

解析環境の構築

国立遺伝学研究所 大量遺伝情報研究室 坂本美佳

初心者の壁

インストール

初心者の壁

解析ツールのインストール

- ・バイナリファイルをどこかに置く（簡単）
- ・ソースコードをコンパイルしてインストール（難易度 高）



初心者の壁

解析ツールのインストール

- PATHを通す
 1. プログラムをフルパスで指定
複数プログラムのラッパーの場合うまくうごくかわからん
 2. 每回 export PATH=~ をやる
忘れるとプログラムを探せなくて動かん
 3. bashrcやbash_profileに書いておく
そもそもbashrcってなに？？？という場合どうする

パッケージ管理ツールやコンテナの利用

- ・ パッケージ管理ツール
- ・ コンテナ(コンテナ型仮想化)



パッケージ管理ツールやコンテナの利用

- ・ パッケージ管理ツール
**Anaconda (Miniconda, Miniforge),
Homebrew (Linuxbrew)**
インストール、バージョン管理、
依存関係（ツール相互の利用）を解決
- ・ コンテナ
Docker, Singularity (Apptainer)
まるごとそのツールを実行するための
「環境(OS含む）」を提供
コンピュータの中でもうひとつ別のコン
ピュータを動かすイメージ
昨年Singularityプロジェクトの名称がApptainerに変わった

パッケージ管理ツールやコンテナの利用

- ・ パッケージ管理ツール

Miniconda (Miniforge)

Anacondaの簡易版

- ・ コンテナ

Singularity (Apptainer)

スパコン版のコンテナ

パッケージ管理ツールやコンテナの利用

- 利点
 - ✓ makeなどのインストールコマンドを叩かなくてもいい
 - ✓ (パッケージ管理ツール) 依存パッケージも一緒にに入る
 - ✓ (コンテナ) 必要なものがすべて入っている
 - ✓ バージョン管理が楽
 - ✓ 環境の移動や共有が楽

パッケージ管理ツールやコンテナの利用

- ・ 欠点
 - ✓ 動かないパッケージ...
 - ✓ (パッケージ管理ツール) いろいろ入れているうちに管理ツール 자체が壊れてしまうことも
 - ✓ (コンテナ) ブラックボックスになりがち

