

BmTOPの環境構築

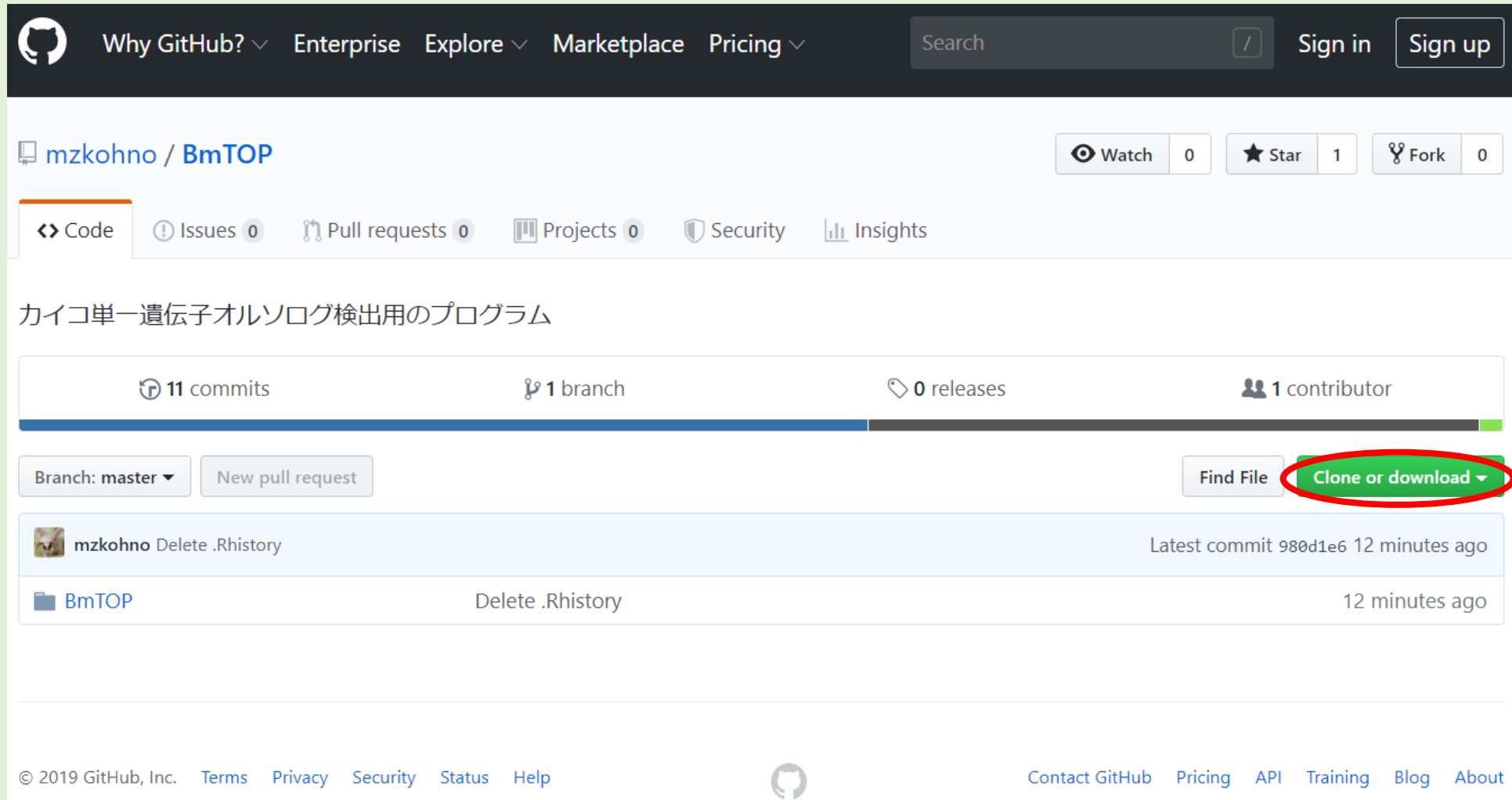
2019.09.08

岩手大学大学院連合農学研究科

大野瑞紀

※詳細は「環境構築_最初に行うこと」をご覧ください

BmTOPのダウンロード



Why GitHub? ▾ Enterprise Explore ▾ Marketplace Pricing ▾ Search / Sign in Sign up

