

Guide de déploiement de Kleborate sur Galaxy

Ceci est une notice ayant pour but de montrer aux étudiants ainsi qu'aux chercheurs comment installer un outil sur Galaxy (ici, l'outil en question est [Kleborate](#))

[Comment installer l'outil Kleborate sur Galaxy](#)

[Comment mettre l'outil sur le ToolShed Galaxy](#)

Introduction

Galaxy est une plateforme gestionnaire de workflows scientifiques, d'intégration de données, d'analyse et une plateforme de publication ayant pour but de rendre la statistique biologique accessible aux chercheurs qui n'ont aucune expérience en programmation informatique ou en administration de systèmes. Bien qu'à la base il ait été développé pour des recherches génomiques, il est maintenant utilisé comme un workflow bio-informatique de management de système.

Comment installer l'outil Kleborate sur Galaxy

Un vaste choix d'outils pour Galaxy est disponible sur le [Tool Shed Galaxy](#). L'outil Kleborate n'est pas disponible dans le [Tool Shed Galaxy](#) pour le moment. Les utilisateurs ayant accès au mode administrateur peuvent librement installer tous les outils qu'ils souhaitent depuis le Tool Shed vers leur instance Galaxy depuis l'interface administrateur.

Cependant, si un outil n'est pas dans le Tool Shed, il peut être encapsulé et ajouté à Galaxy et même être partagé avec le monde entier par la suite.

1. Installer Kleborate sur la machine hébergeant Galaxy

Veuillez suivre les informations présentes sur ce [site](#).

2. Mettre l'outil dans le répertoire tools de Galaxy

Pour ce faire veuillez entrer les commandes suivantes dans l'invite de commande:

```
cd tools
mkdir Kleborate
cd Kleborate
```

3. Ecrire le fichier XML de définition de l'outil

En temps normal il aurait fallu dans un premier temps écrire le script de notre outil mais cela a déjà été fait.

Cependant, Galaxy ne sait pas comment exécuter Kleborate. Pour informer Galaxy sur les détails d'exécution de l'outil, nous devons générer un fichier de définition de l'outil.

Veuillez donc retrouver ci-dessous un exemple de fichier de définition pour l'outil Kleborate nommé ***kleborate.xml*** :

```
<tool id="kleboratetool" name="Kleborate" version="0.1.0">
  <description>pour fichier fasta</description>
  <command>kleborate -a `echo $input | tr ',' ' ' ` $r $kaptive_k $kaptive_o -o $output
</command>

  <inputs>
    <param format="fasta" name="input" type="data" label="Source file"
multiple="true" display="checkboxes"/>

    <param name="r" type="select" label="Turn on resistance genes screening
(default: no
      resistance gene screening):">
      <option value="">no</option>
      <option value="-r">yes</option>
    </param>

    <param name="kaptive_k" type="select" label="Turn on Kaptive screening of K loci
(default: do not
      run Kaptive for K loci):">
      <option value="">no</option>
      <option value="--kaptive_k">yes</option>
    </param>

    <param name="kaptive_o" type="select" label="Turn on Kaptive screening of O loci
(default: do not
      run Kaptive for O loci):">
      <option value="">no</option>
      <option value="--kaptive_o">yes</option>
    </param>

  </inputs>

  <outputs>
```

Ce fichier de définition a pour but de spécifier les paramètres de ligne de commande, les lier à “input” et “output” et fournir des informations afin d’aider les utilisateurs. Le répertoire **tools/kleborate** contient maintenant le fichier **kleborate.xml**. Plus d’informations sont disponibles dans la [documentation](#).

