

遺伝統計学・夏の学校 開催概要

○:開催概要

- ・夏の短期セミナーとして、「遺伝統計学・夏の学校」を開催します。ゲノム研究に馴染みのない初心者の方を対象に、遺伝統計学の初歩的な講義から、統計解析やプログラミング入門、ゲノム・オミクスデータ解析の演習を実施します。

○:開催日時

- ・令和5年8月25日(金)～8月27日(日)
- ・実施時間帯:9:00～16:30

○:開催形式

- ・オンライン形式での Web 開催

○:対象

- ・大学学部生以上(保護者の同意が得られれば高校生も参加可能)

○:参加費

- ・無料

○:実施内容形式

- ・講義およびゲノム・オミクスデータ解析演習になります。
- ・原則として三日間通じての参加をお願いしておりますが、何らかの事情で参加が難しくなった場合は、ご欠席される日の講義内容について、事前配布資料での学習をお願いいたします。
- ・演習に使用するパソコンは、参加者各自で用意して頂く必要があります。
- ・使用する解析用データ一式は、夏の学校で用意し、設定資料と共に事前配布します。
- ・講義・演習内容は、2022年の夏の学校と類似の内容になります。
- ・遺伝統計学・夏の学校の講義演習内容は書籍化されており、1～2日目の講義内容は類似の内容となります(ゼロから実践する遺伝統計学セミナー、岡田随象著、羊土社)。

○:主催

- ・大阪大学大学院医学系研究科 遺伝統計学

○:共催

- ・東京大学大学院医学系研究科 遺伝情報学

・理化学研究所生命医科学研究センター システム遺伝学チーム

○:後援

- ・大阪大学大学院医学系研究科 バイオインフォマティクス・イニシアティブ
- ・合原ムーンショットプロジェクト
- ・日本医療研究開発機構(AMED) ゲノム医療実現推進プラットフォーム事業

遺伝統計学 ONLINE

参加費：無料

夏の学校

夏休みの思い出に、ゲノムの世界に触れてみませんか？

日時：令和5年8月25日（金）～8月27日（日）

(原則として三日間通じて参加をお願いしています。ご都合に応じて一部日程での参加も受け付けておりますので、事務局までお問合せ下さい)

場所：オンライン形式でのWeb開催

(複数研究施設による共同開催の都合、オンライン形式での開催になります)

対象：大学学部生以上

(大学院生・社会人の方も歓迎です。保護者の了解が得られれば高校生も歓迎です)

形式：講義、ゲノム・オミクスデータ解析演習

(演習に使用するパソコンは、参加者各自で用意して頂く必要があります)
(使用する解析用データ一式は、夏の学校で用意し、設定資料と共に事前配布します)

定員：100名 (応募者多数の場合、所属や学年を考慮して調整させて頂く事があります)

日程表

時間帯	一日目 (8/25)	二日目 (8/26)	三日目 (8/27)
午前 (9:00~12:00)	遺伝学入門 統計学入門	統計ソフトR入門	ゲノム・オミクス データ解析演習 ④～⑦
午後 (13:00~16:30)	Linux入門 プログラミング 入門	ゲノム・オミクス データ解析演習 ①～③	

(実際の講義演習内容は、変更となる場合があります)

URL : http://www.sg.med.osaka-u.ac.jp/school_2023.html

申込み : office@sg.med.osaka-u.ac.jp (担当：岡田 随象)

主催：大阪大学大学院医学系研究科遺伝統計学

共催：東京大学大学院医学系研究科遺伝情報学、理化学研究所生命医科学研究センターシステム遺伝学チーム

後援：大阪大学バイオインフォマティクス・イニシアティブ、合原ムーンショットプロジェクト

遺伝統計学・夏の学校 2023 解析環境設定手順書

大阪大学大学院医学系研究科 遺伝統計学

○: 演習を行う PC の種類

- ・夏の学校では、**Windows10/11 PC** の使用を基準に解析環境を設定しています。
- ・mac OS でも同等の演習を実施可能ですが、ご自身の環境に置き換えて頂く必要があります。**mac OS** の方は「**Mac 用バイナリ(ソフト)の準備と解凍**」を参考にしてください。

○: 演習データのダウンロード

- ・当教室の web サイトより、演習データファイル一式 をダウンロード してください。

http://www.sg.med.osaka-u.ac.jp/school_2023.html

○: 演習データの配置

- ・ダウンロードした zip ファイルは、「**SummerSchool_2023.zip**」という名前になります。
- ・zip ファイル一式を解凍すると、下記のフォルダが中に含まれています。

