



## **Платформа BioUML. Как начать работать.**

BioUML (Biological Universal Modeling Language) — это Java-платформа для совместного воспроизводимого анализа омиксных данных и визуализации биологических и медицинских данных. Она предоставляет большой набор различных методов анализа, как самостоятельно разработанных, так и реализованных с использованием литературных данных. Интеграция с R/Bioconductor и Galaxy позволила предоставить пользователю значительно расширенный набор методов.

Это краткое руководство познакомит вас с основными процедурами и основами работы в BioUML.

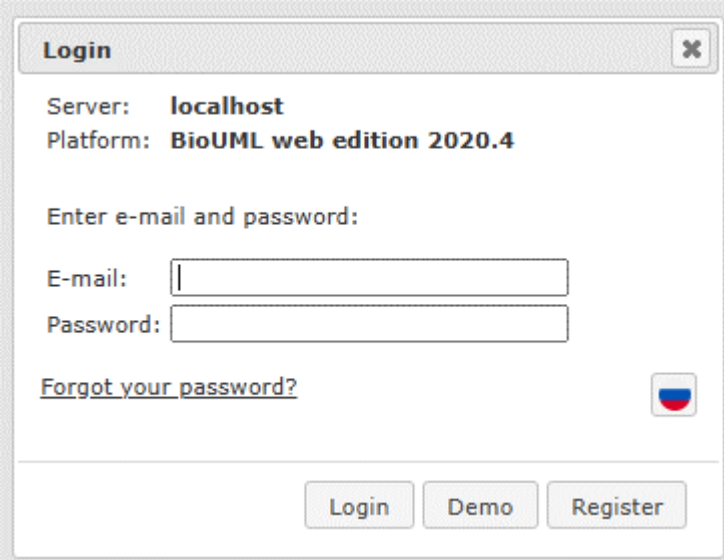
Основные темы, освещенные в этом руководстве:

- ✓ Доступ к BioUML
- ✓ Как организована платформа BioUML
- ✓ Как работать с платформой BioUML
- ✓ Как организовать данные проекта пользователя
- ✓ Как загрузить данные пользователя
- ✓ Как открыть/удалить файл
- ✓ Какие виды анализа доступны

## Доступ к BioUML

Доступ к BioUML предоставляется как зарегистрированным пользователям, так и доступен демо-доступ без регистрации.

После сборки и подготовки BioUML, описанных в «Инструкция\_сборка и запуск BioUML.pdf», запустите программу, используя адрес <http://localhost:8080/bioumlweb/> в вашем браузере. Появится небольшое окно, представленное на рисунке ниже.



The screenshot shows a web browser window titled "Login". The window content includes the following elements:

- Server: localhost
- Platform: BioUML web edition 2020.4
- Enter e-mail and password:
- E-mail:
- Password:
- [Forgot your password?](#)
- A small icon of the Russian flag.
- Buttons: Login, Demo, Register

Вы можете воспользоваться кнопкой с изображением флага Российской Федерации для русификации основных полей программы (окно изменится и примет вид как на рисунке ниже) или оставить английский язык. Использование английского языка обусловлено тем, что это международный научный язык.


**Вход** ✕

Сервер: **localhost**  
Платформа: **BioUML web edition 2020.4**

Введите e-mail и пароль:

E-mail:

