

生物信息学

天津医科大学
生物医学工程与技术学院

2020-2021 学年下学期 (春)
2018 级基础班

第五章 基因组功能注释分析

伊现富 (Yi Xianfu)

天津医科大学 (TJMU)
生物医学工程与技术学院

2021 年 6 月



章节内容概览

5.1,5.2 基因组功能注释分析基础

- ① 基础知识：组装版本，坐标系统，常用格式，逻辑运算模式
- ② 准备工作：坐标转换，格式转换，逻辑运算
- ③ 扩展知识：文本文件与文本编辑器

5.3 基因组功能的高级注释

- ① 高级注释：变异位点注释，富集分析，序列标识
- ② 扩展知识：Box plot，解析图表

5.3 Galaxy 分析平台

- ① Galaxy 分析平台：简介，使用
- ② 扩展知识：数据处理三段论

教学提纲

- 1 引言
- 2 基因组组装版本
- 3 基因组坐标系统
- 4 基因组注释常用格式
- 5 文本文件与文本编辑器
- 6 基因组坐标的逻辑运算
- 7 总结与答疑
- 8 引言
- 9 变异位点的注释
- 10 基因集富集分析

- 11 序列标识
- 12 Box plot
- 13 解析图表
- 14 总结与答疑
- 15 引言
- 16 Galaxy 分析平台
- 17 Galaxy 使用演示
- 18 数据处理三段论
- 19 总结与答疑
- 20 复习思考题

教学提纲

1

引言

2

基因组组装版本

3

基因组坐标系统

4

基因组注释常用格式

5

文本文件与文本编辑器

6

基因组坐标的逻辑运算

7

总结与答疑

8

引言

9

变异位点的注释

10

基因集富集分析

11

序列标识

12

Box plot

13

解析图表

14

总结与答疑

15

引言

16

Galaxy 分析平台

17

Galaxy 使用演示

18

数据处理三段论

19

总结与答疑

20

复习思考题



基因组注释 (genome annotation)

从原始的基因组核酸序列中挖掘有用的生物学信息并阐释其生物学含义，包括基因组结构注释和基因组功能注释两大部分。

基因组结构注释 (structural annotation)

在基因组序列中寻找基因等功能元件并明确其基本结构。

基因组功能注释 (functional annotation)

在结构注释的基础上，将进化保守性 (evolutionary conservation) 和基因本体论 (gene ontology) 等元数据 (meta-data) 与功能元件对应起来，找到其生物学功能。



基因组注释 (genome annotation)

从原始的基因组核酸序列中挖掘有用的生物学信息并阐释其生物学含义，包括基因组结构注释和基因组功能注释两大部分。

基因组结构注释 (structural annotation)

在基因组序列中寻找基因等功能元件并明确其基本结构。

基因组功能注释 (functional annotation)

在结构注释的基础上，将进化保守性 (evolutionary conservation) 和基因本体论 (gene ontology) 等元数据 (meta-data) 与功能元件对应起来，找到其生物学功能。



基因组注释 (genome annotation)

从原始的基因组核酸序列中挖掘有用的生物学信息并阐释其生物学含义，包括基因组结构注释和基因组功能注释两大部分。

基因组结构注释 (structural annotation)

在基因组序列中寻找基因等功能元件并明确其基本结构。

基因组功能注释 (functional annotation)

在结构注释的基础上，将进化保守性 (evolutionary conservation) 和基因本体论 (gene ontology) 等元数据 (meta-data) 与功能元件对应起来，找到其生物学功能。



基因组注释

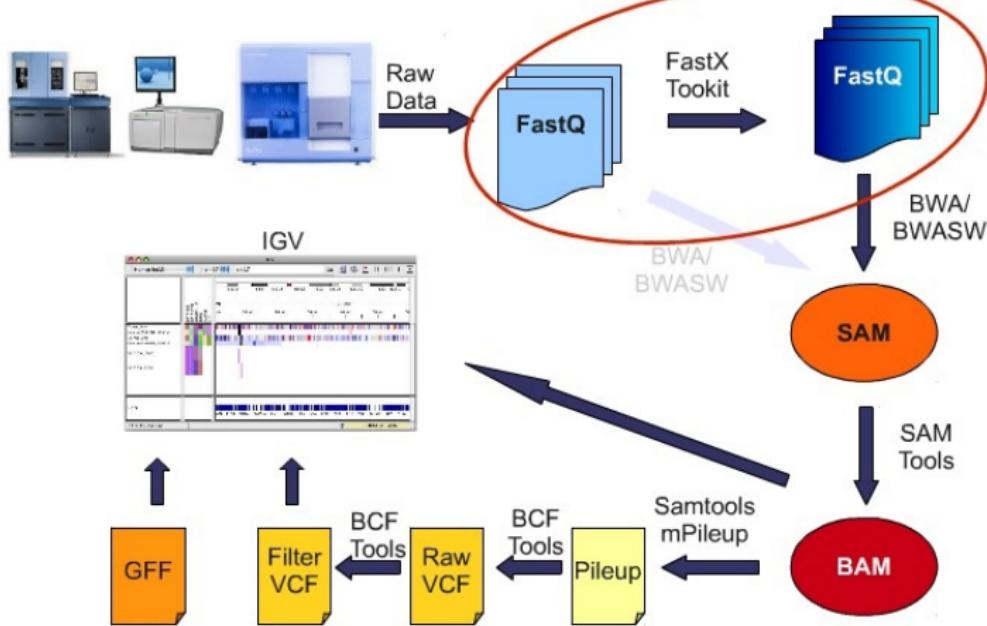
- 结构注释 ← 实验手段，单个基因
 - 限制性酶切位点分析、开放阅读框分析、启动子分析、CpG 岛识别
 - 重复序列分析、基因识别
 - mRNA 选择性剪接分析
- 功能注释 ← 组学时代，复杂疾病
 - 变异位点的注释
 - 基因集富集分析
 - 生物学通路分析
 - 相互作用网络分析
 - 分子进化分析
 - ...



- 基因组组装版本
- 基因组坐标系统
- 注释常用格式
- 文本编辑器
- 坐标的逻辑运算



Sequence to Variation Workflow



教学提纲

1

引言

2

基因组组装版本

3

基因组坐标系统

4

基因组注释常用格式

5

文本文件与文本编辑器

6

基因组坐标的逻辑运算

7

总结与答疑

8

引言

9

变异位点的注释

10

基因集富集分析

11

序列标识

12

Box plot

13

解析图表

14

总结与答疑

15

引言

16

Galaxy 分析平台

17

Galaxy 使用演示

18

数据处理三段论

19

总结与答疑

20

复习思考题



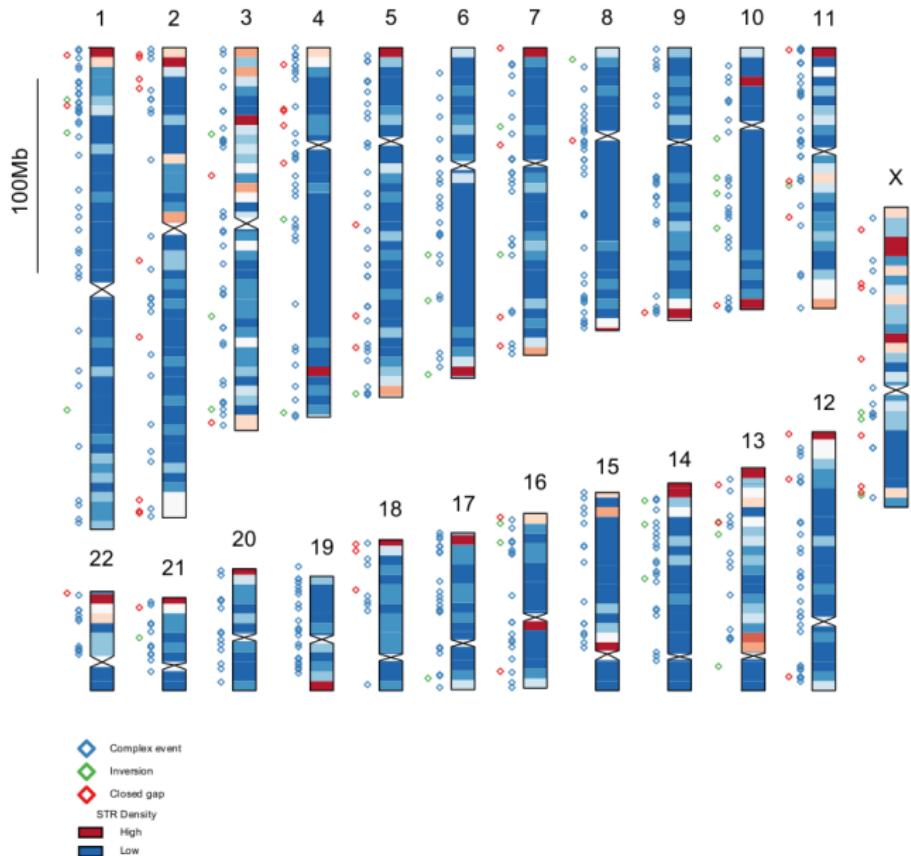
- These sequences were mapped to human and mouse genomes sequences ([hg18 and mm9](#), respectively) using BLASTN.
- We used DNA sequences from the human and mouse genome assemblies [hg18 and mm9](#).
- Currently there are 25,000 genes annotated in the human ([hg18](#)) and mouse ([mm9](#)) genome, which comprise less than 3% of the genome (UCSC genome browser; <http://genome.ucsc.edu/>).
- The [GRCh37/hg19](#) and [GRCm38/mm10](#) assemblies at the UCSC genome browser (<http://genome.ucsc.edu/>) were used for mapping the chromosomal defect and gene annotations.
- The genome assemblies from which the sequences obtained were Dec 2011 ([GRCm38/mm10](#)), Feb 2009 ([GRCh37/hg19](#)) and Nov 2004 ([Baylor3.4/rn4](#)) for mouse, human and rat respectively.

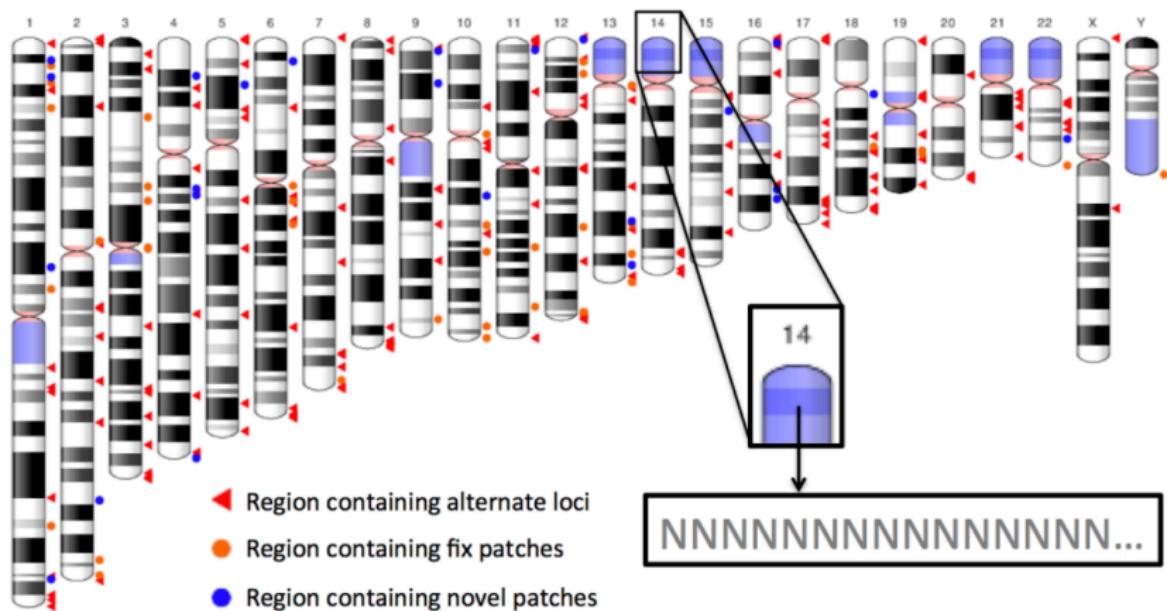


组装版本 | XP vs. Win7



组装版本 | 人类基因组





基因组序列不是确定的吗？也需要版本升级？

SPECIES	UCSC	DATE	NCBI
Human	hg38	Dec. 2013	GRCh38
	hg19	Feb. 2009	GRCh37
	hg18	Mar. 2006	NCBI Build 36.1
	hg17	May 2004	NCBI Build 35
Mouse	mm39	Jun. 2020	GRCm39
	mm10	Dec. 2011	GRCm38
	mm9	Jul. 2007	NCBI Build 37
	mm8	Feb. 2006	NCBI Build 36

List of UCSC genome releases
Human Genome Overview

human: *Homo sapiens*; mouse: *Mus musculus*
hg: human genome; GRC: Genome Reference Consortium



基因组序列不是确定的吗？也需要版本升级？

SPECIES	UCSC	DATE	NCBI
Human	hg38	Dec. 2013	GRCh38
	hg19	Feb. 2009	GRCh37
	hg18	Mar. 2006	NCBI Build 36.1
	hg17	May 2004	NCBI Build 35
Mouse	mm39	Jun. 2020	GRCm39
	mm10	Dec. 2011	GRCm38
	mm9	Jul. 2007	NCBI Build 37
	mm8	Feb. 2006	NCBI Build 36

List of UCSC genome releases
Human Genome Overview

human: *Homo sapiens*; mouse: *Mus musculus*
hg: human genome; GRC: Genome Reference Consortium



基因组序列不是确定的吗？也需要版本升级？

SPECIES	UCSC	DATE	NCBI
Human	hg38	Dec. 2013	GRCh38
	hg19	Feb. 2009	GRCh37
	hg18	Mar. 2006	NCBI Build 36.1
	hg17	May 2004	NCBI Build 35
Mouse	mm39	Jun. 2020	GRCm39
	mm10	Dec. 2011	GRCm38
	mm9	Jul. 2007	NCBI Build 37
	mm8	Feb. 2006	NCBI Build 36

List of UCSC genome releases
Human Genome Overview

human: *Homo sapiens*; mouse: *Mus musculus*
hg: human genome; GRC: Genome Reference Consortium



组装版本 | 人类基因组 | GRCh37 vs. GRCh38

Genome statistics comparison between GRCh37 and GRCh38.

	Total length	Total length	N% ^a	N%	GC% ^b	GC%	Exome%	Exome%
Chr	GRCh37	GRCh38	GRCh37	GRCh38	GRCh37	GRCh38	GRCh37	GRCh38
chr1	249,250,621	248,956,422	9.62%	7.42%	41.74%	41.72%	3.07%	3.82%
chr2	243,199,373	242,193,529	2.05%	0.68%	40.24%	40.23%	2.26%	2.87%
chr3	198,022,430	198,295,559	1.63%	0.10%	39.69%	39.67%	2.26%	2.85%
chr4	191,154,276	190,214,555	1.83%	0.24%	38.25%	38.24%	1.68%	2.05%
chr5	180,915,260	181,538,259	1.78%	0.15%	39.52%	39.51%	2.01%	2.54%
chr6	171,115,067	170,805,979	2.17%	0.43%	39.61%	39.61%	2.29%	2.70%
chr7	159,138,663	159,345,973	2.38%	0.24%	40.75%	40.70%	2.23%	2.78%
chr8	146,364,022	145,158,636	2.37%	0.26%	40.18%	40.16%	1.85%	2.33%
chr9	141,213,431	138,394,717	14.92%	12.00%	41.32%	41.28%	2.12%	2.57%
chr10	135,534,747	133,797,422	3.11%	0.40%	41.58%	41.54%	2.25%	2.69%
chr11	135,006,516	135,086,622	2.87%	0.41%	41.57%	41.54%	3.11%	4.02%
chr12	133,851,895	133,275,309	2.52%	0.10%	40.81%	40.77%	3.08%	4.12%
chr13	115,169,878	114,364,328	17.00%	14.32%	38.53%	38.55%	1.14%	1.54%
chr14	107,349,540	107,043,718	17.76%	15.39%	40.89%	40.83%	2.25%	3.14%
chr15	102,531,392	101,991,189	20.32%	17.01%	42.20%	42.03%	2.50%	3.58%
chr16	90,354,753	90,338,345	12.69%	9.44%	44.79%	44.58%	3.32%	4.64%
chr17	81,195,210	83,257,441	4.19%	0.41%	45.54%	45.31%	5.06%	6.51%
chr18	78,077,248	80,373,285	4.38%	0.35%	39.78%	39.78%	1.73%	2.24%
chr19	59,128,983	58,617,616	5.61%	0.30%	48.36%	47.94%	7.34%	9.65%
chr20	63,025,520	64,444,167	5.59%	0.78%	44.13%	43.80%	2.83%	3.39%
chr21	48,129,895	46,709,983	27.06%	14.18%	40.83%	40.94%	1.68%	2.23%
chr22	51,304,566	50,818,468	31.99%	22.94%	47.99%	47.00%	3.18%	3.97%
chrX	155,270,560	156,040,895	2.69%	0.74%	39.50%	39.53%	1.78%	2.01%
chrY	59,373,566	57,227,415	56.79%	53.84%	39.97%	40.03%	0.22%	0.25%
Total	3,095,677,412	3,088,269,832	7.57%	4.88%	40.90%	40.87%	2.43%	3.09%

^a In reference genome, a gap or unknown region is filled with letter "N". N% denotes the percentage of Ns in whole genome.

^b GC% was computed as number G + C divided by (total length of the genome subtracting number of Ns).



- UCSC liftOver tool：支持 BED 和 “chrN:start-end” 格式的输入
- Galaxy（基于 UCSC liftOver tool）：支持 BED、GFF 和 GTF 格式的输入
- CrossMap：支持 SAM/BAM、Wiggle/BigWig、BED、GFF/GTF 和 VCF 格式的输入，输出对应格式
- NCBI Remap：支持 BED、GFF、GTF 和 VCF 等格式的输入
- Ensembl assembly converter（2015 年退休，CrossMap 继位）：支持 BED、GFF、GFT 和 PSL 格式的输入，但输出都是 GFF 格式的
- pyliftover：仅支持点坐标（point coordinates）的转换，无法对区段（ranges）坐标进行转换



教学提纲

1

引言

2

基因组组装版本

3

基因组坐标系统

4

基因组注释常用格式

5

文本文件与文本编辑器

6

基因组坐标的逻辑运算

7

总结与答疑

8

引言

9

变异位点的注释

10

基因集富集分析

11

序列标识

12

Box plot

13

解析图表

14

总结与答疑

15

引言

16

Galaxy 分析平台

17

Galaxy 使用演示

18

数据处理三段论

19

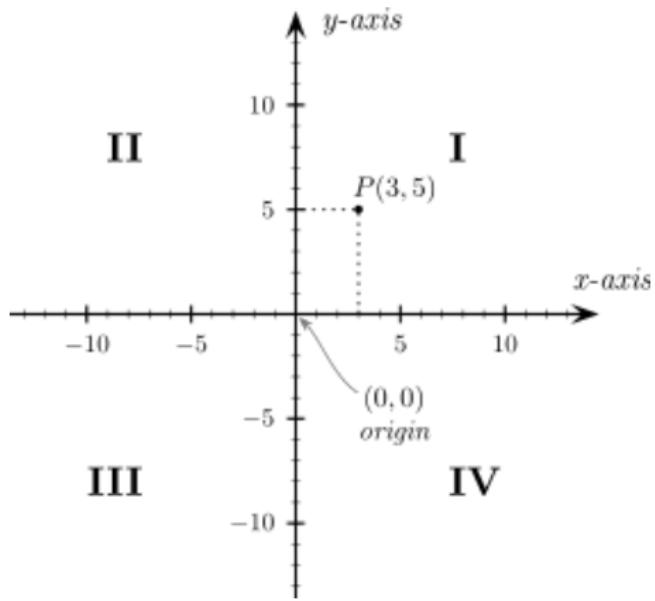
总结与答疑

20

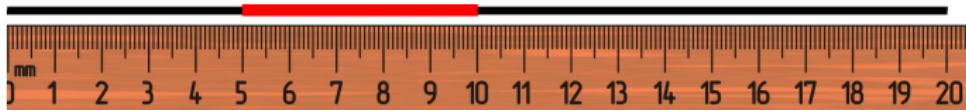
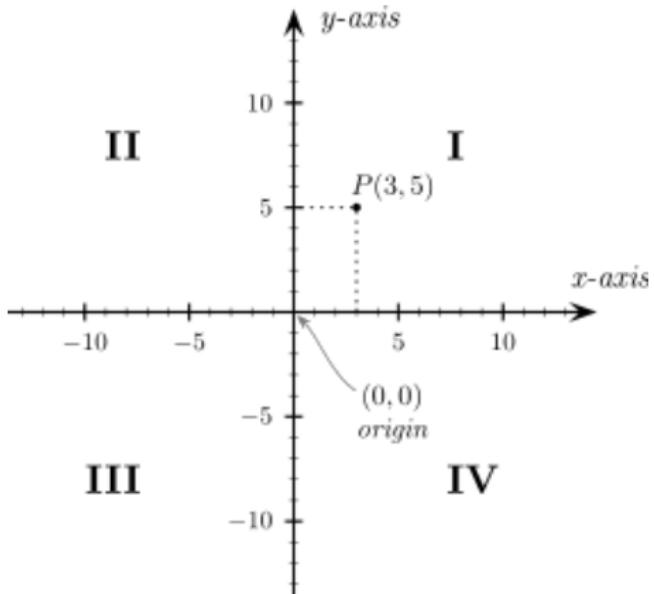
复习思考题



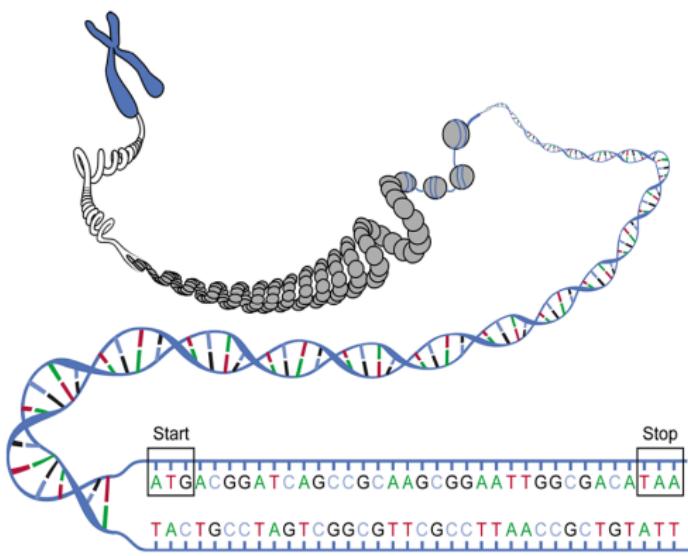
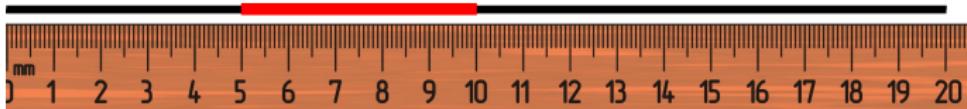
坐标系统 | 坐标轴



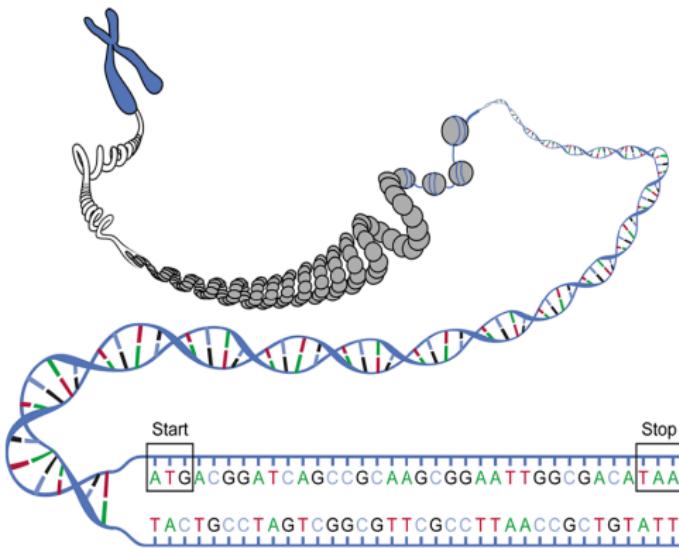
坐标系统 | 坐标轴



坐标系统 | 坐标轴



坐标系统 | 坐标轴



hg19

- SNP, rs1800468: “chr19 41860587”; “chr19:41860587”
- gene, *SAMD11*: “chr1 861121 879961”; “chr1:861121-879961”

序列

0-based index	0	1	2	3	4	5	6	7
Sequence	A	A	T	T	G	G	C	C
1-based index	1	2	3	4	5	6	7	8

TG 的坐标

- 0-based, half-open : [3,5)
- 1-based, fully-closed : [4,5]

实例

- 0-based : BED、BAM、PSL、dbSNP、Table Browser
- 1-based : GFF、VCF、SAM、Wiggle、DAS、Genome Browser

坐标系统 | 两大系统

序列

0-based index	0	1	2	3	4	5	6	7
Sequence	A	A	T	T	G	G	C	C
1-based index	1	2	3	4	5	6	7	8

TG 的坐标

- 0-based, half-open : [3,5)
- 1-based, fully-closed : [4,5]

实例

- 0-based : BED、BAM、PSL、dbSNP、Table Browser
- 1-based : GFF、VCF、SAM、Wiggle、DAS、Genome Browser

坐标系统 | 两大系统

序列

0-based index	0	1	2	3	4	5	6	7
Sequence	A	A	T	T	G	G	C	C
1-based index	1	2	3	4	5	6	7	8

TG 的坐标

- 0-based, half-open : [3,5)
- 1-based, fully-closed : [4,5]

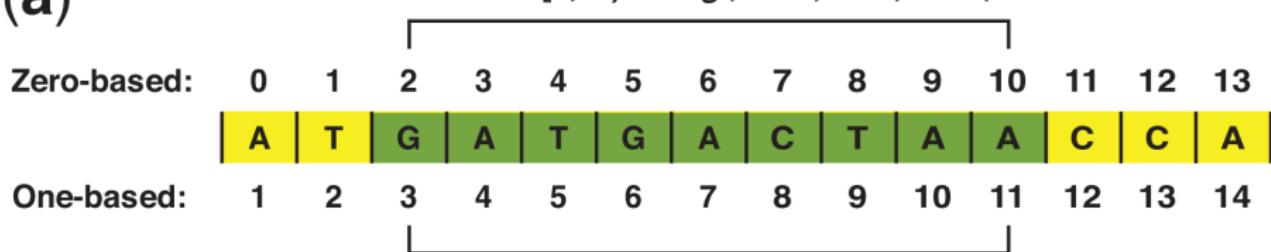
实例

- 0-based : BED、BAM、PSL、dbSNP、Table Browser
- 1-based : GFF、VCF、SAM、Wiggle、DAS、Genome Browser

坐标系统 | 两大系统

(a)

End-exclusive: [2,11) – e.g., BED, WIG, BAM, GTrack*

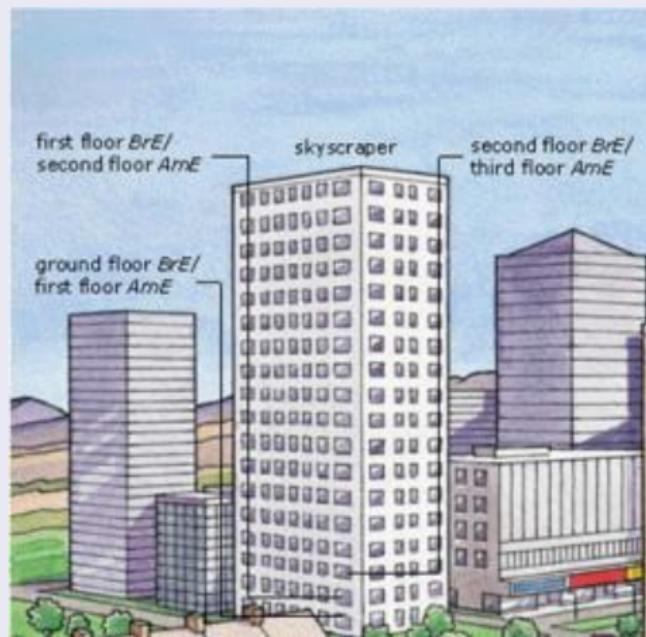


End-inclusive: [3,11] – e.g., VCF, GFF, SAM, GTrack*



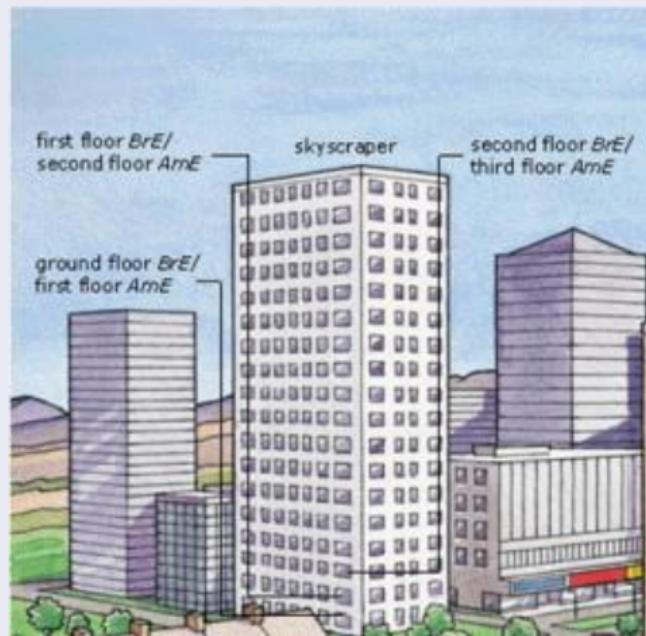
坐标系统 | 类比

first floor

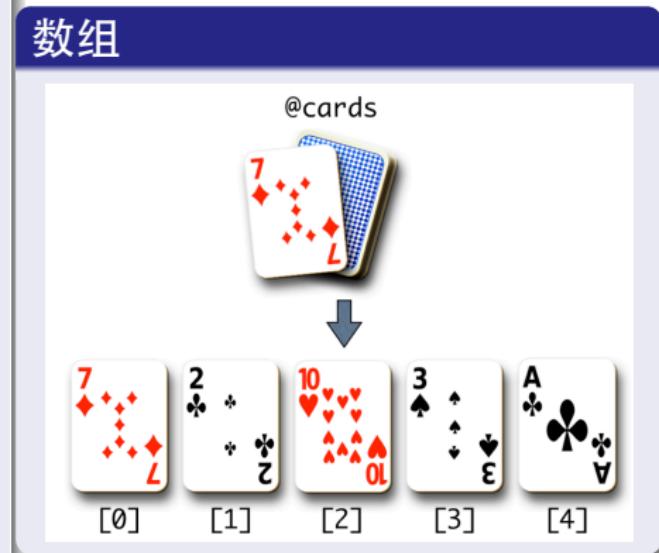


坐标系统 | 类比

first floor



数组



教学提纲

1 引言

2 基因组组装版本

3 基因组坐标系统

4 基因组注释常用格式

5 文本文件与文本编辑器

6 基因组坐标的逻辑运算

7 总结与答疑

8 引言

9 变异位点的注释

10 基因集富集分析

11 序列标识

12 Box plot

13 解析图表

14 总结与答疑

15 引言

16 Galaxy 分析平台

17 Galaxy 使用演示

18 数据处理三段论

19 总结与答疑

20 复习思考题



格式 | 文件格式



EPS



FLA



HTML



GIF



IND



PHP



PPT



PDF



XLS



DOC



MOV



CSS



WAV



JPG



ZIP



MP3

NO:20111025194911037377



HOW STANDARDS PROLIFERATE: (SEE: A/C CHARGERS, CHARACTER ENCODINGS, INSTANT MESSAGING, ETC.)



