

11宏基因组软件安装

刘永鑫

2025年11月28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
- **推荐配置：**CPU四核+、内存8G+、硬盘30GB+空间



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

常用软件列表

- 数据分析环境Shell + R + IDE: GitForWindows、R+RStudio+R包
- 宏基因组分析流程: EasyMetagenome, EasyMicrobiome,
EasyMetagenome: 测试数据、分析流程、示例结果(正对照)
EasyMicrobiome: 分析依赖软件、数据库等, 如序列工具seqkit、表格工具csvtk
- 差异分析和可视化: STAMP
- 网络分析及可视化: Cytoscape、Gephi
- 图片排版: Adobe Illustrator
- Win子系统+QIIME 2

易宏基因组EasyMetagenome安装

○ Windows安装常用软件方便本地绘图

Windows用户 (占PC中87.5%) 为例, 快速下载[GitForWindows](#) [[图文视频教程](#)], [R](#), [RStudio](#) [[图文视频教程](#)], [STAMP v2.1.3](#)

○ Linux安装易扩增子 (EasyMetagenome)

EasyMetagenome流程(正对照) <https://github.com/YongxinLiu/EasyMetagenome>

EasyMicrobiome软件和数据库 <https://github.com/YongxinLiu/EasyMicrobiome>

方法 1. 访问上方链接, 点击 Code -- Download

方法2. 百度网盘下

载: https://pan.baidu.com/s/1lkd_47HHODOqC3Rcx6eJ6Q?pwd=0315

1.1 分析环境：GitForWindows(仅Win用户安装)

- 提供Windows运行Shell命令的环境，可在RStudio的Terminal中使用
- 官网：<http://gitforwindows.org/>，点击Download下载最新版
- 安装包Git-2.x.x.x-64-bit.exe右键以管理员身份运行，按默认参数安装。（若不能调用，此电脑-属性-高级-环境变量-系统变量Path中添加C:\Program Files\Git\usr\bin）
- 具体使用见：[代码管理及Linux模拟工具Git for Windows安装使用教程](#)



1.2 数据分析环境： R语言和R包编辑工具Rtools

- 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：Download [CRAN](#) - China [Tsinghua](#) - Download R for Windows(Mac) —— base —— Download R 4.x.x
- 与base同列表中Rtools， 下载Rtools
- Win文件夹中有R-4.x.x-win.exe安装程序
- 双击安装程序
- Mac文件夹中有Mac系统安装包R-4.x.x.pkg

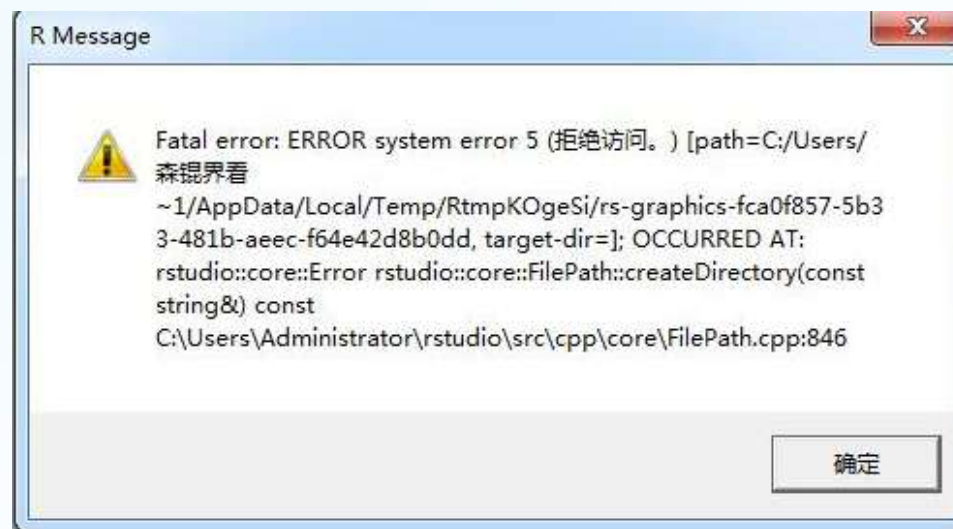


• [R语言Rtools编译工具RStudio开发环境R包安装与配置\(视频教程\)](#)

