

Шаги для запуска схемы SNP Annotation в BioUML:

1) Установить BioUML

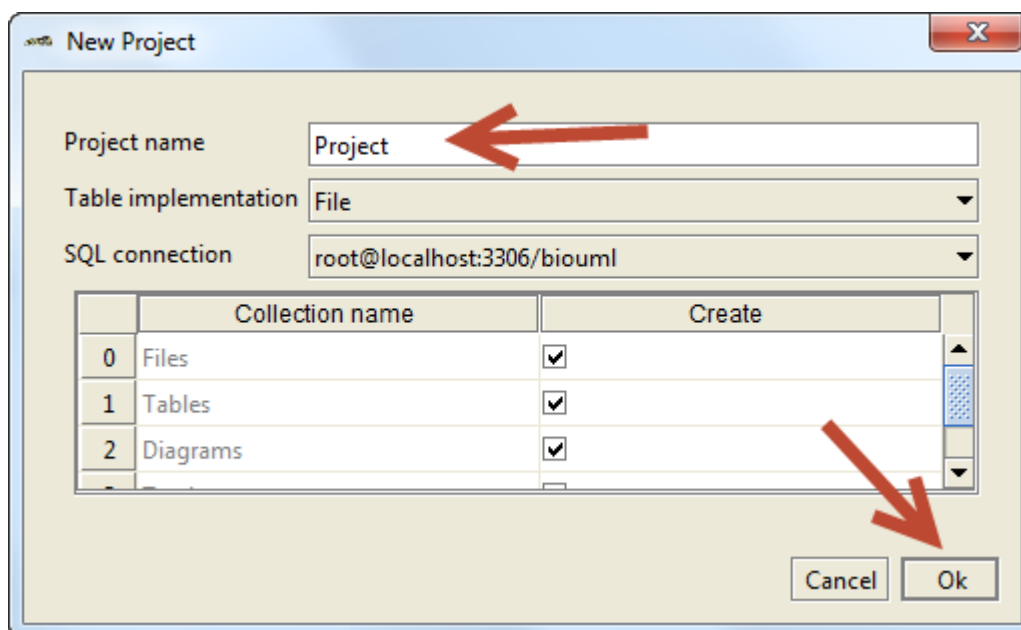
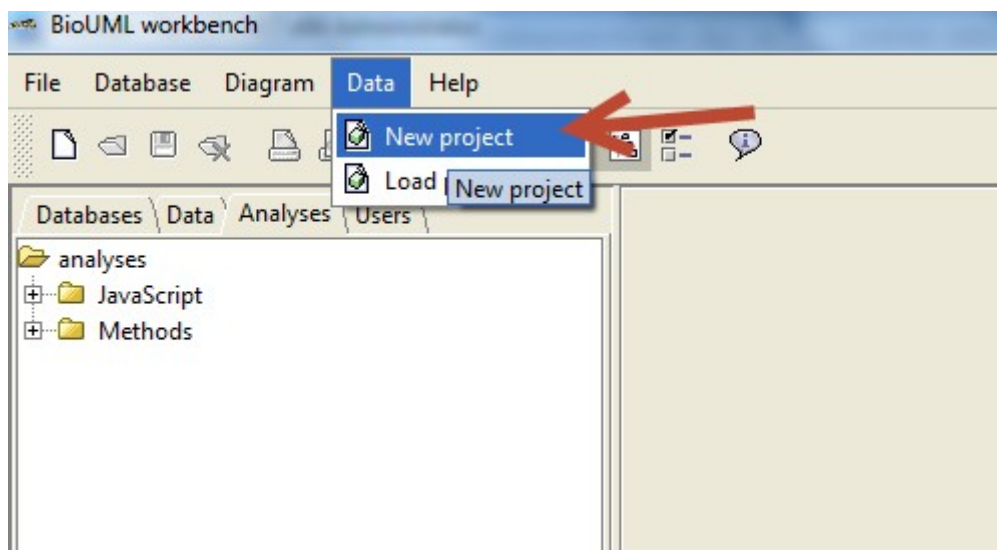
<http://ugene.unipro.ru/downloads/BioUML/BioUML.jar>

