

# How to use sepDNA

GRC(扬眉剑)

2014 年 4 月 19 日

## 目录

### 1 环境配置

安装依赖的包:

```
install.packages("RGtk2")  
install.packages("gWidgetsRGtk2")  
install.packages("RSQLite")
```

因为包 RGtk2 是依赖于 GTK 的, 所以还要安装 GTK。但是这里大家注意, 不用自己去下载安装。大家安装好 RGtk2 以后, 然后用 `library(RGtk2)` 载入的时候, 会提示让你安装 Gtk。你只需要选择安装就可以了。这里还要注意一点, 就是 win64 位系统的安装, 大家如果用 64 位的 R 安装报错的话, 那么安装 32 位的 R 是一个明智的选择。(这里的报错包括后面编译 sepDNA 这个包)

### 2 sepDNA 的安装

这里提供给我们的是 `sepDNA_1.0-6.tar.gz` 的文件。在 windows 系统下无法直接用 R 安装。我们需要用到 Rcmd。要使用 Rcmd 我们首先要把 Rcmd 命名所在的文件夹, 添加到环境变量中。Rcmd 在 `R/bin/i386` 这个

文件夹中。添加好以后，运行 `-cmd-Rcmd` 就会出现 `Rcmd` 命令的一些选项。我们这里用到的是 `Rcmd` 的 `INSTALL` 功能，安装命令如下：

```
Rcmd INSTALL D:\sepDNA_1.0-6.tar.gz
```

当然你可以选用 `-l` 选项来选择把包安装到不同的文件夹中。

## 3 使用方法

### 3.1 载入包

DEADLINE: 2014-04-19 Sat

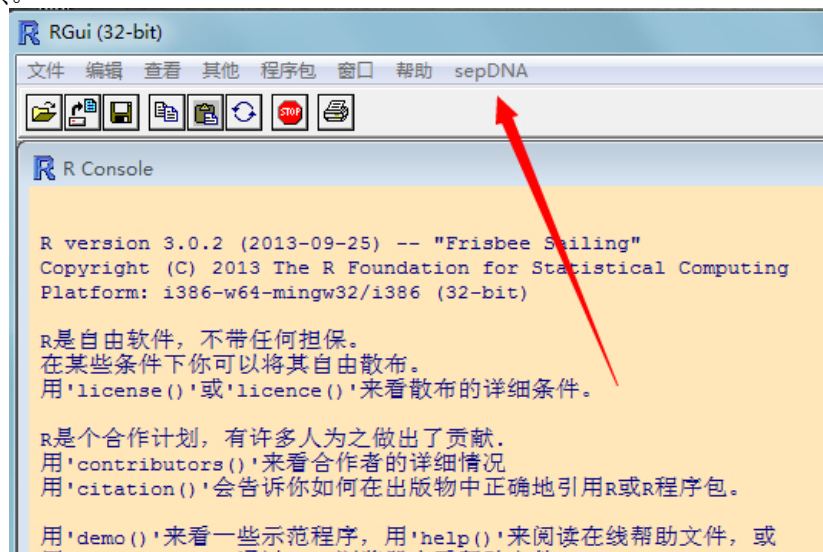
```
library(sepDNA)
```

注意，`sepDNA` 只能在 R 自带的 `RGui` 下使用，无法在 `Rstudio` 下面使用。如果你在 `Rstudio` 下使用会得到以下报错信息：

```
Error in winMenuAddItem : function not supported in RStudio
```