格式 | FASTA

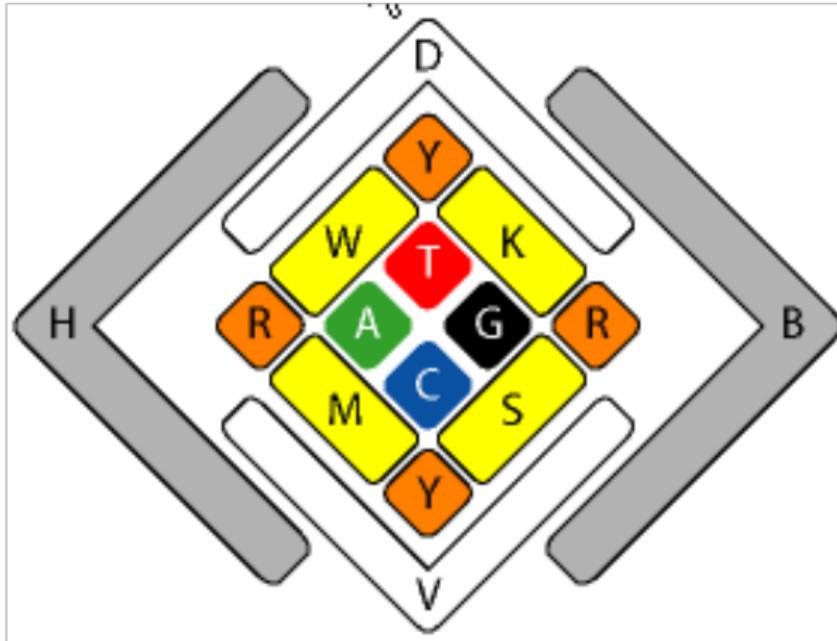
```
>gi|183121|gb|M29645.1|HUMGFI Human insulin-like growth factor II mRNA, complete cds  
CAGGGGCCAAGAGTCACCACCGAGCTGTGAGGAGGTGGATTCCAGCCCCAGCCCCAGGGCTCT  
GAATCGCTGCCAGCTCAGCCCCCTGCCAGCCTGCCACAGCCTGAGCCCCAGCAGGCCAGAGAGCCA  
GTCCTGAGGTGAGCTGCTGTGGCTGTGGCCAGGGCACCCCAGCCTCCCAGAACGTGAGGCTGGCAGCCA  
GCCCCAGCCTCAGCCCCAACTGCGAGGCAGAGAGACACCAATGGGAATGCCAATGGGAAGTCGATGCTG  
GTGCTTCTCACCTTCTTGGCTTCGCCTCGTGCATTGCTGCTTACCGCCCCAGTGAGACCCCTGTGCG  
GCGGGGAGCTGGGGACACCCCTCCAGTCGCTGTGGGGACCGCGCTCTACTTCAGCAGGCCGCAAG  
CCGTGTGAGCCGTCGCAGCGTGGCATCGTTGAGGAGTGCTGTTCCGCACTGTGACCTGGCCCTCCTG  
GAGACGTACTGTGCTACCCCGCCAAGTCCGAGAGGGACGTGTCACCCCTCCGACCGTGCTTCCGGACA  
ACTTCCCCAGATAACCCGTGGCAAGTTCTCCAATATGACACCTGGAAGCAGTCCACCCAGCGCCTGCG  
CAGGGGCCTGCCTGCCCTCTGCGTGCCGCCGGGTCACTGCTGCCAAGGAGCTGAGGCCTTCAGG  
GAGGCCAAACGTACCGTCCCTGATTGCTCTACCCACCCAAAGACCCCGCCACGGGGCGCCCCCCCAG  
AGATGGCCAGCAATCGGAAGTGAGCAAAACTGCCAAGTCTGCAAGCCGGCGCCACCATCCTGAGCCT  
CCTCCTGACCACGGACGTTCCATCAGGTTCCATCCGAAATCTCTCGGTTCCACGTCCCCCTGGGCTT  
CTCCTGACCCAGTCCCCGTCCCCGCCCTCCCCGAAACAGGCTACTCTCCTCGGCCCCCTCATGGGCTG  
AGGAAGCACAGCAGCATTTCAAACATGTACAAATGATTGGCTTAAACACCTTACACATACCT
```



- 每一行最好不要超过 80 个字符
- 序列中的换行符不会影响序列的连续性
- 使用标准的 IUB/IUPAC 核酸代码和氨基酸代码
- 允许小写字母的存在，但会转换成大写
- 单个 “-” 代表不明长度的空位
- 在氨基酸序列中允许出现 “U” 和 “*”
- 任何数字都应该被去掉或转换成字母
- 不明核酸和氨基酸分别用 “N” 和 “X” 表示



格式 | FASTA | IUB/IUPAC 核酸



格式 | FASTA | IUB/IUPAC 核酸

Code	Meaning	Code	Meaning
A	Adenine	Y	Pyrimidine (C, T, or U)
C	Cytosine	K	T, U, or G (keto)
G	Guanine	W	T, U, or A (weak)
T	Thymine	B	C, T, U, or G (not A)
U	Uracil	D	A, T, U, or G (not C)
R	Purine (A or G)	H	A, T, U, or C (not G)
S	C or G (strong)	V	A, C, or G (not T, not U)
M	C or A (amino)	N	Any base (A, C, G, T, or U)
X	masked	-	gap of indeterminate length



格式 | FASTA | IUB/IUPAC 氨基酸

1	3	Meaning	1	3	Meaning
A	Ala	Alanine	B	Asx	Aspartic acid or Asparagine
C	Cys	Cysteine	D	Asp	Aspartic acid
E	Glu	Glutamic acid	F	Phe	Phenylalanine
G	Gly	Glycine	H	His	Histidin
I	Ile	Isoleucine	K	Lys	Lysine
L	Leu	Leucine	M	Met	Methionine
N	Asn	Asparagine	P	Pro	Proline
Q	Gln	Glutamine	R	Arg	Arginine
S	Ser	Serine	T	Thr	Threonine
U	Sec	Selenocysteine	V	Val	Valine
W	Trp	Tryptophan	X	Xaa	Any amino acid
Y	Tyr	Tyrosine	Z	Glx	Glutamine or Glutamic acid
*		translation stop	-		gap of indeterminate length
O	Pyl	Pyrrolysine			



格式 | FASTA | FASTA vs. Sequence

FASTA

```
>gi|183121|gb|M29645.1|HUMGFI Human insulin-like growth factor II mRNA, complete cds  
CAGGGGCCGAAGAGTCACCACCGAGCTTGTGGAGGAGGTGGATTCCAGCCCCAGCCCCAGGGCTCT  
GAATCGCTGCCAGCTCAGCCCCCTGCCAGCCTGCCACAGCCTGAGCCCCAGCAGGCCAGAGGCCA  
GTCCTGAGGTGAGCTGCTGTGGCCTGTGGCCAGGGCAGCCCCAGCGCTCCAGAACGTGAGGCTGGCAGCCA  
GCCCGAGCCTCAGCCCCAACTTGCAGGGCAGAGAGACACCAATGGGAATGCCAATGGGAAGTCGATGCTG  
GTGCTTCTCACCTTCTTGGCTTCGCCCTGCTGCTGATTGCTGTTACCGCCCCAGTGAGACCCCTGTGCG  
GCGGGGAGCTGGTGGACACCTCCAGTTGCTCTGTGGGACCCGCGCTTCACTTCAGCAGGCCGCAAG  
CCGTGTGAGCCGTCGAGCGTGGCATCGTTGAGGAGTGCTGTTCCGCAAGCTGTGACCTGGCCCTCTG  
GAGACGTACTGTGCTACCCCGCCAAGTCCAGAGGGACGTGTCGACCCCTCGACCGTGCTCCGGACA  
ACTTCCCCAGATAACCCGTGGCAAGTTCTTCAAATATGACACCTGGAAGCAGTCCACCCAGCGCTGCG  
CAGGGGCTGCCCTGCCCTCTGCGTGCCTGCCGGGTCACTGCTCGCCAAGGAGCTCGAGGCCTTCAGG  
GAGGCCAAACGTCAACCGTCCCCGTATTGCTCTACCCACCCAAAGACCCCGCCACGGGGCGCCCCCAG  
AGATGGCCAGCAATCGGAAGTGAGCAAACACTGCCAAGTCTGCAAGCCGGGCCACCATCCTGAGCCT  
CCTCTGACCCAGCCCCGTGCCCCGCCCTCCCGAAACAGGCTACTCTCCTCGGCCCCCTCATGGGCTT  
AGGAAGCACAGCAGCATCTCAAACATGTACAAATGATTGGCTTAAACACCTTACACATACCT
```

Sequence

- GTACGACGGAGTGTTATAAGATGGAAATCGGATACCAGATGAAATTGTGGATCAG
- MWTALPLLCAGAWLLSAGATAELTVNAIEKFHFTSWMKQHQKTYSSREYSHRLQVFAN

格式 | BED (Browser Extensible Data)

chr7	127471196	127472363	Pos1	0	+	127471196	127472363	255,0,0
chr7	127472363	127473530	Pos2	0	+	127472363	127473530	255,0,0
chr7	127473530	127474697	Pos3	0	+	127473530	127474697	255,0,0
chr7	127474697	127475864	Pos4	0	+	127474697	127475864	255,0,0
chr7	127475864	127477031	Neg1	0	-	127475864	127477031	0,0,255
chr7	127477031	127478198	Neg2	0	-	127477031	127478198	0,0,255
chr7	127478198	127479365	Neg3	0	-	127478198	127479365	0,0,255
chr7	127479365	127480532	Pos5	0	+	127479365	127480532	255,0,0
chr7	127480532	127481699	Neg4	0	-	127480532	127481699	0,0,255



BED#

BED12 包含全部 12 列

BED6 chrom, start, end, name, score, and strand

BED5 chrom, start, end, name, and score

BED4 chrom, start, end, and name

BED3 chrom, start, and end

例子

chr1	11873	14409	uc001aaa.3	0	+	11873	11873	0
3	354,109,1189,	0,739,1347,						



BED#

BED12 包含全部 12 列

BED6 chrom, start, end, name, score, and strand

BED5 chrom, start, end, name, and score

BED4 chrom, start, end, and name

BED3 chrom, start, and end

例子

chr1 11873 14409 uc001aaa.3 0 +



格式 | BED#

BED#

BED12 包含全部 12 列

BED6 chrom, start, end, name, score, and strand

BED5 chrom, start, end, name, and score

BED4 chrom, start, end, and name

BED3 chrom, start, and end

例子

chr1 11873 14409 uc001aaa.3 0



BED#

BED12 包含全部 12 列

BED6 chrom, start, end, name, score, and strand

BED5 chrom, start, end, name, and score

BED4 chrom, start, end, and name

BED3 chrom, start, and end

例子

chr1 11873 14409 uc001aaa.3



BED#

BED12 包含全部 12 列

BED6 chrom, start, end, name, score, and strand

BED5 chrom, start, end, name, and score

BED4 chrom, start, end, and name

BED3 chrom, start, and end

例子

chr1 11873 14409



格式 | GFF (General Feature Format)

```
##gff-version 3
ctg123 . operon      1300 15000 . + . ID=operon001;Name=superOperon
ctg123 . mRNA        1300 9000  . + . ID=mrna0001;Parent=operon001;Name=sonichedgehog
ctg123 . exon         1300 1500  . + . Parent=mrna0001
ctg123 . exon         1050 1500  . + . Parent=mrna0001
ctg123 . exon         3000 3902  . + . Parent=mrna0001
ctg123 . exon         5000 5500  . + . Parent=mrna0001
ctg123 . exon         7000 9000  . + . Parent=mrna0001
ctg123 . mRNA        10000 15000 . + . ID=mrna0002;Parent=operon001;Name=subsonicsquirrel
ctg123 . exon         10000 12000 . + . Parent=mrna0002
ctg123 . exon         14000 15000 . + . Parent=mrna0002
```



格式 | VCF (Variant Call Format)

```
##fileformat=VCFv4.0
##fileDate=20110705
##reference=1000GenomesPilot-NCBI37
##phasing=partial
##INFO=<ID=NS,Number=1,Type=Integer,Description="Number of Samples With Data">
##INFO=<ID=DP,Number=1,Type=Integer,Description="Total Depth">
##INFO=<ID=AF,Number=.,Type=Float,Description="Allele Frequency">
##INFO=<ID=AA,Number=1,Type=String,Description="Ancestral Allele">
##INFO=<ID=DB,Number=0,Type=Flag,Description="dbSNP membership, build 129">
##INFO=<ID=H2,Number=0,Type=Flag,Description="HapMap2 membership">
##FILTER=<ID=q10,Description="Quality below 10">
##FILTER=<ID=s50,Description="Less than 50% of samples have data">
##FORMAT=<ID=GQ,Number=1,Type=Integer,Description="Genotype Quality">
##FORMAT=<ID=GT,Number=1,Type=String,Description="Genotype">
##FORMAT=<ID=DP,Number=1,Type=Integer,Description="Read Depth">
##FORMAT=<ID=HQ,Number=2,Type=Integer,Description="Haplotype Quality">
```

#CHROM	POS	ID	REF	ALT	QUAL	FILTER	INFO	FORMAT	Sample1	Sample2	Sample3
2	4370	rs6057	G	A	29	.	NS=2;DP=13;AF=0.5;DB;H2	GT:GQ:DP:HQ	0 0:48:1:52,51	1 0:48:8:51,51	1 1:43:5:,,
2	7330	.	T	A	3	q10	NS=5;DP=12;AF=0.017	GT:GQ:DP:HQ	0 0:46:3:58,50	0 1:3:5:65,3	0 0:41:3
2	110696	rs6055	A	G,T	67	PASS	NS=2;DP=10;AF=0.333,0.667;AA=T;DB	GT:GQ:DP:HQ	1 2:21:6:23,27	2 1:2:0:18,2	2/2:35:4
2	130237	.	T	.	47	.	NS=2;DP=16;AA=T	GT:GQ:DP:HQ	0 0:54:7:56,60	0 0:48:4:56,51	0 0:61:2
2	134567	microsat1	GTCT	G,GTACT	50	PASS	NS=2;DP=9;AA=G	GT:GQ:DP	0 1:35:4	0 2:17:2	1 1:40:3



教学提纲

1

引言

2

基因组组装版本

3

基因组坐标系统

4

基因组注释常用格式

5

文本文件与文本编辑器

6

基因组坐标的逻辑运算

7

总结与答疑

8

引言

9

变异位点的注释

10

基因集富集分析

11

序列标识

12

Box plot

13

解析图表

14

总结与答疑

15

引言

16

Galaxy 分析平台

17

Galaxy 使用演示

18

数据处理三段论

19

总结与答疑

20

复习思考题



文本 | 纯文本 vs. 格式化文本

P8_Aln_Pro - 记事本

文件(F) 编辑(E) 格式(O) 查看(V) 帮助(H)

CLUSTAL X (1.83) multiple sequence alignment

Sequence	Sequence Data
RGDV_ABC75537	HSRQAWIETSALICEISEVGTKCSEFTQGLTINDISTSLNHLNQISUASUGFLNDPRTP
RGDV_AAY14576	HSRQAWIETSALICEISEVGTKCSEFTQGLTINDISTSLNHLNQISUASUGFLNDPRTP
RGDV_BAA02676	HSRQAWIETSALICEISEVGTKCSEFTQGLTINDISTSLNHLNQISUASUGFLNDPRTP
RGDV_AAY14579	HSRQAWIETSALICEISEVGTKCSEFTQGLTINDISTSLNHLNQISUASUGFLNDPRTP
RGDV_AAY14588	HSRQAWIETSALICEISEVGTKCSEFTQGLTINDISTSLNHLNQISUASUGFLNDPRTP
RGDV_AA064253	HSRQAWIETSALIERISEVGTKCSEFTQGLTINDISTSLNHLNQISUASUGFLNDPRTP
RGDV_AAY14577	HSRQAWIETSALIERISEVGTKCSEFTQGLTINDISTSLNHLNQISUASUGFLNDPRTP
RGDV_AAY14578	HSRQAWIETSALICEISEVGTKCSEFTQGLTINDISTSLNHLNQISUASUGFLNDPRTP
WTW_P17380	HSRQNWWETSLAVECISEYIURSYGDTFQLGTSTOLSTLNSLLMSLMSIANUGFLNDRTP
RDVS_Q85451	HSRQHWLDTSSALLEISEVVRNCGDTFSGLTTGDFNALSNNFTQLSUSAGYVUSDPRUP
RDVO_P17379	HSRQHWLDTSSALLEISEVVRNCGDTFSGLTTGDFNALSNNFTQLSUSAGYVUSDPRUP
RDVA_Q85449	HSRQHWLDTSSALLEISEVVRNCGDTFSGLTTGDFNALSNNFTQLSUSAGYVUSDPRUP
RDVF_Q85439	HSRQHWLDTSSALLEISEVVRNCGDTFSGLTTGDFNALSNNFTQLSUSAGYVUSDPRUP
	***** *;:**** * **** .. *** *** *.:*****:.*:*****:.*,*
RGDV_ABC75537	LQAHSCEFNFISTADRHYAHLQKHNFDSDUAPNUUTDNFIATYIKPRSRTSUDVLRQU
RGDV_AAY14576	LQAHSCEFNFISTADRHYAHLQKHNFDSDUAPNUUTDNFIATYIKPRSRTSUDVLRQU
RGDV_BAA02676	LQAHSCEFNFISTADRHYAHLQKHNFDSDUAPNUUTDNFIATYIKPRSRTSUDVLRQU
RGDV_AAY14579	LQAHSCEFNFISTADRHYAHLQKHNFDSDUAPNUUTDNFIATYIKPRSRTSUDVLRQU
RGDV_AAY14588	LQAHSCEFNFISTADRHYAHLQKHNFDSDUAPNUUTDNFIATYIKPRSRTSUDVLRQU
RGDV_AA064253	LQAHSCEFNFISTADRHYAHLQKHNFDSDUAPNUUTDNFIATYIKPRSRTSUDVLRQU
RGDV_AAY14577	PQAHSCEFNFISTADRHYAHLQKHNFDSDUAPNUUTDNFIATYIKPRSRTSUDVLRQU



文本 | 基因名错误 (Excel)

	gene names	internal date format	default date format	gene names	internal date format	default date format	gene names	internal date format	default date format
1	APR-1	35885	1-Apr	OCT-1	36068	1-Oct	SEP2	36039	2-Sep
2	APR-2	35886	2-Apr	OCT-2	36069	2-Oct	SEP3	36040	3-Sep
3	APR-3	35887	3-Apr	OCT-3	36070	3-Oct	SEP4	36041	4-Sep
4	APR-4	35888	4-Apr	OCT-4	36071	4-Oct	SEP5	36042	5-Sep
5	APR-5	35889	5-Apr	OCT-6	36073	6-Oct	SEP6	36043	6-Sep
6	DEC-1	36129	1-Dec	OCT1	36068	1-Oct	SEPT1	36038	1-Sep
7	DEC-2	36130	2-Dec	OCT11	36078	11-Oct	SEPT2	36039	2-Sep
8	DEC1	36129	1-Dec	OCT2	36069	2-Oct	SEPT3	36040	3-Sep
9	DEC2	36130	2-Dec	OCT3	36070	3-Oct	SEPT4	36041	4-Sep
10	MAR1	35854	1-Mar	OCT4	36071	4-Oct	SEPT5	36042	5-Sep
11	MAR2	35855	2-Mar	OCT6	36073	6-Oct	SEPT6	36043	6-Sep
12	MAR3	35856	3-Mar	OCT7	36074	7-Oct	SEPT7	36044	7-Sep
13	NOV1	36099	1-Nov	SEP-1	36038	1-Sep	SEPT8	36045	8-Sep
14	NOV2	36100	2-Nov	SEP-2	36039	2-Sep	SEPT9	36046	9-Sep
15				SEP1	36038	1-Sep			

文本 | 基因名错误 (NCBI)

NCDDO INDEX

Top of Page
Nomenclature
Overview
Relationships
Map
RefSeq
GenBank

Overview Submit GeneRIF ?

Locus Type: gene with protein product, function known or inferred

Product: neural precursor cell expressed, developmentally down-regulated 5

Alternate Symbols: DIFF6, SEPT2, hNedo5, KIAA0158

Relationships ?

Mouse Homology Maps:

NCBI vs. MGD	1 cM	2-Sep	Hs Mm
UCSC vs. MGD	1 cM	Sept2	Hs Mm
UCSC vs. Hudson et al.	1 1319.34 cR	AW208991	Hs Mm

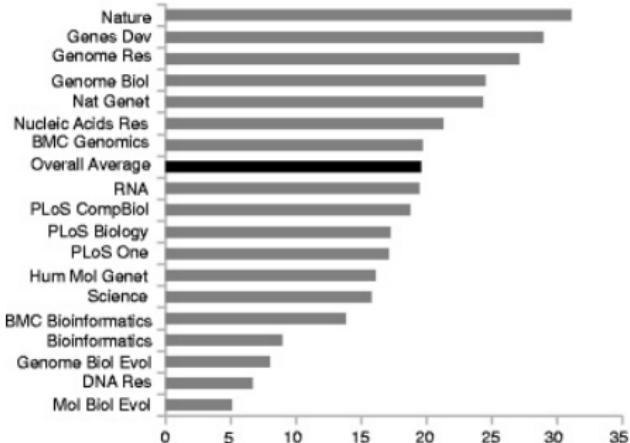
2q37 ATSV 1 Kifla
2q37.3 GPR35 1 Gpr35
2q37.3 CAPN10 1 Capn10
2q37.3 PPP1R7 1 Ppp1r7
2q37 HDLBP 1 Hdlbn
2q37 NEDD5 1 55.3
2q37.3 STK25 1 58
2q36-q37 COL4A3 * 1 Stk25
2q35-q37 GPC1 * 1 Col4a3
2q37.3 GPR35 * 1 Gpc1
2q37.3 PDCD1 * 1 Gpr35
2q37 UGT1A6 * 1 Pdcd1
2q37 UGT1A6 * 1 Ugt1a6

ATSV 1 Kifla
GPR35 1 Gpr35
CAPN10 1 Capn10
PPP1R7 1 Ppp1r7
HDLBP 1 Hdlbn
NEDD5 1 55.3
STK25 1 58
COL4A3 * 1 Stk25
GPC1 * 1 Col4a3
GPR35 * 1 Gpc1
PDCD1 * 1 Gpr35
UGT1A6 * 1 Pdcd1
UGT1A6 * 1 Ugt1a6

文本 | 基因名错误 (期刊统计)

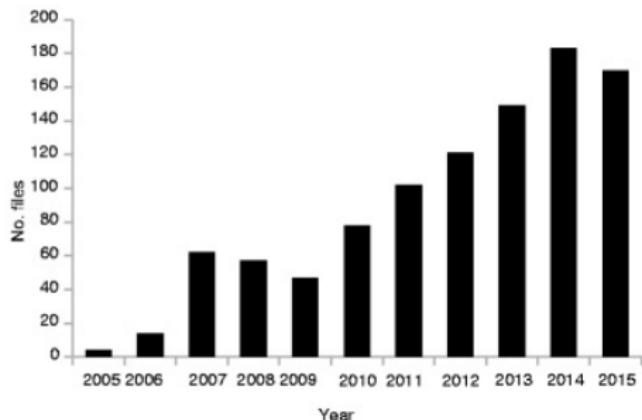
a

Percentage of papers with gene lists affected



b

Supplementary files with gene name errors per year



参考资料

- Excel 改变了你的基因名，30% Nature 文章受影响
- Gene name errors are widespread in the scientific literature
- Mistaken Identifiers: Gene name errors can be introduced inadvertently when using Excel in bioinformatics
- Escape Excel: A tool for preventing gene symbol and accession conversion errors
- Escape Excel @ GitHub
- 听说 Excel 表格动了你的基因名？



三大类

- Windows : \r\n (CR+LF, 回车 + 换行) , 文件尾部直接 EOF (文件结束标志)
- Unix : \n (LF, 仅有换行) , 文件最后一行也会增加该字符, 然后才是 EOF
- Mac : \r (CR, 仅有回车)

识别与转换

- Windows : 文本编辑器, 如 Notepad++
- Unix : file 识别, fromdos / todos 或者 dos2unix / unix2dos 转换



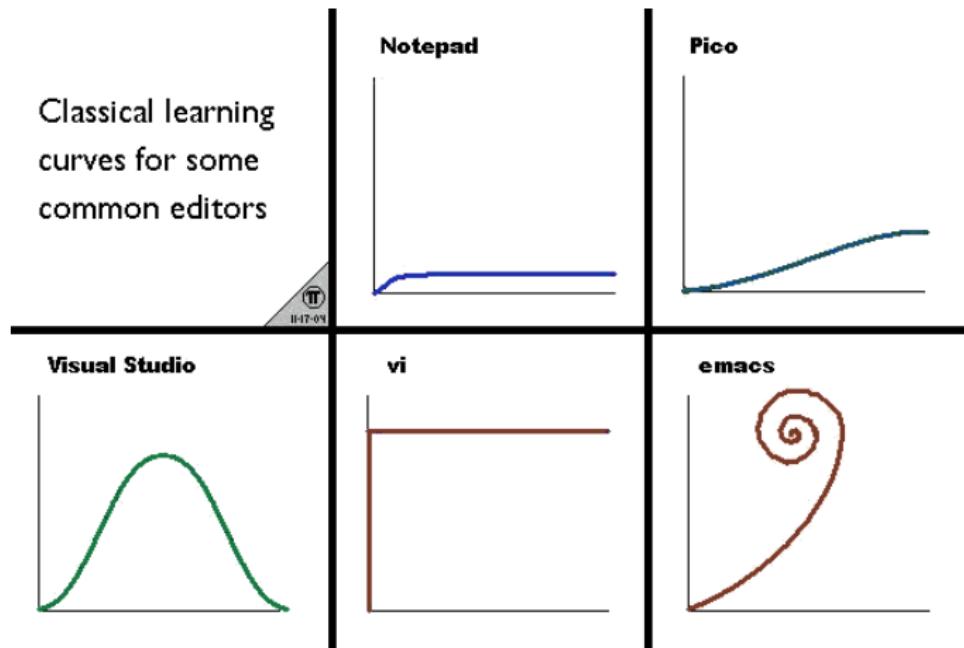
三大类

- Windows : \r\n (CR+LF, 回车 + 换行) , 文件尾部直接 EOF (文件结束标志)
- Unix : \n (LF, 仅有换行) , 文件最后一行也会增加该字符, 然后才是 EOF
- Mac : \r (CR, 仅有回车)

