

rna bioinformatics under one roof – the rna bioinformatics service center

Challenges and solutions for a readily accessible research infrastructure

by Björn Grüning

The RNA Bioinformatics Center (RBC) is a service centre within the German Network for Bioinformatics Infrastructure (de.NBI), which deals with the RNA-based mechanisms of gene regulation. The role of the RBC is to develop a comprehensive, integrative platform for RNA analysis and in doing so, to explain the significance of RNA with respect to gene regulation. The services of the RBC range from advice on experimental study design, to the preparation of protocols for data analysis and its associated infrastructure, to the development of specific solutions to individual scientific issues.

The significance of non-coding RNAs in medical research

For a long time, non-coding ribonucleic acids (ncRNAs) and RNA-protein interactions were neglected by the scientific community. After all, the focus of research until just a few years ago was placed mainly on the protein-coding regions of DNA. However, genome-wide sequencing showed that the majority of DNA does not code for proteins, but for ncRNAs. In order to investigate regulatory RNAs, e.g. micro-RNAs (miRNA), and RNA-protein interactions, new technologies were developed which showed that the complexity of gene regulation at the post-translational level is comparable to transcriptional gene regulation. The human genome contains thousands of miRNAs and at least 800 RNA-binding proteins. With this new knowledge, scientists have already demonstrated that many diseases are triggered not only by mutations in specific genes, but that their cause can lie specifically in post-transcriptional gene regulation¹.

Objectives and tasks of the RBC

The RNA Bioinformatics Center (RBC) brings together the internationally renowned German RNA bioinformatics work-

ing groups from Freiburg (Rolf Backofen, coordinator), Berlin (Nikolaus Rajewsky and Uwe Ohler, MDC) and Leipzig (Peter F. Stadler). The RBC pursues three objectives:

- 1.) The establishment of an easily accessible RNA workbench. This analytical environment can be used on any PC or alternatively it can be made available in a HPC environment (university computing center or cloud computing).
- 2.) Creation of a sustainable infrastructure. The RBC works together with numerous other centres, firstly to promote interoperability between the centres, and secondly to provide the scientific community with a broad foundation and to ensure that the developed solutions are sustainable.
- 3.) In addition to productive use, the RNA workbench also serves as an experimental platform for courses and other forms of training. Comprehensive training sessions and workshops on the topic will be held additionally to allow junior researchers and scientists without knowledge of bioinformatics to access the RNA-based analysis tools, and to pass on knowledge relating to the significance of RNA-dependent regulation.

RBC applies the globally utilised Galaxy² workflow management system in order to achieve the objectives described above. This platform allows life scientists to fully analyse independent sequence data in a transparent and reproducible way and to share the information with colleagues. Until now, over 50 different bioinformatics applications have been integrated within the RNA workbench, which was specially programmed to analyse RNA-based data. Besides tools for analysing transcriptome data, the RBC also includes within the workbench a variety of tools for RNA structure analysis (LocARNA, GraphClust, ExpaRNA), for ncRNA target structure prediction (ViennaRNA Suite) and for RNA transcript definition and classification. The purpose here is to fully analyse and understand the different levels of regulation (transcription, splicing, translation and degradation) of RNA transcripts and their interdependencies.

