**Bioconductor介绍小组**

**一、小组成员**

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| 组员 | 邮箱 | 工作内容 |
| 范仕杰（组长） | S18-fanshijie@simm.ac.cn | 汇报展示、协调工作、refine data |
| 高政圆 | zygao@ion.ac.cn | Bioconductor安装、调试的尝试、代码出图 |
| 曹芹 | s18-caoqin@simm.ac.cn | ppt制作、电子书查询 |
| 林欣 | linxin2018@sibs.ac.cn | Bioconductor官方网站调研、Bioconductor相关学习资料调研（国外内容） |
| 郭双琴 | guoshuangqin@sippe.ac.cn | Bioconductor相关学习资料调研（国内内容） |

**二、主要参考资料以及补充材料**

**1. Bioconductor官方网站**

<http://www.bioconductor.org>

（1）BioCon介绍内容来自于官网介绍页面

<http://www.bioconductor.org/about/>

Bioconductor is an open source, open development software project to provide tools for the analysis and comprehension of high-throughput genomic data. It is based primarily on the R programming language.

The Bioconductor release version is updated twice each year, and is appropriate for most users. There is also a development version, to which new features and packages are added prior to incorporation in the release. A large number of meta-data packages provide pathway, organism, microarray and other annotations.

The Bioconductor project started in 2001 and is overseen by a core team, based primarily at Roswell Park Cancer Institute, and by other members coming from US and international institutions. A Technical Advisory Board of key participants meets monthly to support the Bioconductor mission by developing strategies to ensure long-term technical suitability of core infrastructure, and to identify and enable funding strategies for long-term viability. A Scientific Advisory Board including external experts provides annual guidance and accountability.

主要目标也取自同一个页面

The broad goals of the *Bioconductor* project are:

* To provide widespread access to a broad range of powerful statistical and graphical methods for the analysis of genomic data.
* To facilitate the inclusion of biological metadata in the analysis of genomic data, e.g. literature data from PubMed, annotation data from Entrez genes.
* To provide a common software platform that enables the rapid development and deployment of extensible, scalable, and interoperable software.
* To further scientific understanding by producing high-quality [documentation](http://www.bioconductor.org/help/package-vignettes/) and reproducible research.
* To [train](http://www.bioconductor.org/help/course-materials/) researchers on computational and statistical methods for the analysis of genomic data.

（2）安装方法来自于

<http://www.bioconductor.org/install/>

由本小组成员实际尝试安装，确认方法可行。因为之前BioCon安装是要source的（语出范仕杰），现在改换了安装方法。所以需要注意R的版本要比较新。如果这学期课开始的时候安装R，应该版本是够的。如果不够，这里是更新R的方法：

在交互界面里输入下面的内容

install.packages("installr") #安装更新R的包

library(installr) #调用这个包

updateR() #使用这个包的更新函数

接下来会出现一些提示，跟着提示介绍就可以更新R了。

（3）官网学习内容来自于BioCon主页-Learn界面

其中PPT中Common work flow例子有的来自于RNAseq123包

<http://www.bioconductor.org/packages/release/workflows/html/RNAseq123.html>

我组按照Documentation体验了一下安装、使用此包的过程。

安装中会有一些“error”提示，但是实际使用的时候感觉好像没有影响，查询发现有时候安装包会有这个那个问题，很多时候似乎不影响使用。（高政圆同学经验）

**2.国内BioCon学习资料**

（1）首先是一个B站视频资料（范仕杰收集）：

北大老铁亲切教导BioCon使用方法，很适合看一步学一步。

<https://www.bilibili.com/video/av24355734/>

（2）生信菜鸟团中文教程（郭双琴收集）

<http://www.bio-info-trainee.com/tag/bioconductor>

也有同名公众号。中文教程，涉及范围也很广泛。

（3）图书《R语言及Bioconductor在基因组分析中的应用》（曹芹收集）

中文书籍。有一点跟不上年代，但是可以在平时翻着看一看。

（4）CSDN（郭双琴收集）

<https://so.csdn.net/so/search/s.do?q=BioConductor&t=%20&u>=

国内IT社区，质量参差不齐。但是在解决一些具体问题、小毛病上面有时候有奇效（语出范仕杰）。

（5）简书、知乎、微信公众号（郭双琴收集）

这个范围很广、很杂，需要大家自己的选择知识的能力。

**3.国外BioCon学习资料**

（1）约翰霍普金斯的学习资料（范仕杰收集）

<http://kasperdanielhansen.github.io/genbioconductor/>

有视频，有代码，英文既是优点也是缺点，推荐大家从英文学起。

（2）Github（林欣收集）

全球最大的程序员交友平台（误）。有着无穷的宝藏等着大家发现。有问答有项目。

（3）EMBL-EBI（林欣收集）

<https://www.ebi.ac.uk/training/online/course/embo-practical-course-analysis-high-throughput-seq/introduction-r-and-bioconductor>

欧洲生信中心在线教程，视频教程。

（4）图书《Bioinformatics and Computational Biology Solutions Using R and Bioconductor》（林欣收集）

有一点老了，但是也可以翻一翻。

（5）Institute for Integrative Genome Biology的教程（林欣收集）

<http://manuals.bioinformatics.ucr.edu/home/R_BioCondManual>

挺详细的，一段代码一段解释的模式。