

データ解析用アプリ

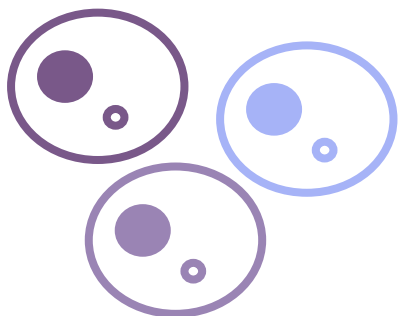


愛媛大学学術支援センター
医科学研究支援部門
バイオインフォマティクス支援分野

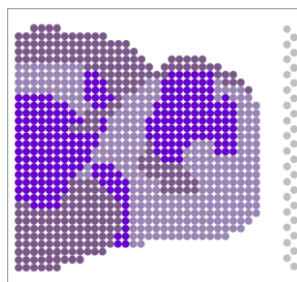
コマンド操作が必要な解析パッケージを、簡単なマウス操作可能なアプリケーションを介して代理実行することができる環境を構築いたします。

（愛媛大学内に在籍の方は、上記アプリを導入したデータ解析PCの機器利用も可能です。）

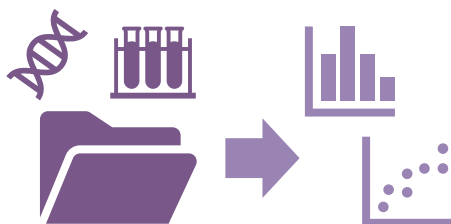
Single Cell Analysis



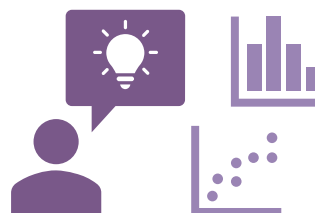
Visium Spatial Datasets Analysis



Other Bioinformatics Analysis



Original Data Analysis Tools



データ解析用アプリ

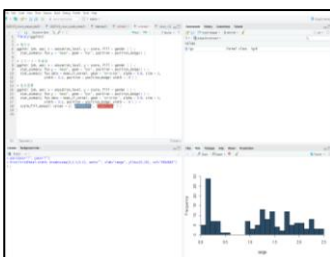
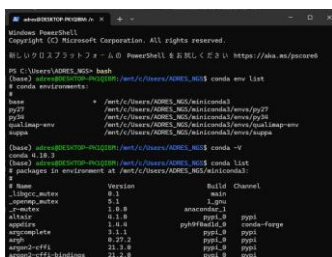
コマンド操作が必要なバイオフィーマティクス解析を
より手軽に、より簡単に

特徴

- 簡単なマウス操作で、論文での引用数最多のコマンド操作用解析パッケージを使用可能。
- 研究プロジェクトごとにカスタマイズした仕様のアプリも構築可能。
- 実行した処理の詳細（解析用コードを含む）を全て確認可能。論文中のMethodsも書きやすい。
- データ解析環境のバックアップ取得も可能。
(データ解析環境を一括バックアップ。PCのOSの種類に依存せずに復元・複製可能。)
- マウス操作での解析に慣れてきたら、中級者向けの解析アプリへの移行も可能。
- トラブルシューティング時の技術サポートも幅広く実施。

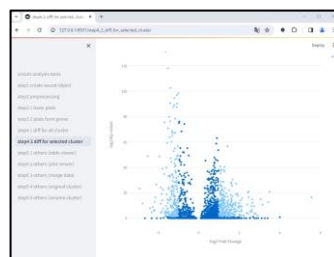
従来の解析手法

(Linuxのコマンド操作、RStudioによるRコードの実行)



データ解析アプリ

(簡単なマウス操作による解析の実行)