Genetics

Linux

Programming

Webtool

Rsoftware

GenomeDataAnalysis1

GenomeDataAnalysis2

GenomeDataAnalysis3

GenomeDataAnalysis4

GenomeDataAnalysis5

GenomeDataAnalysis6

GenomeDataAnalysis7

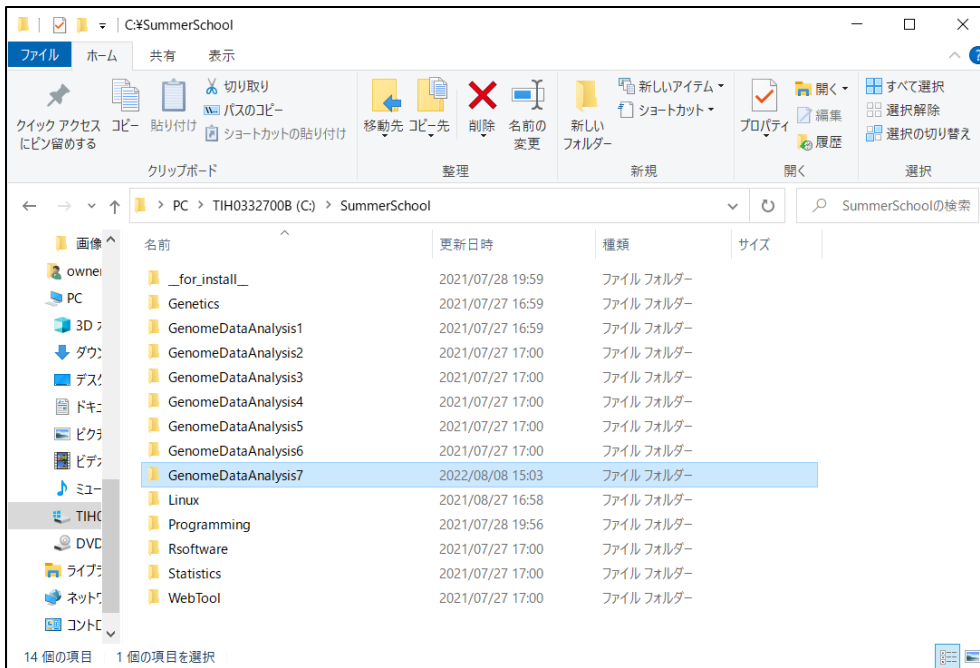
__for_install__

- ・下記の配置先フォルダを作成した上で、上記フォルダ群をその中に配置して下さい。

C:¥SummerSchool

- ・配置先フォルダについては、他の場所でも構いませんが、データ演習実施環境を、適宜変更して頂く必要が生じます。
- ・本講義用に用意したコマンドは、このフォルダ構成をもとに記述されている点に留意ください。

・フォルダ配置完成後の画面は、下記ようになります。



○:ファイルの拡張子の表示設定

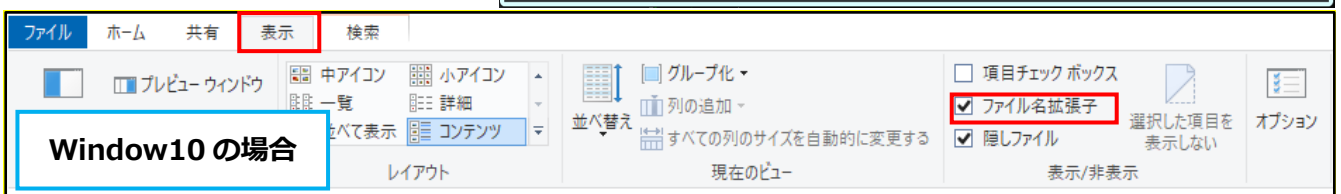
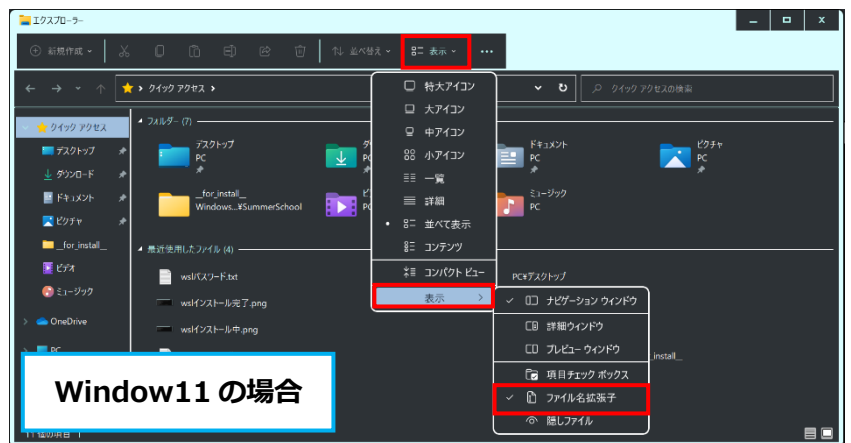
・拡張子とは、ファイルの種類を識別するためにファイル名の末尾に付けられる文字列で、例えば下記ファイル名の青字部分が相当します。

- XXX.txt
- XXX.log
- XXX.exe

・本演習では、多彩な種類の拡張子が付与されたファイル(主にテキストファイル)を扱います。

・Windows の初期設定では拡張子が表示されませんが、ファイルの拡張子を識別可能にするため、拡張子が表示されるようにします。

・フォルダの Explorer 画面から、「表示」タブを選択し、「ファイル名拡張子」にチェックを入れてください。Windows11 (右画像)とWindows10(下画像)で外観はやや違いますので注意してください。



○:インストールが必要なソフトウェア

・演習の実施に際して、下記ソフトウェアのインストールが必要になります。

テキストエディタ

R(Windows 用)

WSL2 とその環境構築(Java、Linux 用 R、csh、Anaconda)

※2020 年度までの夏の学校では、Windows 上の linux 環境として Cygwin を使用していました。2021 年度から、Windows 10 以降に実装されている WSL2 を使用しています。

※Cygwin の環境設定方法も参考資料として載せますので、32bit 版の Windows10 や Windows 8 以前の Windows を使用の方、WSL2 をインストールできなかった方はそちらをご参照ください。

※演習内容の一部は WSL2 環境のみで実行可能となり、Cygwin 環境では実行できません。

※mac を使用されている方は、mac に備え付けの Linux(unix)環境を使用してください。

補足

・下記ソフトウェアについては、インストールは不要です。

AWK:WSL2 および Cygwin インストール時にあわせてインストールされます。

Python:WSL2 および Cygwin インストール時にあわせてインストールされます。

PLINK、SNP2HLA、selscan、PRSice、LDSC:演習データ一式に実行ファイルが予め含まれています。

○:テキストエディタのインストール

・本演習には、多彩な種類のテキストファイルを開く作業が含まれます。

・Windows にデフォルトでインストールされているテキストエディタだと動作が安定しないため、追加でのインストールを推奨します。

・代表的なテキストエディタを下記に挙げます。インストール方法は、各ソフトウェアの web サイトを参考にしてください。

秀丸エディタ

<https://hide.maruo.co.jp/software/hidemaru.html>

※シェアウェアのため、ライセンス購入が必要になります(4,400 円)。

TeraPad

<https://tera-net.com/>

※フリーウェアのため、無料です。

Notepad++

<https://notepad-plus-plus.org/downloads/>

※フリーウェアのため、無料です。

○:Windows 版 R のインストール

- ・統計ソフトウェア R の Windows へのインストールが必要になります。
- ・本演習の実施内容は、バージョン 3 以降でしたら概ね実行可能になります。古いバージョンをインストールされている方は、最新バージョンの再インストールを推奨します。
- ・下記 Web サイトから、使用環境 (Windows, mac) にあわせたバージョンをダウンロードし、インストール作業を実施します。

