_k5$centers[5,])
)
```

```
> c1s_k3$centers
      1      2
[1,] -0.2996681  0.2996681
[2,]  1.7270041 -1.7270041
[3,]  0.1801454 -0.1801454
attr(,"class")
[1] "logFC"
> c1s_k3$centers[1,]
      1      2
-0.2996681  0.2996681
> c1s_k3$centers[2,]
      1      2
 1.727004 -1.727004
> c1s_k3$centers[3,]
      1      2
 0.1801454 -0.1801454
>
```

W15: 作図(元データ..4

赤下線部分は、①K=3で得られたクラス
タ中心の発現パターン(代表パターン)情
報であり、3行×2列の数値行列です。例
えば、②2行目はK=3のクラス2の代表
パターン情報に相当し、③のような感じ
で取り扱うことができます。W10でやった
行列のsubsettingテクニックが使われて
いることがわかります。重要な点は、③
などの中身は2つの要素から構成されて
いるということです。

The screenshot shows the RStudio interface with the following content:

```
## 7. 作図(元データの作成)
{r}
dat <- data.frame(
  c1 = c(c1s_k3$centers[1,], c1s_k4$centers[1,], c1s_k5$centers[1,],
  c2 = c(c1s_k3$centers[2,], c1s_k4$centers[2,], c1s_k5$centers[2,],
  c3 = c(c1s_k3$centers[3,], c1s_k4$centers[3,], c1s_k5$centers[3,]),
  c4 = c(rep(NA, 2), c1s_k4$centers[4,], c1s_k5$centers[4,]),
  c5 = c(rep(NA, 2), rep(NA, 2), c1s_k5$centers[5, 1])
)
```

Console output:

```
> c1s_k3$centers
      1      2
[1,] -0.2996681  0.2996681
[2,]  1.7270041 -1.7270041
[3,]  0.1801454 -0.1801454
attr(,"class")
[1] "logFC"
> c1s_k3$centers[1,]
      1      2
-0.2996681  0.2996681
> c1s_k3$centers[2,]
      1      2
 1.727004 -1.727004
> c1s_k3$centers[3,]
      1      2
0.1801454 -0.1801454
>
```

Environment pane (right):

Object	Type
c1s_k5	List of 3
data	2949 obs. of 6 ...
data_a...	2949 obs. of 9 ...
hoge	List of 7
out	List of 7
PP	num [1:2949, 1:...
tmp	2949 obs. of 13...

Files pane (bottom right):

Name	Size
..	
JSLAB18.R	4.2 KB
JSLAB18.Rmd	683 B
JSLAB18.xlsx	186 KB
JSLAB19.html	897.6 KB
JSLAB19.Rmd	3.7 KB
MBCdeg_K3.xlsx	231.3 KB
MBCdeg_K4.xlsx	272.8 KB
MBCdeg_K5.xlsx	315 KB

W15: 作図(元データ..5

④は、NA(Not Available)という要素が2つからなるベクトルを作成せよ、という指令です。⑤でその部分のみ切り出して示しています。なぜこのようなことをやっているかという、今はK=3~5の代表パターンの数値情報をまとめようとしています。K=3は⑥クラスタ4(c4)の情報がないからです。

The screenshot shows the RStudio interface with the following content:

```
106 ## 7. 作図(元データの作成)
107 {r}
108 dat <- data.frame(
109   c1 = c(c1s_k3$centers[1,],c1s_k4$centers[1,],c1s_k5$centers[1,]),
110   c2 = c(c1s_k3$centers[2,],c1s_k4$centers[2,],c1s_k5$centers[2,]),
111   c3 = c(c1s_k3$centers[3,],c1s_k4$centers[3,],c1s_k5$centers[3,]),
112   c4 = c(rep(NA,2),c1s_k4$centers[4,],c1s_k5$centers[4,]),
113   c5 = c(rep(NA,2),rep(NA,2),c1s_k5$centers[5,])
114 )
```

Console output:

```
R 4.2.0 - C:/Users/kadota/Desktop/hoge/
[2,]  1.7270041 -1.7270041
[3,]  0.1801454 -0.1801454
attr(,"class")
[1] "logFC"
> c1s_k3$centers[1,]
      1      2
-0.2996681  0.2996681
> c1s_k3$centers[2,]
      1      2
 1.727004 -1.727004
> c1s_k3$centers[3,]
      1      2
 0.1801454 -0.1801454
> rep(NA,2)
[1] NA NA
```

Environment pane (right):

Object	Class	Size
c1s	List of 3	
c1s_k3	List of 3	
c1s_k4	List of 3	
c1s_k5	List of 3	
data	2949 obs. of 6 ...	
data_a...	2949 obs. of 9 ...	
hoge	List of 7	
out	List of 7	
PP	num [1:2949, 1:...	
tmp	2949 obs. of 13...	

Files pane (bottom right):

Name	Size
..	
JSLAB18.R	4.2 KB
JSLAB18.Rmd	683 B
JSLAB18.xlsx	186 KB
JSLAB19.html	897.6 KB
JSLAB19.Rmd	3.7 KB
MBCdeg_K3.xlsx	231.3 KB
MBCdeg_K4.xlsx	272.8 KB
MBCdeg_K5.xlsx	315 KB

W15: 作図(元データ..6

K=4の結果についても同様。①を見てもわかるように、②当然クラス4の代表パターン情報までしかありません。従って、③のような架空の行番号を指定しても、④のようにエラーとなるだけです。なので、⑤のようにNAという情報を与えて埋めておく必要があります。

```
## 7. 作図(元データの作成)
{r}
dat <- data.frame(
  c1 = c(c1s_k3$centers[1,], c1s_k4$centers[1,], c1s_k5$centers[1,]),
  c2 = c(c1s_k3$centers[2,], c1s_k4$centers[2,], c1s_k5$centers[2,]),
  c3 = c(c1s_k3$centers[3,], c1s_k4$centers[3,], c1s_k5$centers[3,]),
  c4 = c(rep(NA, 2), c1s_k4$centers[4,], c1s_k5$centers[4,]),
  c5 = c(rep(NA, 2), rep(NA, 2), c1s_k5$centers[5,])
)
```

```
> c1s_k4$centers
      1      2
[1,] 2.23090312 -2.23090312
[2,] -0.39771047  0.39771047
[3,] -0.06773796  0.06773796
[4,]  0.45920365 -0.45920365
attr(,"class")
[1] "logFC"
> c1s_k4$centers[5,]
Error in c1s_k4$centers[5, ] : subscript out of bounds
>
```

Files	Plots	Packages	Help	Viewer
C:\Users\kadota\Desktop\hoge				
Name	Size			
..				
JSLAB18.R	4.2 KB			
JSLAB18.Rmd	683 B			
JSLAB18.xlsx	186 KB			
JSLAB19.html	897.6 KB			
JSLAB19.Rmd	3.7 KB			
MBCdeg_K3.xlsx	231.3 KB			
MBCdeg_K4.xlsx	272.8 KB			
MBCdeg_K5.xlsx	315 KB			

W15: 作図(元データ..7

①Console画面をクリアして(もちろん任意)、②このチャンクを実行。

The screenshot shows the RStudio interface with the following components:

- Source Editor:** Contains R code for creating a data frame and melting it. The code is as follows:

```
106 ## 7. 作図(元データの作成)
107 {r}
108 dat <- data.frame(
109   c1 = c(c1s_k3$centers[1,],c1s_k4$centers[1,],c1s_k5$centers[1,]),
110   c2 = c(c1s_k3$centers[2,],c1s_k4$centers[2,],c1s_k5$centers[2,]),
111   c3 = c(c1s_k3$centers[3,],c1s_k4$centers[3,],c1s_k5$centers[3,]),
112   c4 = c(rep(NA,2),c1s_k4$centers[4,],c1s_k5$centers[4,]),
113   c5 = c(rep(NA,2),rep(NA,2),c1s_k5$centers[5,])
114 )
115 melt(dat)
116 matome <- data.frame(melt(dat),k=rep(c(rep('K=3',2),rep('K=4',2),re
117   p('K=5',2)),5),u=rep(1:2,15))
```
- Environment Panel:** Lists variables in the Global Environment:

Variable	Type
c0	List of 2
c1s	List of 3
c1s_k3	List of 3
c1s_k4	List of 3
c1s_k5	List of 3
data	2949 obs. of 6 ...
data_a...	2949 obs. of 9 ...
hoge	List of 7
out	List of 7
PP	num [1:2949, 1:...
tmp	2949 obs. of 13...
- Console:** Shows the R prompt > |.
- Files Panel:** Shows the file explorer for the 'hoge' directory, listing files like JSLAB18.R, JSLAB18.Rmd, JSLAB18.xlsx, JSLAB19.html, JSLAB19.Rmd, MBCdeg_K3.xlsx, MBCdeg_K4.xlsx, and MBCdeg_K5.xlsx.

Red arrows with circled numbers 1 and 2 point to the console and the code chunk, respectively.

W15: 作図(元データ..8

①Console画面をクリアして(もちろん任意)、②このチャンクを実行。実行結果。③で見えているのはエラーではないので気にしなくてかまいません。いずれもmelt(dat)の実行時に表示されているものです。

The screenshot shows the RStudio interface with the following components:

- Source Editor:** Contains R code for creating a data frame and melting it. The code is as follows:

```
## 7. 作図(元データの作成)
{r}
dat <- data.frame(
  c1 = c(c1s_k3$centers[1,],c1s_k4$centers[1,],c1s_k5$centers[1,]),
  c2 = c(c1s_k3$centers[2,],c1s_k4$centers[2,],c1s_k5$centers[2,]),
  c3 = c(c1s_k3$centers[3,],c1s_k4$centers[3,],c1s_k5$centers[3,]),
  c4 = c(rep(NA,2),c1s_k4$centers[4,],c1s_k5$centers[4,]),
  c5 = c(rep(NA,2),rep(NA,2),c1s_k5$centers[5,])
)
melt(dat)
matome <- data.frame(melt(dat),k=rep(c(rep('k=3',2),rep('k=4',2),rep('k=5',2)),5),u=rep(1:2,15))
```
- Console:** Shows the execution of the code. The output for the melt function is:

```
> melt(dat)
No id variables; using all as measure variables
> matome <- data.frame(melt(dat),k=rep(c(rep('k=3',2),rep('k=4',2),rep('k=5',2)),5),u=rep(1:2,15))
No id variables; using all as measure variables
>
```

Two red arrows with the number 3 point to the console output.
- Environment:** Shows a list of objects in the Global Environment:

Object	Details
c0	List of 2
c1s	List of 3
c1s_k3	List of 3
c1s_k4	List of 3
c1s_k5	List of 3
dat	6 obs. of 5 var...
data	2949 obs. of 6 ...
data_a...	2949 obs. of 9 ...
hoge	List of 7
matome	30 obs. of 4 va...
out	List of 7
PP	num [1:2949, 1:
- Files Panel:** Shows the file explorer for the current project, listing files like JSLAB18.R, JSLAB18.Rmd, JSLAB18.xlsx, JSLAB19.html, JSLAB19.Rmd, MBCdeg_K3.xlsx, MBCdeg_K4.xlsx, and MBCdeg_K5.xlsx.

W15: 作図(元データ..9

①Console画面をクリアして(もちろん任意)、②このチャンクを実行。実行結果。③で見えているのはエラーではないので気にしなくてかまいません。いずれもmelt(dat)の実行時に表示されているものです。赤枠内で作成した④datオブジェクトは、6行×5列であることがわかります。⑤をクリックして中身を表示(④の部分のクリックでもOK)。

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