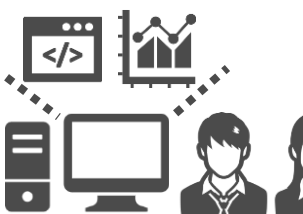


こんなお困りごとはありませんか？



引用数最多の解析アルゴリズムを使いたい。

でも、環境の準備もプログラミングコードの調査・理解が大変。
原因がわからないエラーが出たら、解決できないかも。

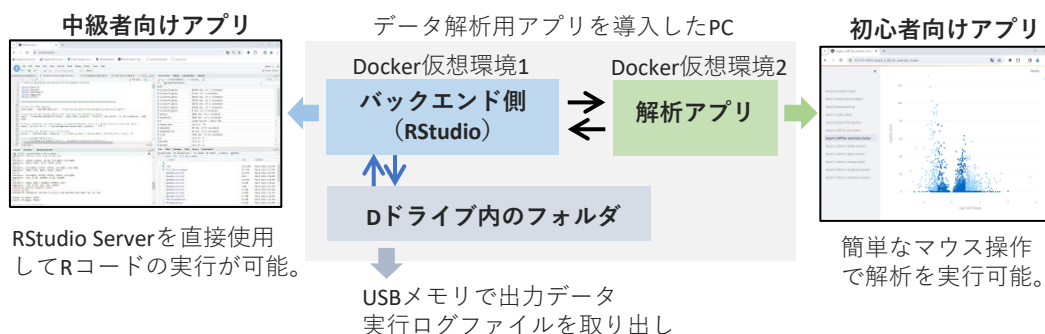


学生自身で解析できるように、解析方法を教えたい。
でも、プログラミングコードの扱い方のレクチャー、
ケアレスミスの確認が大変。
解析用PC環境が壊れたら修復がさらに大変。

データ解析アプリの導入で 解決してみませんか？

データ解析用アプリ

システム概要



このアプリは、Dockerという仮想環境構築ツールを使用して導入します。バックエンド側のアプリ（RStudio）、解析アプリの2種類のアプリを同時起動して連携することでデータ解析用アプリとしての機能を使用することができます。このアプリを導入させていただくと、初心者向けのデータ解析用アプリが使用できるだけでなく、直接バックエンド側のアプリ（RStudio）を使用していただくことも可能になります。ローカルPC内にあるデータのファイルパス（ファイルの場所）を指定してデータのインポートを行い、解析後のデータは直接ローカルPC内の指定した場所へ出力されます。表データはタブ区切りのtxtファイル、図はpngファイル、pdfファイルなどで出力されます。

データ解析アプリの種類

- シングルセル解析アプリ
- Visium空間トランスクリプトーム解析アプリ
- その他のバイオインフォマティクス解析アプリ
- ご依頼者に合わせてカスタマイズしたデータ解析アプリ

詳細は、別ページに記載しております。上記以外のアプリの構築・提供に関するご相談も受け付けております。
<https://www.adres.ehime-u.ac.jp/bioinfo/data-analysis-app/>

ご依頼方法

下記メールアドレス宛にご連絡ください。

ADRES医科学研究支援部門
技術職員 スタッフルーム
TEL：089-960-5179
ikagaku-support[@]m.ehime-u.ac.jp
※[@]を半角のアットマークに置き換えてください。

ご相談後のフローにつきましては、下記リンクをご参照ください。
<https://www.adres.ehime-u.ac.jp/bioinfo/contract-analysis/building-applications/#request-flow>