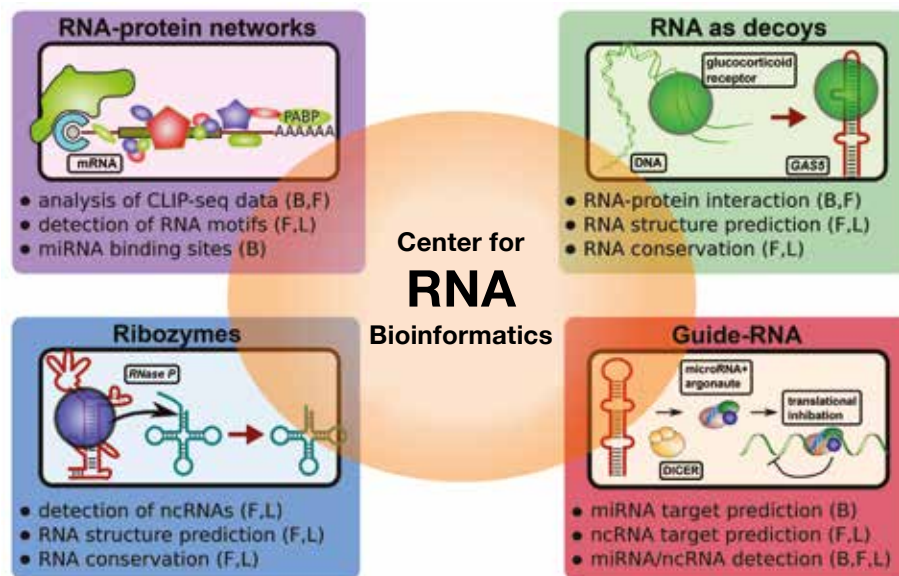


Figure 1: The RNA Bioinformatics Center (RBC), composed of AG Prof. Dr. Rolf Backofen in Freiburg (F), AG Prof. Dr. Peter F. Stadler in Leipzig (L) and AG Prof. Dr. Uwe Ohler and Prof. Dr. Nikolaus Rajewsky (B), is the central point of contact for all questions relating to RNA bioinformatics (Graph: Prof. Dr. Rolf Backofen).

Moreover, the tools already developed by RBC and used world-wide for the characterisation of ncRNAs are implemented in Galaxy. They include applications for detecting miRNAs (MirDeep, PipMir, BlockClust, RNAz) and new transcripts (LncRNAs), for mapping HTS data (Segemehl Suite³) and for predicting RNA-RNA and protein-RNA interactions (IntaRNA, RNAup, CopraRNA, PARalyzer⁴, Dorina⁵, GraphProt⁶). Many of these tools are already available as individual web services^a.

Galaxy – a web-based, open-source platform for data-intensive biomedical research

There are numerous commercial and freely available RNA analysis tools. Nevertheless, easy access to a unified, integrative system offering standardised examination of RNA-based gene regulation has been missing so far. Furthermore, most software tools used by life scientists are almost impossible to operate without advanced IT skills, as their installation can sometimes be anything but simple and access often requires programming expertise. With this in mind, Galaxy offers a unique solution due to the fact that freely available and self-developed tools as well as visualisations and databases can be integrated, so that these components can be easily accessed and used in a transparent manner by any life scientist. There are currently more than 2,000 different tools available in Galaxy, from simple text manipulation to HTS analysis (e.g. mapping, differential gene expression analysis). This platform allows any user to combine the full set of tools within workflows and in doing so to operate

the system in a transparent and reproducible way. The Galaxy server in Freiburg is one of the largest Galaxy instances in Germany. Here, RBC makes an immense contribution to the further development of the Galaxy platform. Many renowned universities use the RBC server as a template to create local Galaxy instances and to tap into RBC's docker-based virtualisation solution. Besides the provision of data analysis, a key area of the RBC service centre is to train operators in the use of the tools and infrastructure. All RBC partners offer various de.NBI workshops and practical tutorials on the use of Galaxy and the analysis of RNA data several times each year. The workshops cover a number of different topics, e.g. genome annotation or high-throughput sequencing (HTS) data analysis, and run over a period of 1-5 days. RBC also takes part in the summer schools organised by the de.NBI network in order to teach knowledge relating to RNA bioinformatics. Moreover, the RBC organises six-monthly hackathons during which developers from Germany and abroad meet to integrate new tools into the RNA workbench and to run tests. What's more, RBC develops additional continually updated analysis workflows for standardised HTS data analysis, which it makes freely available to the scientific community.

Access to the RNA workbench

The Galaxy-based RNA workbench is an easily operable browser system that does not require installation, so users do not have to download any large data sets and analysis will not occupy local computer memory. RBC has released a Galaxy server with the RNA

^a <http://rna.informatik.uni-freiburg.de/>
<http://www.bioinf.uni-leipzig.de/webServices.html>
<https://ohlerlab.mdc-berlin.de/software/>

workbench tools and others for testing. The system places high demands in regard to computing power, storage capacities for HTS data and individual requirements such as security and data protection, which means that not all analyses can be carried out centrally on one server. With this in mind, RBC has developed an alternative, which allows each user to access the RNA workbench independent from the public servers. This alternative is called Galaxy Docker. Galaxy Docker is a preconfigured Galaxy platform with a set of tools that can be individually compiled and used on any system. The remote architecture of the Galaxy Docker project means the analysis environment can also be operated within closed networks, making it ideal for the analysis of highly sensitive data. Indeed, the Galaxy Docker project that we developed has been successfully implemented in this way at the University of Oslo and others, where it is used in a context with sensitive data.