2) Скачать плагин unipro.jar и поместить в папку с BioUML/**plugins**

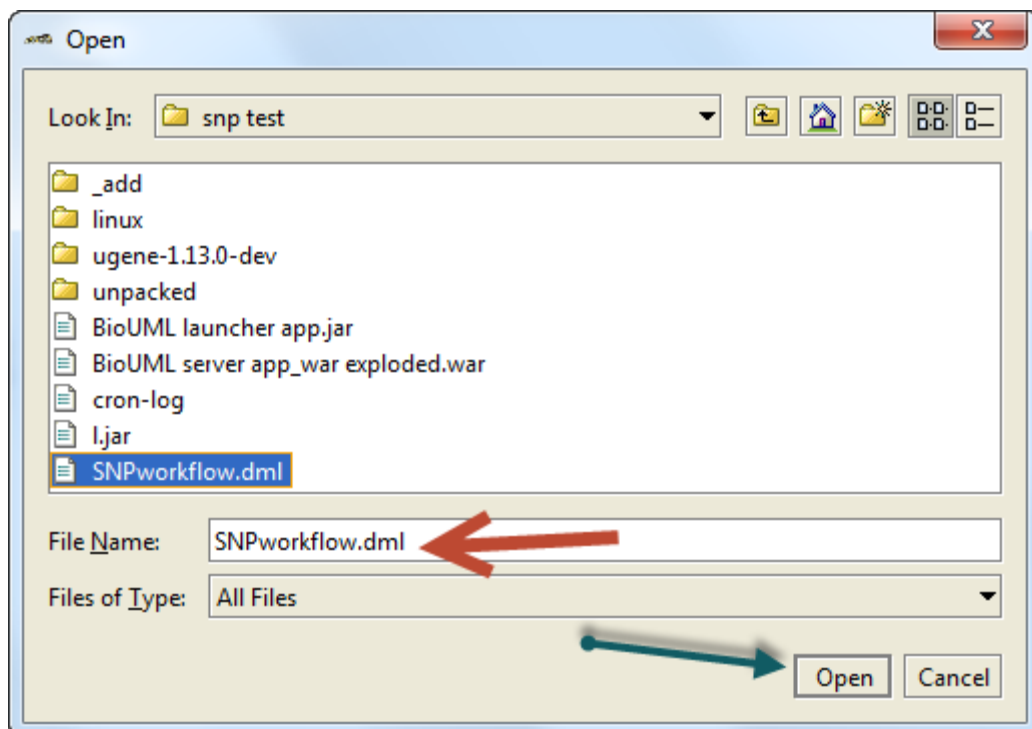
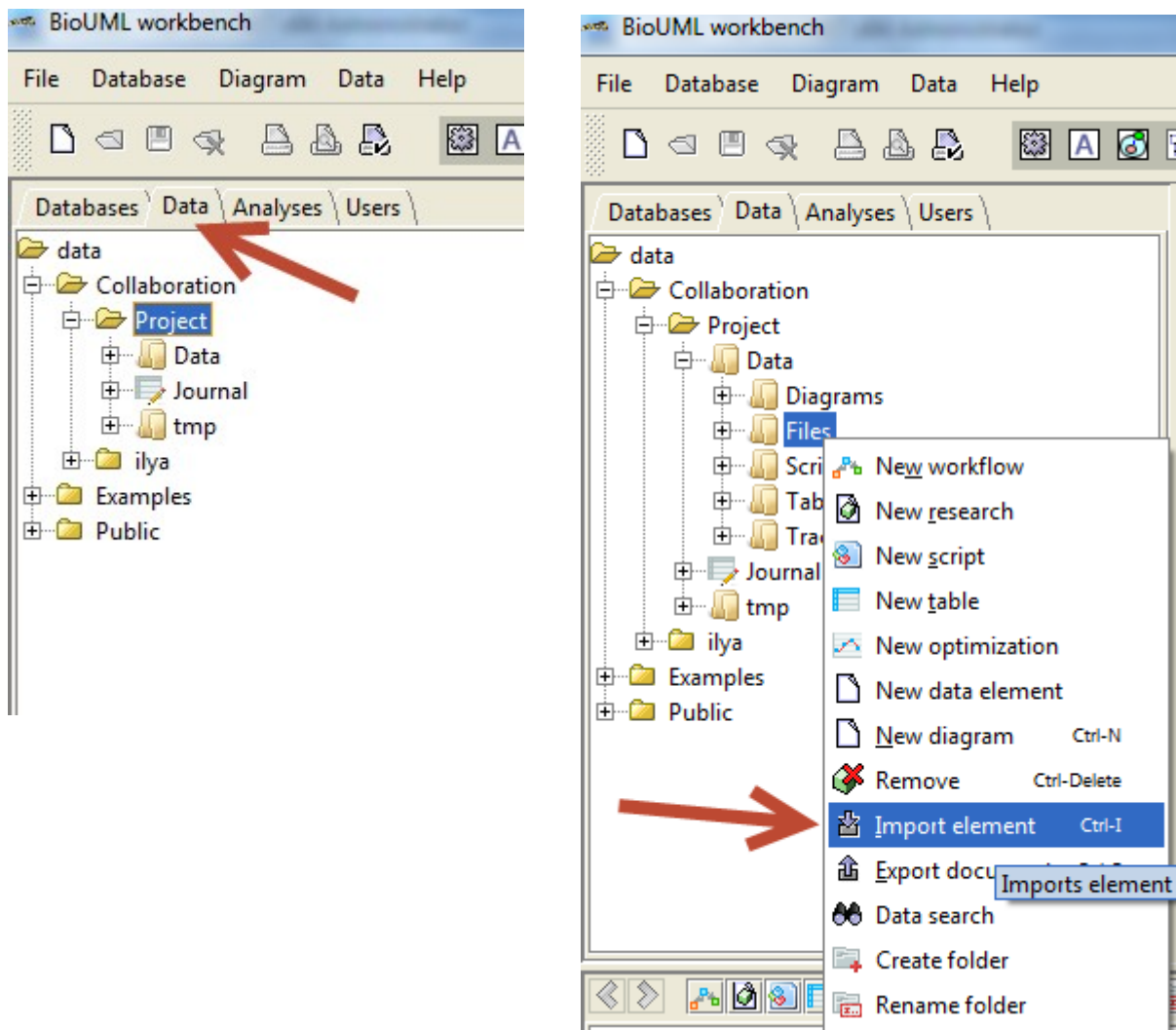
<http://ugene.unipro.ru/downloads/BioUML/unipro.jar>

