

天津医科大学理论课教案首页

(共 3 页、第 1 页)

课程名称：生物信息学 课程内容/章节：第五章 (5.3) Galaxy 分析平台

教师姓名：伊现富 职称：讲师 教学日期：2017 年 5 月 25 日 10:00-12:00

授课对象：基础医学院 2014 级基础班 (本) 听课人数：18

授课方式：理论讲授 学时数：2 教材版本：生物信息学：基础及应用

教学目的与要求 (分掌握、熟悉、了解、自学四个层次)：

- 掌握 Galaxy 分析平台的基本使用方法。
- 熟悉 Galaxy 分析平台；数据处理的基本策略。
- 了解基因组功能注释分析平台。
- 自学 Galaxy 分析平台的高级使用技巧。

授课内容及学时分配：

- (5') 回顾与导入：回顾基因组注释的基础知识和高级注释，介绍基因组功能注释分析平台。
- (15') Galaxy 分析平台：介绍 Galaxy 分析平台、Galaxy 中的常用工具集和主界面、Galaxy 的相关资料。
- (30') Galaxy 的基本使用：通过坐标转换、格式转换、坐标逻辑运算等实例演示、讲解 Galaxy 的基本使用方法。
- (45') Galaxy 的综合运用：通过实例演示 Galaxy 在生物信息学工作中的综合运用，介绍 Galaxy 的高级使用技巧。
- (5') 总结与答疑：总结授课内容中的知识点与技能，解答学生疑问。

教学重点、难点及解决策略：

- 重点：Galaxy 分析平台的使用。
- 难点：Galaxy 分析平台的使用。
- 解决策略：通过实例的逐步演示，详细讲解 Galaxy 的使用方法与技巧。

专业外语词汇或术语：

工作区 (work area)

属性 (attribute)

历史面板 (history panel)

工作流 (workflow)

辅助教学情况：

- 多媒体：Galaxy 分析平台的界面。
- 板书：数据处理的主要步骤。
- 操作演示：Galaxy 分析平台的使用。

复习思考题：

- Galaxy 分析平台的基本使用方法。
- 以坐标转换为例，论述“输入-加工-输出”的工作流程。

参考资料：

- Galaxy
- 维基百科

主任签字：

年 月 日

教务处制

一、回顾与导入 (5 分钟)

1. 基因组注释

- 基础知识：基因组组装版本、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、基因集的富集分析、序列标识

2. 生物信息学分析平台：Galaxy, GenePattern, ...

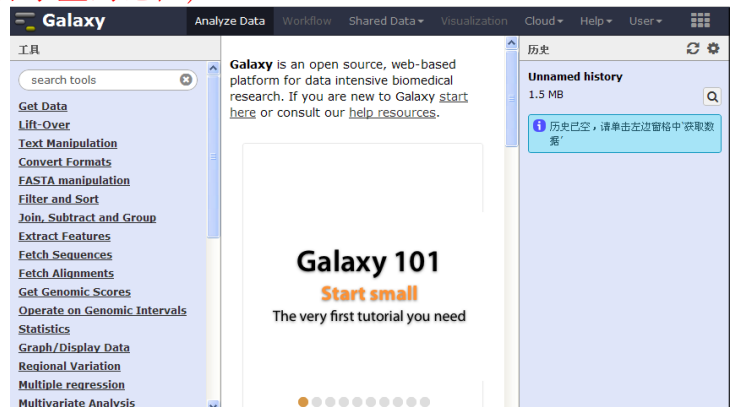
二、Galaxy 分析平台 (15 分钟)

1. 主界面 (通过讲解每部分的具体功能加深学生的理解)

- 顶部是刊头：切换“分析数据”、“工作流”和“帐号”等主界面
- 左侧栏是工具菜单：以工具集的形式组织罗列着各种工具
- 中间是工作区：工具参数设置、使用说明和数据内容、属性等信息的输出位置
- 右侧栏是历史面板：以历史记录的形式记录存储着每一步操作

2. 工具集 (展示工具集中的具体工具, 加深学生的记忆)

- **Get Data**: 从公共数据库提取数据
- **Text Manipulation**: 处理文本数据
- **Convert Formats**: 数据格式转换
- **Operate on Genomic Intervals**: 坐标的逻辑运算
- **Statistics 和 Graph/Display Data**: 统计绘图
- **NGS Toolbox**: 分析第二代测序数据
-



3. 学习资料 (先易后难, 由浅入深)

