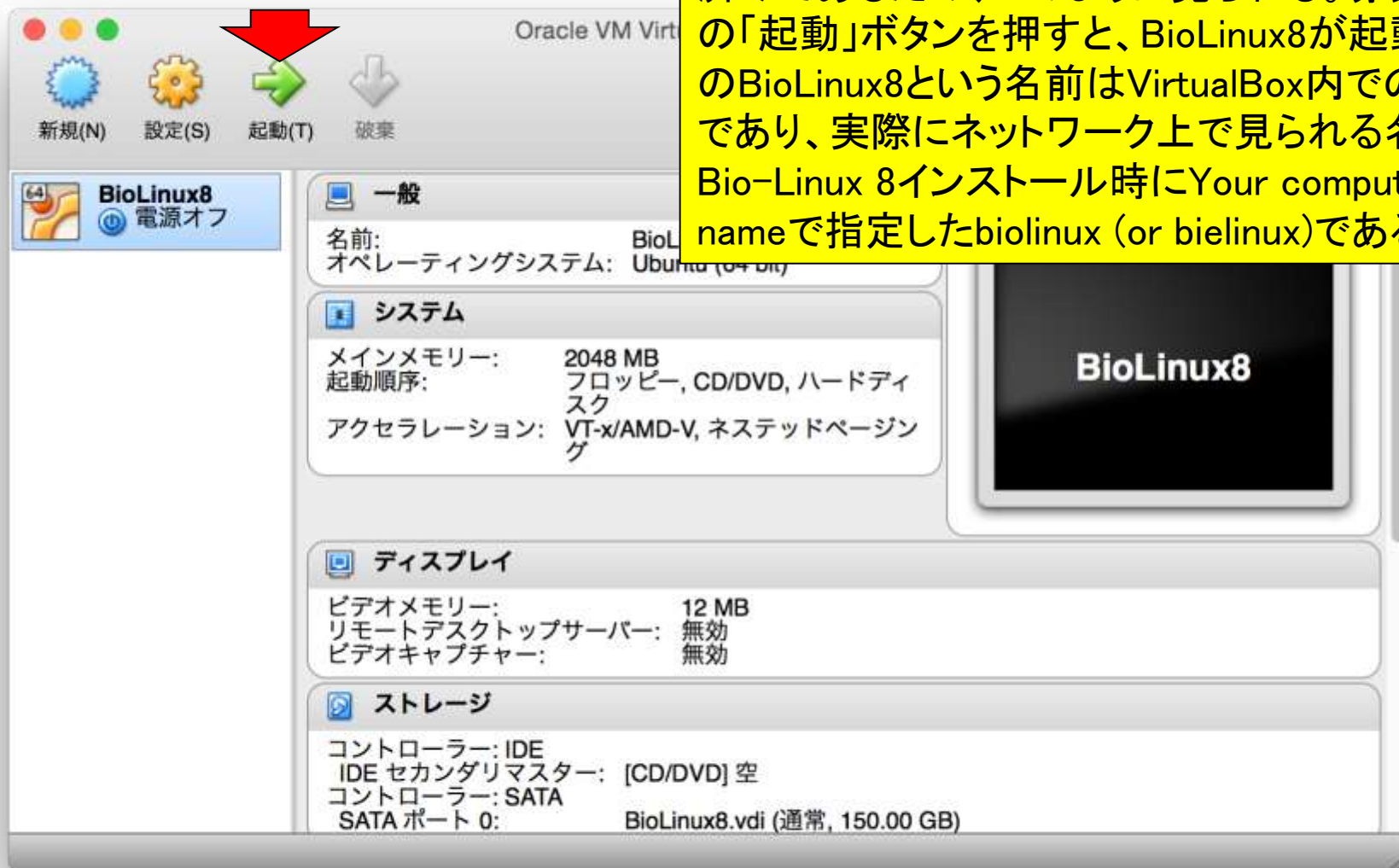


次世代シーケンサーデータの解析手法 第3回Linux環境構築からNGSデータ取得まで ウェブ資料 (Macintosh版)

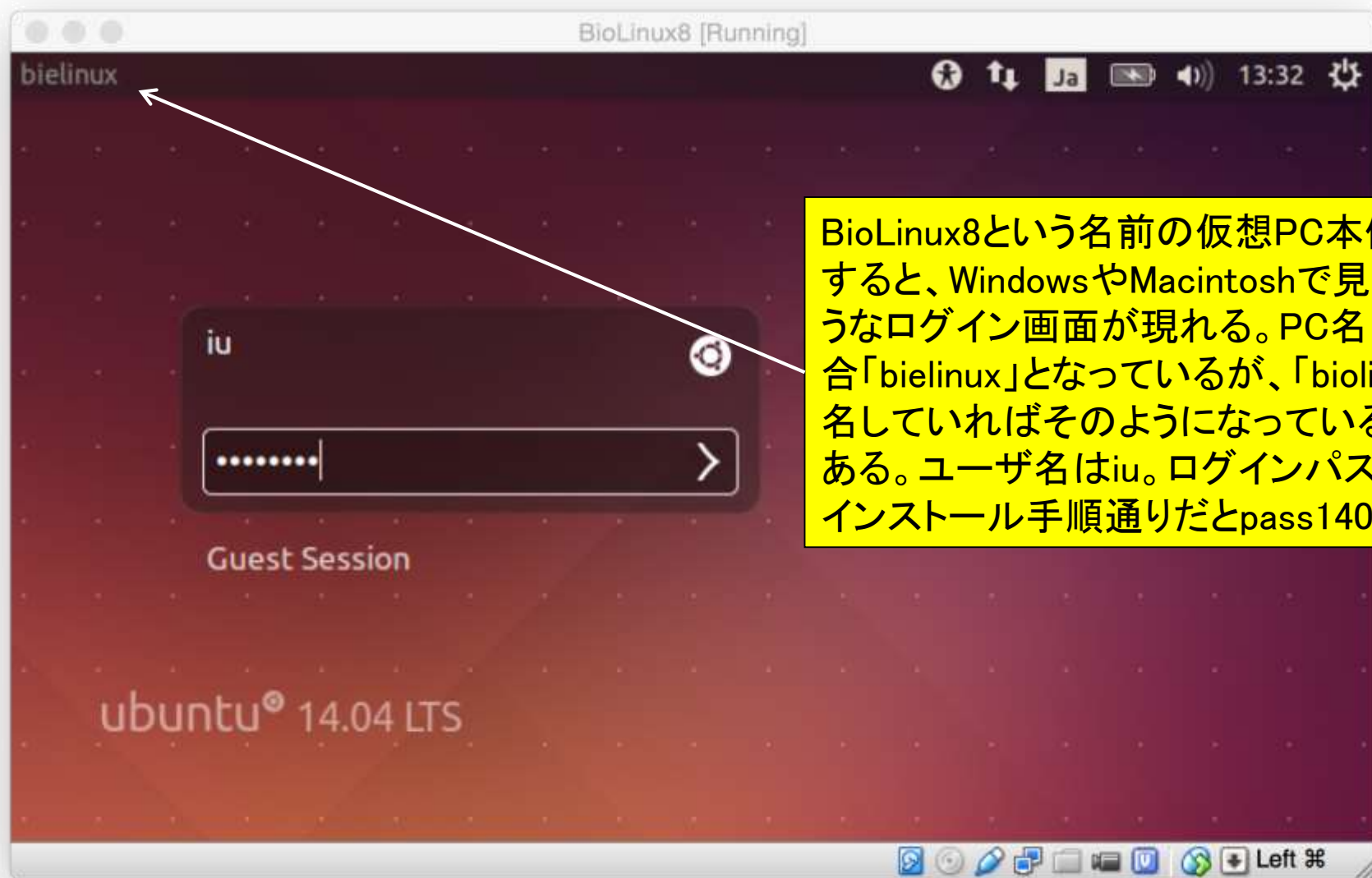
東京大学・大学院農学生命科学研究科
孫 建強、三浦 文、清水 謙多郎、門田幸二
kadota@bi.a.u-tokyo.ac.jp
<http://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/>

ウェブ資料1 (W1)



仮想化ソフトVirtualBox起動直後の画面。BioLinux8という名前の仮想PC本体(仮想マシン環境)を導入済みであるため、このように見られる。赤矢印部分の「起動」ボタンを押すと、BioLinux8が起動する。このBioLinux8という名前はVirtualBox内での識別用であり、実際にネットワーク上で見られる名前はBio-Linux 8インストール時にYour computer's nameで指定したbiolinux (or bielinux)である。

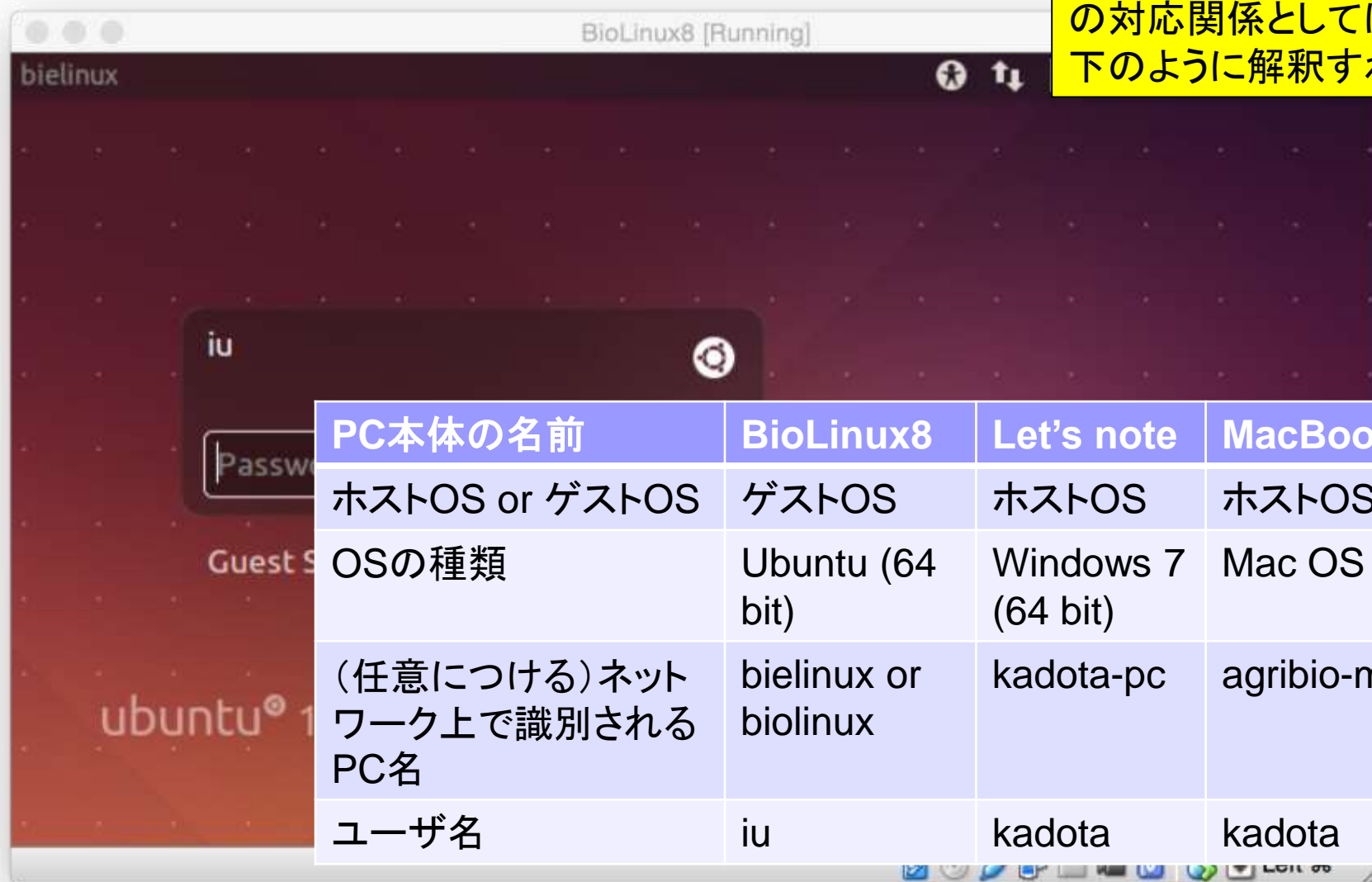
ウェブ資料2-1 (W2-1)



BioLinux8という名前の仮想PC本体を起動すると、WindowsやMacintoshで見られるようなログイン画面が現れる。PC名はこの場合「bielinux」となっているが、「biolinux」と命名していればそのようになっているはずである。ユーザ名はiu。ログインパスワードはインストール手順通りだとpass1409となる。

W2-2

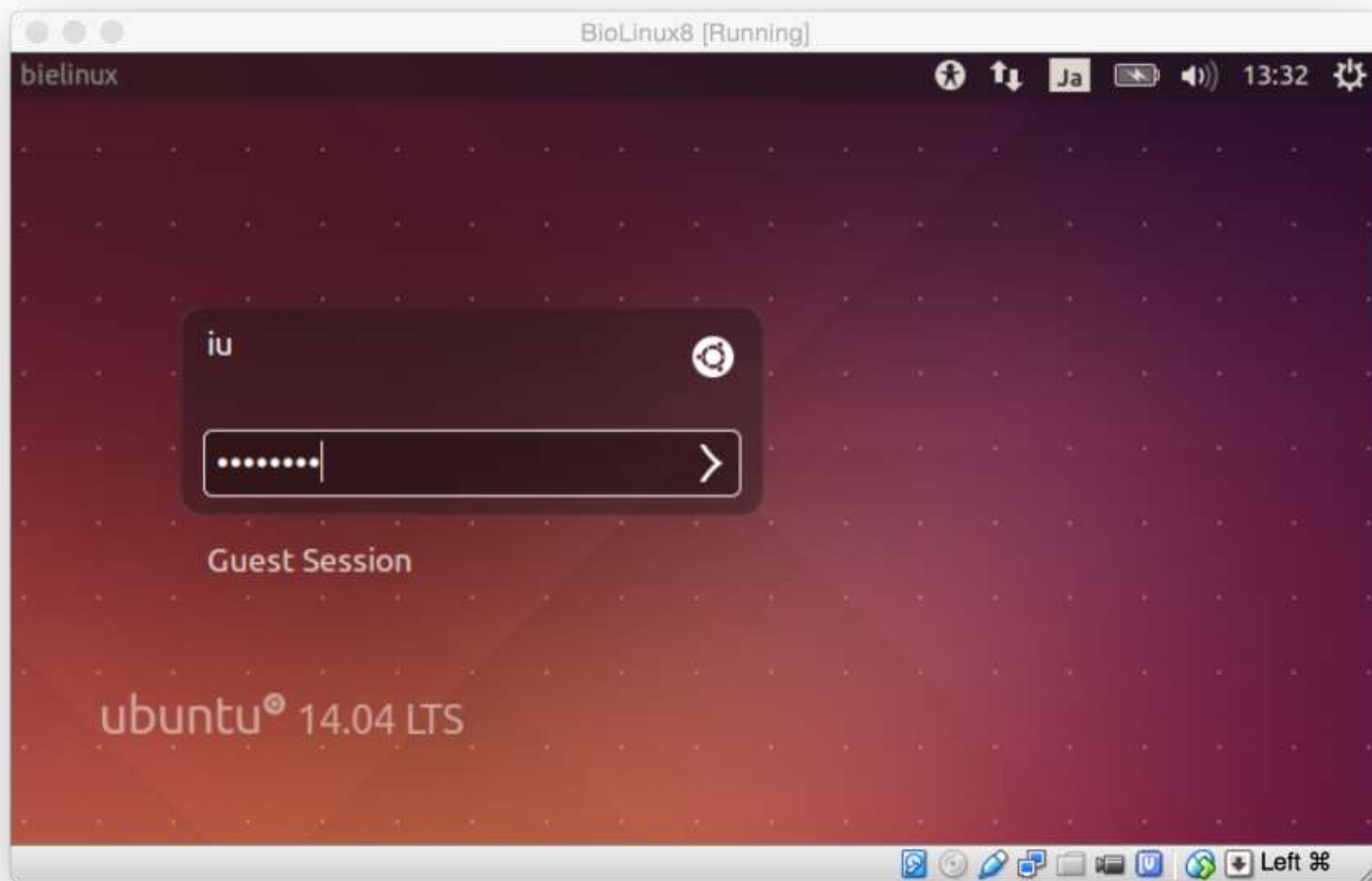
連載第2回で用いたWindows PC (Panasonic Let's note)とMacintosh PC (MacBook)との対応関係としては、概ね以下のように解釈すればよい。



PC本体の名前	BioLinux8	Let's note	MacBook
ホストOS or ゲストOS	ゲストOS	ホストOS	ホストOS
OSの種類	Ubuntu (64 bit)	Windows 7 (64 bit)	Mac OS X (32 bit)
(任意につける)ネットワーク上で識別されるPC名	bielinux or biolinux	kadota-pc	agribio-macbook
ユーザ名	iu	kadota	kadota

W2-3

ログインパスワードを打ち込んで「Enter」キーを押す。



W2-4

ホストOSがMacintosh環境下でのBio-Linux 8起動直後の状態。



W3-1

点線の赤枠部分に相当するBioLinux8のウィンドウがアクティブでない場合に、W2-4のスクリーンショット (command + shift + 3) を得ることができる。赤枠の範囲外でマウスクリックした状態であるため、BioLinux8 ウィンドウ左上のボタンが灰色になっている (つまり非アクティブ) になっていることが分かる。



W3-2

BioLinux8のウィンドウがアクティブな状態だとウィンドウ左上のボタンがカラーになる。この状態ではW2-4のようなスクリーンショットを得られない。デジカメで撮影。



W3-3

BioLinux8ウィンドウがアクティブ状態の拡大図。



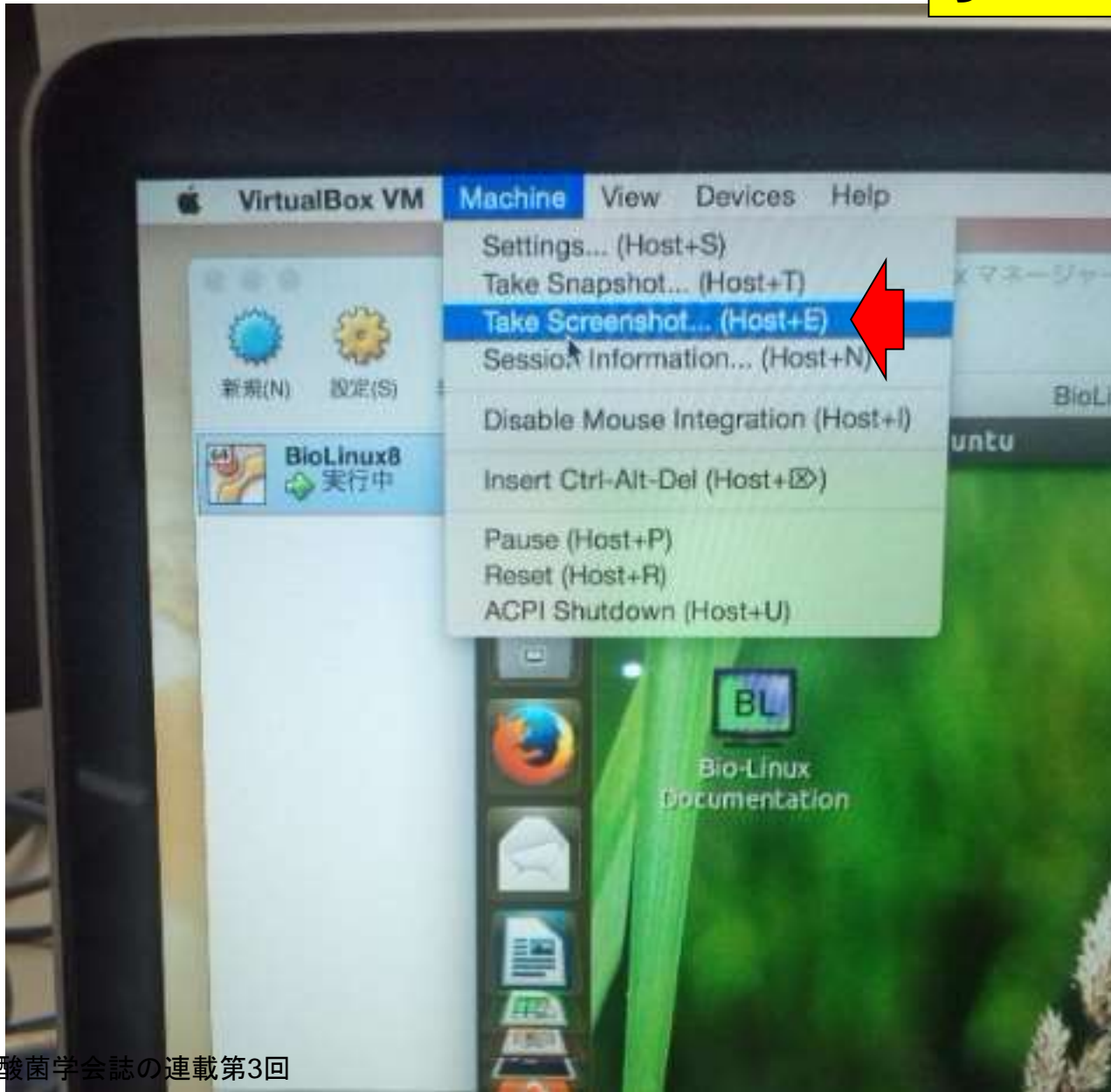
W4-1

BioLinux8ウィンドウ(ゲストOS)がアクティブな状態でcommand + shift + 3を押してもデスクトップにpngファイルが生成されず何も起こらない。



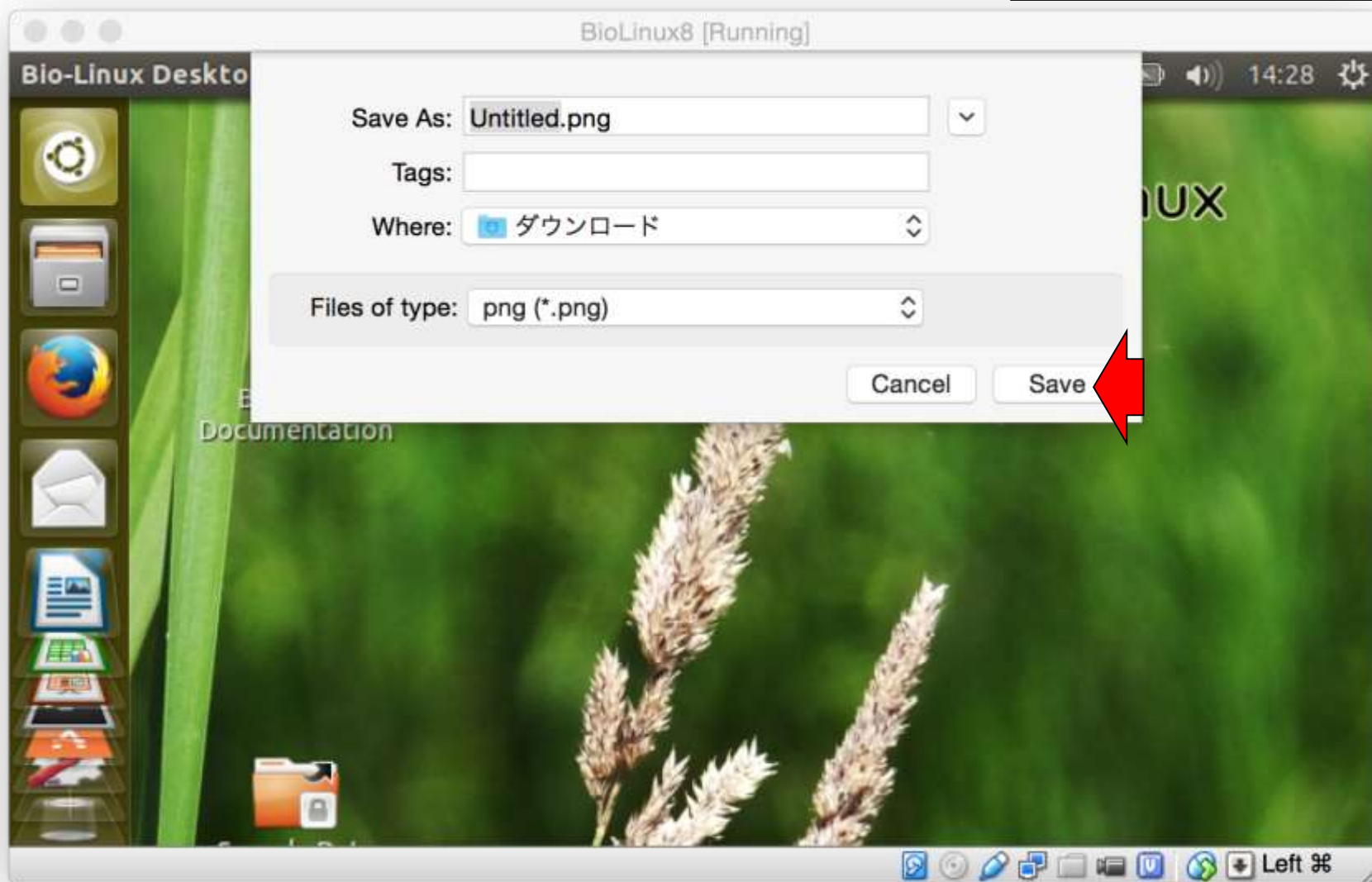
W4-2

BioLinux8ウィンドウ(ゲストOS)がアクティブな状態で、画面左上のメニューバーから「Machine」-「Take Screenshot...」。



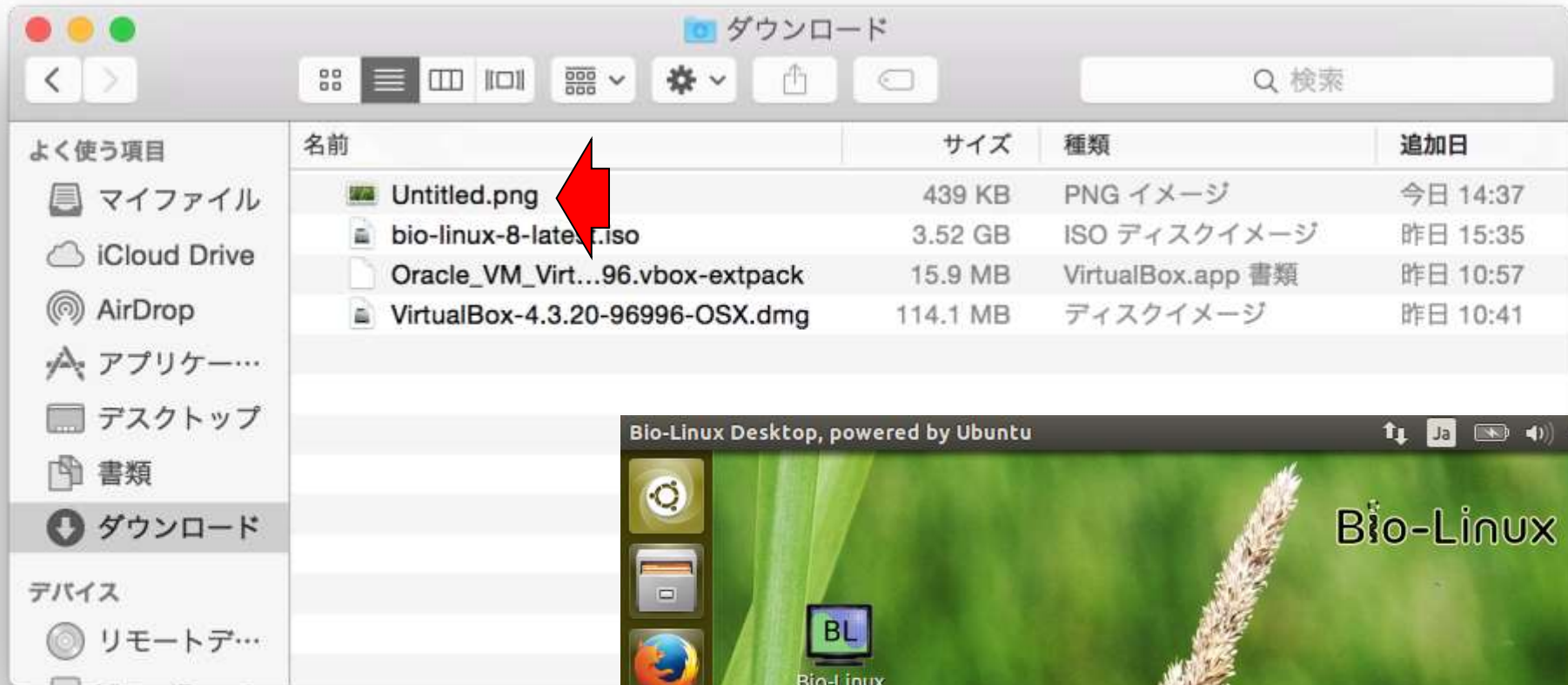
W4-2

スクリーンショットのファイル形式や保存先を聞かれる。ここではそのままSaveボタンを押す。



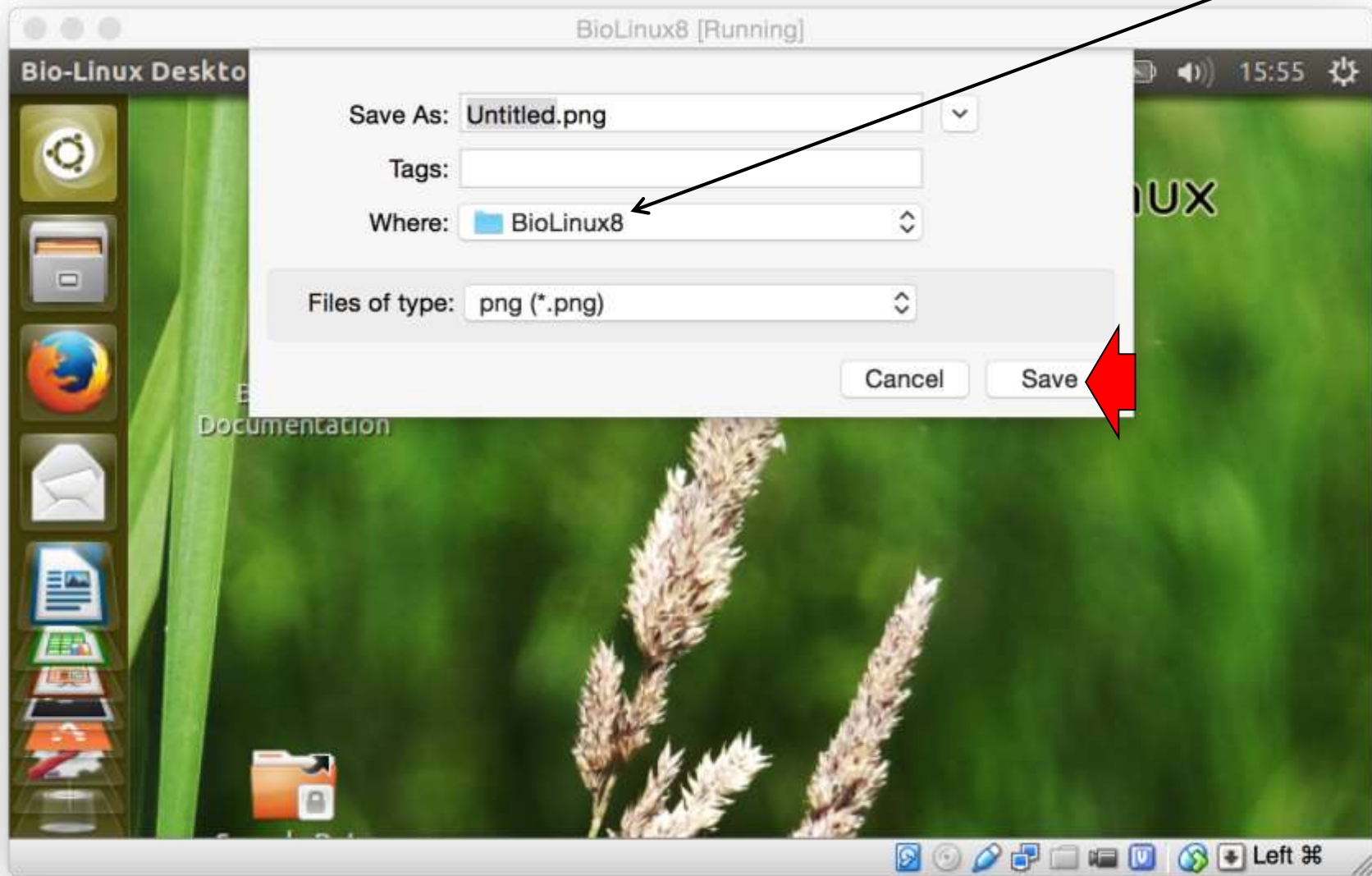
W4-2

確かにダウンロードフォルダにpngファイルが生成されている。右下の図がpngファイルの中身。確かにゲストOSのPC画面のスクリーンショットが撮れている。

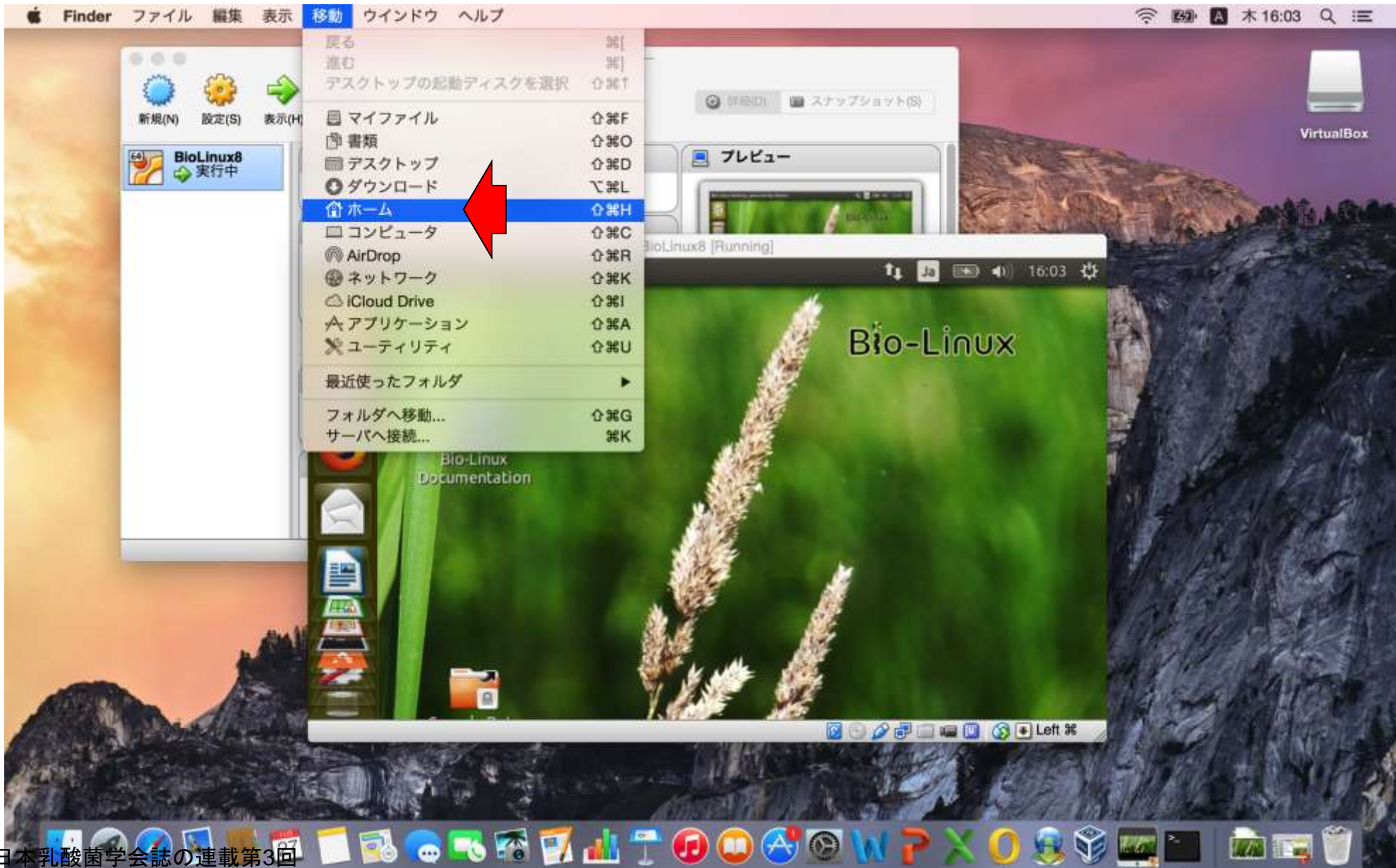


W4-2

別の機会に、スクリーンショットを撮ると、デフォルトでBioLinux8が表示された。ここではそのままSaveボタンを押す。

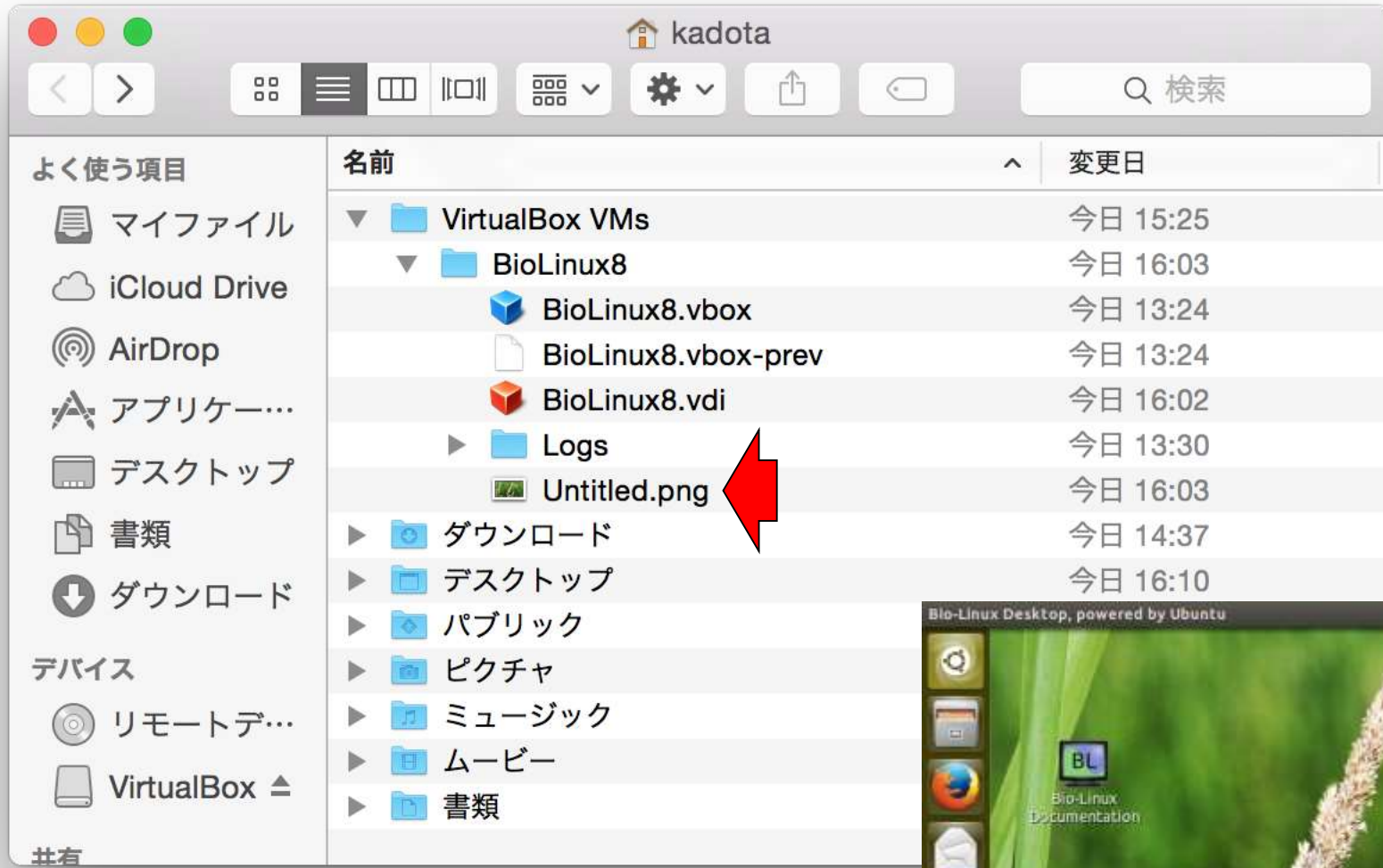


W4-2



W4-2

「Macintosh HD」 - 「ユーザ」 - 「kadota」 - 「VirtualBox VMs」 - 「BioLinux8」に保存されている。



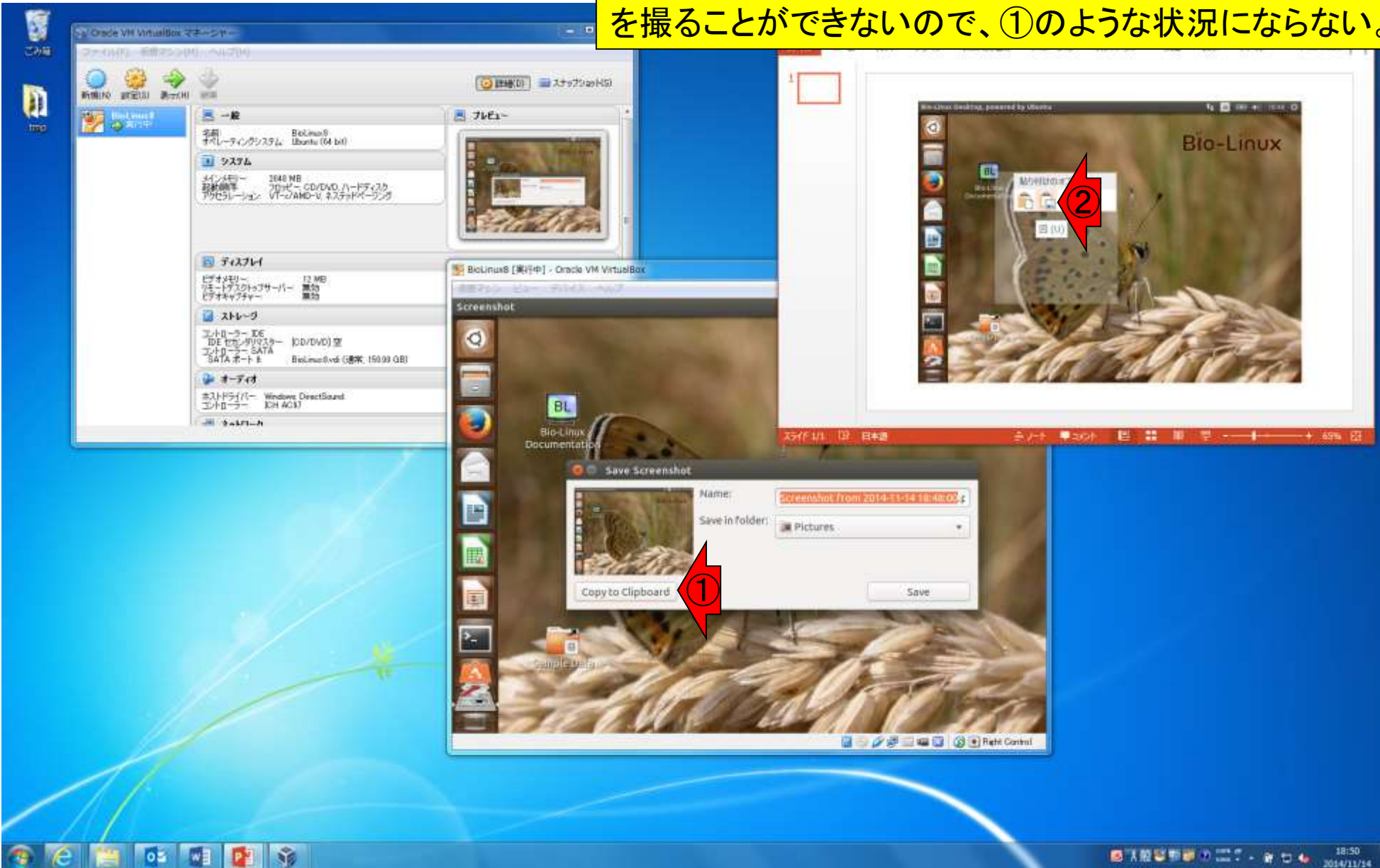
W4-3

緑色のボタンを押すとほぼ完全なLinux環境となる。一般には、optionキーを押しながら緑色ボタンで「最大化」、optionキーを押さずに緑色ボタンで「フルスクリーン」となる。フルスクリーンから復帰したい場合はescキーを押すが、ゲストOS環境はどちらでも同じ挙動になるようだ。



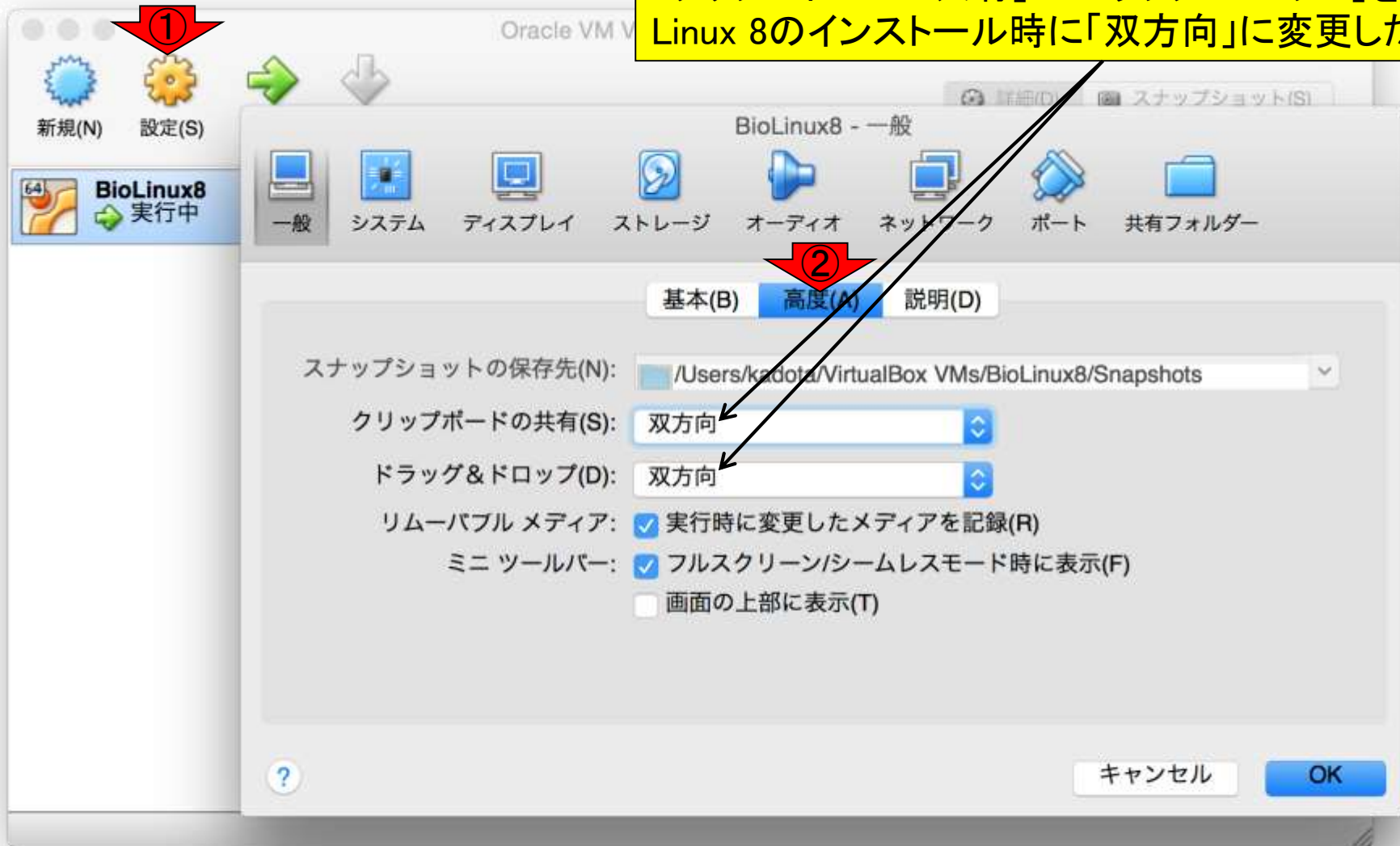
W5-1

ゲストOS(Win)のスクリーンショットをクリップボードにコピーし、ホストOSのMicrosoft PowerPointに張りつけているところ。Macではcommand + shift +3でスクリーンショットを撮ることができないので、①のような状況にならない。



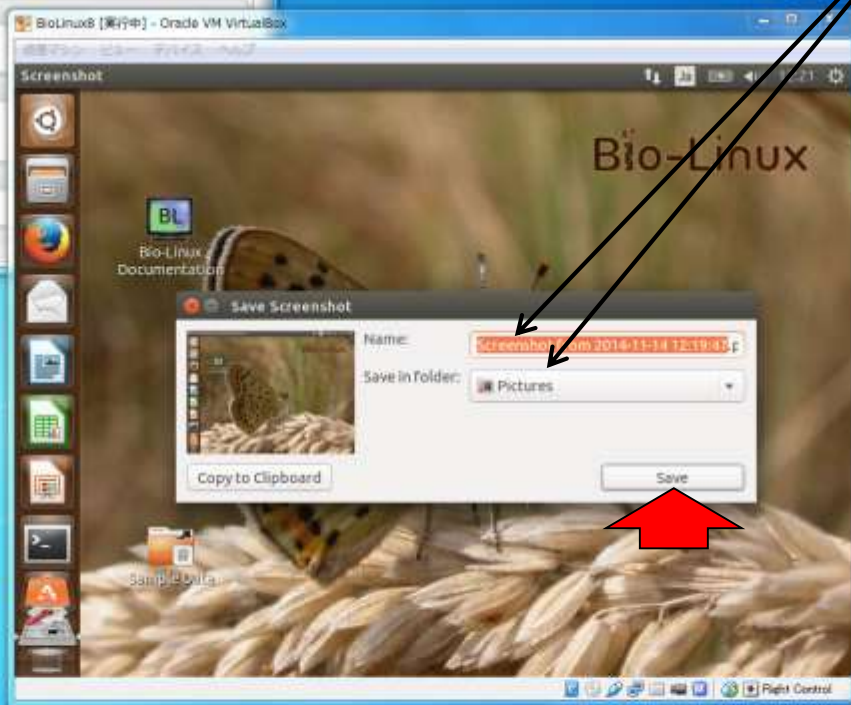
W5-2

ゲストOSのクリップボード情報はホストOS (Mac)でもおそらく利用できる。理由: デフォルトでは無効になっていた「クリップボードの共有」と「ドラッグ&ドロップ」を、BioLinux 8のインストール時に「双方向」に変更したから。



W6-1

Saveボタンを押すと、Nameに記載されているファイル名で、Save in folderに記載されているフォルダ(つまりPicturesフォルダ)に保存される。反転されているファイル名の右のほうをみると最後が.pngとなっており、PNG形式で保存されることが分かる。この作業はMacではできないため、代替手段を示す。



W6-1

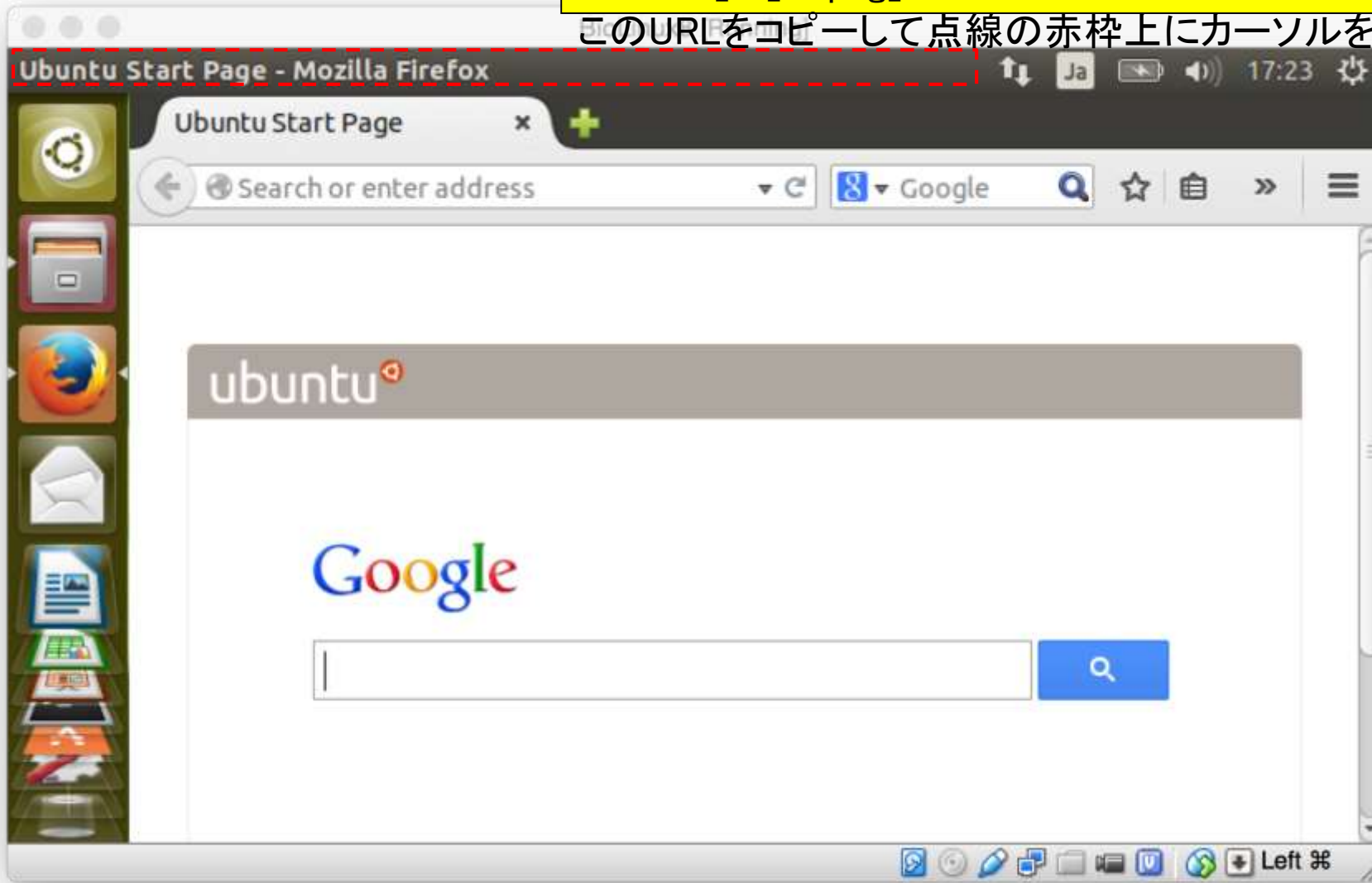
ゲストOSのウェブブラウザであるFirefoxを起動。
ときどき有線LANが繋がっている状態でもネット
ワークが切れている場合があるが、数時間後と
か次の日にやると繋がるので気長に待つ。



W6-1

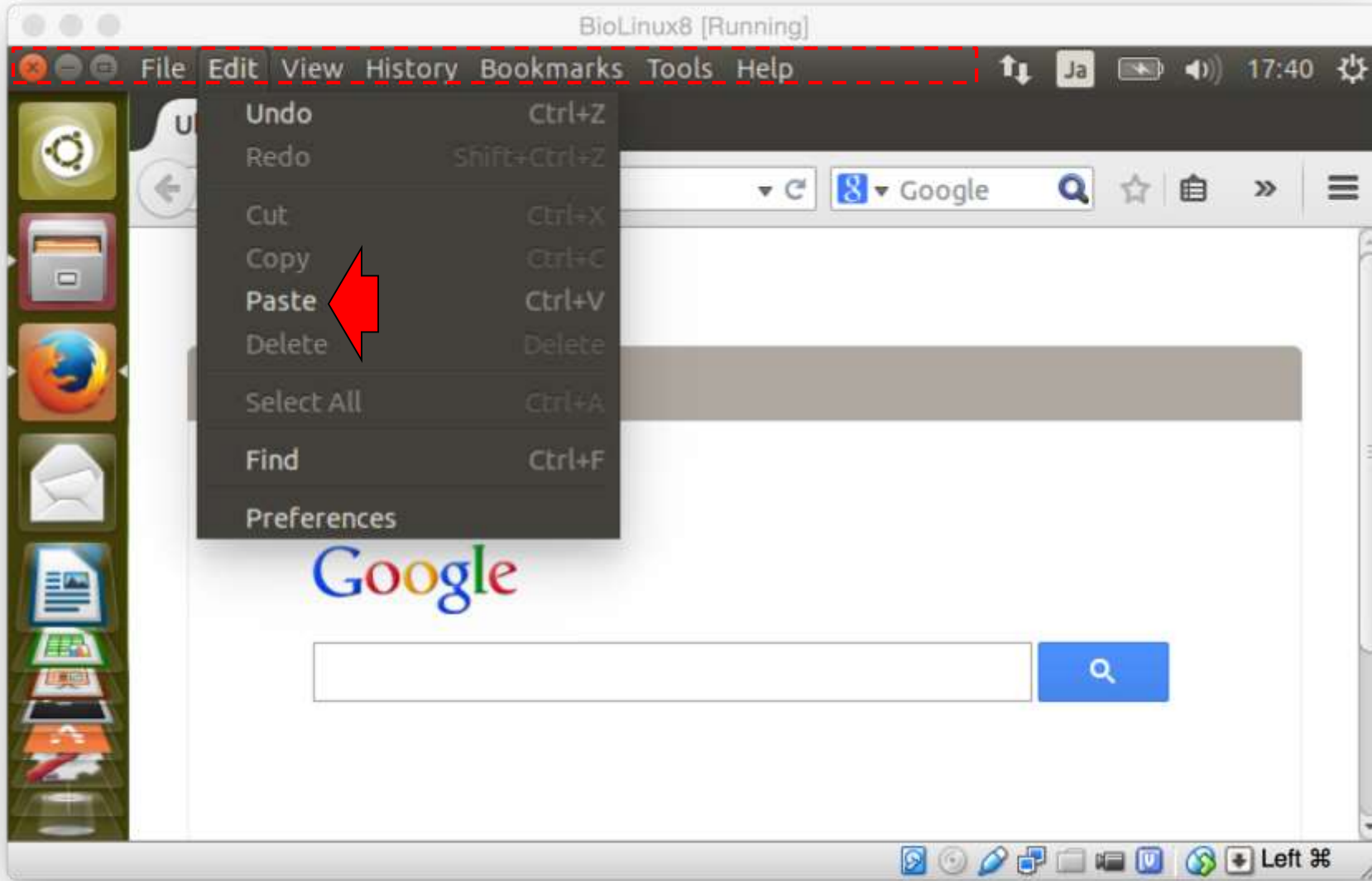
「http://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/book/Screenshot%20from%202014-11-14%2012_19_47.png」

このURLをコピーして点線の赤枠上にカーソルを移動させる。



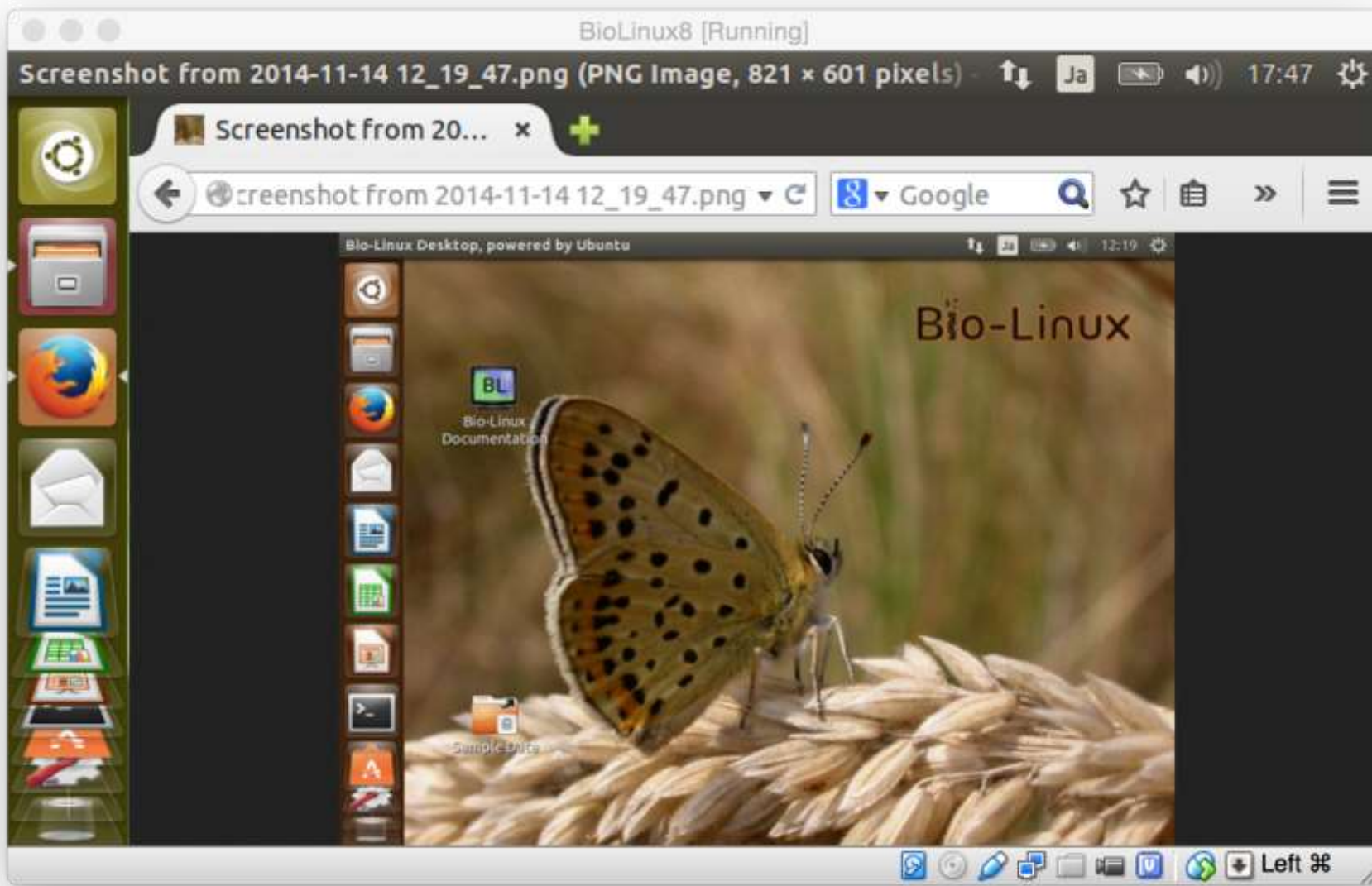
W6-1

するとメニューバーが現れるので、「Edit」-「Paste」でコピーしたURLを貼り付ける。右クリックでペーストでももちろんよい。



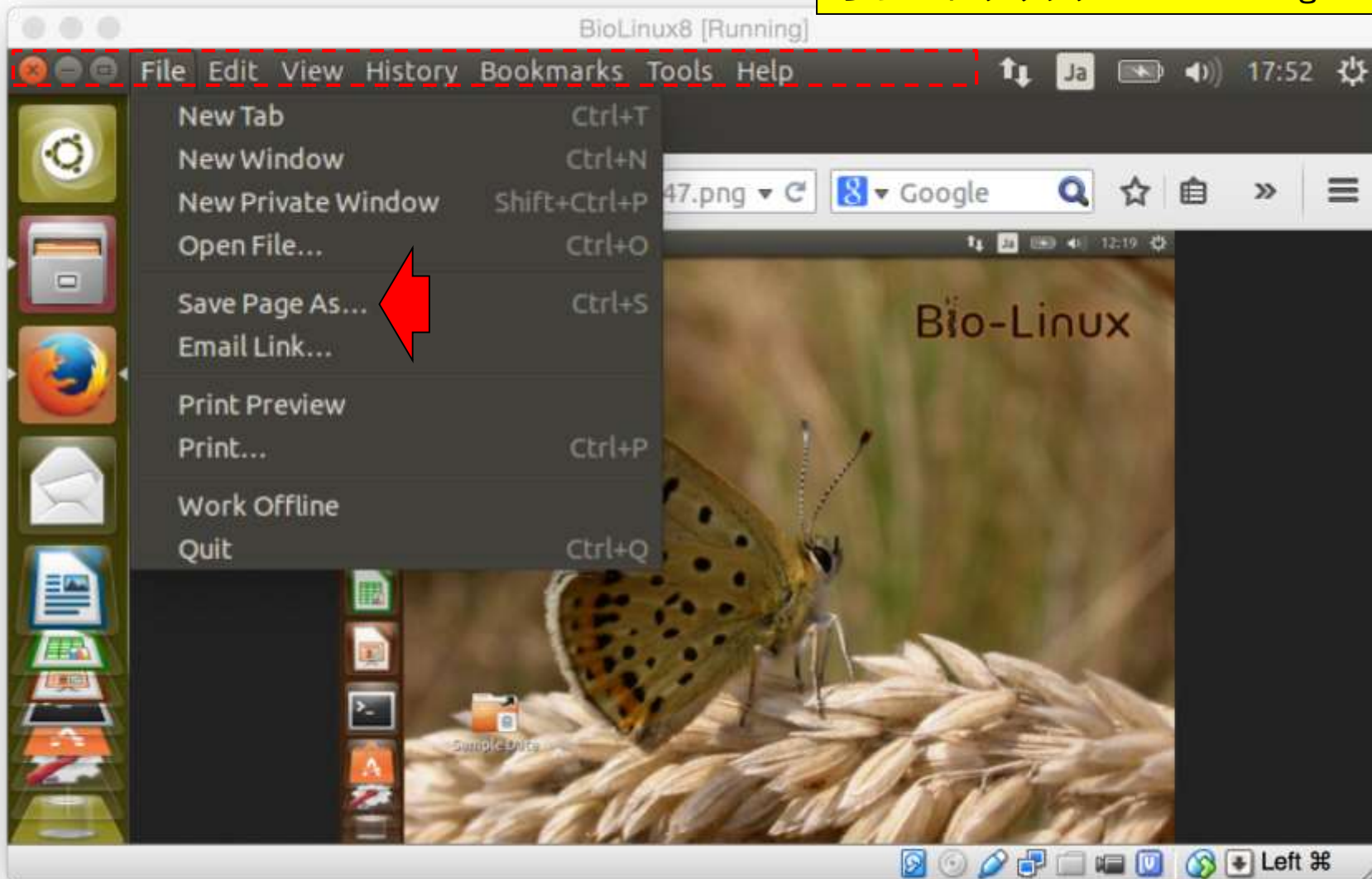
W6-1

これはWindows版で取得したスクリーンショット。これをゲストOSの「デスクトップ」-「Pictures」フォルダに保存する。



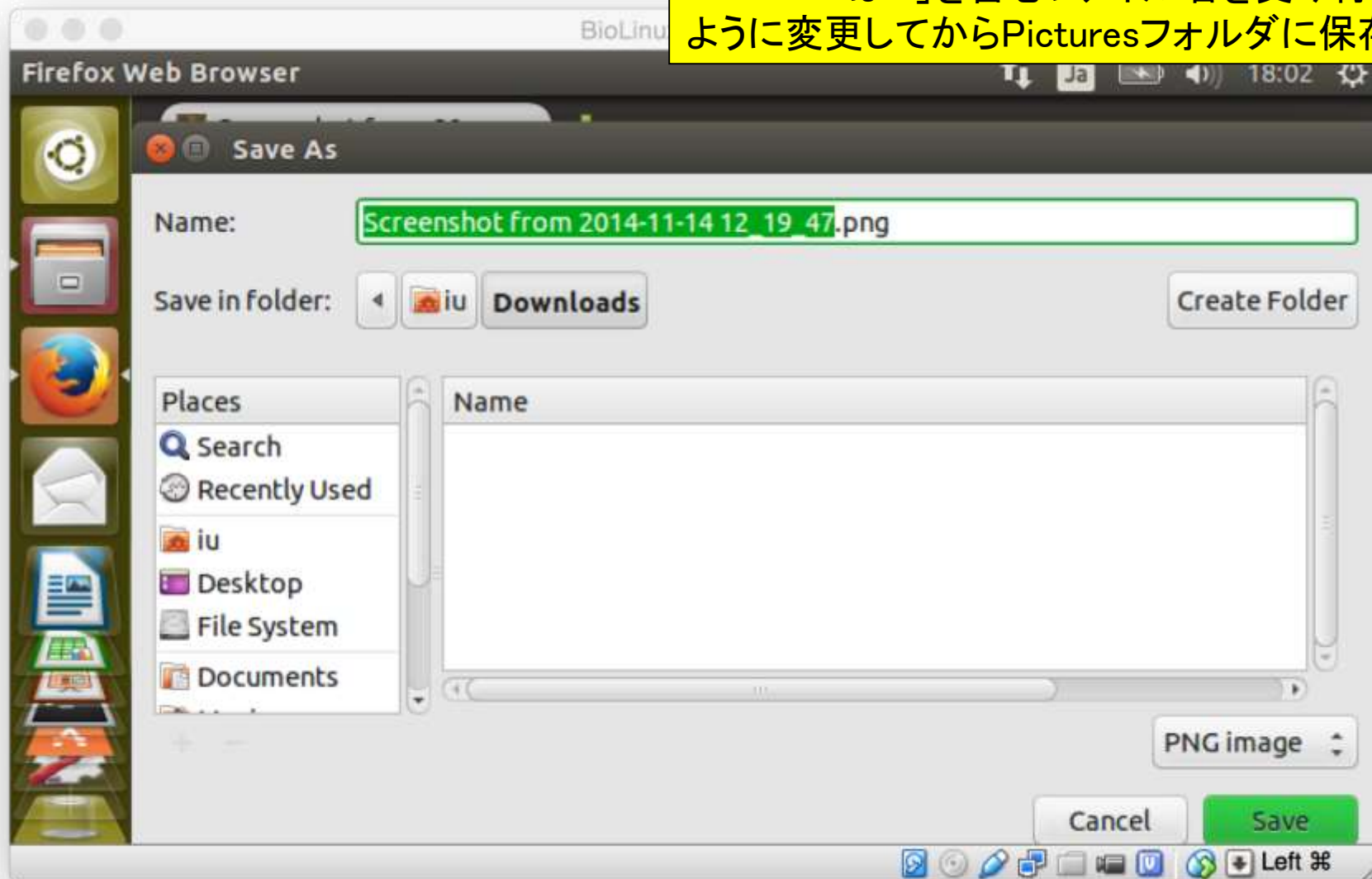
W6-1

赤枠上にカーソルを移動させて、「File」 - 「Save Page As」でpngファイルを保存する。もちろん右クリックの「Save Page As」でもよい。



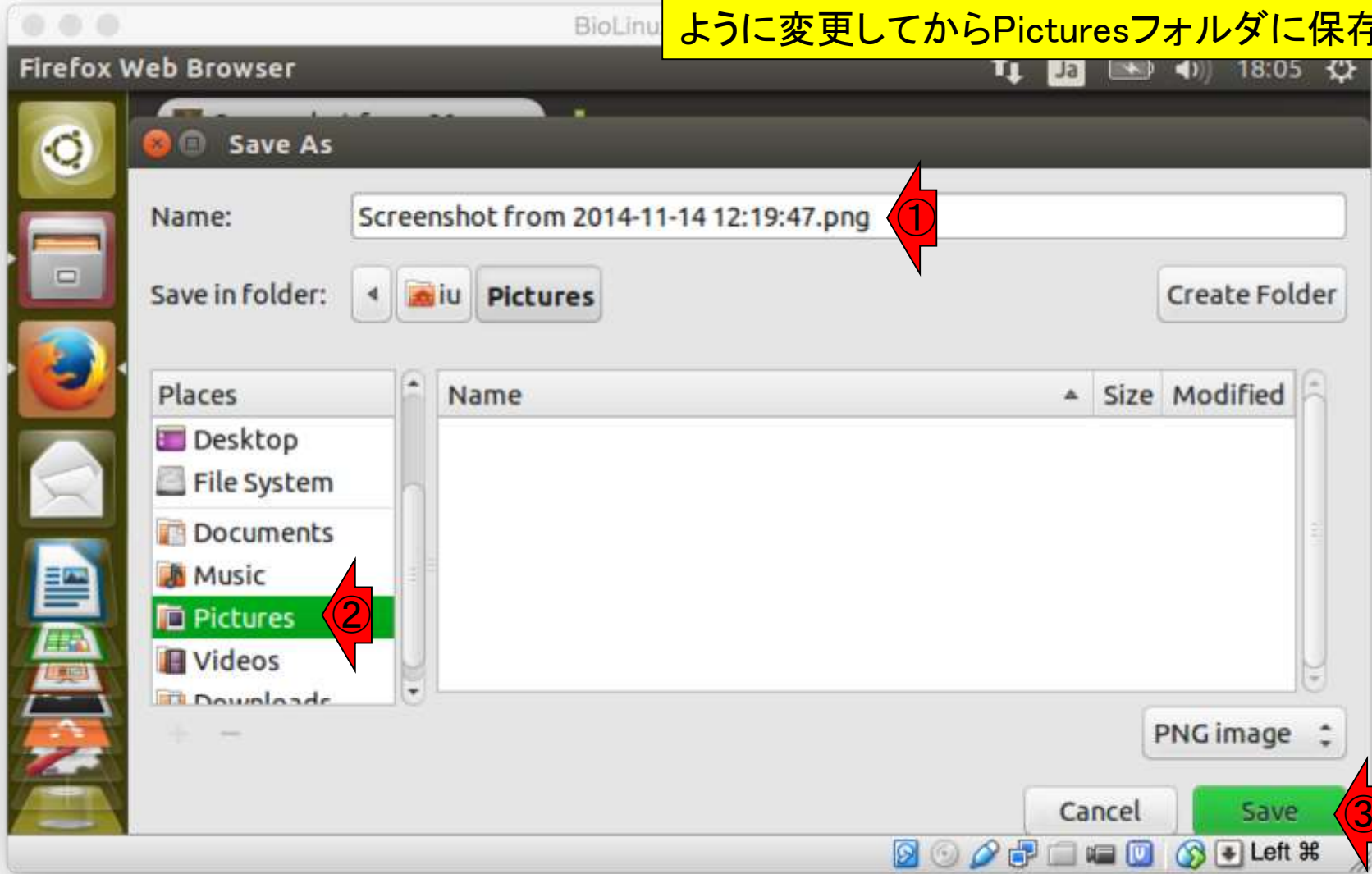
W6-1

Windows版と比較すれば分かるが、本来のこのファイル名は「…12_19_47.png」ではなく「…12:19:47.png」である。Bio-Linuxは「:」を含むファイル名を受け付けるのでそのように変更してからPicturesフォルダに保存する。



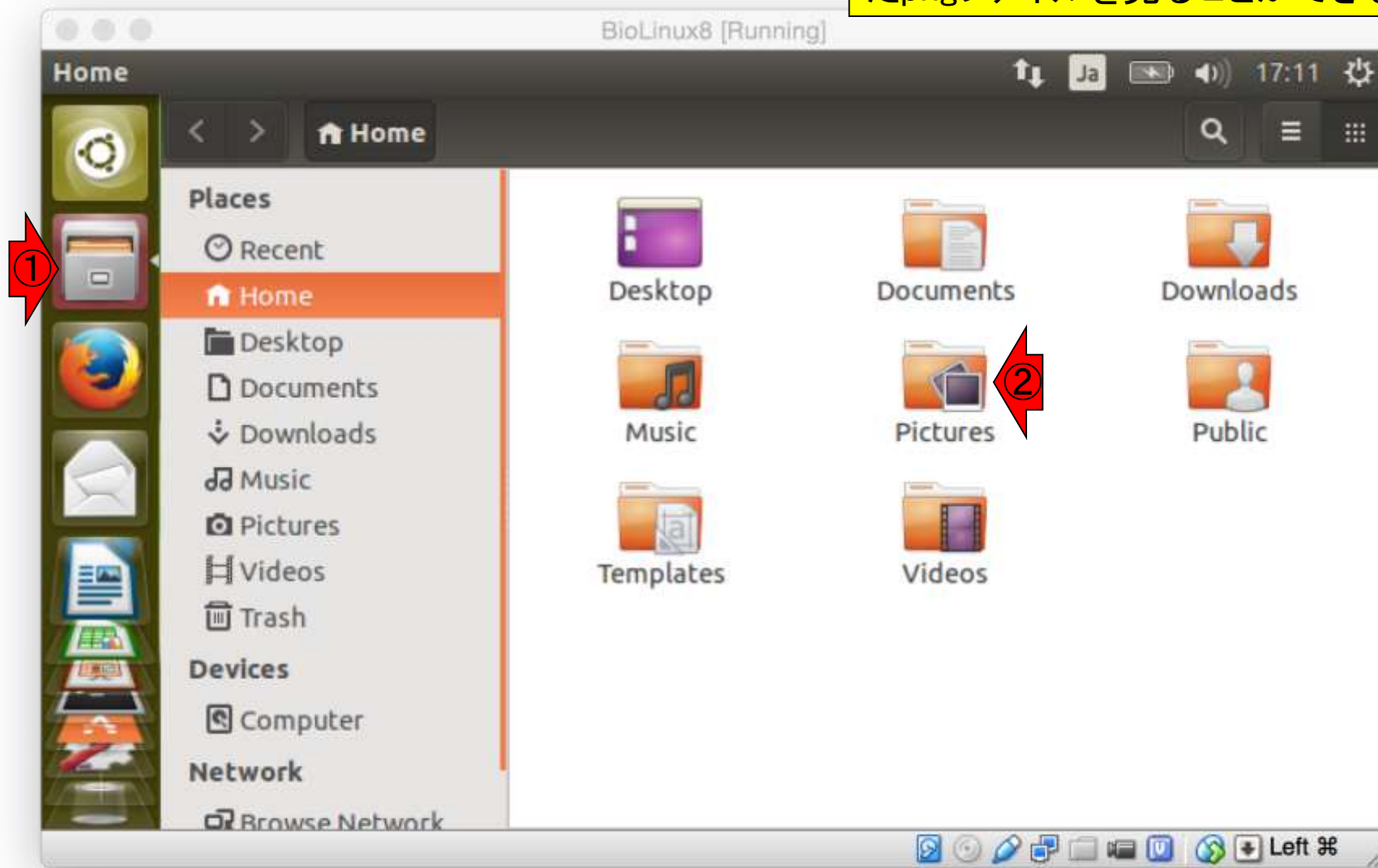
W6-1

Windows版と比較すれば分かるが、本来のファイル名は「…12_19_47.png」ではなく「…12:19:47.png」である。Bio-Linuxは「:」を含むファイル名を受け付けるのでそのように変更してからPicturesフォルダに保存する。



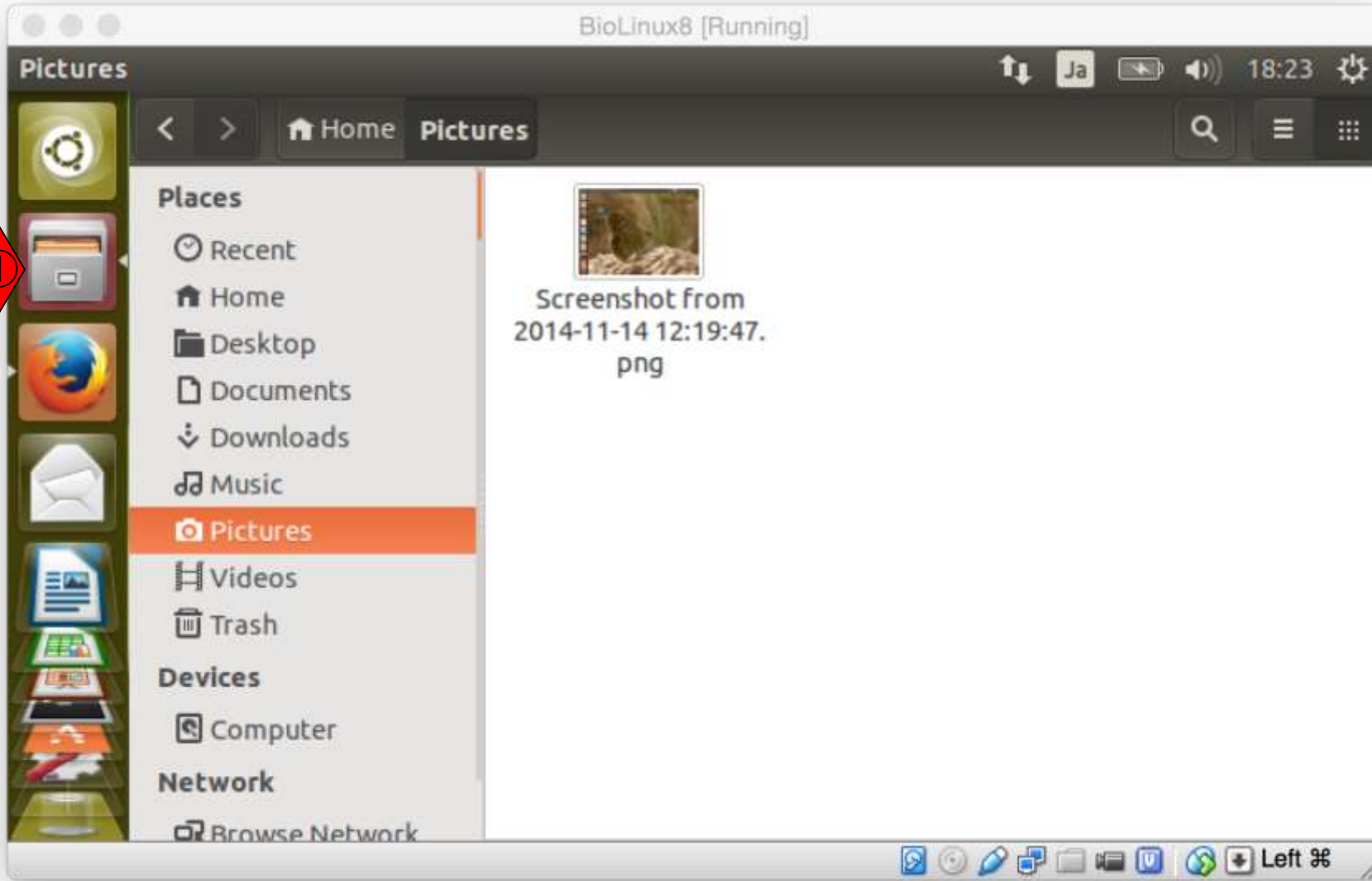
W6-2

①の引き出しみたいアイコンをクリックし、
②Picturesフォルダをクリックすると、保存したpngファイルを見ることができる。



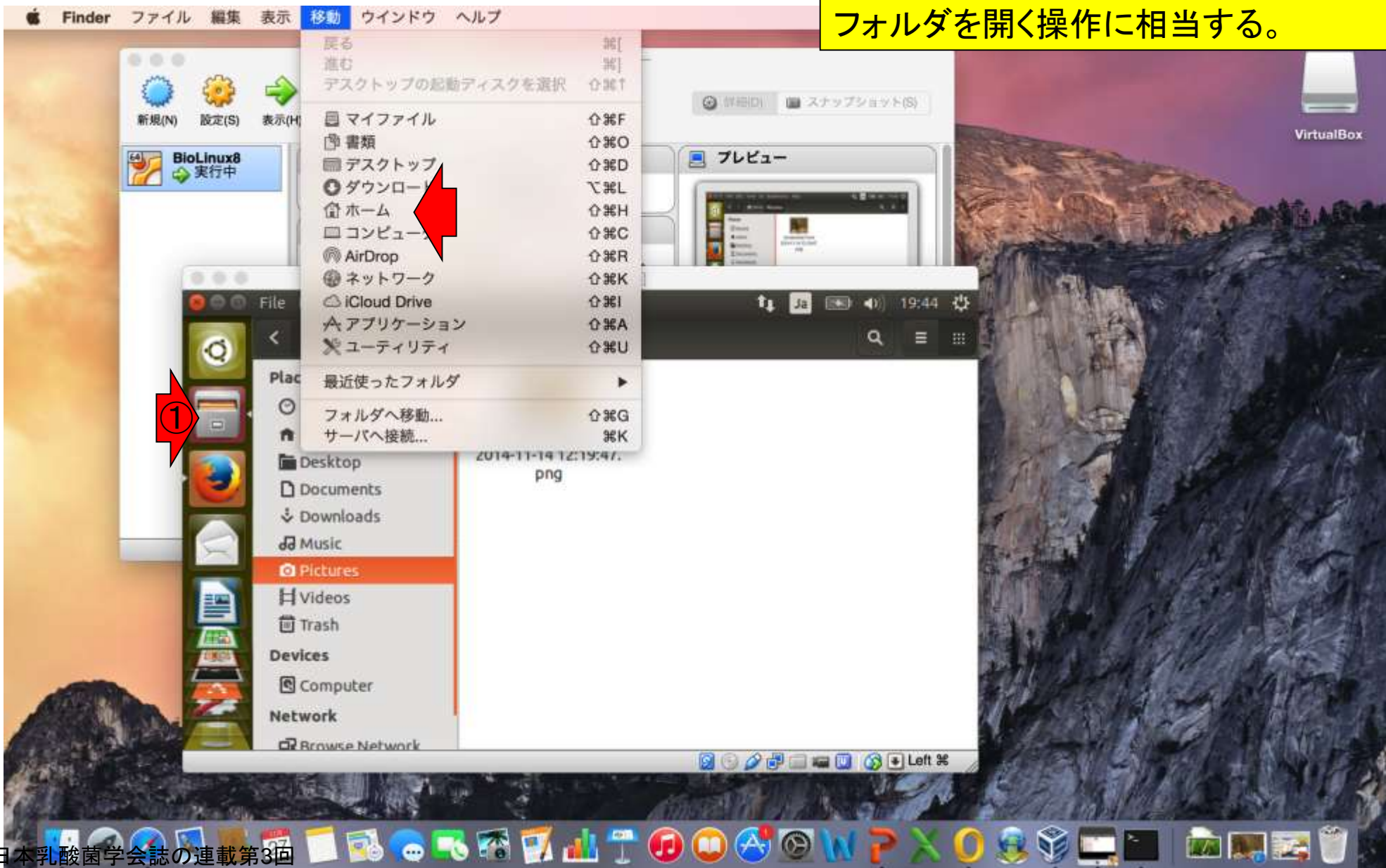
W6-2

「...12:19:47.png」がPicturesフォルダに存在することがわかる。



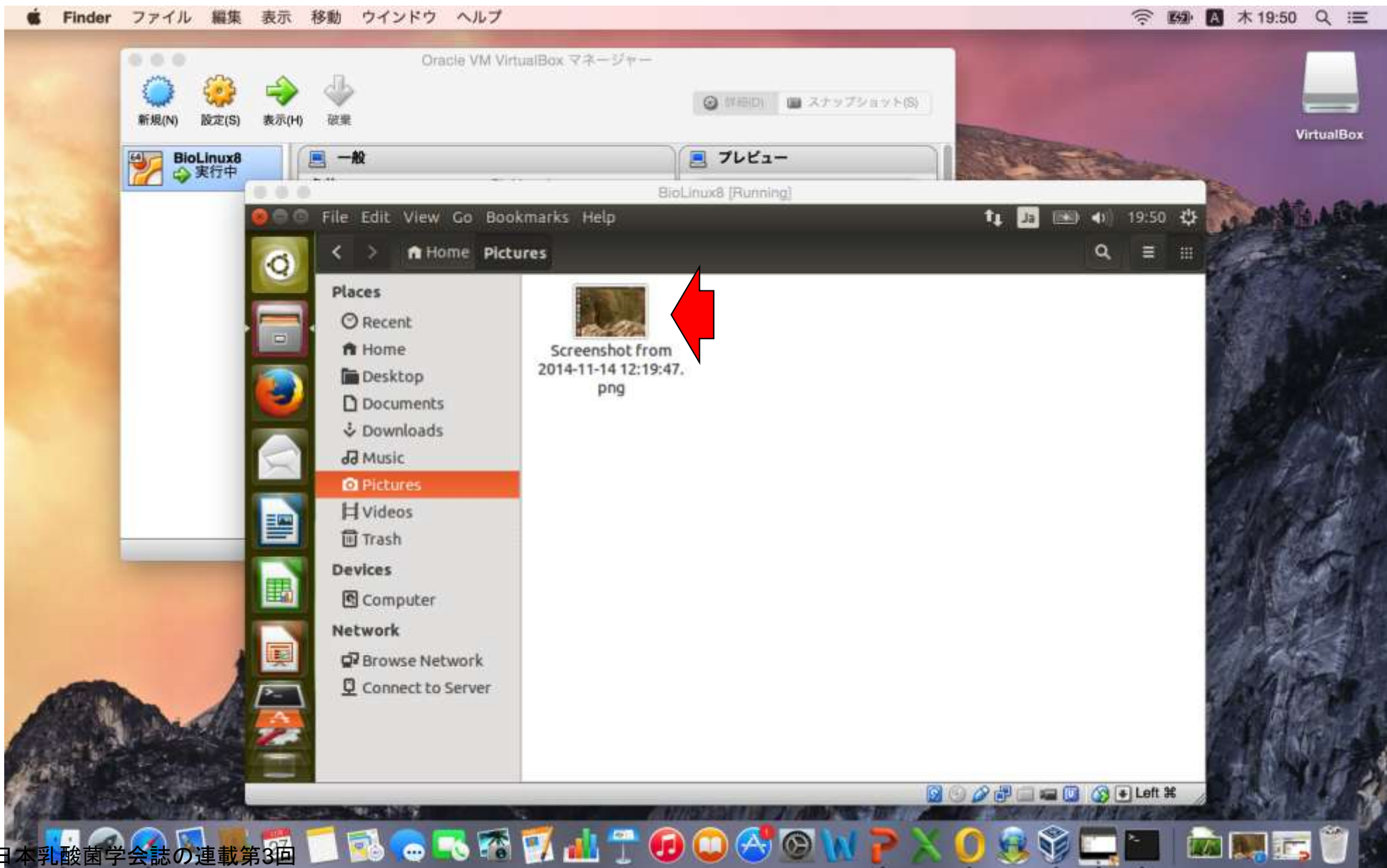
W6-2

①は、ホストOS(OS X Yosemite)の場合、Finderの「移動」-「ホーム」を押して、ログインユーザ(この場合kadota)の個人用フォルダを開く操作に相当する。



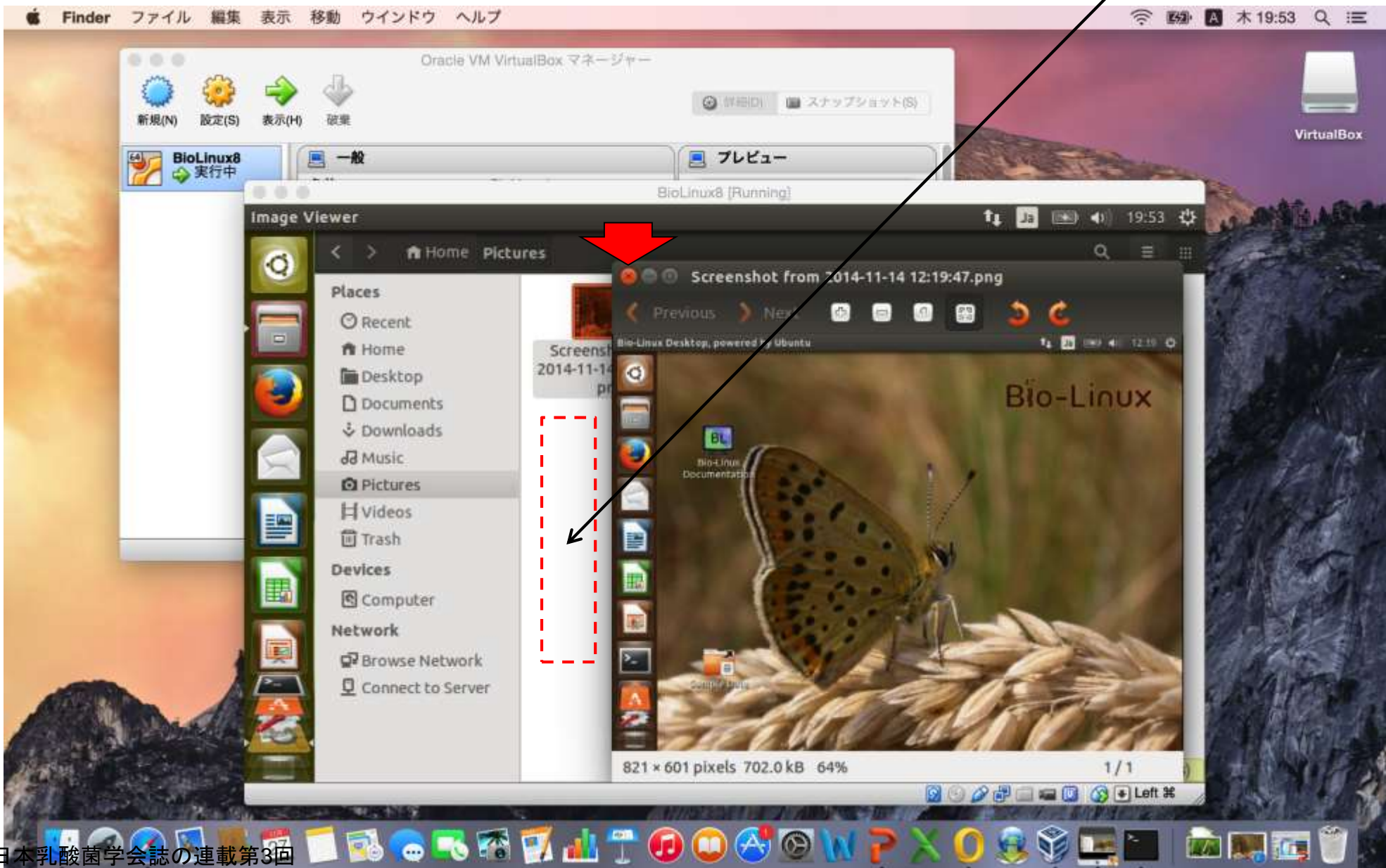
ダブルクリックでpngファイルを開くことができる。

W6-2



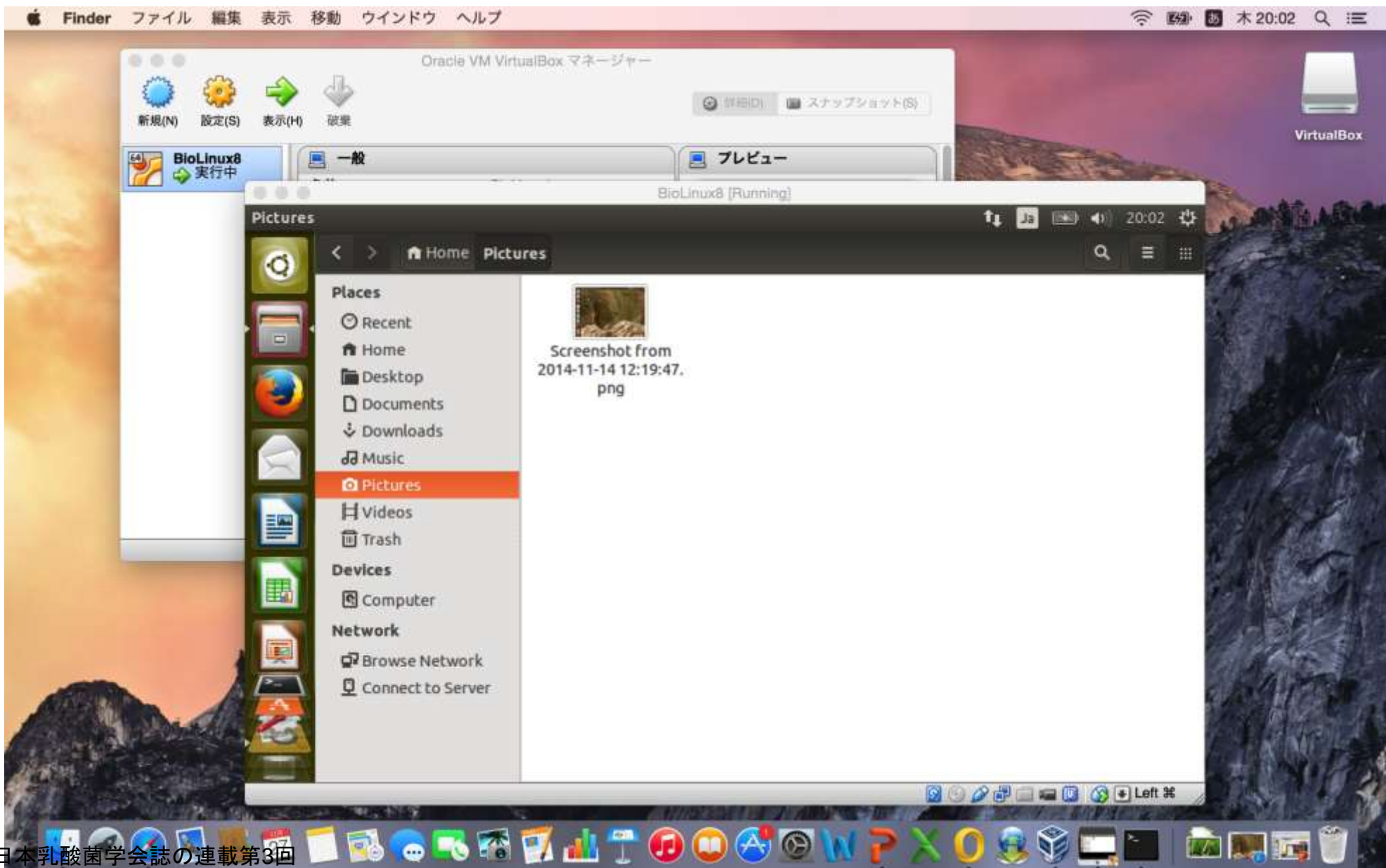
W6-2

× ボタンを押すと閉じることができるが、
やらずに赤枠あたりでクリックすると…。



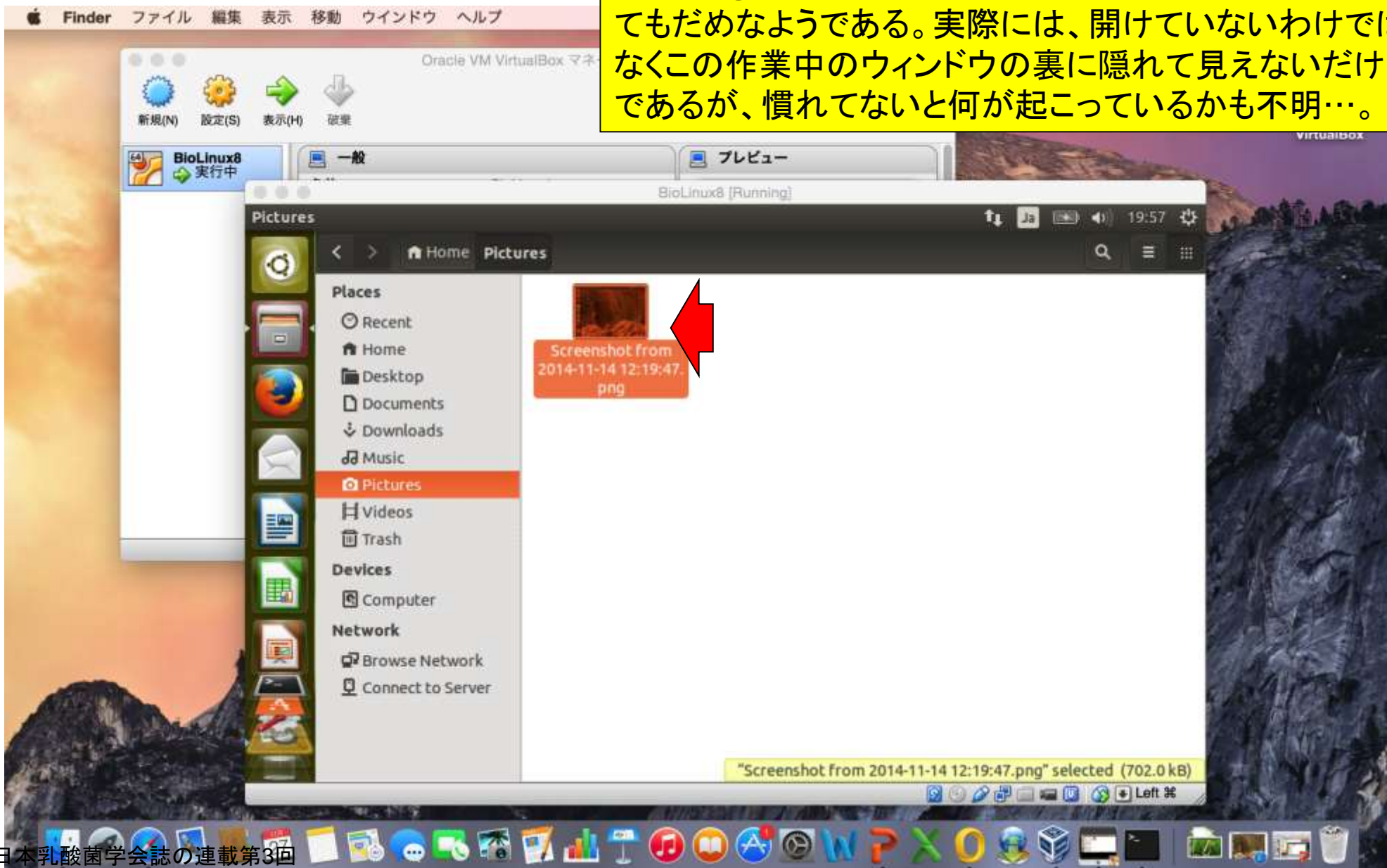
W6-2

開いていたpngファイルが消える(ように見えて、実はPicturesフォルダの裏に隠れているだけ)。



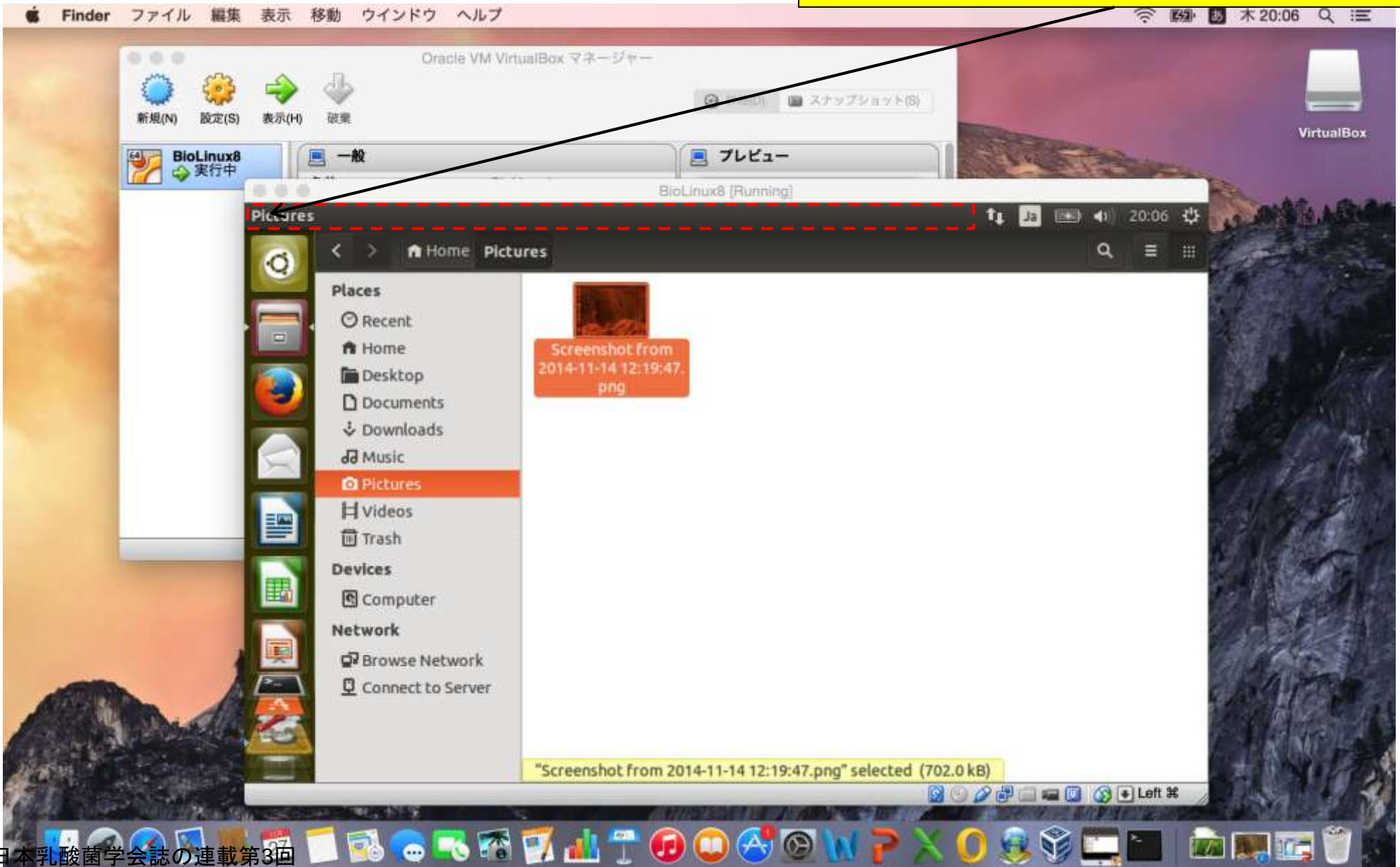
W6-3

もう一度ダブルクリックでpngファイルを開こうとしても開けないことがある。こうなると、例えば右クリックでOpen with Image Viewerを選択するなど、他の手段で開こうとしてもだめなようである。実際には、開けていないわけではなくこの作業中のウィンドウの裏に隠れて見えないだけであるが、慣れてないと何が起きているかも不明…。



