

**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**

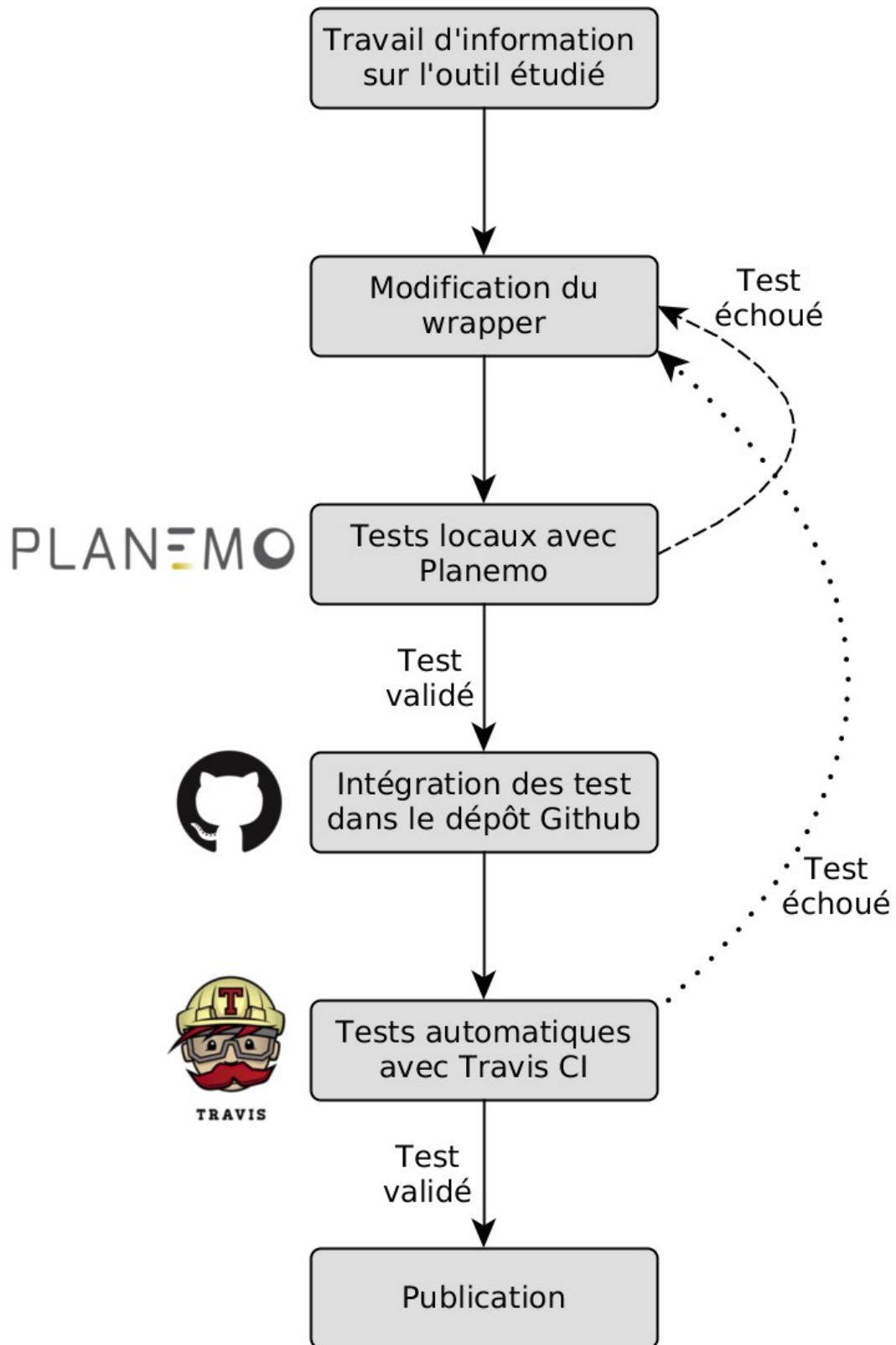


```
<tool id="Exemple" name="exemple" version="0.1.0">
  <description></description>
  <requirements>
  </requirements>
  <stdio>
    <exit_code range="1:" />
  </stdio>
  <command><![CDATA[
    TODO: Fill in command template.
