

このマニュアルでは標準でインストールしているソフトウェアの入手元、インストール方法の概要、インストール場所についてご案内致します。

・ ABySS

<http://www.bcgsc.ca/platform/bioinfo/software/abyss/>
から
`abyss-1.3.4.tar.gz`
をダウンロードし、以下の手順でインストールしています。

```
tar xvzf abyss-1.3.4.tar.gz
cd abyss-1.3.4
./configure --prefix=/usr/local/abyss-1.3.4 --enable-mpich
--with-mpi=/usr/local/openmpi-1.4.3/bin/
make
su
make install
ln -s /usr/local/abyss-1.3.4 /usr/local/abyss
```

インストール先は/usr/local/abyssです。

・ ALLPATHS-LG

ftp://ftp.broadinstitute.org/pub/crd/ALLPATHS/Release-LG/latest_source_code/
から
`LATEST_VERSION.tar.gz`
をダウンロードし、以下の手順でインストールしています。

```
tar zxvf LATEST_VERSION.tar.gz
cd allpathslg-44495
./configure --prefix=/usr/local/ALLPATHS-LG-44495 CC=gcc44 CXX=g++44
make
su
make install
ln -s /usr/local/ALLPATHS-LG-44495 /usr/local/ALLPATHS-LG
```

インストール先は/usr/local/ALLPATHS-LGです。

・ AMOS

<http://sourceforge.net/projects/amos/files/amos-3.1.0-rc1.tar.gz/download>
から
`amos-3.1.0-rc1.tar.gz`
をダウンロードし、以下の手順でインストールしています。

```
tar xvzf amos-3.1.0-rc1.tar.gz
cd amos-3.1.0-rc1
./configure --prefix=/usr/local/amos-3.1.0 --with-qmake-qt4=/usr/lib64/qt4/bin/qmake
make
su
make install
ln -s /usr/local/amos-3.1.0 /usr/local/amos
```

インストール先は/usr/local/amosです。

・ BFAST

<http://sourceforge.net/projects/bfast/files/bfast/>
から

bfast-0.7.0a.tar.gz
をダウンロードし、以下の手順でインストールしています。

```
tar xvzf bfast-0.7.0a.tar.gz
cd bfast-0.7.0a
sh autogen.sh
./configure --prefix=/usr/local/bfast-0.7.0a
make
su
make install
ln -s /usr/local/bfast-0.7.0a /usr/local/bfast
```

インストール先は/usr/local/bfastです。

・ Bioconductor

まず、Bioconductorの追加パッケージが必要とするソフトウェアを以下の手順でインストールします。

```
-hdf5
wget http://www.hdfgroup.org/ftp/HDF5/prev-releases/hdf5-1.8.9/src/hdf5-1.8.9.tar.gz
tar zxvf hdf5-1.8.9.tar.gz
cd hdf5-1.8.9
./configure --prefix=/usr/local/hdf5-1.8.9
make
su
make install
ln -s /usr/local/hdf5-1.8.9 /usr/local/hdf5
```

```
-netcdf
wget http://www.unidata.ucar.edu/downloads/netcdf/ftp/
tar zxvf netcdf-4.2.tar.gz;cd
export CPPFLAGS="-I/usr/local/hdf5-1.8.9/include"
export LDFLAGS="-I/usr/local/hdf5-1.8.9/lib"
export LD_LIBRARY_PATH="/usr/local/hdf5-1.8.9/lib"
export LDFLAGS="-L/usr/local/hdf5-1.8.9/lib"
./configure --prefix=/usr/local/netcdf-4.2
make
su
make install
```

```
-ggobi-2.1.9
wget http://www.ggobi.org/downloads/
tar jxvf ggobi-2.1.9.tar.bz2;cd
./configure --prefix=/usr/local/ggobi-2.1.9
make
su
make install
```

```
-root-5.34.00
wget ftp://root.cern.ch/root/root_v5.34.01.Linux-slc5_amd64-gcc4.3.tar.gz
tar zxvf root_v5.34.00.Linux-slc5_amd64-gcc4.3.tar.gz
su
cp -a root /usr/local/Root-5.34.00
```