とはいえ、利点がより多いので積極的に使っていきましょう

RNA-seq解析環境

このあと利用するツール

- HISAT2 リードをリファレンス配列にマッピング
- StringTie 転写産物isoformの同定
- Samtools sam/bamファイルの操作

1. Minicondaの仮想環境にインストールする方法

2. Singularityコンテナを利用する方法

次はMinicondaの利用

Minicondaの利用

概要

- Minicondaのインストールと初期設定
- 仮想環境の作成 <- condaインストール済みのひとはここから
- 仮想環境に解析ツールをインストール

コマンドは手打ちorハンドアウトからコピペでOK

次はMinicondaのインストール

Minicondaの利用

Minicondaのインストール

- AnacondaとMiniconda

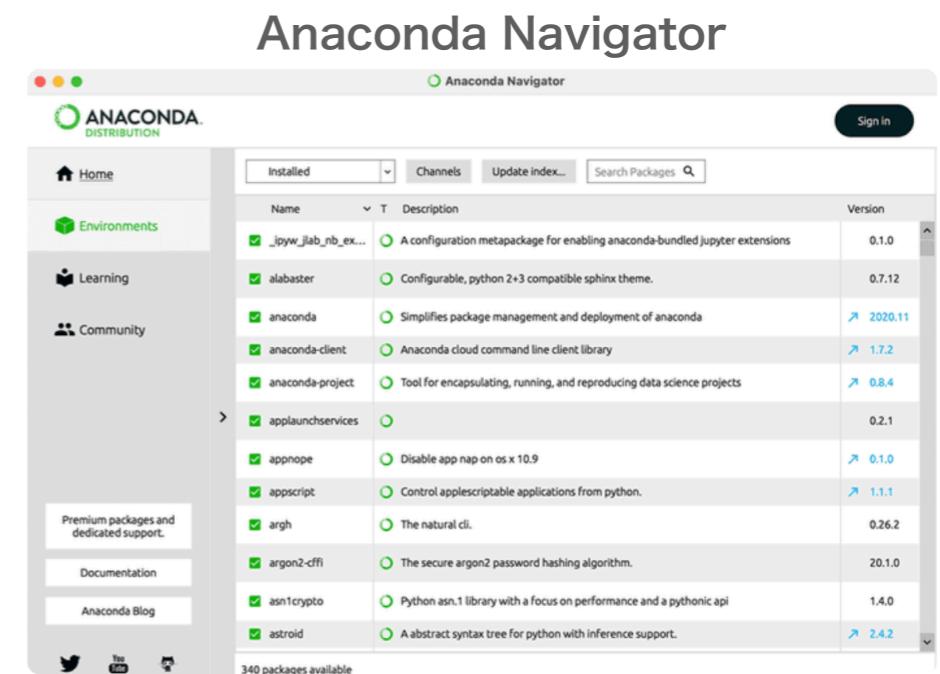
✓ Pythonのディストリビューション

✓ パッケージ管理ツールcondaを含む

✓ AnacondaはGUIツールを含む多くのパッケージ（大きい）

✓ Minicondaは最低限必要なパッケージのみ （小さい）

スパコンで使うのでGUI不要、必要なものを追加インストールする



参考

<https://tooljp.com/windows/chigai/html/Python/conda-anaconda-miniconda-pyenv-pip-chigai.html>

Minicondaの利用

Minicondaのインストール

コマンド

出力を確認

入力が必要なところは**文字色を変えて**示します

現地参加者 wgetコマンド利用
オンライン参加者 FileZilla利用

Minicondaの利用

Minicondaのインストール

<https://docs.conda.io/en/latest/miniconda.html>

Miniconda is a free minimal installer for conda. It is a small, bootstrap version of Anaconda that includes only conda, Python, the packages they depend on, and a small number of other useful packages, including pip, zlib and a few others. Use the `conda install` command to install 720+ additional conda packages from the Anaconda repository.

See if Miniconda is right for you.

System requirements

- License: Free use and redistribution under the terms of the [EULA for Miniconda](#).
- Operating system: Windows 8 or newer, 64-bit macOS 10.13+, or Linux, including Ubuntu, RedHat, CentOS 7+, and others.
- If your operating system is older than what is currently supported, you can find older versions of the Miniconda installers in our [archive](#) that might work for you.
- System architecture: Windows- 64-bit x86, 32-bit x86; macOS- 64-bit x86 & Apple M1 (ARM64); Linux- 64-bit x86, 64-bit aarch64 (AWS Graviton2), 64-bit IBM Power8/Power9, s390x (Linux on IBM Z & LinuxONE).
- The `linux-aarch64` Miniconda installer requires `glibc >=2.26` and thus will **not** work with CentOS 7, Ubuntu 16.04, or RHEL 7.
- Minimum 400 MB disk space to download and install.

On Windows, macOS, and Linux, it is best to install Miniconda for the local user, which does not require administrator permission for a robust type of installation. However, if you need to, you can install Miniconda system wide, which does require administrator permission.

Latest Miniconda Installer Links

Latest - Conda 4.12.0 Python 3.9.7 released February 15, 2022		
Platform	Name	SHA256 hash
Windows	Miniconda3 Windows 64-bit	1bc2e8277ddd54a5f724896c7edee112d068529588d944702966c867e7e9cc
	Miniconda3 Windows 32-bit	4fb64e6c9c28b88beab16994bfba4829110ea3145baa60bda5344174ab65d462
macOS	Miniconda3 macOS Intel x86 64-bit bash	007baef18dc7b6f2ca6209b5a0c9bd2f283154152f82becf787aac709a51633
	Miniconda3 macOS Intel x86 64-bit pkg	cb56184637711685b08f6eba9532cef6985ed7007b38e789613d5dd3f94ccc6b
	Miniconda3 macOS Apple M1 64-bit bash	4bd112168cc33f8a4a60d3ef7e72b52a85972d588cd065be803eb21d73b625ef
Linux	Miniconda3 macOS Apple M1 64-bit pkg	0cb5165ca751e827d91a4ae6823bdfa24d22c398a0b3b01213e57377a2c54226
	Miniconda3 Linux 64-bit	78f39f9bae971ec1ae7969f0516017f2413f17796670f7040725d83cff5689
	Miniconda3 Linux-aarch64 64-bit	5f4f865812101fdc747cea5b820806f678bb50fe0a61f19dc8aa369c52c4e513
	Miniconda3 Linux-ppc64le 64-bit	1fe3305d0ccc9e55b336b051ae12d82f33af408af4b560625674fa7ad915102b
	Miniconda3 Linux-s390x 64-bit	ff6fdad3068ab5b15939c6f422ac329fa005d56ee0876c985e22e622d930e424