识别与转换

- Windows : 文本编辑器, 如 Notepad++
- Unix : file 识别, fromdos / todos 或者 dos2unix / unix2dos 转换





文本 | 编辑器 | Notepad++

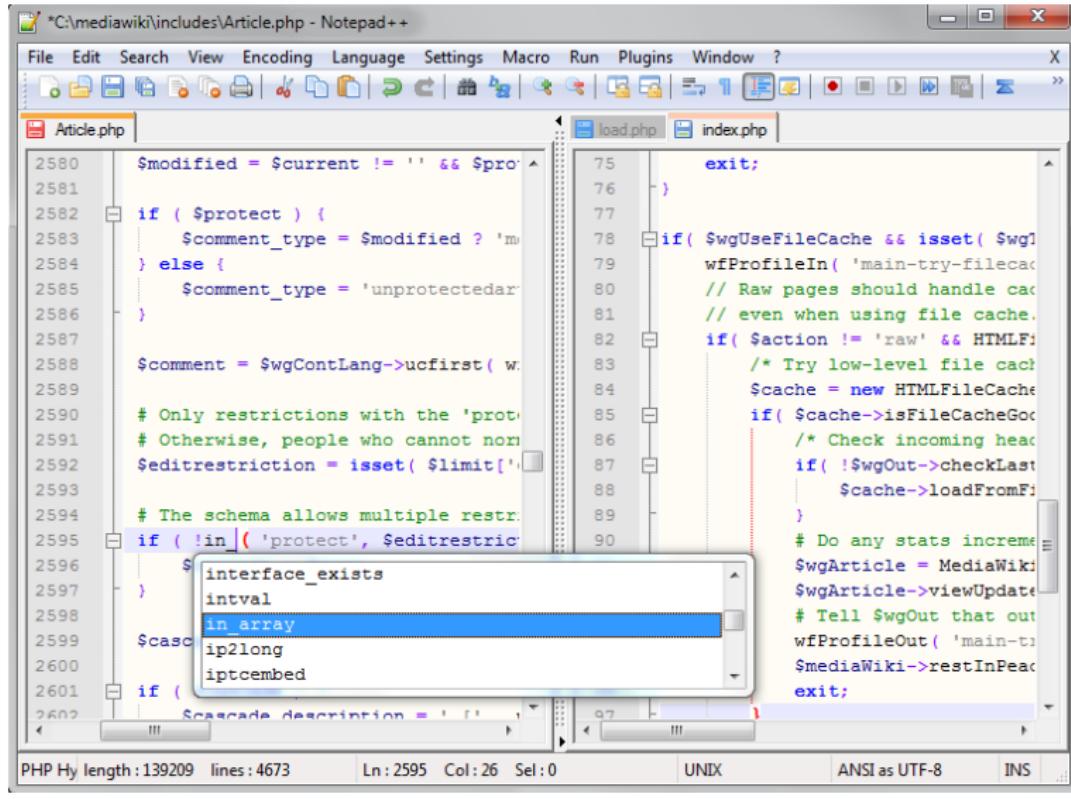
*C:\mediawiki\includes\Article.php - Notepad++

File Edit Search View Encoding Language Settings Macro Run Plugins Window ? X

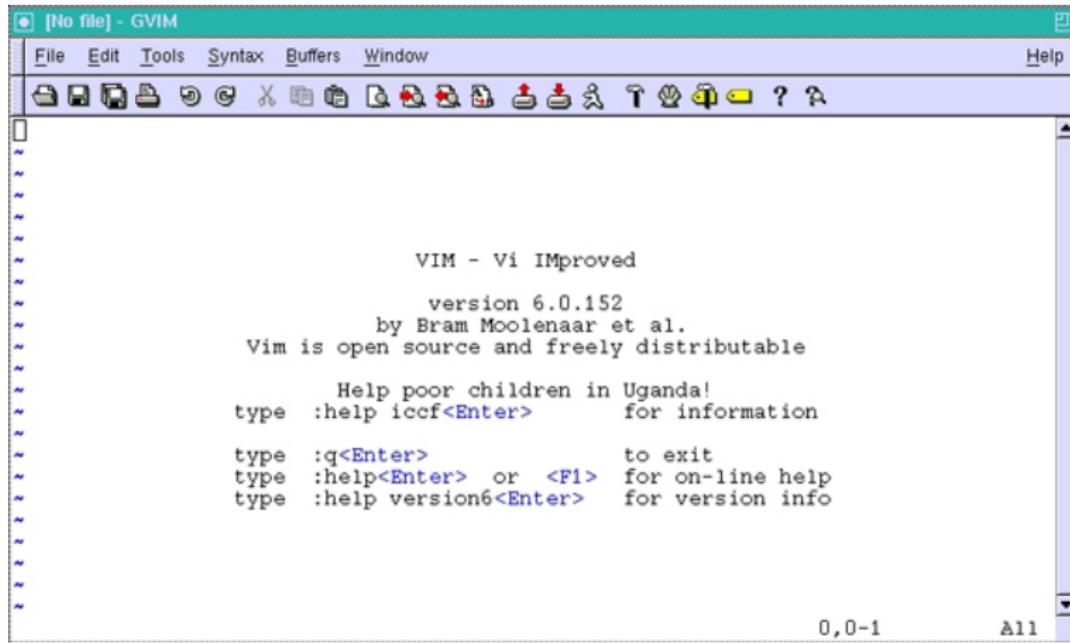
Article.php load.php index.php

```
2580 $modified = $current != '' && $protection != 'auto' ? true : false;
2581
2582 if ( $protect ) {
2583     $comment_type = $modified ? 'modified' : 'unprotected';
2584 } else {
2585     $comment_type = 'unprotected';
2586 }
2587
2588 $comment = $wgContLang->ucfirst( $comment_type );
2589
2590 # Only restrictions with the 'protect' key
2591 # Otherwise, people who cannot normally edit
2592 $editrestriction = isset( $limit['edit'] ) ? true : false;
2593
2594 # The schema allows multiple restrictions
2595 if ( !in_array( 'protect', $editrestriction ) ) {
2596     $interface_exists = true;
2597     $intval = 1;
2598     $scascade = [
2599         'ip2long',
2600         'iptcembed'
2601     ];
2602     if ( $scascade_description = $scascade[0] ) {
2603         $scascade_description = $scascade[1];
2604     }
2605 }
```

PHP Hypertext length:139209 lines:4673 Ln: 2595 Col: 26 Sel: 0 UNIX ANSI as UTF-8 INS



文本 | 编辑器 | Vim



[No file] - GVIM

File Edit Tools Syntax Buffers Window Help

VIM - Vi IMproved

version 6.0.152
by Bram Moolenaar et al.
Vim is open source and freely distributable

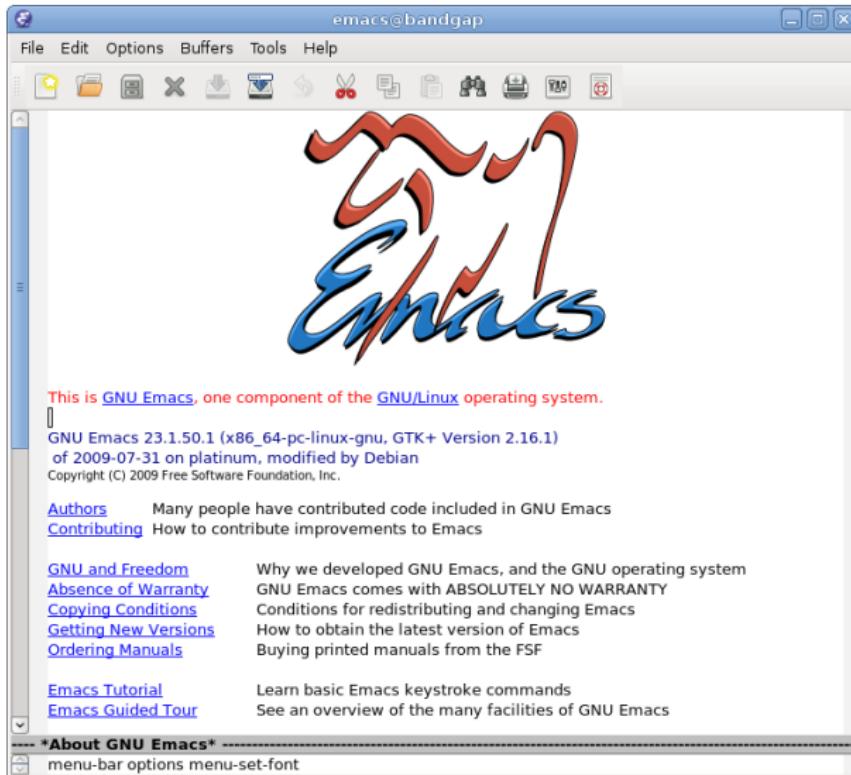
Help poor children in Uganda!
type :help iccf<Enter> for information

type :q<Enter> to exit
type :help<Enter> or <F1> for on-line help
type :help version6<Enter> for version info

0,0-1 All



文本 | 编辑器 | Emacs



文本 | 编辑器 | Sublime Text

Soda Light.sublime-theme — Theme – Soda

OPEN FILES

- Soda Light.sublime-theme
- Soda Dark.sublime-theme

FOLDERS

- Theme – Soda
 - Soda Dark
 - Soda Light
- README.md
- Soda Dark.sublime-theme
- Soda Light.sublime-theme

Soda Light.sublime-theme

Find What: dark Replace With: light

Find Replace Find All Replace All

Line 15, Column 1 Spaces: 4 JSON

```
1 soda light
2
3 658 Soda Light.sublime-theme
4 Soda Light.sublime-theme
5 532 Widget - Soda Light.stTheme
6 Soda Light/Widget - Soda Light.stTheme
7 532 Widget - Soda Light.sublime-settings
8 Soda Light/Widget - Soda Light.sublime-settings
9
10 "layer0.texture": "Theme - Soda/Soda Light/tabs-
11 background.png",
12 "layer0.inner_margin": [1, 7],
13 "layer0.opacity": 1.0,
14 "content_margin": [-4, 0, -4, 3],
15 "tab_overlap": 5,
16 "tab_width": 180,
17 "tab_min_width": 45,
18 "tab_height": 25,
19 "mouse_wheel_switch": false
20 },
21 {
```

Help!!! It's about control!!



文本 | 编辑器 | Atom

```
46   .on('node_modules/'-
47   [ ]
48   }).on('error', $.sass.logError))
49   .pipe($.concat('main.css'))
50   .pipe($.minifyCss())
51   .pipe($.sourcemaps.write())
52   .pipe(gulp.dest('build/dev'));
53 );
54
55 gulp.task('javascript', () => {
56   return gulp.src(javascriptFiles)
57   .pipe($.plumber())
58   .pipe($.sourcemaps.init())
59   .pipe($.babel())
60   .pipe($.uglify())
61   .pipe($.sourcemaps.write())
62   .pipe(gulp.dest('build/dev'));
63 );
64
65 gulp.task('html', () => {
66   return gulp.src(htmlFiles)
67   .pipe(gulp.dest('build/dev/'));
68 );
69
70 gulp.task('images', () => {
71   return gulp.src(imageFiles)
72   .pipe(gulp.dest('build/dev/assets/images/'));
73 );
74
75 gulp.task('fonts', () => {
76   return gulp.src(fontFiles)
```

Line 0 File 0 Project 0 gulpfile.babel.js ✓ Gulp: build 72:34 LF Normal UTF-8 JavaScript master



教学提纲

1

引言

2

基因组组装版本

3

基因组坐标系统

4

基因组注释常用格式

5

文本文件与文本编辑器

6

基因组坐标的逻辑运算

7

总结与答疑

8

引言

9

变异位点的注释

10

基因集富集分析

11

序列标识

12

Box plot

13

解析图表

14

总结与答疑

15

引言

16

Galaxy 分析平台

17

Galaxy 使用演示

18

数据处理三段论

19

总结与答疑

20

复习思考题



逻辑运算 | 常见问题

数据

gene1	chr1	10	20	+
gene2	chr1	40	60	+
gene3	chr1	50	100	+
snp1	chr1	15		+
snp2	chr1	55		-
exon3.1	chr1	50	60	+
exon3.2	chr1	90	100	+

问题

- ① 找到 gene1 和 gene2 之间的基因间区域。
- ② snp1 在 gene1 上吗？snp2 在 gene1 上吗（, 在 gene2 上吗）？
- ③ 找到与 gene3 重叠和不重叠的基因？
- ④ 找到 gene3 的内含子区域。

逻辑运算 | 常见问题

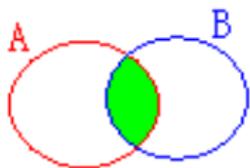
数据

gene1	chr1	10	20	+
gene2	chr1	40	60	+
gene3	chr1	50	100	+
snp1	chr1	15	+	
snp2	chr1	55	-	
exon3.1	chr1	50	60	+
exon3.2	chr1	90	100	+

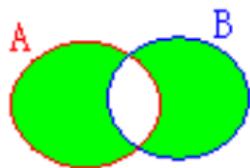
问题

- ① 找到 gene1 和 gene2 之间的基因间区域。
- ② snp1 在 gene1 上吗？snp2 在 gene1 上吗（, 在 gene2 上吗）？
- ③ 找到与 gene3 重叠和不重叠的基因？
- ④ 找到 gene3 的内含子区域。

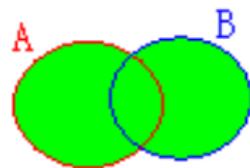
逻辑运算 | 集合运算



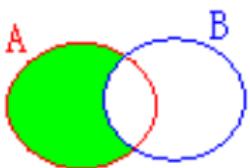
求同
交集



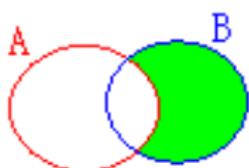
求异



相加
并集



相减 $A-B$



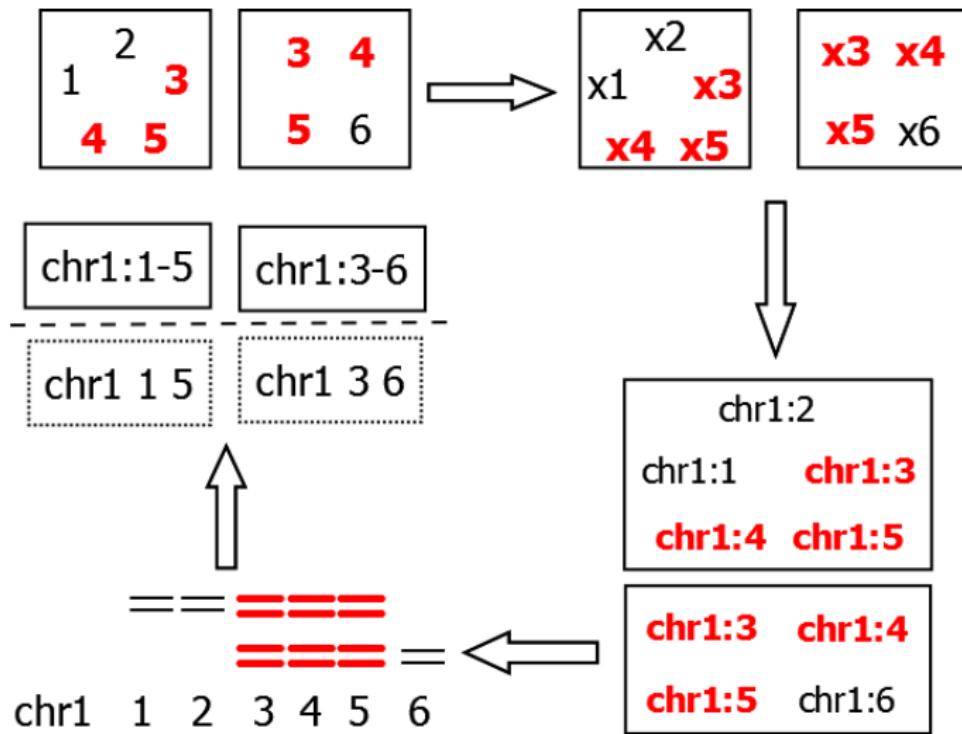
相减 $B-A$



补集

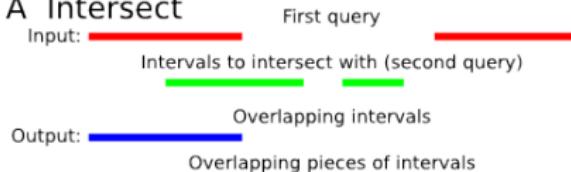


逻辑运算 | 集合 \Rightarrow 基因组

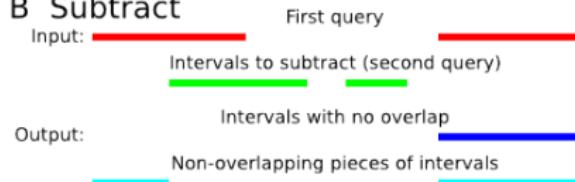


逻辑运算 | 运算模式

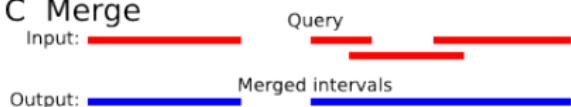
A Intersect



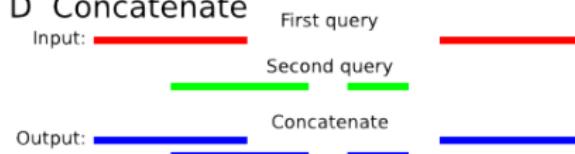
B Subtract



C Merge



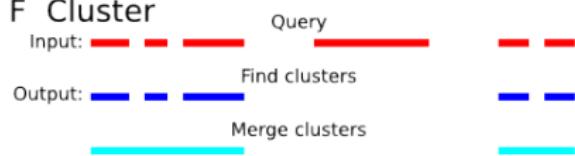
D Concatenate



E Complement



F Cluster



Genome arithmetic

intersect Find overlapping intervals in various ways.

subtract Remove intervals based on overlaps b/w two files.

merge Combine overlapping/nearby intervals into a single interval.

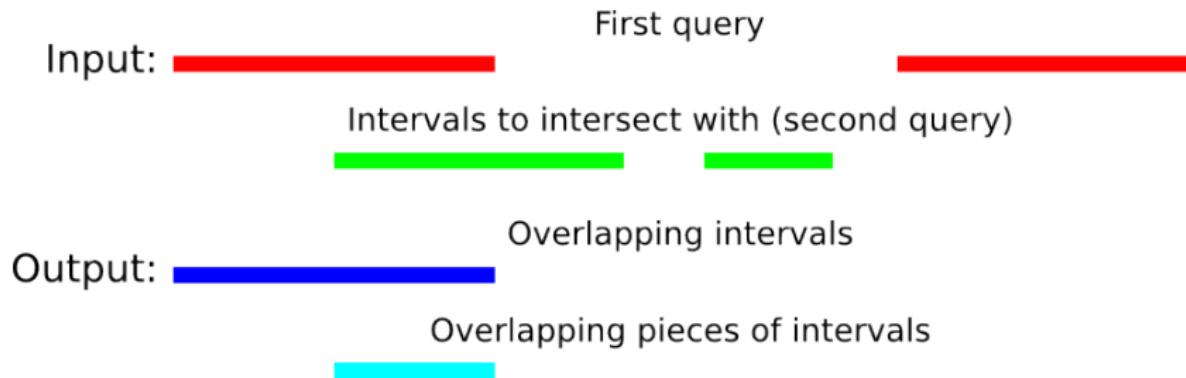
cluster Cluster (but don't merge) overlapping/nearby intervals.

complement Extract intervals **not** represented by an interval file.

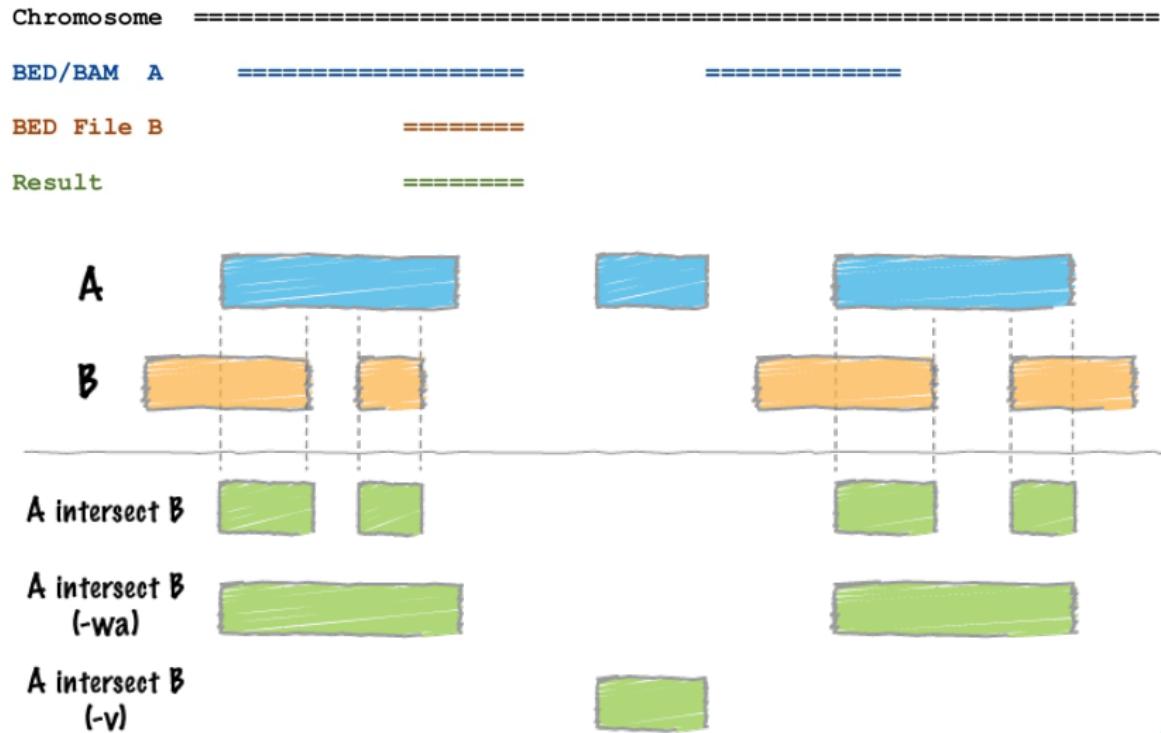
join Join looks at two datasets of intervals, and joins them based on interval overlap. Any interval in the second dataset that overlaps an interval in the first dataset will be appended to the line from the first dataset and output.



