

# Formation intégration d'outils sous Galaxy : Toolshed

---

24/02/2015

Cyril Monjeaud, Yvan Le Bras & Anthony Bretaudeau

Plateforme Bio-informatique GenOuest

CNRS UMR 6074 IRISA-INRIA, Campus de Beaulieu, 35042 Rennes Cedex

[http://github.com/cmonjeau/formation\\_galaxy](http://github.com/cmonjeau/formation_galaxy)

# PLAN

- Présentation du toolshed

- 
- TP7. Déploiement d'un toolshed
  - TP8. Intégration d'un outil dans un toolshed
  - TP9. Intégration d'un outil avec une dépendance

## Présentation du toolshed

---


## Le toolshed Galaxy

- Appstore d'outils pour Galaxy
  - centralisation des outils
  - intégration rapide dans son instance
- Contient des répertoires contenant :
  - des outils / wrappers
  - des datatypes
  - des workflows
  - des data managers
- Plusieurs types de repositories
  - Unrestricted
  - Tool dependencies
  - Repositories dependencies

## Le toolshed Galaxy

- Deux toolsheds principaux
  - toolshed main -> <https://toolshed.g2.bx.psu.edu>
  - toolshed test -> <https://testtoolshed.g2.bx.psu.edu/>
- Possibilité pour chacun de déployer son toolshed
  - Administration
  - Développement
  - Sécurité

# Exemple de catégorie “Systems Biology”

 Galaxy Tool Shed

2570 valid tools on Aug 06, 2014

**Search**

- [Search for valid tools](#)
- [Search for workflows](#)

**Valid Galaxy Utilities**

- [Tools](#)
- [Custom datatypes](#)
- [Repository dependency definitions](#)
- [Tool dependency definitions](#)

**All Repositories**

- [Browse by category](#)

**Available Actions**

- [Login to create a repository](#)


Repositories Help User

**Repositories in Category Systems Biology**

Q

Name	Synopsis	Type	Metadata Revisions	Tools or Package Verified	Owner
<a href="#">cloudmap_in_silico_complementation</a>	Perform in silico complementation analysis on multiple tabular snpEff output files	Unrestricted	1 (2012-11-01)	no	<a href="#">gregory-minevich</a>
<a href="#">cluster3</a>	A Wrapper for the Cluster3.0 program	Unrestricted	1 (2012-11-07) ▼	no	<a href="#">kellrott</a>
<a href="#">ctcf_analysis</a>	A tool for identification of CTCF sites	Unrestricted	6 (2013-04-25)	no	<a href="#">mkhan1980</a>
<a href="#">dgidb_annotator</a>	Annotates a tabular file with information from the Drug-Gene Interaction Database ( <a href="http://dgidb.genome.wustl.edu/">http://dgidb.genome.wustl.edu/</a> )	Unrestricted	3 (2014-03-07) ▼	no	<a href="#">devteam</a>
<a href="#">matrix_normalization</a>	normalization tool for matrix formatted data	Unrestricted	3 (2012-12-17) ▼	no	<a href="#">vnewton</a>
<a href="#">primo_multiomics</a>	Multi-omics module of Plant Research International's Mass Spectrometry (PRIMS) toolsuite	Unrestricted	6 (2014-08-01) ▼	no	<a href="#">pieterlukasse</a>

# Exemple d'outil “matrix\_normalization”

 Galaxy Tool Shed

Repositories Help User

2570 valid tools on Aug 06, 2014

Repository Actions

**Search**

- Search for valid tools
- Search for workflows

**Valid Galaxy Utilities**

- Tools
- Custom datatypes
- Repository dependency definitions
- Tool dependency definitions

**All Repositories**

- Browse by category

**Available Actions**

- Login to create a repository

Repository revision

3 (2012-12-17) repository tip

Select a revision to inspect and download versions of Galaxy utilities from this repository.

