



11宏基因软件安装(Win)

易生信
2019年6月21日



上课自带笔记本要求

- **操作系统：**推荐Windows10 64位版(主流兼容性好)，不推荐32位系统、Mac
- **最低配置：**CPU双核、内存4G、硬盘10GB空间以上
- **推荐配置：**CPU四核、内存8G+、硬盘30GB空间以上



Windows 10用户点击“资源管理器”中的“此电脑”，再点击--“属性”即可显示电脑基本信息

软件安装清单

- 远程访问Rstudio或其它网页工具：谷歌Chrome浏览器
- 数据分析环境Shell + R + IDE：GitForWindows、R、RStudio/Editplus
- 上传下载文件：Filezilla 或 WinSCP
- 登录服务器：XShell 或PuTTY
- 网络分析及可视化：Cytoscape、Gephi
- 图片排版：Adobe Illustrator
- 差异分析和可视化：STAMP
- 扩增子分析流程：USEARCH / VSearch



1. 谷歌Chrome浏览器

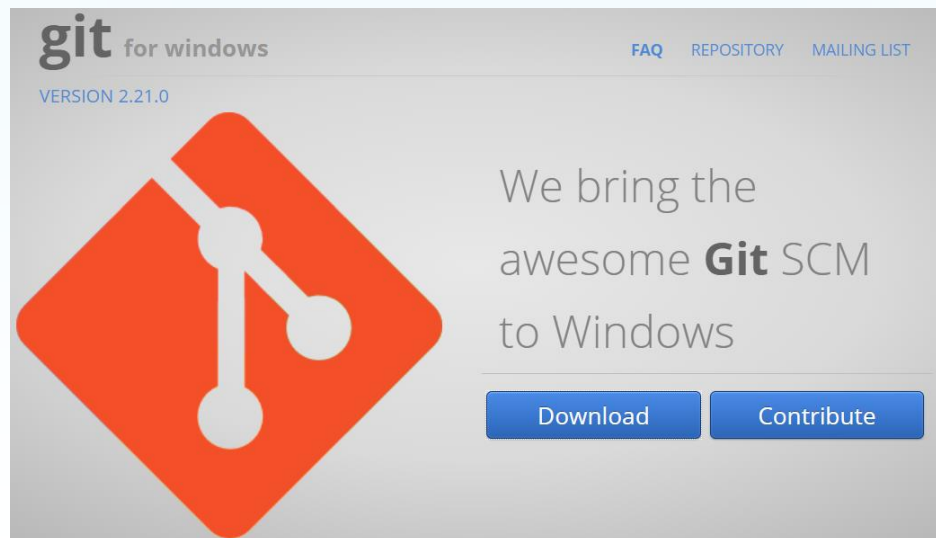


- 谷歌Chrome浏览器——远程访问RStudio server或其它网页工具兼容性最好的浏览器
- 网址 <https://www.google.cn/chrome/>在线安装适合你操作系统的最新版(Google网站访问可能需要科学上网，可选使用360或电脑管家快速安装最新版)
- 课程11Platform文件夹提供了预下载的Windows 64版安装包 `chrome_x64_v74.0.3729.131_installer.exe`
- 按默认参数完成安装即可



2. Git for windows

- 命令行工具，提供在Windows下运行部分Linux代码 (配合Rstudio使用)
- 官网： <http://gitforwindows.org/> ， 点击Download下载最新版
- 在文件夹下安装预下载的 Git-2.21.0-64-bit.exe，按照默认参数右键管理员安装即可。（若不能调用，则设置环境变量C:\Program Files\Git\usr\bin）
- 具体使用见： [Windows轻松实现linux shell环境：gitforwindows](#)



3. R语言

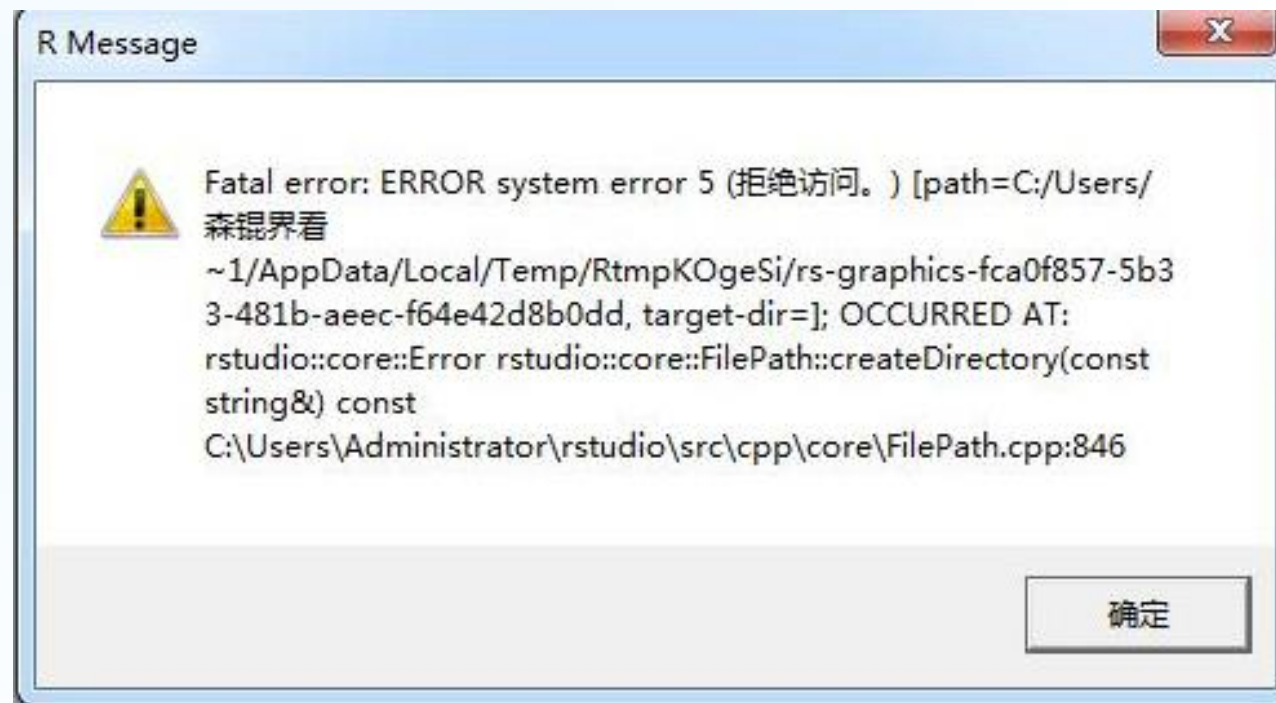
- R语言是目前生物学、经济学等领域最流行的统计分析语言
- 官网 <https://www.r-project.org/> 下载最新版：Downad CRAN - China Tsinghua - Download R for Windows(Mac) —— base —— Download R 3.6.x
- 在文件夹下有预下载的R-3.6.0-win.exe安装程序
- 双击安装程序，语言选择英语，组件可去掉32-bit节约空间，其它默认参数安装即可
- Mac文件夹中有Mac系统安装包R-3.6.0.pkg