mzkohno / BmTOP Watch 0 Star 1 Fork 0

Code Issues 0 Pull requests 0 Projects 0 Security Insights

カイコ単一遺伝子オルソログ検出用のプログラム

11 commits 1 branch 0 releases 1 contributor

Branch: master ▾ New pull request Find File Clone or download ▾

mzkohno Delete .Rhistory Latest commit 980d1e6 12 minutes ago

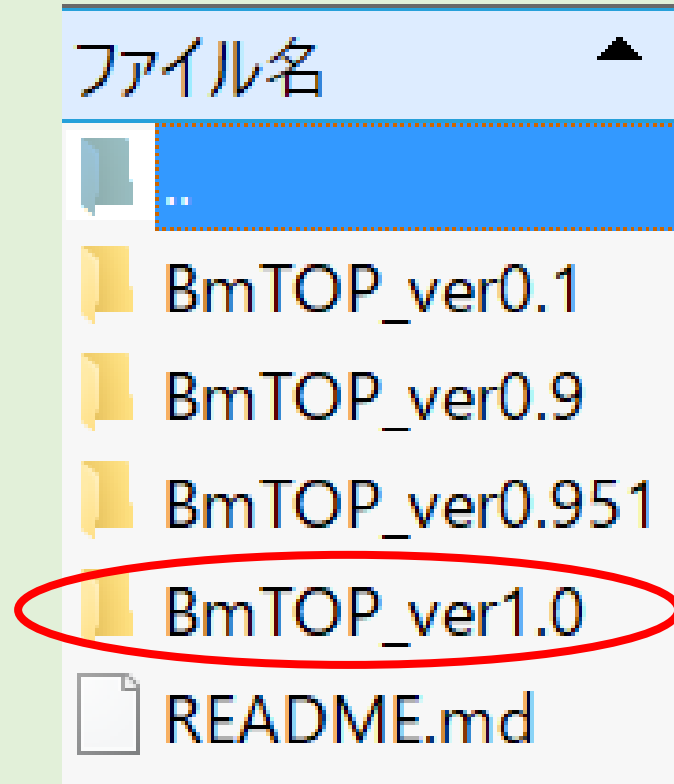
BmTOP Delete .Rhistory 12 minutes ago

© 2019 GitHub, Inc. Terms Privacy Security Status Help Contact GitHub Pricing API Training Blog About

<https://github.com/mzkohno/BmTOP>

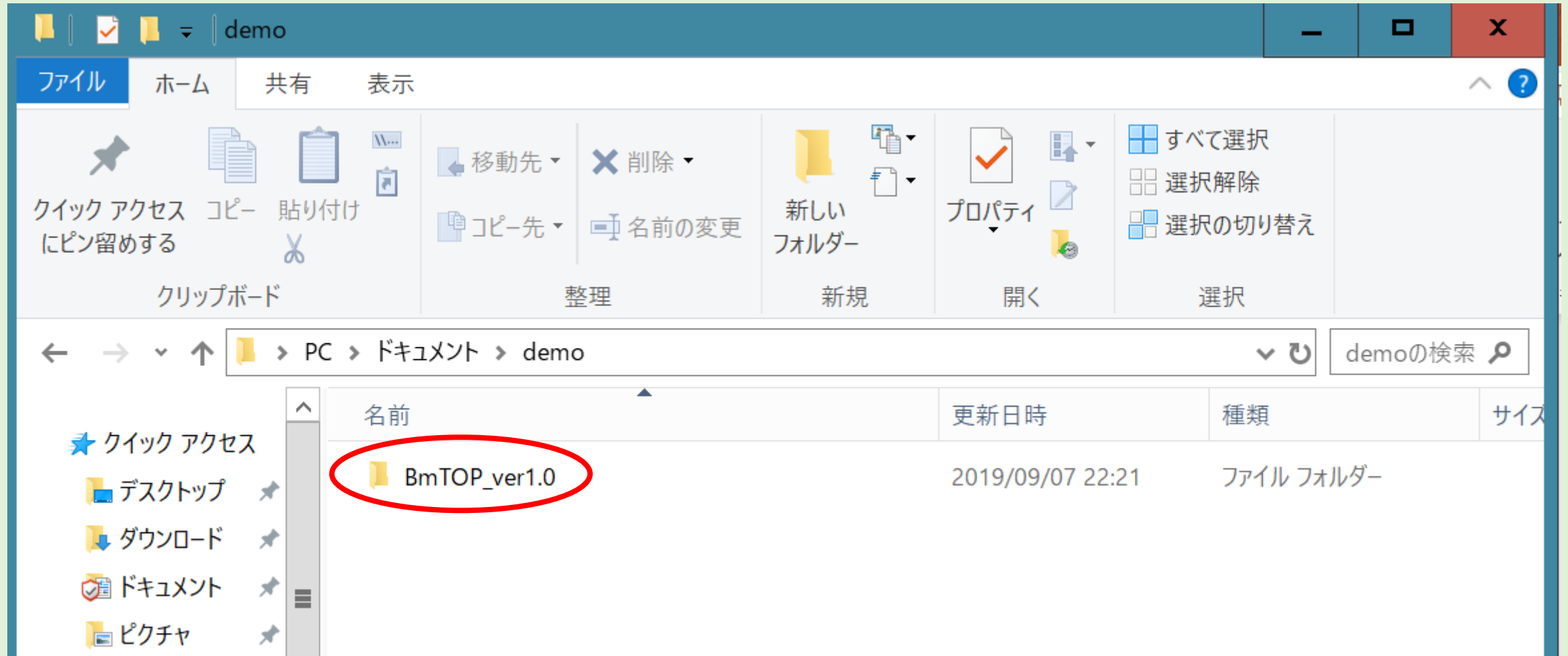
Clone or download

BmTOPのダウンロード



DLされたBmTOP.zipより、
最新versionを解凍してください

BmTOPのダウンロード



任意のディレクトリ(今回はdemo)に、このように配置する

環境構築（必要なツールのDL）

[blast+(NCBI)の環境構築]

https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi?CMD=Web&PAGE_TYPE=BlastDocs&DOC_TYPE=Download