Collaboration with the de.NBI centres and other projects

The RBC works in close collaboration with the various de.NBI service centres on a number of different projects. For example, RBC works closely together with the Center for Integrative Bioinformatics (CiBi) to establish a common description language for command line tools that would permit automatic integration of these tools within Galaxy. The use of Docker, which is also being tested as a potential solution for the virtualisation of all de.NBI tools, is coordinated in collaboration with the Heidelberg Center for Human Bioinformatics (HD-HuB) and the de.NBI database division. There is also an ongoing cooperation with database division to investigate integration of the SILVA database and BacDive, which prepares rRNA data, within Galaxy.

Additionally, there are collaborations with the ELIXIR project, which is responsible for uniting Europe's leading life sciences organisations. The aim here is to develop common management strategies and strategies to protect the huge volumes of data pro-

duced by the publicly funded projects each day. RBC is involved in this process and promotes collaboration through participation in ELIXIR project events and by inviting ELIXIR partners to RBC events. Collaborations with the BioJS community and the Jupyter project allow them to be used directly through Galaxy and promote the exploratory character of the RNA workbench.

The long-term scientific aim of the RBC is to achieve a comprehensive examination of gene regulation with respect to RNA. This knowledge will help to improve understanding of the influence of RNA-based regulation on the subsequent regulatory processes of gene regulation, e.g. DNA methylation (epigenetics), transcription and translation. At the moment, the restricted availability of bioinformatics tools continues to impede findings relating to the role of the structure of non-coding RNAs. A great deal of research is still required with particular regard to the structure of mRNAs, which is influenced by the interplay between various interactions with RNA-binding proteins. In the services that it offers and in the development of the RNA workbench, RBC is making an important contribution towards the comprehensive, integrative analysis of RNA-based gene regulation.

Research project profile:

Name of the project:

RBC – The RNA Bioinformatics Center:
Prof. Dr. Rolf Backofen (RBC Coordinator)
Prof. Dr. Peter F. Stadler
Prof. Dr. Uwe Ohler
Prof. Dr. Nikolaus Rajewsky

Members of the RNA Bioinformatics Center:

Dr. Björn Grüning, Dr. Anika Erxleben, Dr. Torsten Houwaart, Dr. Altuna Akalin, Dr. Bora Uya, Dr. Dilmurat Yusuf, Dr. Sebastian Will, Prof. Dr. Nikolaus Rajewsky, Prof. Dr. Uwe Ohler, Prof. Dr. Peter F. Stadler, Prof. Dr. Rolf Backofen

RBC workshop program in 2016:

Freiburg, Germany:

RBC Hackathon – January 2016
Galaxy HTS - Data Analysis Workshop I – February 2016
Galaxy HTS - Data Analysis Workshop II – September 2016
Genome-Annotation Workshop – June 2016

Berlin, Germany:

Computational Genomics Workshop – February 2016
Galaxy Workshop – May 2016
Computational Genomics in Precision Medicine Workshop – September 2016

Leipzig, Germany:

Summer School with Jan Gorodkin (ELIXIR)



Figure 2: The RBC Team (from left to right: Dilmurat Yusuf, Sebastian Will, Björn Grüning, Anika Erxleben, Torsten Houwaart, Rolf Backofen, Peter F. Stadler, Uwe Ohler, Altuna Akalin, Bora Uya) (Photo: Lukas Jelonek).

References:

