

Basepair 操作画面資料

作成日：20260512

ログイン画面

Welcome to Basepair

1 Username
Please enter your username.

2 Password
Please enter your password.

[Log in](#) [Forgot password](#) [Sign up](#)

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

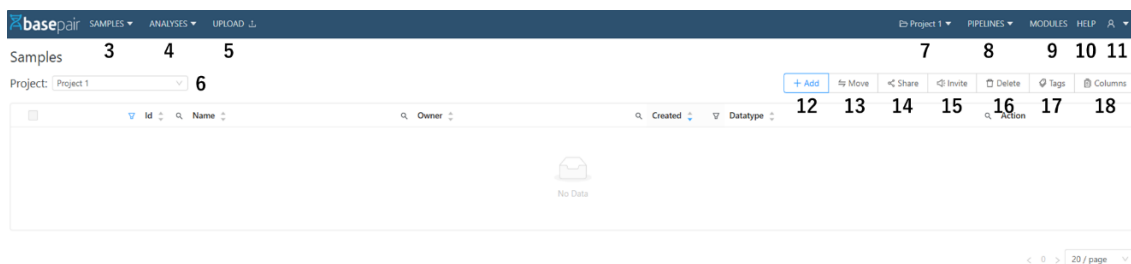


図2 Samples 画面

- 3：サンプルデータに関する選択タブ
- 4：解析に関する選択タブ
- 5：新しいサンプルをアップロードするボタン
- 6：プロジェクトを変更できるタブ
- 7：プロジェクトに関する選択タブ
- 8：Basepair で実装済みのパイプライン(Standard Pipelines)とカスタムパイプライン(Custom Pipelines)の確認ができるタブ
- 9：解析モジュールの確認ができるボタン(準備中)
- 10：お問い合わせ先を表示しているリンクに飛ぶボタン
- 11：登録情報等に関する選択タブ
- 12：5のボタンと同様にデータをアップロードするボタン
- 13：別のプロジェクトへデータを移動するボタン
- 14：アカウントを持っている他者とデータを共有するボタン
- 15：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
- 16：データを消すボタン
- 17：ユーザーがサンプルにラベルをつけるボタン
- 18：列を追加するボタン

SAMPLES タブ選択画面

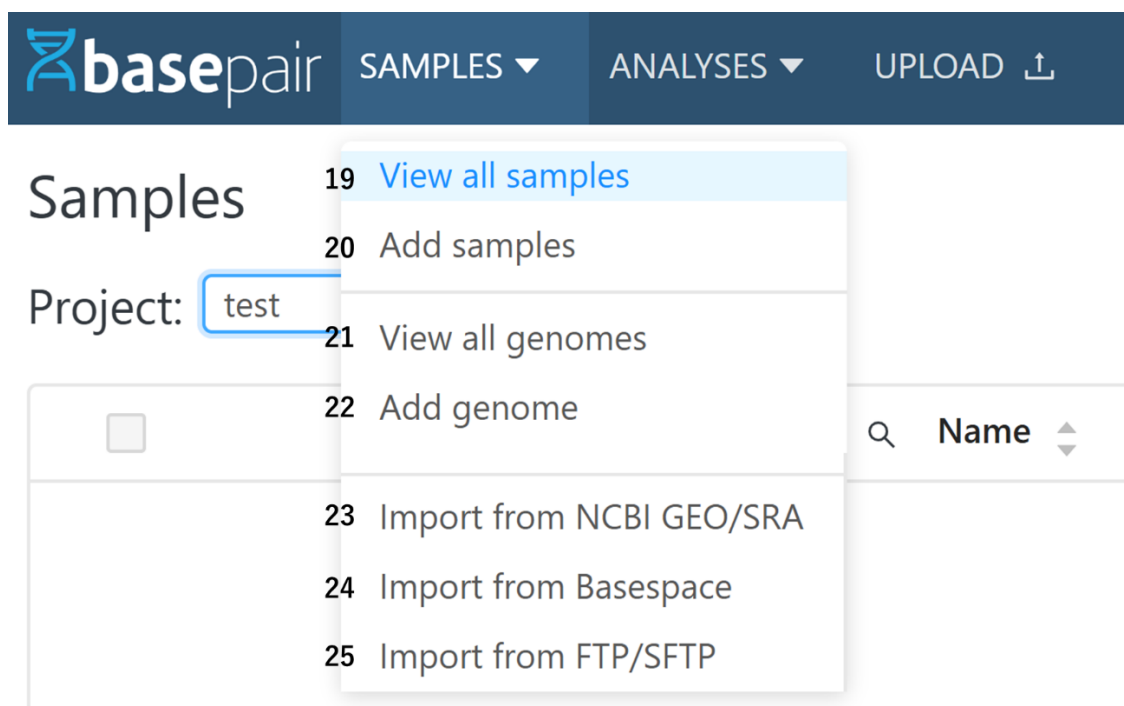


図3 SAMPLES タブ選択画面

- 19 : アップロードされたサンプルリストを表示するボタン
- 20 : 5 および 12 と同様にデータをアップロードするボタン
- 21 : 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
- 22 : 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
- 23 : 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
- 24 : 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
- 25 : 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 タブ選択画面