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。

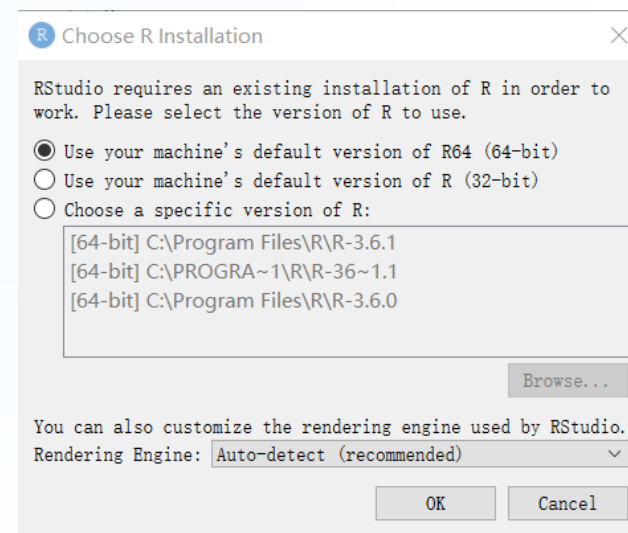
Win10下新建用户操作方法：
Win10开始 — 设置 — 帐号 —
家庭和其它人员 — 我没有... —
添加一个... — 输入用户名和密
码 — 下一步 — 按提示操作至
完成



1.3 R/Shell编程环境——RStudio



- 下载页面: <https://posit.co/download/rstudio-desktop/>
- 选择适合自己系统的版本(Windows 10+或macOS 10.14+), 下载安装程序的最新版, 或在文件夹使用预下载安装程序Win版RStudio-RStudio-202x.exe或Mac版RStudio-202x.dmg的最新版
- **右键使用管理员身份安装**
- 完成后打开时, 如存在R多版本会提示选择
选第一项 - “使用系统默认R64位版本” - 点击OK
即使用安装的最新64位版R语言环境
- [R语言Rtools编译工具RStudio开发环境R包安装与配置\(视频教程\)](#)



常见问题：RStudio中字符乱码处理

The image shows the RStudio interface with several steps highlighted by numbered blue circles:

- 1**: The **Tools** menu is open.
- 2**: The **Global Options...** option is selected in the Tools menu.
- 3**: The **Code** tab is selected in the Options dialog.
- 4**: The **General** sub-tab is selected in the Options dialog.
- 5**: The **Default text encoding** is set to **UTF-8**.
- 6**: The **Choose Encoding** dialog is open, and **UTF-8 (System default)** is selected.
- 7**: The **OK** button is clicked in the Choose Encoding dialog.
- 8**: The **Apply** button is clicked in the Options dialog.

The console output shows the R version and platform information:

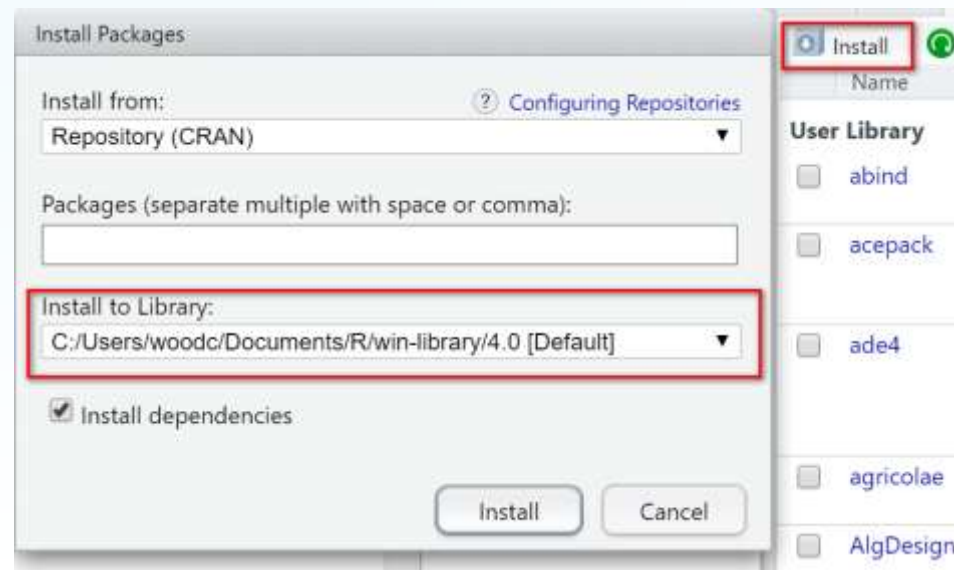
```
R version 4.2.1 (2022-06-23 ucrt) --  
Kid"  
Copyright (C) 2022 The R Foundation for  
Computing  
Platform: x86_64-w64-mingw32/x64 (64-bit)  
  
R is free software and comes with ABSOLUTELY  
NO WARRANTY.  
You are welcome to redistribute it under  
certain conditions.  
Type 'license()' or 'licence()' for distribution  
details
```