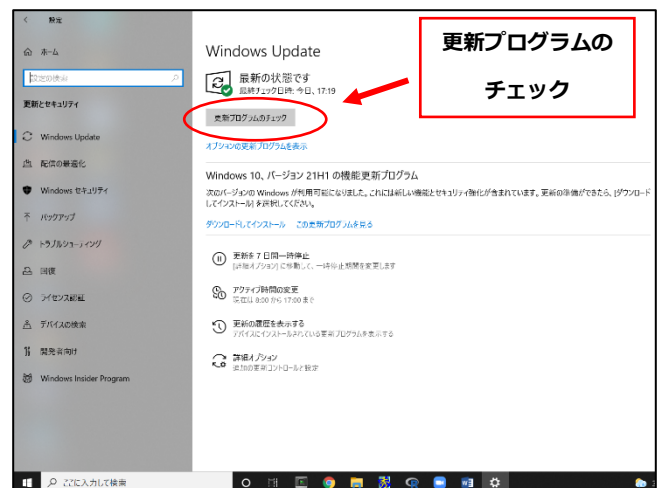
<https://cran.r-project.org/>

○: WSL2 のインストール (Windows 10/11 ユーザー)

- WSL2 は、Windows PC 上で仮想の Linux 環境を立ち上げるシステムです。Windows Subsystem for Linux 2 の略で、マイクロソフト純正の仮想 Linux 環境です。
- 配布資料の「SummerSchool¥__for_install__」にある「1_WSL2installation.txt」ファイルに主要なインストール用コマンドを記載していますので、それらをコピーして使用してください。
- Windows 用の設定です。mac は対象外になります。mac の場合は、コマンド入力可能な「ターミナル」が最初から入っており、そちらで同様の操作が可能です。(mac は Unix 系統の OS であるため特別な設定をせずに Linux のようにコマンドを実行できます。)
- Windows の PC でも、Windows 8 以前の OS では WSL2 をインストールすることができません。また Windows 10 でも 32bit 版では WSL2 に対応していないため、後述の Cygwin をインストールして使用してください。WSL2 の導入がうまくいかない場合も Cygwin を使用してください。

インストール手順 1: Windows の更新

- WSL2 のインストールには Windows 10 のバージョンが 2004、ビルドが 19041 以上であることが最低限必要です。そのため、事前の Windows の最新アップデートが必要になります。Windows 11 を使用している場合も、Windows を最新版に Update してください。
- PC の状況にも依りますが、Windows の最新アップデートに数日かかる場合もあります。夏の学校の開始日に間に合うよう、余裕を持って予めのアップデート作業をお勧めします。
- スタートメニューの検索バーに「winver」と入力すれば Windows のバージョン情報を確認するコマンドを選択することができます。
- Update はスタートメニューの検索バーに「windows update」と入力すると、「Windows Update の設定」が表示されるのでそこから行うことができます。右図のように「更新プログラムのチェック」を行った上で更新を行います。
- 場合によっては一度のアップデートでは最新版にならないときがあります。その場合は同様の操作で複数回 Update する必要があります。上記の「更新プログラムのチェック」は何度か行ってください。(「最新の状態です」と表示されていてもまだ最新の状態でない場合があります)
- Windows 10 を使用されている方は、この過程で Windows 11 へのアップグレードを勧められることがありますが、これは無視して構いません。



インストール手順 2: WSL2 のインストールと有効化

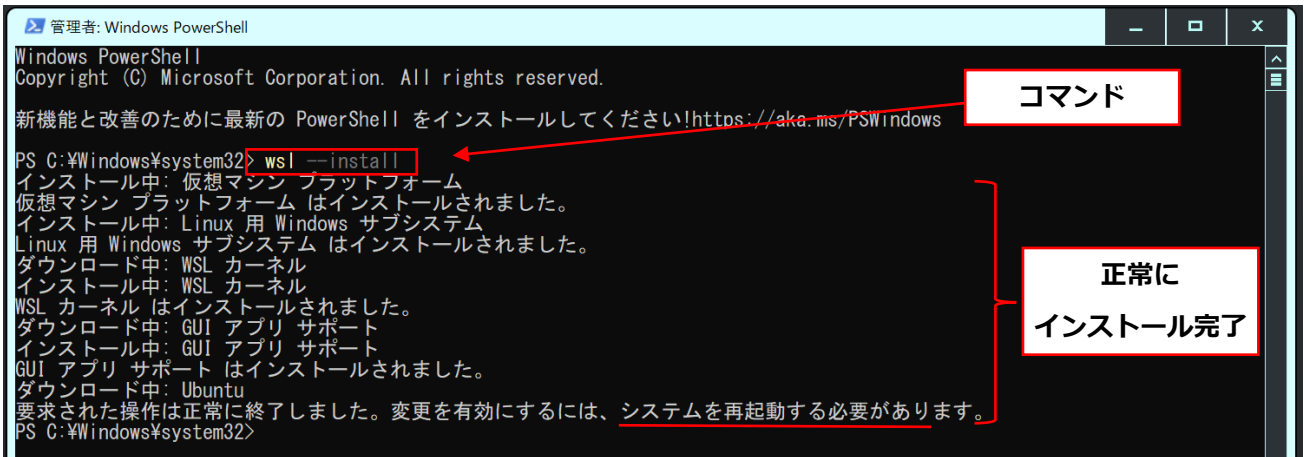
- ここでは Windows をコマンドラインで操作する PowerShell というソフトを使用します (以前のコマンドプロンプトに相当します)。Windows の検索バーに「powershell」と打ち込むとアプリに「Windows PowerShell」と出てくるので起動します。起動するときは、右クリックメニューを開いて「管理者として実行」を使って起動してください。