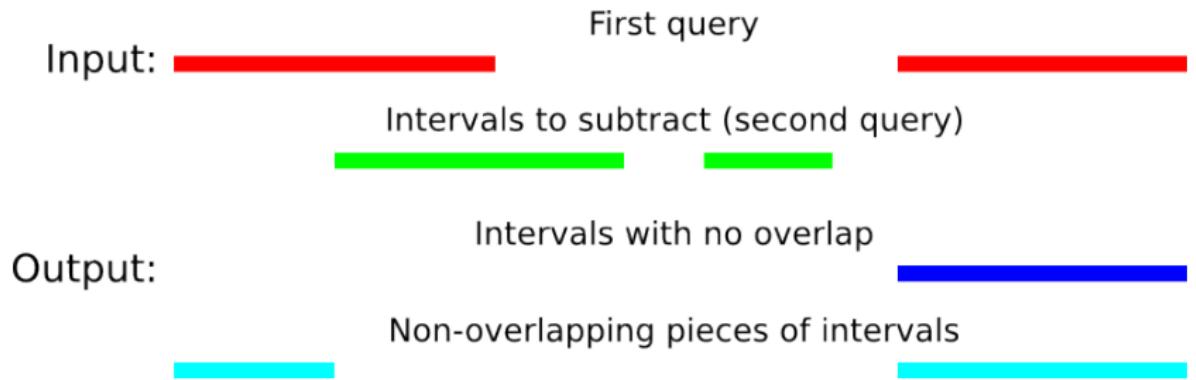
逻辑运算 | intersect



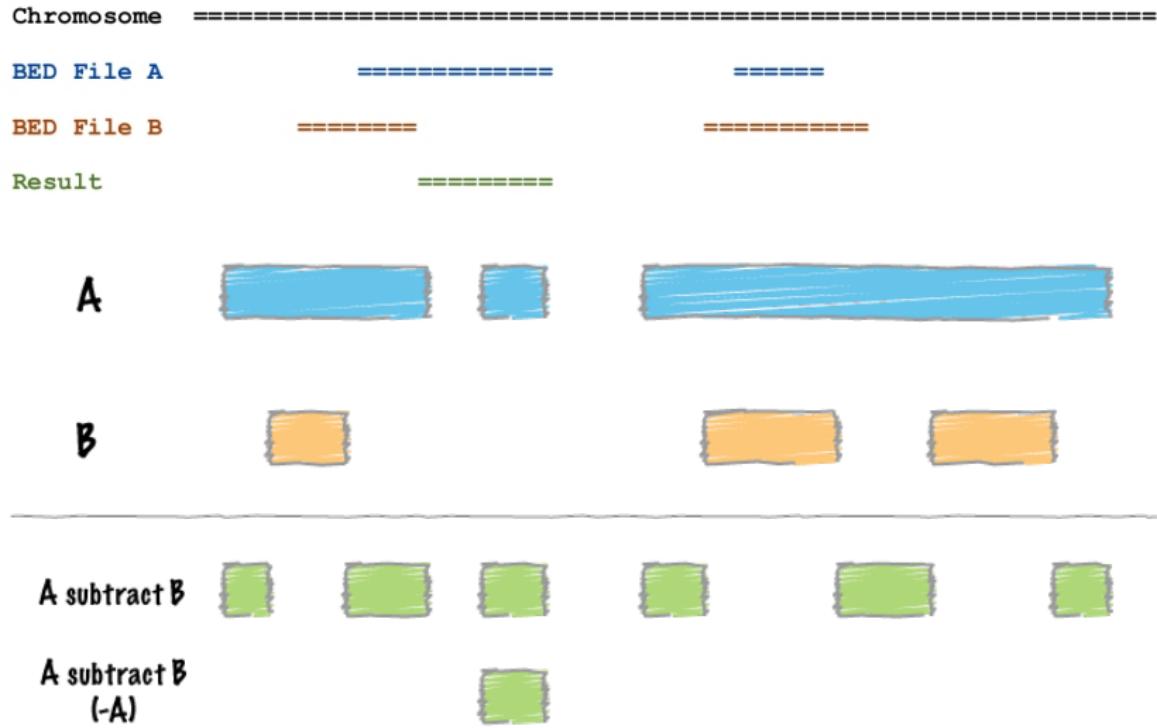
逻辑运算 | intersect



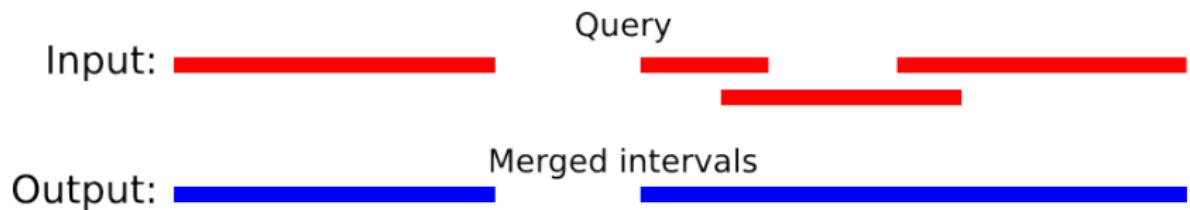
逻辑运算 | subtract



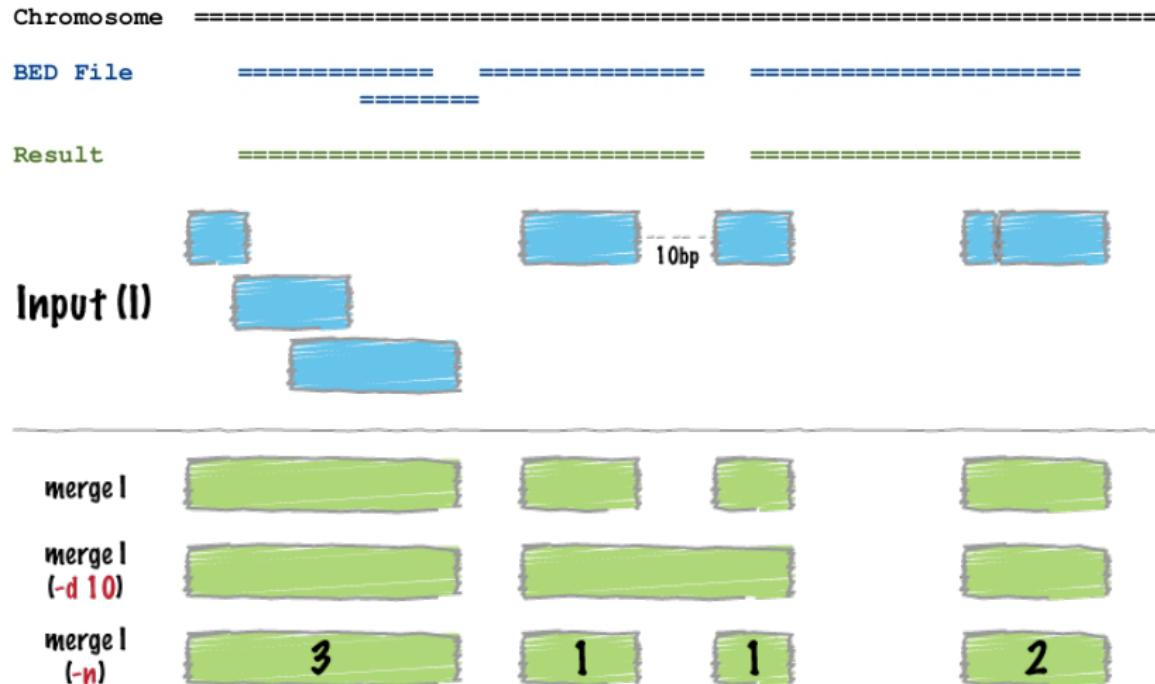
逻辑运算 | subtract



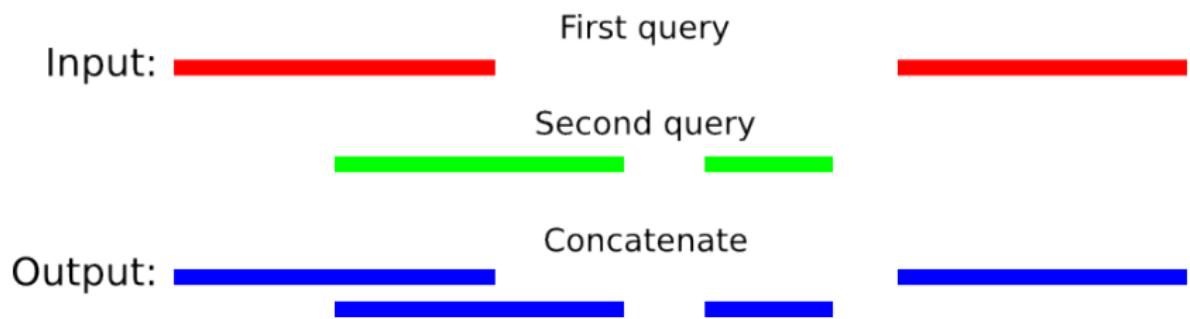
逻辑运算 | merge



逻辑运算 | merge



逻辑运算 | concatenate



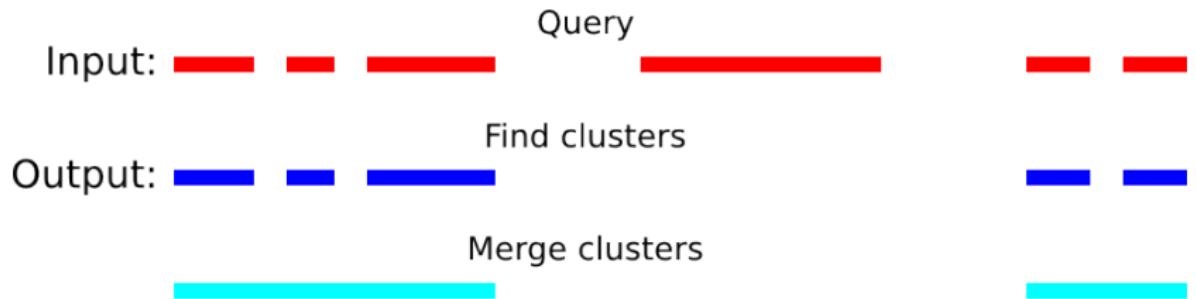
逻辑运算 | complement



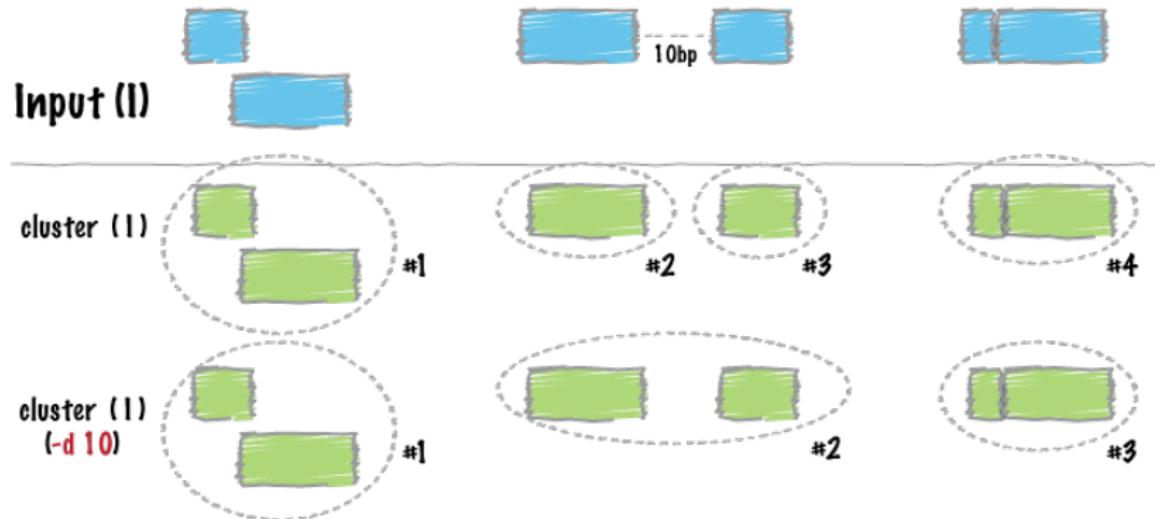
逻辑运算 | complement



逻辑运算 | cluster



逻辑运算 | cluster



逻辑运算 | join

Query 1:				Query 2:			
chr1	10	100	Query1..1				
chr1	500	1000	Query1..2				
chr1	1100	1250	Query1..3				
				chr1	20	80	Query2..1
				chr1	2000	2204	Query2..2
				chr1	2500	3000	Query2..3

Input

(Return only records that are joined)							
chr1	10	100	Query1..1	chr1	20	80	Query2..1

Output

Return only records that are joined (INNER JOIN)
Return all records of first query (fill null with ".")
Return all records of second query (fill null with ".")
Return all records of both queries (fill nulls with ".")



逻辑运算 | join

Input						
Query 1:						
chr1 10 100 Query1..1						
chr1 500 1000 Query1..2						
chr1 1100 1250 Query1..3						
Query 2:						
chr1 20 80 Query2..1						
chr1 2000 2204 Query2..2						
chr1 2500 3000 Query2..3						
(Return all records of first query)						
chr1 10 100 Query1..1 chr1 20 80 Query2..1						
chr1 500 1000 Query1..2 . . .						
chr1 1100 1250 Query1..3 . . .						
Return only records that are joined (INNER JOIN)						
Return all records of first query (fill null with ".")						
Return all records of second query (fill null with ".")						
Return all records of both queries (fill nulls with ".")						



逻辑运算 | join

Input						
Query 1:						
<code>chr1 10 100 Query1.1</code>						
<code>chr1 500 1000 Query1.2</code>						
<code>chr1 1100 1250 Query1.3</code>						
Query 2:						
<code>chr1 20 80 Query2.1</code>						
<code>chr1 2000 2204 Query2.2</code>						
<code>chr1 2500 3000 Query2.3</code>						
(Return all records of second query)						
<code>chr1 10 100 Query1.1 chr1 20 80 Query2.1</code>						
<code>chr1 chr1 2000 2204 Query2.2</code>						
<code>chr1 chr1 500 3000 Query2.3</code>						
						Return only records that are joined (INNER JOIN)
						Return all records of first query (fill null with ".")
						Return all records of second query (fill null with ".")
						Return all records of both queries (fill nulls with ".")



逻辑运算 | join

Input						
Query 1:						
<code>chr1 10 100 Query1..1</code>						
<code>chr1 500 1000 Query1..2</code>						
<code>chr1 1100 1250 Query1..3</code>						
Query 2:						
<code>chr1 20 80 Query2..1</code>						
<code>chr1 2000 2204 Query2..2</code>						
<code>chr1 2500 3000 Query2..3</code>						
(Return all records of both queries)						
<code>chr1 10 100 Query1..1 chr1 20 80 Query2..1</code>						
<code>chr1 500 1000 Query1..2 chr1 . . .</code>						
<code>chr1 1100 1250 Query1..3 chr1 2000 2200 Query2..2</code>						
<code>. . . . chr1 2500 3000 Query2..3</code>						
Return only records that are joined (INNER JOIN)						
Return all records of first query (fill null with ".")						
Return all records of second query (fill null with ".")						
Return all records of both queries (fill nulls with ".")						



window Find overlapping intervals within a window around an interval.

closest Find the closest, potentially non-overlapping interval.

coverage Compute the coverage over defined intervals.

map Apply a function to a column for each overlapping interval.

shift Adjust the position of intervals.

slop Adjust the size of intervals.

flank Create new intervals from the flanks of existing intervals.

sort Order the intervals in a file.

random Generate random intervals in a genome.

shuffle Randomly redistribute intervals in a genome.

sample Sample random records from file using reservoir sampling.

spacing Report the gap lengths between intervals in a file.

annotate Annotate coverage of features from multiple files.



逻辑运算 | 实例

Dataset 1

chr1	10	49	Feature1.1
chr1	70	119	Feature1.2
chr1	170	209	Feature1.3
chr1	180	229	Feature1.4

Dataset 2

chr1	80	109	Feature2.1
chr1	150	199	Feature2.2
chr1	250	289	Feature2.3
chr1	270	309	Feature2.4



逻辑运算 | 实例

Dataset 1

chr1	10	49	Feature1.1
chr1	70	119	Feature1.2
chr1	170	209	Feature1.3
chr1	180	229	Feature1.4

Dataset 2

chr1	80	109	Feature2.1
chr1	150	199	Feature2.2
chr1	250	289	Feature2.3
chr1	270	309	Feature2.4

intersect

chr1	80	109	Feature3.1
chr1	170	199	Feature3.2
chr1	180	199	Feature3.3



逻辑运算 | 实例

Dataset 1

chr1	10	49	Feature1.1
chr1	70	119	Feature1.2
chr1	170	209	Feature1.3
chr1	180	229	Feature1.4

Dataset 2

chr1	80	109	Feature2.1
chr1	150	199	Feature2.2
chr1	250	289	Feature2.3
chr1	270	309	Feature2.4

subtract (1-2)

chr1	10	49	Feature4.1
chr1	70	80	Feature4.2
chr1	109	119	Feature4.3
chr1	199	209	Feature4.4
chr1	199	229	Feature4.5

subtract (2-1)

chr1	150	170	Feature5.1
chr1	250	289	Feature5.2
chr1	270	309	Feature5.3



逻辑运算 | 实例

Dataset 1

chr1	10	49	Feature1.1
chr1	70	119	Feature1.2
chr1	170	209	Feature1.3
chr1	180	229	Feature1.4

Dataset 2

chr1	80	109	Feature2.1
chr1	150	199	Feature2.2
chr1	250	289	Feature2.3
chr1	270	309	Feature2.4

join

chr1	70	119	Feature1.2	chr1	80	109	Feature2.1
chr1	170	209	Feature1.3	chr1	150	199	Feature2.2
chr1	180	229	Feature1.4	chr1	150	199	Feature2.2



实际问题

- ① Find genes that overlap LINEs.
- ② Remove introns from gene features. Exons will (should) be reported.
- ③ Merge overlapping repetitive elements into a single entry.
- ④ Report all intervals in the human genome that are not covered by repetitive elements.

解决策略

- ① intersect
- ② subtract
- ③ merge
- ④ complement

实际问题

- ① Find genes that overlap LINEs.
- ② Remove introns from gene features. Exons will (should) be reported.
- ③ Merge overlapping repetitive elements into a single entry.
- ④ Report all intervals in the human genome that are not covered by repetitive elements.

解决策略

- ① intersect
- ② subtract
- ③ merge
- ④ complement

- Interval Operations in Galaxy
- Galaxy 中的 “Operate on Genomic Intervals” 工具集
- bedtools: a powerful toolset for genome arithmetic
- BEDOPS: the fast, highly scalable and easily-parallelizable genome analysis toolkit



教学提纲

- 1 引言
- 2 基因组组装版本
- 3 基因组坐标系统
- 4 基因组注释常用格式
- 5 文本文件与文本编辑器
- 6 基因组坐标的逻辑运算
- 7 总结与答疑
- 8 引言
- 9 变异位点的注释
- 10 基因集富集分析

- 11 序列标识
- 12 Box plot
- 13 解析图表
- 14 总结与答疑
- 15 引言
- 16 Galaxy 分析平台
- 17 Galaxy 使用演示
- 18 数据处理三段论
- 19 总结与答疑
- 20 复习思考题



知识点——基因组注释基础

- 基因组组装版本——对应关系
- 两种坐标系统——0-based 和 1-based
- 四种常用格式——FASTA, BED, GFF, VCF
- 坐标逻辑运算——常见模式及其适用范围
- 坐标转换、格式转换、逻辑运算的工具

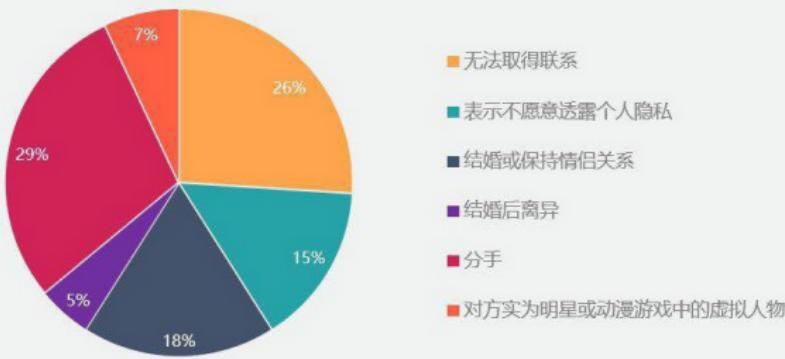
技能——纯文本与文本编辑器

- 纯文本与格式化文本
- 不同操作系统中的换行符
- 文本编辑器——Notepad++, Vim, Emacs



论文摘要：

本文统计了历年来我国硕士、博士毕业论文中提及“感谢女友 / 男友 XXX 支持”或类似字眼的案例，合计 16325 篇。此后通过邮件、电话、微信等方式逐一回访，确认论文作者与文中女友 / 男友的后续感情状况，得到如下结果：



插曲 | 大数据的数字大小

阅读量

大学 4 年，借阅 400 本书（确切数字为 476 册）。

“科研人才”

5 年发表 40 余篇科研论文！——灌水！

学科评估

2017 年，天津财经大学，5 名评估专家，5 天的时间，“评阅” 4000 多份毕业论文！（工作到晚上 10 点，给准备夜宵，……）



插曲 | 大数据的数字大小

阅读量

大学 4 年，借阅 400 本书（确切数字为 476 册）。

“科研人才”

5 年发表 40 余篇科研论文！——灌水！

学科评估

2017 年，天津财经大学，5 名评估专家，5 天的时间，“评阅”4000 多份毕业论文！（工作到晚上 10 点，给准备夜宵，……）

天津医科大学图书馆2017读者借阅量排行榜



序号	姓名	院系	借阅量
1	杨丽蓉	护理学院	83
2	严顺钱	药学院	76
3	刘佳	药学院	66
4	李茂根	口腔医学院	60
5	马莉	基础医学院	53
6	张云鹏	临床医学院	50
7	王爽	研究生院	49
8	朱靓	医学英语	49
9	姚爽	护理学院	47
10	徐露	基础医学院	47



插曲 | 大数据的数字大小

阅读量

大学 4 年，借阅 400 本书（确切数字为 476 册）。



天津医科大学图书馆2017读者借阅量排行榜



“科研人才”

5 年发表 40 余篇科研论文！——灌水！

学科评估

2017 年，天津财经大学，5 名评估专家，5 天的时间，“评阅” 4000 多份毕业论文！（工作到晚上 10 点，给准备夜宵，……）

序号	姓名	院系	借阅量
1	杨丽蓉	护理学院	83
2	严顺钱	药学院	76
3	刘佳	药学院	66
4	李茂根	口腔医学院	60
5	马莉	基础医学院	53
6	张云鹏	临床医学院	50
7	王爽	研究生院	49
8	朱靓	医学英语	49
9	姚爽	护理学院	47
10	徐露	基础医学院	47



插曲 | 大数据的数字大小

阅读量

大学 4 年，借阅 400 本书（确切数字为 476 册）。



天津医科大学图书馆2017读者借阅量排行榜



“科研人才”

5 年发表 40 余篇科研论文！——灌水！

学科评估

2017 年，天津财经大学，5 名评估专家，5 天的时间，“评阅” 4000 多份毕业论文！（工作到晚上 10 点，给准备夜宵，……）

序号	姓名	院系	借阅量
1	杨丽蓉	护理学院	83
2	严顺钱	药学院	76
3	刘佳	药学院	66
4	李茂根	口腔医学院	60
5	马莉	基础医学院	53
6	张云鹏	临床医学院	50
7	王爽	研究生院	49
8	朱靓	医学英语	49
9	姚爽	护理学院	47
10	徐露	基础医学院	47



教学提纲

1

引言

2

基因组组装版本

3

基因组坐标系统

4

基因组注释常用格式

5

文本文件与文本编辑器

6

基因组坐标的逻辑运算

7

总结与答疑

8

引言

9

变异位点的注释

10

基因集富集分析

11

序列标识

12

Box plot

13

解析图表

14

总结与答疑

15

引言

16

Galaxy 分析平台

17

Galaxy 使用演示

18

数据处理三段论

19

总结与答疑

20

复习思考题



前期准备工作

- 组装版本
- 坐标系统
- 常用格式
- 逻辑运算

后续功能注释

- 变异位点的注释
- 基因集富集分析
- 制作序列标识
- ...



前期准备工作

- 组装版本
- 坐标系统
- 常用格式
- 逻辑运算

后续功能注释

- 变异位点的注释
- 基因集富集分析
- 制作序列标识
- ...



教学提纲

- 1 引言
- 2 基因组组装版本
- 3 基因组坐标系统
- 4 基因组注释常用格式
- 5 文本文件与文本编辑器
- 6 基因组坐标的逻辑运算
- 7 总结与答疑
- 8 引言
- 9 变异位点的注释
- 10 基因集富集分析

- 11 序列标识
- 12 Box plot
- 13 解析图表
- 14 总结与答疑
- 15 引言
- 16 Galaxy 分析平台
- 17 Galaxy 使用演示
- 18 数据处理三段论
- 19 总结与答疑
- 20 复习思考题

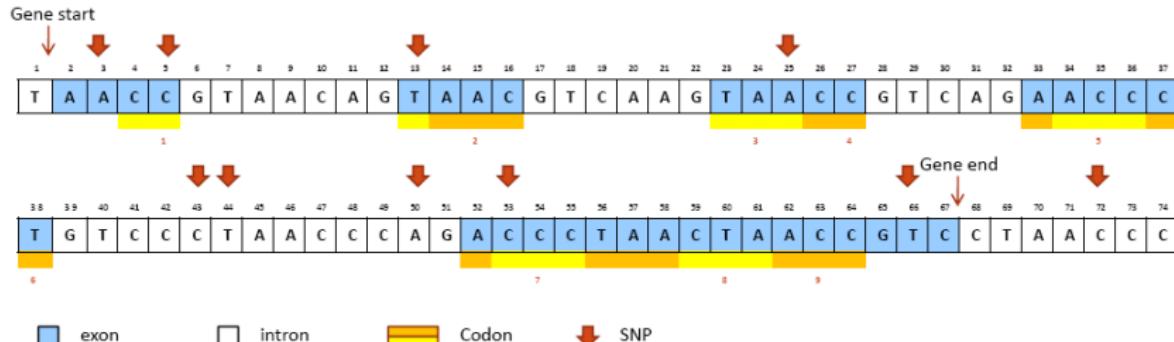


变异位点的注释 | SNP

ID	Chromosome	Position	Reference	Mutation	TotalHit
SNP00000001	15	20833654	C	A	38
SNP00000002	15	23501058	C	A	31
SNP00000003	15	45564496	C	A	20
SNP00000004	15	45564498	A	T	20
SNP00000005	15	45564501	G	T	20
SNP00000006	15	45564504	C	A	20
SNP00000007	15	45564505	C	T	20
SNP00000008	15	45564506	T	C	20
SNP00000009	15	45564508	A	T	20
SNP00000010	15	50212324	G	C	21
SNP00000011	15	50212325	A	T	21
SNP00000012	15	50212326	A	C	21
SNP00000013	15	50212328	G	A	21
SNP00000014	15	50212329	A	G	21
SNP00000015	15	50212330	G	A	21
SNP00000016	15	50212342	G	T	21
SNP00000017	15	52098626	A	G	20
SNP00000018	15	52098627	G	A	20



变异位点的注释 | SNP 注释



Pos	Alt SNP	Ref SNP	Alt SNP Codon	Ref SNP Codon	Alt SNP AA	Ref SNP AA	Anno Type
3	G	A	--	--	--	--	5'UTR
5	A	C	CAT	CCT	His	Pro	Non_Synonymous
13	G	T	CCG	CCT	Pro	Pro	Synonymous
25	C	A	TAC	TAA	Tyr	Stop	Stop Loss
43	A	C	--	--	--	--	Splice Site
44	G	T	--	--	--	--	Intronic
50	C	A	--	--	--	--	Essential Splice Site
53	A	C	ACC	CCC	Thr	Pro	Non_Synonymous
66	C	T	--	--	--	--	3'UTR
72	A	C	--	--	--	--	Downstram



- SNVs 的注释：SeattleSeq Annotation、VEP (Variant Effect Predictor) 、SnpEff、ANNOVAR、Variant Tools
- 非同义多态性的功能注释：SIFT、PolyPhen-2、SNPs3D
- indels 的功能注释：PROVEAN



变异位点的注释 | 结果解析 | SeattleSeq Annotation

File:
/data/jboss-as-
7.1.1.Final/gvsBatchOutput/SeattleSeqAnnotation137.1individual.294000040650.txt

Title:
1individual

Counts:
HapMapFreqType HapMapFreqMinor
polyPhenType polyPhenScore

Count missense SNPs = 8
 Count stop SNPs = 0
 Count SNPs in splice sites = 0
 Count SNPs in coding synonymous = 8
 Count SNPs in coding (not mod 3) = 0
 Count SNPs in a UTR = 0
 Count SNPs near a gene = 0
 Count SNPs in introns = 0
 Count intergenic SNPs = 0

number SNPs in microRNAs = 0

number accessions coding-synonymous NCBI = 19
 number accessions missense NCBI = 15
 number accessions stop NCBI = 0
 number accessions splice-site NCBI = 0
 number SNPs in dbSNP = 16
 number SNPs not in dbSNP = 0
 number SNP's total = 16

Add or Remove Columns:	Sort by Column Value:	Sort Direction:
<input checked="" type="checkbox"/> Sample Alleles <input checked="" type="checkbox"/> Alleles in dbSNP <input checked="" type="checkbox"/> GVS Function <input checked="" type="checkbox"/> dbSNP Function <input checked="" type="checkbox"/> Chimp Allele <input checked="" type="checkbox"/> Copy Number Variations <input checked="" type="checkbox"/> HapMap Rare-Allele Frequencies <input checked="" type="checkbox"/> dbSNP Validation <input checked="" type="checkbox"/> RepeatMasker <input checked="" type="checkbox"/> Tandem Repeats <input checked="" type="checkbox"/> microRNAs <input checked="" type="checkbox"/> Grantham Score <input checked="" type="checkbox"/> cDNA Position <input checked="" type="checkbox"/> PolyPhen Prediction <input checked="" type="checkbox"/> Clinical Association <input checked="" type="checkbox"/> Distance to Nearest Splice Site <input checked="" type="checkbox"/> NHLBI ESP Allele Counts	<input checked="" type="radio"/> Original Order <input type="radio"/> dbSNP Function <input type="radio"/> GVS Function <input type="radio"/> Conservation Score phastCons <input type="radio"/> Conservation Score GERP <input type="radio"/> In dbSNP	<input checked="" type="radio"/> Forward <input type="radio"/> Reverse
Filter: <input type="checkbox"/> Only missense, nonsense, splice, frameshift (GVS) <input type="checkbox"/> Only synonymous SNPs or coding (not frameshift) indels (GVS) <input type="checkbox"/> Only intron (GVS) <input type="checkbox"/> Only variations not in dbSNP <input type="checkbox"/> Only variations with clinical association		
Table reset		

16 SNP locations 36 accession lines page 1 of 1

inDBSNPOrNot	chromosome	position	referenceBase	sampleGenotype	sampleAlleles	allelesDBSNP	accession	functionGVS	functionDBSNP	rsID	aminoAcids	proteinPosition
dbSNP_130	10	1126383	A	R	A/G	A/G	NM_014023.3	coding-synonymous	synonymous-codon	73578536	none	121/495
dbSNP_86	10	3150973	C	Y	C/T	C/T	NM_001242339.1	coding-synonymous	synonymous-codon	1132173	none	309/777
dbSNP_86	10	3150973	C	Y	C/T	C/T	NM_002627.4	coding-synonymous	synonymous-codon	1132173	none	317/785

变异位点的注释 | 结果解析 | SeattleSeq Annotation

inDBSNPOrNot	chromosome	position	referenceBase	sampleGenotype	sampleAlleles	allelesDBSNP
dbSNP_130	10	1126383	A	R	A/G	A/G
dbSNP_86	10	3150973	C	Y	C/T	C/T
dbSNP_86	10	3150973	C	Y	C/T	C/T

accession	functionGVS	functionDBSNP	rsID	aminoAcids	proteinPosition
NM_014023.3	coding-synonymous	synonymous-codon	73578536	none	121/495
NM_001242339.1	coding-synonymous	synonymous-codon	1132173	none	309/777
NM_002627.4	coding-synonymous	synonymous-codon	1132173	none	317/785



变异位点的注释 | 结果解析 | SIFT

Transcript ID	Protein ID	Substitution	Region	dbSNP ID	SNP Type	Prediction	SIFT Score
ENST00000294724	ENSP00000294724	R1487G	EXON CDS	rs12118058:G	Nonsynonymous	TOLERATED	0.46
ENST00000294724	ENSP00000294724	E1405G	EXON CDS	rs28730708:G	Nonsynonymous	DAMAGING	0.01
ENST00000294724	ENSP00000294724	R1487R	EXON CDS	rs12118058:G	Synonymous	TOLERATED	0.64
ENST00000330029	ENSP00000332887	E49A	EXON CDS	novel	Nonsynonymous	DAMAGING	0.02
ENST00000371564	ENSP00000360619	T612N	EXON CDS	rs6067785:T	Nonsynonymous	DAMAGING	0
ENST00000283943	ENSP00000283943	Q1910*	EXON CDS	rs1803846:A	Nonsynonymous	N/A	N/A
ENST00000341772	ENSP00000345229	P433L	EXON CDS	rs17853365:A	Nonsynonymous	DAMAGING	0.02



教学提纲

1 引言
2 基因组组装版本
3 基因组坐标系统
4 基因组注释常用格式
5 文本文件与文本编辑器
6 基因组坐标的逻辑运算
7 总结与答疑
8 引言
9 变异位点的注释
10 基因集富集分析

11 序列标识
12 Box plot
13 解析图表
14 总结与答疑
15 引言
16 Galaxy 分析平台
17 Galaxy 使用演示
18 数据处理三段论
19 总结与答疑
20 复习思考题



富集分析 | 基因集

Table 7 The minimum gene set selected in PRI dataset (gene scores rank from high to low)

Probe ID	Gene symbol	Gene name	Chromosomal regions
219868_s_at	ANKFY1	Ankyrin repeat and FYVE domain containing1	17p13.3
213613_s_at	NADK	NAD kinase	1p36.33-p36.21
208002_s_at	ACOT7	Acyl-coa thioesterase 7	1p36
222133_s_at	PHF20L1	PHD finger protein 20-like 1	8q24.22
203858_s_at	COX10	COX10 homolog, cytochrome c oxidase assembly protein, heme A: farnesyltransferase (yeast)	17p12
204051_s_at	SFRP4	Secreted frizzled-related protein 4	7p14.1
207567_at	SLC13A2	Solute carrier family 13 (sodium-dependent dicarboxylate transporter), member 2	17p13.2
225803_at	FBXO32	F-box protein 32	8q24.13
205527_s_at	GEMIN4	Gem (nuclear organelle) associated protein 4	17p13
207017_at	RAB27B	RAB27B, member RAS oncogene family	18q21.2
206746_at	BFSP1	Beaded filament structural protein 1, filensin	20p12.1
217099_s_at	GEMIN4	Gem (nuclear organelle) associated protein 4	17p13
233638_s_at	POMGNT1	Protein O-linked mannose beta1,2-N-acetylglucosaminyltransferase	1p34.1
217381_s_at	TRGV5	T cell receptor gamma variable 5	7p14