Bioconductorは以下の手順でインストールしています。

```
R-2.15.2を起動
source("http://bioconductor.org/biocLite.R")
biocLite()
biocLite(all_group())
```

バージョンは2.11です。(CoGAPS, rsbmlをのぞく)

・ biojava

<http://biojava.org/download/bj1.8.2/>
から
biojava-legacy-1.8.2.tar.gz
をダウンロードし、以下の手順でインストールしています。

```
tar zxvf biojava-legacy-1.8.2.tar.gz
su
cp -a bj1.8.2 /usr/local/
ln -s /usr/local/bj1.8.2 /usr/local/bj
```

インストール先は/usr/local/bjです。

・ biojava3

<http://biojava.org/download/bj3.0.5/>
から
biojava-3.0.5-all.tar.gz
をダウンロードし、以下の手順でインストールしています。

```
tar zxvf biojava-3.0.5-all.tar.gz
su
cp -a bj3.0.5 /usr/local/
ln -s /usr/local/bj3.0.5 /usr/local/bj3
```

インストール先は/usr/local/bj3です。

・ BioPerl

以下の手順でインストールしています。

```
perl -MCPAN -e shell
> install Bio::Perl
```

バージョンは1.6.901です。

・ Biopython

<http://biopython.org/wiki/Download>
から
biopython-1.60.tar.gz
をダウンロードし、以下の手順でインストールしています。

```
tar xvzf biopython-1.60.tar.gz
cd biopython-1.60
su
python setup.py build
python setup.py install --record install_log.txt
```

インストール先は/usr/local/Python-2.7.3/lib/python2.7/site-packages/Bioです。

・ BioRuby

<http://bioruby.org/archive/>
から
bioruby-1.4.3.tar.gz
をダウンロードし、以下の手順でインストールしています。

```
tar zxvf bioruby-1.4.3.tar.gz
cd bioruby-1.4.3
su
ruby setup.rb
```

実行ファイル (bioruby)は/usr/bin/にインストールされています。

・ BLAT

<http://hgwdev.cse.ucsc.edu/~kent/src/>
から
blatSrc36.zip
をダウンロードし、以下の手順でインストールしています。

```
unzip blatSrc36.zip
cd blatSrc36
export MACHTYPE=x86_64
make
su
cp -a ../blatSrc36 /usr/local/
ln -s /usr/local/blatSrc36 /usr/local/blat
```

インストール先は/usr/local/blatです。

・ BOOST

<http://www.boost.org/>
から
boost_1_52_0.tar.gz
をダウンロードし、以下の手順でインストールしています。

```
tar zxvf boost_1_52_0.tar.gz
cd boost_1_52_0
./bootstrap.sh --prefix=/usr/local/boost-1.52.0
su
./b2 install
/etc/ld.so.confに/usr/local/boost-1.52.0/libを追加
ln -s /usr/local/boost-1.52.0 /usr/local/boost
```

インストール先は/usr/local/boostです。

・ Bowtie

<http://sourceforge.net/projects/bowtie-bio/files/bowtie/0.12.9/>
から
bowtie-0.12.9-src.zip
をダウンロードし、以下の手順でインストールしています。

```
unzip bowtie-0.12.9-src.zip
cd bowtie-0.12.9
make
cp ../bowtie-0.12.9 /usr/local/
ln -s /usr/local/bowtie-0.12.9 /usr/local/bowtie
```

インストール先は/usr/local/bowtieです。

・ Bowtie2

<http://sourceforge.net/projects/bowtie-bio/files/bowtie2/2.0.4/>
から
bowtie2-2.0.4-source.zip

