

Biologia: Chipster (wycofana)



Usługa Biologia: Chipster została wycofana

Krótki opis usługi

Usługa jest przeznaczona dla biologów oraz bioinformatyków.

Chipster jest implementacją popularnego środowiska zarządzania zadaniami pozwalającego na uproszczone uruchamianie analiz bioinformatycznych na zasobach obliczeniowych PLGrid. W ramach usługi szczególny nacisk położony został na udostępnienie możliwie dużej liczby narzędzi związanych z analizą danych pochodzących z eksperymentów opartych o metody wysokoprzepustowego sekwencjonowania. Wykonywanie analiz z użyciem Chipster oparte jest o wygodny interfejs dostępny w formie aplikacji Java, pozwalający na intuicyjne zarządzanie danymi, narzędziami oraz wynikami. Wbudowane moduły wizualizacji pozwalają na przejrzystą i efektywną analizę wyników.

Aktywowanie usługi

Aby skorzystać z usługi **Chipster**, należy mieć aktywne [konto w Infrastrukturze PLGrid](#) oraz aktywną [afiliację](#).

Do usługi **Chipster** może uzyskać dostęp każdy użytkownik PLGrid, który jest użytkownikiem usługi **Molecular Biology Data Analysis Toolkit**. W celu uzyskania dostępu do tej usługi należy po zalogowaniu się w [Portal PLGrid](#) w lewym menu wybrać zakładkę **Usługi**. Po przejściu do tej zakładki należy kliknąć zielony przycisk **Zarządzaj usługami**, znajdujący się w prawym górnym rogu. Spowoduje to przejście do [Katalogu Aplikacji i Usług](#) (KAiU), gdzie należy wyszukać usługę **Molecular Biology Data Analysis Toolkit**, a następnie o nią aplikować.

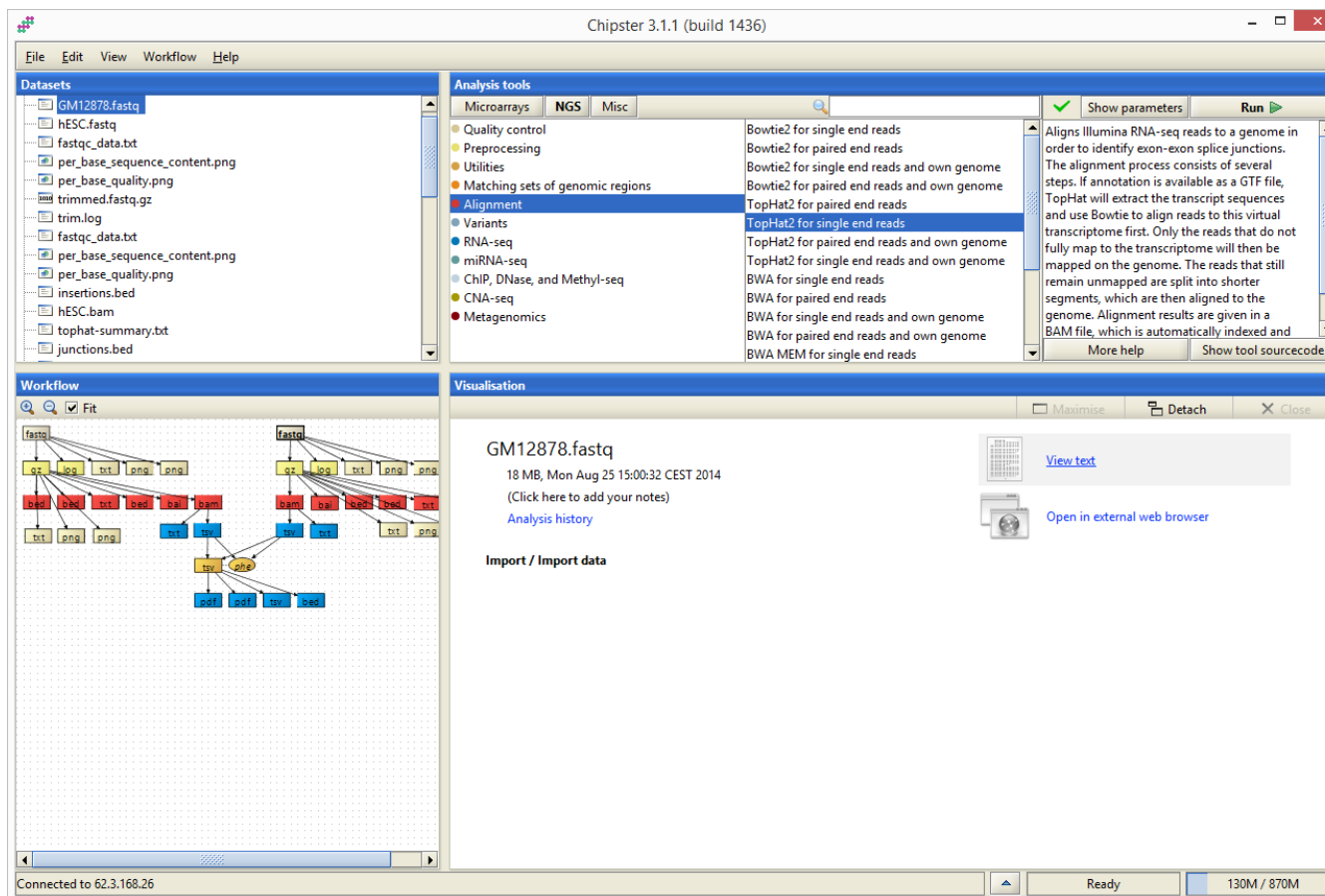
Przyznanie usługi następuje automatycznie. Gdy usługa zostanie przyznana, pojawi się na liście usług w portalu PLGrid ze statusem „active” Status usługi będzie również widoczny w KAiU jako *”Status użytkownika: Usługa aktywna — usługa dostępna dla użytkownika”*.