- ¹ S. Gerstberger, M. Hafner, and T. Tuschl. A census of human RNA-binding proteins. *Nature Reviews Genetics* 2014; 15: 829–845. doi:10.1038/nrg3813
- ² Goecks, J, Nekrutenko, A, Taylor, J and The Galaxy Team. Galaxy: a comprehensive approach for supporting accessible, reproducible, and transparent computational research in the life sciences. *Genome Biol.* 2010 Aug 25;11(8):R86. doi:10.1186/gb-2010-11-8-r86
- ³ Christian Otto, Peter F. Stadler and Steve Hoffmann: Lacking alignments? The next-generation sequencing mapper segemehl revisited. *Bioinformatics* 2014 March 13; 30 doi: 10.1093/bioinformatics/btu146
- ⁴ Corcoran DL, Georgiev S, Mukherjee N, Gottwein E, Skalsky RL, Keene JD, Ohler U.: PARalyzer: definition of RNA binding sites from PAR-CLIP short-read sequence data. *Genome Biol.* 2011, 12:R79 doi:10.1186/gb-2011-12-8-r79
- ⁵ Blin K, Dieterich C, Wurm R, Rajewsky N, Landthaler M, Akalin: DoRiNA 2.0-upgrading the doRiNA database of RNA interactions in post-transcriptional regulation. *Nucleic Acids Res.* 2015 Jan; 43(Database issue): D160-7. doi: 10.1093/nar/gku1180. Epub 2014 Nov 21
- ⁶ Daniel Maticzka, Sita J Lange, Fabrizio Costa and Rolf Backofen: GraphProt: modeling binding preferences of RNA-binding proteins. *Genome Biology* 2014, 15:R17 doi:10.1186/gb-2014-15-1-r17

Contact:



Prof. Dr. Rolf Backofen
RBC Coordinator
Department of Bioinformatics
Institute for Informatics
Albert-Ludwigs-University Freiburg
Georges-Köhler-Allee 106,
79110 Freiburg, Germany
backofen@informatik.uni-freiburg.de
www.bioinf.uni-freiburg.de



Dr. Björn Grüning
Head of the Freiburg Galaxy Team
Department of Bioinformatics
Institute for Informatics
Albert-Ludwigs-University Freiburg
Georges-Köhler-Allee 106,
79110 Freiburg, Germany
gruening@informatik.uni-freiburg.de
galaxy@informatik.uni-freiburg.de
<http://galaxy.uni-freiburg.de/>

rna-bioinformatik unter einem dach – das rna bioinformatik service zentrum

Herausforderungen und Lösungsansätze für eine einfach zugängliche Forschungsinfrastruktur

von Björn Grüning

Das RNA Bioinformatics Center (RBC) ist ein Leistungszentrum des Deutschen Netzwerks für Bioinformatik-Infrastruktur (de.NBI), das sich mit RNA-basierten Mechanismen der Genregulation beschäftigt. Die Aufgabe des RBC besteht darin, eine umfassende integrative Plattform zur RNA-Analyse zu entwickeln und dabei über die große Bedeutung der RNA bei der Genregulation aufzuklären. Der Service des RBC reicht von der Beratung zum experimentellen Studiendesign, über die Bereitstellung von Protokollen zur Datenauswertung und dazugehöriger Infrastruktur, bis hin zur Entwicklung von spezifischen Lösungsansätzen für individuelle wissenschaftliche Fragestellungen.

Die Bedeutung nicht-kodierender RNAs in der medizinischen Forschung

Nicht-kodierende RNAs (engl. *non-coding ribonucleic acids*, ncRNAs) und RNA-Protein-Interaktionen wurden in der Wissenschaft sehr lange ignoriert, weil der Fokus der Forschung bis vor einigen Jahren zumeist auf den Protein-kodierenden Regionen der DNA lag. Die genomweite Sequenzierung aber zeigte, dass der Großteil der DNA nicht für Proteine, sondern für ncRNAs kodiert. Zur Untersuchung von regulatorischen RNAs, z. B. mikro-RNAs (miRNA), und RNA-Protein-Interaktionen wurden neue Technologien entwickelt mit denen man zeigte, dass die Komplexität der Genregulation auf post-translationaler Ebene vergleichbar mit der transkriptionellen Genregulation ist. Das menschliche Genom enthält tausende miRNAs und mindestens 800 RNA-bindende Proteine. Mit diesem neuen Wissen konnte bereits nachgewiesen werden, dass viele Erkrankungen nicht nur durch Mutationen in bestimmten Genen ausgelöst werden, sondern ihre Ursache speziell in der post-transkriptionellen Genregulation liegen kann¹.