```
## 7. 作図(元データの作成)
{r}
dat <- data.frame(
  c1 = c(c1s_k3$centers[1,],c1s_k4$centers[1,],c1s_k5$centers[1,]),
  c2 = c(c1s_k3$centers[2,],c1s_k4$centers[2,],c1s_k5$centers[2,]),
  c3 = c(c1s_k3$centers[3,],c1s_k4$centers[3,],c1s_k5$centers[3,]),
  c4 = c(rep(NA,2),c1s_k4$centers[4,],c1s_k5$centers[4,]),
  c5 = c(rep(NA,2),rep(NA,2),c1s_k5$centers[5,])
)
melt(dat)
matome <- data.frame(melt(dat),k=rep(c(rep('k=3',2),rep('k=4',2),rep('k=5',2)),5),u=rep(1:2,15))
```

The console output shows the execution of the code:

```
+ c2 = c(c1s_k3$centers[2,],c1s_k4$centers[2,],c1s_k5$centers[2,]),
+ c3 = c(c1s_k3$centers[3,],c1s_k4$centers[3,],c1s_k5$centers[3,]),
+ c4 = c(rep(NA,2),c1s_k4$centers[4,],c1s_k5$centers[4,]),
+ c5 = c(rep(NA,2),rep(NA,2),c1s_k5$centers[5,])
+ )
> melt(dat)
No id variables; using all as measure variables
> matome <- data.frame(melt(dat),k=rep(c(rep('k=3',2),rep('k=4',2),rep('k=5',2)),5),u=rep(1:2,15))
No id variables; using all as measure variables
>
```

The variable viewer on the right shows the following objects:

Object	Description
c1s_k3	List of 3
c1s_k4	List of 3
c1s_k5	List of 3
dat	6 obs. of 5 var...
data	2949 obs. of 6 ...
data_a...	2949 obs. of 9 ...
hoge	List of 7
matome	30 obs. of 4 va...
out	List of 7
PP	num [1:2949. 1:

Red arrows point to the 'dat' object in the variable viewer (labeled ④) and to the 'c1s_k3' object (labeled ⑤).

W15: 作図(元データ..10)

①Console画面をクリアして(もちろん任意)、②このチャンクを実行。実行結果。③で見えているのはエラーではないので気にしなくてかまいません。いずれもmelt(dat)の実行時に表示されているものです。赤枠内で作成した④datオブジェクトは、6行×5列であることがわかります。⑤をクリックして中身を表示(④の部分のクリックでもOK)。⑥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. The toolbar contains various icons, with a red circle containing the number 6 highlighting the 'View Data Table' icon. Below the toolbar, the 'Environment' pane shows a table with 6 rows and 5 columns, labeled c1 through c5. The console pane shows the following R code and output:

```
+ c3 = c(c1s_k3$centers[3,],c1s_k4$centers[3,],c1s_k5$centers[3,]),
+ c4 = c(rep(NA,2),c1s_k4$centers[4,],c1s_k5$centers[4,]),
+ c5 = c(rep(NA,2),rep(NA,2),c1s_k5$centers[5,])
+ )
> melt(dat)
No id variables; using all as measure variables
> matome <- data.frame(melt(dat),k=rep(c(rep('k=3',2),rep('k=4',2),rep('k=5',2)),5),u=rep(1:2,15))
No id variables; using all as measure variables
> View(dat)
> |
```

The environment pane on the right shows the following objects:

Object	Type
c1s_k5	List of 3
dat	6 obs. of 5 var...
data	2949 obs. of 6 ...
data_a...	2949 obs. of 9 ...
hoge	List of 7
matome	30 obs. of 4 va...
out	List of 7
PP	num [1:2949, 1:...

The bottom pane shows a file explorer view of the 'hoge' directory, listing files such as JSLAB18.R, JSLAB18.Rmd, JSLAB18.xlsx, JSLAB19.html, JSLAB19.Rmd, MBCdeg_K3.xlsx, MBCdeg_K4.xlsx, and MBCdeg_K5.xlsx.

W15: 作図(元データ..11)

①Console画面をクリアして(もちろん任意)、②このチャンクを実行。実行結果。③で見えているのはエラーではないので気にしなくてかまいません。いずれもmelt(dat)の実行時に表示されているものです。赤枠内で作成した④datオブジェクトは、6行×5列であることがわかります。⑤をクリックして中身を表示(④の部分のクリックでもOK)。⑥こんな感じになります。⑦と⑧が対応し、⑨と⑩が対応します。

The screenshot displays the RStudio interface with the following components:

- Environment Panel (Top Right):** Lists objects: `dat` (6 obs. of 5 var...), `data` (2949 obs. of 6 ...), `data_a...` (2949 obs. of 9 ...), `hoge` (List of 7), `matome` (30 obs. of 4 va...), `out` (List of 7), and `PP` (num [1:2949.. 1:]).
- Files Panel (Bottom Right):** Shows a file explorer for the directory `C:\Users\kadota\Desktop\hoge` containing files like `JSLAB18.R` (4.2 KB), `JSLAB18.Rmd` (683 B), `JSLAB18.xlsx` (186 KB), `JSLAB19.html` (897.6 KB), `JSLAB19.Rmd` (3.7 KB), `MBCdeg_K3.xlsx` (231.3 KB), `MBCdeg_K4.xlsx` (272.8 KB), and `MBCdeg_K5.xlsx` (315 KB).
- Environment Viewer (Top Left):** Shows a data frame with 6 rows and 5 columns. The columns are labeled `c1`, `c2`, `c3`, `c4`, and `c5`. Red boxes highlight the values in the `c3` column for rows 1 and 2, and the `c5` column for rows 3 and 4. Red arrows labeled 7, 8, 9, and 10 point to these specific cells.
- Console (Bottom Left):** Shows the following R commands and output:

```
+ c3 = c(c1s_k3$centers[3,],c1s_k4$centers[3,],c1s_k5$centers[3,]),
+ c4 = c(rep(NA,2),c1s_k4$centers[4,],c1s_k5$centers[4,]),
+ c5 = c(rep(NA,2),rep(NA,2),c1s_k5$centers[5,])
+ )
> melt(dat)
No id variables; using all as measure variables
> matome <- data.frame(melt(dat),k=rep(c(rep('k=3',2),rep('k=4',2),rep('k=5',2)),5),u=rep(1:2,15))
No id variables; using all as measure variables
> View(dat)
>
```

W15: 作図(元データ..12)

①melt(dat)は、②で見えているdatオブジェクトの形を変形させたい場合に利用します。①では見えていませんが、③ Console画面上で直打ちするとmelt関数実行結果の挙動がわかります。

The screenshot shows the RStudio interface. The top menu bar includes File, Edit, Code, View, Plots, Session, Build, Debug, Profile, Tools, and Help. The main workspace displays a data table with 6 rows and 5 columns (c1 to c5). The Environment pane on the right shows the Global Environment with various objects like c0, c1s, c1s_k3, etc. The Console pane at the bottom shows the execution of R code, with red arrows pointing to specific lines: ① points to the first line of the code block, ② points to the View(dat) command, and ③ points to the melt(dat) command.

	c1	c2	c3	c4	c5
1	-0.2996681	1.72700407	0.18014543	NA	NA
2	0.2996681	-1.72700407	-0.18014543	NA	NA
3	2.2309031	-0.39771047	-0.06773796	0.4592037	NA
4	-2.2309031	0.39771047	0.06773796	-0.4592037	NA
5	2.2734642	0.03422047	0.52731362	-0.5203592	-0.2457689
6	-2.2734642	-0.03422047	-0.52731362	0.5203592	0.2457689

```
R 4.2.0 · C:/Users/kadota/Desktop/hoge/
+   c3 = c(c1s_k3$centers[3,],c1s_k4$centers[3,],c1s_k5$centers[3,]),
+   c4 = c(rep(NA,2),c1s_k4$centers[4,],c1s_k5$centers[4,]),
+   c5 = c(rep(NA,2),rep(NA,2),c1s_k5$centers[5,])
+ )
> melt(dat)
No id variables; using all as measure variables
> matome <- data.frame(melt(dat),k=rep(c(rep('k=3',2),rep('k=4',2),rep('k=5',2)),5),u=rep(1:2,15))
No id variables; using all as measure variables
> View(dat)
> melt(dat)
```

W15: 作図(元データ..13)

①melt(dat)は、②で見えているdatオブジェクトの形を変形させたい場合に利用します。①では見えていませんが、③ Console画面上で直打ちするとmelt関数実行結果の挙動がわかります。こんな感じになって、画面がざっと流れてしまうので、④ちょっと上にスクロールさせて最初のほうを見えます。

The screenshot shows the RStudio interface. The top pane displays a data table with 6 rows and 5 columns (c1 to c5). The bottom-left pane shows the console output of the melt function, listing 30 rows of data. The bottom-right pane shows the environment, listing various objects including 'dat' and 'data'. A red arrow with the number '4' points to the 'dat' object in the environment pane.

	c1	c2	c3	c4	c5
1	-0.2996681	1.72700407	0.18014543	NA	NA
2	0.2996681	-1.72700407	-0.18014543	NA	NA
3	2.2309031	-0.39771047	-0.06773796	0.4592037	NA
4	-2.2309031	0.39771047	0.06773796	-0.4592037	NA
5	2.2734642	0.03422047	0.52731362	-0.5203592	-0.2457689
6	-2.2734642	-0.03422047	-0.52731362	0.5203592	0.2457689

```
R 4.2.0 · C:/Users/kadota/Desktop/hoge/
15      c3 -0.06773796
16      c3  0.06773796
17      c3  0.52731362
18      c3 -0.52731362
19      c4          NA
20      c4          NA
21      c4  0.45920365
22      c4 -0.45920365
23      c4 -0.52035924
24      c4  0.52035924
25      c5          NA
26      c5          NA
27      c5          NA
28      c5          NA
29      c5 -0.24576894
30      c5  0.24576894
>
```

Environment:

- dat: 6 obs. of 5 var...
- data: 2949 obs. of 6 ...
- data_a...: 2949 obs. of 9 ...
- hoge: List of 7
- matome: 30 obs. of 4 va...
- out: List of 7
- PP: num [1:2949, 1: ...]

W15: 作図(元データ..14

①melt(dat)は、②で見えているdatオブジェクトの形を変形させたい場合に利用します。①では見えていませんが、③ Console画面上で直打ちするとmelt関数実行結果の挙動がわかります。こんな感じになって、画面がざっと流れてしまうので、④ちょっと上にスクロールさせて最初のほうを見てください。⑤このあたりで見えているように、②datの中身を、⑥のような感じに変形させたい場合に用いるのがmelt関数だと理解すればよいです。

The screenshot shows the RStudio interface. At the top, the menu bar includes File, Edit, Code, View, Plots, Session, Build, Debug, Profile, Tools, and Help. Below the menu bar, there are several tabs for R scripts, including 'dat'. A red arrow labeled '2' points to the 'dat' tab. The main window displays a data table with 6 rows and 5 columns (c1 to c5). Below the table, it says 'Showing 1 to 6 of 6 entries, 5 total columns'. The console window at the bottom shows the command `> melt(dat)` and the output: 'No id variables; using all as measure variables' followed by a table with 'variable' and 'value' columns. A red arrow labeled '5' points to the console output. A red arrow labeled '6' points to the output table. To the right, a file explorer window shows the directory 'C:\Users\kadota\Desktop\hoge' with several files, including 'JSLAB18.R', 'JSLAB18.Rmd', 'JSLAB18.xlsx', 'JSLAB19.html', 'JSLAB19.Rmd', 'MBCdeg_K3.xlsx', 'MBCdeg_K4.xlsx', and 'MBCdeg_K5.xlsx'.

	c1	c2	c3	c4	c5
1	-0.2996681	1.72700407	0.18014543	NA	NA
2	0.2996681	-1.72700407	-0.18014543	NA	NA
3	2.2309031	-0.39771047	-0.06773796	0.4592037	NA
4	-2.2309031	0.39771047	0.06773796	-0.4592037	NA
5	2.2734642	0.03422047	0.52731362	-0.5203592	-0.2457689
6	-2.2734642	-0.03422047	-0.52731362	0.5203592	0.2457689