下面我们会看到我们载入包以后会在 `RGui` 中添加一个菜单项。但是这个添加却不能在 `RStudio` 中实现。

当我们加载以后，我们发现在 R 的菜单栏中出现了一个新的选项：`sepDNA`。这个就是我们载入的包，`sepDNA`。我们后面就可以直接使用这个选项。



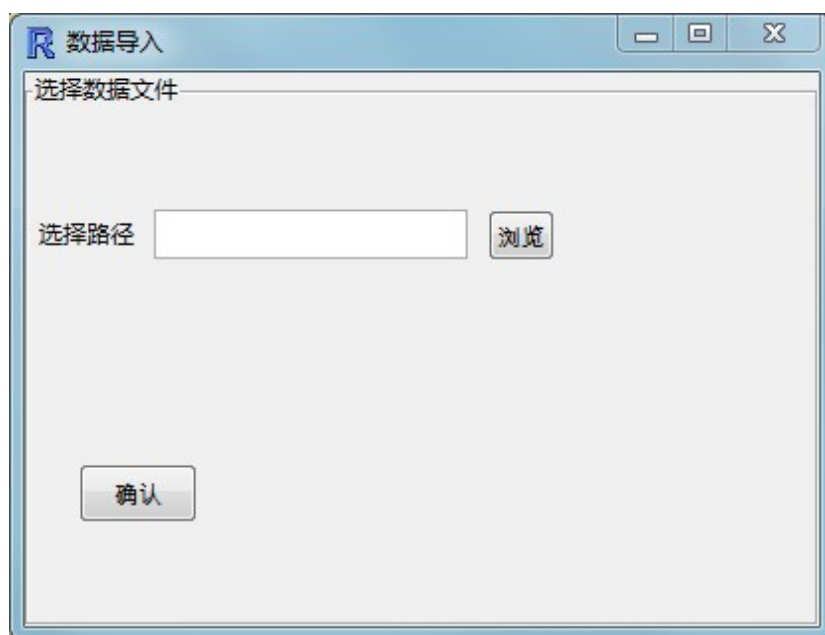
### 3.2 使用

我们点击 sepDNA 这个菜单以后，会出现四个选项。

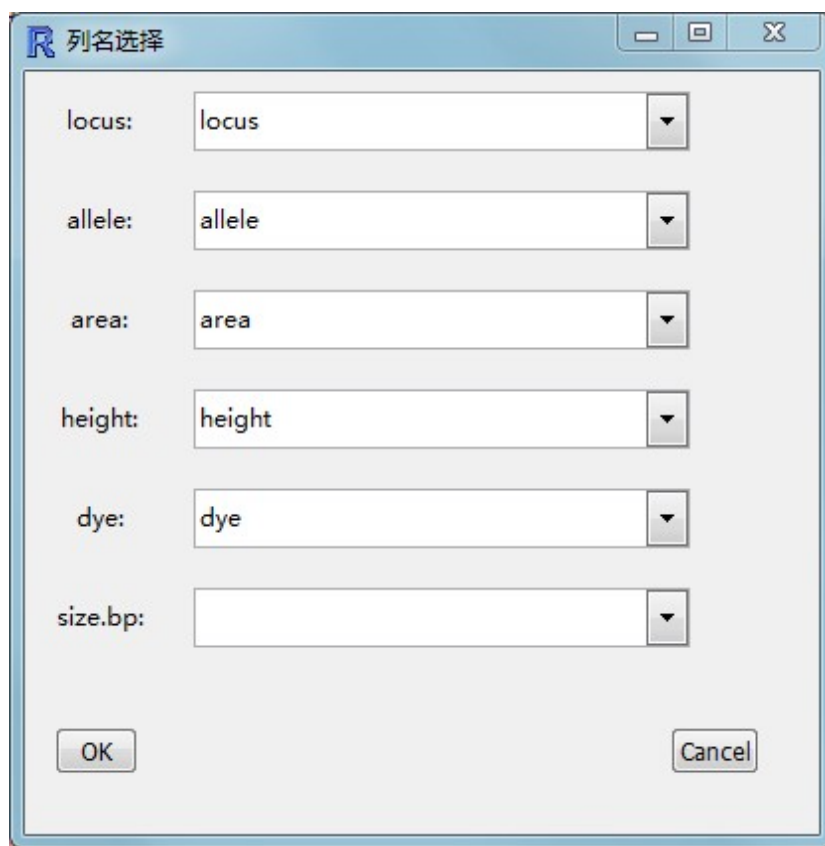
- 系统设置 (可以设置启动 R 自动加载)
- 导入数据
- 分析设置
- 报告

我们着重来看后面三个

#### 3.2.1 数据导入



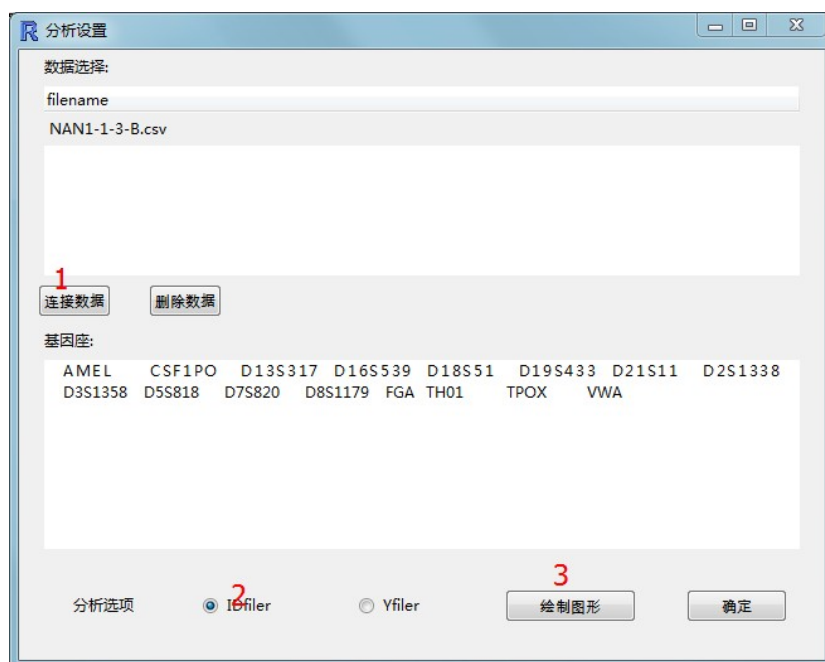
sepDNA 的包解压以后在 inst/examples 中会有一些实例文件用来分析。我们导入数据以后会出现一个窗口让我们选择列名。我们依次选择：



点击 OK 以后，数据成功导入。

### 3.2.2 分析设置

我们打开分析设置的窗口，刚才导入的文件名已经在 filename 中。点击连接数据，我们的 R 包会把基因座名称显示出来。在分析选项中我们选择 IDfiler，然后点击绘制图形。



然后就会按照数据进行画图分析。

