

# R Session Information

2017-07-20

Code version: 905b291f81259313ee06d326524c31541d622055

## Session information

Details of the R environment and packages used for analysis.

```
## setting value
## version R version 3.4.0 (2017-04-21)
## system x86_64, linux-gnu
## ui X11
## language (EN)
## collate en_US.UTF-8
## tz <NA>
## date 2017-07-20
##
## package * version date
## AnnotationDbi 1.38.1 2017-06-05
## assertthat 0.2.0 2017-04-11
## backports 1.1.0 2017-05-22
## base * 3.4.0 2017-05-30
## beeswarm 0.2.3 2016-04-25
## bindr 0.1 2016-11-13
## bindrcpp * 0.2 2017-06-17
## Biobase * 2.36.2 2017-05-31
## BiocGenerics * 0.22.0 2017-05-31
## BiocParallel * 1.10.1 2017-05-31
## biomaRt 2.32.1 2017-06-13
## bit 1.1-12 2014-04-09
## bit64 0.9-7 2017-05-08
## bitops 1.0-6 2013-08-17
## blob 1.1.0 2017-06-17
## broom 0.4.2 2017-02-13
## caTools 1.17.1 2014-09-10
## cellranger 1.1.0 2016-07-27
## checkmate 1.8.3 2017-07-03
## class 7.3-14 2015-08-30
## clues * 0.5.9 2016-10-14
## cluster 2.0.6 2017-03-10
## codetools 0.2-15 2016-10-05
## colorspace 1.3-2 2016-12-14
## compiler 3.4.0 2017-05-30
## cowplot * 0.7.0 2016-10-28
## data.table 1.10.4 2017-02-01
## datasets * 3.4.0 2017-05-30
## DBI 0.7 2017-06-18
## DelayedArray 0.2.7 2017-06-05
## DEoptimR 1.0-8 2016-11-19
## devtools * 1.13.2 2017-06-02
```

##	digest	0.6.12	2017-01-27
##	doParallel	1.0.10	2015-10-14
##	doRNG	1.6.6	2017-04-10
##	dplyr	* 0.7.1	2017-06-22
##	e1071	1.6-8	2017-02-02
##	edgeR	3.18.1	2017-06-14
##	evaluate	0.10	2016-10-11
##	forcats	0.2.0	2017-01-23
##	foreach	1.4.3	2015-10-13
##	foreign	0.8-68	2017-04-24
##	gdata	2.18.0	2017-06-06
##	GenomeInfoDb	1.12.2	2017-06-13
##	GenomeInfoDbData	0.99.0	2017-05-31
##	GenomicRanges	1.28.3	2017-05-31
##	ggbeeswarm	0.5.3	2016-12-01
##	ggplot2	* 2.2.1	2016-12-30
##	glue	1.1.1	2017-06-21
##	gplots	3.0.1	2016-03-30
##	graphics	* 3.4.0	2017-05-30
##	grDevices	* 3.4.0	2017-05-30
##	grid	3.4.0	2017-05-30
##	gridExtra	2.2.1	2016-02-29
##	gtable	0.2.0	2016-02-26
##	gtools	3.5.0	2015-05-29
##	haven	1.0.0	2016-09-23
##	hms	0.3	2016-11-22
##	htmltools	0.3.6	2017-04-28
##	httpuv	1.3.3	2015-08-04
##	httr	1.2.1	2016-07-03
##	IRanges	2.10.2	2017-05-31
##	iterators	1.0.8	2015-10-13
##	jsonlite	1.5	2017-06-01
##	KernSmooth	2.23-15	2015-06-29
##	knitr	* 1.16	2017-05-18
##	lattice	0.20-35	2017-03-25
##	lazyeval	0.2.0	2016-06-12
##	limma	3.32.2	2017-06-14
##	locfit	1.5-9.1	2013-04-20
##	lubridate	1.6.0	2016-09-13
##	magrittr	* 1.5	2014-11-22
##	Matrix	1.2-10	2017-04-28
##	matrixStats	0.52.2	2017-04-14
##	memoise	1.1.0	2017-04-21
##	methods	* 3.4.0	2017-05-30
##	mime	0.5	2016-07-07
##	mnormt	1.5-5	2016-10-15
##	modelr	0.1.0	2016-08-31
##	munsell	0.4.3	2016-02-13
##	mvtnorm	1.0-6	2017-03-02
##	nlme	3.1-131	2017-02-06
##	parallel	* 3.4.0	2017-05-30
##	pcaPP	1.9-72	2017-06-27
##	pheatmap	1.0.8	2015-12-11
##	pkgconfig	2.0.1	2017-03-21