```
> melt(dat)
No id variables; using all as measure variables
variable value
1 c1 -0.29966809
2 c1 0.29966809
3 c1 2.23090312
4 c1 -2.23090312
5 c1 2.27346423
6 c1 -2.27346423
7 c2 1.72700407
8 c2 -1.72700407
9 c2 -0.39771047
10 c2 0.39771047
11 c2 0.03422047
12 c2 -0.03422047
13 c3 0.18014543
14 c3 -0.18014543
15 c3 0.06773796
```

W15: 作図(元データ..15)

①melt(dat)は、②で見えているdatオブジェクトの形を変形させたい場合に利用します。①では見えていませんが、③ Console画面上で直打ちするとmelt関数実行結果の挙動がわかります。こんな感じになって、画面がざっと流れてしまうので、④ちょっと上にスクロールさせて最初のほうを見えます。⑤このあたりで見えているように、②datの中身を、⑥のような感じに変形させたい場合に用いるのがmelt関数だと理解すればよいです。例えば、⑦に対応するのが、⑧です。⑨再び一番下まで移動させるとわかりますが、melt(dat)実行結果の行数は30です。

RStudio interface showing a data table with columns c1 to c5. A red box highlights the first two columns (c1 and c2) for the first row. A red arrow labeled ⑦ points to the first row of the table.

	c1	c2	c3	c4	c5
1	-0.2996681	1.72700407	0.18014543	NA	NA
2	0.2996681	-1.72700407	-0.18014543	NA	NA
3	2.2309031	-0.39771047	-0.06773796	0.4592037	NA
4	-2.2309031	0.39771047	0.06773796	-0.4592037	NA
5	2.2734642	0.03422047	0.52731362	-0.5203592	-0.2457689
6	-2.2734642	-0.03422047	-0.52731362	0.5203592	0.2457689

Showing 1 to 6 of 6 entries, 5 total columns

Console Terminal Jobs

```
R 4.2.0 · C:/Users/kadota/Desktop/hoge/
> melt(dat)
No id variables; using all as measure variables
variable    value
1          c1 -0.29966809
2          c1  0.29966809
3          c1  2.23090312
4          c1 -2.23090312
5          c1  2.27346423
6          c1 -2.27346423
7          c2  1.72700407
8          c2 -1.72700407
9          c2 -0.39771047
10         c2  0.39771047
11         c2  0.03422047
12         c2 -0.03422047
13         c3  0.18014543
14         c3 -0.18014543
15         c3  0.06773796
```

A red arrow labeled ⑧ points to the 7th row of the console output.

File explorer window showing a list of files. A red arrow labeled ⑨ points to the JSLAB19.Rmd file.

Name	Size
..	
JSLAB18.R	4.2 KB
JSLAB18.Rmd	683 B
JSLAB18.xlsx	186 KB
JSLAB19.html	897.6 KB
JSLAB19.Rmd	3.7 KB
MBCdeg_K3.xlsx	231.3 KB
MBCdeg_K4.xlsx	272.8 KB
MBCdeg_K5.xlsx	315 KB

W15: 作図(元データ..16)

①のような変形をする理由は、②のような作図をするうえで便利だからです。③ datを消して、④JSLAB19.Rmdに戻ります

The screenshot shows the RStudio interface. The top menu bar includes File, Edit, Code, View, Plots, Session, Build, Debug, Profile, Tools, and Help. The toolbar contains icons for file operations and a search bar. The main editor window displays a data table with columns c1, c2, c3, c4, and c5. The console window shows the command `melt(dat)` and its output, which is a long table with columns 'variable' and 'value'. The Plots pane shows a faceted plot with a 3x5 grid of panels. The y-axis is labeled `log(pH7 / pH4.5)` and the x-axis is labeled 'Group name'. The panels are faceted by 'variable' (c1, c2, c3, c4, c5) and 'pH' (pH4.5, pH7). The plot shows a clear linear relationship between the log ratio and the group name for each variable.

	c1	c2	c3	c4	c5
1	-0.2996681	1.72700407	0.18014543	NA	NA
2	0.2996681	-1.72700407	-0.18014543	NA	NA
3	2.2309031	-0.39771047	-0.06773796	0.4592037	NA
4	-2.2309031	0.39771047	0.06773796	-0.4592037	NA
5	2.2734642	0.03422047	0.52731362	-0.5203592	-0.2457689
6	-2.2734642	-0.03422047	-0.52731362	0.5203592	0.2457689

```
> melt(dat)
No id variables; using all as measure variables
variable  value
1      c1 -0.29966809
2      c1  0.29966809
3      c1  2.23090312
4      c1 -2.23090312
5      c1  2.27346423
6      c1 -2.27346423
7      c2  1.72700407
8      c2 -1.72700407
9      c2 -0.39771047
10     c2  0.39771047
11     c2  0.03422047
12     c2 -0.03422047
13     c3  0.18014543
14     c3 -0.18014543
15     c3  0.06773796
```

W15: 作図(元データ..17)

①が作図の最終形ですが、②現状の melt(dat)だけを眺めても、クラスタ番号はわかりますが、どれがどのK値のものか？そしてどれがどの群(ラベル1の pH4.5_24h群とラベル2の pH7_CCG群)なのかはわかりません。

The screenshot displays the RStudio interface. The source editor shows R code for creating a data frame and melting it. The console shows the output of the melt function. A faceted plot is shown in the bottom right, with a red box highlighting it and a red arrow pointing to it from the text box above. The plot has three rows labeled K=3, K=4, and K=5 on the right, and five columns labeled c1, c2, c3, c4, and c5 on top. The y-axis is labeled log(pH7 / pH4.5) and the x-axis is labeled Group name. The plot shows lines for each cluster (c1-c5) across the different K values. A red arrow labeled ② points to the console output, and another red arrow labeled ① points to the faceted plot.

```
## 7. 作図(元データの作成)
{r}
dat <- data.frame(
  c1 = c(c1s_k3$centers[1,],c1s_k4$centers[1,],c1s_k5$centers[1,]),
  c2 = c(c1s_k3$centers[2,],c1s_k4$centers[2,],c1s_k5$centers[2,]),
  c3 = c(c1s_k3$centers[3,],c1s_k4$centers[3,],c1s_k5$centers[3,]),
  c4 = c(rep(NA,2),c1s_k4$centers[4,],c1s_k5$centers[4,]),
  c5 = c(rep(NA,2),rep(NA,2),c1s_k5$centers[5,])
)
melt(dat)
matome <- data.frame(melt(dat),k=rep(c(rep('K=5',2)),5),u=rep(1:2,15))
```

```
> melt(dat)
No id variables; using all as measure variables
variable value
1 c1 -0.29966809
2 c1 0.29966809
3 c1 2.23090312
4 c1 -2.23090312
5 c1 2.27346423
6 c1 -2.27346423
7 c2 1.72700407
8 c2 -1.72700407
```

W15: 作図(元データ..18)

①が作図の最終形ですが、②現状の melt(dat)だけを眺めても、クラスタ番号はわかりませんが、どれがどのK値のものか？そしてどれがどの群(ラベル1の pH4.5_24h群とラベル2のpH7_CCG群)なのかはわかりません。それゆえ、②では、③data.frame関数を用いて、①30行×2列っぽい、④melt(dat)の右側に、

```
## 7. 作図(元データの作成)
{r}
dat <- data.frame(
  c1 = c(c1s_k3$centers[1,],c1s_k4$centers[1,],c1s_k5$centers[1,]),
  c2 = c(c1s_k3$centers[2,],c1s_k4$centers[2,],c1s_k5$centers[2,]),
  c3 = c(c1s_k3$centers[3,],c1s_k4$centers[3,],c1s_k5$centers[3,]),
  c4 = c(rep(NA,2),c1s_k4$centers[4,],c1s_k5$centers[4,]),
  c5 = c(rep(NA,2),rep(NA,2),c1s_k5$centers[5,])
)
melt(dat)
matome <- data.frame(melt(dat),k=rep(c(rep('K=3',2),rep('K=4',2),rep('K=5',2)),5),u=rep(1:2,15))
```

Console output:

```
> melt(dat)
No id variables; using all as measure variables
variable value
1 c1 -0.29966809
2 c1 0.29966809
3 c1 2.23090312
4 c1 -2.23090312
5 c1 2.27346423
6 c1 -2.27346423
7 c2 1.72700407
8 c2 -1.72700407
```

Environment pane:

c1	List of 3
c1s_k3	List of 3
c1s_k4	List of 3
c1s_k5	List of 3
dat	6 obs. of 5 var...
data	2949 obs. of 6 ...
data_a...	2949 obs. of 9 ...
hoge	List of 7
matome	30 obs. of 4 va...
out	List of 7
PP	num [1:2949, 1:

Files pane:

Name	Size
JSLAB18.R	4.2 KB
JSLAB18.Rmd	683 B
JSLAB18.xlsx	186 KB
JSLAB19.html	897.6 KB
JSLAB19.Rmd	3.7 KB
MBCdeg_K3.xlsx	231.3 KB
MBCdeg_K4.xlsx	272.8 KB
MBCdeg_K5.xlsx	315 KB

W15: 作図(元データ..19)

①が作図の最終形ですが、②現状の melt(dat)だけを眺めても、クラスタ番号はわかりませんが、どれがどのK値のものか？そしてどれがどの群(ラベル1の pH4.5_24h群とラベル2のpH7_CCG群)なのかはわかりません。それゆえ、②では、③data.frame関数を用いて、①30行×2列っぽい、④melt(dat)の右側に、⑤k という列名の「どの行がどのK値で得られた結果かがわかる情報」と...