システム要件

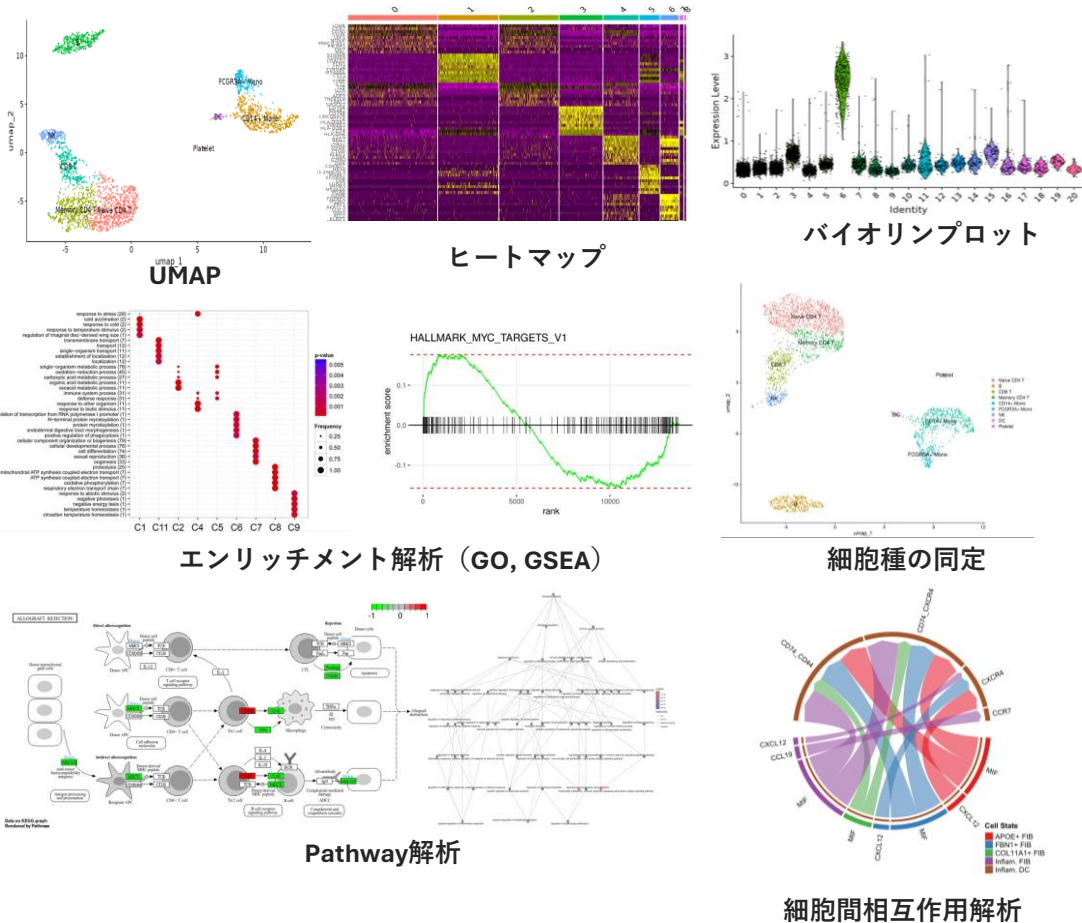
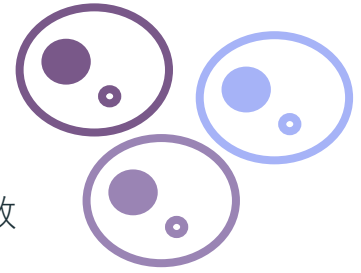
要件	説明
OS	Windows, Mac, Linuxのいずれも可
CPU	4コア以上（推奨：7コア以上）
メモリ	8GB以上（推奨：32GB程度）
ハードディスク	（推奨：1TB以上）
備考	Docker Desktopの導入が必須。 インターネット環境不要。

Docker Desktopの導入作業も含めて当部門の技術スタッフがサポートいたします。対応可能なOSのバージョンなどにつきましては、下記リンクをご確認ください。
<https://docs.docker.com/desktop/>
これからPCの購入を検討している方は、PCの推奨スペックの目安に関して、当部門から情報提供を行っております。
<https://www.adres.ehime-u.ac.jp/bioinfo/contract-analysis/technical-support/computer-specifications/1294/>

Single Cell Analysis

有名なツールを用いた解析を
より手軽に、より簡単に

シングルセル解析用アプリでは、論文での引用数の多いSeuratという解析パッケージをベースに、Rを用いた詳細解析を実行可能です。



※ 上記以外の解析機能につきましても、随時アップデート予定です。

使用している解析パッケージ

下記のRパッケージを導入済みです。
(開発段階で導入したパッケージであるため、
随時アップデートされます。)

Seurat, ggplot2, viper, dorothea, CellChat,
clusterProfiler, monocle3 など

金額・納期など

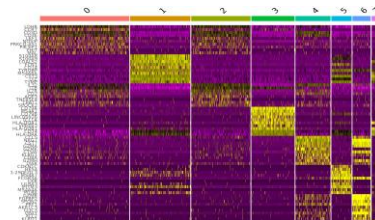
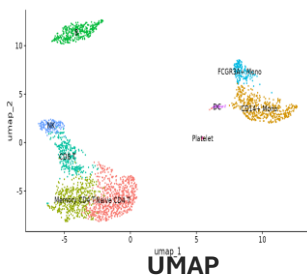
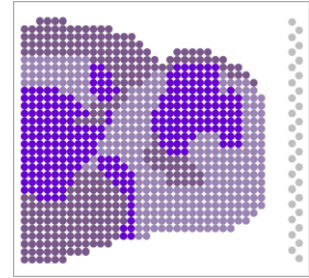
下記リンクよりご確認可能です。