[Python3 (>= Python 3.5.2 推奨)の環境構築]

https://www.python.jp/install/windows/install_py3.html

[R (>= 3.4)の環境構築]

<https://cran.r-project.org/>

- ・ Install karyoploteR (Rのスク립トで実行)

<http://bioconductor.org/packages/release/bioc/html/karyoploteR.html>

- ・ gene_plotter.Rを、BmTOP_verXX内の「programs_KWMTBOMO」ディレクトリにダウンロード

https://github.com/nkimoto/gene_plotter/

※BmTOP_verXXディレクトリの「環境構築_最初に行うこと」参照

環境構築（各種ファイルのDL）

Download

SilkBase

Bombyx mori

If you use below data in your research, please cite our paper:

Munetaka Kawamoto, Akiya Jouraku, Atsushi Toyoda, Kakeru Yokoi, Yohei Minakuchi, Susumu Katsuma, Asao Fujiyama, Takashi Kiuchi, Kimiko Yamamoto, and Toru Shimada. High-Quality Genome Assembly of the Silkworm, *Bombyx mori*. *Insect Biochemistry and Molecular Biology*, 2019,107:53-62.

| Name | Description | File | File information |
|----------------------------|--|--------------------------|--|
| Genome assembly (Nov.2016) | Bomo_Chrom : Chromosome number was determined. Scaffolds were connected with N. Bomo_Scaf : Chromosome number was not determined. p50T strain, Male genome. Sequencing was performed on the PacBio RS II and the Illumina HiSeq 2500. | DOWNLOAD | Multi fasta format, gz file, 140.5MB MD5 = 6f059f076aabb296b3458ebf3a5af8ce |
| Gene models (Jan.2017) | Nucleotide sequences. Gene models based on the genome assembly (Nov.2016) Bomo_gene_models.nucl.fa | DOWNLOAD | Multi fasta format, gz file, 7.5MB MD5 = e29e863a3bcf55f87a5385eb84165594 |
| | Protein sequences. Gene models based on the genome assembly (Nov.2016) | DOWNLOAD | Multi fasta format, gz file, 4.8MB MD5 = 2e52a6defb8d069ec771570f32713992 |
| | GFF3 File. Gene models based on the genome assembly (Nov.2016) Bomo_gene_models.gff3 | DOWNLOAD | GFF3 format, gz file, 4.8MB MD5 = b99b6ac6360b9a9df7d9b67f6c88d423 |

[Back to top](#)

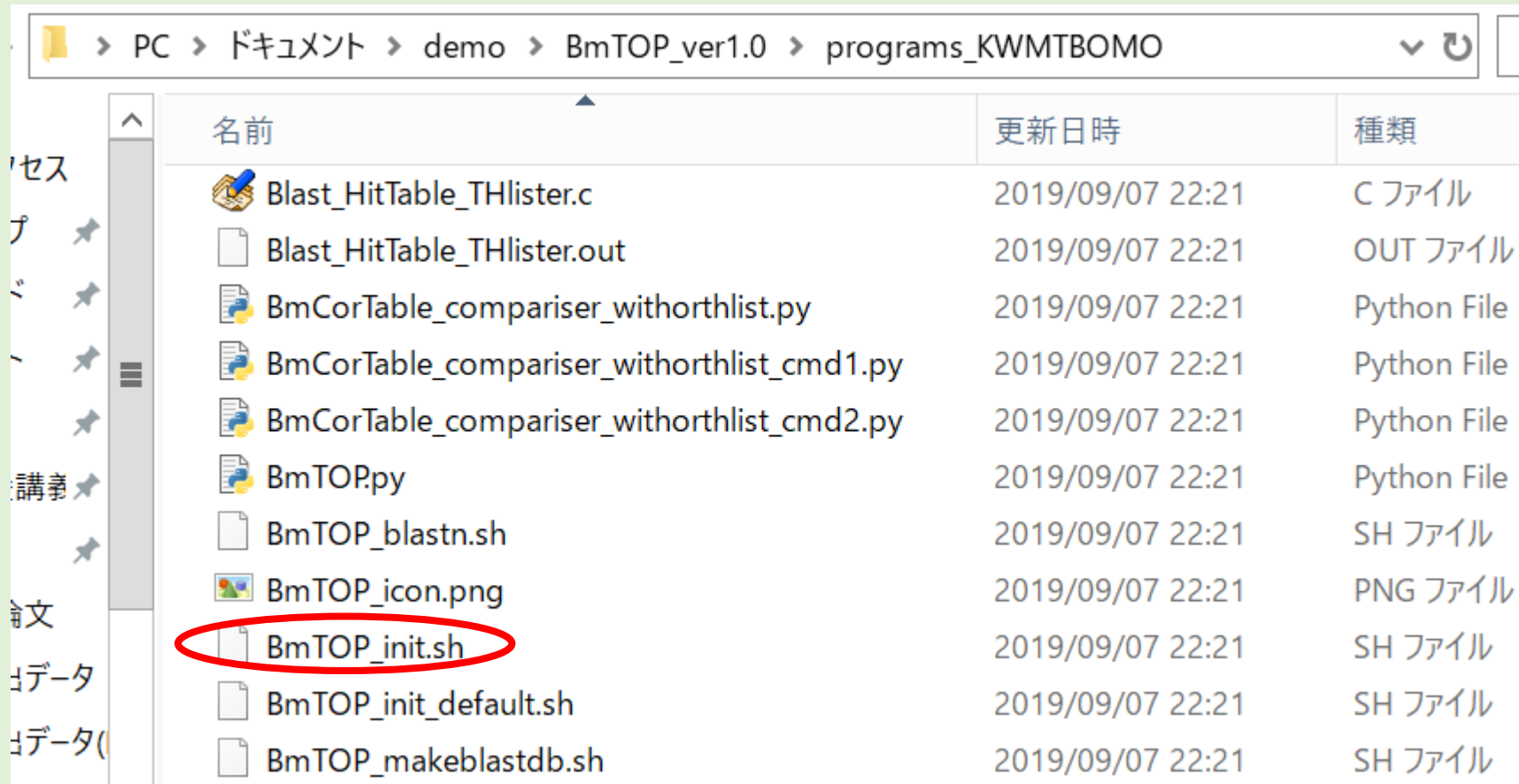
<http://silkbases.ab.a.u-tokyo.ac.jp/cgi-bin/index.cgi>