Ziele und Aufgaben des RBC

Das Leistungszentrum RNA Bioinformatics Center (RBC) vereint die international renommierten deutschen RNA-Bioinformatik-Arbeitsgruppen aus Freiburg (Rolf Backofen, Koordinator), Berlin (Nikolaus Rajewsky und Uwe Ohler, MDC) und Leipzig (Peter F. Stadler). Das RBC verfolgt drei Ziele:

- 1.) Die Etablierung einer einfach zugänglichen RNA-Workbench. Diese Analyse-Umgebung kann auf jedem PC verwendet oder alternativ in einer HPC-Umgebung (Universitätsrechenzentrum oder Cloudcomputing) zur Verfügung gestellt werden.
- 2.) Schaffung einer nachhaltigen Infrastruktur. Das RBC arbeitet mit einer Vielzahl von anderen Zentren zusammen, um zum einen die Interoperabilität zwischen den Zentren zu fördern, aber auch um die Wissenschaftsgemeinschaft auf ein breites Fundament zu stellen und die geschaffenen Lösungen nachhaltig zu gestalten.
- 3.) Die RNA-Workbench dient neben dem Produktiveinsatz als Experimentierplattform für Schulungen und Ausbildung. Um auch dem wissenschaftlichen Nachwuchs und Wissenschaftlern ohne Bioinformatikkenntnisse einen Zugang zu den RNA-basierten Analysetools zu ermöglichen und das Wissen über die Bedeutsamkeit der RNA-abhängigen Regulation weiterzugeben, soll es umfassende Trainings und Workshops zum Thema geben.

Das RBC benutzt zur Realisierung der genannten Ziele das weltweit verbreitete Workflow-Managementsystem Galaxy². Diese Plattform ermöglicht es, Lebenswissenschaftlern auf transparente und reproduzierbare Weise selbstständig Sequenzdaten umfassend auszuwerten und mit anderen Wissenschaftlern auszutauschen. Bisher wurden in der RNA-Workbench mehr als 50 verschiedene Bioinformatik-Anwendungen integriert, die speziell zur Auswertung RNA-basierter Daten programmiert wurden. Um die verschiedenen Regulationsebenen (Transkription, Splicing, Translation und Degradierung) von RNA-Transkripten und deren gegenseitige Einflüsse umfassend zu analysieren und zu verstehen, bietet das RBC in seiner Workbench neben Tools zur Analyse von Transkriptom-Daten (z. B. RNA-seq) beispielsweise auch eine Vielzahl an Tools zur RNA-Struktur-Analyse

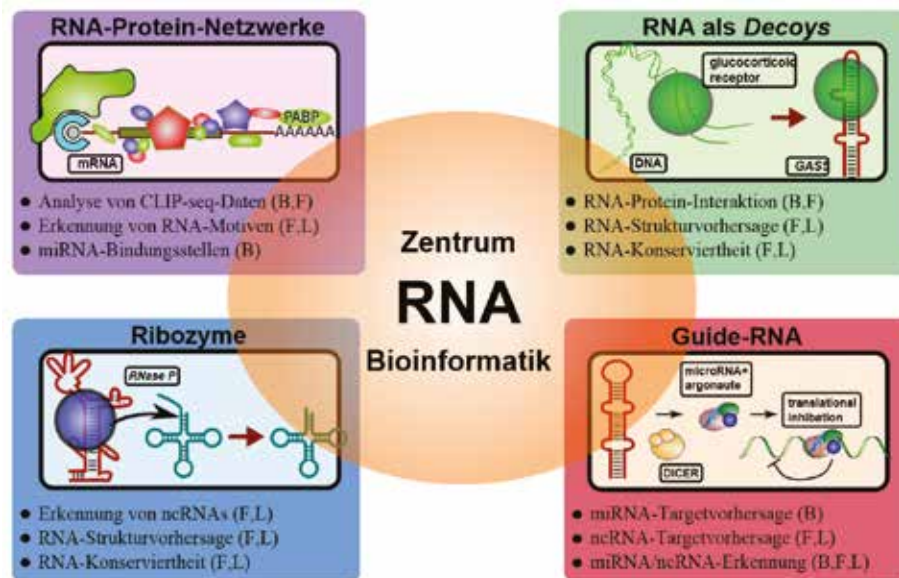


Abbildung 1: Das RNA Bioinformatics Center (RBC), bestehend aus AG Prof. Dr. Rolf Backofen in Freiburg (F), AG Prof. Dr. Peter F. Stadler in Leipzig (L) und AG Prof. Dr. Uwe Ohler und Prof. Dr. Nikolaus Rajewsky (B), ist die zentrale Anlaufstelle für alle RNA-bioinformatischen Fragen (Grafik: Prof. Dr. Rolf Backofen).

