

Basepair 操作画面資料

作成日：20250709

ログイン画面

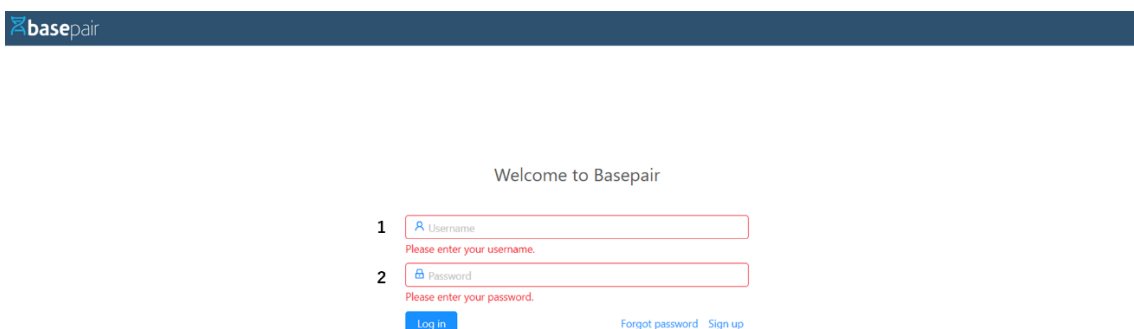


図1 ログイン画面

- 1: 登録したアドレスを入力
- 2: 指定のパスワードを入力

Samples 表示画面

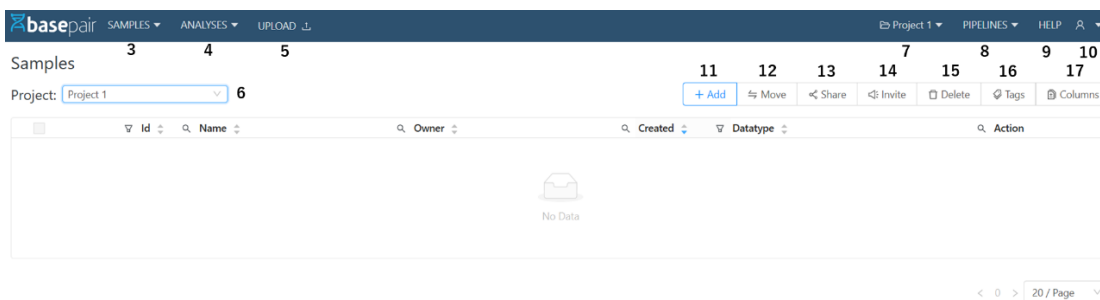


図2 Samples 画面

- 3: サンプルデータに対する選択ボタン
- 4: 解析に対する選択ボタン
- 5: 新しいサンプルをアップロードするボタン
- 6: プロジェクトをプルダウンで選択可能
- 7: プロジェクトに対する選択ボタン
- 8: Basepair で実装済みパイプラインの確認ができるボタン
- 9: お問い合わせ先を表示しているリンクに飛ぶボタン

- 10：登録情報を確認できるボタン
- 11：5のボタンと同様にデータをアップロードするボタン
- 12：別のプロジェクトへデータを移動するボタン
- 13：データをアカウントを持っている他者と共有するボタン
- 14：選択したデータに対して他者にアクセス権限を与えるボタン
- 15：データを消すボタン
- 16：ユーザーがサンプルにラベルをつけるボタン
- 17：列を追加するボタン

