

バイオアプリケーション・ バイオデータベース 利用法

How to use bioapplications and biodatabases

BIAS5で利用可能なバイオ関連ソフトウェア一覧

module whatis (module名) でアプリケーションの概要の表示が可能
module の一覧にないソフトを希望される場合はご連絡ください

次世代シーケンサデータ解析用 (For analysis of next-generation sequencer data)	hisat2, stringtie, STAR, salmon, samtools, bamtools, bedtools, bwa, RSEM, SOAP, bowtie, bowtie2, tophat, cufflinks, macs2, gatk
次世代シーケンサデータ解析用: アセンブラ (For next-generation sequencer data analysis: Assembler)	Trinityrnaseq, canu, SPAdes, velvet, abyss, allpathslg
配列類似性検索(Sequence similarity search)	blast+, fasta, blat, diamond, mmseq2, vsearch
ペアワイズアライメント(pairwise alignment)	lastz, MUMmer
マルチプルアライメント(multiple alignment)	clustalw2, clustal, muscle, mafft, t_coffee, Gblocks
遺伝子情報取得(Acquisition of genetic information)	dbget
分子生物学用ソフトウェアパッケージ (Software package for molecular biology)	EMBOSS
アセンブラー(Assembler)	CAP3, TGICL
遺伝子領域予測(Gene region prediction)	augustus, genemark, genscan, glimmer
モチーフ検索(Motif search)	interproscan, hmmer, meme
系統樹解析(Phylogenetic tree analysis)	mrbayes, njplot, paup, phylip, phyml, tree-puzzle
言語など	R, python3, ruby

module load

BIAS5のバイオアプリケーションは module コマンドで管理されています。

- 利用できるアプリケーションの module ファイルを表示

```
$ module avail
```

```
$ module avail bl # 名前が bl から始まるmoduleファイルだけを表示
```

- アプリケーションの module ファイルを読み込む

```
$ module load (module name) # 複数指定可
```

- 現在読み込んでいる module の確認

```
$ module list
```

- 読み込んでいる module を破棄

```
$ module unload (module name) # 指定した module を破棄
```

```
$ module purge # 読み込んだ module を全て破棄
```

module load

BIAS5 bio-applications are managed by the module command.

- Show available application module files

```
$ module avail
```

```
$ module avail bl # Show only module files whose names start with "bl"
```

- load the application module file

```
$ module load (module name)
```

Multiple modules can be specified

- Check currently loaded module

```
$ module list
```

- Unloading module

```
$ module unload (module name)
```

Unloading module

```
$ module purge
```

unload all modules

module load

BIAS5のバイオアプリケーションは module コマンドで管理されています。

- アプリケーションの概要の表示

```
$ module whatis
```

```
$ module whatis (module名)
```

- module の設定内容の確認

```
$ module display (module名)
```

```
module display blast+/2.12.0
```

```
module-whatismodule whatis の内容
```

```
prepend-path # 環境変数 PATH の先頭に追加
```

実行中にコンフリクトが生じた場合、
module displayを実行することで
トラブル解決につながることも

module load

BIAS5 bio-applications are managed by the module command.

- View application overview

```
$ module whatis
```

```
$ module whatis (module名)
```

- Checking module settings

```
$ module display (module名)
```

```
module display blast+/2.12.0
```

```
module-whatism # Contents of module whatism
```

```
prepend-path # Prepend to environment variable PATH
```

If a conflict occurs during execution, running module display may help resolve the problem.

BIAS5で利用可能なバイオ関連データベース一覧

List of bio-related databases available in BIAS5

項番	データベース	概要	フォーマット	更新型
1	GenBank/GenBank-upd	核酸塩基配列	フラット, DBGET	定期/日々
2	EMBL/EMBL-upd	核酸塩基配列	フラット, DBGET	定期/日々
3	RefSeq/RefSeq-upd	核酸塩基配列	フラット, DBGET, FASTA, BLAST	定期/日々
4	EST_human/EST_mouse/EST_others	核酸塩基配列	FASTA, BLAST	定期
5	NCBI nr-nt	非冗長核酸塩基配列	FASTA, BLAST	定期
6	gss	核酸塩基配列	FASTA, BLAST	定期
7	HTGS	核酸塩基配列	FASTA, BLAST	定期
8	dbsts	核酸塩基配列	FASTA, BLAST	定期
9	patnt	核酸塩基配列	FASTA, BLAST	定期
10	env_nt	核酸塩基配列	FASTA, BLAST	定期
11	pdbnt	核酸塩基配列	FASTA, BLAST	定期
12	NCBI nr-aa	非冗長アミノ酸配列	FASTA, BLAST, DIAMOND	定期
13	RefSeq-protein	タンパク質アミノ酸配列	フラット, DBGET, FASTA, BLAST, DIAMOND	定期
14	UniProt(TrEMBL, Swissprot)	タンパク質アミノ酸配列	フラット, DBGET, FASTA, BLAST, DIAMOND	日々
15	pataa	タンパク質アミノ酸配列	FASTA, BLAST	定期
16	env_nr	タンパク質アミノ酸配列	FASTA, BLAST	定期
17	pdbaa	タンパク質アミノ酸配列	FASTA, BLAST	定期
18	PDB	タンパク質立体構造	FASTA, BLAST	定期
19	kegg	遺伝子/ゲノム統合データベース	フラット, DBGET, FASTA, BLAST, DIAMOND	定期