(LocARNA, GraphClust, ExpaRNA), zur Vorhersage von ncRNA-Zielstrukturen (ViennaRNA Suite) und zur Definition und Klassifizierung von RNA-Transkripten an.

Außerdem wurden bereits die vom RBC entwickelten und weltweit verbreiteten Tools zur Charakterisierung von ncRNAs in Galaxy integriert. Darunter sind Anwendungen zur Detektion von miRNAs (MirDeep, PipMir, BlockClust, RNAz), von neuen Transkripten (lncRNAs), zum Mapping von HTS-Daten (Sege-mehl Suite³) und zur Vorhersage von RNA-RNA und Protein-RNA-Interaktionen (IntaRNA, RNAup, CopraRNA, PARalyzer⁴, Dorina⁵, GraphProt⁶). Viele dieser Werkzeuge stehen bereits als individuelle Web-Services zur Verfügung^a.

Galaxy – eine webbasierte Open-Source-Plattform für datenintensive biomedizinische Forschung

Es gibt zahlreiche kommerzielle und frei erhältliche RNA-Analyse-Tools. Was bisher allerdings fehlt, ist ein einfacher Zugang zu einem vereinheitlichten, integrativen System, das eine standardisierte Untersuchung von RNA-basierter Genregulation bietet. Hinzu kommt, dass die meisten Software-Tools von Lebenswissenschaftlern ohne informatische Kenntnisse kaum benutzbar sind, da die Installation zuweilen nicht trivial ist und die Zugänglichkeit oft Programmierkenntnisse voraussetzt. Hierfür bietet Galaxy eine einzigartige Lösung an, weil frei verfügbare und selbst entwickelte Tools sowie Visualisierungen und Datenbanken in Galaxy integriert werden können, so dass diese

Komponenten transparent für jeden Lebenswissenschaftler einfach zugänglich und nutzbar werden. In Galaxy verfügbar sind derzeit mehr als 2000 verschiedene Tools, von einfacher Textmanipulation bis hin zur HTS-Analyse (z.B. Mapping, differentielle Genexpressionsanalyse). Mit Hilfe dieser Plattform ist es für jeden Anwender möglich, alle Tools miteinander in Workflows frei zu kombinieren und damit transparent und reproduzierbar einzusetzen. Der Galaxy-Server in Freiburg ist eine der größten Galaxy-Instanzen weltweit und das RBC leistet in großem Umfang Beiträge zur Weiterentwicklung der Galaxy-Plattform. Viele renommierte Universitäten nehmen den RBC-Server bereits als Vorlage zur Etablierung lokaler Galaxy-Instanzen und benutzen die Docker-basierte Virtualisierungslösung des RBC. Ein zentraler Aspekt des RBC-Leistungszentrums ist neben dem Angebot der Datenanalyse auch das Training der Anwender in Hinblick auf die Benutzung der bereitgestellten Tools und Infrastruktur. Alle Partner des RBC bieten mehrmals jährlich verschiedene de.NBI-Workshops und Hands-on Tutorien für die Benutzung von Galaxy und die Auswertung von RNA-Daten an. Die Workshops behandeln unterschiedliche Themen, z.B. Genomannotation oder *High-throughput Sequencing* (HTS)-Datenanalyse, und haben eine Dauer von 1-5 Tagen. Zur Vermittlung RNA-bioinformatischer Kenntnisse beteiligt sich das RBC auch an den vom de.NBI-Netzwerk organisierten *Summer Schools*. Darüber hinaus organisiert das RBC halbjährliche *Hackathons*, bei denen sich Entwickler aus dem In- und Ausland treffen, um neue Tools in die RNA-Workbench zu integrieren und zu testen. Das RBC

^a <http://rna.informatik.uni-freiburg.de/>
<http://www.bioinf.uni-leipzig.de/webServices.html>
<https://ohlerlab.mdc-berlin.de/software/>

entwickelt zusätzliche ständig aktualisierte Analyse-Workflows für eine standardisierte HTS-Datenauswertung und stellt diese der Wissenschaftsgemeinschaft frei zur Verfügung.

