

バイオフィォマティクス支援分野より (1/2)

データ解析環境の構築サービスを開始いたしました

下記のようなお悩みをお持ちではありませんか？

- ▶ 最新の解析ツール（シングルセル解析、visium解析用ツール他）、ビックデータ解析用ツールを使いたいが、解析環境の準備やプログラミングコードを扱えない。
- ▶ 既存の解析用アプリをバージョン固定して使用し、その環境のバックアップも取りたい。
- ▶ 既存の解析用PCの老朽化、担当者の移動・退職等に伴い、コマンドライン解析環境の移行作業等に困っている。

当分野のデータ解析環境の構築サービスの概要

依頼者の方のご要望に合わせてカスタマイズした解析環境＋解説付コードを提供いたします。Dockerを介して解析環境を導入するため、導入先のPCのOSに依存せずに使用でき、バックアップ取得も簡易に実施可能です。

Step 1



ご要望の解析環境についてのヒアリング、見積作成を実施。（無料でお気軽にご相談可能。）

Step 2



当分野スタッフがデータ解析環境を独自にカスタマイズして作成。納期：1か月前後（※混雑状況により異なる。）

Step 3



当分野スタッフが依頼先のPCへデータ解析環境の移行作業を実施。（約3時間）

Step 4



解析環境の使い方のレクチャー（約30分程度）
質疑応答、エラー等の解消作業、コードの追加修正にも対応。

受託依頼料金について

学内受託：基本料金 5,000円＋導入費用 約3,750円＋解析コード準備 約1,025円～ = **約 9,775円～**

※ 後日対応時に下記の作業が発生する場合には、作業時間に応じて追加料金が発生します。

再度使い方説明、解析原理説明を実施：1,250円/時間

エラー解消作業：1,250円/時間

コードの追加修正作業：2,050円/時間

※ 学外受託の場合は、上記の料金の2～3倍程度の料金で実施可能です。

データ解析画面の一例（各種プロットの作図）

Jupyter Notebook形式で保存されているコードを実行するだけでOK。

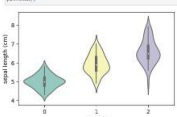
解析コードの実行ログも記録されるため、正常に解析を実行できたかどうかを後日でも確認可能。

日本語の説明書きに従ってオプションの変更、データの変更をして解析を実行可能。

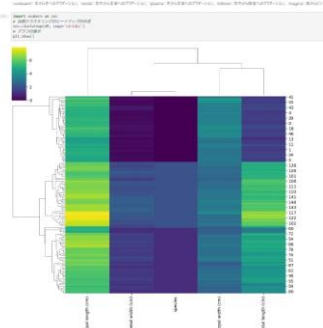
バイオリンプロットの作図

```
from sklearn.datasets import load_iris
iris = load_iris()
X = iris.data[:, :4]
y = iris.target
iris_data = pd.DataFrame(X, columns=['sepal_length', 'petal_length', 'sepal_width', 'petal_width'], index=iris.target_names)
iris_data['species'] = y

# 各群のヒストグラム
plt.figure(figsize=(10, 5))
for species in iris_data['species'].unique():
    iris_data[iris_data['species'] == species].hist()
plt.show()
```



ヒートマップの作図

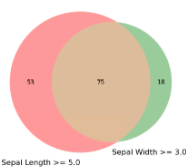


ベン図の作図 (matplotlib-venn)

```
from matplotlib_venn import venn3
import matplotlib.pyplot as plt

# 条件: sepal_length >= 5.0
group1 = set(iris_data[iris_data['sepal_length'] >= 5.0].index)
# 条件: sepal_width >= 3.0
group2 = set(iris_data[iris_data['sepal_width'] >= 3.0].index)
# 条件: petal_length >= 2.0
group3 = set(iris_data[iris_data['petal_length'] >= 2.0].index)

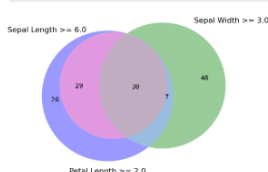
venn3([group1, group2, group3], set_labels = ('sepal_length >= 5.0', 'sepal_width >= 3.0', 'petal_length >= 2.0'))
plt.show()
```



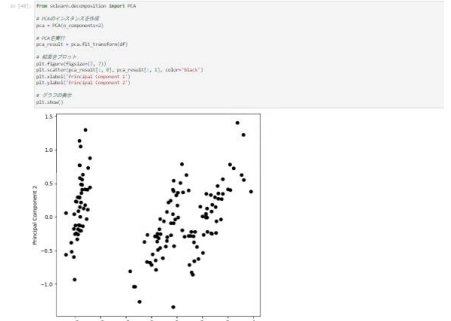
```
from matplotlib_venn import venn3
import matplotlib.pyplot as plt

# 条件: sepal_length >= 6.0
group1 = set(iris_data[iris_data['sepal_length'] >= 6.0].index)
# 条件: sepal_width >= 3.0
group2 = set(iris_data[iris_data['sepal_width'] >= 3.0].index)
# 条件: petal_length >= 2.0
group3 = set(iris_data[iris_data['petal_length'] >= 2.0].index)

venn3([group1, group2, group3], set_labels = ('sepal_length >= 6.0', 'sepal_width >= 3.0', 'petal_length >= 2.0'))
plt.show()
```



PCAプロットの作図

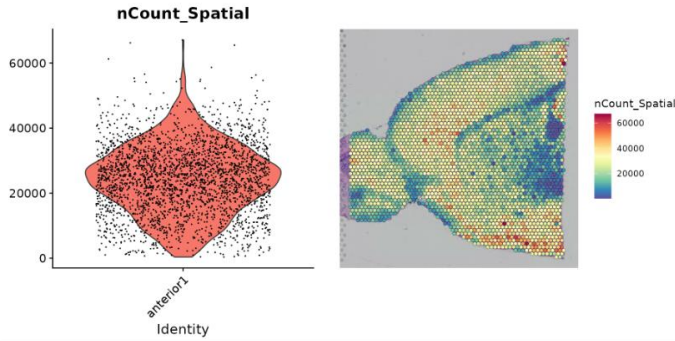


バイオフィォマティクス支援分野より (2/2)