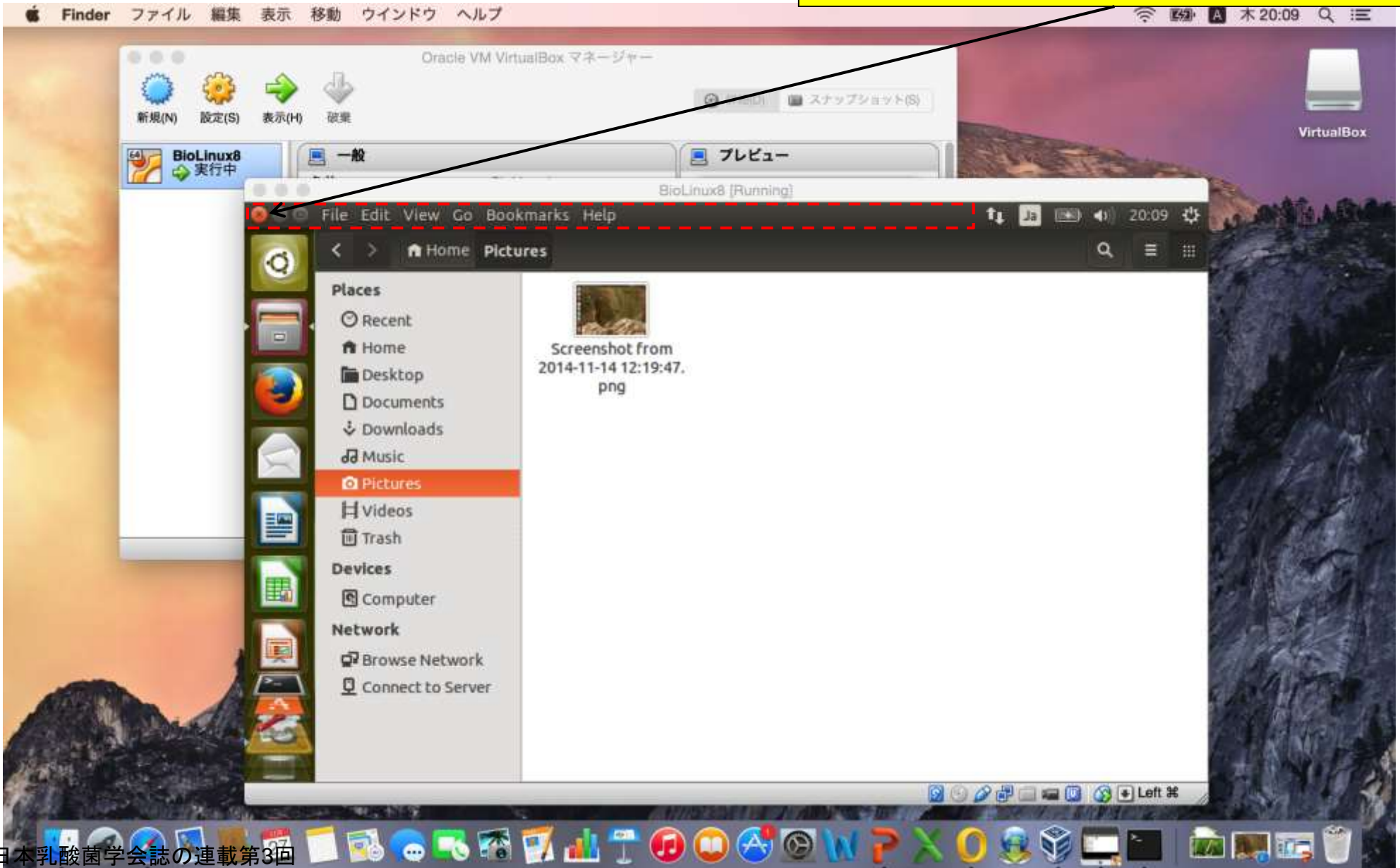
W6-3

もとの画面に戻したい場合は、赤い点線の枠内にカーソルを移動させると、左側のPicturesのP付近に×ボタンが見られる。



W6-3

もとの画面に戻したい場合は、赤い点線の枠内にカーソルを移動させると、左側のPicturesのP付近に×ボタンが見られる。



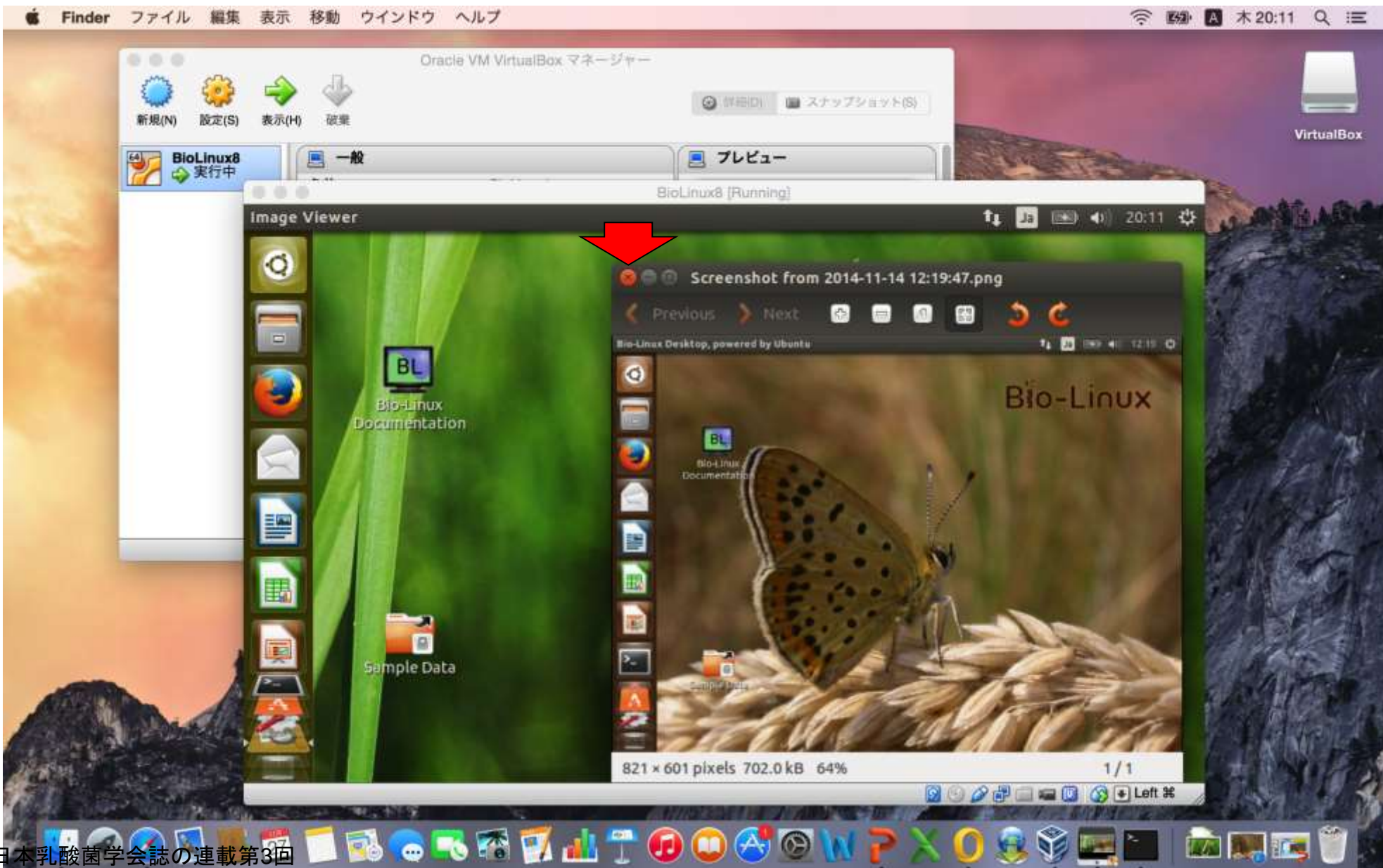
W6-3

この段階で初めて、Image Viewerで画像ファイルを開けていたことに気づく。つまり、さきほどのPicturesフォルダのウィンドウに隠れていただけである。このような状況は、ホストOS上の通常の作業でも遭遇するが、使い慣れているため無意識に対処できる場合が多い。



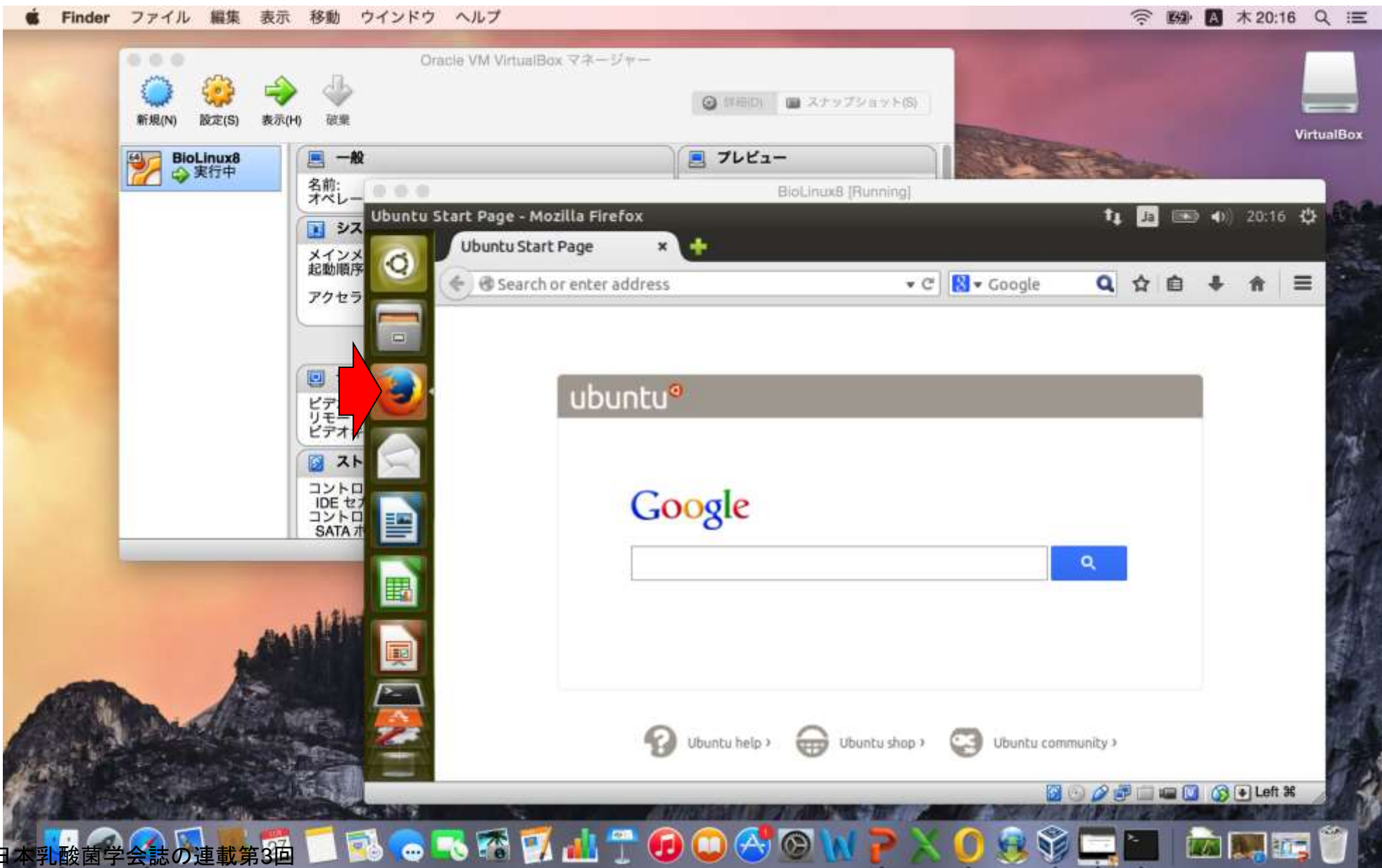
×ボタンを押すと閉じることができる。

W6-3



W7-1

ウェブブラウザFirefox起動後の状態。
これはゲストOS上のブラウザである。



Safari ファイル 編集 表示 履歴 ブックマーク ウィンドウ ヘルプ

iu.a.u-tokyo.ac.jp

(Rで)塩基配列解析

～NGS、RNA-seq、ゲノム、トランスクリプトーム、正規化、発現変動、統計、モデル、パイオインフォーマティクス～
(last modified 2014/11/27, since 2010)

What's new?

- このウェブページはフリーソフトRと必要なパッケージをインストール済みである前提で記述しています。初心者には、1. [Rのインストールと起動](#)および2. [基本的な利用法](#)で自習してください。(2014/07/21)
- 2015年03月05-06日に産総研・臨海副都心センターでRのハンズオン講習会([Rでゲノム・トランスクリプトーム解析：CpG解析から機能解析まで](#))が開催されます。募集開始は12/4予定です。興味ある方はどうぞ(2014/10/06)
- 門田幸二 著シリーズ Useful R 第7巻 [トランスクリプトーム解析](#)刊行 (2014年4月；共立出版)
- [解析 | ChIP-seq |](#) についての情報を少しアップデートして、[実験医学2014年12月号](#)にも掲載されている [SraTailor \(Oki et al., Genes Cells., 2014\)](#) の情報などを追加しました。 [トップページへ](#) (2014/11/25) **NEW**

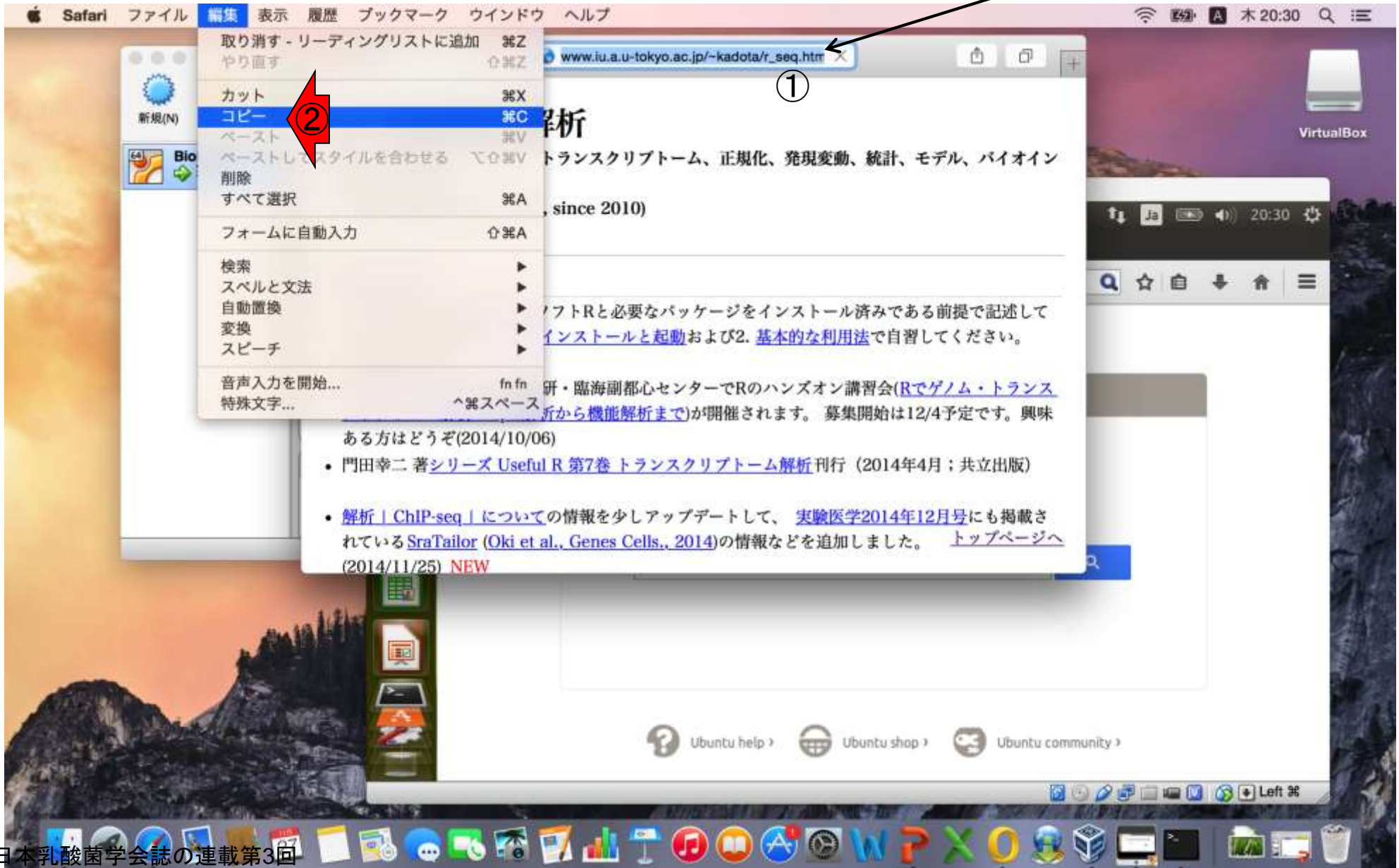
Ubuntu help > Ubuntu shop > Ubuntu community >

Left 96

日本乳酸菌学会誌の連載第3回

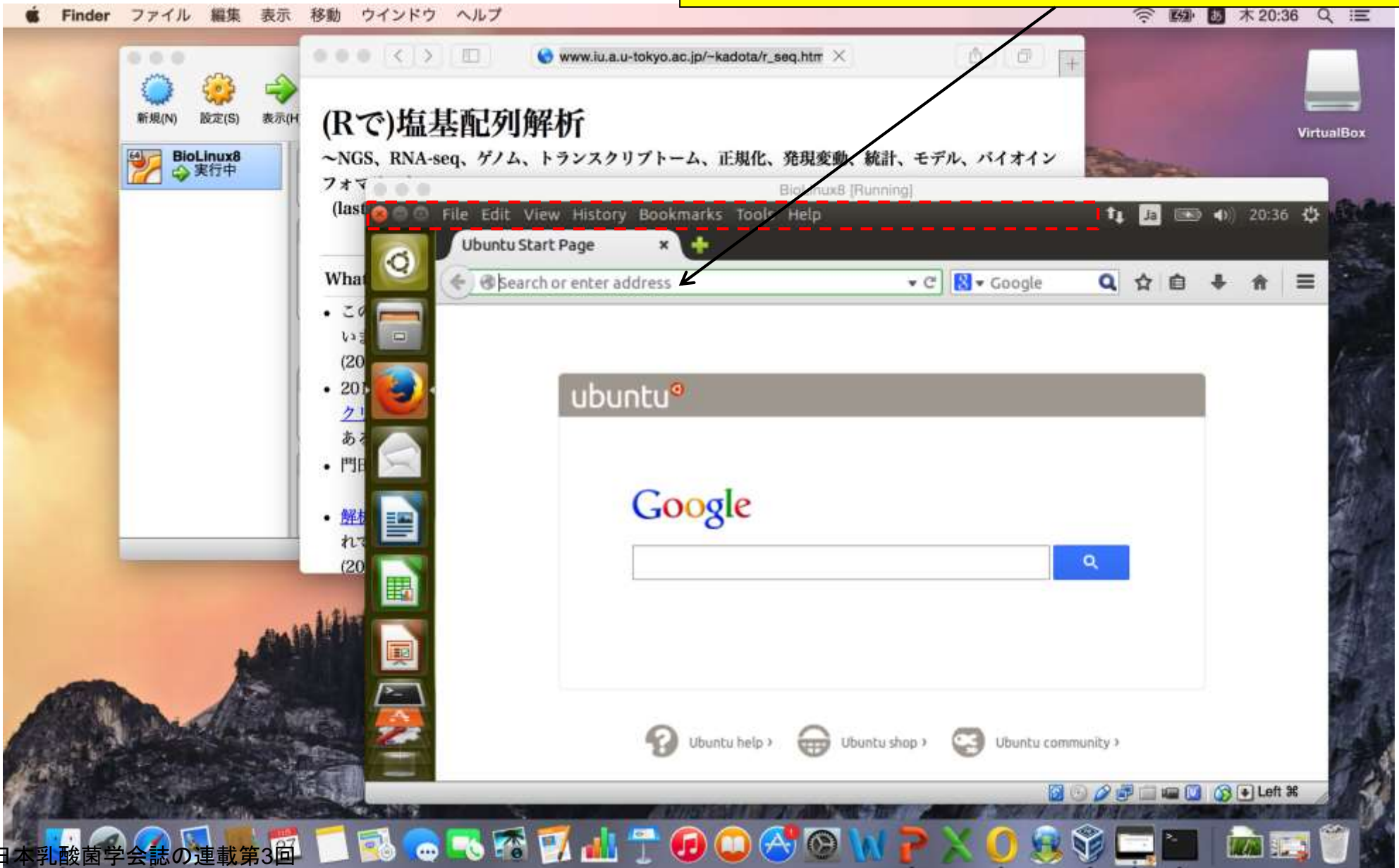
W7-1

URLをクリップボードにコピーして、ゲストOS上のFirefoxでペーストすることができる。



W7-1

ゲストOSのFirefoxのURL表示場所をアクティブにして、赤枠内にカーソル移動させ、「Edit」-「Paste」。右クリックで「Paste」でもよい。



W7-1

クリップボードにコピーしたURL情報を、
ゲストOS上のFirefoxでペーストした結果。

Finder ファイル 編集 表示 移動 ウインドウ ヘルプ 木 20:41

新規(N) 設定(S) 表示(H)

BioLinux8 実行中

www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.htm

(Rで)塩基配列解析

～NGS、RNA-seq、ゲノム、トランスクリプトーム、正規化、発現変動、統計、モデル、バイオイン
フォーマティクス～

(last modified 2014/11/27, since 2010)

What's new?

- このウェブページはフリーソフトRと必要なパッケージをインストール済みである前提で記述しています。初心者は、1. [Rのインストールと起動](#)および2. [基本的な利用法](#)で自習してください。(2014/07/21)
- 2015年03月05-06日に産総研・臨海副都心センターでRのハンズオン講習会([Rでゲノム・トランスクリプトーム解析: CpG解析から機能解析まで](#))が開催されます。募集開始は12/4予定です。興味ある方はどうぞ(2014/10/06)
- 門田幸二 著 [シリーズ Useful R 第7巻 トランスクリプトーム解析](#)刊行 (2014年4月; 共立出版)
- [解析 | ChIP-seq |](#) についての情報を少しアップデートして、[実験医学2014年12月号](#)にも掲載されている [SraTailor \(Oki et al., Genes Cells, 2014\)](#) の情報などを追加しました。(2014/11/25) **NEW**
- [日本乳酸菌学会誌](#)のNGS関連連載の一環としてBio-Linux 8のインストール手順(Win用とMac用)を作成しました。詳細は [書籍 | 日本乳酸菌学会誌 |](#) についてをご覧ください。(2014/11/27) **NEW**
- [参考資料 \(講義、講習会、本など\)](#) の項目を更新しました。(2014/10/31) **NEW**

[トップページへ](#)

- はじめに (last modified 2014/01/30)

VirtualBox

BioLinux8 [Running]

(Rで)塩基配列解析 - Mozilla Firefox

(Rで)塩基配列解析

www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html

Google

Left 96

W7-2

BioLinux8ウィンドウをアクティブにすると緑色に見える「フルスクリーン」ボタンを押して全画面表示にする。

The screenshot shows a Mac OS X desktop environment. In the background, a Finder window is open, displaying a 'BioLinux8 実行中' (BioLinux8 Running) icon. In the foreground, a Mozilla Firefox browser window is open, displaying a webpage titled '(Rで)塩基配列解析' (Base sequence analysis with R). The webpage content includes a title, a subtitle, and a 'What's new?' section with several bullet points. A red arrow points to the 'フルスクリーン' (Full Screen) button in the window's title bar, which is highlighted in green. The desktop background features a mountain landscape. The system tray at the bottom shows various application icons, including a clock showing 20:41.

Finder ファイル 編集 表示 移動 ウィンドウ ヘルプ

www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.htm

(Rで)塩基配列解析

～NGS、RNA-seq、ゲノム、トランスクリプトーム、正規化、発現変動、統計、モデル、バイオインフォマティクス～

VirtualBox

BioLinux8 [Running]

(Rで)塩基配列解析 - Mozilla Firefox

(Rで)塩基配列解析

www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html

(Rで)塩基配列解析

～NGS, RNA-seq, ゲノム, トランスクリプトーム, 正規化, 発現変動, 統計, モデル, バイオインフォマティクス～
(last modified 2014/11/27, since 2010)

What's new?

- このウェブページはフリーソフトRと必要なパッケージをインストール済みである前提で記述しています。初心者は、1. [Rのインストールと起動](#)および2. [基本的な利用法](#)で自習してください。(2014/07/21)
- 2015年03月05-06日に産総研・臨海副都心センターでRのハンズオン講習会([Rでゲノム・トランスクリプトーム解析: CpG解析から機能解析まで](#))が開催されます。募集開始は12/4予定です。興味ある方はどうぞ(2014/10/06)
- 門田幸二 著 [シリーズ Useful R 第7巻 トランスクリプトーム解析](#)刊行 (2014年4月; 共立出版)
- [解析 | ChIP-seq |](#) についての情報を少しアップデートして、[実験医学2014年12月号](#)にも掲載されている [SraTailor \(Oki et al., Genes Cells., 2014\)](#) の情報などを追加しました。(2014/11/25) **NEW**
- [日本乳酸菌学会誌](#)のNGS関連連載の一環としてBio-Linux 8のインストール手順(Win用とMac用)を作成しました。詳細は [書籍 | 日本乳酸菌学会誌 |](#) についてをご覧ください。(2014/11/27) **NEW**
- [参考資料 \(講義, 講習会, 本など\)](#) の項目を更新しました。(2014/10/31) **NEW**

[トップページへ](#)

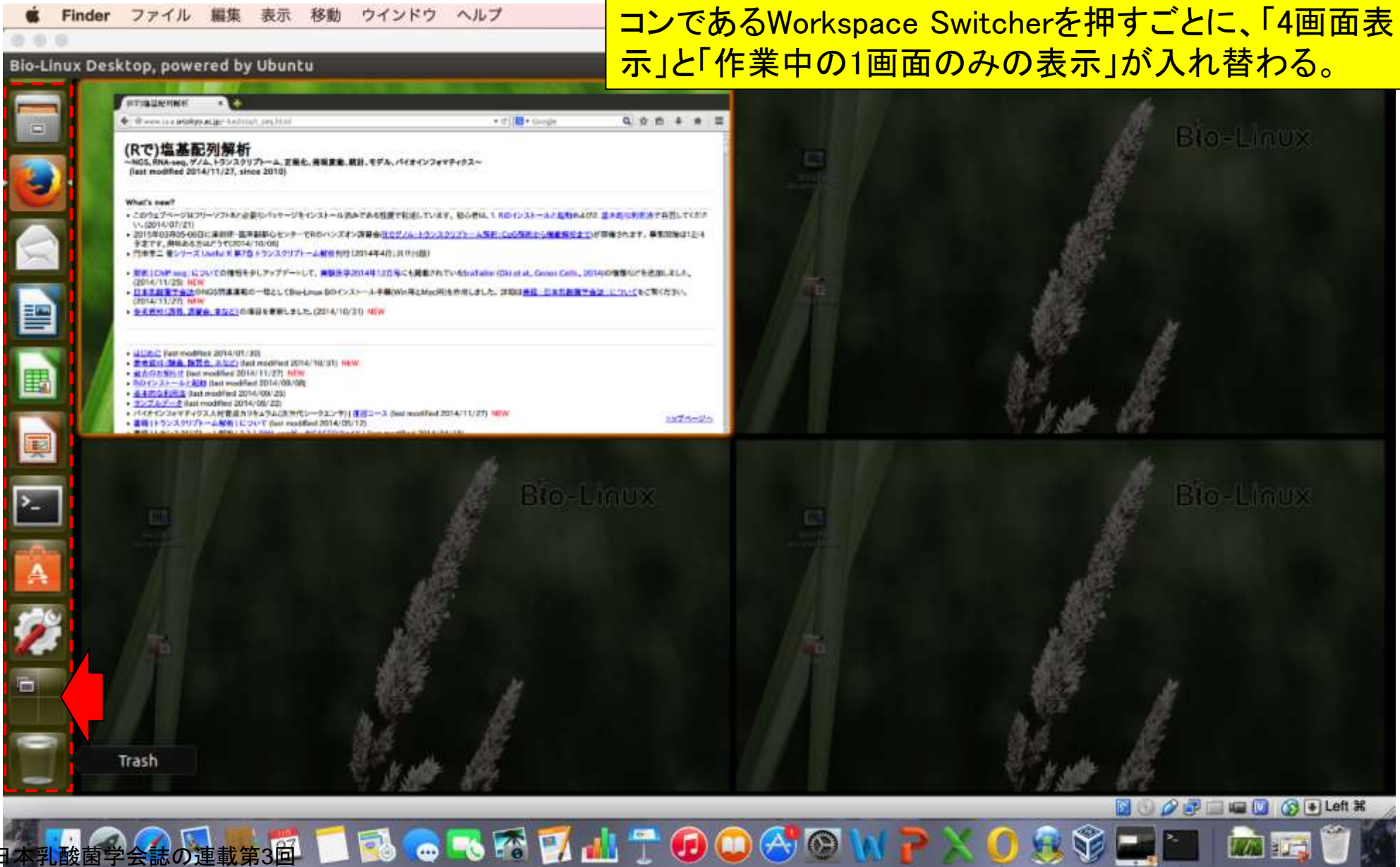
- はじめに (last modified 2014/01/30)

木 20:41

Left 98

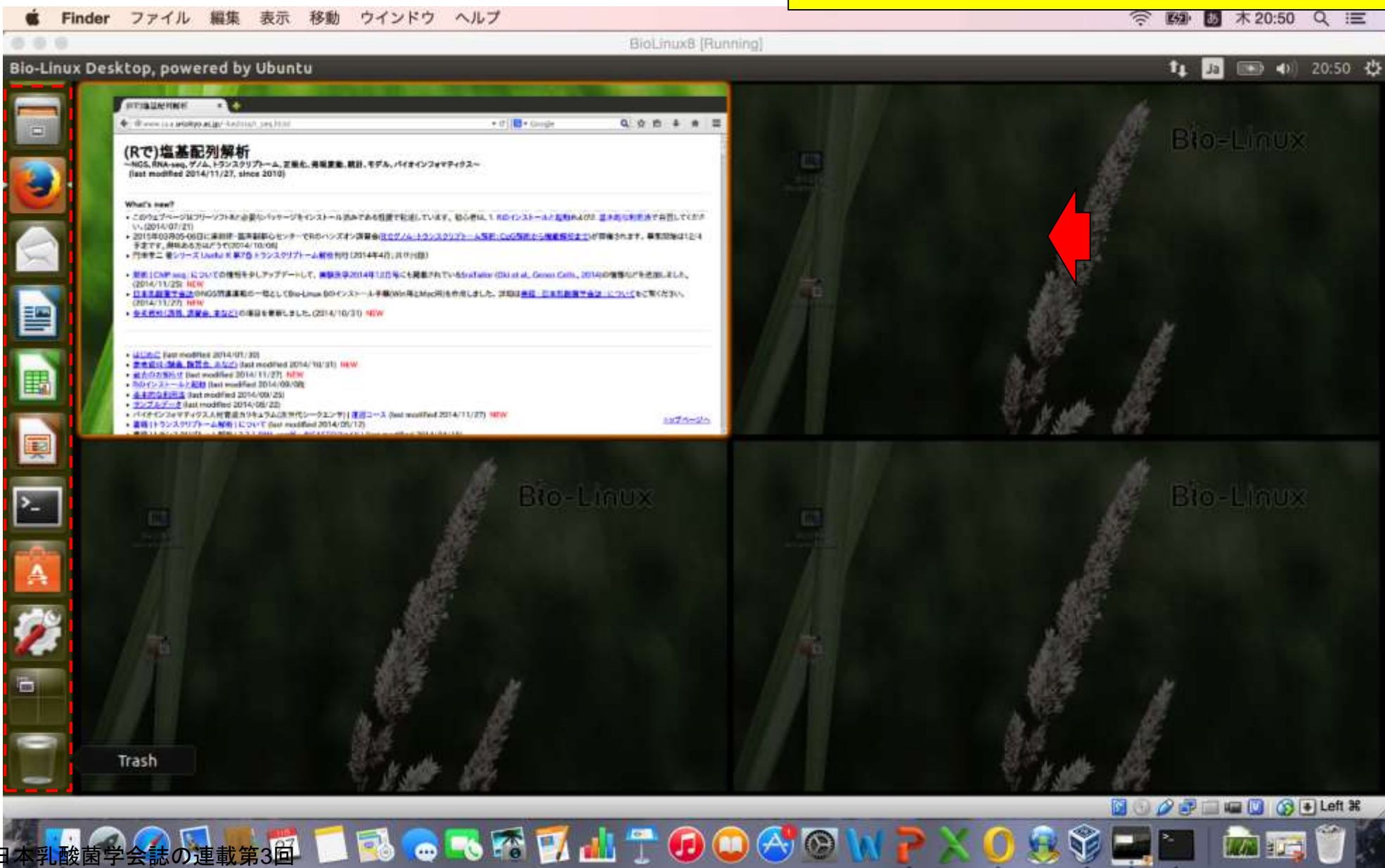
W7-2

赤枠内がメニューバーのようなもの。この枠内にカーソルを移動させると、下のほうにもいくつかのアイコンがあることがわかる。一番下がごみ箱で、下から2番目のアイコンであるWorkspace Switcherを押すごとに、「4画面表示」と「作業中の1画面のみの表示」が入れ替わる。



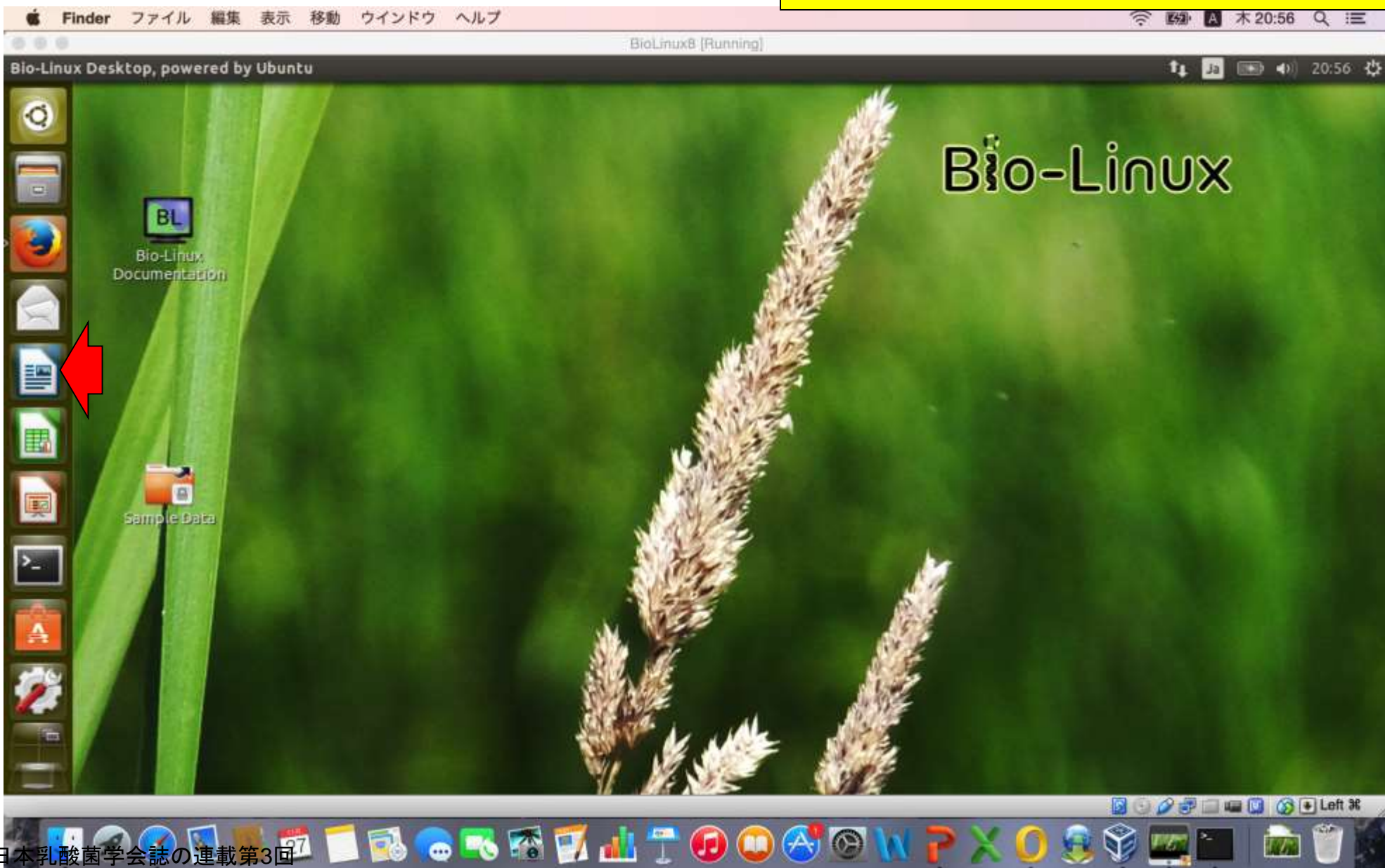
W7-2

右上の画面上でクリックすると、ウェブブラウザが表示されない新しい画面となる。このようにマルチ画面を駆使するのが一般的。

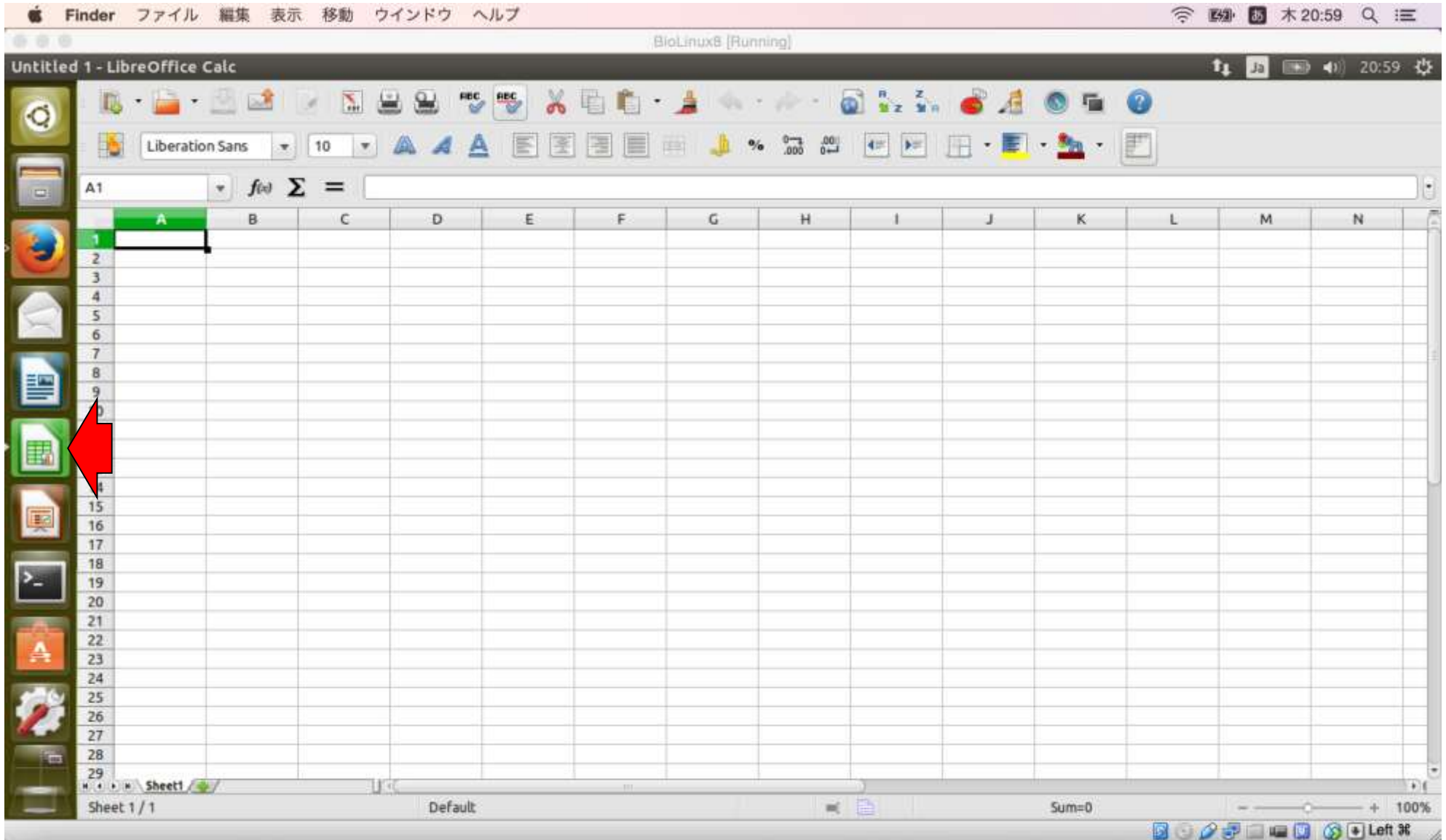


W7-3

4画面分の右上を表示させた結果。テキストエディタ(LibreOffice Writer)を開きたい場合はここをクリック。実際にはしなくてよい。

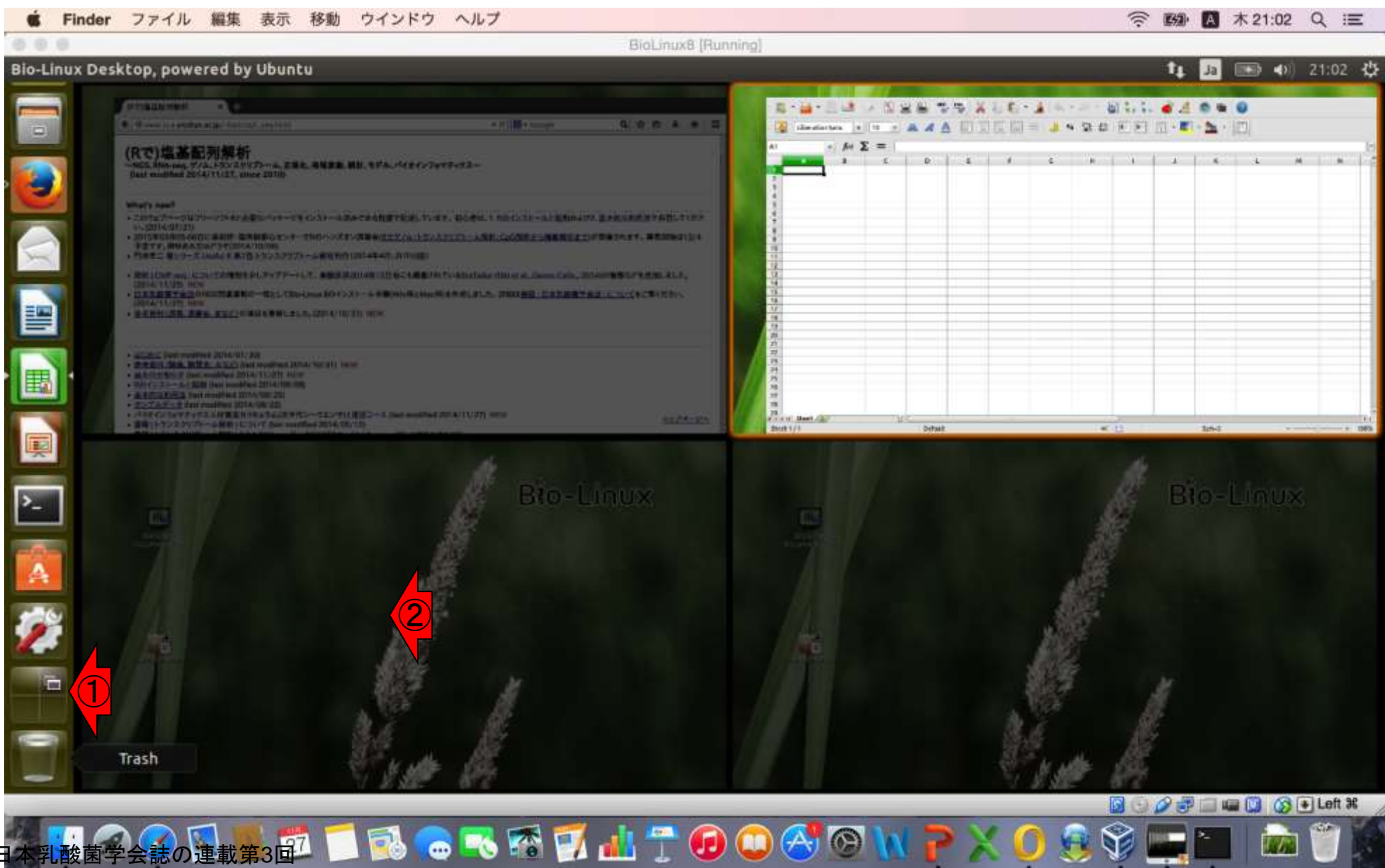


W7-3



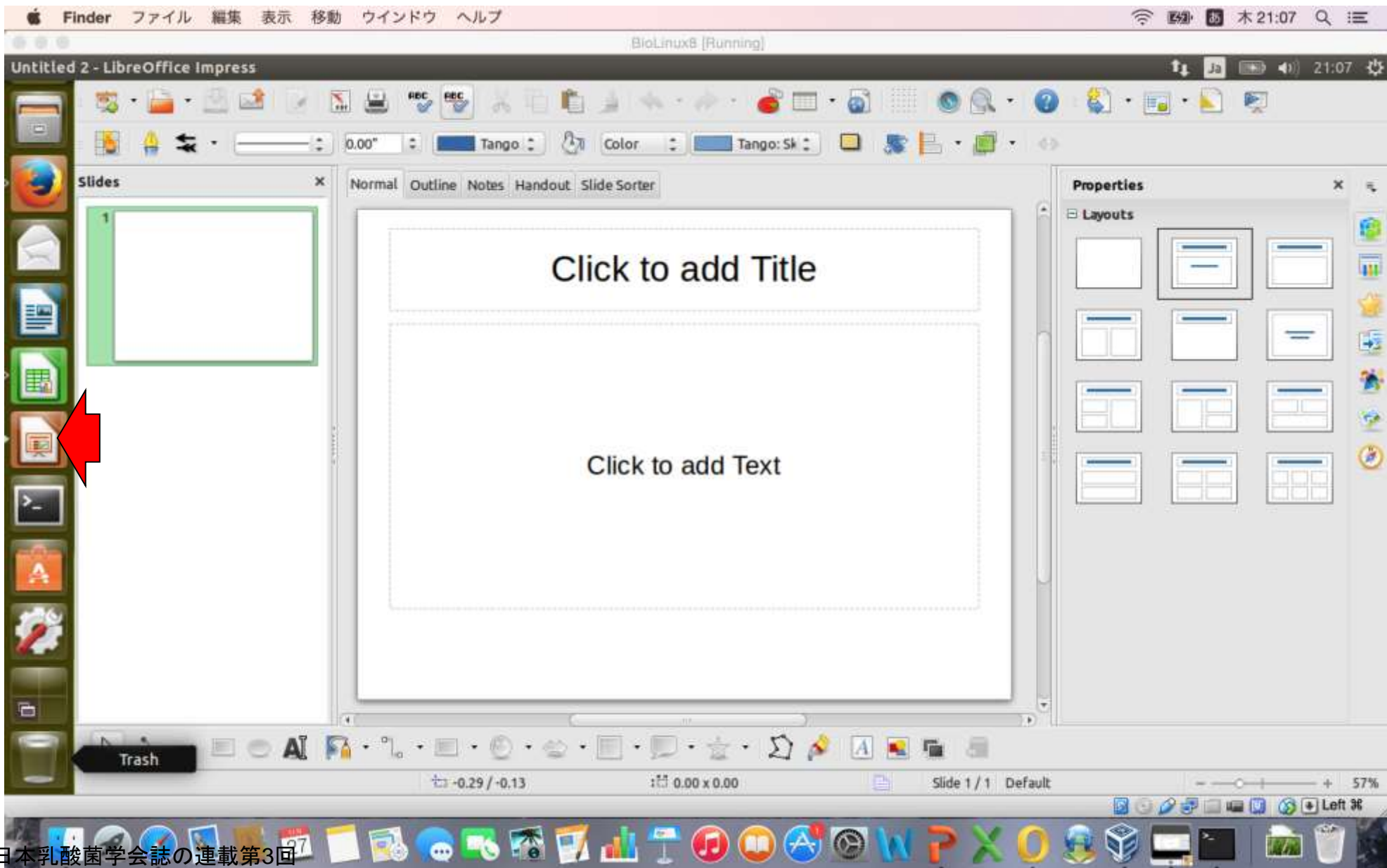
W7-3

①Workspace Switcherアイコンをクリックした結果。②4画面分の左下を表示させる。



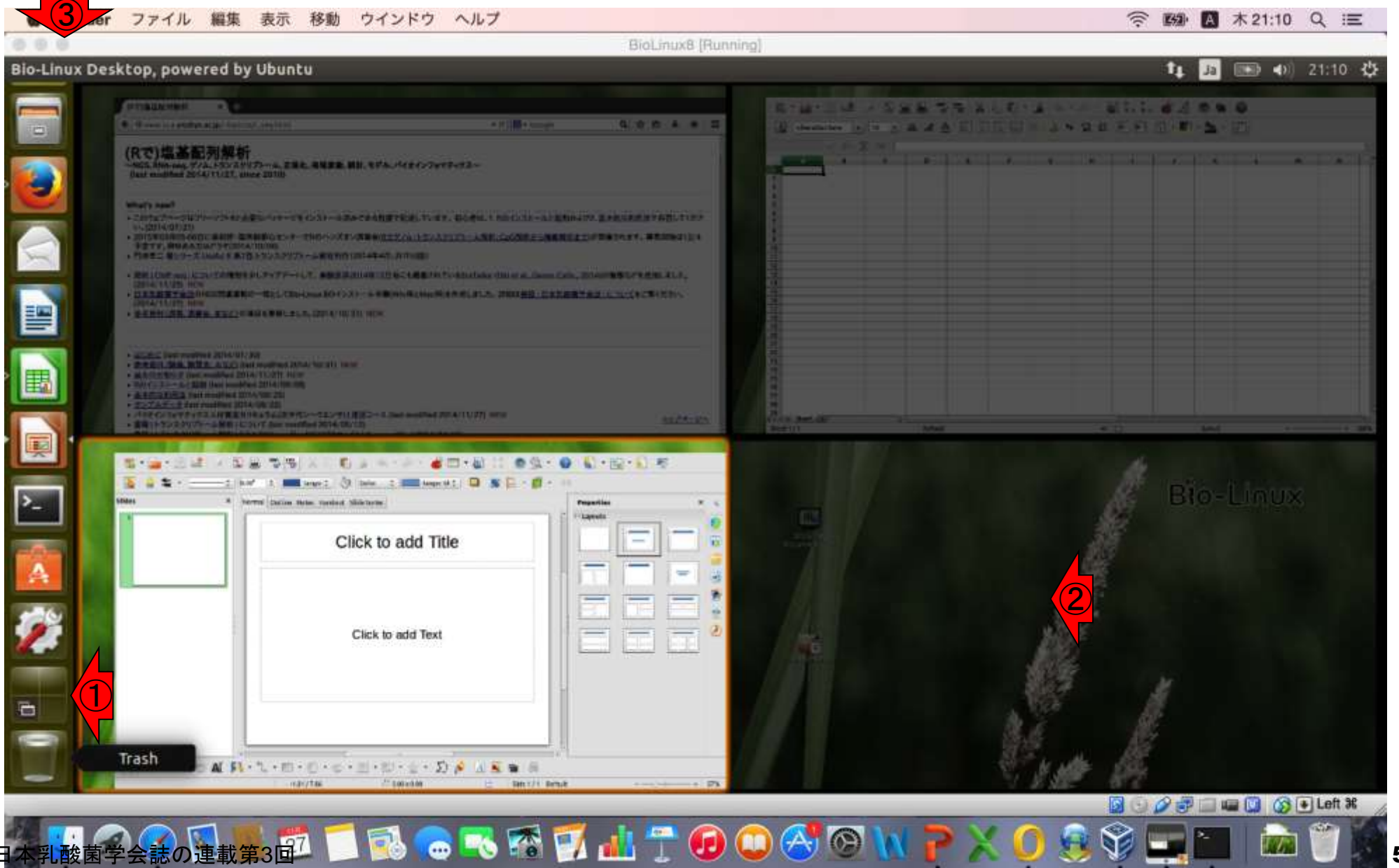
W7-3

4画面分の左下を表示させ、プレゼンテーションソフト(LibreOffice Impress)を起動した結果。



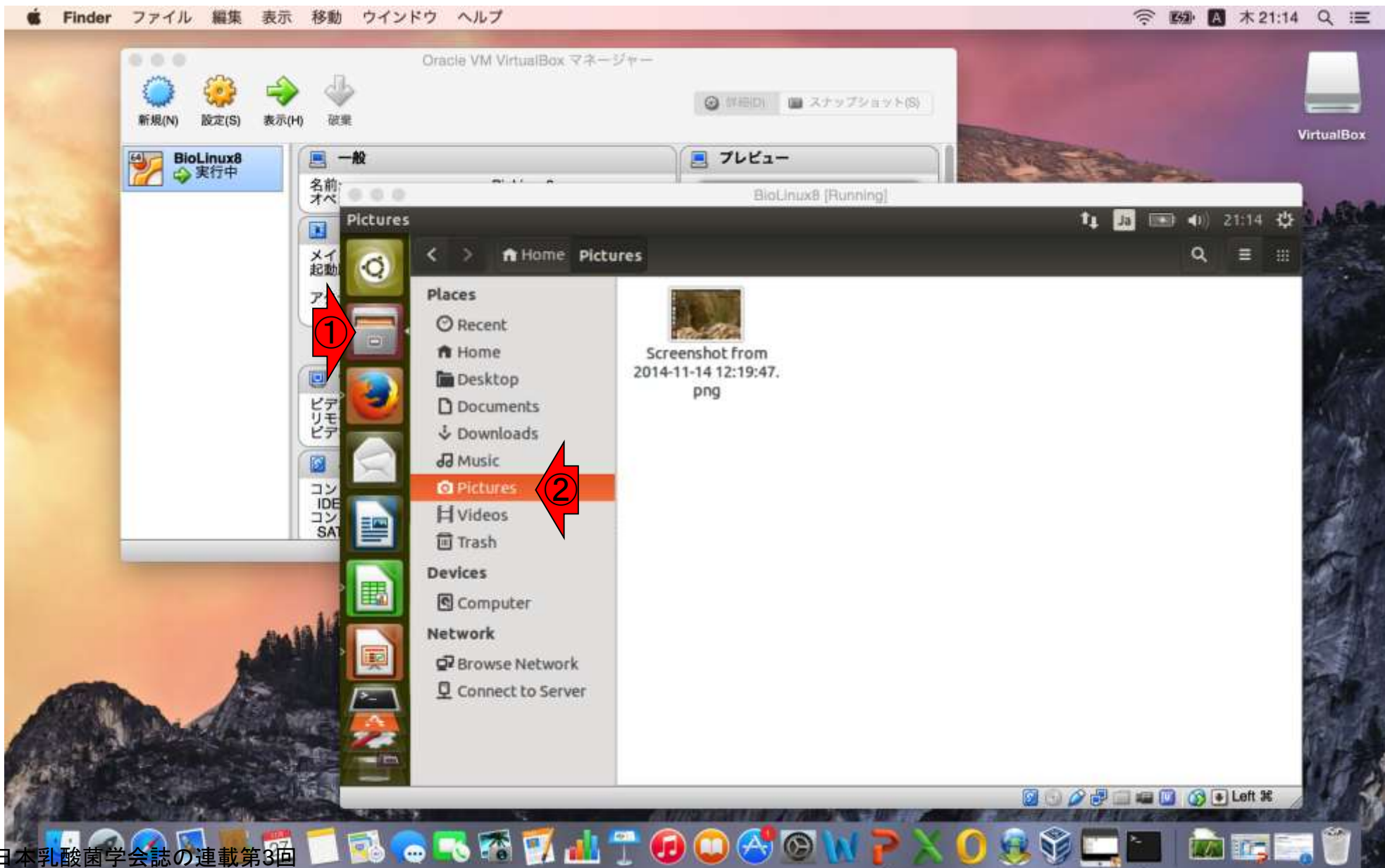
4画面分の右下を表示させ、全画面表示を解除。

W8-1



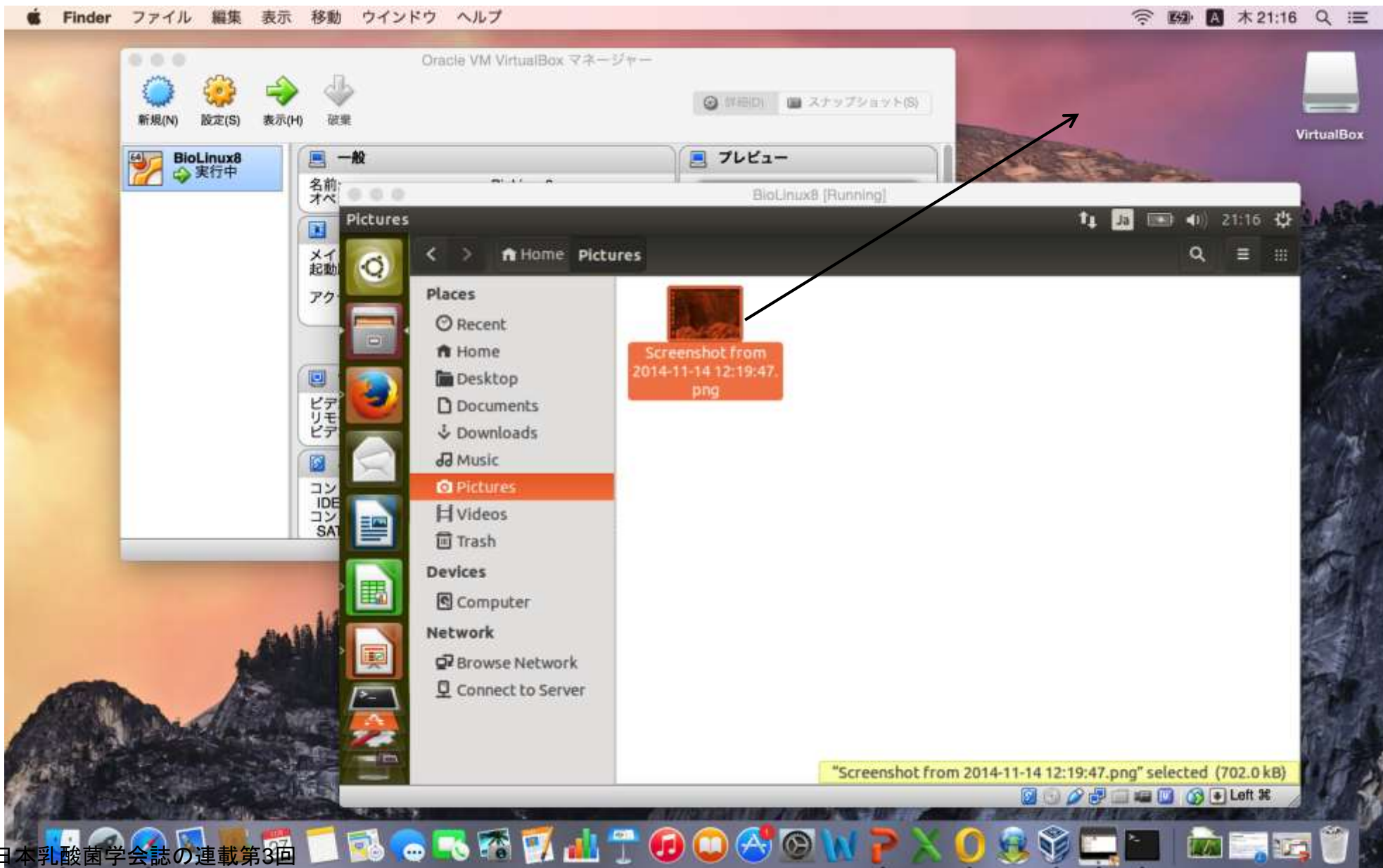
W8-1

- ①フォルダアイコンをクリックし、
- ②Picturesフォルダをクリック。



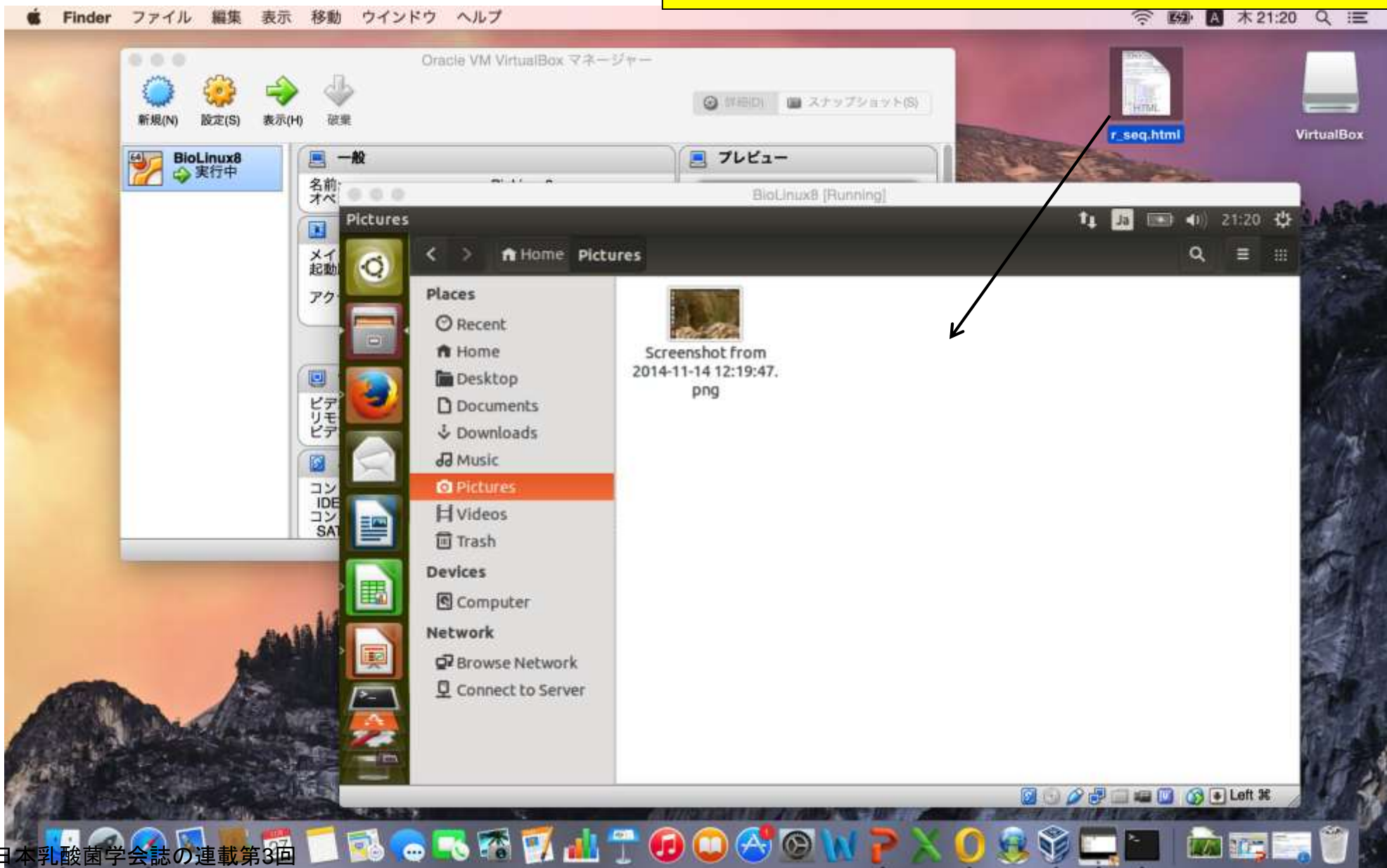
W8-1

ゲストOSのフォルダ内にあるpngファイルを、ホストOSのデスクトップにドラッグ&ドロップすることはできないようだ。

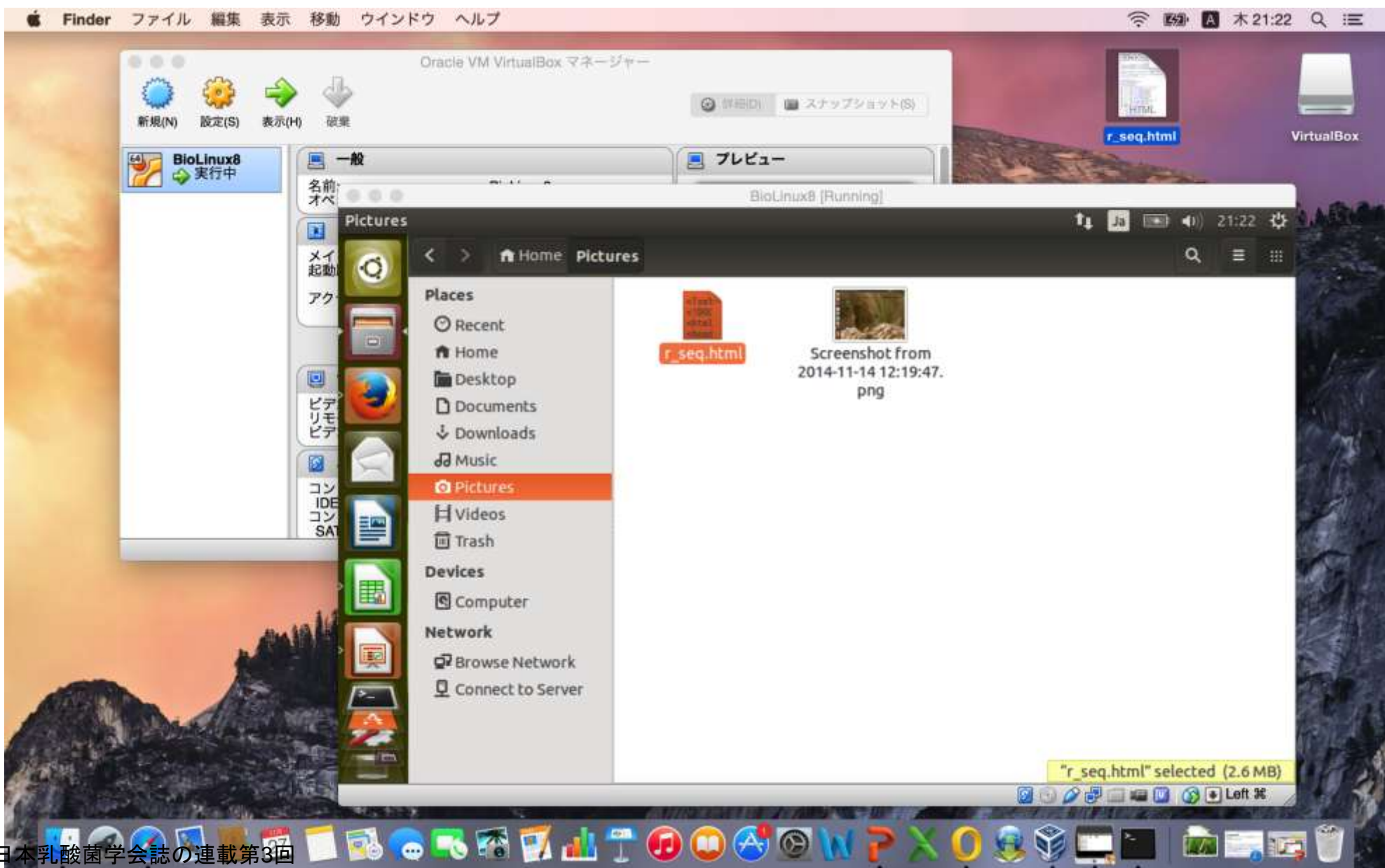


W8-1

ホストOSのデスクトップにあるhtmlファイル(手元にある任意のファイルで試してよい)を、ゲストOSのフォルダ内にドラッグ&ドロップすることはできるようだ。

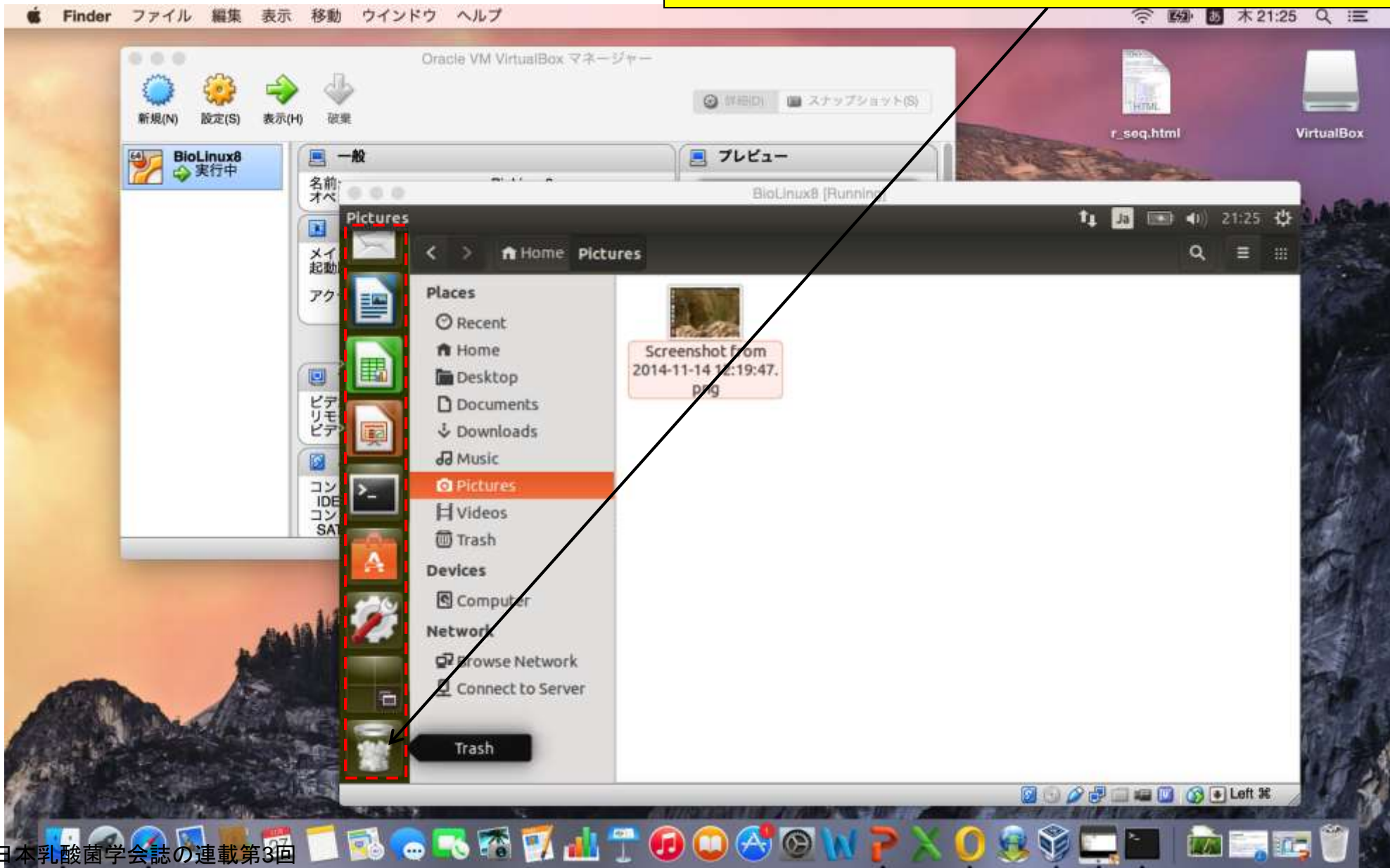


W8-1



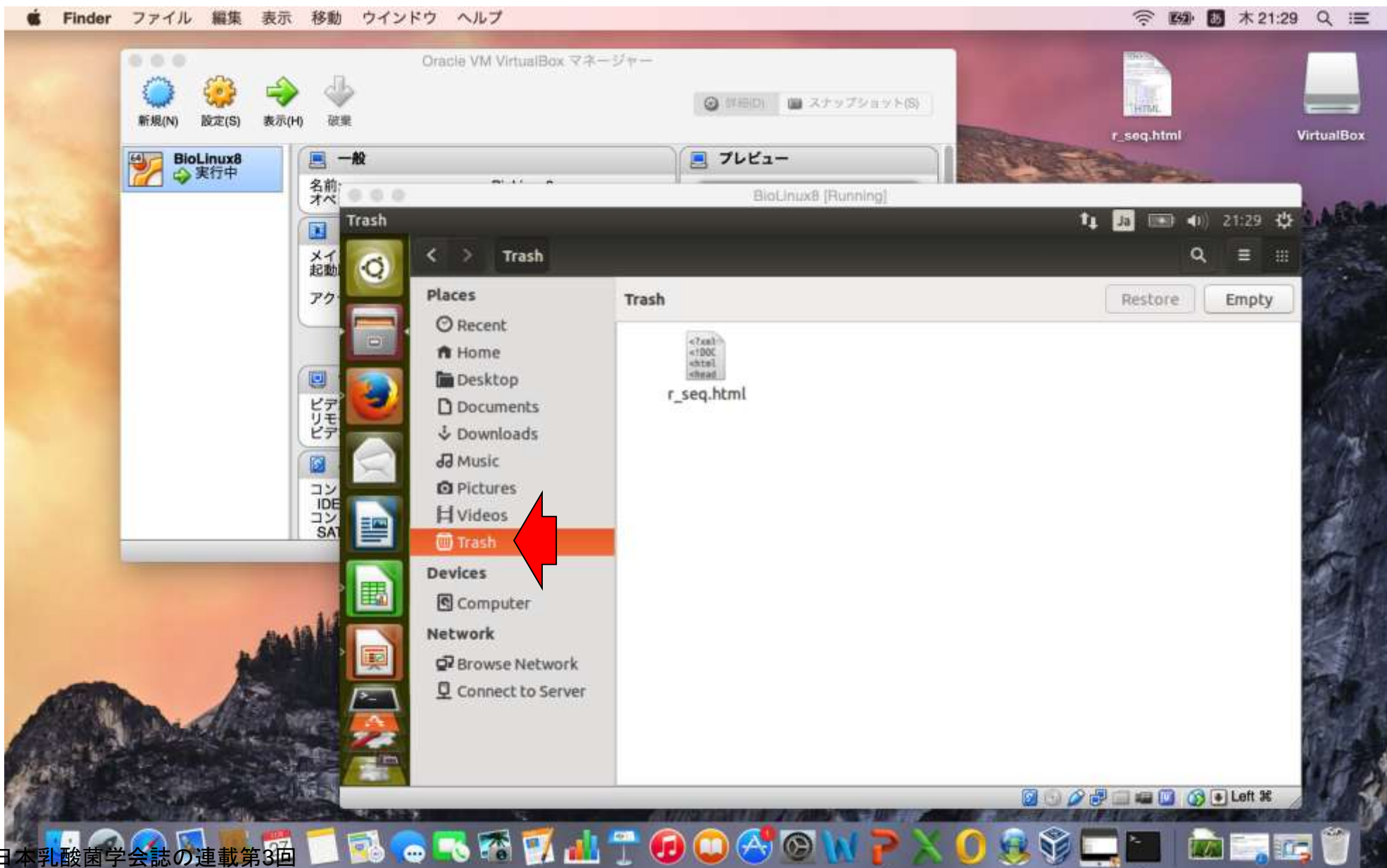
W8-2

ファイルの削除は、通常のGUI環境と基本的に同じ。削除したいファイル(例:r_seq.html)を赤枠アイコンの一番下にあるゴミ箱(Trash)に移動させればよい。



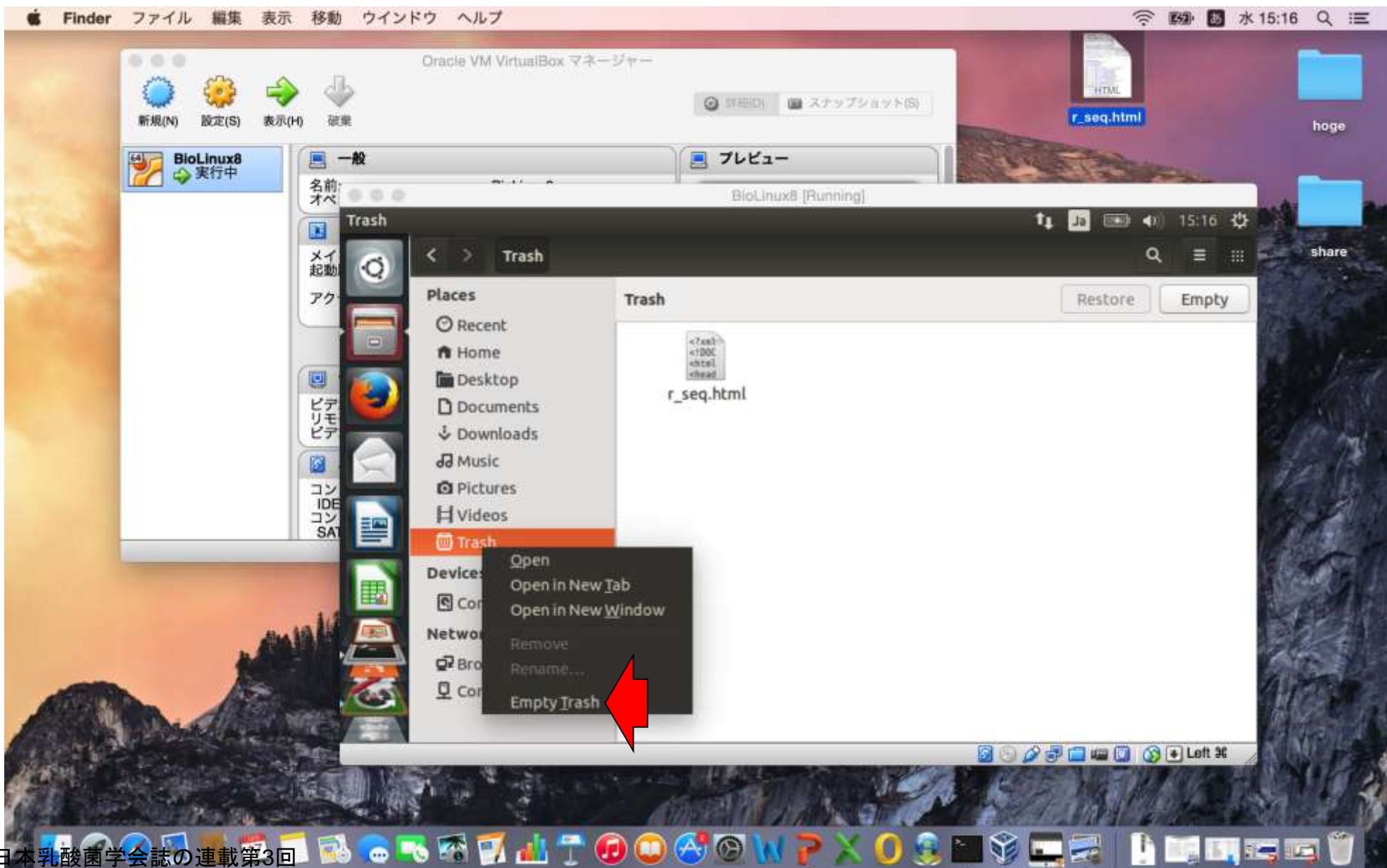
W8-2

ゴミ箱をクリックするなり、赤矢印部分をクリックすると、ごみ箱の中身をみることができる。



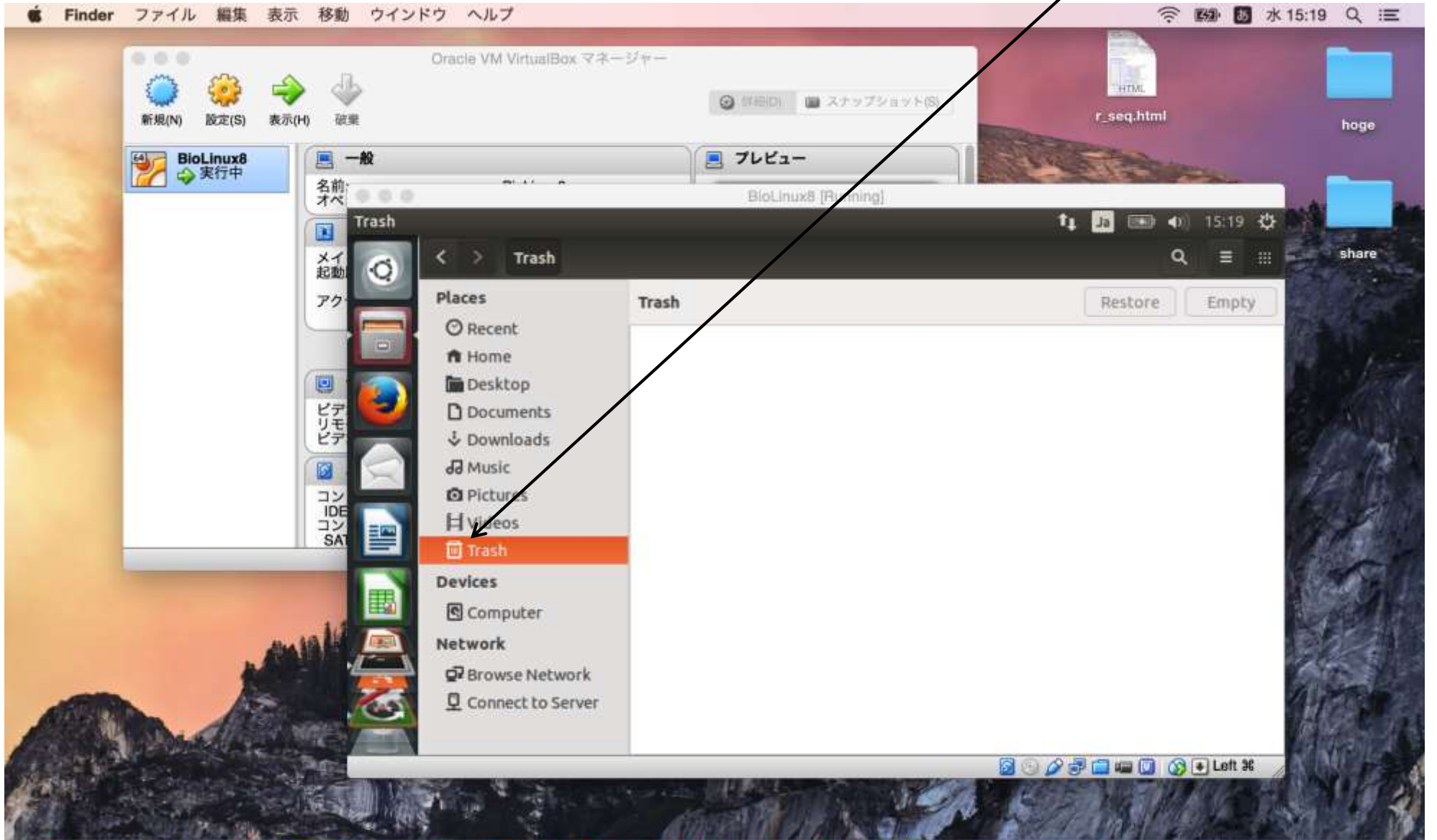
W8-2

ゴミ箱アイコン上で右クリックし、Empty Trashを選択することでゴミ箱を空にすることができます。



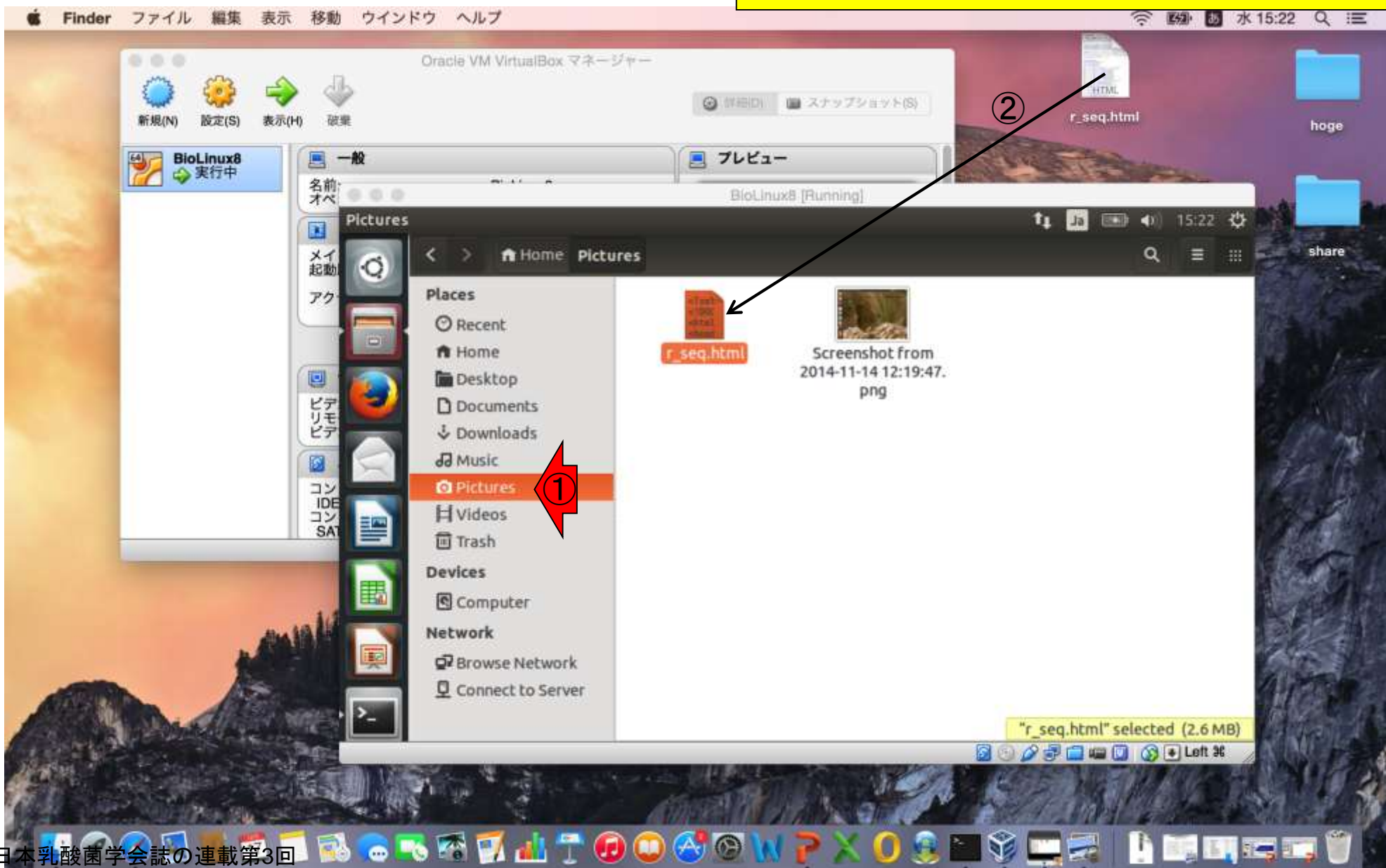
ゴミ箱アイコンがスリムになっていますね。

W8-2



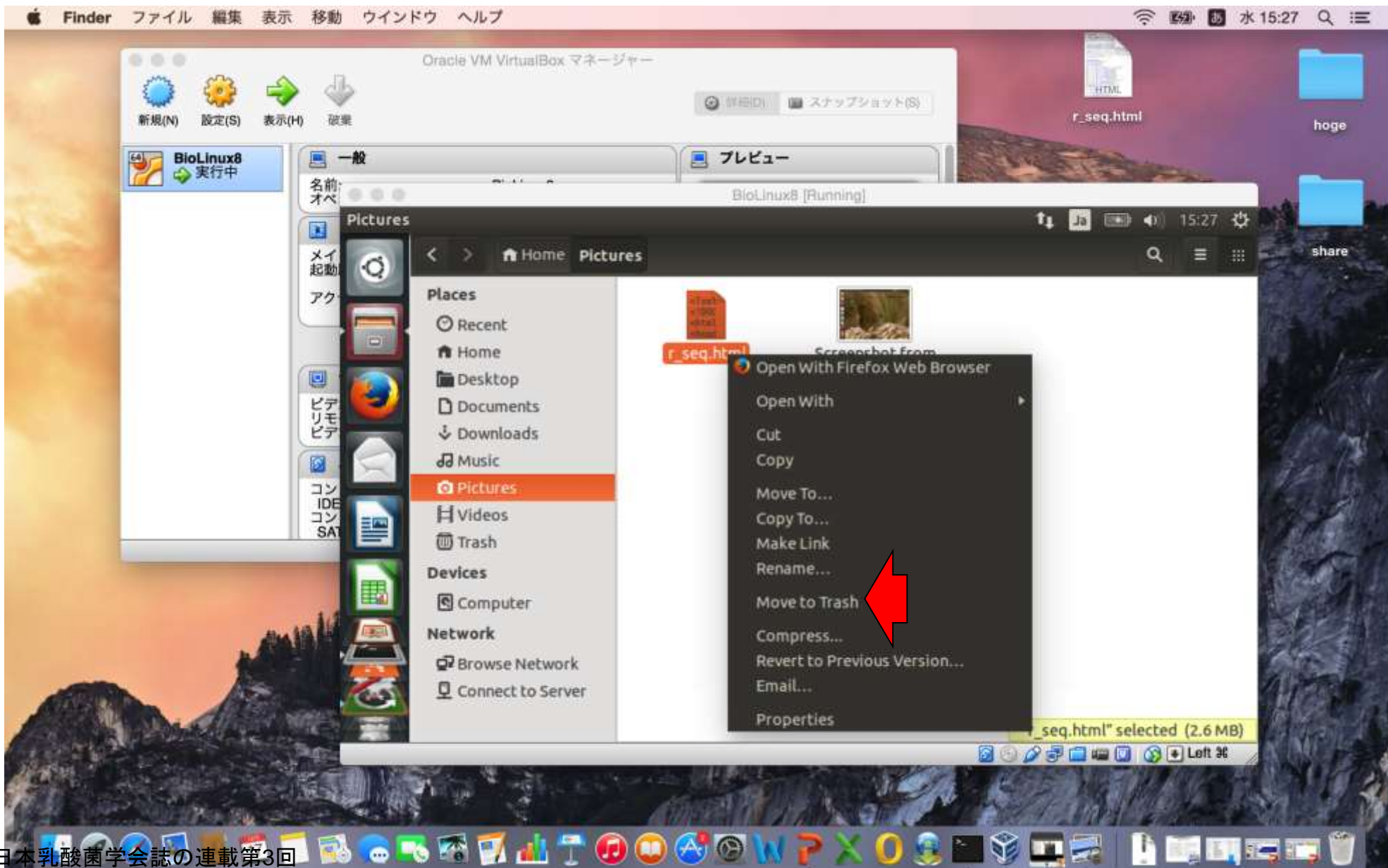
W8-2

もう一度、さきほどのPicturesフォルダに移動して
ホストOSのデスクトップにあるr_seq.htmlをゲ
ストOSのPicturesフォルダにドラッグ&ドロップ



