

**Figure 1 : Capture d'écran de l'instance de Galaxy d'ASaiM et de l'interface de l'outil GraPhlan**

On retrouve sur la gauche la liste des outils disponibles, au centre l'interface de l'outil GraPhlan et sur la droite se trouve l'historique avec deux fichiers présents.

Galaxy Tool Shed		
3904 valid tools on May 15, 2016		
<b>Search</b> <ul style="list-style-type: none"> <li>Search for valid tools</li> <li>Search for workflows</li> </ul>		
<b>Valid Galaxy Utilities</b> <ul style="list-style-type: none"> <li>Tools</li> <li>Custom datatypes</li> <li>Repository dependency definitions</li> <li>Tool dependency definitions</li> </ul>		
<b>All Repositories</b> <ul style="list-style-type: none"> <li>Browse by category</li> </ul>		
<b>Available Actions</b> <ul style="list-style-type: none"> <li>Login to create a repository</li> </ul>		
Repositories by Category		
search repository name, description		
Name	Description	Repositories
Assembly	Tools for working with assemblies	74
ChIP-seq	Tools for analyzing and manipulating ChIP-seq data.	40
Combinatorial Selections	Tools for combinatorial selection	6
Computational chemistry	Tools for use in computational chemistry	21
Convert Formats	Tools for converting data formats	64
Data Managers	Utilities for Managing Galaxy's built-in data cache	32
Data Source	Tools for retrieving data from external data sources	35
Epigenetics	Tools for analyzing Epigenetic/Epigenomic datasets	3
Fasta Manipulation	Tools for manipulating fasta data	76
Fastq Manipulation	Tools for manipulating fastq data	54
Genome-Wide Association Study	Utilities to support Genome-wide association studies	20
Genomic Interval Operations	Tools for operating on genomic intervals	42
Graphics	Tools producing images	42
Imaging	Utilities to support imaging	1
Metabolomics	Tools for use in the study of Metabolomics	25