```
## 7. 作図(元データの作成)
{r}
dat <- data.frame(
  c1 = c(c1s_k3$centers[1,],c1s_k4$centers[1,],c1s_k5$centers[1,],
  c2 = c(c1s_k3$centers[2,],c1s_k4$centers[2,],c1s_k5$centers[2,],
  c3 = c(c1s_k3$centers[3,],c1s_k4$centers[3,],c1s_k5$centers[3,]),
  c4 = c(rep(NA,2),c1s_k4$centers[4,],c1s_k5$centers[4,]),
  c5 = c(rep(NA,2),rep(NA,2),c1s_k5$centers[5,])
)
melt(dat)
matome <- data.frame(melt(dat),k=rep(c(rep('K=3',2),rep('K=4',2),re
p('K=5',2)),5),u=rep(1:2,15))
```

```
> melt(dat)
No id variables; using all available measure variables
variable value
1 c1 -0.29966809
2 c1 0.29966809
3 c1 2.23090312
4 c1 -2.23090312
5 c1 2.27346423
6 c1 -2.27346423
7 c2 1.72700407
8 c2 -1.72700407
```

W15: 作図(元データ..20)

①が作図の最終形ですが、②現状の melt(dat)だけを眺めても、クラスタ番号はわかりますが、どれがどのK値のものか？そしてどれがどの群(ラベル1の pH4.5_24h群とラベル2のpH7_CCG群)なのかはわかりません。それゆえ、②では、③data.frame関数を用いて、①30行×2列っぽい、④melt(dat)の右側に、⑤kという列名の「どの行がどのK値で得られた結果かがわかる情報」と、⑥uという列名の「どの行がどちらの群由来かがわかるラベル情報(1 or 2)」を列方向で結合した結果を、⑦matomeというオブジェクトに保存しようとしています。

The screenshot shows the RStudio interface with the following content:

```
## 7. 作図(元データの作成)
{r}
dat <- data.frame(
  c1 = c(c1s_k3$centers[1,],c1s_k4$centers[1,],c1s_k5$centers[1,],
  c2 = c(c1s_k3$centers[2,],c1s_k4$centers[2,],c1s_k5$centers[2,],
  c3 = c(c1s_k3$centers[3,],c1s_k4$centers[3,],c1s_k5$centers[3,],
  c4 = c(rep(NA,2),c1s_k4$centers[4,],c1s_k5$centers[4,]),
  c5 = c(rep(NA,2),rep(NA,2),c1s_k5$centers[5,])
)
melt(dat)
matome <- data.frame(melt(dat),k=rep(c(rep('K=3',2),rep('K=4',2),
p('K=5',2)),5),u=rep(1:2,15))
```

The console output shows the result of `melt(dat)`:

```
> melt(dat)
No id variables; using all as measure variables
variable value
1 c1 -0.29966809
2 c1 0.29966809
3 c1 2.23090312
4 c1 -2.23090312
5 c1 2.27346423
6 c1 -2.27346423
7 c2 1.72700407
8 c2 -1.72700407
```

Red arrows indicate:

- Arrow ⑦ points to the `matome` assignment line in the code.
- Arrow ⑥ points to the `u=rep(1:2,15)` argument in the `data.frame` call.
- Arrow ⑥ points to the `u` column in the console output.

The right sidebar shows a file explorer with a list of files:

Name	Size
..	
JSLAB18.R	4.2 KB
JSLAB18.Rmd	683 B
JSLAB18.xlsx	186 KB
JSLAB19.html	897.6 KB
JSLAB19.Rmd	3.7 KB
MBCdeg_K3.xlsx	231.3 KB
MBCdeg_K4.xlsx	272.8 KB
MBCdeg_K5.xlsx	315 KB

W15: 作図(元データ..21)

今我々は、①がK=3のc1の代表パターンのプロファイル(1行目が群ラベル1、2行目が群ラベル2)、②がK=5のc1の代表パターンのプロファイル(5行目が群ラベル1、6行目が群ラベル2)だとわかっているので...

The screenshot shows the RStudio interface with the following components:

- Source Editor:** Contains R code for creating a data frame and melting it. The code is as follows:

```
## 7. 作図(元データの作成)
{r}
dat <- data.frame(
  c1 = c(c1s_k3$centers[1,],c1s_k4$centers[1,],c1s_k5$centers[1,]),
  c2 = c(c1s_k3$centers[2,],c1s_k4$centers[2,],c1s_k5$centers[2,]),
  c3 = c(c1s_k3$centers[3,],c1s_k4$centers[3,],c1s_k5$centers[3,]),
  c4 = c(rep(NA,2),c1s_k4$centers[4,],c1s_k5$centers[4,]),
  c5 = c(rep(NA,2),rep(NA,2),c1s_k5$centers[5,])
)
melt(dat)
matome <- data.frame(melt(dat),k=rep(c(rep('K=3',2),rep('K=4',2),rep('K=5',2)),5),u=rep(1:2,15))
```
- Console:** Shows the output of the `melt(dat)` command:

```
> melt(dat)
No id variables; using all as measure variables
variable  value
1         c1 -0.29966809
2         c1  0.29966809
3         c1  2.23090312
4         c1 -2.23090312
5         c1  2.27346423
6         c1 -2.27346423
7         c2  1.72700407
8         c2 -1.72700407
```

Red arrows labeled ① and ② point to the first and fifth rows of the console output, respectively.
- Environment:** Lists the objects in the global environment:

Object	Type
c0	List of 2
c1s	List of 3
c1s_k3	List of 3
c1s_k4	List of 3
c1s_k5	List of 3
dat	6 obs. of 5 var...
data	2949 obs. of 6 ...
data_a...	2949 obs. of 9 ...
hoge	List of 7
matome	30 obs. of 4 va...
out	List of 7
PP	num [1:2949, 1:
- Files Panel:** Shows the file explorer for the 'hoge' directory, listing files like JSLAB18.R, JSLAB18.Rmd, JSLAB18.xlsx, JSLAB19.html, JSLAB19.Rmd, MBCdeg_K3.xlsx, MBCdeg_K4.xlsx, and MBCdeg_K5.xlsx.

W15: 作図(元データ..22)

今我々は、①がK=3のc1の代表パターン
のプロファイル(1行目が群ラベル1、2行
目が群ラベル2)、②がK=5のc1の代表パ
ターンのプロファイル(5行目が群ラベル
1、6行目が群ラベル2)だとわかっ
ているので、116行目の反転させた部分のみ③
実行させた結果である、④のよ
うな6個の要素からなるベクトルを、⑤
さらにrep関数で、⑥5個分作成して、
計30個分の要素からなるベクトルに
しています。

The screenshot shows the RStudio interface with the following components:

- Source Editor:** Contains R code for creating a data frame and melting it. Line 116 is highlighted with a red arrow labeled ⑤.
- Run Menu:** A context menu is open over line 116, with 'Run Selected Line(s)' highlighted by a red arrow labeled ③.
- Console:** Shows the execution of the code. The output of the `rep` function is highlighted with a red arrow labeled ④. The output of the `melt` function is shown below.
- Environment Pane:** Shows variables like 'hoge', 'matome', 'out', 'PP', and 'tmp'.
- Files Pane:** Shows a file explorer view of the current directory.

```
## 7. 作図(元データの作成)
{r}
dat <- data.frame(
  c1 = c(c1s_k3$centers[1,],c1s_k4$centers
  c2 = c(c1s_k3$centers[2,],c1s_k4$centers
  c3 = c(c1s_k3$centers[3,],c1s_k4$centers
  c4 = c(rep(NA,2),c1s_k4$centers[4,],c1s_
  c5 = c(rep(NA,2),rep(NA,2),c1s_k5$center
)
melt(dat)
matome <- data.frame(melt(dat),k=rep(c(rep
p('K=5',2)),5),u=rep(1:2,15))
```

```
R 4.2.0 ~ /
23      c4  -0.52035924
24      c4   0.52035924
25      c5         NA
26      c5         NA
27      c5         NA
28      c5         NA
29      c5  -0.24576894
30      c5   0.24576894
> c(rep('K=3',2),rep('K=4',2),rep('K=5',2))
[1] "K=3" "K=3" "K=4" "K=4" "K=5" "K=5"
>
```

W15: 作図(元データ..23)

⑦30行×4列の、⑧matomeオブジェクトをクリックして、⑨表示させた結果。確かにイメージ通りに作成できていることがわかります。これが作図の際に入力として用いるフォーマットです。

The screenshot shows the RStudio interface. The Environment pane on the right lists objects: `cls_k4`, `cls_k5`, `dat`, `data`, `data_a...`, `hoge`, `matome`, `out`, `PP`, and `tmp`. The `matome` object is highlighted with a red arrow labeled ⑧. The Environment pane also shows the 'Values' section for `matome`, with a red arrow labeled ⑦ pointing to it. The console at the bottom shows the following R code and output:

```
> c(rep('k=3', 2), rep('k=4', 2), rep('k=5', 2))
[1] "k=3" "k=3" "k=4" "k=4" "k=5" "k=5"
> View(matome)
>
```

The data table in the center shows 30 rows and 4 columns (variable, value, k, u). The first 13 rows are visible:

	variable	value	k	u
1	c1	-0.29966809	K=3	1
2	c1	0.29966809	K=3	2
3	c1	2.23090312	K=4	1
4	c1	-2.23090312	K=4	2
5	c1	2.27346423	K=5	1
6	c1	-2.27346423	K=5	2
7	c2	1.72700407	K=3	1
8	c2	-1.72700407	K=3	2
9	c2	-0.39771047	K=4	1
10	c2	0.39771047	K=4	2
11	c2	0.03422047	K=5	1
12	c2	-0.03422047	K=5	2

Contents

■ R Markdown

- W01: 事前準備、W02: インストール (rmarkdownとpandoc)
- W03: 依存関係、W04: R Markdownの基本的な利用法
- W05: JSLAB18.Rの一部をRmd化 (JSLAB18.Rmdの作成)、W06: Tips (YAMLヘッダ)

■ JSLAB18.Rの全部をRmd化 (JSLAB19.Rmdの作成)

- W07: パッケージのロード (チャンク1)
- W08: サンプルのクラスタリング (チャンク2)
- W09: 見出しやチャンク番号
- W10: ファイルの読込とsubsetting (チャンク3)
- W11: TCC正規化 (チャンク4)
- W12: MBCluster.Seq実行の共通部分 (チャンク5)
- W13: MBCluster.Seq本番 (K=3) (チャンク6)
- W14: MBCluster.Seq本番 (K=4~5) (チャンク7~8)
- W15: 作図 (元データの作成) (チャンク9)
- W16: 作図 (本番) (チャンク10)
- W17: Knit

W16: 作図 (本番) 1

①作図の本番に移行途中ですが、②で見えているものは、ただの確認でしたので、③消しちゃっても構いません。

The screenshot shows the RStudio interface with the following content:

```
114 )
115 melt(dat)
116 matome <- data.frame(melt(dat),k=rep(c(rep('k=3',2),rep('k=4',2),re
p('k=5',2)),5),u=rep(1:2,15))|
117
```

Environment pane:

Object	Type
cls_k4	List of 3
cls_k5	List of 3
dat	6 obs. of 5 var...
data	2949 obs. of 6 ...
data_a...	2949 obs. of 9 ...
hoge	List of 7
matome	30 obs. of 4 va...
out	List of 7
PP	num [1:2949, 1:...
tmp	2949 obs. of 13...

```
118
119 ## 8. 作図 (本番)
120 {r, fig.width=6, fig.height=4}
121 g <- ggplot(data = matome)
122 g <- g + geom_line(aes(x = u, y = value),size = 1)
123 g <- g + theme_bw()
```

Console:

```
R 4.2.0 ~|
24 c4 0.32033924
25 c5 NA
26 c5 NA
27 c5 NA
28 c5 NA
29 c5 -0.24576894
30 c5 0.24576894
> c(rep('k=3',2),rep('k=4',2),rep('k=5',2))
[1] "k=3" "k=3" "k=4" "k=4" "k=5" "k=5"
> View(matome)
>
```

W16: 作図 (本番) 2

この状態からスタート。②121行目では、ggplot関数を用いて、入力データがmatomeであると宣言しています。③matomeの中身はこんな感じでした。

The screenshot shows the RStudio interface. The source editor contains R code for creating a ggplot. Three red arrows point to specific lines: ① points to the opening curly brace of the `{r, ...}` block, ② points to the `ggplot(data = matome)` line, and ③ points to the `plot(g)` line. Below the code, a data table is displayed with columns for variable, value, k, and u.