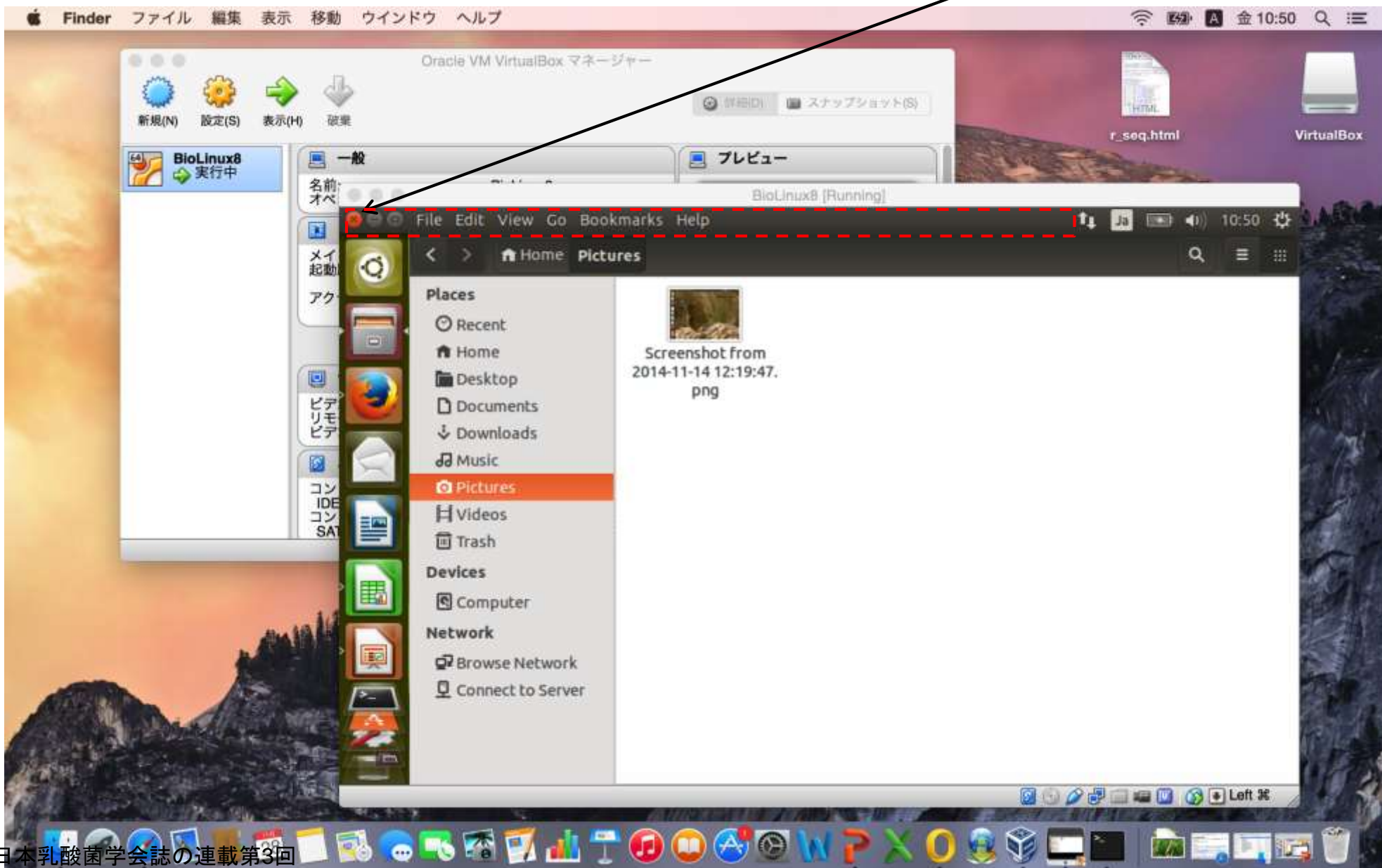
W8-2

削除したいファイルのアイコン上で右クリックして、Move to Trashを選択するのもよい。



W8-3

ターミナルの説明に入る前に、赤枠内にカーソル移動し、一番左側の×ボタンを押してフォルダ画面を閉じる。



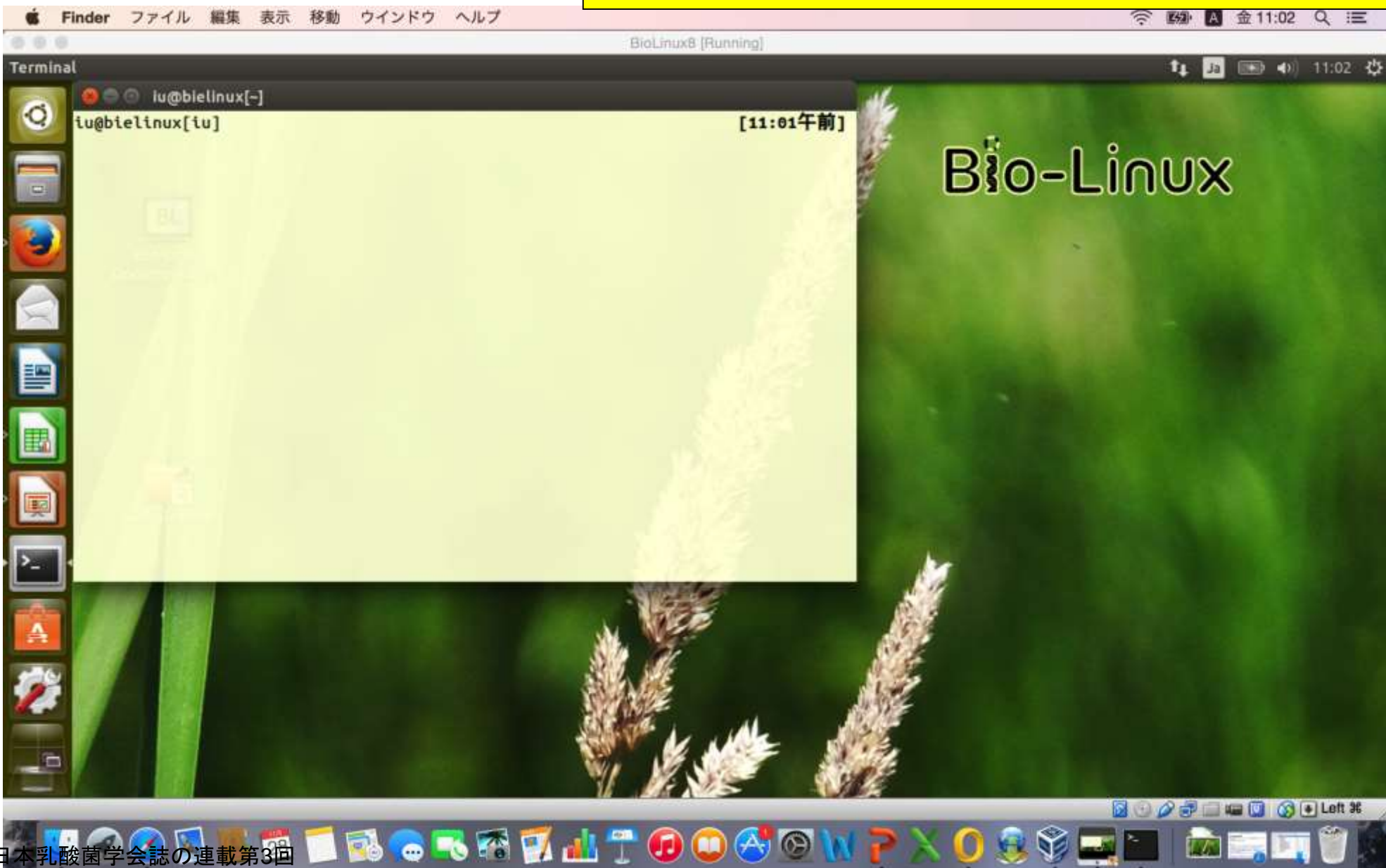
①全画面表示に切り替えて、②ターミナルを起動。

W8-3



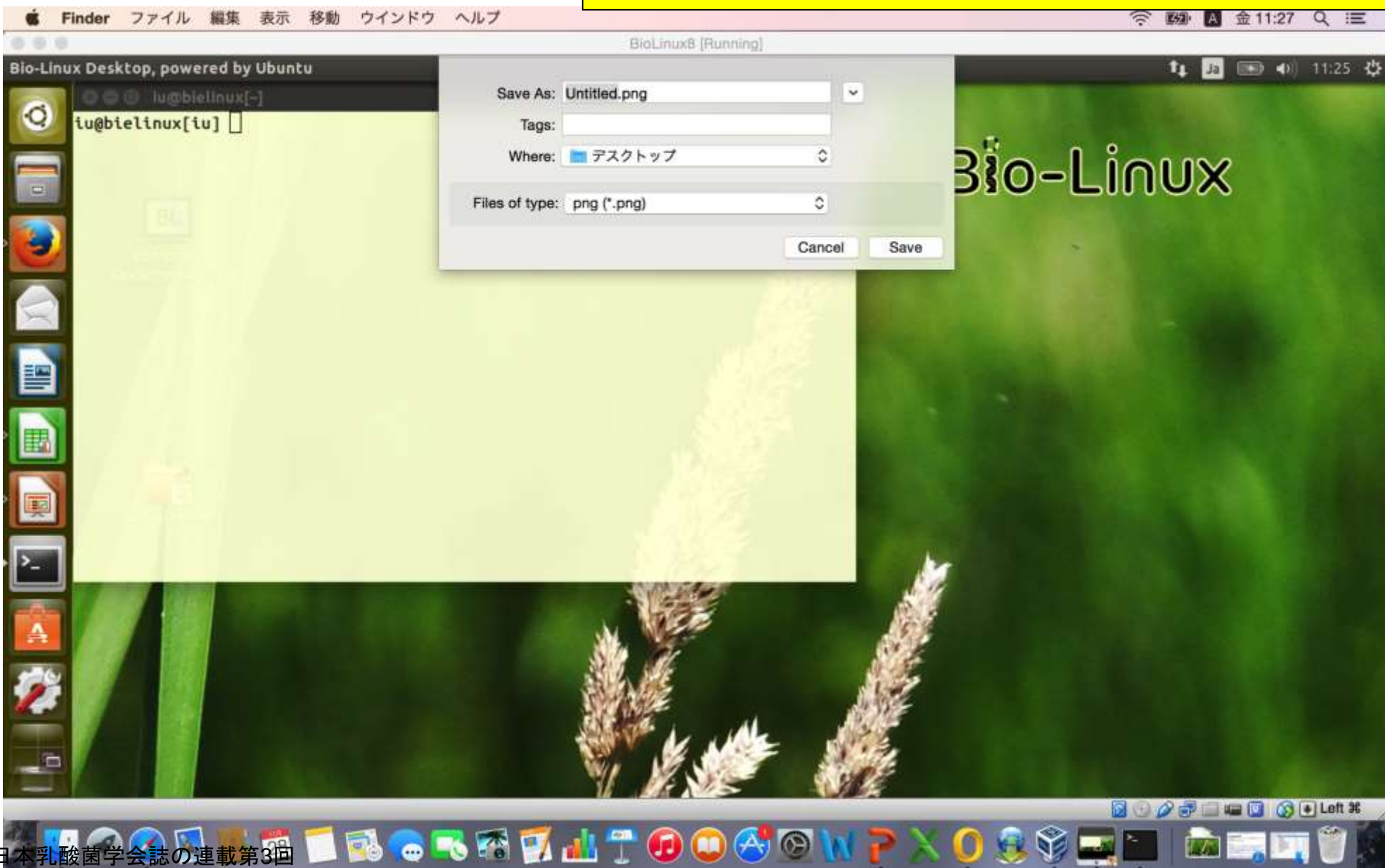
W8-3

ターミナル起動後の状態。ホストOSでのスクリーンショット。
BioLinux8ウィンドウを非アクティブ状態にして、command + shift + 3を押しているだけ。

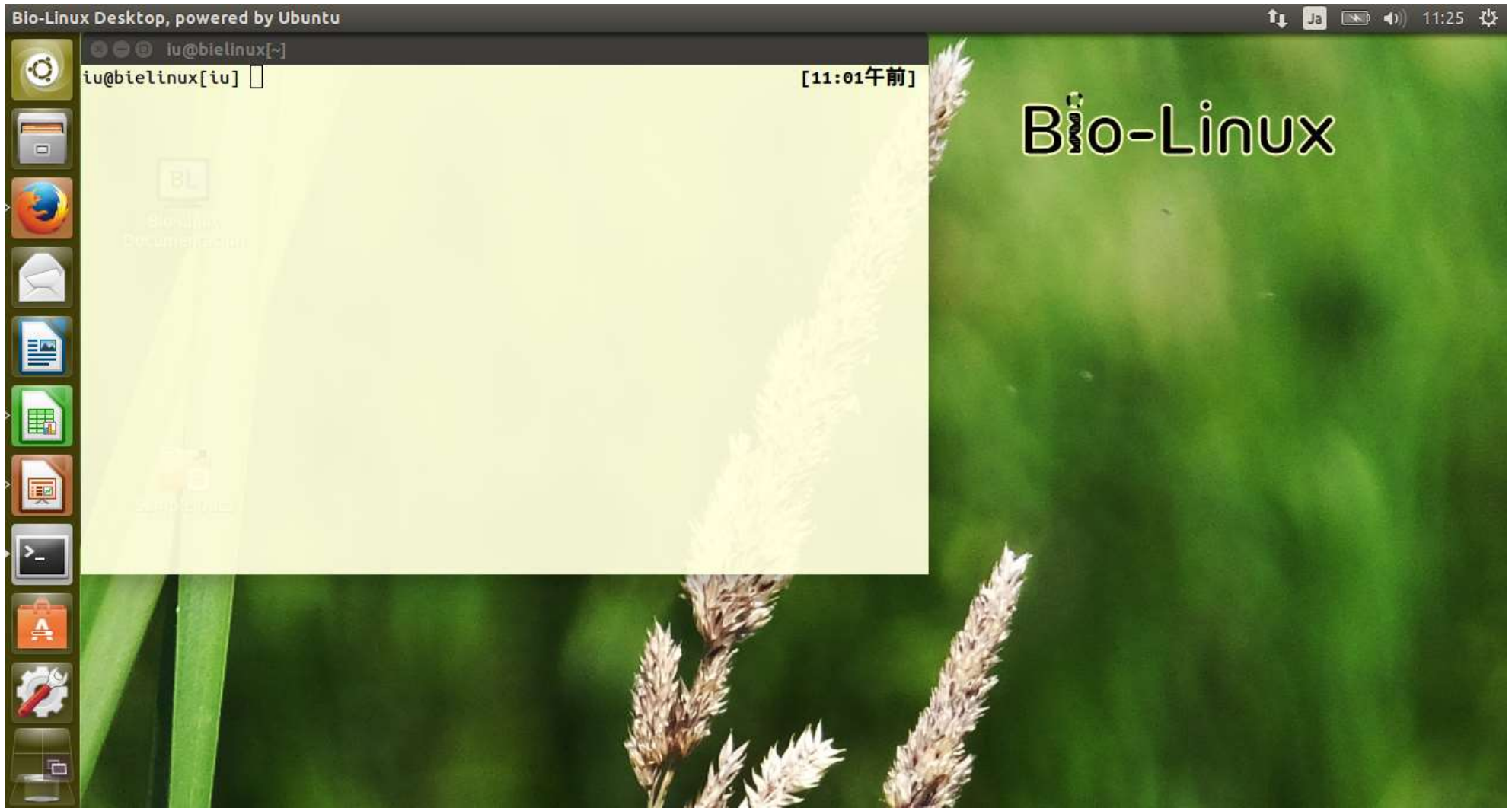


W8-3

BioLinux8ウィンドウをアクティブ状態にして、一番上に現れるVirtualBoxマネージャーの「Machine」-「Take Screenshot」を押して、再び非アクティブ状態にしている。

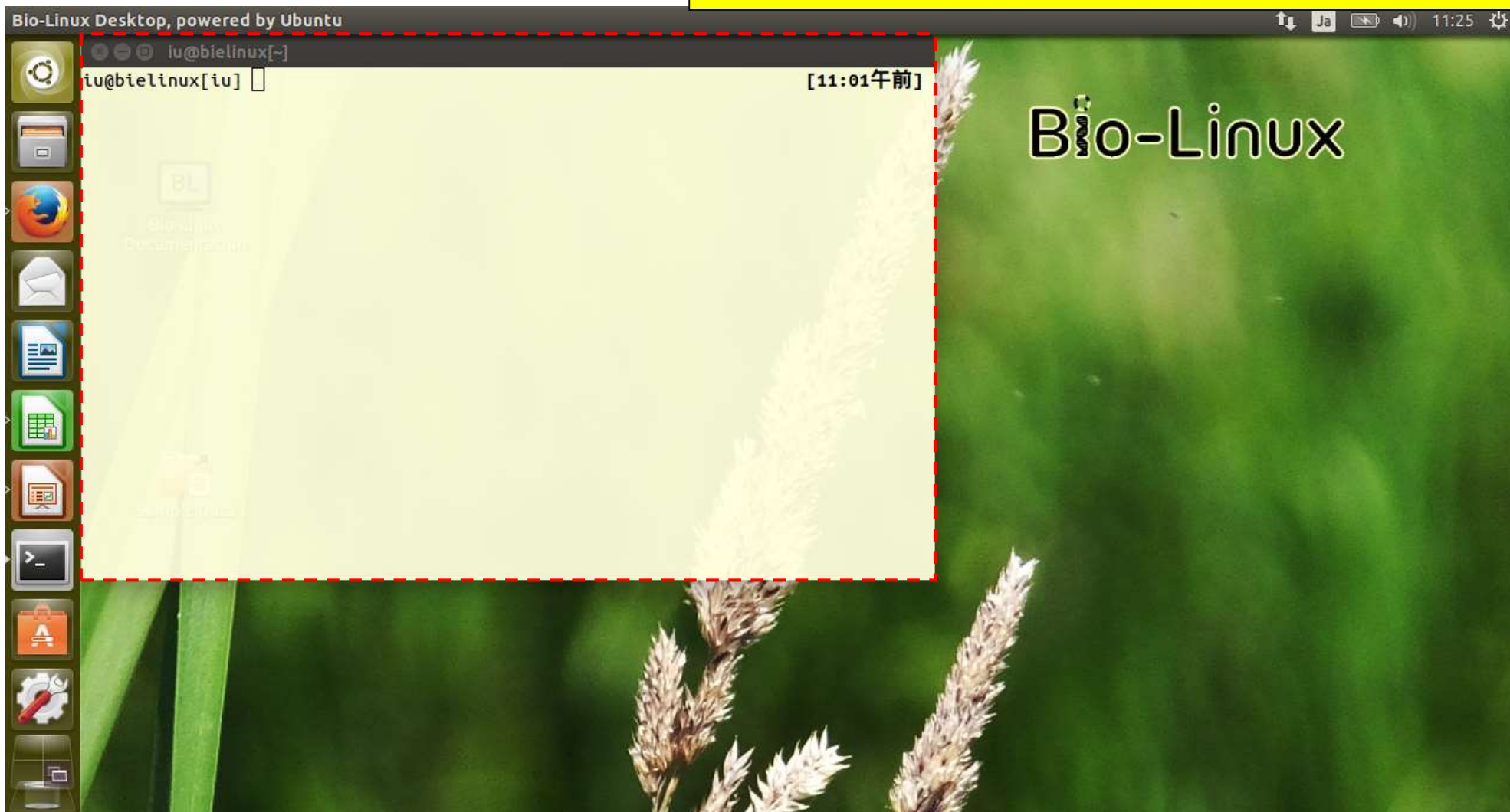


W8-3



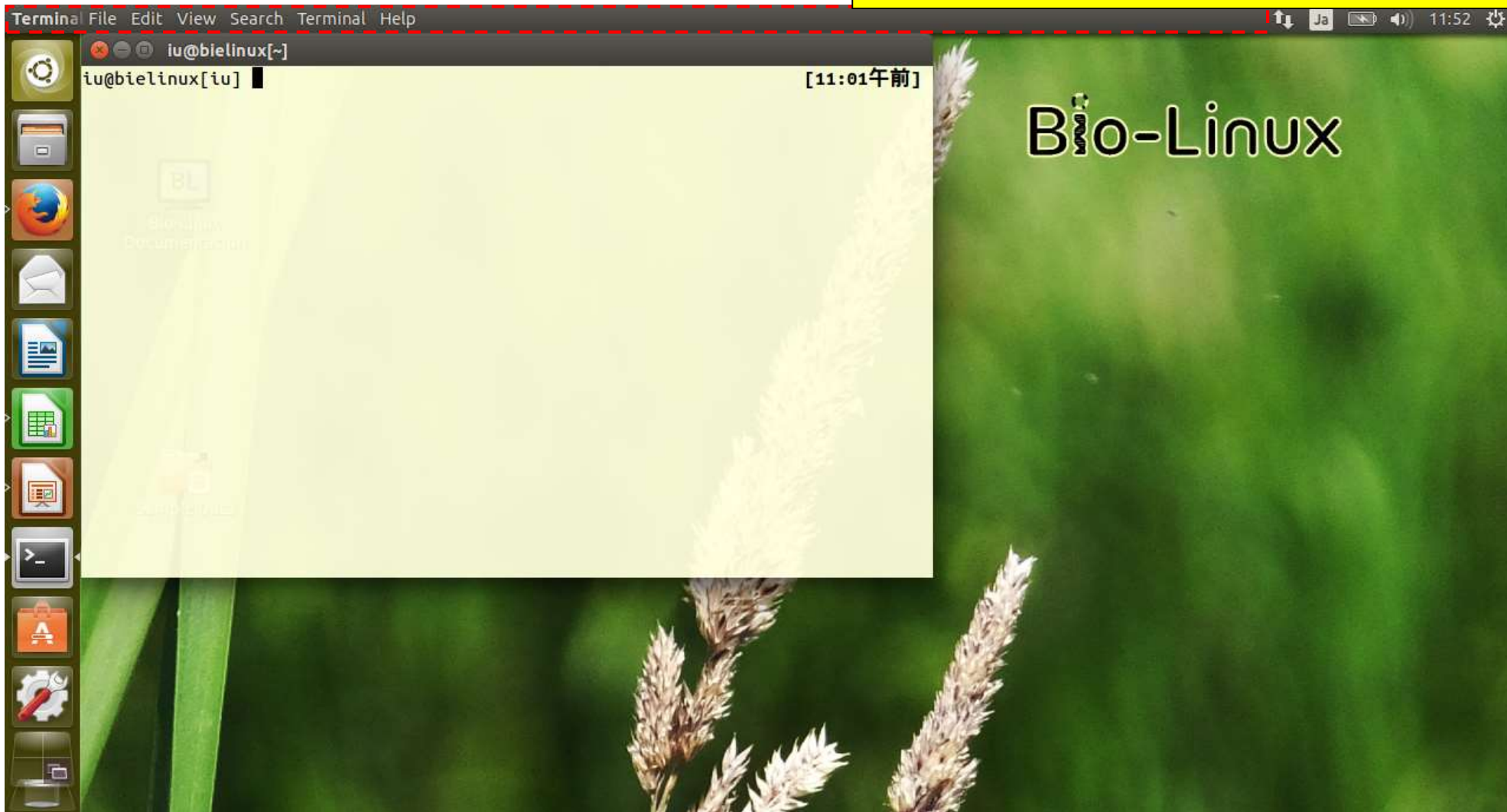
W8-4

ターミナルの文字の大きさを変える作業を行う。赤枠内でクリックし、ターミナルのウィンドウをアクティブにする。
(この画面自体はまだアクティブになっていない状態)

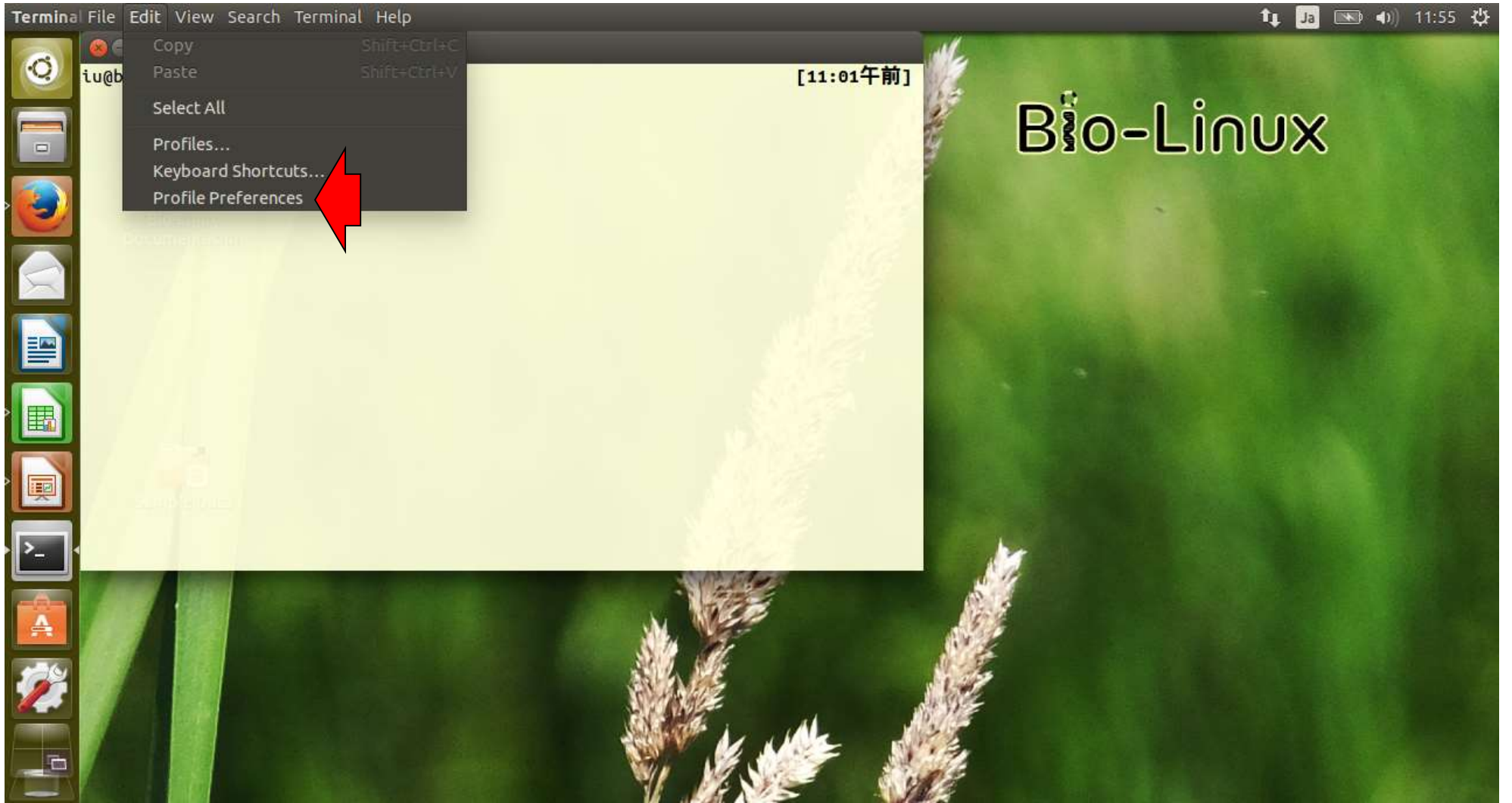


W8-4

ターミナルのウィンドウがアクティブになった状態。この状態でまた赤枠部分にカーソル移動させるとメニューが見られるようになる。

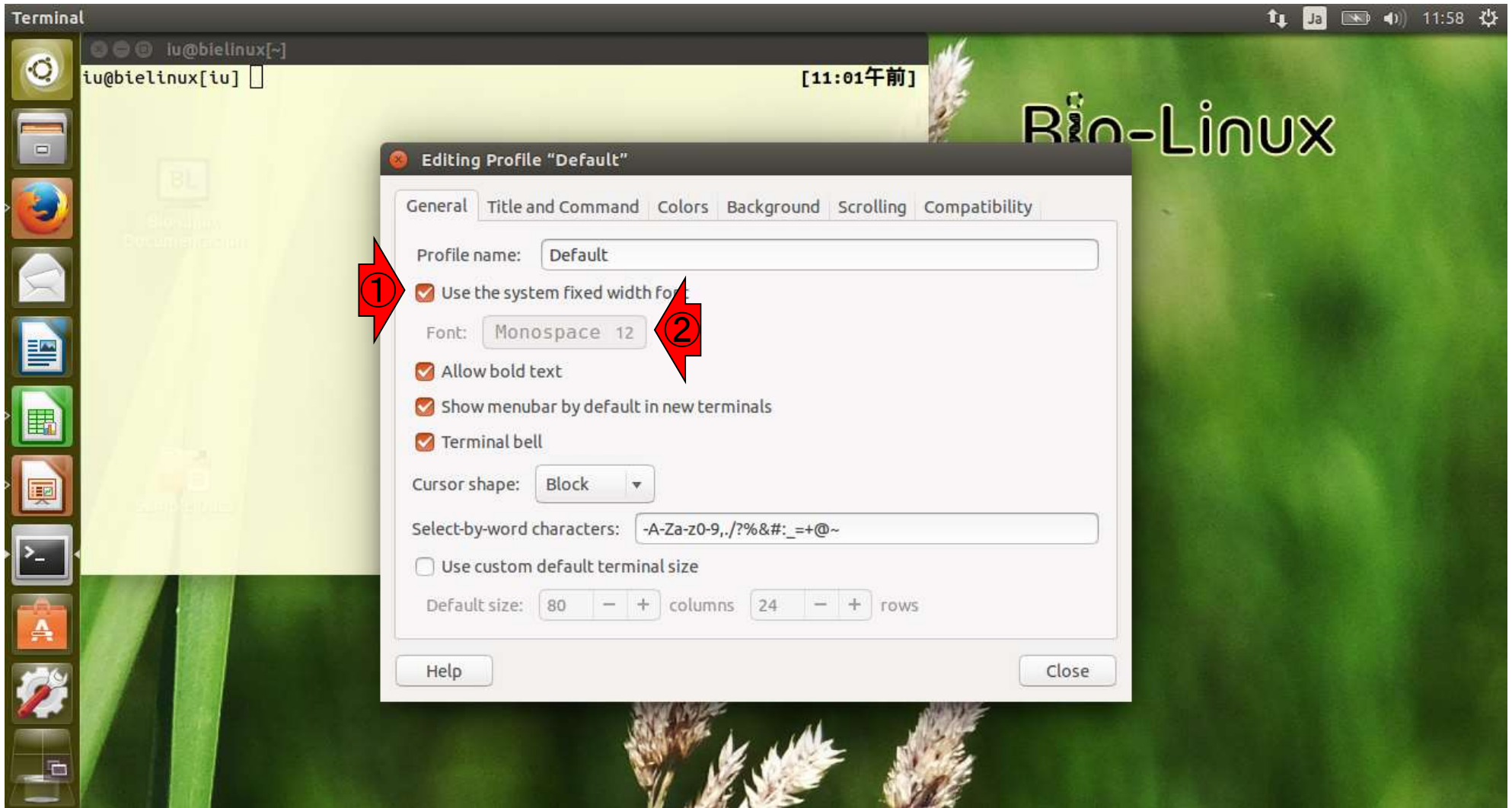


W8-4



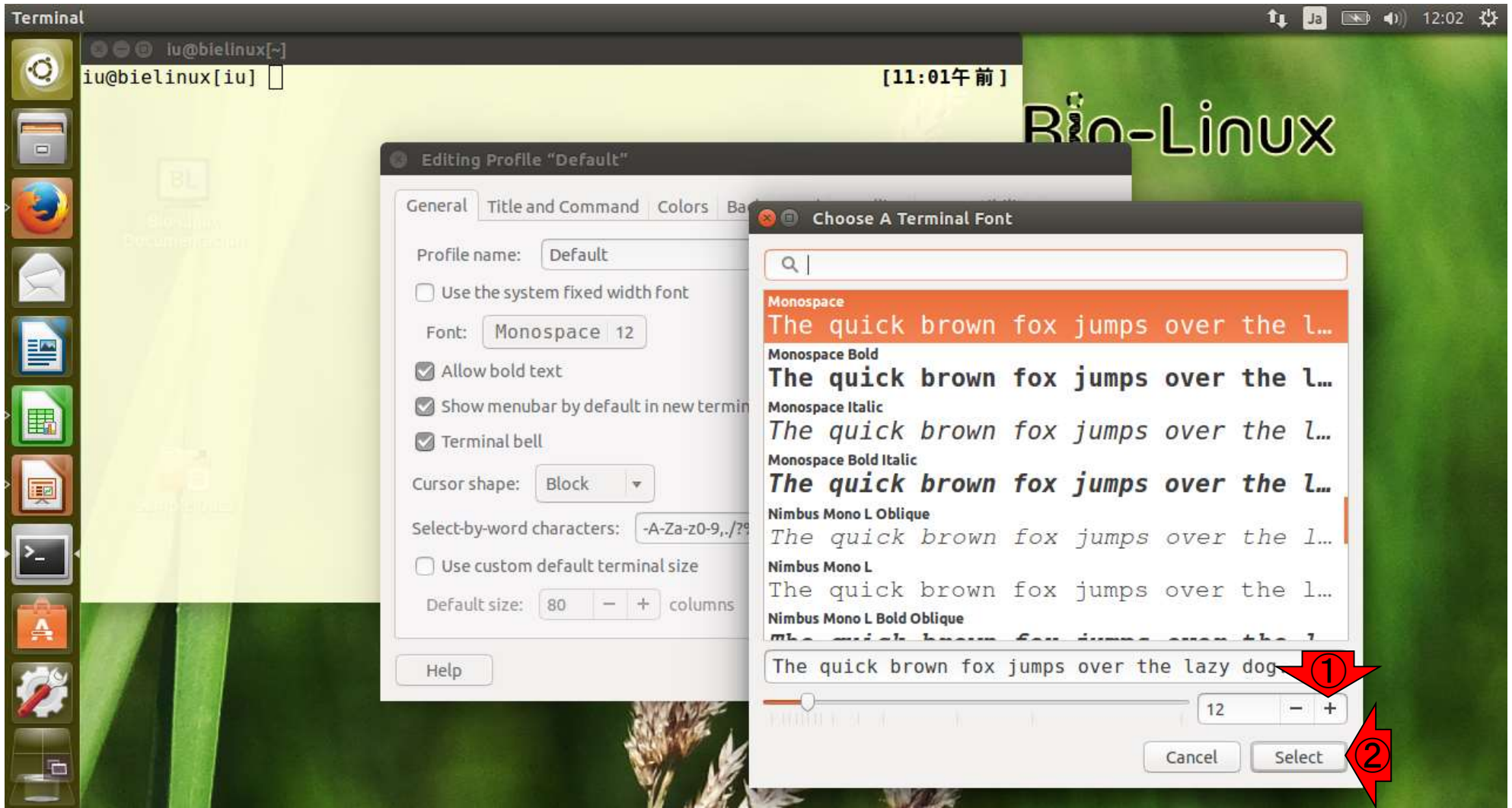
W8-4

①「Use the system fixed width font」のチェックを外し、②「Monospace 12」のあたりをクリック



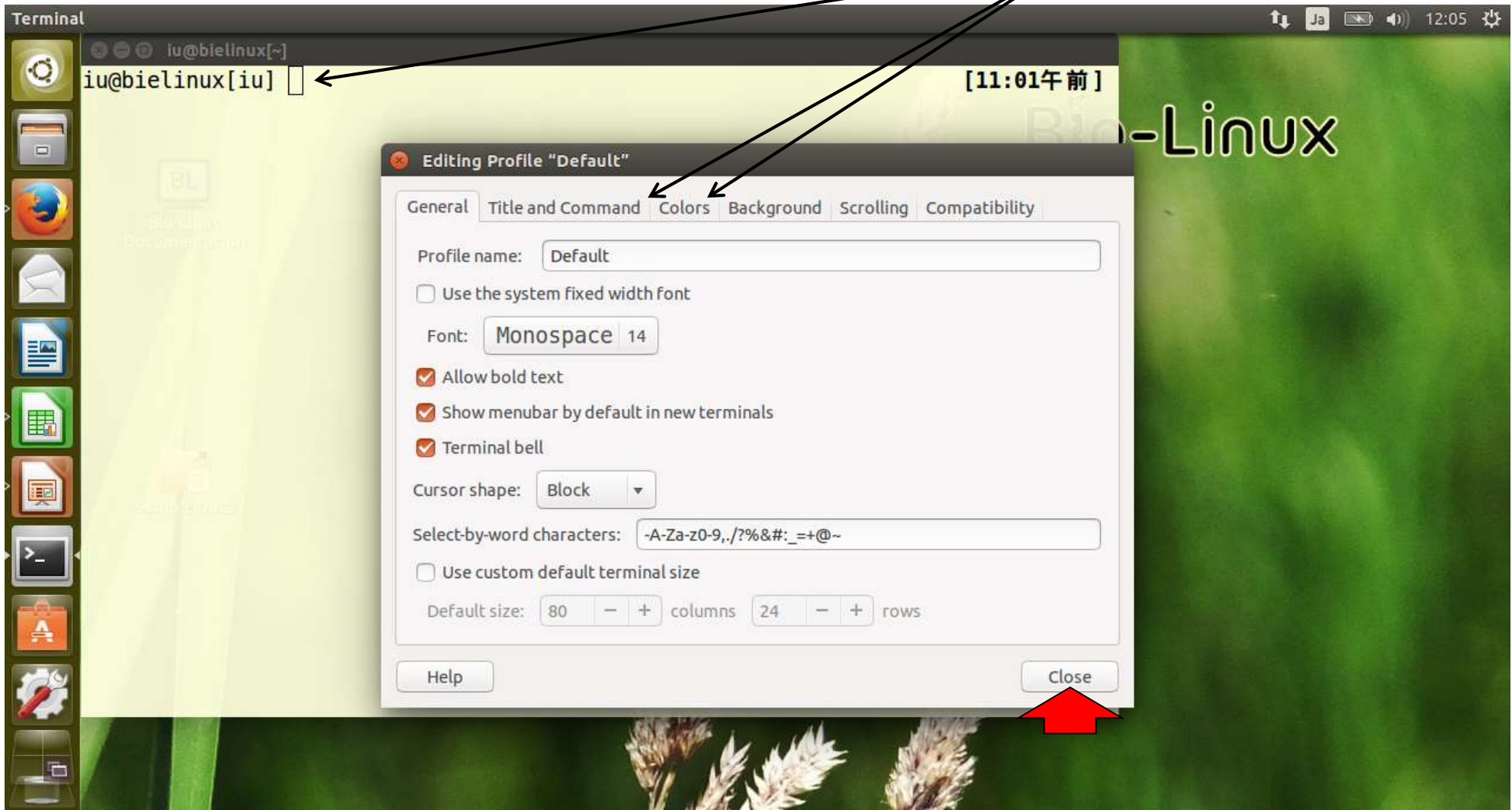
W8-4

フォントを文字の大きさを選択できます。ここでは、①+を2回押して大きさを14にしてから、②Selectボタンを押します。



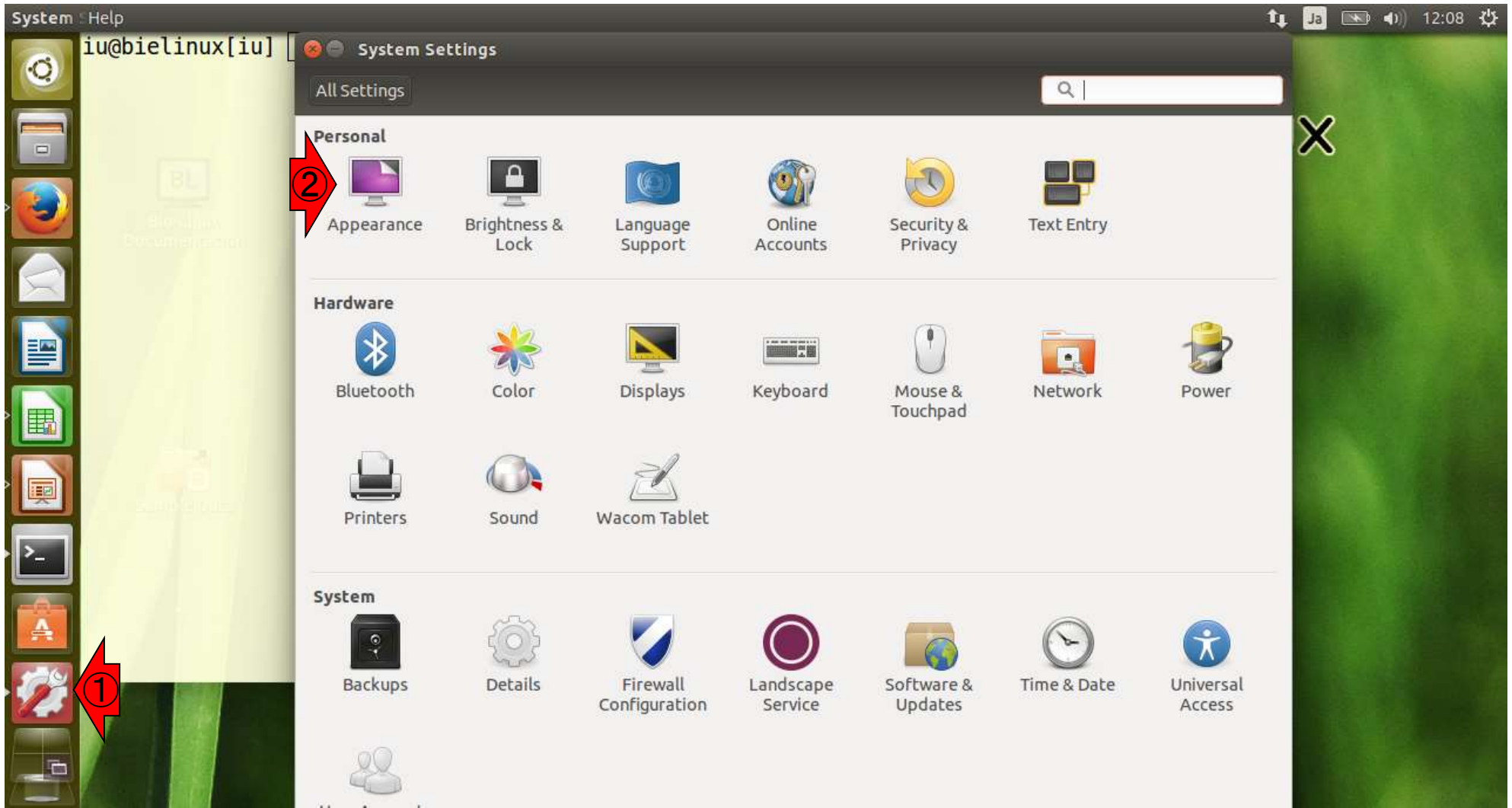
W8-4

確かに文字が大きくなったことがわかります。他にもTitle and CommandやColorsなどいくつか設定変更できることがわかる。



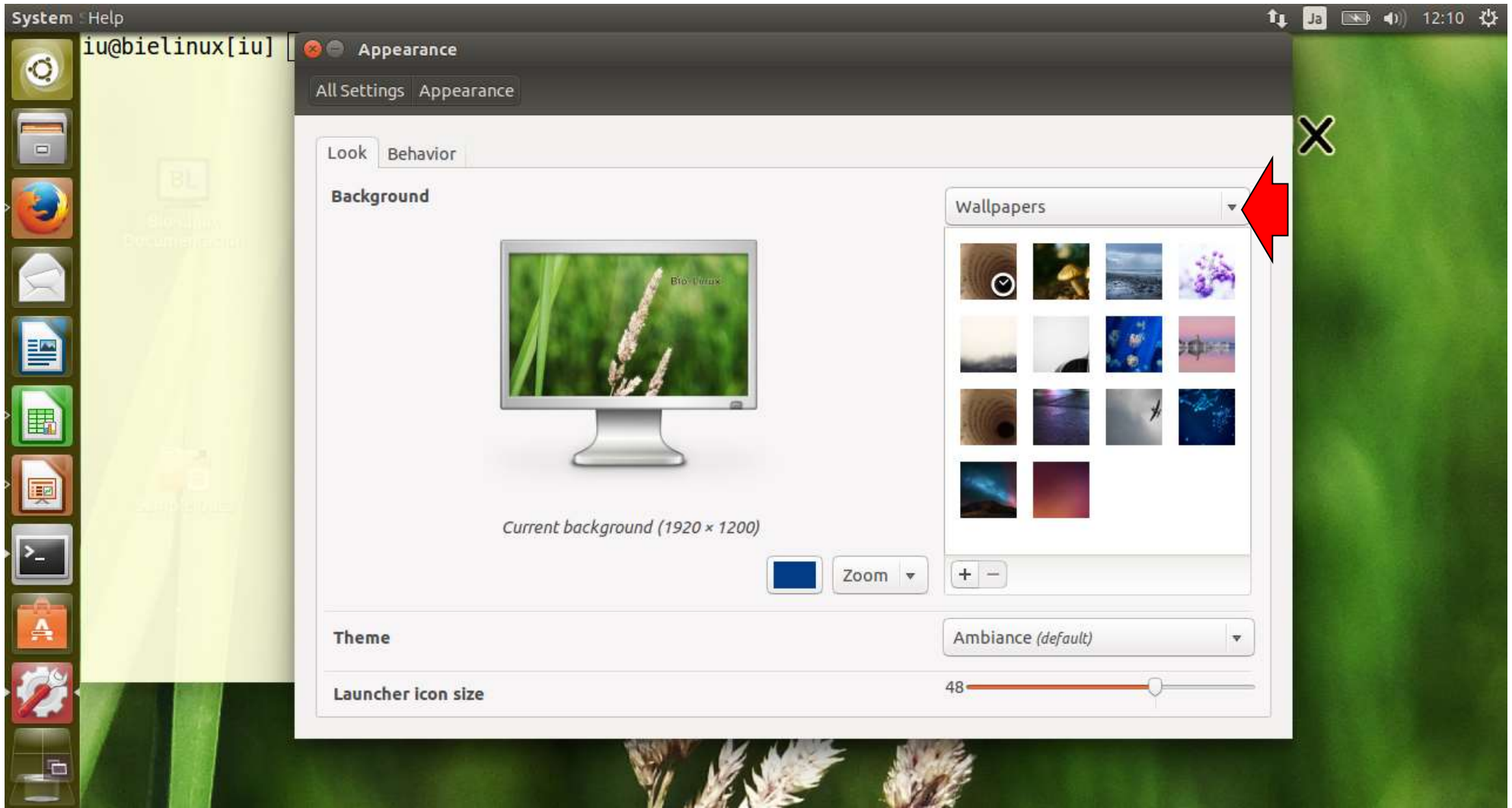
W8-5

ターミナル画面以外にも、Bio-Linux本体の設定も変更できます。①System Settings、②Appearanceをクリック。

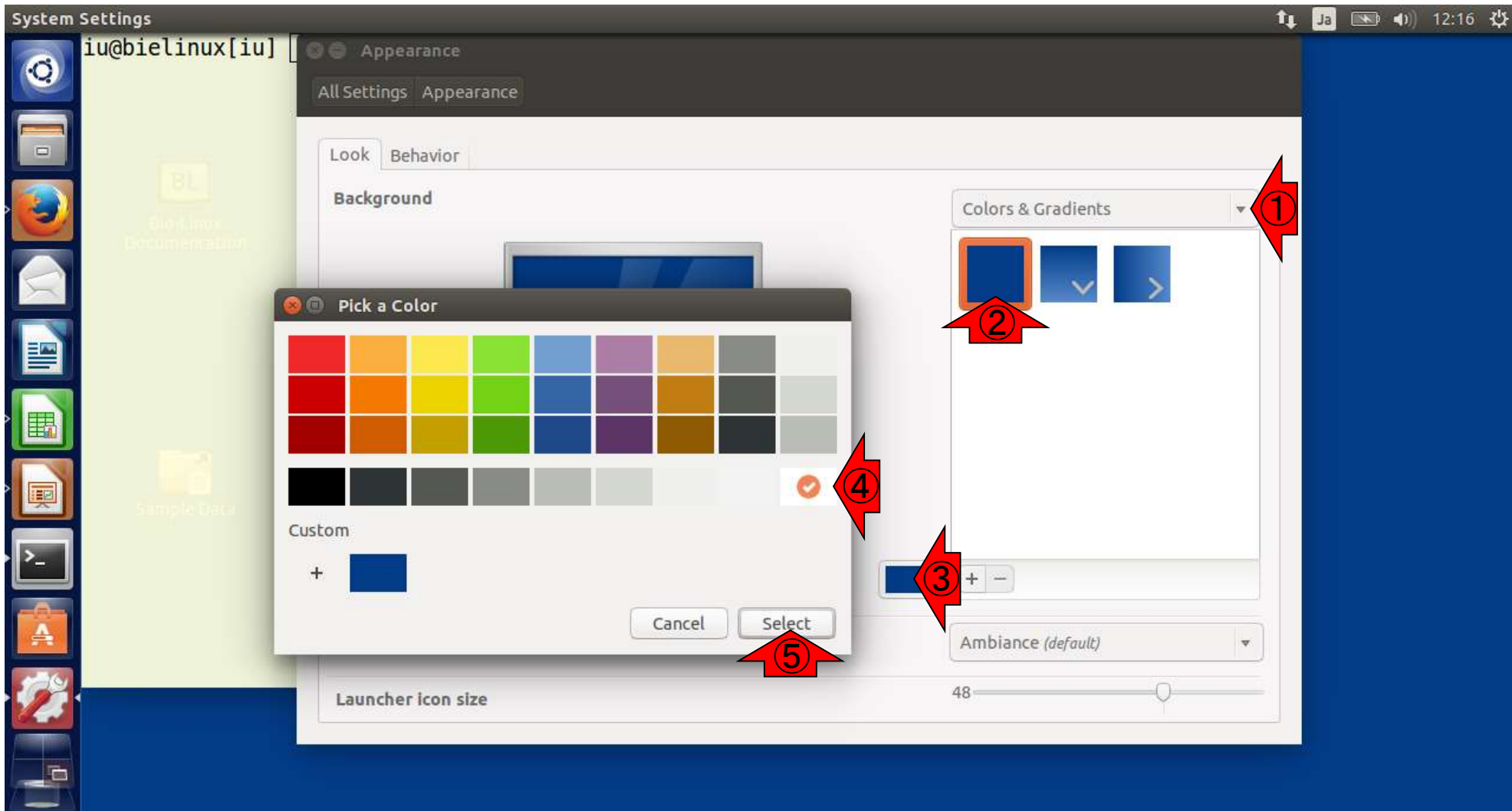


W8-5

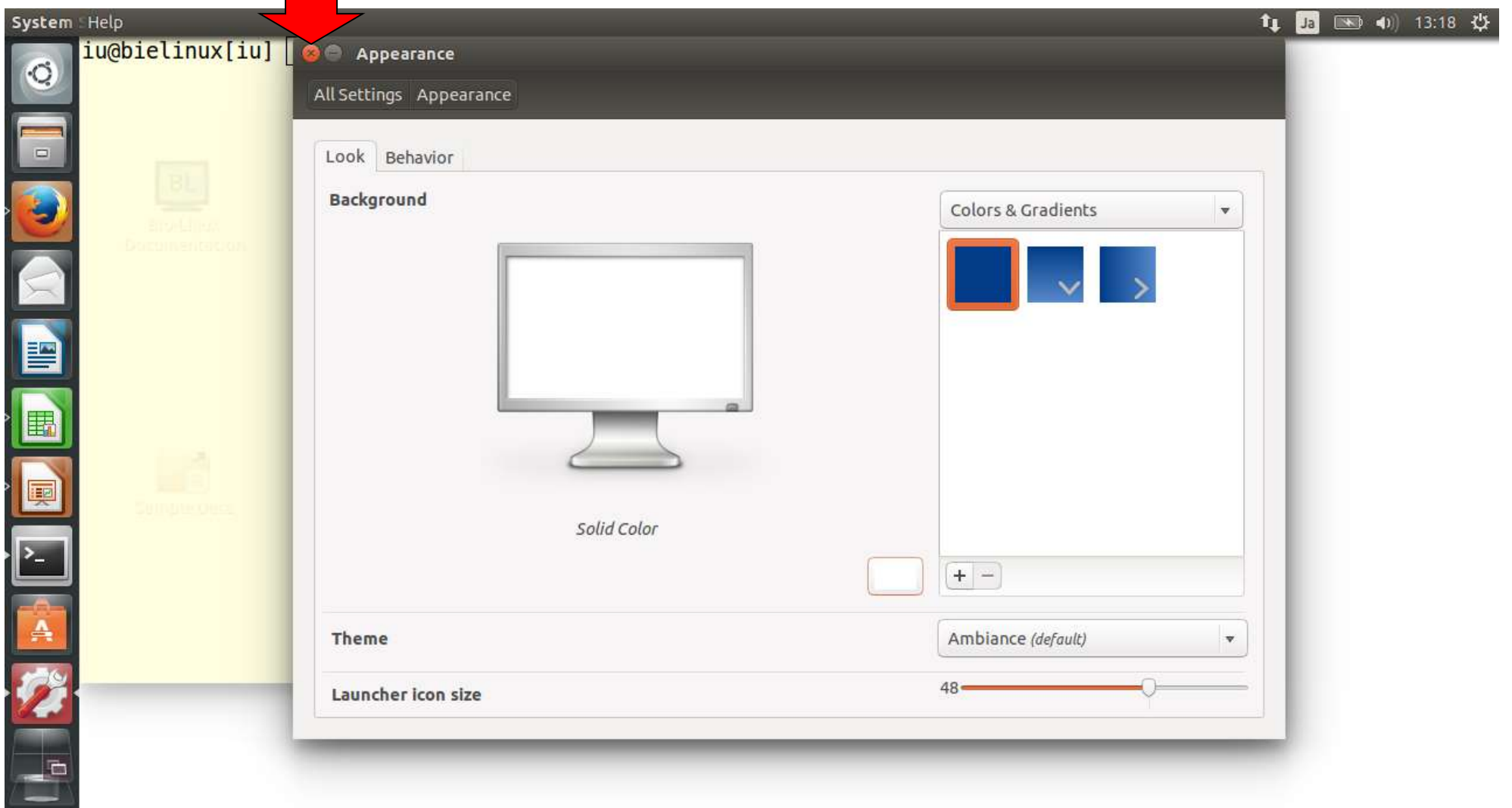
「Wallpapers」の中から白っぽいものを選んでよいが、ここでは、「Colors & Gradients」から辿ってゆき、真っ白にする。



W8-5



W8-5

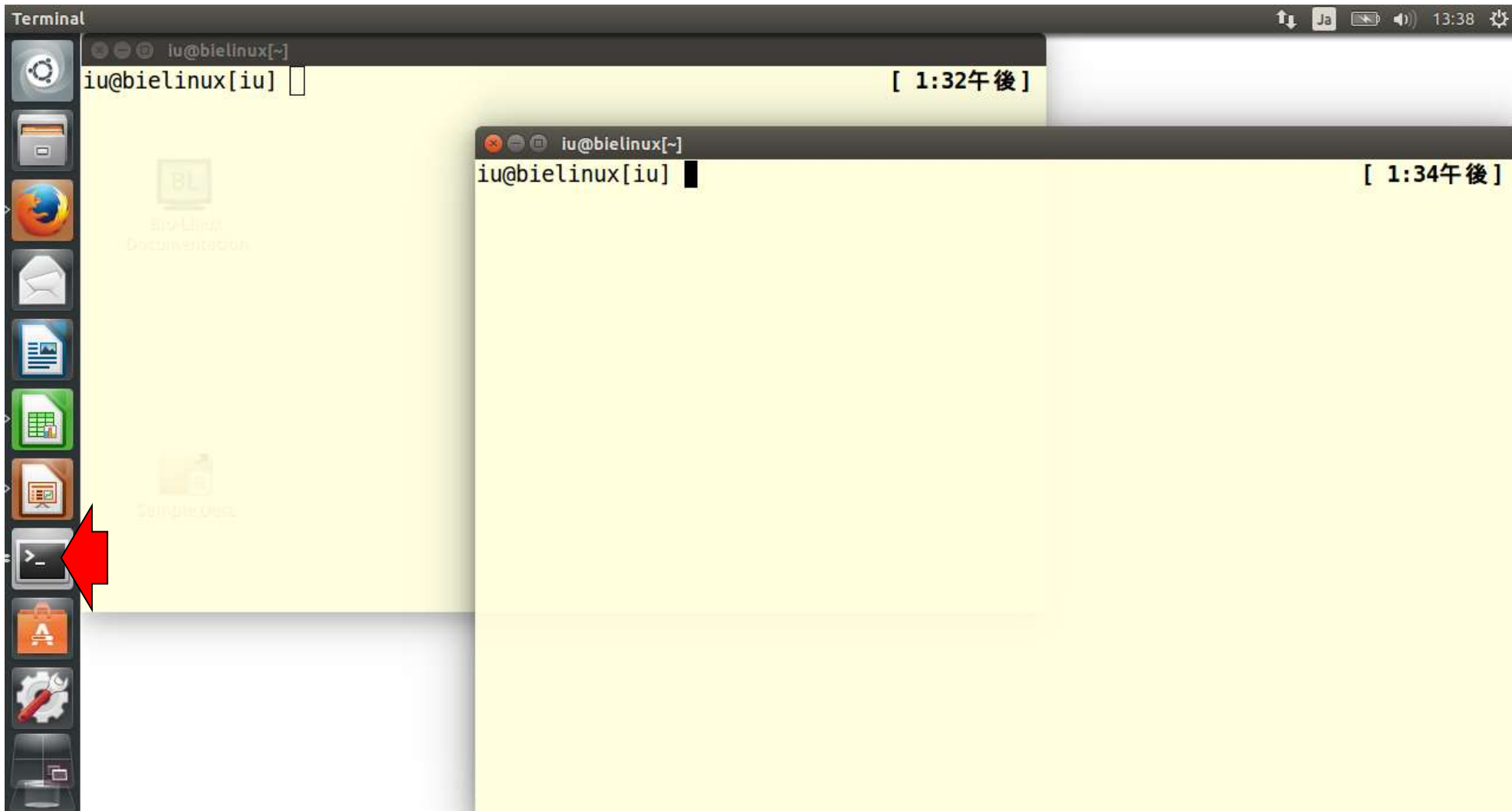


W8-6



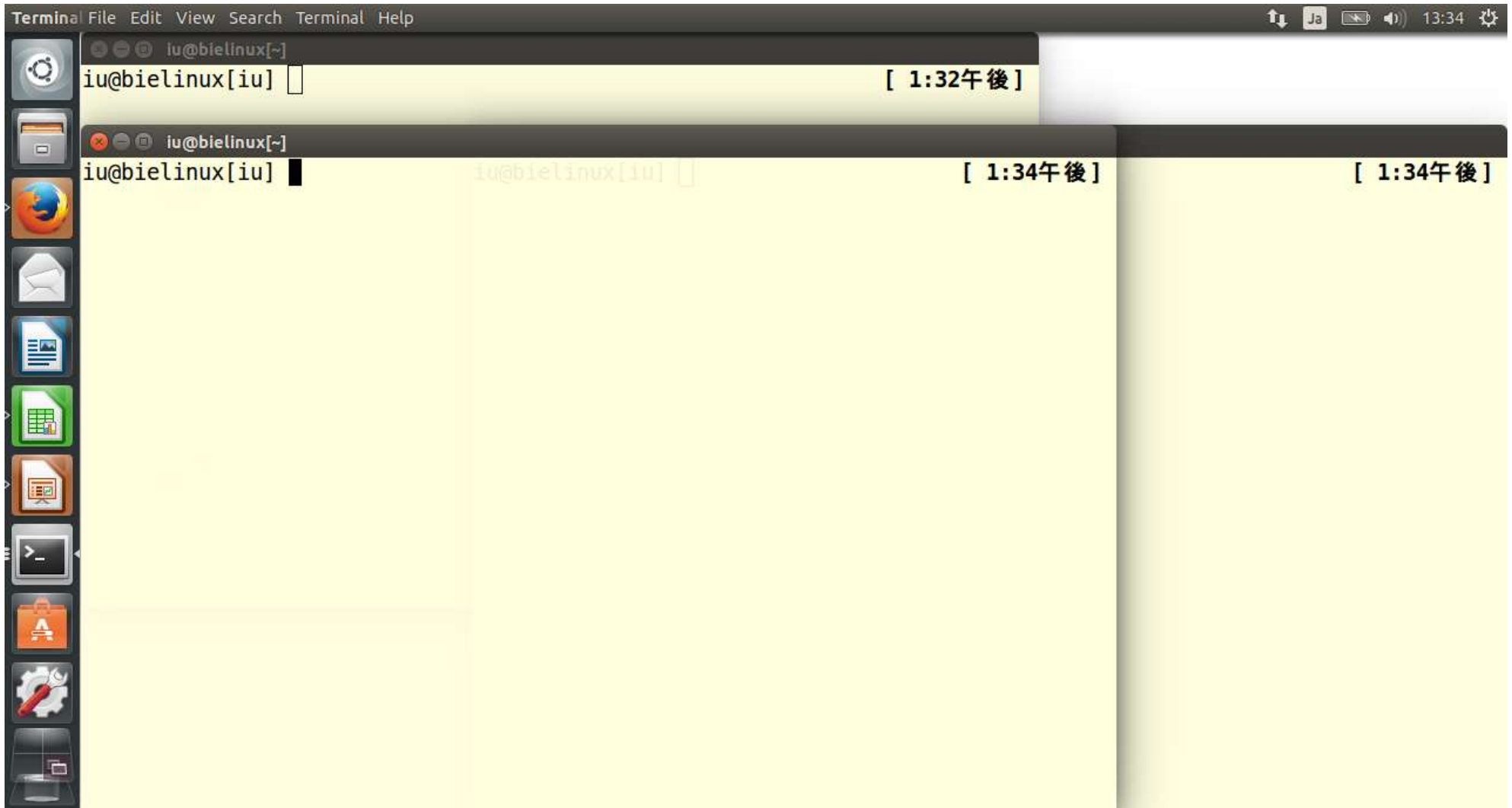
W8-6

Winの場合は、赤矢印のターミナルアイコン上で右クリックして、「New Terminal」を選択するのもよい。



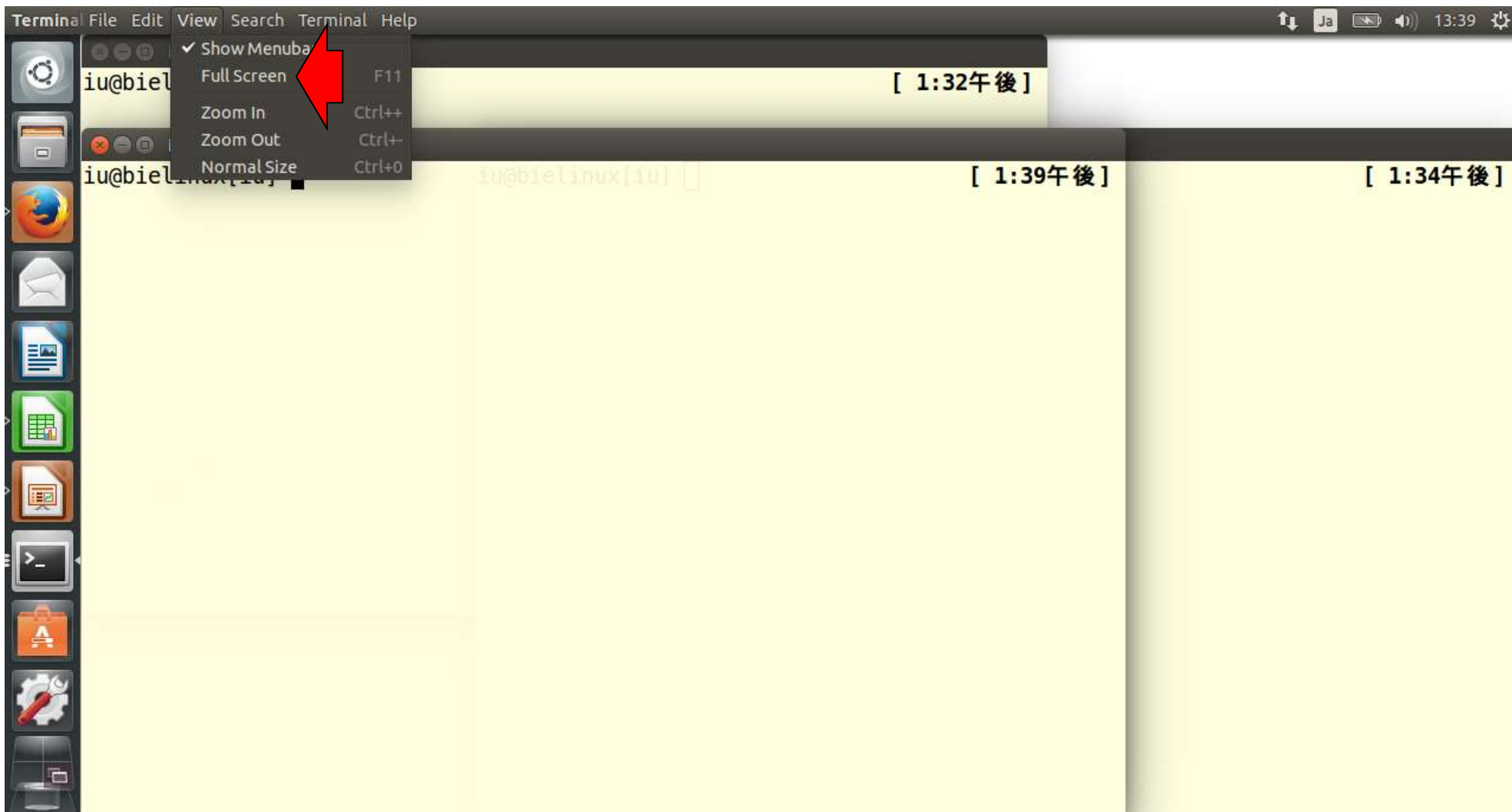
W8-6

このように複数のターミナルを同時に開いて作業を行うのが一般的。



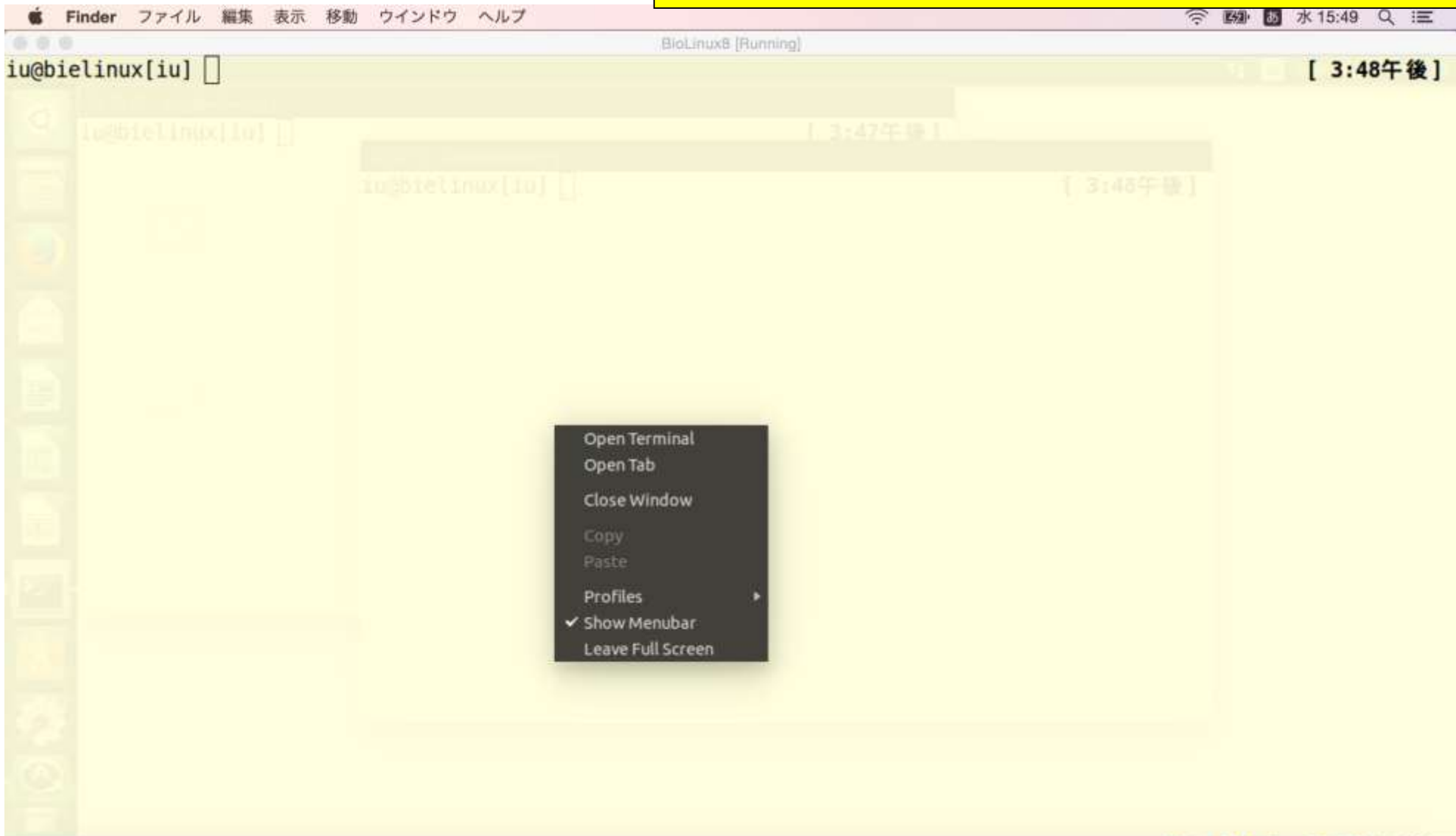
W8-7

メニューバーをいろいろいじってみてもよい。例えば「View」-「Full Screen」。



W8-7

これはホストOS上でスクリーンショットをとったもの。このような状況からどのようにして元に戻せばいいのか？一つの対処法は、右クリックで「Close Window」。



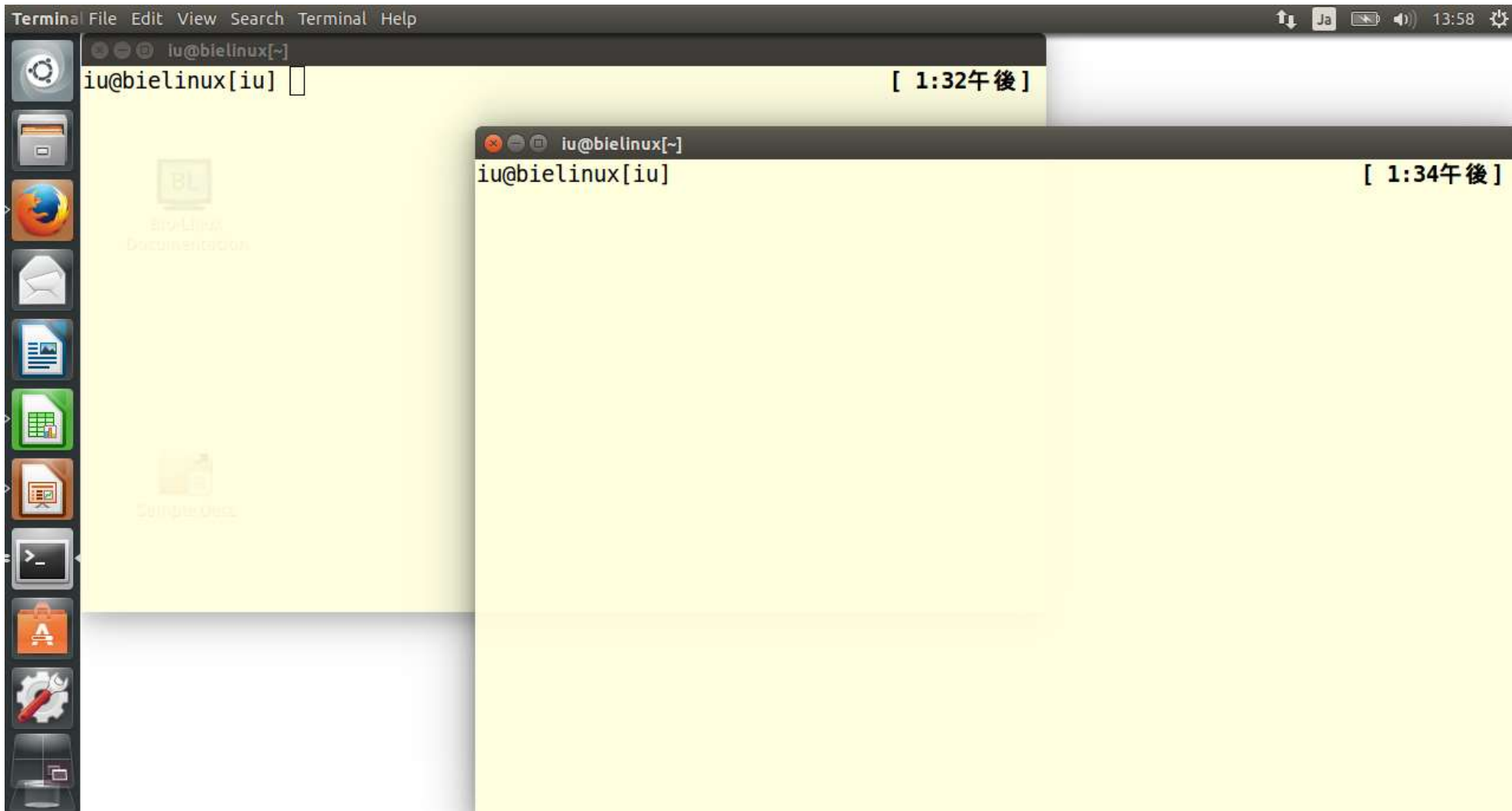
exitと打ち込んでリターンでもよい。

W8-7

```
Finder ファイル 編集 表示 移動 ウィンドウ ヘルプ BioLinux8 [Running] 金 13:53 [ 1:50午後 ]  
iu@bielinux[iu] exit  
iu@bielinux[iu] [ 1:32午後 ]  
iu@bielinux[iu] [ 1:34午後 ]
```

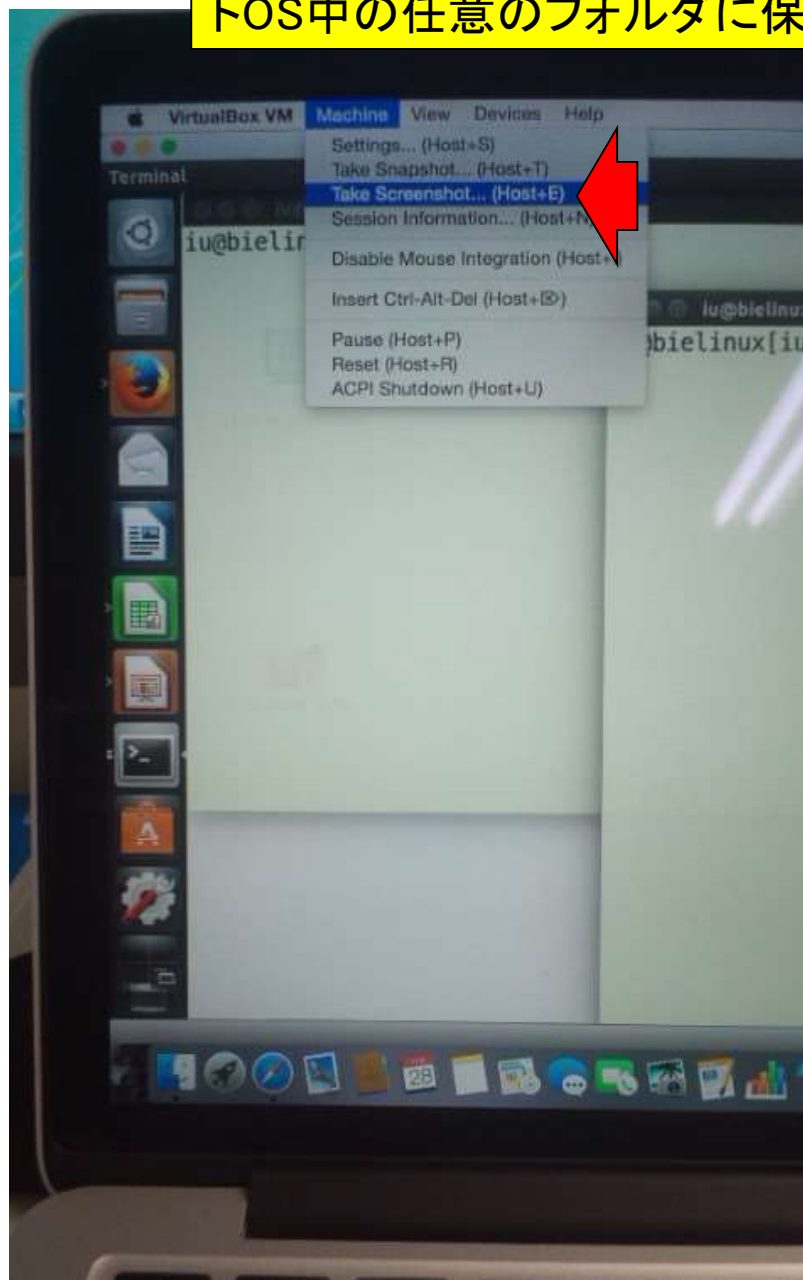
W8-7

該当ターミナルはクローズされますが、一応元の画面に戻ります。



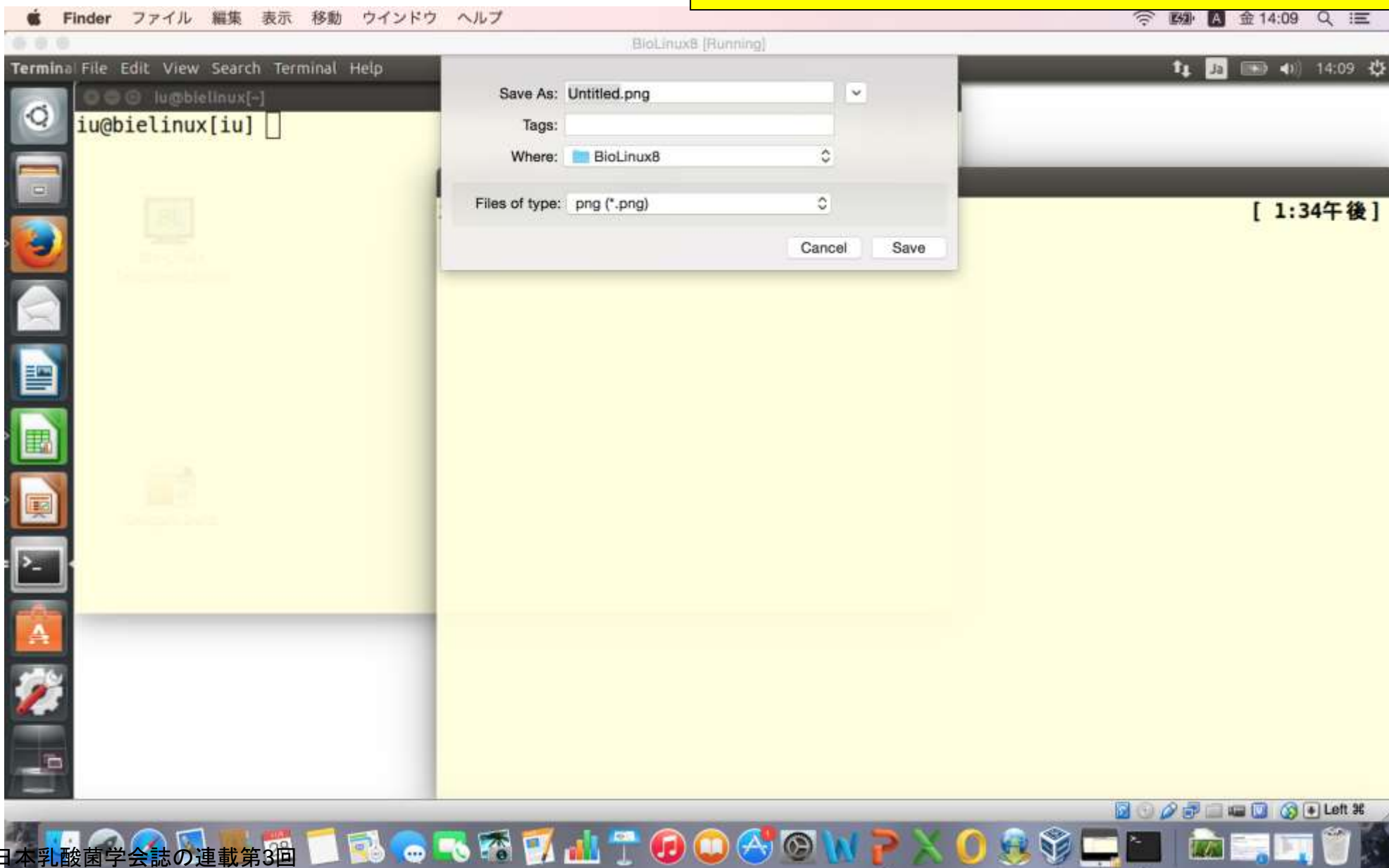
W8-8

「Machine」 - 「Take Screenshot」の手順でやると、ゲストOSのスクリーンショットのpng形式ファイルをホストOS中の任意のフォルダに保存することができます。



W8-8

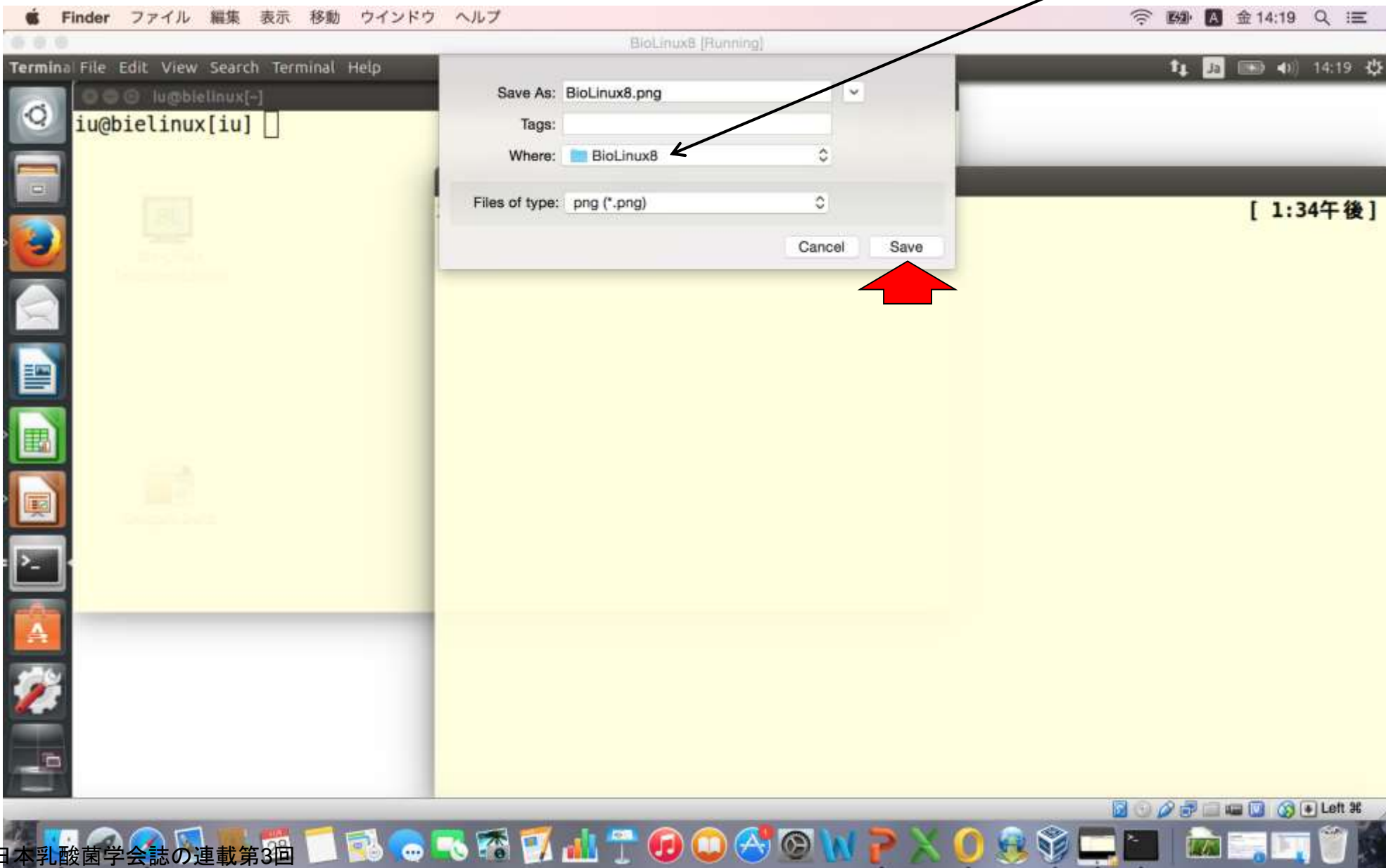
デフォルトの保存先は、ホストOSのログインユーザ（この場合kadota）の個人用フォルダ直下にある「VirtualBox VMs」 - 「BioLinux8」です。



[1:34午後]

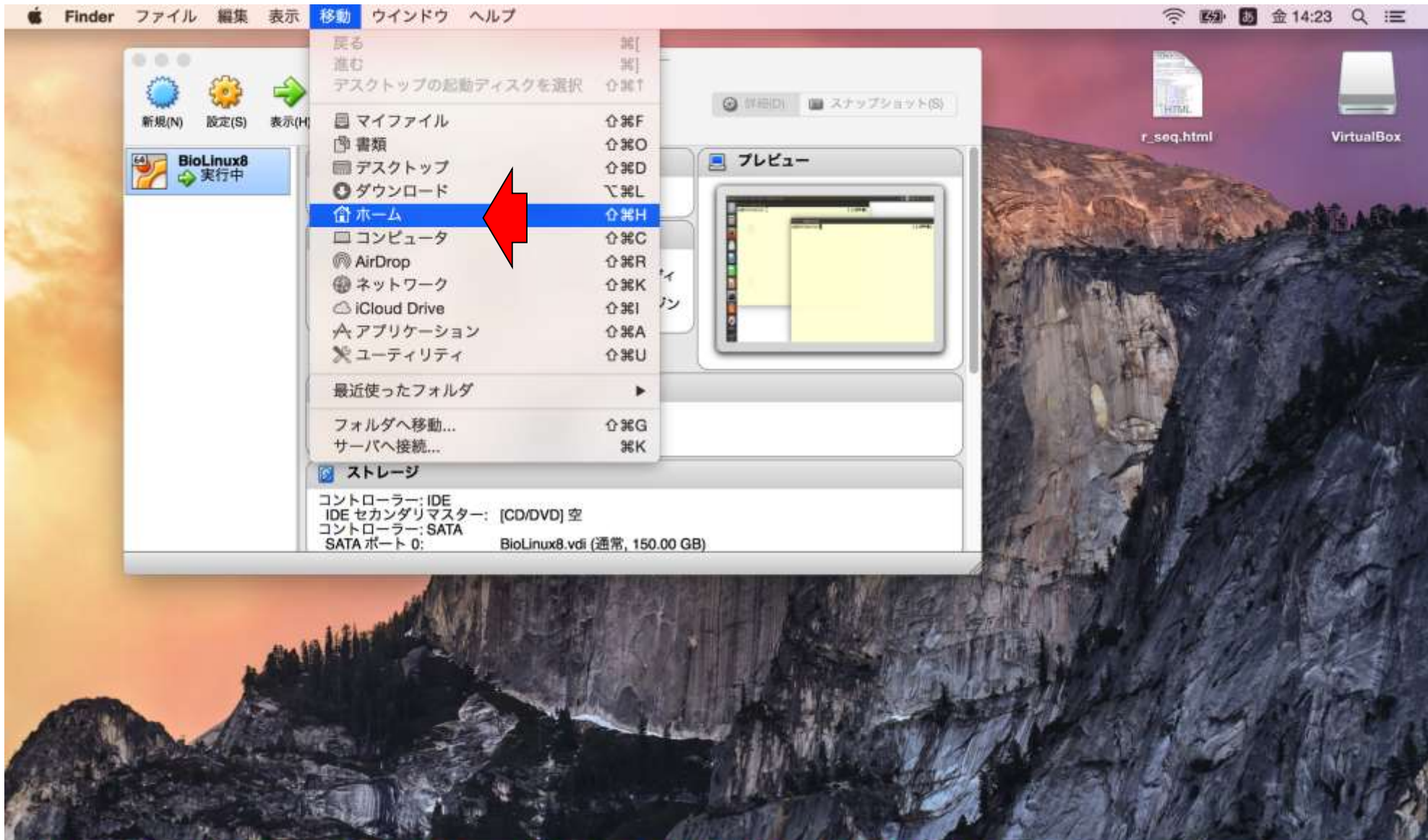
W8-8

デフォルトの保存先のままで、ファイル名をBioLinux8.pngとしてSave。

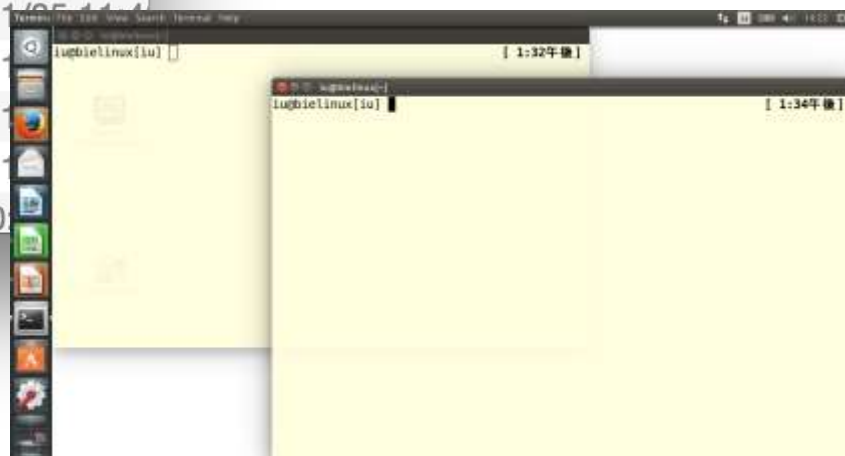
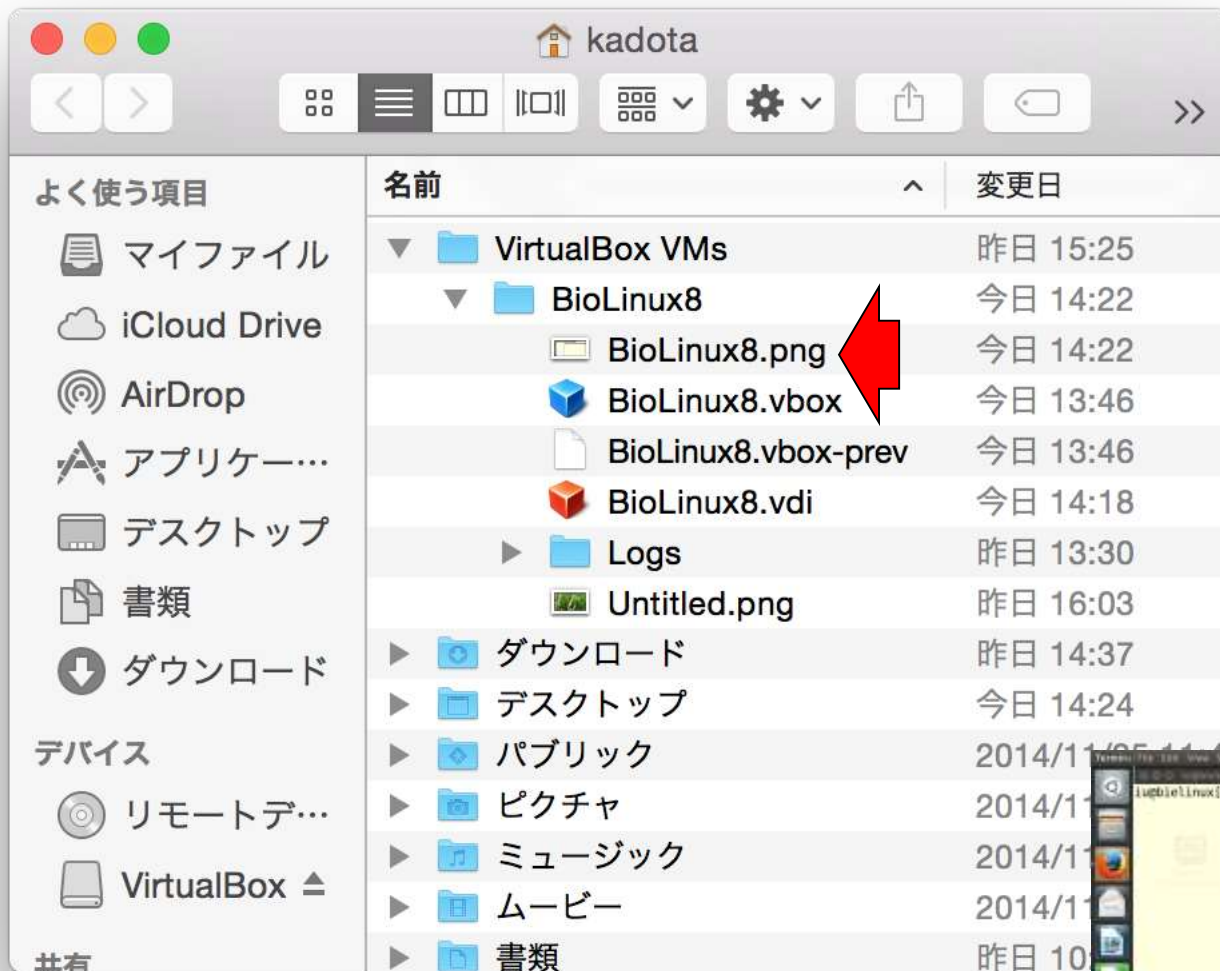


[1:34午後]

W8-8

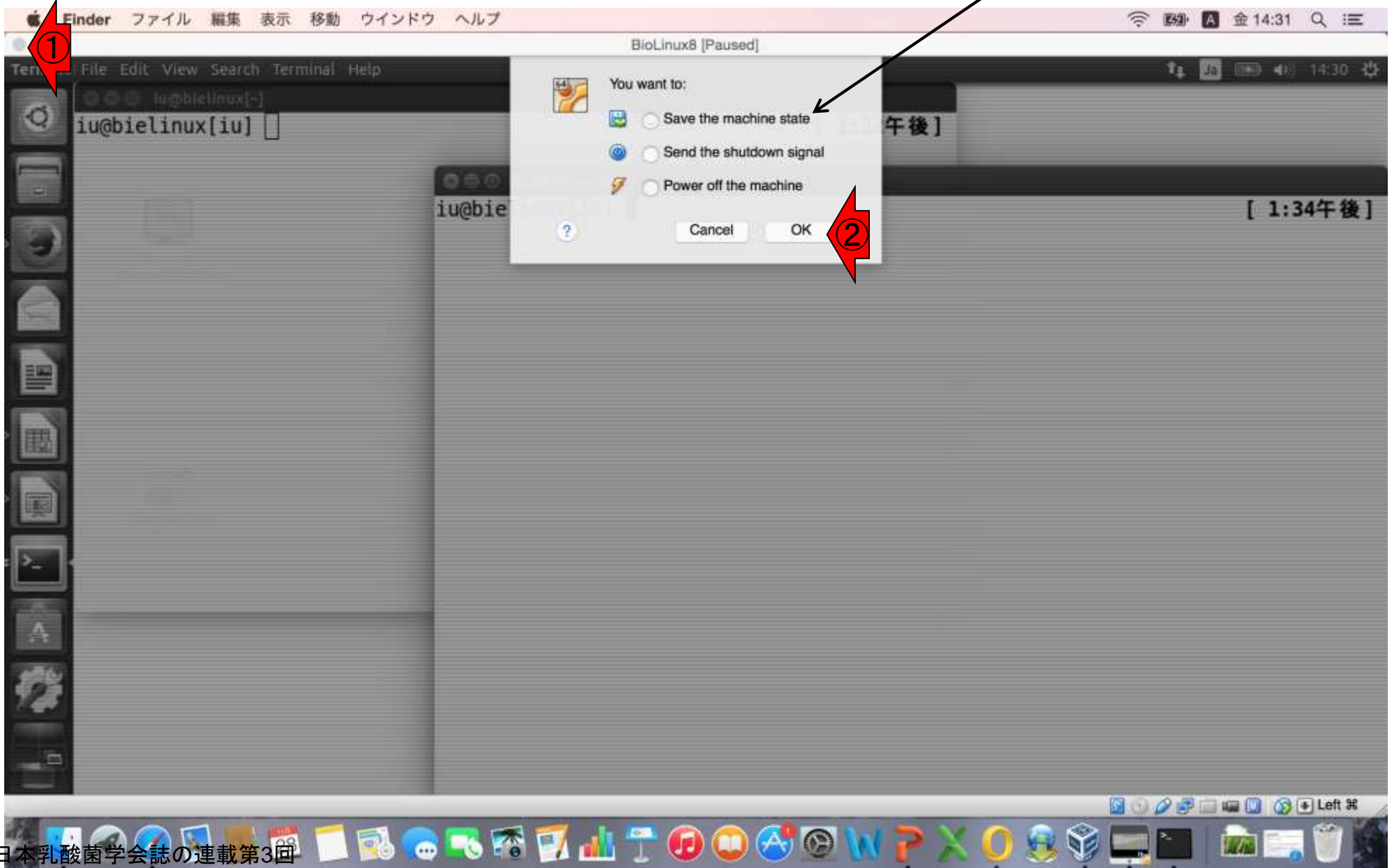


W8-8



W8-9

ゲストOSの終了時に「Save the machine state」にして
おけば、次回起動時に続きから作業できるので便利。



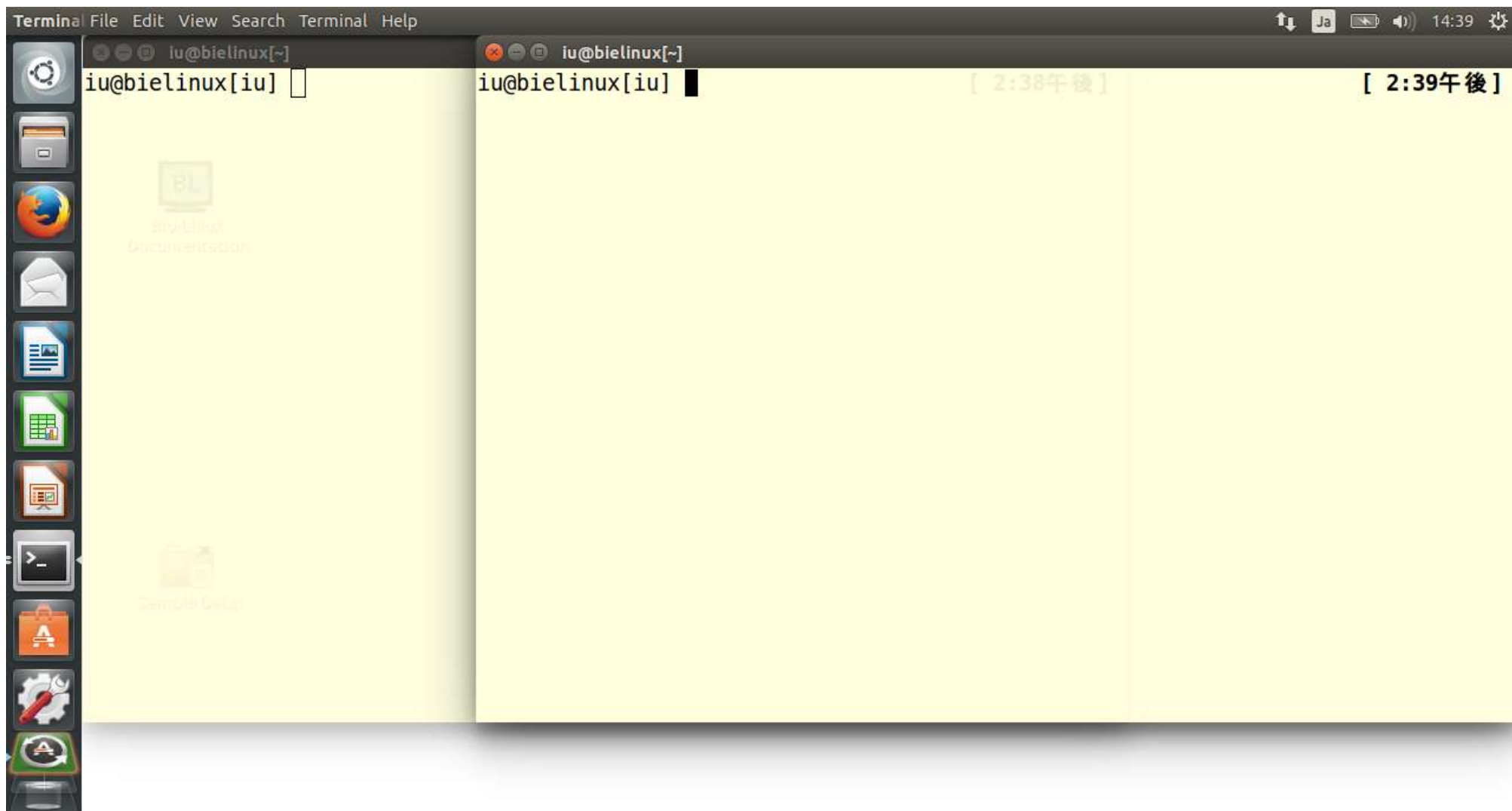
W8-9

ゲストOS終了直後のVirtualBoxマネージャー。起動ボタンを押すと、終了前と同じ(全画面表示でターミナルが2つ立ち上がった)状態になる。



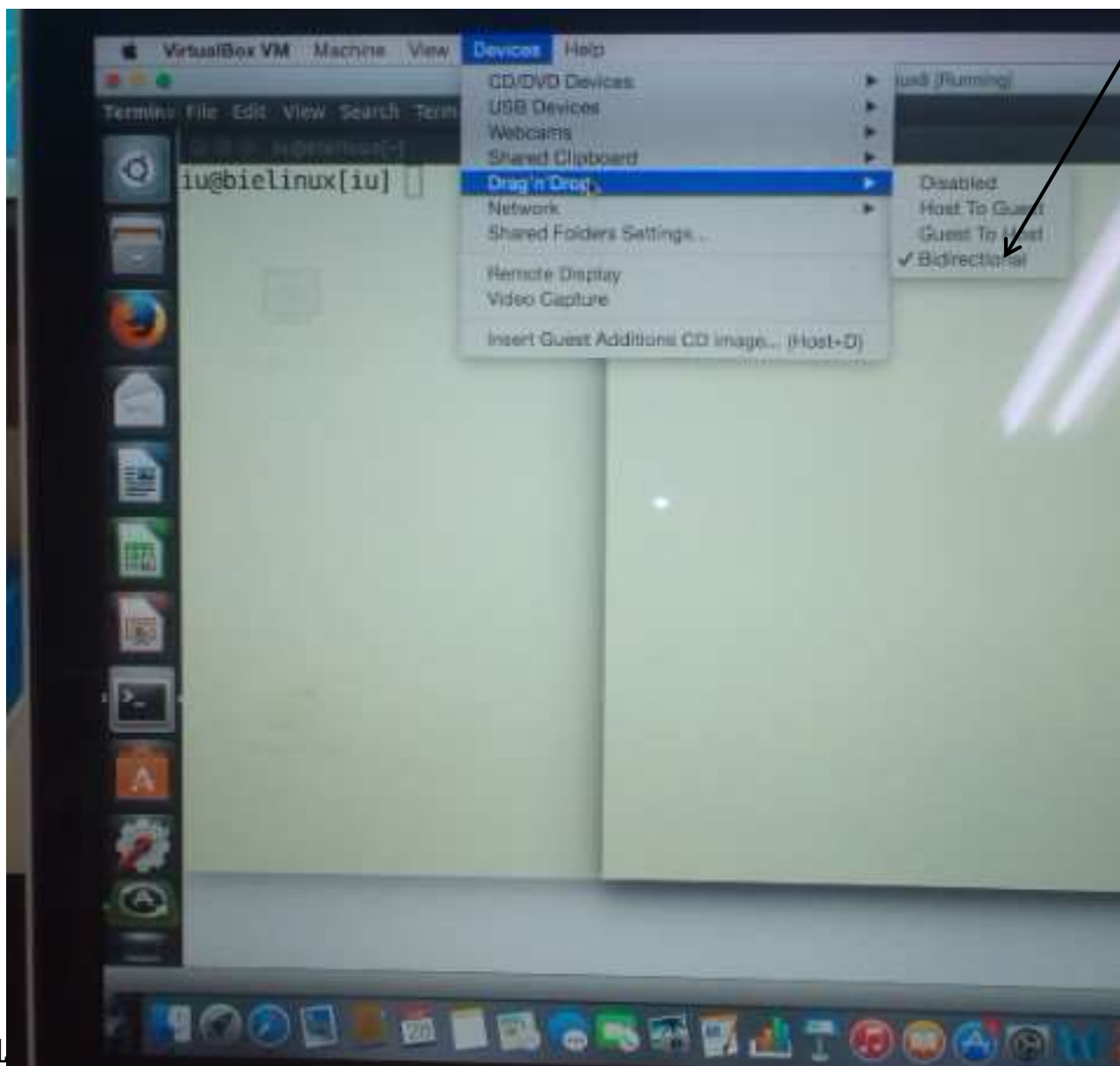
W8-9

起動ボタンを押すと、終了前と同じ(全画面表示でターミナルが2つ立ち上がった)状態になる。



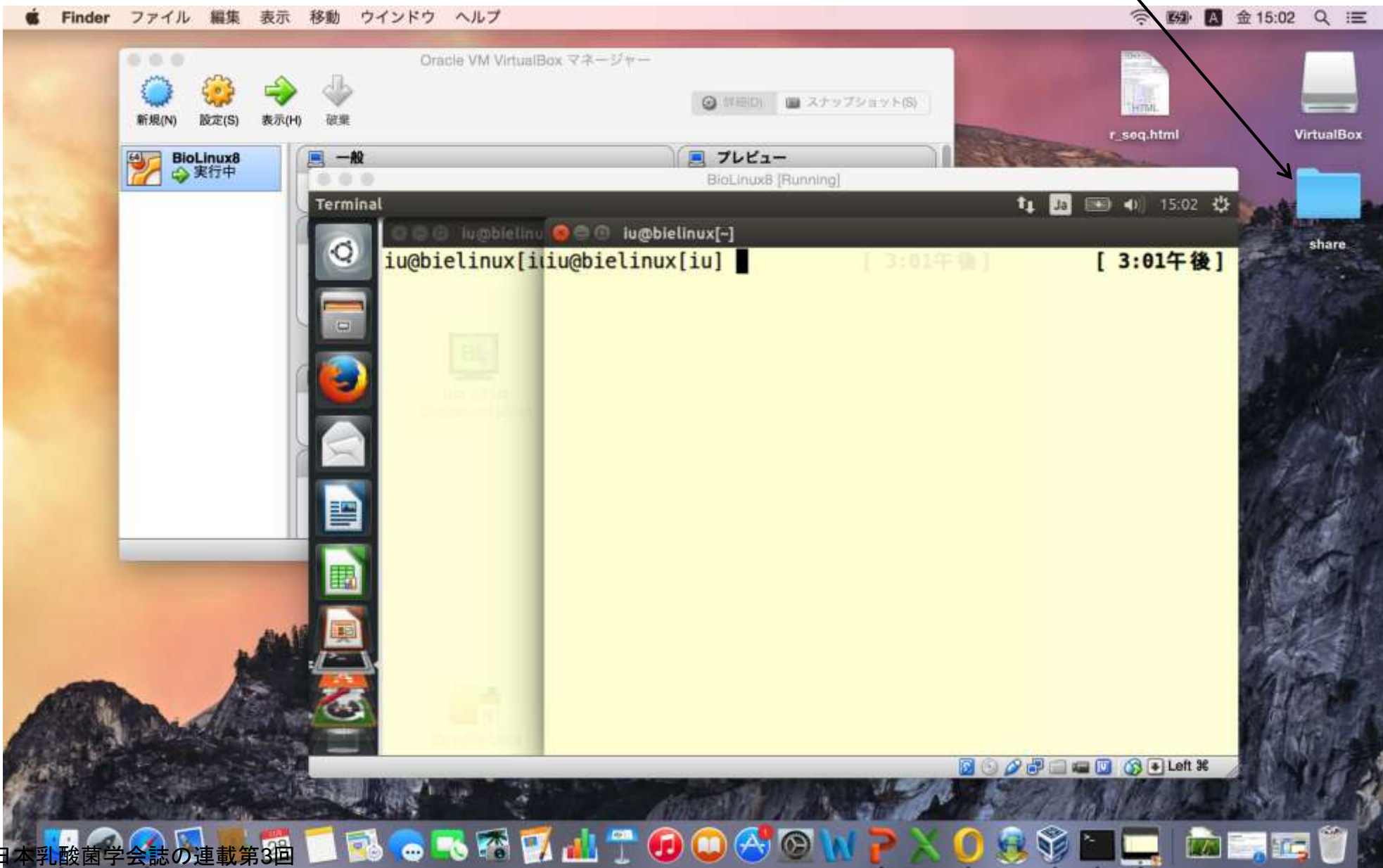
W9-1

VirtualBoxウィンドウメニューの「Devices」 - 「Drag 'n' Drop」でも設定変更可能。VirtualBox ver. 4.3.20現在、「Bidirectional」を選択していても「ゲストOSからホストOS」は不可能…。