**Figure 2 : Capture d'écran du ToolShed principal de Galaxy**

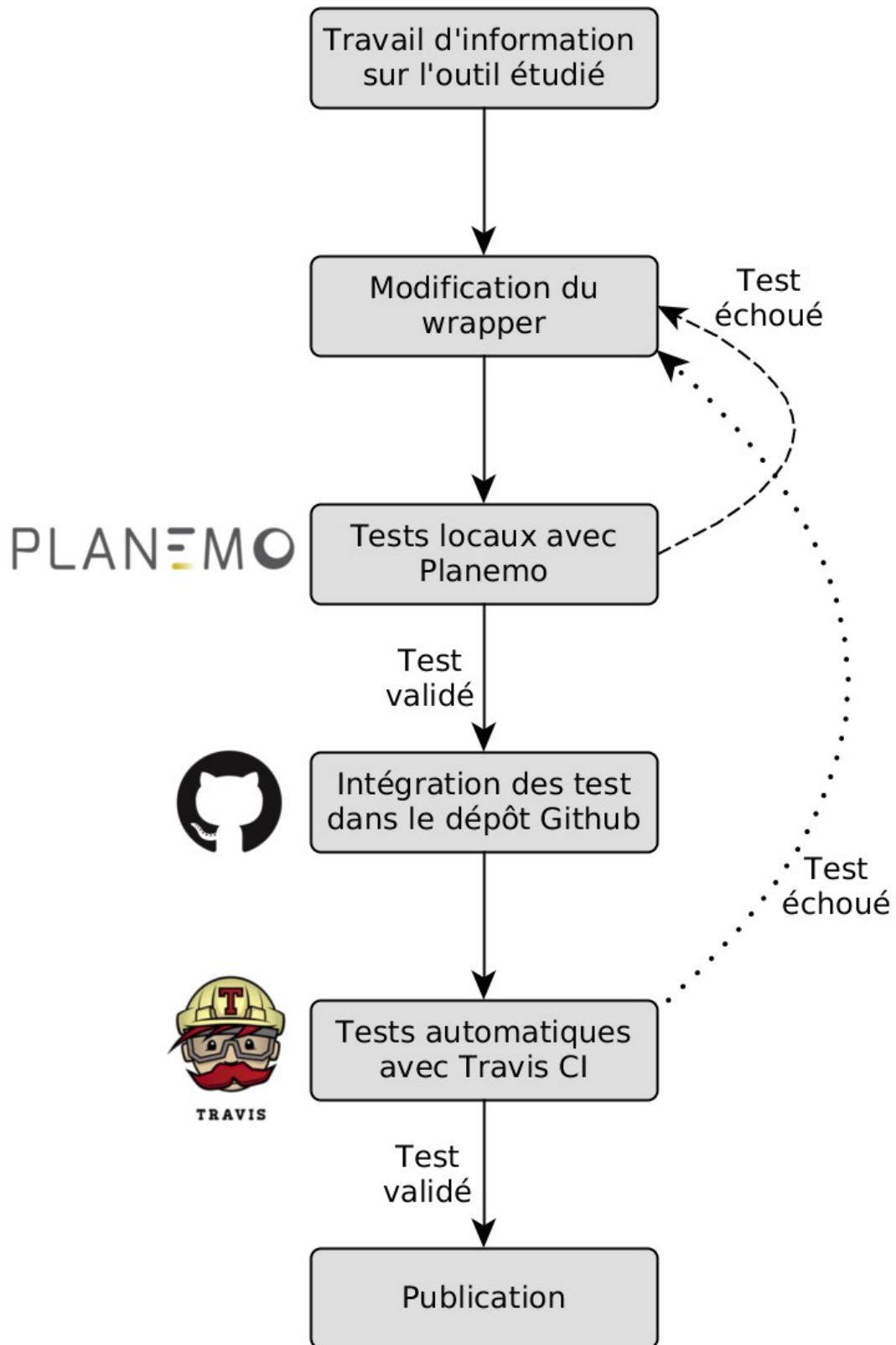


```
<tool id="Exemple" name="exemple" version="0.1.0">
  <description></description>
  <requirements>
  </requirements>
  <stdio>
    <exit_code range="1:" />
  </stdio>
  <command><![CDATA[
    TODO: Fill in command template.
  ]]></command>
  <inputs>
  </inputs>
  <outputs>
  </outputs>