をダウンロードし、以下の手順でインストールしています。

```
unzip bowtie2-2.0.4-source.zip
cd bowtie2-2.0.4
make
su
cp -a ../bowtie2-2.0.4 /usr/local/
ln -s /usr/local/bowtie2-2.0.4 /usr/local/bowtie2
```

インストール先は/usr/local/bowtie2です。

・ BWA

<http://sourceforge.net/projects/bio-bwa/files/>
から
bwa-0.6.2.tar.bz2
をダウンロードし、以下の手順でインストールしています。

```
tar xvjf bwa-0.6.2.tar.bz2
cd bwa-0.6.2
make
cp -a bwa-0.6.2 /usr/local/
ln -s /usr/local/bwa-0.6.2 /usr/local/bwa
```

インストール先は/usr/local/bwaです。

・ ClustalW

<http://www.clustal.org/download/current/>
から
clustalw-2.1.tar.gz
をダウンロードし、以下の手順でインストールしています。

```
tar xvzf clustalw-2.1.tar.gz
cd clustalw-2.1
./configure --prefix=/usr/local/clustalw-2.1
make
su
make install
ln -s /usr/local/clustalw-2.1 /usr/local/clustalw
```

インストール先は/usr/local/clustalwです。

・ Cufflinks

<http://cufflinks.cbcb.umd.edu/downloads/>
から
cufflinks-2.0.2.tar.gz
をダウンロードし、以下の手順でインストールしています。

```
tar xvzf cufflinks-2.0.2.tar.gz
cd cufflinks-2.0.2
./configure --prefix=/usr/local/cufflinks-2.0.2 --with-boost=/usr/local/boost_1_47_0
--with-bam=/usr/local/samtools/
make
make install
ln -s /usr/local/cufflinks-2.0.2 /usr/local/cufflinks
と実行しインストールしています。
```

インストール先は/usr/local/cufflinksです。

・ Edena

<http://www.genomic.ch/edena/>
から
EdenaV3.121122.tar.gz
をダウンロードし、以下の手順でインストールしています。

```
tar tvzf EdenaV3.121122.tar.gz
su
cp -a EdenaV3.121122 /usr/local/
ln -s /usr/local/EdenaV3.121122 /usr/local/Edena
```

インストール先は/usr/local/Edenaです。

・ EMBOSS

<http://emboss.sourceforge.net/download/#Stable/>
から
EMBOSS-6.5.7.tar.gz
をダウンロードし、以下の手順でインストールしています。

```
tar zxvf EMBOSS-6.5.7.tar.gz
./configure --prefix=/usr/local/EMBOSS-6.5.7
make
make install
ln -s /usr/local/EMBOSS-6.5.7 /usr/local/EMBOSS
```

インストール先は/usr/local/EMBOSSです。

・ ERANGE

<http://woldlab.caltech.edu/gitweb/?p=erange.git;a=summary>
から
erange-cfc5602.tar.gz
をダウンロードし、以下の手順でインストールしています。

```
tar zxvf erange-cfc5602.tar.gz
cp -a erange-cfc5602/ /usr/local/
cd /usr/local/cistematic/core
python setup.py install
```

<http://woldlab.caltech.edu/wiki/Cistematic>
から
ce7.tgz
cf2.tgz
dm3.tgz
hg19.tgz
mm9new.tgz
rn4.tgz
TAIR8.tgz
をダウンロードし、
/usr/local/erange-cfc5602/cistematic/genomes
で解凍し、配置しています。

<http://effbot.org/downloads/Imaging-1.1.7.tar.gz>
を以下の手順でダウンロード、インストールしています。
tar xvzf Imaging-1.1.7.tar.gz
cd Imaging-1.1.7
python setup.py build_ext -i

```
~/ .bashrcへ下記を追加し、パスを通しています。
export ERANGEPATH=/usr/local/erange-cfc5602/
export CISTEMATIC_ROOT=/usr/local/erange-cfc5602/cistematic/genomes/
export CISTEMATIC_TMP=/home/beowulf/erange-cfc5602/tmp
export PYTHONPATH=/usr/local/erange-cfc5602/:/usr/local/erange-cfc5602/cistematic/-
:/usr/local/-erange-cfc5602/cistematic/genomes/:$PYTHONPATH
```