1. Bomo_gene_models.nucl.faをDLして、KWMTBOMO.nucl.faに名前を変更して、
BmTOP_verXXディレクトリ内のworkspaceディレクトリに保存する
2. Bomo_gene_models.gff3をDLして、**一行目を削除して**KWMTBOMO.gff3.txtに名前を変更して、
BmTOP_verXXディレクトリ内のworkspaceディレクトリに保存する

※BmTOP_verXXディレクトリの「環境構築_最初に行うこと」参照

環境構築（パスを通す）

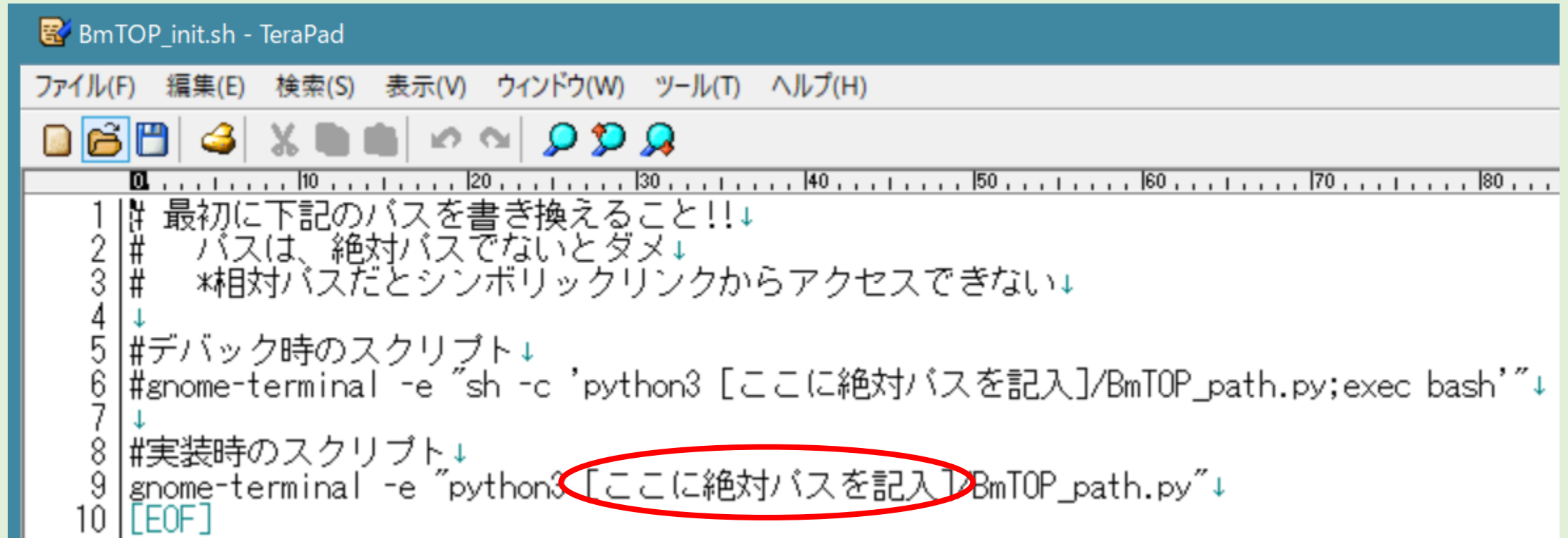
BmTOP_verXX内のprograms_KWMTBOMOディレクトリにある、「BmTOP_init.sh」をテキストエディタで開く