按数字标号顺序切换编码，关闭文件，关闭程序，再打开RStudio，查看文章即可恢复正常。

1.4 安装R包——批量解压4.5.zip

- 4.5.zip包含了几百个常用R包，解压即可使用，省去了下载安装过程。
详见[易汉博R学习教程](#)
- 首先启动RStudio，菜单Tools-Install Packages查看默认R包安装目录
- 将压缩包4.5.zip复制到win-library目录，选中4.5.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。（注意不要在4.5文件夹里再出现4.5文件夹，导致系统找不到包的问题）

Mac用户解压Mac文件夹中的压缩包于
下载(Downloads)目录，运行如下命令
`cp -r ~/Downloads/library/*
/Library/Frameworks/R.framework/Ve
rsions/4.5/Resources/library/`



安装R 4.5包——测试和常用问题解决

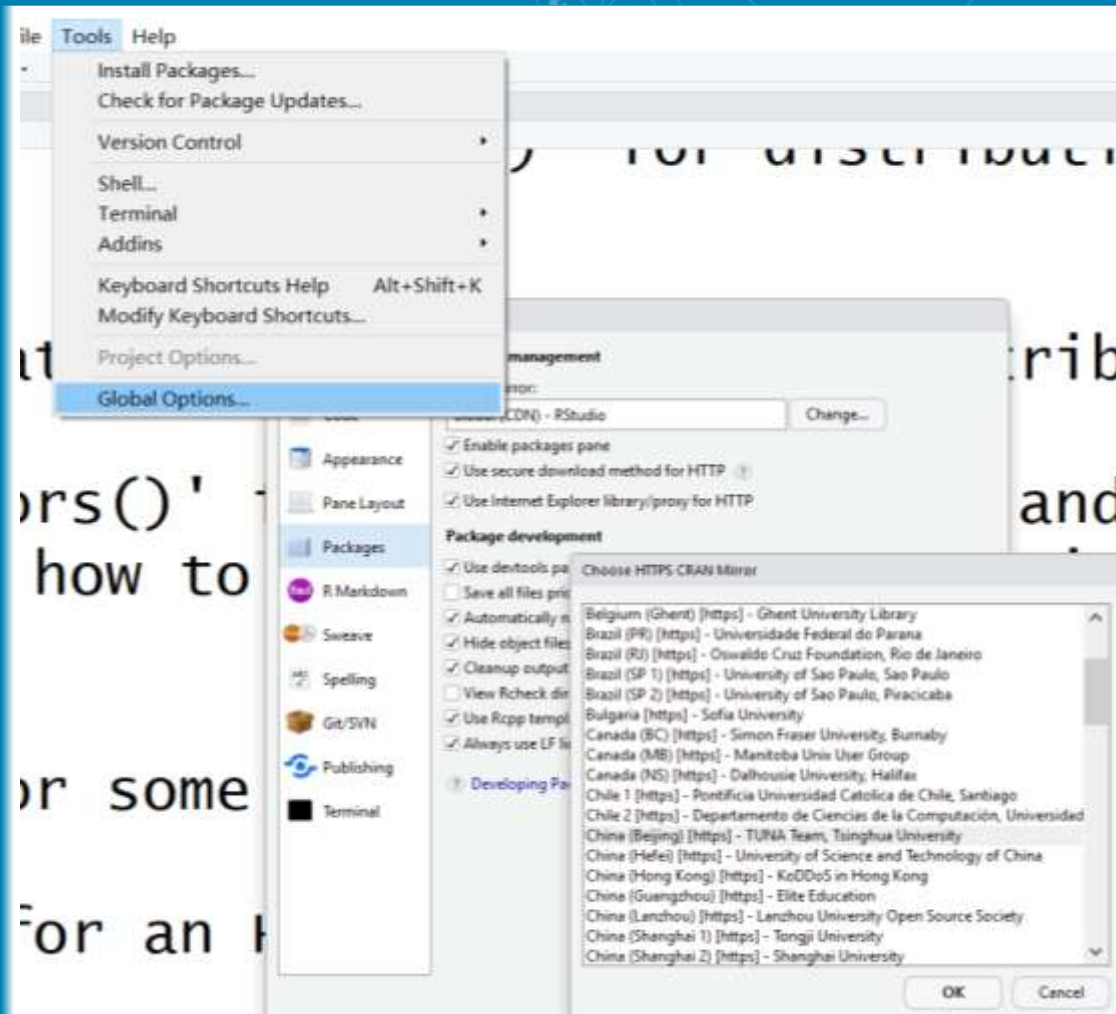
- 替换之后，重新启动RStudio，在左下角“>”后面输入 `library(ggplot2)` 测试，如下图则是安装成功。