  ]]></command>
  <inputs>
  </inputs>
  <outputs>
  </outputs>
  <help><![CDATA[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

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

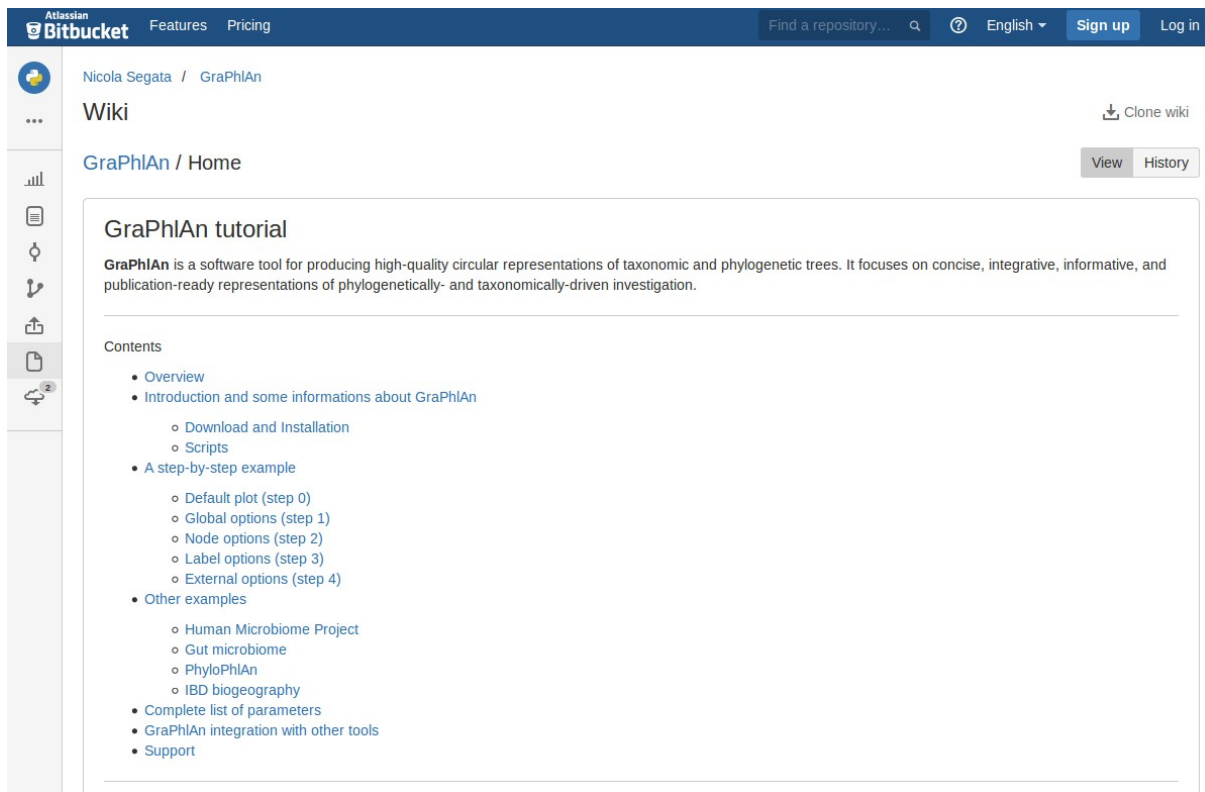
On retrouve les différentes sections : les informations sur le *wrapper*, les requirements, la section "*command*", les "*inputs*", les "*outpus*", la section "*tests*" et la section "*help*"



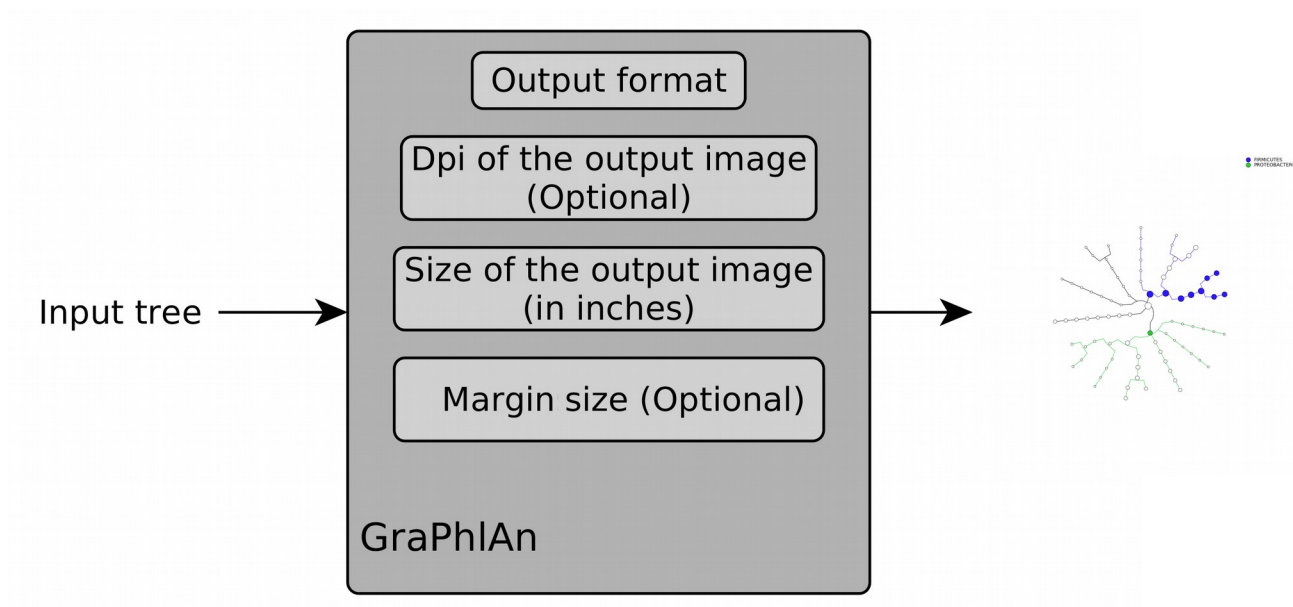


**Figure 4 : Schéma pour la mise en place de tests automatiques des wrappers dans l'environnement Galaxy**





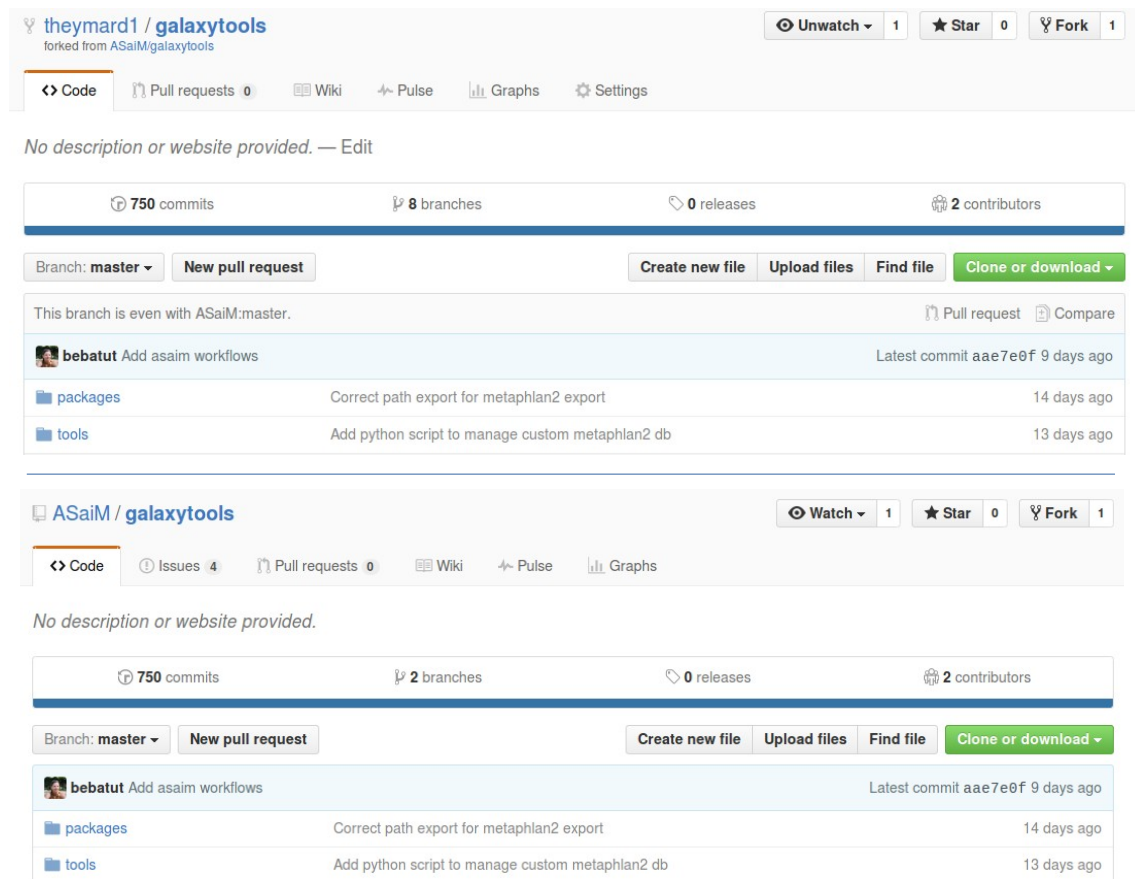
**Figure 5 : Exemple de source de documentation, ici le wiki de *Bitbucket*, la plateforme où se trouve les données de GraPhlAn**



**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 GraPlAn 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 `theymard1:br_combine_methaphLan2_human2` on 15 Apr


Conversation 4 Commits 6 Files changed 7

+33,293 -29,435






theymard1 commented on 13 Apr

to resolve #1




theymard1 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




theymard1 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

👍

Labels

None yet

Milestone

No milestone

Assignees

No one assigned

Notifications

[Unsubscribe](#)

You're receiving notifications because you authored the thread.

2 participants





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



Nom de l'outil	Nombre de wrappers		Nombre de fichiers d'entrée	Nombre de paramètres	Nombre de fichiers en sortie	Nombre de tests produits
<u>extract_min_max_lines</u>	1		1	3	1	4
combine_metaphlan2_humann2	1		2	1	1	2
plot_generic_xy_plot	1		1	15	1	1
normalize_data_set	1		1	2	1	3
fasta_add_barcode	1		2	0	1	1
plot_grouped_barplot	1		1	12+3*X	1	1
plot_barplot	1		1	12	1	2
compare_humann2_output	1		X	1+X	3+X	1
export2graphlan	1		1	26	2	1
format_metaphlan2_output	1		1	0	9	1
cdhit	2	est	1	5	2	1
		protein	1	6	2	1
extract_sequence_file	1		1	15 ou moins	2 ou 3	2
format_cd_hit_output	1		2	4	1	1
GraphLan	2	Graphlan	1	4	1	1
		annotate	2	0	1	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

**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'***

