

ASE Übung 9 - Galaxy

Galaxy

Bei *Galaxy* handelt es sich um eine web-basierte Bioinformatik-Plattform, welche ein einfaches Userinterface zu einer umfangreichen Sammlung von Programmen und Datenbanken bereitstellt. Daten aus den etablierten Genom- und Proteinsequenz-Datenbanken können mit unterschiedlichen Anwendungen — von einfachen Vergleichen bis zur Genomassemblierung und Expressionsanalyse — verarbeitet werden.

Unterschiedliche Institutionen betreiben eigene *Galaxy* Server. Nutzen Sie im Folgenden das europäische *Galaxy* Interface (betrieben von *Bioinformatics Group Freiburg*):

<https://usegalaxy.eu/>

Tutorials

Die Nutzung der von *Galaxy* gebündelten Programme ist u.A. durch eine Reihe von detaillierten Tutorials dokumentiert:

<https://training.galaxyproject.org/>

Diese stellen meist Beispieldatensätze bereit, anhand derer die Lösung typischer Probleme aus der Bioinformatik mittels *Galaxy* illustriert wird. Öffnen Sie die Tutorial-Seite in einem separaten Browserfenster und navigieren Sie zu:

Introduction to Galaxy Analyses -> Galaxy 101

(Klicken Sie auf das Computersymbol in der Hands-on Spalte um die Tutorialseite zu öffnen.)

Dieses Tutorial dient dazu sich mit dem *Galaxy*-Interface und -arbeitsprozess anhand eines einfachen Anwendungszwecks vertraut zu machen. Es soll ermittelt werden, welches Exon eines bestimmten menschlichen Chromosoms die meisten Einzelnukleotid-Polymorphismen aufweist.

Führen Sie die Kapitel Pretreatments und Analysis des Tutorials durch (bis einschließlich der Sektion Displaying data in UCSC genome browser). Folgen Sie dabei genau den beschriebenen Schritten, Erklärungen und Tipps. Schauen Sie sich die erzeugten Daten an und üben Sie den allgemeinen Umgang mit den Programmen (lesen Sie die Beschreibungen der Programme und ihrer Parameter beim jeweiligen Aufruf bevor Sie den Execute-Button betätigen). In der folgenden Übung wird ein weiterer Anwendungsfall mit *Galaxy* bearbeitet.