

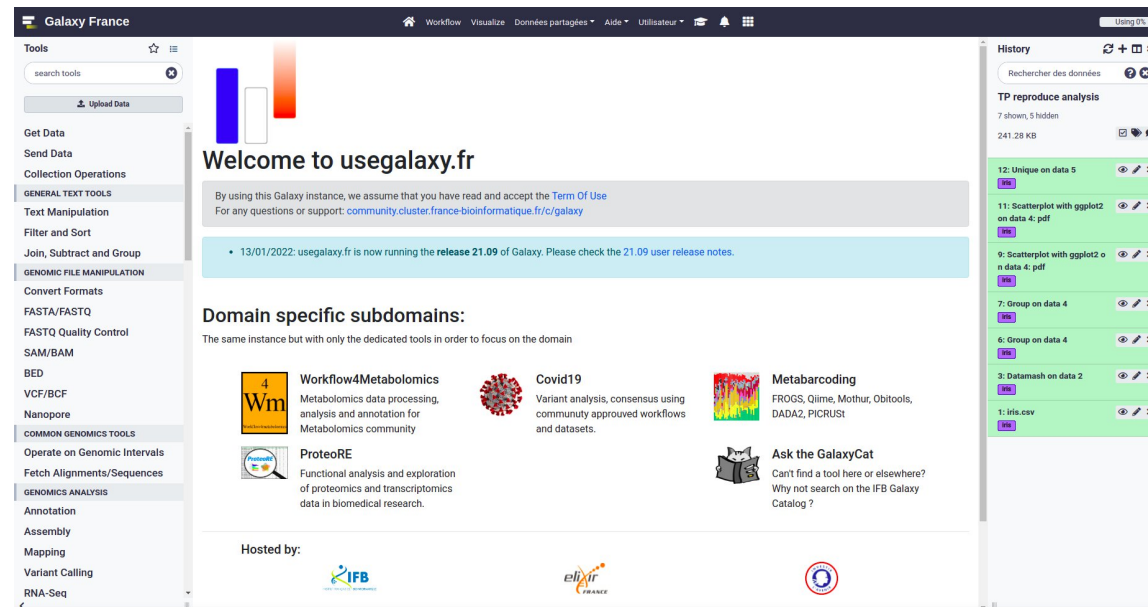
Introduction générale à Galaxy



Qu'est ce que Galaxy?



- Galaxy est une application WEB pour l'analyse de données centrée autour d'applications en biologie



- Galaxy offre un terrain d'entente entre biologistes et bioinformaticiens!

Pourquoi Galaxy?

- “The Galaxy Project: Online bioinformatics analysis for **ALMOST** everyone”
- Permet d’éviter le dogme : bioinformatique = ligne de commande
- Se concentrer sur la question biologique et l’analyse et pas sur la syntaxe et l’installation des outils
- Permet de chaîner des outils pour créer des workflows
- Permet de suivre et d’archiver toutes analyses
- Reproductibilité accrue
- Partage facilité

Connexion à une instance Galaxy

De nombreuses instances publiques existent.

- <https://usegalaxy.org/>
- <https://usegalaxy.fr/>
- <https://usegalaxy.eu/>
- ...

Il existe également des instances spécialisées avec des outils thématiques (métabolomique, Single Cell, plantes...)

Galaxy France

Workflow Visualize Annotations Histories Jobs Collections

Using 0%

PARAMETRAGE DE L'OUTIL

OUTILS

Chargement des données

Upload Data

En cliquant vous ouvrez la catégorie

AIDE DE L'OUTIL

Execute

TIP: If your data is not TAB delimited, use Text Manipulation->Convert

What it does

You can enter any value and it will be added as a new column to your dataset

Example

If you original data looks like this:

```
chr1 10 100 geneA
chr2 200 300 geneB
chr2 400 500 geneC
```

Typing + in the text box will generate:

```
chr1 10 100 geneA +
chr2 200 300 geneB +
chr2 400 500 geneC +
```