SAMPLES プルダウン選択画面

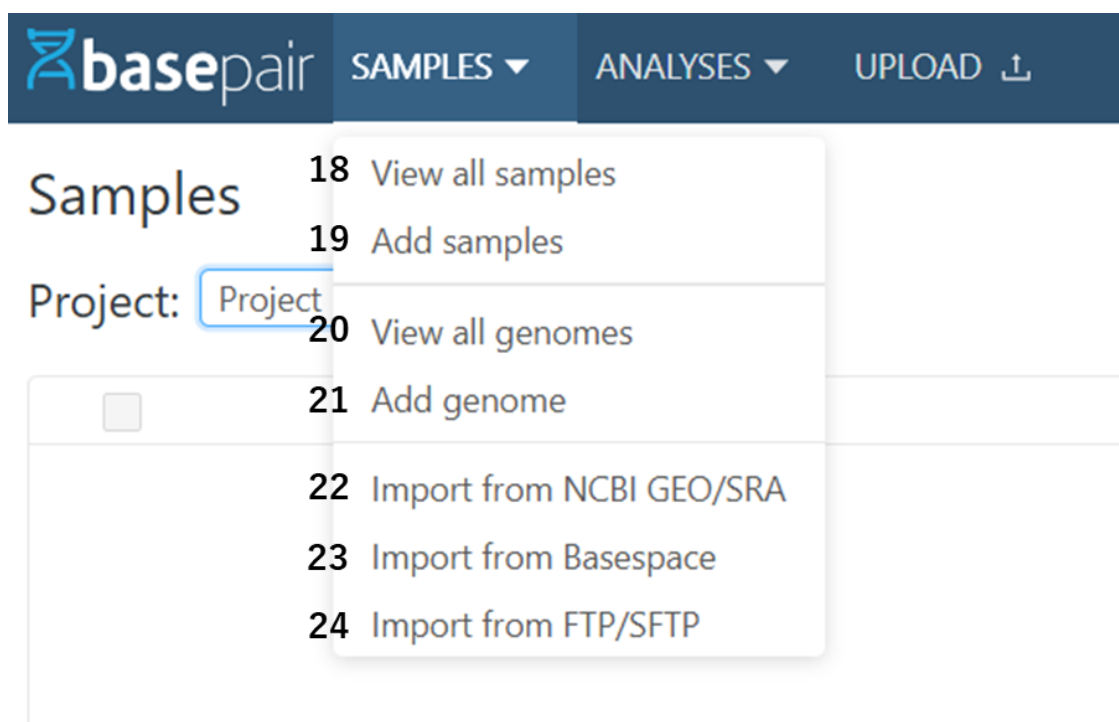


図 3 SAMPLES プルダウン選択画面

- 18：アップロードされたサンプルリストを表示するボタン
- 19：5および11と同様にデータをアップロードするボタン
- 20：Basepairで利用可能なすべてのリファレンスゲノムのリストを表示ボタン
- 21：必要としているリファレンスゲノムが存在しない場合にリファレンスゲノムをアップロードするためのボタン
- 22：NCBI Gene Expression Omnibus(GEO)または Sequence Read Archive(SRA)からシーケンスデータを直接インポートするボタン
- 23：Illuminaの解析プラットフォーム Basespace からデータを直接インポートするボタン

24 : File Transfer Protocol(FTP)または Secure File Transfer Protocol(SFTP)経由でサーバーからデータを直接インポートするボタン

ANALYSIS プルダウン選択画面

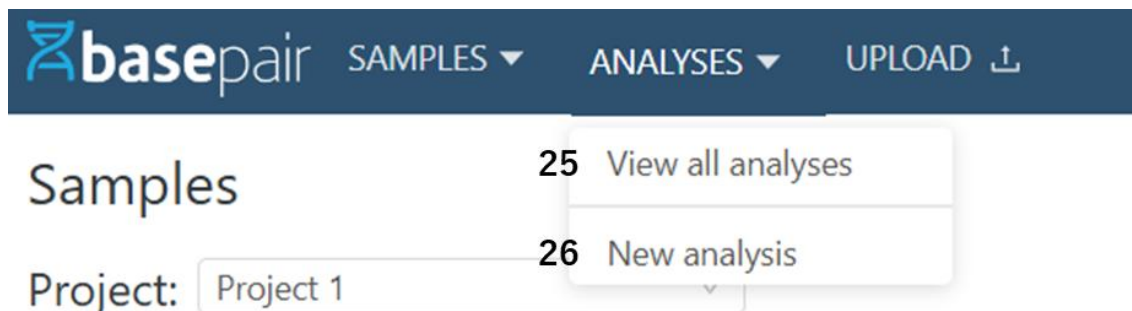


図 4 ANALYSIS プルダウン選択画面

25 : プロジェクト内で実行された或いは実行している解析のリストを表示するボタン

26 : 新規解析を実行するボタン

Project プルダウンで選択

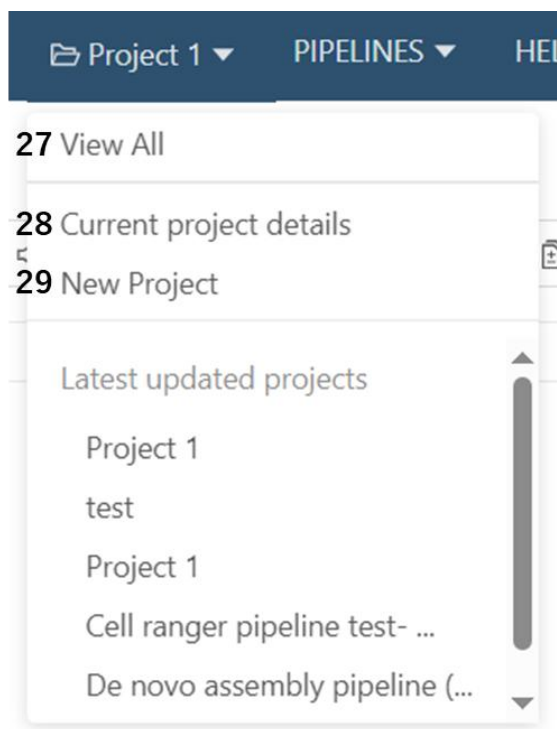


図 5 Project プルダウン選択画面

- 27: アカウント下のプロジェクトをすべてリストで確認するボタン
- 28: サンプルリスト、解析リストを含む現在のプロジェクトの詳細を表示するボタン
- 29: 新しいプロジェクトを作成するボタン