常见问题：中文用户名导致乱码及无法使用

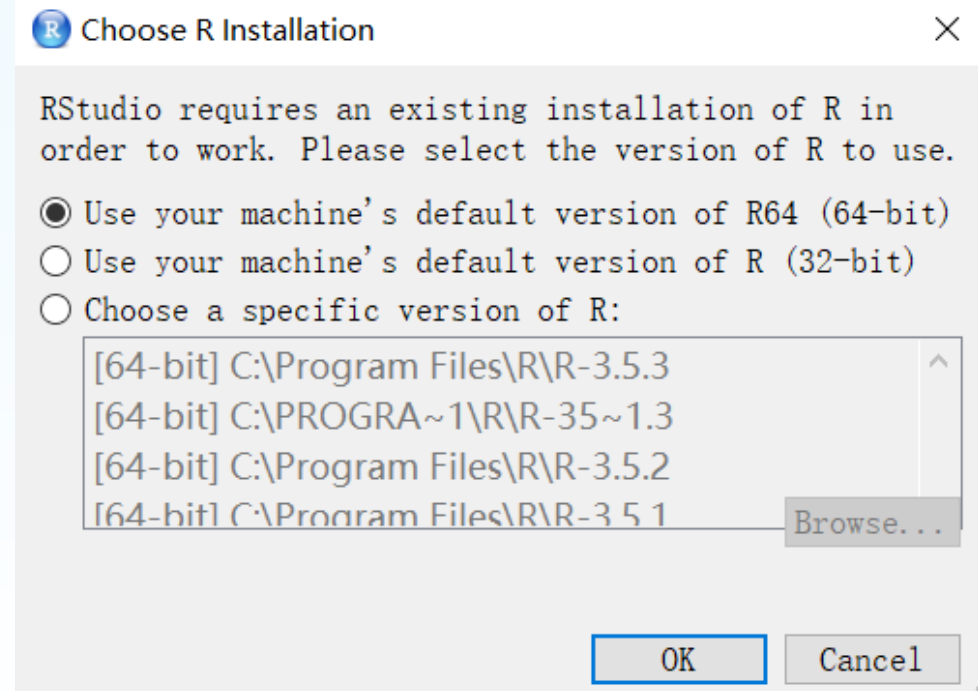
- 如果您碰到如下错误，是因为用户名中存在中文，导致乱码不能识别，请新建一个用户，名字为纯英文，重新安装以上工具。

Win10下新建用户操作方法：
Win10开始—设置—帐号—家庭和其它人员—我没有...—添加一个...—输入用户名和密码—下一步—按提示操作至完成



4. R/Shell编程环境——RStudio

- 下载页面: <https://www.rstudio.com/products/rstudio/download/#download>
- 选择适合自己系统的版本(Win/Mac), 下载安装程序的最新版, 如 RStudio 1.2.1335 - Windows Vista/7/8/10 , 或在文件夹使用预下载安装程序 RStudio-1.2.1335.exe 或Mac版 Mac/RStudio-1.2.1335.dmg
- **右键使用管理员身份安装**
- 完成后打开时, 会选择R版本
系统允许下建议选第一项 -
“使用系统默认R64位版本”
点击OK, 默认为使用安装的最新版



常见问题：RStudio中字符乱码处理

The screenshot illustrates the steps to resolve character encoding issues in RStudio. It shows the RStudio interface with the R console output and the Tools menu open. The 'Global Options...' dialog is accessed, and the 'Code' tab is selected. In the 'Serialization' section, the 'Default text encoding' is set to '[Ask]'. A 'Choose Encoding' dialog is shown, where 'UTF-8 (System default)' is selected. The 'OK' button is clicked to confirm the change.

R version 3.4.0 (2017-04-21) -- "You Stupid Data"
Copyright (C) 2017 The R Foundation for Statistical Computing
Platform: x86_64-pc-linux-gnu (64-bit)

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

Tools menu options:

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

Options dialog - Code tab:

- General
- Code
- Appearance
- Pane Layout
- Packages
- R Markdown
- Sweave
- Spelling
- Git/SVN
- Publishing

Serialization section:

- Line ending conversion: Platform Native
- Default text encoding: [Ask] Change...

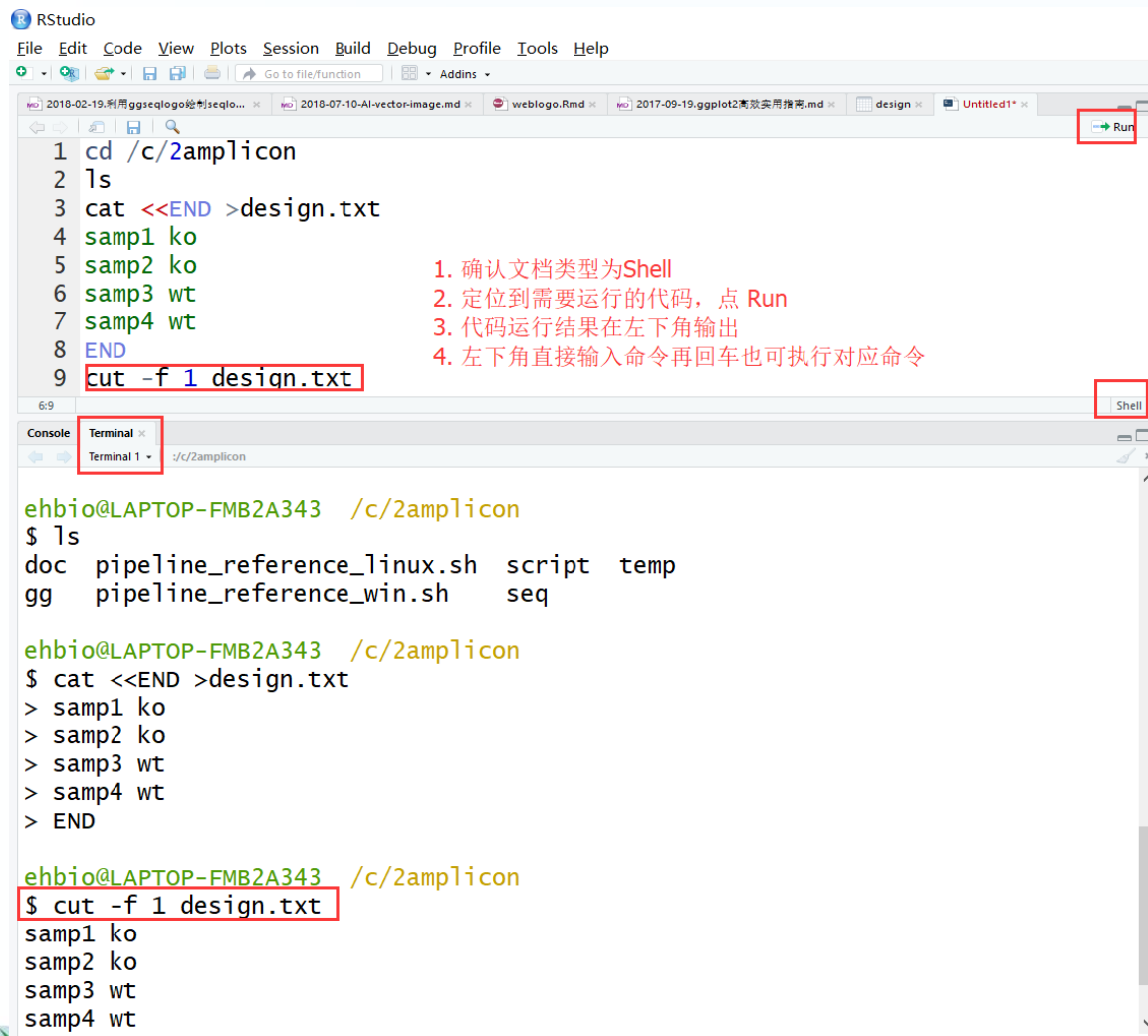
Choose Encoding dialog:

- [Ask]
- UTF-8 (System default)
- ASCII
- BIG5
- GB18030
- GB2312
- ISO-2022-JP
- ISO-2022-KR
- ISO-8859-1
- ISO-8859-2
- ISO-8859-7
- SHIFT-JIS
- WINDOWS-1252

Show all encodings checkbox

OK Cancel buttons

Rstudio中使用Shell命令



The screenshot shows the RStudio interface with a script editor and a terminal window. The script editor contains the following code:

```
1 cd /c/2amplicon
2 ls
3 cat <<END >design.txt
4 samp1 ko
5 samp2 ko
6 samp3 wt
7 samp4 wt
8 END
9 cut -f 1 design.txt
```

Red annotations on the script editor indicate the following steps:

1. 确认文档类型为Shell
2. 定位到需要运行的代码，点 Run
3. 代码运行结果在左下角输出
4. 左下角直接输入命令再回车也可执行对应命令

The terminal window shows the output of the commands:

```
ehbio@LAPTOP-FMB2A343 /c/2amplicon
$ ls
doc  pipeline_reference_linux.sh  script  temp
gg   pipeline_reference_win.sh   seq

ehbio@LAPTOP-FMB2A343 /c/2amplicon
$ cat <<END >design.txt
> samp1 ko
> samp2 ko
> samp3 wt
> samp4 wt
> END

ehbio@LAPTOP-FMB2A343 /c/2amplicon
$ cut -f 1 design.txt
samp1 ko
samp2 ko
samp3 wt
samp4 wt
```

