



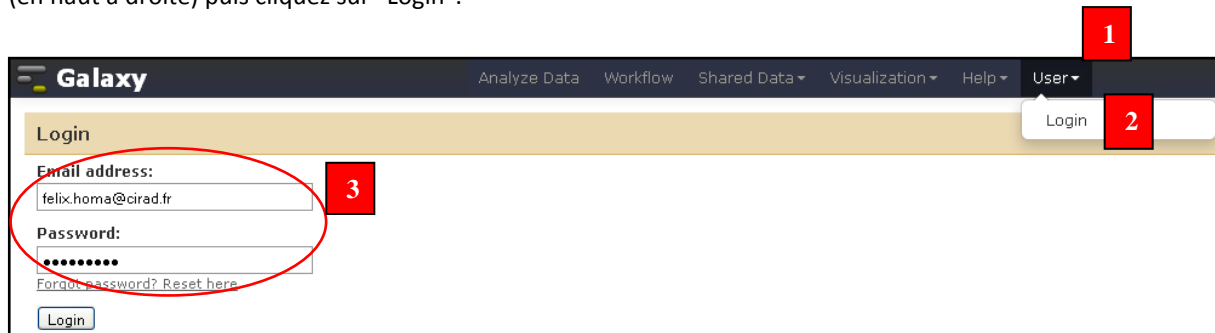
Formation Galaxy

Lundi, 10 Février 2014

1 – Premier pas

1-1 Connexion

- Copier l'adresse web suivante dans un navigateur : <http://gohelle.cirad.fr/galaxy/>
- Utilisez les identifiants et mot de passe fournis pour vous connecter. Cliquez sur l'onglet "User" du menu (en haut à droite) puis cliquez sur "Login".



- Vérifiez l'existence des outils suivants dans la boîte à outils
 - FASTQ to FASTA
 - Filter FASTQ
 - tablet
 - splineR
 - Cutadapt

Utiliser la boîte de recherche située en haut dans la boîte à outils

- Combien de caractères sont nécessaires pour déclencher une recherche (dans la boîte de recherche)?

1-2 Upload/download file

- Importer les fichiers suivants de 3 façons différentes dans des historiques notés « import[1..4] ». Utilisez l'outil « Upload file ».

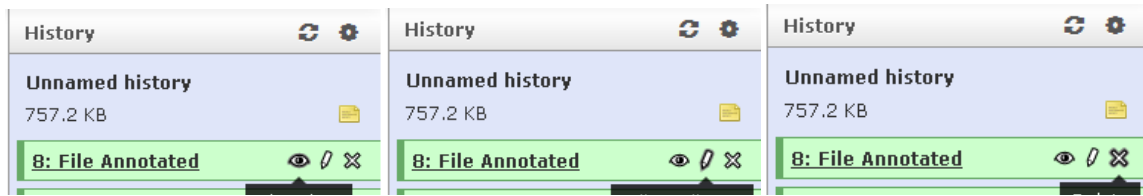
http://www.southgreen.fr/sites/southgreen.fr/files/input1.fastq_0.txt, renommez ce fichier « *input1* »

http://www.southgreen.fr/sites/southgreen.fr/files/reference.fasta_0.txt, renommez ce fichier « *reference* »

Galaxy permet d'importer vos fichiers de différentes façons:

- Importer le fichier en copiant l'adresse web dans le cadre "URL/Text"
- Importer un fichier depuis le disque dur de votre ordinateur en cliquant sur "choose a file"
- Copier le contenu de votre fichier dans le cadre "URL/Text"

Il est possible de réaliser des actions sur les fichiers voir le contenu, supprimer le fichier ou modifier les attributs.



- Sous quel format ont été enregistrés vos fichiers ?
- Lister tous les formats de fichier supportés par Galaxy


Cliquer sur "Get Data" dans la boîte à outils puis sur "upload file", tous les formats de fichier supportés par Galaxy sont listés en bas du cadre central

- Changer le format du fichier "input1" en *fastqsanger*

2 – Deuxième pas

2-1 Utilisation des outils

- Créer un nouvel historique et renommez-le "galaxy_training2"
- Copier le fichier "reference" depuis l'historique "import1" vers un nouvel historique "galaxy_training2"

Dans le cadre des historiques  pour afficher la liste de tous vos historiques ou copier des fichiers d'un historique à l'autre. Plusieurs autres actions sont possibles.

- Exécuter les outils listés en dessous, utilisez l'historique "galaxy_training2":
 1. **BLAST + blastn (MC)** : Sélectionnez le fichier "reference" dans l'option « Nucleotide query sequence(s) ». Dans « Nucleotide BLAST database » choisissez la base « nt » et « Blastn » pour l'option « type of blast ». Enfin sélectionnez le format de sortie « tabular 12 columns » dans « Output format ». Cliquez sur « **Execute** ».
 2. **Compute** : On veut sélectionner les séquences avec un pourcentage d'identité (colonne 3) égale à 100%, pour le faire : entrez le texte « c3==100 » pour l'option « Add Expression » puis sélectionnez votre fichier "reference" pour l'option « As a new column to »
 3. **Plotting tool:**
Plot title: Alignment length VS Percentage of identical matches
Label for x axis: identical matches
Label for y axis: Alignment length
 Déclencher une nouvelle série