3) Открыть BioUML

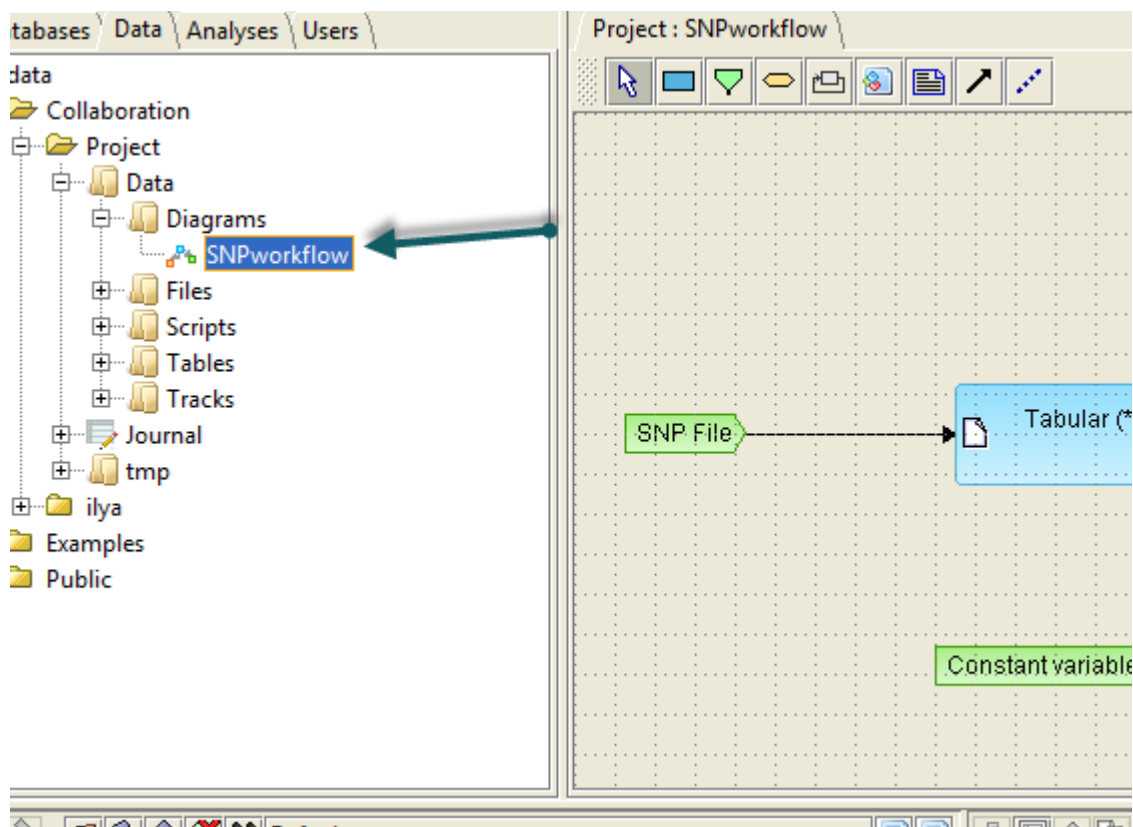
3.1) При первом запуске BioUML необходимо создать проект