数据库

GO Gene Ontology

KEGG Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes

分析工具

DAVID Database for Annotation, Visualization and Integrated Discovery

Enrichr Interactive and collaborative HTML5 gene list enrichment analysis tool

Metascape A Gene Annotation & Analysis Resource

WebGestalt A functional enrichment analysis web tool

clusterProfiler Statistical analysis and visualization of functional profiles for genes and gene clusters

g:Profiler a web server for functional enrichment analysis and conversions of gene lists

数据库

GO Gene Ontology

KEGG Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes

分析工具

DAVID Database for Annotation, Visualization and Integrated Discovery

Enrichr Interactive and collaborative HTML5 gene list enrichment analysis tool

Metascape A Gene Annotation & Analysis Resource

WebGestalt A functional enrichment analysis web tool

clusterProfiler Statistical analysis and visualization of functional profiles for genes and gene clusters

g:Profiler a web server for functional enrichment analysis and conversions of gene lists

三个方面

- biological process, BP, 生物学过程
- molecular function, MF, 分子功能
- cellular component, CC, 细胞组份

两大关系

- is_a: for simple, hierarchical connections between terms
- part_of: for describing how the components of a living system fit together



三个方面

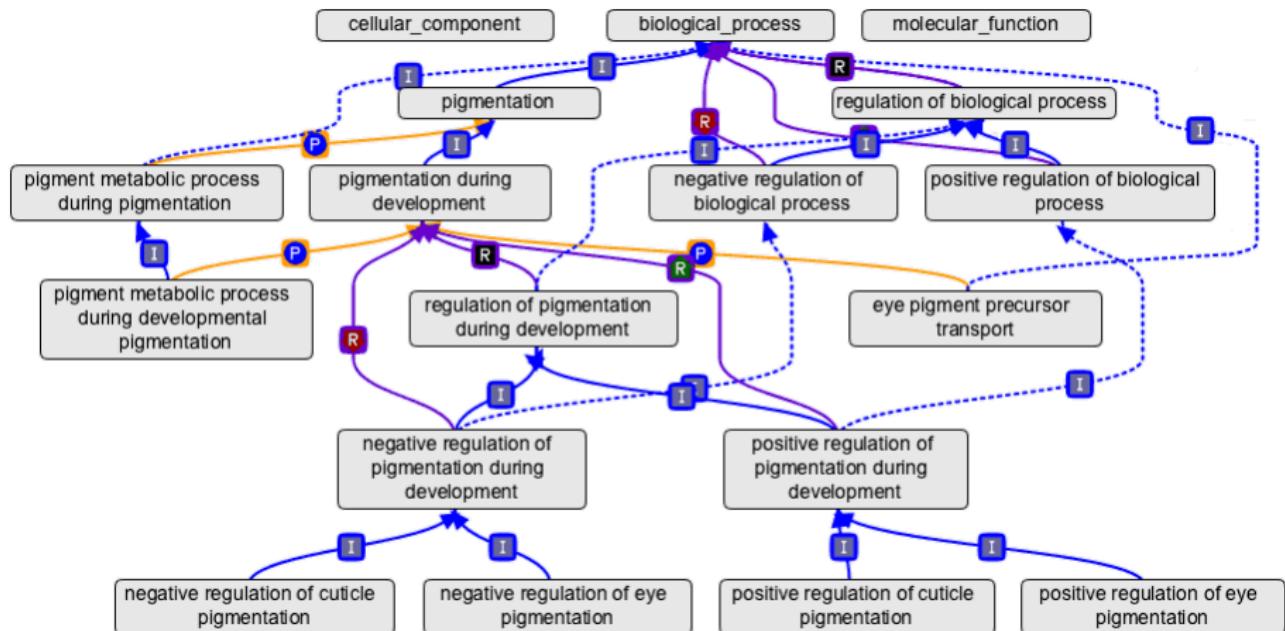
- biological process, BP, 生物学过程
- molecular function, MF, 分子功能
- cellular component, CC, 细胞组份

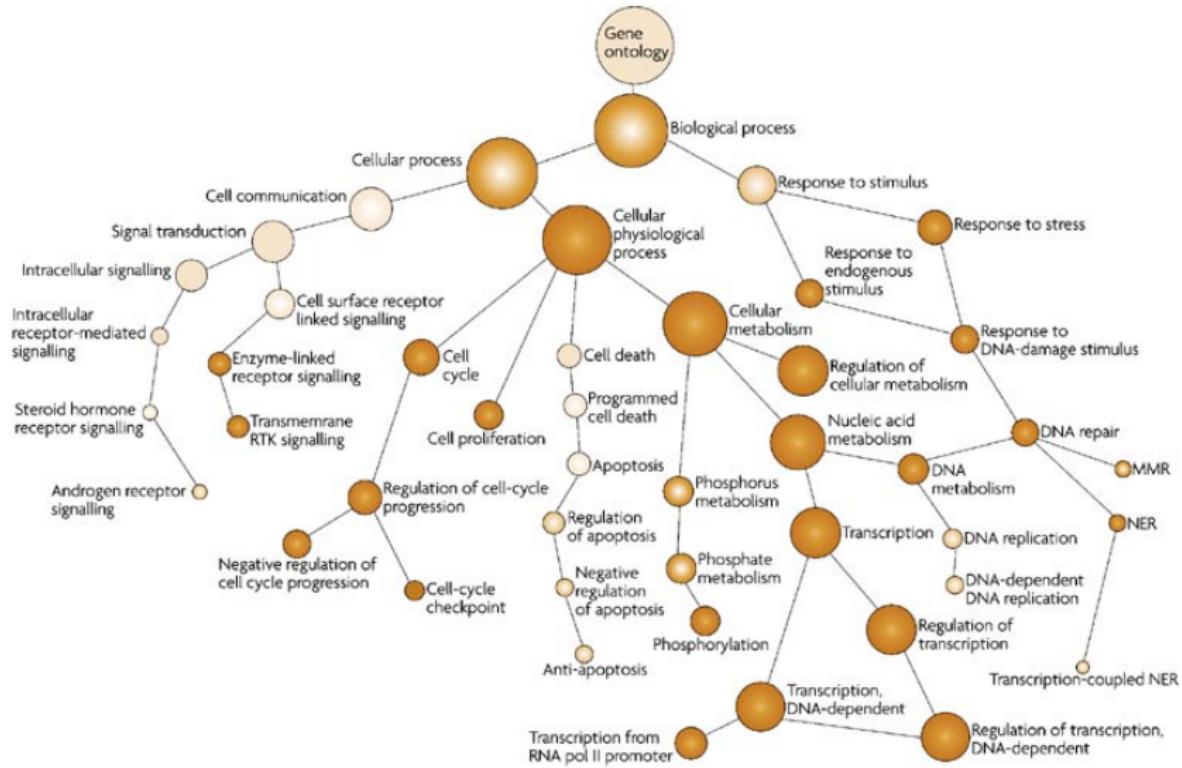
两大关系

- is_a: for simple, hierarchical connections between terms
- part_of: for describing how the components of a living system fit together

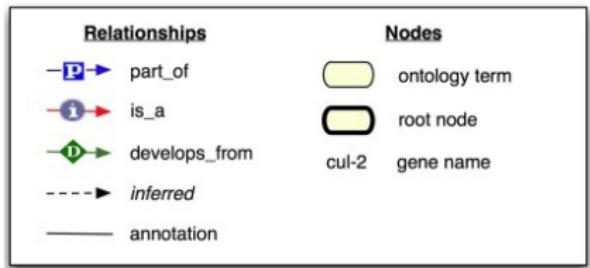
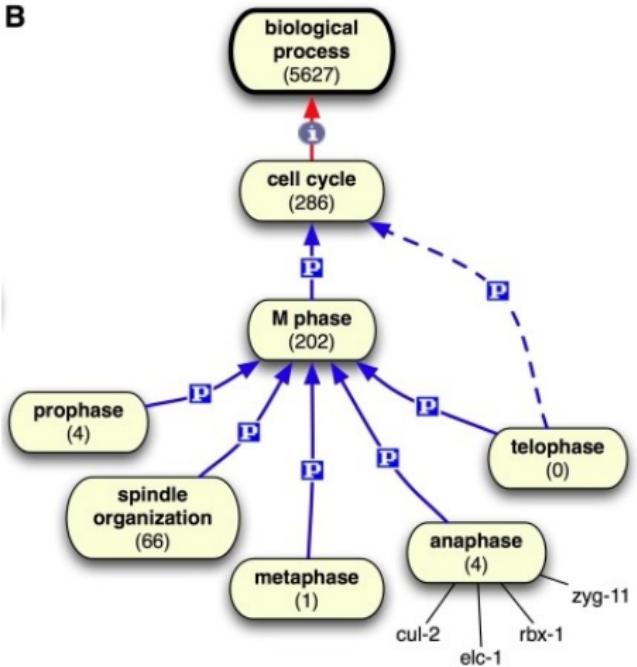


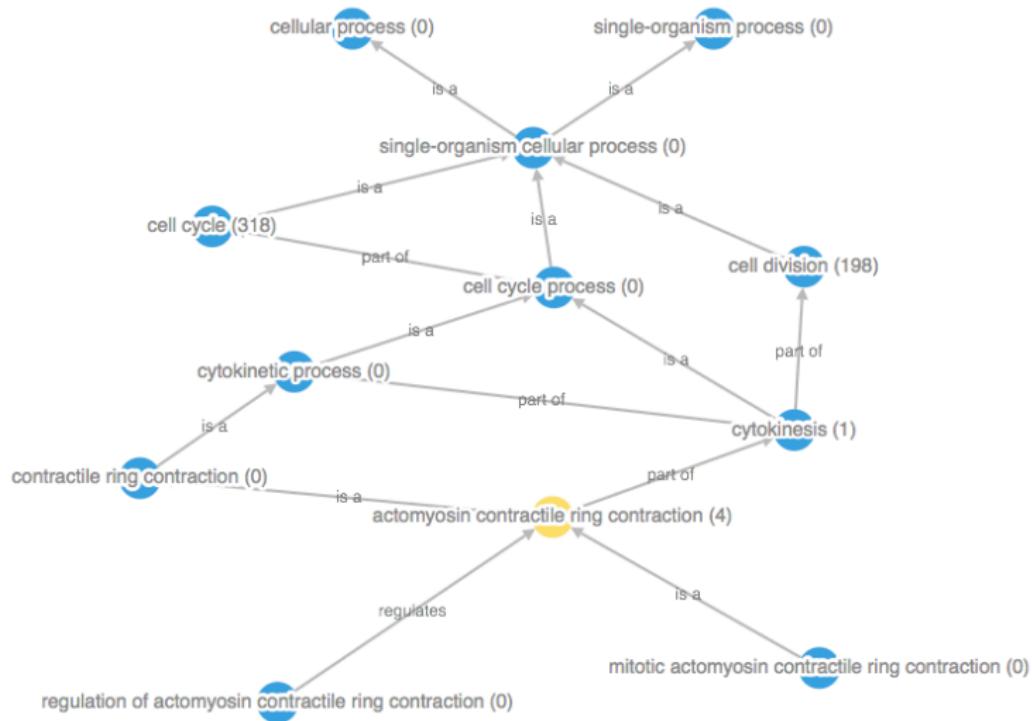
富集分析 | GO



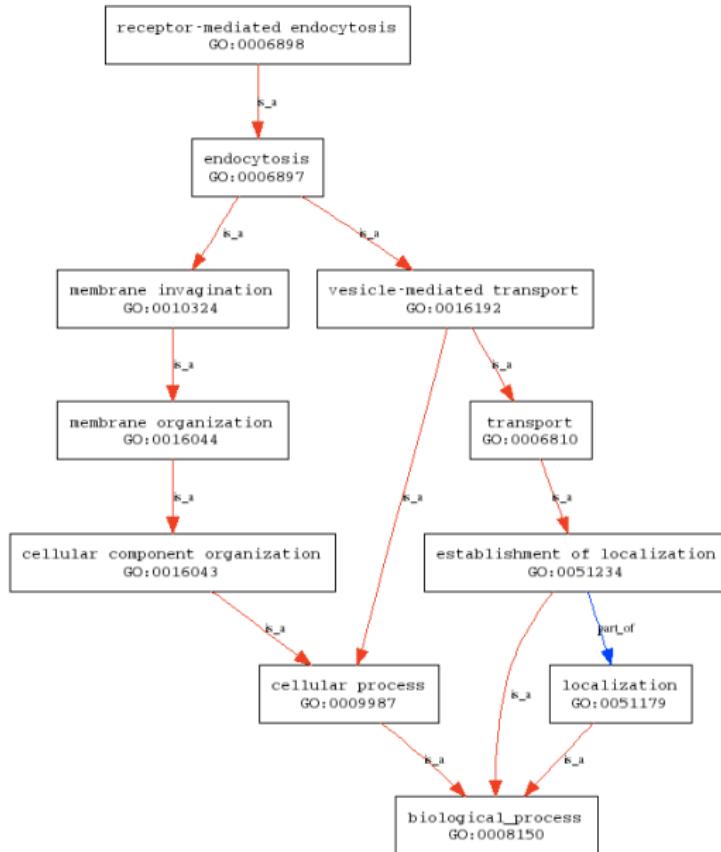


B

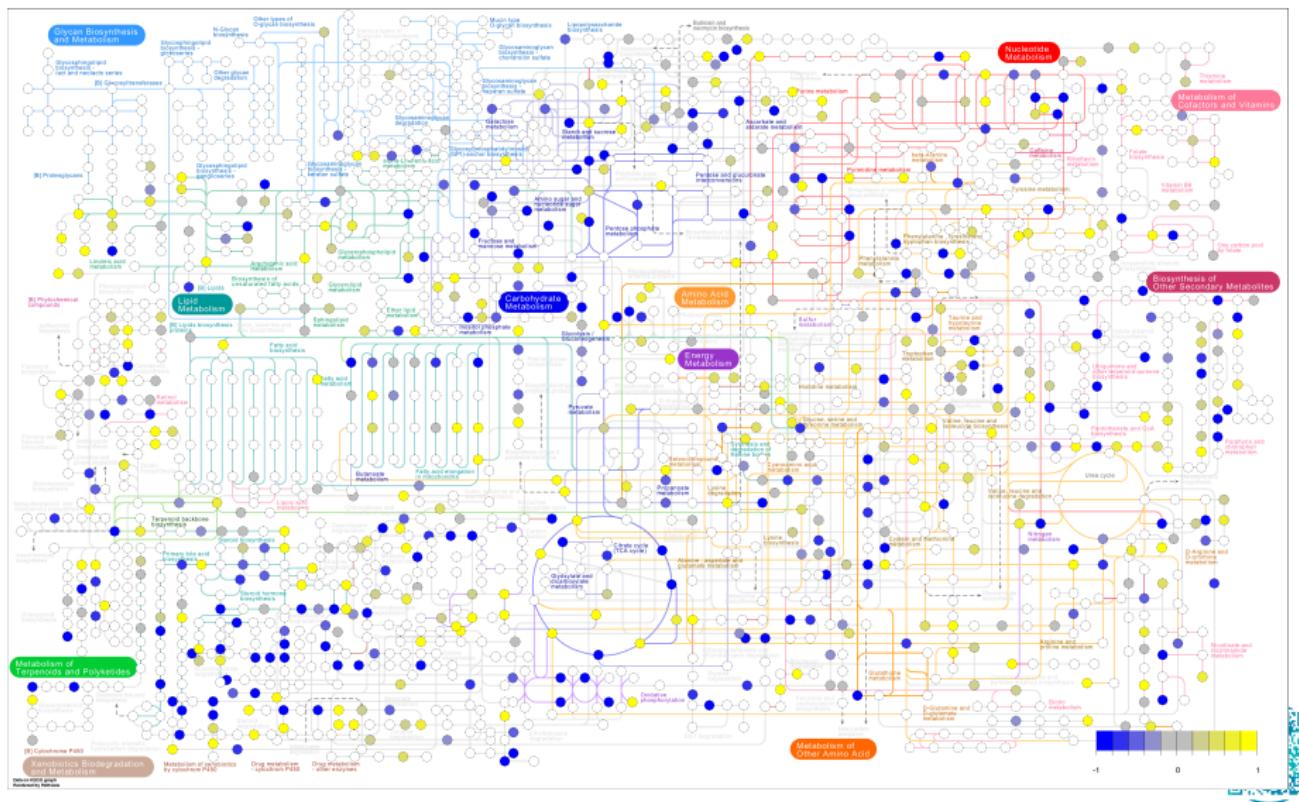




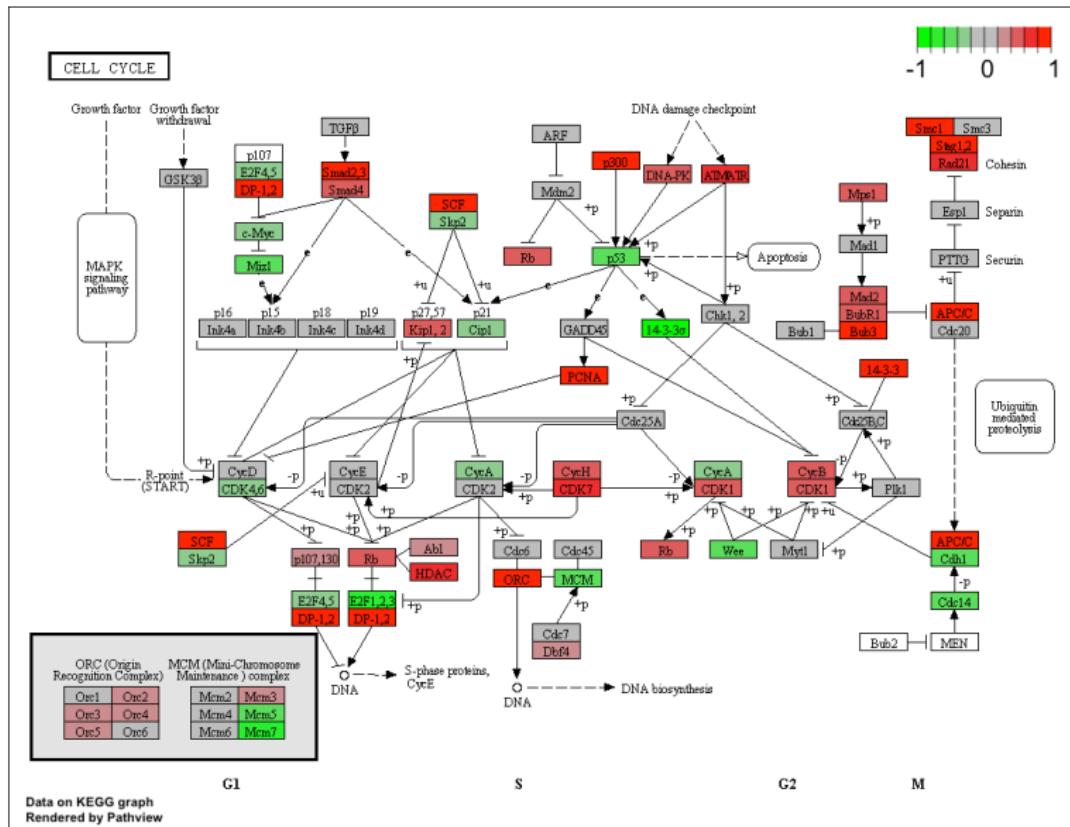
富集分析 | GO



富集分析 | KEGG



富集分析 | KEGG



- Gene Name Batch Viewer
- Gene ID Conversion Tool
- Gene Functional Classification Tool
- Functional Annotation Tool
 - Functional Annotation Clustering
 - **Functional Annotation Chart** : 富集分析
 - Functional Annotation Table



富集分析 | DAVID | 结果解析

Functional Annotation Chart

[Help and Manual](#)**Current Gene List: demolist1****Current Background: Homo sapiens****155 DAVID IDs****Options**[Rerun Using Options](#)[Create Sublist](#)**105 chart records** [Download File](#) [<<](#) [<](#) [1](#) [2](#) [3](#) [4](#) [5](#) [6](#) [>](#) [>>](#)

Category	Term	RT	Genes	Count	%	P-Value	Benjamini
GOTERM_CC_FAT	extracellular_region	RT		40	25.8	6.9E-6	1.5E-3
GOTERM_CC_FAT	extracellular_region_part	RT		24	15.5	3.8E-5	4.0E-3
GOTERM_MF_FAT	oxygen_binding	RT		6	3.9	3.8E-5	1.4E-2
GOTERM_CC_FAT	extracellular_space	RT		19	12.3	9.4E-5	6.5E-3
GOTERM_MF_FAT	heme_binding	RT		8	5.2	1.0E-4	1.9E-2
GOTERM_BP_FAT	defense_response	RT		18	11.6	1.3E-4	1.7E-1
GOTERM_BP_FAT	response_to_bacterium	RT		10	6.5	1.4E-4	9.1E-2
GOTERM_MF_FAT	tetrapyrrole_binding	RT		8	5.2	1.5E-4	1.9E-2
GOTERM_MF_FAT	iron_ion_binding	RT		11	7.1	4.3E-4	3.9E-2
GOTERM_BP_FAT	defense_response_to_bacterium	RT		7	4.5	8.9E-4	3.4E-1
GOTERM_BP_FAT	response_to_drug	RT		9	5.8	1.5E-3	4.0E-1
GOTERM_BP_FAT	regulation_of_response_to_external_stimulus	RT		7	4.5	5.2E-3	7.7E-1
GOTERM_BP_FAT	taxis	RT		7	4.5	5.4E-3	7.2E-1
GOTERM_BP_FAT	chemotaxis	RT		7	4.5	5.4E-3	7.2E-1
GOTERM_CC_FAT	hemoglobin_complex	RT		3	1.9	5.7E-3	2.6E-1
GOTERM_MF_FAT	oxygen_transporter_activity	RT		3	1.9	5.8E-3	3.5E-1

富集分析 | DAVID | 工具选择

- Highly recommended
- Recommended

	Gene ID conversion tool	Gene name batch viewer	Gene functional classification	Functional annotation chart	Functional annotation clustering	Functional annotation table
Convert gene IDs from one type to another	■					
Diagnose and fix problems of gene IDs		■				■
Explore gene names in batch		■	■			■
Discover enriched functionally related gene groups			■	■		
Display relationship of many-genes-to-many-terms on 2D view.				■	■	■
Initial glance of major biological functions associated with gene list	■		■	■		
Identify enriched (overrepresented) annotation terms				■	■	
Visualize genes on BioCarta and KEGG pathway maps				■		
Link gene–disease associations				■		
Highlight protein functional domains and motifs			■	■		
Redirect to related literatures				■		■
List interacting proteins			■	■		■
Cluster redundant and heterozygous annotation terms				■		
Search other functionally similar genes in genome, but not in list	■	■		1	1	
Search other annotations functionally similar to one of my interests			■			
Read all annotation contents associated with a gene						■



教学提纲

1 引言
2 基因组组装版本
3 基因组坐标系统
4 基因组注释常用格式
5 文本文件与文本编辑器
6 基因组坐标的逻辑运算
7 总结与答疑
8 引言
9 变异位点的注释
10 基因集富集分析

- 11 序列标识
- 12 Box plot
- 13 解析图表
- 14 总结与答疑
- 15 引言
- 16 Galaxy 分析平台
- 17 Galaxy 使用演示
- 18 数据处理三段论
- 19 总结与答疑
- 20 复习思考题



序列标识 | 徽标



序列标识

定义

序列标识图是显示序列保守区域的共有序列、每个位置上各个氨基酸或核苷酸出现的频率以及各个位点上的序列信息量的一种可视化方法。

含义

根据序列保守区域的多序列比对来绘制序列标识图。

在一个标识图像里，由大小不一的字符形成的一个堆栈代表序列保守区域的一个位点。每个核苷酸或氨基酸的高度和它在对应位点上出现的频率成比例。堆栈的总高度代表对应位点上的序列信息，以比特（bit）为单位。在每个堆栈里，字符按其出现的频率大小自上而下排列。所以，位于各个堆栈最上方的字符组成保守区域的共识序列。



序列标识

定义

序列标识图是显示序列保守区域的共有序列、每个位置上各个氨基酸或核苷酸出现的频率以及各个位点上的序列信息量的一种可视化方法。

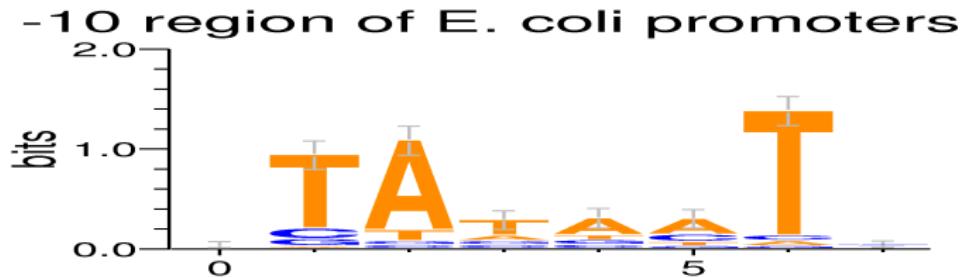
含义

根据序列保守区域的多序列比对来绘制序列标识图。

在一个标识图像里，由大小不一的字符形成的一个堆栈代表序列保守区域的一个位点。每个核苷酸或氨基酸的高度和它在对应位点上出现的频率成比例。堆栈的总高度代表对应位点上的序列信息，以比特（bit）为单位。在每个堆栈里，字符按其出现的频率大小自上而下排列。所以，位于各个堆栈最上方的字符组成保守区域的共识序列。



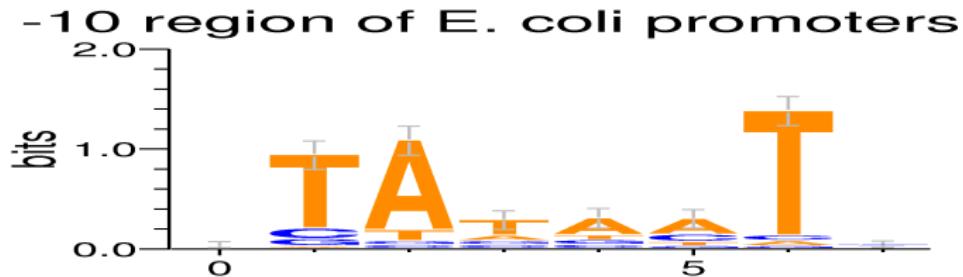
序列标识



序列标识 (sequence logo)

- 数据：多序列比对信息
- 横轴：序列坐标位置
- 纵轴：比特，计量单位
- 总高度：信息量/保守性
- 相对高度：相对频率
- 位置自上而下：频率由大到小
- 制作工具：WebLogo, enoLOGOS, Skylign, ggseqlogo

序列标识



序列标识 (sequence logo)

- 数据：多序列比对信息
- 横轴：序列坐标位置
- 纵轴：比特，计量单位
- 总高度：信息量/保守性
- 相对高度：相对频率
- 位置自上而下：频率由大到小
- 制作工具：WebLogo, enoLOGOS, Skylign, ggseqlogo

Conversion of sequence to PCM/PFM to PPM

A basic position frequency matrix (PFM, also known as position count matrix, PCM) is created by counting the occurrences of each nucleotide at each position. From the PFM, a position probability matrix (PPM) can now be created by dividing that former nucleotide count at each position by the number of sequences, thereby normalising the values.

PWM

A position weight matrix (PWM) has one row for each symbol of the alphabet (4 rows for nucleotides in DNA sequences or 20 rows for amino acids in protein sequences) and one column for each position in the pattern. Most often the elements in PWMs are calculated as log likelihoods. That is, the elements of a PPM are transformed using a background model.

ICM

The information content (IC) of a PWM says something about how different a given PWM is from a uniform distribution.

序列标识 | 绘制 | Sequences to PCM

Table 1: Starting sequences.

#	Sequence
1	AAGAAT
2	ATCATA
3	AAGTAA
4	AACAAA
5	ATTAAA
6	AAGAAT

Table 2: Position Count Matrix.

Position	1	2	3	4	5	6
A	6	4	0	5	5	4
C	0	0	2	0	0	0
G	0	0	3	0	0	0
T	0	2	1	1	1	2



Table 2: Position Count Matrix.

Position	1	2	3	4	5	6
A	6	4	0	5	5	4
C	0	0	2	0	0	0
G	0	0	3	0	0	0
T	0	2	1	1	1	2

Table 3: Position Probability Matrix.

Position	1	2	3	4	5	6
A	1.00	0.67	0.00	0.83	0.83	0.66
C	0.00	0.00	0.33	0.00	0.00	0.00
G	0.00	0.00	0.50	0.00	0.00	0.00
T	0.00	0.33	0.17	0.17	0.17	0.33

$$P(N) = \frac{C_N}{\sum C}$$

Table 4: Position Probability Matrix with a pseudocount of 1.