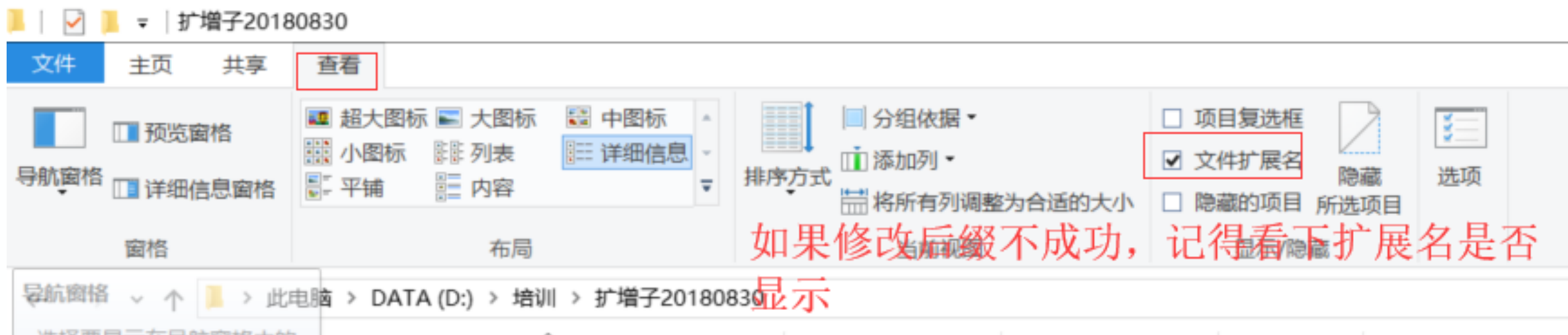
- 用 Rstudio 打开 02Soft 目录中 shell.sh 文件，运行(Run)下面代码
- `cd /c`
- `mkdir -p meta`
- `ls`

易生信 毕生缘 培训版权所有



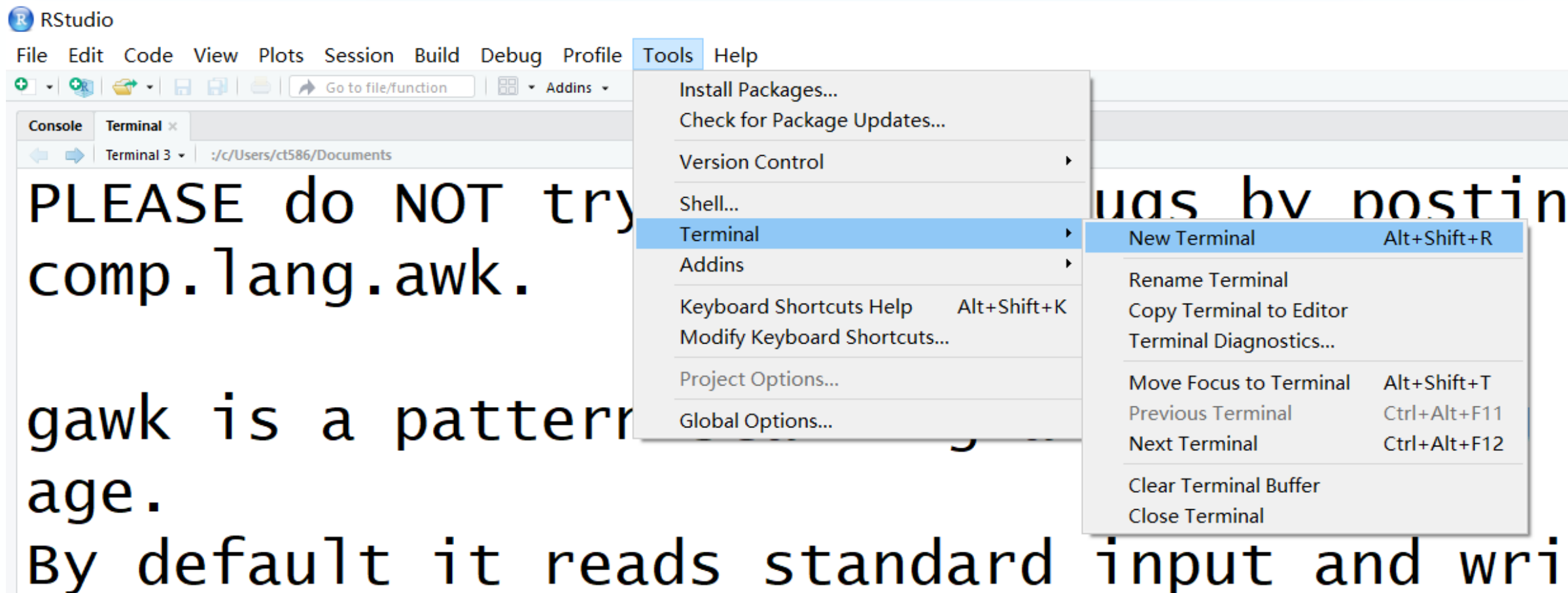
常见问题：Win下不显示文件扩展名问题

- 人们常用文件扩展名决定文件类型，如程序一般为.exe
- Linux Shell脚本为.sh，R语言的脚本为.R，R Markdown为.Rmd
- 只有扩展名正确，RStudio才能正确选择合适的环境运行
- Windows中查看-勾选文件扩展名，方便修改正确识别代码文件



常见问题：RStudio中调出Terminal

- 若未看到Terminal或不小心关掉了Terminal，可按下图所示打开。



- <https://www.editplus.com/>
- 体积小巧，启动快，功能齐全
- 可远程打开、保存
- 支持正则表达式匹配和替换
- 支持显示空格、制表符
- 官网下载最新版，或安装02Soft/epp520_2281_64bit.exe
- 注册码：Vovan 3AG46-JJ48E-CEACC-8E6EW-ECUAW

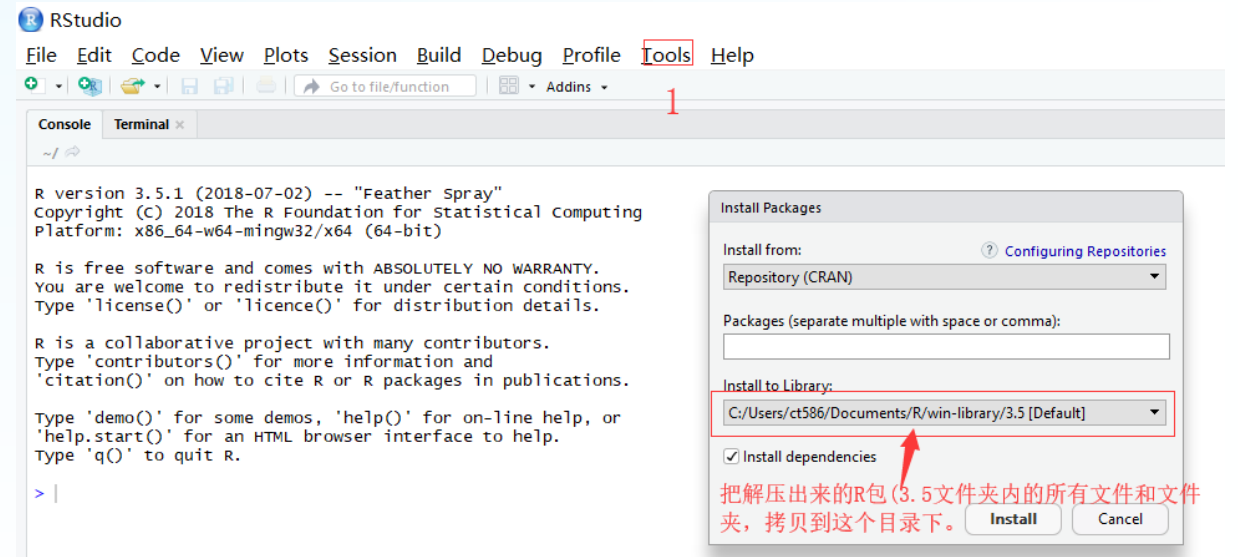


5. 安装R包——3.6

- 3.6.zip包含了几百个常用R包，Win10下解压即可调用，省去了下载安装过程。Mac也可复制，Linux系统需要安装，具体参考[R学习教程](#)
- 首先启动RStudio，如图Tools-Install Packages查看默认R包安装目录
- 将压缩包3.6.zip复制到上述目录，选中3.5.zip，右键选择解压缩至当前文件夹，如提示文件替换，可选择全部选是。（注意是把压缩文件里面的内容全部拷贝到指定目录，不是把3.6文件夹拷贝到指定目录。）