- ・下画像のような画面が出てくるとと思います。以下のコマンドを半角で打ち込んでください。

`wsl --install`

インストールが完了したメッセージが表示されます。ここで必ず Windows を再起動してください。
再起動後は自動的に WSL2 が起動するので次項の「Linux (WSL2) の設定」に進んでください。

- ・下画像はうまく Install が完了した状態です。インストールには数分から数十分かかります。(下画像は Window11 の PowerSell で、Windows10 と色が違いますが手順は同じです。)



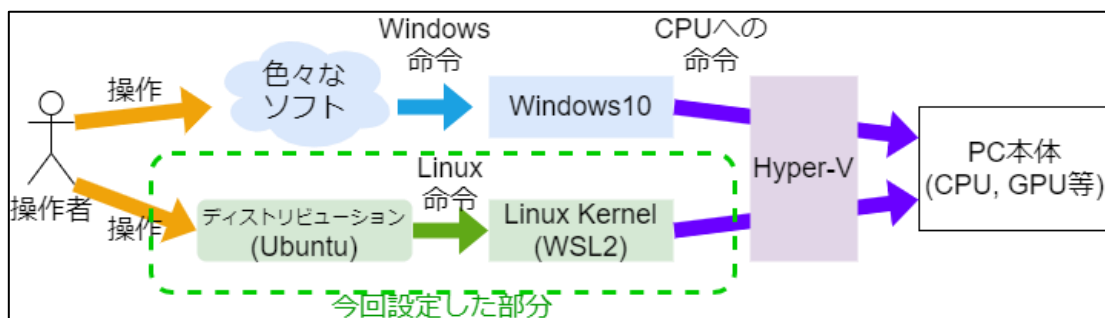
上記手順がうまくいかない場合

- ・PC の出荷時の初期設定の都合上、WSL2 をインストールできない事例があるようです。以下の URL に解決法が記載されていますが、BIOS (PC の基幹的な設定) の変更など、やや難易度の高い解決法となっています。BIOS 設定変更の経験が無い方は、WSL2 ではなく Cygwin の使用をお勧めします。

<https://qiita.com/matarillo/items/98d7452967987fe5d633>

WSL2 インストール作業の補足

- ・WSL2 の設定が完了しました。概要を下の図に示します。通常の Windows 使用は図上段のように操作しています。Windows10/11 では Hyper-V という仮想マシンが実装され、複数の OS (今回は Windows と Linux) を同時に起動可能となりました。



○: Linux (WSL2) の設定

- ・前項の再起動後、下画像のようなウィンドウ (以後 Ubuntu と呼びます) が自動的に立ち上がります。ここから WSL2 (Ubuntu) の初期設定を行います。

- ・スタートメニューを開くと、「Ubuntu」というアプリケーション(ディストリビューション)がインストールされています。右画像のようなアイコンを探して、クリックするとLinux(Ubuntu)が起動します。UbuntuはLinuxを操作するためのソフトだと考えてもらおうとわかりやすいです。初回は上記のように自動的に起動しますが、2回目以降はこのアイコンを選択して起動します。また、前項がうまくいったのにUbuntuの起動に失敗することがあります。その場合は一度Ubuntuのウィンドウを消してこのアイコンをクリックしてください。



- ・画面に「Enter new UNIX username:」と出たら、半角英数字で任意のユーザー名を設定してください。(下画像参照)
- ・次に「Enter new Unix password:」と出るので、任意のパスワードを半角英数字で入力してください。セキュリティの都合上、入力したパスワードは画面に表示されませんが、ちゃんと入力されています。最終的に下の画像のようになっていれば起動成功です。

```

yokada@owner: ~
Installing, this may take a few minutes...
Please create a default UNIX user account. The username does not need to match your Windows username.
For more information visit: https://aka.ms/wslusers
Enter new UNIX username: yokada
Enter new UNIX password:
Retype new UNIX password:
passwd: password updated successfully
Installation successful!
To run a command as administrator (user "root"), use "sudo <command>".
See "man sudo_root" for details.

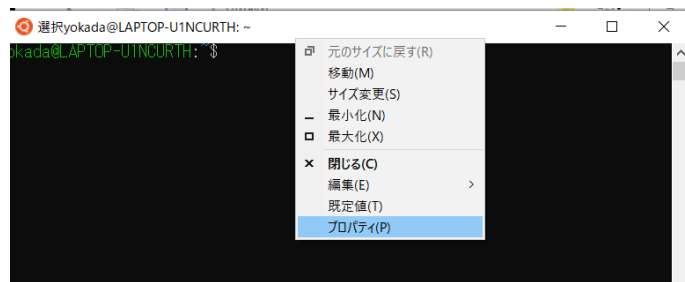
yokada@owner: ~$
    
```

ユーザー名の入力

任意のパスワードの入力 (2回)

正常に起動

- ・Ubuntuの設定を行います。演習では、用意されたスクリプトをコピーペーストして入力する場面が多くあります。インストール直後の初期設定では「Ctrl + V」ショートカットでのテキストのペーストが出来ません。



- ・右図のようにUbuntuのウィンドウ上(タイトルバー)で右クリックをするとメニューが開きます。その「プロパティ」を選択すると設定できます。
- ・「オプション」タブの「編集オプション」にある「Ctrl + Shift + C/V をコピー/貼り付けとして使用する(C)」のチェックボックスを有効にしましょう。これで「Ctrl + Shift + V」でテキストをコピーできるようになりました。その他にも字の大きさやフォントの設定ができます。