登録情報プルダウン選択画面

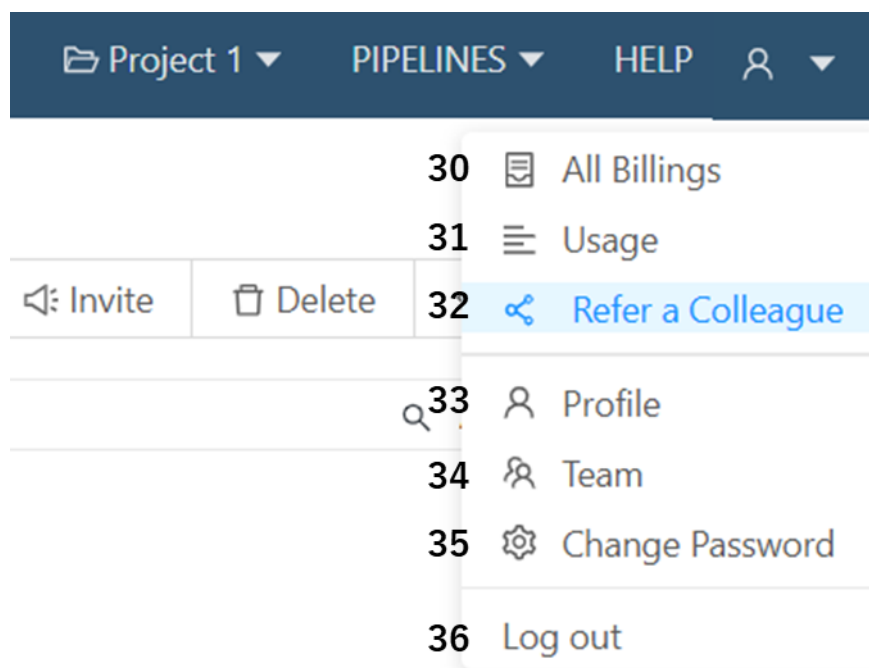


図 6 登録情報プルダウン選択画面

- 30: 支払い情報の表示ボタン
- 31: アップロードされたサンプルと残りのサンプル数を表示するボタン
- 32: Basepair を知り合いに紹介するためのボタン
- 33: ユーザーのプロフィールを表示するボタン
- 34: ユーザーの組織情報を表示するボタン
- 35: パスワード再設定のボタン
- 36: ログアウトボタン

Analysis 画面

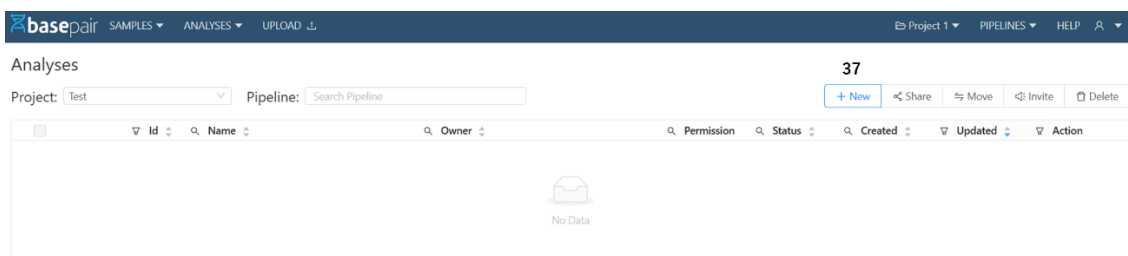
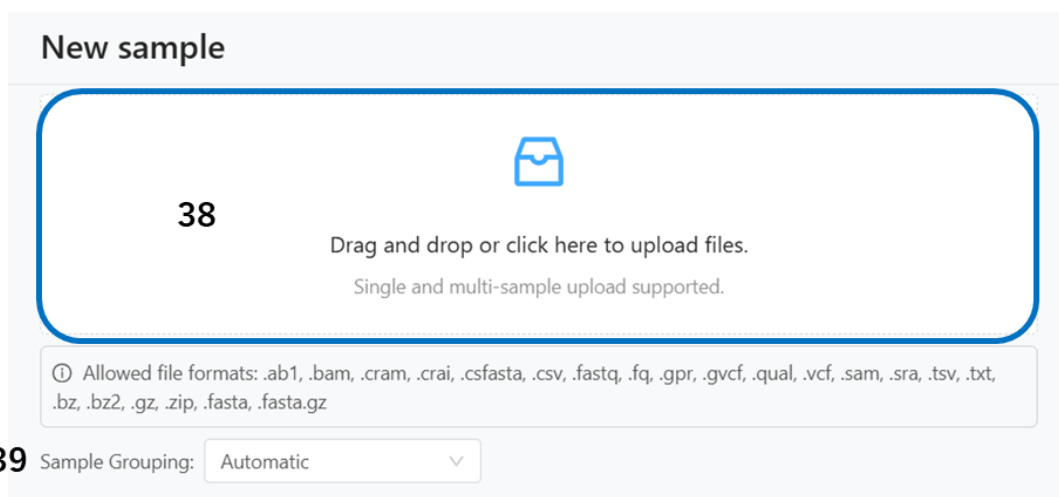