```
118
119- ## 8. 作図 (本番)
120- {r, fig.width=6, fig.height=4}
121 g <- ggplot(data = matome)
122 g <- g + geom_line(aes(x = u, y = value), size = 1)
123 g <- g + theme_bw()
124 g <- g + theme(panel.grid.major = element_line(colour = "gray" ),
125               aspect.ratio = 1)
126 g <- g + labs(x='Group name', y='log(pH7 / pH4.5)')
127 g <- g + scale_x_continuous(breaks=1:2, labels = c('pH4.5', 'pH7'))
128 g <- g + facet_grid(k ~ variable)
129 plot(g)
130
131
```

	variable	value	k	u
1	c1	-0.29966809	K=3	1
2	c1	0.29966809	K=3	2
3	c1	2.23090312	K=4	1
4	c1	-2.23090312	K=4	2
5	c1	2.27346423	K=5	1
6	c1	-2.27346423	K=5	2
7	c2	1.72700407	K=3	1
8	c2	-1.72700407	K=3	2
9	c2	-0.39771047	K=4	1
10	c2	0.39771047	K=4	2
11	c2	0.03422047	K=5	1
12	c2	-0.03422047	K=5	2

W16: 作図(本番)3

①122行目では、geom_lineという関数を用いて折れ線グラフを作成しています。
②x軸は、③uの値(群ラベル情報)、④y軸は、⑤valueの値(代表パターン)のように指定しているため、⑥で見えているようなプロットになります。

```
118  
119- ## 8. 作図(本番)  
120- {r, fig.width=6, fig.height=4}  
121 g <- ggplot(data = matome)  
122 g <- g + geom_line(aes(x = u, y = value), size = 1) ①  
123 g <- g + theme_bw() ②  
124 g <- g + theme(panel.grid.major = "none", panel.grid.minor = "none",  
125   aspect.ratio = 1) ④  
126 g <- g + labs(x='Group name', y='log(pH7 / pH4.5)')  
127 g <- g + scale_x_continuous(breaks=1:2, labels = c('pH4.5', 'pH7'))  
128 g <- g + facet_grid(k ~ variable) ⑤  
129 plot(g)  
130  
131
```

variable	value	k	u
1 c1	-0.29966809	K=3	1
2 c1	0.29966809	K=3	2
3 c1	2.23090312	K=4	1
4 c1	-2.23090312	K=4	2
5 c1	2.27346423	K=5	1
6 c1	-2.27346423	K=5	2
7 c2	1.72700407	K=3	1
8 c2	-1.72700407	K=3	2
9 c2	-0.39771047	K=4	1
10 c2	0.39771047	K=4	2
11 c2	0.03422047	K=5	1
12 c2	-0.03422047	K=5	2

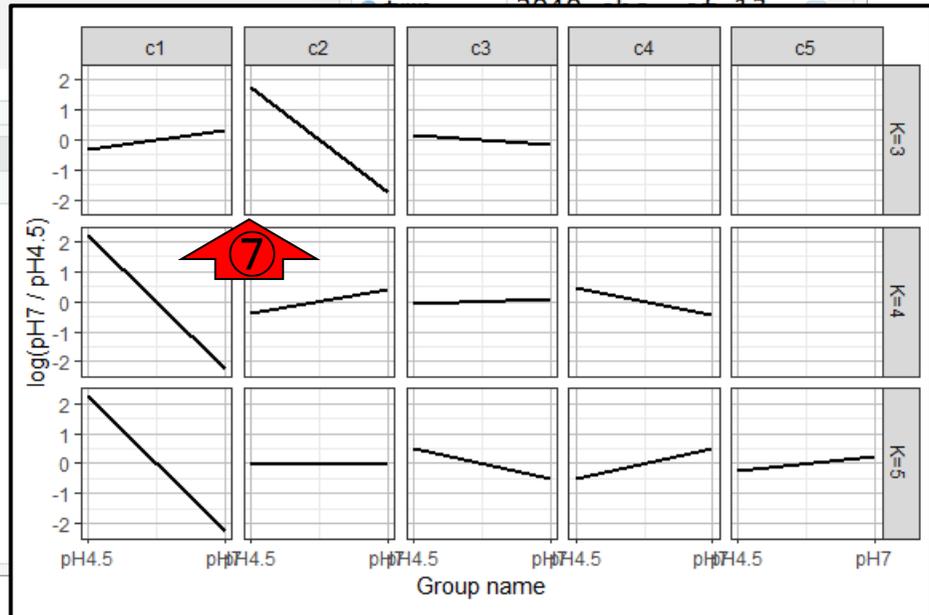
W16: 作図(本番)4

①122行目では、geom_lineという関数を用いて折れ線グラフを作成しています。
②x軸は、③uの値(群ラベル情報)、④y軸は、⑤valueの値(代表パターン)のように指定しているため、⑥で見えているようなプロットになります。例えば⑦は、⑧c2の、K=3の、群ラベルが1のvalueの値なので、縦軸が1.72700407のところにプロットされます。

```
118  
119- ## 8. 作図(本番)  
120- {r, fig.width=6, fig.height=4}  
121 g <- ggplot(data = matome)  
122 g <- g + geom_line(aes(x = u, y = value), size = 1)  
123 g <- g + theme_bw()  
124 g <- g + theme(panel.grid.major = element_line(colour = "gray"),  
125               aspect.ratio = 1)  
126 g <- g + labs(x='Group name', y='log(pH7 / pH4.5)')  
127 g <- g + scale_x_continuous(breaks=1:2, labels = c('pH4.5', 'pH7'))  
128 g <- g + facet_grid(k ~ variable)  
129 plot(g)  
130  
131
```

data	2949 obs. of 6 ...
data_a...	2949 obs. of 9 ...
hoge	List of 7
matome	30 obs. of 4 va...
out	List of 7
PP	num [1:2949, 1:...

	variable	value	k	u
1	c1	-0.29966809	K=3	1
2	c1	0.29966809	K=3	2
3	c1	2.23090312	K=4	1
4	c1	-2.23090312	K=4	2
5	c1	2.27346423	K=5	1
6	c1	-2.27346423	K=5	2
7	c2	1.72700407	K=3	1
8	c2	-1.72700407	K=3	2
9	c2	-0.39771047	K=4	1
10	c2	0.39771047	K=4	2
11	c2	0.03422047	K=5	1
12	c2	-0.03422047	K=5	2

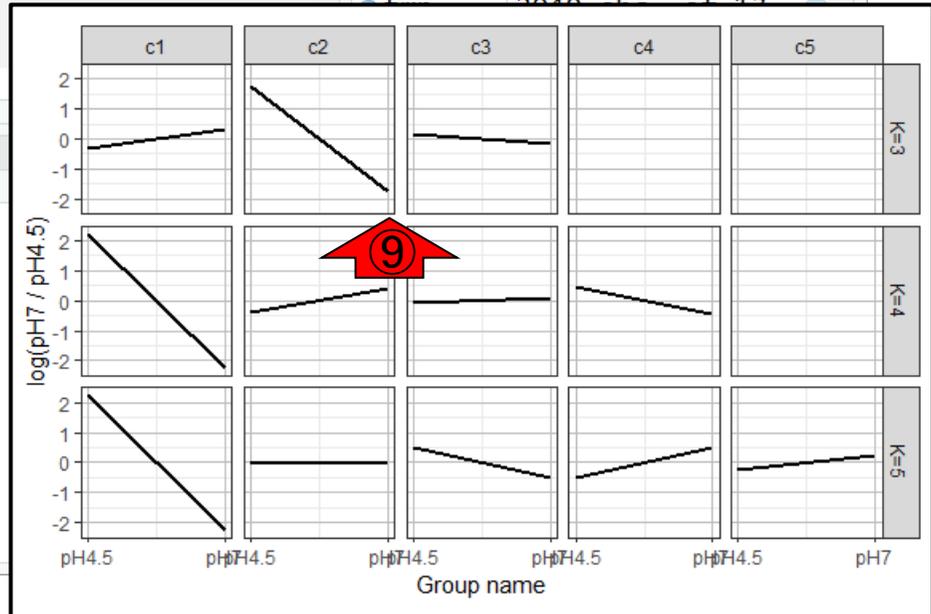


W16: 作図(本番)5

①122行目では、geom_lineという関数を用いて折れ線グラフを作成しています。
②x軸は、③uの値(群ラベル情報)、④y軸は、⑤valueの値(代表パターン)のように指定しているので、⑥で見えているようなプロットになります。例えば⑦は、c2の、K=3の、群ラベルが1のvalueの値なので、縦軸が⑧1.72700407のところプロットされます。折れ線の相手側である⑨は、⑩同じc2でK=3で群ラベルが2のvalueの値(-1.72700407)になります。

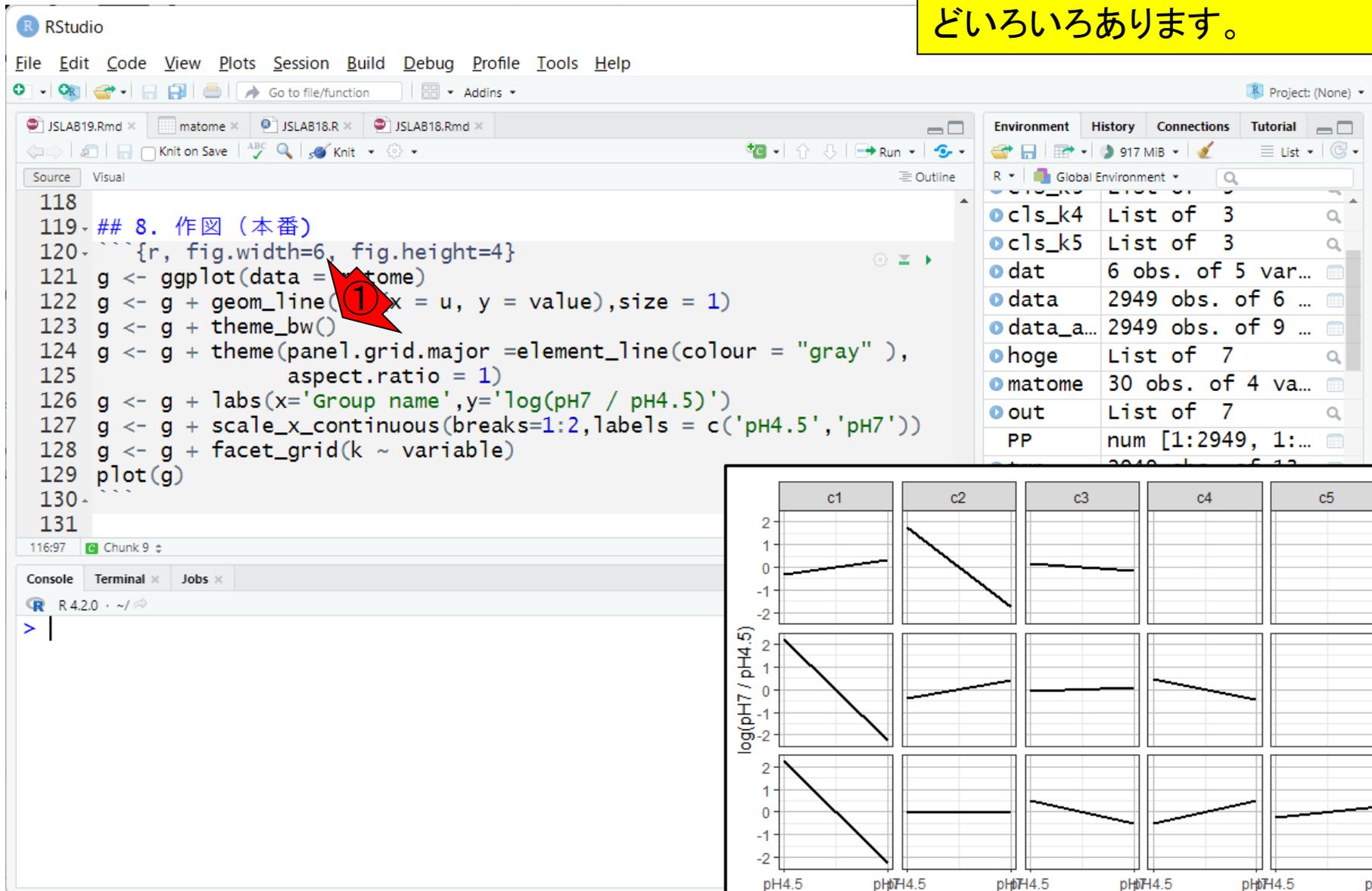
```
118
119- ## 8. 作図(本番)
120- {r, fig.width=6, fig.height=4}
121 g <- ggplot(data = matome)
122 g <- g + geom_line(aes(x = u, y = value), size = 1)
123 g <- g + theme_bw()
124 g <- g + theme(panel.grid.major = element_line(colour = "gray"),
125               aspect.ratio = 1)
126 g <- g + labs(x='Group name', y='log(pH7 / pH4.5)')
127 g <- g + scale_x_continuous(breaks=1:2, labels = c('pH4.5', 'pH7'))
128 g <- g + facet_grid(k ~ variable)
129 plot(g)
130
131
```

variable	value	k	u
c1	-0.29966809	K=3	1
c1	0.29966809	K=3	2
c1	2.23090312	K=4	1
c1	-2.23090312	K=4	2
c1	2.27346423	K=5	1
c1	-2.27346423	K=5	2
c2	1.72700407	K=3	1
c2	-1.72700407	K=3	2
c2	-0.39771047	K=4	1
c2	0.39771047	K=4	2
c2	0.03422047	K=5	1
c2	-0.03422047	K=5	2

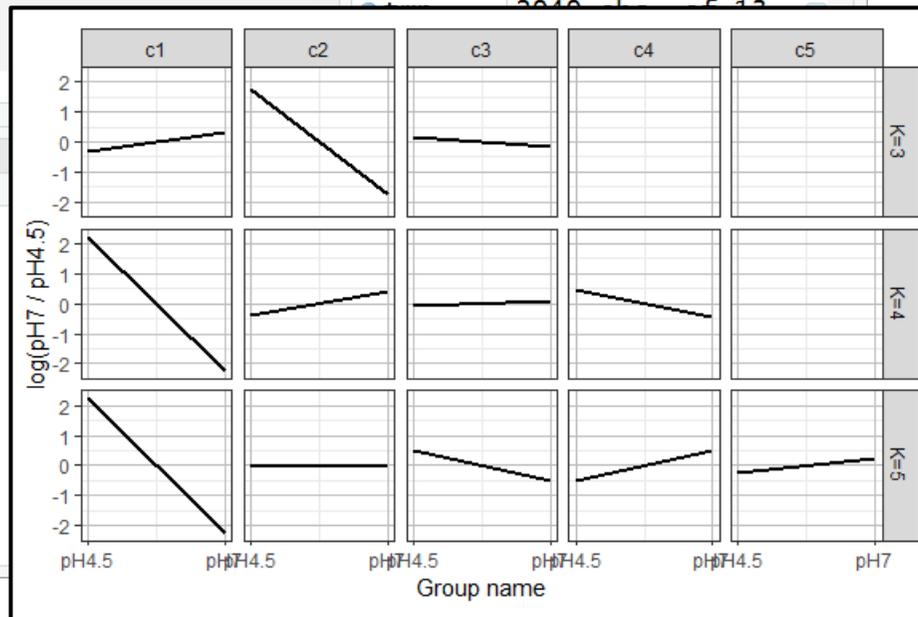


W16: 作図(本番)6

①theme_bwは、プロット部分の背景のテーマに関するパラメータです。デフォルトはtheme_grayで、他にもtheme_darkなどいろいろあります。