Mac用户解压Mac文件夹中的压缩包于
下载目录，运行如下命令

```
cp -r ~/Downloads/library/*  
/Library/Frameworks/R.framework/Ver  
sions/3.6/Resources/library/
```



5. 安装R 3.6包——测试和常用问题解决

- 替换之后，重新启动Rstudio，在左下角 > 后面输入 `library(ggplot2)` 测试，如下图则是安装成功。
- 如果出现 **Error in library("ggplot2") : 不存在叫 'ggplot2'这个名字的程
辑包**，则说明包未安装成功。可能是前面操作解压覆盖没有成功，如位置不正确，可人为检查。
- 如果是自己需要用的新包，不存在于易生信提供的压缩包中，则需按后面的方式重头安装。

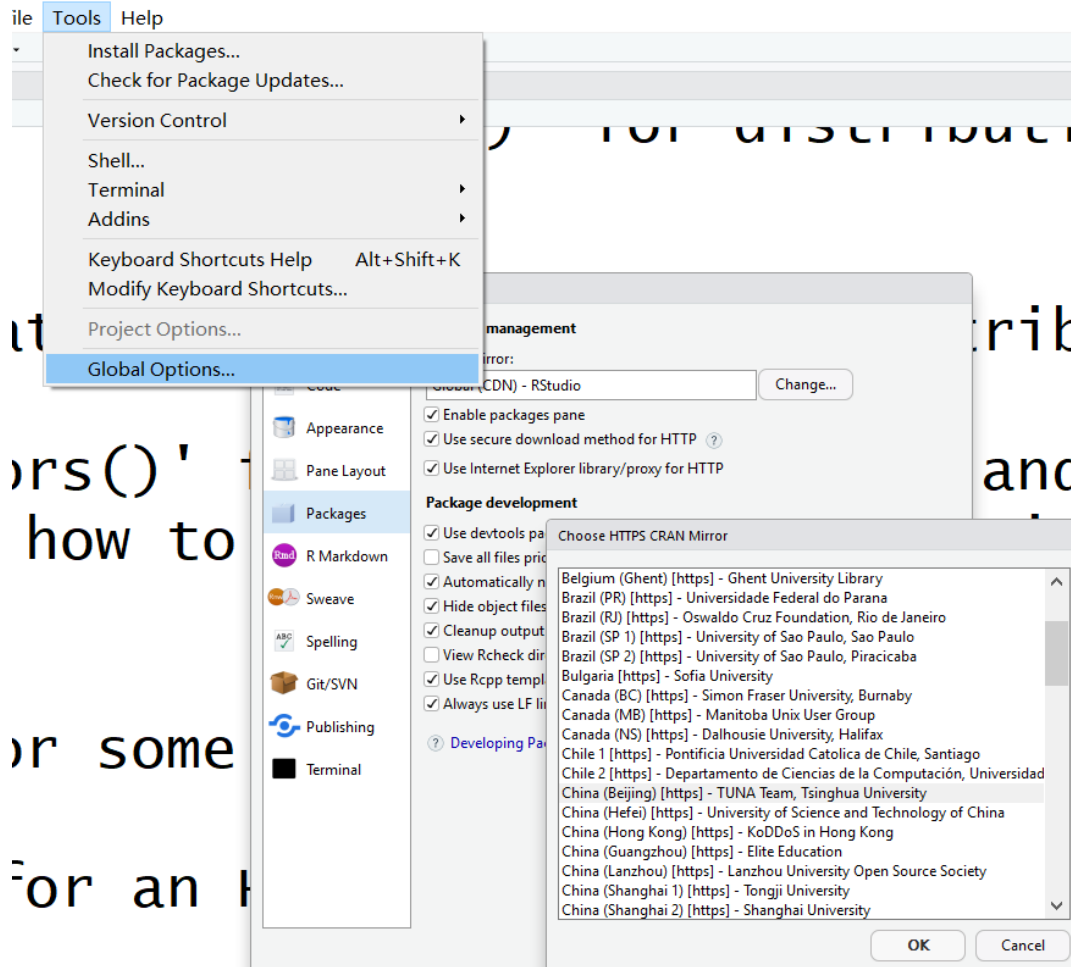
```
Console /var/www/html/ehbio_doc/train/ ↗
Type 'demo()' for some demos, 'help()' for on-line help, or
'help.start()' for an HTML browser interface to help.
Type 'q()' to quit R.

[Workspace loaded from /var/www/html/ehbio_doc/train/.RData]

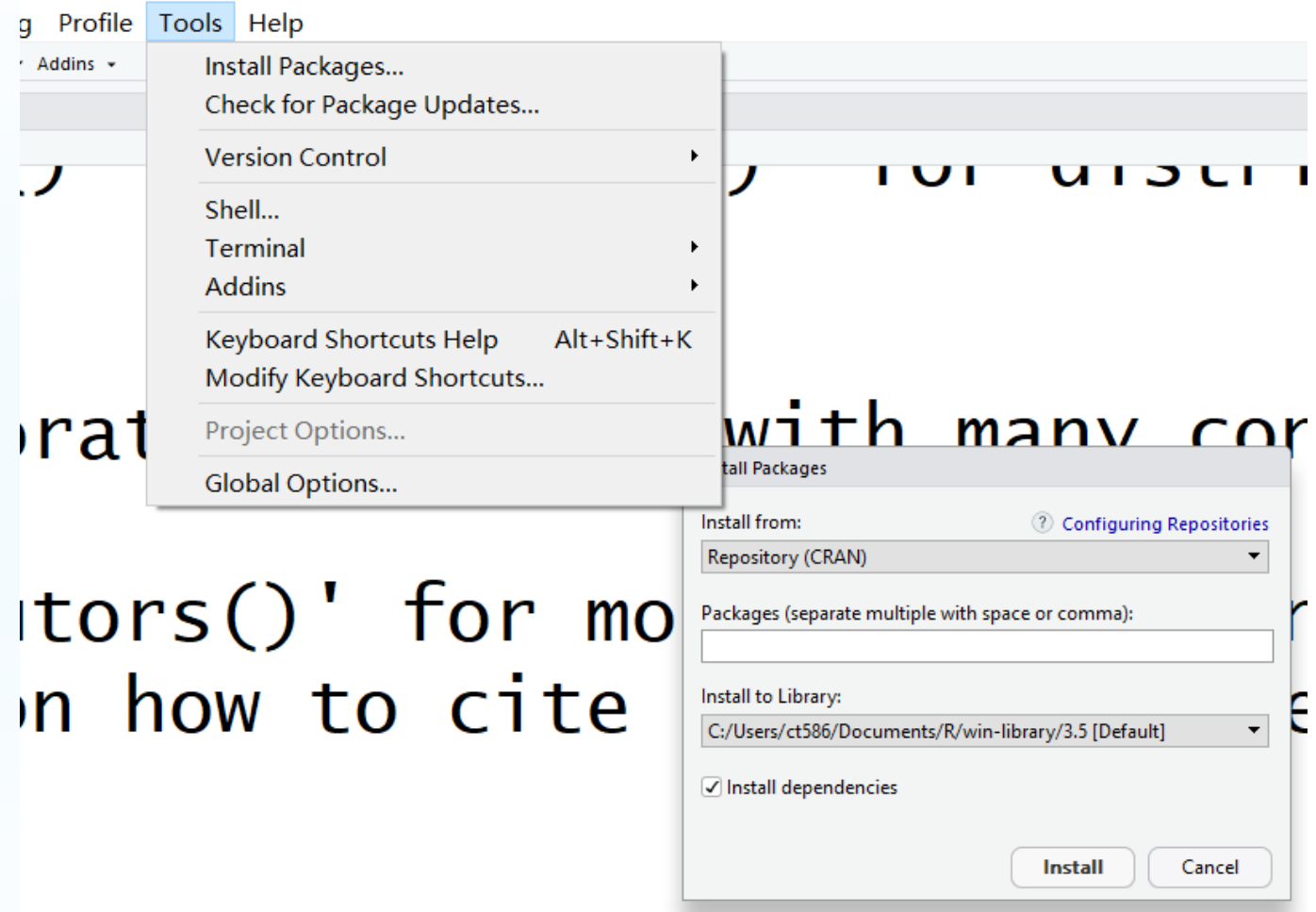
> library(ggplot2)
>
```