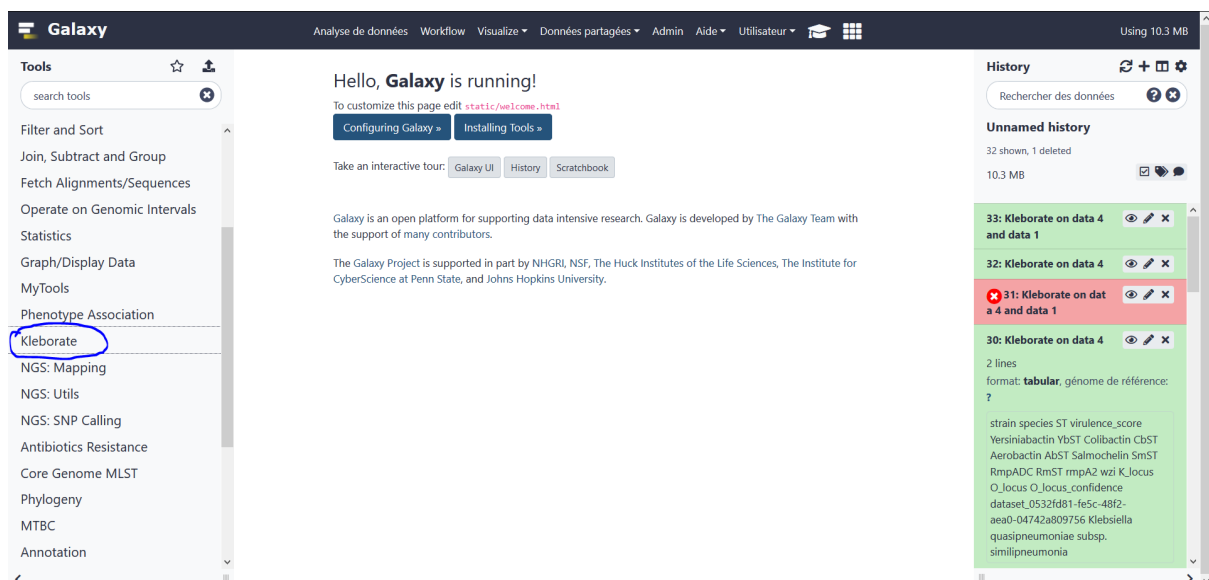
4. Afficher l’outil sur Galaxy

Maintenant que l’outil et son fichier de définition sont prêts, l’étape finale est que Galaxy soit conscient que ces fichiers existent. Galaxy reconnaît les outils installés en lisant le fichier de configuration d’outil nommé **tool_conf.xml**. Rajouter quelques lignes à ce fichier situé dans le répertoire **config/** permet à Galaxy de reconnaître les nouveaux outils. Ils peuvent soit être ajoutés à des sections existantes ou alors ils peuvent être ajoutés à de nouvelles sections (voir exemple ci-dessous).

```
<section name="Kleborate" id="myKleborate">
  <tool file="Kleborate/kleborate.xml" />
</section>
```

5. Démarrer Galaxy

Pour tester l’outil nouvellement intégré, il faut démarrer Galaxy en tapant `sh run.sh` à l’intérieur du répertoire racine de Galaxy et en se dirigeant sur <http://localhost:8080> avec votre navigateur web. Si l’outil a été intégré avec succès, l’interface Galaxy devrait afficher ceci :



Comment mettre l'outil sur le ToolShed Galaxy

1. Installer planemo

Planemo est un programme en ligne de commande pour aider à développer des outils [Galaxy](#), y compris des workflows et du matériel de formation.

Suivre les informations présentes sur ce site pour installer et utiliser [Planemo](#).

2. Analyser un fichier XML

La commande suivante nous permet d'analyser un fichier .xml avec Planemo:

```
planemo lint mon_outil.xml
```

Vous pouvez également consulter cette [documentation](#) pour déployer votre outil.

3. Ajouter au ToolShed Galaxy

The screenshot shows the 'Galaxy Tool Shed' interface. On the left sidebar, under 'Available Actions', the 'Create new repository' link is circled in blue. The main content area is titled 'Create Repository'. It contains the following fields and options:

- Name:** A text input field with the value 'kleborate'.
- Repository type:** A dropdown menu set to 'Unrestricted'. Below it, a note says 'Select the repository type based on the following criteria.' followed by three bullet points:
 - **Unrestricted** - contents can be any set of valid Galaxy utilities or files
 - **Repository suite definition** - contents will always be restricted to one file named repository_dependencies.xml
 - **Tool dependency definition** - contents will always be restricted to one file named tool_dependencies.xml
- Remote repository URL:** A text input field with the placeholder 'optional'.
- Homepage URL:** A text input field with the placeholder 'optional'.
- Synopsis:** A text input field.
- Detailed description:** A large text area.
- Categories:** A dropdown menu with options: 'Assembly', 'ChIP-seq', and 'Climate Analysis'.

Après avoir entré vos identifiants, vous pourrez créer le répertoire qui contiendra le fichier .xml de votre outil.

Galaxy Tool Shed Repositories Groups Help User

8049 valid tools on Feb 26, 2021

Search
Search for valid tools

Valid Galaxy Utilities
Tools
Custom datatypes
Repository dependency definitions
Tool dependency definitions

All Repositories
Browse by category

Repositories I Can Change
Repositories I own
Repositories I can administer
My writable repositories
Reset metadata on my repositories
Latest revision: missing tool tests
Latest revision: invalid tools

Available Actions
Create new repository

Repository kleborate

Name: kleborate
Repository names cannot be changed if the repository has been cloned.