Pierwsze kroki

Uruchomienie usługi

Usługa Chipster składa się z aplikacji klienckiej Chipster oraz oprogramowania zainstalowanego na serwerach obliczeniowych PLGrid. Aplikacja kliencka służy do uruchamiania oraz zarządzania zadaniami obliczeniowymi które uruchamiane są na serwerach obliczeniowych PLGrid. Z tego względu uruchomienie aplikacji **Chipster** możliwe jest na każdym komputerze wyposażonym w przeglądarkę internetową oraz środowisko Java Web Start. Usługa dostępna jest poprzez portal [MBDAT](#) bądź pod adresem: <http://chipster.biologia.plgrid.pl>. Na wskazanej stronie należy wcisnąć link **launch Chipster**. Alternatywnie, można również wybrać wersję aplikacji klienckiej możliwą do zastosowania na komputerach o większej ilości pamięci RAM: 3 lub 6 GB. Po wciśnięciu linku pobrany zostanie plik startowy aplikacji **chipster.jnlp**. Pobrany plik należy uruchomić za pomocą Java Web Start. Podczas uruchamiania aplikacji klienckiej nastąpi monit o zalogowanie z użyciem danych konta PLGrid.

Organizacja interfejsu



Interfejs aplikacji Chipster podzielony jest na 4 obszary: **Datasets**, **Workflow**, **Analysis tools** oraz **Visualisation**. W obszarach **Datasets** oraz **Workflow** możliwe jest śledzenie wyników analiz oraz wskazywanie plików, na których mają być uruchomione narzędzia dostępne w obszarze **Analysis tools**. Ostatni z obszarów, **Visualisation**, służy do wyświetlania informacji o wybranym pliku/wyniku oraz do wyświetlania jego wizualizacji.

Aktualizacja wersji Chipster

Usługa Chipster będzie aktualizowana zgodnie z dostępnością nowych wersji aplikacji. Po aktualizacji wersji, niezbędne jest pobranie nowej wersji aplikacji klienckiej ze strony <https://chipster.biologia.plgrid.pl> (link **Launch Chipster**).

Praca z sesjami zdalnymi (dostępna od wersji 3.6)

W wersjach Chipster poniżej 3.6 praca wymagała utrzymywania połączenia aplikacji klienckiej uruchamianej na komputerze użytkownika z serwerem obliczeniowym. Błędy w połączeniu objawiały się utratą śledzenia postępów obliczeń co prowadziło do sytuacji, kiedy zakończone obliczenia dla użytkownika widoczne były jako trwające. Chipster w wersji 3.6 wprowadził możliwość zapisywania sesji na serwerze - **Cloud Session**. Umożliwia to nie tylko przechowywanie wszystkich plików wsadowych i wynikowych na serwerze, ale również kontynuację obliczeń po utracie połączenia aplikacji klienckiej z serwerem, a nawet po jej wyłączeniu. Aby skorzystać z tej opcji należy:

1. Aby zapisać sesję na serwerze, w dowolnym momencie należy z menu **File** wybrać opcję **Save Cloud Session**.
2. Po zapisaniu sesji można zamknąć aplikację kliencką.
3. Aby powrócić do zapisanej sesji należy po uruchomieniu wybrać z menu **File** opcję **Open Cloud Session**. Po wybraniu odpowiedniego pliku spowoduje to załadowanie wcześniej zapisanej sesji.
4. Jeśli sesja zostanie zapisana w momencie kiedy aktywne są obliczenia (**Running Jobs** w prawym rogu dolnego paska stanu aplikacji), pozostaną one nadal aktywne, a ich wyniki po ukończeniu będą widoczne po ponownym załadowaniu zapisanej sesji. Opcja ta jest zalecana, kiedy zlecane są długotrwałe obliczenia.
5. Ilość przestrzeni dyskowej na zapisane sesje jest ograniczona. Prosimy o rozsądne gospodarowanie miejscem. Niepotrzebne sesje można usuwać za pomocą **File -> Manage Cloud Sessions**.
6. Przestrzeń dyskowa dostępna w ramach sesji zdalnych **nie posiada kopii zapasowej!** Zalecamy tworzenie kopii istotnych danych poprzez lokalne zachowywanie sesji lub poszczególnych plików na komputerze użytkownika.

Przykładowy scenariusz użycia: analiza danych RNA-seq

1. Pobierz, a następnie załaduj do **Chipster** (używając polecenia **File -> Import files**) pliki:

[adrenal_1.fastq](#)
[adrenal_2.fastq](#)
[brain_1.fastq](#)
[brain_2.fastq](#)
[chr19_hg19.bed](#)
[chr19_iGenomes_GRCh37.gtf](#)

2. Mapowanie odczytów do genomu referencyjnego. Narzędzie: **Alignment -> Bowtie2 for paired end reads**. Przed wyborem narzędzia i parametrów zaznacz pliki **adrenal_1.fastq** oraz **adrenal_2.fastq**. Wybieramy narzędzie i parametry:

- Genome: Homo_sapiens.GRCh37.75
- No 1 mate reads: plik zawierający odczyty „forward” (zazwyczaj z ‘_1’ albo ‘f’ w nazwie): **adrenal_1.fastq**
- No 2 mate reads: plik zawierający odczyty „reverse” (zazwyczaj z ‘_2’ albo ‘r’ w nazwie): **adrenal_2.fastq**

Powtórz procedurę dla plików **brain_1.fastq** i **brain_2.fastq**. Przejrzyj dostępne wizualizacje plików wynikowych. W wizualizacji genome browser należy wybrać ten sam genom, który był użyty do mapowania. Dane są dostępne dla rejonu: Chr19:3000000:3500000.

3. Analiza jakości mapowania. Narzędzie: **Quality Control -> RNA-seq quality metrics with RseQC**. Narzędzie należy uruchomić na pliku BAM uzyskanym z mapowania w poprzednim kroku oraz załadowanym pliku **chr19_hg19.bed**. Przeanalizuj otrzymane wykresy oraz informacje diagnostyczne.

4. Zliczanie ilości odczytów zmapowanych w obrębie genów. Narzędzie **RNA-seq -> Count aligned reads per genes with HTseq-count**.

Uruchamiamy dla plików bam uzyskanych z mapowania paired-end z użyciem bowtie2. Parametry:

- Reference organism: Homo_sapiens.GRCh37.75
- Does the BAM file contain paired-end data: yes
- Was a data produced with a strand-specific protocol: yes

5. Zdefiniowanie układu eksperymentalnego. Narzędzie: **Utilities -> Define NGS experiment**. Uruchamiamy na plikach **htseq-count.tsv** z poprzedniego kroku (zaznaczyć oba przed uruchomieniem). W opcjach należy zaznaczyć kolumnę zawierającą zliczenia w obrębie plików wybranych do analizy, w naszym przypadku „count”. Po uruchomieniu powstaje tabela łącząca zliczenia z obu plików oraz plik **phenodata.tsv**. Plik ten należy zaznaczyć i w oknie wizualizacji wybrać **Phenodata editor**. Teraz należy przyporządkować próbki do grup eksperymentalnych. W naszym przypadku nie mamy replikatów, więc sample001.tsv opisujemy w kolumnie „group” jako „adrenal”, natomiast sample0002.tsv jako „brain” i naciskamy „close”.

6. Testowanie statystyczne genów pod względem różnicowej ekspresji. Narzędzie: **RNA-seq -> Differential expression using edgeR**.

Narzędzie uruchom na plikach otrzymanych w poprzednim kroku. Parametry pozostaw domyślne. Przeanalizuj wykresy diagnostyczne oraz listę genów ulegających statystycznie istotnej różnicowej ekspresji.

Gdzie szukać dalszych informacji?

Szczegółowe informacje o użytkowaniu infrastruktury PLGrid znajdują się w [Podręczniku Użytkownika](#).

Szczegółowa dokumentacja Chipster wraz z przykładowymi sesjami znajduje się na stronie: <http://chipster.csc.fi/manual/>

Informacje o usługach dziedzicznych *Biologia* dostępne są na stronie: <http://biologia.plgrid.pl/>

Uzyskanie informacji/helpdesk PLGrid: [dokumentacji o pomocy](#)