Zugang zur RNA-Workbench

Die RNA-Workbench, die auf Basis von Galaxy entwickelt wurde, kann ohne vorherige Installation auf dem eigenen Rechner ganz einfach über einen Webbrowser benutzt werden. Das bietet für den Anwender den Vorteil, dass er keine großen Datensätze herunterladen muss und die Analyse keinen Speicherplatz auf dem eigenen Computer benötigt. Das RBC stellt einen Galaxy-Server mit u. a. den Tools der RNA-Workbench zum Testen zur Verfügung. Aufgrund der hohen Anforderungen der Tools, was Rechenleistung betrifft, des großen Bedarfs an Speicherkapazitäten für HTS-Daten und individuelle Anforderungen wie Sicherheit und Datenschutz können nicht alle Analysen zentral auf einem Server durchgeführt werden. Hierfür hat das RBC eine Alternative entwickelt, die es jedem Benutzer ermöglicht, die RNA-Workbench unabhängig von einem der öffentlich zugänglichen Server zu benutzen. Diese Alternative nennt sich Galaxy Docker. Galaxy Docker ist eine vorkonfigurierte Galaxy-Plattform mit einer Tool-Sammlung, die individuell zusammengestellt werden kann und auf jedem System benutzbar ist. Aufgrund der abgekapselten Architektur des Galaxy Docker-Projekts ist es möglich, diese Analyse-Umgebung auch in geschlossenen Netzwerken zu betreiben und ist damit optimal für die Auswertung hochsensibler Daten geeignet. So wird das von uns entwickelte Galaxy Docker-Projekt zum Beispiel erfolgreich an der Universität in Oslo eingesetzt, um Dienstleistungen für sensitive Daten anzubieten.

Zusammenarbeit mit den de.NBI-Zentren und anderen Projekten

Das RBC arbeitet in unterschiedlichen Projekten eng mit den verschiedenen Leistungszentren des de.NBI zusammen. Um beispielsweise eine gemeinsame Beschreibungssprache für Kommandozeilen-Tools zu etablieren, welche es ermöglicht diese

Tools automatisch in Galaxy einzubinden, arbeitet das RBC eng mit dem Zentrum für integrative Bioinformatik (CiBi) zusammen. Die Nutzung von Docker, welches auch als eine mögliche Lösung zur Virtualisierung aller de.NBI-Tools getestet wird, wird in Kollaboration mit dem Heidelberger Zentrum für Human-Bioinformatik (HD-HuB) und der de.NBI-Datenbank-Abteilung koordiniert. Mit dieser wird außerdem an der Integration der Datenbank SILVA und BacDive, welche rRNA Daten bereitstellt, in Galaxy gearbeitet.

Darüber hinaus bestehen Kooperationen mit dem ELIXIR-Projekt, dessen Aufgabe es ist, Europas führende Organisationen der Lebenswissenschaften zu vereinen, um gemeinsame Strategien zum Management und zur Sicherung der enormen Datenmengen zu entwickeln, die täglich durch öffentlich geförderte Projekte erhoben werden. Das RBC ist in diesen Prozess involviert und treibt die Kooperation durch Teilnahmen an Veranstaltungen des ELIXIR-Projekts und durch Einladungen von ELIXIR-Partnern zu RBC-Veranstaltungen voran. Kooperationen mit der BioJS-Community und dem Jupyter-Projekt ermöglichen deren Nutzung direkt aus Galaxy heraus und fördern den explorativen Charakter der RNA-Workbench.

Das langfristige wissenschaftliche Ziel des RBC ist es eine umfassende Betrachtung der Genregulation aus Sicht der RNA zu erlangen. Das Wissen wird dazu beitragen den Einfluss der RNA-basierten Regulation auf die nachfolgenden Regulationsprozesse der Genregulation, z. B. DNA-Methylierung (Epigenetik), Transkription und Translation, besser zu verstehen. Die Erkenntnisse zur Rolle der Struktur von nicht-kodierenden RNAs sind derzeit auch durch die eingeschränkte Verfügbarkeit bioinformatischer Tools noch stark begrenzt. Vor allem bei der Struktur von mRNAs, die von einem Zusammenspiel verschiedener Interaktionen mit RNA-Bindeproteinen beeinflusst wird, gibt es noch viel Forschungsbedarf. Das RBC leistet mit seinem Service-Angebot und der Entwicklung der RNA-Workbench einen wichtigen Beitrag zur umfassenden, integrativen Analyse der RNA-basierten Genregulation.