  <help><![CDATA[
    TODO: Fill in help.
  ]]></help>
  <citations>
  </citations>
</tool>
```

**Figure 3 : Capture d'écran du corps encore vide d'un *wrapper***

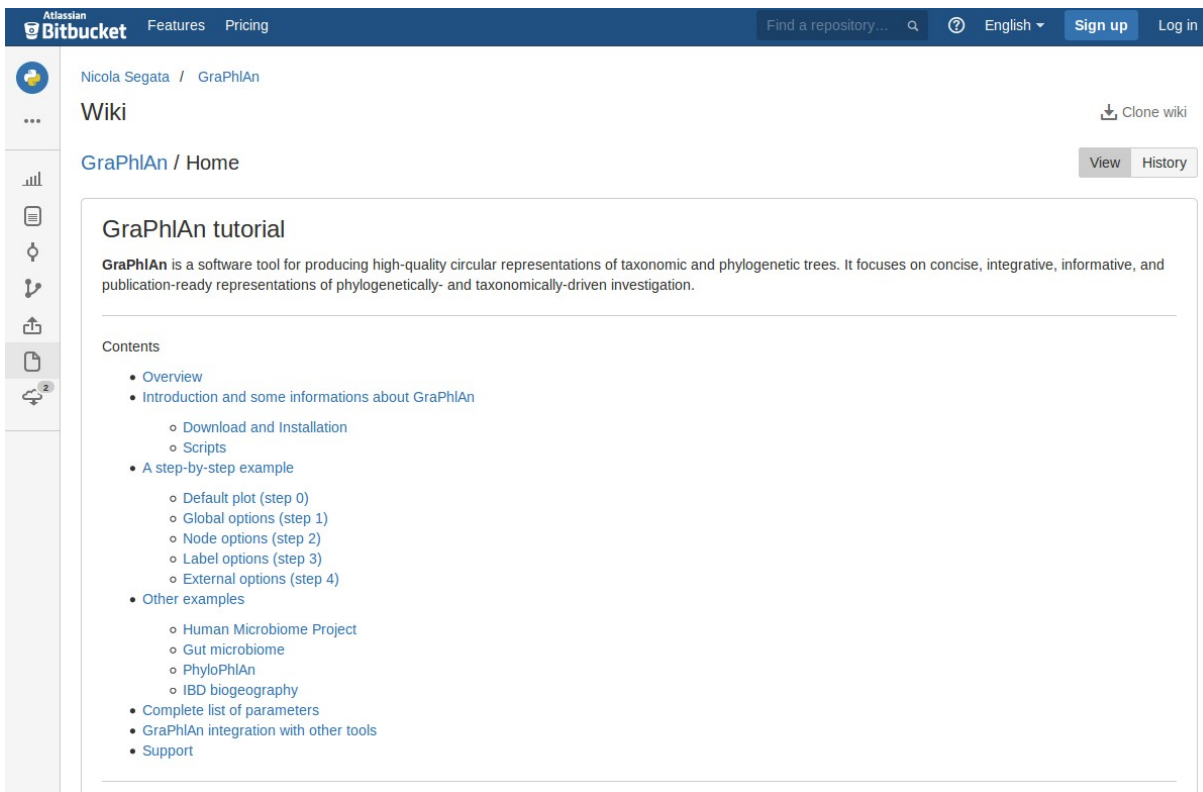
On retrouve les différentes sections : les informations sur le *wrapper*, les requirements, la section "*command*", les "*inputs*", les "*outpus*", la section "*tests*" et la section "*help*"