図 7 Analysis 画面

37: 新しい解析をスタートさせるためのボタン

Upload 画面



▼ Sample name: LC2ad-fastq 📄 🗑️

▼ Forward ▼ Reverse

40 📄 LC2ad.fastq.gz ⬇️

41 Project: Project 1 ▼

Tags

42 + Add Tag

Select metadata for all samples

43 Platform ? CompleteGenomics ▼

44 Data type ? RNA-Seq ▼

45 Stranded (optional) ? None / Don't Know ▼

46 Spike in (optional) ? None ▼

47 Genome ? GRCh38 ▼

48 Pipeline (optional) ? ▼

Upload samples Reset form Cancel upload

図 8 Upload 画面

- 38：ドラッグ&ドロップでシーケンスデータをアップロードできるエリア
- 39：ファイルの命名規則やユーザーの好みに基づいてサンプルを整理する。プルダウンで選択可能
- 40：データをドラッグ&ドロップするとフォワードとリバースを自動検出し入力される。フォワードとリバースが逆で検出されることがあれば、ドラッグして入れ替えが可能
- 41：データを格納するプロジェクトをプルダウンで選択可能

- 42: ユーザーがサンプルにラベル付け、または分類するために追加できるカスタムタグ
- 43: シーケンスプラットフォームをプルダウンで選択
- 44: データタイプをプルダウンで選択
- 45: データが鎖状であるかを入力できる項目(任意)
- 46: 使用したスパイクインコントロールを入力できる項目(任意)
- 47: アライメントに用いるリファレンスゲノムを選択
- 48: 処理するパイプラインを入力できる項目(任意)

Add Genome 画面


※リファレンスゲノム追加には FASTA ファイルと GTF ファイルが必要なため事前に準備が必要

New genome

* Name ⓘ:

* Fasta file:

50




Full genome sequence in Fasta format

Click or drag file to this area to upload

* Gene file:

51



Gene models in gtf or refFlat format

Click or drag file to this area to upload

> Is genome ⓘ

> Genome parameters

Add Genome Reset


∨ Is genome 

52 Is it a genome?:


53 Is it a spike-in?:

∨ Genome parameters


Protein file:

54 
Click or drag file to this area to upload
Click or drag file to this area to upload

55 Mitochondrial regex:

56 NCBI taxonomy id 

57 Organism name 

58 Scientific name 

59 Common name 

60 Default locus:

61 Version:

図 9 Add Genome 画面

- 49: 新しいリファレンスゲノムの名前を入力
- 50: FASTA 形式のフルゲノム配列をアップロード
- 51: 遺伝子アノテーションファイルを GTF ファイルでアップロードする
- 52: アップロードされたファイルをゲノムとして扱うかどうかを指定できる。デフォルトは True に設定されている
- 53: アップロードされたファイルをスパイクインとして扱うかどうかを指定できる。デフォルトは False に設定されている
- 54: ゲノムの予測または既知のタンパク質配列を含む FASTA 形式のタンパク質をアップロード
- 55: ミトコンドリア配列を同定するための正規表現パターンを指定
- 56: NCBI Taxonomy データベースから生物の一意的な識別子を入力
- 57: HOMER ツール用の生物名を入力
- 58: EricScript で使用可能な生物の学名を入力
- 59: 生物のコモンネームを指定
- 60: フォーカスするゲノムのデフォルト遺伝子座または領域を指定
- 61: ゲノムビルドのバージョン番号を入力