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

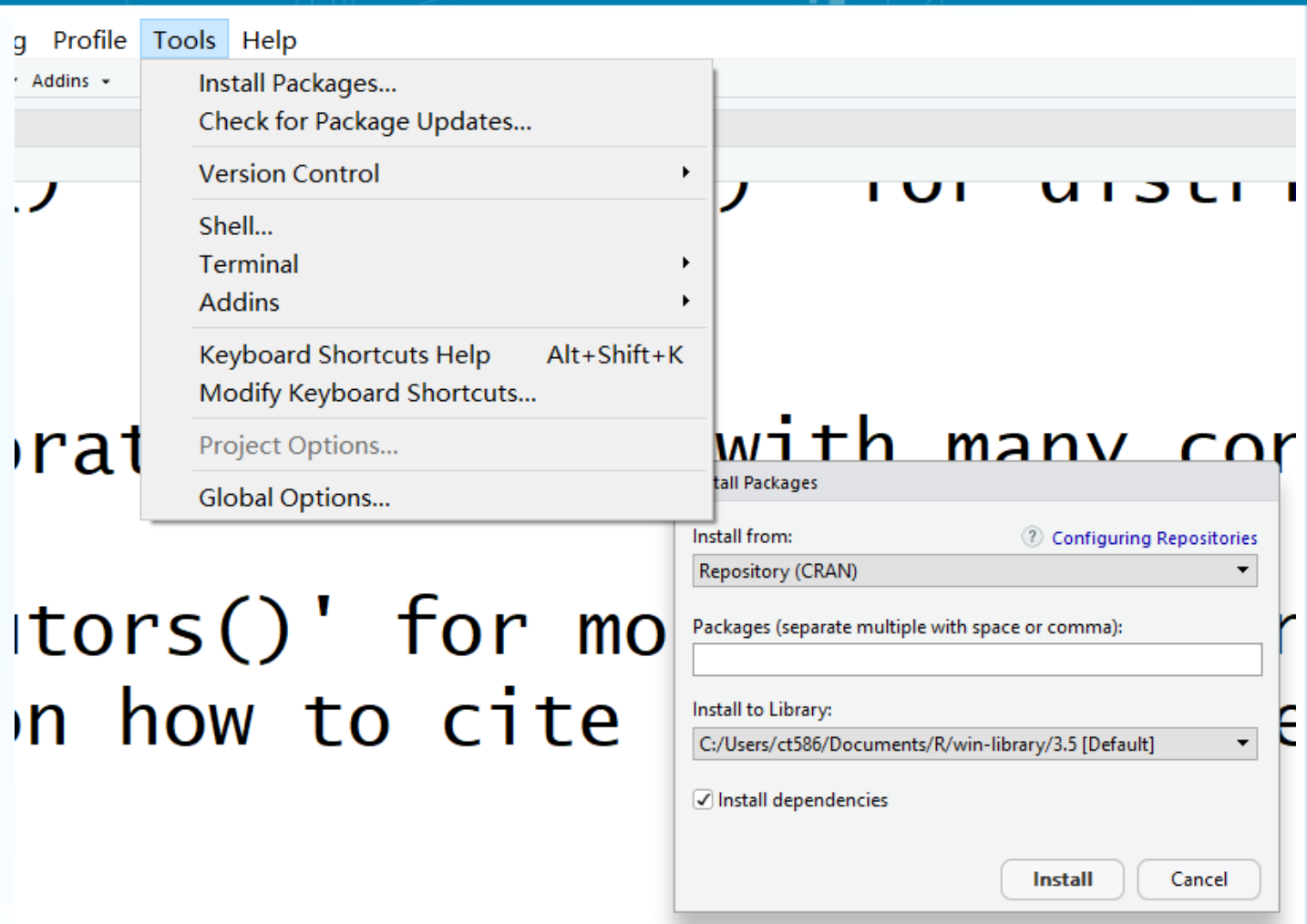
```
> library(ggplot2)  
>
```

- 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没有成功，或位置不正确，请仔细核对并重复上面解压安装操作。
- 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。