・ fastx_toolkit

```
http://hannonlab.cshl.edu/fastx_toolkit/
から
fastx_toolkit-0.0.13.2.tar.bz2
をダウンロードし、以下の手順でインストールしています。
```

```
cd fastx_toolkit-0.0.13.2
export GTEXTUTILS_CFLAGS=-I/usr/local/libgtextutils-0.6.1/include/gtextutils
export GTEXTUTILS_LIBS='-L/usr/local/libgtextutils-0.6.1/lib -lgtextutils'
./configure --prefix=/usr/local/fastx_toolkit-0.0.13.2
make
su
make install
ln -s /usr/local/fastx_toolkit-0.0.13.2 /usr/local/fastx_toolkit
```

インストール先は/usr/local/fastx_toolkitです。

・ HMMER

```
http://hmmer.janelia.org/
から
hmmer-3.0-linux-intel-x86_64.tar.gz
をダウンロードし、以下の手順でインストールしています。
```

```
tar zxvf hmmer-3.0-linux-intel-x86_64.tar.gz
cd hmmer-3.0-linux-intel-x86_64
./configure --prefix=/usr/local/hmmer-3.0
make
su
make install
ln -s /usr/local/hmmer-3.0 /usr/local/hmmer
```

インストール先は/usr/local/hmmerです。

・ MAFFT

```
http://mafft.cbrc.jp/alignment/software/
から
mafft-7.012-with-extensions-src.tgz
をダウンロードし、以下の手順でインストールしています。
```

```
tar xvzf mafft-7.012-with-extensions-src.tgz
cd mafft-7.012-with-extensions

-extensions
cd extensions/
vi Makefile
PREFIX = /usr/local/mafft-7.012-with-extensions
make
su
make install
ln -s /usr/local/mafft-7.012-with-extensions /usr/local/mafft
```

```
-core
  cd core/
  vi Makefile
  PREFIX = /usr/local/mafft-7.012-with-extensions
  make
  su
  make install
```

インストール先は/usr/local/mafftです。

・ Maq

<http://sourceforge.net/projects/maq/files/maq/>
から
maq-0.7.1.tar.bz2
をダウンロードし、以下の手順でインストールしています。

```
./configure --prefix=/usr/local/maq-0.7.1
make
su
make install
ln -s /usr/local/maq-0.7.1 /usr/local/maq
```

インストール先は/usr/local/maqです。

・ MEME

<http://meme.nbcr.net/meme/meme-download.html>
から
meme_4.9.0.tar.gz
をダウンロードし、openmpi版とmpich2版をそれぞれ以下の手順でインストールしています。

```
-openmpi版
tar zxvf meme_4.9.0.tar.gz
cd meme_4.9.0
wget ftp://ftp.ebi.edu.au/pub/software/MEME/r4.9.0/patches/patch_4.9.0_1
wget ftp://ftp.ebi.edu.au/pub/software/MEME/r4.9.0/patches/patch_4.9.0_2
cd ../
cp -a meme-4.9.0 meme-4.9.0-openmpi
cd meme-4.9.0-openmpi
patch -p1 < patch_4.9.0_1
patch -p1 < patch_4.9.0_2
autoreconf --force --install
./configure --prefix=/usr/local/meme_4.9.0.openmpi --with-mpicc=/usr/local/
  openmpi-1.6.3/bin/mpicc --with-mpidir=/usr/local/openmpi-1.6.3/
  --with-url=http://meme.nbcr.net/meme --with-python=/usr/local/Python-2.7.3/bin/python
make
su
make install
```

```
-mpich2版
cp -a meme-4.9.0 meme-4.9.0-mpich2
cd meme-4.9.0-mpich2
patch -p1 < patch_4.9.0_1
patch -p1 < patch_4.9.0_2
autoreconf --force --install
./configure --prefix=/usr/local/meme_4.9.0.mpich2 --with-mpicc=/usr/local/mpich2-1.5/
  bin/mpicc --with-mpidir=/usr/local/mpich2-1.5/ --with-url=http://meme.nbcr.net/meme
  --with-python=/usr/local/Python-2.7.3/bin/python
make
su
```



```
make install
```