Owner: dazeone

Synopsis: Kleborate is a tool to screen genome assemblies of *Klebsiella pneumoniae*

Detailed description:
Kleborate is a tool to screen genome assemblies of *Klebsiella pneumoniae* and the *Klebsiella pneumoniae* species complex (KpSC) for:
MLST sequence type

Content homepage:

Development repository:

Sharable link to this repository: <https://toolshed.g2.bx.psu.edu/view/dazeone/kleborate/ee8935ff54b0>

Clone this repository: hg clone <https://dazeone@toolshed.g2.bx.psu.edu/repos/dazeone/kleborate>

Repository type:
Unrestricted
This repository's type cannot be changed because its contents are valid only for its current type or it has been cloned.

Revision: 4:ee8935ff54b0

This revision can be installed: True

Times cloned / installed: 4

Available Actions:
Upload files to repository
Manage repository
View change log
Browse or delete repository tip files
Reset all repository metadata
Mark repository as deprecated
Manage repository administrators
Export this revision
Download as a .tar.gz file
Download as a .tar.bz2 file
Download as a zip file

Save

Une fois le répertoire créé, vous pouvez y ajouter votre fichier .xml qui à été analysé à l'aide de planemo. (voir la suite ci-dessous).

Galaxy Tool Shed Repositories Groups Help User

8049 valid tools on Feb 26, 2021

Search
Search for valid tools

Valid Galaxy Utilities
Tools
Custom datatypes
Repository dependency definitions
Tool dependency definitions

All Repositories
Browse by category

Repositories I Can Change
Repositories I own
Repositories I can administer
My writable repositories
Reset metadata on my repositories
Latest revision: missing tool tests
Latest revision: invalid tools

Available Actions
Create new repository

File:
Parcourir... Aucun fichier sélectionné.

Url:

Enter a url to upload your files. In addition to http and ftp urls, urls that point to mercurial repositories (urls that start with hg:// or hgs://) are allowed. This mechanism results in the tip revision of an external mercurial repository being added to the Tool Shed repository as a single new changeset. The revision history of the originating external mercurial repository is not uploaded to the Tool Shed repository.

Uncompress files?
Yes

Supported compression types are gz and bz2. If **Yes** is selected, the uploaded file will be uncompressed. However, if the uploaded file is an archive that contains compressed files, the contained files will not be uncompressed. For example, if the uploaded compressed file is some_file.tar.gz, some_file.tar will be uncompressed and extracted, but if some_file.tar contains some_contained_file.gz, the contained file will not be uncompressed.

Remove files in the repository (relative to the root or selected upload point) that are not in the uploaded archive?
Yes

This selection pertains only to uploaded tar archives, not to single file uploads. If **Yes** is selected, files that exist in the repository (relative to the root or selected upload point) but that are not in the uploaded archive will be removed from the repository. Otherwise, all existing repository files will remain and the uploaded archive files will be added to the repository.

Change set commit message:
Uploaded

This is the commit message for the mercurial change set that will be created by this upload.