菜单安装R包 ---- CRAN官方包



配置距离你最近的CRAN镜像
方便快速下载(可选)



输入待安装包的名字
安装CRAN的包

安装R包 ---- CRAN / 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)
 - `install.packages("devtools")`
- # 安装Bioconductor包的新方法 (R版本 ≥ 4.0 。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")`
- # 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")`

1.5 RStudio中使用Shell命令

- 在RStudio的Tools菜单 — Global Options——Terminal中选择Git Bash, 点OK

- 用Rstudio 打开 12Linux 目录中 shell.sh文件, 光标处理代码行或选中要执行的代码, 点运行按钮 (Run)/按 Ctrl+Enter 执行下面代码

进入C盘

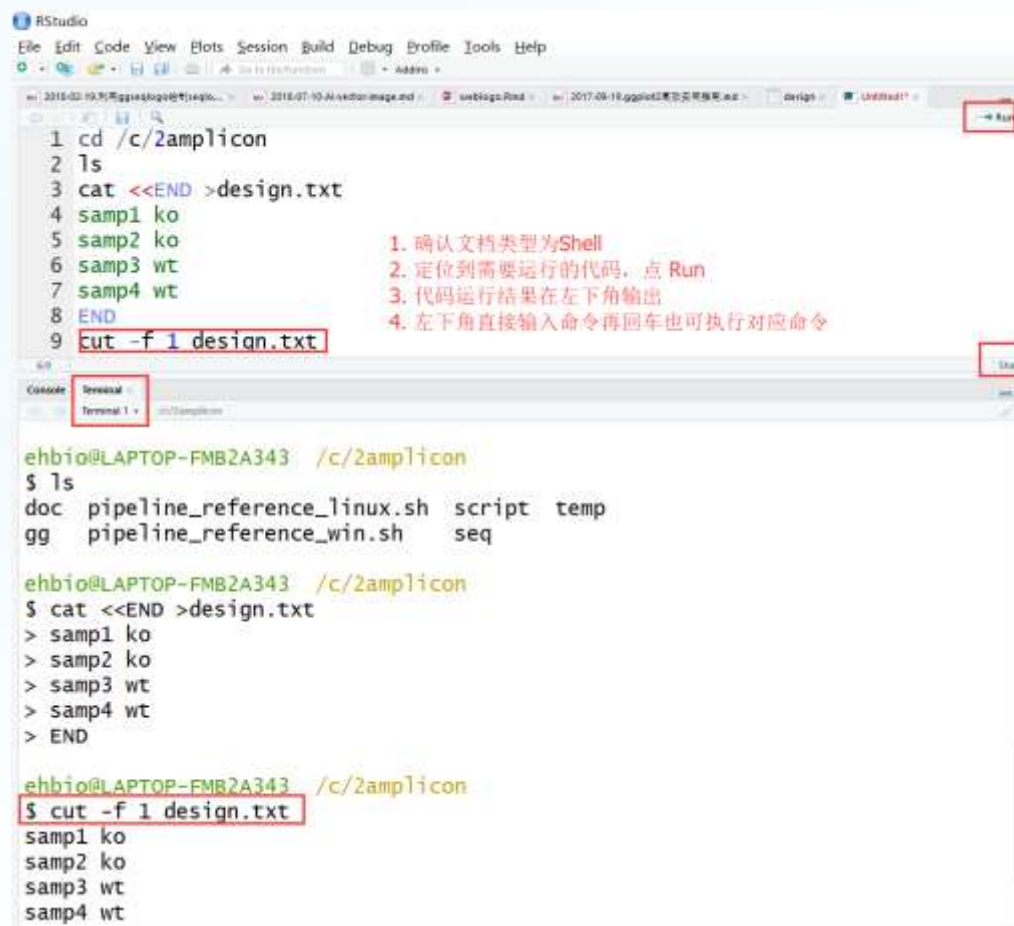
cd /c

创建一个目录

mkdir -p amplicon

查看文件列表

ls



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 boxes highlight the 'Run' button in the top right of the script editor and the 'cut -f 1 design.txt' command in the terminal. To the right of the script editor, there are four numbered instructions in Chinese:

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:

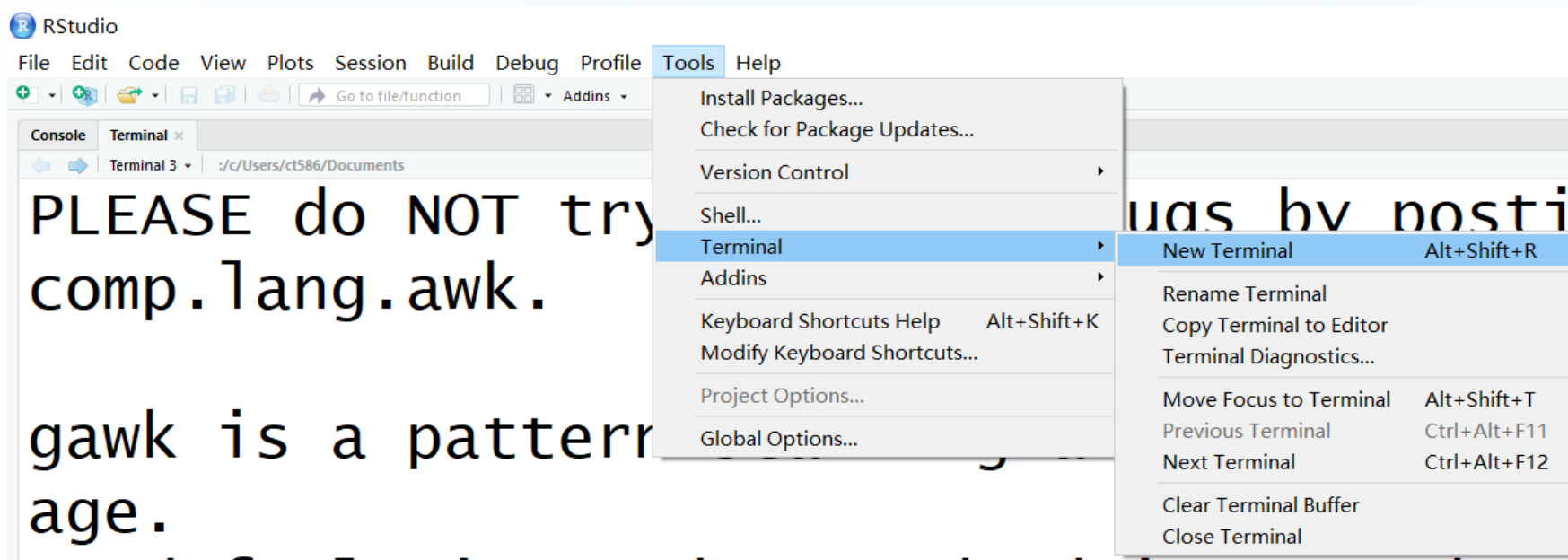
```
ehbio@LAPTOP-FMB2A343 /c/2amplicon
$ ls
doc pipeline_reference_linux.sh script temp
gg pipeline_reference_win.sh seq

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
```

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。
- Tools —— Terminal —— New Terminal (快捷键Alt+Shift+R)