##	pkgmaker	0.22	2014-05-14
##	plyr	1.8.4	2016-06-08
##	psych	1.7.5	2017-05-03
##	purrr	* 0.2.2.2	2017-05-11
##	R6	2.2.2	2017-06-17
##	RColorBrewer	1.1-2	2014-12-07
##	Rcpp	0.12.12	2017-07-15
##	RCurl	1.95-4.8	2016-03-01
##	readr	* 1.1.1	2017-05-16
##	readxl	1.0.0	2017-04-18
##	registry	0.3	2015-07-08
##	reshape2	1.4.2	2016-10-22
##	rhdf5	2.20.0	2017-05-31
##	rjson	0.2.15	2014-11-03
##	rlang	0.1.1	2017-05-18
##	rmarkdown	* 1.6	2017-06-15
##	rngtools	1.2.4	2014-03-06
##	robustbase	0.92-7	2016-12-09
##	ROCR	1.0-7	2015-03-26
##	rprojroot	1.2	2017-01-16
##	rrcov	1.4-3	2016-09-06
##	RSQLite	2.0	2017-06-19
##	rstudioapi	0.6	2016-06-27
##	rvest	0.3.2	2016-06-17
##	S4Vectors	0.14.3	2017-06-05
##	SC3	* 1.4.2	2017-07-13
##	scales	0.4.1	2016-11-09
##	scater	* 1.4.0	2017-06-14
##	shiny	1.0.3	2017-04-26
##	shinydashboard	0.6.1	2017-06-14
##	splatter	* 1.1.2	2017-07-16
##	stats	* 3.4.0	2017-05-30
##	stats4	3.4.0	2017-05-30
##	stringi	1.1.5	2017-04-07
##	stringr	1.2.0	2017-02-18
##	SummarizedExperiment	1.6.3	2017-05-31
##	tibble	* 1.3.3	2017-05-28
##	tidyr	* 0.6.3	2017-05-15
##	tidyverse	* 1.1.1	2017-01-27
##	tools	3.4.0	2017-05-30
##	tximport	1.4.0	2017-05-31
##	utils	* 3.4.0	2017-05-30
##	vipor	0.4.5	2017-03-22
##	viridis	0.4.0	2017-03-27
##	viridisLite	0.2.0	2017-03-24
##	withr	1.0.2	2016-06-20
##	WriteXLS	4.0.0	2015-12-07
##	XML	3.98-1.9	2017-06-19
##	xml2	1.1.1	2017-01-24
##	xtable	1.8-2	2016-02-05
##	XVector	0.16.0	2017-05-31
##	yaml	2.1.14	2016-11-12
##	zlibbioc	1.22.0	2017-05-31
##	source		

```
## Bioconductor
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## local
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## Bioconductor
## Bioconductor
## Bioconductor
## Bioconductor
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## local
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## local
## CRAN (R 3.4.0)
## Bioconductor
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## Bioconductor
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## Bioconductor
## Bioconductor
## Bioconductor
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## local
## local
## local
## CRAN (R 3.4.0)
```

```
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## Bioconductor
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## Bioconductor
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## local
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## local
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## cran (@0.12.12)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## Bioconductor
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## cran (@1.2)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
```

```
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## Bioconductor
## Bioconductor
## CRAN (R 3.4.0)
## Bioconductor
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## Github (0shlack/splatter@5df5a7c)
## local
## local
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## Bioconductor
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## local
## Bioconductor
## local
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## CRAN (R 3.4.0)
## Bioconductor
## CRAN (R 3.4.0)
## Bioconductor
```