Miniconda3 Linux 64-bit の
リンクをコピー

Minicondaの利用

Minicondaのインストール

スパコンにログイン+ `qlogin`

ホームディレクトリにツール用のディレクトリを作成

```
mkdir tools
```

ツール用ディレクトリに移動

```
cd tools
```

`wget` コマンドでインストールスクリプト入手

1行で (改行しないで) 入力してください

```
wget https://repo.anaconda.com/miniconda/Miniconda3-latest-Linux-x86_64.sh
```

コピーが正しく行われたかどうかを確認

```
sha256sum Miniconda3-latest-Linux-x86_64.sh
```

78f39f9bae971ec1ae7969f0516017f2413f17796670f7040725dd83fcff5689

Minicondaの利用

Minicondaのインストール FileZilla利用

<https://docs.conda.io/en/latest/miniconda.html>

The screenshot shows the official Miniconda documentation page. The left sidebar has a navigation menu with sections like Conda, Conda-build, and Miniconda. The main content area is titled "Miniconda" and describes it as a free minimal installer for conda. It includes a "System requirements" section with a bulleted list and a "Latest Miniconda Installer Links" table.

Platform	Name	SHA256 hash
Windows	Miniconda3 Windows 64-bit	1bc2e8277ddd54a5f724896c7edee112d068529588d944702966c867e7e9cc
	Miniconda3 Windows 32-bit	4fb64e6c9c28b88beab16994bfa4829110ea3145baa60bda5344174ab65d462
macOS	Miniconda3 macOS Intel x86 64-bit bash	007baef18dc7b6f2ca6209b5a0c9bd2f283154152f82bef787aac709a51633
	Miniconda3 macOS Intel x86 64-bit pkg	cb56184637711685b08f6eba9532cef6985ed7007b38e789613d5dd3f94ccc6b
	Miniconda3 macOS Apple M1 64-bit bash	4bd112168cc33f8a4a60d3ef7e72b52a85972d588cd065be803eb21d73b625ef
Linux	Miniconda3 Linux 64-bit	0cb5165ca751e827d91a4ae6823bdfa24d22c398a0b3b01213e57377a2c54226
	Miniconda3 Linux-aarch64 64-bit	78f39f9bae971ec1ae7969f0516017f2413f17796670f7040725d83cff5689
	Miniconda3 Linux-ppc64le 64-bit	1fe3305d0ccc9e55b336b051ae12d82f33af408af4b560625674fa7ad915102b
	Miniconda3 Linux-s390x 64-bit	ff6fdad3068ab5b15939c6f422ac329fa005d56ee0876c985e22e622d930e424

Miniconda3 Linux 64-bit の
リンクから自分のPCにダウンロード

Minicondaの利用

Minicondaのインストール **FileZilla**利用

スパコンにログイン+ qlogin、ホームディレクトリにツール用のディレクトリを作成

```
mkdir tools
```

FileZillaを用いてインストールスクリプト **Miniconda3-latest-Linux-x86_64.sh** を**tools**ディレクトリにコピー

ツール用ディレクトリに移動

```
cd tools
```

コピーが正しく行われたかどうかを確認

```
sha256sum Miniconda3-latest-Linux-x86_64.sh
```

78f39f9bae971ec1ae7969f0516017f2413f17796670f7040725dd83fcff5689

Minicondaの利用

Minicondaのインストール

インストールスクリプトの実行

```
bash Miniconda3-latest-Linux-x86_64.sh
```

スクロールして次の文章が表示されたら **yes** と入力

```
Do you accept the license terms? [yes|no]  
[no] >>> yes
```

インストールディレクトリの変更 何もしないと/home/アカウント名/miniconda3にインストールされます

```
Miniconda3 will now be installed into this location:  
/home/アカウント名/miniconda3
```

- Press ENTER to confirm the location
- Press CTRL-C to abort the installation
- Or specify a different location below

```
[/home/アカウント名/miniconda3] >>> /home/アカウント名/tools/miniconda3
```