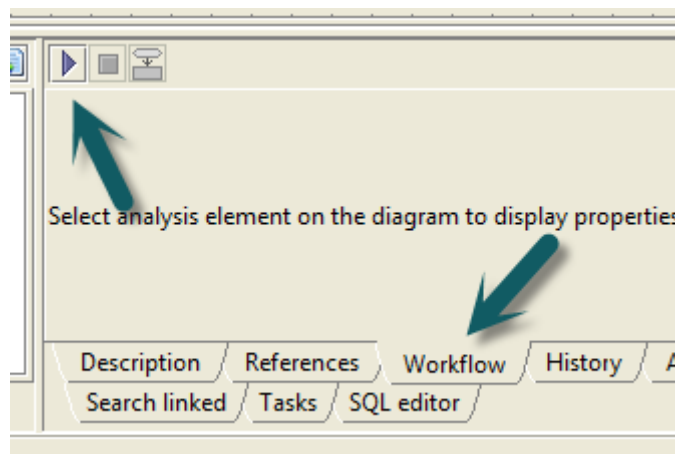
4) Импортируем схему (http://ugene.unipro.ru/downloads/BioUML/workflows_test_data.zip)



5) Открываем схему двойным щелчком мыши



6) Запускаем схему



7) Выбираем входной файл и задаем выходные файлы

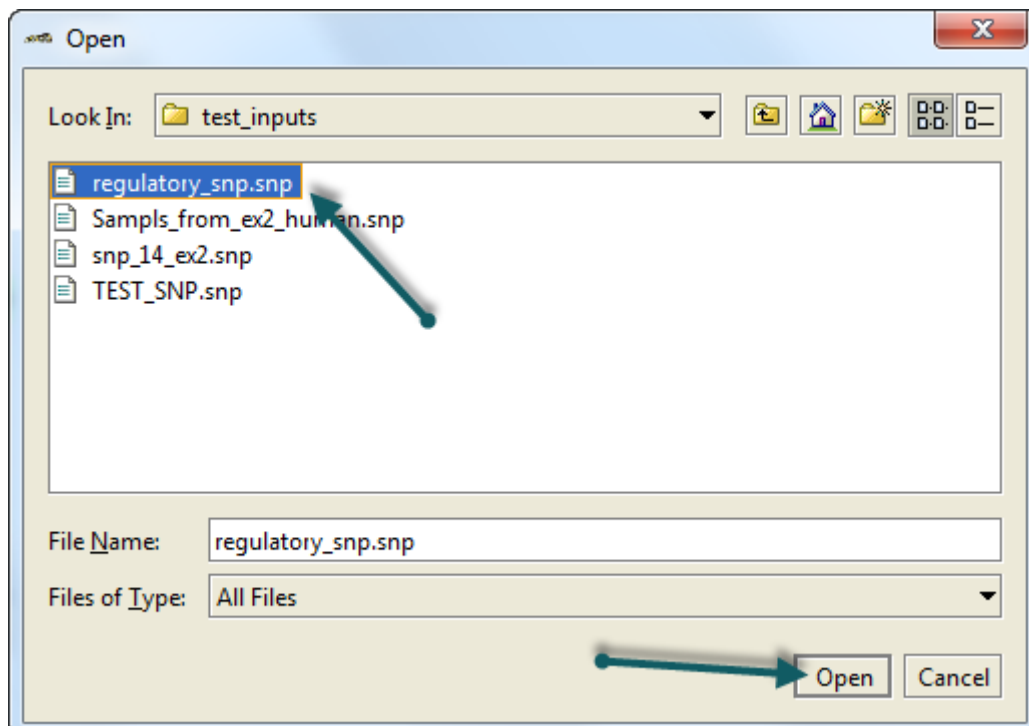