5. 重头菜单方法安装R包 ---- CRAN官方包



配置距离你最近的CRAN镜像
方便快捷下载



输入待安装包的名字
安装CRAN的包

5. 重头代码方式安装R包 ---- /Bioconductor/Github

- # 安装CRAN包 (*斜体部分为包的名字, 可替换*。注: devtools包用于安装github来源R包)
 - site= "<https://mirrors.tuna.tsinghua.edu.cn/CRAN>"
 - install.packages("devtools", repo=site)
- # 安装Bioconductor包的新方法 (R版本 >=3.5。注: edgeR是最流行的测序数据差异比较R包)
 - if (!requireNamespace("BiocManager", quietly = TRUE))
 - install.packages("BiocManager")
 - BiocManager::install("edgeR", version = "3.8")
- # 安装Github的R包 (*斜体部分为包的名字, 需要替换*。注: github包名由用户名和包名两部分组成)
 - library(devtools)
 - devtools::install_github("[*microbiota*](#)/[*amplicon*](#)")
- # 安装Bioconductor包的旧方法(R版本<3.5)
 - source("https://bioconductor.org/biocLite.R")
 - options(Bioc_mirror="http://mirrors.ustc.edu.cn/bioc/")
 - biocLite(c("AnnotationDbi", "GO.db"))



6. 服务器通讯——Xshell 和 FileZilla

- Xshell是终端模拟软件，用于登录服务器。Xshell无法正常运行用户备选PuTTY <http://www.putty.be/> (putty.exe)
- FileZilla可以断点续传进行上传、下载，上传数据至NCBI，无法正常运行此软件备选WinSCP <https://winscp.net> 或 Xftp
- 在文件夹下或点击链接下载安装程序 Xshell-6.0.0118p.exe 和 FileZilla_3.41.2_win64-setup.exe
- 按默认参数完成安装即可，Xshell 需要按图示选择许可类型才可免费使用(界面可能为英文)。

请选择一个许可类型。如果你是注册用户或评估Xftp5，请选择商业。

☐ 商业 (包括评估)

☒ 免费为家庭/学校



Xshell安装和使用

- Xshell是Windows下功能强大的终端。Linux和Mac可以直接使用ssh命令访问服务器
- 最新版下载地址: <http://www.netsarang.com/download/software.html>
- 安装: 注意选择Home/School类型可免费使用
- 运行: 首次需要配置服务器信息, 文件 - 新建 - 名称YSX - 主机IP - 确定 - 输入用户名并勾选记住 - 输入密码并勾选记录 - 确定