Minicondaの利用

Minicondaのインストール

必要最低限パッケージのインストールが終わると `conda init` を実行するか聞かれる
ので `yes` と入力

WARNING:

You currently have a PYTHONPATH environment variable set. This may cause unexpected behavior when running the Python interpreter in Miniconda3.
For best results, please verify that your PYTHONPATH only points to directories of packages that are compatible with the Python interpreter in Miniconda3: /home/アカウント名/tools/miniconda3

Do you wish the installer to initialize Miniconda3
by running `conda init`? [yes|no]
[no] >>> yes

~/.bashrcに設定が書き込まれます

いったん`exit`し、ふたたび`qlogin`

プロンプトに(`base`)と表示されていることを確認

(`base`) [アカウント名@ノード名 ~]\$

参考URL

<https://conda.io/projects/conda/en/latest/user-guide/install/index.html>

<https://conda.io/projects/conda/en/latest/user-guide/install/linux.html#install-linux-silent>

次は初期設定

Minicondaの利用

初期設定

Anaconda/Minicondaが既にインストールされていた場合、ここから始めましょう

パッケージリストの表示

```
conda list
```

conda-forge チャンネルの追加 パッケージの取得元をconda-forge優先にします

```
conda config --add channels conda-forge
```

チャネルの優先度の確認

```
conda config --get channels
```

以下のように出力されるはず

```
--add channels 'defaults' # lowest priority
```

```
--add channels 'conda-forge' # highest priority
```

conda-forge優先になつていないと、
このあとツールをインストールする時に不具合が出ます

Minicondaの利用

初期設定

- Anaconda/Miniconda
 - ✓ 個人、公認教育機関の学生・教員、オープンソース開発者、中小企業などは無料（それ以外は有償）
- conda-forge
 - ✓ コミュニティベースで開発
 - ✓ オープンソース conda-forgeをdefault チャンネルにしたMiniforgeインストーラもあります

今回は上記理由のほか、Minicondaのdefaultチャンネルを最優先にすると、
解析ツールのバージョン指定インストールがうまくいきませんでした...

次は仮想環境の作成

Minicondaの利用

仮想環境の作成

- ・ ツール（ソフトウェア）間に依存関係があるため、
 - ✓ あるツールを動かすためにほかのツールが必要
 - ✓ あるツールをインストールすると他のツールが動かなくなることもある

これを防ぐために

- 仮想環境を作成し、その中にツールをインストール
- うまく動かなかったら仮想環境を破棄して作り直すことは簡単

Minicondaの利用

仮想環境の作成

toolsディレクトリに移動

ここまで流れではhomeディレクトリにいるはず

```
cd tools
```

pags_rnaseqという名の仮想環境を作成

```
conda create -n pags_rnaseq
```

Proceed ([y]/n)? と聞かれたら y と入力

```
## Package Plan ##
```

```
environment location: /home/xxxxx/tools/miniconda3/envs/pags_rnaseq
```

Proceed ([y]/n)? y

Minicondaの利用

仮想環境の作成

完了すると以下のように表示される

```
#  
# To activate this environment, use  
#  
#     $ conda activate pags_rnaseq    仮想環境に入るコマンド  
#  
# To deactivate an active environment, use  
#  
#     $ conda deactivate    仮想環境から出るコマンド
```

Minicondaの利用

仮想環境の作成

仮想環境の有効化

```
conda activate pags_rnaseq
```

プロンプトが以下のように表示されていることを確認

```
(pags_rnaseq) [アカウント名@ノード名 tools] $
```

↑ 仮想環境名

仮想環境の終了

```
conda deactivate
```

プロンプトが以下のように表示されていることを確認

```
(base) [アカウント名@ノード名 tools] $
```

↑ baseに戻る

次は解析ツールのインストール

Minicondaの利用

解析ツールのインストール

- HISAT2 v2.2.1
- StringTie v2.2.1
- Samtools v1.16.1

Minicondaの利用

解析ツールのインストール

- インストールコマンドの調べ方



Minicondaの利用

解析ツールのインストール

The screenshot shows a web browser window displaying the Anaconda.org website. The URL in the address bar is `anaconda.org`. The main navigation menu includes links for `Gallery`, `About`, `Anaconda`, `Help`, `Download Anaconda`, and `Sign In`. The search bar contains the text `Samtools`.