インストール先はそれぞれ/usr/local/meme.openmpi, /usr/local/meme.mpich2です。

・ MIRA3

<http://sourceforge.net/projects/mira-assembler/files/MIRA/stable/>
から
mira-3.4.1.1.tar.bz2
をダウンロードし、以下の手順でインストールしています。

```
tar xvjf mira-3.4.1.1.tar.bz2
cd mira-3.4.1.1
./configure --prefix=/usr/local/mira-3.4.1.1
make
su
make install
```

インストール先は/usr/local/miraです。

・ MUMmer

<http://sourceforge.net/projects/mummer/files/mummer/>
から
MUMmer3.23.tar.gz
をダウンロードし、以下の手順でインストールしています。

```
tar xzvf MUMmer3.23.tar.gz
cd MUMmer3.23
make
cp -a ../MUMmer3.23 /usr/local/
ln -s /usr/local/MUMmer3.23 /usr/local/MUMmer3
```

インストール先は/usr/local/MUMmer3です。

・ ncbiutils (Blast, MegaBlast)

ftp://ftp.ncbi.nih.gov/toolbox/ncbi_tools/
から
ncbi.tar.gz
をダウンロードし、以下の手順でインストールしています。

```
tar zxvf ncbi.tar.gz
cd ncbi
ncbi/make/makedis.csh 2>&1 | tee out.makedis.csh
mv ncbi ncbi_20120620
su
cp -a ncbi_20120620 /usr/local/
ln -s /usr/local/ncbi_20120620 /usr/local/ncbi
```

インストール先は/usr/local/ncbiです。

・ PHP

デフォルトでインストールされているPHPを使用しています。
インストール先は/usr/bin/phpです。

・ PHYLIP

<http://evolution.gs.washington.edu/phylip/download/>
から

phylip-3.69.tar.gz
をダウンロードし、以下の手順でインストールしています。

```
tar xvzf phylip-3.69.tar.gz
cd phylip-3.69/src
vi Makefile
EXEDIR = /usr/local/phylip-3.69
su
make install
ln -s /usr/local/phylip-3.69 /usr/local/phylip
```

インストール先は/usr/local/phylipです。

・ samtools

<http://sourceforge.net/projects/samtools/files/samtools>
から
samtools-0.1.18.tar.bz2
をダウンロードし、以下の手順でインストールしています。

```
tar jxf samtools-0.1.18.tar.bz2
make
su
cp -a /home/beowulf/samtools-0.1.18 /usr/local/
cd /usr/local/samtools-0.1.18
mkdir include lib
cp /home/beowulf/samtools-0.1.18/libbam.a lib/
cp /home/beowulf/samtools-0.1.18/*.h include/
mkdir include/bam
cp *.h include/bam/
ln -s /usr/local/samtools-0.1.18 /usr/local/samtools
```

インストール先は/usr/local/samtoolsです。

・ SOAP, SOAPdenovo

http://soap.genomics.org.cn/down/SOAPaligner-v2.20-Linux-x86_64.tar.bz2
<http://soap.genomics.org.cn/down/SOAPsnp-v1.05.tar.gz>
<http://soap.genomics.org.cn/down/SOAPdenovo-v1.05.tgz>
<http://soap.genomics.org.cn/down/test.tar.gz>
<http://soap.genomics.org.cn/down/msort.tar.gz>
<http://soap.genomics.org.cn/down/correction.tar.gz>
をダウンロードし、展開してインストールしています。