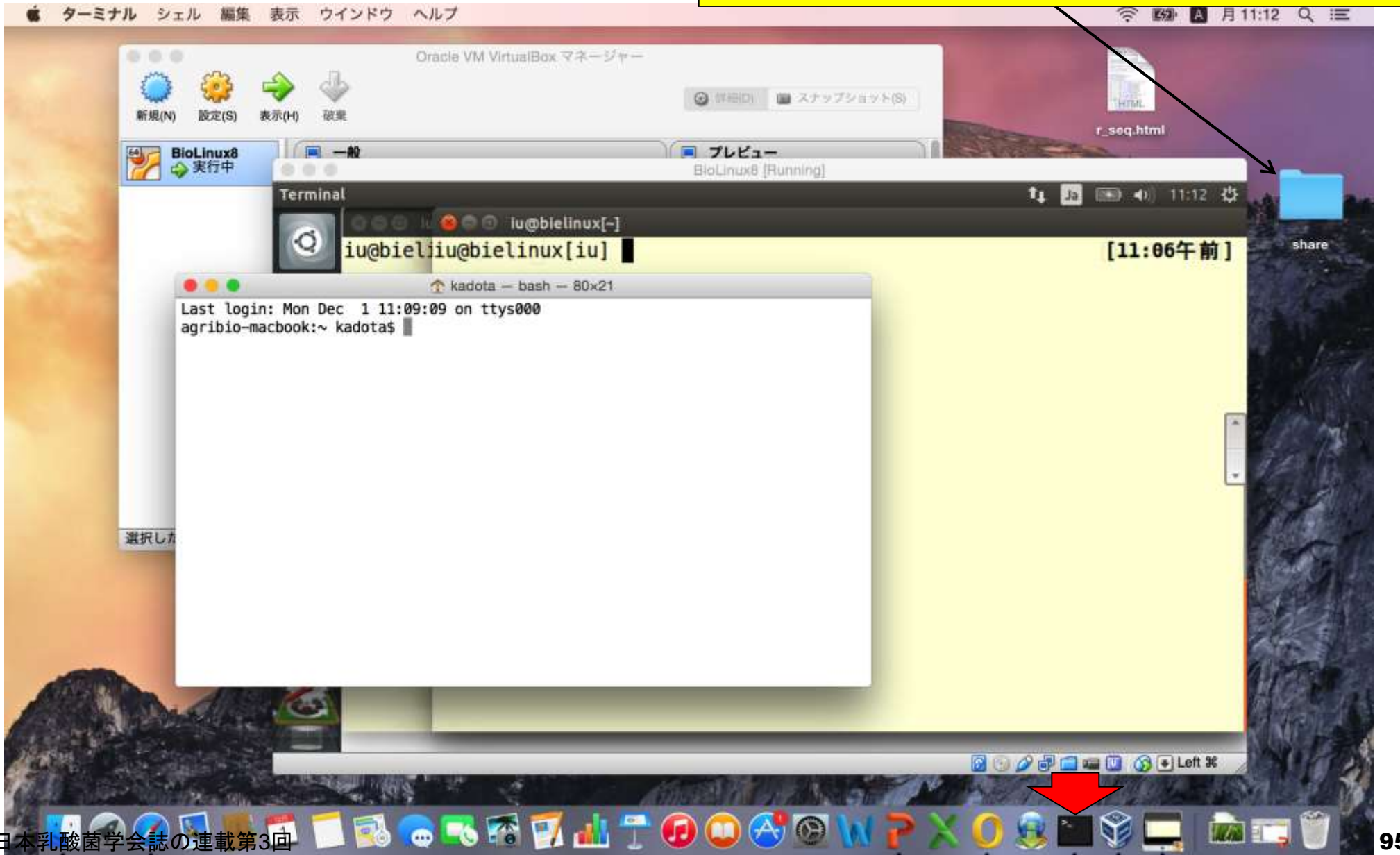
共有フォルダの設定を行う。ホストOSのデスクトップ上にshareフォルダを新規作成。

W9-2-1



(WinとMacのデフォルトの設定が異なるため)作成したshareフォルダへの書き込み権限などのチェックを行う。ホストOSのターミナルを起動。

W9-2-6



W9-2-6

作成したshareフォルダはデスクトップに存在することがわかっているので、②デスクトップまで移動して、④ls -la。ユーザによってデスクトップに作成しているファイルやフォルダが異なるのでlsの結果もヒトそれぞれ。

```
Last login: Mon Dec 1 11:09:09 on ttys000
agribio-macbook:~ kadota$ ls ← ①
Desktop          Downloads        Movies           Pictures         VirtualBox VMs
Documents        Library         Music           Public
agribio-macbook:~ kadota$ cd Desktop/ ← ②
agribio-macbook:Desktop kadota$ ls ← ③
r_seq.html      share
agribio-macbook:Desktop kadota$ ls -la ← ④
total 5160
drwx-----+  6 kadota  staff    204 12  1 11:13 .
drwxr-xr-x+ 15 kadota  staff    510 12  1 10:50 ..
-rw-r--r--@  1 kadota  staff   6148 12  1 11:13 .DS_Store
-rw-r--r--   1 kadota  staff     0 11 25 11:46 .localized
-rwxrwxrwx   1 kadota  staff 2633249 11 14 10:37 r_seq.html
drwxr-xr-x   2 kadota  staff    68 12  1 10:57 share
agribio-macbook:Desktop kadota$
```


W9-2-6

門田の環境では、赤枠部分が「drwxr-xr-x」となっていることがわかる。ここが「drwxrwxrwx」となっている場合はターミナルを終了してよいが、この環境はそうになっていないので、「drwxrwxrwx」になるように設定変更を行う。

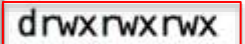
```
Last login: Mon Dec 1 11:09:09 on ttys000
agribio-macbook:~ kadota$ ls ← ①
Desktop          Downloads        Movies           Pictures         VirtualBox VMs
Documents        Library         Music           Public
agribio-macbook:~ kadota$ cd Desktop/ ← ②
agribio-macbook:Desktop kadota$ ls ← ③
r_seq.html      share
agribio-macbook:Desktop kadota$ ls -la ← ④
total 5160
drwx-----+  6 kadota  staff    204 12  1 11:13 .
drwxr-xr-x+ 15 kadota  staff    510 12  1 10:50 ..
-rw-r--r--@  1 kadota  staff   6148 12  1 11:13 .DS_Store
-rw-r--r--   1 kadota  staff     0 11 25 11:46 .localized
-rwxrwxrwx   1 kadota  staff 2633249 11 14 10:37 r_seq.html
drwxr-xr-x   2 kadota  staff    68 12  1 10:57 share
agribio-macbook:Desktop kadota$
```

W9-2-6



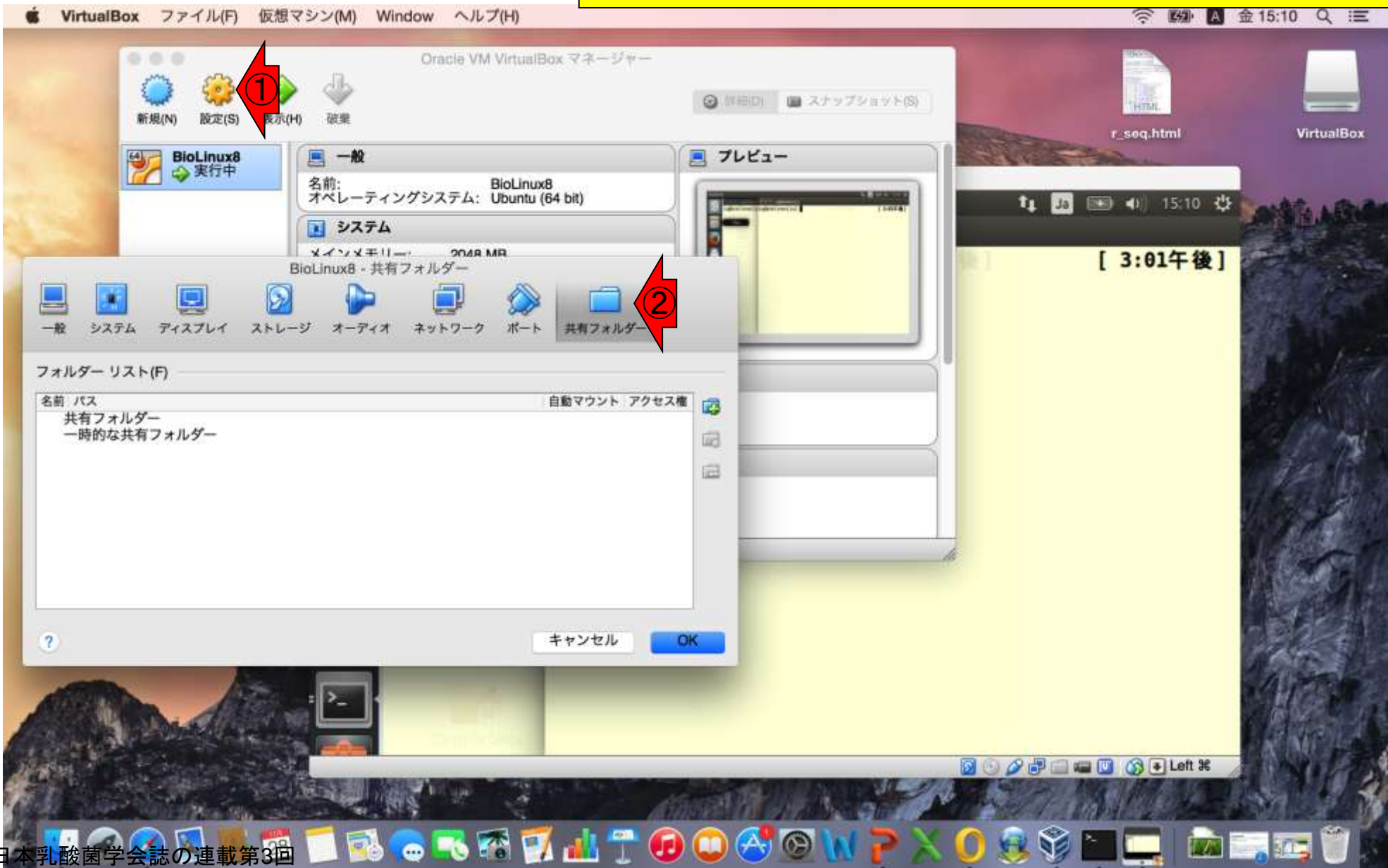
⑤chmodコマンドを用いてshareフォルダに「読み込み、書き込み、実行」の全ての権限を全員に与えている。⑥「drwxrwxrwx」となっていることを確認したら、赤矢印でターミナルを閉じてよい。

```
agribio-macbook:~ kadota$ cd Desktop/ ← ②
agribio-macbook:Desktop kadota$ ls ← ③
r_seq.html      share
agribio-macbook:Desktop kadota$ ls -la ← ④
total 5160
drwx-----+  6 kadota  staff    204 12  1 13:17 .
drwxr-xr-x+ 15 kadota  staff    510 12  1 10:50 ..
-rw-r--r--@  1 kadota  staff   6148 12  1 13:17 .DS_Store
-rw-r--r--   1 kadota  staff     0 11 25 11:46 .localized
-rwxrwxrwx   1 kadota  staff 2633249 11 14 10:37 r_seq.html
drwxr-xr-x   2 kadota  staff    68 12  1 10:57 share
agribio-macbook:Desktop kadota$ chmod 777 share ← ⑤
agribio-macbook:Desktop kadota$ ls -la ← ⑥
total 5160
drwx-----+  6 kadota  staff    204 12  1 13:17 .
drwxr-xr-x+ 15 kadota  staff    510 12  1 10:50 ..
-rw-r--r--@  1 kadota  staff   6148 12  1 13:17 .DS_Store
-rw-r--r--   1 kadota  staff     0 11 25 11:46 .localized
-rwxrwxrwx   1 kadota  staff 2633249 11 14 10:37 r_seq.html
drwxrwxrwx   2 kadota  staff    68 12  1 10:57 share
agribio-macbook:Desktop kadota$
```



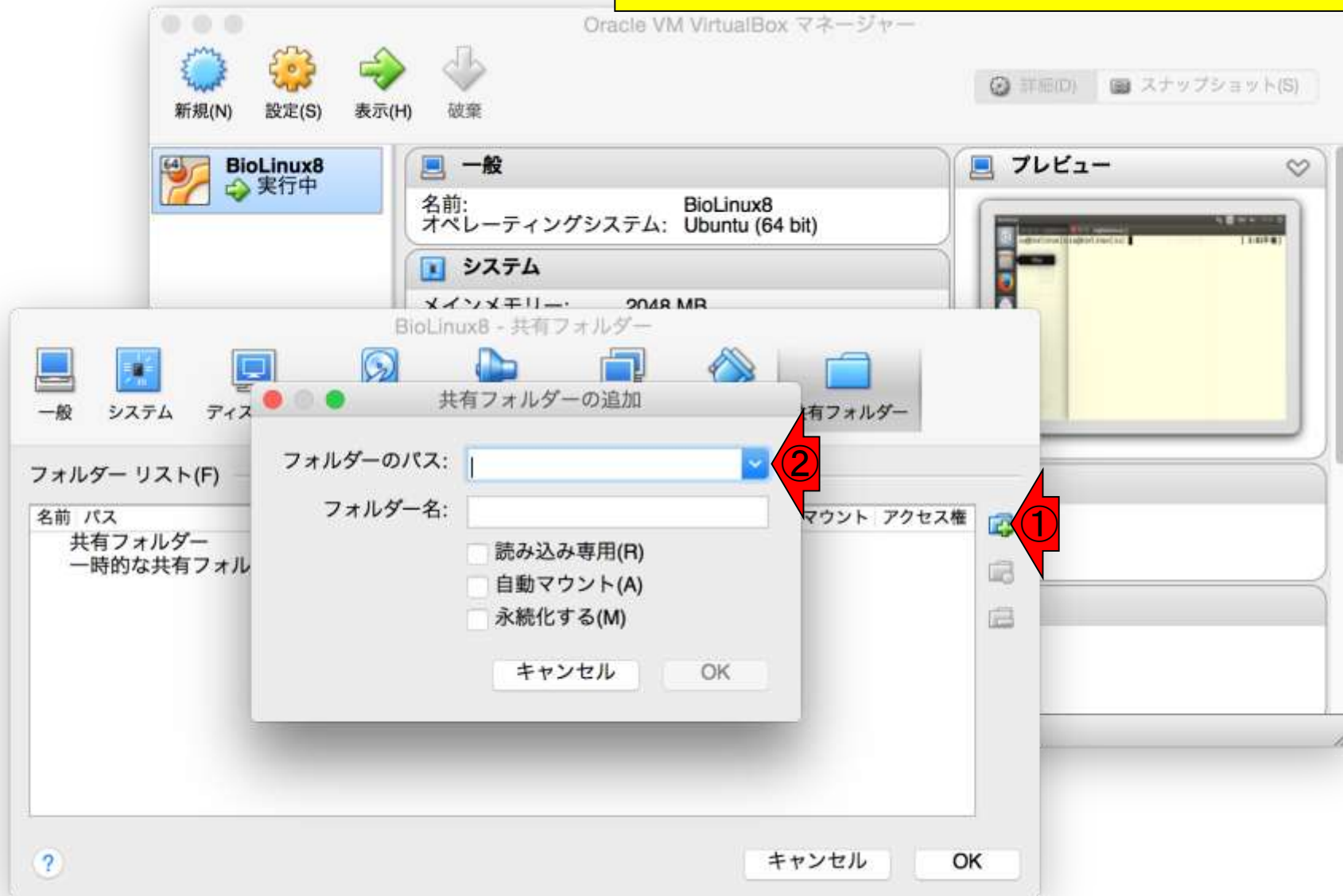
W9-2-2

VirtualBoxマネージャーウィンドウの①設定、②共有フォルダーをクリック。別の手段として、ゲストOS (BioLinux8)ウィンドウ中で「Devices」 - 「Shared Folders Settings」でもよい。



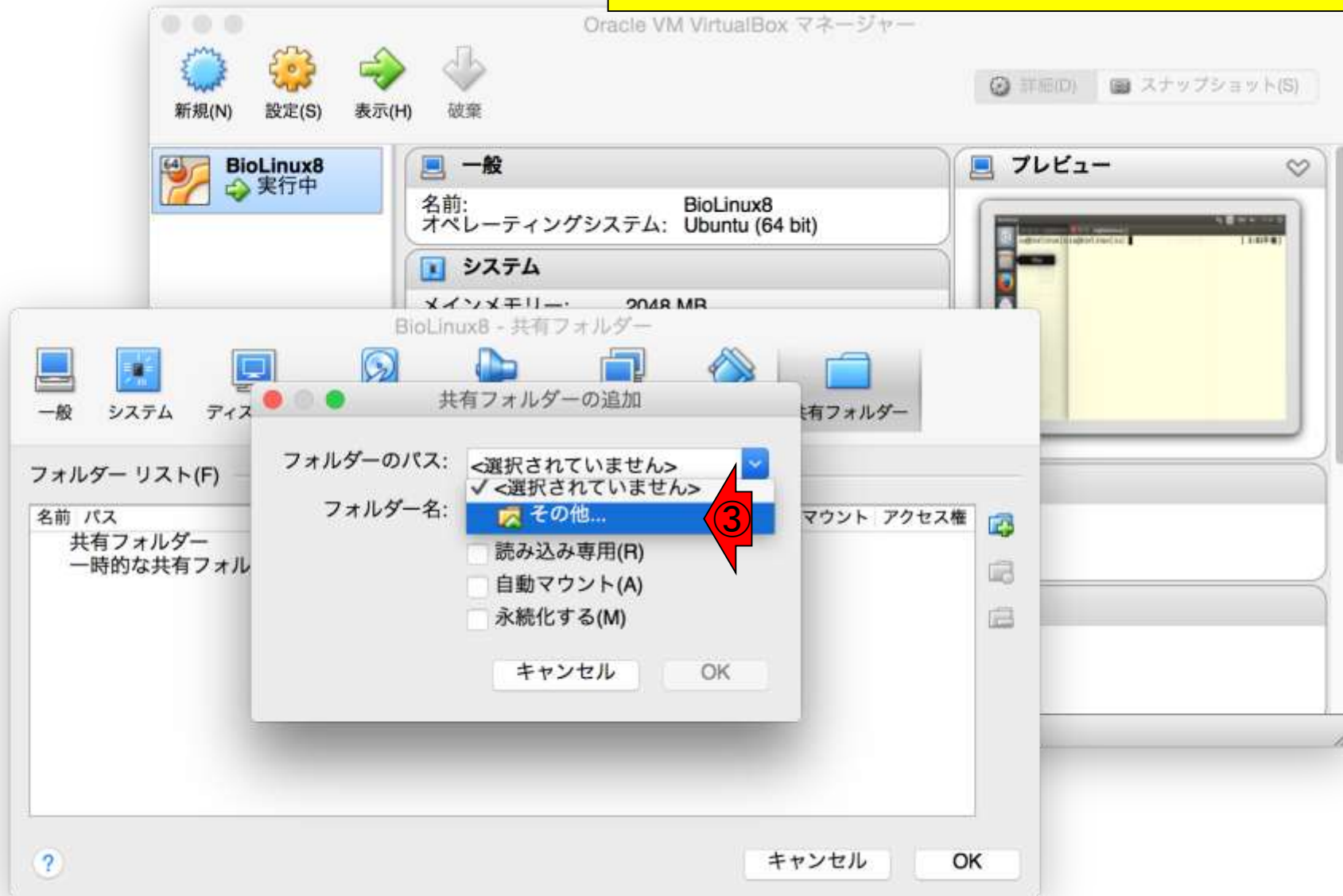
W9-2-2

ホストOSのデスクトップ上に作成したshareフォルダを共有フォルダとするための手続きを行う。「共有フォルダの追加」で、ホストOS上のshareフォルダのパスを指定している。



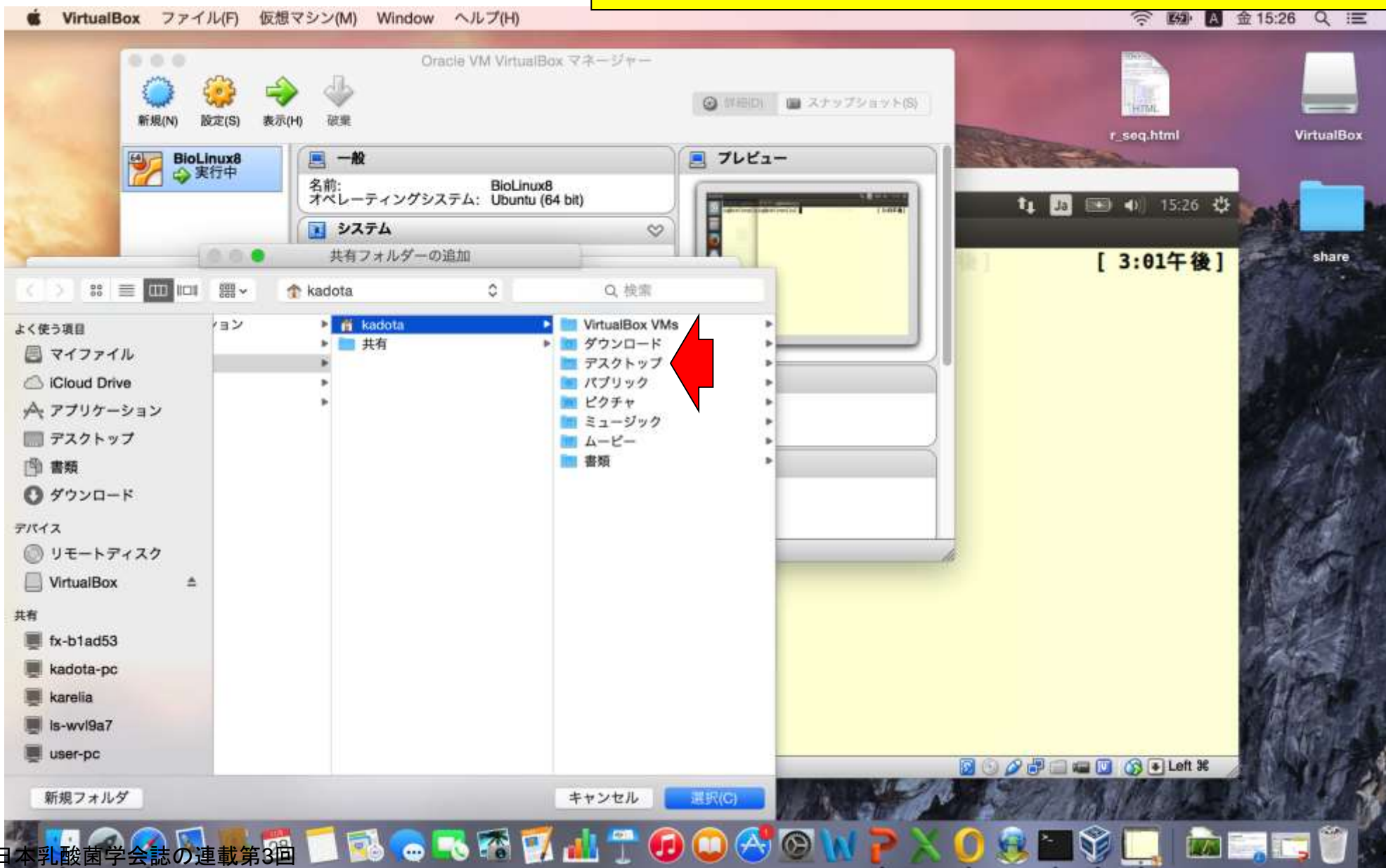
W9-2-2

ホストOSのデスクトップ上に作成したshareフォルダを共有フォルダとするための手続きを行う。「共有フォルダの追加」で、ホストOS上のshareフォルダのパスを指定している。



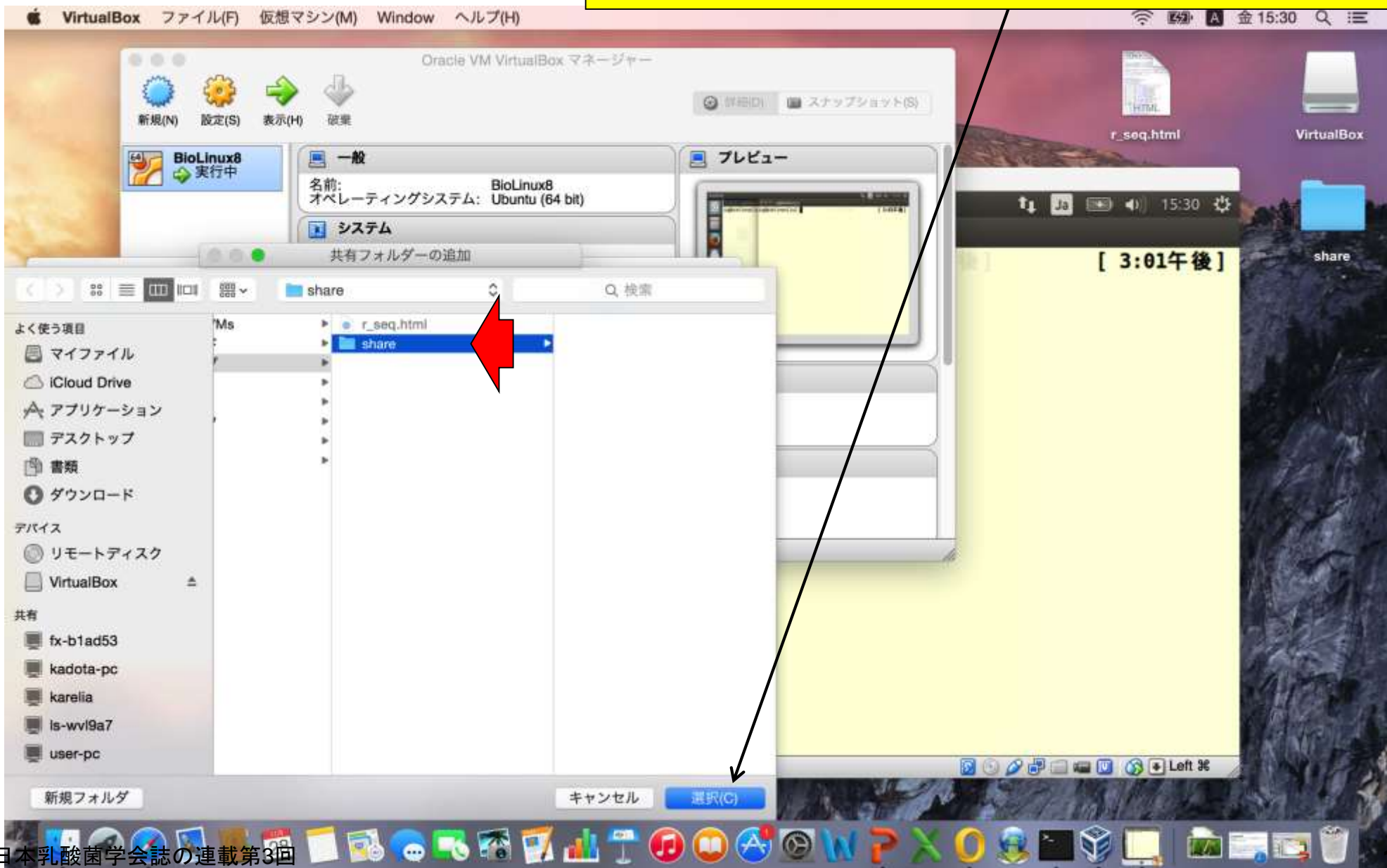
W9-2-2

ホストOSのデスクトップ上に作成したshareフォルダを共有フォルダとするための手続きを行う。「共有フォルダの追加」で、ホストOS上のshareフォルダのパスを指定している。



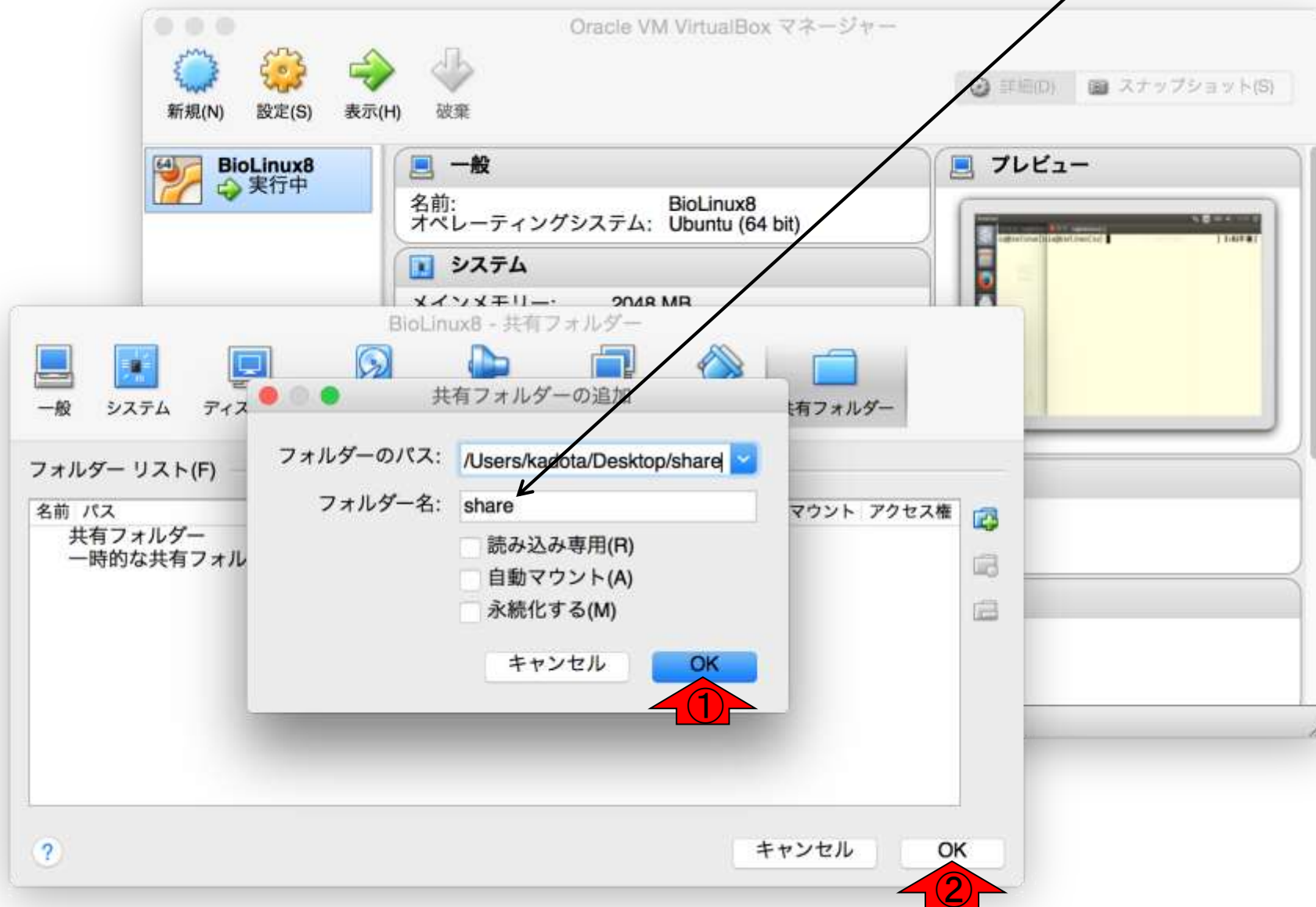
W9-2-2

ホストOSのデスクトップ上に作成したshareフォルダを共有フォルダとするための手続きを行う。「共有フォルダの追加」で、ホストOS上のshareフォルダのパスを指定している。



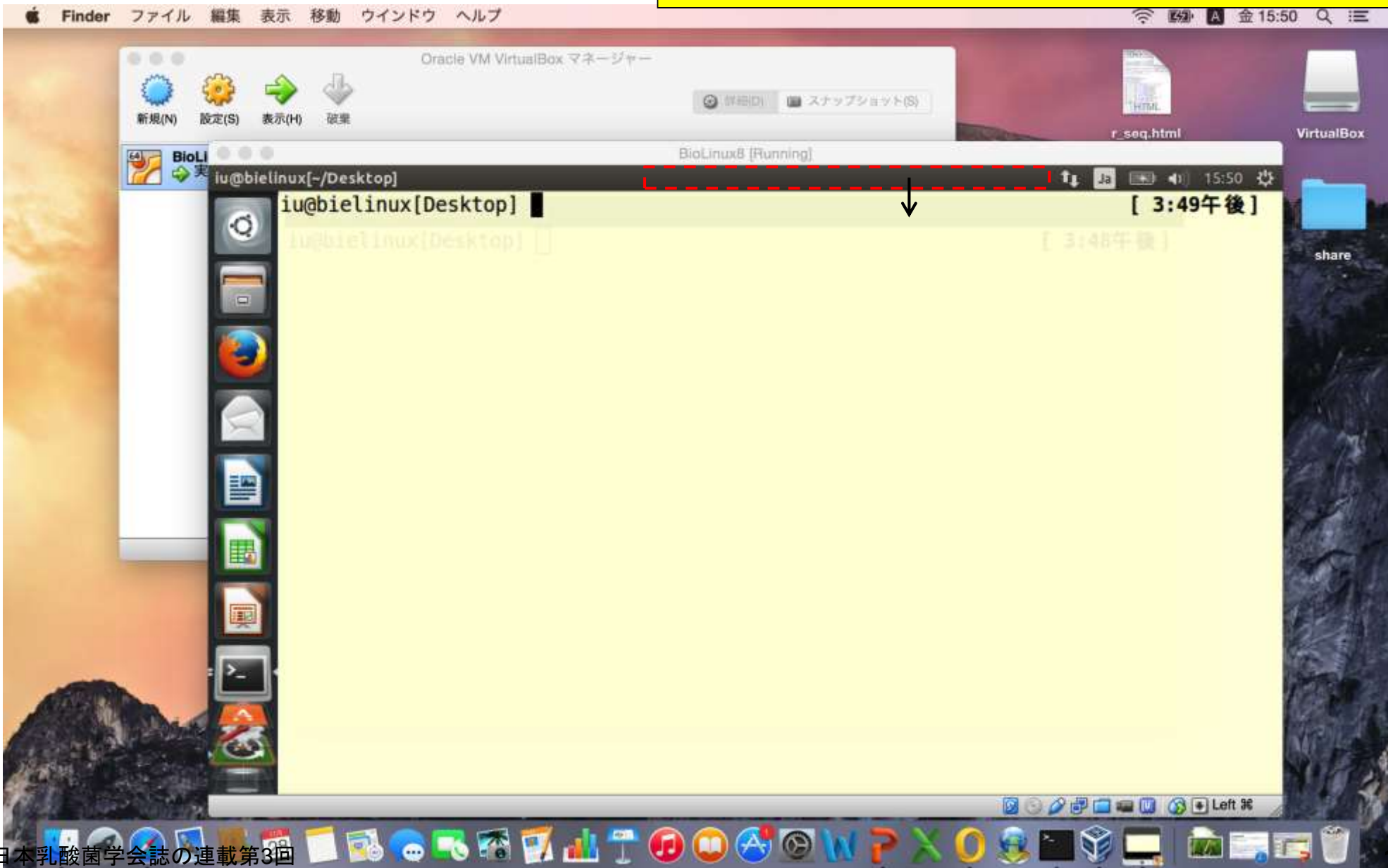
W9-2-2

ホストOS上のshareフォルダのパスを指定すると、「フォルダ名」のところに自動的にshareが入力される。



W9-2-3

Tips。ときどきこのような画面になって他のターミナルが見られなくなったりすることがある。このようになったら、赤枠付近でクリックしたまま下にずらすとよい。



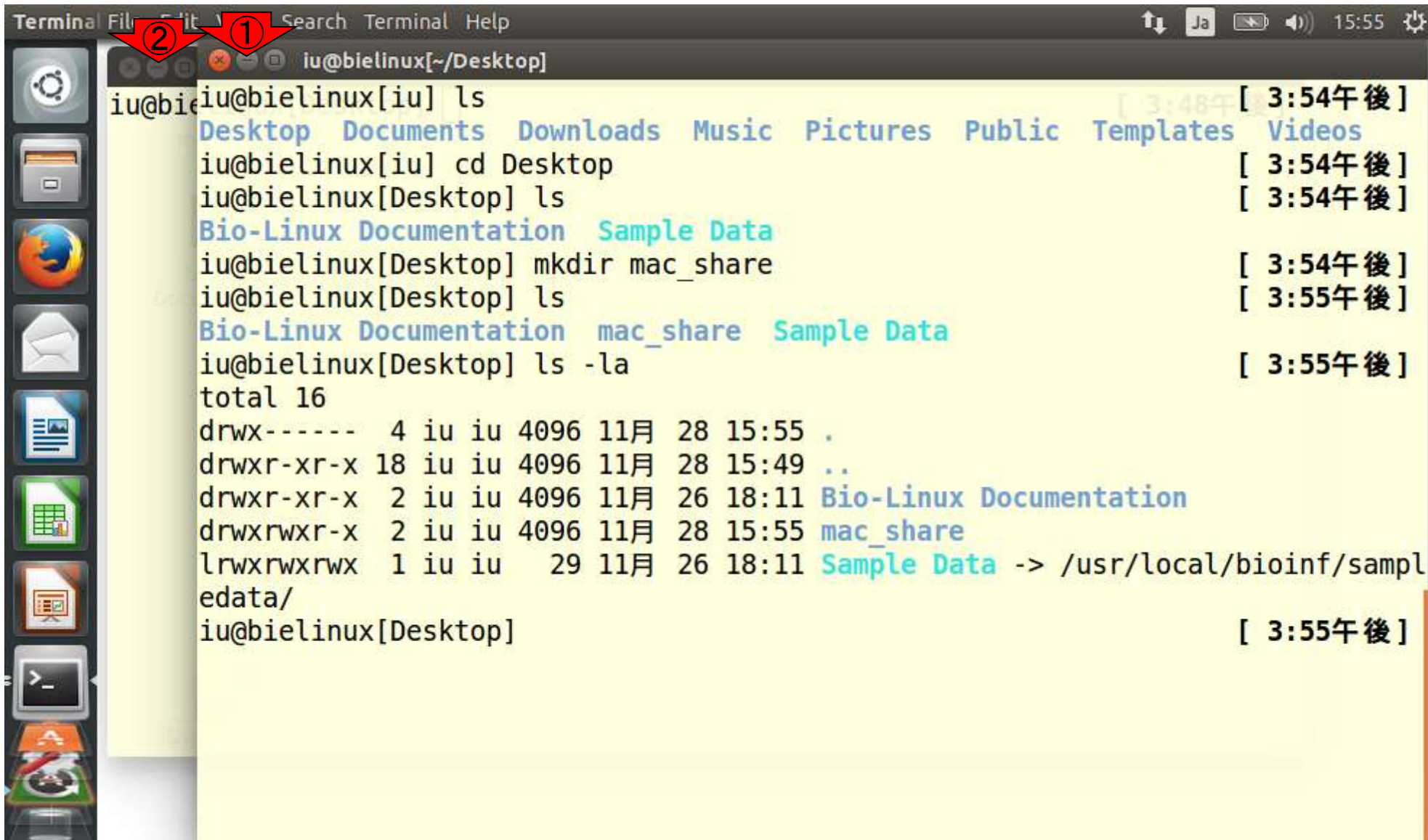
W9-2-3

ゲストOSのターミナル上で、②Desktopに移動し、④mac_shareという名前のフォルダを作成しているところ。それ以外のlsコマンドはただの確認。

```
Terminal File Edit View Search Terminal Help
iu@bielinux[~/Desktop]
iu@bielinux[iu] ls ← ① [ 3:48午後 ] [ 3:54午後 ]
Desktop Documents Downloads Music Pictures Public Templates Videos
iu@bielinux[iu] cd Desktop ← ② [ 3:54午後 ]
iu@bielinux[Desktop] ls ← ③ [ 3:54午後 ]
Bio-Linux Documentation Sample Data
iu@bielinux[Desktop] mkdir mac_share ← ④ [ 3:54午後 ]
iu@bielinux[Desktop] ls ← ⑤ [ 3:55午後 ]
Bio-Linux Documentation mac_share Sample Data
iu@bielinux[Desktop] ls -la ← ⑥ [ 3:55午後 ]
total 16
drwx----- 4 iu iu 4096 11月 28 15:55 .
drwxr-xr-x 18 iu iu 4096 11月 28 15:49 ..
drwxr-xr-x 2 iu iu 4096 11月 26 18:11 Bio-Linux Documentation
drwxrwxr-x 2 iu iu 4096 11月 28 15:55 mac_share
lrwxrwxrwx 1 iu iu 29 11月 26 18:11 Sample Data -> /usr/local/bioinf/sampl
edata/
iu@bielinux[Desktop] [ 3:55午後 ]
```

現在開いている2つのターミナル画面を「最小化」することでデスクトップを眺めることができる。

W9-2-3



```
Terminal File Edit Search Terminal Help
iu@bielinux[~/Desktop]
iu@bielinux[iu] ls
Desktop Documents Downloads Music Pictures Public Templates Videos
iu@bielinux[iu] cd Desktop
iu@bielinux[Desktop] ls
Bio-Linux Documentation Sample Data
iu@bielinux[Desktop] mkdir mac_share
iu@bielinux[Desktop] ls
Bio-Linux Documentation mac_share Sample Data
iu@bielinux[Desktop] ls -la
total 16
drwx----- 4 iu iu 4096 11月 28 15:55 .
drwxr-xr-x 18 iu iu 4096 11月 28 15:49 ..
drwxr-xr-x 2 iu iu 4096 11月 26 18:11 Bio-Linux Documentation
drwxrwxr-x 2 iu iu 4096 11月 28 15:55 mac_share
lrwxrwxrwx 1 iu iu 29 11月 26 18:11 Sample Data -> /usr/local/bioinf/sampl
edata/
iu@bielinux[Desktop]
```

確かにゲストOSのデスクトップ上にmac_shareというフォルダが作成されていることがわかる。

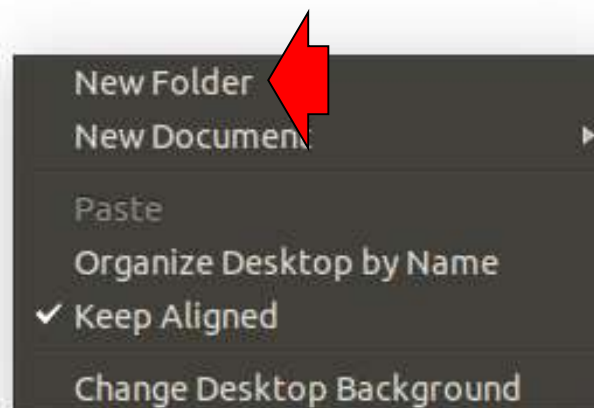
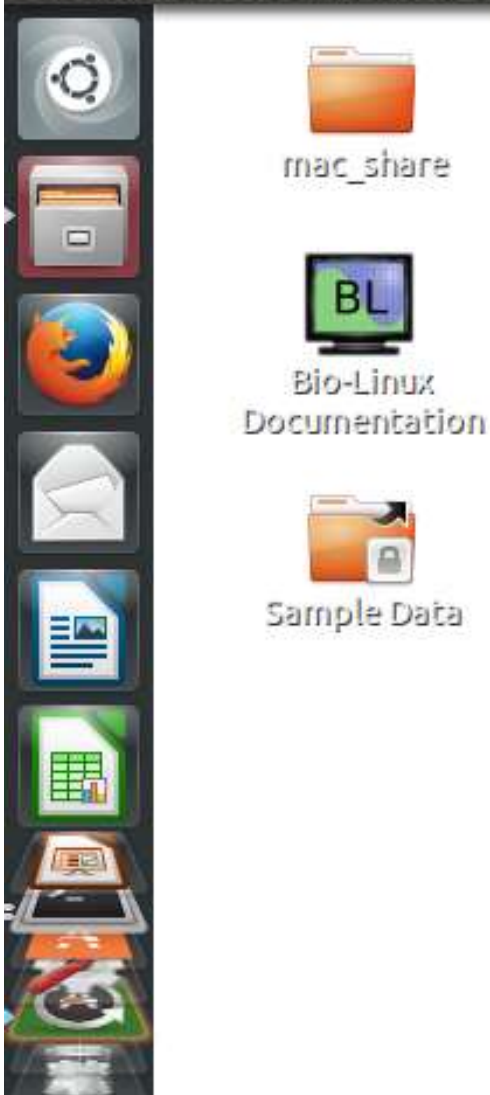
W9-2-3



W9-2-3

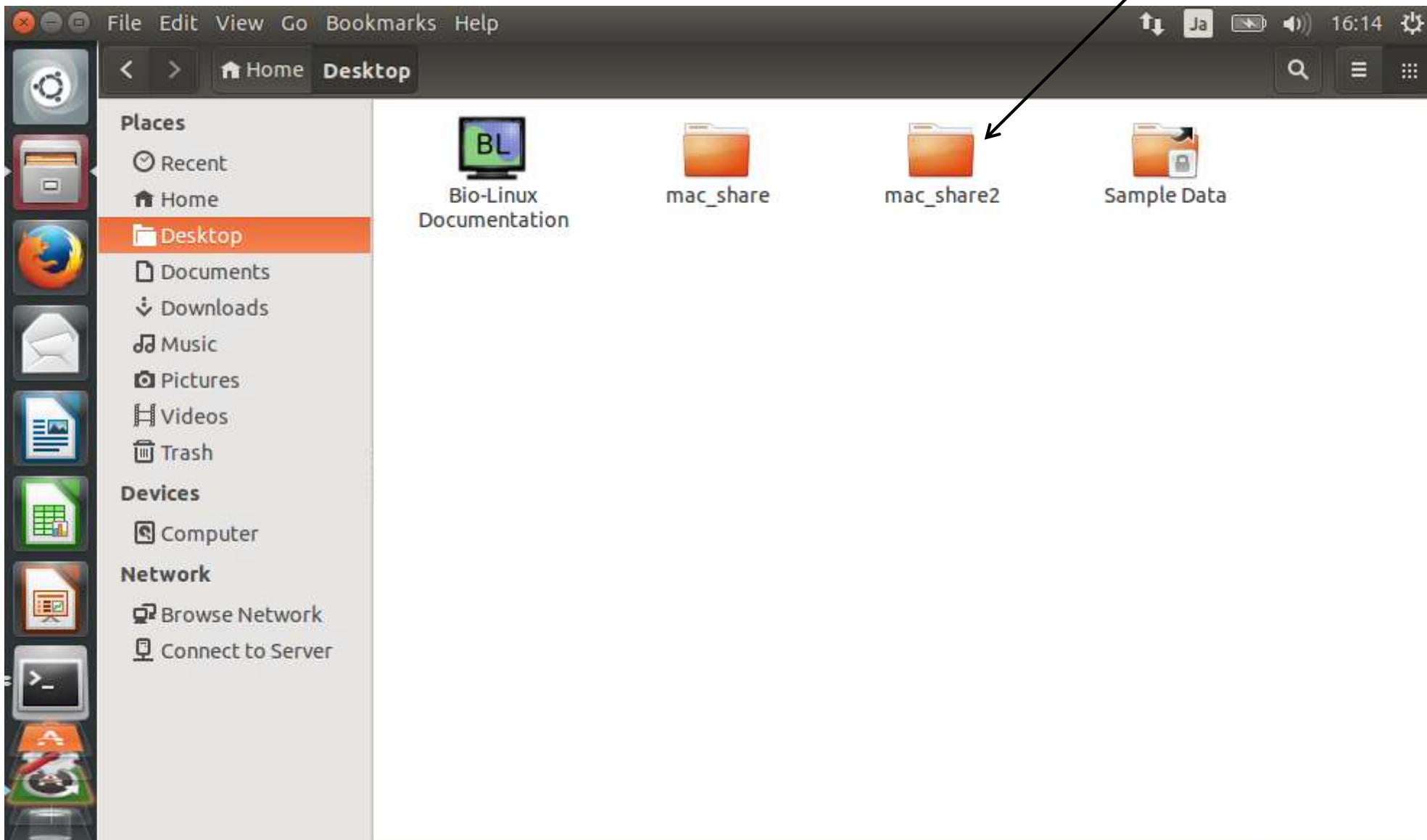
ターミナル画面上でmkdirコマンドを利用してmac_shareディレクトリを作成したが、もちろんデスクトップ画面上で「右クリック」-「New Folder」で通常のGUI画面上と同じ感覚で新規フォルダの作成を行ってもよい。

Bio-Linux Desktop, powered by Ubuntu



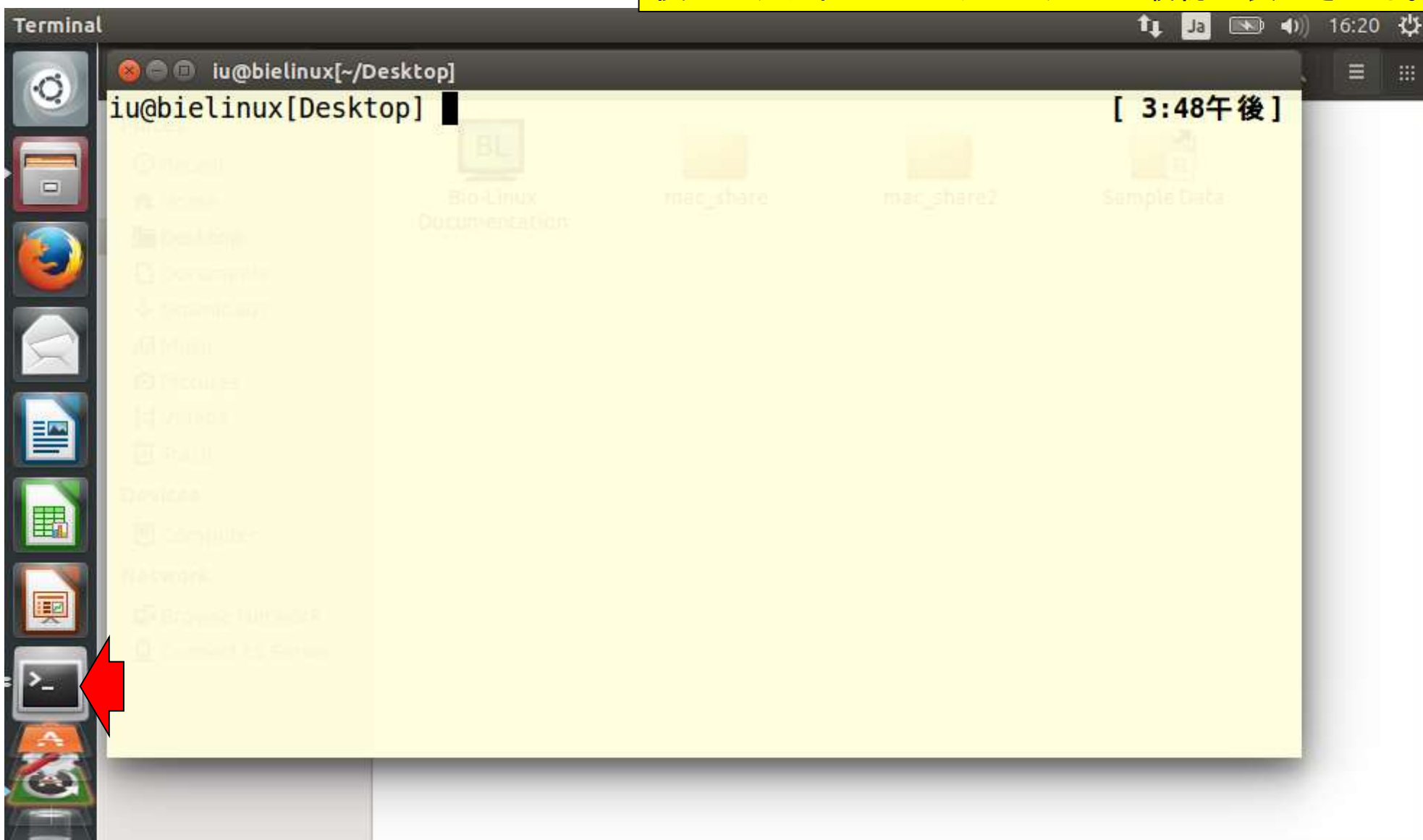
W9-2-3

例としてmac_share2フォルダを作成。



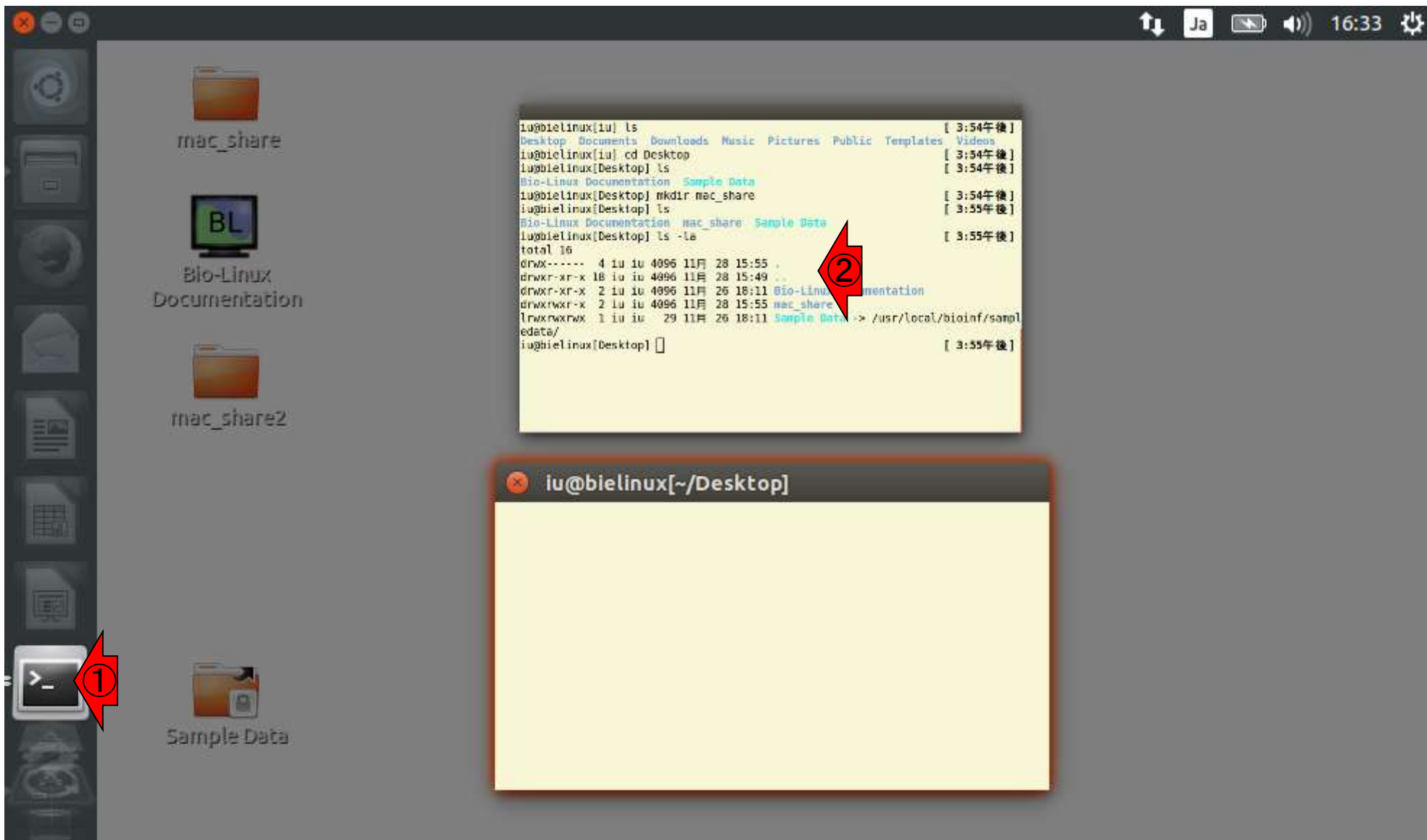
W9-2-4

ターミナルアイコンをクリックすると、最小化されていたターミナルが表示される。ターミナルは2つあったが、最後にアクティブだったターミナルが最初に表示される。



W9-2-4

もう一度ターミナルアイコンをクリックすると、コマンドを打ち込んでいたほうのターミナルも選択可能になる。



W9-2-4

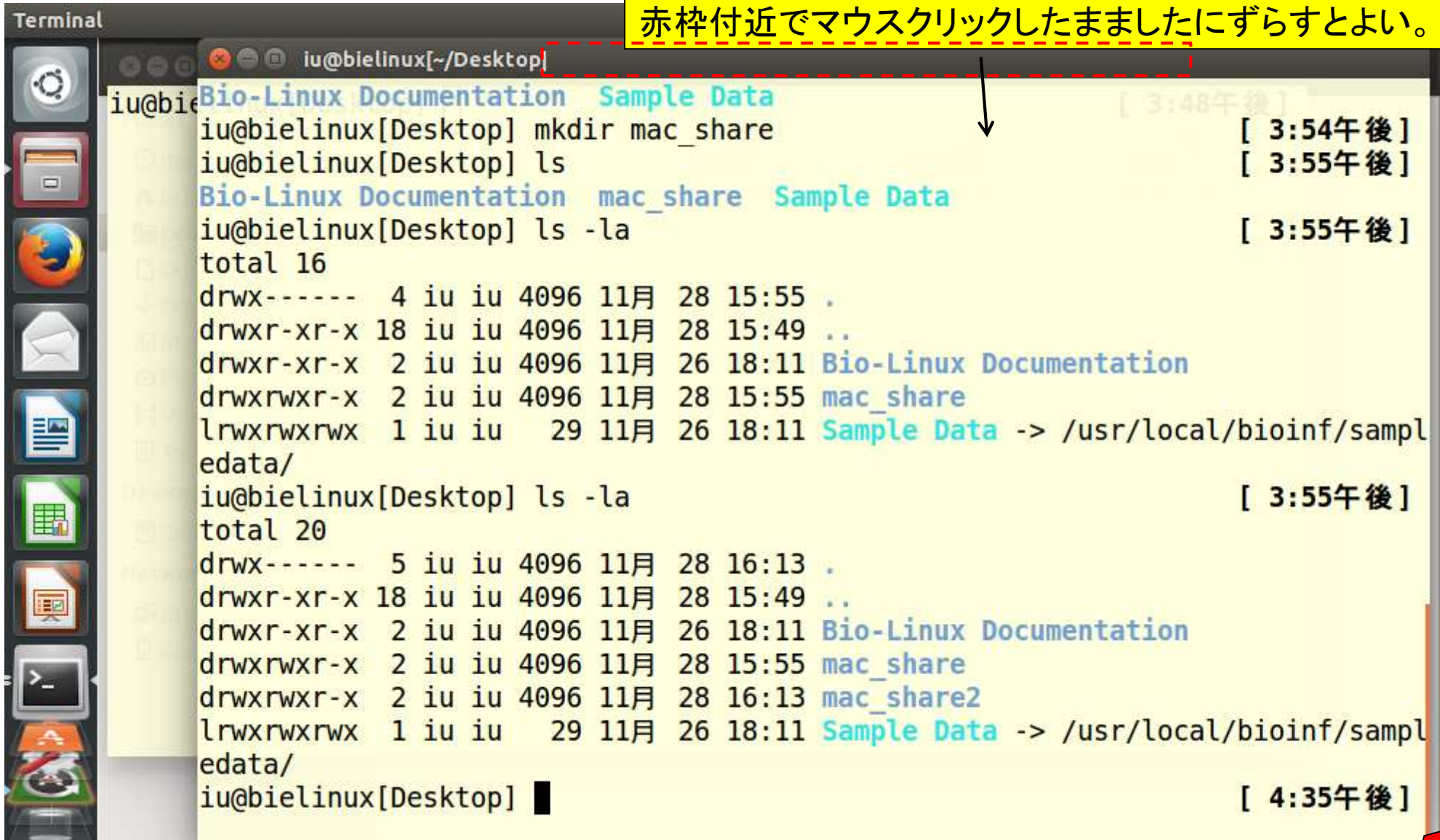
mac_share2フォルダ作成後に再び⑦「ls -la」した結果。コマンドは、改めて打ち込まなくても「上矢印ボタン」を1回押せばよい。

```
Terminal
iu@bielinux[~/Desktop]
iu@bielinux[Desktop] mkdir mac_share ← ④ [ 3:48午後]
iu@bielinux[Desktop] ls ← ⑤ [ 3:54午後]
iu@bielinux[Desktop] ls -la ← ⑥ [ 3:55午後]
total 16
drwx----- 4 iu iu 4096 11月 28 15:55 .
drwxr-xr-x 18 iu iu 4096 11月 28 15:49 ..
drwxr-xr-x 2 iu iu 4096 11月 26 18:11 Bio-Linux Documentation
drwxrwxr-x 2 iu iu 4096 11月 28 15:55 mac_share
lrwxrwxrwx 1 iu iu 29 11月 26 18:11 Sample Data -> /usr/local/bioinf/sampl
edata/
iu@bielinux[Desktop] ls -la ← ⑦ [ 3:55午後]
total 20
drwx----- 5 iu iu 4096 11月 28 16:13 .
drwxr-xr-x 18 iu iu 4096 11月 28 15:49 ..
drwxr-xr-x 2 iu iu 4096 11月 26 18:11 Bio-Linux Documentation
drwxrwxr-x 2 iu iu 4096 11月 28 15:55 mac_share
drwxrwxr-x 2 iu iu 4096 11月 28 16:13 mac_share2
lrwxrwxrwx 1 iu iu 29 11月 26 18:11 Sample Data -> /usr/local/bioinf/sampl
edata/
iu@bielinux[Desktop] █ [ 4:35午後]
```



W9-2-4

Tips。ターミナルの画面サイズを変えるのは右下が基本だが、右下部分にマウスポインタを合わせてもサイズ変更可能な状態にならないときがある。そのような場合は赤枠付近でマウスクリックしたままにずらすとよい。



```
Terminal
iu@bielinux[~/Desktop]
iu@bielinux[Desktop] mkdir mac_share [ 3:54午後]
iu@bielinux[Desktop] ls [ 3:55午後]
Bio-Linux Documentation mac_share Sample Data
iu@bielinux[Desktop] ls -la [ 3:55午後]
total 16
drwx----- 4 iu iu 4096 11月 28 15:55 .
drwxr-xr-x 18 iu iu 4096 11月 28 15:49 ..
drwxr-xr-x 2 iu iu 4096 11月 26 18:11 Bio-Linux Documentation
drwxrwxr-x 2 iu iu 4096 11月 28 15:55 mac_share
lrwxrwxrwx 1 iu iu 29 11月 26 18:11 Sample Data -> /usr/local/bioinf/sampl
edata/
iu@bielinux[Desktop] ls -la [ 3:55午後]
total 20
drwx----- 5 iu iu 4096 11月 28 16:13 .
drwxr-xr-x 18 iu iu 4096 11月 28 15:49 ..
drwxr-xr-x 2 iu iu 4096 11月 26 18:11 Bio-Linux Documentation
drwxrwxr-x 2 iu iu 4096 11月 28 15:55 mac_share
drwxrwxr-x 2 iu iu 4096 11月 28 16:13 mac_share2
lrwxrwxrwx 1 iu iu 29 11月 26 18:11 Sample Data -> /usr/local/bioinf/sampl
edata/
iu@bielinux[Desktop] [ 4:35午後]
```


W9-2-4

こんな感じになるので、ウィンドウの右下を左クリックボタンを押しながら移動させることでウィンドウサイズを任意に変更できるようになる。

The screenshot shows a Linux desktop environment. In the foreground, a terminal window is open, displaying the output of the `ls -la` command. The output lists files and directories with their permissions, owner, group, size, and date. The files listed are `Bio-Linux Documentation`, `mac_share`, `mac_share2`, and `Sample Data`. The terminal prompt is `iu@bielinux[Desktop]`. In the background, a file manager window is visible, showing the same files and directories. The desktop environment includes a sidebar with application icons and a top panel with system status indicators.

```
iu@bielinux[~/Desktop]
iu@bielinux[Desktop] [ 3:48午後]

drwxr-xr-x  2 iu iu 4096 11月 26 18:11 Bio-Linux Documentation
drwxrwxr-x  2 iu iu 4096 11月 28 15:55 mac_share
lrwxrwxrwx  1 iu iu   29 11月 26 18:11 Sample Data -> /usr/local/bioinf/sampl
edata/
iu@bielinux[Desktop] ls -la [ 3:55午後]
total 20
drwx-----  5 iu iu 4096 11月 28 16:13 .
drwxr-xr-x 18 iu iu 4096 11月 28 15:49 ..
drwxr-xr-x  2 iu iu 4096 11月 26 18:11 Bio-Linux Documentation
drwxrwxr-x  2 iu iu 4096 11月 28 15:55 mac_share
drwxrwxr-x  2 iu iu 4096 11月 28 16:13 mac_share2
lrwxrwxrwx  1 iu iu   29 11月 26 18:11 Sample Data -> /usr/local/bioinf/sampl
edata/
iu@bielinux[Desktop] [ 4:45午後]
```



W9-2-5

「`sudo mount -t vboxsf share mac_share`」という赤矢印部分のコマンドを打ち込む。ホストOSのデスクトップ上にあるshareフォルダをゲストOSのデスクトップ上のmac_shareフォルダとして認識させ、利用可能な状態にする作業を行っている(この操作をマウントという)。すると[sudo] password for iu:と何かを聞かれる状態になる。これはログインユーザiuのパスワードを聞かれているので、この場合pass1409と打ち込む。

```
Terminal
iu@bielinux[~/Desktop]
iu@bielinux[Desktop] mkdir mac_
iu@bielinux[Desktop] ls
Bio-Linux Documentation mac_sh
iu@bielinux[Desktop] ls -la
total 16
drwx----- 4 iu iu 4096 11月 28 15:55 .
drwxr-xr-x 18 iu iu 4096 11月 28 15:49 ..
drwxr-xr-x 2 iu iu 4096 11月 26 18:11 Bio-Linux Documentation
drwxrwxr-x 2 iu iu 4096 11月 28 15:55 mac_share
lrwxrwxrwx 1 iu iu 29 11月 26 18:11 Sample Data -> /usr/local/bioinf/sampl
edata/
iu@bielinux[Desktop] ls -la ← ⑦ [ 3:55午後]
total 20
drwx----- 5 iu iu 4096 11月 28 16:13 .
drwxr-xr-x 18 iu iu 4096 11月 28 15:49 ..
drwxr-xr-x 2 iu iu 4096 11月 26 18:11 Bio-Linux Documentation
drwxrwxr-x 2 iu iu 4096 11月 28 15:55 mac_share
drwxrwxr-x 2 iu iu 4096 11月 28 16:13 mac_share2
lrwxrwxrwx 1 iu iu 29 11月 26 18:11 Sample Data -> /usr/local/bioinf/sampl
edata/
iu@bielinux[Desktop] sudo mount -t vboxsf share mac_share ← [ 4:55午後]
[sudo] password for iu:
```


W9-2-5

ログインユーザのパスワードを打ち込んだ結果。見ため上、特に何も起こらず、通常のコマンド入力待ち状態になるだけである。

```
Terminal
iu@bielinux[~/Desktop]
iu@bielinux[Desktop] ls
Bio-Linux Documentation mac_share Sample Data
iu@bielinux[Desktop] ls -la
total 16
drwx----- 4 iu iu 4096 11月 28 15:55 .
drwxr-xr-x 18 iu iu 4096 11月 28 15:49 ..
drwxr-xr-x 2 iu iu 4096 11月 26 18:11 Bio-Linux Documentation
drwxrwxr-x 2 iu iu 4096 11月 28 15:55 mac_share
lrwxrwxrwx 1 iu iu 29 11月 26 18:11 Sample Data -> /usr/local/bioinf/sampl
edata/
iu@bielinux[Desktop] ls -la ← ⑦
total 20
drwx----- 5 iu iu 4096 11月 28 16:13 .
drwxr-xr-x 18 iu iu 4096 11月 28 15:49 ..
drwxr-xr-x 2 iu iu 4096 11月 26 18:11 Bio-Linux Documentation
drwxrwxr-x 2 iu iu 4096 11月 28 15:55 mac_share
drwxrwxr-x 2 iu iu 4096 11月 28 16:13 mac_share2
lrwxrwxrwx 1 iu iu 29 11月 26 18:11 Sample Data -> /usr/local/bioinf/sampl
edata/
iu@bielinux[Desktop] sudo mount -t vboxsf share mac_share
[sudo] password for iu:
iu@bielinux[Desktop]
```


W9-2-5

⑧もう一度「ls -la」した結果。赤の下線で示すように、「sudo mount -f vboxsf share mac_share」実行前後でmac_shareフォルダのこの記述が変わっていることがわかる。

```
Terminal File Edit View Search Terminal Help
iu@bielinux[~/Desktop]
iu(total 20 [ 2:02午後]
drwx----- 5 iu iu 4096 11月 28 19:51 .
drwxr-xr-x 18 iu iu 4096 12月 1 11:04 ..
drwxr-xr-x 2 iu iu 4096 11月 26 18:11 Bio-Linux Documentation
drwxrwxr-x 2 iu iu 4096 11月 28 19:51 mac_share
drwxrwxr-x 2 iu iu 4096 11月 28 16:13 mac_share2
lrwxrwxrwx 1 iu iu 29 11月 26 18:11 Sample Data -> /usr/local/bioinf/sampled
ata/
iu@bielinux[Desktop] sudo mount -t vboxsf share mac_share [ 2:04午後]
[sudo] password for iu:
iu@bielinux[Desktop] ls -la ← ⑧ [ 2:05午後]
total 16
drwx----- 5 iu iu 4096 11月 28 19:51 .
drwxr-xr-x 18 iu iu 4096 12月 1 11:04 ..
drwxr-xr-x 2 iu iu 4096 11月 26 18:11 Bio-Linux Documentation
drwxrwxrwx 1 root root 68 12月 1 10:57 mac_share
drwxrwxr-x 2 iu iu 4096 11月 28 16:13 mac_share2
lrwxrwxrwx 1 iu iu 29 11月 26 18:11 Sample Data -> /usr/local/bioinf/sam
pledata/
iu@bielinux[Desktop] [ 2:05午後]
```

W9-2-5

```
Terminal File Edit View Search Terminal Help
iu@bielinux[~/Desktop]
iu(total 20)
drwx----- 5 iu iu 4096 11月
drwxr-xr-x 18 iu iu 4096 12月
drwxr-xr-x 2 iu iu 4096 11月
drwxrwxr-x 2 iu iu 4096 11月
drwxrwxr-x 2 iu iu 4096 11月
lrwxrwxrwx 1 iu iu 29 11月
ata/
iu@bielinux[Desktop] sudo mou
[sudo] password for iu:
iu@bielinux[Desktop] ls -la
total 16
drwx----- 5 iu iu 4096 11月 28 19:51 .
drwxr-xr-x 18 iu iu 4096 12月 1 11:04 ..
drwxr-xr-x 2 iu iu 4096 11月 26 18:11 Bio-Linux Documentation
drwxrwxrwx 1 root root 68 12月 1 10:57 mac_share
drwxrwxr-x 2 iu iu 4096 11月 28 16:13 mac_share2
lrwxrwxrwx 1 iu iu 29 11月 26 18:11 Sample Data -> /usr/local/bioinf/sam
pledadata/
iu@bielinux[Desktop]
```

特に重要なのは赤枠で囲った部分。「drwxrwxrwx」のようになっていればOK。一番左のdはディレクトリの意味。それ以外の9文字のrwxrwxrwxは、mac_shareディレクトリの「所有者、特定のグループ、その他のヒト」を含め全てのヒトに、このディレクトリ中のファイルを読むこと(r)、書き込み(w)、実行(x)の権限を与えるという意味です。もしここがrwxrwxrwxになっていなければ、共有フォルダとしてゲストOS上に作成したユーザiuが、mac_shareディレクトリを介して「ホストOSのデスクトップ上に作成したshareフォルダ」に書き込みが行えないなどの不具合が生じます。Windowsユーザはデフォルトがrwxrwxrwxとなっていて問題ない。が、Macはデフォルトの権限がそうになっていないので、W9-2-6を前もって実行している。

[2:05午後]

[2:05午後]

W9-2-5

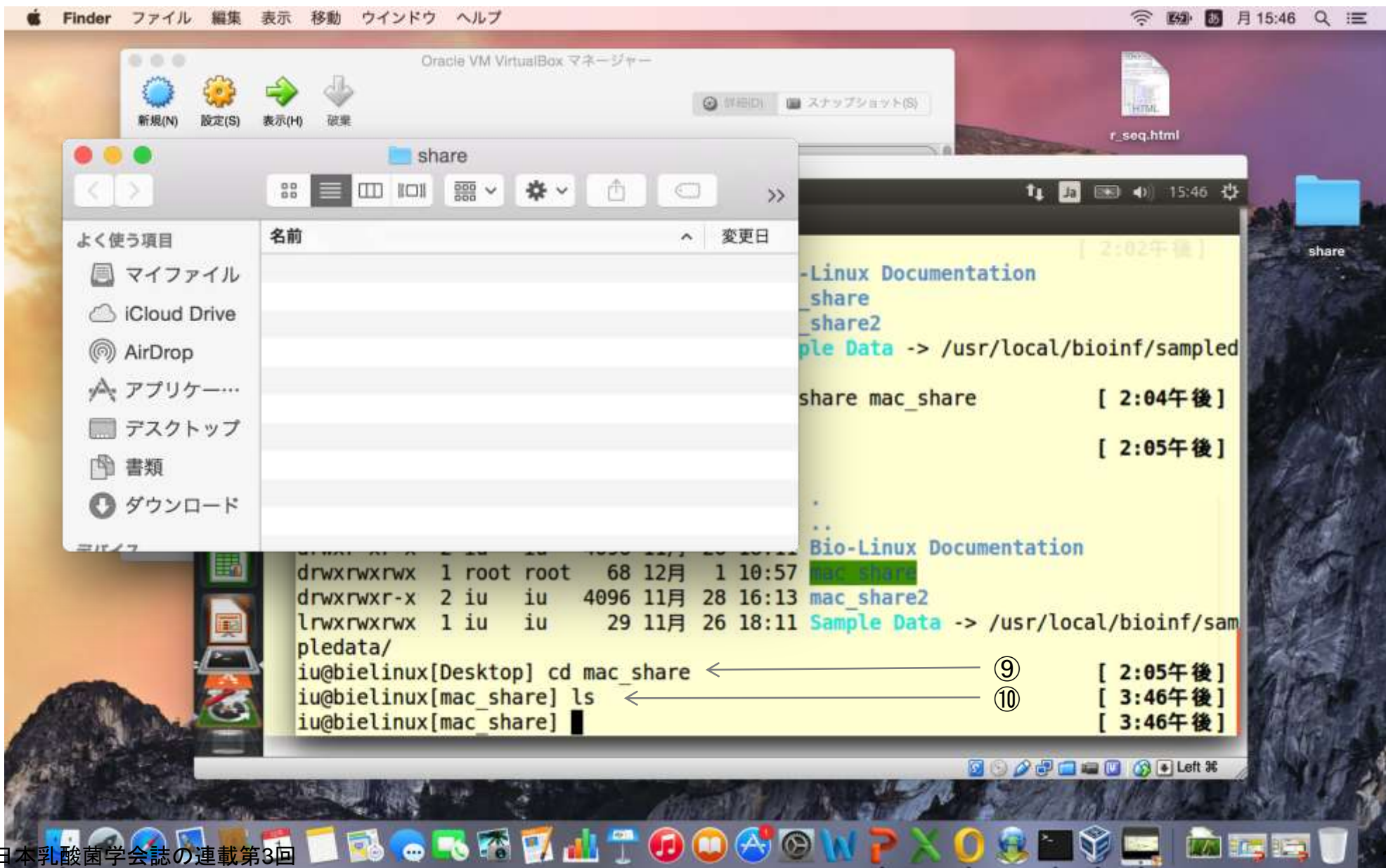
ゲストOSのデスクトップに作成したmac_shareディレクトリの実体は、ホストOSのデスクトップ上に作成したshareフォルダです。「sudo mount -t vboxsf share mac_share」コマンドを含む一連の作業でそうなるようにしているからです。そのため、mac_shareディレクトリの所有者やアクセス権限の変更自体は、ゲストOS上でいくら頑張ってもできません。W9-2-6を先にやっていない場合はW9-2-6を実行し、ゲストOSのターミナル上で「ls -la」で確認。その繰り返しです。

The screenshot shows a Linux desktop environment. A terminal window is open, displaying the output of the `ls -la` command. The output shows the permissions for the `mac_share` directory, which are `drwxrwxrwx` and owned by `root`. A red box highlights this line in the terminal output. A file manager window is also open, showing a folder named `share` on the desktop, indicated by a red arrow. The terminal output includes the following commands and their results:

```
iu@bielinux[~/Desktop]
iu(total 20
drwx----- 5 iu iu 4096 11月 28 19:51 .
drwxr-xr-x 18 iu iu 4096 12月 1 11:04 ..
drwxr-xr-x 2 iu iu 4096 11月 26 18:11 Bio-Linux Documentation
drwxrwxr-x 2 iu iu 4096 11月 28 19:51 mac_share
drwxrwxr-x 2 iu iu 4096 11月 28 16:13 mac_share2
lrwxrwxrwx 1 iu iu 29 11月 26 18:11 Sample Data -> /usr/local/bioinf/sampled
ata/
iu@bielinux[Desktop] sudo mount -t vboxsf share mac_share [ 2:04午後 ]
[sudo] password for iu:
iu@bielinux[Desktop] ls -la [ 2:05午後 ]
total 16
drwx----- 5 iu iu 4096 11月 28 19:51 .
drwxr-xr-x 18 iu iu 4096 12月 1 11:04 ..
drwxr-xr-x 2 iu iu 4096 11月 26 18:11 Bio-Linux Documentation
drwxrwxrwx 1 root root 68 12月 1 10:57 mac_share
drwxrwxr-x 2 iu iu 4096 11月 28 16:13 mac_share2
lrwxrwxrwx 1 iu iu 29 11月 26 18:11 Sample Data -> /usr/local/bioinf/sam
pledata/
iu@bielinux[Desktop] [ 2:05午後 ]
```

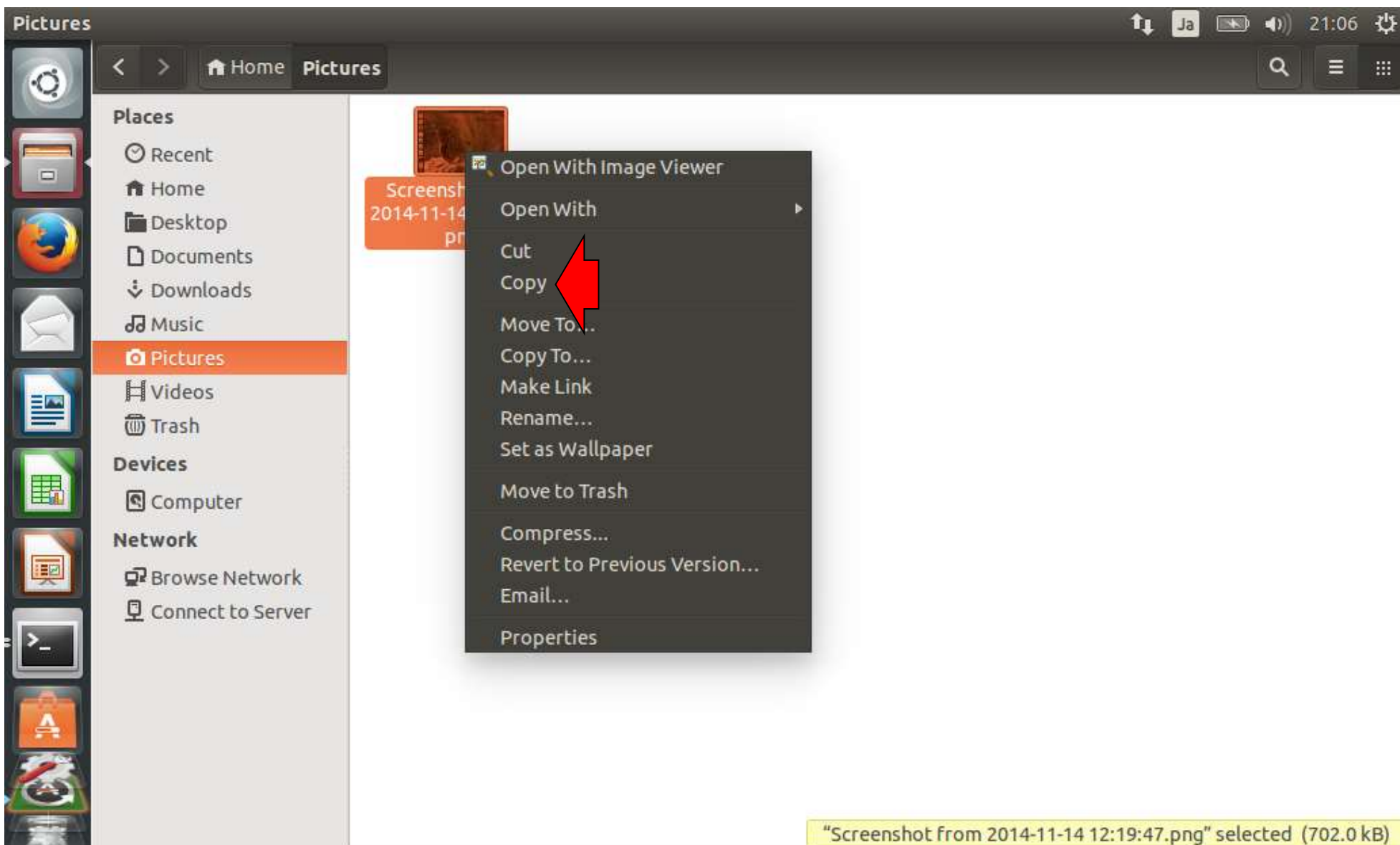

W9-2-7

共有フォルダの状況確認。⑧mac_shareディレクトリに移動し、⑨lsして何もないことを確認。



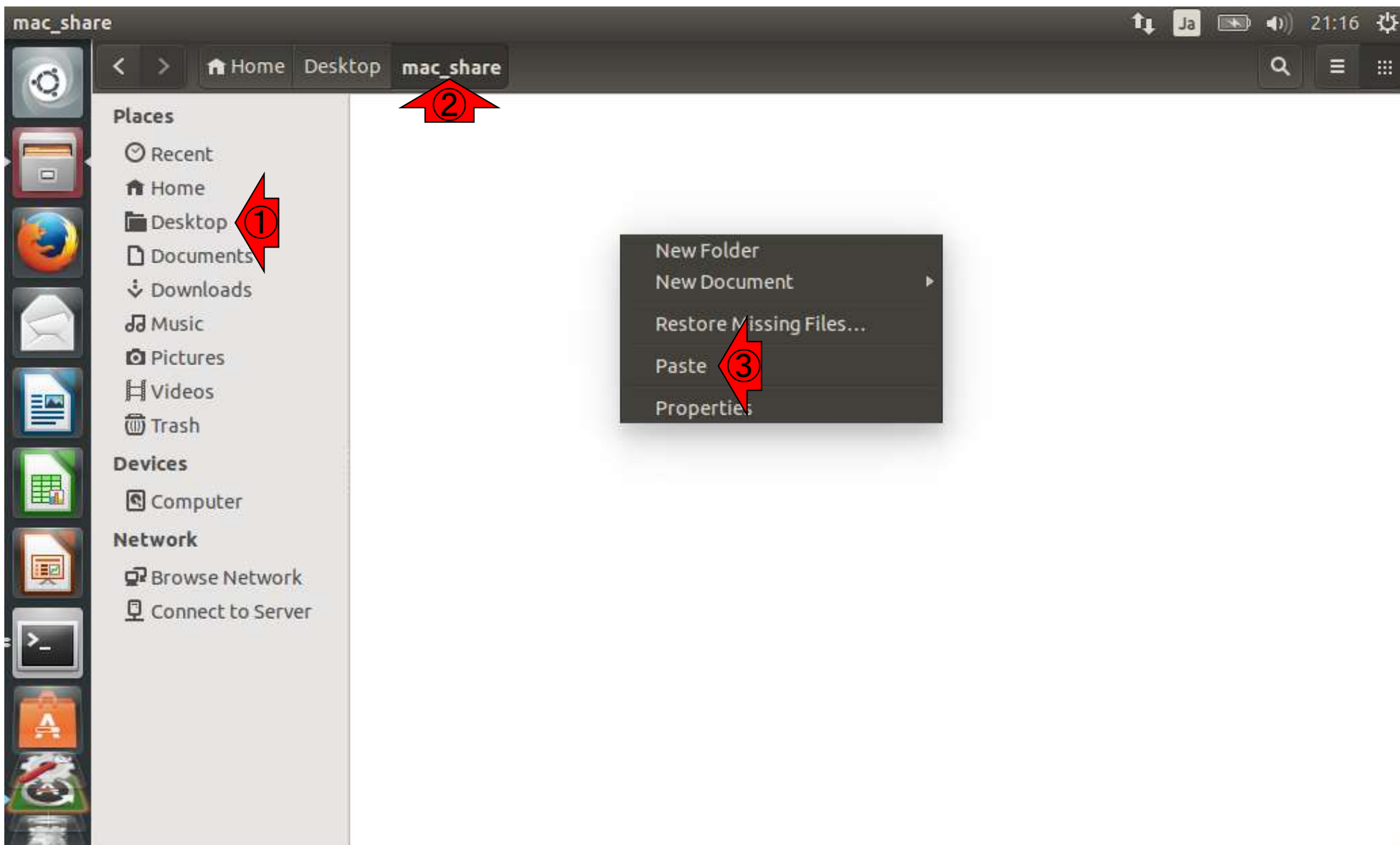
W9-2-8

以前にスクリーンショットを保存していた Pictures フォルダ中の png ファイルをコピー。



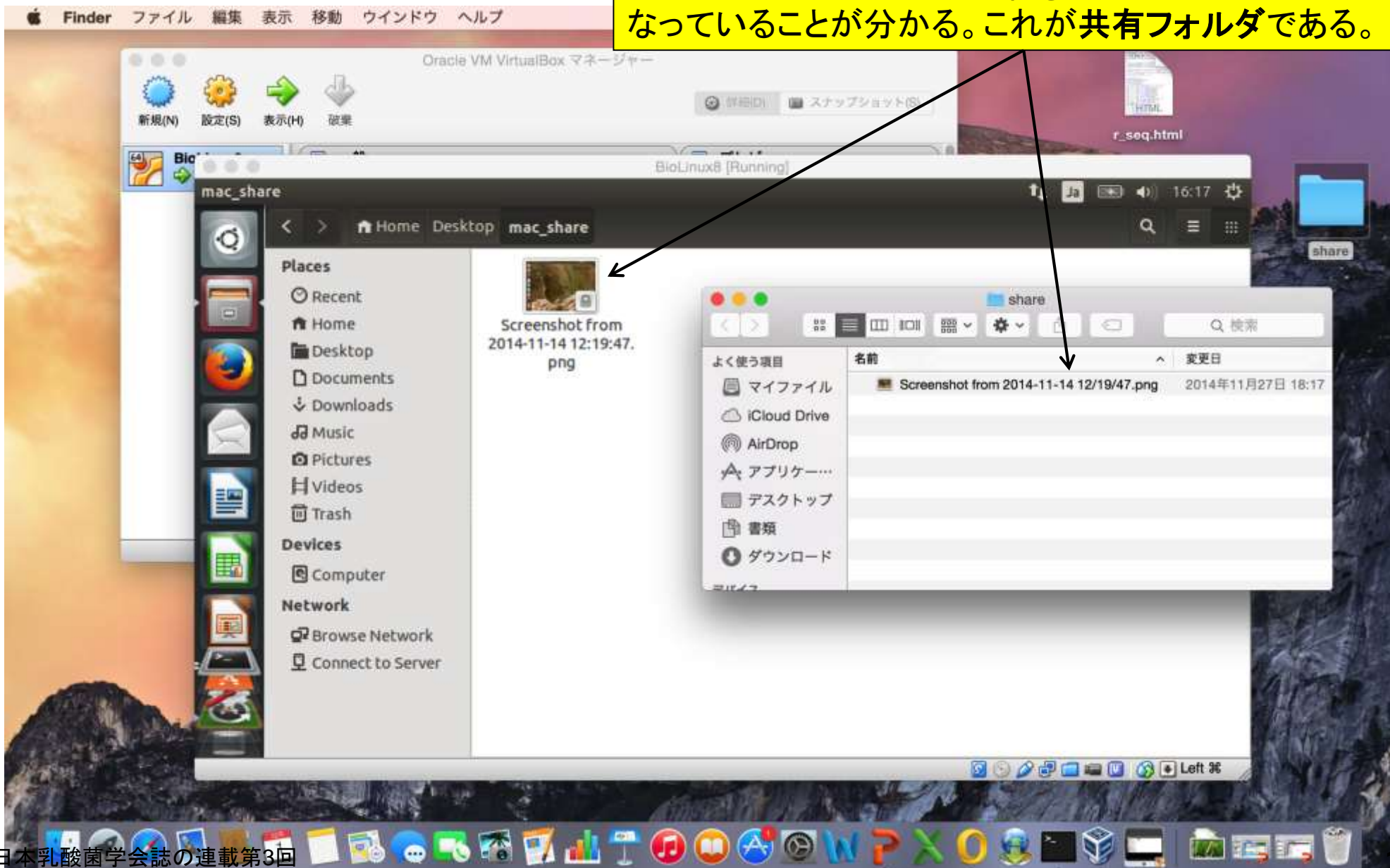
W9-2-8

ゲストOSのデスクトップ上にある
mac_shareフォルダ上でペースト。



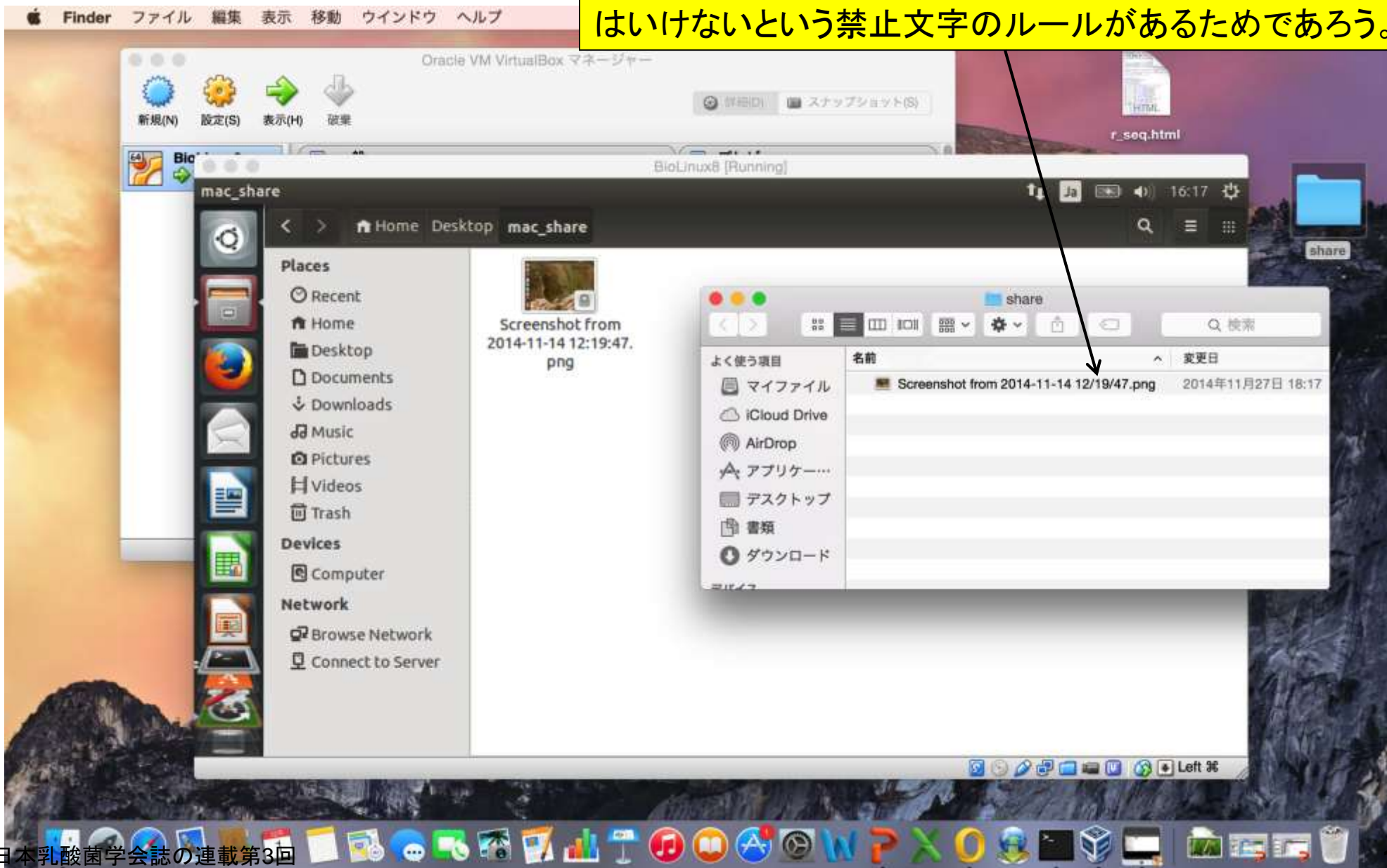
W9-2-8

ゲストOSのデスクトップ上のmac_shareフォルダにpngファイルが確かに存在する。また、ホストOSのデスクトップ上のshareフォルダからもpngファイルが見られるようになっていことが分かる。これが共有フォルダである。



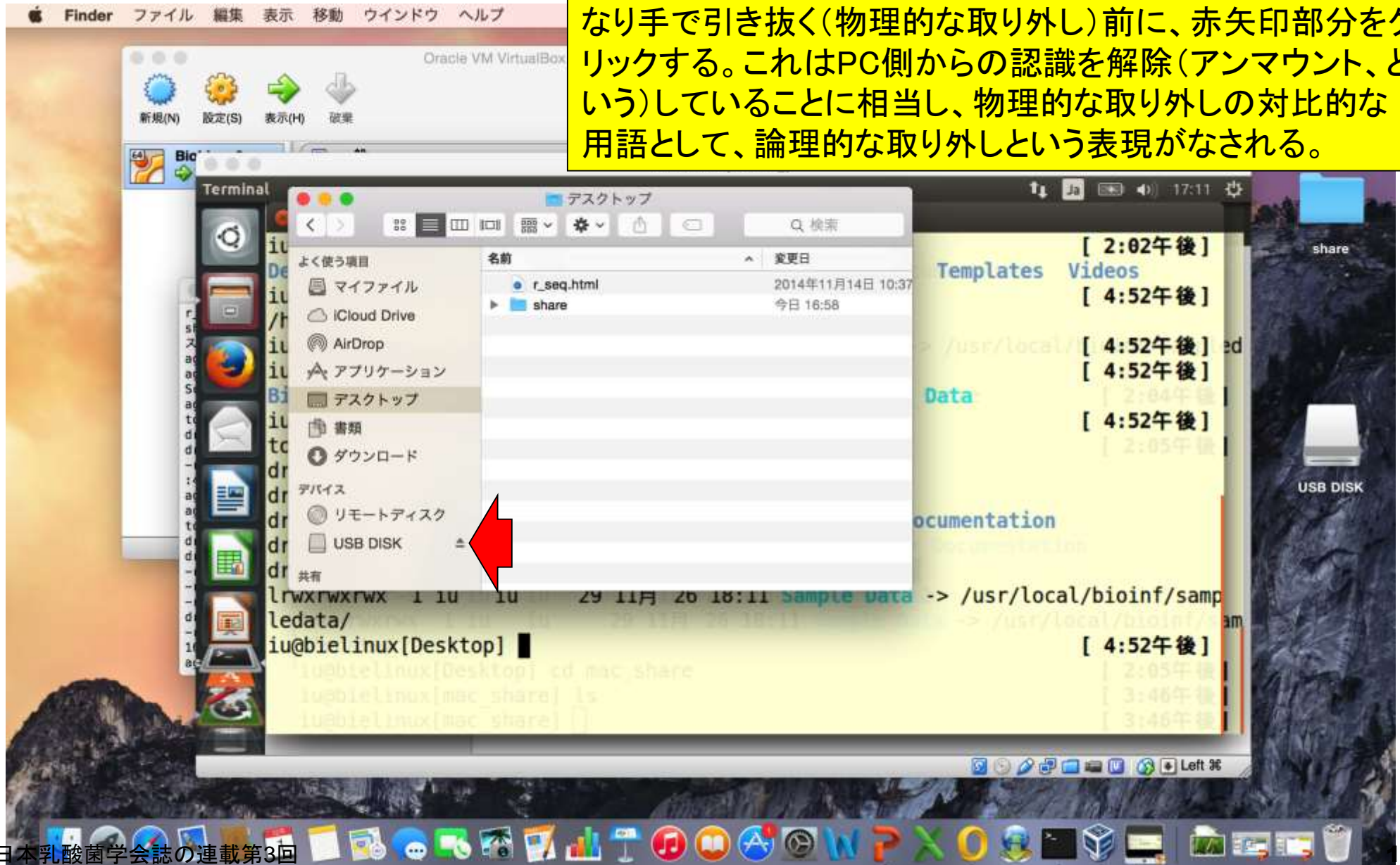
W9-3

ホストOSのデスクトップ上のshareフォルダ中では、ファイル名中のコロン(:)がスラッシュ(/)に変わっている。これはWinやMacではファイル名中にコロンのような記号を使ってはいけないという禁止文字のルールがあるためであろう。



