Galaxy

jeudi 26 juin 2014

15:17

**Participant**

Bioaster : Djomangan Adama Ouattara

INRA, Clermont : Franck Giacomoni, Michon

**Objectif**

Cette réuninon est une prise de contact avec l'inra de clermont qui développe un outil de traitement et d'analyse de données métabolomiques (Workflow4Metabolomics). Cet outil est intégré dans une plateforme Galaxy (framework de développement de flux d'analyse) hébérgée sur la plateforme de calcul ABiMS (Analysis and Bioinformatics for Marine Science)

**Plateforme de calcul ABiMS**

ABiMS (Analysis and Bioinformatics for Marine Science) dépend de l'institut de biologie marine de Roscoff (CNRS/UPMC) et est une composante de l'institut français de bioinformatique (IFB)

<http://abims.sb-roscoff.fr>

﻿﻿﻿﻿﻿﻿﻿﻿﻿﻿﻿﻿﻿﻿﻿﻿﻿﻿﻿﻿﻿﻿﻿﻿﻿﻿﻿﻿﻿﻿﻿﻿﻿﻿﻿﻿﻿﻿﻿﻿﻿﻿﻿﻿﻿﻿﻿﻿﻿﻿﻿﻿﻿﻿﻿﻿

La plateforme ABiMS propose deux environnements Galaxy:

* <http://galaxy.sb-roscoff.fr>
* <http://galaxy.workflow4metabolomics.org> (dédiée à la métabolomique)

Elle dispose d'outils pour l'analyse de données

* Genomique (données RNAseq),
* Métabolomique (workflow4metabolomics),
* Manipulation de fichiers

**Galaxy**

Framework de workflow d'analyses personnalisées

* Initialement destiné à l'analyse génomique
* Peut être installé sur un serveur interne (il existe plusieurs instances dans Galaxy dans le monde)
* Dispose de la fonctionnalité **Tool Shed** qui est un store qui permet de partager des app (<https://wiki.galaxyproject.org/ToolShed>). Les app sont des modules d’analyse prêt-à-l’emploi crés par les membre de la communauté Galaxy. Les app peuvent être utilisés par n’importe qui dans son workflow d’analyse.
  + Le Tool Shed donne accès au code source des modules (que les utilisateurs peuvent modifier)

* Galaxy est monté sur Python + SGBD (PostgreSQL)
  + Possibilité de travailler avec MySQL
* Galaxy a son propre serveur web natif
  + Possibilité de mettre un serveur Apache (=> permet de lancer plusieurs instances d'apache)

**Workflow4Metabolomics**

Workflow4Metabolomics est un workflow Galaxy d'analyse dédié à la métabolomique développé par l'inria de Clermont.

* Projet lancé dans le cadre d'une bourse dont l'objectif était de montrer qu'on pouvait faire de la métabo dans Galaxy
* Le but était de mettre cet outil à la disposition du RFMF (le réseau français de métabolomique et de fluxomique)
* L'outil dispose d'une base de données de stockage des données de utilisateurs
* Possibilité de d'interroger HMDB, KEGG via leur webservice
* Pas encore de visualisation, par exemple la visualisation de pathways (en cours de discussion…)

* **5 étapes du workflow**
  + Extraction des signaux (XCMS)
    - LC-MS / GC-MS
    - RMN à venir
  + Normalisation (Dérive analytique)
  + Contrôle qualité (Batches)
  + Statistiques
  + Annotation des données (identification des composés)

* **Gestion des données**
  + Chaque utilisateur a un espace privé pour stocker ses données
  + Les données doivent être uploader sur le serveur avant analyse (Lourde contrainte)
  + Pas de possibilité de se connecter sur un serveur externe de gestion de données (Lourde contrainte)
    - C'est limitant pour les structures qui ont leur propres serveurs de gestion de données
    - [Adama] Est-t-il possibilité de contourner les problèmes en développant une app pour ça ?
    - [Franck] Oui mais, l'app sera spécifique aux données et au serveur en question