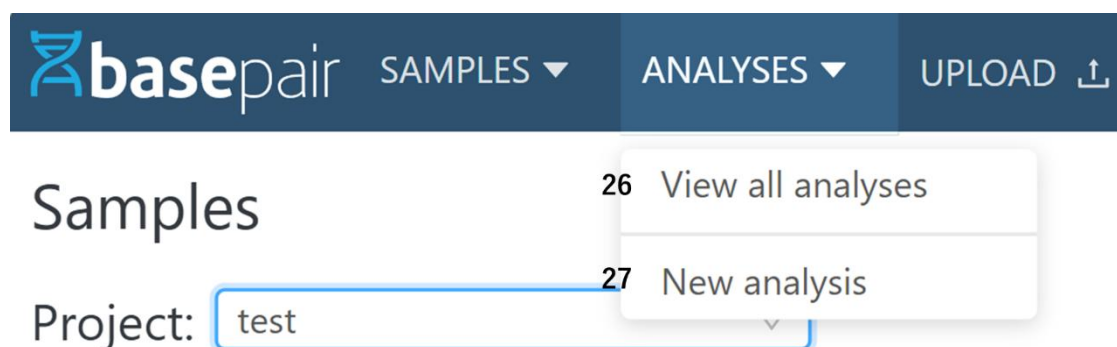


図4 ANALYSIS タブ選択画面

26：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

27：新規解析を実行するボタン

Project タブ選択画面

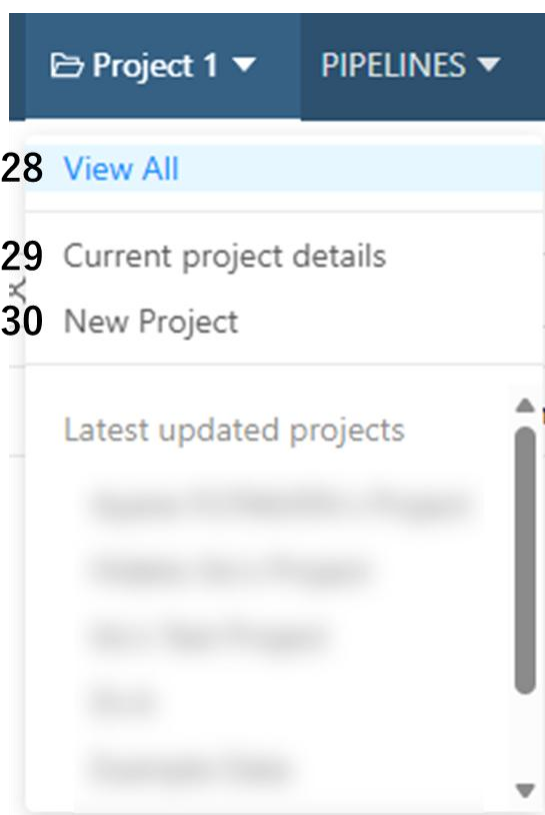


図 5 Project タブ選択画面

28 : すべてのプロジェクトをリストで確認するボタン

29 : 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

30 : 新しいプロジェクトを作成するボタン

登録情報等タブ選択画面

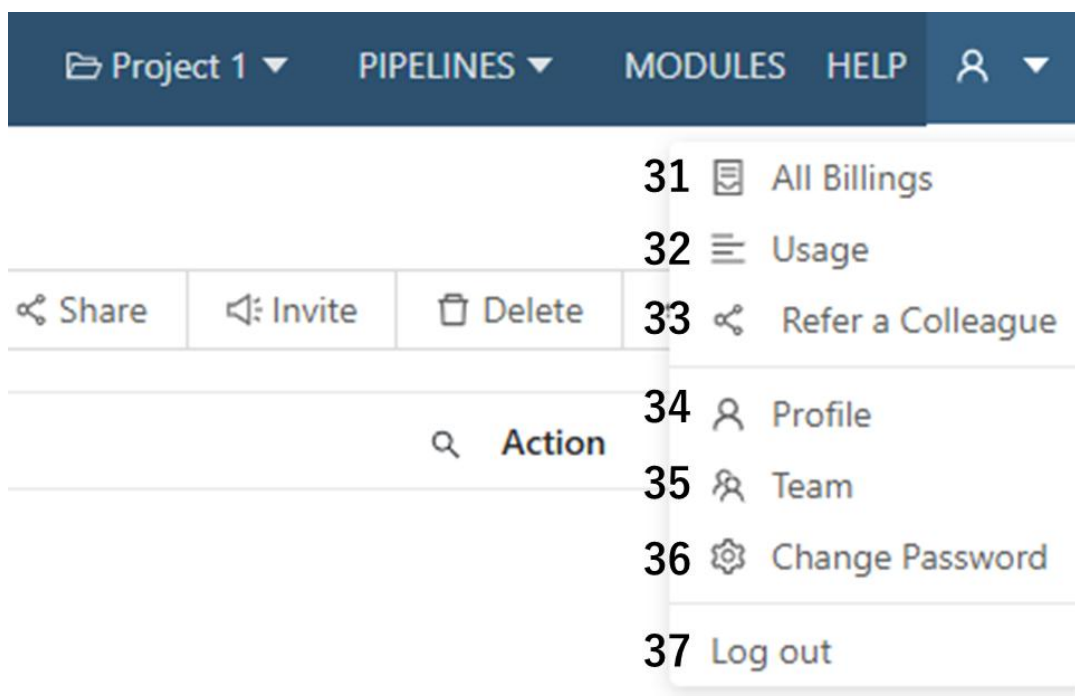


図 6 登録情報等タブ選択画面

31：支払い情報の表示ボタン

32：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

33：Basepair を知り合いに紹介するためのボタン

34：ユーザーのプロファイルを表示するボタン

35：ユーザーの組織情報を表示するボタン

36：パスワード再設定のボタン

37：ログアウトボタン

Analysis 画面

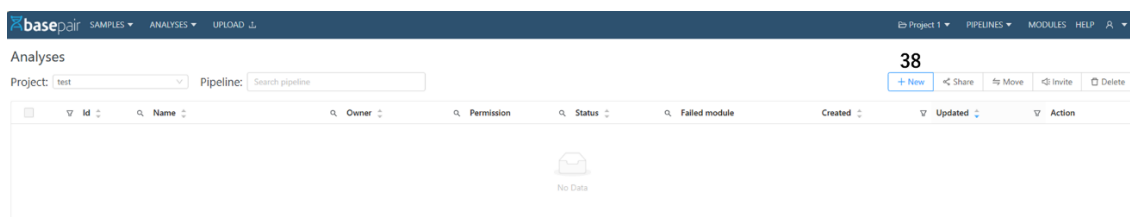


図 7 Analysis 画面

38 : 27 のボタンと同様に新規解析を実行するボタン

Upload 画面

New sample

39 Drag and drop or click here to upload files.
Single and multi-sample upload supported.

Allowed file formats: .ab1, .bam, .cram, .crai, .csfasta, .csv, .fastq, .fq, .gpr, .gvcf, .qual, .vcf, .sam, .sra, .tsv, .txt, .bz, .bz2, .gz, .zip, .fasta, .fasta.gz

40 Sample Grouping: Automatic

41 Sample name: test-fq

42 Project: Project 1

43 Tags

44 Platform: Illumina

45 Data type: RNA-seq

46 Stranded (optional): None / Don't know

47 Spike in (optional): None

48 Genome: hg19

49 Pipeline (optional): Search pipeline

Upload samples Reset form Cancel upload

図 8 Upload 画面


- 39: ドラッグ&ドロップまたはクリックでシーケンスデータをアップロードできるエリア
- 40: 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できるタブ
- 41: サンプルの名前を入力できる項目(自動入力、手動で変更可能)。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
- 42: データを格納するプロジェクトを選択できるタブ