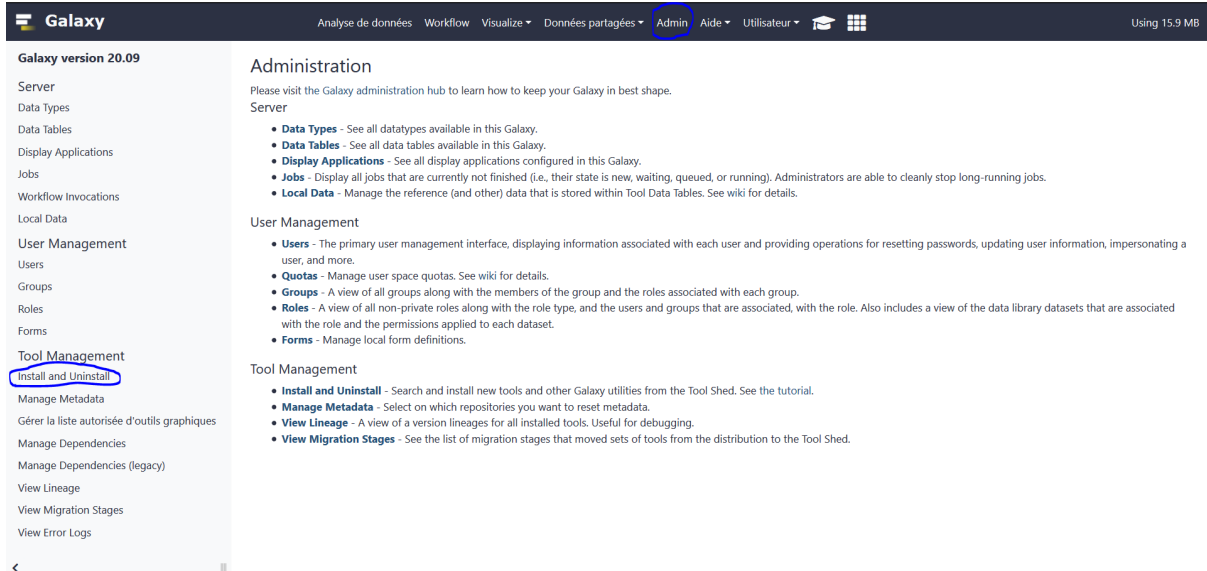
Contents:
kleborate.xml

Select a location within the repository to upload your files by clicking a check box next to the location. The selected location is considered the upload point. If a location is not selected, the upload point will be the repository root.

Upload

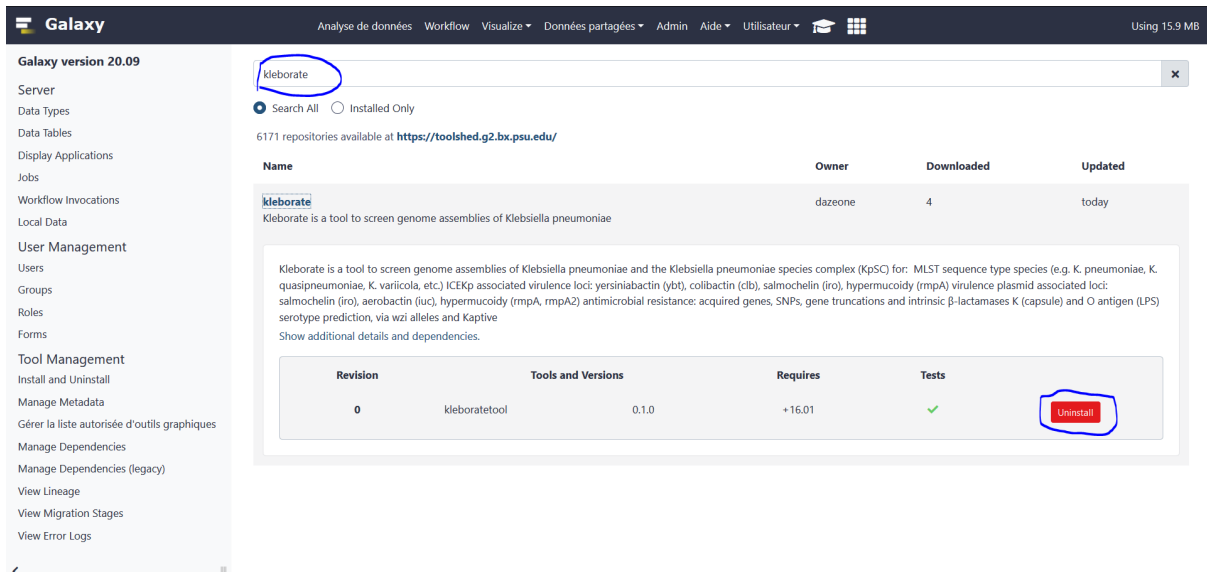
4. Télécharger l'outil sur notre instance Galaxy

(<http://localhost:8080>)



The screenshot shows the Galaxy web interface. In the top navigation bar, the 'Admin' menu item is circled. In the left sidebar, under the 'Tool Management' section, the 'Install and Uninstall' option is circled. The main content area displays the 'Administration' page with sections for Server, User Management, and Tool Management.

Après avoir accédé au serveur Galaxy, cliquer sur “Admin” puis sur “Install and Uninstall”.



The screenshot shows the Galaxy web interface with the search results for the 'kleborate' tool. The search bar at the top contains the text 'kleborate'. Below the search bar, there are radio buttons for 'Search All' (selected) and 'Installed Only'. The search results show 6171 repositories available at <https://toolshed.g2.bx.psu.edu/>. The table below lists the search results:

Name	Owner	Downloaded	Updated
kleborate Kleborate is a tool to screen genome assemblies of <i>Klebsiella pneumoniae</i>	dazeone	4	today

Below the table, there is a detailed description of the tool. At the bottom of the tool details, there is a table with the following columns: Revision, Tools and Versions, Requires, Tests, and a button to Uninstall.

Revision	Tools and Versions	Requires	Tests	
0	kleboratetool 0.1.0	+16.01	✓	Uninstall

Tapez le nom de l'outil dans le champ dédié à cet effet afin de le télécharger.

Il ne vous manque plus qu'à choisir où vous souhaitez installer cet outil pour ensuite pouvoir l'essayer.