

Galaxy 4 Bioinformatics – Session pratique de l'atelier Toolshed

URL du toolshed de l'école :

TP: installation de tandem_repeat_finder depuis le toolshed de l'école sur votre instance

- Déclarer le toolshed de l'école dans votre instance:
 - éditer le fichier config/tool_shed_conf.xml.sample et ajouter l'url du toolshed de l'école
 - redémarrer votre instance
- En tant qu'administrateur de votre instance sous les menus Admin/ Toolsheds>Search and browse toolshed vous devez voir apparaître le toolshed de l'école
- Cliquer sur le toolshed de l'école > Browse valid repositories choisir la catégorie "repeat"
- Sur tandem_repeat_finder faire un "preview and install", puis "Install to Galaxy"
- Il n'est peut être pas possible d'installer les dépendances de tandem_repeat_finder
- Pour se faire créer un répertoire sous votre arborescence galaxy tools_dependencies et renseigner ce répertoire dans la configuration galaxy sous l'entrée tool_dependency_dir
- Relancer l'instance galaxy, répéter les opérations ci dessus, la case de dépendances de tandem_repeat_finder est cochée
- Créer un section Repeat sous "Add new tool panel section" et cliquer sur install
- Où se trouve les codes des wrappers du tandem_repeat_finder ?
- Où se trouve le code des dépendances déclarées par le tandem_repeat_finder ?
- Sous l'interface galaxy lancer tandem repeat finder avec le fichier d'input:
`/usr/local/src/toolshed/tadem_repeats_finder/test_data/tadem_repeat_finder_test.fasta`

TP: Installation du workflow phylogeny dans votre instance

- Importer les briques du workflow dans votre instance:
 - En tant qu'administrateur de votre instance sous les menus Admin/ Toolsheds>Search and browser toolshed vous devez voir apparaître le toolshed de l'école
 - Cliquer sur le toolshed de l'école > Browse valid repositories choisir "phylo_workflow"
 - Cliquer sur "Preview and Install"
 - Dans la champ "Add new panel section" entrer "Phylogeny" et cliquer sur "Install"
 - La section "Phylogeny" apparaît dans vos outils
- Importer le workflow dans votre instance:
 - Cliquer sur le menu "Workflow" dans le bandeau du haut
 - Cliquer sur "Upload or Import workflow"
 - Sous "Galaxy workflow file" cliquer sur "Parcourir"
 - Sélectionner le fichier .ga depuis `/usr/local/src/toolshed/pipeline_phylo`
 - Cliquer sur "Importer"
- Lancer le workflow

- Importer dans votre instance le fichier
/usr/local/src/toolshed/pipeline_phylo/fam1.fasta
- Cliquer sur le menu "Workflow" dans le bandeau du haut
- Cliquer sur le nom du workflow puis sur "Run"
- Cliquer sur "Run Workflow"
- Est ce que tout se passe normalement ?

TP: installation de l'outil et des datatypes

Partie 1: Installation d'un datatype simple avec l'outil genbanktofasta.

- En tant qu'administrateur de votre instance sous les menus Admin/ Toolsheds> "Search and browse tool sheds", puis Cliquer sur le toolshed de l'école > Browse valid repositories choisir la categorie "GenBank".
- Sur l'outil "genbank_to_fasta" faire un "preview and install", puis "Install to Galaxy".
- Cocher bien la case de dépendance (Handle repository dependencies) qui va installer également le repository "genbank_simple_datatype".
- Créer un section GenBank sous "Add new tool panel section" et cliquer sur install.
- Pour récupérer le fichier input de test au format GenBank, aller sur le toolshed de l'école et récupérer le repository "genbank_to_fasta" sous forme d'archive ("zip" ou "tar.gz") en cliquant sur "Repository Actions" > "Download as...". Décompresser l'archive et le fichier input "C_005213.gbk" se trouve dans le dossier "test-data".
- Uploader le fichier "C_005213.gbk" par Get Data (veuiller spécifier le format genbank en le recherchant) à travers Galaxy et lancer l'outil "[Converting GenBank files](#) to Fasta format".

Partie 2 : Installation d'un datatype complexe avec l'outil genbanktofasta

- En tant qu'administrateur de votre instance sous les menus Admin/ Server> "Manage installed tool shed repositories", rechercher dans la barre de recherche le mot "genbank". Puis désinstaller l'outil "genbanktofasta" ainsi que "genbank_simple_datatype" en cliquant "check to install" pour une désinstallation clean.
- Puis répéter les même actions vue précédemment pour installer le datatype genbank_complete_datatype depuis le toolshed de l'école.
- Uploader à nouveau le fichier input "C_005213.gbk" et vérifier que Galaxy a bien reconnu le fichier au format "genbank".

TP: Mise en toolshed de vos outils

TP: Installation de la dépendance trimal pour le workflow phylogeny

Vous allez créer un tool_dependency pour le workflow phylogeny.
La procedure d'installation de trimal est la suivante:

- download et décompression depuis l'url:
http://trimal.cgenomics.org/_media/trimal.v1.2rev59.tar.gz
- cd source
- make
- ajout du binaire trimal au path

Pour écrire le tool_dependencies vous pouvez vous aider du premier exemple de la page suivante: <https://wiki.galaxyproject.org/ComplexRepositoryDependencies>