※BmTOP_verXXディレクトリの「環境構築_最初に行うこと」参照

環境構築（パスを通す）

下記の部分に、 programs_KWMTBOMOディレクトリまでの**絶対パス**を記入する
(例: C:\Users\mizuki\Documents\demo\BmTOP_ver1.0\programs_KWMTBOMO)



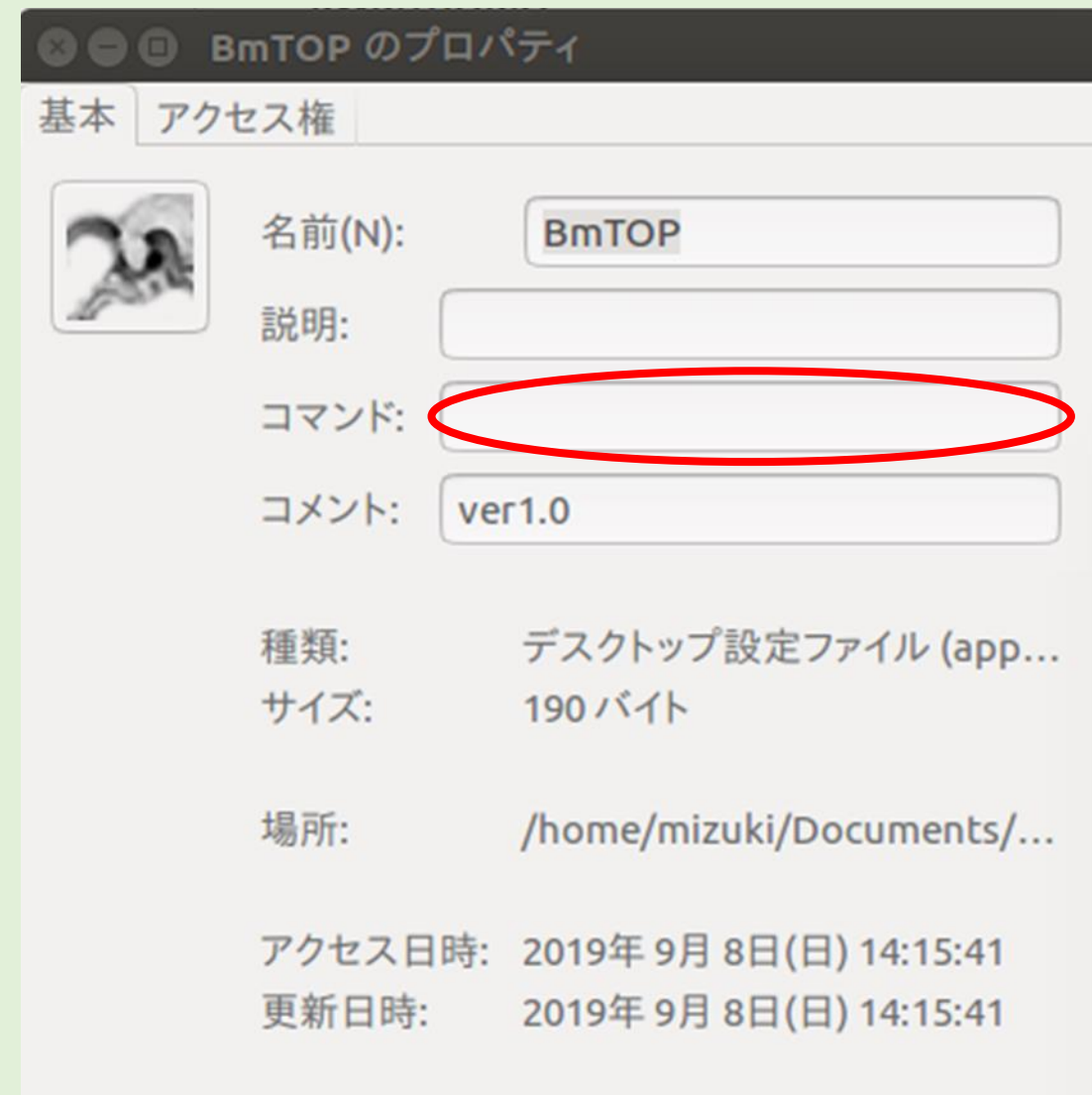
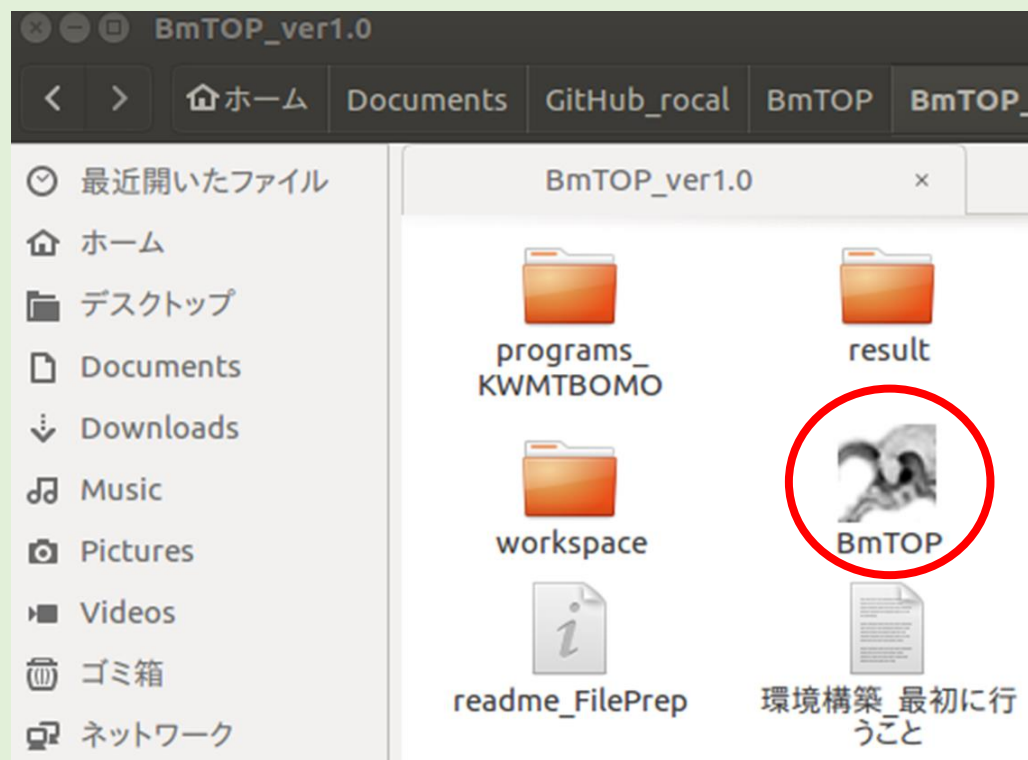
```
BmTOP_init.sh - TeraPad
ファイル(F) 編集(E) 検索(S) 表示(V) ウィンドウ(W) ツール(T) ヘルプ(H)
[Icons]
1 最初に下記のパスを書き換えること!!↓
2 # パスは、絶対パスでないとダメ↓
3 # *相対パスだとシンボリックリンクからアクセスできない↓
4 ↓
5 #デバック時のスクリプト↓
6 #gnome-terminal -e "sh -c 'python3 [ここに絶対パスを記入]/BmTOP_path.py;exec bash'"↓
7 ↓
8 #実装時のスクリプト↓
9 gnome-terminal -e "python3 [ここに絶対パスを記入]BmTOP_path.py"↓
10 [EOF]
```