<https://www.adres.ehime-u.ac.jp/bioinfo/contract-analysis/single-cell-rna-seq/959/>

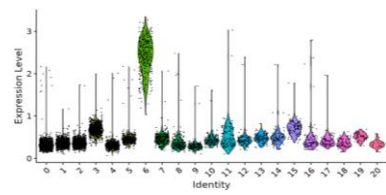
Visium Spatial Datasets Analysis

有名なツールを用いた解析を
より手軽に、より簡単に

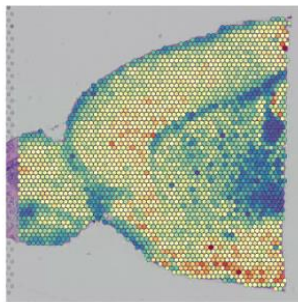
Visium解析用アプリでは、論文での引用数の多いSeuratという解析パッケージをベースに、Rを用いた詳細解析を実行可能です。



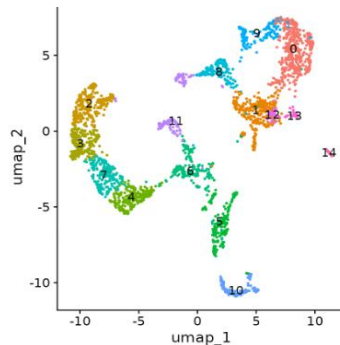
ヒートマップ



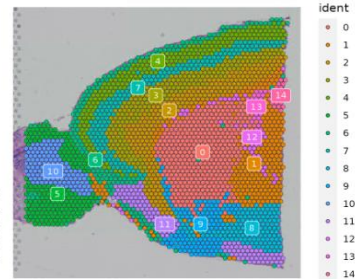
バイオリンプロット



遺伝子発現量の
可視化用プロット



UMAP、クラスターの可
視化用プロット



※ 上記以外の解析機能につきましても、随時アップデート予定です。
※ 必要に応じて、シングルセル解析アプリで使用している解析機能を追加可能です。

使用している解析パッケージ

下記のRパッケージを導入済みです。
(開発段階で導入したパッケージであるため、随時アップデートされます。)

Seurat, ggplot2など

金額・納期など

下記リンクよりご確認可能です。

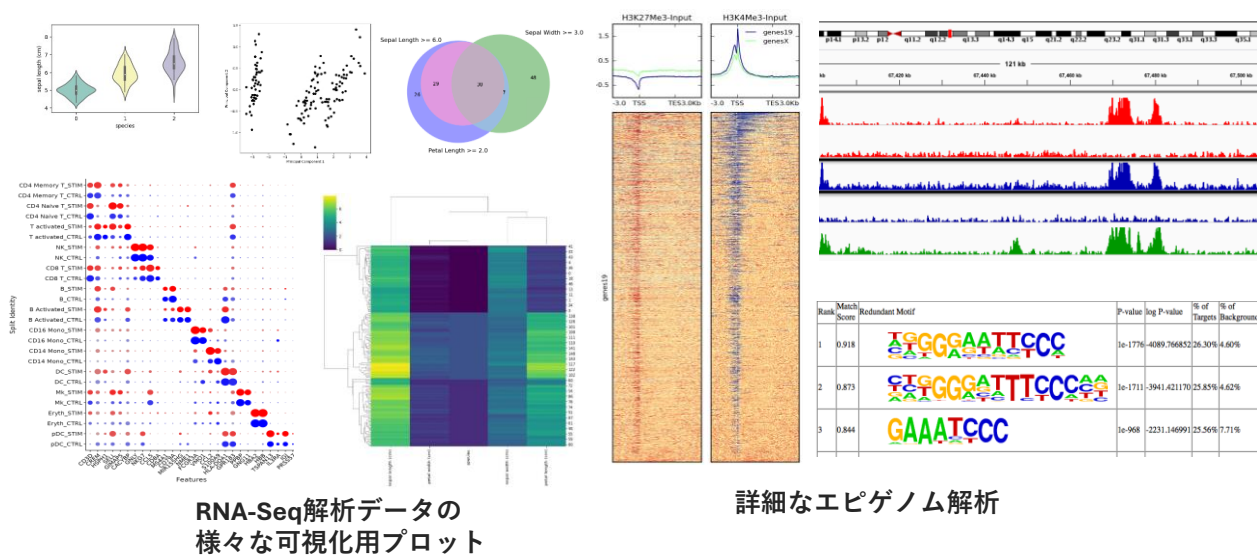
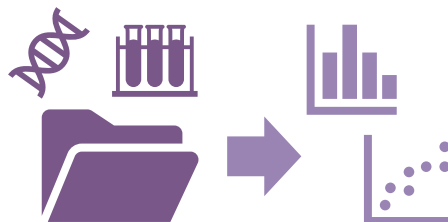
<https://www.adres.ehime-u.ac.jp/bioinfo/contract-analysis/visium-spatial-transcriptome-analysis/966/>