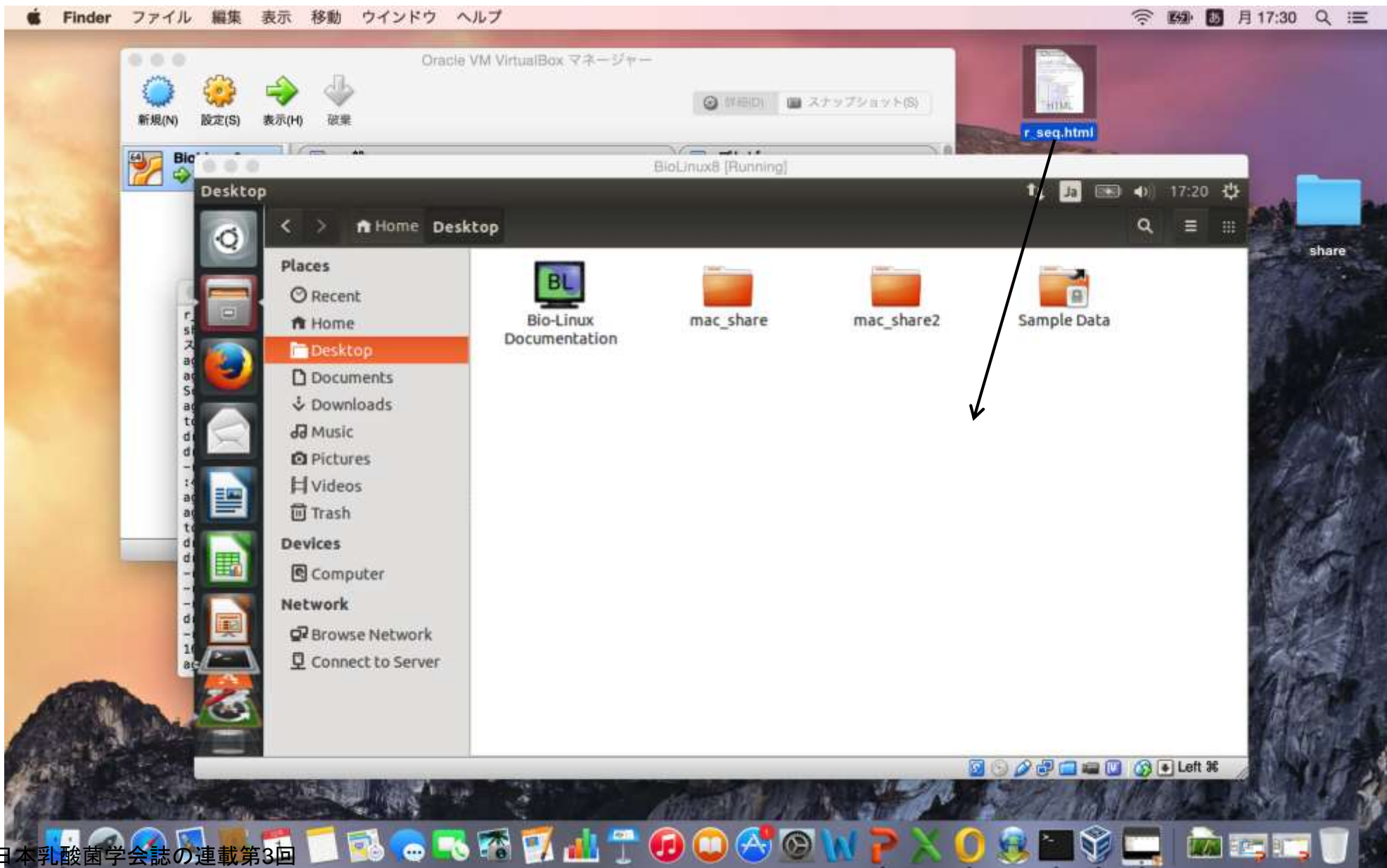
W9-4

USBメモリとPC間で何かデータのやり取りをしている最中に、手でいきなり引き抜くという物理的な取り外しは危険である。そのため、USBメモリを取り外したい場合には、一般にいきなり手で引き抜く(物理的な取り外し)前に、赤矢印部分をクリックする。これはPC側からの認識を解除(アンマウント、という)していることに相当し、物理的な取り外しの対比的な用語として、論理的な取り外しという表現がなされる。

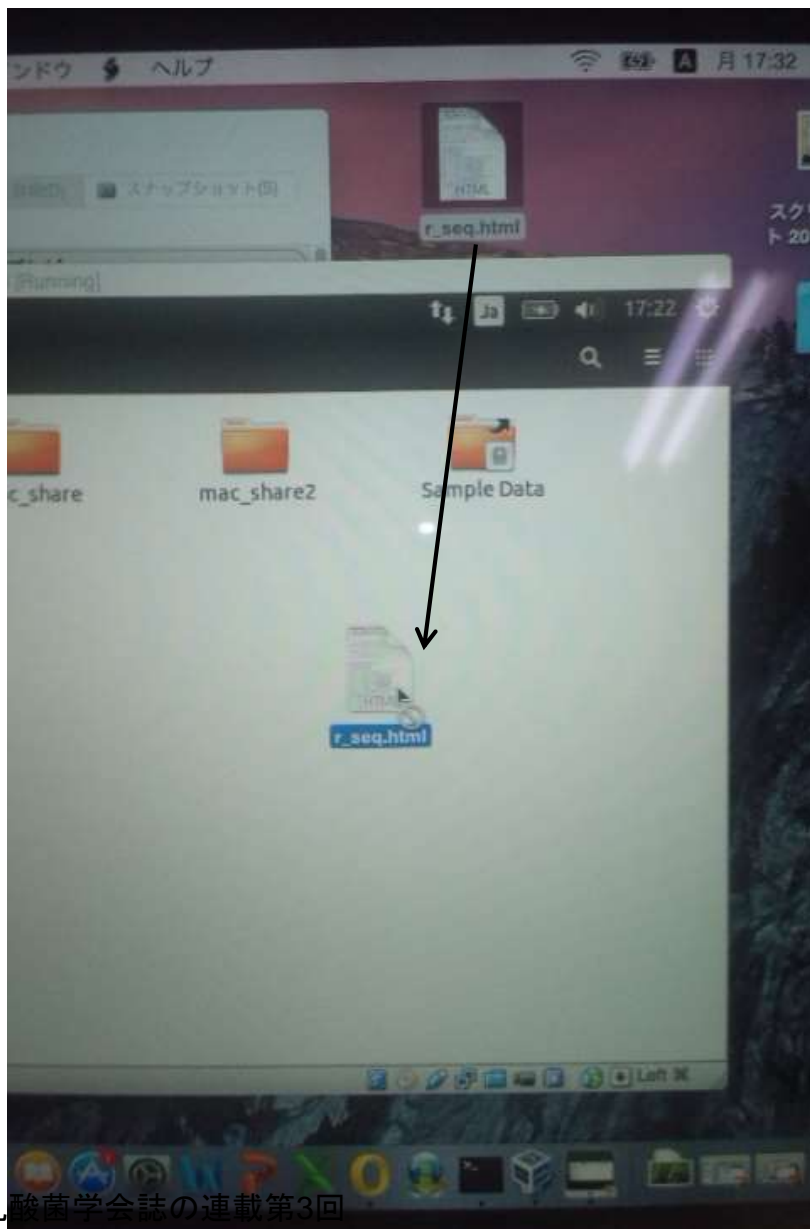


W9-5

ホストOSからゲストOSへドラッグ&ドロップ
できるときとできないときがあるようだ。



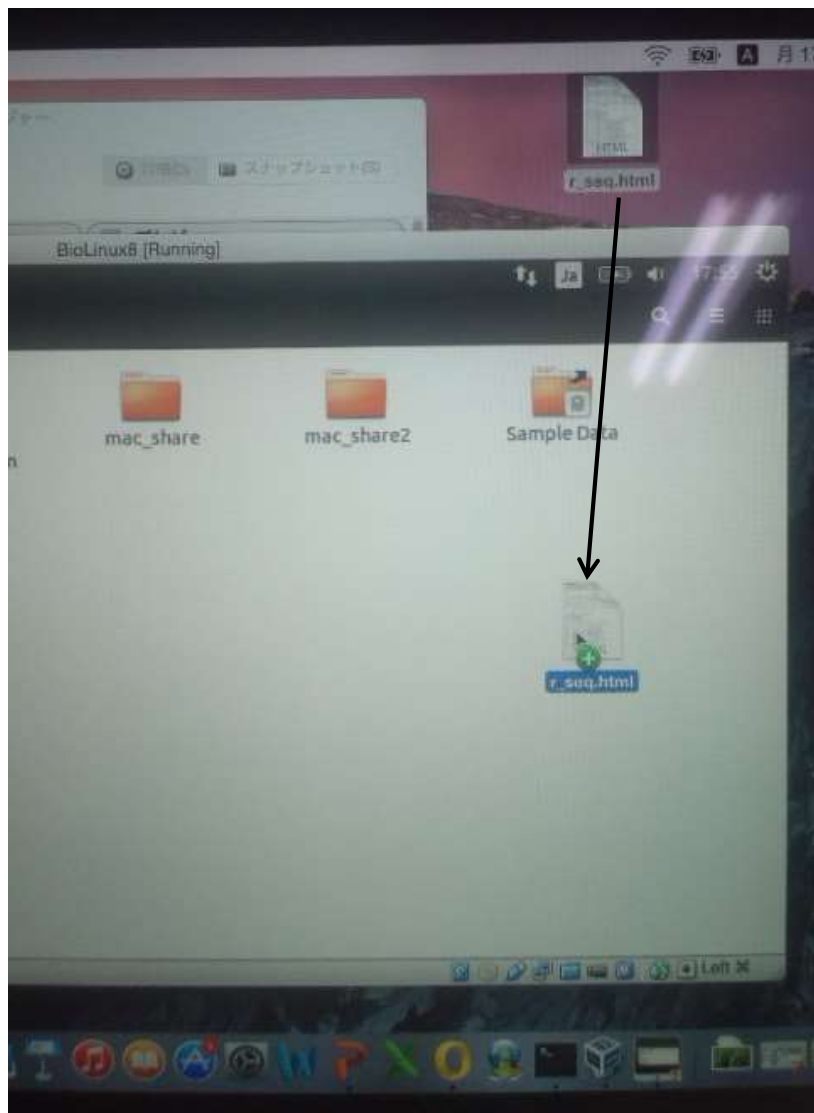
W9-5



ゲストOSのウィンドウ上で、左図のようにマウスカーソルが駐車禁止マークのようになっていると、ドロップ(ファイルを置く)することはできない。ちょっとカーソルの位置をずらしたりすれば置くことができるマークに変わることもあるが、調子に乗ってドロップせずに位置をずらすことを繰り返していると、何をやっても駐車禁止マークになってどうにもならないときがある。経験上、BioLinux8の再起動ではだめで、VirtualBoxマネージャーの再起動からやるなどすれば次のスライドのように復旧した。

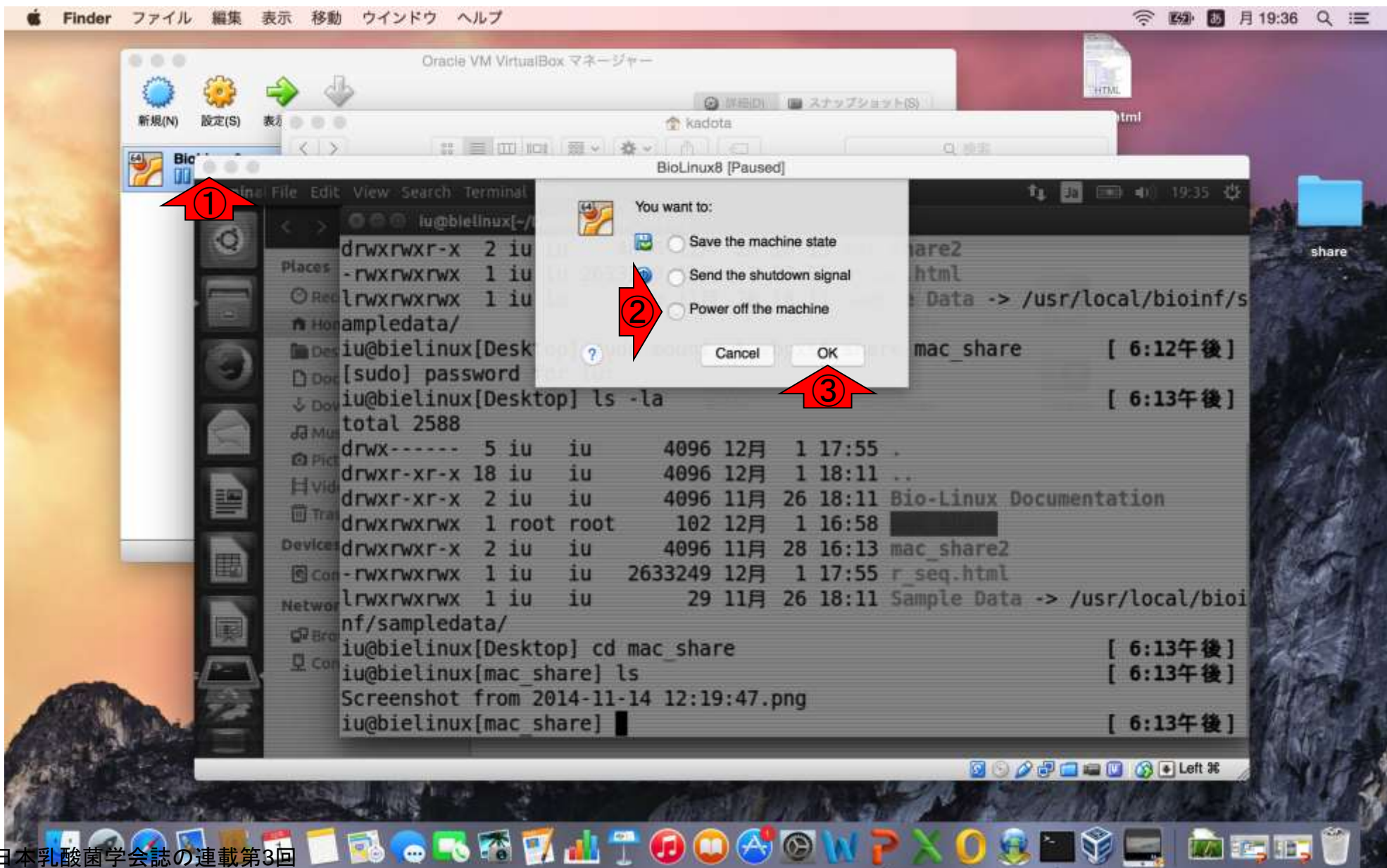
W9-5

BioLinux8を閉じる際には、W9-6のように「仮想マシンの状態を保存(Save the machine state)」ではなく、「仮想マシンの電源オフ(Power off the machine)」までやらないとドラッグ&ドロップできるようにならないかもしれない。



W9-6

①ゲストOSの終了時に「Save the machine state」にせず、②「Power off the machine」を選択して終了してみる。



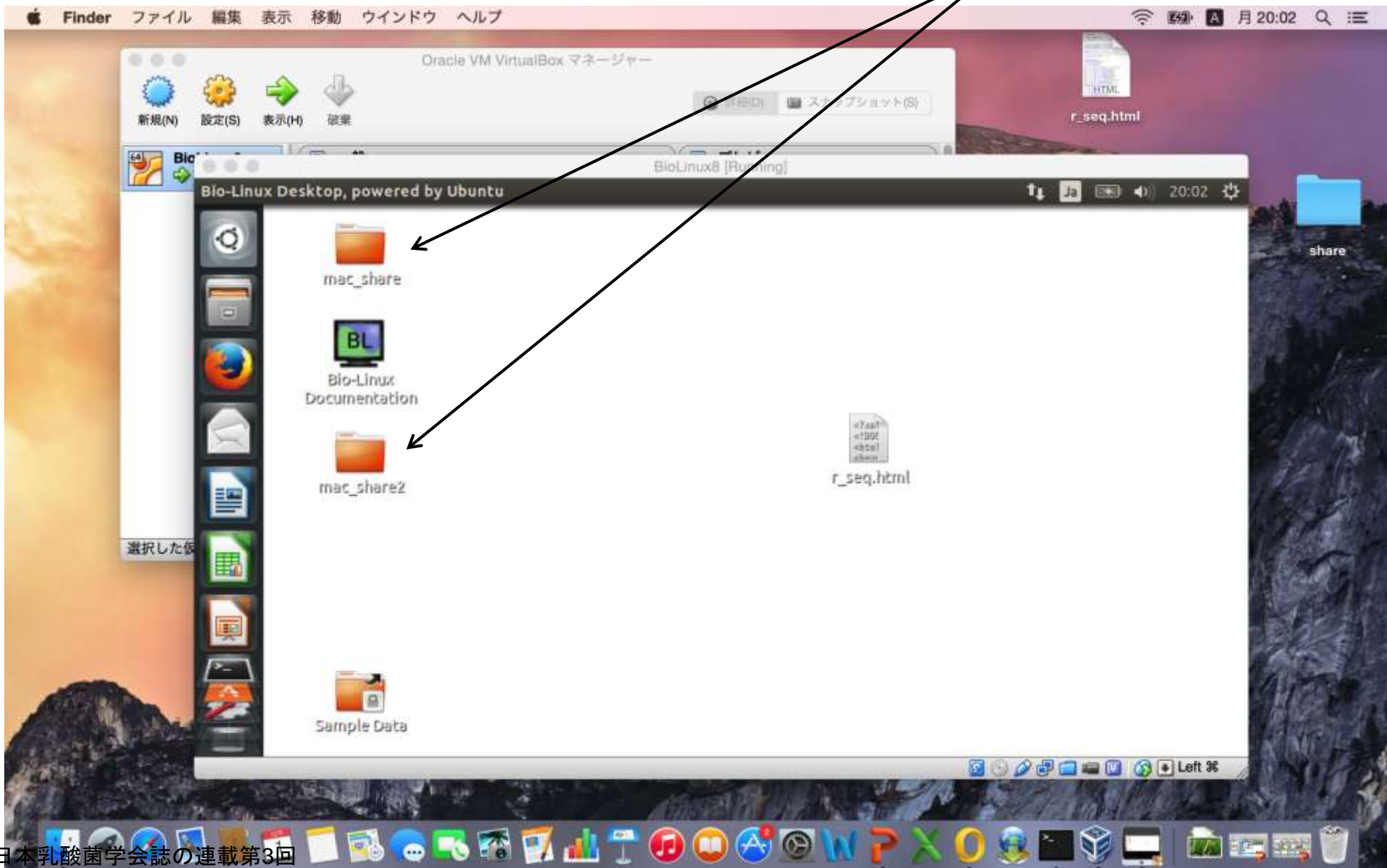
W9-6

ゲストOS終了直後のVirtualBoxマネージャー。
WW8-9と違って、「保存」とはなっておらず、
「電源オフ」になっていることがわかる。



W9-6

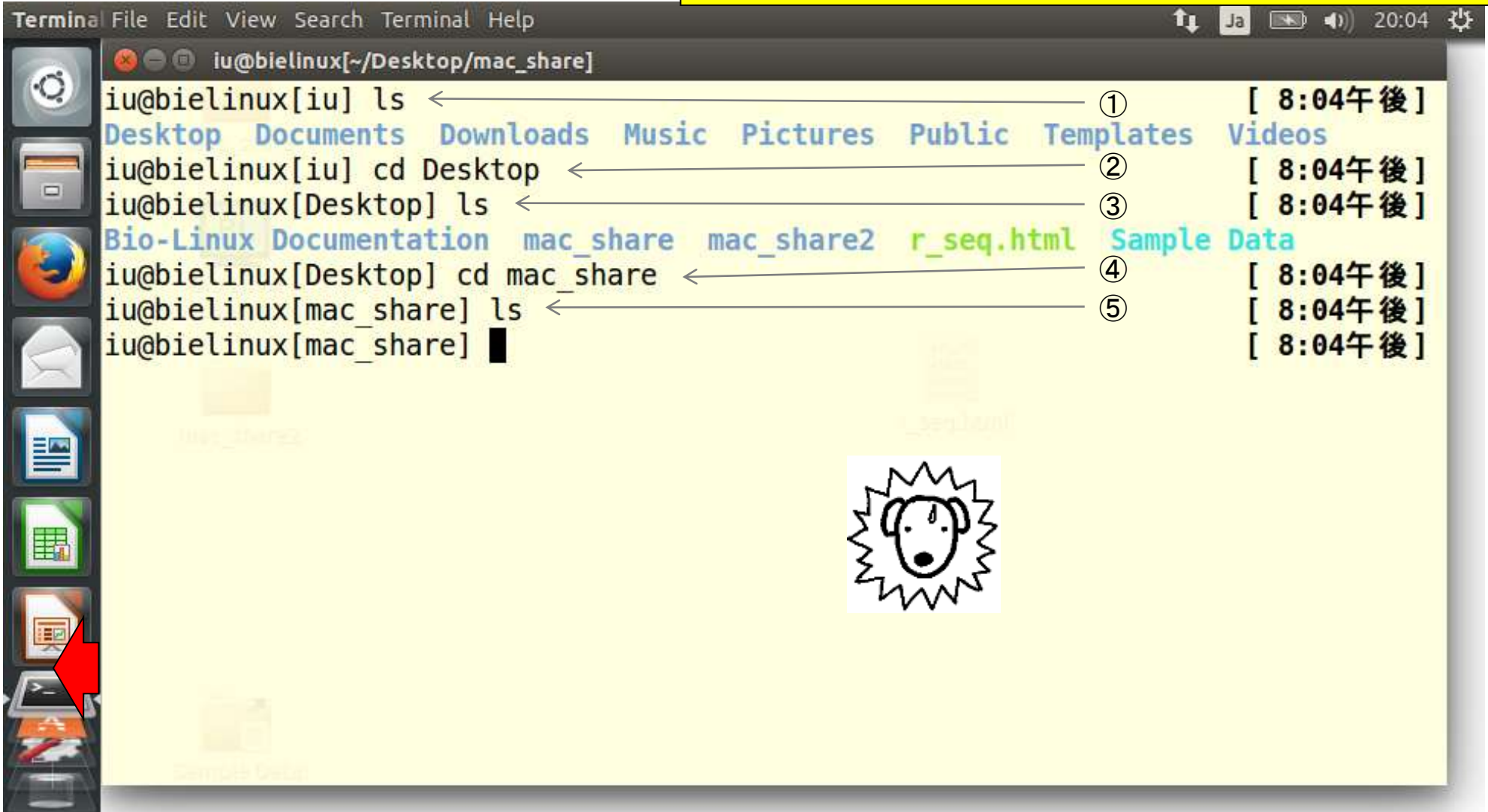
BioLinux8起動直後の状態。前回終了前に作成した mac_shareやmac_share2フォルダは残っていることがわかる。



W9-6

ターミナルを起動して前回共有フォルダとして設定した「Desktop」-「mac_share」に移動し、lsした結果。共有フォルダ設定が無効になっていることがわかる。

```
Terminal File Edit View Search Terminal Help
iu@bielinux[~/Desktop/mac_share]
iu@bielinux[iu] ls ← ① [ 8:04午後 ]
Desktop Documents Downloads Music Pictures Public Templates Videos
iu@bielinux[iu] cd Desktop ← ② [ 8:04午後 ]
iu@bielinux[Desktop] ls ← ③ [ 8:04午後 ]
Bio-Linux Documentation mac_share mac_share2 r_seq.html Sample Data
iu@bielinux[Desktop] cd mac_share ← ④ [ 8:04午後 ]
iu@bielinux[mac_share] ls ← ⑤ [ 8:04午後 ]
iu@bielinux[mac_share] █ [ 8:04午後 ]
```

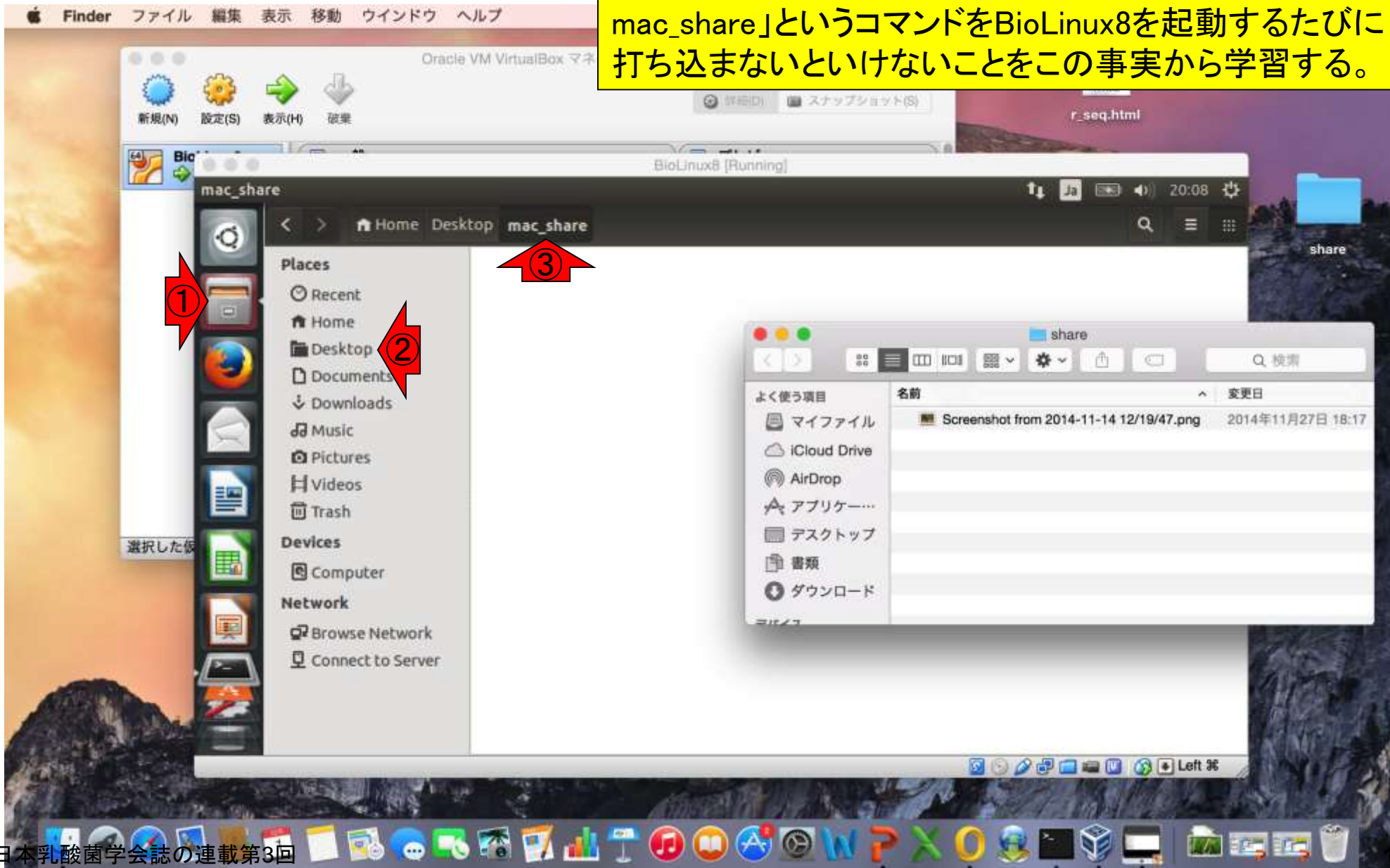


The terminal window shows the user navigating from their home directory to the Desktop, then to the mac_share directory. The ls command in the mac_share directory shows a list of files and folders, including mac_share2 and r_seq.html. A red arrow points to the terminal icon in the sidebar.



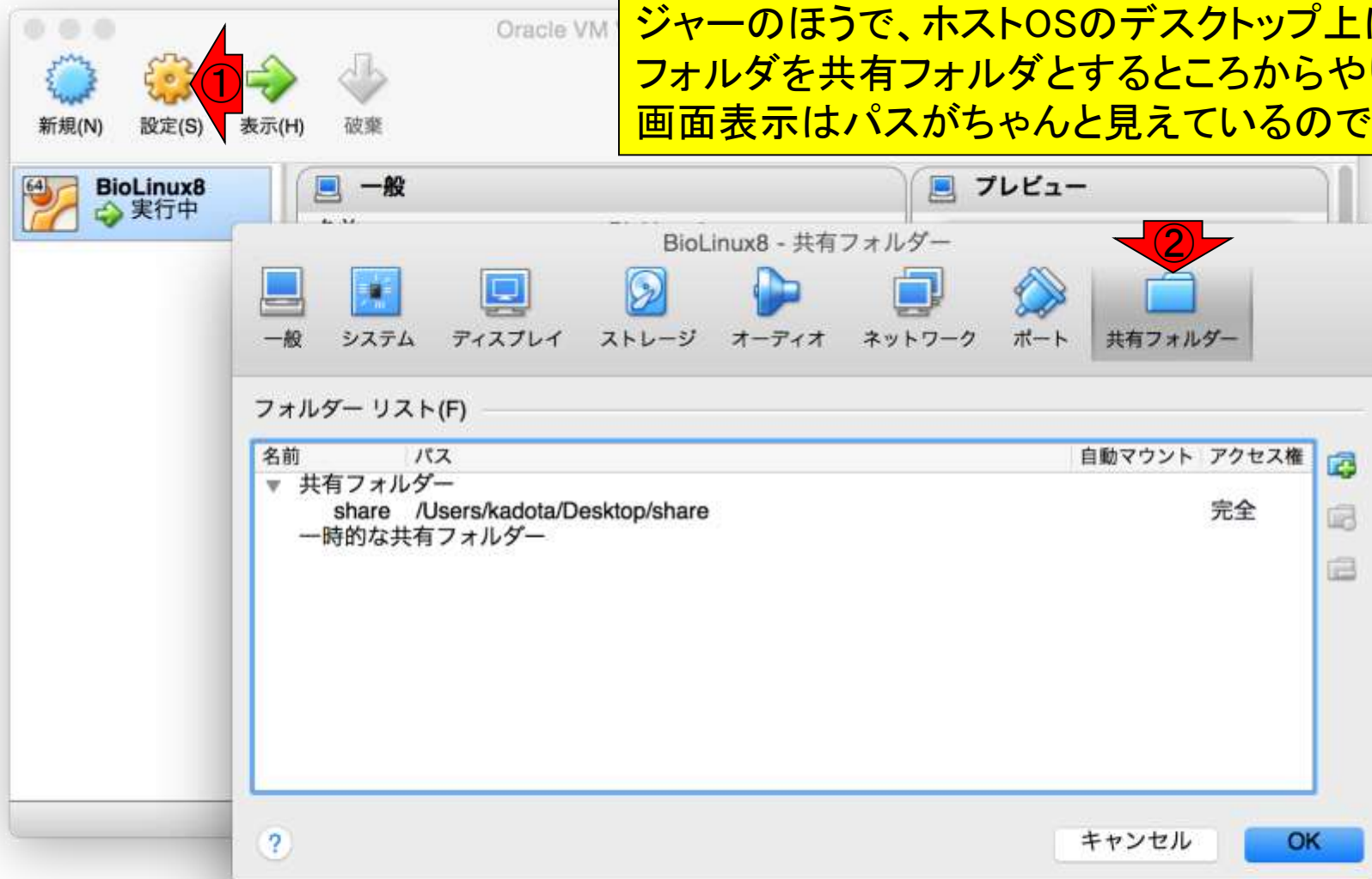
W9-6

ホストOS上の「Desktop」 - 「share」にあるpngファイルが、ゲストOSのGUI画面でも確かにない。共有フォルダを利用したい場合は、W9-2-5の「sudo mount -t vboxsf share mac_share」というコマンドをBioLinux8を起動するたびに打ち込まないといけないことをこの事実から学習する。



W9-6

②までやった段階で、黒矢印部分に表示されていた「共有フォルダ名とそのパス」が見られなくなっている場合は、WW9-2-2の最初のほうと同じようにVirtualBoxマネージャーのほうで、ホストOSのデスクトップ上にあるshareフォルダを共有フォルダとするところからやりなおし。この画面表示はパスがちゃんと見えているので問題なし。



W9-6

「sudo mount -t vboxsf share mac_share」という赤矢印部分のコマンドを打ち込む。パスワードを聞かれて打ち込んでも何も表示されないが、遠慮なく打ち込んでリターンキーを押す。ホストOSのデスクトップ上にあるshareフォルダをゲストOSのデスクトップ上のmac_shareフォルダとしてマウントさせているつもりだがエラーが出ていることがわかる。

```
Terminal File Edit View Search Terminal Help
iu@bielinux[~/Desktop/mac_share]
iu@bielinux[iu] ls ←
Desktop Documents Downloads Musi
iu@bielinux[iu] cd Desktop ←
iu@bielinux[Desktop] ls ← ③ [ 8:04午後 ]
Bio-Linux Documentation mac_share mac_share2 r_seq.html Sample Data
iu@bielinux[Desktop] cd mac_share ← ④ [ 8:04午後 ]
iu@bielinux[mac_share] ls ← ⑤ [ 8:04午後 ]
iu@bielinux[mac_share] sudo mount -t vboxsf share mac_share [ 8:04午後 ]
[sudo] password for iu:
/sbin/mount.vboxsf: mounting failed with the error: No such file or directory
iu@bielinux[mac_share] [ 8:17午後 ]
```



W9-6

「そんなファイルまたはディレクトリはない」というエラーメッセージが出ている。確かにその通り。赤矢印はゲストOSの「デスクトップ」-「mac_share」フォルダに移動してからmountコマンドを打ち込んでいるが、実際には、1つ上のディレクトリ(つまりデスクトップ)に移動してmac_shareディレクトリを見ることが出来る状態で打ち込むべきコマンドだから。

```
Terminal File Edit View Search Terminal Help
iu@bielinux[~/Desktop/mac_share]
iu@bielinux[iu] ls ←
Desktop Documents Downloads music Pictures Public Templates Videos
iu@bielinux[iu] cd Desktop ← ② [ 8:04午後]
iu@bielinux[Desktop] ls ← ③ [ 8:04午後]
Bio-Linux Documentation mac_share mac_share2 r_seq.html Sample Data
iu@bielinux[Desktop] cd mac_share ← ④ [ 8:04午後]
iu@bielinux[mac_share] ls ← ⑤ [ 8:04午後]
iu@bielinux[mac_share] sudo mount -t vboxsf share mac_share [ 8:04午後]
[sudo] password for iu:
/sbin/mount.vboxsf: mounting failed with the error: No such file or directory
iu@bielinux[mac_share] [ 8:17午後]
```

- ② [8:04午後]
- ③ [8:04午後]
- ④ [8:04午後]
- ⑤ [8:04午後]
- [8:04午後]
- [8:17午後]



W9-6

⑦1つ上のディレクトリ(つまりデスクトップ)に移動して、赤矢印のマウントコマンドを再度実行し、⑨ mac_shareディレクトリに移動して、⑩確かにホストOSのshareフォルダ中に存在するpngファイルを視認。

```
Terminal File Edit View Search Terminal Help
iu@bielinux[~/Desktop/mac_share]
iu@bielinux[iu] ls ← ① [ 8:04午後 ]
Desktop Documents Downloads Music Pictures Public Templates Videos
iu@bielinux[iu] cd Desktop ← ② [ 8:04午後 ]
iu@bielinux[Desktop] ls ← ③ [ 8:04午後 ]
Bio-Linux Documentation mac_share mac_share2 r_seq.html Sample Data
iu@bielinux[Desktop] cd mac_share ← ④ [ 8:04午後 ]
iu@bielinux[mac_share] ls ← ⑤ [ 8:04午後 ]
iu@bielinux[mac_share] sudo mount -t vboxsf share mac_share [ 8:04午後 ]
[sudo] password for iu:
/sbin/mount.vboxsf: mounting failed with the error: No such file or directory
iu@bielinux[mac_share] pwd ← ⑥ [ 8:17午後 ]
/home/iu/Desktop/mac_share
iu@bielinux[mac_share] cd .. ← ⑦ [ 8:30午後 ]
iu@bielinux[Desktop] pwd ← ⑧ [ 8:30午後 ]
/home/iu/Desktop
iu@bielinux[Desktop] sudo mount -t vboxsf share mac_share ← ⑨ [ 8:30午後 ]
iu@bielinux[Desktop] cd mac_share ← [ 8:30午後 ]
iu@bielinux[mac_share] ls ← ⑩ [ 8:30午後 ]
Screenshot from 2014-11-14 12:19:47.png
iu@bielinux[mac_share] █ [ 8:30午後 ]
```



W10-1

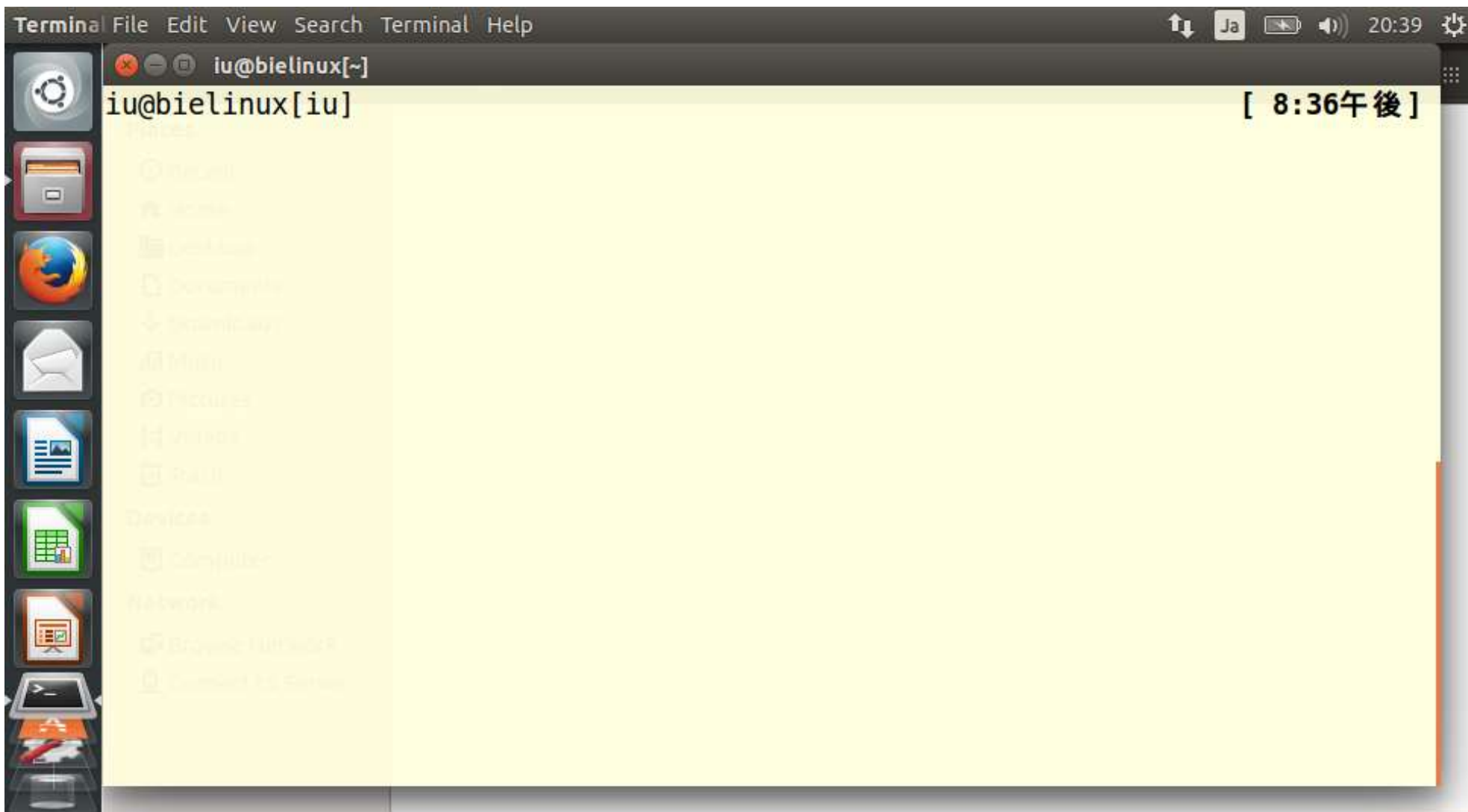
新しいターミナル起動後と似た状態にするやり方:「cd」と打ちこんでホームディレクトリに移動(その後のpwdはただの確認)し、「CTRLキー + Lキー」を押すと画面がリフレッシュされる。

```
Terminal File Edit View Search Terminal Help
iu@bielinux[~]
iu@bielinux[Desktop] ls [ 8:04午後 ]
Bio-Linux Documentation mac_share mac_share2 r_seq.html Sample Data
iu@bielinux[Desktop] cd mac_share [ 8:04午後 ]
iu@bielinux[mac_share] ls [ 8:04午後 ]
iu@bielinux[mac_share] sudo mount -t vboxsf share mac_share [ 8:04午後 ]
[sudo] password for iu:
/sbin/mount.vboxsf: mounting failed with the error: No such file or directory
iu@bielinux[mac_share] pwd [ 8:17午後 ]
/home/iu/Desktop/mac_share
iu@bielinux[mac_share] cd .. [ 8:30午後 ]
iu@bielinux[Desktop] pwd [ 8:30午後 ]
/home/iu/Desktop
iu@bielinux[Desktop] sudo mount -t vboxsf share mac_share [ 8:30午後 ]
iu@bielinux[Desktop] cd mac_share [ 8:30午後 ]
iu@bielinux[mac_share] ls [ 8:30午後 ]
Screenshot from 2014-11-14 12:19:47.png
iu@bielinux[mac_share] cd [ 8:30午後 ]
iu@bielinux[iu] pwd [ 8:36午後 ]
/home/iu
iu@bielinux[iu] [ 8:36午後 ]
```



W10-1

新しいターミナル起動後と似た状態にする
やり方:この画面はリフレッシュ後の状態。

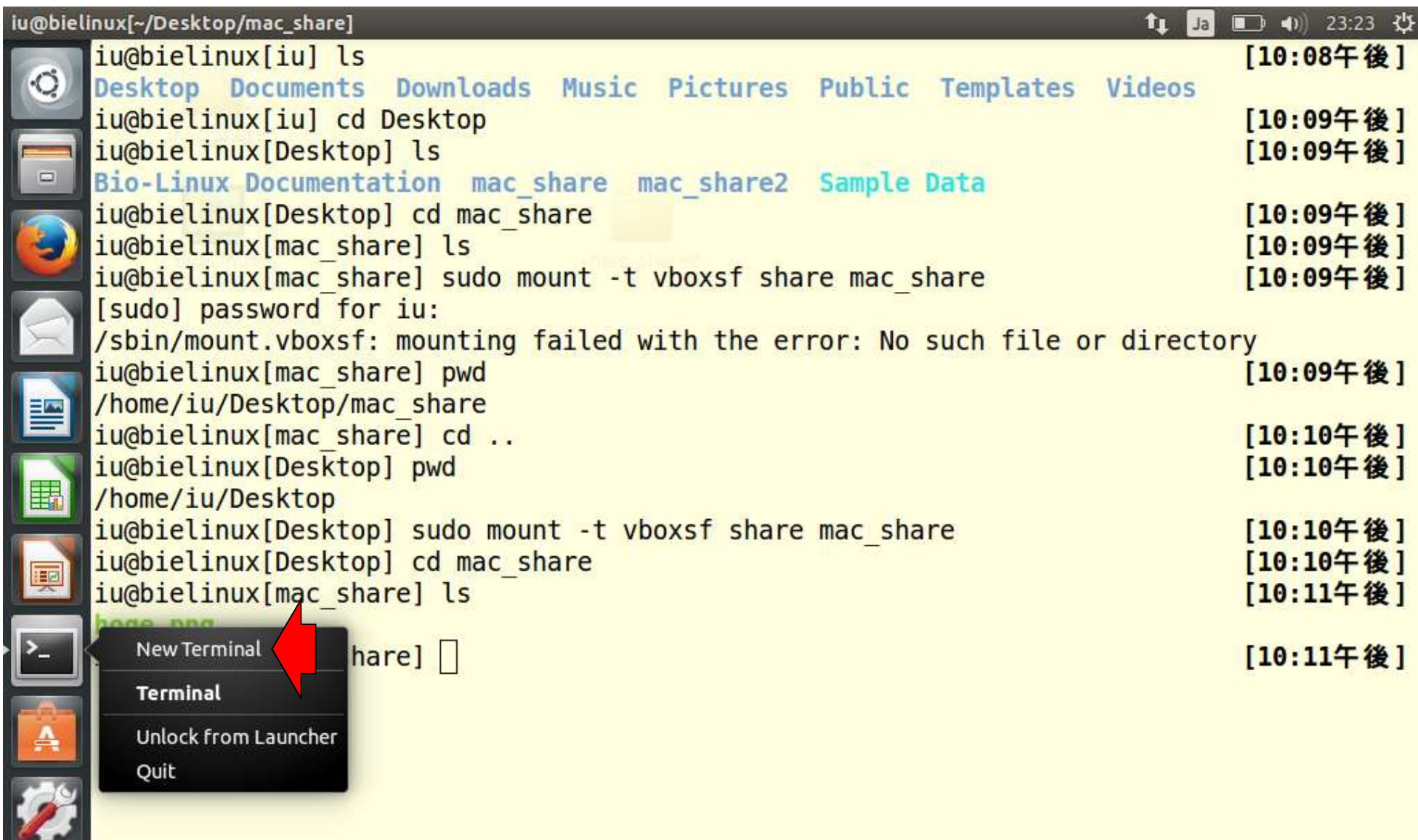


W10-1

新しいターミナルの起動。ターミナルのアイコン上で右クリックして「New Terminal」を選択。

```
iu@bielinux[~/Desktop/mac_share]
iu@bielinux[iu] ls
Desktop Documents Downloads Music Pictures Public Templates Videos
iu@bielinux[iu] cd Desktop
iu@bielinux[Desktop] ls
Bio-Linux Documentation mac_share mac_share2 Sample Data
iu@bielinux[Desktop] cd mac_share
iu@bielinux[mac_share] ls
iu@bielinux[mac_share] sudo mount -t vboxsf share mac_share
[sudo] password for iu:
/sbin/mount.vboxsf: mounting failed with the error: No such file or directory
iu@bielinux[mac_share] pwd
/home/iu/Desktop/mac_share
iu@bielinux[mac_share] cd ..
iu@bielinux[Desktop] pwd
/home/iu/Desktop
iu@bielinux[Desktop] sudo mount -t vboxsf share mac_share
iu@bielinux[Desktop] cd mac_share
iu@bielinux[mac_share] ls

```



The screenshot shows a terminal window with a sidebar on the left containing various application icons. A context menu is open over the terminal icon, with the following options: 'New Terminal', 'Terminal', 'Unlock from Launcher', and 'Quit'. A red arrow points to the 'New Terminal' option. The terminal window displays the following commands and outputs:

- `iu@bielinux[iu] ls` outputs: `Desktop Documents Downloads Music Pictures Public Templates Videos`
- `iu@bielinux[iu] cd Desktop`
- `iu@bielinux[Desktop] ls` outputs: `Bio-Linux Documentation mac_share mac_share2 Sample Data`
- `iu@bielinux[Desktop] cd mac_share`
- `iu@bielinux[mac_share] ls`
- `iu@bielinux[mac_share] sudo mount -t vboxsf share mac_share` prompts for password: `[sudo] password for iu:`
- Output: `/sbin/mount.vboxsf: mounting failed with the error: No such file or directory`
- `iu@bielinux[mac_share] pwd` outputs: `/home/iu/Desktop/mac_share`
- `iu@bielinux[mac_share] cd ..`
- `iu@bielinux[Desktop] pwd` outputs: `/home/iu/Desktop`
- `iu@bielinux[Desktop] sudo mount -t vboxsf share mac_share`
- `iu@bielinux[Desktop] cd mac_share`
- `iu@bielinux[mac_share] ls`

W10-1

新しいターミナルの起動。ターミナルのアイコン上で右クリックして「New Terminal」を選択。画面は新規ターミナル起動後の状態。



W10-2

本文中の図1の詳細説明。赤の下線部分は「ユーザ名@PC名」となっている。赤矢印部分はホームディレクトリ(~)から、カレントディレクトリまでの相対パスを示している。この表示はディレクトリ移動のたびに変遷する。角括弧[]内の文字(iu, Desktop, hoge)はカレントディレクトリの名前を示し、赤矢印の表示と連動している。⑦のpwd実行結果(/home/iu/Desktop/hoge)がカレントディレクトリの絶対パスに相当する。



```
iu@bielinux[~/Desktop/hoge]
iu@bielinux[iu] ls ← ① [10:23午前]
Desktop Documents Downloads Music Pictures Public Templates Videos
iu@bielinux[iu] cd Desktop ← ② [10:24午前]
iu@bielinux[Desktop] ls ← ③ [10:24午前]
Bio-Linux Documentation mac_share mac_share2 Sample Data
iu@bielinux[Desktop] mkdir hoge ← ④ [10:24午前]
iu@bielinux[Desktop] cd hoge ← ⑤ [10:24午前]
iu@bielinux[hoge] ls ← ⑥ [10:24午前]
iu@bielinux[hoge] pwd ← ⑦ [10:24午前]
/home/iu/Desktop/hoge
iu@bielinux[hoge] whoami ← ⑧ [10:25午前]
iu
iu@bielinux[hoge] █ [10:29午前]
```

図1 Bio-Linux 8のターミナル画面。PC名はbielinux、ユーザ名はiu。ゲストOSのデスクトップ上にhogeフォルダを作成する④のmkdirコマンドを含め、計8つのコマンドを実行している。

W10-3-1

ホストOSのウェブブラウザSafariを開いて、ホストOSのデスクトップのhogelに保存しようとしているところ。ここでは便宜上*L. casei* 12AのURLへのリンク (release 22)を貼っているが、2014年12月現在は release24となっていてファイル名も異なるので注意。②のところをダブルクリックすると、ホストOSのダウンロードフォルダに解凍されたFASTAファイルができる。

Bio-Linuxでゲノム解析：

- [Ensembl Genomes \(Flicek et al., Nucleic Acids Res., 2014\)](#)
 - [Lactobacillus casei 12A \(Taxonomy ID: 1051650\) : Brodeur et al., BMC Genomics, 2012](#)
 - [Ensembl Bacteria - Lactobacillus casei 12A - Download DNA sequence - Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa.gz](#)

名前	変更日	サイズ	種類
CHECKSUMS	2014年4月3日 0:00	469 バイト	テキスト
Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna_rm.genome.fa.gz	2014年3月21日 0:00	903 KB	GZip...
Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna_rm.toplevel.fa.gz	2014年3月21日 0:00	903 KB	GZip...
Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna_sm.genome.fa.gz	2014年3月21日 0:00	903 KB	GZip...
Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna_sm.toplevel.fa.gz	2014年3月21日 0:00	903 KB	GZip...
Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.genome.fa.gz	2014年3月21日 0:00	903 KB	GZip...
Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa.gz	2014年3月21日 0:00	903 KB	GZip...
README	2014年3月21日 0:00	3 KB	テキスト

W10-3-1

ダウンロードフォルダ中のFASTAファイルをドラッグ
&ドロップでホストOSのデスクトップのhogeに移動。

The screenshot shows a Mac desktop environment. In the background, a Safari browser window displays a website with the URL `iu.a.u-tokyo.ac.jp` and the title "Bio-Linuxでゲノム解析:". The page content includes a list of links and a file list for a directory named "dna".

The "dna" directory file list is as follows:

名前	変更日	サイズ	種類
CHECKSUMS	2014年4月3日 0:00	469 バイト	テキスト
Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna_rm.genome.fa.gz	2014年3月21日 0:00	903 KB	GZip...
Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna_rm.toplevel.fa.gz	2014年3月21日 0:00	903 KB	GZip...
Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna_sm.genome.fa.gz	2014年3月21日 0:00	903 KB	GZip...
Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna_sm.toplevel.fa.gz	2014年3月21日 0:00	903 KB	GZip...
Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dr...			
Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dr...			
README			

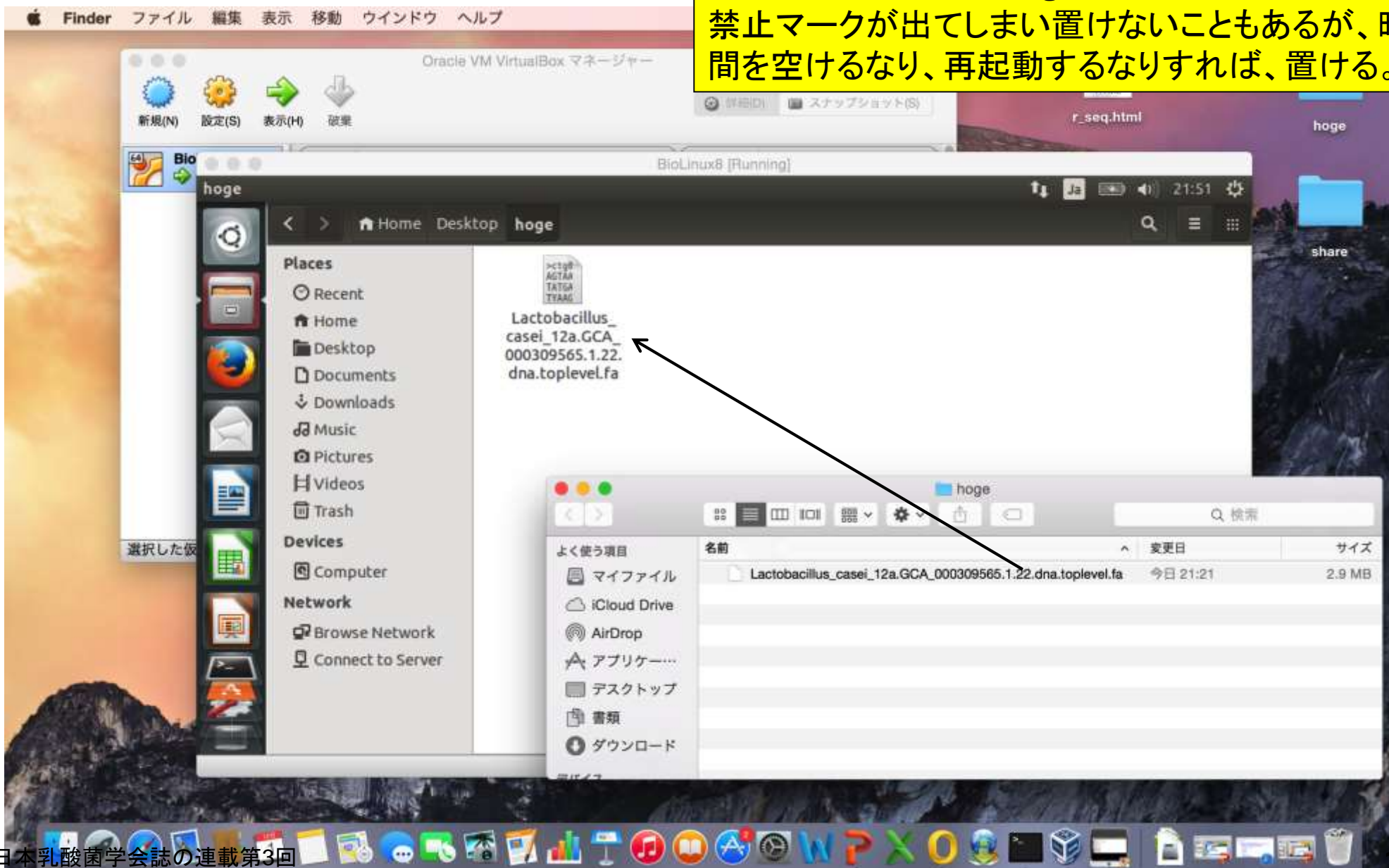
In the foreground, a Finder window titled "ダウンロード" (Downloads) is open, showing a file list:

名前	サイズ	種類
Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna_toplevel.fa	2.9 MB	書類
bio-linux-8-latest.iso	3.52 GB	ISO ディスク
Oracle_VM_VirtualBox_Extens...ck-4.3.20-96996.vbox-extpack	15.9 MB	VirtualBox.ap...
VirtualBox-4.3.20-96996-OSX.dmg	114.1 MB	ディスクイメ

An arrow points from the selected FASTA file in the Downloads folder to a folder named "hoge" on the desktop, illustrating the drag-and-drop action.

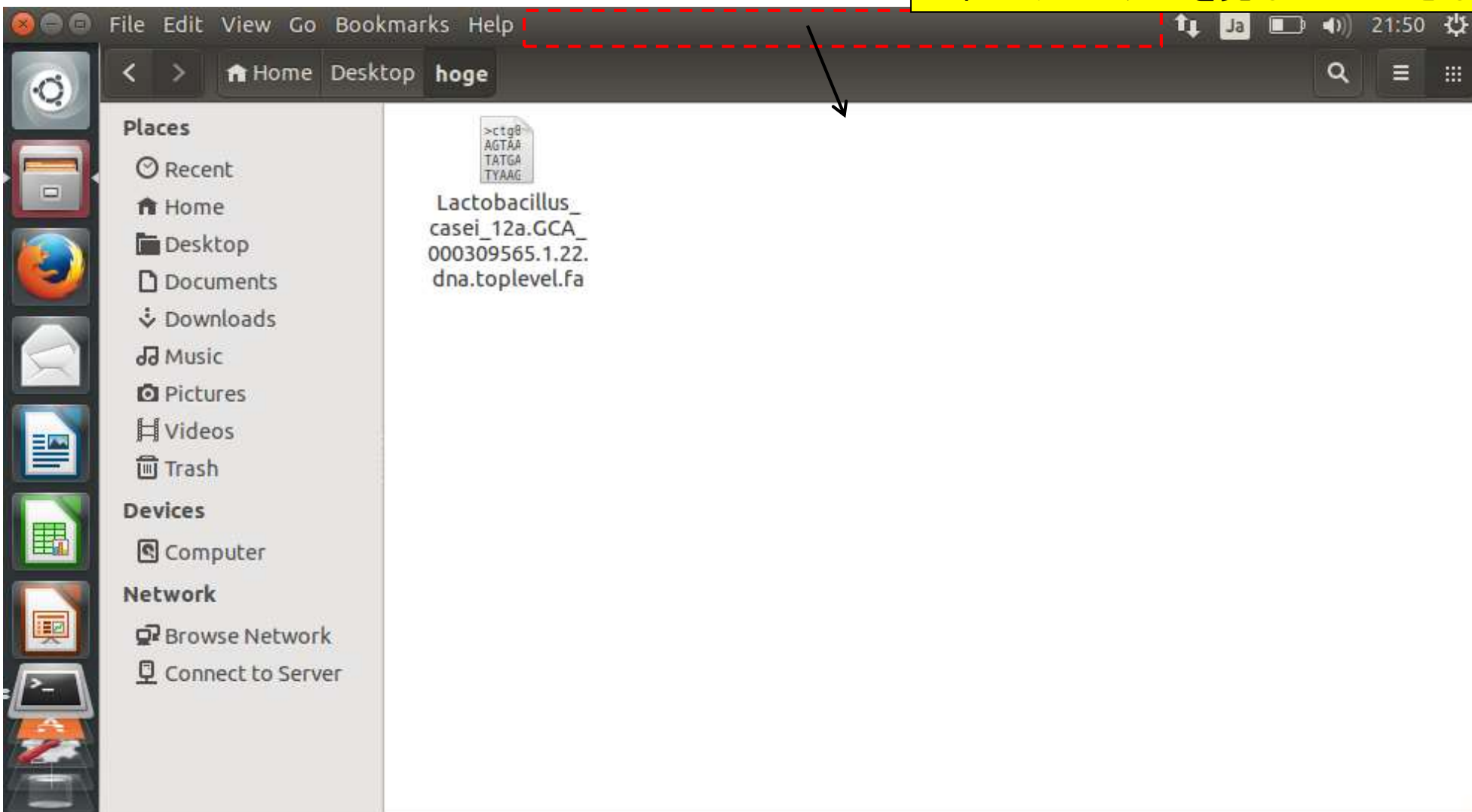
W10-3-2

やり方1: ホストOSのデスクトップのhogeフォルダ中にあるFASTAファイルを、ドラッグ&ドロップでゲストOSのデスクトップのhogeフォルダにコピー。駐車禁止マークが出てしまい置けないこともあるが、時間を空けるなり、再起動するなりすれば、置ける。



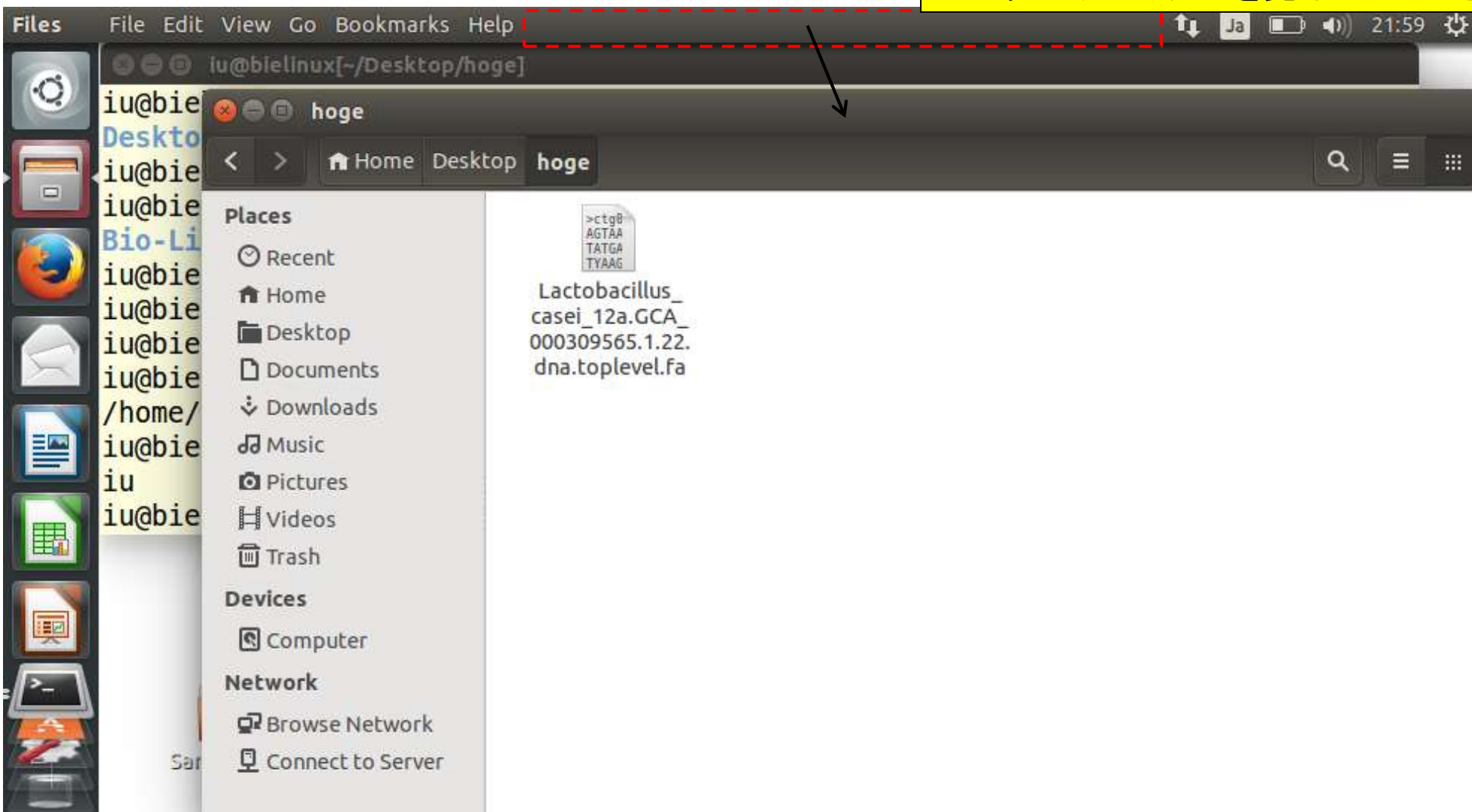
W10-3-2

Tips。赤枠付近でクリックしたまま下にずらすと、hogeフォルダの裏に隠れていた他のターミナルを見ることができる。



W10-3-2

Tips。赤枠付近でクリックしたまま下にずらすと、hogeフォルダの裏に隠れていた他のターミナルを見ることができる。



W10-3-2

ターミナル画面をアクティブにして、もう一度lsすると、確かにFASTAファイルが見られる。

The screenshot shows a Linux desktop environment. At the top, there is a system tray with icons for network, language (Ja), battery, volume, and the time 22:01. Below the tray is a window titled 'hoge' showing a file manager interface. The breadcrumb path is 'Home Desktop hoge'. The 'Places' sidebar on the left includes 'Recent', 'Home', 'Desktop', 'Documents', and 'Downloads'. The main pane displays a file named 'Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa' with a preview of its contents: '>ctg0', 'AGTAA', 'TATGA', and 'TYAAG'. In the foreground, a terminal window titled 'iu@bielinux[~/Desktop/hoge]' is open. It shows the following commands and their outputs:

```
iu@bielinux[hoge] pwd [10:00午後]
/home/iu/Desktop/hoge
iu@bielinux[hoge] ls [10:01午後]
Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa
iu@bielinux[hoge] █ [10:01午後]
```

The terminal output is highlighted in yellow. The file manager window is partially obscured by the terminal window.

W10-4

FASTAファイルを共有フォルダ経由でもおけることを示すべく、一旦FASTAファイルをrmコマンドを用いて削除。「rm L」まで打ってからタブ補完を有効に利用すべし。

Terminal File Edit View Search Terminal Help

hoge

Home Desktop hoge

Places

- Recent
- Home
- Desktop
- Documents
- Downloads

Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa

iu@bielinux[~/Desktop/hoge]

```
/home/iu/Desktop/hoge
iu@bielinux[hoge] ls
Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa
iu@bielinux[hoge] rm Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa
rm: remove regular file 'Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel
.fa'?
```

Network

- Browse Network
- Connect to Server

[10:01午後]

W10-4

「rm: remove regular file ‘...’?’は、本当に消してもいいか?と聞いてきているので、yesに相当するyを打ち込んでリターンキーを押す。その後lsすると確かにFASTAファイルが消えていることがわかる。**注意点**として、この作業はゴミ箱への移動を意味するわけではなく、本当に消えてしまうので、重要なファイルは気をつけるべし。

```
Terminal File Edit View Search Terminal Help
hoge
Home Desktop hoge
Places
Recent
Home
Desktop
Documents
Downloads
iu@bielinux[~/Desktop/hoge]
Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa
iu@bielinux[hoge] rm Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa
rm: remove regular file 'Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel
.fa'? y
iu@bielinux[hoge] ls
iu@bielinux[hoge] [10:04午後]
```

W10-5

やり方2。共有フォルダとして設定したホストOSのデスクトップ上にあるshareフォルダにFASTAファイルをコピー。

The screenshot displays a Linux desktop environment with a file manager window open to the 'mac_share' directory on the desktop. The terminal window shows the following commands and output:

```
iu@bielinux[~/Desktop/mac_share]
iu@bielinux[mac_share] pwd
/home/iu/Desktop/mac_share
iu@bielinux[mac_share] ls
Lactobacillus_casei_12a.GCA_0003
Screenshot from 2014-11-14 12:19
iu@bielinux[mac_share]
```

The file manager window shows the contents of the 'mac_share' directory:

- Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa
- Screenshot from 2014-11-14 12:19:47.png

A second file manager window shows the contents of the 'share' folder on the host OS:

名前	変更日
Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa	今日 21:21
Screenshot from 2014-11-14 12/19/47.png	2014年11月27日 18:17

An arrow labeled '1' points from the text box to the 'share' folder window, indicating the step of copying files to the shared folder.

W10-5

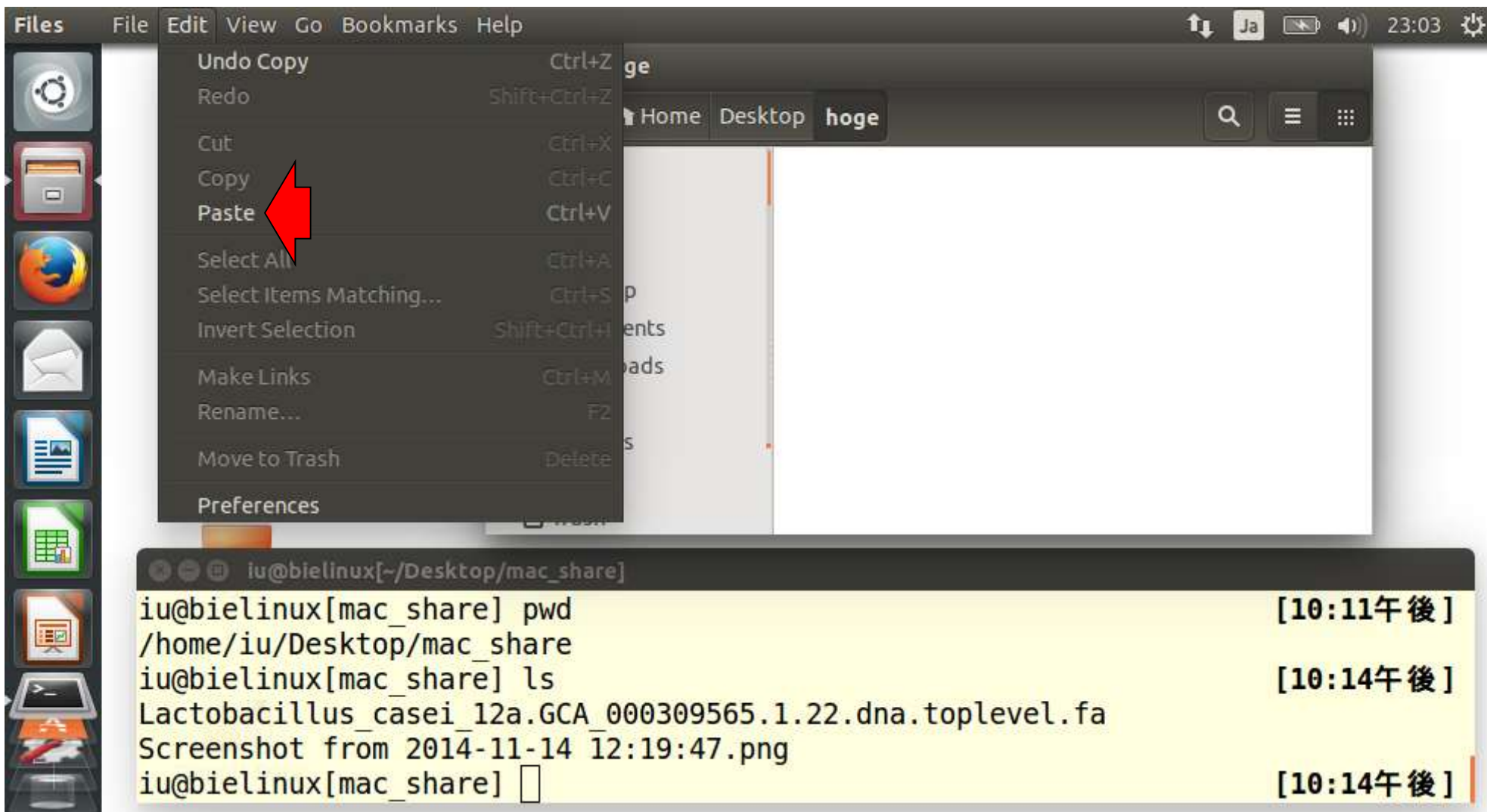
やり方2。ゲストOSのデスクトップ上にあるmac_shareフォルダから見られるようにしたFASTAファイルをコピーして…。(もちろん右クリックでコピーでもよい)

The image shows a Linux desktop environment. A file manager window is open, displaying the contents of the `mac_share` directory. The directory contains two files: `Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa` and `Screenshot from 2014-11-14 12:19:47.png`. A red arrow points to the `Copy` option in the `File` menu. Below the file manager, a terminal window shows the following commands and their outputs:

```
iu@bielinux[~/Desktop/mac_share]
iu@bielinux[mac_share] pwd [10:11午後]
/home/iu/Desktop/mac_share
iu@bielinux[mac_share] ls [10:14午後]
Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa
Screenshot from 2014-11-14 12:19:47.png
iu@bielinux[mac_share] [10:14午後]
```

W10-5

やり方2。ゲストOSのデスクトップ上にあるhogeフォルダ上でペースト。



The image shows a Linux desktop environment. A file manager window is open, displaying the 'hoge' folder. The 'File' menu is open, and the 'Paste' option is highlighted with a red arrow. Below the file manager, a terminal window is open, showing the following commands and their outputs:

```
iu@bielinux[~/Desktop/mac_share]
iu@bielinux[mac_share] pwd [10:11午後]
/home/iu/Desktop/mac_share
iu@bielinux[mac_share] ls [10:14午後]
Lactobacillus_casei_12a_GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa
Screenshot from 2014-11-14 12:19:47.png
iu@bielinux[mac_share] [10:14午後]
```

W10-5

Pasteするとエラーが出ることもある。「Error opening file: Permission denied」というエラーメッセージが出ている。よくわからないかもしれないが、Permission (権限)が与えられていないという類のメッセージである。

The screenshot shows a Linux desktop environment. On the left is a sidebar with application icons. The main window is a file manager showing a directory with folders like 'mac_share', 'Bio-Linux Documentation', and 'mac_share2'. A terminal window at the bottom shows the command prompt 'iu@bielinux[~/Desktop/mac_share]' and a directory listing:

```
-rw-r--r-- 1 root root 6148 12月 1 22:07 .DS_Store
-rw----- 1 root root 2935947 12月 1 21:21 Lactobacillus_casei_12a.GCA_0003095
65.1.22.dna.toplevel.fa
-rw-rw-r-- 1 root root 701984 11月 27 18:17 Screenshot from 2014-11-14 12:19:47
.png
iu@bielinux[mac_share] █
```

An error dialog box is open in the foreground, titled "Error while copying". It contains the following text:

Error while copying
"Lactobacillus_casei_12a...565.1.22.dna.toplevel.fa".
There was an error copying the file into /home/iu/Desktop/hoge.
▼ Show more details
Error opening file: Permission denied

A black arrow points from the yellow text box at the top to the "Error opening file: Permission denied" message in the dialog box. A "Cancel" button is visible at the bottom right of the dialog box. The terminal window shows a timestamp "[11:04午後]" in the bottom right corner.

W10-5

ここでは、「ホストOSのユーザkadota」と「ゲストOSのユーザiu」間でファイルのやり取りをしていることになる。②W9-2-6で設定したshareフォルダ自体の権限がちゃんと「drwxrwxrwx」になっているが、④フォルダの中身のFASTAファイルの権限はそうになってないことがわかる。

```
agribio-macbook:Desktop kadota$ pwd ← ①
/Users/kadota/Desktop
agribio-macbook:Desktop kadota$ ls -la ← ②
total 5168
drwx-----+ 7 kadota  staff    238 12  1 23:54 .
drwxr-xr-x+ 15 kadota  staff    510 12  1 10:50 ..
-rw-r--r--@ 1 kadota  staff  10244 12  1 23:54 .DS_Store
-rw-r--r--  1 kadota  staff     0 11 25 11:46 .localized
drwxr-xr-x  4 kadota  staff   136 12  1 22:07 hoge
-rwxrwxrwx  1 kadota  staff 2633249 11 14 10:37 r_seq.html
drwxrwxrwx  5 kadota  staff   170 12  1 23:57 share ← ③
agribio-macbook:Desktop kadota$ cd share/ ← ④
agribio-macbook:share kadota$ ls -la ← ④
total 7128
drwxrwxrwx  5 kadota  staff   170 12  1 23:57 .
drwx-----+ 8 kadota  staff   272 12  1 23:58 ..
-rwxrwxrwx@ 1 kadota  staff   6148 12  1 23:54 .DS_Store
-rw-----@ 1 kadota  staff 2935947 12  1 21:21 Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa
-rw-rw-r--  1 kadota  staff  701984 11 27 18:17 Screenshot from 2014-11-14 12:19:47.png
agribio-macbook:share kadota$
```

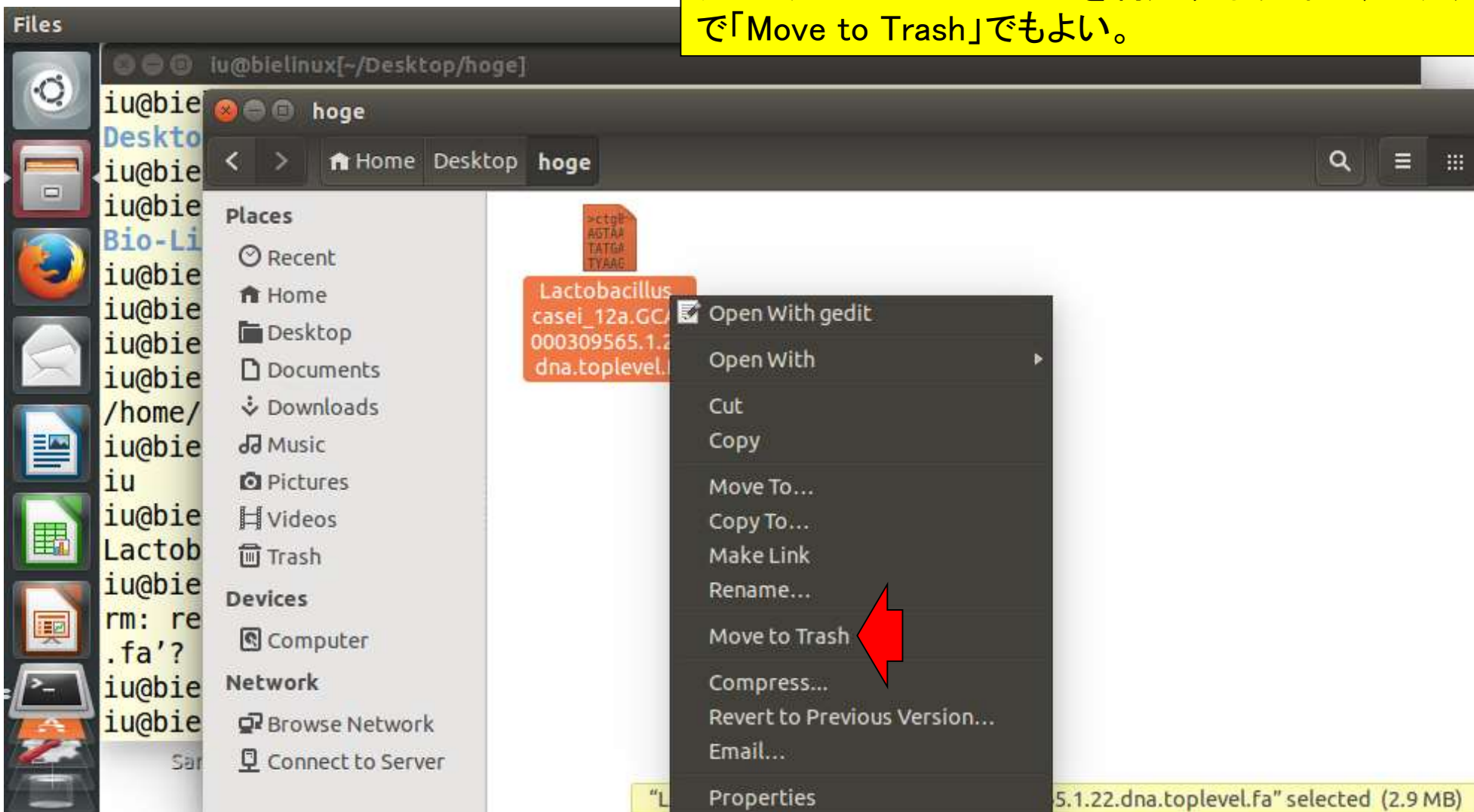
W10-5

ホストOSのデスクトップ上で、⑧を実行。「-R」はshareフォルダの中身全てに対して、777と指定した権限が及ぶようにするためのオプション。実行後に11でPermissionを見てみると確かに「-rwxrwxrwx」と変わっていることがわかる。これで再度チャレンジすればゲストOSのhogeフォルダに置ける。

```
agribio-macbook:share kadota$ ls -la <----- ④
total 7128
drwxrwxrwx  5 kadota  staff    170 12  1 23:57 .
drwx-----+ 7 kadota  staff    238 12  2 00:00 ..
-rwxrwxrwx@ 1 kadota  staff   6148 12  1 23:54 .DS_Store
-rw-----@ 1 kadota  staff 2935947 12  1 21:21 Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa
-rw-rw-r--  1 kadota  staff  701984 11 27 18:17 Screenshot from 2014-11-14 12:19:47.png
agribio-macbook:share kadota$ cd .. <----- ⑤
agribio-macbook:Desktop kadota$ pwd <----- ⑥
/Users/kadota/Desktop
agribio-macbook:Desktop kadota$ ls <----- ⑦
hoge          r_seq.html  share
agribio-macbook:Desktop kadota$ chmod -R 777 share <----- ⑧
agribio-macbook:Desktop kadota$ cd share <----- ⑨
agribio-macbook:share kadota$ pwd <----- 10
/Users/kadota/Desktop/share
agribio-macbook:share kadota$ ls -la <----- 11
total 7128
drwxrwxrwx  5 kadota  staff    170 12  1 23:57 .
drwx-----+ 7 kadota  staff    238 12  2 00:00 ..
-rwxrwxrwx@ 1 kadota  staff   6148 12  1 23:54 .DS_Store
-rwxrwxrwx@ 1 kadota  staff 2935947 12  1 21:21 Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa
-rwxrwxrwx  1 kadota  staff  701984 11 27 18:17 Screenshot from 2014-11-14 12:19:47.png
agribio-macbook:share kadota$
```

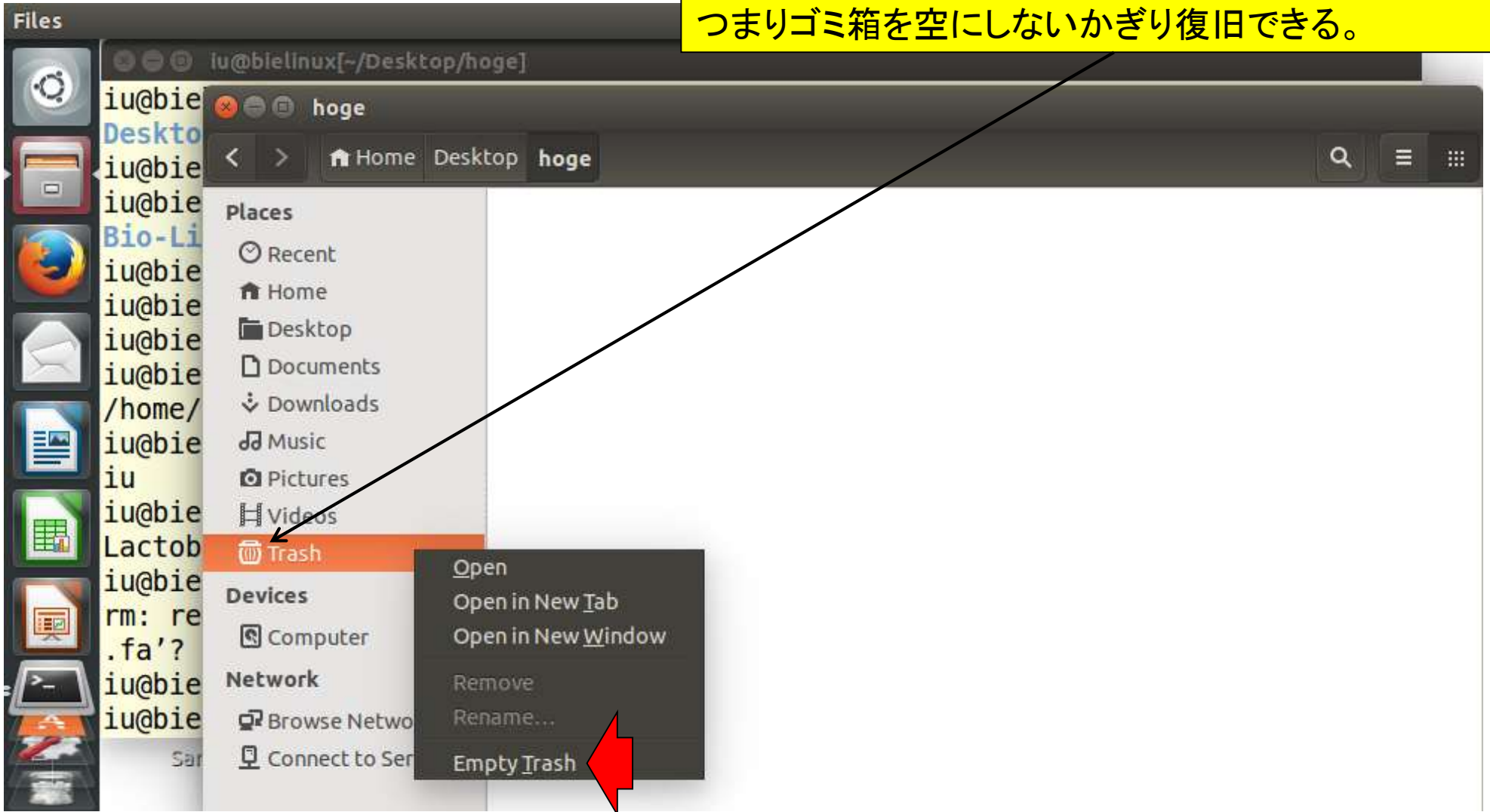
W10-5

やり方2で作成したゲストOSのデスクトップ上にあるhogeフォルダに作成されたFASTAファイルを消すのは、ターミナル上でrmコマンドを利用する以外に、右クリックで「Move to Trash」でもよい。



W10-5

FASTAファイル移動後のごみ箱はMacと同様膨れる。
rmコマンドと違って、この作業自体はゴミ箱への移動なので、ごみ箱アイコン上で右クリックして「Empty Trash」、つまりゴミ箱を空にしないかぎり復旧できる。



W11-1

ホストOS上での通常のダウンロード作業は、目的のgzip圧縮ファイル上で右クリックし「リンク先のファイルをダウンロード」だが、それだとURL情報を取得できない。

The screenshot shows a web browser window with the address bar displaying 'iu.a.u-tokyo.ac.jp'. The main content area contains a list of links and a section titled 'データ取得とチェックサム：'. A context menu is open over a link, with a red arrow pointing to the 'リンク先のファイルをダウンロード' option.

- [sudo](#) (管理者権限で実行)
- [mount](#) (マウント)
- [rm](#) (ファイルやディレクトリの削除)

データ取得とチェックサム：

- [Ensembl Genomes : Flicek et al., Nucleic Acids Res., 2014](#)
 - [Lactobacillus casei 12A \(Taxonomy ID: 1051650\) : Broadbent et al., BMC Genomics, 2012](#)
 - [Ensembl Bacteria - Lactobacillus casei 12A - Download DNA sequence - Lactobacillus casei 12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel](#)
 - [Toplevelの概念を説明しているところ](#)
 - [Release note](#)
 - [Ensembl Bacteria - Lactobacillus casei 12A - Download DNA sequence - Lactobacillus casei 12a.GCA_000309565.2.24.dna.toplevel](#)
- [Ensembl Bacteria](#)
 - [Lactobacillus](#)

- リンクを新規タブで開く
- リンクを新規ウィンドウで開く
- リンク先のファイルをダウンロード**
- リンク先のファイルを別名でダウンロード...
- リンクをブックマークに追加...
- リンクをリーディングリストに追加
- リンクをコピー
- Google で検索
- スポークトラックとして iTunes に追加



W11-1

ホストOS上のSafariの場合は、右クリックの「リンクをコピー」でURL情報を取得できる。

The screenshot shows a Mac desktop environment. In the foreground, a Safari browser window is open to the URL `lu.a.u-tokyo.ac.jp`. The page content includes a list of links and a section titled "データ取得とチェックサム:". A right-click context menu is open over a link, with the option "リンクをコピー" (Copy Link) highlighted by a red arrow. The menu options are:

- リンクを新規タブで開く
- リンクを新規ウインドウで開く
- リンク先のファイルをダウンロード
- リンク先のファイルを別名でダウンロード...
- リンクをブックマークに追加...
- リンクをリーディングリストに追加
- リンクをコピー
- トップページへ

The desktop background features a mountain landscape. On the desktop, there are folders named "hoge" and "share", and a file named "r_seq.html". The dock at the bottom contains various application icons, including Safari, Finder, and others. The system status bar at the top right shows the time as 20:39 and the date as Wednesday.

W11-1

The screenshot shows a Mac desktop with a Safari browser window open. The browser window displays a page from lu.a.u-tokyo.ac.jp. The page content includes a list of links and a section titled "データ取得とチェックサム:". A red arrow points to the link "Ensembl Bacteria - Lactobacillus casei 12A - Download DNA sequence - Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa.gz".

メニュー: ファイル 編集 表示 履歴 ブックマーク ウィンドウ ヘルプ

アドレスバー: lu.a.u-tokyo.ac.jp

- [sudo](#) (管理者権限で実行)
- [mount](#) (マウント)
- [rm](#) (ファイルやディレクトリの削除)

データ取得とチェックサム:

- [Ensembl Genomes : Flicek et al., Nucleic Acids Res., 2014](#)
- [Lactobacillus casei 12A \(Taxonomy ID: 1051650\) : Brice et al., BMC Genomics, 2012](#)
- [Ensembl Bacteria - Lactobacillus casei 12A - Download DNA sequence - Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa.gz](#)
- [Toplevelの概念を説明しているところ](#)
- [Release note](#)
- [Ensembl Bacteria - Lactobacillus casei 12A - Download DNA sequence - Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.2.24.dna.toplevel.fa.gz \(release 24\)](#)
- [Ensembl Bacteria](#)
 - [Lactobacillus](#)

トップページへ

デスクトップ: r_seq.html, hoge, share, USB DISK

タスクバー: 各種アプリケーションアイコン

W11-1

登録ユーザではないので「ゲスト」を選択して「接続」ボタンを押す。

The screenshot shows a Mac desktop with a Finder window open to the website lu.a.u-tokyo.ac.jp. The browser displays a list of links under the heading "データ取得とチェックサム:". A modal dialog box is overlaid on the browser, titled "サーバ'ftp.ensemblgenomes.org'用の名前とパスワードを入力してください。" (Please enter the name and password for the server 'ftp.ensemblgenomes.org'). The dialog has two radio button options: "ゲスト" (Guest) and "登録ユーザ" (Registered User). The "ゲスト" option is selected. A red arrow points from the yellow text box above to the "ゲスト" option. Below the options are "キャンセル" (Cancel) and "接続" (Connect) buttons. Another red arrow points to the "接続" button. The desktop background is a mountain landscape. The dock at the bottom contains various application icons.

Finder ファイル 編集 表示 移動 ウィンドウ ヘルプ

lu.a.u-tokyo.ac.jp

- [sudo](#) (管理者権限で実行)
- [mount](#) (マウント)
- [rm](#) (ファイルやディレクトリの削除)

データ取得とチェックサム:

- [Ensembl Genomes : Flicek et al., Nucleic Acids](#)
 - [Lactobacillus casei 12A \(Taxonomy ID: 10](#)
 - [Ensembl Bacteria - Lactobacillus casei 12A Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.](#)
- [Toplevelの概念を説明しているところ](#)
- [Release note](#)
- [Ensembl Bacteria - Lactobacillus casei 12A - Download DNA sequence - Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.2.24.dna.toplevel.fa.gz \(release 24\)](#)
- [Ensembl Bacteria](#)
 - [Lactobacillus](#)

トップページへ

サーバ'ftp.ensemblgenomes.org'用の名前とパスワードを入力してください。

ユーザの種類: ゲスト 登録ユーザ

キャンセル 接続

W11-1

余談：Safari特有なのかもしれないが、黒矢印部分で右クリックしてもURL情報は取得できない…。

The screenshot shows a Mac desktop environment. In the foreground, a Safari browser window is open to the URL `lu.a.u-tokyo.ac.jp`. The page content includes a list of links under the heading "データ取得とチェックサム：". A red arrow points to the link: `Lactobacillus casei 12a (Taxonomy ID: 1051650) : Br...`. Below the browser window, a file manager window titled "dna" is open, displaying a list of files with columns for "名前", "変更日", "サイズ", and "種類". A black arrow points from the text box above to the file list.

名前	変更日	サイズ	種類
CHECKSUMS	2014年4月3日 0:00	469 バイト	テキスト...
Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna_rm.genome.fa.gz	2014年3月21日 0:00	903 KB	GZip...
Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna_rm.toplevel.fa.gz	2014年3月21日 0:00	903 KB	GZip...
Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna_sm.genome.fa.gz	2014年3月21日 0:00	903 KB	GZip...
Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna_sm.toplevel.fa.gz	2014年3月21日 0:00	903 KB	GZip...
Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.genome.fa.gz	2014年3月21日 0:00	903 KB	GZip...
Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa.gz	2014年3月21日 0:00	903 KB	GZip...
README	2014年3月21日 0:00	3 KB	テキスト...

W11-1

ゲストOS上のFirefoxの場合は、右クリックの「リンクをコピー」でURL情報を取得できる。ここでは、その後の説明も兼ねて一つ上の階層の「Download DNA sequence」のページから行う。

The screenshot shows a Mac desktop environment. In the foreground, a Mozilla Firefox browser window is open, displaying a webpage from www.lu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html#book_JSLAB_3. The page content includes a section titled "データ取得とチェックサム:" with a list of links. A red arrow points to the link: "Ensembl Bacteria - Lactobacillus casei 12A - Download DNA sequence - Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa.gz".

Finder (管理権限で実行)

- [sudo](#) (管理者権限で実行)
- [mount](#) (マウント)
- [rm](#) (ファイルやディレクトリの削除)

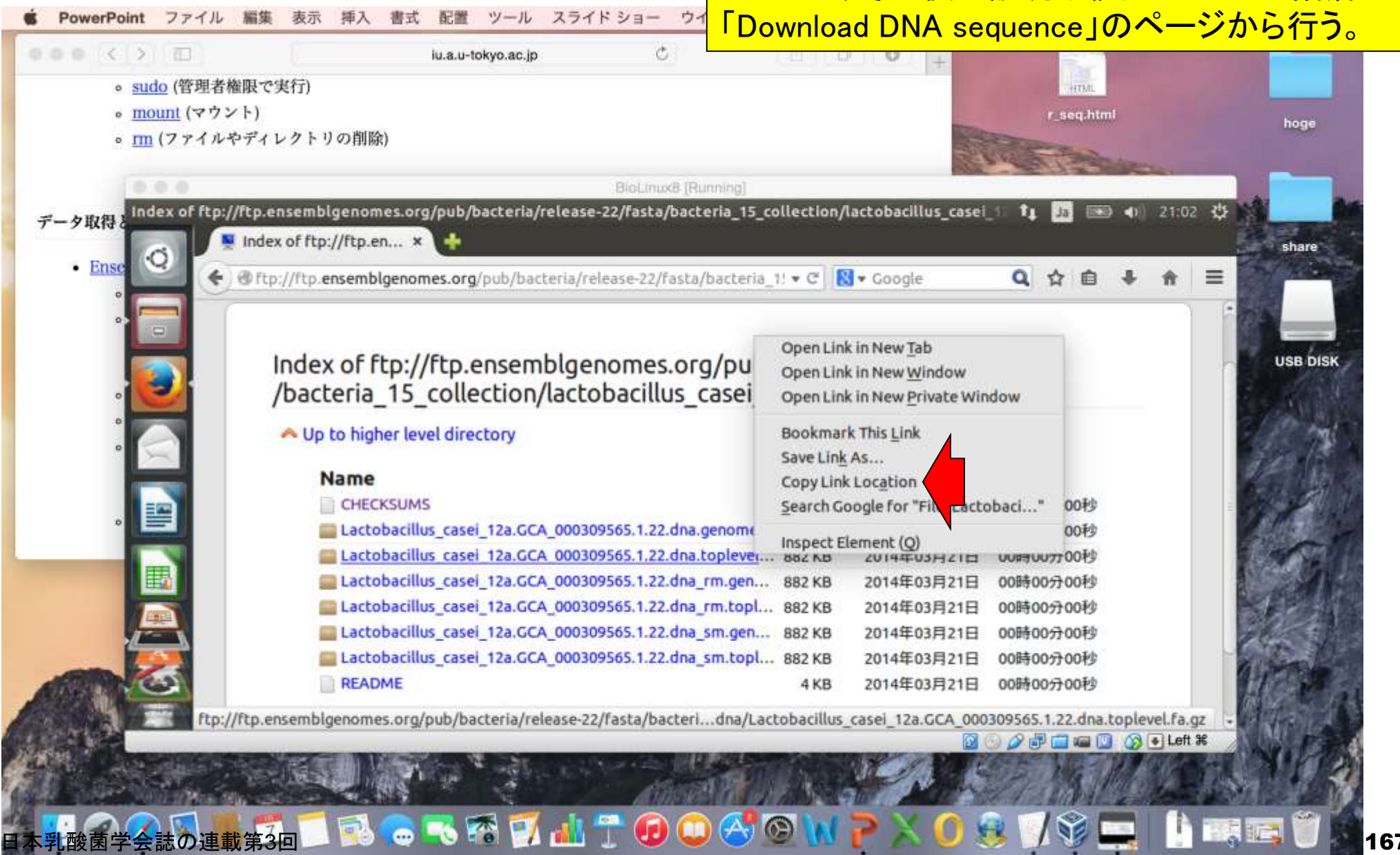
データ取得とチェックサム:

- [Ensembl Genomes: Flicek et al., Nucleic Acids Res., 2014](#)
 - [Lactobacillus casei 12A \(Taxonomy ID: 1051650\): Broadbent et al., BMC Genomics, 2012](#)
 - [Ensembl Bacteria - Lactobacillus casei 12A - Download DNA sequence - Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa.gz](#)
 - [Toplevelの概念を説明しているところ](#)
 - [Release note](#)
 - [Ensembl Bacteria - Lactobacillus casei 12A - Download DNA sequence - Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.2.24.dna.toplevel.fa.gz \(release 24\)](#)
- [Ensembl Bacteria](#)
 - [Lactobacillus](#)
 - [Escherichia](#)
 - ...