- 43: 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
- 44: シーケンスプラットフォームを選択できるタブ
- 45: データタイプを選択できるタブ
- 46: データが鎖状であるかを入力できる項目(任意)
- 47: 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)
- 48: アライメントに用いるリファレンスゲノムを選択できるタブ
- 49: 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 ファイルを使用するため、事前に準備が必要

New genome

50 * Name ⓘ:

51 * Fasta file: 
Full genome sequence in Fasta format
Click or drag file to this area to upload

52 * Gene file: 
Gene models in gtf or refFlat format
Click or drag file to this area to upload

> Is genome ⓘ

> Genome parameters

∨ Is genome ⓘ


53 Is it a genome?:

54 Is it a spike-in?:

▼ Genome parameters

Protein file:

55



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

56 Mitochondrial regex:

57 NCBI taxonomy id [?]:

58 Organism name [?]:

59 Scientific name [?]:

60 Common name [?]:

61 Default locus:

62 Version:

図 9 Add Genome 画面

- 50 : 新しいリファレンスゲノムの名前を入力できる項目
- 51 : ドラッグ&ドロップまたはクリックで FASTA 形式のゲノムファイルをアップロードできるエリア
- 52 : ドラッグ&ドロップまたはクリックで GTF 形式の遺伝子アノテーションファイルをアップロードできるエリア
- 53 : 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項目。デフォルトは True

- 54：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項目。
デフォルトは False
- 55：ドラッグ&ドロップまたはクリックでゲノムの予測または既知のタンパク質配列を含む FASTA 形式のタンパク質ファイルをアップロードできるエリア
- 56：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できる項目
- 57：NCBI Taxonomy データベースから生物の一意な識別子を入力できる項目
- 58：HOMER ツール用の生物名を入力できる項目
- 59：EricScript で使用可能な生物の学名を入力できる項目
- 60：生物のコモンネームを指定できる項目
- 61：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できる項目
- 62：ゲノムビルドのバージョン番号を入力できる項目