常见问题：Win下不显示文件扩展名问题

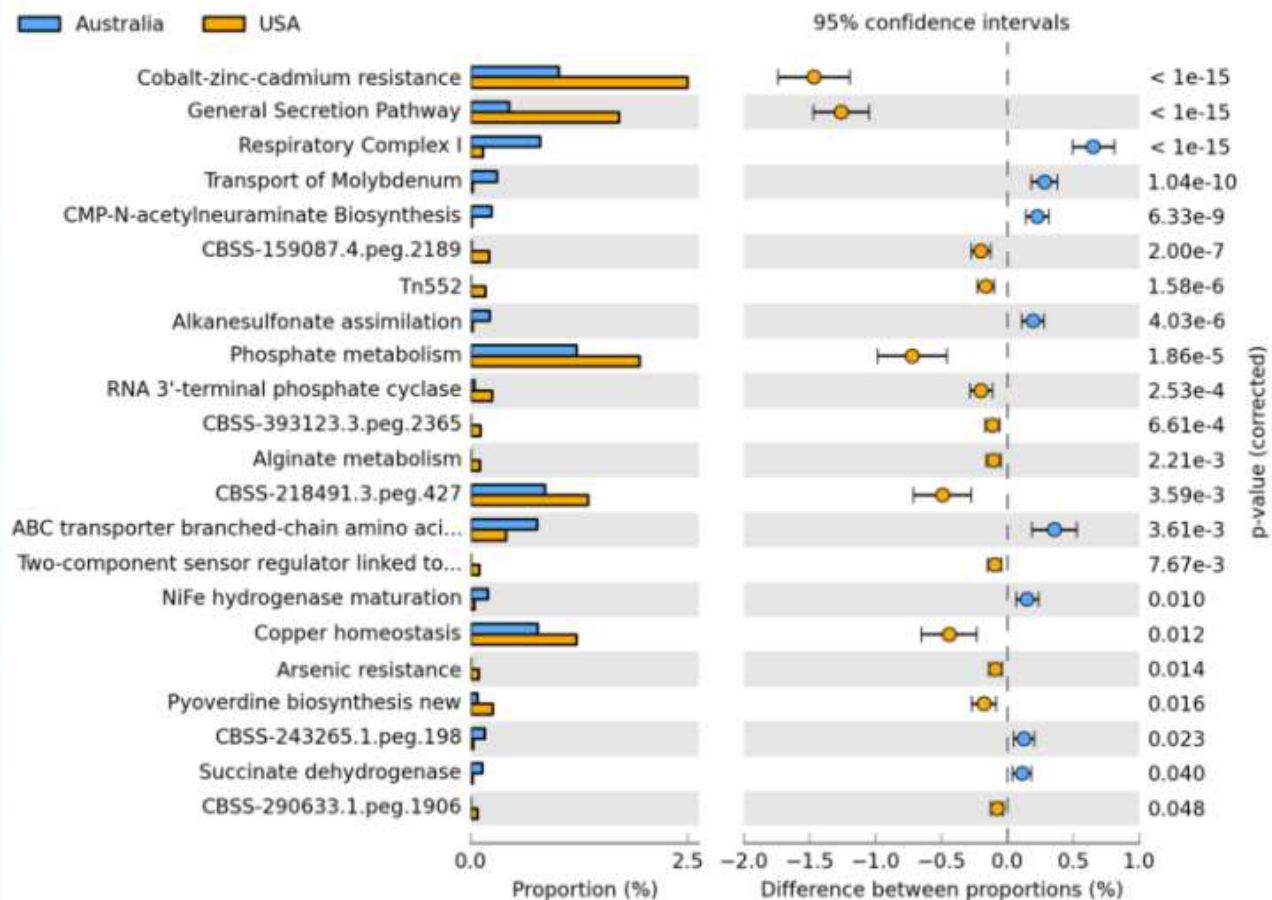
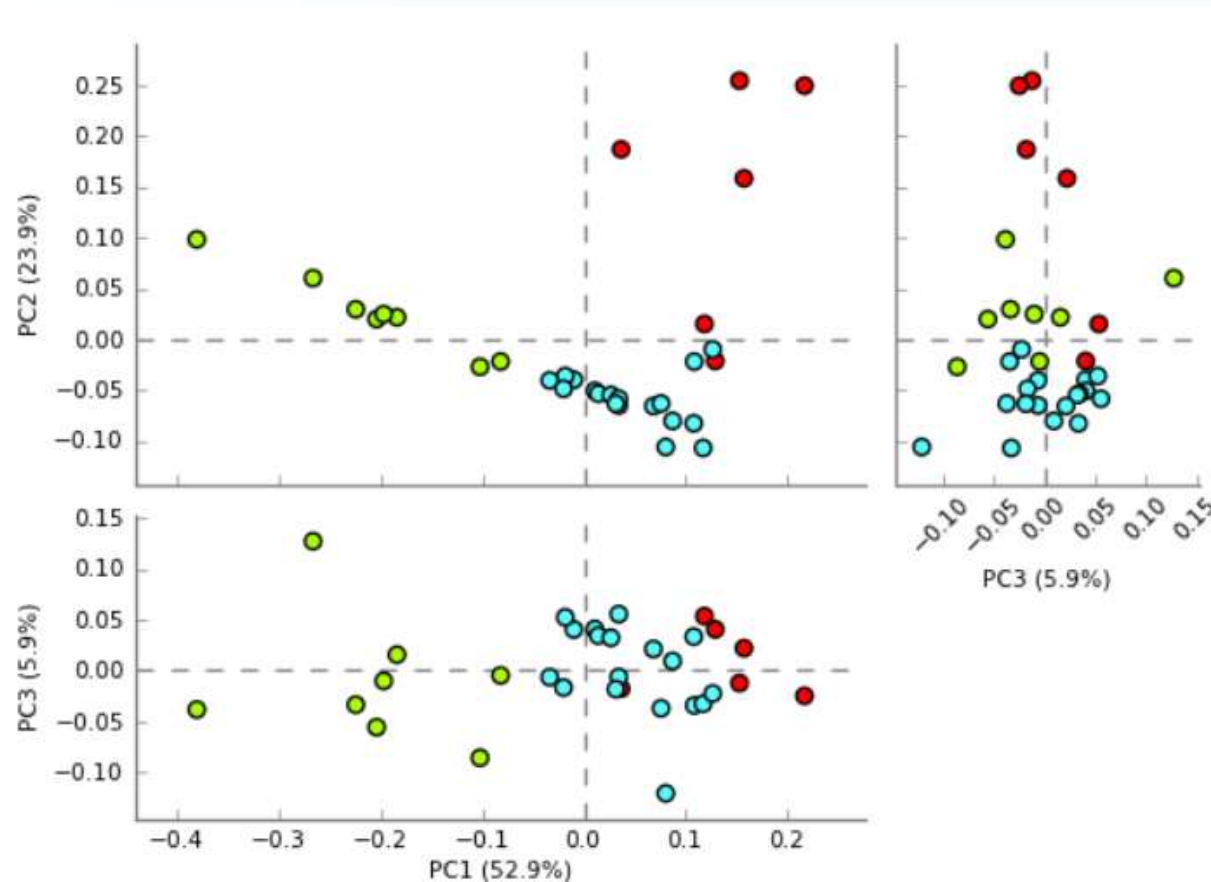
- 人们常用文件扩展名决定文件类型，如程序一般为.exe
- Linux Shell脚本为.sh，R语言的脚本为.R，R Markdown为.Rmd
- 只有扩展名正确，RStudio才能正确选择合适的环境运行
- Windows中**查看** - 勾选**文件扩展名**，方便修改正确识别代码文件