○: WSL2 へのソフトウェアのインストール

- ・すでに Anaconda や Docker 等を使用して WSL2 上に仮想環境を構築している方は、それを利用して下さい。一部の演習では Anaconda を使用します。設定ファイル(yml ファイル)から Anaconda で環境を作成するか、Docker で同様の環境を構築してください。
- ・演習に必要なソフトウェアを WSL2(Ubuntu)にインストールします。インストール時に必要な入力コマンドは、配布資料「SummerSchool¥__for_install_」にある「[2_WSL2software.txt](#)」というファイルに記載されています。コピーして使用してください。

インストール手順 1: リポジトリの説明とリポジトリリストの更新

- Linux 上では、インターネット接続環境下であればコマンド入力によりソフトウェアをインストール可能です。これは「リポジトリ」というソフトウェア配布場所がオンライン上にあり、コマンド入力でリポジトリ上のソフトを探索・インストールできるからです。
- リポジトリはオンライン上で日々更新されており、リポジトリ登録ソフトのリストを最新のものに更新する必要があります。リポジトリのリストの取得には以下のコマンドを入力します。

`sudo apt update`

(ここでエラーメッセージが出る人はネットワーク設定に不具合が生じている可能性があります。「ネットワークに接続できない場合」を参照してください。)

- sudo** コマンドは、Windows における「管理者権限で実行」とほぼ同様の意味です。このコマンド入力後は、先ほど設定した Linux のパスワードを要求されます。
- リポジトリが更新され、オンライン上のリポジトリに存在するソフトはコマンドでインストール可能になりました。リポジトリのリストは「/etc/apt/sources.list」に格納されています。

インストール手順 2: Linux 用の R を Linux 上にインストール

- Windows 環境とは独立に、Linux 環境にも R をインストールします。以下のコマンドを打ち込んでください。

`sudo apt install r-base`

- 「Do you want to continue? [Y/n]」と問われますので、「Y」を入力してインストールを続けます。今後もインストールのたびにこの操作を行います。
- しばらくしたらコマンドを入力できる画面に戻るので、そこで「R」と入力してみましょう。右図のようになっていれば R が正常に起動しています。
- 「q()」と入力して R を終了します。ワークスペースを保存するか聞かれるので「n」と入力して保存しないで終了します。

```
yokada@LAPTOP-U1NCURTH: ~
yokada@LAPTOP-U1NCURTH:~$ R
R version 3.4.4 (2018-03-15) -- "Someone to Lean On"
Copyright (C) 2018 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.

R is a collaborative project with many contributors.
Type 'contributors()' for more information and
'citation()' on how to cite R or R packages in publications.

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.

>
```

インストール手順 3: JAVA をインストール

- 以下のコマンドで JAVA をインストールします。

`sudo apt install default-jre`

`sudo apt install default-jdk`

- これで Java の JDK (Java develop kit) と JRE (Java の Runtime) をインストールしました。

インストール手順 4: csh をインストール

- Ubuntu ではコマンドを実行する時、自動的に「**bash**」というソフトウェアで実行しています。演習の一部で「**csh**」というソフトウェアでコマンドを実行するのでインストールします。コマンドは以下の

通りです。

```
sudo apt install csh
```

インストール手順 5: リポジトリとインストールしたソフトウェアの更新

```
sudo apt update
```

```
sudo apt upgrade
```

- ・以上の二つのコマンドを実行します。これはインストールしたパッケージを最新版にするコマンドです。新しいソフトをインストールするたびにこれらのコマンドを実行することが推奨されます。

インストール手順 6: R のパッケージをインストール

- ・先ほどインストールした R にパッケージを追加します。R にも独自のリポジトリがあり、コマンド入力でパッケージをインストールすることができます。

```
sudo R
```

と打ち込み、Linux の管理者権限がある状態で R を起動します。R のコマンドで、**install.packages("パッケージ名")**を実行すれば、指定したパッケージがダウンロードされます。今回必要なパッケージは **"ggplot2"**、**"data.table"**、**"optparse"**、**"RColorBrewer"**、**"corrplot"**の 5 パッケージです。

```
install.packages("ggplot2")
```

```
install.packages("data.table")
```

```
install.packages("optparse")
```

```
install.packages("RColorBrewer ")
```

```
install.packages("corrplot")
```

のように一つずつ入力していき、パッケージをインストールします。これらのパッケージは R 内で「**library("ggplot2")**」のように呼び出して使用します。インストールが終わったら「q()」で R を閉じます。今回もワークスペースを保存する必要はありません。

インストール手順 7: Anaconda のインストールと仮想環境の構築

- ・Python や R における実行環境(バージョン、パッケージ等)を第三者と簡単に共有する方法に、「仮想環境の構築」という手段があります。一部の演習で Python、R の設定が複雑になるため、仮想環境構築ソフトの Anaconda を用いて解析環境を設定します。
- ・配布資料「SummerSchool¥__for_install_」にある「**3_AnacondaInstallation.txt**」コマンドを入力することでインストールが可能です。配布資料が C ドライブ直下に配置されていることが前提になります。以下のコマンドを実行します。

```
bash /mnt/c/SummerSchool/__for_install__/Anaconda3-2022.05-Linux-x86_64.sh
```

・Anaconda のインストールが始まります。説明文が表示されるので、「Enter」を押し続けます。右図画面になったら”yes”を入力します。

```
yokada@LAPTOP-U1NCURTH: /mnt/c/SummerSchool
>>>
Please answer 'yes' or 'no':
>>>
Please answer 'yes' or 'no':
>>>
Please answer 'yes' or 'no':
>>>
Please answer 'yes' or 'no':
>>>
```