```
118
119- ## 8. 作図(本番)
120- {r, fig.width=6, fig.height=4}
121 g <- ggplot(data = matome)
122 g <- g + geom_line(x = u, y = value), size = 1)
123 g <- g + theme_bw()
124 g <- g + theme(panel.grid.major = element_line(colour = "gray"),
125               aspect.ratio = 1)
126 g <- g + labs(x='Group name', y='log(pH7 / pH4.5)')
127 g <- g + scale_x_continuous(breaks=1:2, labels = c('pH4.5', 'pH7'))
128 g <- g + facet_grid(k ~ variable)
129 plot(g)
130
131
```

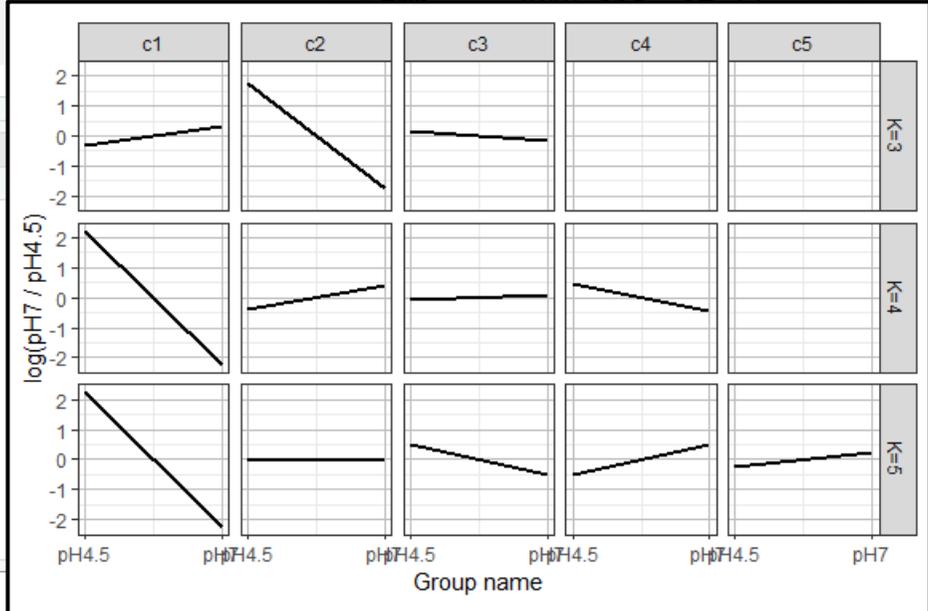


W16: 作図(本番)7

①theme_bwは、プロット部分の背景のテーマに関するパラメータです。デフォルトはtheme_grayで、他にもtheme_darkなどいろいろあります。②の部分についても同様です。例えば③や④をいろいろ変更して実行してみると挙動の違いがわかるでしょう。

```
RStudio
File Edit Code View Plots Session Build Debug Profile Tools Help
JSLAB19.Rmd matome JSLAB18.R JSLAB18.Rmd
Go to file/function Addins
Source Visual
118
119- ## 8. 作図(本番)
120- {r, fig.width=6, fig.height=4}
121 g <- ggplot(data = matome)
122 g <- g + geom_line(aes(x = u, y = value), size = 1)
123 g <- g + theme_bw()
124 g <- g + theme(panel.grid.major = element_line(colour = "gray"),
125               aspect.ratio = 1)
126 g <- g + labs(x='Group name', y='log(pH7 / pH4.5)')
127 g <- g + scale_x_continuous(breaks=1:2, labels = c('pH4.5', 'pH7'))
128 g <- g + facet_grid(k ~ variable)
129 plot(g)
130
131
116:97 Chunk 9
Console Terminal Jobs
R 4.2.0 ~/
```

cls_k4	List of 3
cls_k5	List of 3
dat	6 obs. of 5 var...
data	2949 obs. of 6 ...
data_a...	2949 obs. of 9 ...
hoge	List of 7
matome	30 obs. of 4 va...
out	List of 7
PP	num [1:2949, 1:...



W16: 作図(本番)8

①labs関数は、②x軸、③y軸それぞれの名前を任意の文字で変更するためのものです。

The screenshot shows the RStudio interface with the following R code in the source editor:

```
118  
119- ## 8. 作図(本番)  
120- {r, fig.width=6, fig.height=4}  
121 g <- ggplot(data = matome)  
122 g <- g + geom_line(aes(x = u, y = value), size = 1)  
123 g <- g + theme_bw()  
124 g <- g + theme(panel.grid.major = element_line(colour = "gray"),  
125               aspect_ratio = 1)  
126 g <- g + labs(x='Group name', y='log(pH7 / pH4.5)')  
127 g <- g + scale_x_continuous(breaks=1:2, labels = c('pH4.5', 'pH7'))  
128 g <- g + facet_grid(k ~ variable)  
129 plot(g)  
130  
131
```

The Environment pane on the right shows the following objects:

Object	Type	Value
cls_k4	List of 3	
cls_k5	List of 3	
dat	6 obs. of 5 var...	
data	2949 obs. of 6 ...	
data_a...	2949 obs. of 9 ...	
hoge	List of 7	
matome	30 obs. of 4 va...	
out	List of 7	
PP	num [1:2949, 1:...	

The plot output is a 3x5 grid of faceted plots. The y-axis is labeled $\log(\text{pH7} / \text{pH4.5})$ and the x-axis is labeled Group name. The columns are labeled c1, c2, c3, c4, c5. The rows are labeled K=3, K=4, K=5. Red arrows point to the following elements in the plot:

- ①: The y-axis label $\log(\text{pH7} / \text{pH4.5})$.
- ②: The x-axis label Group name.
- ③: The facet label K=5.

W16: 作図 (本番) 9

① `scale_x_continuous` 関数は、 x 軸のスケールを、② (ラベルが1と2なので) 1から2の間をとる連続値として指定するものです。

The screenshot shows the RStudio interface with the following R code in the source editor:

```
118  
119- ## 8. 作図 (本番)  
120- {r, fig.width=6, fig.height=4}  
121 g <- ggplot(data = matome)  
122 g <- g + geom_line(aes(x = u, y = value), size = 1)  
123 g <- g + theme_bw()  
124 g <- g + theme(panel.grid.major = element_line(colour = "gray"),  
125               aspect.ratio = 1)  
126 g <- g + labs(x='Group name', y='log(pH7 / pH4.5)')  
127 g <- g + scale_x_continuous(breaks=1:2, labels = c('pH4.5', 'pH7'))  
128 g <- g + facet_grid(k ~ variable)  
129 plot(g)  
130  
131
```

The Environment pane on the right shows the following objects:

Object	Type	Value
Global Environment		
cls_k4	List of 3	
cls_k5	List of 3	
dat	6 obs. of 5 var...	
data	2949 obs. of 6 ...	
data_a...	2949 obs. of 9 ...	
hoge	List of 7	
matome	30 obs. of 4 va...	
out	List of 7	
PP	num [1:2949, 1:...	

The plot output is a 3x5 grid of faceted line plots. The y-axis is labeled $\log(\text{pH7} / \text{pH4.5})$ and ranges from -2 to 2. The x-axis is labeled "Group name" and has two major ticks: pH4.5 and pH7. The columns are labeled c1 through c5, and the rows are labeled K=3, K=4, and K=5. Red arrows point to the `breaks=1:2` and `labels = c('pH4.5', 'pH7')` parts of the code, corresponding to the x-axis ticks in the plot.

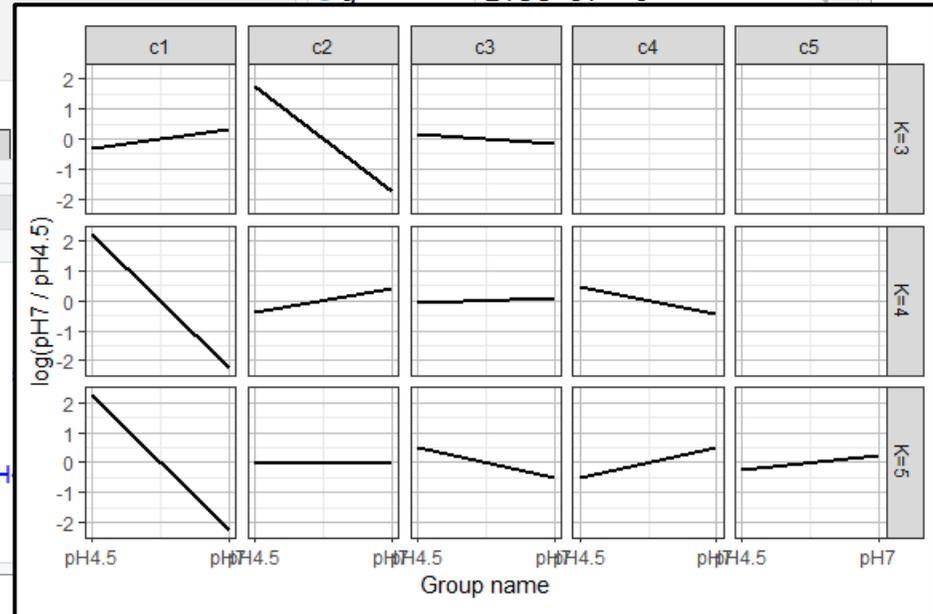
W16: 作図(本番)10

①チャンクの実行結果。②のあたりでもうっすら見えているが、③のような図が得られます。ちなみに、128行目の `facet_grid` のところで、④「`k ~ variable`」を...