- RStudio中的Terminal也可以访问服务器
- `ssh username@serverIP`

如 `ssh amplicon@192.168.1.130`

```
bailab - Xshell 6 (Free for Home/School)
1 bailab
Xshell 6 (Build 0109)
Copyright (c) 2002 NetSarang Computer, Inc. All rights reserved.

Type 'help' to learn how to use Xshell prompt.
[C:\~]$

Connecting to 210.75.224.110:22...
Connection established.
To escape to local shell, press 'Ctrl+Alt+J'.

Welcome to Ubuntu 16.04.5 LTS (GNU/Linux 4.4.0-141-generic x86_64)

 * Documentation:  https://help.ubuntu.com
 * Management:    https://landscape.canonical.com
 * Support:       https://ubuntu.com/advantage

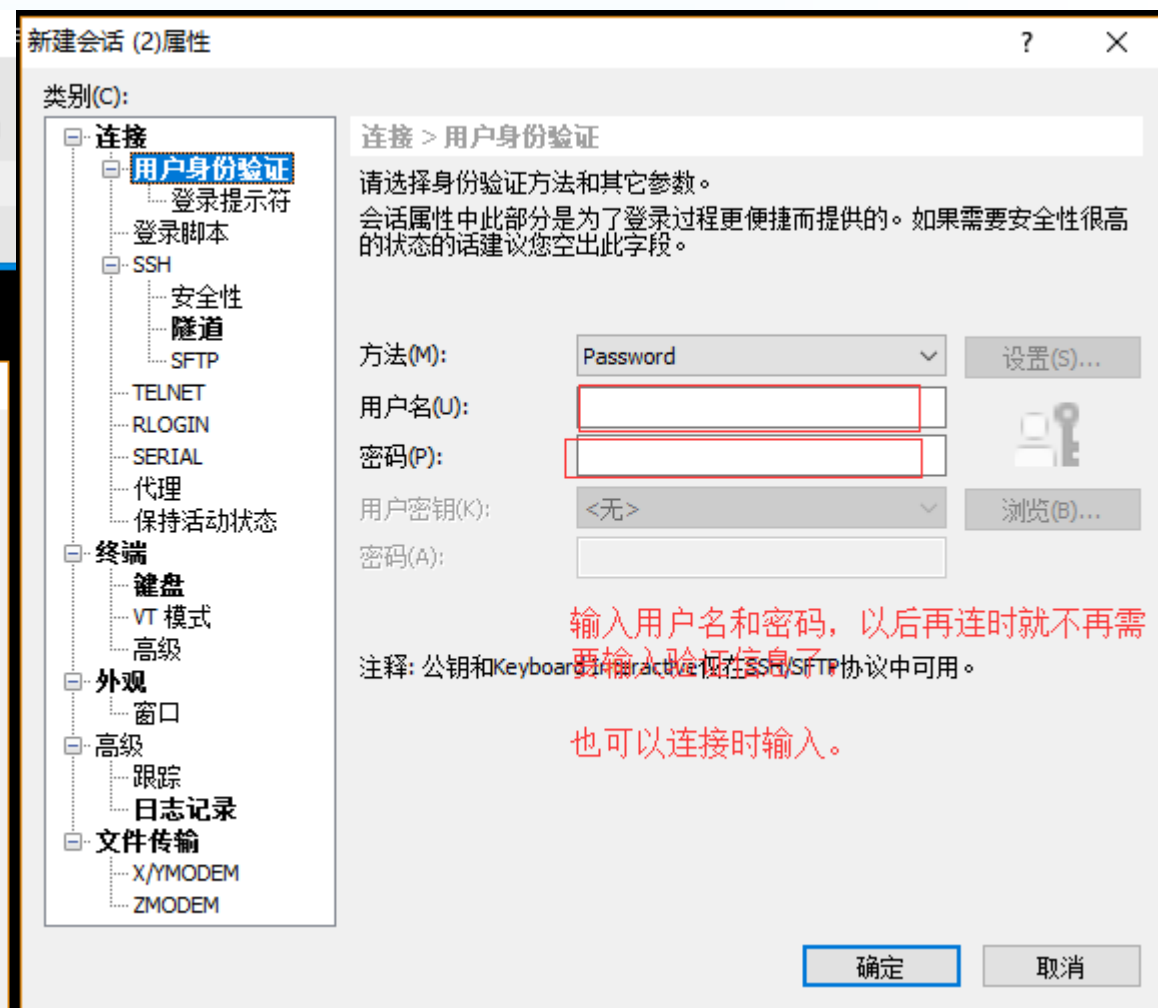
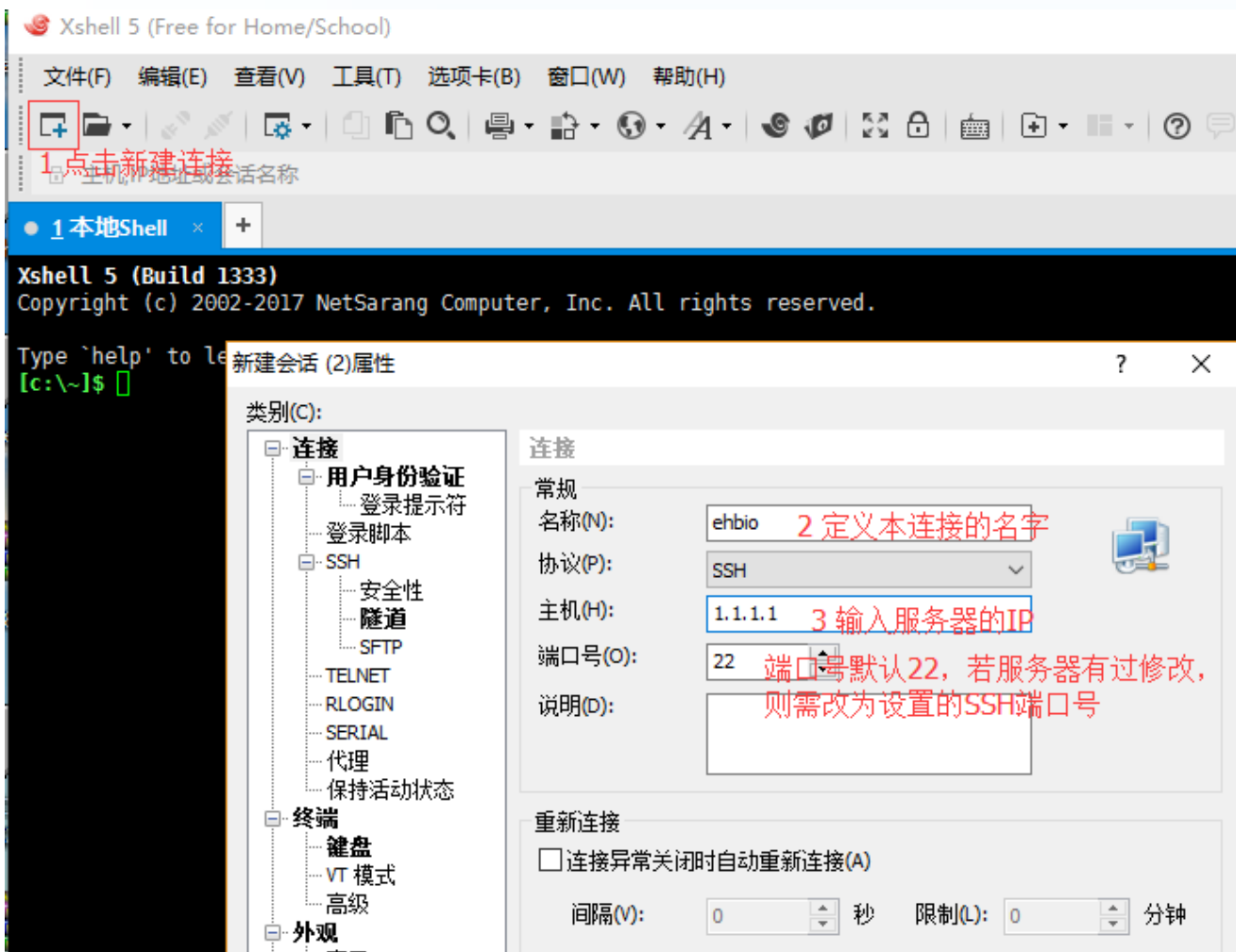
1 package can be updated.
0 updates are security updates.

New release '18.04.1 LTS' available.
Run 'do-release-upgrade' to upgrade to it.

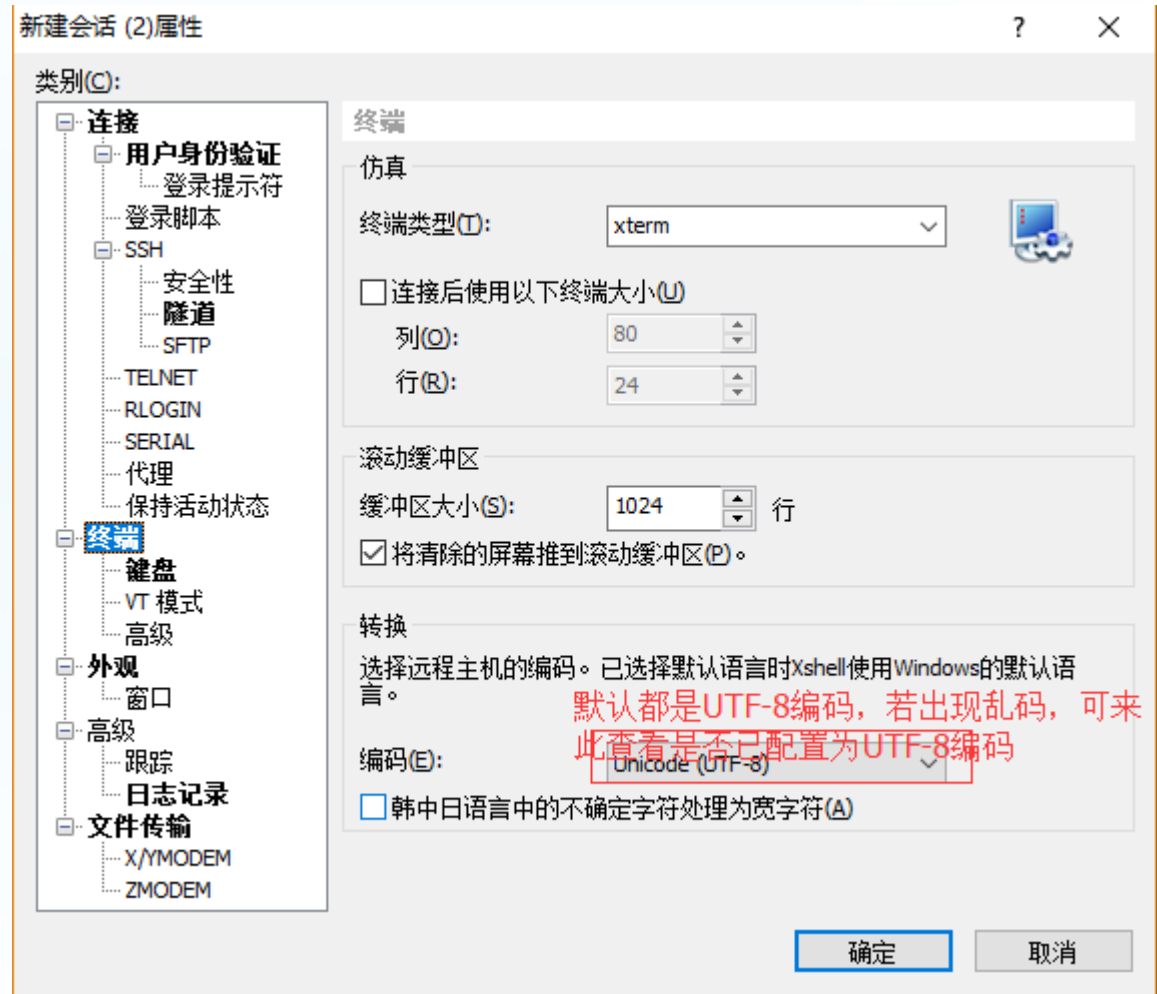
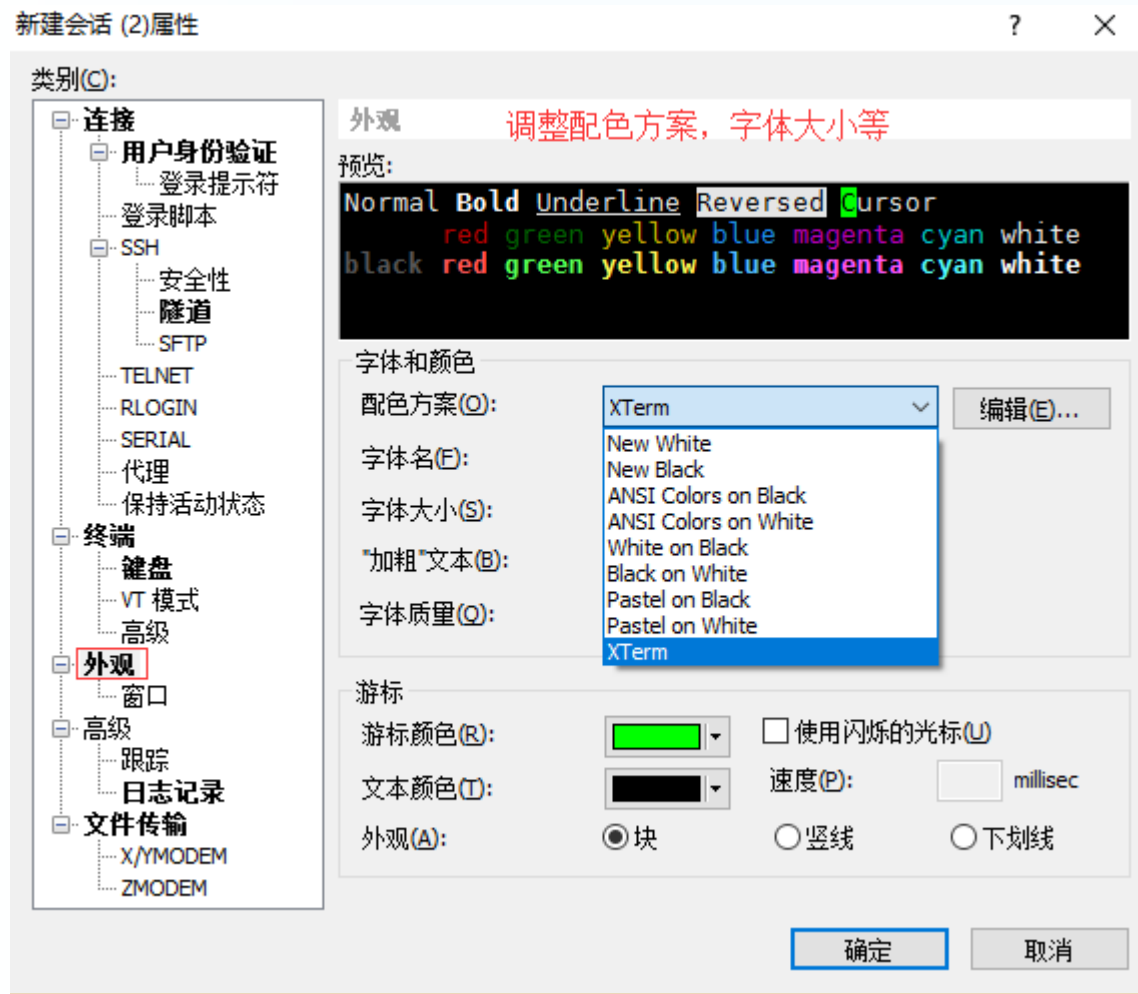
Last login: Sun Jan  6 17:50:59 2019 from 222.74.29.245
[yongxin@biocloud:~]$clear
```