1.6 微生物组差异比较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
- public\win目录中有windows版安装包 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](#)

1.7 服务器通讯——Xshell 和 FileZilla

- Xshell 是终端，用于登录服务器。填写姓名、邮箱获取免费版下载链接 <https://www.netsarang.com/zh/free-for-home-school/>,
Xshell无法正常运行用户备选PuTTY <http://www.putty.be/> putty.exe
- [XShell-易用的ssh访问服务器终端使用教程](#)（视频教程）
- FileZilla 可以断点续传进行上传、下载，上传数据至NCBI。下载链接 <https://filezilla-project.org/download.php?type=client>
无法正常运行此软件备选WinSCP <https://winscp.net/eng/download.php> 或 Xftp
- 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)。
- [跨平台文件传输工具FileZilla客户端安装使用教程](#)（视频教程）

参考资源

- [宏基因组公众号文章目录](#) [生信宝典公众号文章目录](#)
- [iMeta | 易宏基因组\(EasyMetagenome\): 用户友好且灵活的宏基因组测序数据分析流程](#)
- [iMetaOmics | 易扩增子\(EasyAmplicon\): 用户友好的扩增子测序数据分析指南](#)
- [iMeta | MicrobiomeStatPlot 微生物组数据分析——50+篇](#)
- [Bio-protocol 《微生物组实验手册》——153篇](#)
- [Protein Cell: 扩增子和宏基因组数据分析实用指南](#)
- [CMJ: 人类微生物组研究设计、样本采集和生物信息分析指南](#)
- 加拿大生信网 <https://bioinformatics.ca/> [宏基因组课程中文版](#)
- 美国高通量开源课程 <https://github.com/ngs-docs>
- Curtis Huttenhower <http://huttenhower.sph.harvard.edu/>
- Nicola Segata <http://segatalab.cibio.unitn.it/>



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