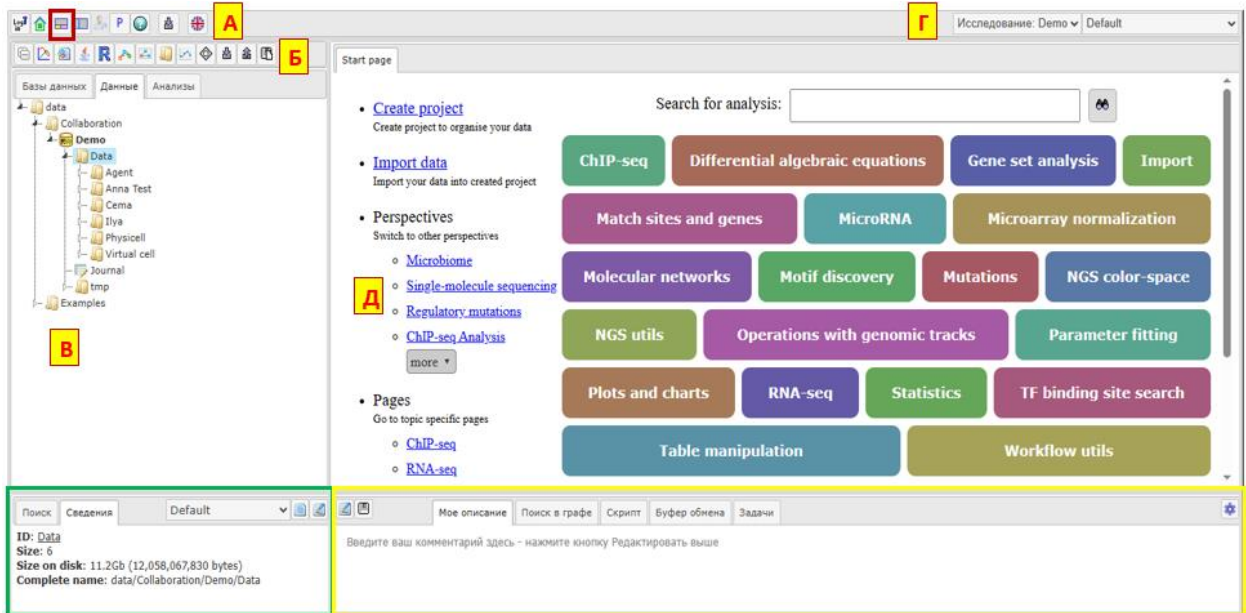
Пароль:

[Забыли пароль?](#) 

Для оценки ПО можно воспользоваться режимом «Демо». Также возможен вход ранее зарегистрированных пользователей, указав адрес электронной почты (логин) и пароль, или же зарегистрироваться.

## Как организована платформа BioUML

При первом входе в платформу BioUML открывается окно, содержащее следующие области А-Д:



Область А – общая панель управления (панель инструментов), отображает контекстно-зависимый набор иконок для доступных операций. Кнопка «Переключить режим пользовательского интерфейса» (красная рамка) скроет две нижние панели: зеленая - для поиска и краткой информации о выбранной папке или файле, оранжевая - поле операции для расширенного описания (если доступно), поиска по графику, применения скриптов (Javascript, R или Math), буфера обмена и мониторинга обработки задач.

Область А также содержит следующие кнопки: Выход из системы, Стартовая страница, Переключить репозиторий (боковая панель), Информация об учетной записи, Свойства проекта, Помощь, Импорт, Переключить язык.

Область Б - это динамическая панель, содержащая кнопки, необходимые для работы с открытой папкой.

Область В - это поле, которое содержит четыре главы: «Базы данных» (список баз данных, доступных пользователю, «Данные» (дерево папок, доступных пользователю - репозиторий), «Анализы» (набор полезных методов и реализованных алгоритмов) и «Пользователи» (информация о пользователях, присутствующих на сервере в данный момент). Каждая глава содержит структуру древовидного типа.

Панель Г - это поле объединяет два раскрывающихся меню: «Исследования» и «Перспективы». Первое из них позволяет выбрать доступные исследовательские проекты

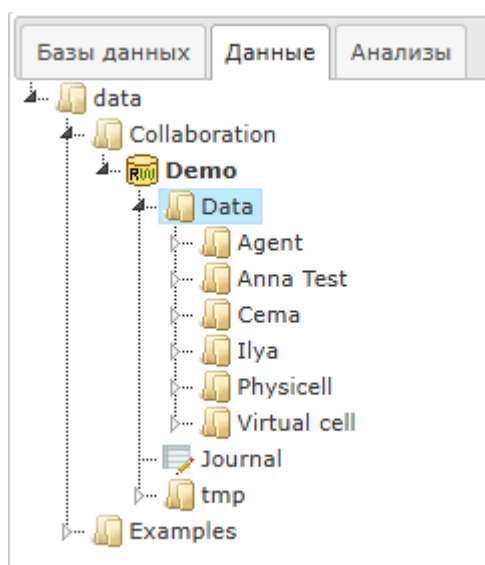
(новый можно создать с помощью «Создать проект» (Create project) на стартовой странице или в «Информации об учетной записи»). Второе определяет наборы инструментов и опций, полезных для анализа различных типов данных (Default на рисунке выше).