Repository 'matrix\_normalization'

**Sharable link to this repository:**  
[https://toolshed.g2.bx.psu.edu/view/newton/matrix\\_normalization](https://toolshed.g2.bx.psu.edu/view/newton/matrix_normalization)

**Clone this repository:**  
hg clone [https://toolshed.g2.bx.psu.edu/repos/newton/matrix\\_normalization](https://toolshed.g2.bx.psu.edu/repos/newton/matrix_normalization)

**Name:**  
[matrix\\_normalization](#)

**Type:**  
unrestricted

**Synopsis:**  
normalization tool for matrix formatted data

**Detailed description:**  
normalization tool for matrix formatted data

**Revision:**  
[3:6e77048d4d88](#)

**Owner:**  
ynewton

**This revision can be installed:**  
True

**Times cloned / installed:**  
102

Contents of this repository

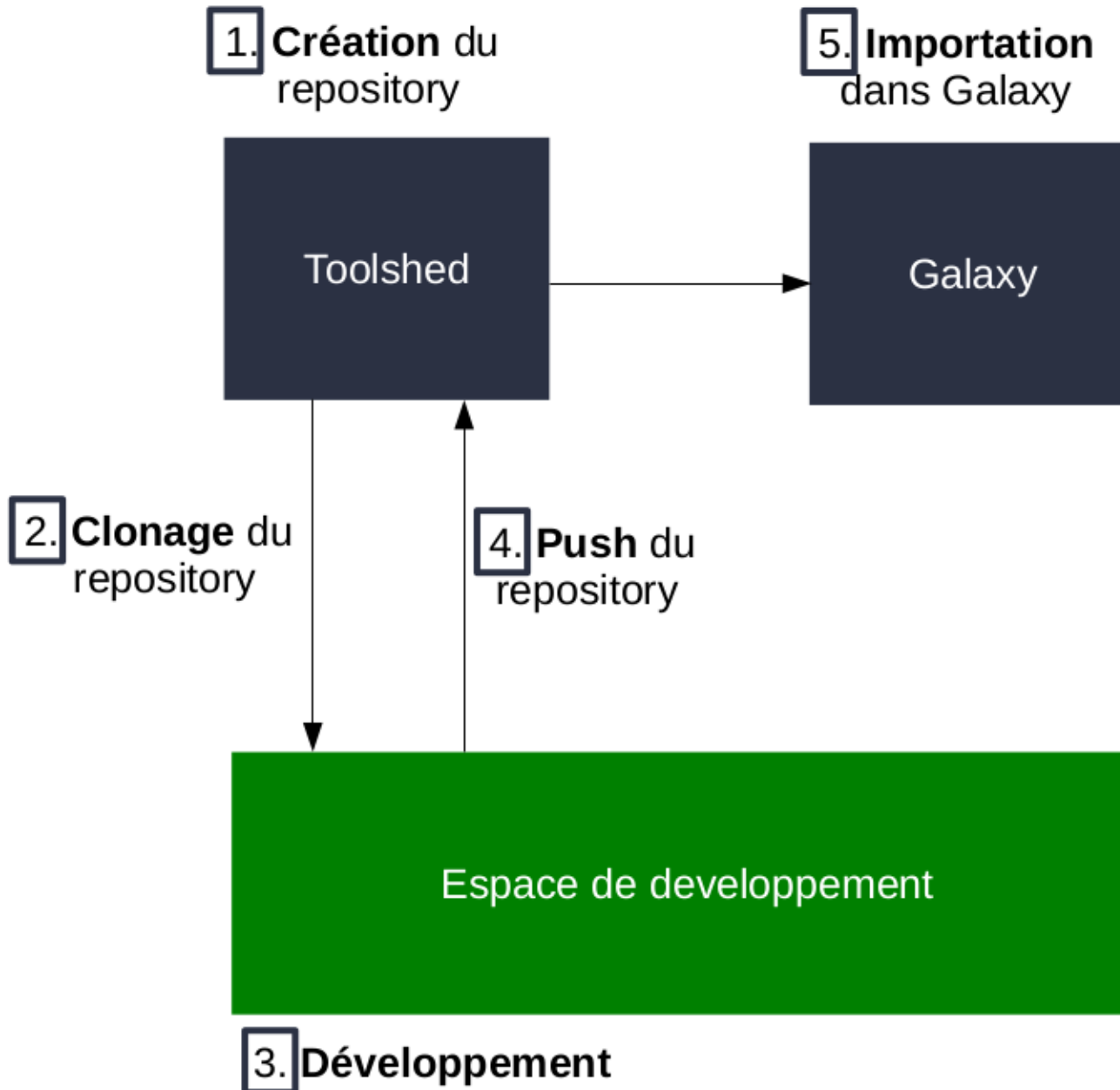
Valid tools - click the name to preview the tool and use the pop-up menu to inspect all metadata