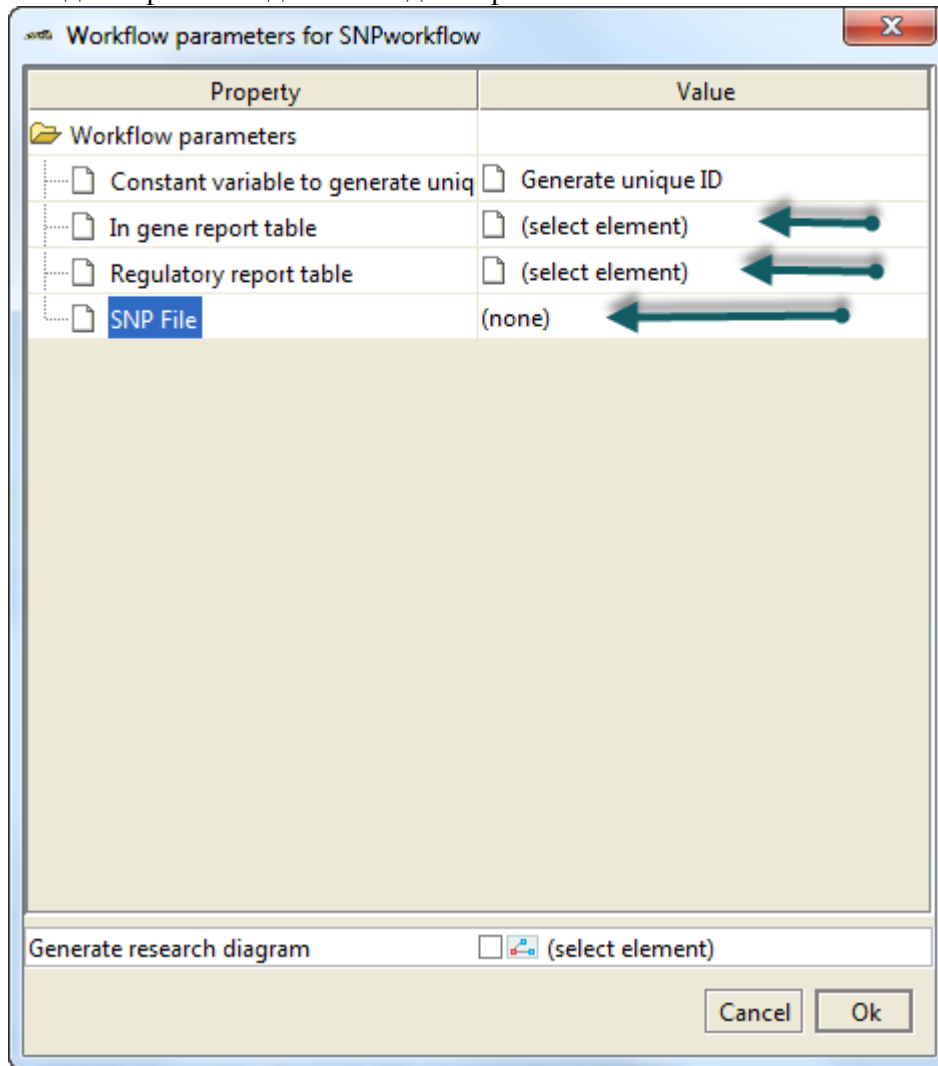


Схема Gene annotation

Шаги аналогичны предыдущим пунктам, но при запуске схемы (пункт 7), входные данные задаются не с файловой системы, а из базы BioUML. Импорт файлов в базу производится аналогично 4 пункту.