Column for x axis: C3

Column for y axis: C4

Series Type: Points

Click "Execute"

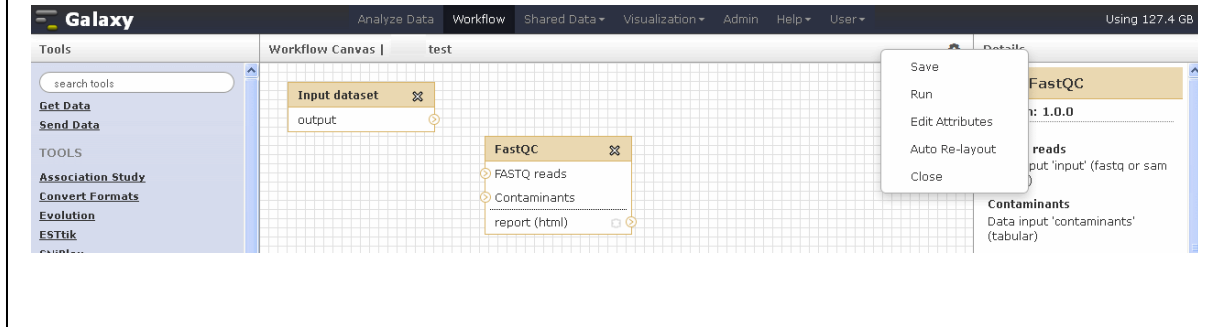
2-2 Workflow


Le but de cet exercice est mettre les étapes de la section 2-1 sous forme de workflow

Rendez-vous à la section workflow, cliquez sur "Workflow" dans le menu

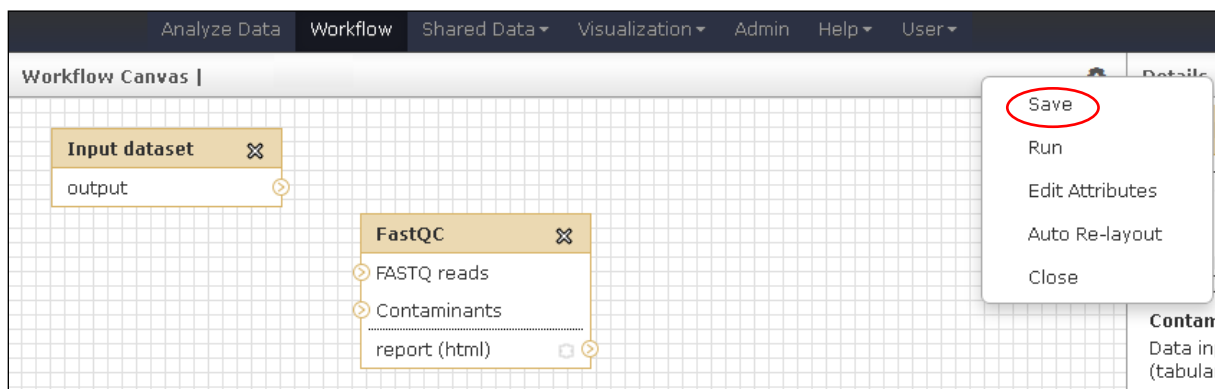
En cliquant sur une brique à gauche de l'interface une petite fenêtre apparaît sur le canevas. Cette fenêtre indique les fichiers d'entrée et de sortie de la brique. Pour enchaîner deux briques il suffit de relier le fichier de sortie de la première brique vers le fichier d'entrée de la seconde à l'aide des petites flèches.

L'outil 'Input Dataset' permet de spécifier les fichiers(s) d'entrées.



Créer un workflow à partir de votre historique "galaxy_training2" pour reproduire l'enchaînement des outils de la section 2-1 (Dans le cadre historique cliquer sur  puis sur "Extract workflow")

Recréer le même workflow en partant de zéro



N'oubliez pas de sauvegarder votre création en cliquant sur  puis sur 'Save'

Exécutez votre enchaînement en utilisant les données de l'historique "galaxy_training2" (sauvegarder les résultats dans un nouvel historique "galaxy_training3")

3 – Last step

3-1 Publier et partager les données (sharing data)

Galaxy permet de partager facilement les “workflows” avec les autres utilisateurs.

Name	# of Steps
Workflow AP...	18
TD_formati...	6
Clean FASTQ	11
Clean FASTQ	8
Clone of 'sir...	11
Clone of 'sir...	5
imported: E...	6
variant_call...	5
Workflow AP...	30

3 moyens de partager un workflow :

- * Via un lien : crée un lien de partage pour permettre à vos contacts d’importer le workflow.
- * Par publication : rend le workflow public et accessible en le publiant dans la section «Published Workflows ».
- * Par email : partage le workflow avec un autre utilisateur de galaxy

Publier votre workflow et partager le avec l’utilisateur homa.felix@cirad.fr c’est-à-dire moi.

3-2 Shared data

- Dans l’onglet “shared data” du menu, observer les autres workflows partagés
- Enregistrez le workflow “correction_wkf_galaxy_10_02_2014” dans votre session (C’est la correction)