Name	Description	Version
Matrix Normalize	Matrix Normalize	3.0.0

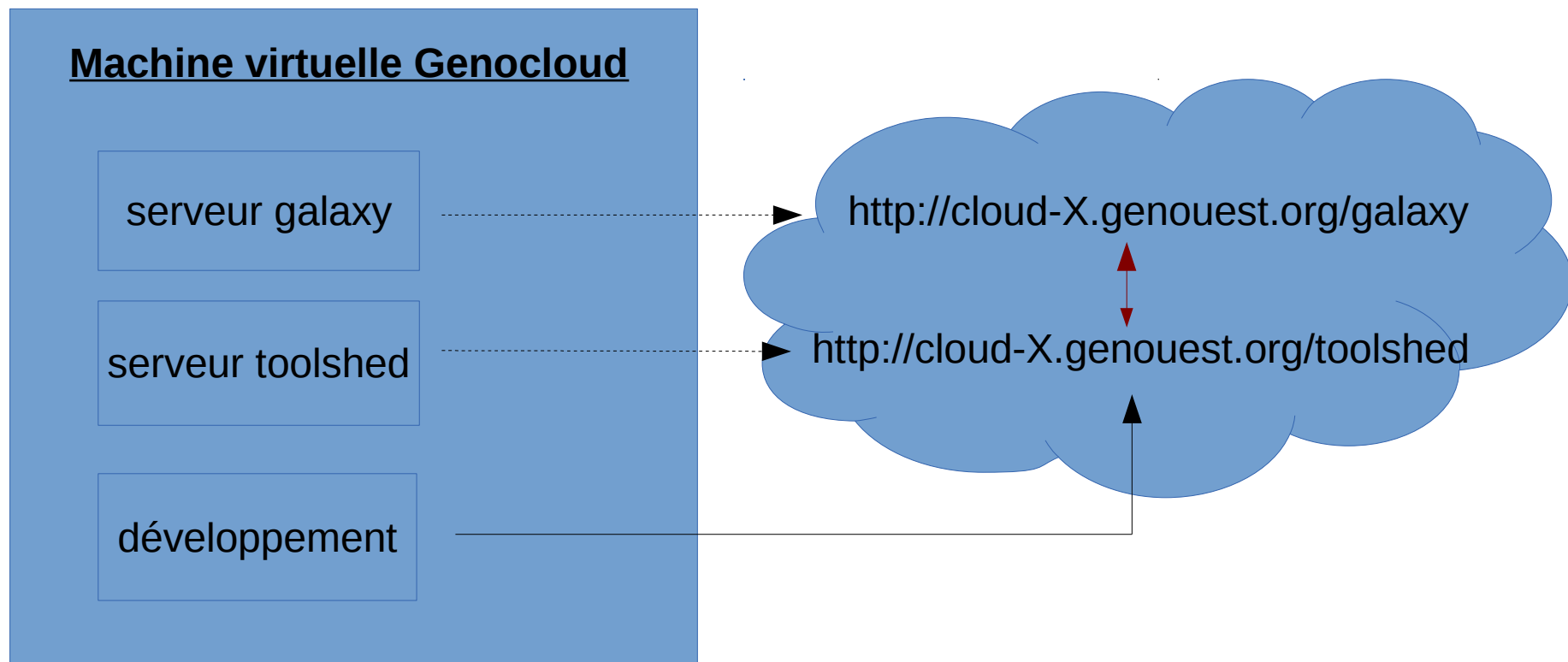
## TP7. Déploiement d'un toolshed

---





# Environnement



## Installation de l'environnement

cf. document annexe

## TP8. Intégration d'un outil dans un toolshed

---

## Lors d'une intégration

- A chaque « hg push » sur le dépôt = une révision
  - A chaque installation d'une révision = un clone compté en plus
- Évitez lors du développement de multiplier les « hg push » :
    - Passez par le fichier tool\_conf.xml
    - Premier « hg push » seulement lorsque l'outil est fonctionnel
- Pour installer votre outil du toolshed:
    - Admin > Search and browse tool shed repositories
    - Sélectionnez votre tool shed
    - Naviguez et installez