トップページへ

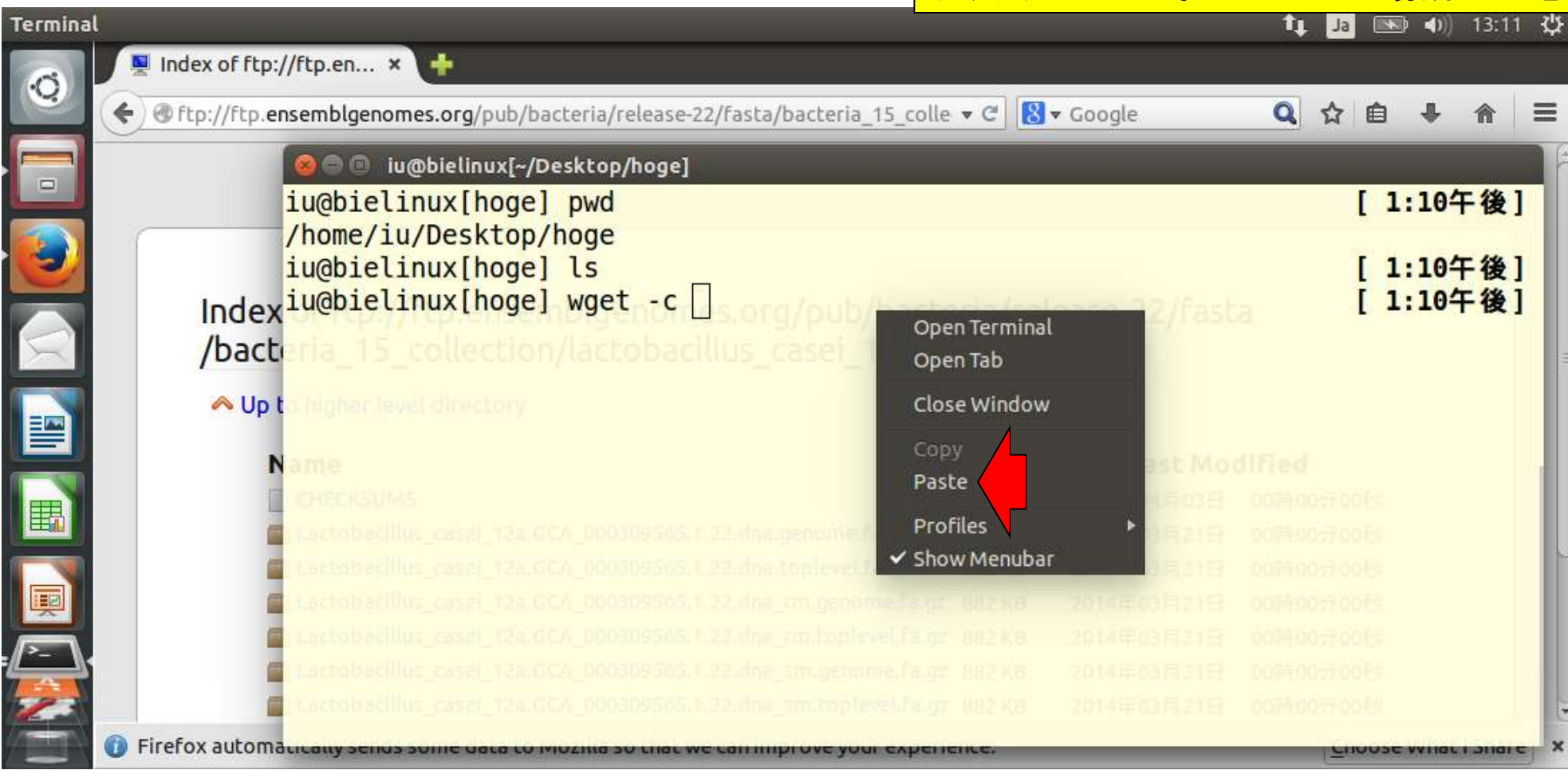
W11-1

ゲストOS上のFirefoxの場合、右クリックの「Copy Link Location」でURL情報を取得できる。ここでは、その後の説明も兼ねて1つ上の階層の「Download DNA sequence」のページから行う。



W11-1

ファイルを保存したいゲストOSのhogeフォルダ上で「wget -c」と打ち込んでから、右クリックでPaste。スペースの場所に注意。



W11-1

ペースト直後の状態。リターンキーを押すとダウンロードが始まる。

The screenshot shows a terminal window overlaid on a web browser. The terminal window is titled 'iu@bielinux[~/Desktop/hoge]' and contains the following commands and output:

```
iu@bielinux[hoge] pwd [ 1:10午後 ]
/home/iu/Desktop/hoge
iu@bielinux[hoge] ls [ 1:10午後 ]
iu@bielinux[hoge] wget -c ftp://ftp.ensemblgenomes.org/pub/bacteria/release-22/fasta/bacteria_15_collection/lactobacillus_casei_12a/dna/Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa.gz
```

The web browser shows the index page for the file being downloaded. The file name is 'Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa.gz'. The browser's address bar shows the URL: 'ftp://ftp.ensemblgenomes.org/pub/bacteria/release-22/fasta/bacteria_15_colle...'. The browser's status bar at the bottom indicates 'Firefox automatically sends some data to Mozilla so that we can improve your experience.'

Name	Size	Last Modified
CHECKSUMS	1 KB	2014年04月03日 00時00分00秒
Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.genome.fa.gz	882 KB	2014年03月21日 00時00分00秒
Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa.gz	882 KB	2014年03月21日 00時00分00秒
Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna_rm.genome.fa.gz	882 KB	2014年03月21日 00時00分00秒
Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna_rm.toplevel.fa.gz	882 KB	2014年03月21日 00時00分00秒
Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna_sm.genome.fa.gz	882 KB	2014年03月21日 00時00分00秒
Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna_sm.toplevel.fa.gz	882 KB	2014年03月21日 00時00分00秒

W11-1

無事ダウンロードが終わると通常のコマンド入力待ち状態となる。ここでは、lsして確認したところまでを示す。

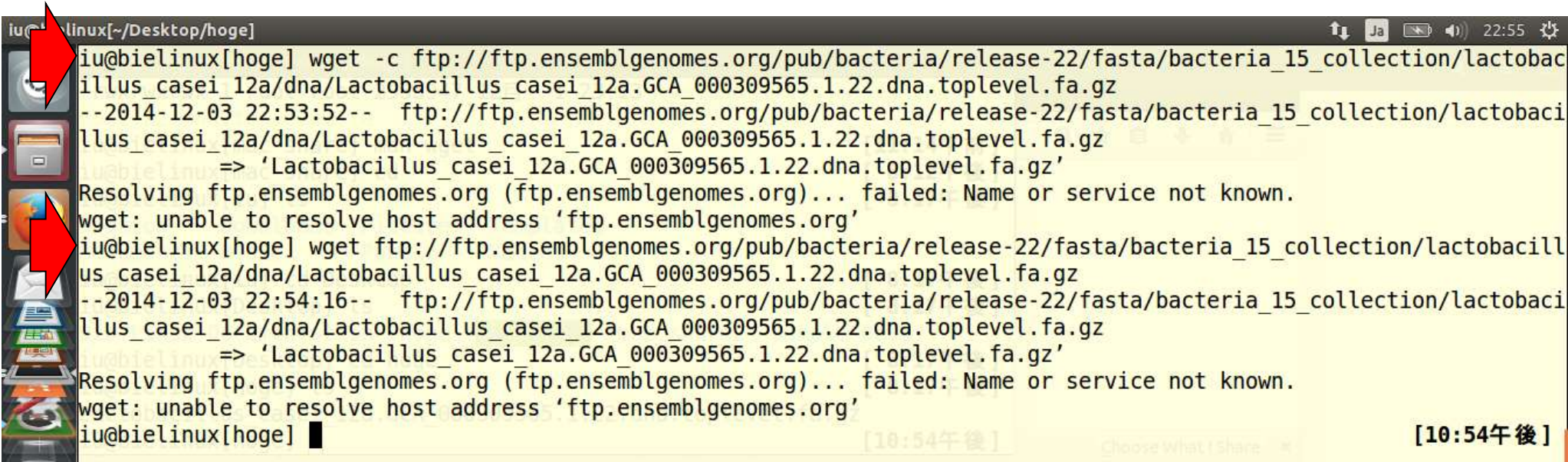
The screenshot shows a terminal window titled "iu@bielinux[~/Desktop/hoge]". The terminal output is as follows:

```
==> SYST ... done.      ==> PWD ... done.
==> TYPE I ... done.    ==> CWD (1) /pub/bacteria/release-22/fasta/bacteria_15_col
lection/lactobacillus_casei_12a/dna ... done.
==> SIZE Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa.gz ... 90284
7
==> PASV ... done.      ==> RETR Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.to
plevel.fa.gz ... done.
Length: 902847 (882K) (unauthoritative)
Name                               Size                               Last Modified
100%[=====>] 902,847             186KB/s   in 4.7s
2014-12-02 13:16:23 (186 KB/s) - 'Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna
.toplevel.fa.gz' saved [902847]
iu@bielinux[hoge] ls
Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa.gz
iu@bielinux[hoge]
```

The terminal output is partially obscured by a browser window in the background. The browser window shows the "Index of ftp://ftp.ensemblgenomes.org/pub/bacteria/release-22/fasta/bacteria_15_colle" page. The terminal window also shows a progress bar for the download of "Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa.gz" (902,847 bytes) at 186KB/s, completed in 4.7s on 2014-12-02 at 13:16:23. The terminal prompt "iu@bielinux[hoge]" is shown before and after the "ls" command, with the file name "Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa.gz" listed as the output of the command. The time "[1:16午後]" is shown at the end of the terminal output.

W11-1

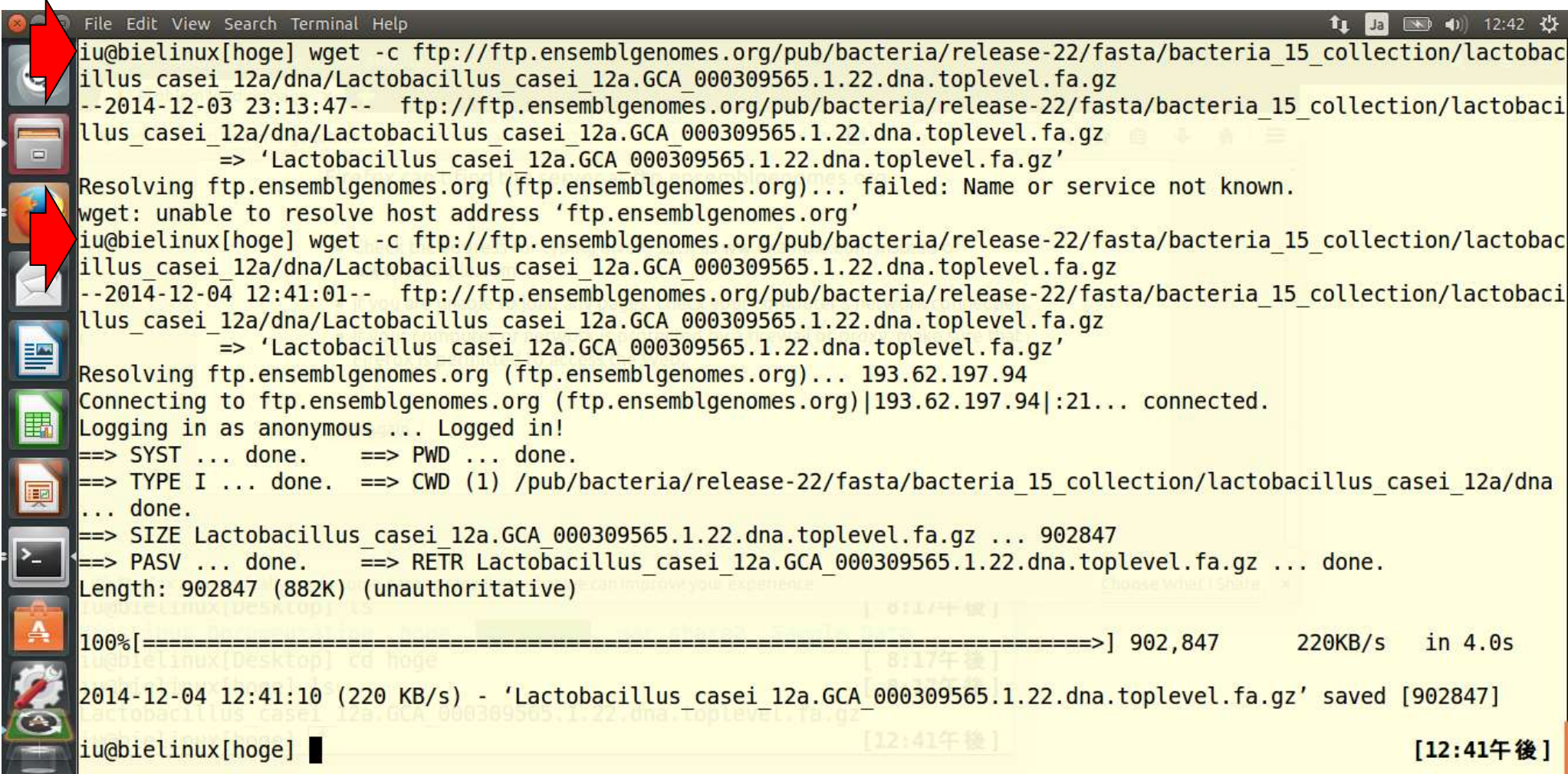
Tips。ときどきダウンロードに失敗した(failed)というメッセージに遭遇することがある。ホストOSのウェブ経由だとうまくいくが、このような場合はゲストOSのウェブもなぜか利用不可能になっている。理由は不明であるが、数十分、あるいは数時間後にリトライするとうまくいく場合が多い。



```
iu@bielinux[~/Desktop/hoge]
iu@bielinux[hoge] wget -c ftp://ftp.ensemblgenomes.org/pub/bacteria/release-22/fasta/bacteria_15_collection/lactobacillus_casei_12a/dna/Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa.gz
--2014-12-03 22:53:52-- ftp://ftp.ensemblgenomes.org/pub/bacteria/release-22/fasta/bacteria_15_collection/lactobacillus_casei_12a/dna/Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa.gz
=> 'Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa.gz'
Resolving ftp.ensemblgenomes.org (ftp.ensemblgenomes.org)... failed: Name or service not known.
wget: unable to resolve host address 'ftp.ensemblgenomes.org'
iu@bielinux[hoge] wget ftp://ftp.ensemblgenomes.org/pub/bacteria/release-22/fasta/bacteria_15_collection/lactobacillus_casei_12a/dna/Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa.gz
--2014-12-03 22:54:16-- ftp://ftp.ensemblgenomes.org/pub/bacteria/release-22/fasta/bacteria_15_collection/lactobacillus_casei_12a/dna/Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa.gz
=> 'Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa.gz'
Resolving ftp.ensemblgenomes.org (ftp.ensemblgenomes.org)... failed: Name or service not known.
wget: unable to resolve host address 'ftp.ensemblgenomes.org'
iu@bielinux[hoge] █
```

[10:54午後] Choose what to share [10:54午後]

W11-1

A terminal window showing two wget commands. The first command fails with a "Name or service not known" error. The second command succeeds after a delay, showing connection details and file saving progress. Two red arrows point to the first and second command lines.

```
iu@bielinux[hoge] wget -c ftp://ftp.ensemblgenomes.org/pub/bacteria/release-22/fasta/bacteria_15_collection/lactobacillus_casei_12a/dna/Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa.gz
--2014-12-03 23:13:47-- ftp://ftp.ensemblgenomes.org/pub/bacteria/release-22/fasta/bacteria_15_collection/lactobacillus_casei_12a/dna/Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa.gz
=> 'Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa.gz'
Resolving ftp.ensemblgenomes.org (ftp.ensemblgenomes.org)... failed: Name or service not known.
wget: unable to resolve host address 'ftp.ensemblgenomes.org'
iu@bielinux[hoge] wget -c ftp://ftp.ensemblgenomes.org/pub/bacteria/release-22/fasta/bacteria_15_collection/lactobacillus_casei_12a/dna/Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa.gz
--2014-12-04 12:41:01-- ftp://ftp.ensemblgenomes.org/pub/bacteria/release-22/fasta/bacteria_15_collection/lactobacillus_casei_12a/dna/Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa.gz
=> 'Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa.gz'
Resolving ftp.ensemblgenomes.org (ftp.ensemblgenomes.org)... 193.62.197.94
Connecting to ftp.ensemblgenomes.org (ftp.ensemblgenomes.org)|193.62.197.94|:21... connected.
Logging in as anonymous ... Logged in!
==> SYST ... done.      ==> PWD ... done.
==> TYPE I ... done.   ==> CWD (1) /pub/bacteria/release-22/fasta/bacteria_15_collection/lactobacillus_casei_12a/dna
... done.
==> SIZE Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa.gz ... 902847
==> PASV ... done.    ==> RETR Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa.gz ... done.
Length: 902847 (882K) (unauthoritative)
100%[=====] 902,847      220KB/s   in 4.0s
2014-12-04 12:41:10 (220 KB/s) - 'Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa.gz' saved [902847]
iu@bielinux[hoge] █
```

W11-2

ファイルサイズは、ホストOS上で眺めると903 KB、ゲストOS上だと882 KBと微妙に異なっているように見えるが、実は表示のさせ方の違いだけのようである。

The image shows a Mac desktop environment. In the foreground, a Finder window titled 'dna' is open, displaying a file list with columns for '名前' (Name), '変更日' (Modified), 'サイズ' (Size), and '種類' (Type). The files listed are:

名前	変更日	サイズ	種類
CHECKSUMS	2014年4月3日 0:00	469 バイト	テキスト…p 書類
Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna_rm.genome.fa.gz	2014年3月21日 0:00	903 KB	GZip…ーカイク
Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna_rm.toplevel.fa.gz	2014年3月21日 0:00	903 KB	GZip…ーカイク
Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna_sm.genome.fa.gz	2014年3月21日 0:00	903 KB	GZip…ーカイク
Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna_sm.toplevel.fa.gz	2014年3月21日 0:00	903 KB	GZip…ーカイク
Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.genome.fa.gz	2014年3月21日 0:00	903 KB	GZip…ーカイク
Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa.gz	2014年3月21日 0:00	903 KB	GZip…ーカイク
README	2014年3月21日 0:00	3 KB	テキスト…p 書類

In the background, a Firefox browser window is open, displaying a file list with columns for 'Name', 'Size', and 'Last Modified'. The files listed are:

Name	Size	Last Modified
CHECKSUMS	1 KB	2014年04月03日 00時00分00秒
Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.genome.fa.gz	882 KB	2014年03月21日 00時00分00秒
Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa.gz	882 KB	2014年03月21日 00時00分00秒
Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna_rm.genome.fa.gz	882 KB	2014年03月21日 00時00分00秒
Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna_rm.toplevel.fa.gz	882 KB	2014年03月21日 00時00分00秒
Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna_sm.genome.fa.gz	882 KB	2014年03月21日 00時00分00秒
Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna_sm.toplevel.fa.gz	882 KB	2014年03月21日 00時00分00秒
README	4 KB	2014年03月21日 00時00分00秒

An arrow points from the 903 KB file in the Finder window to the 882 KB file in the browser window, highlighting the difference in file size between the two OS environments.

W11-2

実際にダウンロードしたファイルを「ls -la」で眺めると902847となり、ホストOS上のSafariで表示されている数値(903 KB)とほぼ同じ。

Finder window showing file list:

名前	変更日	サイズ	種類
CHECKSUMS	2014年4月3日 0:00	469 バイト	テキスト…p 書類
Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna_rm.genome.fa.gz	2014年3月21日 0:00	903 KB	GZip…-ファイル
Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna_rm.toplevel.fa.gz	2014年3月21日 0:00	903 KB	GZip…-ファイル
Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna_sm.genome.fa.gz	2014年3月21日 0:00	903 KB	GZip…-ファイル
Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna_sm.toplevel.fa.gz	2014年3月21日 0:00	903 KB	GZip…-ファイル
Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.genome.fa.gz	2014年3月21日 0:00	903 KB	GZip…-ファイル
Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa.gz	2014年3月21日 0:00	903 KB	GZip…-ファイル
README	2014年3月21日 0:00	3 KB	テキスト…p 書類

Terminal window output:

```
iu@bielinux[iu] cd Desktop [ 5:19午後]
iu@bielinux[Desktop] cd hoge [ 5:19午後]
iu@bielinux[hoge] pwd [ 5:19午後]
/home/iu/Desktop/hoge
iu@bielinux[hoge] ls -la [ 5:19午後]
total 892
drwxrwxr-x 2 iu iu 4096 12月 2 13:16 .
drwx----- 6 iu iu 4096 12月 1 21:35 ..
-rw-rw-r-- 1 iu iu 902847 12月 2 13:16 Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa.gz
iu@bielinux[hoge] [ 5:19午後]
```


W11-2

実際にダウンロードしたファイルを「ls -lh」で眺めると882Kとなり、ゲストOS上のFirefoxで表示されている数値(882 KB)と同じ。

Terminal File Edit View Search Terminal Help

Index of ftp://ftp.ensemblgenomes.org/pub/bacteria/release-22/fasta/bacteria_15_collection/lactobacillus_casei_12a/dna/ - Mozilla Firefox

Name	Size	Last Modified
CHECKSUMS	1 KB	2014年04月03日 00時00分00秒
Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.genome.fa.gz	882 KB	2014年03月21日 00時00分00秒
Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa.gz	882 KB	2014年03月21日 00時00分00秒
Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna_rm.genome.fa.gz	882 KB	2014年03月21日 00時00分00秒
Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna_rm.toplevel.fa.gz	882 KB	2014年03月21日 00時00分00秒
Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna_sm.genome.fa.gz	882 KB	2014年03月21日 00時00分00秒
Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna_sm.toplevel.fa.gz	882 KB	2014年03月21日 00時00分00秒
README	4 KB	2014年03月21日 00時00分00秒

```
iu@bielinux[~/Desktop/hoge]
iu@bielinux[hoge] pwd [ 5:19午後 ]
/home/iu/Desktop/hoge
iu@bielinux[hoge] ls -lh [ 5:25午後 ]
total 884K
-rw-rw-r-- 1 iu iu 882K 12月 2 13:16 Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22
.dna.toplevel.fa.gz
iu@bielinux[hoge] [ 5:25午後 ]
```

チェックサム。データ提供側で算出した値は、ここで見られる。

W12

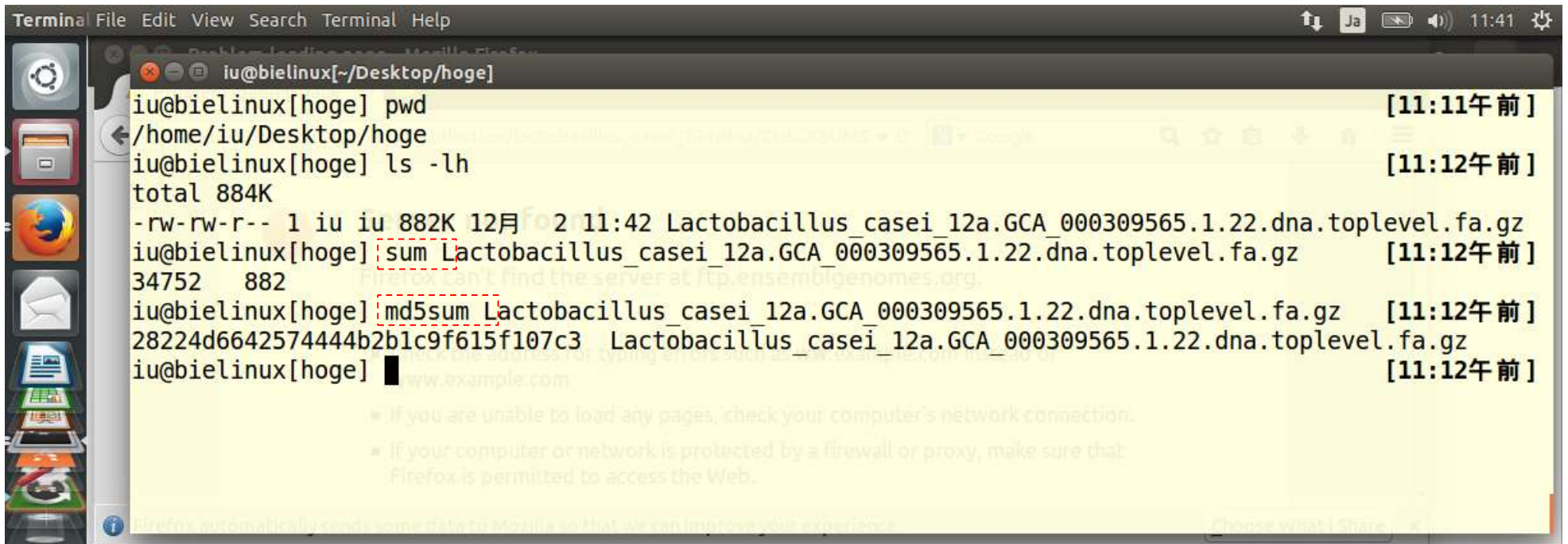
The image shows a Mac desktop environment. In the foreground, a Finder window titled 'dna' is open, displaying a directory listing. A red arrow points to the 'CHECKSUMS' file. The listing includes files like 'Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna_rm.genome.fa.gz' and 'README'. Below it, a Firefox browser window is open, showing a directory listing for 'Lactobacillus_casei_12a/dna/'. A red arrow points to the 'CHECKSUMS' file in the browser listing. The browser listing includes files like 'Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.genome.fa.gz' and 'README'. The desktop background features a mountain landscape. The system tray at the bottom shows various application icons and the system clock.

名前	変更日	サイズ	種類
CHECKSUMS	2014年4月3日 0:00	469 バイト	テキスト…p 書類
Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna_rm.genome.fa.gz	2014年3月21日 0:00	903 KB	GZip…ーカイク
Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna_rm.toplevel.fa.gz	2014年3月21日 0:00	903 KB	GZip…ーカイク
Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna_sm.genome.fa.gz	2014年3月21日 0:00	903 KB	GZip…ーカイク
Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna_sm.toplevel.fa.gz	2014年3月21日 0:00	903 KB	GZip…ーカイク
Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.genome.fa.gz	2014年3月21日 0:00	903 KB	GZip…ーカイク
Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa.gz	2014年3月21日 0:00	903 KB	GZip…ーカイク
README	2014年3月21日 0:00	3 KB	テキスト…p 書類

Name	Size	Last Modified
CHECKSUMS	1 KB	2014年04月03日 00時00分00秒
Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.genome.fa.gz	882 KB	2014年03月21日 00時00分00秒
Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa.gz	882 KB	2014年03月21日 00時00分00秒
Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna_rm.genome.fa.gz	882 KB	2014年03月21日 00時00分00秒
Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna_rm.toplevel.fa.gz	882 KB	2014年03月21日 00時00分00秒
Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna_sm.genome.fa.gz	882 KB	2014年03月21日 00時00分00秒
Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna_sm.toplevel.fa.gz	882 KB	2014年03月21日 00時00分00秒
README	4 KB	2014年03月21日 00時00分00秒

W12

sumコマンドとmd5sumコマンド実行結果。赤枠部分のみ打ち込んでタブ補完するテクニックを有効活用すべし。



The image shows a terminal window with the following content:

```
iu@bielinux[~/Desktop/hoge]
iu@bielinux[hoge] pwd [11:11午前]
/home/iu/Desktop/hoge
iu@bielinux[hoge] ls -lh [11:12午前]
total 884K
-rw-rw-r-- 1 iu iu 882K 12月 2 11:42 Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa.gz
iu@bielinux[hoge] sum Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa.gz [11:12午前]
34752 882
iu@bielinux[hoge] md5sum Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa.gz [11:12午前]
28224d6642574444b2b1c9f615f107c3 Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa.gz
iu@bielinux[hoge] [11:12午前]
```

The words 'sum' and 'md5sum' in the terminal are highlighted with red dashed boxes. The terminal also shows a Firefox error message: 'Firefox can't find the server at ftp.ensemblgenomes.org.'

W12

データ提供元(Ensembl)のウェブページではsumコマンド実行結果の「チェックサム」が与えられていることがわかる。同じ値(34752 882)となっていれば、ダウンロードしたファイルの中身はデータ提供元と同じと判断してよい。

The screenshot shows a Mac desktop environment. In the background, a Finder window displays the website iu.a.u-tokyo.ac.jp. The page lists 'Ensembl Genomes' and 'Lactobacillus casei 12a (Taxonomy ID: 1051650)'. A red arrow points to a 'CHECKSUMS' file icon. Below it, a table of checksums is visible:

34752	882	Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.genome.fa.gz
34752	882	Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa.gz
14283	882	Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna_rm.genome.fa.gz
14283	882	Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna_rm.toplevel.fa.gz
20112	882	Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna_sm.genome.fa.gz
20112	882	Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna_sm.toplevel.fa.gz
12836	4	README

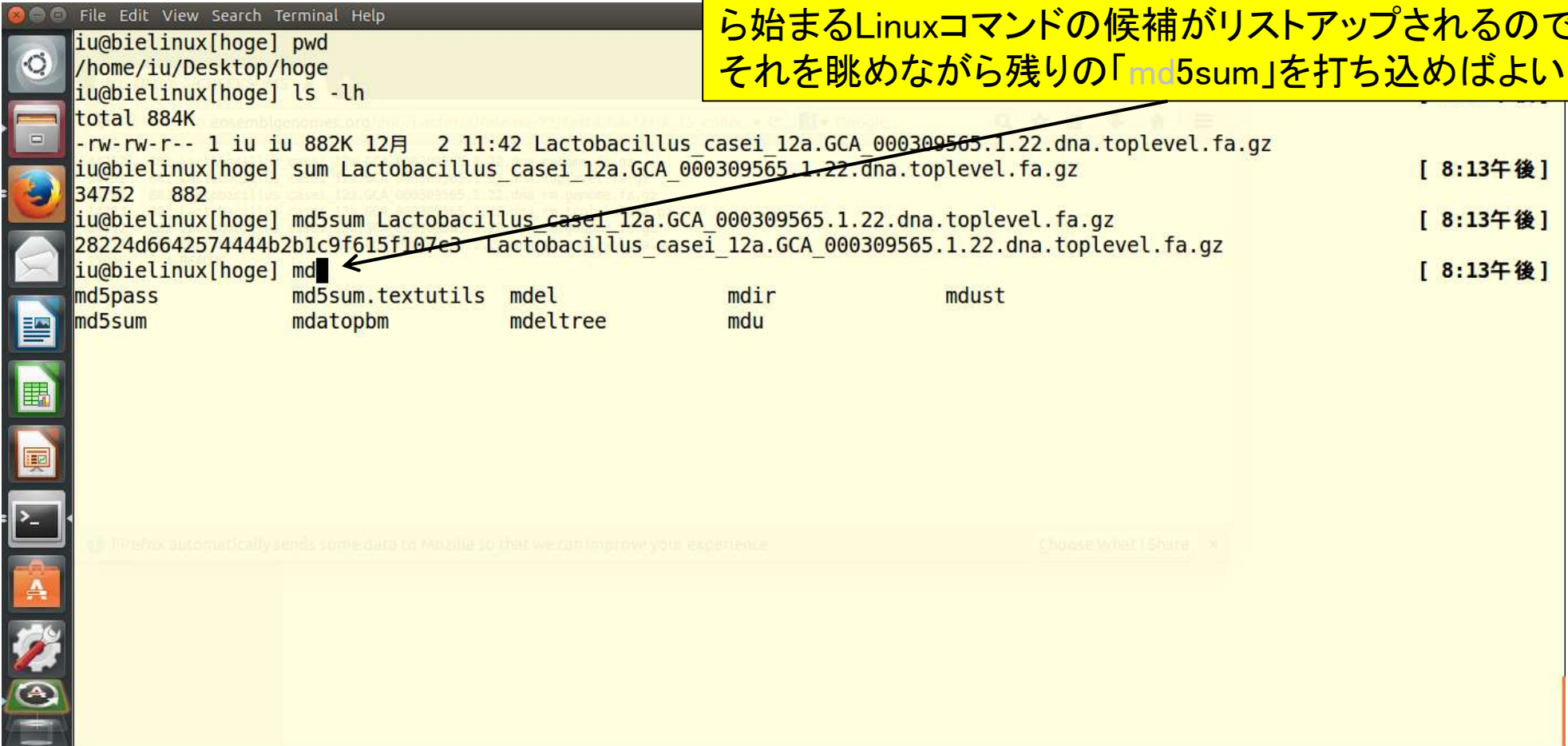
In the foreground, a Terminal window is open, showing the execution of several commands:

```
iu@bielinux[hoge] pwd
/home/iu/Desktop/hoge
iu@bielinux[hoge] ls -lh
total 884K
-rw-rw-r-- 1 iu iu 882K 12月  2 13:16 Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22
.dna.toplevel.fa.gz
iu@bielinux[hoge] sum Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa.gz
34752 882
iu@bielinux[hoge] md5sum Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa.gz
28224d6642574444b2b1c9f615f107c3 Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplev
el.fa.gz
iu@bielinux[hoge]
```

Red arrows point from the terminal output to the corresponding data in the browser's checksums table. The terminal output shows the same checksum values (34752 882) as the browser page, confirming the file's integrity.

W12

Tips。Linuxコマンドもタブ補完可能。「MD5チェックサム」を実行するコマンドは「md…なんだっけ?!」という場合は、「md」まで打ち込んでからTabキーを押す。すると、mdから始まるLinuxコマンドの候補がリストアップされるので、それを眺めながら残りの「md5sum」を打ち込めばよい。



The screenshot shows a Linux terminal window with the following commands and output:

```
iu@bielinux[hoge] pwd
/home/iu/Desktop/hoge
iu@bielinux[hoge] ls -lh
total 884K
-rw-rw-r-- 1 iu iu 882K 12月  2 11:42 Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa.gz
iu@bielinux[hoge] sum Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa.gz [ 8:13午後 ]
34752 882
iu@bielinux[hoge] md5sum Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa.gz [ 8:13午後 ]
28224d6642574444b2b1c9f615f107e3 Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa.gz
iu@bielinux[hoge] md [ 8:13午後 ]
md5pass      md5sum.textutils  mdel          mdir          mdust
md5sum       mdatopbm         mdeltree      mdu
```

An arrow points from the tip text to the 'md' command in the terminal. The terminal window also shows a Firefox notification bar at the bottom.

W13-1

①gzip圧縮ファイルの解凍、②gzip圧縮ファイルの作成、および③チェックサム値の確認。ダウンロード直後のチェックサム値やファイルサイズとは異なるが、基本的に気にしなくてもよい。

```
iu@bielinux[hoge] ls -lh
total 884K
-rw-rw-r-- 1 iu iu 882K 12月  2 13:16 Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa.gz
iu@bielinux[hoge] gzip -d Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa.gz [ 3:12午後]
iu@bielinux[hoge] ls -lh [ 3:12午後]
total 2.9M
-rw-rw-r-- 1 iu iu 2.8M 12月  2 13:16 Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa
iu@bielinux[hoge] gzip Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa [ 3:12午後]
iu@bielinux[hoge] ls -lh [ 3:12午後]
total 856K
-rw-rw-r-- 1 iu iu 853K 12月  2 13:16 Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa.gz
iu@bielinux[hoge] sum Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa.gz [ 3:12午後]
51610 853
iu@bielinux[hoge] [ 3:13午後]
```


W13-2

①gzip圧縮ファイルの解凍は「gzip -d」以外に「gunzip」コマンドでも可能。②bzip2コマンドを用いたbzip2圧縮（拡張子は.bz2）、③bunzip2コマンドを用いたbzip2圧縮ファイルの解凍。bunzip2の代わりに「bzip2 -d」を用いるのもよい。

```
iu@bielinux[hoge] pwd
/home/iu/Desktop/hoge
iu@bielinux[hoge] ls -lh
total 856K
-rw-rw-r-- 1 iu iu 853K 12月  2 13:16 Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa.gz
iu@bielinux[hoge] gunzip Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa.gz
iu@bielinux[hoge] ls -lh
total 2.9M
-rw-rw-r-- 1 iu iu 2.8M 12月  2 13:16 Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa
iu@bielinux[hoge] bzip2 Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa
iu@bielinux[hoge] ls -lh
total 824K
-rw-rw-r-- 1 iu iu 822K 12月  2 13:16 Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa.bz2
iu@bielinux[hoge] bunzip2 Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa.bz2
iu@bielinux[hoge] ls -lh
total 2.9M
-rw-rw-r-- 1 iu iu 2.8M 12月  2 13:16 Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa
iu@bielinux[hoge]
```

①

②

③

W13-3

```
iu@bielinux[hoge] pwd [ 3:13午後 ]
/home/iu/Desktop/hoge
iu@bielinux[hoge] ls -lh [ 3:17午後 ]
total 856K
-rw-rw-r-- 1 iu iu 853K 12月 2 13:16 Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa.gz
iu@bielinux[hoge] gunzip Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa.gz [ 3:17午後 ]
iu@bielinux[hoge] ls -lh [ 3:17午後 ]
total 2.9M
-rw-rw-r-- 1 iu iu 2.8M 12月 2 13:16 Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa
iu@bielinux[hoge] bzip2 Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa [ 3:17午後 ]
iu@bielinux[hoge] ls -lh [ 3:17午後 ]
total 824K
-rw-rw-r-- 1 iu iu 822K 12月 2 13:16 Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa.bz2
iu@bielinux[hoge] bunzip2 Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa.bz2 [ 3:17午後 ]
iu@bielinux[hoge] ls -lh [ 3:17午後 ]
total 2.9M
-rw-rw-r-- 1 iu iu 2.8M 12月 2 13:16 Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa
iu@bielinux[hoge] [ 3:18午後 ]
```



W14-1

①mvコマンドでファイル名変更、②grepコマンドで”>”を含む行の数を表示、③headコマンドでgenome.faの最初の10行を表示。

```
iu@bielinux[hoge] pwd
/home/iu/Desktop/hoge
iu@bielinux[hoge] ls
Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa
iu@bielinux[hoge] mv Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa genome.fa
iu@bielinux[hoge] ls
genome.fa
iu@bielinux[hoge] grep -c ">" genome.fa
28
iu@bielinux[hoge] head genome.fa
>ctg09_00003 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg09_00003:1:899:1
AGTAAGACTGCCGGTGACAAACCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAATCATCATGCCCT
TATGACCTGGGCTACACACGTGCTACAATGGATGGTACAACGAGTTGCGAGACCGCGAGG
TYAAGCTAATCTCTTAAAGCCATTCTCAGTTCGGACTGTAGGCTGCAACTCGCCTACACG
AAGTCGGAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCACGCCGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTT
GTACACACCGCCCGTCACACCATGAGAGTTTGTAAACCCGAAGCCGGTGGCGTAACCCT
TTTAGGGAGCGAGCCGTCTAAGGTGGGACAAATGATTAGGGTGAAGTCGTAACAAGGTAG
CCGTAGGAGAACCTGCGGCTGGATCACCTCCTTTCTAAGGAAACAGACTRAAAGTCTGAC
GGAAACCTGCACACACGAAACTTTGTTTAGTTTTGAGGGGATCACCTCAAGCACCTAA
CGGGTGCGACTTTGTTCTTTGAAAACCTGGATATCATTGTATTAATTGTTTTAAATTGCCG
iu@bielinux[hoge] █
```

[9:54午後]

W14-2

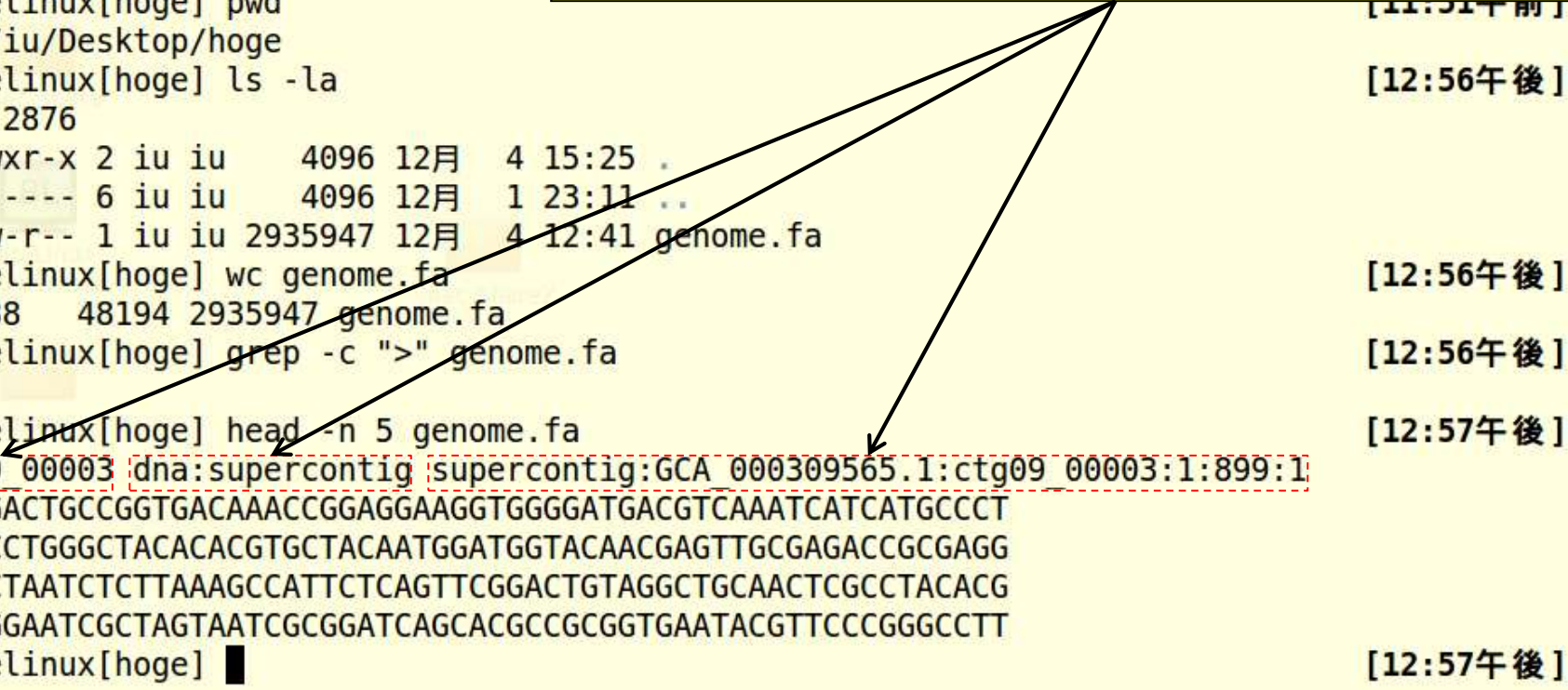
- ① headコマンドでgenome.faの最初の4行分を表示、
- ② tailコマンドでgenome.faの最後の7行分を表示。

```
iu@bielinux[hoge] pwd [11:24午前]
/home/iu/Desktop/hoge
iu@bielinux[hoge] ls [11:24午前]
genome.fa
iu@bielinux[hoge] head -n 4 genome.fa [11:24午前]
>ctg09_00003 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg09_00003:1:899:1
AGTAAGACTGCCGGTGACAAACCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAATCATCATGCCCT
TATGACCTGGGCTACACACGTGCTACAATGGATGGTACAACGAGTTGCGAGACCGCGAGG
TYAAGCTAATCTCTTAAAGCCATTCTCAGTTCGGACTGTAGGCTGCAACTCGCCTACACG
iu@bielinux[hoge] tail -n 7 genome.fa [11:24午前]
ACCTACTCAGTGTCCATGCTATGCTTGTAGCGTCGAAACCAAAGCAAGCGAGGTTATG
AGTAAATGTCCAATACGATCCTACACTGTCCGTCCTTGAATACCAGACCATAATATCA
AAGTAGCCTTTGTTTCGTCATGAATATCGCGGCAACGGGGTACGTCGCCGCCAGTATCATG
TGATTGATGCCGAGCTGACTTACCGGTTAACCCGGTGCCCACTGTGTGGCTTTGAGGCCT
TGCACCCTAACGGGTTTTATACGGCCCACGTGCGCGTCCTCAACGGGGTTGAAATACCGA
CAGTCATTGACTTGCACAAGCAACGATGGCGCTGTCATAACTGTTACCACACAGTCAGTG
CCAAGACGCCACTCGTGCAAC
iu@bielinux[hoge] [11:24午前]
```

W14-3

wcコマンドで「行数、単語数、ファイルサイズ」を表示。行数は48138、単語数は48194、ファイルサイズは2935947である。塩基配列部分は実質的に1行1単語となるので、行数と単語数の若干の違いはdescription行のところが出る。

```
iu@bielinux[~/Desktop/hoge]
iu@bielinux[hoge] pwd
/home/iu/Desktop/hoge
iu@bielinux[hoge] ls -la
total 2876
drwxrwxr-x 2 iu iu 4096 12月 4 15:25 .
drwx----- 6 iu iu 4096 12月 1 23:11 ..
-rw-rw-r-- 1 iu iu 2935947 12月 4 12:41 genome.fa
iu@bielinux[hoge] wc genome.fa
48138 48194 2935947 genome.fa
iu@bielinux[hoge] grep -c ">" genome.fa
28
iu@bielinux[hoge] head -n 5 genome.fa
>ctg09 00003 dna:supercontig supercontig:GCA 000309565.1:ctg09 00003:1:899:1
AGTAAGACTGCCGGTGACAAACCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAATCATGCCCCT
TATGACCTGGGCTACACACGTGCTACAATGGATGGTACAACGAGTTGCGAGACCGCGAGG
TYAAGCTAATCTCTTAAAGCCATTCTCAGTTCGGACTGTAGGCTGCAACTCGCCTACACG
AAGTCGGAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCACGCCGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTT
iu@bielinux[hoge]
```



W14-3

Description部分は1行あたり3単語。*L. casei* 12Aゲノムは全部で28コンティグ。このファイルの行数は48138なので、予想される単語数は $48138 + 28 * 2 = 48194$ となり、wcコマンド実行結果と同じになる。このようにファイル全体を眺めなくてもwc, grep, headコマンドの組合せでdescription行の記述形式が同じであることを予想して確認もできる。

iu@bielinux[~/Desktop/hoge]

```
iu@bielinux[hoge] pwd
/home/iu/Desktop/hoge
```

```
iu@bielinux[hoge] ls -la
total 2876
```

```
drwxrwxr-x 2 iu iu 4096 12月 4 15:25 .
drwx----- 6 iu iu 4096 12月 1 23:11 ..
-rw-rw-r-- 1 iu iu 2935947 12月 4 12:41 genome.fa
```

```
iu@bielinux[hoge] wc genome.fa
48138 48194 2935947 genome.fa
```

[12:56午後]

```
iu@bielinux[hoge] grep -c ">" genome.fa
28
```

[12:56午後]

```
iu@bielinux[hoge] head -n 5 genome.fa
>ctg09_00003 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg09_00003:1:899:1
AGTAAGACTGCCGGTGACAAACCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAATCATCATGCCCT
TATGACCTGGGCTACACACGTGCTACAATGGATGGTACAACGAGTTGCGAGACCGCGAGG
TYAAGCTAATCTCTTAAAGCCATTCTCAGTTCGGACTGTAGGCTGCAACTCGCCTACACG
AAGTCGGAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCACGCCGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTT
```

[12:57午後]

```
iu@bielinux[hoge] █
```

[12:57午後]

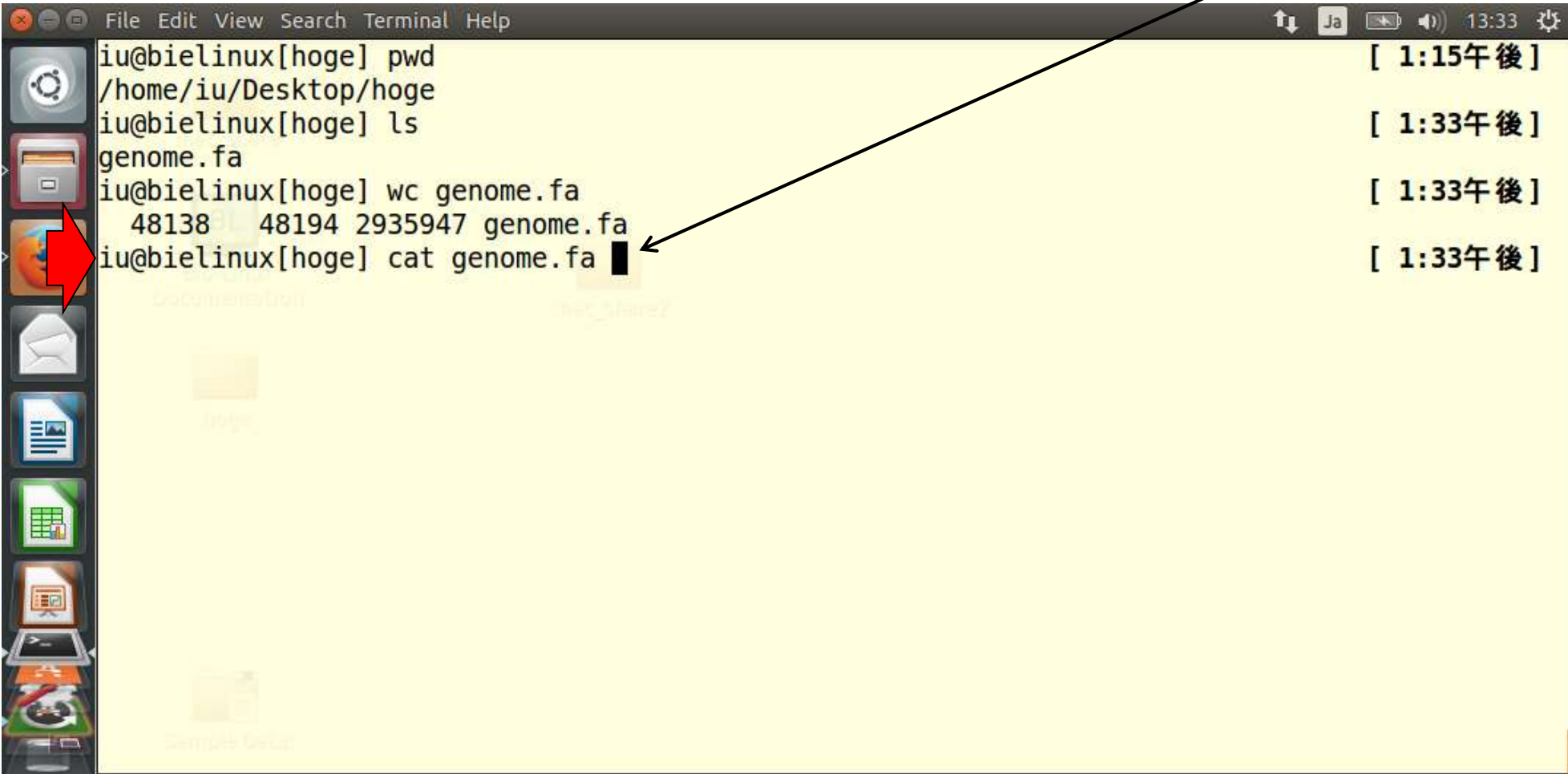
W14-3

grepコマンド実行時に">"を含む行数をカウントするのが「-c」オプションだが、さらに「-v」オプションを追加することで">"を含まない行数をカウントすることができる。

```
iu@bielinux[hoge] pwd [11:51午前]
/home/iu/Desktop/hoge
iu@bielinux[hoge] ls -la [12:56午後]
total 2876
drwxrwxr-x 2 iu iu 4096 12月 4 15:25 .
drwx----- 6 iu iu 4096 12月 1 23:11 ..
-rw-rw-r-- 1 iu iu 2935947 12月 4 12:41 genome.fa
iu@bielinux[hoge] wc genome.fa [12:56午後]
48138 48194 2935947 genome.fa
iu@bielinux[hoge] grep -c ">" genome.fa [12:56午後]
28
iu@bielinux[hoge] head -n 5 genome.fa [12:57午後]
>ctg09_00003 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg09_00003:1:899:1
AGTAAGACTGCCGGTGACAAACCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAATCATCATGCCCT
TATGACCTGGGCTACACACGTGCTACAATGGATGGTACAACGAGTTGCGAGACCGCGAGG
TYAAGCTAATCTCTTAAAGCCATTCTCAGTTCGGACTGTAGGCTGCAACTCGCCTACACG
AAGTCGGAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCACGCCGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTT
iu@bielinux[hoge] grep -c -v ">" genome.fa [12:57午後]
48110
iu@bielinux[hoge] [ 1:15午後]
```

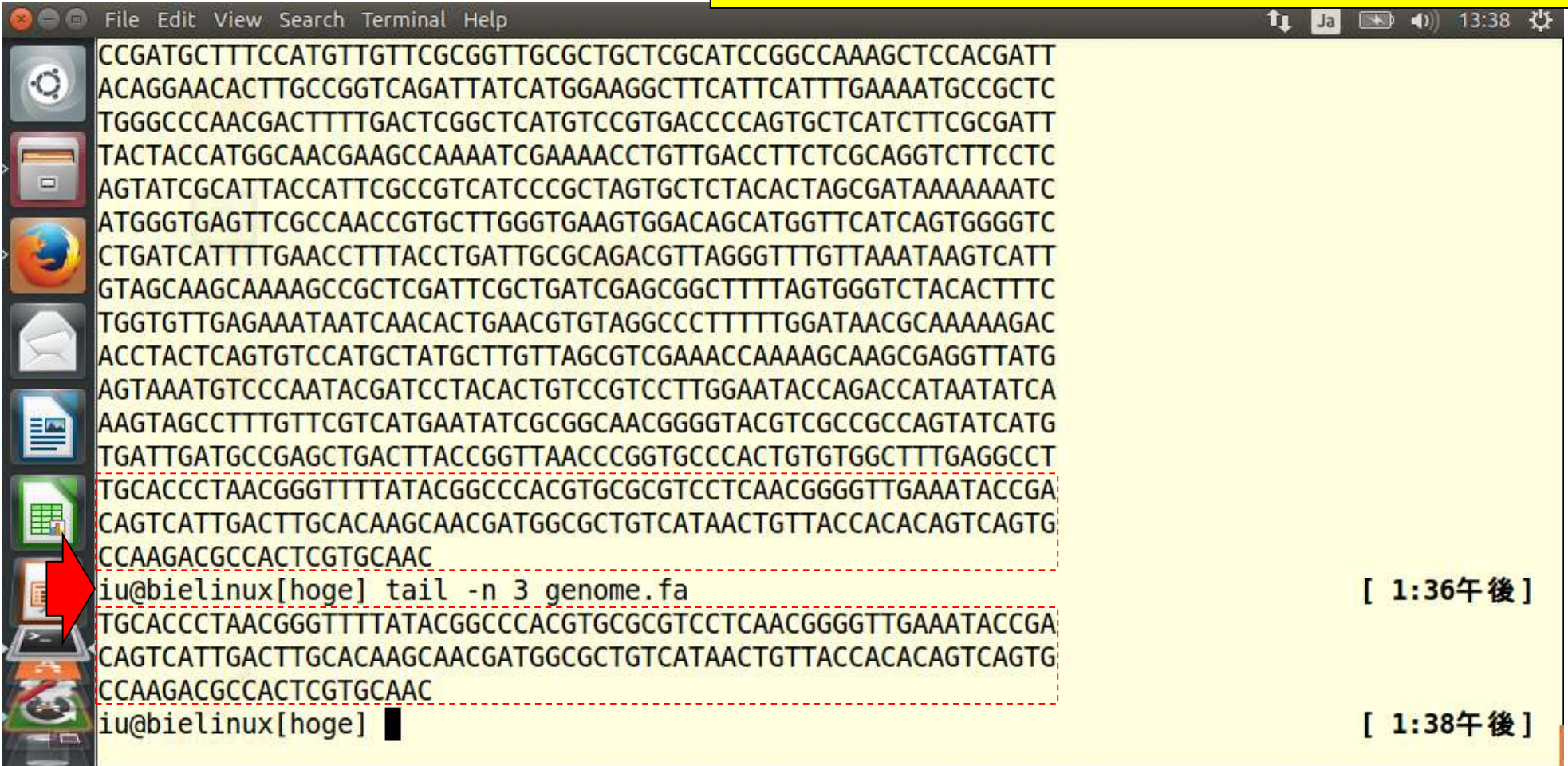
catコマンド実行前。リターンキーを押すと一気にファイルの全内容が表示される。

W14-4



W14-4

catコマンド実行後。著者の環境では5秒程度で表示が完了する。このファイルは5万行弱なので、概ね1万行につき1秒程度表示に時間がかかっていることがわかる。



```
CCGATGCTTTCCATGTTGTTGCGCGTTGCGCTGCTCGCATCCGGCCAAAGCTCCACGATT
ACAGGAACACTTGCCGGTCAGATTATCATGGAAGGCTTCATTCATTTGAAAATGCCGCTC
TGGGCCCAACGACTTTTGA CTGCGCTCATGTCCGTGACCCAGTGCTCATCTTCGCGATT
TACTACCATGGCAACGAAGCCAAAATCGAAAACCTGTTGACCTTCTCGCAGGTCTTCCTC
AGTATCGCATTACCATTGCGCGTCATCCCGCTAGTGCTCTACACTAGCGATAAAAAAATC
ATGGGTGAGTTCGCCAACCGTGCTTGGGTGAAGTGGACAGCATGGTTCATCAGTGGGGTC
CTGATCATTTTGAACCTTTACCTGATTGCGCAGACGTTAGGGTTTGTTAAATAAGTCATT
GTAGCAAGCAAAGCCGCTCGATTGCTGATCGAGCGGCTTTTAGTGGGTCTACACTTTC
TGGTGTGAGAAATAATCAACACTGAACGTGTAGGCCCTTTTGGATAACGCAAAAAGAC
ACCTACTCAGTGTCCATGCTATGCTTGTAGCGTCGAAACCAAAGCAAGCGAGGTTATG
AGTAAATGTCCCAATACGATCCTACACTGTCCGTCCTTGAATACCAGACCATAATATCA
AAGTAGCCTTTGTTGTCATGAATATCGCGGCAACGGGGTACGTCGCCGCCAGTATCATG
TGATTGATGCCGAGCTGACTTACCGGTTAACCCGGTGCCCACTGTGTGGCTTTGAGGCCT
TGCACCCTAACGGGTTTTATACGGCCCACGTGCGCGTCCTCAACGGGGTTGAAATACCGA
CAGTCATTGACTTGCACAAGCAACGATGGCGCTGTCATAACTGTTACCACACAGTCAGTG
CCAAGACGCCACTCGTGCAAC
iu@bielinux[hoge] tail -n 3 genome.fa [ 1:36午後 ]
TGCACCCTAACGGGTTTTATACGGCCCACGTGCGCGTCCTCAACGGGGTTGAAATACCGA
CAGTCATTGACTTGCACAAGCAACGATGGCGCTGTCATAACTGTTACCACACAGTCAGTG
CCAAGACGCCACTCGTGCAAC
iu@bielinux[hoge] [ 1:38午後 ]
```


W14-4

Tips。catコマンド実行後、全内容表示を途中で止めた
い場合には、「CTRLキー + Cキー」を押せばよい。

```
iu@bielinux[~/Desktop/hoge]
GTTCAAGTCCTCGATAATAGATGAACTCAAATGGCATTGCTTTCCATCGTCTCTTGATT
CAGTCGATTAAATGGCCGCTGAAAAGCGAACACAATCACCAAATAACAAGGCACAGCAAT
TAAAGACACCAAGAATAAGGTGGTGTGTTTGAATGCCTAACACGATCCCTAAAATTAAGAC
AATCCAAATATCAAGAAACAAGGTCATAATCGTGTTTGCCAGCGCATCAATAATCTTATT
AGCATCGGAAAACCGCGACACAATTTCCCCAGTCCGACGCGTGGAAAAGAAGGACATCGG
TAATTCATAAAGGTGTCTGACGTAACCCAAAATGACATCAATCGACAAACGTTGTCCTAA
AACAGCCATCAAAAAATTTTGGCCATAGGTTAAAACCGACTGCAGCACATAAGCGAGGAT
GAGACCACTGGCAATCATTCCCAAAGTTGTGCGCATCCCGTTTGAATATAAGTATCAAT
AATCGACTGAAGAAAATAAGACCCGACAATACTAATCAACGTGATCAACACAGCGGCGAC
AATAATATTGGCAATGATTCTTTTTGTGCGCTAGCATCGGCACAAACGCAAAGAGACT
GCCTTTGTCTCTTTGCGTGGTTGATATTGCGGTTCTGGCGCAATAAAAATAGCGACCCC
CGACCACTCCTTCGCAAAGCGCTCTTTGGGAAGCCAGGTCATCGCTACTGATGAATCAGG
ATCGCCAATCAAGATATGATCCTTTGTGCGCTTAAACACCACATAATAATGAAGCAACTC
GCCACGCTTCAAACATGGACAAGAAACGGATAAGGAACATCATCAAGATCAAACAGCGT
CATATCCGCCTTGACAGCCTTGGTTTCAAATGAAGCGCCTGAGCAGCTCGGACAATCCC
TAACGCTGTTGTTCTTCTGATCCGTCTTCGCCAACTGTGCGCAGATGCGCTAGCGAATA
ATCCGAGCCATTAATTGCAGCAGCATATTAAGCGCCGCAACCCCGCAATCGCGCTCATC
CACCTGAGGCGTGTAGTAACGCTTGTAATACTGTGCTTGGCCGAGCTTTAGGTTGTATTT
GATCATGGGCATGCCTCCTGGTTGGTGTGGATTTTTCTAAATAAGTGATACCTTGAAC
^C%
iu@bielinux[hoge] █
```

[1:45午後]

W14-5

「more genome.fa」実行直後。スペースキーを押すと、次ページに移動。

```
File Edit View Search Terminal Help
>ctg09_00003 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg09_00003:1:899:1
AGTAAGACTGCCGGTGACAAACCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAATCATCATGCCCT
TATGACCTGGGCTACACACGTGCTACAATGGATGGTACAACGAGTTGCGAGACCGCGAGG
TYAAGCTAATCTCTTAAAGCCATTCTCAGTTCGGACTGTAGGCTGCAACTCGCCTACACG
AAGTCGGAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCACGCCGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTT
GTACACACCGCCCGTCACACCATGAGAGTTTGTAAACCCGAAGCCGGTGGCGTAACCCT
TTTAGGGAGCGAGCCGTCTAAGGTGGGACAAATGATTAGGGTGAAGTCGTAACAAGGTAG
CCGTAGGAGAACCTGCGGCTGGATCACCTCCTTTCTAAGGAAACAGACTRAAAGTCTGAC
GGAAACCTGCACACACGAAACTTTGTTTAGTTTTGAGGGGATCACCTCAAGCACCTAA
CGGGTGCGACTTTGTTCTTTGAAAACCTGGATATCATTGTATTAATTGTTTTAAATTGCCG
AGAACACAGCGTATTTGTATGAGTTTCTGAAAAGAAATTGCGATCGCATAACCGCTGAC
GCAAGTCAGTACAGGTTAAGTTRCAAAGGGCGCACGGTGGATGCCTTGGCACTAGGAGCC
GATGAAGGACGGAATAATACCGATATGCTTCGGGGAGCTATAAGTAAGCTTTGATCCGG
AGATTTCCGAATGGGGGAACCCAGTACACATCAGTGTATTGCTTGTGAGTGAATACATAG
CTGGCCGCGGCAGACGCGGGGAACTGAAACATCTCAGTACCCGAGGAAGAGAAAGAAA
ACTCGATTCCCATAGTAGCGGCGAGCGAAGTGGGAAAAGCCCAAACCGAGAAGCTTGCT
>ctg03_00032 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg03_00032:1:2417:1
CGACTGTTAACATCCGCACTGGTGCCGGCACCGGCTATGCATCCGTTGGTAGCTATACAC
TCGGTGAAAGTGTGATTTATGATCACGTGTATATCCGTGGCACATATGTTTGGGCGCGTT
ATCTCAGCTACTCAGGCAGGTATCACTATGTTGCGCTAGGCGTAAATGGTGGTGAGAGCT
--More-- (0%)
```

W14-5

スペースキーを1回だけ押して次ページに移動した状態。スペースキーを押し続けると%のところの数値がどんどんあがっていき、100%までいくと最後まで閲覧した状態になって、コマンド入力待ち状態(コマンドプロンプト)となる。途中でやめたい場合は、「qキー」を押すとよい。



```
File Edit View Search Terminal Help
ATGGTTCGCGCAGTTCAAATGCGCAAACCTATTCGCACA
GTGACAGCTTCTGGAGTATTGCCAGCAAGTATGGCATT
ACAACGGAAAATCAATCTACAGCCTGATCTATCCGGGCGAAAGCCTGTATATTAGGTAAC
AACAGCCCTCTGCTCGCTAACGCGGGTGGAGGACTTTTTTAGAACCAAGTAAATTCCT
GTGGATAAGTGGCTTTGTGAAGATTTGCTAGGAACATTGATACAACGGTGTTTTTGTAA
AACCAGATTAGTACCGATTTACGGTTAAAACGTTGTTATATCAGGCATACTATGCCATTT
CACGCTAACTTATCCACAGGGGTTGACATCTAGAATGATATAATATTCATAGAAAGGAGA
GGGAACACATGGATGTCATGAAAATTGCAAATTGTTTTCGCGTCAGGAATTATTCTGATA
TGCAAGTTGATGAGAGTATAGATGAGCTCACTCAGCTAAAGCTGATGAAGCTACTGTATT
TTTCCCAAGGTGTTTTCTCGCCGCATATCATAAGAGATTATTTGATGATCCCATTCTTG
CGTGGAATTATGGTCCGGTGGTCAAACAAGTACATGATAAGTACGTAGGAAAACGTGGAA
TTGTCAATGACAATGTGCCAATTACGAATGCTGACTTGAGCGACTATGAAAATATAAATT
CCGATGAAGAGGCGTCAGCAGTTCTTGAAGCTGTTGATCGTGCCTATGGTTCAATGTCTT
CAAGCGATTTGGTCAACATTACGCACTCGCAAACACCGTGGAAAACGACTCCGCAGAGCG
GCGAAATTAGTACTGATAAAATAGAGAAGTACTTTAAGGATCACGTTGTGACATATGGCT
AAGAAAAAGAAAATTTATATTTCTCAGCCTAGTGTTACAGATCCGGGCGTTTTTTGTCT
AACTCAGTTCGGACAGAGCGGCTCACGTTTAACTTTTCGTTTCTCACAGCTGACAAAAAG
TACTCGATAGCCGGCTTGTCACACGAAGACAGTAAAATCCACAAGAAAATTCTGGAACGA
ATAGAGGCATTGTGAGAGAAGAGATAAAACTCTAGTATTTATTGACGGCAAGGAGTCTGGG
CTGGAGACTTTACCTCAAGAAGAAGTTCATTTTCGATTAATAGCGAGTATATCGATAGT
--More-- (0%)
```


「qキー」を押すと、コマンド入力待ち状態に戻る。

W14-5

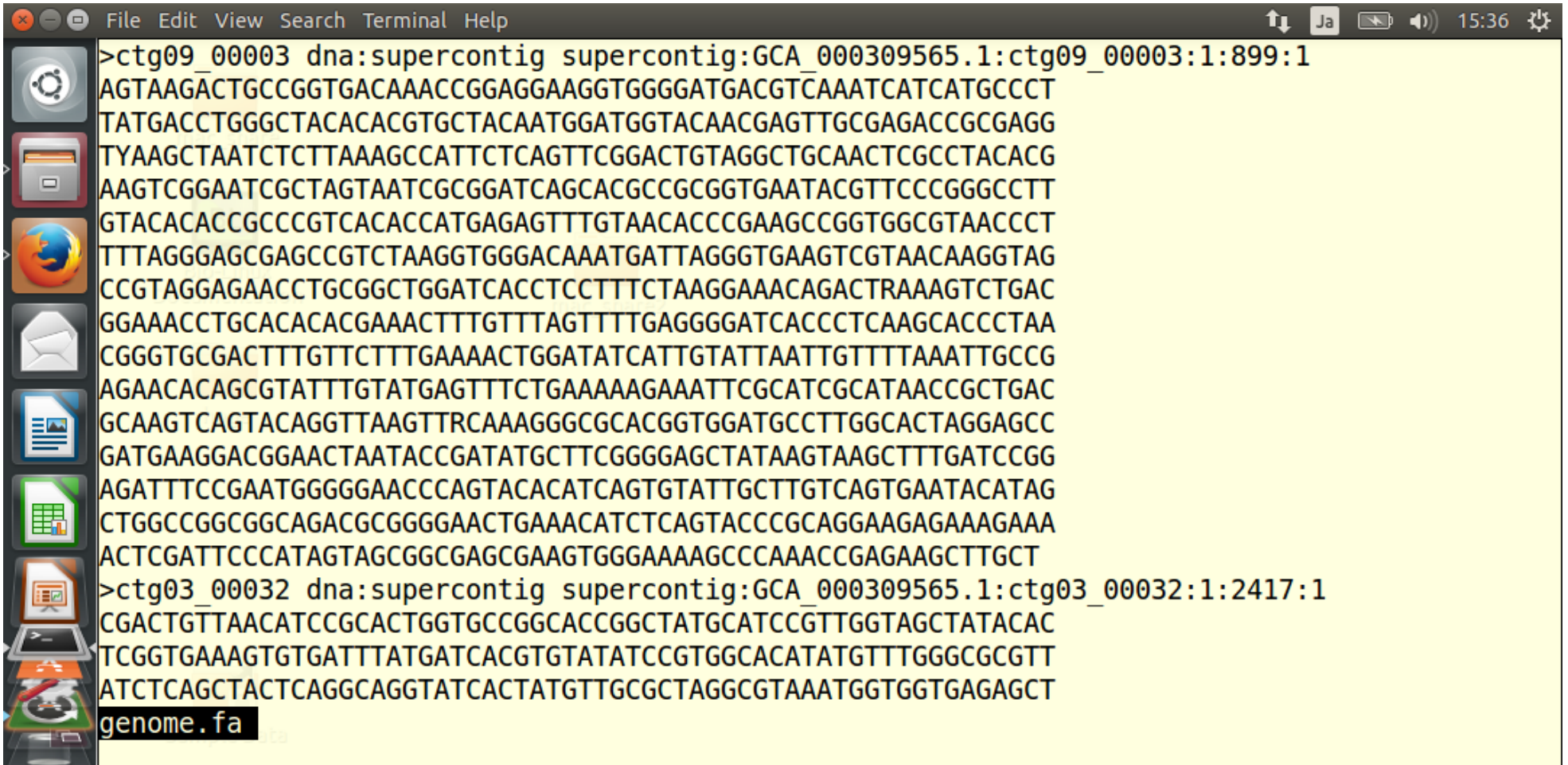


```
File Edit View Search Terminal Help
ATGGTTCGCGCAGTTCAAATGCGCAAACCTATTCGCACACGTAACACAGTCCGCTCTG
GTGACAGCTTCTGGAGTATTGCCAGCAAGTATGGCATTAGCATGTACACGCTGGCTGCCA
ACAACGGAAAATCAATCTACAGCCTGATCTATCCGGGCGAAAGCCTGTATATTAGGTAAC
AACAGCCCTCTGCTCGCTAACGCGGGTGGAGGACTTTTTTAGAACCAAGTAAATTCCT
GTGGATAAGTGGCTTTGTGAAGATTTGCTAGGAACATTGATACAACGGTGTGTTTGTAA
AACCAGATTAGTACCGATTTACGGTTAAAACGTTGTTATATCAGGCATACTATGCCATTT
CACGCTAACTTATCCACAGGGGTTGACATCTAGAATGATATAATATTCATAGAAAGGAGA
GGGAACACATGGATGTCATGAAAATTGCAAATTGTTTTCGCGTCAGGAATTATTCTGATA
TGCAAGTTGATGAGAGTATAGATGAGCTCACTCAGCTAAAGCTGATGAAGCTACTGTATT
TTTCCCAAGGTGTTTTCTCGCCGCATATCATAAGAGATTATTTGATGATCCCATTCTTG
CGTGGAATTATGGTCCGGTGGTCAAACAAGTACATGATAAGTACGTAGGAAAACGTGGAA
TTGTCAATGACAATGTGCCAATTACGAATGCTGACTTGAGCGACTATGAAAATATAAATT
CCGATGAAGAGGCGTCAGCAGTTCTTGAAGCTGTTGATCGTGCCTATGGTTCAATGTCTT
CAAGCGATTTGGTCAACATTACGCACTCGCAAACACCGTGGAAAACGACTCCGCAGAGCG
GCGAAATTAGTACTGATAAAATAGAGAAGTACTTTAAGGATCACGTTGTGACATATGGCT
AAGAAAAAGAAAATTTATATTTCTCAGCCTAGTGTTACAGATCCGGGCGTTTTTTGTCT
AACTCAGTTCGGACAGAGCGGCTCACGTTTAACTTTTCGTTTCTCACAGCTGACAAAAAG
TACTCGATAGCCGGCTTGTACACGAGACAGTAAAATCCACAAGAAAATTCTGGAACGA
ATAGAGGCATTGTCGAGAAGAGATAAACTCTAGTATTTATTGACGGCAAGGAGTCTGGG
CTGGAGACTTTACCTCAAGAAGAAGTTCATTTTCGATTAATAGCGAGTATATCGATAGT
iu@bielinux[hoge] █
```

[3:31午後]

「less genome.fa」実行直後。スペースキーを押すと、次ページに移動。

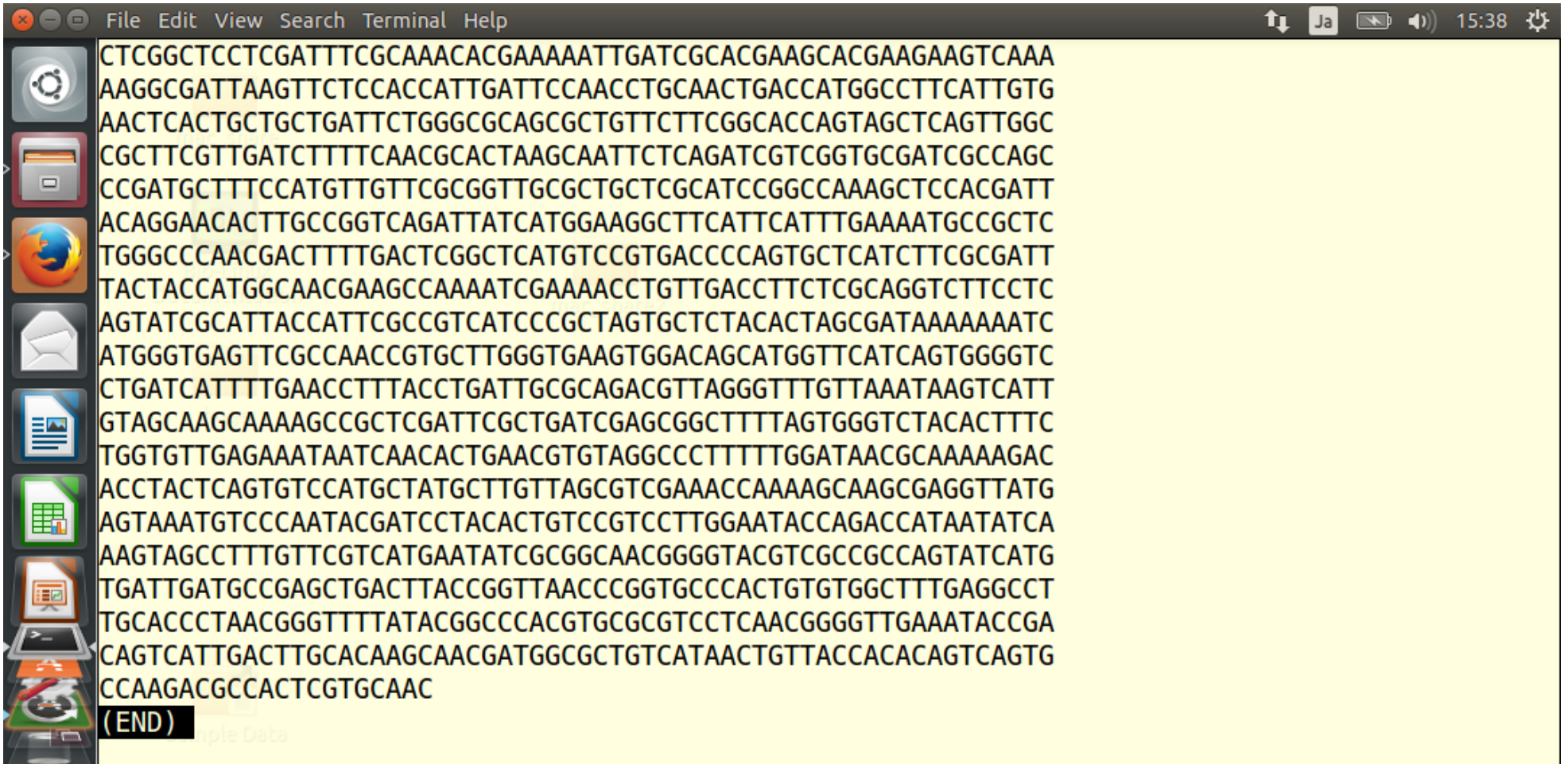
W14-6-1



```
>ctg09_00003 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg09_00003:1:899:1
AGTAAGACTGCCGGTGACAAACCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAATCATCATGCCCT
TATGACCTGGGCTACACACGTGCTACAATGGATGGTACAACGAGTTGCGAGACCGCGAGG
TYAAGCTAATCTCTTAAAGCCATTCTCAGTTCGGACTGTAGGCTGCAACTCGCCTACACG
AAGTCGGAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCACGCCGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTT
GTACACACCGCCCGTCACACCATGAGAGTTTGTAAACCCGAAGCCGGTGGCGTAACCCT
TTTAGGGAGCGAGCCGTCTAAGGTGGGACAAATGATTAGGGTGAAGTCGTAACAAGGTAG
CCGTAGGAGAACCTGCGGCTGGATCACCTCCTTTCTAAGGAAACAGACTRAAAGTCTGAC
GGAAACCTGCACACACGAAACTTTGTTTAGTTTTGAGGGGATCACCTCAAGCACCTAA
CGGGTGCGACTTTGTTCTTTGAAAACCTGGATATCATTGTATTAATTGTTTTAAATTGCCG
AGAACACAGCGTATTTGTATGAGTTTCTGAAAAGAAATTGCATCGCATAACCGCTGAC
GCAAGTCAGTACAGGTTAAGTTRCAAAGGGCGCACGGTGGATGCCTTGGCACTAGGAGCC
GATGAAGGACGGAATAACCGATATGCTTCGGGGAGCTATAAGTAAGCTTTGATCCGG
AGATTTCCGAATGGGGGAACCCAGTACACATCAGTGTATTGCTTGTGAGTGAATACATAG
CTGGCCGGCGGCAGACGCGGGGAACTGAAACATCTCAGTACCCGCAGGAAGAGAAAGAAA
ACTCGATTCCCATAGTAGCGGCGAGCGAAGTGGGAAAAGCCCAAACCGAGAAGCTTGCT
>ctg03_00032 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg03_00032:1:2417:1
CGACTGTTAACATCCGCACTGGTGCCGGCACCGGCTATGCATCCGTTGGTAGCTATACAC
TCGGTGAAAGTGTGATTTATGATCACGTGTATATCCGTGGCACATATGTTTGGGCGCGTT
ATCTCAGCTACTCAGGCAGGTATCACTATGTTGCGCTAGGCGTAAATGGTGGTGAGAGCT
genome . fa
```

「Gキー」を押して、最終ページに移動した状態。
「gキー」を押すと、最初のページに移動する。

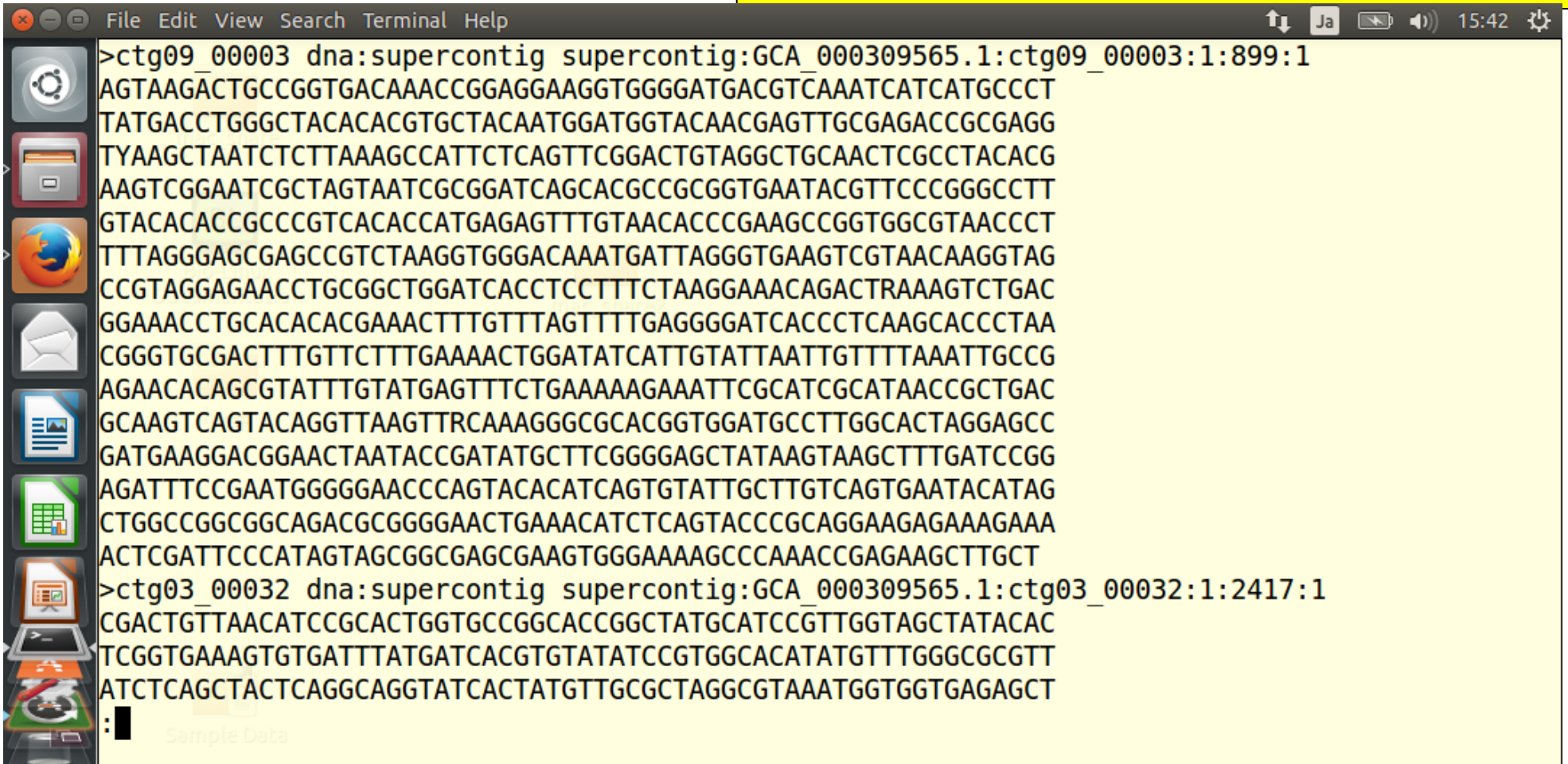
W14-6-1



```
CTCGGCTCCTCGATTTGCAAACACGAAAAATTGATCGCACGAAGCACGAAGAAGTCAA  
AAGGCGATTAAGTTCTCCACCATTGATTCCAACCTGCAACTGACCATGGCCTTCATTGTG  
AACTCACTGCTGCTGATTCTGGGCGCAGCGCTGTTCTTCGGCACCAGTAGCTCAGTTGGC  
CGTTTCGTTGATCTTTTCAACGCACTAAGCAATTCTCAGATCGTCGGTGCGATCGCCAGC  
CCGATGCTTTCCATGTTGTTGCGGGTTGCGCTGCTCGCATCCGGCCAAAGCTCCACGATT  
ACAGGAACACTTGCCGGTCAGATTATCATGGAAGGCTTCATTCATTTGAAAATGCCGCTC  
TGGGCCCAACGACTTTTGA CTGCGCTCATGTCCGTGACCCAGTGCTCATCTTCGCGATT  
TACTACCATGGCAACGAAGCCAAAATCGAAAACCTGTTGACCTTCTCGCAGGTCTTCCTC  
AGTATCGCATTACCATTGCGCGTCATCCCGCTAGTGCTCTACACTAGCGATAAAAAAATC  
ATGGGTGAGTTCGCCAACCGTGCTTGGGTGAAGTGGACAGCATGGTTCATCAGTGGGGTC  
CTGATCATTGTTGAACCTTTACCTGATTGCGCAGACGTTAGGGTTTGTAAATAAGTCATT  
GTAGCAAGCAAAAGCCGCTCGATTGCTGATCGAGCGGCTTTTAGTGGGTCTACACTTTC  
TGGTGTGAGAAATAATCAACACTGAACGTGTAGGCCCTTTTGGATAACGCAAAAAGAC  
ACCTACTCAGTGTCCATGCTATGCTTGTAGCGTCGAAACCAAAGCAAGCGAGGTTATG  
AGTAAATGTCCCAATACGATCCTACACTGTCCGTCCTTGAATACCAGACCATAATATCA  
AAGTAGCCTTTGTTGTCATGAATATCGCGGCAACGGGGTACGTCGCCGCCAGTATCATG  
TGATTGATGCCGAGCTGACTTACCGGTTAACCCGGTGCCCACTGTGTGGCTTTGAGGCCT  
TGCACCCTAACGGGTTTTATACGGCCCACGTGCGCGTCTCAACGGGGTTGAAATACCGA  
CAGTCATTGACTTGACAAAGCAACGATGGCGCTGTCATAACTGTTACCACACAGTCAGTG  
CCAAGACGCCACTCGTGCAAC  
(END)
```


W14-6-1

「gキー」を押して、最初のページに移動した状態。
moreコマンドと同様に、「qキー」を押すとコマンド入力
待ち状態に戻る(がここではやらずに次のスライドへ)。

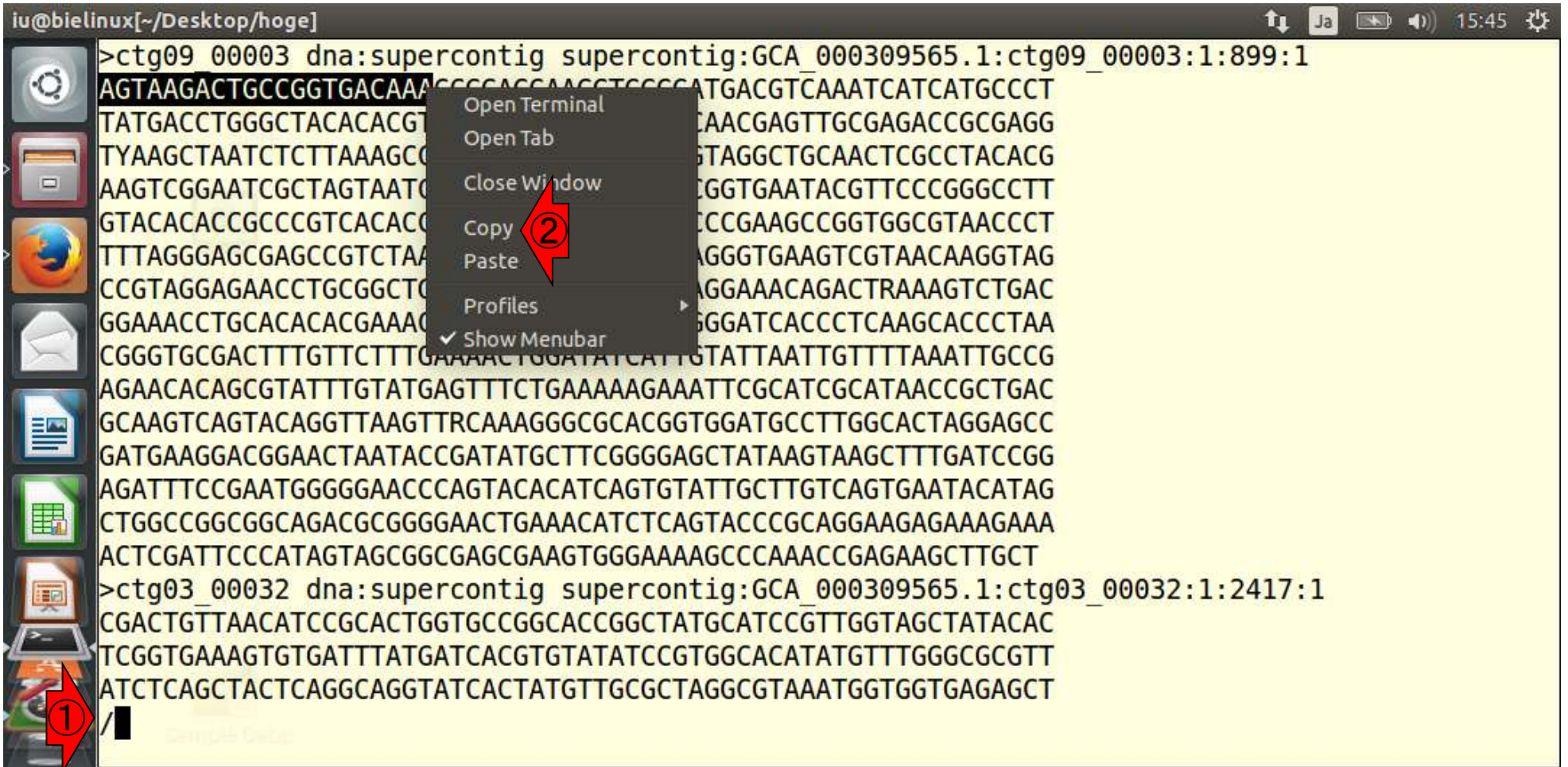


A terminal window with a dark title bar containing 'File Edit View Search Terminal Help'. The window shows two DNA sequence blocks. The first block starts with '>ctg09_00003 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg09_00003:1:899:1' and contains 20 lines of sequence. The second block starts with '>ctg03_00032 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg03_00032:1:2417:1' and contains 5 lines of sequence. The terminal has a vertical sidebar on the left with icons for various applications. The bottom of the terminal shows a cursor and the text 'Sample Data'.

```
>ctg09_00003 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg09_00003:1:899:1
AGTAAGACTGCCGGTGACAAACCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAATCATCATGCCCT
TATGACCTGGGCTACACACGTGCTACAATGGATGGTACAACGAGTTGCGAGACCGCGAGG
TYAAGCTAATCTCTTAAAGCCATTCTCAGTTCGGACTGTAGGCTGCAACTCGCCTACACG
AAGTCGGAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCACGCCGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTT
GTACACACCGCCCGTCACACCATGAGAGTTTGTAAACCCGAAGCCGGTGGCGTAACCCT
TTTAGGGAGCGAGCCGTCTAAGGTGGGACAAATGATTAGGGTGAAGTCGTAACAAGGTAG
CCGTAGGAGAACCTGCGGCTGGATCACCTCCTTTCTAAGGAAACAGACTRAAAGTCTGAC
GGAAACCTGCACACACGAAACTTTGTTTAGTTTTGAGGGGATCACCTCAAGCACCTAA
CGGGTGCGACTTTGTTCTTTGAAAACCTGGATATCATTGTATTAATTGTTTTAAATTGCCG
AGAACACAGCGTATTTGTATGAGTTTCTGAAAAGAAATTGCGATCGCATAACCGCTGAC
GCAAGTCAGTACAGGTTAAGTTRCAAAGGGCGCACGGTGGATGCCTTGGCACTAGGAGCC
GATGAAGGACGGAATAATACCGATATGCTTCGGGGAGCTATAAGTAAGCTTTGATCCGG
AGATTTCCGAATGGGGGAACCCAGTACACATCAGTGTATTGCTTGTGAGTGAATACATAG
CTGGCCGGCGGCAGACGCGGGGAACTGAAACATCTCAGTACCCGCAGGAAGAGAAAGAAA
ACTCGATTCCCATAGTAGCGGCGAGCGAAGTGGGAAAAGCCCAAACCGAGAAGCTTGCT
>ctg03_00032 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg03_00032:1:2417:1
CGACTGTTAACATCCGCACTGGTGCCGGCACCGGCTATGCATCCGTTGGTAGCTATACAC
TCGGTGAAAGTGTGATTTATGATCACGTGTATATCCGTGGCACATATGTTTGGGCGCGTT
ATCTCAGCTACTCAGGCAGGTATCACTATGTTGCGCTAGGCGTAAATGGTGGTGAGAGCT
:
Sample Data
```

W14-6-2

文字列検索。①スラッシュ(/)を打ち込んでから、そこにあることがわかっている文字列を②コピー&ペースト。

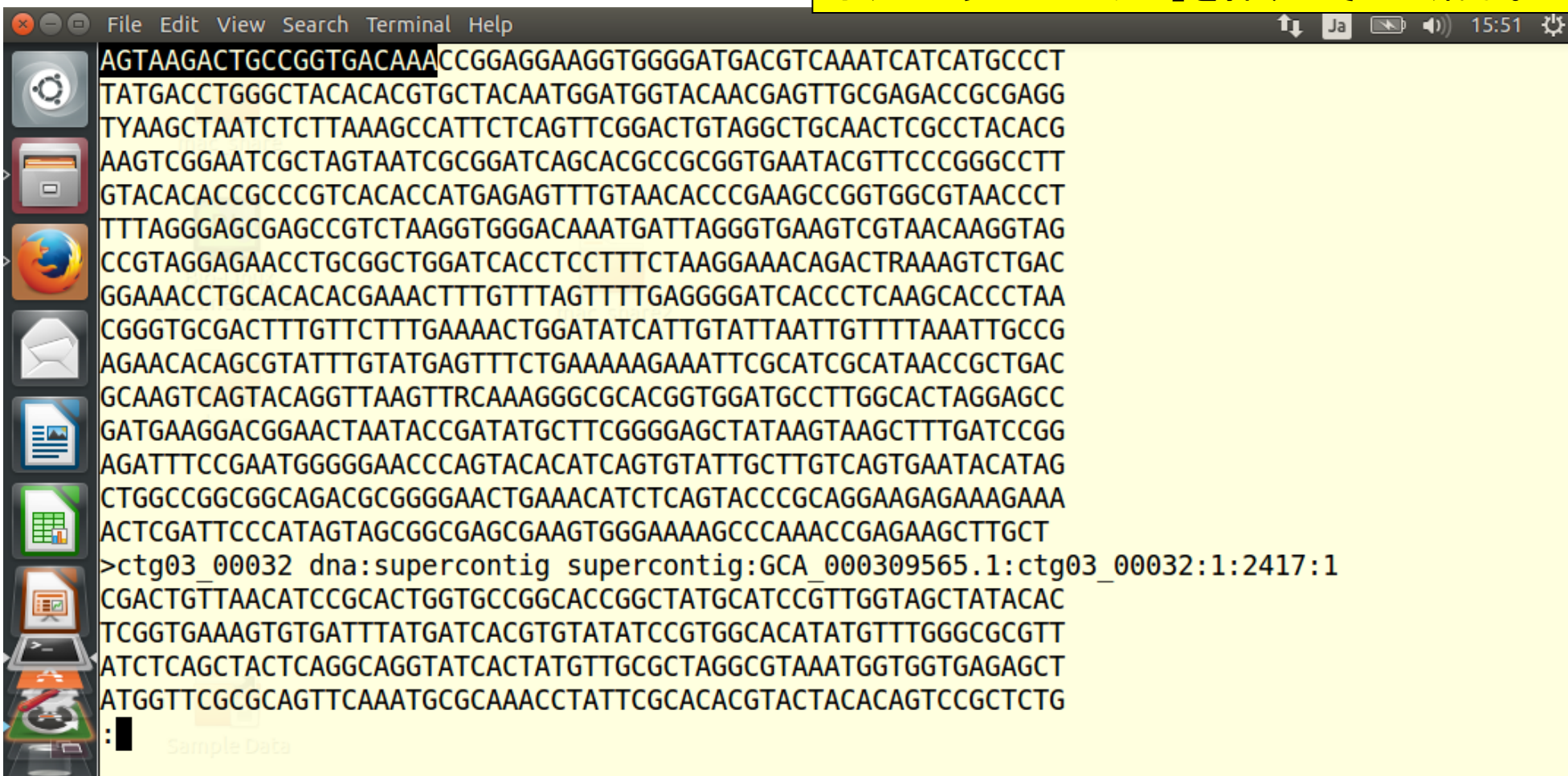


```
iu@bielinux[~/Desktop/hoge]
>ctg09_00003 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg09_00003:1:899:1
AGTAAGACTGCCGGTGACAAACGGGACCAAGCTGGGATGACGTCAAATCATCATGCCCT
TATGACCTGGGCTACACACGTCAACGAGTTGCGAGACCGCGAGG
TYAAGCTAATCTCTTAAAGCCGTAGGCTGCAACTCGCCTACACG
AAGTCGGAATCGCTAGTAATCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTT
GTACACACCGCCCGTCACACCCCGAAGCCGGTGGCGTAACCCT
TTTAGGGAGCGAGCCGTCTAAGGGTGAAGTCGTAACAAGGTAG
CCGTAGGAGAACCTGCGGCTCGGAAACAGACTRAAAGTCTGAC
GGAAACCTGCACACACGAAACGGATCACCCCTCAAGCACCCCTAA
CGGGTGCGACTTTGTTCTTTGAAACCTGGATATCATTGATTAATTGTTTTAAATTGCCG
AGAACACAGCGTATTTGTATGAGTTTCTGAAAAAGAAATTGCGATCGCATAACCGCTGAC
GCAAGTCAGTACAGGTTAAGTTRCAAAGGGCGCACGGTGGATGCCTTGGCACTAGGAGCC
GATGAAGGACGGAACTAATACCGATATGCTTCGGGGAGCTATAAGTAAGCTTTGATCCGG
AGATTTCCGAATGGGGGAACCCAGTACACATCAGTGTATTGCTTGTGAGTGAATACATAG
CTGGCCGGCGGCAGACGCGGGGAACTGAAACATCTCAGTACCCGCGAGGAAGAGAAAGAAA
ACTCGATTCCCATAGTAGCGGCGAGCGAAGTGGGAAAAGCCCAAACCGAGAAGCTTGCT
>ctg03_00032 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg03_00032:1:2417:1
CGACTGTTAACATCCGCACTGGTGCCGGCACCGGCTATGCATCCGTTGGTAGCTATACAC
TCGGTGAAAGTGTGATTTATGATCACGTGTATATCCGTGGCACATATGTTTGGGCGCGTT
ATCTCAGCTACTCAGGCAGGTATCACTATGTTGCGCTAGGCGTAAATGGTGGTGAGAGCT
/
```

The image shows a terminal window with a search for a sequence starting with a slash. A context menu is open over the search results, with the 'Copy' option highlighted by a red arrow labeled '2'. A red arrow labeled '1' points to the terminal prompt where the search was initiated.