Xshell使用



Xshell使用



推荐设置鼠标键盘选项：复制选中文本，右键粘贴

- 官网: <https://filezilla-project.org/> Download FileZilla Client 下载适合自己系统的最新版安装包
- 默认安装我们提供的 FileZilla_3.41.2_win64-setup.exe
- 配置 Configure
打开软件-左上角图标 ‘打开站点管理器’ - 新站点 - 命名为 YSX - 主机填写 192.168.1.130 (IP地址, 填自己服务器或上课临时IP), 端口 22, 协议 SFTP, 登陆类型 普通, 用户名为姓名全拼, 密码默认为 ysx_amplicon。首次连接选择总是信任, 确定。

FileZilla上传下载使用

主机(H): sftp://192.168.1.10 用户名(U): yishengxin 密码(W): 端口(P): 22 快速连接(Q) ▾

上传下载前的登录设置，注意sftp是必须的，端口号根据需要修改

本地站点: D:\

- 桌面
- 文档
- 此电脑
- C: (Windows)
- D: (DATA)
- E: (RECOVERY)

文件名	文件大小
..	
11940958F0CA	4
VitaminD switches BAF complexes to protect b...	6,827
业务宣传片.wmv	19,866
基因组分析测序.docx	166,33
FSCapture.rar	4,264
poster.pdf	14,616
EHBIO	

设置 隶属于“编辑”菜单栏

选择页面(P):

- 连接
 - FTP
 - 主动模式
 - 被动模式
 - FTP 代理服务器
 - SFTP
 - 通用代理
- 传输
 - 文件类型
 - 对已存在文件的操作
- 界面
 - 主题
 - 日期/时间格式
 - 文件大小格式
 - 文件列表
- 语言
- 文件编辑

文件存在时的默认操作

下载(D): 继续文件传输

上传(U): 继续文件传输

要是选择“如果较新就覆盖”，您的系统时间需要与服务器同步。若时间不同 (例如不同的时区)，请在站点管理器中选择一个时区。

☐ 允许续传 ASCII 文件(L)
如果服务器使用不同格式的行结尾，继续传输 ASCII 格式文件可能导致问题。

按图示设置后，可以断点续传

原始数据极速上传NCBI SRA教程



7. 扩增子分析流程USEARCH / VSearch下载

○ USEARCH下载

访问

<http://www.drive5.com/usearch/download.html>

选择接受许可协议，版本必须选择v10.0
系统根据自己电脑选择Windows/Mac，可多选
填写邮箱，提交收到链接，下载后改名为
usearch.exe

○ VSearch下载

<https://github.com/torognes/vsearch> 主页中找最新
下载链接，如 vsearch-2.13.4-win-x86_64.zip
下载后解压，有程序vsearch.exe

☒ I understand and accept the [license agreement](#) (required).

Version

USEARCH v10.0.240 ▼

Platform(s)

- ☐ Linux
☒ Windows
☐ Mac OSX

Email address (download link will be sent to this address).

Submit

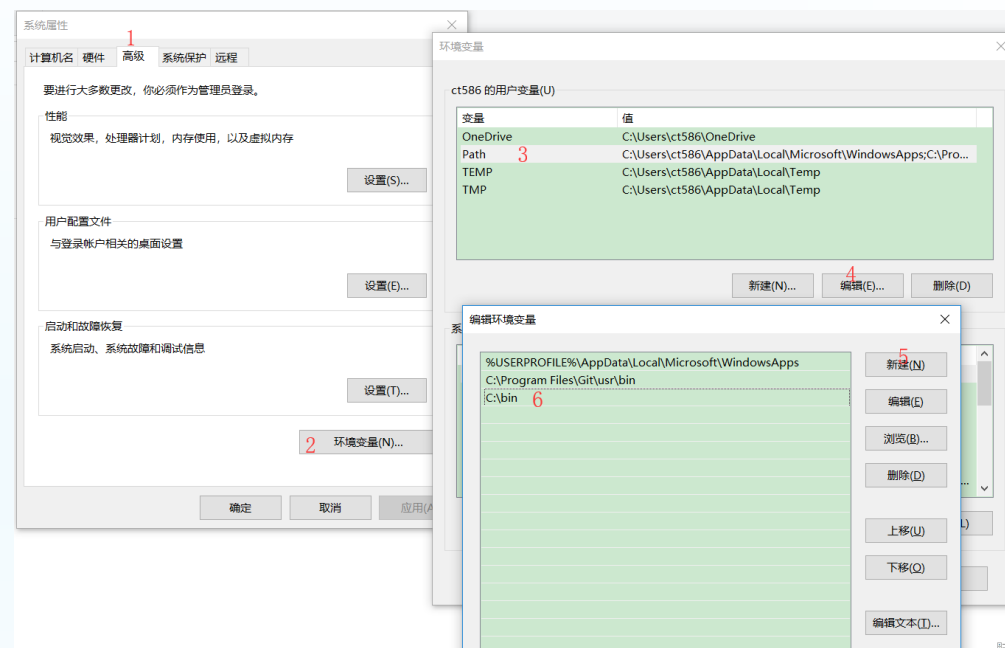


7. 扩增子分析流程USEARCH / VSearch安装

- 将usearch.exe / vsearch.exe拷贝到C:\bin目录下（若目录不存在，则新建）。
- 添加程序位置至环境变量：我的电脑 - 右键属性 - 按右侧截图操作。
- 测试是否安装成功：