Поле Д - рабочее пространство пользователя. С перспективой, выбранной по умолчанию, пользователь получает предложения по созданию проекта, импорту данных, выбору других доступных перспектив и посещению специальных страниц на платформе BioUML с выбранными наборами методов и алгоритмов, например, для анализа данных ChIP-seq и RNA-seq.

## Как работать с платформой BioUML

Прежде чем начать работу с BioUML, пользователь должен создать свой собственный проект, используя «Создать проект» на стартовой странице.

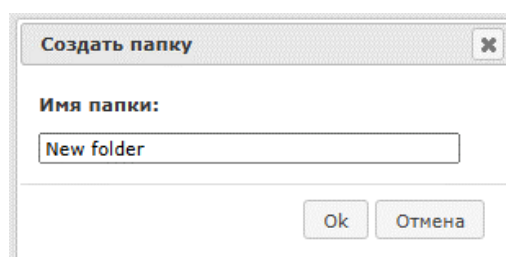
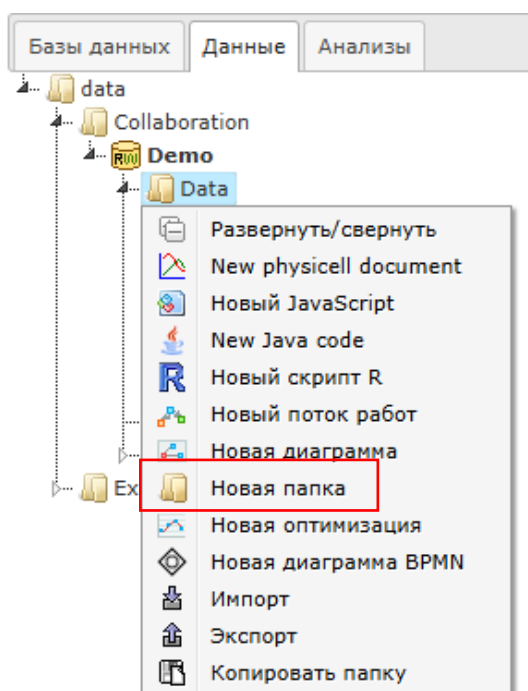
Когда вы впервые используете BioUML, вы увидите активную вкладку «Данные», содержащую раскрытую папку Collaboration (Сотрудничество) и свернутую Examples (Примеры). Каждую папку можно открыть двойным щелчком левой кнопки мыши или нажатием черного треугольника слева.



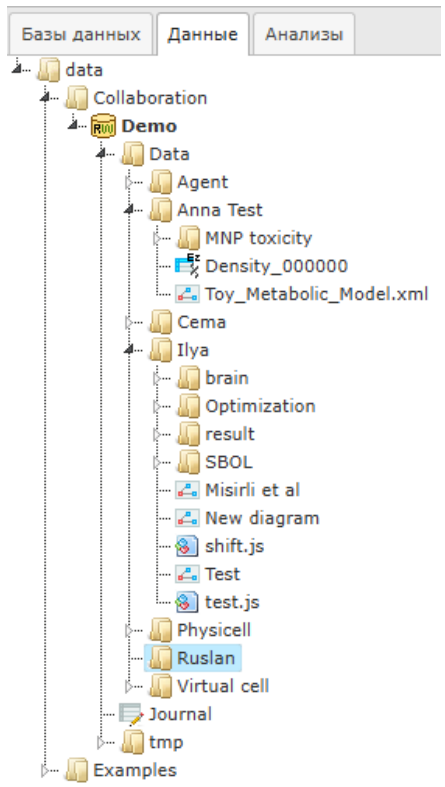
Папки проектов пользователя размещаются в папке «Collaboration» (на рисунке выше в подпапке Demo, далее Data). Каждая папка проекта (например, Demo) имеет автоматически сгенерированную структуру: папку Data для загрузки и хранения данных пользователя и tmp, а также файл журнала Journal, содержащий записи обработки данных.

## Как организовать данные проекта пользователя

В папке пользовательского проекта (например, Demo, см. ниже) автоматически сгенерированная папка Data доступна для хранения результатов анализа, скриптов и т. д. Чтобы создать дополнительные папки, щелкните правой кнопкой мыши на названии папки, откроется меню, в котором можно выбрать «Новая папка» (см. ниже), после чего появится шаблон, в котором надо задать имя новой папки.