W14-6-2

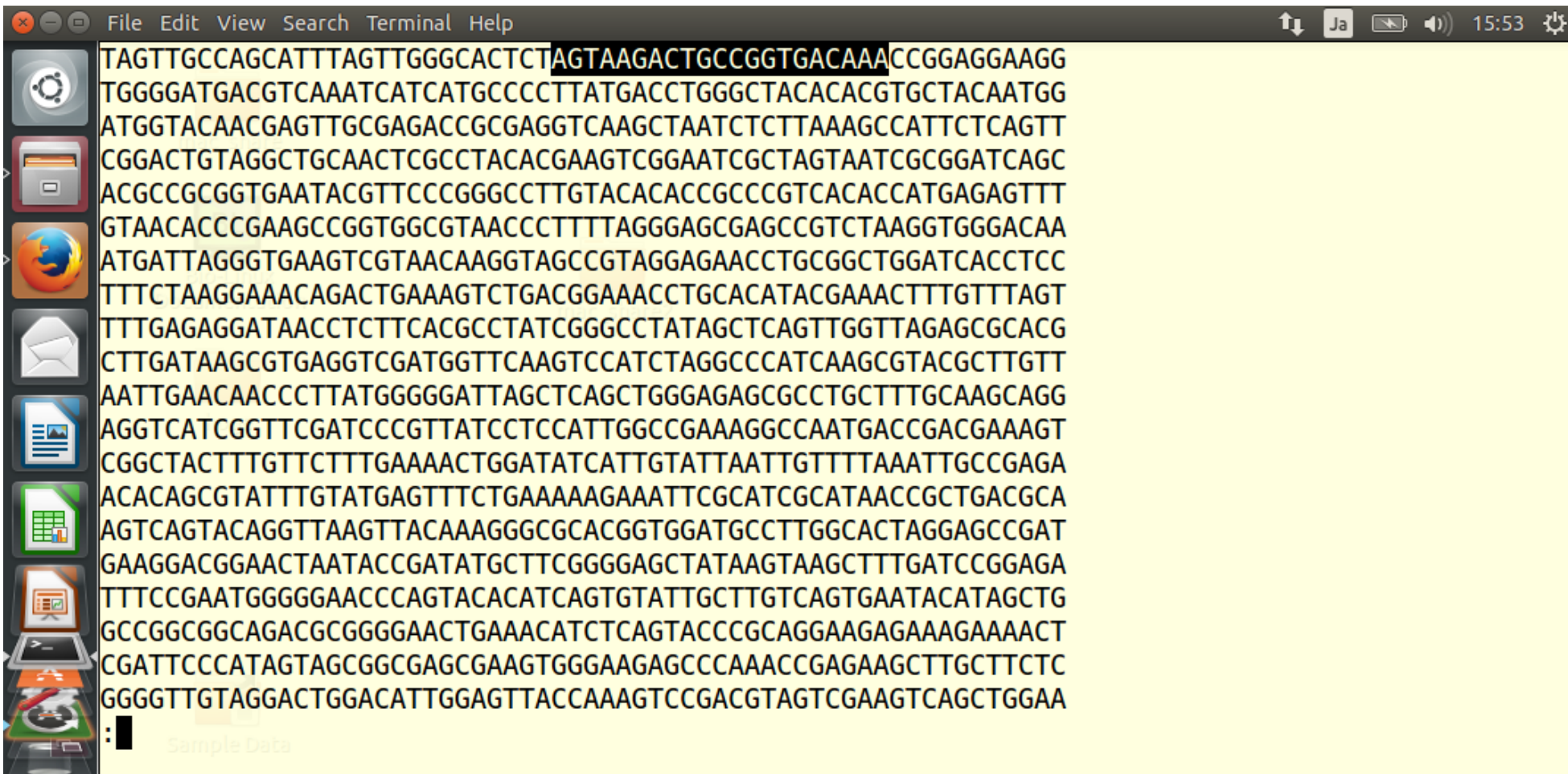
確かにそこが最初にハイライトされるべきところがそうになっていることがわかる。他の箇所にも同じ文字列があれば「nキー」を押すとそこに飛ぶ。



```
AGTAAGACTGCCGGTGACAAACCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAATCATCATGCCCT
TATGACCTGGGCTACACACGTGCTACAATGGATGGTACAACGAGTTGCGAGACCGCGAGG
TYAAGCTAATCTCTTAAAGCCATTCTCAGTTCGGACTGTAGGCTGCAACTCGCCTACACG
AAGTCGGAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCACGCCGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTT
GTACACACCGCCCGTCACACCATGAGAGTTTGTAAACCCGAAGCCGGTGGCGTAACCTT
TTTAGGGAGCGAGCCGTCTAAGGTGGGACAAATGATTAGGGTGAAGTCGTAACAAGGTAG
CCGTAGGAGAACCTGCGGCTGGATCACCTCCTTTCTAAGGAAACAGACTRAAAGTCTGAC
GGAAACCTGCACACACGAAACTTTGTTTAGTTTTGAGGGGATCACCTCAAGCACCTAA
CGGGTGCGACTTTGTTCTTTGAAAACCTGGATATCATTGTATTAATTGTTTTAAATTGCCG
AGAACACAGCGTATTTGTATGAGTTTCTGAAAAGAAATTCGCATCGCATAACCGCTGAC
GCAAGTCAGTACAGTTAAGTTRCAAAGGGCGCACGGTGGATGCCTTGGCACTAGGAGCC
GATGAAGGACGGAACATAACCGATATGCTTCGGGGAGCTATAAGTAAGCTTTGATCCGG
AGATTTCCGAATGGGGGAACCCAGTACACATCAGTGTATTGCTTGTCAGTGAATACATAG
CTGGCCGGCGGCAGACGCGGGGAACTGAAACATCTCAGTACCCGCAGGAAGAGAAAGAAA
ACTCGATTCCCATAGTAGCGGCGAGCGAAGTGGGAAAAGCCCAAACCGAGAAGCTTGCT
>ctg03_00032 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg03_00032:1:2417:1
CGACTGTTAACATCCGCACTGGTGCCGGCACCGGCTATGCATCCGTTGGTAGCTATACAC
TCGGTGAAAGTGTGATTTATGATCACGTGTATATCCGTGGCACATATGTTTGGGCGCGTT
ATCTCAGCTACTCAGGCAGGTATCACTATGTTGCGCTAGGCGTAAATGGTGGTGAGAGCT
ATGGTTCGCGCAGTTCAAATGCGCAAACCTATTCGCACACGTAACACAGTCCGCTCTG
:█
```

Sample Data

W14-6-2



A terminal window displaying a DNA sequence search. The window title is "Terminal" and it includes standard menu items (File, Edit, View, Search, Terminal, Help) and system icons (language set to Ja, battery, volume, time 15:53). The terminal content shows a long DNA sequence with a specific segment highlighted in black. The highlighted segment is "AGTAAGACTGCCGGTGACAAA". Below the sequence, there is a prompt character ":" followed by the text "Sample Data".

```
File Edit View Search Terminal Help
TAGTTGCCAGCATTAGTTGGGCACTCTAGTAAGACTGCCGGTGACAAA CCGGAGGAAGG
TGGGGATGACGTCAAATCATCATGCCCTTATGACCTGGGCTACACACGTGCTACAATGG
ATGGTACAACGAGTTGCGAGACCGCGAGGTCAAGCTAATCTCTTAAAGCCATTCTCAGTT
CGGACTGTAGGCTGCAACTCGCCTACACGAAGTCGGAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGC
ACGCCGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTGTACACACCGCCGTCACACCATGAGAGTTT
GTAACACCCGAAGCCGGTGGCGTAACCCTTTAGGGAGCGAGCCGTCTAAGGTGGGACAA
ATGATTAGGGTGAAGTCGTAACAAGGTAGCCGTAGGAGAACCTGCGGCTGGATCACCTCC
TTTCTAAGGAAACAGACTGAAAGTCTGACGGAAACCTGCACATACGAAACTTTGTTTAGT
TTTGAGAGGATAACCTCTTCACGCCTATCGGGCCTATAGCTCAGTTGGTTAGAGCGCACG
CTTGATAAGCGTGAGGTCGATGGTTC AAGTCCATCTAGGCCATCAAGCGTACGCTTGTT
AATTGAACAACCCTTATGGGGGATTAGCTCAGCTGGGAGAGCGCCTGCTTTGCAAGCAGG
AGGTCATCGGTTGATCCCGTTATCCTCCATTGGCCGAAAGGCCAATGACCGACGAAAGT
CGGCTACTTTGTTCTTTGAAAACCTGGATATCATTGTATTAATTGTTTTAAATTGCCGAGA
ACACAGCGTATTTGTATGAGTTTCTGAAAAAGAAATTCGCATCGCATAACCGCTGACGCA
AGTCAGTACAGGTTAAGTTACAAAGGGCGCACGGTGGATGCCTTGGCACTAGGAGCCGAT
GAAGGACGGAAC TAATACCGATATGCTTCGGGGAGCTATAAGTAAGCTTTGATCCGGAGA
TTTCCGAATGGGGGAACCCAGTACACATCAGTGTATTGCTTGTCAGTGAATACATAGCTG
GCCGGCGGCAGACGCGGGGAACTGAAACATCTCAGTACCCGCAGGAAGAGAAAGAAAAC
CGATTCCCATAGTAGCGGCGAGCGAAGTGGGAAGAGCCCAAACCGAGAAGCTTGCTTCTC
GGGTTGTAGGACTGGACATTGGAGTTACCAAAGTCCGACGTAGTCGAAGTCAGCTGGAA
:
Sample Data
```

W14-6-2

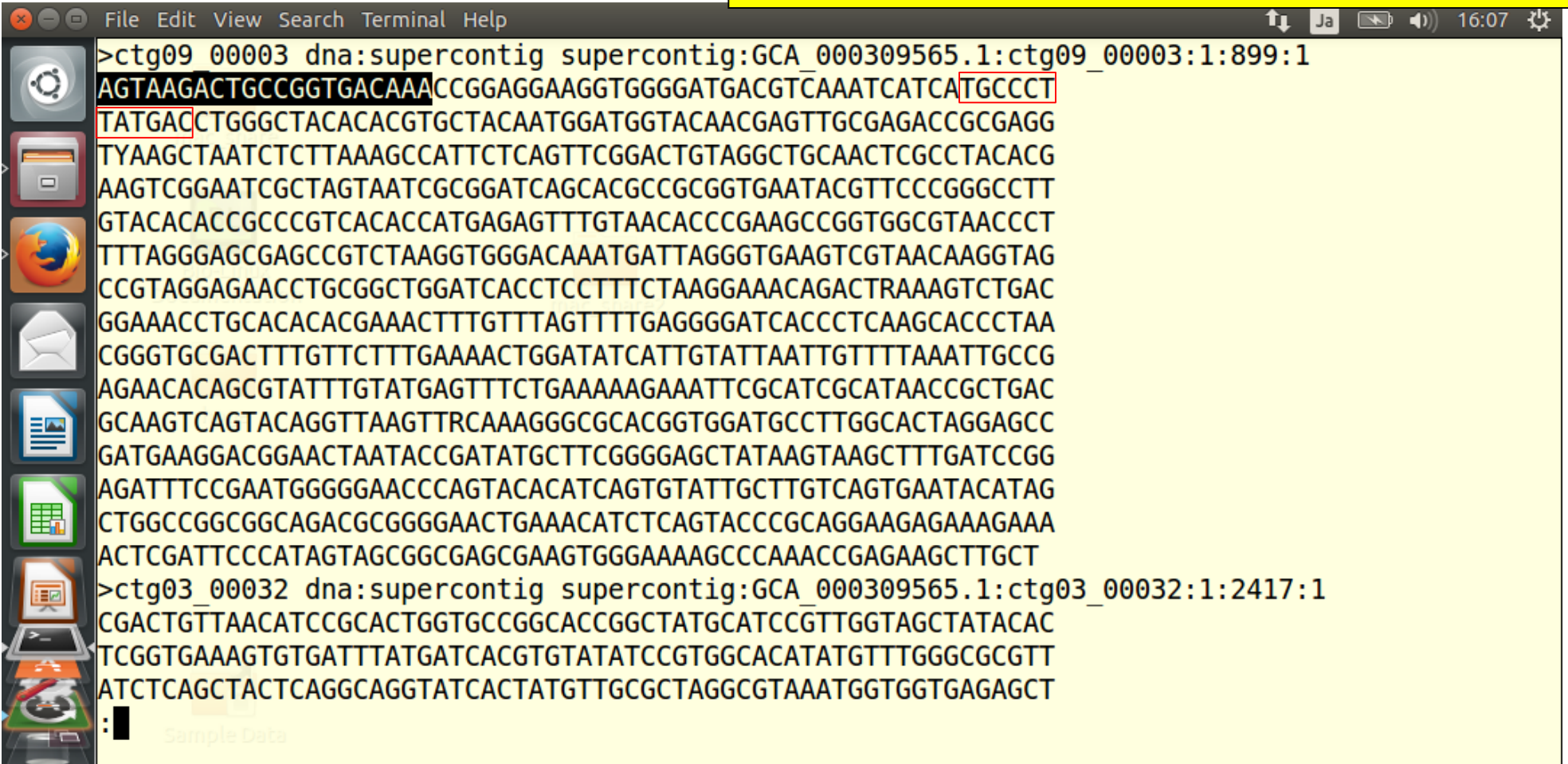
もう1回「nキー」を押すと、もう一致箇所はないというメッセージが出る。いわれるがままにリターンキーを押すと、lessコマンドの中の命令実行待ち状態(:)になる。



```
File Edit View Search Terminal Help
TAGTTGCCAGCATTTAGTTGGGCACTCTAGTAAGACTGCCGGTGACAAAACCGGAGGAAGG
TGGGGATGACGTCAAATCATCATGCCCCCTTATGACCTGGGCTACACACGTGCTACAATGG
ATGGTACAACGAGTTGCGAGACCGCGAGGTCAAGCTAATCTCTTAAAGCCATTCTCAGTT
CGGACTGTAGGCTGCAACTCGCCTACACGAAGTCGGAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGC
ACGCCGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTGTACACACCGCCCGTCACACCATGAGAGTTT
GTAACACCCGAAGCCGGTGGCGTAACCCTTTTAGGGAGCGAGCCGTCTAAGGTGGGACAA
ATGATTAGGGTGAAGTCGTAACAAGGTAGCCGTAGGAGAACCTGCGGCTGGATCACCTCC
TTTCTAAGGAAACAGACTGAAAGTCTGACGGAAACCTGCACATACGAAACTTTGTTTAGT
TTTGAGAGGATAACCTCTTCACGCCTATCGGGCCTATAGCTCAGTTGGTTAGAGCGCACG
CTTGATAAGCGTGAGGTCGATGGTTC AAGTCCATCTAGGCCATCAAGCGTACGCTTGTT
AATTGAACAACCCTTATGGGGGATTAGCTCAGCTGGGAGAGCGCCTGCTTTGCAAGCAGG
AGGTCATCGGTTGATCCCGTTATCCTCCATTGGCCGAAAGGCCAATGACCGACGAAAGT
CGGCTACTTTGTTCTTTGAAAACCTGGATATCATTGTATTAATTGTTTTAAATTGCCGAGA
ACACAGCGTATTTGTATGAGTTTCTGAAAAAGAAATTGCGATCGCATAACCGCTGACGCA
AGTCAGTACAGGTTAAGTTACAAAGGGCGCACGGTGGATGCCTTGGCACTAGGAGCCGAT
GAAGGACGGAAC TAATACCGATATGCTTCGGGGAGCTATAAGTAAGCTTTGATCCGGAGA
TTTCCGAATGGGGGAACCCAGTACACATCAGTGTATTGCTTGTCAGTGAATACATAGCTG
GCCGGCGGCAGACGCGGGGAACTGAAACATCTCAGTACCCGCAGGAAGAGAAAAGAAACT
CGATTCCCATAGTAGCGGCGAGCGAAGTGGGAAGAGCCCAAACCGAGAAGCTTGCTTCTC
GGGTTGTAGGACTGGACATTGGAGTTACCAAAGTCCGACGTAGTCGAAGTCAGCTGGAA
Pattern not found (press RETURN)
```

W14-6-3

lessコマンドの中の命令実行待ち状態(:)で、「gキー」を押して先頭ページに移動した状態。次は、行をまたがる文字列検索がうまくいかない例を紹介。



```
File Edit View Search Terminal Help 16:07
>ctg09_00003 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg09_00003:1:899:1
AGTAAGACTGCCGGTGACAAA CCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAATCATCATGCCCT
TATGAC CTGGGCTACACACGTGCTACAATGGATGGTACAACGAGTTGCGAGACCGCGAGG
TYAAGCTAATCTCTTAAAGCCATTCTCAGTTCGGACTGTAGGCTGCAACTCGCCTACACG
AAGTCGGAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCACGCCGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTT
GTACACACCGCCCGTCACACCATGAGAGTTTGTAAACCCGAAGCCGGTGGCGTAACCCT
TTTAGGGAGCGAGCCGTCTAAGGTGGGACAAATGATTAGGGTGAAGTCGTAACAAGGTAG
CCGTAGGAGAACCTGCGGCTGGATCACCTCCTTTCTAAGGAAACAGACTRAAAGTCTGAC
GGAAACCTGCACACACGAAACTTTGTTTAGTTTTGAGGGGATCACCTCAAGCACCTAA
CGGGTGCGACTTTGTTCTTTGAAAACCTGGATATCATTGTATTAATTGTTTTAAATTGCCG
AGAACACAGCGTATTTGTATGAGTTTCTGAAAAGAAATTGCGATCGCATAACCGCTGAC
GCAAGTCAGTACAGGTTAAGTTRCAAAGGGCGCACGGTGGATGCCTTGGCACTAGGAGCC
GATGAAGGACGGAATAACCGATATGCTTCGGGGAGCTATAAGTAAGCTTTGATCCGG
AGATTTCCGAATGGGGGAACCCAGTACACATCAGTGTATTGCTTGTGAGTGAATACATAG
CTGGCCGCGGCAGACGCGGGGAACTGAAACATCTCAGTACCCGCAGGAAGAGAAAGAAA
ACTCGATTCCCATAGTAGCGGCGAGCGAAGTGGGAAAAGCCCAAACCGAGAAGCTTGCT
>ctg03_00032 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg03_00032:1:2417:1
CGACTGTTAACATCCGCACTGGTGCCGGCACCGGCTATGCATCCGTTGGTAGCTATACAC
TCGGTGAAAGTGTGATTTATGATCACGTGTATATCCGTGGCACATATGTTTGGGCGCGTT
ATCTCAGCTACTCAGGCAGGTATCACTATGTTGCGCTAGGCGTAAATGGTGGTGAGAGCT
:
Sample Data
```


W14-6-3

```
File Edit View Search Terminal Help 16:20
>ctg09_00003 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg09_00003:1:899:1
AGTAAGACTGCCGGTGACAAA CCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAATCATCATGCCCT
TATGAC CTGGGCTACACACGTGCTACAATGGATGGTACAACGAGTTGCGAGACCGCGAGG
TYAAGCTAATCTCTTAAAGCCATTCTCAGTTCGGACTGTAGGCTGCAACTCGCCTACACG
AAGTCGGAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCACGCCGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTT
GTACACACCGCCCGTCACACCATGAGAGTTTGTAAACCCGAAGCCGGTGGCGTAACCCT
TTTAGGGAGCGAGCCGTCTAAGGTGGGACAAATGATTAGGGTGAAGTCGTAACAAGGTAG
CCGTAGGAGAACCTGCGGCTGGATCACCTCCTTTCTAAGGAAACAGACTRAAAGTCTGAC
GGAAACCTGCACACACGAAACTTTGTTTAGTTTTGAGGGGATCACCTCAAGCACCTAA
CGGGTGCGACTTTGTTCTTTGAAAACCTGGATATCATTGTATTAATTGTTTTAAATTGCCG
AGAACACAGCGTATTTGTATGAGTTTCTGAAAAGAAATTGCATCGCATAACCGCTGAC
GCAAGTCAGTACAGGTTAAGTTRCAAAGGGCGCACGGTGGATGCCTTGGCACTAGGAGCC
GATGAAGGACGGAATAATACCGATATGCTTCGGGGAGCTATAAGTAAGCTTTGATCCGG
AGATTTCCGAATGGGGGAACCCAGTACACATCAGTGTATTGCTTGTGAGTGAATACATAG
CTGGCCGCGGCAGACGCGGGGAACTGAAACATCTCAGTACCCGCAGGAAGAGAAAGAAA
ACTCGATTCCCATAGTAGCGGCGAGCGAAGTGGGAAAAGCCCAAACCGAGAAGCTTGCT
>ctg03_00032 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg03_00032:1:2417:1
CGACTGTTAACATCCGCACTGGTGCCGGCACCGGCTATGCATCCGTTGGTAGCTATACAC
TCGGTGAAAGTGTGATTTATGATCACGTGTATATCCGTGGCACATATGTTTGGGCGCGTT
ATCTCAGCTACTCAGGCAGGTATCACTATGTTGCGCTAGGCGTAAATGGTGGTGAGAGCT
/TGCCCTTATGAC
```

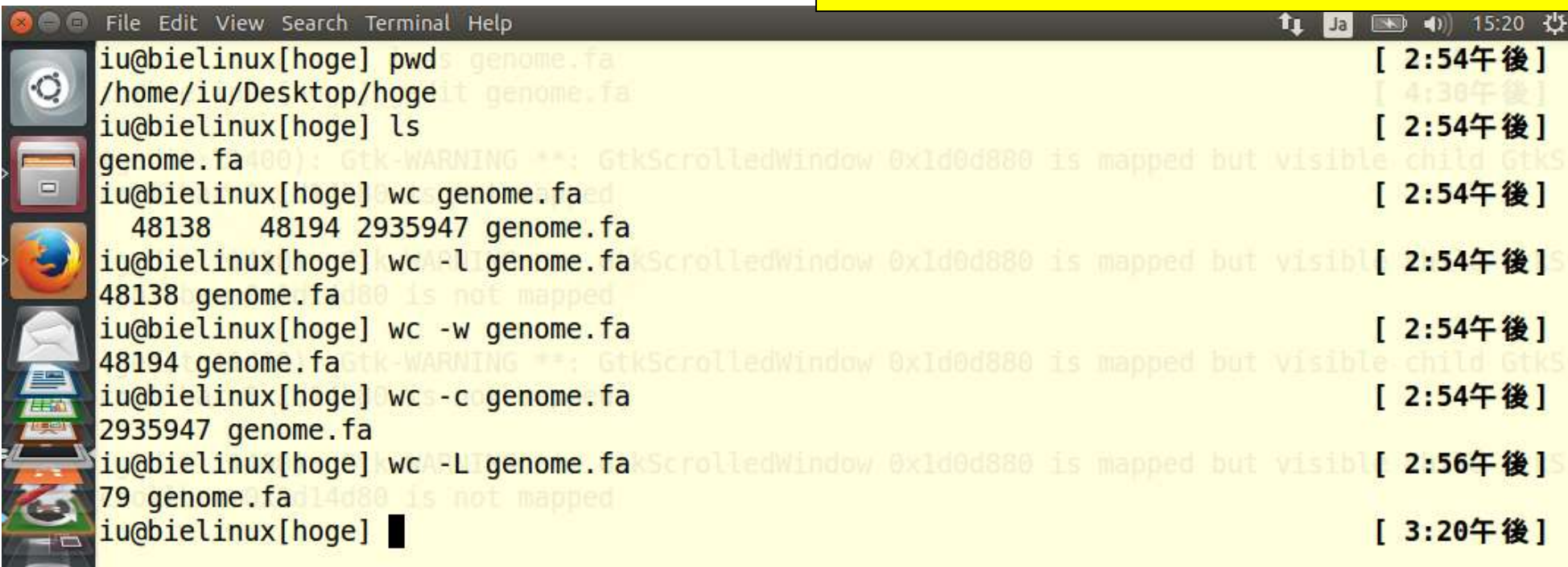
W14-6-3

確かに行をまたがる文字列検索がうまくいかないことがわかります。「リターンキー」を押した後に、「qキー」を押すと、コマンド入力待ち状態に戻る。

```
File Edit View Search Terminal Help
>ctg09_00003 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg09_00003:1:899:1
AGTAAGACTGCCGGTGACAAACCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAATCATCATGCCCT
TATGACCTGGGCTACACACGTGCTACAATGGATGGTACAACGAGTTGCGAGACCGCGAGG
TYAAGCTAATCTCTTAAAGCCATTCTCAGTTCGGACTGTAGGCTGCAACTCGCCTACACG
AAGTCGGAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCACGCCGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTT
GTACACACCGCCCGTCACACCATGAGAGTTTGTAAACCCGAAGCCGGTGGCGTAACCCT
TTTAGGGAGCGAGCCGTCTAAGGTGGGACAAATGATTAGGGTGAAGTCGTAACAAGGTAG
CCGTAGGAGAACCTGCGGCTGGATCACCTCCTTTCTAAGGAAACAGACTRAAAGTCTGAC
GGAAACCTGCACACACGAAACTTTGTTTAGTTTTGAGGGGATCACCTCAAGCACCTAA
CGGGTGCGACTTTGTTCTTTGAAAACCTGGATATCATTGTATTAATTGTTTTAAATTGCCG
AGAACACAGCGTATTTGTATGAGTTTCTGAAAAGAAATTGCGATCGCATAACCGCTGAC
GCAAGTCAGTACAGGTTAAGTTRCAAAGGGCGCACGGTGGATGCCTTGGCACTAGGAGCC
GATGAAGGACGGAATAACCGATATGCTTCGGGGAGCTATAAGTAAGCTTTGATCCGG
AGATTTCCGAATGGGGGAACCCAGTACACATCAGTGTATTGCTTGTGAGTGAATACATAG
CTGGCCGGCGGCAGACGCGGGGAACTGAAACATCTCAGTACCCGAGGAAGAGAAAGAAA
ACTCGATTCCCATAGTAGCGGCGAGCGAAGTGGGAAAAGCCCAAACCGAGAAGCTTGCT
>ctg03_00032 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg03_00032:1:2417:1
CGACTGTTAACATCCGCACTGGTGCCGGCACCGGCTATGCATCCGTTGGTAGCTATACAC
TCGGTGAAAGTGTGATTTATGATCACGTGTATATCCGTGGCACATATGTTTGGGCGCGTT
ATCTCAGCTACTCAGGCAGGTATCACTATGTTGCGCTAGGCGTAAATGGTGGTGAGAGCT
Pattern not found (press RETURN)
```

W15-1

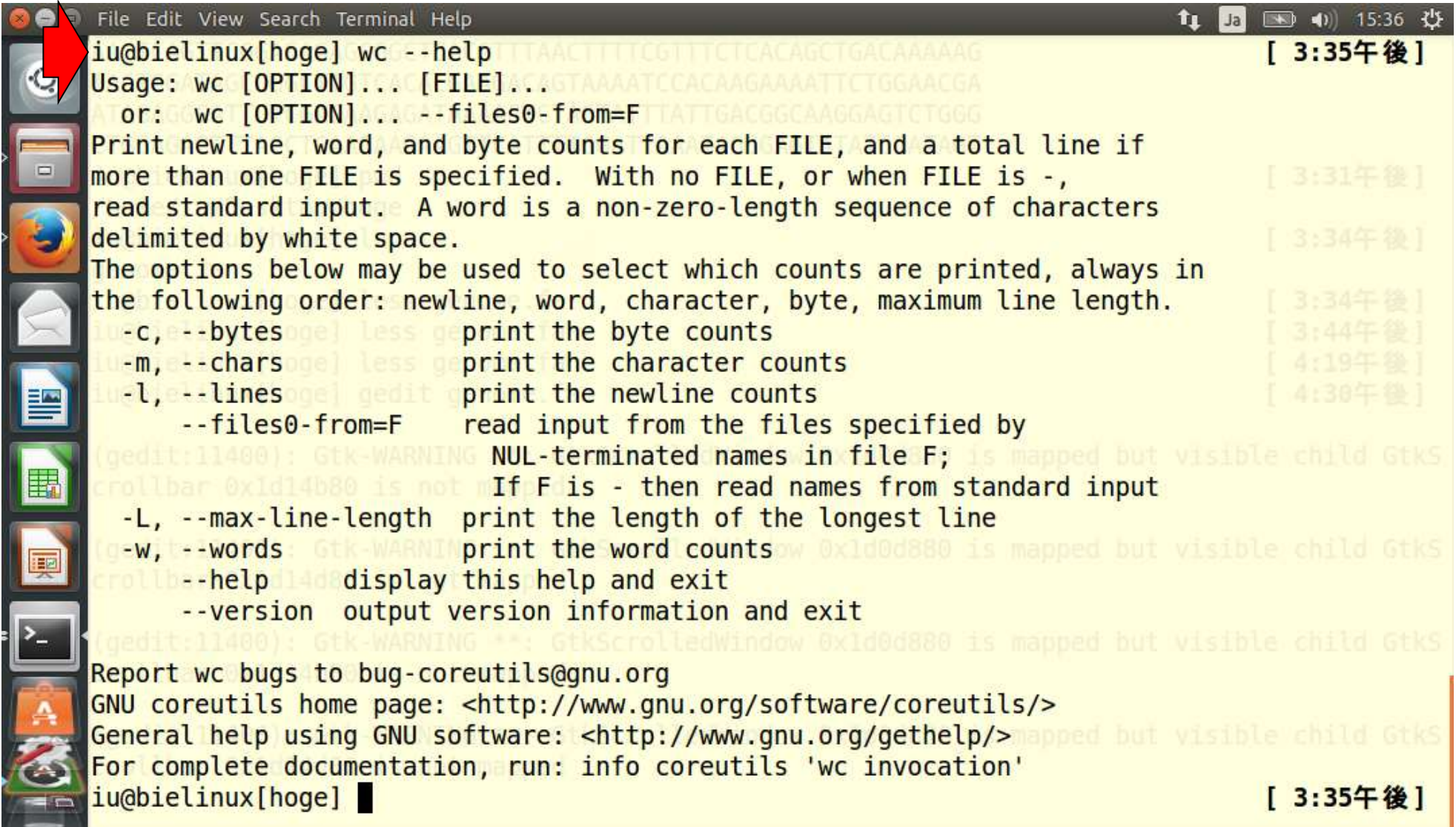
オプションを駆使することで様々な結果を得ることができる。「-L」オプションは、ファイル中で最も長い行の(スペースなどを含む)文字数を返す。



```
iu@bielinux[hoge] pwd /home/iu/Desktop/hoge [ 2:54午後 ]
iu@bielinux[hoge] ls genome.fa [ 2:54午後 ]
iu@bielinux[hoge] wc genome.fa [ 2:54午後 ]
48138 48194 2935947 genome.fa
iu@bielinux[hoge] wc -l genome.fa [ 2:54午後 ]
48138 genome.fa
iu@bielinux[hoge] wc -w genome.fa [ 2:54午後 ]
48194 genome.fa
iu@bielinux[hoge] wc -c genome.fa [ 2:54午後 ]
2935947 genome.fa
iu@bielinux[hoge] wc -L genome.fa [ 2:56午後 ]
79 genome.fa
iu@bielinux[hoge] [ 3:20午後 ]
```


W15-2

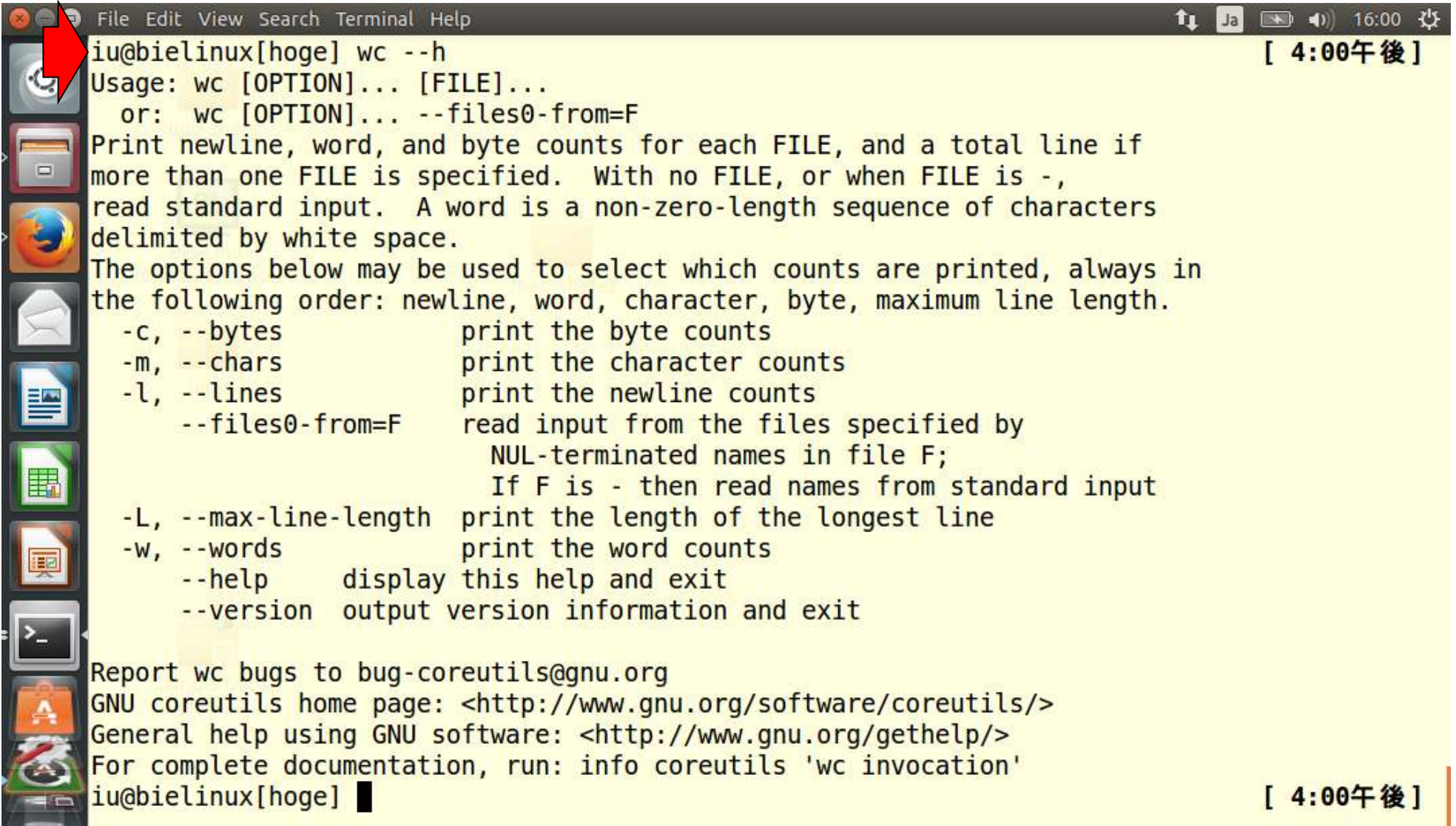
「wc --help」で、利用可能なオプションやその説明を見ることができる。



```
iu@bielinux[hoge] wc --help
Usage: wc [OPTION]... [FILE]...
  or: wc [OPTION]... --files0-from=F
Print newline, word, and byte counts for each FILE, and a total line if
more than one FILE is specified.  With no FILE, or when FILE is -,
read standard input.  A word is a non-zero-length sequence of characters
delimited by white space.
The options below may be used to select which counts are printed, always in
the following order: newline, word, character, byte, maximum line length.
  -c, --bytes          print the byte counts
  -m, --chars          print the character counts
  -l, --lines          print the newline counts
      --files0-from=F  read input from the files specified by
                        NUL-terminated names in file F;
                        If F is - then read names from standard input
  -L, --max-line-length  print the length of the longest line
  -w, --words          print the word counts
      --help           display this help and exit
      --version        output version information and exit

Report wc bugs to bug-coreutils@gnu.org
GNU coreutils home page: <http://www.gnu.org/software/coreutils/>
General help using GNU software: <http://www.gnu.org/gethelp/>
For complete documentation, run: info coreutils 'wc invocation'
iu@bielinux[hoge]
```

W15-2



```
iu@bielinux[hoge] wc --h
Usage: wc [OPTION]... [FILE]...
  or: wc [OPTION]... --files0-from=F
Print newline, word, and byte counts for each FILE, and a total line if
more than one FILE is specified.  With no FILE, or when FILE is -,
read standard input.  A word is a non-zero-length sequence of characters
delimited by white space.
The options below may be used to select which counts are printed, always in
the following order: newline, word, character, byte, maximum line length.
  -c, --bytes          print the byte counts
  -m, --chars          print the character counts
  -l, --lines          print the newline counts
  --files0-from=F      read input from the files specified by
                        NUL-terminated names in file F;
                        If F is - then read names from standard input
  -L, --max-line-length print the length of the longest line
  -w, --words          print the word counts
  --help              display this help and exit
  --version           output version information and exit

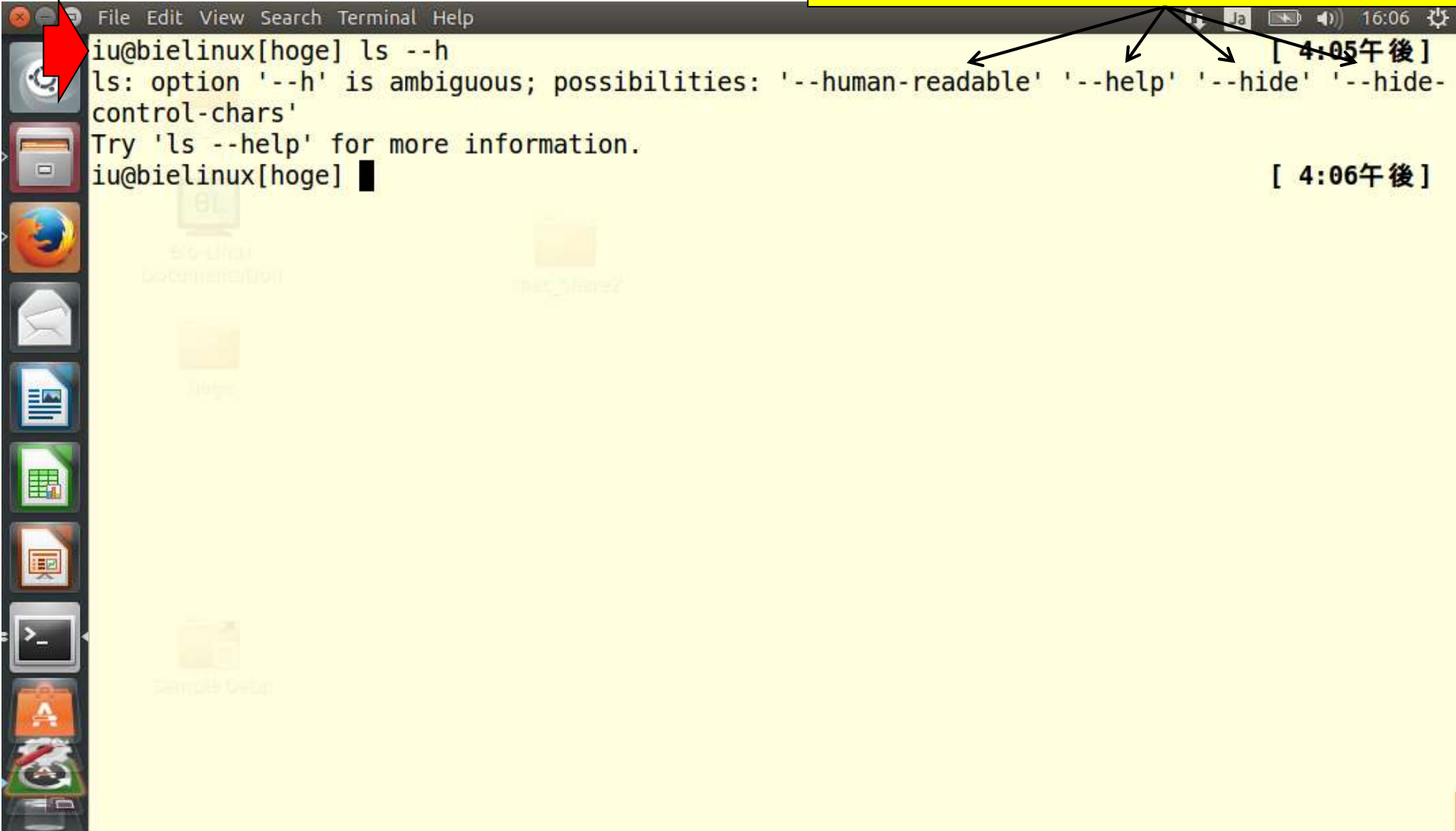
Report wc bugs to bug-coreutils@gnu.org
GNU coreutils home page: <http://www.gnu.org/software/coreutils/>
General help using GNU software: <http://www.gnu.org/gethelp/>
For complete documentation, run: info coreutils 'wc invocation'
iu@bielinux[hoge] █
```

[4:00午後]

[4:00午後]

W15-2

lsコマンドは「--h」はだめ。理由は「--h」から始まる複数のオプションが存在するので、--hだけだと曖昧(ambiguous)だと叱られる。



```
iu@bielinux[hoge] ls --h
ls: option '--h' is ambiguous; possibilities: '--human-readable' '--help' '--hide' '--hide-control-chars'
Try 'ls --help' for more information.
iu@bielinux[hoge] █
```

[4:05午後]

[4:06午後]

W15-3

「man wc」実行直後の状態。詳細なマニュアルを見ることができる。使い方はmoreやlessコマンドと同じ。マニュアル表示画面からの脱出は「qキー」。

```
WC(1) User Commands WC(1)
NAME
wc - print newline, word, and byte counts for each file
SYNOPSIS
wc [OPTION]... [FILE]...
wc [OPTION]... --files0-from=F
DESCRIPTION
Print newline, word, and byte counts for each FILE, and a total line if more than
one FILE is specified. With no FILE, or when FILE is -, read standard input. A
word is a non-zero-length sequence of characters delimited by white space. The
options below may be used to select which counts are printed, always in the fol-
lowing order: newline, word, character, byte, maximum line length.

-c, --bytes
    print the byte counts

-m, --chars
    print the character counts

-l, --lines
    print the newline counts

Manual page wc(1) line 1 (press h for help or q to quit)
```



図5. コマンドプロンプトでの作業例。① cd コマンドを用いた作業ディレクトリの変更、② rename コマンドを用いたファイル名の変更、③ find コマンドを用いた ">" を含む行数のカウント。

ノ酸配列) を1文字表記で記述したものである。FASTQ形式と同様、NGS解析分野においても比較的良好に用いられるファイル形式である。grep は、文字列検索コマンドである。FASTA形式ファイルである genome.fa を読み込んで、">" から始まる description 行を抽出し、出力を行数表示にする -c オプションを与えているため、結果が28(行)と返される。行数表示の -c オプションをつけなかった場合、つまり「grep ">" genome.fa」を実行すると、description 情報がそのまま表示される [ウェブ資料21]。grep は応用範囲の極めて広い非常に強力なコマンドである。例えば、アノテーションファイルから特定の染色体名を含む行のみを抽出したり、grep 出力結果をパイプでつないで他のコマンドで処理する作業が実際に行われる。ま

find コマンドは存在し、(文字列検索ではなく) ファイルやディレクトリの検索機能をもつ。NGS解析は、Winのコマンドプロンプト環境ではなく Linux 環境で行うのが一般的である。バイオインフォ業界では、文字列検索することを「grep する」といい、通常「find する」はファイルやディレクトリ検索のことを指す。つまり、一般にコマンド名で会話が成立するのは Linux コマンドのみである。

Bio-Linux の導入

連載第2回は、WinのコマンドプロンプトおよびMacのターミナルという通常利用PC環境を用いて、GUI環境とコマンドライン環境の見栄えの違い、およびWinと

http://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/JSLAB_2_kadota.pdf

W16-1

PDFファイル中のコマンドをコピーして実行しようとしてもうまくいかない場合がある。これは連載第2回のPDFファイル。反転部分をコピー。

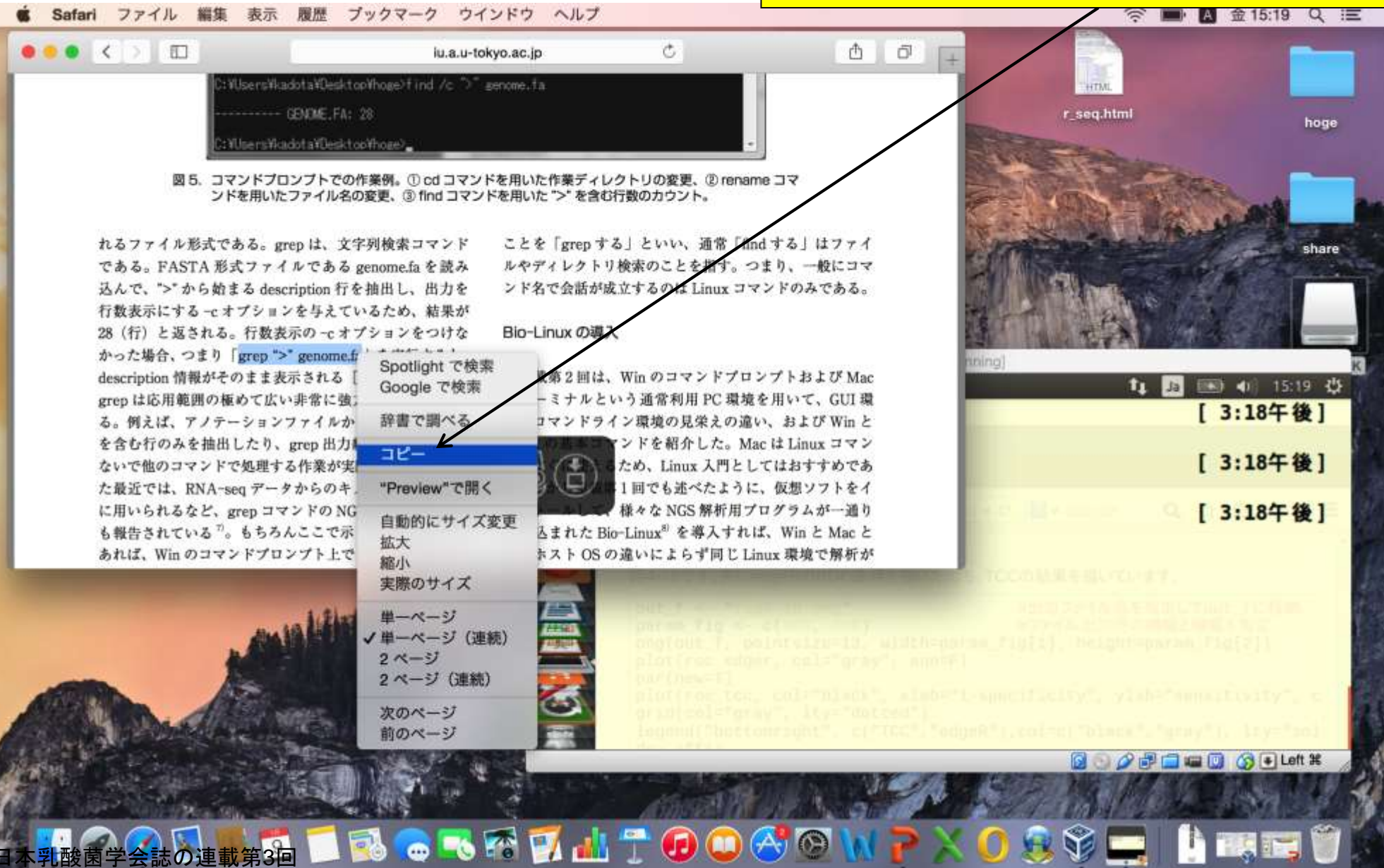


図5. コマンドプロンプトでの作業例。① cd コマンドを用いた作業ディレクトリの変更、② rename コマンドを用いたファイル名の変更、③ find コマンドを用いた ">" を含む行数のカウント。

れるファイル形式である。grep は、文字列検索コマンドである。FASTA 形式ファイルである genome.fa を読み込んで、">" から始まる description 行を抽出し、出力を行数表示にする -c オプションを与えているため、結果が 28 (行) と返される。行数表示の -c オプションをつけなかった場合、つまり `grep ">" genome.fa` の場合は、description 情報がそのまま表示される。grep は応用範囲の極めて広い非常に強力なツールである。例えば、アノテーションファイルを含む行のみを抽出したり、grep 出力でなく他のコマンドで処理する作業が実用である。最近では、RNA-seq データからのキメラを検出するために、grep コマンドの NG にも報告されている⁷⁾。もちろんここで示せば、Win のコマンドプロンプト上で

ことを「grep する」といい、通常「find する」はファイルやディレクトリ検索のことを指す。つまり、一般にコマンド名で会話が成立するのは Linux コマンドのみである。

Bio-Linux の導入

第2回は、Win のコマンドプロンプトおよび Mac のターミナルという通常利用 PC 環境を用いて、GUI 環境でコマンドライン環境の見栄えの違い、および Win と Mac のコマンドの違いを紹介した。Mac は Linux コマンド環境のため、Linux 入門としてはおすすめである。1回でも述べたように、仮想ソフトをインストールし、様々な NGS 解析用プログラムが一通りインストールされた Bio-Linux⁸⁾ を導入すれば、Win と Mac とホスト OS の違いによらず同じ Linux 環境で解析が

- Spotlight で検索
- Google で検索
- 辞書で調べる
- コピー
- "Preview"で開く
- 自動的にサイズ変更
- 拡大
- 縮小
- 実際のサイズ
- 単一ページ
- ✓ 単一ページ (連続)
- 2 ページ
- 2 ページ (連続)
- 次のページ
- 前のページ

W16-1

①右クリックでペースト。手打ちはうまくいってしまうからダメ！

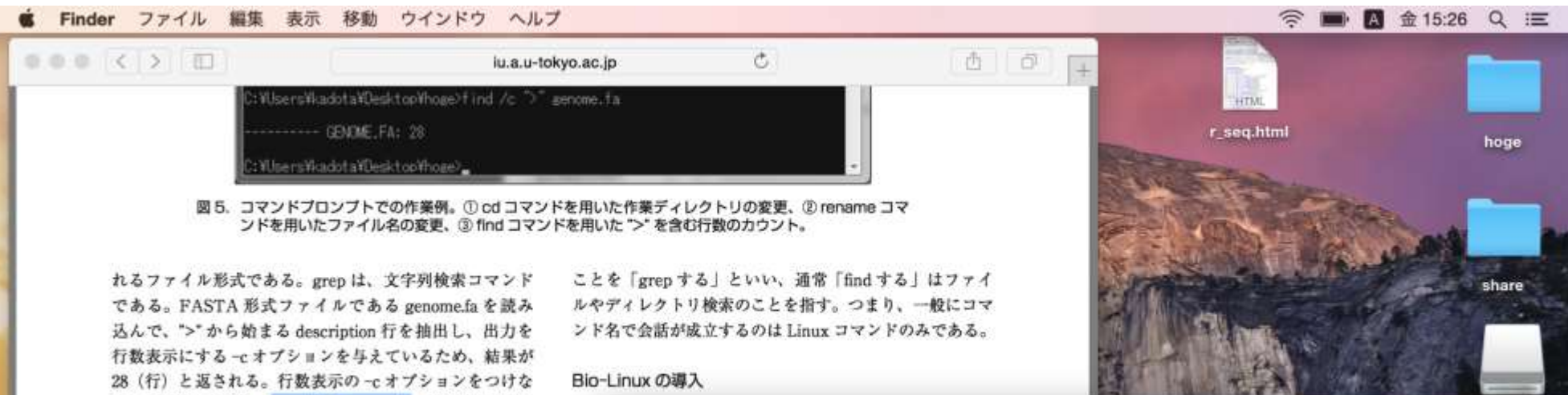
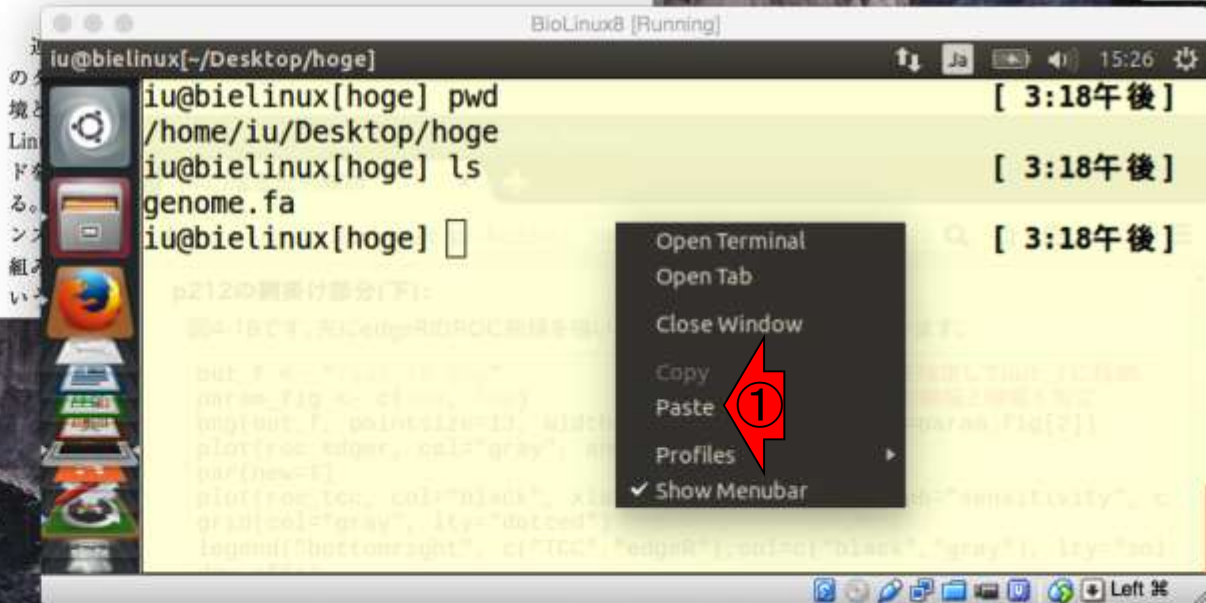


図5. コマンドプロンプトでの作業例。① cd コマンドを用いた作業ディレクトリの変更、② rename コマンドを用いたファイル名の変更、③ find コマンドを用いた ">" を含む行数のカウント。

れるファイル形式である。grep は、文字列検索コマンドである。FASTA 形式ファイルである genome.fa を読み込んで、">" から始まる description 行を抽出し、出力を行数表示にする -c オプションを与えているため、結果が 28 (行) と返される。行数表示の -c オプションをつけなかった場合、つまり「grep ">" genome.fa」を実行すると、description 情報がそのまま表示される [ウェブ資料 21]。grep は応用範囲の極めて広い非常に強力なコマンドである。例えば、アノテーションファイルから特定の染色体名を含む行のみを抽出したり、grep 出力結果をパイプでつないで他のコマンドで処理する作業が実際に行われる。また最近では、RNA-seq データからのキメラ転写物の同定に用いられるなど、grep コマンドの NGS 解析での有効性も報告されている⁷⁾。もちろんここで示した程度のことであれば、Win のコマンドプロンプト上でも実現可能である

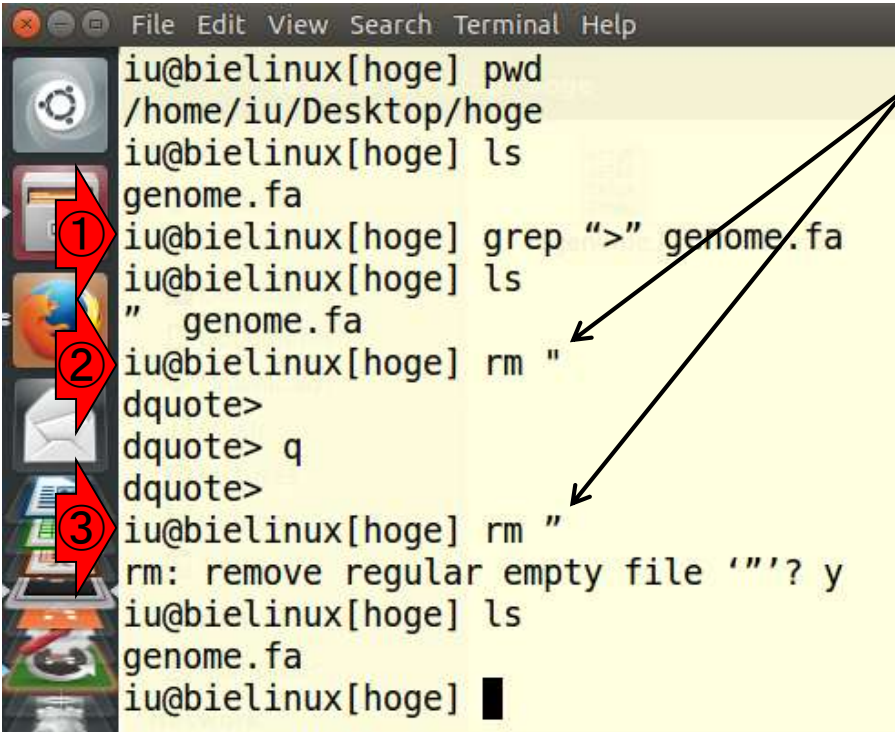
ことを「grep する」といい、通常「find する」はファイルやディレクトリ検索のことを指す。つまり、一般にコマンド名で会話が成立するのは Linux コマンドのみである。

Bio-Linux の導入



W16-1

①ペーストしても、「第2回のW21」と同じ結果にならず、何も表示されない。また、「”」というファイルが作成されてコマンドライン上での削除は初心者は難しい。②ターミナル画面上で通常のダブルクォーテーションで消そうとしても「dquote>」という変なプロンプトが出てしまう。リターンキーを押しても、「qキー」を押してもだめだが、「CTRLキー + Cキー」で復旧できる。どうにかして生成されたファイルと同じ記号のものを入力すれば、一応コマンドライン上で消すことはできる。



```
iu@bielinux[hoge] pwd
/home/iu/Desktop/hoge
iu@bielinux[hoge] ls
genome.fa
iu@bielinux[hoge] grep ">" genome.fa
iu@bielinux[hoge] ls
" genome.fa
iu@bielinux[hoge] rm "
dquote>
dquote> q
dquote>
iu@bielinux[hoge] rm "
rm: remove regular empty file ""? y
iu@bielinux[hoge] ls
genome.fa
iu@bielinux[hoge] █
```

[9:20午後]

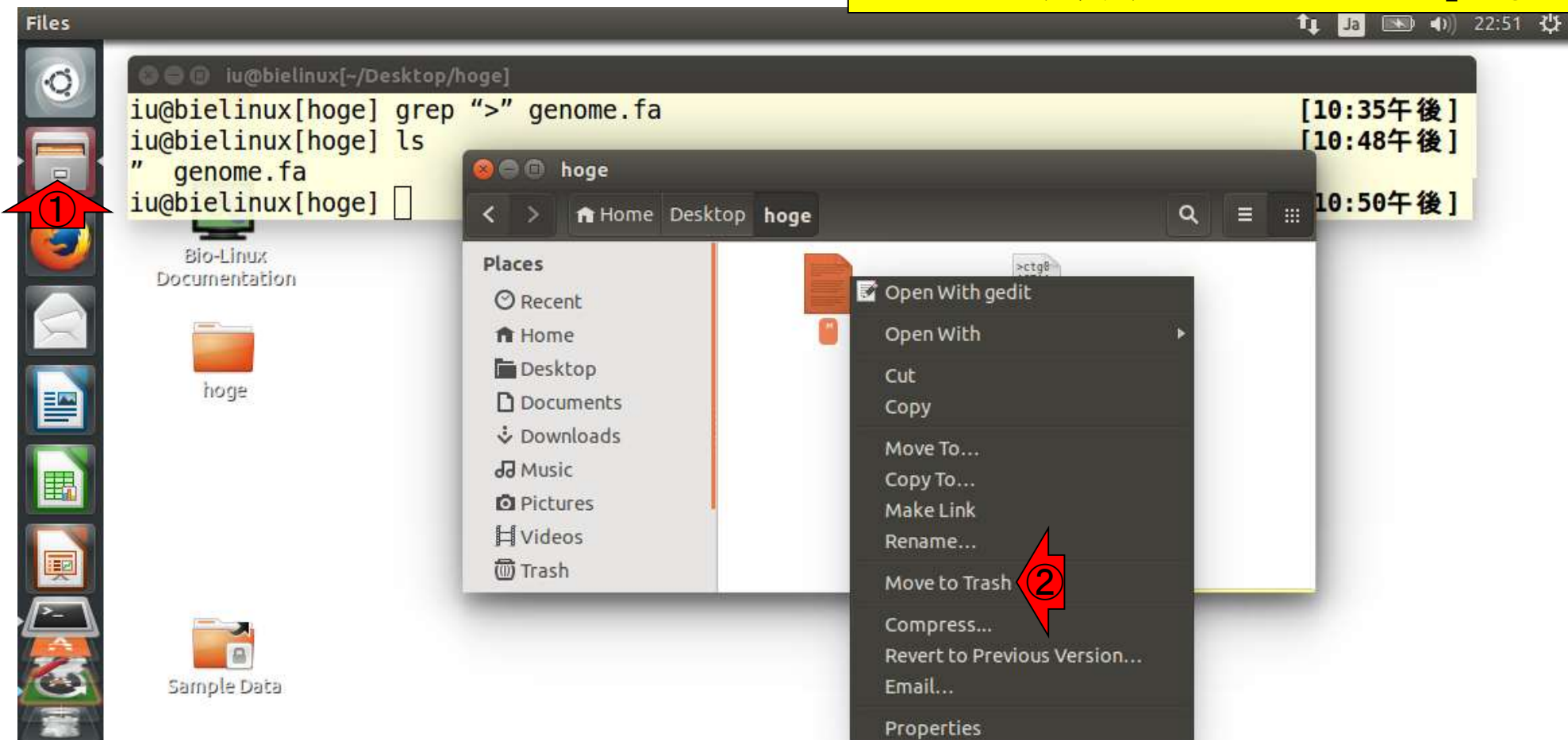
[10:32午後]

[10:35午後]

[10:35午後]

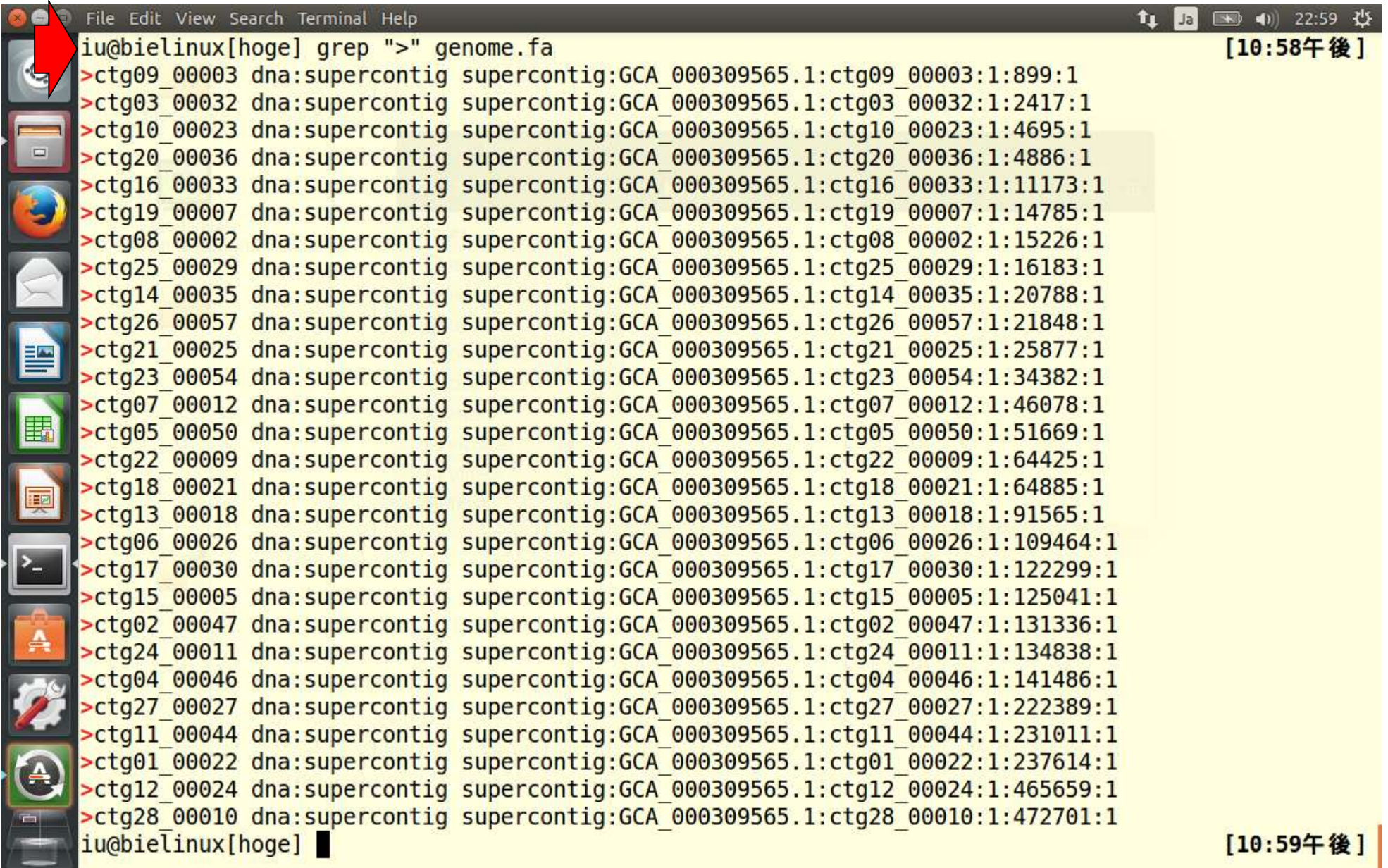
W16-1

別の削除手段。①引き出しみたいなのアイコンからhogeフォルダに移動し、②該当ファイルのアイコン上で右クリックの「Move to Trash」でもよい。



W16-2

Linux上での"正しい"ダブルクォーテーションマークは、開始記号と終了記号が同じほう。



```
iu@bielinux[hoge] grep ">" genome.fa
>ctg09_00003 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg09_00003:1:899:1
>ctg03_00032 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg03_00032:1:2417:1
>ctg10_00023 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg10_00023:1:4695:1
>ctg20_00036 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg20_00036:1:4886:1
>ctg16_00033 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg16_00033:1:11173:1
>ctg19_00007 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg19_00007:1:14785:1
>ctg08_00002 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg08_00002:1:15226:1
>ctg25_00029 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg25_00029:1:16183:1
>ctg14_00035 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg14_00035:1:20788:1
>ctg26_00057 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg26_00057:1:21848:1
>ctg21_00025 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg21_00025:1:25877:1
>ctg23_00054 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg23_00054:1:34382:1
>ctg07_00012 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg07_00012:1:46078:1
>ctg05_00050 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg05_00050:1:51669:1
>ctg22_00009 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg22_00009:1:64425:1
>ctg18_00021 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg18_00021:1:64885:1
>ctg13_00018 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg13_00018:1:91565:1
>ctg06_00026 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg06_00026:1:109464:1
>ctg17_00030 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg17_00030:1:122299:1
>ctg15_00005 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg15_00005:1:125041:1
>ctg02_00047 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg02_00047:1:131336:1
>ctg24_00011 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg24_00011:1:134838:1
>ctg04_00046 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg04_00046:1:141486:1
>ctg27_00027 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg27_00027:1:222389:1
>ctg11_00044 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg11_00044:1:231011:1
>ctg01_00022 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg01_00022:1:237614:1
>ctg12_00024 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg12_00024:1:465659:1
>ctg28_00010 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg28_00010:1:472701:1
iu@bielinux[hoge] █
```

[10:58午後]

[10:59午後]

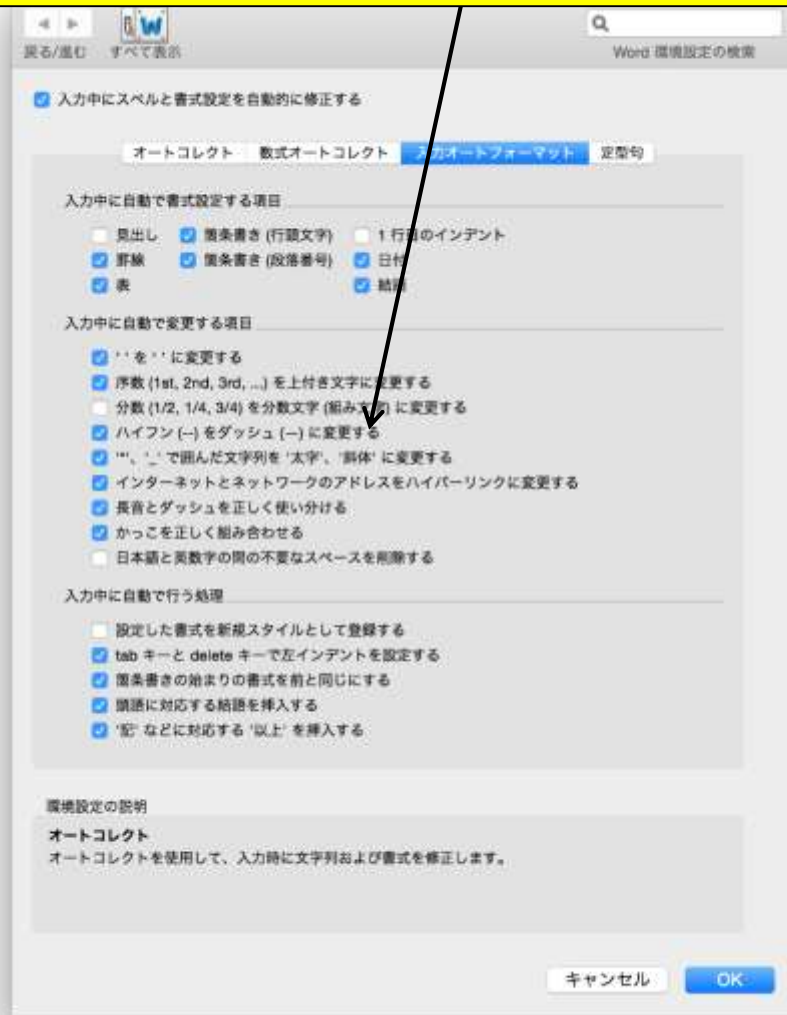
W16-3

原因既知状態で眺めると①「-(ハイフン)」と②「-(ダッシュ)」の違いは明白。Bio-Linuxで用いられているフォントは③いち、と④える、の区別が付きやすい。

```
File Edit View Search Terminal Help [ 9:14午前 ]
iu@bielinux[hoge] pwd [ 9:14午前 ]
/home/iu/Desktop/hoge [ 9:14午前 ]
iu@bielinux[hoge] ls [ 9:14午前 ]
genome.fa [ 9:14午前 ]
① iu@bielinux[hoge] grep -c ">" genome.fa [ 9:14午前 ]
28 [ 9:14午前 ]
② iu@bielinux[hoge] grep -c ">" genome.fa [ 9:14午前 ]
grep: >: No such file or directory [ 9:14午前 ]
③ iu@bielinux[hoge] l [ 9:14午前 ]
zsh: command not found: l [10:07午前 ]
④ iu@bielinux[hoge] l [10:07午前 ]
zsh: command not found: l [10:07午前 ]
iu@bielinux[hoge] █
```

W16-4

著者のデフォルト環境では、Microsoft Word (Office Mac 2011)の「オプション」-「オートコレクトのオプション」-「入力オートフォーマット」で「ハイフンをダッシュに変更する」のチェックが入っている。



W17-1

Bio-Linux上で利用可能なテキストエディタは、vi, emacs, geditなど。「vi genome.fa」、「emacs genome.fa」、「gedit genome.fa」などでそれぞれのエディタを起動できる。

The screenshot displays a Linux desktop environment. On the left is a vertical dock with icons for applications like a file manager, browser, and terminal. The main workspace contains two windows:

- Terminal Window:** Shows the user 'iu' at the 'bielinux' machine in the directory '~/Desktop/hoge'. The commands and their outputs are:

```
iu@bielinux[~:/Desktop/hoge] pwd
/home/iu/Desktop/hoge
iu@bielinux[~:/Desktop/hoge] ls
genome.fa
iu@bielinux[~:/Desktop/hoge] gedit genome.fa
```
- gedit Window:** Displays the contents of the file 'genome.fa'. The text is a DNA sequence with headers for supercontigs:

```
>ctg09_00003 dna:supercontig
supercontig:GCA_000309565.1:ctg09_00003:1:899:1
AGTAAGACTGCCGGTGACAAACCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAATCATCATGCCCT
TATGACCTGGGCTACACACGTGCTACAATGGATGGTACAACGAGTTGCGAGACCGCGAGG
TYAAGCTAATCTCTTAAAGCCATTCTCAGTTCGGACTGTAGGCTGCAACTCGCCTACACG
AAGTCGGAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCACGCCGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTT
GTACACACCGCCCGTCACACCATGAGAGTTTGTAAACCCGAAGCCGGTGGCGTAACCCCT
TTTAGGGAGCGAGCCGTCTAAGGTGGGACAAATGATTAGGGTGAAGTCGTAACAAGGTAG
CCGTAGGAGAACCCTGCGGCTGGATCACCTCCTTTCTAAGGAAACAGACTRAAAGTCTGAC
GGAAACCTGCACACACGAAACTTTGTTTAGTTTTGAGGGGATCACCCCTCAAGCACCTAA
CGGGTGCGACTTTGTTCTTTGAAAACCTGGATATCATTGTATTAATTGTTTTAAATTGCCG
AGAACACAGCGTATTTGTATGAGTTTCTGAAAAAGAAATTTCGCATCGCATAACCGCTGAC
GCAAGTCAGTACAGGTTAAGTTRCAAAGGGCGCACGGTGGATGCCTTGGCACTAGGAGCC
GATGAAGGACGGAAC TAATACCGATATGCTTCGGGGAGCTATAAGTAAGCTTTGATCCGG
AGATTTCCGAATGGGGGAACCCAGTACACATCAGTGTATTGCTTGTCAGTGAATACATAG
CTGGCCGGCGGCAGACGCGGGGAACTGAAACATCTCAGTACCCGCAGGAAGAGAAAGAAA
ACTCGATTCCCATAGTAGCGCGCAGCGAAGTGGGAAAAGCCCAAACCGAGAAGCTTGCT
>ctg03_00032 dna:supercontig
supercontig:GCA_000309565.1:ctg03_00032:1:2417:1
CGACTGTTAACATCCGCACTGGTGCCGGCACCGGCTATGCATCCGTTGGTAGCTATACAC
TCGGTGAAAGTGTGATTTATGATCACGTGTATATCCGTGGCACATATGTTTTGGGCGCGTT
```

The gedit window also shows a status bar at the bottom indicating 'Plain Text', 'Tab Width: 8', and the current cursor position 'Ln 4, Col 51'.

W17-1

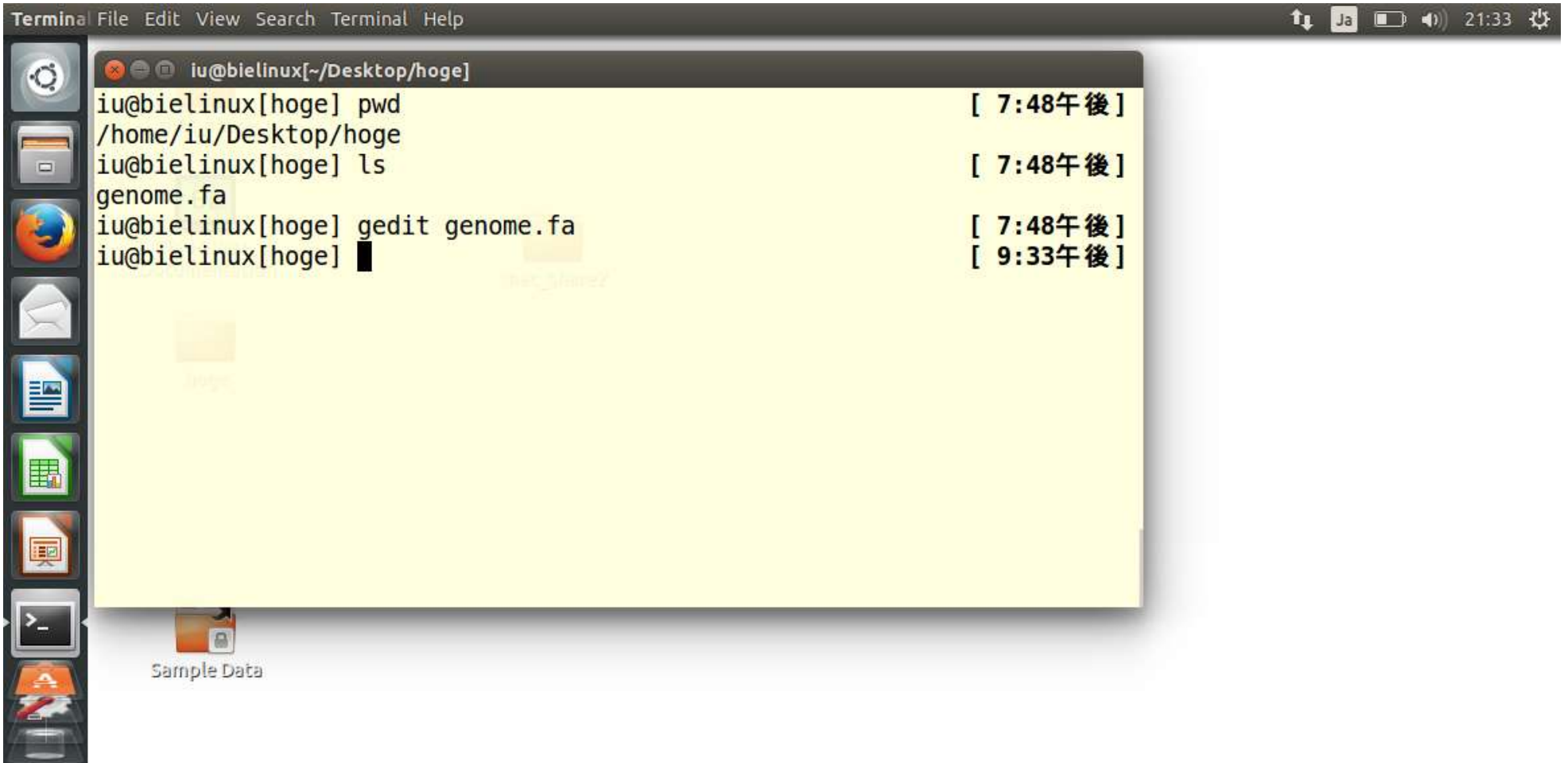
gedit起動中は、geditというコマンド実行中と同義である。そのため、このターミナル上では何か新たなコマンドを打ち込むことはできない。赤矢印の×ボタンを押すとコマンド入力待ち状態になる。

```
iu@bielinux[~/Desktop/hoge]
iu@bielinux[hoge] pwd
/home/iu/Desktop/hoge
iu@bielinux[hoge] ls
genome.fa
iu@bielinux[hoge] gedit genome.fa
```

```
genome.fa (~/Desktop/hoge) - gedit
genome.fa x
>ctg09_00003 dna:supercontig
supercontig:GCA_000309565.1:ctg09_00003:1:899:1
AGTAAGACTGCCGGTGACAAACCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAATCATCATGCCCT
TATGACCTGGGCTACACACGTGCTACAATGGATGGTACAACGAGTTGCCGAGACCGCGAGG
TYAAGCTAATCTCTTAAAGCCATTCTCAGTTCGGACTGTAGGCTGCAACTCGCCTACACG
AAGTCGGAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCACGCCGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTT
GTACACACCGCCCGTCACACCATGAGAGTTTGTAAACCCGAAGCCGGTGGCGTAACCCT
TTTAGGGAGCGAGCCGTCTAAGGTGGGACAAATGATTAGGGTGAAGTCGTAACAAGGTAG
CCGTAGGAGAACCCTGCGGCTGGATCACCTCCTTTCTAAGGAAACAGACTRAAAGTCTGAC
GGAAACCTGCACACACGAACTTTGTTTAGTTTTGAGGGGATCACCTCAAGCACCTAA
CGGGTGCGACTTTGTTCTTTGAAAACCTGGATATCATTGTATTAATTGTTTTAAATTGCCG
AGAACACAGCGTATTTGTATGAGTTTCTGAAAAAGAAATTTCGCATCGCATAACCGCTGAC
GCAAGTCAGTACAGGTTAAGTTRCAAAGGGCGCACGGTGGATGCCTTGGCACTAGGAGCC
GATGAAGGACGGAAC TAATACCGATATGCTTCGGGGAGCTATAAGTAAGCTTTGATCCGG
AGATTTCCGAATGGGGGAACCCAGTACACATCAGTGTATTGCTTGTGTCAGTGAATACATAG
CTGGCCGGCGGCAGACGCGGGAACTGAAACATCTCAGTACCCGCAGGAAGAGAAAGAAA
ACTCGATTCCCATAGTAGCGCGCAGCGAAGTGGGAAAAGCCCAAACCGAGAAGCTTGCT
>ctg03_00032 dna:supercontig
supercontig:GCA_000309565.1:ctg03_00032:1:2417:1
CGACTGTTAACATCCGCACTGGTGCCGGCACCGGCTATGCATCCGTTGGTAGCTATACAC
TCGGTGAAAGTGTGATTTATGATCACGTGTATATCCGTGGCACATATGTTTGGGCGCGTT
```

Plain Text Tab Width: 8 Ln 4, Col 51 INS

W17-1



W17-2

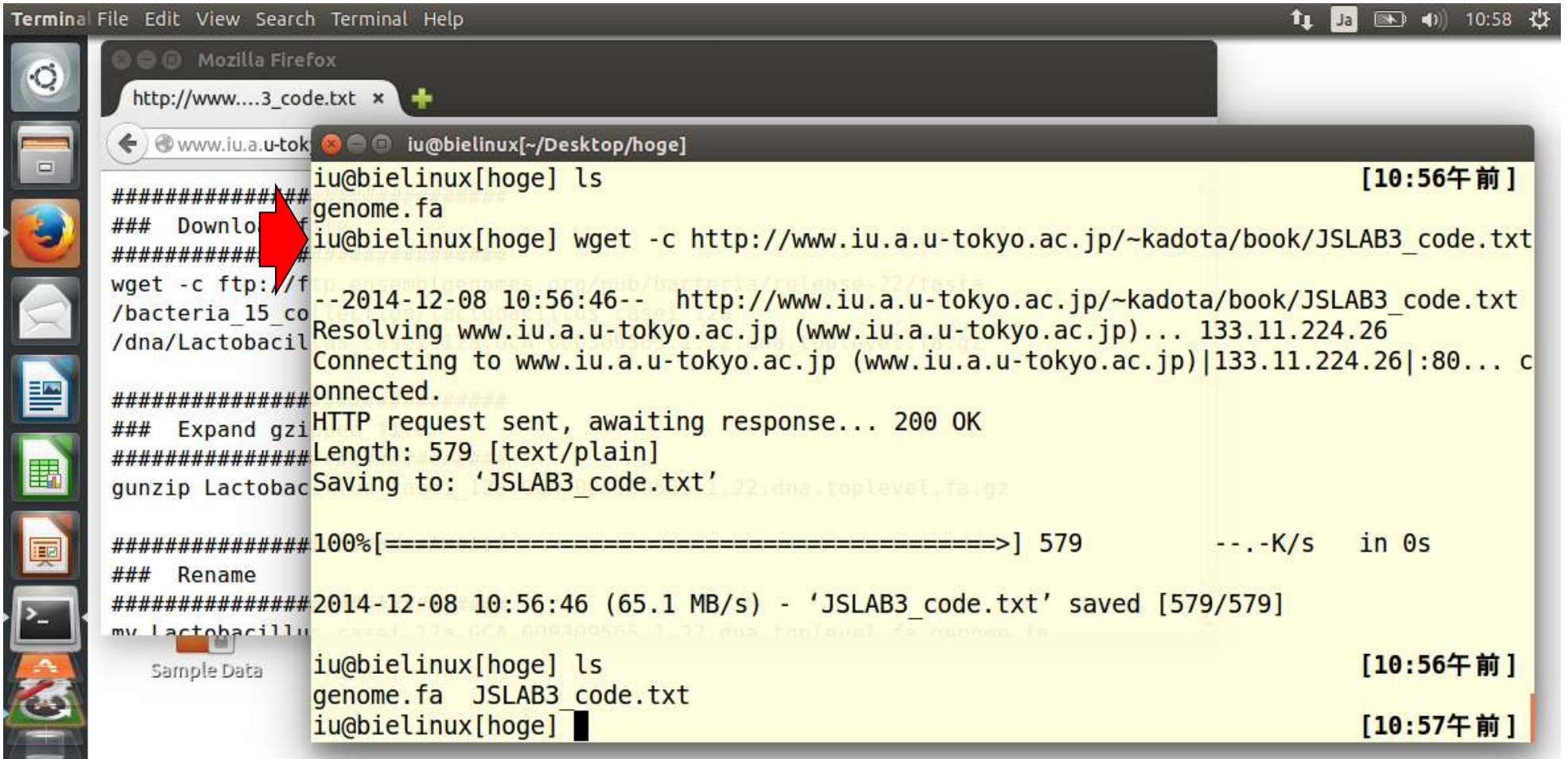
The screenshot shows a Linux desktop environment with a terminal window and a Firefox browser window. The terminal window is titled "iu@bielinux[~/Desktop/hoge]" and displays the following commands and outputs:

```
iu@bielinux[hoge] pwd [ 9:33午後 ]
/home/iu/Desktop/hoge
iu@bielinux[hoge] ls [10:40午前 ]
genome.fa
iu@bielinux[hoge] gedit genome.fa [10:40午前 ]
iu@bielinux[hoge] wget -c http://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/book/JSL
AB3_code.txt
Lactobacillus_casei_12a_GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa.gz
my Lactobacillus_casei_12a_GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa genome.fa
```

The browser window shows the URL http://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/book/JSLAB3_code.txt. The terminal window also shows a list of files and folders, including "Sample Data".

(見栄えの関係上若干変更しているが…) wget
コマンドでファイルをダウンロードしてもよい。

W17-2



```
Terminal File Edit View Search Terminal Help
Mozilla Firefox
http://www...3_code.txt x +
www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/book/JSLAB3_code.txt
iu@bielinux[~/Desktop/hoge]
##### iu@bielinux[hoge] ls [10:56午前]
##### genome.fa
### Downlo iu@bielinux[hoge] wget -c http://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/book/JSLAB3_code.txt
#####
wget -c ftp://f --2014-12-08 10:56:46-- http://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/book/JSLAB3_code.txt
/bacteria_15_co Resolving www.iu.a.u-tokyo.ac.jp (www.iu.a.u-tokyo.ac.jp)... 133.11.224.26
/dna/Lactobacil Connecting to www.iu.a.u-tokyo.ac.jp (www.iu.a.u-tokyo.ac.jp)|133.11.224.26|:80... c
##### onnected.
### Expand gzi HTTP request sent, awaiting response... 200 OK
##### Length: 579 [text/plain]
gunzip Lactobac Saving to: 'JSLAB3_code.txt'
##### 100%[=====] 579 ---K/s in 0s
### Rename
##### 2014-12-08 10:56:46 (65.1 MB/s) - 'JSLAB3_code.txt' saved [579/579]
my Lactobacillu
Sample Data iu@bielinux[hoge] ls [10:56午前]
genome.fa JSLAB3_code.txt
iu@bielinux[hoge] [10:57午前]
```

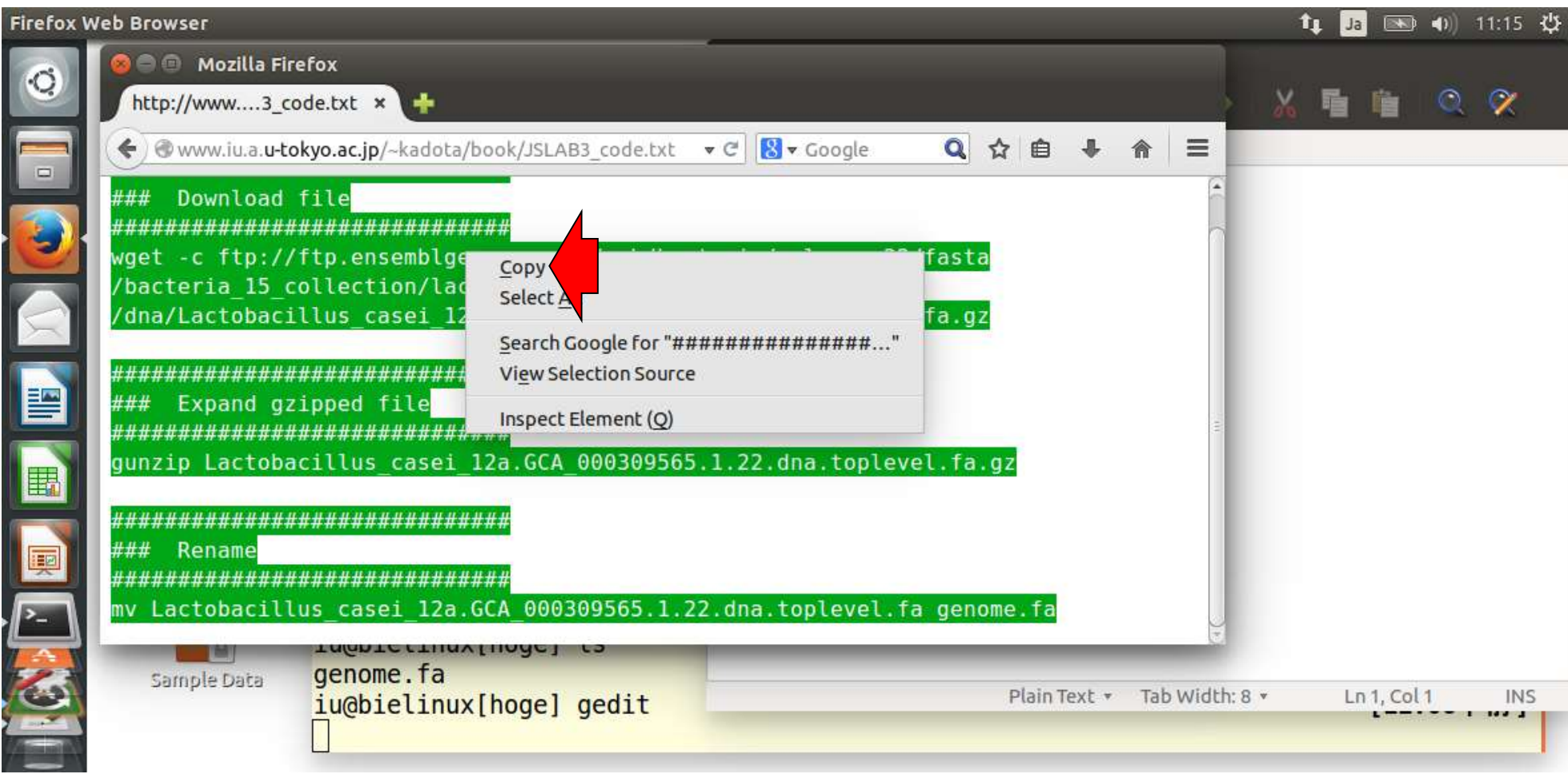

W17-2

別のやり方を示すために一旦削除。rmコマンド実行時に、「-f」オプションをつけると「本当に消していいか？」という警告メッセージが表示されない。

```
Terminal
Mozilla Firefox
http://www....3_code.txt x +
www.iu.a.u-tok iu@bielinux[~/Desktop/hoge]
#####
### Download f
#####
wget -c ftp://ftp.ensemblgenomes.org/pub/bacteria/release-22/fasta/bacteria_15_colle
ction/lactobacillus_casei_12a/dna/Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.top
level.fa.gz
#####
wget -c ftp://f
/bacteria_15_co
/dna/Lactobacil
#####
### Expand gzipped file
#####
gunzip Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa.gz
#####
### Expand gzi
#####
gunzip Lactobac
#####
### Rename
#####
mv Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa genome.fa
#####
### Rename
iu@bielinux[hoge] ls [11:02午前]
#####
### genome.fa JSLAB3_code.txt
iu@bielinux[hoge] rm -f JSLAB3_code.txt [11:05午前]
#####
mv Lactobac
iu@bielinux[hoge] ls [11:06午前]
#####
genome.fa
iu@bielinux[hoge] [11:06午前]
```

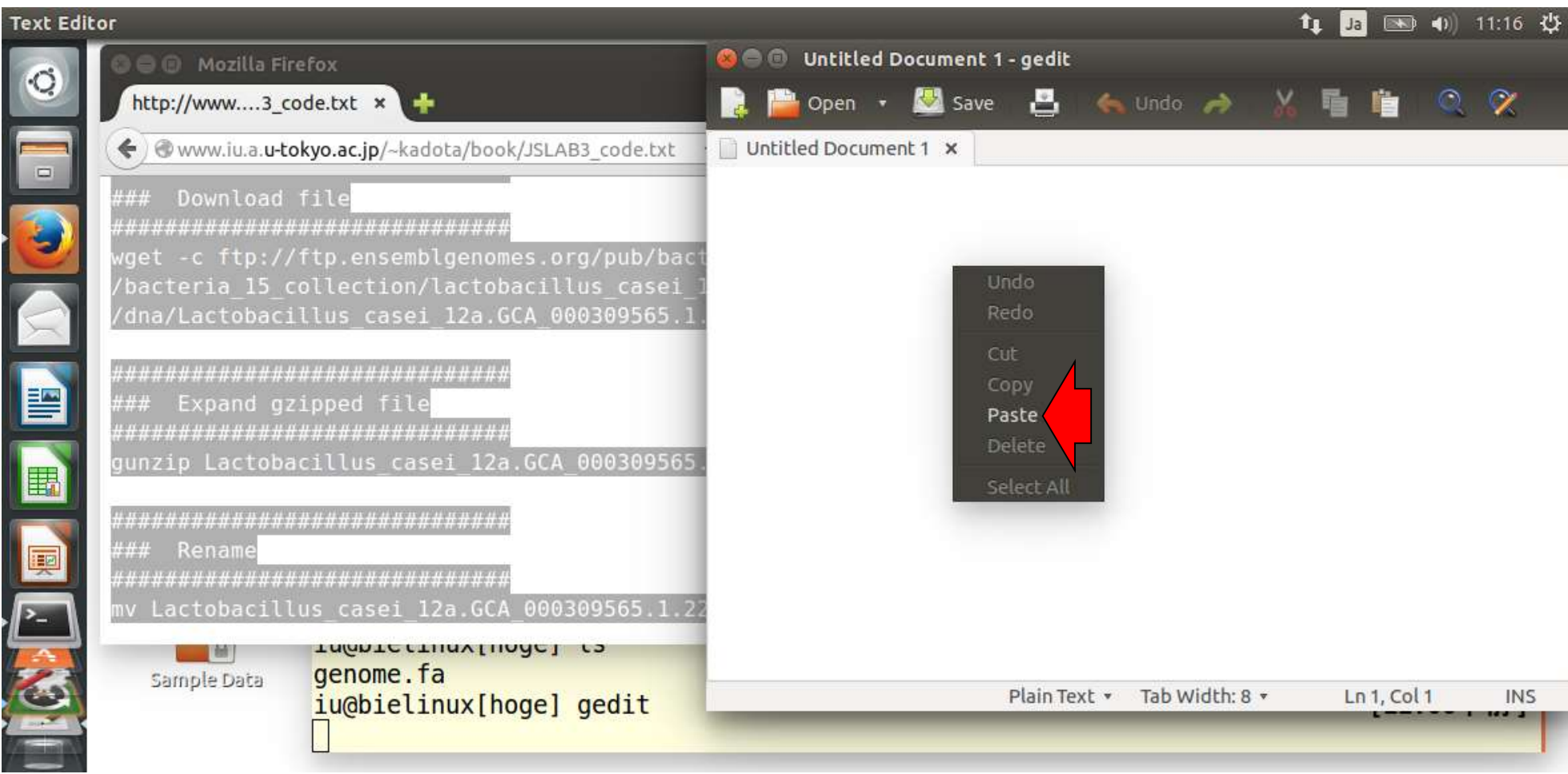

W17-3

別のやり方。geditを起動して、ウェブ上の情報をコピーし、任意のファイル名で保存するのもよい。



W17-3

別のやり方。geditを起動して、ウェブ上の情報をコピーし、任意のファイル名で保存するのもよい。



W17-3

別のやり方。geditを起動して、ウェブ上の情報をコピーし、任意のファイル名で保存するのもよい。

The screenshot displays a Linux desktop environment. On the left is a vertical dock with application icons. The main workspace contains two windows:

- Terminal Window:** Shows a terminal session with the following commands and output:

```
iu@bielinux[hoge] ~$ wget -c ftp://ftp.ensemblgenomes.org/pub/bacteria/bacteria_15_collection/lactobacillus_casei_12a/dna/Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa.gz
#####
### Expand gzipped file
#####
gunzip Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa.gz
#####
### Rename
#####
mv Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa genome.fa
iu@bielinux[hoge] ~$
```
- gedit Window:** A text editor window titled '*Untitled Document 1 - gedit' is open, showing the same commands being pasted from the terminal. A red arrow points to the 'Save' button in the gedit toolbar.

W17-3

デフォルトの保存先は、geditを起動した「カレントディレクトリ」になるようですね。ここではファイル名をJSLAB3_code.txtとしています。

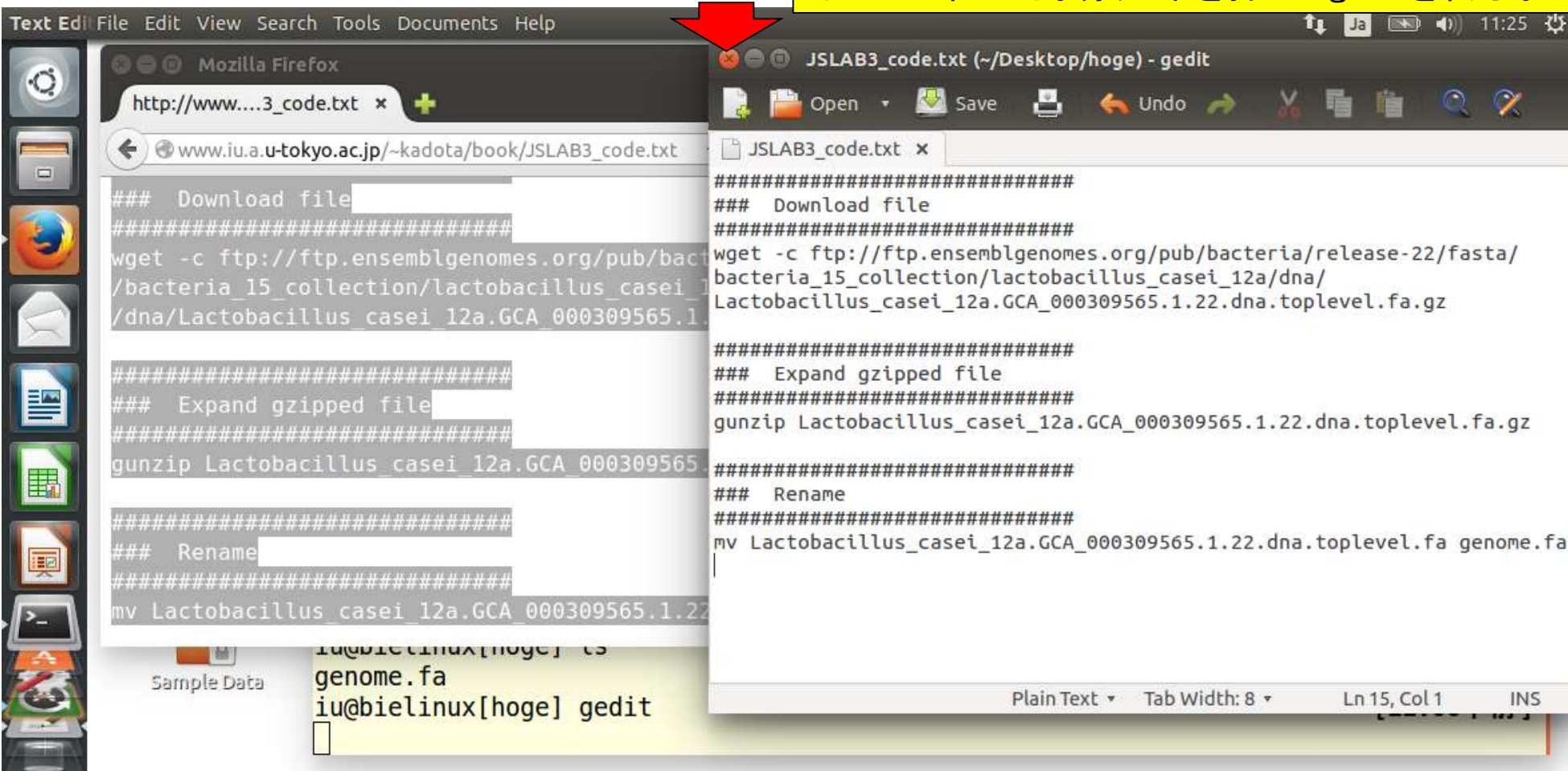
The screenshot shows a Linux desktop environment with a terminal window and a 'Save As' dialog box. The terminal window displays the following commands and output:

```
### Download file
#####
wget -c ftp://ftp.ensemblgenomes.org/pub/bacteria_15_collection/lactobacillus/dna/Lactobacillus_casei_12a.GCA_0000000000.12a.dna_sm.tgz
#####
### Expand gzipped file
#####
gunzip Lactobacillus_casei_12a.GCA_0000000000.12a.dna_sm.tgz
#####
### Rename
#####
mv Lactobacillus_casei_12a.GCA_0000000000.12a.dna_sm.tgz genome.fa
iu@bielinux[hoge]
Sample Data genome.fa
iu@bielinux[hoge]
```

The 'Save As' dialog box shows the file name 'JSLAB3_code.txt' and the save location 'iu Desktop hoge'. The 'Places' list includes Recent, Home, Desktop, Documents, Downloads, Music, Pictures, Videos, Trash, and hoge. The file list shows 'genome.fa' with a size of 2.9 MB and a modified date of 木曜日. The 'Character Encoding' is set to 'Current Locale (UTF-8)' and the 'Line Ending' is set to 'Unix/Linux'. A red arrow points to the 'Save' button.

W17-3

Saveボタンを押した後の状態。Linux環境とはいえ、通常のテキストエディタと同じような感覚で取り扱えることがわかる。赤矢印を押してgeditを終了。



W17-3

ターミナル画面上でlsすると、確かにgedit上で作成したJSLAB3_code.txtが存在することがわかる。

The screenshot shows a terminal window with the following content:

```
#####  
### Expand gzipped file  
#####  
gunzip Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa.gz  
  
#####  
### Rename  
#####  
mv Lactobacillus_casei_12a.GCA_000309565.1.22.dna.toplevel.fa genome.fa  
iu@bielinux[hoge] ls [11:02午前]  
genome.fa JSLAB3_code.txt  
iu@bielinux[hoge] rm -f JSLAB3_code.txt [11:05午前]  
iu@bielinux[hoge] ls [11:06午前]  
genome.fa  
iu@bielinux[hoge] gedit [11:06午前]  
iu@bielinux[hoge] ls [11:30午前]  
genome.fa JSLAB3_code.txt  
iu@bielinux[hoge] [11:30午前]
```

A red arrow points to the `gedit` command in the terminal output.

