

Formation guide Galaxy : Micro-Array

Edouard Hirchaud, Audrey Bihouée, Raluca Teusan

25 Septembre, 2014

<https://github.com/eHirchaud/presentationGalaxyMA>

Créer un compte galaxy

Aller sur <http://cardioserve.nantes.inserm.fr/galaxy>

Dans la barre de navigation aller sur **User** puis **Register**

Créer un compte. L' **user** doit être un email.

Attention au public name Galaxy n'accepte que les minuscules et le symbole _

Description de l'interface

Panneau à droite : Les outils

Comporte tous les outils (tools) classés par catégorie.

Les outils disponible dépendante de l'instance de Galaxy.

On trouve un mini moteur de recherche en haut de ce panneau.

Panneau à gauche : Historique

Contient tous les dataset , les input les outputs.

Couleurs des dataset.

- Vert : Ok tout va bien
- Jaune : Patience ça tourne
- Gris : En attente, dépend d'un autre **job** (généralement pas long)
- Bleu : En upload
- Rouge : Problème probablement un mauvais fichier d'entrée ou un bug dans l'outil

Il est possible de renommer son historique en cliquant sur Unnamed history. On peut également créer un nouvel historique

Barre de navigation

- Analyze Data : pour revenir à la page principale (Analyse)
- Worklow : créer modifier des workflows.
- Shared Data :

1. Données partagées,
2. Publication d'historique, workflows, Pages, visualisations

- Visualisation : créer des visualisations
- Aide
- User : paramètre du compte, déconnection

Importation des data

- Via l'outil d'upload de galaxy
- Via les library

1. Shared Data -
2. Data Libraries
3. formation_agilent_files
4. Cliquer sur la boîte à côté de Name
5. puis en bas For selected datasets : import to current history cliquer sur Go

Glossaire /jargon

- Instance de Galaxy : Application web propre à un labo, Chaque instance est personnalisée, dans le choix des outils, les quotas de stockages ect.. Il n'y a pas d'interpolarité entre les instances.
- Tool : Un formulaire permettant de rentrer les paramètres pour un script et qui décrit la façon de l'exécuter. Cela est opaque pour l'utilisateur standard.
- Job : Lorsque l'on exécute un outil la machine va lancer un job
- Dataset : C'est la donnée d'entrée ou de sortie, Il ne s'agit pas seulement d'un fichier car elle contient des métadonnées (type de données, base de données liée, comment elle a été générée ect...)
- Script : Le programme en question décrit par un outil.
- Workflow : Enchaînement d'outils dont les inputs (entrées) d'outils sont les output (sorti) d'autres
- Toolshed : Application web différente de Galaxy qui contient des outils rangés en catégorie. (Une sorte d'AppStore)
- Library : Ensemble de datasets (spécifique à une instance)

Liens

- <http://www.pf-bird.univ-nantes.fr/> BiRD (Nantes)
- <http://abims.sb-roscoff.fr/> ABiMS (Roscoff)
- <http://www.genouest.org/> GenOuest (Rennes)
- <http://www.biogenouest.org/> BioGenOuest (Grand Ouest)