На рисунке ниже приведены примеры раскрытых папок пользователей Anna Test и Шуа, демонстрирующие внутреннее их устройство по мере накопления файлов пользователей.





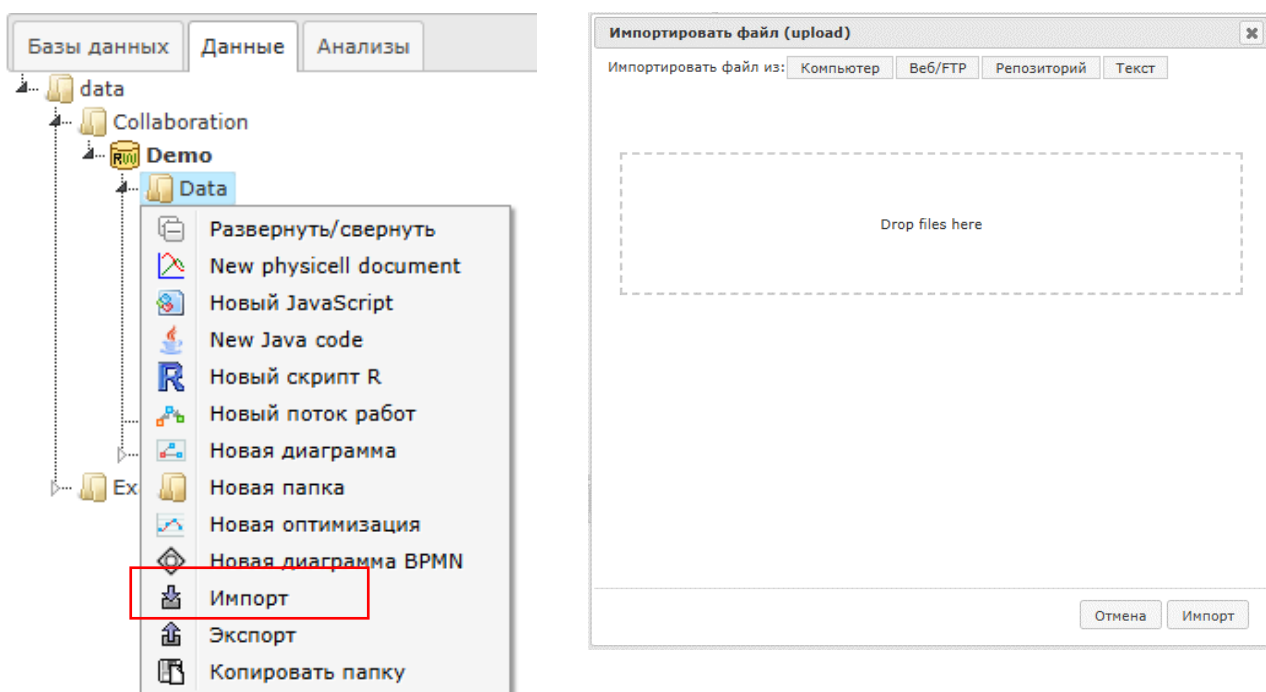
## Как загрузить данные пользователя

Пользовательские данные можно загрузить/импортировать тремя способами:

1. Найдите папку Data и щелкните по ней правой кнопкой мыши; затем нажмите «Импорт», откроется окно «Импортировать файл (upload)».

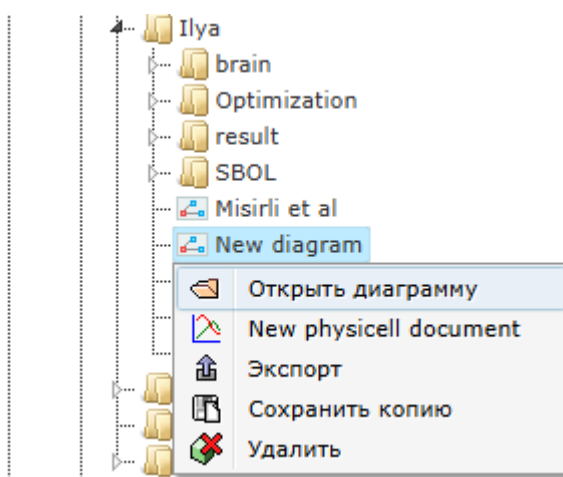
Существует четыре различных варианта загрузки согласно источникам файлов: «Компьютер» (выберите файл с компьютера), «Веб/FTP» (используйте HTTP или FTP-адрес для доступа к файлу для загрузки), «Репозиторий» (для импорта файла, который был ранее загружен в репозиторий) или «Текст» (введите или вставьте содержимое файла в текстовую область).