・anaconda3 をインストールするディレクトリの場所が「/home/{ユーザー名}/anaconda3」で良いかを聞かれますので Enter を押します。この時、次の表示が出るまで一切キーボード操作を行わないてください。数分かかります。しばらくすると yes/no の入力を求められず。”yes”を入力します。これで Anaconda3 のインストールが終了です。

exit

と入力して Ubuntu を閉じ、もう一度 Ubuntu を立ち上げてください。そうすると右図のようにユーザー名の横に(base)の文字が出現していれば Anaconda のインストールが完了です。万が一(base)が表示されなかったら、以下のコマンドを入力してもう一度 Ubuntu を閉じてから開いてください。(\$も入力する必要があります。)

```
yokada@LAPTOP-U1NCURTH: ~
(base) yokada@LAPTOP-U1NCURTH: ~$
```

Anaconda の base 環境が起動

\$HOME/anaconda3/bin/conda init

・Anaconda 上に演習で使用するソフトウェアがインストールされた環境を構築します。本演習では、環境構築に必要なファイルを予め2つ用意しています。以下のコマンドをひとつずつ入力します。

conda env create -f /mnt/c/SummerSchool/ __for_install__ /ldsc_setting.yml

conda env create -f /mnt/c/SummerSchool/ __for_install__ /seurat_setting.yml

この行程は環境によっては一時間以上かかることがあります。

・以下のコマンドを入力して「ldsc_env」という環境を起動しましょう。

conda activate ldsc_env

右図のように、ユーザー名の左側に構築した環境名が表示されれば、環境の構築が正常に完了しています。次のコマンドで一度この環境から抜けて base 環境に戻しましょう。

```
yokada@LAPTOP-U1NCURTH: ~
(ldsc_env) yokada@LAPTOP-U1NCURTH: ~$
```

Anaconda の ldsc_env 環境

conda deactivate

次にもう一つの環境である「seurat_env」も起動してみましょう。

conda activate seurat_env

ユーザー名の横に「(seurat_env)」が表示されれば環境は正しく構築されています。

最後にこの環境を終了し、Anaconda も終了しましょう。

conda deactivate

このコマンドを 2回入力してください。すると(base)の文字が消え Anaconda を終了できます。

・これで、WSL2 を用いた Linux 環境の導入、演習に必要なソフトウェアのインストール作業は終了です。ウィンドウを閉じるか、「exit」コマンドで WSL2(Ubuntu)を終了しましょう。

O: WSL2 上でインターネットに接続できない場合の対処方法(その 1)

- ・「`sudo apt install`」のコマンド実施時にエラーが発生する事例が報告されています。WSL2 側の DNS サーバー設定の不具合が原因で、以下エラーメッセージが表示されることがあるようです。

*Err:1 http://archive.ubuntu.com/ubuntu bionic InRelease
Temporary failure resolving 'archive.ubuntu.com'*

- ・「`C:\$SummerSchool\$__for_install__`」にある「[4_network_problem_win10.txt](#)」または「[4_network_problem_win11.txt](#)」のコマンドを実施することで解決可能です。ファイル名からわかるように、それぞれ Windows10 と Windows11 での対処法になっています。自分の PC の OS に合わせて使用してください。

手順 1: WSL2 の"/etc/"フォルダに、wsl.conf を作成する(Window10/11 共通)

- ・WSL2(Ubuntu)で以下のコマンドを実行します。

sudo cp /mnt/c/SummerSchool/ __for_install__ /network_problem/wsl.conf /etc/

- ・wsl.conf という設定ファイルを/etc/という Ubuntu の設定が入っているディレクトリにコピーしました。コマンド実行後にウィンドウを閉じて WSL2 を終了しておきましょう。

手順 2: WSL2 を再起動する(Window10/11 共通)

- ・WSL2(Ubuntu)ではなく PowerShell を使用します。Windows の検索バーに PowerShell と入力してパワーシェルを起動します。以下のコマンドを実行して WSL2 を終了します。

wsl --shutdown

- ・次に WSL2 を再起動するコマンドを実行します。コマンドは以下の通りです。

wsl

- ・WSL2 の再起動を確認後、PowerShell を閉じます。

手順 3: resolv.conf を書き換える(※Windows10 と 11 でコマンドが違います！)

- ・WSL2 上で実施します
- ・元の resolv.conf の名前を変更して控えておきます。

Windows10 の場合

sudo mv /run/resolvconf/resolv.conf /run/resolvconf/resolv_original.conf

Windows11 の場合

sudo mv /mnt/wsl/resolv.conf /mnt/wsl/resolv_original.conf

- ・次に配布資料中に用意された resolv.conf をこのディレクトリに移動させます

Windows10 の場合

sudo cp /mnt/c/SummerSchool/ __for_install__ /network_problem/resolv.conf /run/resolvconf/

Windows11 の場合

sudo cp /mnt/c/SummerSchool/ __for_install__ /network_problem/resolv.conf /mnt/wsl/

- ・以上がネットワークに接続できない時の対処法になります。対処後、再び WSL2 へのソフトのインストールを進めてください。

○: WSL2 上でインターネットに接続できない場合の対処方法(その 2)

- ・所属されている機関や施設によってはプロキシを介してインターネットに接続している場合があります。その場合、WSL2 にソフトをインストールする際の apt コマンドや Anaconda で環境構築を行うときにエラーが出る時があります。
- ・この場合、apt や Anaconda それぞれにプロキシ設定をしなければなりません。vi エディタ、もしくは vim エディタなどの Linux 用テキストエディタを使用しなければならず、対処法も煩雑なので、プロキシ環境でないご自宅等での参加をお勧めします。
- ・プロキシ設定を行いたい場合は以下の Web ページが参考になります。

https://qiita.com/Gushi_maru/items/5ba23d997e32abc98620

<https://hirojinblog.work/anaconda-proxy/>

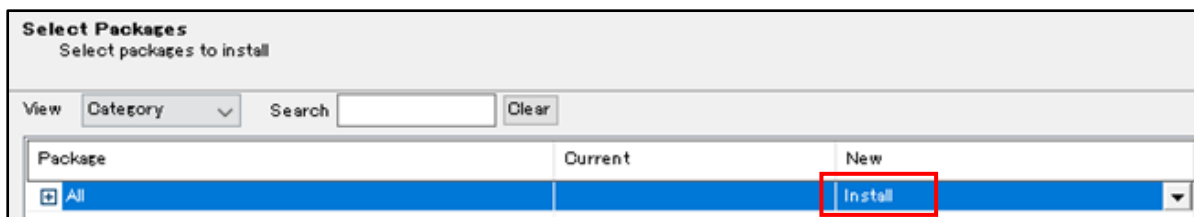
(参考資料:Windows 8 以前を使用されている方や、WSL2 のインストールに不具合が生じた場合に、Cygwin 環境設定を記載します。)