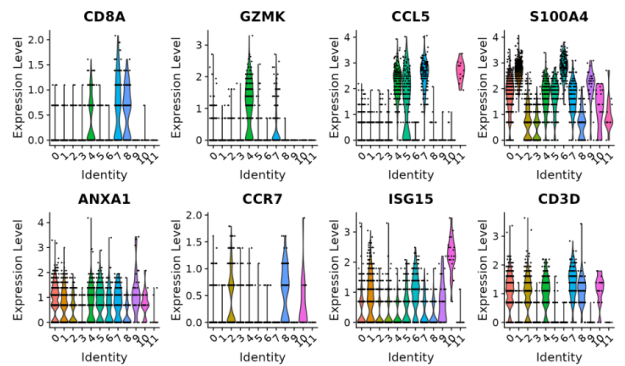
データ解析画面の一例 (visiumデータ解析、シングルセル解析)

Jupyter NotebookまたはRstudio上で解析を実行できる環境をご用意可能です。

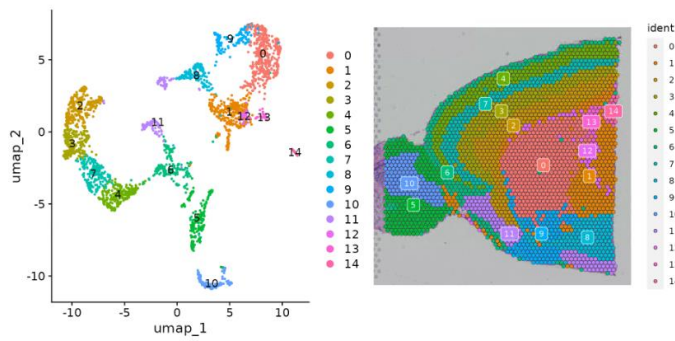
```
plot1 <- VlnPlot(brain, features = "nCount_Spatial", pt.size = 0.1) + NoLegend()
plot2 <- SpatialFeaturePlot(brain, features = "nCount_Spatial") + theme(legend.position = "right")
wrap_plots(plot1, plot2)
```



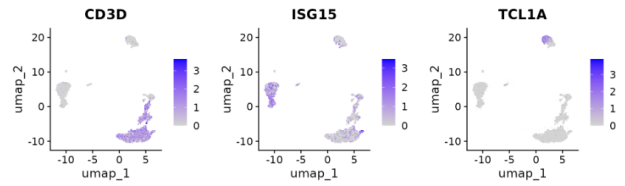
```
# These are now standard steps in the Seurat workflow for visualization and clustering
# Visualize canonical marker genes as violin plots
VlnPlot(pbmc, features = c("CD8A", "GZMK", "CCL5", "S100A4", "ANXA1", "CCR7", "ISG15", "CD3D"),
pt.size = 0.2, ncol = 4)
```



```
p1 <- DimPlot(brain, reduction = "umap", label = TRUE)
p2 <- SpatialDimPlot(brain, label = TRUE, label.size = 3)
p1 + p2
```



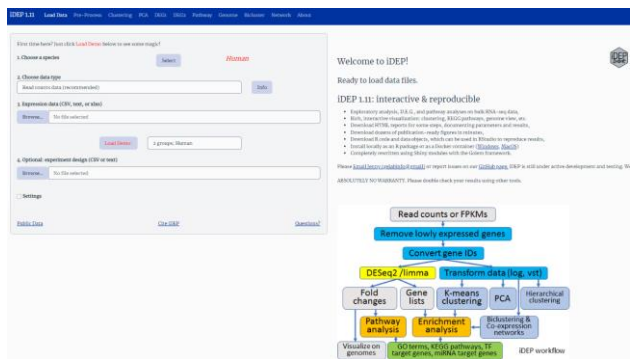
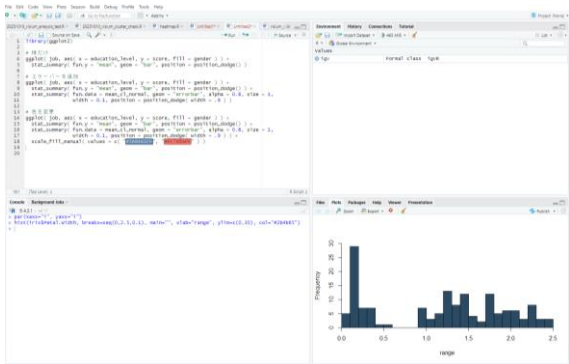
```
FeaturePlot(pbmc, features = c("CD3D", "ISG15", "TCL1A", "FCER2", "XCL1", "FCGR3A"), pt.size = 0.2,
ncol = 3)
```



既存のアプリケーションのバックアップ作成の一例 (Docker等で解析環境を作成)

デスクトップ版アプリ RStudioを
Docker版RStudio Serverへ移行した場合

遺伝子解析用WebアプリケーションであるiDEPを
Docker版iDEPへ移行し、バージョン固定を実施した場合



対応実績の一覧

- 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
- バルクRNA-Seqデータのトランスクリプトーム解析
- ChIP-Seq解析 (ATAC-Seq解析) 他

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。

- 例 多検体のqPCRデータの統計解析を実行したい。
- 例 多量の解析データを統計ソフトで一括処理したい。 他

まずはお気軽にご相談ください。

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 (内線 : 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。