Position	1	2	3	4	5	6
A	0.892	0.610	0.036	0.750	0.750	0.610
C	0.036	0.035	0.320	0.035	0.035	0.035
G	0.036	0.035	0.464	0.035	0.035	0.035
T	0.036	0.320	0.180	0.180	0.180	0.320

$$P_{pseudo}(N) = \frac{C_N + \frac{p}{n}}{\sum C + p}$$

Probability for AAGAAA

$$1.00 \times 0.67 \times 0.50 \times 0.83 \times 0.83 \times 0.66 = 0.1523$$

序列标识 | 绘制 | PPM to PWM

Table 3: Position Probability Matrix.

Position	1	2	3	4	5	6
A	1.00	0.67	0.00	0.83	0.83	0.66
C	0.00	0.00	0.33	0.00	0.00	0.00
G	0.00	0.00	0.50	0.00	0.00	0.00
T	0.00	0.33	0.17	0.17	0.17	0.33

Table 5: Position Weight Matrix.

Position	1	2	3	4	5	6
A	2	1.425	-Inf	1.737	1.737	1.415
C	-Inf	-Inf	0.415	-Inf	-Inf	-Inf
G	-Inf	-Inf	1.000	-Inf	-Inf	-Inf
T	-Inf	0.415	-0.585	-0.585	-0.595	0.415

Table 6: Position Weight Matrix with a pseudocount of 1.

Position	1	2	3	4	5	6
A	1.840	1.280	-2.807	1.585	1.585	1.280
C	-2.807	-2.807	0.363	-2.807	-2.807	-2.807
G	-2.807	-2.807	0.893	-2.807	-2.807	-2.807
T	-2.807	0.363	-0.485	-0.485	-0.485	0.363

$$S(N) = \log_2 \left(\frac{P(C_N)}{B_N} \right)$$

Score for AAGAAA: how different from a random sequence

$$2 + 1.425 + 1.000 + 1.737 + 1.737 + 1.415 = 9.314$$

序列标识 | 绘制 | PWM to ICM

Table 5: Position Weight Matrix.

Position	1	2	3	4	5	6
A	2	1.425	-Inf	1.737	1.737	1.415
C	-Inf	-Inf	0.415	-Inf	-Inf	-Inf
G	-Inf	-Inf	1.000	-Inf	-Inf	-Inf
T	-Inf	0.415	-0.585	-0.585	-0.595	0.415

Table 7: Information Content Matrix.

Position	1	2	3	4	5	6
A	2.000	0.721	0.000	1.125	1.125	0.721
C	0.000	0.000	0.180	0.000	0.000	0.000
G	0.000	0.000	0.270	0.000	0.000	0.000
T	0.000	0.361	0.090	0.225	0.225	0.361

$$IC_{total} = \log_2 n \quad U = - \sum_{N=A}^T P(N) \times \log_2 P(N)$$

$$IC_{final} = IC_{total} - U \quad IC(N) = P(N) \times IC_{final}$$



序列标识 | 绘制 | PPM vs. ICM

Table 3: Position Probability Matrix.

Position	1	2	3	4	5	6
A	1.00	0.67	0.00	0.83	0.83	0.66
C	0.00	0.00	0.33	0.00	0.00	0.00
G	0.00	0.00	0.50	0.00	0.00	0.00
T	0.00	0.33	0.17	0.17	0.17	0.33

Table 7: Information Content Matrix.

Position	1	2	3	4	5	6
A	2.000	0.721	0.000	1.125	1.125	0.721
C	0.000	0.000	0.180	0.000	0.000	0.000
G	0.000	0.000	0.270	0.000	0.000	0.000
T	0.000	0.361	0.090	0.225	0.225	0.361



Figure 1: Sequence logo of a Position Probability Matrix

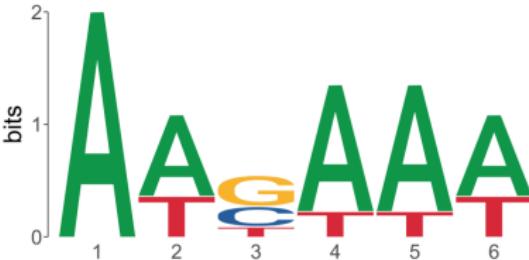
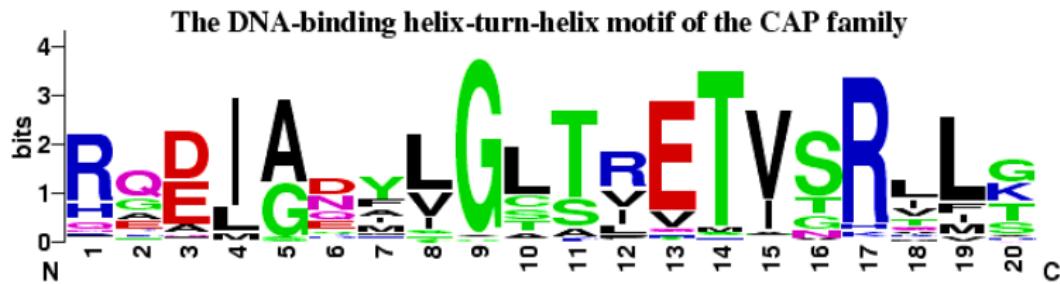
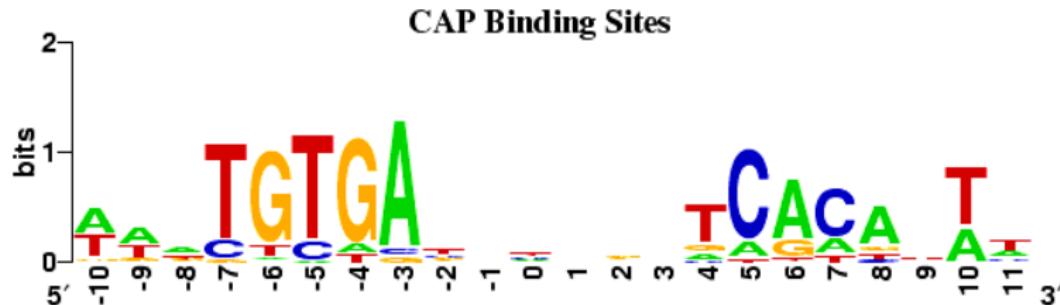
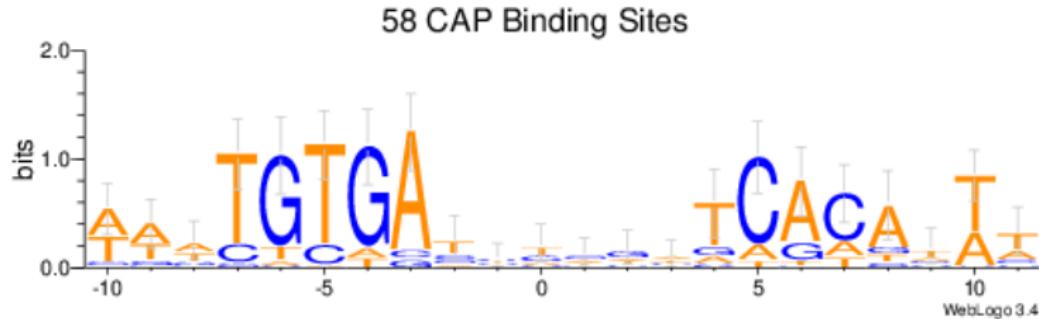


Figure 2: Sequence logo of an Information Content Matrix

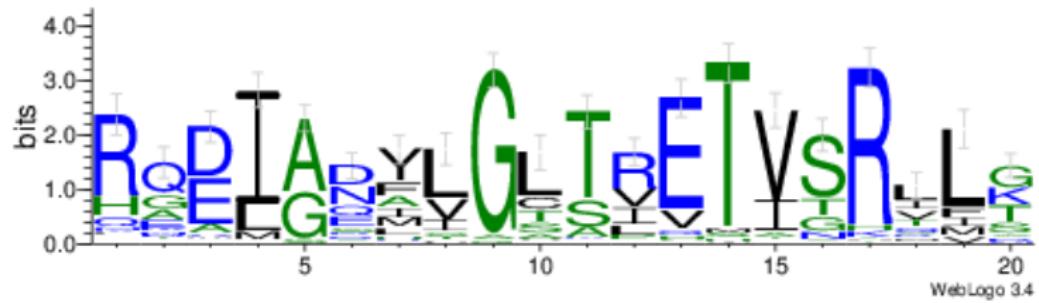




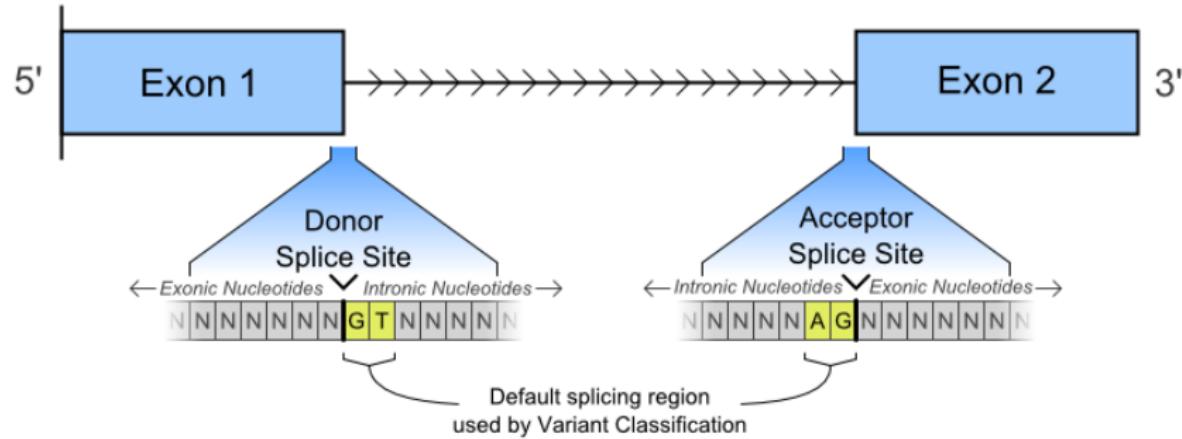
序列标识 | 着色 | WebLogo3



The DNA-binding helix-turn-helix motif of the CAP family

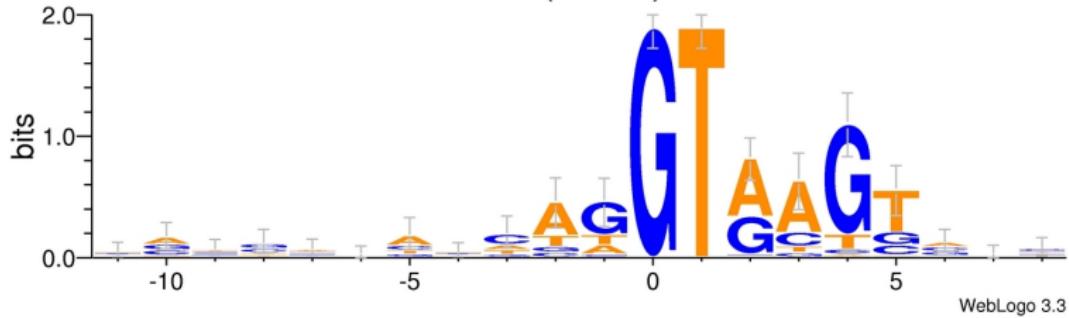


序列标识 | 剪接

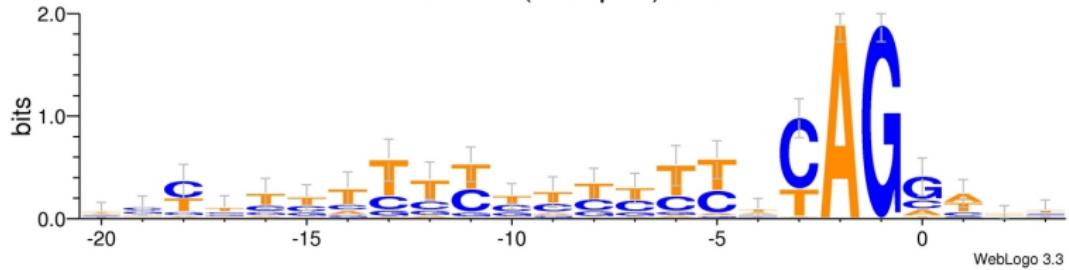


序列标识 | 实例

Exon-Intron (Donor) Sites



Intron-Exon (Acceptor) Sites



WebLogo 3.3



序列标识 | 实例 | 真实数据

Donor Site(%)		Acceptor Site(%)	
GT	98.797	AG	99.714
GC	0.920	AC	0.120
AT	0.143	TG	0.032
GA	0.028	AT	0.024
GG	0.025	GG	0.022
CT	0.018	AA	0.019
TT	0.016	CG	0.010
CC	0.011	CC	0.010
TG	0.007	TT	0.009
AG	0.007	CT	0.008
TA	0.006	CA	0.008
AC	0.006	GC	0.007
CA	0.006	TA	0.006
TC	0.004	TC	0.004
AA	0.004	GT	0.004
CG	0.002	GA	0.003



序列标识

- Seq logo 在线绘制工具——Weblogo
- 利用 ggseqlogo 绘制 seqlogo 图



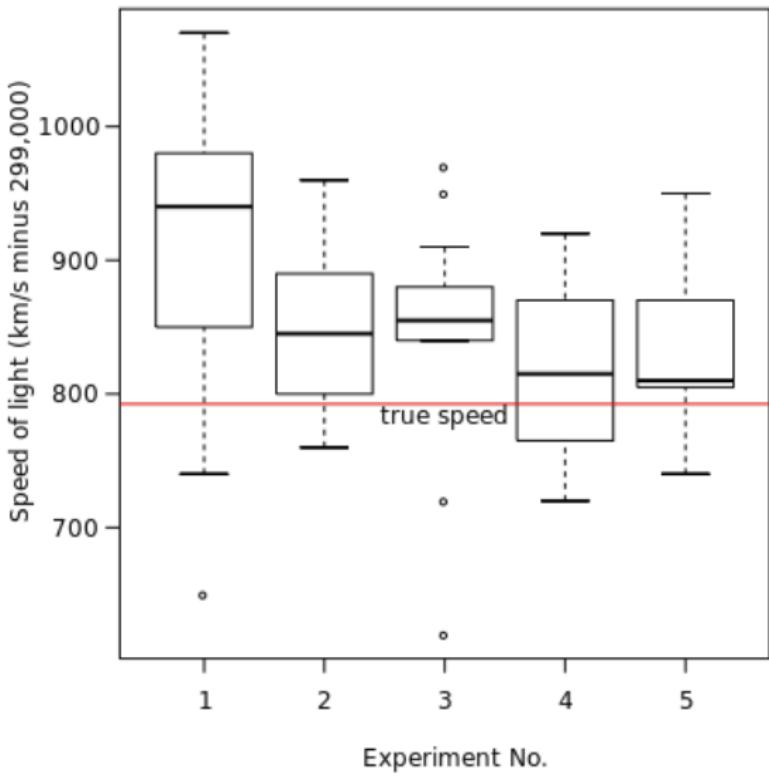
教学提纲

- 1 引言
- 2 基因组组装版本
- 3 基因组坐标系统
- 4 基因组注释常用格式
- 5 文本文件与文本编辑器
- 6 基因组坐标的逻辑运算
- 7 总结与答疑
- 8 引言
- 9 变异位点的注释
- 10 基因集富集分析

- 11 序列标识
- 12 Box plot
- 13 解析图表
- 14 总结与答疑
- 15 引言
- 16 Galaxy 分析平台
- 17 Galaxy 使用演示
- 18 数据处理三段论
- 19 总结与答疑
- 20 复习思考题



Box plot | 实例



历史

- Box plot, Boxplot, Box-whisker Plot
- 箱线图、箱须图、盒须图、盒式图、盒状图，因形状如箱子而得名
- 1977 年由美国著名统计学家约翰·图基 (John Tukey) 发明

简介

- 显示一组数据分散情况的统计图
- 显示最大值、最小值、中位数、下四分位数和上四分位数

优缺点

- 可以粗略地看出数据是否具有对称性、分布的离散程度
- 适合用于几个样本的比较
- 不能提供关于数据分布偏态和尾重程度的精确度量

历史

- Box plot, Boxplot, Box-whisker Plot
- 箱线图、箱须图、盒须图、盒式图、盒状图，因形状如箱子而得名
- 1977 年由美国著名统计学家约翰·图基 (John Tukey) 发明

简介

- 显示一组数据分散情况的统计图
- 显示最大值、最小值、中位数、下四分位数和上四分位数

优缺点

- 可以粗略地看出数据是否具有对称性、分布的离散程度
- 适合用于几个样本的比较
- 不能提供关于数据分布偏态和尾重程度的精确度量

Box plot | 简介

历史

- Box plot, Boxplot, Box-whisker Plot
- 箱线图、箱须图、盒须图、盒式图、盒状图，因形状如箱子而得名
- 1977 年由美国著名统计学家约翰·图基 (John Tukey) 发明

简介

- 显示一组数据分散情况的统计图
- 显示最大值、最小值、中位数、下四分位数和上四分位数

优缺点

- 可以粗略地看出数据是否具有对称性、分布的离散程度
- 适合用于几个样本的比较
- 不能提供关于数据分布偏态和尾重程度的精确度量

Box plot | 相关概念

- 最小值 min, 最大值 max
- 中位数 median
- 下四分位数 Q1, 上四分位数 Q3
- 四分位数差 IQR (interquartile range) , $IQR = Q3 - Q1$
- 内限 : $Q3 + 1.5IQR, Q1 - 1.5IQR$
- 外限 : $Q3 + 3IQR, Q1 - 3IQR$
- 异常值 (outliers) : 处于内限以外的数据
- 温和的异常值 (mild outliers) : 在内限与外限之间的异常值
- 极端的异常值 (extreme outliers) : 在外限以外的异常值



Box plot | 相关概念

- 最小值 min, 最大值 max
- 中位数 median
- 下四分位数 Q1, 上四分位数 Q3
- 四分位数差 IQR (interquartile range) , $IQR = Q3 - Q1$
- 内限 : $Q3 + 1.5IQR, Q1 - 1.5IQR$
- 外限 : $Q3 + 3IQR, Q1 - 3IQR$
- 异常值 (outliers) : 处于内限以外的数据
- 温和的异常值 (mild outliers) : 在内限与外限之间的异常值
- 极端的异常值 (extreme outliers) : 在外限以外的异常值



Box plot | 相关概念

- 最小值 min, 最大值 max
- 中位数 median
- 下四分位数 Q1, 上四分位数 Q3
- 四分位数差 IQR (interquartile range) , $IQR = Q3 - Q1$
- 内限 : $Q3 + 1.5IQR, Q1 - 1.5IQR$
- 外限 : $Q3 + 3IQR, Q1 - 3IQR$
- 异常值 (outliers) : 处于内限以外的数据
- 温和的异常值 (mild outliers) : 在内限与外限之间的异常值
- 极端的异常值 (extreme outliers) : 在外限以外的异常值



Box plot | 相关概念

- 最小值 min, 最大值 max
- 中位数 median
- 下四分位数 Q1, 上四分位数 Q3
- 四分位数差 IQR (interquartile range) , $IQR = Q3 - Q1$
- 内限 : $Q3 + 1.5IQR, Q1 - 1.5IQR$
- 外限 : $Q3 + 3IQR, Q1 - 3IQR$
- 异常值 (outliers) : 处于内限以外的数据
- 温和的异常值 (mild outliers) : 在内限与外限之间的异常值
- 极端的异常值 (extreme outliers) : 在外限以外的异常值



Box plot | 相关概念

- 最小值 min, 最大值 max
- 中位数 median
- 下四分位数 Q1, 上四分位数 Q3
- 四分位数差 IQR (interquartile range) , $IQR = Q3 - Q1$
- 内限 : $Q3 + 1.5IQR, Q1 - 1.5IQR$
- 外限 : $Q3 + 3IQR, Q1 - 3IQR$
- 异常值 (outliers) : 处于内限以外的数据
- 温和的异常值 (mild outliers) : 在内限与外限之间的异常值
- 极端的异常值 (extreme outliers) : 在外限以外的异常值



Box plot | 相关概念

- 最小值 min, 最大值 max
- 中位数 median
- 下四分位数 Q1, 上四分位数 Q3
- 四分位数差 IQR (interquartile range) , $IQR = Q3 - Q1$
- 内限 : $Q3 + 1.5IQR$, $Q1 - 1.5IQR$
- 外限 : $Q3 + 3IQR$, $Q1 - 3IQR$
- 异常值 (outliers) : 处于内限以外的数据
- 温和的异常值 (mild outliers) : 在内限与外限之间的异常值
- 极端的异常值 (extreme outliers) : 在外限以外的异常值



- 最小值 min, 最大值 max
- 中位数 median
- 下四分位数 Q1, 上四分位数 Q3
- 四分位数差 IQR (interquartile range) , $IQR = Q3 - Q1$
- 内限 : $Q3 + 1.5IQR$, $Q1 - 1.5IQR$
- 外限 : $Q3 + 3IQR$, $Q1 - 3IQR$
- 异常值 (outliers) : 处于内限以外的数据
- 温和的异常值 (mild outliers) : 在内限与外限之间的异常值
- 极端的异常值 (extreme outliers) : 在外限以外的异常值



Box plot | 相关概念

- 最小值 min, 最大值 max
- 中位数 median
- 下四分位数 Q1, 上四分位数 Q3
- 四分位数差 IQR (interquartile range) , $IQR = Q3 - Q1$
- 内限 : $Q3 + 1.5IQR$, $Q1 - 1.5IQR$
- 外限 : $Q3 + 3IQR$, $Q1 - 3IQR$
- 异常值 (outliers) : 处于内限以外的数据
- 温和的异常值 (mild outliers) : 在内限与外限之间的异常值
- 极端的异常值 (extreme outliers) : 在外限以外的异常值



Box plot | 相关概念

- 最小值 min, 最大值 max
- 中位数 median
- 下四分位数 Q1, 上四分位数 Q3
- 四分位数差 IQR (interquartile range) , $IQR = Q3 - Q1$
- 内限 : $Q3 + 1.5IQR$, $Q1 - 1.5IQR$
- 外限 : $Q3 + 3IQR$, $Q1 - 3IQR$
- 异常值 (outliers) : 处于内限以外的数据
- 温和的异常值 (mild outliers) : 在内限与外限之间的异常值
- 极端的异常值 (extreme outliers) : 在外限以外的异常值



Box plot | 绘图步骤

- 绘制数轴。
- 计算上四分位数 (Q3) , 中位数, 下四分位数 (Q1) 。
- 计算四分位数差 (IQR) 。
- 绘制箱线图的矩形, 上限为 Q3, 下限为 Q1。在矩形内部中位数的位置画一条横线 (中位线) 。
- 在 $Q3 + 1.5IQR$ 和 $Q1 - 1.5IQR$ 处画两条与中位线一样的线段, 这两条线段为异常值截断点, 称为内限; 在 $Q3 + 3IQR$ 和 $Q1 - 3IQR$ 处画两条线段, 称为外限。(注意: 统计软件绘制的箱线图一般都没有标出内限和外限。)
- 在非异常值的数据中, 最靠近上边缘和下边缘 (即内限) 的两个数值处画横线, 作为箱线图的触须。
- 从矩形的两端向外各画一条线段直到不是异常值的最远点 (即上一步的触须), 表示该批数据正常值的分布区间。
- 温和的异常值用空心圆表示; 极端的异常值用实心点 (一说用星号 *) 表示。



Box plot | 绘图步骤

- 绘制数轴。
- 计算上四分位数 (Q3) , 中位数, 下四分位数 (Q1) 。
- 计算四分位数差 (IQR) 。
- 绘制箱线图的矩形, 上限为 Q3, 下限为 Q1。在矩形内部中位数的位置画一条横线 (中位线) 。
- 在 $Q3 + 1.5/IQR$ 和 $Q1 - 1.5/IQR$ 处画两条与中位线一样的线段, 这两条线段为异常值截断点, 称为内限; 在 $Q3 + 3/IQR$ 和 $Q1 - 3/IQR$ 处画两条线段, 称为外限。 (注意: 统计软件绘制的箱线图一般都没有标出内限和外限。)
- 在非异常值的数据中, 最靠近上边缘和下边缘 (即内限) 的两个数值处画横线, 作为箱线图的触须。
- 从矩形的两端向外各画一条线段直到不是异常值的最远点 (即上一步的触须), 表示该批数据正常值的分布区间。
- 温和的异常值用空心圆表示; 极端的异常值用实心点 (一说用星号 *) 表示。



Box plot | 绘图步骤

- 绘制数轴。
- 计算上四分位数 (Q3) , 中位数, 下四分位数 (Q1) 。
- **计算四分位数差 (IQR) 。**
- 绘制箱线图的矩形, 上限为 Q3, 下限为 Q1。在矩形内部中位数的位置画一条横线 (中位线) 。
- 在 $Q3 + 1.5/IQR$ 和 $Q1 - 1.5/IQR$ 处画两条与中位线一样的线段, 这两条线段为异常值截断点, 称为内限; 在 $Q3 + 3/IQR$ 和 $Q1 - 3/IQR$ 处画两条线段, 称为外限。**(注意: 统计软件绘制的箱线图一般都没有标出内限和外限。)**
- 在非异常值的数据中, 最靠近上边缘和下边缘 (即内限) 的两个数值处画横线, 作为箱线图的触须。
- 从矩形的两端向外各画一条线段直到不是异常值的最远点 (即上一步的触须), 表示该批数据正常值的分布区间。
- 温和的异常值用空心圆表示; 极端的异常值用实心点 (一说用星号 *) 表示。



Box plot | 绘图步骤

- 绘制数轴。
- 计算上四分位数 (Q3) , 中位数, 下四分位数 (Q1) 。
- 计算四分位数差 (IQR) 。
- 绘制箱线图的矩形, 上限为 Q3, 下限为 Q1。在矩形内部中位数的位置画一条横线 (中位线) 。
- 在 $Q3 + 1.5 \cdot IQR$ 和 $Q1 - 1.5 \cdot IQR$ 处画两条与中位线一样的线段, 这两条线段为异常值截断点, 称为内限; 在 $Q3 + 3 \cdot IQR$ 和 $Q1 - 3 \cdot IQR$ 处画两条线段, 称为外限。**(注意: 统计软件绘制的箱线图一般都没有标出内限和外限。)**
- 在非异常值的数据中, 最靠近上边缘和下边缘 (即内限) 的两个数值处画横线, 作为箱线图的触须。
- 从矩形的两端向外各画一条线段直到不是异常值的最远点 (即上一步的触须), 表示该批数据正常值的分布区间。
- 温和的异常值用空心圆表示; 极端的异常值用实心点 (一说用星号 *) 表示。



Box plot | 绘图步骤

- 绘制数轴。
- 计算上四分位数 (Q3) , 中位数, 下四分位数 (Q1) 。
- 计算四分位数差 (IQR) 。
- 绘制箱线图的矩形, 上限为 Q3, 下限为 Q1。在矩形内部中位数的位置画一条横线 (中位线) 。
- 在 $Q3 + 1.5/IQR$ 和 $Q1 - 1.5/IQR$ 处画两条与中位线一样的线段, 这两条线段为异常值截断点, 称为内限; 在 $Q3 + 3/IQR$ 和 $Q1 - 3/IQR$ 处画两条线段, 称为外限。 (注意: 统计软件绘制的箱线图一般都没有标出内限和外限。)
- 在非异常值的数据中, 最靠近上边缘和下边缘 (即内限) 的两个数值处画横线, 作为箱线图的触须。
- 从矩形的两端向外各画一条线段直到不是异常值的最远点 (即上一步的触须), 表示该批数据正常值的分布区间。
- 温和的异常值用空心圆表示; 极端的异常值用实心点 (一说用星号 *) 表示。



Box plot | 绘图步骤

- 绘制数轴。
- 计算上四分位数 (Q3) , 中位数, 下四分位数 (Q1) 。
- 计算四分位数差 (IQR) 。
- 绘制箱线图的矩形, 上限为 Q3, 下限为 Q1。在矩形内部中位数的位置画一条横线 (中位线) 。
- 在 $Q3 + 1.5/IQR$ 和 $Q1 - 1.5/IQR$ 处画两条与中位线一样的线段, 这两条线段为异常值截断点, 称为内限; 在 $Q3 + 3/IQR$ 和 $Q1 - 3/IQR$ 处画两条线段, 称为外限。**(注意: 统计软件绘制的箱线图一般都没有标出内限和外限。)**
- 在非异常值的数据中, 最靠近上边缘和下边缘 (即内限) 的两个数值处画横线, 作为箱线图的触须。
- 从矩形的两端向外各画一条线段直到不是异常值的最远点 (即上一步的触须), 表示该批数据正常值的分布区间。
- 温和的异常值用空心圆表示; 极端的异常值用实心点 (一说用星号 *) 表示。