○:Cygwin のインストール

- ・Windows PC 上で Linux 疑似環境を提供するソフトウェアです。
- ・Cygwin は Windows 用のツールのため、mac はインストール対象外になります。mac の場合は、コマンド入力可能な「ターミナル」が最初から入っており、そちらで同様の操作が可能です。
- ・演習の一部で扱う解析ツール(例:LDSC)については、Cygwin 上での実施環境の構築に対応していません。
- ・下記 Web サイトから実行ファイル「[setup-x86_64.exe](#)」をダウンロードし、インストール作業を実施します。

<https://www.cygwin.com/>

- ・インストール作業過程における”[Choose A Download Site](#)”の項目では、日本国内のサイト (xx.jp) を選択すると、インストール作業が安定します。
- ・”[Select Package](#)”では”[View](#)”の項目で”[Category](#)”を選択して下さい。”[All](#)”の右の項目を”[Default](#)”から”[Install](#)”に変更して下さい。この作業により、Python や AWK 等についてもインストールされるようになります。選択しない場合、これらのパッケージを改めて追加インストールする必要が生じます。



- ・インターネット接続環境にも依存しますが、”All-Install”オプションでのフルインストールには長時間(~1日)かかる場合があります。夏の学校の開催日程に先だって、余裕をもったのインストール作業をお願いします。
- ・Cygwin の全パッケージのインストール(”All-Install”オプション)には、約 70GB のデータのダウンロードとハードディスク容量を必要とします。インターネット回線が安定し、ハードディスク容量に余裕がある状況下での実施を推奨します。
- ・Cygwin 上で日本語の表示・出力を可能にする必要があります。下記の作業をお願いします。
 - ①:Cygwin を起動して右クリックで options を起動
 - ②:Text → Font → ゴシックを選択

○:Cygwin 上の R への ggplot2 パッケージのインストール

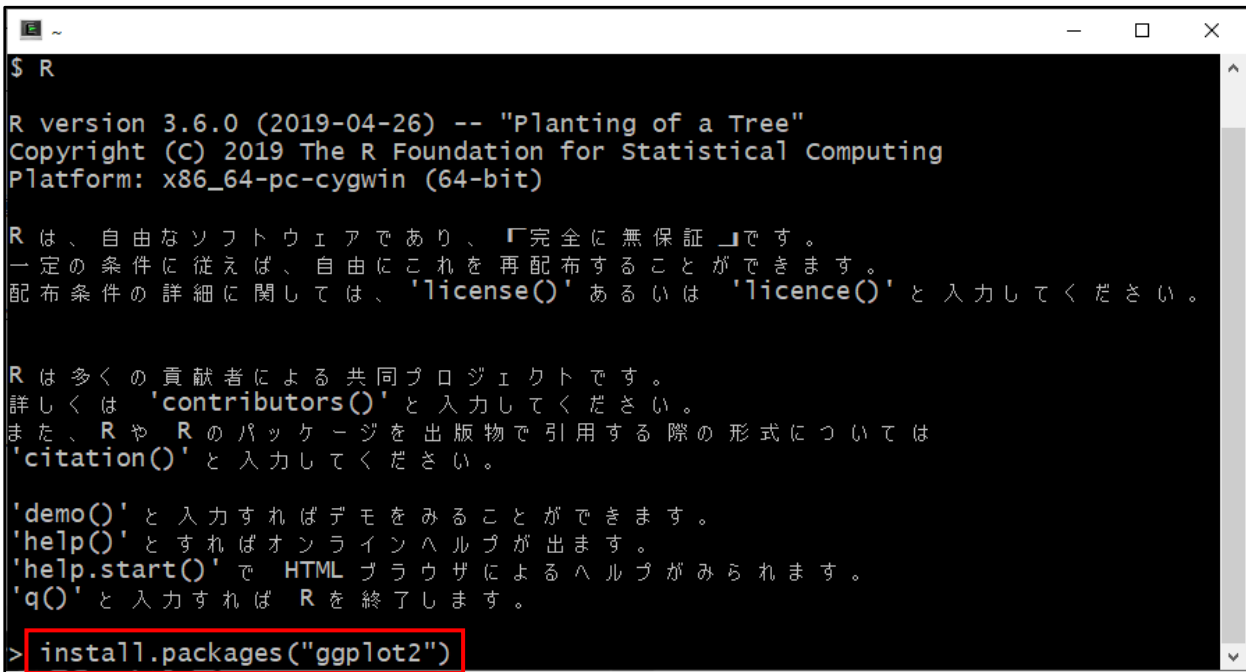
- ・「GenomeData 解析 5」の実施にあたっては、統計ソフトウェア R に「[ggplot2](#)」、「[data.table](#)」、「[optparse](#)」というパッケージを追加インストールする必要があります。
- ・「GenomeData 解析 5」は Cygwin 環境上で実施するため、Windows ではなく、Cygwin 環境上にインストールされた R に、[ggplot2](#) パッケージをインストールする必要があります。

- ・Cygwin 環境上への R のインストールは、Cygwin インストール時に”All-Install”オプションを選ぶことで自動的に実施されます。
 - ・Cygwin をインストール後、Cygwin を立ち上げ、下記手順を実施してください。
- ①: Cygwin コンソール上で「R」と入力し、R を起動する。



```
owner@DESKTOP-GM55PI2 ~
$ R
```