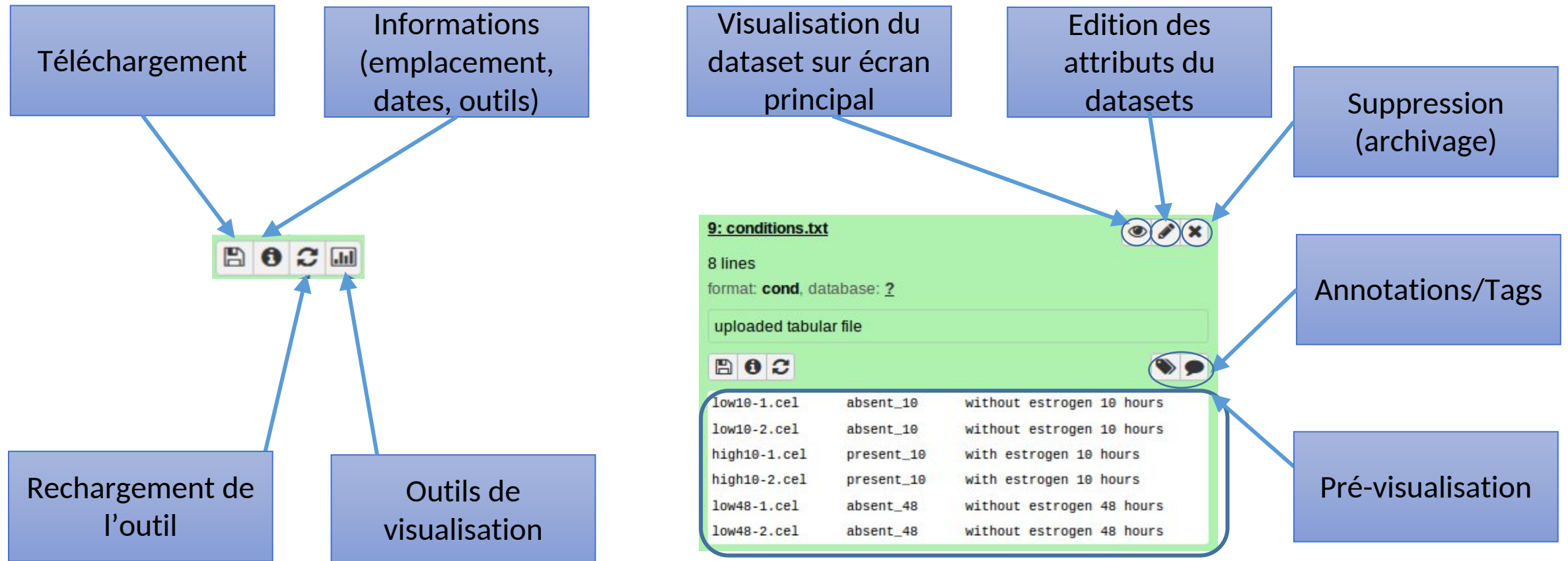
You can also add line numbers by selecting **Iterate: YES**. In this case if you enter **1** in the text box you will get:

```
chr1 10 100 geneA 1
```

Options de l'historique

HISTORIQUE

Datasets



Statuts des datasets

En file d'attente



En cours d'exécution



Fini avec succès



Fini en erreur



🕒 **6: Compute on data 1**   

⌚ **7: Compute on data 1**   

7: Compute on data 1   

 **9: Bar chart on data 8**   

error

An error occurred with this dataset:

Traceback (most recent call last):

File "/usr/local/galaxy/galaxy-dist/tools/pl

import Gnuplot, Gnuplot.funcutils

ImportError: No module named Gnuplot

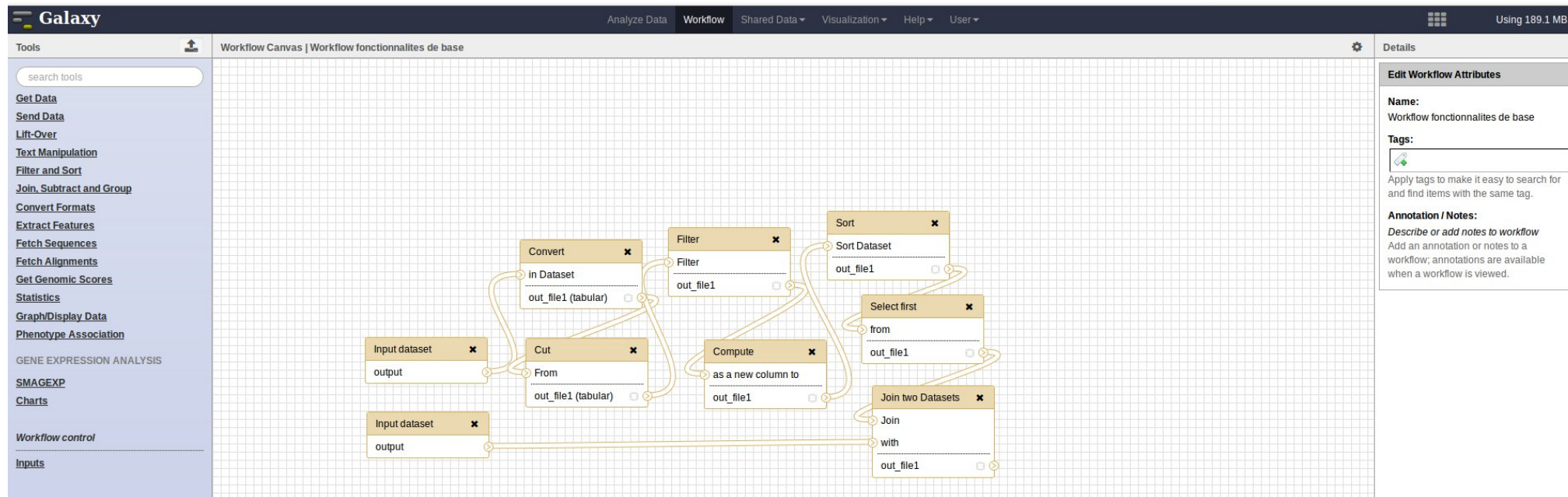
Les formats de fichiers (datatypes)

- Des formats génériques :
 - format tabulé, Excel, HTML, xml, jpg, zip...
- Des formats standard de bioinformatique :
 - FASTQ, FASTA, SAM/BAM, bed, GFF...

Les outils

- Des outils « génériques »
 - manipulation de fichiers texte, tableur...
- Des outils standard de bioinformatique
 - outils de DNA-seq, RNA-seq, ChiP-seq, identification de variants, métagénomique...
- De nombreux outils installables depuis le Toolshed (~App store)
 - 9253 outils disponibles au 24/11/2022

Les workflows



- Automatisation d'analyses répétitives
- Permet de standardiser des pipelines d'analyses
- Facilité de partage
- Facilité de reproductibilité