インストール先は/usr/local/SOAPです。

・ sratoolkit

<http://trace.ncbi.nlm.nih.gov/Traces/sra/sra.cgi?view=software>
から
sra_sdk-2.2.2a.tar.gz
をダウンロードし、以下の手順でインストールしています。

```
tar xvzf sra_sdk-2.2.2a.tar.gz
cd sra_sdk-2.2.2a
vi ./libs/ext/zlib/Makefile
    ZLIB_VERS := \
        1.2.7
make all
su
mkdir /usr/local/sra_sdk-2.2.2a
```

```
cp -a linux/pub/gcc/x86_64/* /usr/local/sra_sdk-2.2.2a
ln -s /usr/local/sra_sdk-2.2.2a /usr/local/sratoolkit
```

インストール先は/usr/local/sratoolkitです。

・ TopHat

<http://tophat.cbcb.umd.edu/downloads/>
から
tophat-1.4.1.tar.gz
をダウンロードし、以下の手順でインストールしています。

```
tar xvzf tophat-1.4.1.tar.gz
cd tophat-1.4.1
./configure --prefix=/usr/local/tophat-1.4.1 --with-bam=/usr/local/samtools-0.1.18
make
su
make install
ln -s /usr/local/tophat-1.4.1 /usr/local/tophat
```

インストール先は/usr/local/tophatです。

・ Tophat2

<http://tophat.cbcb.umd.edu/downloads/>
から
tophat-2.0.6.tar.gz
をダウンロードし、以下の手順でインストールしています。

```
tar zxvf tophat-2.0.6.tar.gz
cd tophat-2.0.6
./configure --prefix=/usr/local/tophat-2.0.6 --with-boost=/usr/local/boost_1_47_0
--with-bam=/usr/local/samtools-0.1.18/
make
su
make install
ln -s /usr/local/tophat-2.0.6 /usr/local/tophat2
```

インストール先は/usr/local/tophat2です。

・ Trinity

<http://sourceforge.net/projects/trinityrnaseq/files/>
から
trinityrnaseq_r2012-10-05.tgz
をダウンロードし、以下の手順でインストールしています。

```
tar xvzf trinityrnaseq_r2012-10-05.tgz
cd trinityrnaseq_r2012-10-05
make
cp -a trinityrnaseq_r2012-10-05 /usr/local/trinityrnaseq_r2012-10-05
ln -s /usr/local/trinityrnaseq_r2012-10-05 /usr/local/trinityrnaseq
```

インストール先は/usr/local/trinityrnaseqです。

・ Velvet

<http://www.ebi.ac.uk/~zerbino/velvet/>
から
velvet_1.2.08.tgz
をダウンロードし、以下の手順でインストールしています。

```
tar xvzf velvet_1.2.08.tgz
cp velvet_1.2.08 velvet_1.2.08.openmp
-standard版
cd velvet_1.2.08
make
su
cp -a ../velvet_1.2.08 /usr/local/
ln -s /usr/local/velvet_1.2.08 /usr/local/velvet
-openmp版
cd velvet_1.2.08.openmp
make OPENMP=1
su
cp -a ../velvet_1.2.08 /usr/local/velvet_1.2.08.openmp
ln -s /usr/local/velvet_1.2.08.openmp /usr/local/velvet.openmp
```

インストール先はそれぞれ/usr/local/velvet, /usr/local/velvet.openmpです。

・ Velvet SC

<http://bix.ucsd.edu/projects/singlecell/>
から
velvet-sc.tar.gz
をダウンロードし、以下の手順でインストールしています。

```
tar zxvf velvet-sc.tar.gz
su
mkdir /usr/local/velvet-sc
cp -a velvet-sc/* /usr/local/velvet-sc/
```

インストール先は/usr/local/velvet-scです。