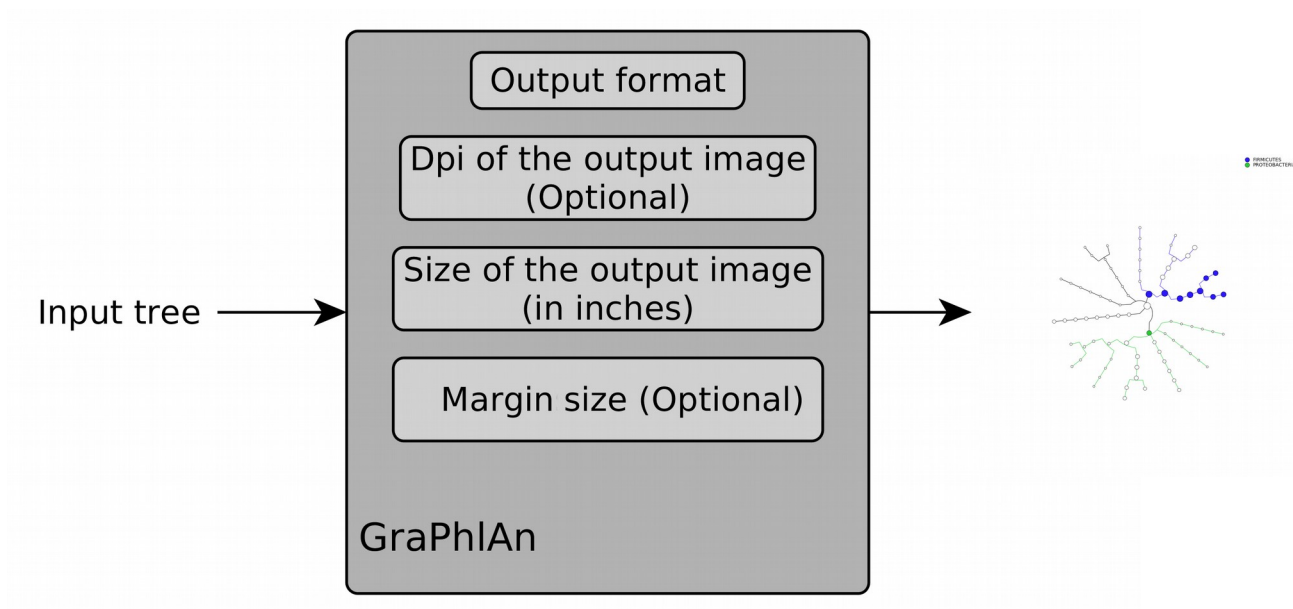


**Figure 4 : Schéma pour la mise en place de tests automatiques des wrappers dans l'environnement Galaxy**





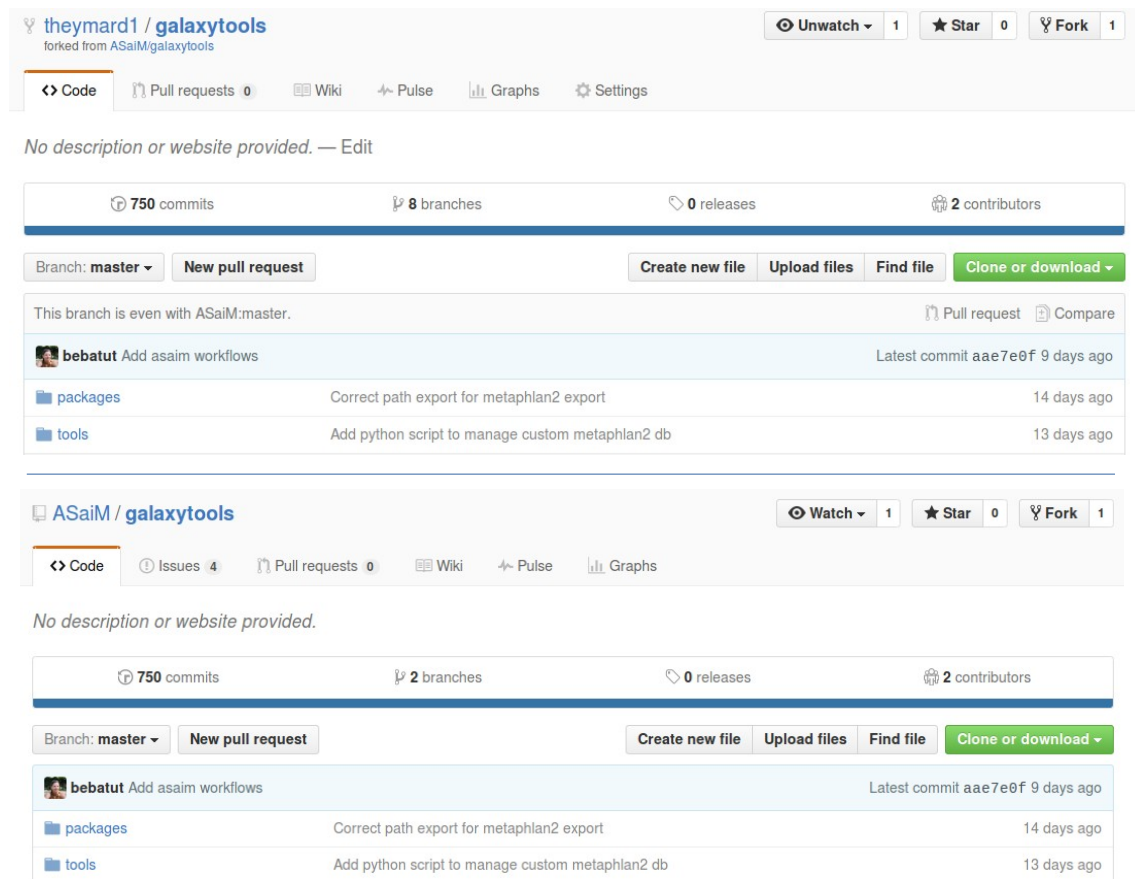
**Figure 5 : Exemple de source de documentation, ici le wiki de *Bitbucket*, la plateforme où se trouve les données de GraPhlAn**



**Figure 6 : Schéma représentatif des paramètres de l'outil GraPhlAn**

```
<tests>
  <test>
    <param name="input_tree" value="intermediary_tree.txt"/>
    <param name="format" value="png"/>
    <param name="dpi" value="100"/>
    <param name="size" value="7"/>
    <param name="pad" value="2"/>
    <output name="png_output_image" file="png_image.png" />
  </test>
</tests>
```

Figure 7 : Section test de l'outil GraPIAn après modification



**Figure 8: Impression d'écran pour la comparaison entre un *fork* et le fichier source d'origine**

Au dessus, nous voyons le fork, en dessous, se trouve le fichier source d'origine. On observe qu'il n'y a que très peu de différences excepté le fait qu'ils appartiennent à deux comptes différents.