在RStudio的Terminal下输入 usearch 回车，如有，则表明安装成功。

若不成功，可检查环境变量配置，或双击 usearch.exe查看是否有报错信息。



```
$ usearch.exe
usearch v10.0.240_win32, 2.0Gb RAM (8.5
Gb total), 8 cores
(C) Copyright 2013-17 Robert C. Edgar,
all rights reserved.
http://drive5.com/usearch
```

License: woodcorpse@163.com

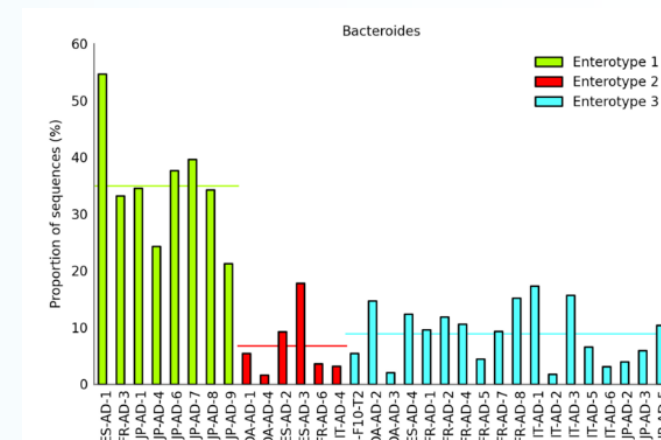
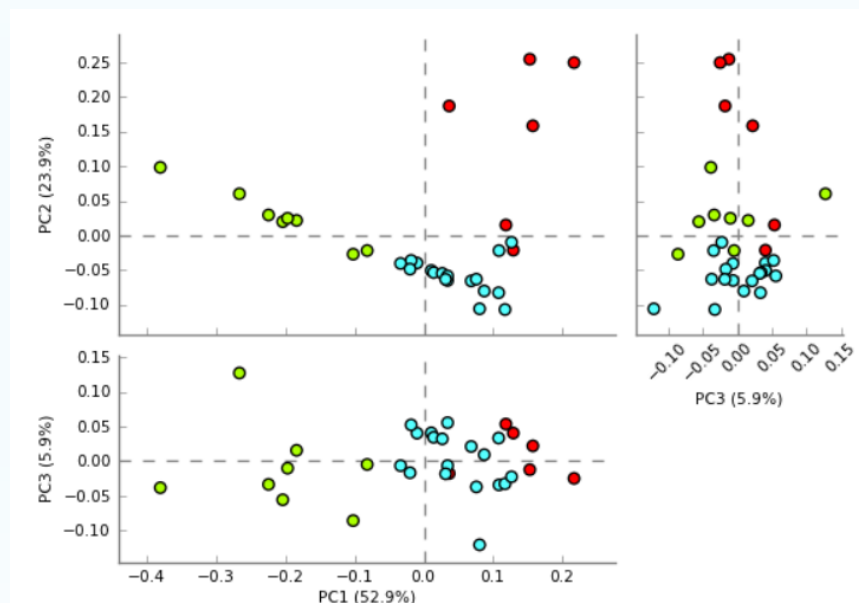
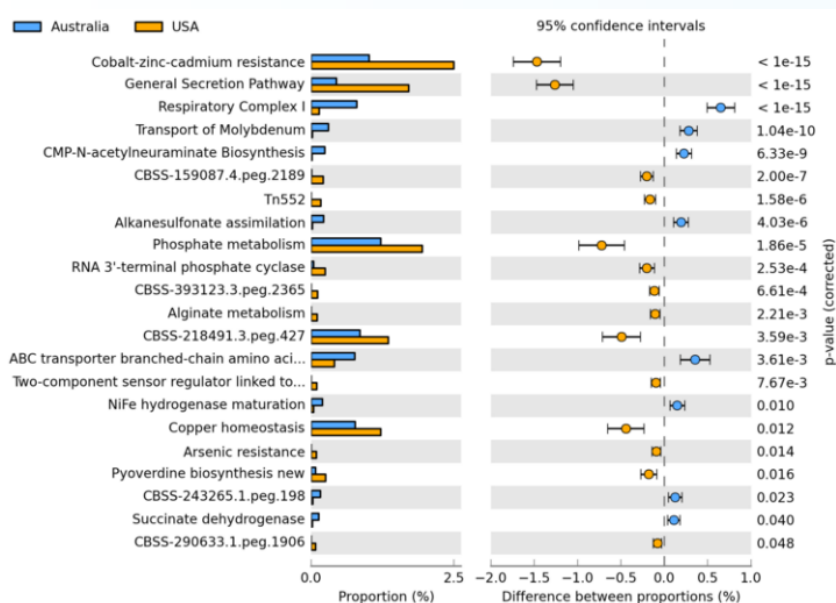


8. STAMP

- STAMP是一款分析微生物分类和功能谱的软件，最新版本2.1.3，Downloads部分可下载适合自己Windows/Linux/MacOS版本的软件。
- Examples处提供了示例分析结果，以及演示数据实例。
- STAMP可以现实不同平台下兼容，实现Beta多样性散点图、物种丰度 柱状图、箱线图，以及Post-hoc图展示差异菌。还可以绘制带误差线柱 状图、误差线和柱分离组合图、相关散点图、密度柱状图、p值柱状图 等分析和绘图。
- <http://kiwi.cs.dal.ca/Software/STAMP> 下载系统对应版本
- 共享目录中有windows预下载的安装包 STAMP_2_1_3.exe



STAMP结果展示



微生物组间差异分析神器-STAMP[简明教程](#) [中文帮助文档](#)

9. Cytoscape

- Cytoscape是一款图形化显示网络软件，生物学中常用于分析转录因子与基因或蛋白与蛋白之间互作关系、GO和KEGG富集分析
- 软件下载地址：<http://www.cytoscape.org>
- 没安装过Java运行环境的用户，先安装 jre-8u181-windows-x64.exe
- 在文件夹下或点击链接下载安装程序
Cytoscape_3_7_1_windows_64bit.exe
- 按默认参数完成安装即可
- Cytoscape使用视频教程：<https://ke.qq.com/course/261290>



10. Adobe Illustrator

- 简称"AI", 是一款非常好的矢量图形处理工具、图片排版工具
- 是Adobe公司开发的一款收费软件, 在此为大家提供一个破解免安装版的包仅供学习使用
- 在文件夹下或点击链接下载安装包 Illustrator32 , 解压后运行 Illustrator.exe 程序即可使用 (打不开尝试管理员运行或 App\Illustrator\Support Files\Contents\Windows\Illustrator.exe)
- 使用视频教程: <https://ke.qq.com/course/261607>
- 安装前可体验下网页版: https://mp.weixin.qq.com/s/0lfurkWazDj_gXVltSly6w



常见问题：Adobe Illustrator无法打开

- 当双击IllustratorPortable.exe无法打开或者遇到报错情况如下图时
删掉软件包中的Data文件夹，再双击IllustratorPortable.exe即可打开
(Data文件夹是每次运行AI时自动产生的文件，每次打开前删除即可)



App	2018/8/5 9:34	文件夹
Data	2018/8/7 9:47	文件夹
IllustratorPortable.exe	2015/7/27 4:14	应用程序
IllustratorPortable.ini	2015/7/28 10:08	配置设置
说明.txt	2015/7/27 3:42	文本文档
未来软件园_百度搜索	2014/10/30 11:31	Internet 快捷方式
未来软件园-首页	2006/7/20 22:26	Internet 快捷方式
下载安装说明.txt	2015/3/18 16:58	文本文档



扫码关注生信宝典，学习更多生信知识



扫码关注宏基因组，获取专业学习资料

易生信，没有难学的生信知识