Other Bioinformatics Analysis

最新のツールを用いた解析を より手軽に、より簡単に

バイオインフォマティクス解析において、比較的最近の論文で紹介されている解析ツールは、コマンド操作を必要とするものが多くあります。

当部門では、ご依頼者の方のご希望に合わせて、コマンド操作の必要な解析ツールのアプリ化を実施いたします。



※上記以外の解析につきましても対応可能です。

※ローカルPC内に既に構築済みのデータ解析環境をアプリ化することも可能です。

データ解析アプリの作成例

- バルクRNA-Seq解析（遺伝子発現量の差分析）
- スプライスバリエーション解析
- ChIP-Seq解析（ATAC-Seq解析）
- 機械学習ツールを用いたncRNAの機能予測解析
- メタゲノム解析（ショットガン、16S rRNA）
- メタボローム解析（差分析）
- 多検体のRT-PCRデータの変量解析

- Linuxコマンド、UNIX、R、Python等を用いたコマンドラインベースでの解析のアプリ化
- ローカルPC内に既に構築済みのデータ解析環境をアプリ化

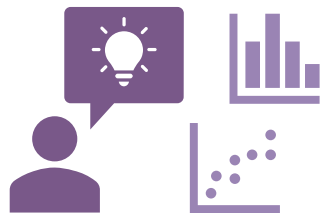
※上記以外の解析につきましてもご相談の上で対応可能です。

金額・納期など

お見積りのご相談も受け付けております。下記リンクよりお気軽にご相談ください。

<https://www.adres.ehime-u.ac.jp/bioinfo/quote-contact-us/>

Original Data Analysis Tools



研究プロジェクトに合わせて、 解析フローごとアプリ化

ご依頼者の方のご希望に合わせて、カスタマイズした仕様のアプリを作成可能です。

研究プロジェクトに沿った解析のワークフローを、一括してアプリ化しておくと、誰でも解析を実行しやすい環境になります。

(※ 解析機能の面では幅広く対応可能ですが、デザインの面ではご要望に沿えない可能性があります。)

データ解析アプリの作成例

- シングルセル解析
- Visium空間トランスクリプトーム解析
- バルクRNA-Seq解析（遺伝子発現量の差分解析）
- スプライスバリエーション解析
- ChIP-Seq解析（ATAC-Seq解析）
- 機械学習ツールを用いたncRNAの機能予測解析
- メタゲノム解析（ショットガン、16S rRNA）
- メタボローム解析（差分解析）
- 多検体のRT-PCRデータの多変量解析
- Linuxコマンド, UNIX, R, Python等を用いたコマンドラインベースでの解析のアプリ化
- ローカルPC内に既に構築済みのデータ解析環境をアプリ化

※ 上記以外の解析につきましてもご相談の上で対応可能です。

金額・納期など

お見積りのご相談も受け付けております。
下記リンクよりお気軽にご相談ください。

<https://www.adres.ehime-u.ac.jp/bioinfo/quote-contact-us/>