Box plot | 绘图步骤

- 绘制数轴。
- 计算上四分位数 (Q3) , 中位数, 下四分位数 (Q1) 。
- 计算四分位数差 (IQR) 。
- 绘制箱线图的矩形, 上限为 Q3, 下限为 Q1。在矩形内部中位数的位置画一条横线 (中位线) 。
- 在 $Q3 + 1.5/IQR$ 和 $Q1 - 1.5/IQR$ 处画两条与中位线一样的线段, 这两条线段为异常值截断点, 称为内限; 在 $Q3 + 3/IQR$ 和 $Q1 - 3/IQR$ 处画两条线段, 称为外限。**(注意: 统计软件绘制的箱线图一般都没有标出内限和外限。)**
- 在非异常值的数据中, 最靠近上边缘和下边缘 (即内限) 的两个数值处画横线, 作为箱线图的触须。
- 从矩形的两端向外各画一条线段直到不是异常值的最远点 (即上一步的触须), 表示该批数据正常值的分布区间。
- 温和的异常值用空心圆表示; 极端的异常值用实心点 (一说用星号 *) 表示。

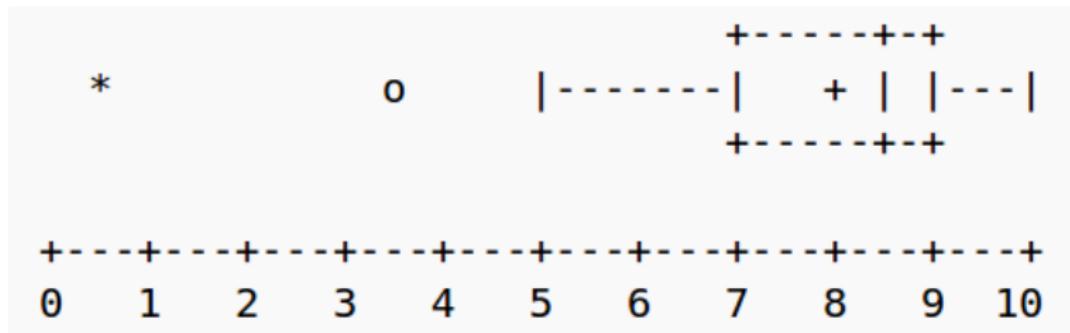


Box plot | 绘图步骤

- 绘制数轴。
- 计算上四分位数 (Q3) , 中位数, 下四分位数 (Q1) 。
- 计算四分位数差 (IQR) 。
- 绘制箱线图的矩形, 上限为 Q3, 下限为 Q1。在矩形内部中位数的位置画一条横线 (中位线) 。
- 在 $Q3 + 1.5/IQR$ 和 $Q1 - 1.5/IQR$ 处画两条与中位线一样的线段, 这两条线段为异常值截断点, 称为内限; 在 $Q3 + 3/IQR$ 和 $Q1 - 3/IQR$ 处画两条线段, 称为外限。**(注意: 统计软件绘制的箱线图一般都没有标出内限和外限。)**
- 在非异常值的数据中, 最靠近上边缘和下边缘 (即内限) 的两个数值处画横线, 作为箱线图的触须。
- 从矩形的两端向外各画一条线段直到不是异常值的最远点 (即上一步的触须), 表示该批数据正常值的分布区间。
- 温和的异常值用空心圆表示; 极端的异常值用实心点 (一说用星号*) 表示。



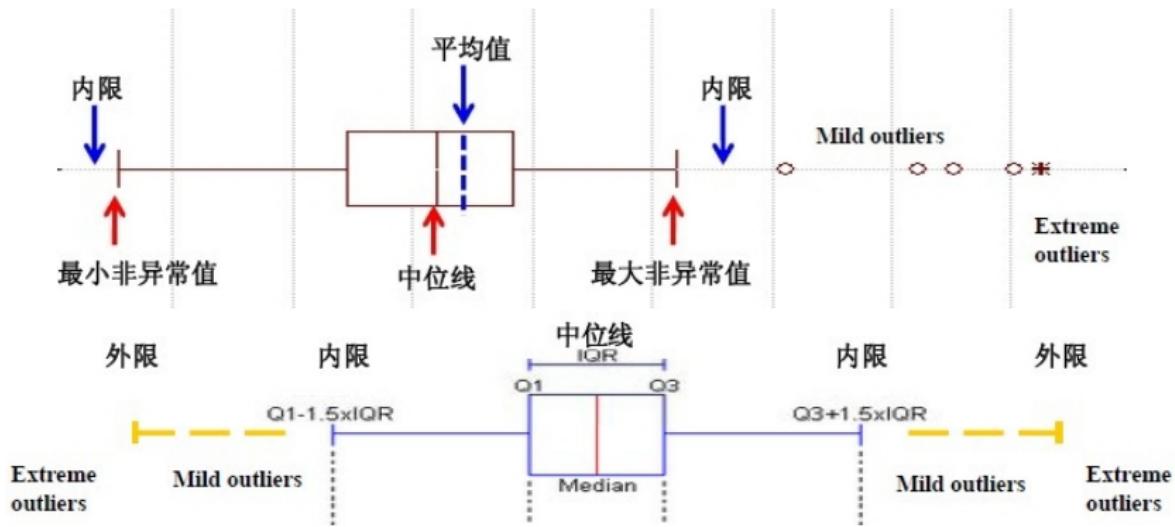
Box plot | 图解



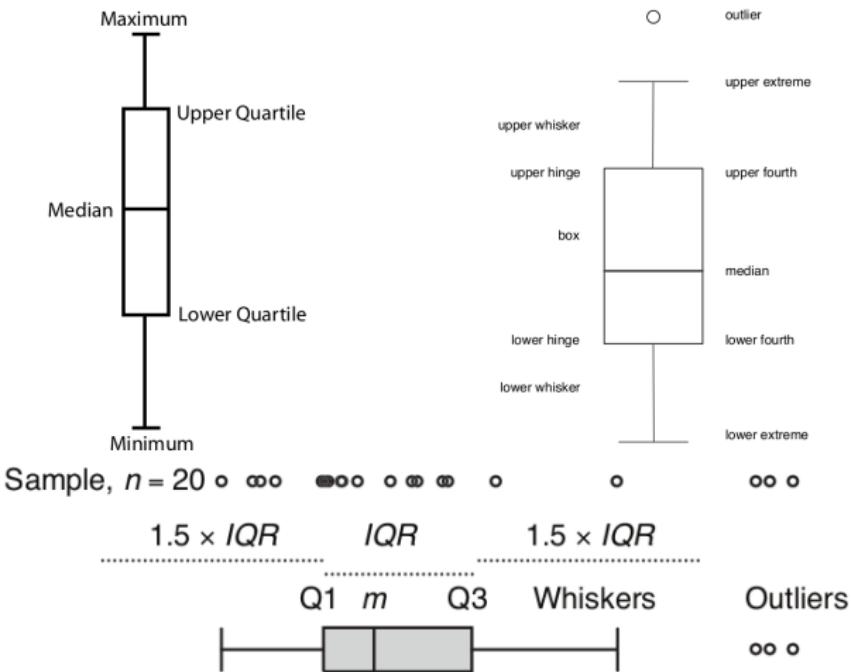
最小值 (min) =0.5 ; 下四分位数 (Q1) =7 ; 中位数 (Med) =8.5 ;
上四分位数 (Q3) =9 ; 最大值 (max) =10 ; 平均值 =8 ;
四分位数差 (interquartile range, 四分位间距) =Q3-Q1=2。



Box plot | 图解

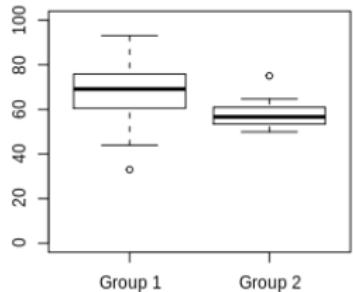


Box plot | 图解

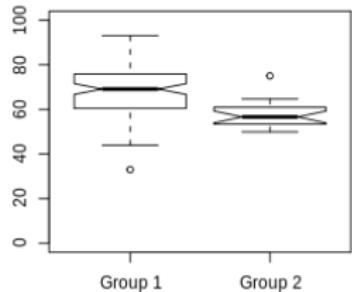


Box plot | 变体

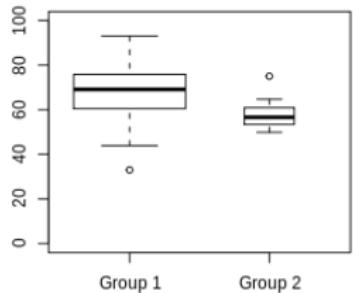
Traditional Box Plot



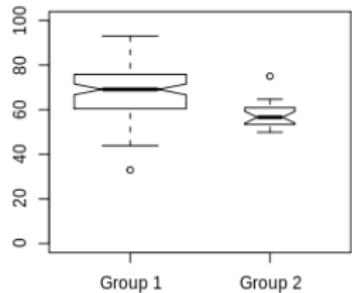
Notched Box Plot



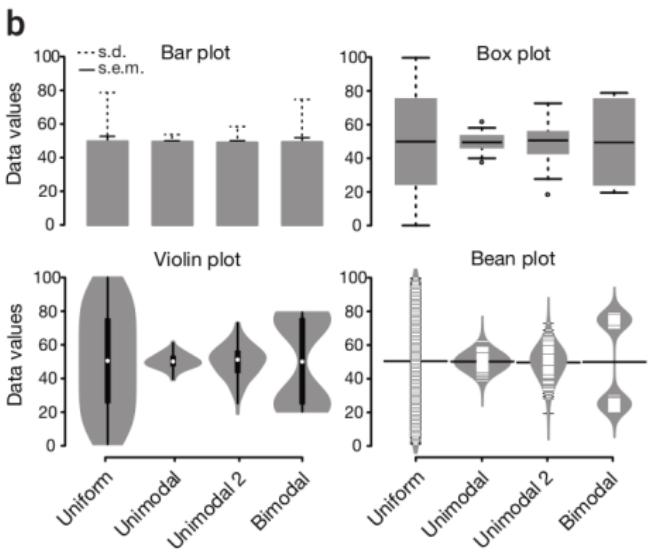
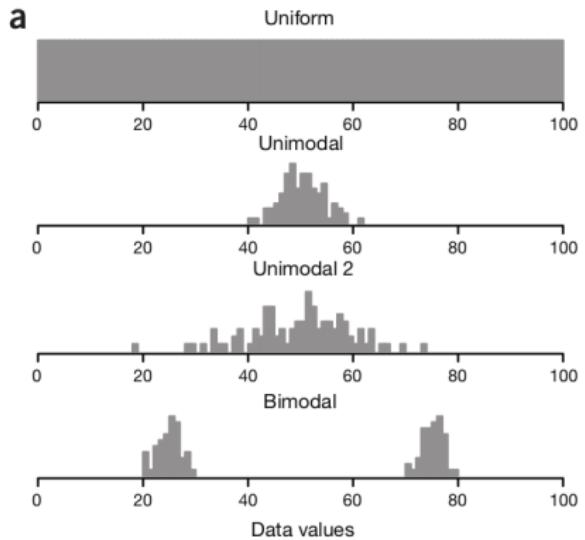
Variable Width Box Plot



Variable Width Notched Box Plot



Box plot | 变体



Box plot | 工具

- BoxPlotR
- Plotly
- ECplot
- Galaxy (“Graph/Display Data” 工具集中的 Boxplot)
- R
- ...



教学提纲

1

引言

2

基因组组装版本

3

基因组坐标系统

4

基因组注释常用格式

5

文本文件与文本编辑器

6

基因组坐标的逻辑运算

7

总结与答疑

8

引言

9

变异位点的注释

10

基因集富集分析

11

序列标识

12

Box plot

13

解析图表

14

总结与答疑

15

引言

16

Galaxy 分析平台

17

Galaxy 使用演示

18

数据处理三段论

19

总结与答疑

20

复习思考题



表格

- 行、列的含义
- 缩写的含义
- 数值的含义

图片

- 生成图片的数据
- 横、纵轴的含义
- 图片包含的元素
- 图片元素属性的含义

如何阅读一张图表?

读图顺序

- 1 看标题、介绍和数据来源
- 2 看度量、单位、坐标和图例
- 3 看视觉编码方式
- 4 看标注



解析图表 | 解析实例

民主党正在赢得补选 ①

自2017年1月的就职典礼以来，民主党候选人在补选中取得了重大进展。
在许多地区民主党获得的选票较2016年总统大选的结果有了大幅增长。

每一个点代表
一次补选

● 民主党夺得了席位
● 红色点：共和党夺得了席位

● 民主党保住了席位
● 蓝色点：共和党保住了席位

②

②

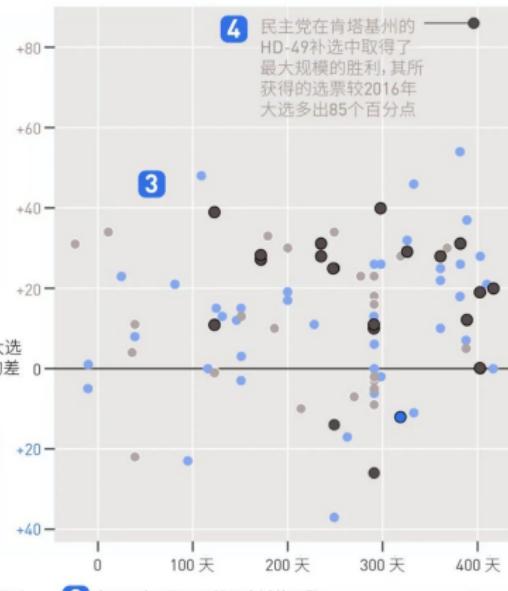
④ 民主党在肯塔基州的
HD-49补选中取得了
最大规模的胜利，其所
获得的选票较2016年
大选多出85个百分点

民主党
得票率更高
与2016年总统大选
的结果相比较的差
异(百分点)

② 共和党
得票率更高

数据来源：旗帜周刊

② 自2017年1月20日起已度过的天数

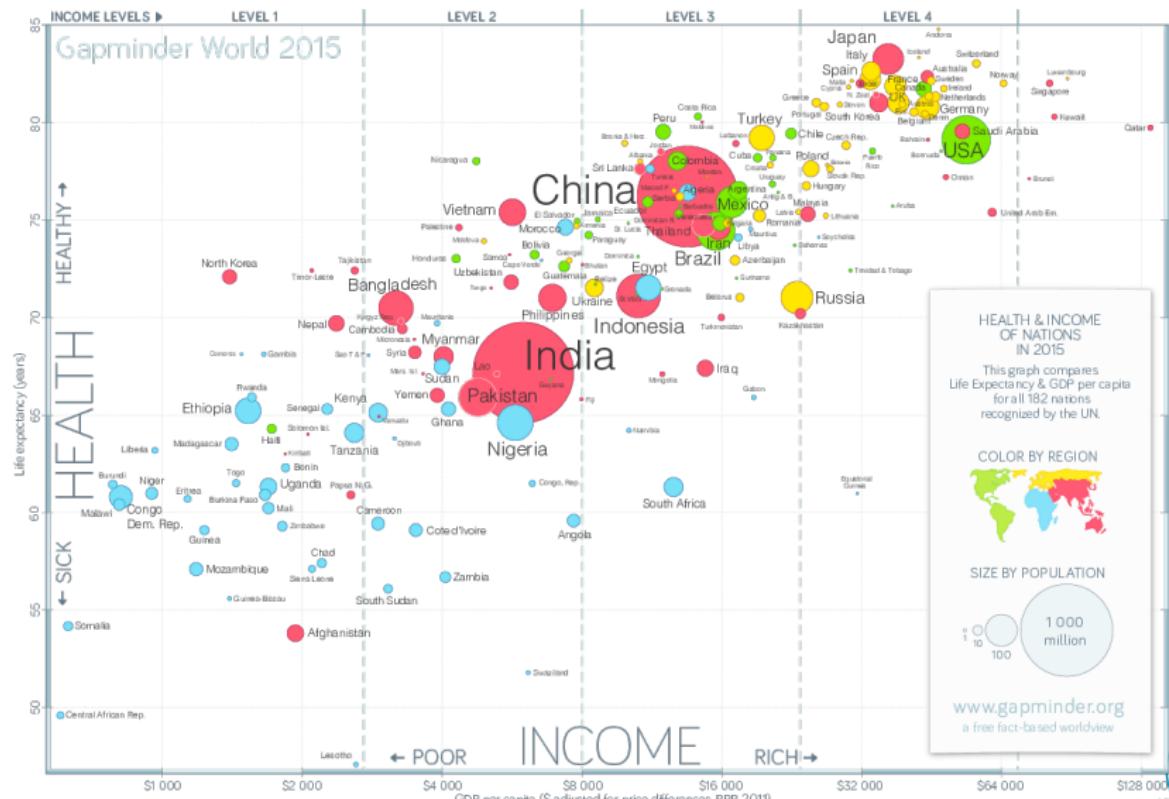


解析图表 | 图形的语法

- 数据 (data) : 我们想要可视化的对象。
- 几何对象 (geom) : 用以呈现数据、在图中实际看到的图形元素 (点、线、条形、多边形等)。
- 图形属性 (aes) : 几何对象的视觉属性 (位置、颜色、形状、大小和线条类型)。
- 映射 (mapping) : 从数据中的变量对应到图形属性。
- 统计变换 (stats) : 对数据进行的某种汇总 (将数据分组计数以创建直方图)。
- 标度 (scale) : 控制着数据空间的值到图形属性空间的值的映射 (用颜色、大小或形状来表示不同的取值)。
- 坐标系 (coord) : 描述了数据是如何映射到图形所在的平面的，它同时提供了看图所需的坐标轴和网格线。
- 引导元素 (guide) : 向看图者展示了如何将视觉属性映射回数据空间 (坐标轴上的刻度线和标签、图例)。
- 分面 (facet) : 描述了如何将数据分解为各个子集，以及如何对子集作图并联合进行展示。分面也叫做条件作图或网格作图。
- 位置调整 : 控制着图形对象的重叠。



解析图表 | 图形的语法 | ggplot2

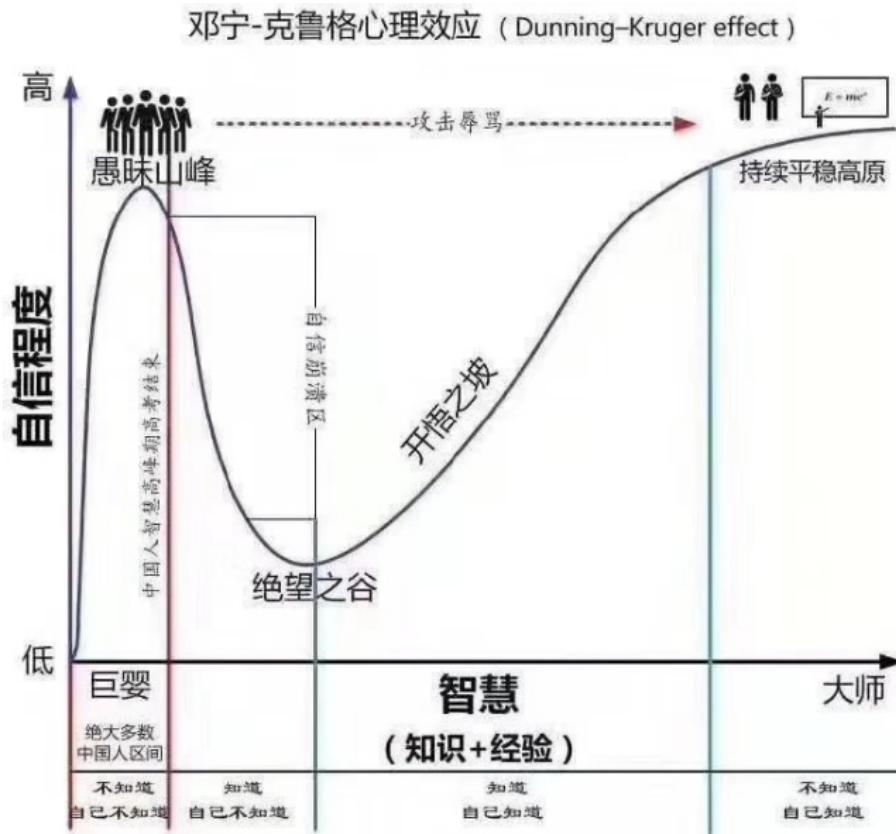


© DATA SOURCES—INCOME: World Bank; GDP per capita, PPP (2011 International\$); Income of Syria & Gaza are Gapminder estimates. X-axis uses log scale to reflect a striking income sheer distance on all levels. POPULATION: Data from UN Population Division. LIFE EXPECTANCY: INM-E GBD-2010 as of Oct 2010.

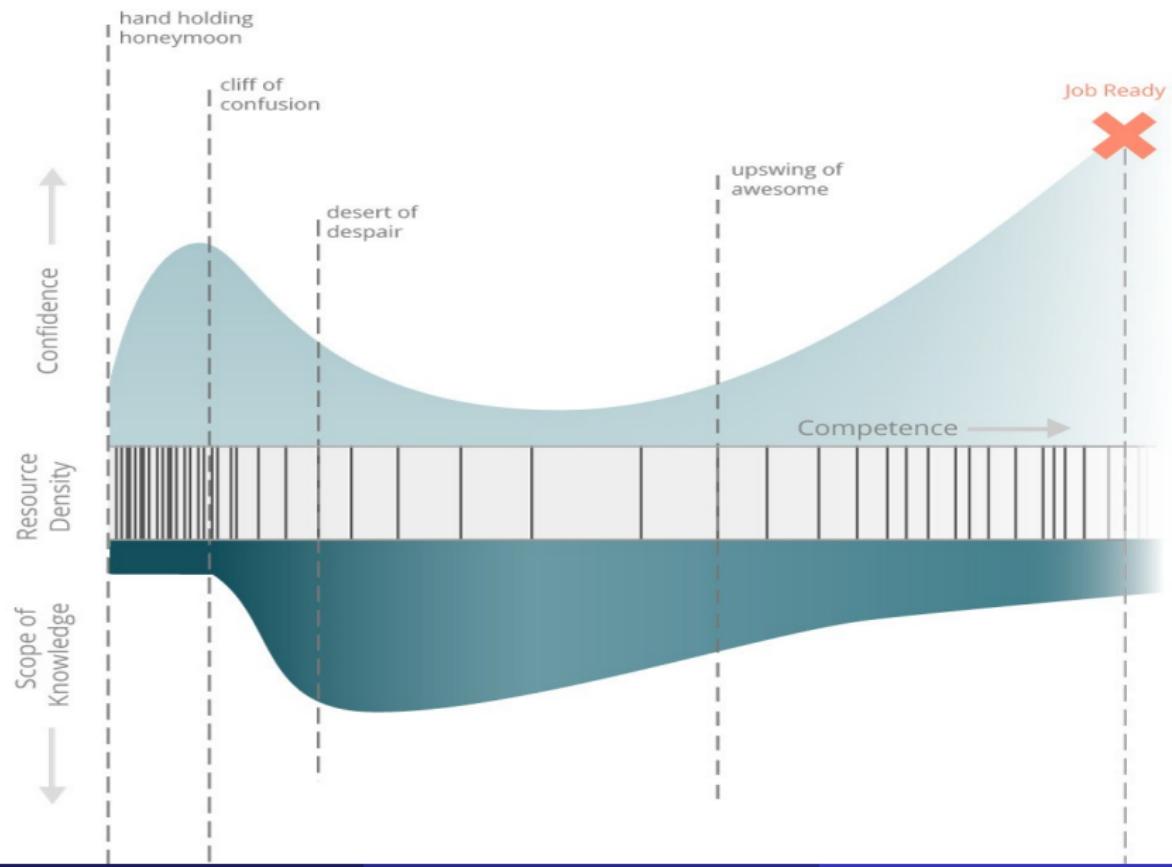
ANALYZING GRAPHS Go to www.gapminder.org/tools to see how this graph changed historically and compare 500 other indicators.

LIFE EXPECTANCY: Our data are freely available under Creative Commons Attribution License. Please copy, share, modify, analyze and reuse it, as long as you mention "Based on a free chart from www.gapminder.org"

解析图表 | 达克效应（邓宁-克鲁格效应）



解析图表 | 其他



教学提纲

- 1 引言
- 2 基因组组装版本
- 3 基因组坐标系统
- 4 基因组注释常用格式
- 5 文本文件与文本编辑器
- 6 基因组坐标的逻辑运算
- 7 总结与答疑
- 8 引言
- 9 变异位点的注释
- 10 基因集富集分析

- 11 序列标识
- 12 Box plot
- 13 解析图表
- 14 总结与答疑
- 15 引言
- 16 Galaxy 分析平台
- 17 Galaxy 使用演示
- 18 数据处理三段论
- 19 总结与答疑
- 20 复习思考题



知识点——基因组功能的高级注释

- 变异位点的注释——用途，注释内容，注释工具
- 基因集富集分析——功能，分析工具
- 序列标识——含义，制作工具
- Box plot——理解，绘制

技能——解析图表

- 表——行列，缩写，数值
- 图——数据，横纵轴，图元素，元素属性



教学提纲

- 1 引言
- 2 基因组组装版本
- 3 基因组坐标系统
- 4 基因组注释常用格式
- 5 文本文件与文本编辑器
- 6 基因组坐标的逻辑运算
- 7 总结与答疑
- 8 引言
- 9 变异位点的注释
- 10 基因集富集分析

- 11 序列标识
- 12 Box plot
- 13 解析图表
- 14 总结与答疑
- 15 引言
- 16 Galaxy 分析平台
- 17 Galaxy 使用演示
- 18 数据处理三段论
- 19 总结与答疑
- 20 复习思考题



基础知识

- 组装版本和坐标系统
- 常用格式
- 坐标的逻辑运算

高级注释

- 变异位点的注释
- 基因集富集分析
- 制作序列标识

分析平台

- Galaxy
- GenePattern

基础知识

- 组装版本和坐标系统
- 常用格式
- 坐标的逻辑运算

高级注释

- 变异位点的注释
- 基因集富集分析
- 制作序列标识

分析平台

- Galaxy
- GenePattern

基础知识

- 组装版本和坐标系统
- 常用格式
- 坐标的逻辑运算

高级注释

- 变异位点的注释
- 基因集富集分析
- 制作序列标识

分析平台

- Galaxy
- GenePattern

教学提纲

- 1 引言
- 2 基因组组装版本
- 3 基因组坐标系统
- 4 基因组注释常用格式
- 5 文本文件与文本编辑器
- 6 基因组坐标的逻辑运算
- 7 总结与答疑
- 8 引言
- 9 变异位点的注释
- 10 基因集富集分析

- 11 序列标识
- 12 Box plot
- 13 解析图表
- 14 总结与答疑
- 15 引言
- 16 Galaxy 分析平台
- 17 Galaxy 使用演示
- 18 数据处理三段论
- 19 总结与答疑
- 20 复习思考题



- Get Data
- Text Manipulation
- Convert Formats
- Operate on Genomic Intervals
- Phenotype Association
- Statistics
- Graph/Display Data
- NGS Toolbox
- ...



Galaxy Analyze Data Workflow Shared Data Visualization Cloud Help User

工具

search tools

[Get Data](#)

[Lift-Over](#)

[Text Manipulation](#)

[Convert Formats](#)

[FASTA manipulation](#)

[Filter and Sort](#)

[Join, Subtract and Group](#)

[Extract Features](#)

[Fetch Sequences](#)

[Fetch Alignments](#)

[Get Genomic Scores](#)

[Operate on Genomic Intervals](#)

[Statistics](#)

[Graph/Display Data](#)

[Regional Variation](#)

[Multiple regression](#)

[Multivariate Analysis](#)

Galaxy is an open source, web-based platform for data intensive biomedical research. If you are new to Galaxy [start here](#) or consult our [help resources](#).