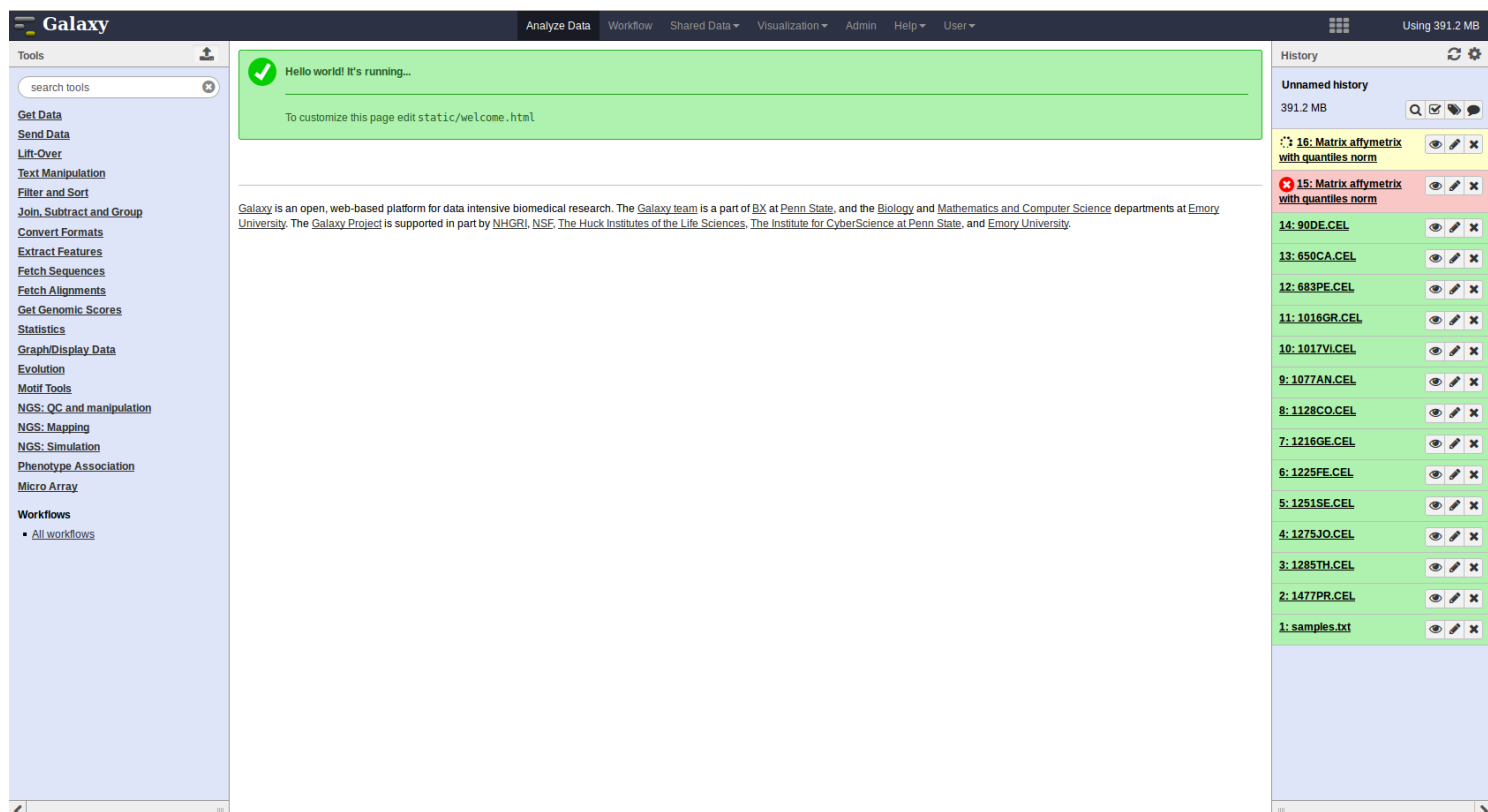


Figure 1: Figure 1-1. Fenetre principale de galaxy.

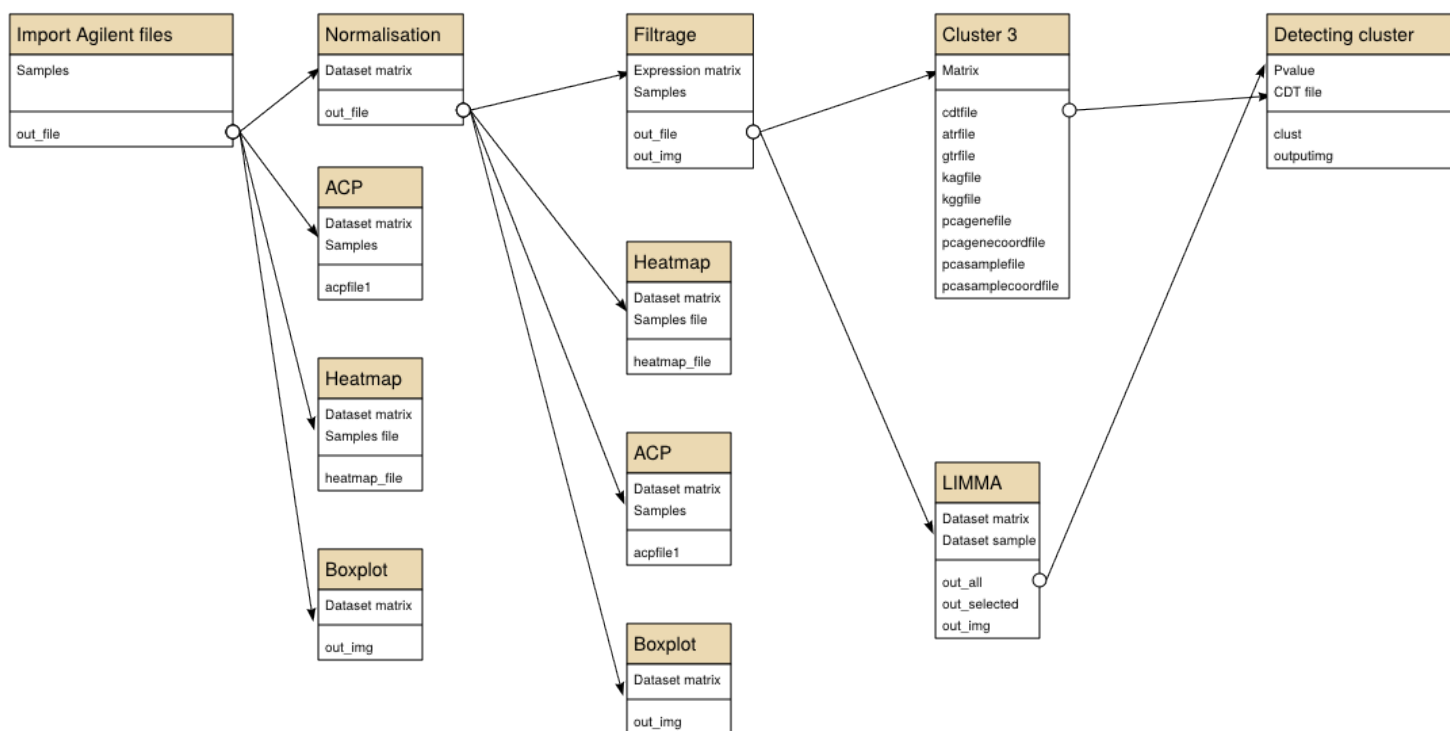


Figure 2: Workflow