```
119 ## 8. 作図(本番)
120 {r, fig.width=6, fig.height=4}
121 g <- ggplot(data = matome)
122 g <- g + geom_line(aes(x = u, y = value), size = 1)
123 g <- g + theme_bw()
124 g <- g + theme(panel.grid.major = element_line(colour = "gray"),
125               aspect.ratio = 1)
126 g <- g + labs(x='Group name', y='log(pH7 / pH4.5)')
127 g <- g + scale_x_continuous(breaks=1:2, labels =
128                             c('pH4.5', 'pH7'))
129 g <- g + facet_grid(k ~ variable)
130 plot(g)
```

Console output:

```
> g <- ggplot(data = matome)
> g <- g + geom_line(aes(x = u, y = value), size = 1)
> g <- g + theme_bw()
> g <- g + theme(panel.grid.major = element_line(colour = "gray")
+               aspect.ratio = 1)
> g <- g + labs(x='Group name', y='log(pH7 / pH4.5)')
> g <- g + scale_x_continuous(breaks=1:2, labels = c('pH4.5', 'pH7'))
> g <- g + facet_grid(k ~ variable)
> plot(g)
```



W16: 作図(本番)11

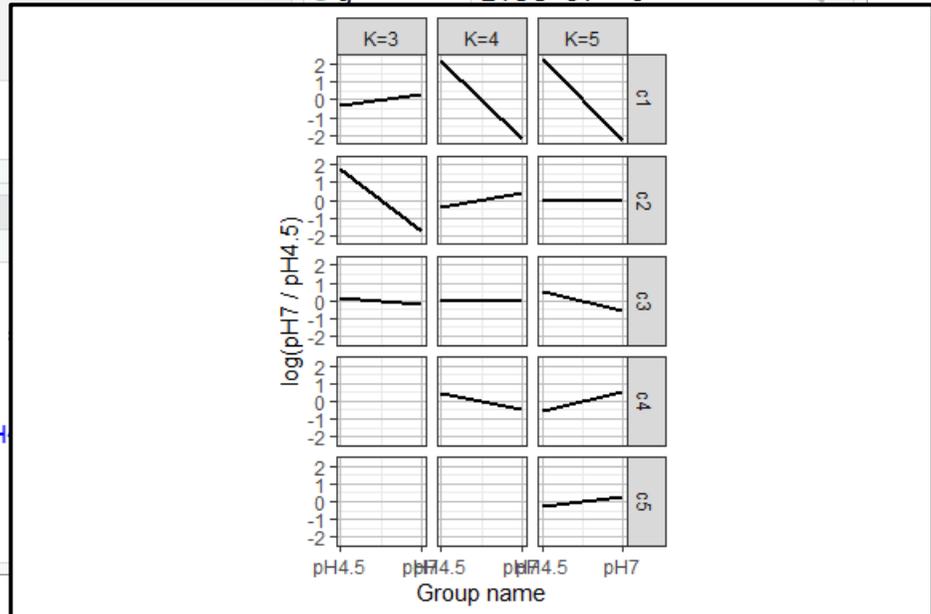
①チャンクの実行結果。②のあたりでもうっすら見えているが、③のような図が得られます。ちなみに、128行目の `facet_grid` のところで、④「`k ~ variable`」を、⑤「`variable ~ k`」のようにして実行すると、⑥行と列を転置させたような図が得られます。この場合は、⑦`fig.width=4`, `fig.height=6`のように縦横のサイズも指定しなおしたほうがよかったですね。

```
119 ## 8. 作図(本番)
120 {r, fig.width=6, fig.height=4}
121 g <- ggplot(data = matome)
122 g <- g + geom_line(aes(x = u, y = value), size = 1)
123 g <- g + theme_bw()
124 g <- g + theme(panel.grid.major = element_line(colour = "gray"),
125               aspect.ratio = 1)
126 g <- g + labs(x = 'Group name', y = 'log(pH7 / pH4.5)')
127 g <- g + scale_x_continuous(breaks = 1:2, labels = c('pH4.5', 'pH7'))
128 g <- g + facet_grid(variable ~ k)
129 plot(g)
130
```

Console output:

```
> g <- g + geom_line(aes(x = u, y = value), size = 1)
> g <- g + theme_bw()
> g <- g + theme(panel.grid.major = element_line(colour = "gray"),
+               aspect.ratio = 1)
> g <- g + labs(x = 'Group name', y = 'log(pH7 / pH4.5)')
> g <- g + scale_x_continuous(breaks = 1:2, labels = c('pH4.5', 'pH7'))
> g <- g + facet_grid(variable ~ k)
> plot(g)
```

cls_k3	List of 3
cls_k4	List of 3
cls_k5	List of 3
dat	6 obs. of 5 variab...
data	2949 obs. of 6 var...
data_a...	2949 obs. of 9 var...
g	List of 9



Contents

■ R Markdown

- W01: 事前準備、W02: インストール (rmarkdownとpandoc)
- W03: 依存関係、W04: R Markdownの基本的な利用法
- W05: JSLAB18.Rの一部をRmd化 (JSLAB18.Rmdの作成)、W06: Tips (YAMLヘッダ)

■ JSLAB18.Rの全部をRmd化 (JSLAB19.Rmdの作成)

- W07: パッケージのロード (チャンク1)
- W08: サンプルのクラスタリング (チャンク2)
- W09: 見出しやチャンク番号
- W10: ファイルの読込とsubsetting (チャンク3)
- W11: TCC正規化 (チャンク4)
- W12: MBCluster.Seq実行の共通部分 (チャンク5)
- W13: MBCluster.Seq本番 (K=3) (チャンク6)
- W14: MBCluster.Seq本番 (K=4~5) (チャンク7~8)
- W15: 作図 (元データの作成) (チャンク9)
- W16: 作図 (本番) (チャンク10)
- W17: Knit

W17: Knit1

RStudio interface showing R code and environment.

Code (Source View):

```

118
119 ## 8. 作図 (本番)
120 {r, fig.width=6, fig.height=4}
121 g <- ggplot(data = matome)
122 g <- g + geom_line(aes(x = u, y = value), size = 1)
123 g <- g + theme_bw()
124 g <- g + theme(panel.grid.major = element_line(colour = "gray" ),
125               aspect.ratio = 1)
126 g <- g + labs(x = 'Group name', y = 'log(pH7 / pH4.5)')
127 g <- g + scale_x_continuous(breaks = 1:2, labels =
128                             c('pH4.5', 'pH7'))
129 g <- g + facet_grid(k ~ variable)
130 plot(g)
131

```

Environment (Data View):

Object	Type	Size
c0	List of 2	
cls	List of 3	
cls_k3	List of 3	
cls_k4	List of 3	
cls_k5	List of 3	
dat	6 obs. of 5 variab...	
data	2949 obs. of 6 var...	
data_a...	2949 obs. of 9 var...	
g	List of 9	
hoge	List of 7	
matome	30 obs. of 4 varia...	

Console (Terminal View):

```

> g <- g + geom_line(aes(x = u, y = value), size = 1)
> g <- g + theme_bw()
> g <- g + theme(panel.grid.major = element_line(colour = "gray" ),
+               aspect.ratio = 1)
> g <- g + labs(x = 'Group name', y = 'log(pH7 / pH4.5)')
> g <- g + scale_x_continuous(breaks = 1:2, labels = c('pH4.5', 'pH7'))
> g <- g + facet_grid(variable ~ k)
> plot(g)
>

```

Files View:

Name	Size	Modified
..		
JSLAB18.R	4.2 KB	May
JSLAB18.Rmd	683 B	May
JSLAB18.xlsx	186 KB	May
JSLAB19.html	897.6 KB	May
JSLAB19.Rmd	3.7 KB	Jun
MBCdeg_K3.xlsx	231.3 KB	Jun
MBCdeg_K4.xlsx	272.8 KB	Jun
MBCdeg_K5.xlsx	315 KB	Jun
test19.html	609.6 KB	May

W17: Knit2

①元に戻して、②Knit。Knit中...。③はチャンク8を実行中だという意味です。

The screenshot shows the RStudio interface with the following components:

- Source Editor:** Contains R code for creating a faceted ggplot. The code is as follows:

```
118  
119 ## 8. 作図 (本番)  
120 {r, fig.width=6, fig.height=4}  
121 g <- ggplot(data = matome)  
122 g <- g + geom_line(aes(x = u, y = value), size = 1)  
123 g <- g + theme_bw()  
124 g <- g + theme(panel.grid.major = element_line(colour = "gray"),  
125               aspect.ratio = 1)  
126 g <- g + labs(x = 'Group name', y = 'log(pH7 / pH4.5)')  
127 g <- g + scale_x_continuous(breaks = 1:2, labels =  
128 c('pH4.5', 'pH7'))  
129 g <- g + facet_grid(k ~ variable)  
130 plot(g)  
131
```
- Environment Pane:** Shows the Global Environment with a list of objects:

Object	Type
c0	List of 2
c1s	List of 3
c1s_k3	List of 3
c1s_k4	List of 3
c1s_k5	List of 3
dat	6 obs. of 5 variab...
data	2949 obs. of 6 var...
data_a...	2949 obs. of 9 var...
g	List of 9
hoge	List of 7
matome	30 obs. of 4 varia...
- Console Pane:** Shows the progress of chunk 8. The output is:

```
label: unnamed-chunk-7  
| .....  
| 75%  
ordinary text without R code  
| .....  
| 80%  
label: unnamed-chunk-8
```

A red arrow with the number 3 points to the 'label: unnamed-chunk-8' line in the console, indicating that chunk 8 is currently executing.

W17: Knit3

①元に戻して、②Knit。Knit中...。③はチャック8を実行中だという意味です。Knit完了後の状態。

The screenshot displays the RStudio interface during the Knit process for a file named JSLAB19.Rmd. The interface is divided into three main sections:

- Source Editor (Left):** Shows the R source code for chunk 10, lines 118-131. The code uses `ggplot2` to create a faceted plot of data from `JSLAB18.xlsx`, faceted by group name and pH level.
- Viewer (Right):** Shows the rendered HTML output. It includes a title "サンプルのクラスタリング", author "MAKINO Manon", date "2022-05-31", and a code block for the R chunk. Below the code is a "Cluster Dendrogram" plot showing hierarchical clustering of samples based on pH and group.
- Console (Bottom):** Shows the R session output for the chunk, including the execution of `geom_line`, `theme_bw`, `facet_grid`, and `plot`.

The rendered HTML output includes the following code block:

```
data <- read.xlsx("JSLAB18.xlsx", rowNames=TRUE)
out <- clusterSample(data, dist.method="spearman",
  hclust.method="average", unique.pattern=TRUE)
plot(out)
```

The "Cluster Dendrogram" plot shows the following labels on the x-axis:

- pH7_CCG_2
- pH7_CCG_3
- pH4.5_1h_1
- pH7_CCG_1
- pH4.5_1h_2
- pH4.5_1h_3
- pH4.5_24h_1
- pH4.5_24h_2
- pH4.5_24h_3

The y-axis is labeled "Height" and ranges from 0.00 to 0.10. The plot title is "Cluster Dendrogram".

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

```
> g <- g + geom_line(aes(x = u, y = v))
> g <- g + theme_bw()
> g <- g + theme(panel.grid.major = FALSE,
+               aspect.ratio = 1)
> g <- g + labs(x='Group name', y='pH')
> g <- g + scale_x_continuous(breaks = c('pH4.5', 'pH7'))
> g <- g + facet_grid(variable ~ pH)
> plot(g)
```

W17: Knit4

①元に戻して、②Knit。Knit中...。③はチャック8を実行中だという意味です。Knit完了後の状態。④(レベル1の見出し)をクリックした状態。赤枠で示したような、レベル2の見出しが見られるようになります。

RStudio interface showing R code in the source editor and the console output.