Galaxy 101

Start small

The very first tutorial you need

历史

Unnamed history 1.5 MB

历史已空，请单击左边窗格中‘获取数据’



教学提纲

1

引言

2

基因组组装版本

3

基因组坐标系统

4

基因组注释常用格式

5

文本文件与文本编辑器

6

基因组坐标的逻辑运算

7

总结与答疑

8

引言

9

变异位点的注释

10

基因集富集分析

11

序列标识

12

Box plot

13

解析图表

14

总结与答疑

15

引言

16

Galaxy 分析平台

17

Galaxy 使用演示

18

数据处理三段论

19

总结与答疑

20

复习思考题



- UCSC liftOver tool：支持 BED 和 “chrN:start-end” 格式的输入
- Galaxy（基于 UCSC liftOver tool）：支持 BED、GFF 和 GTF 格式的输入
- CrossMap：支持 SAM/BAM、Wiggle/BigWig、BED、GFF/GTF 和 VCF 格式的输入，输出对应格式
- NCBI Remap：支持 BED、GFF、GTF 和 VCF 等格式的输入
- Ensembl assembly converter（2015 年退休，CrossMap 继位）：支持 BED、GFF、GFT 和 PSL 格式的输入，但输出都是 GFF 格式的
- pyliftover：仅支持点坐标（point coordinates）的转换，无法对区段（ranges）坐标进行转换



Galaxy 演示 | 坐标转换 | liftOver

hg19 ⇒ hg18

获取输入



hg19 ⇒ hg18

① 获取输入

- 输入文件：hg19 坐标

② 数据处理

hg19 ⇒ hg18

③ 保存输出



hg19 ⇒ hg18

① 获取输入

- 输入文件：hg19 坐标

② 数据处理

- 设置参数：hg19 ⇒ hg18

③ 保存输出



hg19 ⇒ hg18

① 获取输入

- 输入文件：hg19 坐标

② 数据处理

- 设置参数：hg19 ⇒ hg18

③ 保存输出



hg19 ⇒ hg18

① 获取输入

- 输入文件：hg19 坐标

② 数据处理

- 设置参数： $hg19 \Rightarrow hg18$

③ 保存输出



hg19 ⇒ hg18

① 获取输入

- 输入文件：hg19 坐标

② 数据处理

- 设置参数：hg19 ⇒ hg18

③ 保存输出

- 过滤结果：MAPPED VS. UNMAPPED



hg19 ⇒ hg18

① 获取输入

- 输入文件：hg19 坐标

② 数据处理

- 设置参数：hg19 ⇒ hg18

③ 保存输出

- 过滤结果：MAPPED VS. UNMAPPED



BED ⇌ GFF

● 获取输入



BED ⇌ GFF

① 获取输入

- 输入文件：BED

② 数据处理

③ 保存输出



BED ⇌ GFF

① 获取输入

- 输入文件：BED

② 数据处理

BED → GFF

GFF → BED

③ 保存输出



BED ⇌ GFF

① 获取输入

- 输入文件：BED

② 数据处理

- ① BED ⇒ GFF
- ② GFF ⇒ BED

③ 保存输出



BED ⇌ GFF

① 获取输入

- 输入文件：BED

② 数据处理

① BED ⇒ GFF

② GFF ⇒ BED

③ 保存输出



BED ⇌ GFF

① 获取输入

- 输入文件：BED

② 数据处理

① BED ⇒ GFF

② GFF ⇒ BED

③ 保存输出



BED ⇌ GFF

① 获取输入

- 输入文件：BED

② 数据处理

- ① BED ⇒ GFF
- ② GFF ⇒ BED

③ 保存输出

- 查看结果：互相比较



BED ⇌ GFF

① 获取输入

- 输入文件：BED

② 数据处理

- ① BED ⇒ GFF
- ② GFF ⇒ BED

③ 保存输出

- 查看结果：互相比较



- Galaxy 中的 “Operate on Genomic Intervals” 工具集
- BEDTools: a powerful toolset for genome arithmetic
- BEDOPS: the fast, highly scalable and easily-parallelizable genome analysis toolkit



外显子 vs. SNP

① 获取输入



外显子 vs. SNP

① 获取输入

- exon
- SNP

② 数据处理

③ 保存输出



外显子 vs. SNP

① 获取输入

- exon
- SNP

② 数据处理

③ 保存输出



外显子 vs. SNP

① 获取输入

- exon
- SNP

② 数据处理

- subtract
- join

③ 保存输出



外显子 vs. SNP

① 获取输入

- exon
- SNP

② 数据处理

- subtract
- join

③ 保存输出



外显子 vs. SNP

① 获取输入

- exon
- SNP

② 数据处理

- subtract
- join

③ 保存输出



外显子 vs. SNP

① 获取输入

- exon
- SNP

② 数据处理

- subtract
- join

③ 保存输出

正在运行



外显子 vs. SNP

① 获取输入

- exon
- SNP

② 数据处理

- subtract
- join

③ 保存输出

- 解析结果



外显子 vs. SNP

① 获取输入

- exon
- SNP

② 数据处理

- subtract
- join

③ 保存输出

- 解析结果



问题

- 找到含有至少 N (2) 个 SNP 的外显子。

输入

- 外显子数据 (BED 格式)
- SNP 数据 (BED 格式)

输出

- 满足要求的外显子信息 (BED 格式)



问题

- 找到含有至少 N (2) 个 SNP 的外显子。

输入

- 外显子数据 (BED 格式)
- SNP 数据 (BED 格式)

输出

- 满足要求的外显子信息 (BED 格式)



问题

- 找到含有至少 N (2) 个 SNP 的外显子。

输入

- 外显子数据 (BED 格式)
- SNP 数据 (BED 格式)

输出

- 满足要求的外显子信息 (BED 格式)



外显子数据

①	chr1	10	20	exon1	0	+
②	chr1	30	40	exon2	0	+
③	chr1	50	60	exon3	0	-
④	chr1	65	75	exon4	0	+
⑤	chr1	85	95	exon5	0	-



SNP 数据

①	chr1	11	12	snp1	0	+
②	chr1	15	16	snp2	0	+
③	chr1	17	18	snp3	0	+
④	chr1	24	25	snp4	0	+
⑤	chr1	33	34	snp5	0	+
⑥	chr1	37	38	snp6	0	+
⑦	chr1	44	45	snp7	0	+
⑧	chr1	54	55	snp8	0	+
⑨	chr1	57	58	snp9	0	-



Reference

Galaxy 101

Question

- Which coding exon has the highest number of single nucleotide polymorphisms (SNPs) on human chromosome 22?

Objectives

- Familiarize yourself with the basics of Galaxy
- Learn how to obtain data from external sources
- Learn how to run tools
- Learn how histories work
- Learn how to create a workflow
- Learn how to share your work

Reference

Galaxy 101

Question

- Which coding exon has the highest number of single nucleotide polymorphisms (SNPs) on human chromosome 22?

Objectives

- Familiarize yourself with the basics of Galaxy
- Learn how to obtain data from external sources
- Learn how to run tools
- Learn how histories work
- Learn how to create a workflow
- Learn how to share your work

Reference

Galaxy 101

Question

- Which coding exon has the highest number of single nucleotide polymorphisms (SNPs) on human chromosome 22?

Objectives

- Familiarize yourself with the basics of Galaxy
- Learn how to obtain data from external sources
- Learn how to run tools
- Learn how histories work
- Learn how to create a workflow
- Learn how to share your work

Finding exons with the highest number (≥ 10) of SNPs

Join-Group-Filter-Compare-Sort

- Input: Get exons, SNPs; UCSC Table Browser
- Join[Operate on Genomic Intervals]: Join exons with SNPs
- Group: Count the number of SNPs per exon
- Filter: Filter exons that have ten or more SNPs
- Compare two Datasets: Recover exon information
- Sort: Sort the start and end coordinates
- Visualize: Display data in genome browser



Finding exons with the highest number (≥ 10) of SNPs

Join-Group-Filter-Compare-Sort

- ① Input: Get exons, SNPs; UCSC Table Browser
- ② Join[Operate on Genomic Intervals]: Join exons with SNPs
- ③ Group: Count the number of SNPs per exon
 - ④ Sort: Sort by the number of SNPs in descending order
 - ⑤ Filter: Filter exons with at least 10 SNPs
 - ⑥ Compare: Compare the filtered exons with the original exons
 - ⑦ Sort: Sort the filtered exons by their genomic position



Finding exons with the highest number (≥ 10) of SNPs

Join-Group-Filter-Compare-Sort

- ① Input: Get exons, SNPs; UCSC Table Browser
- ② Join[Operate on Genomic Intervals]: Join exons with SNPs
- ③ Group: Count the number of SNPs per exon
- ④ Filter: Filter exons that have ten or more SNPs
- ⑤ Compare two Datasets: Recover exon information
- ⑥ Sort: Sort the start and end coordinates
- ⑦ Visualize: Display data in genome browser



Finding exons with the highest number (≥ 10) of SNPs

Join-Group-Filter-Compare-Sort

- ① Input: Get exons, SNPs; UCSC Table Browser
- ② Join[Operate on Genomic Intervals]: Join exons with SNPs
- ③ Group: Count the number of SNPs per exon
- ④ Filter: Filter exons that have ten or more SNPs
- ⑤ Compare two Datasets: Recover exon information
- ⑥ Sort: Sort the start and end coordinates
- ⑦ Visualize: Display data in genome browser



Finding exons with the highest number (≥ 10) of SNPs

Join-Group-Filter-Compare-Sort

- ① Input: Get exons, SNPs; UCSC Table Browser
- ② Join[Operate on Genomic Intervals]: Join exons with SNPs
- ③ Group: Count the number of SNPs per exon
- ④ Filter: Filter exons that have ten or more SNPs
- ⑤ Compare two Datasets: Recover exon information
- ⑥ Sort: Sort the start and end coordinates
- ⑦ Visualize: Display data in genome browser



Finding exons with the highest number (≥ 10) of SNPs

Join-Group-Filter-Compare-Sort

- ① Input: Get exons, SNPs; UCSC Table Browser
- ② Join[Operate on Genomic Intervals]: Join exons with SNPs
- ③ Group: Count the number of SNPs per exon
- ④ Filter: **Filter exons that have ten or more SNPs**
- ⑤ Compare two Datasets: Recover exon information
- ⑥ Sort: Sort the start and end coordinates
- ⑦ Visualize: Display data in genome browser



Finding exons with the highest number (≥ 10) of SNPs

Join-Group-Filter-Compare-Sort

- ① Input: Get exons, SNPs; UCSC Table Browser
- ② Join[Operate on Genomic Intervals]: Join exons with SNPs
- ③ Group: Count the number of SNPs per exon
- ④ Filter: Filter exons that have ten or more SNPs
- ⑤ Compare two Datasets: Recover exon information
- ⑥ Sort: Sort the start and end coordinates
- ⑦ Visualize: Display data in genome browser



Finding exons with the highest number (≥ 10) of SNPs

Join-Group-Filter-Compare-Sort

- ① Input: Get exons, SNPs; UCSC Table Browser
- ② Join[Operate on Genomic Intervals]: Join exons with SNPs
- ③ Group: Count the number of SNPs per exon
- ④ Filter: Filter exons that have ten or more SNPs
- ⑤ Compare two Datasets: Recover exon information
- ⑥ Sort: Sort the start and end coordinates
- ⑦ Visualize: Display data in genome browser



Finding exons with the highest number (≥ 10) of SNPs

Join-Group-Filter-Compare-Sort

- ① Input: Get exons, SNPs; UCSC Table Browser
- ② Join[Operate on Genomic Intervals]: Join exons with SNPs
- ③ Group: Count the number of SNPs per exon
- ④ Filter: Filter exons that have ten or more SNPs
- ⑤ Compare two Datasets: Recover exon information
- ⑥ Sort: Sort the start and end coordinates
- ⑦ Visualize: Display data in genome browser



Finding exons with the highest number (≥ 10) of SNPs

Join-Count-Filter-Cut-Sort

- Input: Get exons, SNPs; UCSC Table Browser
- Join[Operate on Genomic Intervals]: Join exons with SNPs
- Count: Count the number of SNPs per exon
- Filter: Filter exons that have ten or more SNPs
- Cut: Cut columns to recover BED format
- Sort: Sort the start and end coordinates
- Visualize: Display data in genome browser



Finding exons with the highest number (≥ 10) of SNPs

Join-Count-Filter-Cut-Sort

- ① Input: Get exons, SNPs; UCSC Table Browser
- ② Join[Operate on Genomic Intervals]: Join exons with SNPs
- ③ Count: Count the number of SNPs per exon
- ④ Sort: Sort by the count of SNPs in descending order
- ⑤ Filter: Filter the top 10 entries
- ⑥ Cut: Cut the first 10 entries
- ⑦ Sort: Sort the 10 entries in ascending order of their original position



Finding exons with the highest number (≥ 10) of SNPs

Join-Count-Filter-Cut-Sort

- ① Input: Get exons, SNPs; UCSC Table Browser
- ② Join[Operate on Genomic Intervals]: Join exons with SNPs
- ③ Count: Count the number of SNPs per exon
- ④ Filter: Filter exons that have ten or more SNPs
- ⑤ Cut: Cut columns to recover BED format
- ⑥ Sort: Sort the start and end coordinates
- ⑦ Visualize: Display data in genome browser



Finding exons with the highest number (≥ 10) of SNPs

Join-Count-Filter-Cut-Sort

- ① Input: Get exons, SNPs; UCSC Table Browser
- ② Join[Operate on Genomic Intervals]: Join exons with SNPs
- ③ Count: Count the number of SNPs per exon
- ④ Filter: Filter exons that have ten or more SNPs
- ⑤ Cut: Cut columns to recover BED format
- ⑥ Sort: Sort the start and end coordinates
- ⑦ Visualize: Display data in genome browser



Finding exons with the highest number (≥ 10) of SNPs

Join-Count-Filter-Cut-Sort

- ① Input: Get exons, SNPs; UCSC Table Browser
- ② Join[Operate on Genomic Intervals]: Join exons with SNPs
- ③ Count: Count the number of SNPs per exon
- ④ Filter: Filter exons that have ten or more SNPs
- ⑤ Cut: Cut columns to recover BED format
- ⑥ Sort: Sort the start and end coordinates
- ⑦ Visualize: Display data in genome browser



Finding exons with the highest number (≥ 10) of SNPs

Join-Count-Filter-Cut-Sort

- ① Input: Get exons, SNPs; UCSC Table Browser
- ② Join[Operate on Genomic Intervals]: Join exons with SNPs
- ③ Count: Count the number of SNPs per exon
- ④ Filter: **Filter exons that have ten or more SNPs**
- ⑤ Cut: Cut columns to recover BED format
- ⑥ Sort: Sort the start and end coordinates
- ⑦ Visualize: Display data in genome browser



Finding exons with the highest number (≥ 10) of SNPs

Join-Count-Filter-Cut-Sort

- ① Input: Get exons, SNPs; UCSC Table Browser
- ② Join[Operate on Genomic Intervals]: Join exons with SNPs
- ③ Count: Count the number of SNPs per exon
- ④ Filter: Filter exons that have ten or more SNPs
- ⑤ Cut: Cut columns to recover BED format
- ⑥ Sort: Sort the start and end coordinates
- ⑦ Visualize: Display data in genome browser



Finding exons with the highest number (≥ 10) of SNPs

Join-Count-Filter-Cut-Sort

- ① Input: Get exons, SNPs; UCSC Table Browser
- ② Join[Operate on Genomic Intervals]: Join exons with SNPs
- ③ Count: Count the number of SNPs per exon
- ④ Filter: Filter exons that have ten or more SNPs
- ⑤ Cut: Cut columns to recover BED format
- ⑥ Sort: Sort the start and end coordinates
- ⑦ Visualize: Display data in genome browser



Finding exons with the highest number (≥ 10) of SNPs

Join-Count-Filter-Cut-Sort

- ① Input: Get exons, SNPs; UCSC Table Browser
- ② Join[Operate on Genomic Intervals]: Join exons with SNPs
- ③ Count: Count the number of SNPs per exon
- ④ Filter: Filter exons that have ten or more SNPs
- ⑤ Cut: Cut columns to recover BED format
- ⑥ Sort: Sort the start and end coordinates
- ⑦ Visualize: Display data in genome browser



Finding 10 exons with the highest number of SNPs

Join-Group-Sort-SelectFirst-Join-Cut-Sort

- Input: Get exons, SNPs; UCSC Table Browser
- Join[Operate on Genomic Intervals]: Join exons with SNPs
- Group: Count the number of SNPs per exon
- Sort: Sort exons by SNPs count
- Select first: Select top ten
- Join[Join two Datasets]: Recover exon information
- Cut: Cut columns to recover BED format
- Sort: Sort the start and end coordinates
- Visualize: Display data in genome browser

Finding 10 exons with the highest number of SNPs

Join-Group-Sort-SelectFirst-Join-Cut-Sort

- ① Input: Get exons, SNPs; UCSC Table Browser
- ② Join[Operate on Genomic Intervals]: Join exons with SNPs
- ③ Group: Count the number of SNPs per exon

Finding 10 exons with the highest number of SNPs

Join-Group-Sort-SelectFirst-Join-Cut-Sort

- ① Input: Get exons, SNPs; UCSC Table Browser
- ② Join[Operate on Genomic Intervals]: Join exons with SNPs
- ③ Group: Count the number of SNPs per exon
- ④ Sort: Sort exons by SNPs count
- ⑤ Select first: Select top ten
- ⑥ Join[Join two Datasets]: Recover exon information
- ⑦ Cut: Cut columns to recover BED format
- ⑧ Sort: Sort the start and end coordinates
- ⑨ Visualize: Display data in genome browser

Finding 10 exons with the highest number of SNPs

Join-Group-Sort-SelectFirst-Join-Cut-Sort

- ① Input: Get exons, SNPs; UCSC Table Browser
- ② Join[Operate on Genomic Intervals]: Join exons with SNPs
- ③ Group: Count the number of SNPs per exon
- ④ Sort: Sort exons by SNPs count
- ⑤ Select first: Select top ten
- ⑥ Join[Join two Datasets]: Recover exon information
- ⑦ Cut: Cut columns to recover BED format
- ⑧ Sort: Sort the start and end coordinates
- ⑨ Visualize: Display data in genome browser

Finding 10 exons with the highest number of SNPs

Join-Group-Sort-SelectFirst-Join-Cut-Sort

- ① Input: Get exons, SNPs; UCSC Table Browser
- ② Join[Operate on Genomic Intervals]: Join exons with SNPs
- ③ Group: Count the number of SNPs per exon
- ④ Sort: Sort exons by SNPs count
- ⑤ Select first: Select top ten
- ⑥ Join[Join two Datasets]: Recover exon information
- ⑦ Cut: Cut columns to recover BED format
- ⑧ Sort: Sort the start and end coordinates
- ⑨ Visualize: Display data in genome browser

Finding 10 exons with the highest number of SNPs

Join-Group-Sort-SelectFirst-Join-Cut-Sort

- ① Input: Get exons, SNPs; UCSC Table Browser
- ② Join[Operate on Genomic Intervals]: Join exons with SNPs
- ③ Group: Count the number of SNPs per exon
- ④ Sort: Sort exons by SNPs count
- ⑤ Select first: Select top ten
- ⑥ Join[Join two Datasets]: Recover exon information
- ⑦ Cut: Cut columns to recover BED format
- ⑧ Sort: Sort the start and end coordinates
- ⑨ Visualize: Display data in genome browser

Finding 10 exons with the highest number of SNPs

Join-Group-Sort-SelectFirst-Join-Cut-Sort

- ① Input: Get exons, SNPs; UCSC Table Browser
- ② Join[Operate on Genomic Intervals]: Join exons with SNPs
- ③ Group: Count the number of SNPs per exon
- ④ Sort: Sort exons by SNPs count
- ⑤ **Select first: Select top ten**
- ⑥ Join[Join two Datasets]: Recover exon information
- ⑦ Cut: Cut columns to recover BED format
- ⑧ Sort: Sort the start and end coordinates
- ⑨ Visualize: Display data in genome browser

Finding 10 exons with the highest number of SNPs

Join-Group-Sort-SelectFirst-Join-Cut-Sort

- ① Input: Get exons, SNPs; UCSC Table Browser
- ② Join[Operate on Genomic Intervals]: Join exons with SNPs
- ③ Group: Count the number of SNPs per exon
- ④ Sort: Sort exons by SNPs count
- ⑤ Select first: Select top ten
- ⑥ Join[Join two Datasets]: Recover exon information
- ⑦ Cut: Cut columns to recover BED format
- ⑧ Sort: Sort the start and end coordinates
- ⑨ Visualize: Display data in genome browser

Finding 10 exons with the highest number of SNPs

Join-Group-Sort-SelectFirst-Join-Cut-Sort

- ① Input: Get exons, SNPs; UCSC Table Browser
- ② Join[Operate on Genomic Intervals]: Join exons with SNPs
- ③ Group: Count the number of SNPs per exon
- ④ Sort: Sort exons by SNPs count
- ⑤ Select first: Select top ten
- ⑥ Join[Join two Datasets]: Recover exon information
- ⑦ Cut: Cut columns to recover BED format
- ⑧ Sort: Sort the start and end coordinates
- ⑨ Visualize: Display data in genome browser

Finding 10 exons with the highest number of SNPs

Join-Group-Sort-SelectFirst-Join-Cut-Sort

- ① Input: Get exons, SNPs; UCSC Table Browser
- ② Join[Operate on Genomic Intervals]: Join exons with SNPs
- ③ Group: Count the number of SNPs per exon
- ④ Sort: Sort exons by SNPs count
- ⑤ Select first: Select top ten
- ⑥ Join[Join two Datasets]: Recover exon information
- ⑦ Cut: Cut columns to recover BED format
- ⑧ Sort: Sort the start and end coordinates
- ⑨ Visualize: Display data in genome browser

Finding 10 exons with the highest number of SNPs

Join-Group-Sort-SelectFirst-Join-Cut-Sort

- ① Input: Get exons, SNPs; UCSC Table Browser
- ② Join[Operate on Genomic Intervals]: Join exons with SNPs
- ③ Group: Count the number of SNPs per exon
- ④ Sort: Sort exons by SNPs count
- ⑤ Select first: Select top ten
- ⑥ Join[Join two Datasets]: Recover exon information
- ⑦ Cut: Cut columns to recover BED format
- ⑧ Sort: Sort the start and end coordinates
- ⑨ Visualize: Display data in genome browser

Finding exons with the highest number (≥ 10) of SNPs

BEDTools-shell-BEDTools

考虑链性

```
bedtools intersect -a exon.bed -b snp.bed -c -s |  
awk '{if($7>=10) print;}' | cut -f1-6 |  
bedtools sort -i stdin
```

不考虑链性

```
bedtools intersect -a exon.bed -b snp.bed -c |  
awk '{if($7>=10) print;}' | cut -f1-6 |  
bedtools sort -i stdin
```

Finding exons with the highest number (≥ 10) of SNPs

BEDTools-shell-BEDTools

考虑链性

```
bedtools intersect -a exon.bed -b snp.bed -c -s |  
awk '{if($7>=10) print;}' | cut -f1-6 |  
bedtools sort -i stdin
```

不考虑链性

```
bedtools intersect -a exon.bed -b snp.bed -c |  
awk '{if($7>=10) print;}' | cut -f1-6 |  
bedtools sort -i stdin
```

Finding exons with the highest number (≥ 10) of SNPs

BEDTools-shell-BEDTools

考虑链性

```
bedtools intersect -a exon.bed -b snp.bed -c -s |  
awk '{if($7>=10) print;}' | cut -f1-6 |  
bedtools sort -i stdin
```

不考虑链性

```
bedtools intersect -a exon.bed -b snp.bed -c |  
awk '{if($7>=10) print;}' | cut -f1-6 |  
bedtools sort -i stdin
```

Finding exons with the highest number (≥ 10) of SNPs

BEDTools-shell-BEDTools

考虑链性

```
bedtools intersect -a exon.bed -b snp.bed -c -s |  
awk '{if($7>=10) print;}' | cut -f1-6 |  
bedtools sort -i stdin
```

不考虑链性

```
bedtools intersect -a exon.bed -b snp.bed -c |  
awk '{if($7>=10) print;}' | cut -f1-6 |  
bedtools sort -i stdin
```

Workflow : create, modify, rerun, share

Save: Rename the history as "Exons and SNPs"

Workflow: Extract workflow from history

Workflow: Change order of tools and modify tool parameters



Workflow : create, modify, rerun, share

- ① Save: Rename the history as “Exons and SNPs”
- ② Workflow: Extract workflow from history
- ③ Modify: Open workflow editor and modify the parameter
- ④ Rerun: Run workflow on whole genome data
- ⑤ Share: Share or publish workflow
- ⑥ Create: Create workflows from scratch (e.g. Find the 50 longest exons)



Workflow : create, modify, rerun, share

- ① Save: Rename the history as “Exons and SNPs”
- ② Workflow: Extract workflow from history
- ③ Modify: Open workflow editor and modify the parameter
- ④ Rerun: Run workflow on whole genome data
- ⑤ Share: Share or publish workflow
- ⑥ Create: Create workflows from scratch (e.g. Find the 50 longest exons)



Workflow : create, modify, rerun, share

- ① Save: Rename the history as “Exons and SNPs”
- ② Workflow: Extract workflow from history
- ③ Modify: Open workflow editor and modify the parameter
- ④ Rerun: Run workflow on whole genome data
- ⑤ Share: Share or publish workflow
- ⑥ Create: Create workflows from scratch (e.g. Find the 50 longest exons)



Workflow : create, modify, rerun, share

- ① Save: Rename the history as “Exons and SNPs”
- ② Workflow: Extract workflow from history
- ③ Modify: Open workflow editor and modify the parameter
- ④ **Rerun: Run workflow on whole genome data**
- ⑤ Share: Share or publish workflow
- ⑥ Create: Create workflows from scratch (e.g. Find the 50 longest exons)



Workflow : create, modify, rerun, share

- ① Save: Rename the history as “Exons and SNPs”
- ② Workflow: Extract workflow from history
- ③ Modify: Open workflow editor and modify the parameter
- ④ Rerun: Run workflow on whole genome data
- ⑤ Share: Share or publish workflow
- ⑥ Create: Create workflows from scratch (e.g. Find the 50 longest exons)



Workflow : create, modify, rerun, share

- ① Save: Rename the history as “Exons and SNPs”
- ② Workflow: Extract workflow from history
- ③ Modify: Open workflow editor and modify the parameter
- ④ Rerun: Run workflow on whole genome data
- ⑤ Share: Share or publish workflow
- ⑥ Create: Create workflows from scratch (e.g. Find the 50 longest exons)



教学提纲

1

引言

2

基因组组装版本

3

基因组坐标系统

4

基因组注释常用格式

5

文本文件与文本编辑器

6

基因组坐标的逻辑运算

7

总结与答疑

8

引言

9

变异位点的注释

10

基因集富集分析

11

序列标识

12

Box plot

13

解析图表

14

总结与答疑

15

引言

16

Galaxy 分析平台

17

Galaxy 使用演示

18

数据处理三段论

19

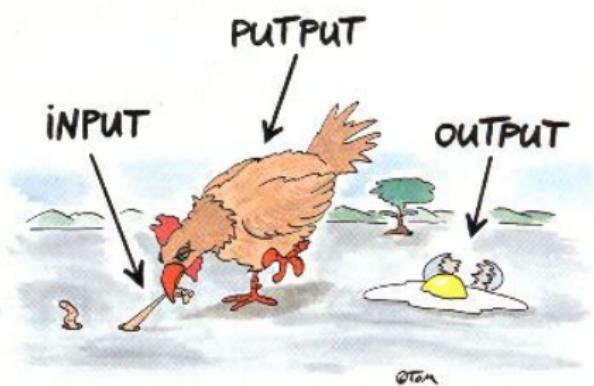
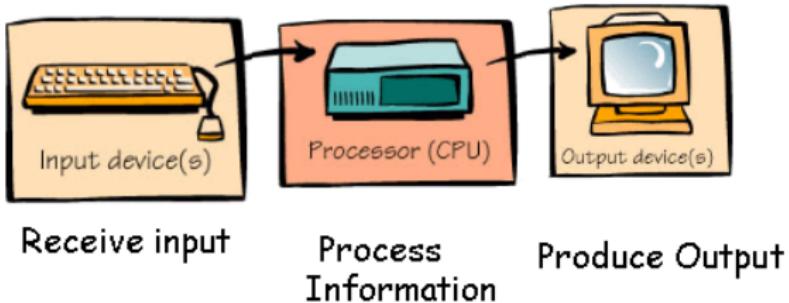
总结与答疑

20

复习思考题



三段论：“输入-加工-输出”



三段论：“输入-加工-输出”

获取输入

数据来源
文件格式
过滤数据
...

加工处理

选择工具
调整参数
记录步骤
...

解析输出

文件格式
解析图表
保存结果
...



教学提纲

1

引言

2

基因组组装版本

3

基因组坐标系统

4

基因组注释常用格式

5

文本文件与文本编辑器

6

基因组坐标的逻辑运算

7

总结与答疑

8

引言

9

变异位点的注释

10

基因集富集分析

11

序列标识

12

Box plot

13

解析图表

14

总结与答疑

15

引言

16

Galaxy 分析平台

17

Galaxy 使用演示

18

数据处理三段论

19

总结与答疑

20

复习思考题



知识点——Galaxy 分析平台

- Galaxy——界面、学习、使用

技能——“输入-加工-输出”三段论

- 获取输入——格式、来源、过滤
- 数据处理——工具、版本、参数
- 解析输出——格式、注释、解析



教学提纲

1

引言

2

基因组组装版本

3

基因组坐标系统

4

基因组注释常用格式

5

文本文件与文本编辑器

6

基因组坐标的逻辑运算

7

总结与答疑

8

引言

9

变异位点的注释

10

基因集富集分析

11

序列标识

12

Box plot

13

解析图表

14

总结与答疑

15

引言

16

Galaxy 分析平台

17

Galaxy 使用演示

18

数据处理三段论

19

总结与答疑

20

复习思考题



复习思考题

知识点

- ① hg19 和 mm10 分别代表什么含义？hg19 是和 GRCh37 相对应，还是和 GRCm38 相对应？
- ② 常见的基因组坐标系统是哪两种，举例进行说明。
- ③ 简述 BED 格式前 6 列的含义，能解释实际的 BED 记录。
- ④ 基于基因组坐标的常见逻辑运算模式有哪些，画图进行解释。
- ⑤ 简述序列标识的含义，能解释实际的序列标识图。

技能

- ① 不同操作系统的换行符有何区别？
- ② 以 SNP 的注释结果为例，论述如何解析一张表。
- ③ 以 box plot 为例，论述如何解析一张图。
- ④ 以坐标转换为例，论述“输入-加工-输出”的工作流程。

Powered by



T_EX L^AT_EX X_ET_EX Beamer