W18-1

リダイレクトで実行結果をファイルに保存。出力ファイル名で指定したheaders.txtが確かに生成されていることがわかる。

```
iu@bielinux[~/Desktop/hoge]
iu@bielinux[hoge] pwd
/home/iu/Desktop/hoge
iu@bielinux[hoge] ls
genome.fa JSLAB3_code.txt
iu@bielinux[hoge] grep ">" genome.fa > headers.txt
iu@bielinux[hoge] ls
genome.fa headers.txt JSLAB3_code.txt
iu@bielinux[hoge] head -n 15 headers.txt
>ctg09_00003 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg09_00003:1:899:1
>ctg03_00032 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg03_00032:1:2417:1
>ctg10_00023 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg10_00023:1:4695:1
>ctg20_00036 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg20_00036:1:4886:1
>ctg16_00033 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg16_00033:1:11173:1
>ctg19_00007 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg19_00007:1:14785:1
>ctg08_00002 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg08_00002:1:15226:1
>ctg25_00029 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg25_00029:1:16183:1
>ctg14_00035 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg14_00035:1:20788:1
>ctg26_00057 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg26_00057:1:21848:1
>ctg21_00025 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg21_00025:1:25877:1
>ctg23_00054 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg23_00054:1:34382:1
>ctg07_00012 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg07_00012:1:46078:1
>ctg05_00050 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg05_00050:1:51669:1
>ctg22_00009 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg22_00009:1:64425:1
iu@bielinux[hoge]
```


W18-1

「grep ">" genome.fa > headers.txt」に引き続いて「wc -l headers.txt」とすることでコンティグ数を調べることができる。

```
File Edit View Search Terminal Help 11:23
>ctg03_00032 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg03_00032:1:2417:1
>ctg10_00023 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg10_00023:1:4695:1
>ctg20_00036 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg20_00036:1:4886:1
>ctg16_00033 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg16_00033:1:11173:1
>ctg19_00007 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg19_00007:1:14785:1
>ctg08_00002 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg08_00002:1:15226:1
>ctg25_00029 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg25_00029:1:16183:1
>ctg14_00035 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg14_00035:1:20788:1
>ctg26_00057 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg26_00057:1:21848:1
>ctg21_00025 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg21_00025:1:25877:1
>ctg23_00054 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg23_00054:1:34382:1
>ctg07_00012 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg07_00012:1:46078:1
>ctg05_00050 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg05_00050:1:51669:1
>ctg22_00009 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg22_00009:1:64425:1
iu@bielinux[hoge] wc -l headers.txt [10:55午前]
28 headers.txt
iu@bielinux[hoge] wc headers.txt [11:19午前]
 28  84 2218 headers.txt
iu@bielinux[hoge] grep -c ">" genome.fa [11:20午前]
28
iu@bielinux[hoge] grep -c ">" genome.fa > tmp.txt [11:22午前]
iu@bielinux[hoge] more tmp.txt [11:23午前]
28
iu@bielinux[hoge] █ [11:23午前]
```

W18-2

どのディレクトリ上でもいいので「df -h」を実行。Sizeのところが146Gとなっているのは、仮想マシン設定時に割り当てを150GBとしたから。Use%のところが全体の何%を利用したかを表している。ここでは7%となっているが、90%を超えない程度に適宜不要なファイルを削除したほうがいいだろう。

```
iu@bielinux[hoge] pwd
/home/iu/Desktop/hoge
iu@bielinux[hoge] df -h
df: 'mac_share': No such file or directory
Filesystem      Size  Used Avail Use% Mounted on
/dev/sda1       146G   8.8G  130G   7% /
none            4.0K    0  4.0K   0% /sys/fs/cgroup
udev            991M   4.0K  991M   1% /dev
tmpfs           201M   920K  200M   1% /run
none            5.0M    0  5.0M   0% /run/lock
none           1002M  156K 1001M   1% /run/shm
none           100M   64K  100M   1% /run/user
iu@bielinux[hoge] cd
iu@bielinux[iu] pwd
/home/iu/Desktop
iu@bielinux[iu] df -h
df: 'mac_share': No such file or directory
Filesystem      Size  Used Avail Use% Mounted on
/dev/sda1       146G   8.8G  130G   7% /
none            4.0K    0  4.0K   0% /sys/fs/cgroup
udev            991M   4.0K  991M   1% /dev
tmpfs           201M   920K  200M   1% /run
none            5.0M    0  5.0M   0% /run/lock
none           1002M  156K 1001M   1% /run/shm
none           100M   64K  100M   1% /run/user
iu@bielinux[iu]
```

[2:37午後]
[2:33午後]
[2:33午後]
[2:33午後]
[2:37午後]
[2:37午後]
[2:37午後]
[2:37午後]

W18-2

「df -h」結果で眺めるUse%は、ホストOS (Macintosh)上で使用領域と空き領域の割合を眺めているのと同じようなもの。



W18-3

カレントディレクトリ(/home/iu/Desktop/hoge)のディスク使用量(2.9 MB)は、lsコマンド実行結果からも一応分かる。が、ディレクトリ内の全容量を調べるのはduコマンドを利用するのが一般的。

```
iu@bielinux[hoge] pwd
/home/iu/Desktop/hoge
iu@bielinux[hoge] ls -lh
total 2.9M
-rw-rw-r-- 1 iu iu 2.8M 12月 4 12:41 genome.fa
-rw-rw-r-- 1 iu iu 2.2K 12月 9 10:55 headers.txt
-rw-rw-r-- 1 iu iu 579 12月 7 21:08 JSLAB3_code.txt
-rw-rw-r-- 1 iu iu 3 12月 9 11:23 tmp.txt
iu@bielinux[hoge] du -sh
2.9M .
iu@bielinux[hoge] cd ..
iu@bielinux[Desktop] pwd
/home/iu/Desktop
iu@bielinux[Desktop] ls -lh
total 12K
drwxr-xr-x 2 iu iu 4.0K 11月 10 16:03 Bio-Linux Documentation
drwxrwxr-x 2 iu iu 4.0K 12月 9 11:23 hoge
drwxrwxrwx 1 root root 0 12月 1 23:13 mac_share
drwxrwxr-x 2 iu iu 4.0K 11月 29 14:32 mac_share2
lrwxrwxrwx 1 iu iu 29 11月 10 16:03 Sample Data -> /usr/local/bioinf/sampledatal/
iu@bielinux[Desktop] du -sh
6.4M .
iu@bielinux[Desktop]
```

W18-3

黒矢印の「どっと(.)」はカレントディレクトリという意味。つまり、以下の全ファイルの容量は2.9Mですよという出力結果。

```
iu@bielinux[hoge] pwd [ 3:22午後 ]
/home/iu/Desktop/hoge
iu@bielinux[hoge] ls -lh [ 3:22午後 ]
total 2.9M
-rw-rw-r-- 1 iu iu 2.8M 12月 4 12:41 genome.fa
-rw-rw-r-- 1 iu iu 2.2K 12月 9 10:55 headers.txt
-rw-rw-r-- 1 iu iu 579 12月 7 21:08 JSLAB3_code.txt
-rw-rw-r-- 1 iu iu 3 12月 9 11:23 tmp.txt
iu@bielinux[hoge] du -sh [ 3:22午後 ]
2.9M .
iu@bielinux[hoge] cd .. [ 3:23午後 ]
iu@bielinux[Desktop] pwd [ 3:23午後 ]
/home/iu/Desktop
iu@bielinux[Desktop] ls -lh [ 3:23午後 ]
total 12K
drwxr-xr-x 2 iu iu 4.0K 11月 10 16:03 Bio-Linux Documentation
drwxrwxr-x 2 iu iu 4.0K 12月 9 11:23 hoge
drwxrwxrwx 1 root root 0 12月 1 23:13 mac_share
drwxrwxr-x 2 iu iu 4.0K 11月 29 14:32 mac_share2
lrwxrwxrwx 1 iu iu 29 11月 10 16:03 Sample Data -> /usr/local/bioinf/sampledatal/
iu@bielinux[Desktop] du -sh [ 3:23午後 ]
6.4M .
iu@bielinux[Desktop] [ 3:24午後 ]
```


W18-3

「cd ..」は1つ上の階層のディレクトリに移動するときのお約束的な指令。

```
iu@bielinux[hoge] pwd [ 3:22午後 ]
/home/iu/Desktop/hoge
iu@bielinux[hoge] ls -lh [ 3:22午後 ]
total 2.9M
-rw-rw-r-- 1 iu iu 2.8M 12月 4 12:41 genome.fa
-rw-rw-r-- 1 iu iu 2.2K 12月 9 10:55 headers.txt
-rw-rw-r-- 1 iu iu 579 12月 7 21:08 JSLAB3_code.txt
-rw-rw-r-- 1 iu iu 3 12月 9 11:23 tmp.txt
iu@bielinux[hoge] du -sh [ 3:22午後 ]
2.9M .
iu@bielinux[hoge] cd .. [ 3:23午後 ]
iu@bielinux[Desktop] pwd [ 3:23午後 ]
/home/iu/Desktop
iu@bielinux[Desktop] ls -lh [ 3:23午後 ]
total 12K
drwxr-xr-x 2 iu iu 4.0K 11月 10 16:03 Bio-Linux Documentation
drwxrwxr-x 2 iu iu 4.0K 12月 9 11:23 hoge
drwxrwxrwx 1 root root 0 12月 1 23:13 mac_share
drwxrwxr-x 2 iu iu 4.0K 11月 29 14:32 mac_share2
lrwxrwxrwx 1 iu iu 29 11月 10 16:03 Sample Data -> /usr/local/bioinf/sampledata/
iu@bielinux[Desktop] du -sh [ 3:23午後 ]
6.4M .
iu@bielinux[Desktop] [ 3:24午後 ]
```


W18-3

カレントディレクトリが/home/iu/Desktopの状態、2つのコマンド(lsとdu)の実行結果を比較するとduコマンドを使う意義が分かる。

```
iu@bielinux[hoge] pwd [ 3:22午後 ]
/home/iu/Desktop/hoge
iu@bielinux[hoge] ls -lh [ 3:22午後 ]
total 2.9M
-rw-rw-r-- 1 iu iu 2.8M 12月 4 12:41 genome.fa
-rw-rw-r-- 1 iu iu 2.2K 12月 9 10:55 headers.txt
-rw-rw-r-- 1 iu iu 579 12月 7 21:08 JSLAB3_code.txt
-rw-rw-r-- 1 iu iu 3 12月 9 11:23 tmp.txt
iu@bielinux[hoge] du -sh [ 3:22午後 ]
2.9M .
iu@bielinux[hoge] cd .. [ 3:23午後 ]
iu@bielinux[Desktop] pwd [ 3:23午後 ]
/home/iu/Desktop
iu@bielinux[Desktop] ls -lh [ 3:23午後 ]
total 12K
drwxr-xr-x 2 iu iu 4.0K 11月 10 16:03 Bio-Linux Documentation
drwxrwxr-x 2 iu iu 4.0K 12月 9 11:23 hoge
drwxrwxrwx 1 root root 0 12月 1 23:13 mac_share
drwxrwxr-x 2 iu iu 4.0K 11月 29 14:32 mac_share2
lrwxrwxrwx 1 iu iu 29 11月 10 16:03 Sample Data -> /usr/local/bioinf/sampledatal/
iu@bielinux[Desktop] du -sh [ 3:23午後 ]
6.4M .
iu@bielinux[Desktop] [ 3:24午後 ]
```

W18-3

①cdでカレントディレクトリをホームディレクトリとして
②「du -sh」を実行した結果。ユーザiuは、現在のところトータルで88 MBディスクを使用していることがわかる。見えている数値はヒトによって若干異なる。

```
iu@bielinux[Desktop] pwd [ 4:01午後 ]
/home/iu/Desktop
iu@bielinux[Desktop] ls [ 4:02午後 ]
Bio-Linux Documentation hoge mac_share mac_share2 Sample Data
① iu@bielinux[Desktop] cd [ 4:02午後 ]
iu@bielinux[iu] pwd [ 4:03午後 ]
/home/iu
iu@bielinux[iu] ls [ 4:03午後 ]
Desktop Documents Downloads Music Pictures Public Templates Videos
② iu@bielinux[iu] du -sh [ 4:03午後 ]
88M .
iu@bielinux[iu] du -sh Desktop [ 4:03午後 ]
6.4M Desktop
iu@bielinux[iu] du -sh Documents [ 4:03午後 ]
27M Documents
iu@bielinux[iu] du -sh Downloads [ 4:03午後 ]
1.8M Downloads
iu@bielinux[iu] [ 4:04午後 ]
```

W18-4

ディレクトリ削除例。rmコマンド実行時に-rをつけると「ディレクトリ内のファイルも削除」となる。fオプションも同時につけることによって、ファイル数分の警告メッセージへの対処を回避している。ごみ箱行きではなく消滅なので実行時は十分に注意したほうがよい。

```
iu@bielinux[Desktop] pwd
/home/iu/Desktop
iu@bielinux[Desktop] ls
Bio-Linux Documentation hoge mac_share mac_share2 Sample Data
iu@bielinux[Desktop] du -sh
6.4M .
iu@bielinux[Desktop] du -sh mac_share2
4.0K mac_share2
iu@bielinux[Desktop] ls mac_share2
iu@bielinux[Desktop] rm -rf mac_share2
iu@bielinux[Desktop] ls
Bio-Linux Documentation hoge mac_share Sample Data
iu@bielinux[Desktop] du -sh
6.4M .
iu@bielinux[Desktop]
```

[4:20午後]
[4:21午後]
[4:21午後]
[4:21午後]
[4:21午後]
[4:21午後]
[4:22午後]
[4:22午後]
[4:22午後]

W19-1

パイプ利用例1。「grepとwc」以外にも「grepとhead」などいろいろ組み合わせることができる。

```
iu@bielinux[hoge] pwd [ 5:22午後 ]
/home/iu/Desktop/hoge
iu@bielinux[hoge] ls [ 5:24午後 ]
genome.fa headers.txt JSLAB3_code.txt tmp.txt
iu@bielinux[hoge] grep ">" genome.fa | wc [ 5:24午後 ]
      28      84     2218
iu@bielinux[hoge] grep ">" genome.fa | wc -l [ 5:24午後 ]
28
iu@bielinux[hoge] grep ">" genome.fa | head -n 3 [ 5:25午後 ]
>ctg09_00003 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg09_00003:1:899:1
>ctg03_00032 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg03_00032:1:2417:1
>ctg10_00023 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg10_00023:1:4695:1
iu@bielinux[hoge] grep ">" genome.fa | tail -n 2 [ 5:25午後 ]
>ctg12_00024 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg12_00024:1:465659:1
>ctg28_00010 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg28_00010:1:472701:1
iu@bielinux[hoge] [ 5:26午後 ]
```

W19-2

パイプ利用例2。パイプ(|)の両側のスペースはあってもなくてもいいようだ。grepの結果をgrepすることもできる。右側の2回目のgrepでは“_0002”を含む行を出力している。

```
File Edit View Search Terminal Help
genome.fa headers.txt JSLAB3_code.txt tmp.txt
iu@bielinux[hoge]
iu@bielinux[hoge] pwd
/home/iu/Desktop/hoge
iu@bielinux[hoge] ls
genome.fa headers.txt JSLAB3 code.txt tmp.txt
iu@bielinux[hoge] grep ">" genome.fa | wc -l
28
iu@bielinux[hoge] grep ">" genome.fa |wc -l
28
iu@bielinux[hoge] grep ">" genome.fa|wc -l
28
iu@bielinux[hoge] grep ">" genome.fa | grep "_0002"
>ctg10_00023 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg10_00023:1:4695:1
>ctg25_00029 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg25_00029:1:16183:1
>ctg21_00025 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg21_00025:1:25877:1
>ctg18_00021 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg18_00021:1:64885:1
>ctg06_00026 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg06_00026:1:109464:1
>ctg27_00027 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg27_00027:1:222389:1
>ctg01_00022 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg01_00022:1:237614:1
>ctg12_00024 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg12_00024:1:465659:1
iu@bielinux[hoge]
```

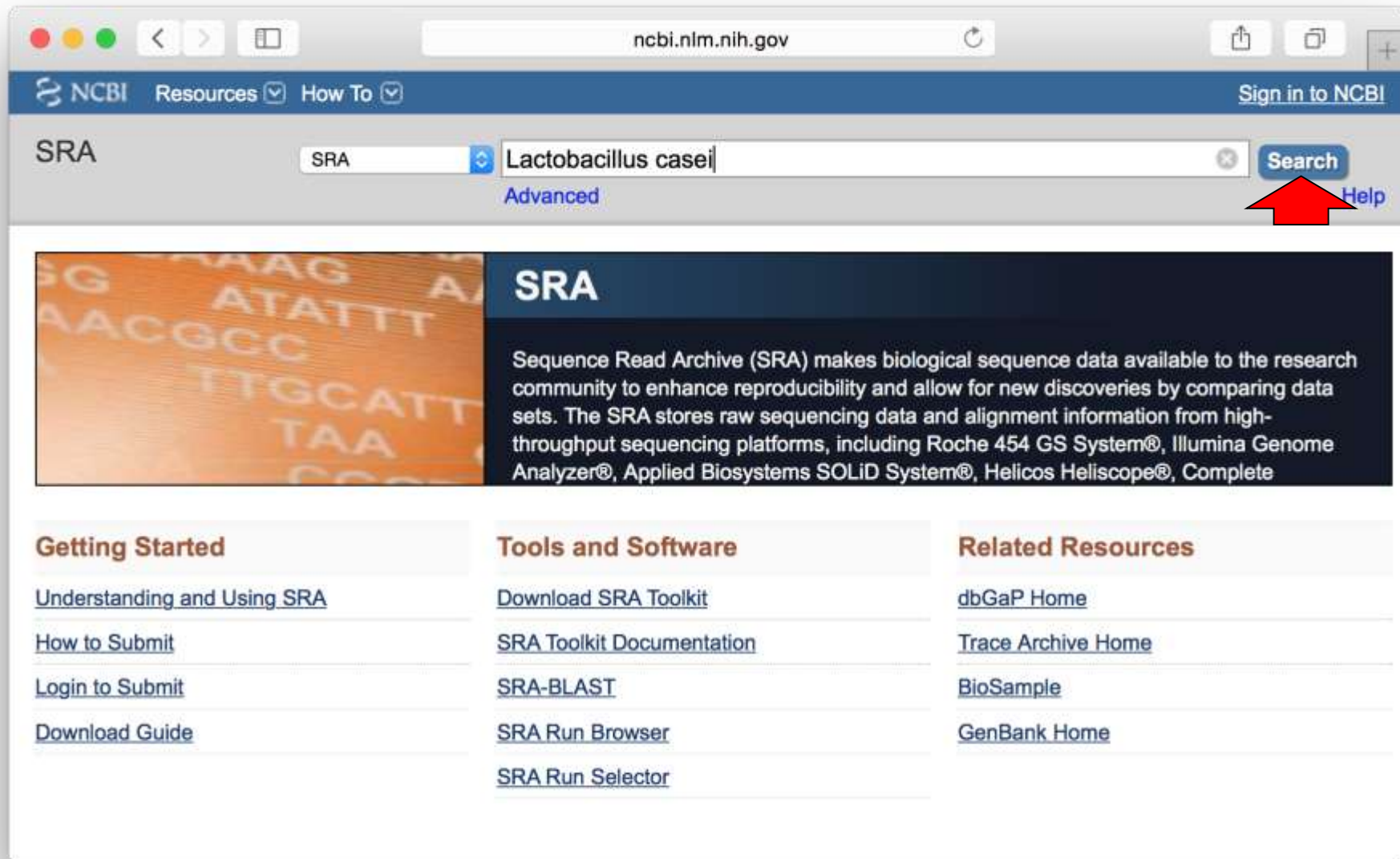
[6:00午後]
[6:00午後]
[6:00午後]
[6:01午後]
[6:02午後]
[6:02午後]
[6:02午後]
[6:05午後]

W19-3

パイプ利用例3。①3つ以上のコマンド同士をパイプで連結することも可能。②headとtailを連結することで、コマンド単体では概観しづらい箇所も眺めることができる。

```
iu@bielinux[hoge] grep ">" genome.fa | grep "_0002" [ 6:02午後 ]
>ctg10_00023 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg10_00023:1:4695:1
>ctg25_00029 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg25_00029:1:16183:1
>ctg21_00025 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg21_00025:1:25877:1
>ctg18_00021 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg18_00021:1:64885:1
>ctg06_00026 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg06_00026:1:109464:1
>ctg27_00027 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg27_00027:1:222389:1
>ctg01_00022 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg01_00022:1:237614:1
>ctg12_00024 dna:supercontig supercontig:GCA_000309565.1:ctg12_00024:1:465659:1
iu@bielinux[hoge] grep ">" genome.fa | grep -c "_0002" [ 6:05午後 ]
8
iu@bielinux[hoge] grep ">" genome.fa | grep "_0002" | wc [ 6:14午後 ]
      8      24     635
iu@bielinux[hoge] grep ">" genome.fa | grep "_0002" | wc -l [ 6:14午後 ]
8
iu@bielinux[hoge] head -n 10 genome.fa | tail -n 10 [ 6:15午後 ]
GTTTTGTATGCTTTGACCCAAATTCACCGCTGACAGCAACAGTGCAAAGACTACCATCAC
CCGCAACAAACTTTATGTGCGGATCTTACCAGTTTCAATAAACGATCTTCACCCATTTA
TTTACCTCCGCGTTTTTGGCGCGAACTCAACTTTAAATAAATCAGATAGCGATAACGG
CAAGCTCTCATTAGCAGCAGGGTTCTTCGGCGGCAATCGCGGCCTTGACTTCAGGTGTGAA
ATGCGGGAAACCGCTTCGATCACGCGTCCACGAATGGTCAGAATCCGACCTTGTTCTT
GATCACATCAGGAATCTCCTTGTTTTGAAAATAACTGCAGCTTGATCGCCTGCTGTCT
GACGTCCTTAGCGTCAAGTCTGACTGATCCGACCGGCTTTAACGAACAAAACGCGATC
TGACAAGCCGTCTAATTCGACTAGATTATGTGAGGCGATGAGAAAGGTTCTTTACCATC
AGCAACAGCATCTACCACAAATTGACAATCCGCTCGCGAATCAGCAAATCCAACCCATC
AAATGGTTCATCCAGAAAAACATACGGTGCCCGCTCGCCAGCGCCAACGCCACCATCAC
iu@bielinux[hoge] [ 6:17午後 ]
```


W20-1



NCBI Resources How To Sign in to NCBI

SRA SRA Lactobacillus casei Search Help

Advanced

SRA

Sequence Read Archive (SRA) makes biological sequence data available to the research community to enhance reproducibility and allow for new discoveries by comparing data sets. The SRA stores raw sequencing data and alignment information from high-throughput sequencing platforms, including Roche 454 GS System®, Illumina Genome Analyzer®, Applied Biosystems SOLiD System®, Helicos Heliscope®, Complete

Getting Started

- [Understanding and Using SRA](#)
- [How to Submit](#)
- [Login to Submit](#)
- [Download Guide](#)

Tools and Software

- [Download SRA Toolkit](#)
- [SRA Toolkit Documentation](#)
- [SRA-BLAST](#)
- [SRA Run Browser](#)
- [SRA Run Selector](#)

Related Resources

- [dbGaP Home](#)
- [Trace Archive Home](#)
- [BioSample](#)
- [GenBank Home](#)

W20-1

31ヒット。ERXやDRX単位での出力であることがわかる。ERPやDRP単位ではないのでわかりづらいが、タイトルの文字列から「赤枠の2つは同じデータセットに含まれるのだろう」という程度の予想はつく。

NCBI SRA search results for **Lactobacillus casei**. The search results show 31 hits. The first two hits are highlighted with a red box:

- 1. [Population Genomics of Lactobacillus casei](#)
1 ILLUMINA (Illumina HiSeq 2000) run: 5.5M spots, 1.1G bases, 739.1Mb downloads
Accession: ERX358287
- 2. [Population Genomics of Lactobacillus casei](#)
1 ILLUMINA (Illumina HiSeq 2000) run: 5.8M spots, 1.2G bases, 761.4Mb downloads
Accession: ERX358286

The other hits are:

- 3. [Whole Genome Sequencing of Lactobacillus casei](#)
1 ILLUMINA (Illumina HiSeq 2000) run: 2.5M spots, 507.9M bases, 263Mb downloads
Accession: ERX529187
- 4. [Whole genome analysis of Lactobacillus casei JCM 1134](#)
1 ION_TORRENT (Ion Torrent PGM) run: 535,510 spots, 161.7M bases, 388.8Mb downloads
Accession: DRX002585

Results by taxon:

- Top Organisms [Tree]
 - Lactobacillus casei (27)
 - synthetic metagenome (4)

Search in related databases:

Database	Access		all
	public	controlled	
BioSample	23		23
BioProject	6		6
dbGaP			
GEO Datasets			

Find related data

Database: Select

W20-2

The screenshot shows a web browser window at ebi.ac.uk. A cookie notice is displayed at the top. The main header includes the EMBL-EBI logo and navigation links for Services, Research, Training, and About us. The ENA logo (European Nucleotide Archive) is prominently displayed. A search bar contains the text 'Lactobacillus casei' with examples 'BN000065, histone'. A red arrow points to the 'Search' button, which is labeled 'Sequence' below it. A secondary navigation bar includes Home, Search & Browse, Submit & Update, Software, About ENA, and Support. The main content area features a 'European Nucleotide Archive' heading, a descriptive paragraph about the archive, and a 'Popular' section with a list of links: Submit and update, Sequence submissions, Genome assembly submissions, Submitting environmental sequences, Citing ENA data, and Rest URLs for data retrieval.

Cookies on EMBL-EBI website
This website uses cookies to store a small amount of information on your computer, as part of the functioning of the site. Cookies used for the operation of the site have already been set. To find out more about the cookies we use and how to delete them, see our [Cookie](#) and [Privacy](#) statements.
[Dismiss this notice](#)

EMBL-EBI Services Research Training About us

ENA
European Nucleotide Archive

Lactobacillus casei
Examples: BN000065, histone
[Search](#)
Sequence

Home Search & Browse Submit & Update Software About ENA Support

European Nucleotide Archive

The European Nucleotide Archive (ENA) provides a comprehensive record of the world's nucleotide sequencing information, covering raw sequencing data, sequence assembly information and functional annotation. [More about ENA](#)

Access to ENA data is provided though the browser, through search tools, large scale file download and through the API.

Popular

- [Submit and update](#)
- [Sequence submissions](#)
- [Genome assembly submissions](#)
- [Submitting environmental sequences](#)
- [Citing ENA data](#)
- [Rest URLs for data retrieval](#)
- [Rest URLs to search ENA](#)

W20-2

The screenshot shows a web browser window at ebi.ac.uk. At the top, a dark grey banner contains a cookie notice: "Cookies on EMBL-EBI website. This website uses cookies to store a small amount of information on your computer, as part of the functioning of the site. Cookies used for the operation of the site have already been set. To find out more about the cookies we use and how to delete them, see our [Cookie and Privacy statements](#)." Below the text is a teal button labeled "Dismiss this notice". A red arrow points to this button from the right. Below the banner is the EMBL-EBI logo and navigation links: "Services", "Research", "Training", and "About us". The main content area features the ENA (European Nucleotide Archive) logo and a search bar containing "Lactobacillus casei". Below the search bar are links for "Advanced" and "Sequence". A secondary navigation bar includes "Home", "Search & Browse", "Submit & Update", "About ENA", and "Support". A blue banner below the navigation bar contains a message: "Please subscribe to ena-announce mailing list here: listserv.ebi.ac.uk/mailman/listin... to receive alerts about ENA services." The search results section is titled "Search results for *Lactobacillus casei*". Under the "Assembly" category, it shows "Assembly (28)" and "Assembly (28 results found)". The first result is "GCA_000309565 Comparative genomics of Lactobacillus casei".



W20-2

DRP, ERP, SRPのように、3文字目がPになっているIDをクリックすると全体像が分かりやすいのでよい。DRP000852を眺めると、黒矢印部分のDRXやDRRはDRPの下階層のIDであることがわかる。

ebi.ac.u

Experiment (10 results found)

DRX002585 Ion Torrent PGM sequencing; Whole genome analysis of Lactobacillus casei JCM 1134
View all 10 results

Run (6 results found)

DRR003254 Ion Torrent PGM sequencing; Whole genome analysis of Lactobacillus casei JCM 1134
View all 6 results

Study (10 results found)

DRP000852 Genome sequencing of Lactobacillus casei JCM 1134
View all 10 results

Study (Sequence) (55 results found)

PRJNA165565 Lactobacillus casei UW4 Genome sequencing
View all 55 results

W20-2

DRP, ERP, SRPのように、3文字目がPになっているIDをクリックすると全体像が分かりやすいのでよい。DRP000852を眺めると、黒矢印部分のDRXやDRRはDRPの下階層のIDであることがわかる。

Navigation Read Files

Download files

View: TEXT Download: TEXT

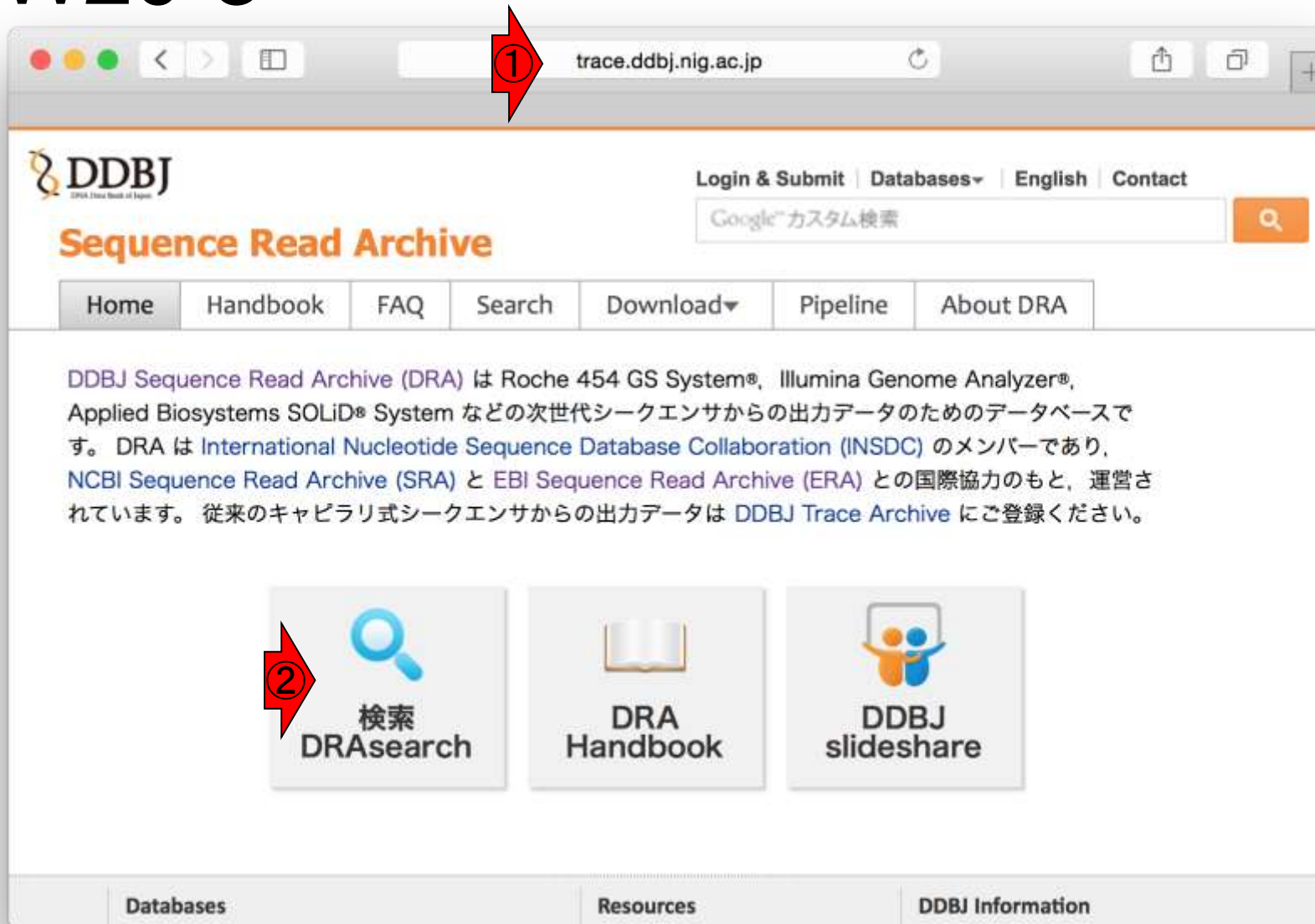
Select columns

Showing results 1 - 1 of 1 results

Study accession	Secondary study accession	Sample accession	Secondary sample accession	Experiment accession	Run accession	Tax ID	Scientific name	Instrument model	Library layout	Fastq files (ftp)	Fastq files (galaxy)
PRJDB638	DRP000852	SAMD00015724	DRS002689	DRX002585	DRR003254	1423732	Lactobacillus casei DSM 20011 = JCM 1134	Ion Torrent PGM	SINGLE	File 1	File 1

For Aspera download, please [download and install Aspera Connect](#)

W20-3



trace.ddbj.nig.ac.jp

DDBJ
DDBJ Data Bank of Japan

Login & Submit | Databases | English | Contact

Google カスタム検索

Home | Handbook | FAQ | Search | Download | Pipeline | About DRA

DDBJ Sequence Read Archive (DRA) は Roche 454 GS System®, Illumina Genome Analyzer®, Applied Biosystems SOLiD® System などの次世代シーケンサからの出力データのためのデータベースです。DRA は International Nucleotide Sequence Database Collaboration (INSDC) のメンバーであり、NCBI Sequence Read Archive (SRA) と EBI Sequence Read Archive (ERA) との国際協力のもと、運営されています。従来のキャピラリー式シーケンサからの出力データは DDBJ Trace Archive にご登録ください。

検索 DRAsearch

DRA Handbook

DDBJ slideshare

Databases | Resources | DDBJ Information

DRAにて「Lactobacillus casei」のデータを検索。ヒット数は2。

W20-3

The screenshot shows the DRASearch web interface. The search criteria are: Organism: Lactobacillus casei, StudyType: (blank), Platform: (blank), Keyword: (blank). The search results show 2 studies. A red arrow points to the 'Search' button, and two black arrows point from the yellow text box at the top to the 'Organism' input field and the 'Search' button.

Search Results (2 studies)

#	STUDY	SUBMISSION	STUDY_TITLE	STUDY_TYPE	ORGANISM
					Atopobium minutum
					Atopobium rimae
					Carnobacterium divergens
					Carnobacterium maltaromaticum
					Fructobacillus fructosus
					Kandleria vitulina
					Lactobacillus acetotolerans
					Lactobacillus acidifarinae

W20-4

OrganismではなくKeywordで検索するとヒット数は激増。
→検索する場所に気を付けよう。

The screenshot shows the DRASearch web interface. The search criteria are: Accession: (empty), Organism: (empty), CenterName: (empty), Study type: (empty), Platform: (empty), and Keyword: Lactobacillus casei. The search results show 1152 records. A red arrow points to the 'Search' button, and two black arrows point to the 'Keyword' field and the 'Search Results (1152 records)' text.

Search Results (1152 records)

Filtered by
document type:sample(614) study(256) experiment(172) submission(81) run(29)
organism:Lactobacillus fermentum(61) Lactobacillus gasseri(60) Lactobacillus rhamnosus(55) Lactobacillus sp.(48)
Lactobacillus salivarius(28) Lactobacillus casei(18)

#	META_FILE	ACCESSION	STUDY	STUDY_TITLE	STUDY_TYPE	ORGANISM	BASES	SUBMITTED	CENTER_NAME
1	ERA148114.study.xml _TITLE>Draft complete genome sequence of Lactobacillus casei W56</STUDY_TITLE> <STUDY_TYPE existing	ERP007769	ERP007769	Draft complete genome sequence of Lactobacillus casei W56	Whole Genome Sequencing		0		University of Vienna
2	DRA000821.sample.xml 00015724</PRIMARY_ID> </IDENTIFIERS> <TITLE>Whole genome analysis of Lactobacillus casei	DRS002689	DRP000852			Lactobacillus casei DSM 20011 = JCM 1134	161.7M	2012-10-24	
3	SRA092480.study.xml > <DESCRIPTOR> <STUDY_TITLE>Strain Lactobacillus casei TSP10-1-1-2 (specie	SRP026717							

W20-4

Organism列のところが「Lactobacillus casei 12A」となっているのを発見。

Index	Accession	Project/Study	Organism	Analysis	Size	Date
6	DRA000821	DRP000852	casei DSM 20011 = JCM 1134		161.7M	2012-10-24
7	DRA000956	DRP000994	Lactobacillus paracasei		74.1M	2013-03-22
8	DRA000955	DRP000993	Lactobacillus paracasei subsp. paracasei ATCC 25702		83.1M	2013-03-22
9	SRA061483	SRP017156	Lactobacillus casei 12A Project	Transcriptome Analysis	53.9G	2012-11-12 JGI
10	SRA061478	SRP017154	Lactobacillus casei A2-362 Project	Transcriptome Analysis	48.3G	2012-11-12 JGI
11	ERA297098	ERS429397	Lactobacillus casei			
12	ERA135494	ERS143995	Lactobacillus casei			
13	ERA135463	ERS143964	Lactobacillus			

W21-1

DRAにて、Organism欄で「Lactobacillus casei 12A」を検索。ヒット数は1。

The screenshot shows the DRASearch web interface. The search criteria are: Organism: Lactobacillus casei 12A, StudyType: (empty), CenterName: (empty), Platform: (empty), Keyword: (empty). The search results show 1 study. A red arrow labeled '1' points to the Organism input field. A red arrow labeled '2' points to the Search button. A red arrow labeled '3' points to the first result in the table.

Accession :

Organism : StudyType :

CenterName : Platform :

Keyword :

Show records Sort by

Search Results (1 studies) << < 1 / 1 Page > >>

#	STUDY	SUBMISSION	STUDY_TITLE	STUDY_TYPE	ORGANISM	BASES	SUBMITTED	CENTER_NAME
1	SRP017156	SRA061483	Lactobacillus casei 12A Project	Transcriptome Analysis	Lactobacillus casei 12A	53.9G	2012-11-12	JGI

Copyright©DNA Data Bank of Japan. All Rights Reserved.

W21-1

実際にダウンロードするのは「SRRから始まるID」のファイル。DRAは、FASTQ形式のbzip2圧縮ファイルとsra形式ファイルの両方を提供している。SRXから始まるIDを眺めることで、用いた実験機器やpaired or single-endなどの情報が分かる。

Result List - DRA Search

DRASearch [Send Feedback](#) [Search Home](#) [DRA Home](#)

SRP017156

Study Detail	
Title	Lactobacillus casei 12A Project
Study Type	Transcriptome Analysis
Abstract	none provided
Description	none provided
Center Name	JGI

Navigation	
Submission	SRA061483 FASTQ SRA
Experiment	SRX204226 FASTQ SRA
	SRX204227 FASTQ SRA
Sample	SRS375150

Copyright©DNA Data Bank of Japan. All Rights Reserved.

W21-1

SRX204226の実験デザインで得られたデータ(Run)は、
①SRR616268であり、②pairedデータであることがわかる。
FASTQ形式でダウンロードする際に、*_1.fastq.bz2と
*_2.fastq.bz2の2つに分かれている事実からも認識可能。
公共データをダウンロードする際には③のところの記述
内容などを眺めて、RNA鎖の方向性を考慮(stranded)し
ているかどうかをちゃんと認識しておく必要がある。

Result List - DRA Search

DRASearch

SRX204226 FASTQ SRA

Experiment Detail	
Title	Lactobacillus casei 12A library
Design Description	Illumina Stranded Std PE (amplified)
Organism	Lactobacillus casei 12A

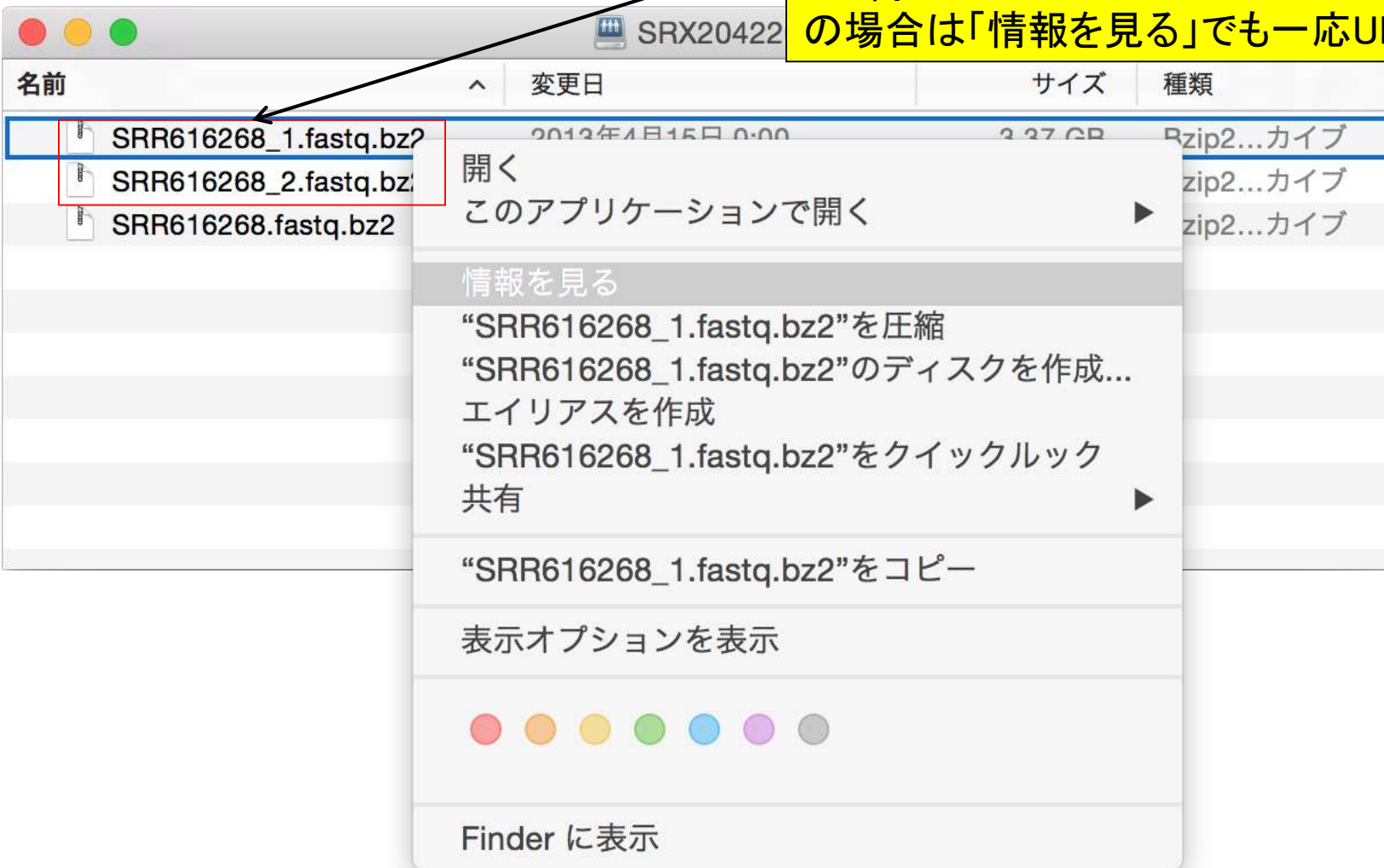
Library Description	
Name	COHG
Strategy	EST
Source	TRANSCRIPTOMIC
Selection	cDNA
Layout	PAIRED
Orientation	
Nominal Length	300

Navigation	
Submission	SRA061483 FTP
Study	SRP017156
Sample	SRS375150
Run	SRR616268 FASTQ SRA



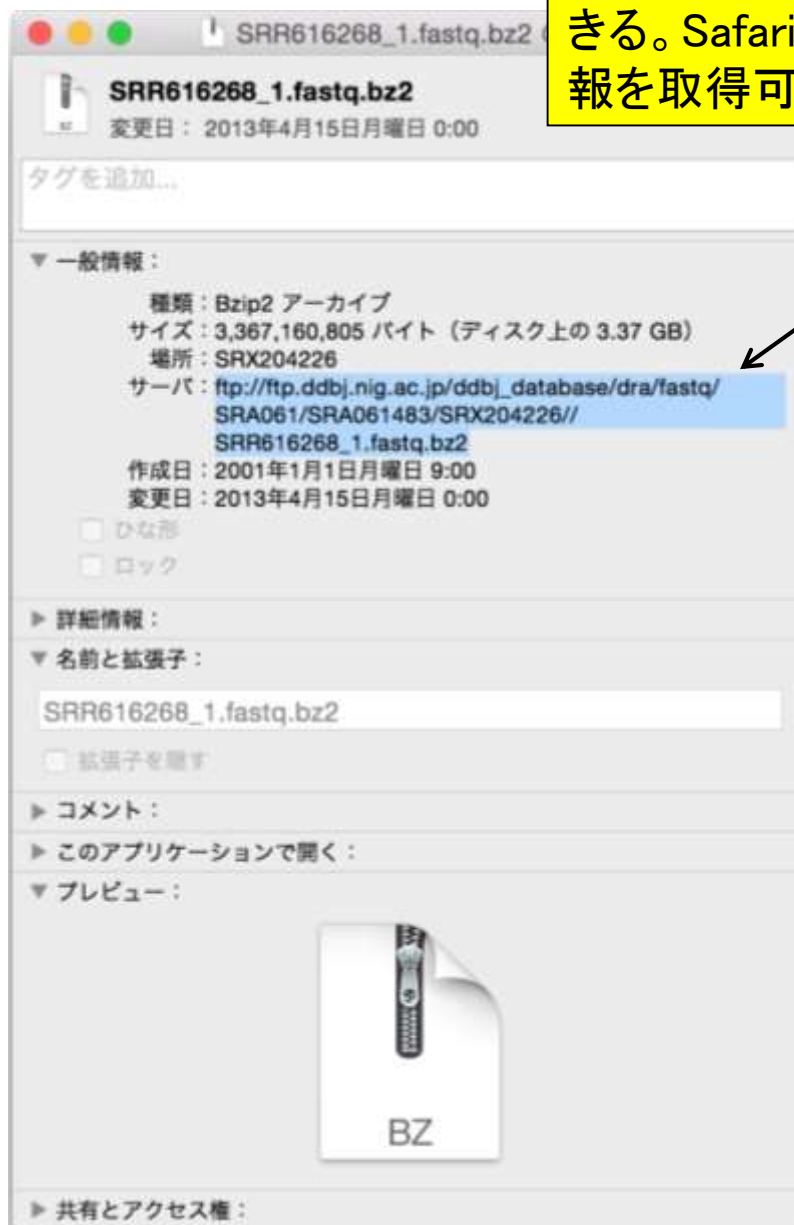
W21-2

ダウンロードしたいFASTQ形式のbzip2圧縮ファイルはこの2つ。ゲストOS上のFirefoxの場合は、右クリックの「Copy Link Location」でURL情報を取得できる。Safariの場合は「情報を見る」でも一応URL情報を取得可能。



W21-2

ダウンロードしたいFASTQ形式のbzip2圧縮ファイルはこの2つ。ゲストOS上のFirefoxの場合は、右クリックの「Copy Link Location」でURL情報を取得できる。Safariの場合は「情報を見る」でも一応URL情報を取得可能。



W21-3

ENAにて「Lactobacillus casei 12A」
のデータを検索。

The screenshot shows a web browser window with the URL `ebi.ac.uk`. A cookie notice is displayed at the top, stating: "Cookies on EMBL-EBI website. This website uses cookies to store a small amount of information on your computer, as part of the functioning of the site. Cookies used for the operation of the site have already been set. To find out more about the cookies we use and how to delete them, see our [Cookie](#) and [Privacy](#) statements." A "Dismiss this notice" button is present.

The main header features the EMBL-EBI logo and navigation links for "Services", "Research", "Training", and "About us". The ENA logo (European Nucleotide Archive) is prominently displayed. A search bar contains the text "Lactobacillus casei 12A". Below the search bar, examples are listed: "Examples: [BN000065](#), [histone](#)". To the right of the search bar are buttons for "Search", "Advanced", and "Sequence".

The secondary navigation bar includes links for "Home", "Search & Browse", "Submit & Update", "Software", "About ENA", and "Support".

The main content area is titled "European Nucleotide Archive". The introductory text reads: "The European Nucleotide Archive (ENA) provides a comprehensive record of the world's nucleotide sequencing information, covering raw sequencing data, sequence assembly information and functional annotation. [More about ENA](#)". Below this, it states: "Access to ENA data is provided though the browser, through search tools, large scale file download and through the API."

A "Popular" section lists several categories:

- Submit and update
- Sequence submissions
- Genome assembly submissions
- Submitting environmental sequences
- Citing ENA data
- Rest URLs for data retrieval

W21-3

「Lactobacillus casei 12A」検索結果。ページ下部に移動するとDRAで見たものと同じIDを発見できる。

The screenshot shows a web browser window with the URL `ebi.ac.uk`. At the top, there is a cookie notice: "Cookies on EMBL-EBI website. This website uses cookies to store a small amount of information on your computer, as part of the functioning of the site. Cookies used for the operation of the site have already been set. To find out more about the cookies we use and how to delete them, see our [Cookie and Privacy statements](#)." Below the notice is a "Dismiss this notice" button, which is highlighted by a red arrow. The main content area features the EMBL-EBI logo and the ENA (European Nucleotide Archive) logo. A search bar contains the text "Lactobacillus casei 12A" and a "Search" button. Below the search bar, there are links for "Advanced" and "Sequence". The navigation menu includes "Home", "Search & Browse", "Submit & Update", "About ENA", and "Support". A blue banner below the navigation menu contains the text: "Please subscribe to ena-announce mailing list here: listserv.ebi.ac.uk/mailman/listin... to receive alerts about ENA services." The search results section is titled "Search results for *Lactobacillus casei 12A*". Under the "Assembly" tab, it shows "Assembly (2) results found" with the first result being "GCA_000309565 Comparative genomics of Lactobacillus casei". Under the "Sequence" tab, it shows "Sequence (2) results found" with the first result being "GCA_000309565 Comparative genomics of Lactobacillus casei".

W21-3

SRP, SRA, SRX, SRRなど沢山のIDが存在するが、SRPというのが一番の大元に近いID。

The screenshot shows a web browser window with the URL ebi.ac.uk. The search results are organized into several sections:

- 12A library**
View all 2 results
- Run (2 results found)**
SRR616268 Illumina HiSeq 2000 paired end sequencing; Lactobacillus casei
12A library
View all 2 results
- Study (1 results found)**
SRP017156 Lactobacillus casei 12A Project
View all 1 results
- Study (Sequence) (2 results found)**
PRJNA217366 Lactobacillus casei 12A Genome sequencing
View all 2 results
- Sample (1 results found)**
SRS375150 Lactobacillus casei 12A
View all 1 results

A red arrow points to the 'Study (1 results found)' section, highlighting the entry SRP017156.

W21-3

The screenshot shows a web browser window with the URL `ebi.ac.uk`. At the top, there is a dark grey cookie notice with the text: "Cookies on EMBL-EBI website. This website uses cookies to store a small amount of information on your computer, as part of the functioning of the site. Cookies used for the operation of the site have already been set. To find out more about the cookies we use and how to delete them, see our [Cookie](#) and [Privacy](#) statements." A teal button labeled "Dismiss this notice" is located below the text. A red arrow points from the right side of the page towards the cookie notice.

Below the notice is the EMBL-EBI logo and a navigation menu with items: "Services", "Research", "Training", and "About us". The main content area features the ENA logo (European Nucleotide Archive) and a search bar. The search bar contains the text "Examples: [BN000065](#), [histone](#)". To the right of the search bar is a teal "Search" button and links for "Advanced" and "Sequence".

Below the search bar is another navigation menu with items: "Home", "Search & Browse", "Submit & Update", "About ENA", and "Support".

A blue banner below the navigation menu contains the text: "Please subscribe to ena-announce mailing list here: listserv.ebi.ac.uk/mailman/listin... to receive alerts about ENA services."

The main content area displays the following information:

- Study: SRP017156
- Lactobacillus casei 12A Project

At the bottom left, there is a "View:" label followed by a link for "XML". At the bottom right, there are links for "Send Feedback" (with an envelope icon) and "Download:" followed by a link for "XML".

SRP, SRA, SRX, SRRなど様々な種類のIDの対応関係を俯瞰できるのがENAの長所。

W21-3

Navigation Read Files

Download files

View: TEXT Download: TEXT

Select columns

Showing results 1 - 2 of 2 results

Study accession	Secondary study accession	Sample accession	Secondary sample accession	Experiment accession	Run accession	Tax ID	Scientific name	Instrument model	Library layout	Fastq files (ftp)	Fastq files (galaxy)
PRJNA217366	SRP017156	SAMN01813467	SRS375150	SRX204226	SRR616268	1051650	Lactobacillus casei 12A	Illumina HiSeq 2000	PAIRED	File 1 File 2	File 1 File 2
PRJNA217366	SRP017156	SAMN01813467	SRS375150	SRX204227	SRR616269	1051650	Lactobacillus casei 12A	Illumina HiSeq 2000	PAIRED	File 1 File 2	File 1 File 2

For Aspera download, please [download and install Aspera Connect](#)

W21-3

ENAは、FASTQ形式のgzip圧縮ファイルとして提供している。

Navigation Read Files

Download files

View: TEXT Download: TEXT

Select columns

Showing results 1 - 2 of 2 results

Study accession	Secondary study accession	Sample accession	Secondary sample accession	Experiment accession	Run accession	Tax ID	Scientific name	Instrument model	Library layout	Fastq files (ftp)	Fastq files (galaxy)
PRJNA217366	SRP017156	SAMN01813467	SRS375150	SRX204226	SRR616268	1051650	Lactobacillus casei 12A	Illumina HiSeq 2000	PAIRED	File 1 File 2	File 1 File 2
PRJNA217366	SRP017156	SAMN01813467	SRS375150	SRX204227	SRR616269	1051650	Lactobacillus casei 12A	Illumina HiSeq 2000	PAIRED	File 1 File 2	File 1 File 2

For Aspera download, please [download and install Aspera Connect](#)

W22-1

①srp017156ディレクトリの作成。ここでは②
/home/iu/Documents/srp017156で作業を行う。

```
iu@bielinux[hoge] cd [ 5:54午後 ]
iu@bielinux[iu] pwd [ 5:55午後 ]
/home/iu
iu@bielinux[iu] ls [ 5:55午後 ]
Desktop Documents Downloads Music Pictures Public Templates Videos
iu@bielinux[iu] cd Documents [ 5:55午後 ]
iu@bielinux/Documents] ls [ 5:55午後 ]
VirtualBox Dropped Files
iu@bielinux/Documents] pwd [ 5:55午後 ]
/home/iu/Documents
① iu@bielinux/Documents] mkdir srp017156 [ 5:55午後 ]
iu@bielinux/Documents] ls -la [ 5:55午後 ]
total 16
drwxr-xr-x  4 iu iu 4096 12月 10 17:55 .
drwxr-xr-x 18 iu iu 4096 12月 10 15:37 ..
drwxrwxr-x  2 iu iu 4096 12月 10 17:55 srp017156
drwx----- 12 iu iu 4096 12月  1 23:13 VirtualBox Dropped Files
iu@bielinux/Documents] cd srp017156 [ 5:55午後 ]
iu@bielinux[srp017156] pwd [ 5:55午後 ]
/home/iu/Documents/srp017156
② iu@bielinux[srp017156] █ [ 5:55午後 ]
```

W22-2

①wgetコマンドを利用してSRR616268_1.fastq.bz2のダウンロードを実行。②DRAはチェックサム情報はないが、ファイルサイズが同じことから正しくダウンロードできたと判断。

```
iu@bielinux[srp017156] wget -c ftp://ftp.ddbj.nig.ac.jp/ddbj_database/dra/fastq/SRA061/SRA061483/SRX204226/SRR616268_1.fastq.bz2
--2014-12-11 14:25:36-- ftp://ftp.ddbj.nig.ac.jp/ddbj_database/dra/fastq/SRA061/SRA061483/SRX204226/SRR616268_1.fastq.bz2
=> 'SRR616268_1.fastq.bz2'
Resolving ftp.ddbj.nig.ac.jp (ftp.ddbj.nig.ac.jp)... 133.39.224.12
Connecting to ftp.ddbj.nig.ac.jp (ftp.ddbj.nig.ac.jp)|133.39.224.12|:21... connected.
Logging in as anonymous ... Logged in!
==> SYST ... done.      ==> PWD ... done.
==> TYPE I ... done.    ==> CWD (1) /ddbj_database/dra/fastq/SRA061/SRA061483/SRX204226 ... done.
==> SIZE SRR616268_1.fastq.bz2 ... 7662128101
==> PASV ... done.     ==> RETR SRR616268_1.fastq.bz2 ... done.
Length: 7662128101 (7.1G) (unauthoritative)

100%[=====>] 7,662,128,101 3.70MB/s  in 25m 53s
2014-12-11 14:51:30 (4.70 MB/s) - 'SRR616268_1.fastq.bz2' saved [7662128101]

iu@bielinux[srp017156] ls -la
total 7482560
drwxrwxr-x 2 iu iu      4096 12月 11 14:25 .
drwxr-xr-x 4 iu iu      4096 12月 10 17:55 ..
-rw-rw-r-- 1 iu iu 7662128101 12月 11 14:51 SRR616268_1.fastq.bz2
iu@bielinux[srp017156] █
```

04/15/2013 12:00午前	14,575,885	SRR616268.fastq.bz2
04/15/2013 12:00午前	7,662,128,101	SRR616268_1.fastq.bz2
04/15/2013 12:00午前	7,017,031,734	SRR616268_2.fastq.bz2

W22-2

7.7GBのダウンロードに約26分かかっていることがわかる。
これは東大有線LAN環境での結果であり、ヒトそれぞれ。

```
iu@bielinux[srp017156] wget -c ftp://ftp.ddbj.nig.ac.jp/ddbj_database/dra/fastq/SRA061/SRA061483/SRX204226/SRR616268_1.fastq.bz2
--2014-12-11 14:25:36-- ftp://ftp.ddbj.nig.ac.jp/ddbj_database/dra/fastq/SRA061/SRA061483/SRX204226/SRR616268_1.fastq.bz2
=> 'SRR616268_1.fastq.bz2'
Resolving ftp.ddbj.nig.ac.jp (ftp.ddbj.nig.ac.jp)... 133.39.224.12
Connecting to ftp.ddbj.nig.ac.jp (ftp.ddbj.nig.ac.jp)|133.39.224.12|:21... connected.
Logging in as anonymous ... Logged in!
==> SYST ... done.      ==> PWD ... done.
==> TYPE I ... done.    ==> CWD (1) /ddbj_database/dra/fastq/SRA061/SRA061483/SRX204226 ... done.
==> SIZE SRR616268_1.fastq.bz2 ... 7662128101
==> PASV ... done.     ==> RETR SRR616268_1.fastq.bz2 ... done.
Length: 7662128101 (7.1G) (unauthoritative)

100%[=====>] 7,662,128,101 3.70MB/s  in 25m 53s

2014-12-11 14:51:30 (4.70 MB/s) - 'SRR616268_1.fastq.bz2' saved [7662128101]

iu@bielinux[srp017156] ls -la
total 7482560
drwxrwxr-x 2 iu iu      4096 12月 11 14:25 .
drwxr-xr-x 4 iu iu      4096 12月 10 17:55 ..
-rw-rw-r-- 1 iu iu 7662128101 12月 11 14:51 SRR616268_1.fastq.bz2
iu@bielinux[srp017156] █
```

04/15/2013 12:00午前	14,575,885	SRR616268.fastq.bz2
04/15/2013 12:00午前	7,662,128,101	SRR616268_1.fastq.bz2
04/15/2013 12:00午前	7,017,031,734	SRR616268_2.fastq.bz2

[1:53午後]

[2:20午後]

W22-2

wgetの場合ダウンロードに要した時間が表示されるが、他の一般的なコマンドは実行時間は表示されない。実行時間を計測したい場合は、コマンドの左側にtimeをつける。

```
iu@bielinux[srp017156] time wget -c ftp://ftp.ddbj.nig.ac.jp/ddbj_database/dra/fastq/SRA061/SRA061483/SRX204226/SRR616268_2.fastq.bz2
--2014-12-12 14:38:34-- ftp://ftp.ddbj.nig.ac.jp/ddbj_database/dra/fastq/SRA061/SRA061483/SRX204226/SRR616268_2.fastq.bz2
=> 'SRR616268_2.fastq.bz2'
Resolving ftp.ddbj.nig.ac.jp (ftp.ddbj.nig.ac.jp)... 133.39.224.12
Connecting to ftp.ddbj.nig.ac.jp (ftp.ddbj.nig.ac.jp)|133.39.224.12|:21... connected.
Logging in as anonymous ... Logged in!
==> SYST ... done.      ==> PWD ... done.
==> TYPE I ... done.    ==> CWD (1) /ddbj_database/dra/fastq/SRA061/SRA061483/SRX204226 ... done.
==> SIZE SRR616268_2.fastq.bz2 ... 7017031734
==> PASV ... done.      ==> RETR SRR616268_2.fastq.bz2 ... done.
Length: 7017031734 (6.5G) (unauthoritative)

100%[=====>] 7,017,031,734 7.58MB/s  in 21m 20s

2014-12-12 14:59:55 (5.23 MB/s) - 'SRR616268_2.fastq.bz2' saved [7017031734]

wget -c 14.35s user 131.02s system 11% cpu 21:21.16 total
iu@bielinux[srp017156] ls -la
total 14335136
drwxrwxr-x 2 iu iu      4096 12月 12 14:38 .
drwxr-xr-x 4 iu iu      4096 12月 10 17:55 ..
-rw-rw-r-- 1 iu iu 7662128101 12月 11 14:51 SRR616268_1.fastq.bz2
-rw-rw-r-- 1 iu iu 7017031734 12月 12 14:59 SRR616268_2.fastq.bz2
iu@bielinux[srp017156]
```

[2:59午後]

[3:11午後]

W22-3

②bzip2圧縮ファイルの解凍を行っている。約90分かかっている。①と③で解凍前後に「df -h」を実行し、全体のディスク使用量の推移もチェックしている。

```
iu@bielinux[srp017156] ls -la
total 14335136
drwxrwxr-x 2 iu iu      4096 12月 12 14:38 .
drwxr-xr-x 4 iu iu      4096 12月 10 17:55 ..
-rw-rw-r-- 1 iu iu 7662128101 12月 11 14:51 SRR616268_1.fastq.bz2
-rw-rw-r-- 1 iu iu 7017031734 12月 12 14:59 SRR616268_2.fastq.bz2
iu@bielinux[srp017156] df -h
df: 'mac_share': No such file or directory
Filesystem      Size  Used Avail Use% Mounted on
/dev/sda1       146G  23G  116G  17% /
none            4.0K    0  4.0K   0% /sys/fs/cgroup
udev            991M  4.0K  991M   1% /dev
tmpfs           201M  920K  200M   1% /run
none            5.0M    0  5.0M   0% /run/lock
none           1002M  156K  1001M   1% /run/shm
none            100M   64K  100M   1% /run/user
iu@bielinux[srp017156] bzip2 -d SRR616268_1.fastq.bz2
iu@bielinux[srp017156] df -h
df: 'mac_share': No such file or directory
Filesystem      Size  Used Avail Use% Mounted on
/dev/sda1       146G  57G   82G  41% /
none            4.0K    0  4.0K   0% /sys/fs/cgroup
udev            991M  4.0K  991M   1% /dev
tmpfs           201M  920K  200M   1% /run
none            5.0M    0  5.0M   0% /run/lock
none           1002M  156K  1001M   1% /run/shm
none            100M   64K  100M   1% /run/user
iu@bielinux[srp017156]
```

[2:59午後]

[3:11午後]

[3:24午後]

[4:55午後]

[5:03午後]

W22-3

たった1つのファイルを解凍しただけで、一気にディスク使用量が23GBから57GBに激増していることが分かる。

```
iu@bielinux[srp017156] ls -la
total 14335136
drwxrwxr-x 2 iu iu      4096 12月 12 14:38 .
drwxr-xr-x 4 iu iu      4096 12月 10 17:55 ..
-rw-rw-r-- 1 iu iu 7662128101 12月 11 14:51 SRR616268_1.fastq.bz2
-rw-rw-r-- 1 iu iu 7017031734 12月 12 14:59 SRR616268_2.fastq.bz2

iu@bielinux[srp017156] df -h
df: 'mac_share': No such file or directory
Filesystem      Size  Used Avail Use% Mounted on
/dev/sda1       146G   23G  116G  17% /
none            4.0K    0  4.0K   0% /sys/fs/cgroup
udev           991M   4.0K  991M   1% /dev
tmpfs          201M  920K  200M   1% /run
none           5.0M    0  5.0M   0% /run/lock
none          1002M  156K 1001M   1% /run/shm
none           100M   64K  100M   1% /run/user

iu@bielinux[srp017156] bzip2 -d SRR616268_1.fastq.bz2
iu@bielinux[srp017156] df -h
df: 'mac_share': No such file or directory
Filesystem      Size  Used Avail Use% Mounted on
/dev/sda1       146G   57G   82G  41% /
none            4.0K    0  4.0K   0% /sys/fs/cgroup
udev           991M   4.0K  991M   1% /dev
tmpfs          201M  920K  200M   1% /run
none           5.0M    0  5.0M   0% /run/lock
none          1002M  156K 1001M   1% /run/shm
none           100M   64K  100M   1% /run/user

iu@bielinux[srp017156]
```

[2:59午後]

[3:11午後]

[3:24午後]

[4:55午後]

[5:03午後]

W22-3

解凍後のファイルサイズは7GB程度から40GB以上に膨れ上がる。

```
iu@bielinux[srp017156] bzip2 -d SRR616268_1.fastq.bz2 [ 3:24午後 ]
iu@bielinux[srp017156] df -h [ 4:55午後 ]
df: 'mac_share': No such file or directory
Filesystem      Size  Used Avail Use% Mounted on
/dev/sda1       146G   57G   82G   41% /
none            4.0K    0 4.0K    0% /sys/fs/cgroup
udev           991M   4.0K 991M    1% /dev
tmpfs          201M  920K 200M    1% /run
none           5.0M    0 5.0M    0% /run/lock
none          1002M  156K 1001M    1% /run/shm
none           100M   64K 100M    1% /run/user
iu@bielinux[srp017156] ls -la [ 5:03午後 ]
total 49811440
drwxrwxr-x 2 iu iu      4096 12月 12 16:55 .
drwxr-xr-x 4 iu iu      4096 12月 10 17:55 ..
-rw-rw-r-- 1 iu iu 43989863596 12月 11 14:51 SRR616268_1.fastq
-rw-rw-r-- 1 iu iu  7017031734 12月 12 14:59 SRR616268_2.fastq.bz2
iu@bielinux[srp017156] ls -lh [ 5:14午後 ]
total 48G
-rw-rw-r-- 1 iu iu  41G 12月 11 14:51 SRR616268_1.fastq
-rw-rw-r-- 1 iu iu  6.6G 12月 12 14:59 SRR616268_2.fastq.bz2
iu@bielinux[srp017156] [ 5:30午後 ]
```



W22-4

②2つめのbzip2圧縮ファイルを解凍。①と③の解凍前後で6.6GBから38GBに激増していることがわかる。
④全体のディスク容量も146GBのうち、使用容量が87GB、未使用が52GBとなっていることがわかる。

```
iu@bielinux[srp017156] ls -lh
total 48G
-rw-rw-r-- 1 iu iu 41G 12月 11 14:51 SRR616268_1.fastq
-rw-rw-r-- 1 iu iu 6.6G 12月 12 14:59 SRR616268_2.fastq.bz2
iu@bielinux[srp017156] bunzip2 SRR616268_2.fastq.bz2
iu@bielinux[srp017156] ls -lh
total 79G
-rw-rw-r-- 1 iu iu 41G 12月 11 14:51 SRR616268_1.fastq
-rw-rw-r-- 1 iu iu 38G 12月 12 14:59 SRR616268_2.fastq
iu@bielinux[srp017156] df -h
df: 'mac_share': No such file or directory
Filesystem      Size  Used Avail Use% Mounted on
/dev/sda1       146G   87G   52G   63% /
none            4.0K    0 4.0K   0% /sys/fs/cgroup
udev            991M   4.0K 991M   1% /dev
tmpfs           201M  916K 200M   1% /run
none            5.0M    0 5.0M   0% /run/lock
none           1002M  152K 1001M   1% /run/shm
none            100M   52K  100M   1% /run/user
iu@bielinux[srp017156]
```

[1:32午後]
[1:32午後]
[2:08午後]
[4:07午後]
[4:08午後]

W22-5

bzip2の圧縮パフォーマンス。①41GBが7.2GB、②38GBが6.6GB。処理時間は、それぞれ94分と75分。

```
iu@bielinux[srp017156] pwd [ 5:22午後 ]
/home/iu/Documents/srp017156
iu@bielinux[srp017156] ls -lh [ 5:23午後 ]
total 79G
-rw-rw-r-- 1 iu iu 41G 12月 11 14:51 SRR616268_1.fastq
-rw-rw-r-- 1 iu iu 38G 12月 12 14:59 SRR616268_2.fastq
iu@bielinux[srp017156] time bzip2 SRR616268_1.fastq [ 5:23午後 ]
bzip2 SRR616268_1.fastq 4192.25s user 344.21s system 80% cpu 1:34:10.20 total
iu@bielinux[srp017156] time bzip2 SRR616268_2.fastq [ 6:57午後 ]
bzip2 SRR616268_2.fastq 3569.87s user 294.51s system 86% cpu 1:14:40.80 total
iu@bielinux[srp017156] ls -lh [ 8:12午後 ]
total 14G
-rw-rw-r-- 1 iu iu 7.2G 12月 11 14:51 SRR616268_1.fastq.bz2
-rw-rw-r-- 1 iu iu 6.6G 12月 12 14:59 SRR616268_2.fastq.bz2
iu@bielinux[srp017156] [ 8:12午後 ]
```


W22-5

bzip2のパフォーマンス。7.2GBの解凍に37分。6.6GBの解凍に34分。

```
iu@bielinux[srp017156] ls -lh [ 1:29午前 ]
total 14G
-rw-rw-r-- 1 iu iu 7.2G 12月 11 14:51 SRR616268_1.fastq.bz2
-rw-rw-r-- 1 iu iu 6.6G 12月 12 14:59 SRR616268_2.fastq.bz2
iu@bielinux[srp017156] [ 1:29午前 ]
iu@bielinux[srp017156] time bunzip2 SRR616268_1.fastq.bz2 [ 1:29午前 ]
bunzip2 SRR616268_1.fastq.bz2 1395.33s user 145.83s system 68% cpu 37
:14.82 total
iu@bielinux[srp017156] time bunzip2 SRR616268_2.fastq.bz2 [ 2:06午前 ]
bunzip2 SRR616268_2.fastq.bz2 1246.13s user 131.68s system 67% cpu 33
:49.93 total
iu@bielinux[srp017156] ls -lh [ 2:40午前 ]
total 79G
-rw-rw-r-- 1 iu iu 41G 12月 11 14:51 SRR616268_1.fastq
-rw-rw-r-- 1 iu iu 38G 12月 12 14:59 SRR616268_2.fastq
iu@bielinux[srp017156] [ 2:40午前 ]
```

W22-6

gzipの圧縮パフォーマンス。41GBが9.5GB、38GBが8.8GB。処理時間は、それぞれ110分と103分。一般に、gzipの圧縮率はbzip2に比べて劣るので合理的。しかし実行時間も遅かったのは想定外。たまたまかもしれない。

```
iu@bielinux[srp017156] ls -lh [ 2:40午前 ]
total 79G
-rw-rw-r-- 1 iu iu 41G 12月 11 14:51 SRR616268_1.fastq
-rw-rw-r-- 1 iu iu 38G 12月 12 14:59 SRR616268_2.fastq
iu@bielinux[srp017156] [ 2:40午前 ]
iu@bielinux[srp017156] time gzip SRR616268_1.fastq [ 2:40午前 ]
gzip SRR616268_1.fastq 5290.42s user 429.16s system 86% cpu 1:49:56.3
3 total
iu@bielinux[srp017156] time gzip SRR616268_2.fastq [ 4:30午前 ]
gzip SRR616268_2.fastq 4809.24s user 393.25s system 83% cpu 1:43:22.2
9 total
iu@bielinux[srp017156] ls -lh [ 6:13午前 ]
total 19G
-rw-rw-r-- 1 iu iu 9.5G 12月 11 14:51 SRR616268_1.fastq.gz
-rw-rw-r-- 1 iu iu 8.8G 12月 12 14:59 SRR616268_2.fastq.gz
iu@bielinux[srp017156] [ 6:13午前 ]
```

W22-6

gzipのパフォーマンス。9.5GBの解凍に24分。8.8GBの解凍に17分。解凍の処理速度は、bzip2よりも明らかに速い。

```
iu@bielinux[srp017156] ls -lh
total 19G
-rw-rw-r-- 1 iu iu 9.5G 12月 11 14:51 SRR616268_1.fastq.gz
-rw-rw-r-- 1 iu iu 8.8G 12月 12 14:59 SRR616268_2.fastq.gz
iu@bielinux[srp017156] time gunzip SRR616268_1.fastq.gz
gunzip SRR616268_1.fastq.gz 311.53s user 63.26s system 26% cpu 23:39.92 total
iu@bielinux[srp017156] time gunzip SRR616268_2.fastq.gz
gunzip SRR616268_2.fastq.gz 287.09s user 57.63s system 33% cpu 17:23.14 total
iu@bielinux[srp017156] ls -lh
total 79G
-rw-rw-r-- 1 iu iu 41G 12月 11 14:51 SRR616268_1.fastq
-rw-rw-r-- 1 iu iu 38G 12月 12 14:59 SRR616268_2.fastq
iu@bielinux[srp017156]
```


W23-1

ペアエンドリードなので生データの行数は同じはず。①と②でそれぞれ独立にwcコマンドで行数を調べている。2ファイルともに539,023,984行という結果を得て安心。数が違っていると何かがおかしいので、ちゃんとダウンロードできているのかななどを様々な角度から検証すべし。

```
iu@bielinux[~/Documents/srp017156] [ 7:00午後 ]
iu@bielinux[srp017156] date [ 7:00午後 ]
2014年 12月 13日 土曜日 19:00:44 JST
iu@bielinux[srp017156] wc SRR616268_1.fastq [ 7:00午後 ]
539023984 ← 1078047968 43989863596 SRR616268_1.fastq
iu@bielinux[srp017156] wc SRR616268_2.fastq [ 7:13午後 ]
539023984 ← 1078047968 39947183716 SRR616268_2.fastq
iu@bielinux[srp017156] wc SRR616268_1.fastq SRR616268_2.fastq [ 7:24午後 ]
539023984 1078047968 43989863596 SRR616268_1.fastq
539023984 1078047968 39947183716 SRR616268_2.fastq
1078047968 2156095936 83937047312 total
iu@bielinux[srp017156] wc *.fastq [ 7:50午後 ]
539023984 1078047968 43989863596 SRR616268_1.fastq
539023984 1078047968 39947183716 SRR616268_2.fastq
1078047968 2156095936 83937047312 total
iu@bielinux[srp017156] time wc *.fastq [ 8:15午後 ]
539023984 1078047968 43989863596 SRR616268_1.fastq
539023984 1078047968 39947183716 SRR616268_2.fastq
1078047968 2156095936 83937047312 total
wc *.fastq 1076.83s user 115.98s system 79% cpu 24:58.14 total
iu@bielinux[srp017156] date [ 8:40午後 ]
2014年 12月 13日 土曜日 20:40:08 JST
iu@bielinux[srp017156] [ 8:41午後 ]
```


W23-1

①wcコマンドのあとに複数のファイル名を与えるやり方。
②ファイル名の最後が「.fastq」で終わるファイル全てに対してwcコマンドを実行せよという命令。この場合、ペアエンドの2つのファイルしかないので実質的には①と同じ結果が得られるが、カレントディレクトリ中に10個の.fastqで終わるファイルが存在するときは10個分実行される。

```
iu@bielinux[~/Documents/srp017156]
iu@bielinux[srp017156] date
2014年 12月 13日 土曜日 19:00:44 JST
iu@bielinux[srp017156] wc SRR616268_1.fastq [ 7:00午後 ]
539023984 1078047968 43989863596 SRR616268_1.fastq
iu@bielinux[srp017156] wc SRR616268_2.fastq [ 7:13午後 ]
539023984 1078047968 39947183716 SRR616268_2.fastq
① iu@bielinux[srp017156] wc SRR616268_1.fastq SRR616268_2.fastq [ 7:24午後 ]
539023984 1078047968 43989863596 SRR616268_1.fastq
539023984 1078047968 39947183716 SRR616268_2.fastq
1078047968 2156095936 83937047312 total
② iu@bielinux[srp017156] wc *.fastq [ 7:50午後 ]
539023984 1078047968 43989863596 SRR616268_1.fastq
539023984 1078047968 39947183716 SRR616268_2.fastq
1078047968 2156095936 83937047312 total
iu@bielinux[srp017156] time wc *.fastq [ 8:15午後 ]
539023984 1078047968 43989863596 SRR616268_1.fastq
539023984 1078047968 39947183716 SRR616268_2.fastq
1078047968 2156095936 83937047312 total
wc *.fastq 1076.83s user 115.98s system 79% cpu 24:58.14 total
iu@bielinux[srp017156] date [ 8:40午後 ]
2014年 12月 13日 土曜日 20:40:08 JST
iu@bielinux[srp017156] [ 8:41午後 ]
```


W23-2

約5.4億行のファイルだとwc実行にも一苦労。赤枠部分を眺めるだけでも2つのファイルを実行するのに25分程度かかっていることがわかるが、timeコマンドで実行時間を計測するのが王道。

```
iu@bielinux[~/Documents/srp017156]
iu@bielinux[srp017156] date
2014年 12月 13日 土曜日 19:00:44 JST
iu@bielinux[srp017156] wc SRR616268_1.fastq
539023984 1078047968 43989863596 SRR616268_1.fastq
iu@bielinux[srp017156] wc SRR616268_2.fastq
539023984 1078047968 39947183716 SRR616268_2.fastq
iu@bielinux[srp017156] wc SRR616268_1.fastq SRR616268_2.fastq
539023984 1078047968 43989863596 SRR616268_1.fastq
539023984 1078047968 39947183716 SRR616268_2.fastq
1078047968 2156095936 83937047312 total
iu@bielinux[srp017156] wc *.fastq
539023984 1078047968 43989863596 SRR616268_1.fastq
539023984 1078047968 39947183716 SRR616268_2.fastq
1078047968 2156095936 83937047312 total
iu@bielinux[srp017156] time wc *.fastq
539023984 1078047968 43989863596 SRR616268_1.fastq
539023984 1078047968 39947183716 SRR616268_2.fastq
1078047968 2156095936 83937047312 total
wc *.fastq 1076.83s user 115.98s system 79% cpu 24:58.14 total
iu@bielinux[srp017156] date
2014年 12月 13日 土曜日 20:40:08 JST
iu@bielinux[srp017156]
```

[7:00午後]
[7:00午後]
[7:13午後]
[7:24午後]
[7:50午後]
[8:15午後]
[8:40午後]
[8:41午後]

W23-2

NGSデータ解析は、このように各コマンドの実行が十数分から数時間にも及ぶ。そのため、一つのコマンド実行が終わるのを待ち構えて、すぐに次のコマンドを打ち込んでいる...わけではない。ここでは、ホストOS上でスクリプトエディタのようなテキストエディタに一連のスクリプトを書きこんでおき、ターミナル上でコピペで実行している。尚、コピペは「CTRL + CおよびV」ではなく右クリックでやるべし。

```
iu@bielinux[~/Documents/srp017156]
iu@bielinux[srp017156] date
2014年 12月 13日 土曜日 19:00:44
iu@bielinux[srp017156] wc SRR616268_1.fastq
539023984 1078047968 43989863596 SRR616268_1
iu@bielinux[srp017156] wc SRR616268_2.fastq
539023984 1078047968 39947183716 SRR616268_2
iu@bielinux[srp017156] wc SRR616268_1.fastq SRR616268_2.fastq
539023984 1078047968 43989863596 SRR616268_1
539023984 1078047968 39947183716 SRR616268_2
1078047968 2156095936 83937047312 total
iu@bielinux[srp017156] wc *.fastq
539023984 1078047968 43989863596 SRR616268_1
539023984 1078047968 39947183716 SRR616268_2
1078047968 2156095936 83937047312 total
iu@bielinux[srp017156] time wc *.fastq
539023984 1078047968 43989863596 SRR616268_1
539023984 1078047968 39947183716 SRR616268_2
1078047968 2156095936 83937047312 total
wc *.fastq 1076.83s user 115.98s system 79% cp
iu@bielinux[srp017156] date
2014年 12月 13日 土曜日 20:40:08 JST
iu@bielinux[srp017156] █
```

AppleScript ◊ <要素が選択されていません> ◊

- date
- wc SRR616268_1.fastq
- wc SRR616268_2.fastq
- wc SRR616268_1.fastq SRR616268_2.fastq
- wc *.fastq
- time wc *.fastq
- date

説明

もちろん、ゲストOS上で新しいターミナルを開き、geditでスクリプトを作成してコピペでもよい。

W23-2

The screenshot shows a Linux desktop environment with a terminal window and a gedit editor window. The terminal window displays the following commands and output:

```
iu@bielinux[~/Documents/srp017156] date [ 7:00午後 ]
2014年 12月 13日 土曜日 19:00:44 JST
iu@bielinux[srp017156] wc SRR616268_1.fastq [ 7:00午後 ]
539023984 1078047968 43989863596 SRR616268 1.fastq
iu@bielinux[srp017156] wc SRR616268_2.fastq
539023984 1078047968 39947183716 SRR616268 2.fastq
iu@bielinux[srp017156] wc SRR616268_1.fastq SRR616268_2.fastq [ 7:22午後 ]
539023984 1078047968 43989863596 SRR616268 1.fastq
539023984 1078047968 39947183716 SRR616268 2.fastq
1078047968 2156095936 83937047312 total
iu@bielinux[srp017156] wc *.fastq
539023984 1078047968 43989863596 SRR616268_1
539023984 1078047968 39947183716 SRR616268_2
1078047968 2156095936 83937047312 total
iu@bielinux[srp017156] time wc *.fastq
539023984 1078047968 43989863596 SRR616268_1
539023984 1078047968 39947183716 SRR616268_2
1078047968 2156095936 83937047312 total
wc *.fastq 1076.83s user 115.98s system 79% cp
iu@bielinux[srp017156] date
2014年 12月 13日 土曜日 20:40:08 JST
iu@bielinux[srp017156]
```

The gedit editor window shows the same terminal output, with a red arrow pointing to the 'Copy' option in the context menu. The context menu also includes 'Undo', 'Redo', 'Cut', 'Paste', 'Delete', and 'Select All'. The status bar at the bottom of the gedit window shows 'Plain Text', 'Tab Width: 8', 'Ln 1, Col 1', and 'INS'.

W24-2

tailコマンドで最後の8行分を表示している。黒矢印部分がリードのシリアル番号のようなもの。wc実行結果から134,755,996リードとなっているのになぜ一番最後のリードが135073834となっているのか疑問に思っただけ。

```
iu@bielinux[srp017156] tail -n 8 SRR616268_1.fastq
@SRR616268.135073833 2291:6:2308:21326:200775 length=107
GCCCCGGTATATTTTCGGTGTGTGCGGCTCGACTTGTGGGGTTTTATGCACTGTTTTAATGGTGGCTGGTTTTGTGGGATGTTTTTTGTTGTCTGTGTTTAGTGAG
+SRR616268.135073833 2291:6:2308:21326:200775 length=107
P\^cJ\`c0[QQ`ddKQbQ[HHP cBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBPJS\cce
@SRR616268.135073834 2291:6:2308:21288:200826 length=107
CGCGTGTGGTGGTGGGTTGTTTTGTGTGGGGTGGATTTTTTTGGTGTGTAGTGGGTTGGGTTATTGGGTATTTTGTGGATCTTTGTTTTTTTGTTTAGGGTG
+SRR616268.135073834 2291:6:2308:21288:200826 length=107
P\\caH0`QSQQR`[PHPHP00^H0^BBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBJJPS\\a
iu@bielinux[srp017156] tail -n 8 SRR616268_2.fastq
@SRR616268.135073833 2291:6:2308:21326:200775 length=93
GGATAAGGTTCTTTGTTGAAAGGGGTACAGTCAAGATCACCAGTTAAGTCCCTAAATTTATGCTAAGTGGAAAAGGATGTGGCGTTGCACAG
+SRR616268.135073833 2291:6:2308:21326:200775 length=93
JQORQJS]bJJJR]bgR[QQ]Q[dgHHPY^OPIY^eghhhhhhghhhfghhiihiifgbghbgfedd`bgeccce`__b`bca_W^bcb^
@SRR616268.135073834 2291:6:2308:21288:200826 length=93
GTTGTGTTGGGATTTGGTGCAGGGTGGAGGGTGGGTTGTTTGGGTTTGGTTGGGGTGGTTGGGTGTGCTTTGGTGGGGAGTTTTTCGGGTT
+SRR616268.135073834 2291:6:2308:21288:200826 length=93
cOQ`HQR`eaBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBB
iu@bielinux[srp017156] █
```

[12:09午後]

[12:09午後]

DRAは、生データのsraファイルからFASTQファイルを生成する際、クオリティの低いリードなどを除去しているため。
<http://trace.ddbj.nig.ac.jp/dra/faq.html#read-number-fastq>

The screenshot shows a web browser window with the URL `http://trace.ddbj.nig.ac.jp/dra/faq.html#read-number-fastq`. The page content is as follows:

DRA で公開されている fastq のリード数が生データのそれよりも少ないのは何故でしょうか?

DRA では NCBI SRA Toolkit に含まれている `fastq-dump` を使い、以下のオプションで生データである SRA ファイルから fastq ファイルを作成しています。

```
fastq-dump -M 25 -E --skip-technical --split-3 -W <SRA file>
```

- `-M 25`: 25 塩基以上の配列のみを含める。デフォルトは 25。
- `-E`: リードの開始、もしくは終わりに 10 以上の N が存在しない
- `--skip-technical`: technical read を除き biological read のみを出力
- `--split-3`: ペアリードで最初と二番目の biological read をそれぞれ *_1.fastq と *_2.fastq として出力する。一つしか biological read が存在しない場合、*.fastq として出力する。
- `-W`: 指定されていた場合、left と right を clip する

上記の出力条件でリードがフィルタリング、トリミングされるため、一般的に fastq のリード数は SRA ファイルのそれよりも少なくなっています。フィルタリング、トリミングされていない fastq ファイルを得るには以下のコマンドで fastq を生成します。

```
fastq-dump -M 1 --split-3 <SRA file>
```

作成日: 2013年10月8日; 最終更新日: 2014年6月6日

W24-3

DRAは、生データのsraファイルからFASTQファイルを生
成する際、クオリティの低いリードなどを除去しているため。

DRASearch trace.ddbj.nig.ac.jp

Send Feedback Search Home DRA Home

SRP017156

Study Detail	
Title	Lactobacillus casei 12A Project
Study Type	Transcriptome Analysis
Abstract	none provided
Description	none provided
Center Name	

Navigation	
Submission	SRA061483 FTP
Experiment	SRX204226 FASTQ SRA
	SRX204227 FASTQ SRA
Sample	SRS375150

Copyright©DRASearch

DRASearch trace.ddbj.nig.ac.jp

SRP017156 - DRA Search SRX204226 - DRA Search

Send Feedback Search Home DRA Home

SRX204226 FASTQ SRA

Experiment Detail	
Title	Lactobacillus casei 12A library
Design Description	Illumina Stranded Std PE (amplified)
Organism	Lactobacillus casei 12A

Library Description	
Name	COHG
Strategy	EST
Source	TRANSCRIPTOMIC

Navigation	
Submission	SRA061483 FTP
Study	SRP017156
Sample	SRS375150
Run	SRR616268 FASTQ SRA



W24-3

確かにウェブ上で見られる生データのリードを眺めると、シリアル番号が1から6まではNだらけでクオリティが明らかに低いことがわかる。

The screenshot shows a web browser window with the URL `trace.ddbj.nig.ac.jp`. The page displays search results for SRR616268. The interface includes a search bar, navigation buttons, and a table of reads. The reads are displayed in a list format, with each read starting with a header like `>SRR616268.1` followed by a line of colored nucleotide characters (G, A, C, T) and a line of 'N' characters representing low-quality or missing data. The first six reads (SRR616268.1 to SRR616268.6) are highlighted with a yellow background, and a yellow callout box with a black border points to them. The callout box contains the text: "確かにウェブ上で見られる生データのリードを眺めると、シリアル番号が1から6まではNだらけでクオリティが明らかに低いことがわかる。".

W24-3

シリアル番号が7のやつはクオリティが高そう。FASTQファイルをheadコマンドで眺めたときに、最初のリードのシリアル番号が7であったのは極めて妥当！結論として、DRAで取り扱うFASTQファイルは生リードよりも若干少なくなるが、事実上気にしなくて良い。

>SRR616268.7

```
AGCCCGACTTTCGTCCCTGCTCGACTTGTGTCAGTCTCGCAGTCAAGCTCCCTTATACCTTTACACTCTGCGAATGATTTC
AACCAATTCTGAGGGAACCTTCTCTAACCCGCGCCACTAATCGTGGCGGGAGACAGTGTGAGGGAGGCAGGTTGACTGGGG
GGGGGGGCCCCAAAATTAAACGAGGGGCCCAANGGNT
```

>SRR616268.8

```
CGCCGTACTCAGGATCCTGG
NNNNNNNNNNNNNNNNNNNN
NNNNNNNNNNNNNNNNNNNN
```

>SRR616268.9

```
TCCCTTTTCGACAATGGACC
NNNNNNNNNNNNNNNNNNNN
NNNNNNNNNNNNNNNNNNNN
```

>SRR616268.10

```
GGACTAGGCCAAACAAGAGC
NNNNNNNNNNNTGNNNNNNNN
NNNNNNNNNNNNNNNNNNNN
```

The terminal window shows the following commands and outputs:

```
iu@bielinux[srp017156] pwd [12:10午前]
/home/iu/Documents/srp017156
iu@bielinux[srp017156] ls -lh [12:10午前]
total 79G
-rw-rw-r-- 1 iu iu 41G 12月 11 14:51 SRR616268_1.fastq
-rw-rw-r-- 1 iu iu 38G 12月 12 14:59 SRR616268_2.fastq
iu@bielinux[srp017156] head -n 8 SRR616268_1.fastq [12:10午前]
@SRR616268.7 2291:6:1101:1412:2249 length=107
AGCCCGACTTTCGTCCCTGCTCGACTTGTGTCAGTCTCGCAGTCAAGCTCCCTTATACCTTTACACTCTGCG
AATGATTTCCAACCATTCTGAGGGAACCTTCTCTAAC
+SRR616268.7 2291:6:1101:1412:2249 length=107
bbbeeeeeggggiiiiiighiihihiihihiihfihiighhigggggggeeecedddc
acccccccddccccccdbccaaaccbbbbbbeed
@SRR616268.20 2291:6:1101:1720:2221 length=107
GATCTGGGCTGTTCCCTTTCGACAATGGACCTTATCGCTCACTGTCTGACTCCCGGAGTAAGATCGATG
GTATTCGGAGTTTATCTGAATTGAGTAACCTCCGAAA
+SRR616268.20 2291:6:1101:1720:2221 length=107
bbbeeeeeggggiiiiiifgghhiiiiihihiiiiiigghiiiig`dggeeeecdd
c]ccccccabbdbccbbccbbccddccbbbbeeee
iu@bielinux[srp017156] [12:10午前]
```

Copyright©DNA Data Bank of J

W24-3

シリアル番号が7のやつはクオリティが高そう。FASTQ
ファイルをheadコマンドで眺めたときに、最初のリード
のシリアル番号が7であったのは極めて妥当！結論と
して、DRAで取り扱うFASTQファイルは生リードよりも
若干少なくなるが、事実上気にしなくて良い。

```
>SRR616268.7  
AGCCCGACTTTCGTCCCTGCTCGACTTGTCACTCTCGCAGTCAAGCTCCCTTATACCTTTACACTCTGCGAATGATTTCC  
AACCAATTCTGAGGGAACCTTCTCTAACCCGCGCCACTAATCGTGGCGGGAGACAGTGTTCAGGGAGGCAGGTTGACTGGGG  
GGGGGGGCCCCCAAAAATTAAACGAGGGGCCCAANGGNT
```

```
>SRR616268.8  
CGCCGTACTCAGGATCCTGG  
NNNNNNNNNNNNNNNNNNNN  
NNNNNNNNNNNNNNNNNNNN  
>SRR616268.9  
TCCCTTTTCGACAATGGACC  
NNNNNNNNNNNNNNNNNNNN  
NNNNNNNNNNNNNNNNNNNN  
>SRR616268.10  
GGACTAGGCCAAACAAGAGC  
NNNNNNNNNNNTGNNNNNNNN  
NNNNNNNNNNNNNNNNNNNN
```

```
File Edit View Search Terminal Help  
iu@bielinux[srp017156] pwd [12:23午前]  
/home/iu/Documents/srp017156  
iu@bielinux[srp017156] ls -lh [12:23午前]  
total 79G  
-rw-rw-r-- 1 iu iu 41G 12月 11 14:51 SRR616268_1.fastq  
-rw-rw-r-- 1 iu iu 38G 12月 12 14:59 SRR616268_2.fastq  
iu@bielinux[srp017156] head -n 8 SRR616268_2.fastq [12:23午前]  
@SRR616268.7 2291:6:1101:1412:2249 length=93  
CCGCGCCACTAATCGTGGCGGGAGACAGTGTTCAGGGAGGCAGGTTGACTGGGGGGGGGGGCCCCCCAAAAA  
TTAAACGAGGGGCCCAANGGNT  
+SRR616268.7 2291:6:1101:1412:2249 length=93  
eggggghiiiiiihhihhiBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBB  
BBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBB  
@SRR616268.20 2291:6:1101:1720:2221 length=93  
TAGCTTTAGGGTTAGCCTCGGAGGATGGATCATGGAGGTAGAGCACTGTTTNAACNANGNNNNNANCANG  
NNTTCTGNANNNGNNNNNNNN  
+SRR616268.20 2291:6:1101:1720:2221 length=93  
efgggghihghiiiiiiiiihihhihhhhhihghafghiefhiiiiBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBB  
BBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBBB  
iu@bielinux[srp017156] [12:23午前]
```

Copyright©DNA Data Bank of J

W25-1

①bzip2とwcをパイプで連結した場合は、コマンドごとに処理時間が出力されるものの、同じ時間が表示されている。つまり、合算したトータルの36分52秒という時間なのだろう。

```
iu@bielinux[srp017156] pwd
/home/iu/Documents/srp017156
iu@bielinux[srp017156] ls -lh
total 14G
-rw-rw-r-- 1 iu iu 7.2G 12月 11 14:51 SRR616268_1.fastq.bz2
-rw-rw-r-- 1 iu iu 6.6G 12月 12 14:59 SRR616268_2.fastq.bz2
iu@bielinux[srp017156] time bzip2 -d -c SRR616268_1.fastq.bz2 | wc
539023984 1078047968 43989863596
bzip2 -d -c SRR616268_1.fastq.bz2 1316.60s user 119.43s system 64% cpu 36:52.07 total
wc 559.21s user 54.61s system 27% cpu 36:52.07 total
iu@bielinux[srp017156] time bzip2 -d -c SRR616268_1.fastq.bz2 > hoge_1.fastq
bzip2 -d -c SRR616268_1.fastq.bz2 > hoge_1.fastq 1380.80s user 144.15s system
57% cpu 44:02.97 total
iu@bielinux[srp017156] time wc hoge_1.fastq
539023984 1078047968 43989863596 hoge_1.fastq
wc hoge_1.fastq 562.12s user 59.07s system 75% cpu 13:44.40 total
iu@bielinux[srp017156] ls -lh
total 55G
-rw-rw-r-- 1 iu iu 41G 12月 16 01:03 hoge_1.fastq
-rw-rw-r-- 1 iu iu 7.2G 12月 11 14:51 SRR616268_1.fastq.bz2
-rw-rw-r-- 1 iu iu 6.6G 12月 12 14:59 SRR616268_2.fastq.bz2
iu@bielinux[srp017156]
```



[11:42午後]

[11:42午後]

[11:42午後]

[1:03午前]

[1:17午前]

[9:41午前]

W25-1

①で-cオプションを入れているので、*.fastq.bz2ファイルは残る。それゆえ、②でもう一度同じ*.fastq.bz2ファイルに対してbzip2コマンドを実行可能。②と③で①と同じことをやっているが、①のパイプで連結する処理時間(約37分)のほうが、中間ファイルhoge_1.fastqを作成しない分だけ早いのだろう。

```
iu@bielinux[srp017156] pwd
/home/iu/Documents/srp017156
iu@bielinux[srp017156] ls -lh
total 14G
-rw-rw-r-- 1 iu iu 7.2G 12月 11 14:51 SRR616268_1.fastq.bz2
-rw-rw-r-- 1 iu iu 6.6G 12月 12 14:59 SRR616268_2.fastq.bz2
iu@bielinux[srp017156] time bzip2 -d -c SRR616268_1.fastq.bz2 | wc [11:42午後]
539023984 1078047968 43989863596
bzip2 -d -c SRR616268_1.fastq.bz2 1316.60s user 119.43s system 64% cpu 36:52.07 total
wc 559.21s user 54.61s system 27% cpu 36:52.07 total
iu@bielinux[srp017156] time bzip2 -d -c SRR616268_1.fastq.bz2 > hoge_1.fastq
bzip2 -d -c SRR616268_1.fastq.bz2 > hoge_1.fastq 1380.80s user 144.15s system
57% cpu 44:02.97 total
iu@bielinux[srp017156] time wc hoge_1.fastq [ 1:03午前 ]
539023984 1078047968 43989863596 hoge_1.fastq
wc hoge_1.fastq 562.12s user 59.07s system 75% cpu 13:44.40 total
iu@bielinux[srp017156] ls -lh [ 1:17午前 ]
total 55G
-rw-rw-r-- 1 iu iu 41G 12月 16 01:03 hoge_1.fastq
-rw-rw-r-- 1 iu iu 7.2G 12月 11 14:51 SRR616268_1.fastq.bz2
-rw-rw-r-- 1 iu iu 6.6G 12月 12 14:59 SRR616268_2.fastq.bz2
iu@bielinux[srp017156] [ 9:41午前 ]
```


W25-2

①と②は、パイプで連結して最初の400万行分をリダイレクトでファイル保存しているの、十数秒で処理が終わっていることがわかる。

```
iu@bielinux[srp017156] ls -lh
total 55G
-rw-rw-r-- 1 iu iu 41G 12月 16 01:03 hoge_1.fastq
-rw-rw-r-- 1 iu iu 7.2G 12月 11 14:51 SRR616268_1.fastq.bz2
-rw-rw-r-- 1 iu iu 6.6G 12月 12 14:59 SRR616268_2.fastq.bz2
① iu@bielinux[srp017156] time bzip2 -d -c SRR616268_1.fastq.bz2 | head -n 4000000 > subset_1.fastq
bzip2 -d -c SRR616268_1.fastq.bz2 11.17s user 0.97s system 84% cpu 14.294 total
head -n 4000000 > subset_1.fastq 0.33s user 0.46s system 5% cpu 14.293 total
② iu@bielinux[srp017156] time bzip2 -d -c SRR616268_2.fastq.bz2 | head -n 4000000 > subset_2.fastq
bzip2 -d -c SRR616268_2.fastq.bz2 9.70s user 0.87s system 83% cpu 12.623 total
head -n 4000000 > subset_2.fastq 0.30s user 0.42s system 5% cpu 12.622 total
iu@bielinux[srp017156] head -n 4000000 hoge_1.fastq > hoge_subset_1.fastq
iu@bielinux[srp017156] ls -lh
total 56G
-rw-rw-r-- 1 iu iu 41G 12月 16 01:03 hoge_1.fastq
-rw-rw-r-- 1 iu iu 306M 12月 16 10:50 hoge_subset_1.fastq
-rw-rw-r-- 1 iu iu 7.2G 12月 11 14:51 SRR616268_1.fastq.bz2
-rw-rw-r-- 1 iu iu 6.6G 12月 12 14:59 SRR616268_2.fastq.bz2
-rw-rw-r-- 1 iu iu 306M 12月 16 10:50 subset_1.fastq
-rw-rw-r-- 1 iu iu 278M 12月 16 10:50 subset_2.fastq
iu@bielinux[srp017156] diff hoge_subset_1.fastq subset_1.fastq
iu@bielinux[srp017156]
```

[10:50午前]

[10:50午前]

[10:50午前]

[10:50午前]

[10:53午前]

W25-2

③一旦41GBのhoge_1.fastqという解凍後のファイルを作成したのち、最初の400万行分をリダイレクトでファイル保存したのが306MBのhoge_subset_1.fastq。

```
iu@bielinux[srp017156] ls -lh
total 55G
-rw-rw-r-- 1 iu iu 41G 12月 16 01:03 hoge_1.fastq
-rw-rw-r-- 1 iu iu 7.2G 12月 11 14:51 SRR616268_1.fastq.bz2
-rw-rw-r-- 1 iu iu 6.6G 12月 12 14:59 SRR616268_2.fastq.bz2
iu@bielinux[srp017156] time bzip2 -d -c SRR616268_1.fastq.bz2 | head -n 4000000 > subset_1.fastq
bzip2 -d -c SRR616268_1.fastq.bz2 11.17s user 0.97s system 84% cpu 14.294 total
head -n 4000000 > subset_1.fastq 0.33s user 0.46s system 5% cpu 14.293 total
iu@bielinux[srp017156] time bzip2 -d -c SRR616268_2.fastq.bz2 | head -n 4000000 > subset_2.fastq
bzip2 -d -c SRR616268_2.fastq.bz2 9.70s user 0.87s system 83% cpu 12.623 total
head -n 4000000 > subset_2.fastq 0.30s user 0.42s system 5% cpu 12.622 total
iu@bielinux[srp017156] head -n 4000000 hoge_1.fastq > hoge_subset_1.fastq
iu@bielinux[srp017156] ls -lh
total 56G
-rw-rw-r-- 1 iu iu 41G 12月 16 01:03 hoge_1.fastq
-rw-rw-r-- 1 iu iu 306M 12月 16 10:50 hoge_subset_1.fastq
-rw-rw-r-- 1 iu iu 7.2G 12月 11 14:51 SRR616268_1.fastq.bz2
-rw-rw-r-- 1 iu iu 6.6G 12月 12 14:59 SRR616268_2.fastq.bz2
-rw-rw-r-- 1 iu iu 306M 12月 16 10:50 subset_1.fastq
-rw-rw-r-- 1 iu iu 278M 12月 16 10:50 subset_2.fastq
iu@bielinux[srp017156] diff hoge_subset_1.fastq subset_1.fastq
iu@bielinux[srp017156]
```

[10:50午前]

[10:50午前]

[10:50午前]

[10:50午前]

[10:53午前]