※BmTOP_verXXディレクトリの「環境構築_最初に行うこと」参照

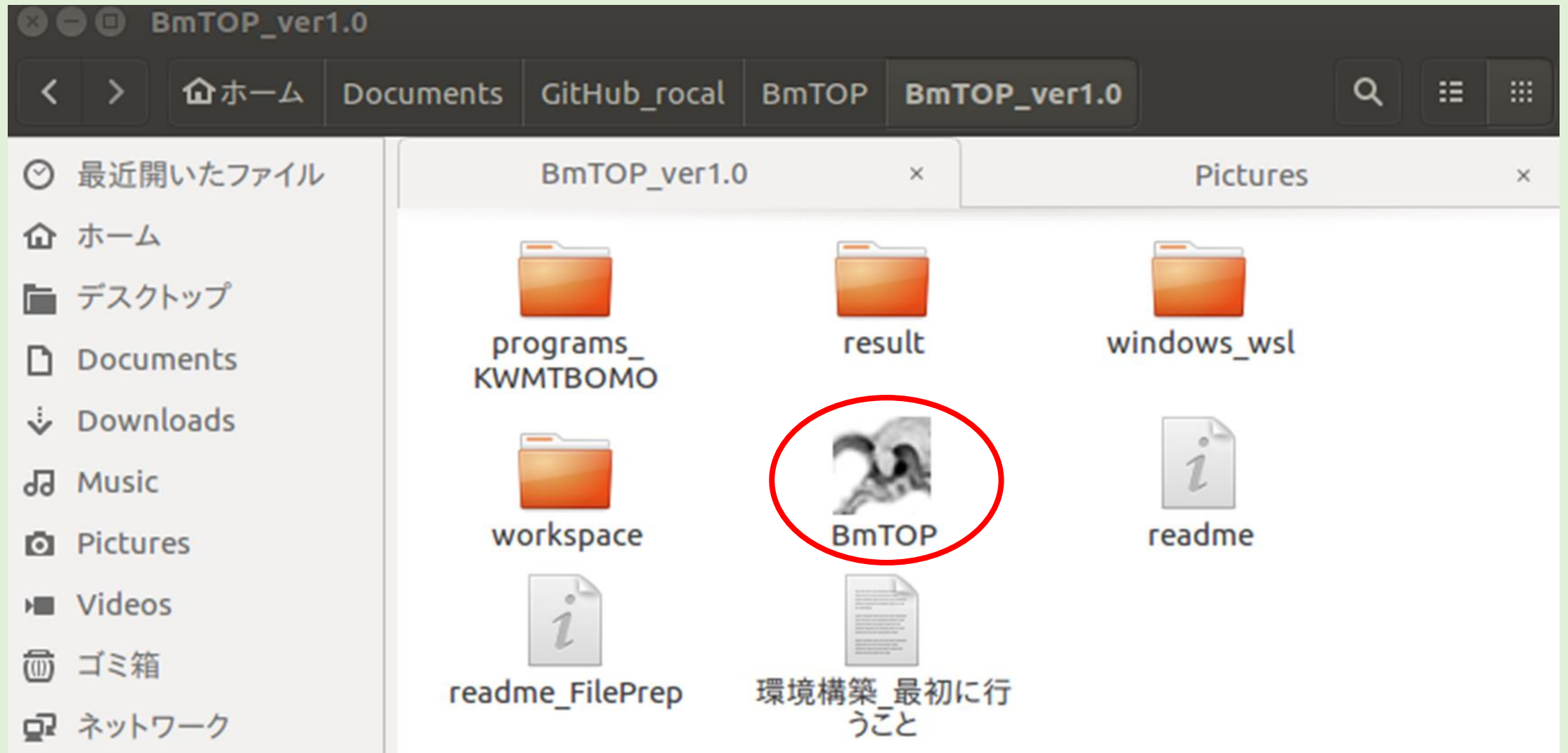
仕上げ

Ubuntuの場合 (18.04LTS)