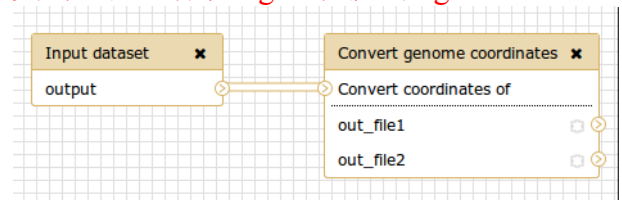
- Galaxy 101
- Galaxy Screencasts and Demos
- Shared Pages, Histories & Workflows
- Learn Galaxy
- Galaxy Wiki



三、【重点、难点】Galaxy 的基本使用 (30 分钟)

1. 坐标转换: 使用集成到 Galaxy 中的 liftOver 把人类的基因坐标从 hg19 转换到 hg18

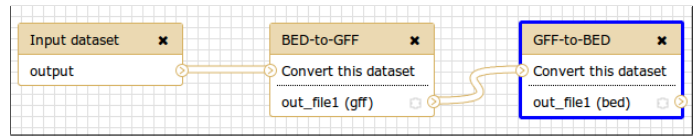
- 获取输入。输入文件: hg19 的基因坐标
- 数据处理。设置参数: hg19 \Rightarrow hg18
- 保存输出。过滤结果: MAPPED vs. UN-MAPPED
- 坐标转换的常用工具



- liftOver: 支持 BED 和 “chrN:start-end” 格式的输入
- Galaxy 中的 liftOver: 支持 BED、GFF 和 GTF 格式的输入
- NCBI Remap: 支持 BED、GFF、GTF 和 VCF 等格式的输入
- Ensembl assembly converter: 支持 BED、GFF、GTF 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

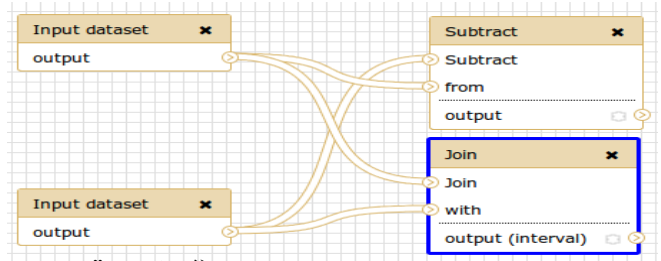
2. 格式转换：使用 Galaxy 实现 BED 与 GFF 格式的互转

- 获取输入。输入文件：BED
- 数据处理。格式互转：BED \Rightarrow GFF；
GFF \Rightarrow BED
- 保存输出。查看结果：互相比对



3. 逻辑运算：使用 Galaxy 进行外显子与 SNP 的比较

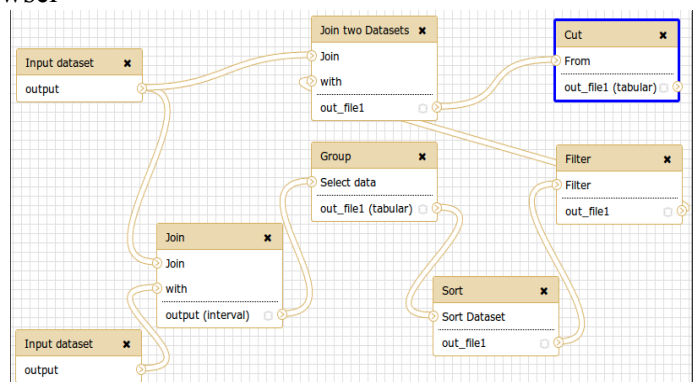
- 获取输入。输入文件：exon, SNP
- 数据处理。不含 SNP 的 exon: subtract;
含有 SNP 的 exon: join
- 保存输出。解析结果 (一个 exon 上可能含有多个 SNP)
- 逻辑运算的常用工具
 - Galaxy 中的 “Operate on Genomic Intervals” 工具集
 - bedtools: a powerful toolset for genome arithmetic
 - BEDOPS: the fast, highly scalable and easily-parallelizable genome analysis toolkit



四、【重点、难点】Galaxy 的综合运用 (45 分钟)

以寻找 Y 染色体上含有 SNP 数目最多的外显子为例进行操作演示：

1. Input: Getting exons, SNPs; UCSC Table Browser
2. Join[Operate on Genomic Intervals]: Joining exons with SNPs
3. Group: Counting the number of SNPs per exon
4. Filter: Filtering exons that have ten or more SNPs
5. Compare two Datasets: Recovering exon info
6. Visualize: Display data in genome browser
4. Sort: Sorting exons by SNPs count
4. Select first: Selecting top ten
5. Join[Join two Datasets]: Recovering exon info



扩展介绍 “工作流” 的思想及其优势，以及 Galaxy 中工作流的提取、制作、使用和分享：

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)

五、总结与答疑 (5 分钟)

1. 知识点
 - Galaxy 分析平台：界面，学习，使用
2. 技能 (数据处理的 “输入-处理-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