- ②: R 上で「`install.packages("ggplot2")`」と入力する。その後、自動的にインストール作業が始まります(ダウンロードサイトは、「38: Japan (Tokyo) [https]」を選ぶと安定します)。



```
$ R
R version 3.6.0 (2019-04-26) -- "Planting of a Tree"
Copyright (C) 2019 The R Foundation for Statistical Computing
Platform: x86_64-pc-cygwin (64-bit)

R は、自由なソフトウェアであり、「完全に無保証」です。
一定の条件に従えば、自由にこれを再配布することができます。
配布条件の詳細に関しては、'license()' あるいは 'licence()' と入力してください。

R は多くの貢献者による共同プロジェクトです。
詳しくは 'contributors()' と入力してください。
また、R や R のパッケージを出版物で引用する際の形式については
'citation()' と入力してください。

'demo()' と入力すればデモをみることができます。
'help()' とすればオンラインヘルプが出ます。
'help.start()' で HTML ブラウザによるヘルプがみられます。
'q()' と入力すれば R を終了します。

> install.packages("ggplot2")
```

- ③: 「ggplot2」のインストール作業が終了します。


```

* installing *source* package 'ggplot2' ...
** パッケージ 'ggplot2' の解凍および MD5 サムの検証に成功しました
** using staged installation
** R
** data
*** moving datasets to lazyload DB
** inst
** byte-compile and prepare package for lazy loading
** help
*** installing help indices
*** copying figures
** building package indices
** installing vignettes
** testing if installed package can be loaded from temporary location
** testing if installed package can be loaded from final location
** testing if installed package keeps a record of temporary installation path
* DONE (ggplot2)

ダウンロードされたパッケージは、以下にあります
  '/tmp/Rtmp8gO9TC/downloaded_packages'
> |

```

④: 同様の手順で、Cygwin の R コンソール上で「`install.packages("data.table")`」および「`install.packages("optparse")`」と入力することで、「data.table」および「optparse」のインストール作業を実施します。

○: Cygwin への Java 実行環境のインストール

- Java はプログラミング言語の一種で、Java で作られたソフトウェアを実行する時に必要になるのが、Java 実行環境 (Java Runtime Environment; JRE) です。
- 「GenomeData 解析 3」の実施にあたっては、Java 実行環境を Cygwin 上にインストールする必要があります。
- Java 実行環境は、下記 Web サイトからダウンロード可能です。
<https://java.com/ja/download/>
- 実行ファイル「`jre-8u261-windows-x64.exe`」をダウンロードしてクリックすると、インストールできます。
- Cygwin コンソール上で、「`java -version`」と入力して Java のバージョン情報が出力されれば、Java 実行環境がインストールされたことを意味します。

```

owner@DESKTOP-GM55PI2 ~
$ java -version
java version "1.8.0_261"
Java(TM) SE Runtime Environment (build 1.8.0_261-b12)
Java HotSpot(TM) 64-Bit Server VM (build 25.261-b12, mixed mode)

owner@DESKTOP-GM55PI2 ~
$ |

```

(参考資料:Mac の PC を使用している方向けに追加で必要な手順です)

○:Mac ユーザーの皆様へ

- ・本講義、およびこの手順書は Windows PC ユーザーを想定して作成されているため、Mac ユーザーの方にはある程度自力で、Mac 用の R およびそのパッケージ、Java、Anaconda をインストールしていただく必要があります。お手をかけますが、Mac で上記ソフトウェアをインストールする方法はインターネット上に多くの説明がありますので、そちらを参考にインストール作業を進めてください。

○:講義を行うフォルダについて

- ・本講義で使用するコマンドは Windows において、講義用のダウンロード資料を以下のフォルダに配置したことを想定しています。

C:¥SummerSchool

- ・Mac ユーザーはダウンロードした資料を任意のフォルダに置いてよいですが、**講義中のコマンドは自分が資料を置いたディレクトリを指定するように書き変えてください。**

○:Mac 用バイナリ(ソフト)の準備と解凍

- ・本講義では各解析で使用するソフトウェアが各解析のフォルダに同梱されています。その中には Linux 用のバイナリ(ソフトウェア)形式で用意されているものがあります。Mac の場合はこれらを Mac 用のソフトウェアに置き換える必要があります。具体的には以下のファイルになります。

{自分の決めたフォルダ}/SummerSchool/GenomeDataAnalysis1/1KG_EUR/plink

{自分の決めたフォルダ}/SummerSchool/GenomeDataAnalysis2/1KG_EUR/plink

{自分の決めたフォルダ}/SummerSchool/GenomeDataAnalysis3/SNP2HLA/plink

{自分の決めたフォルダ}/SummerSchool/GenomeDataAnalysis4/1KG_EUR/selscan

- ・上記で示したバイナリはすべて Linux 用のものであり、Mac では動きません。そのため、これらのバイナリと同じフォルダに Mac 用のバイナリを用意しています。(zip ファイル名やフォルダ名に"for_mac"が含まれているファイルやフォルダになります)
- ・用意した Mac 用バイナリを上記 4 つバイナリと置き換えてください。もとのバイナリは削除いたしても、名前を変更して保持していただいても構いません。
- ・M1/M2 CPU を搭載した Mac では、anaconda の実装の不具合が報告されています。CPU 命令セットアーキテクチャ(Instruction Set Architecture : ISA)の違いに基づき、x84_x64 系統と Arm 系統の CPU にはソフトウェアの互換性がないことが原因です。

○:Anaconda のインストール・設定について

- ・Mac 用の Anaconda3 を Anaconda のホームページからダウンロードした後、Anaconda のインストールをお願いします。

- ・Anaconda で使用する環境は yml ファイルとして配布しており、mac の Anaconda でも使用することができます。インストール手順を参考に Anaconda 上に仮想環境を構築してください。