Das RBC bietet 2016 folgende Workshops an:

Freiburg:

RBC Hackathon Januar 2016

Galaxy HTS-DatenanalyseWorkshop I – Februar 2016

Galaxy HTS-Datenanalyse Workshop II – September 2016

Genom-Annotation Workshop – Juni 2016

Berlin:

Computational Genomics Workshop – Februar 2016

Galaxy Workshop – Mai 2016

Computational Genomics in Precision Medicine Workshop
September 2016

Leipzig:

Summer School mit Jan Gorodkin (ELIXIR)



Abbildung 2: Das RBC Team (von links nach rechts): Dilmurat Yusuf, Sebastian Will, Björn Grüning, Anika Erxleben, Torsten Houwaart, Rolf Backofen, Peter F. Stadler, Uwe Ohler, Altuna Akalin, Bora Uya (Foto: Prof. Dr. Rolf Backofen)

Steckbrief Forschungsprojekt:

Projektname:

Das RBC Bioinformatics Center:

Prof. Dr. Rolf Backofen (RBC Koordinator)

Prof. Dr. Peter F. Stadler

Prof. Dr. Uwe Ohler

Prof. Dr. Nikolaus Rajewsky

Mitglieder des RNA-Bioinformatik-Zentrums:

Dr. Björn Grüning, Dr. Anika Erxleben, Dr. Torsten Houwaart, Dr. Altuna Akalin, Bora Uya, Dr. Dilmurat Yusuf, Dr. Sebastian Will, Prof. Dr. Nikolaus Rajewsky, Prof. Dr. Uwe Ohler, Prof. Dr. Peter F. Stadler, Prof. Dr. Rolf Backofen

Referenzen:

- ¹ S. Gerstberger, M. Hafner, and T. Tuschl. A census of human RNA-binding proteins. *Nature Reviews Genetics* 2014; 15: 829–845. doi:10.1038/nrg3813
- ² Goecks, J, Nekrutenko, A, Taylor, J and The Galaxy Team. Galaxy: a comprehensive approach for supporting accessible, reproducible, and transparent computational research in the life sciences. *Genome Biol.* 2010 Aug 25;11(8):R86. doi:10.1186/gb-2010-11-8-r86
- ³ Christian Otto, Peter F. Stadler and Steve Hoffmann: Lacking alignments? The next-generation sequencing mapper segemehl revisited. *Bioinformatics* 2014 March 13; 30 doi: 10.1093/bioinformatics/btu146
- ⁴ Corcoran DL, Georgiev S, Mukherjee N, Gottwein E, Skalsky RL, Keene JD, Ohler U.: PARalyzer: definition of RNA binding sites from PAR-CLIP short-read sequence data. *Genome Biol.* 2011, 12:R79 doi:10.1186/gb-2011-12-8-r79

- ⁵ Blin K, Dieterich C, Wurm R, Rajewsky N, Landthaler M, Akalin: DoRiNA 2.0-upgrading the doRiNA database of RNA interactions in post-transcriptional regulation. *Nucleic Acids Res.* 2015 Jan; 43(Database issue): D160–7. doi: 10.1093/nar/gku1180. Epub 2014 Nov 21

- ⁶ Daniel Maticzka, Sita J Lange, Fabrizio Costa and Rolf Backofen: GraphProt: modeling binding preferences of RNA-binding proteins. *Genome Biology* 2014, 15:R17 doi:10.1186/gb-2014-15-1-r17

Kontakt:



Prof. Dr. Rolf Backofen

RBC Koordinator

Lehrstuhl für Bioinformatik

Institut für Informatik

Albert-Ludwigs-Universität Freiburg

Georges-Köhler-Allee 106, 79110 Freiburg

backofen@informatik.uni-freiburg.de

www.bioinf.uni-freiburg.de



Dr. Björn Grüning

Leiter des Freiburg Galaxy Teams

Lehrstuhl für Bioinformatik

Institut für Informatik

Albert-Ludwigs-Universität Freiburg

Georges-Köhler-Allee 106, 79110 Freiburg

gruening@informatik.uni-freiburg.de

galaxy@informatik.uni-freiburg.de

<http://galaxy.uni-freiburg.de/>