DBGET基本コマンド binfo

binfo: データベースの情報を取得

- データベース全体の一覧を確認する

```
$ binfo
```

- 指定されたデータベースの情報を表示

```
$ binfo (DB名)
```

- 各検索ツールで利用できるデータベースを表示

```
$ binfo (dbget|fasta|blast|diamond)
```

binfoの実行例

- Blastで利用できるデータベースのリスト

```
$ binfo blast
```

- DBGETで利用できるデータベースのリスト

```
$ binfo dbget
```


DBGET primary command "binfo"

binfo: get database information

- Check the full database list

```
$ binfo
```

- Display information for the specified database

```
$ binfo (DB name)
```

- View databases available for each search tool

```
$ binfo (dbget|fasta|blast|diamond)
```

example

- List of databases available in Blast

```
$ binfo blast
```

- List of databases available for DBGET

```
$ binfo dbget
```

DBGET基本コマンド bfind

bfind: キーワード検索 (keyword search)

```
$ bfind [option] (DB名) (keyword1) (keyword2) ...
```

option: -C 大文字・小文字を区別して検索
 -W パターンマッチではなく単語区切りで検索
 -a エントリー名を ACCESSION [ID] で出力
 -n 出力で DB名 を表示しない
 -l (数字) 出力件数を制限

bfindの実行例

```
$ bfind swissprot human interleukin
```

swissport というDBからhumanとinterleukinの両方の情報を持つものを検索する

DBGET primary command "bfind"

bfind: keyword search

```
$ bfind [option] (DB) (keyword1) (keyword2) ...
```

option: -C Insist on the case sensitive search
 -W Indicates word matching.
 -a dbname:accession entry [accession] title
 -n entry [accession] title
 -l (number) Specify number of displaying result.(>0)

example

```
$ bfind swissprot human interleukin
```

Search swissport DB for items with both human and interleukin information

DBGET基本コマンド bget

bget: 配列データの取得

```
$ bget [option] (DB名):(ID1) ...
```

```
$ bget [option] (DB名) (ID1) (ID2) ...
```

option: -f FASTAフォーマットで配列を出力

 -n アミノ酸配列/塩基配列のみ出力する (-f オプションも利用する)

bgetの実行例

```
$ bget hsa:51341
```

```
$ bget -f hsa:51341       # 配列を取得
```

```
$ bget -f -n a hsa:51341   # アミノ酸配列のみを取得
```

```
$ bget -f -n n hsa:51341   # 塩基配列のみを取得
```

DBGET primary command "bget"

bget: get array data

```
$ bget [option] (DB name):(ID1) ...
```

```
$ bget [option] (DBname) (ID1) (ID2) ...
```

option: -f Print sequences by FASTA format.
 -n Print particular sequence(s) specified with <sequence number>.
 -n option is valid only if used with -f.

example

```
$ bget hsa:51341  
$ bget -f hsa:51341          # get array  
$ bget -f -n a hsa:51341    # Get amino acid sequence only  
$ bget -f -n n hsa:51341    # Get base sequence only
```

バイオデータベースの置き場所・フォーマット

Location and format of biodatabase

ディレクトリ directory	内容 summary
/bio/ftp/(DB name)/	FTPでダウンロードしたファイル (Files downloaded by FTP) (* /bio/ftp/licenced/ (KEGG)はアクセス不可) (* /bio/ftp/licenced/ (KEGG) is inaccessible)
/bio/db/ideas/(DB name)/	フラットファイル DBGET検索用インデックスファイル(.cdb, .tit) (Index file for DBGET search (.cdb, .tit)) (* KEGG関係のDBはアクセス不可) (* DB related to KEGG cannot be accessed)
/bio/db/fasta/(DB name)/	BLAST/FASTA検索用DBファイル (DB file for BLAST/FASTA search)
/bio/db/diamond/(DB name)/	DIAMOND検索用DBファイル (DB file for DIAMOND search)
/bio/db/iproscan/(DB name)/	InterProScan検索用DBファイル (DB file for InterProScan search)
/bio/db/blast/db/	全BLAST/FASTA検索用DBファイルへのシンボリックリンク (Symbolic link to DB files for searching all BLAST/FASTA) 環境変数 BLASTDB に設定済み (Set in environment variable BLASTDB)
/bio/db/diamond/db/	全DIAMOND検索用DBファイルへのシンボリックリンク (Symbolic link to DB file for searching all DIAMOND)
/bio/db/igenomes/	イルミナゲノムズのDB (Illumina Genomes DB)

/bio/ftp にあるミラー Mirror at /bio/ftp

データベース DB	概要 summary	ディレクトリ directory	URL
NCBI taxonomy	生物種分類 Species classification	/bio/ftp/taxonomy/	ftp.ncbi.nih.gov/pub/taxonomy/
NCBI genomes	ゲノム genome	/bio/ftp/genomes/	ftp.ncbi.nih.gov/genomes/
NCBI Conserved Domain	タンパク質ドメイン構造 protein domain structure	/bio/ftp/cdd/	ftp.ncbi.nih.gov/pub/mmdb/cdd/
InterProScan DB	InterProScan用 for InterProScan	/bio/ftp/iprscan/	ftp.ebi.ac.uk//pub/databases/interpro/iprscan/
Ensemble	ゲノム genome	/bio/ftp/ensembl/	ftp.ensembl.org/pub/currnet_*/
Illumina iGenomes	ゲノム genome	/bio/ftp/Illuminalgenomes/	https://support.illumina.com/sequencing/sequencing_software/igenome.html