После выбора источника файлов нажмите кнопку «Импорт», чтобы начать процедуру загрузки. Указанные файлы появятся в папке.



## Как открыть/удалить файл

Все инструменты, методы или алгоритмы BioUML, а также сценарии рабочих процессов, потребуют входной файл из дерева репозитория (вкладка Данные, папка пользователя). Для открытия файла для просмотра необходимо дважды кликнуть по выбранному файлу – это откроет его в рабочем пространстве пользователя справа. Клик правой кнопкой мыши по файлу также предоставит способ открытия, например, «Открыть диаграмму» (см. рисунок ниже).



Если пользователь хочет удалить файлы, то есть два способа: использовать кнопку Delete на клавиатуре пользователя или контекстное меню и опцию «Удалить» (см. рисунок выше).

Таблица — это распространенный тип пользовательских данных в BioUML. Она содержит строки и столбцы. После импорта или генерации содержимое таблицы сортируется в соответствии со значениями одного из ее столбцов. Столбец по умолчанию, определенный для сортировки, обычно является столбцом ID (см. рисунок ниже).

Пользователь может сортировать таблицу по значениям любого столбца в порядке возрастания или убывания, нажав на стрелку, направленную вверх или вниз, в верхней части этого столбца соответственно (серые стрелки вверх/вниз для каждого из столбцов).

Если таблица довольно большая, то будет отображаться корректируемая информация в поле Page с указанием номера страницы и из скольки возможных страниц. Поэтому пользователь увидит счетчик вида «Страница 1 из 11», а также кнопки First (перейти на 1-ю страницу), Previous («Предыдущая»), Next («Следующая») и Last («Последняя»). Номер необходимой страницы можно ввести вручную с клавиатуры, подтвердив нажатием кнопки

«Ввод». Все эти опции позволят перемещаться по большой таблице.

Start page Density\_000000 X

8438 First Previous Page 1 of Showing 1 to 50 of 421,875 entries Show 50 entries

ID	X	Y	Z	immunostimulatory factor	oxygen
0	10	10	10	0	38
1	30	10	10	0	38
10	210	10	10	0	38
100	510	30	10	0	38
1000	510	270	10	0	38
10000	510	1170	30	0	38
100000	510	1170	350	0	38
100001	530	1170	350	0	38
100002	550	1170	350	0	38
100003	570	1170	350	0	38
100004	590	1170	350	0	38
100005	610	1170	350	0	38
100006	630	1170	350	0	38
100007	650	1170	350	0	38
100008	670	1170	350	0	38
100009	690	1170	350	0	38
10001	530	1170	30	0	38
100010	710	1170	350	0	38
100011	730	1170	350	0	38
100012	750	1170	350	0	38
100013	770	1170	350	0	38
100014	790	1170	350	0	38
100015	810	1170	350	0	38
100016	830	1170	350	0	38
100017	850	1170	350	0	38
100018	870	1170	350	0	38
100019	890	1170	350	0	38
10002	550	1170	30	0	38
100020	910	1170	350	0	38
100021	930	1170	350	0	38
100022	950	1170	350	0	38
100023	970	1170	350	0	38

## Какие виды анализа данных доступны

В области дерева папок (область В, страница 4) пользователь может найти вкладку «Анализы», кликнув на которую, он получает доступ к дереву папок, включая папку Methods («Методы»), содержащую подпапки с реализованными в BioUML методами биоинформатического анализа данных. Двойной щелчок по выбранному методу, например, метаанализ данных (Meta analysis) откроет маску ввода в рабочем поле пользователя (см. ниже), где ему будет предложено выбрать входную таблицу(ы)/файл (Tables), настроить параметры анализа и местоположение, а также имя выходной таблицы/файла (Output table). После настройки анализ запускается нажатием кнопки «Запустить».