## Lors d'une modification

- Pour la mise à jour de votre outil issus du toolshed
  - Admin > Managed installed tool shed repositories
  - Sur la flèche : Update tool shed status
  - Sur la flèche : Install latest revision / Get updates
- Pour « recharger » votre outil présent dans tool\_conf.xml
  - Admin > Reload a tool's configuration
  - Sélectionnez votre outil
  - Reload

## Intégration de l'outil “resize” de ce matin

- Quatre commandes sur le terminal:
  - hg clone
  - cp
  - hg add
  - hg commit
  - hg push
- Suppression dans le tool\_conf.xml
- Installation via le toolshed

## TP9. Intégration d'un outil avec sa dépendance

---


<https://wiki.galaxyproject.org/ToolDependenciesTagSets>



# Les dependencies : étape 1/3

- Intégration d'un package spécial dans le toolshed
  - type = tool\_dependencies
- Le repository nommé « comet\_dependencies » contient uniquement **un fichier tool\_dependencies.xml** définissant un package
- Dans ce fichier s'applique une succession d' «actions» :

```
<?xml version="1.0"?>
<tool_dependency>
  <package name="galaxy_commet" version="24.7.14">
    <install version="1.0">
      <actions>
        <action type="download_by_url">http://github.com/pierrepeterlongo/commet/archive/master.zip</action>
        <action type="shell_command">make</action>
        <!-- move directories into $INSTALL_DIR -->
        <action type="move_directory_files">
          <source_directory>bin</source_directory>
          <destination_directory>$INSTALL_DIR/bin</destination_directory>
        </action>
        <!-- move files into $INSTALL_DIR -->
        <action type="move_file">
          <source>dendro.R</source>
          <destination>$INSTALL_DIR/Rscript</destination>
        </action>
        <!-- create env.sh -->
        <action type="set_environment">
          <environment_variable name="PATH" action="prepend_to">$INSTALL_DIR/bin</environment_variable>
          <environment_variable name="RSCRIPTS" action="set_to">$INSTALL_DIR/Rscript</environment_variable>
        </action>
      </actions>
    </install>
  </package>
</tool_dependency>
```



Création d'un fichier env.sh embarqué par l'outil lors de l'exécution

## Les dependencies : étape 2/3

- Au sein du repository contenant l'outil Galaxy développé doit s'ajouter un fichier **tool\_dependencies.xml**

```
<?xml version="1.0"?>
<tool_dependency>
  <package name="galaxy_commet" version="24.7.14">
    <repository toolshed="http://toolshed.genouest.org" name="commet_dependencies"
owner="cmonjeau" prior_installation_required="True" changeset_revision="96f67cab9b21"/>
  </package>
</tool_dependency>
```

- Installation du package lors de l'installation de l'outil

## Les dependencies : étape 3/3

- Au sein du descripteur de l'outil :

```
<requirements>  
  <requirement type="package" version="24.7.14">galaxy_commet</requirement>  
</requirements>
```

- Nécessaire pour l'embarquement automatique de l'environnement

## Intégration de la dépendance de l'outil “resize”

- Désinstaller imagemagick
  - `apt-get remove imagemagick`
- Essayer l'outil : échec assuré
- Création de la dépendance imagemagick
  - Création du **package imagemagick** (tool\_dependencies)
  - Modification de l'outil pour :
    - installer le package lors de son installation
    - Prendre un environnement précis lors de l'exécution

## Le package imagemagick

- Création d'un nouveau repository
  - De type tool\_dependencies
  - Contiendra les règles pour l'installation
- Téléchargement des sources :
  - <http://www.imagemagick.org/download/ImageMagick.tar.gz>
- Exécution de configure :
  - ./configure
- Compilation :
  - make install
- Ajout des bibliothèques dans le système
  - ldconfig /usr/local/lib
- Ajout de /usr/local/bin dans le \$PATH -> creation d'un env.sh

Actions