The main content area shows a package page for `bioconda / packages / hisat2 2.2.1`. The package summary states: "Graph-based alignment of next generation sequencing reads to a population of genomes." Below this, there are tabs for `Conda`, `Files`, `Labels`, and `Badges`. The `Conda` tab is selected.

The `Conda` section displays the following metadata:

- License: [GPL-3.0](#)
- Home: <http://daehwankimlab.github.io/hisat2>
- </> Development: <https://github.com/DaehwanKimLab/hisat2>
- Documentation: <https://daehwankimlab.github.io/hisat2/manual/>
- 173791 total downloads
- Last upload: 7 months and 17 days ago

The `Installers` section contains a note: "Info: This package contains files in non-standard labels." It provides instructions for installing the package using Conda:

`conda install` ⓘ

`linux-64` v2.2.1 最新バージョン
`osx-64` v2.2.1

To install this package run one of the following:

```
conda install -c bioconda hisat2
conda install -c "bioconda/label/cf201901" hisat2
```

A pink box highlights the command `conda install -c "bioconda/label/cf201901" hisat2`.

A pink box highlights the text "最新バージョン".

A pink box highlights the text "インストールコマンド".

Minicondaの利用

解析ツールのインストール

HISAT2のインストール

仮想環境の有効化

```
conda activate pags_rnaseq
```

パッケージ名=バージョンとするとバージョンを指定してインストールできる

```
conda install -c bioconda hisat2=2.2.1
```

インストールの可否について聞かれるので **y** と入力

```
Proceed ([y]/n)? y
```

ヘルプメッセージの表示（インストールの確認）

```
hisat2 -h
```

Minicondaの利用

解析ツールのインストール

StringTieのインストール

-y を付けると、インストールの可否について聞かれずに進む

```
conda install -c bioconda stringtie=2.2.1 -y
```

ヘルプメッセージの表示（インストールの確認）

```
stringtie -h
```

Samtoolsのインストール

```
conda install -c bioconda samtools=1.16.1 -y
```

ヘルプメッセージの表示（インストールの確認）

```
samtools
```

Minicondaの利用

パッケージリストの作成

仮想環境 `pags_rnaseq` のパッケージリスト

```
conda env export > pags_rnaseq.yml
```

`pags_rnaseq.yml` を使うと同じ環境（依存パッケージやバージョン）が作成可能

今回は行いません

仮想環境から出る

```
conda deactivate
```

プロンプトが以下のように表示されていることを確認

```
(base) [アカウント名@ノード名 tools] $
```

次はSingularityコンテナの利用

Singularityの利用

概要

- ・ コンテナの探し方
- ・ コンテナの動かし方

Singularityの利用

コンテナの探し方

コンテナの場所 `/usr/local/biotools/ツールの頭文字`

```
ls /usr/local/biotools/h/hisat2*
```

```
ls /usr/local/biotools/s/stringtie*
```

```
ls /usr/local/biotools/s/samtools*
```

- ・一番新しいバージョンを使う
- ・(ただし動かないものもあるので、そのときは別のバージョンを使う)

Singularityの利用

コンテナの動かし方

基本

`singularity exec オプション コンテナのフルパス ツールのコマンド ツールのオプション`

練習 (StringTieのヘルプメッセージ表示)

`singularity exec /usr/local/biotools/s/stringtie:2.2.1--hecb563c_2 stringtie -h`

ハンドアウトから、または lsコマンドで表示されたパスをコピーしてください

実行すると以下のヘルプメッセージが出力される

StringTie v2.2.1 usage:

```
stringtie <in.bam ..> [-G <guide_gff>] [-l <prefix>] [-o <out.gtf>] [-p <cpus>]
[-v] [-a <min_anchor_len>] [-m <min_len>] [-j <min_anchor_cov>] [-f <min_iso>]
[-c <min_bundle_cov>] [-g <bdist>] [-u] [-L] [-e] [--viral] [-E <err_margin>]
[--ptf <f_tab>] [-x <seqid,...>] [-A <gene_abund.out>] [-h] {-B|-b <dir_path>}
[--mix] [--conservative] [--rf] [--fr]
```

Assemble RNA-Seq alignments into potential transcripts.

(以下略)

では実際に使ってみましょう