※BmTOP_verXXディレクトリの「環境構築_最初に行うこと」参照



シンボリックリンクを右クリックしてプロパティを表示
BmTOP_init.shの絶対パスをコマンドに記入



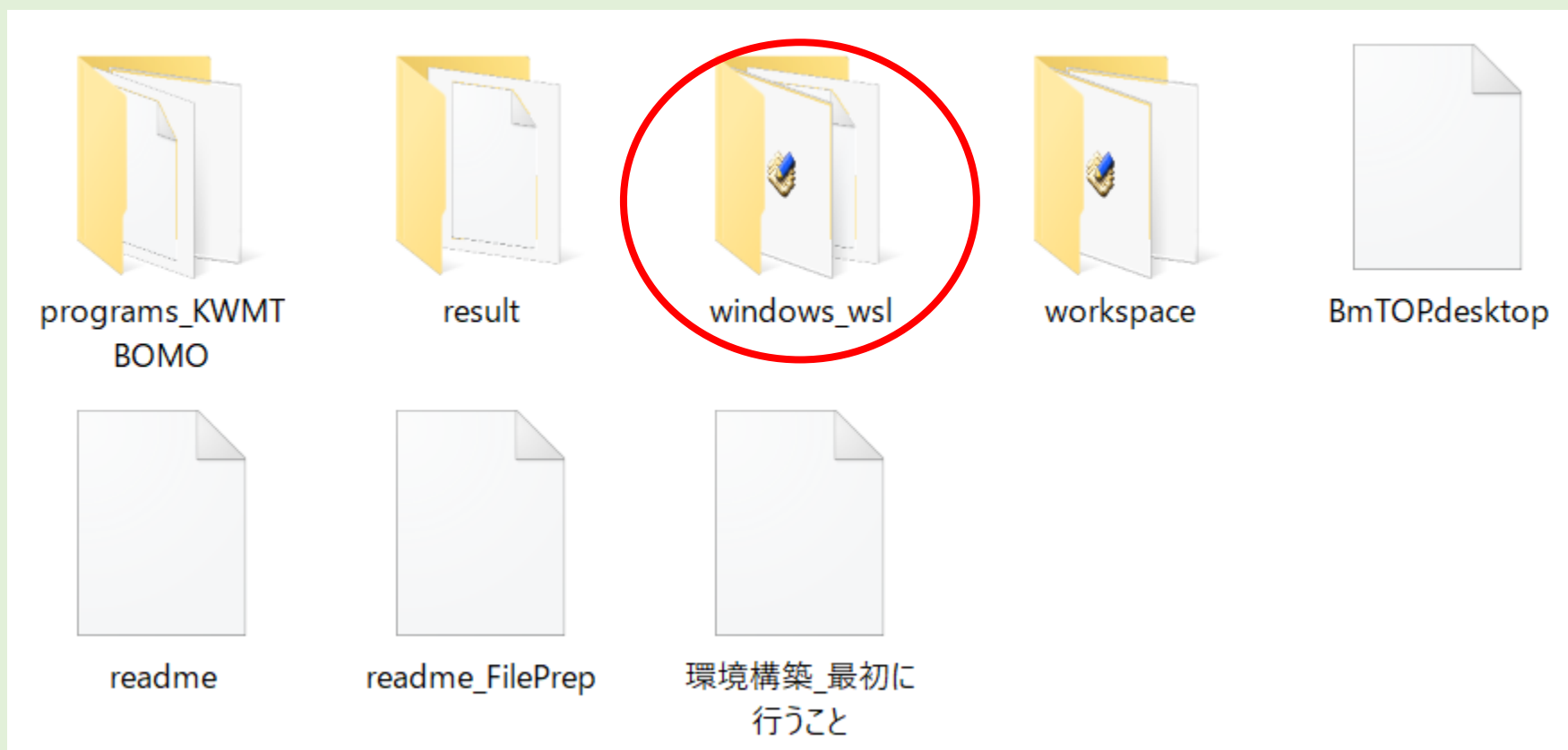
シンボリックリンクをダブルクリックして、動けばOK

仕上げ





Windowsの場合 (Windows10)

正確には、windowsに実装されているWindows Subsystem for Linux(WSL)環境で実行する場合

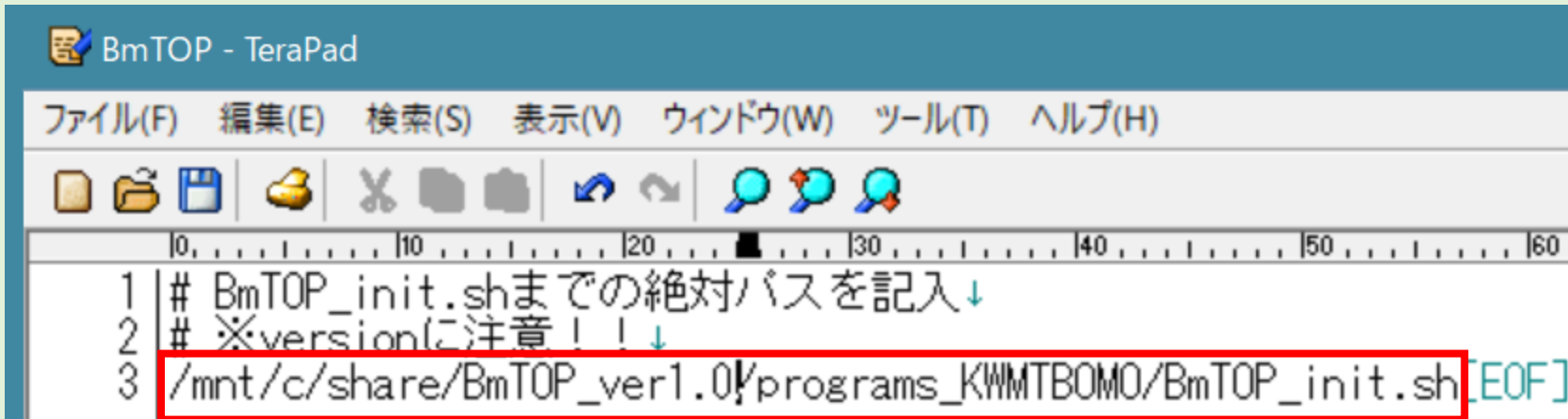
※BmTOP_verXXディレクトリの「環境構築_最初に行うこと」参照



Windows_wslを開く

| | | |
|--|------------------|----------|
|  BmTOP | 2019/09/07 22:21 | ファイル |
|  BmTOP_default.txt | 2019/09/07 22:21 | TXT ファイル |
|  BmTOP_icon.ico | 2019/09/07 22:21 | アイコン |
|  readme_win_wsl.txt | 2019/09/07 22:21 | TXT ファイル |

BmTOPファイル(windows_wslディレクトリ)に、
BmTOP_init.shまでの絶対パスを記入



```
BmTOP - TeraPad
ファイル(F) 編集(E) 検索(S) 表示(V) ウィンドウ(W) ツール(T) ヘルプ(H)
|0. |10. |20. |30. |40. |50. |60.
1 | # BmTOP_init.shまでの絶対パスを記入↓
2 | # ※versionに注意！！↓
3 | /mnt/c/share/BmTOP_ver1.0\programs_KWMTBOMO/BmTOP_init.sh[EOF]
```

↑ここに絶対パスを記入

BmTOP_ver***/windows_wslをカレントディレクトリにして、
端末で下記コマンドを実行する

1. `sudo rm -f /usr/local/bin/BmTOP`
2. `sudo cp -f ./BmTOP/usr/local/bin`

※/usr/local/binは、パスのつながっているところならどこでもよい



「BmTOPのつかいかた.pdf」に従って、BmTOPが起動したら成功
※readme_win_wsl.txt参照

※端末はコマンドプロンプトではなく、WSLで立ち上げたUbuntuなどを用いる