```
118  
119 ## 8. 作図 (本番)  
120 {r, fig.width=6, fig.height=4}  
121 g <- ggplot(data = matome)  
122 g <- g + geom_line(aes(x = u, y = v))  
123 g <- g + theme_bw()  
124 g <- g + theme(panel.grid.major = FALSE, aspect.ratio = 1)  
125 g <- g + labs(x = 'Group name', y = 'Count')  
126 g <- g + scale_x_continuous(breaks = c('pH4.5', 'pH7'))  
127 g <- g + facet_grid(k ~ var, scales = 'fixed')  
128 plot(g)  
129  
130  
131
```

```
> g <- g + geom_line(aes(x = u, y = v))  
> g <- g + theme_bw()  
> g <- g + theme(panel.grid.major = FALSE, aspect.ratio = 1)  
> g <- g + labs(x = 'Group name', y = 'Count')  
> g <- g + scale_x_continuous(breaks = c('pH4.5', 'pH7'))  
> g <- g + facet_grid(variable ~ k, scales = 'fixed')  
> plot(g)  
>
```

MBCdeg2の実行

1. ファイルの読込とsubsetting
2. 群ラベル情報の作成とTCC正規化
3. MBCCluster.Seq実行の共通部分
4. MBCCluster.Seq本番(K=3)
5. MBCCluster.Seq本番(K=4)
6. MBCCluster.Seq本番(K=5)
7. 作図(元データの作成)
8. 作図 (本番)

```
data_all <- read.xlsx("JSLAB18.xlsx", rowNames=TRUE)  
data <- data_all[, 4:9]
```

2. 群ラベル情報の作成とTCC正規化

```
data.c1 <- c(1,1,1,2,2,2)  
tcc <- new('TCC', data, data.c1)  
tcc <- calcNormFactors(tcc, norm.method="tmm", test.method="edger",  
  iteration=3, FDR=0.1, floorPDEG=0.05)
```

```
## TCC::INFO: Calculating normalization factors using DEGES  
  
## TCC::INFO: (iDEGES pipeline : tmm - [ edger - tmm ] X 3 )  
  
## TCC::INFO: Done.
```

```
norm.factors <- tcc$norm.factors  
ef.libsizes <- colSums(data)*norm.factors  
size.factors <- ef.libsizes/mean(ef.libsizes)
```

3. MBCCluster.Seq実行の共通部分

```
set.seed(2022)  
hoge <- RNASeq.Data(Count = data, Treatment = data.c1,  
  Normalizer= log(size.factors))
```

4. MBCCluster.Seq本番(K=3)

W17: Knit5

①元に戻して、②Knit。Knit中...。③はチャンク8を実行中だという意味です。Knit完了後の状態。④(レベル1の見出し)をクリックした状態。赤枠で示したような、レベル2の見出しが見られるようになります。⑤作図本番もうまくいってますね。

RStudio interface showing the source editor with R code for a ggplot, the console with the execution output, and a table of contents on the right side of the document viewer.

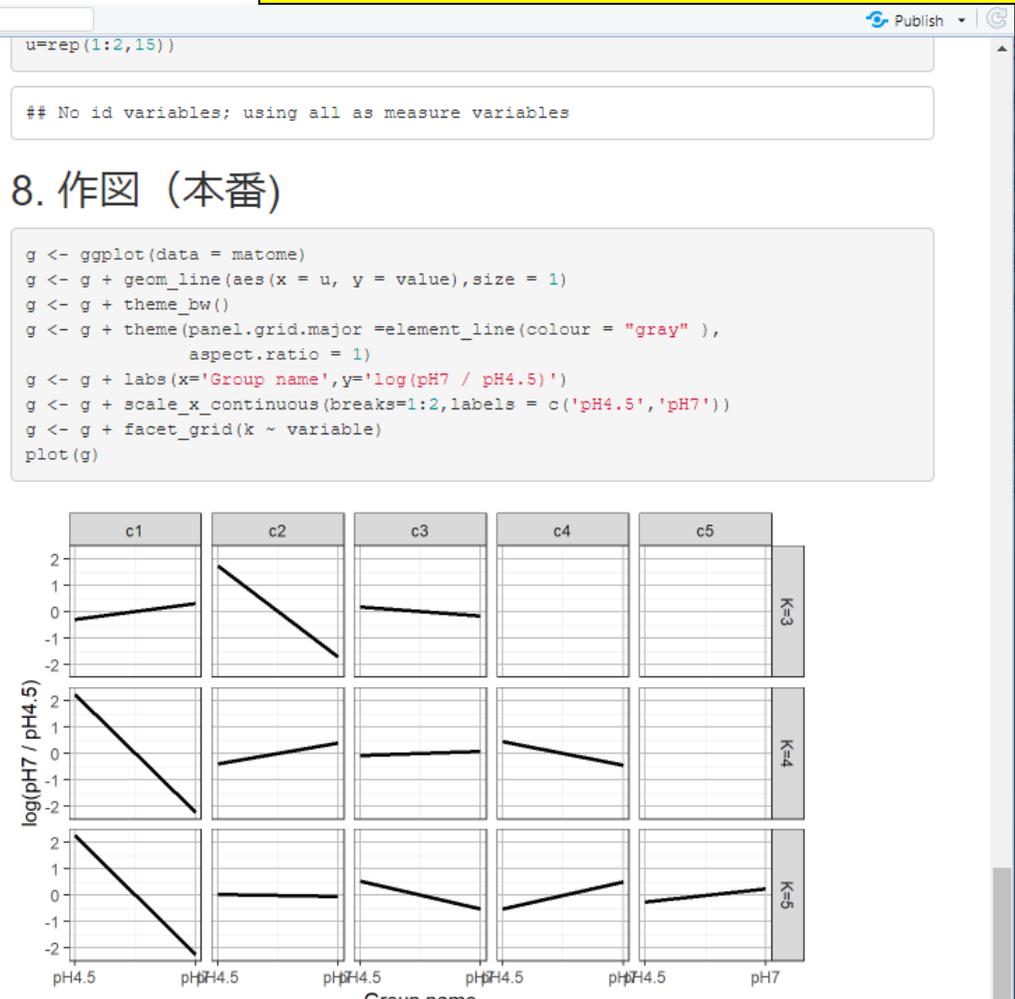
```
118
119 ## 8. 作図 (本番)
120 {r, fig.width=6, fig.height=4}
121 g <- ggplot(data = matome)
122 g <- g + geom_line(aes(x = u, y = value))
123 g <- g + theme_bw()
124 g <- g + theme(panel.grid.major = element_line(colour = "gray"),
125               aspect.ratio = 1)
126 g <- g + labs(x='Group name', y='log(pH7 / pH4.5)')
127 g <- g + scale_x_continuous(breaks=1:2, labels = c('pH4.5', 'pH7'))
128 g <- g + facet_grid(k ~ variable)
129 plot(g)
```

Console output:

```
> g <- g + geom_line(aes(x = u, y = value))
> g <- g + theme_bw()
> g <- g + theme(panel.grid.major = element_line(colour = "gray"),
+               aspect.ratio = 1)
> g <- g + labs(x='Group name', y='log(pH7 / pH4.5)')
> g <- g + scale_x_continuous(breaks=1:2, labels = c('pH4.5', 'pH7'))
> g <- g + facet_grid(variable ~ k)
> plot(g)
```

Table of Contents:

- 1. ファイルの読み込みとsubsetting
- 2. 群ラベル情報の作成とTCC正規化
- 3. MBCCluster.Seq実行の共通部分
- 4. MBCCluster.Seq本番(K=3)
- 5. MBCCluster.Seq本番(K=4)
- 6. MBCCluster.Seq本番(K=5)
- 7. 作図(元データの作成)
- 8. 作図 (本番) **⑤**



W17: Knit6

①元に戻して、②Knit。Knit中...。③はチャンク8を実行中だという意味です。Knit完了後の状態。④(レベル1の見出し)をクリックした状態。赤枠で示したような、レベル2の見出しが見られるようになります。⑤作図本番もうまくいってますね。①Filesタブ上で、②Modifiedで更新日付順にソートすると、③確かにJSLAB19.htmlが作成されていることがわかります。

The screenshot displays the RStudio interface. The top pane shows R code for creating a faceted plot. The middle pane shows the console output of the code. The bottom pane shows the Files view, sorted by Modified date, with JSLAB19.html highlighted.

```
118
119 ## 8. 作図 (本番)
120 {r, fig.width=6, fig.height=4}
121 g <- ggplot(data= matome)
122 g <- g + geom_line(aes(x = u, y = value),size = 1)
123 g <- g + theme_bw()
124 g <- g + theme(panel.grid.major =element_line(colour = "gray" ),
125               aspect.ratio = 1)
126 g <- g + labs(x='Group name',y='log(pH7 / pH4.5)')
127 g <- g + scale_x_continuous(breaks=1:2,labels =
128                             c('pH4.5','pH7'))
129 g <- g + facet_grid(k ~ variable)
130 plot(g)
131
```

```
> g <- g + geom_line(aes(x = u, y = value),size = 1)
> g <- g + theme_bw()
> g <- g + theme(panel.grid.major =element_line(colour = "gray" ),
+               aspect.ratio = 1)
> g <- g + labs(x='Group name',y='log(pH7 / pH4.5)')
> g <- g + scale_x_continuous(breaks=1:2,labels = c('pH4.5','pH7'))
> g <- g + facet_grid(variable ~ k)
> plot(g)
>
```

Name	Size	Modified
..		
JSLAB19.html	4.5 KB	Jun 12, 2022, 11:59 AM
MBCdeg_K5.xlsx	1.5 KB	Jun 12, 2022, 11:59 AM
MBCdeg_K4.xlsx	272.8 KB	Jun 12, 2022, 11:58 AM
MBCdeg_K3.xlsx	231.3 KB	Jun 12, 2022, 11:58 AM
JSLAB19.Rmd	3.7 KB	Jun 12, 2022, 11:58 AM
JSLAB18.Rmd	683 B	May 27, 2022, 2:02 PM
test19.html	609.6 KB	May 25, 2022, 3:25 PM
test19.Rmd	180 B	May 25, 2022, 3:25 PM
JSLAB18.R	4.2 KB	May 8, 2022, 1:05 PM