# Addtest for `combine\_methaph\_lan2\_human2` #16

Edit

**Merged** bebatut merged 6 commits into ASaiM:master from themyard1:br\_combine\_methaphLan2\_human2 on 15 Apr

Conversation 4 Commits 6 Files changed 7

+33,293 -29,435



theyyard1 commented on 13 Apr

+😊🔗

to resolve #1

Labels

None yet

Milestone

No milestone

Assignees

No one assigned

Notifications

🔔 Unsubscribe

You're receiving notifications because you authored the thread.

2 participants



theyyard1 added some commits on 12 Apr



🔴 Add missing test

b44e727



🔴 Remove some lines

✖ a5222f1



bebatut commented on an outdated diff on 14 Apr

Show 1 comment



bebatut commented on 14 Apr

+😊

I will add this test for CI



theyyard1 added some commits on 14 Apr



🔴 Merge branch 'master' of https://github.com/ASaiM/galaxytools into br... ⋮

a34c544



🔴 Add good outputs and edit tt\_blacklist

✓ e79736b



🔴 update .tt\_blacklist

✓ 3f792eb



bebatut commented on 15 Apr

+😊

The test files are not good ones. I can send you some if you want



🔴 Change inputs and outputs files

✓ a34b11a



bebatut commented on 15 Apr

+😊



Figure 9 : Pull Request commentée de l'outil  
"combine\_methalan2\_humann2"



Catégorie	Nom de l'outil	Nombre de wrappers		Nombre de fichiers d'entrée	Nombre de paramètres	Nombre de fichiers en sortie	Nombre de tests produits
Outils de Manipulation	extract_min_max_lines	1		1	3	1	4
	normalize_dataset	1		1	2	1	3
	convert_extract_sequence_file	1		1	15 ou moins	2 ou 3	2
	fasta_add_barcode	1		2	0	1	1
Outils de Prétraitement des données issues du séquençage	cdhit	2	est	1	5	2	1
			protein	1	6	2	1
	format_cd_hit_output	1		2	4	1	1
Outils pour les analyses métagénomiques	MetaPhlan2	2	MetaPhlan2	3	10	1	0
			metaphlan2krona	1	0	1	0
	format_metaphlan2_output	1		1	0	9	1
	HumanN2	6	join	X	0	1	1
			reduce	1	2	1	1
			regroup	1	3	1	2
			rename	2	2	1	1
			renorm	1	1+X	1	1
			split	1	2	X	1
	compare_humann2_output	1		X	1+X	3+X	1
	group_humann2_uniref_abundances_to_go	1		3	3	3	0
	combine_metaphlan2_humann2	1		2	1	1	2
Outils pour la visualisation et les statistiques	compute_wilcoxon_test	1		1	9	1	0
	export2graphlan	1		1	26	2	1
	GraphLan	2	Graphlan	1	4	1	1
			annotate	2	0	1	1
	plot_generic_x_y_plot	1		1	15	1	1
	plot_barplot	1		1	12	1	2
	plot_grouped_barplot	1		1	12+3*X	1	1

**Tableau I : Caractéristiques des outils et des tests mis en place durant le stage**











# Pathway	Humann2_ Abundance	Humann2_ Coverage
HOMOSER-METSYN-PWY: L-methionine biosynthesis I	1.3149243918	0.6570127063
HSERMETANA-PWY: L-methionine biosynthesis III	1.1318619128	0.6143434179
PWY-3841: folate transformations II	1.4268868747	0.6798402001
UNINTEGRATED	435.5199558332	1.0000000000
UNMAPPED	2.6377384941	1.0000000000

**Tableau II : Exemple de données obtenues en sortie de '*humann2\_join\_tables*'**

# Pathway	Humann2_ Abundance
UNMAPPED	2.6377384941
UNINTEGRATED	435.5199558332
PWY-3841: folate transformations II	1.4268868747
HOMOSER-METSYN-PWY: L-methionine biosynthesis I	1.3149243918
HSERMETANA-PWY: L-methionine biosynthesis III	1.1318619128

**Tableau III : Exemple de données contenues dans un fichier d'entrée de '*humann2\_join\_tables*'**

