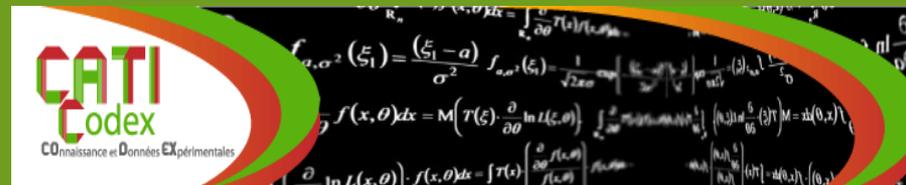


Galaxy

Jean-Claude Boulet & Virginie ROSSARD & Eric Latrille

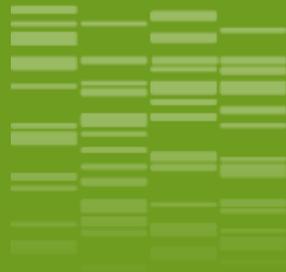
AG CATI CODEX





Plan

- 1. Présentation**
- 2. Workflow**
- 3. Installation d'un serveur Galaxy**
- 4. TP**



Projet CheMOOCs

16-11-2015



Projet

CheMOOCs

- ✓ Financé par Agropolis Fondation (référence ID 1401-05)
- ✓ Programme « Investissements d'avenir »
- ✓ Labex-Agro : ANR-10-LABX-0001-01
- ✓ La chimiométrie pour tous : principes et outils
- ✓ Partenaires :

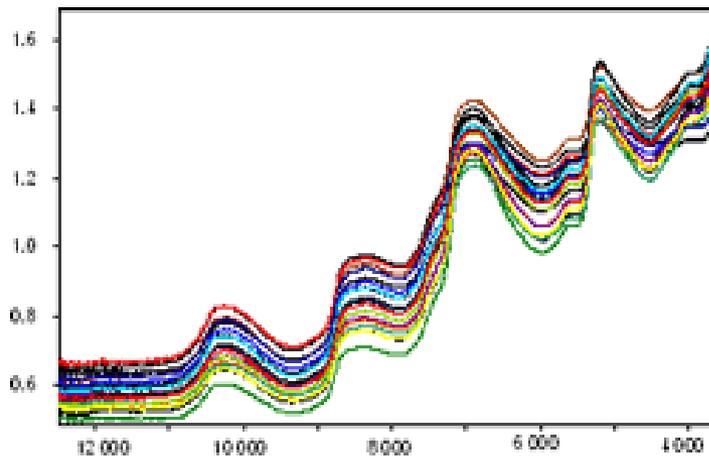


Chimiométrie

Definition (International Chemometric Society):

La chimiométrie est la science mettant en relation des mesures faites sur un système chimique ou un procédé avec l'état de ce système ou procédé, en utilisant des méthodes mathématiques ou statistiques.

Pratique :



Prédictions :

- Quantitatives

ex : taux de gluten

- Qualitatives

Ex : pays de provenance

3 piliers



MOOC
Massive Open Online Courses



Boite à outils



Base de données

Accueil - A propos de FUN

FUN-MOOC

Le Groupement d'Intérêt Public (GIP) FUN-MOOC est l'opérateur de la plateforme FUN.

Ses missions sont les suivantes :

- Accompagner le développement des formations tirant pleinement profit du levier numérique et accessibles au plus grand nombre
- Inciter à placer le numérique au cœur du parcours étudiant et des métiers de l'enseignement supérieur et de la recherche
- Offrir des moyens et services mutualisés en soutien aux initiatives numériques des établissements
- Promouvoir la visibilité de l'offre française de formations et ressources numériques

FUN, la plateforme en quelques mots

Nous avons plus de 50 partenaires en France et à travers le monde. Ils font partie des meilleurs établissements d'enseignement supérieur et nous leur permettons de diffuser la connaissance au plus grand nombre.

Et ce n'est qu'un début car les chiffres parlent par eux-mêmes : 1 million d'inscriptions à 150 cours disponibles !

Grâce à l'union et les efforts de nos établissements partenaires, nous proposons un vaste catalogue de cours qui s'enrichit de jour en jour avec des thématiques variées et d'actualité.

Notre catalogue est composé de cours conçus par des professeurs d'[universités et d'écoles françaises](#) et par leurs [partenaires académiques internationaux](#). Les étudiants et internautes peuvent les suivre de **manière interactive et collaborative et à leur rythme**.

Nos origines

Lancée par le [Ministère de l'Enseignement Supérieur et de la Recherche](#) en octobre 2013, cette initiative vise à fédérer les projets des universités et écoles françaises pour leur donner une visibilité internationale.

Le catalogue de cours disponibles s'est continuellement enrichi pour proposer une variété de formations répondant aux besoins de tous les publics. Nous sommes partis d'une offre d'une dizaine de cours sur quelques thématiques. Nous avons maintenant une couverture très complète des thématiques et une offre de 150 cours dont certains se sont rejoués quatre fois.

Nous nous sommes appuyés dès le début sur trois acteurs clés :

- [Le CINES](#)
- [L'Inria](#)
- et [Renater](#)

FUN-MOOC est désormais un Groupement d'Intérêt Public (GIP) co-financé par ses établissements membres et le ministère.

A vous!

Tout cela nous le faisons pour vous, pour la diffusion de la connaissance et la formation tout au long de la vie.

Alors inscrivez-vous si cela n'est pas déjà fait, faites-vous plaisir (l'acronyme FUN n'est pas pour rien), et conseillez à d'autres de s'inscrire !

Exemples de MOOC



SESSION 3

Fondamentaux pour le Big Data
Institut Mines-Télécom

📅 Débuté
07 Dec 2015

[En savoir plus](#)



SESSION 4

Principes des réseaux de données - session 04
Institut Mines-Télécom

📅 En cours
17 Sep 2015

[En savoir plus](#)



NOUVEAU COURS

Bioinformatics: Genomes and Algorithms
Inria

📅 En cours
02 Nov 2015

[En savoir plus](#)



SESSION 1

Arithmétique : en route pour la cryptographie
Université Lille 1

📅 Terminé
05 May 2015

[En savoir plus](#)



SESSION 3

Introduction à HTML5 - Animations et jeux
Groupe INSA

📅 En cours
14 Sep 2015

[En savoir plus](#)



SESSION 4

Introduction à la statistique avec R
Université Paris-Sud

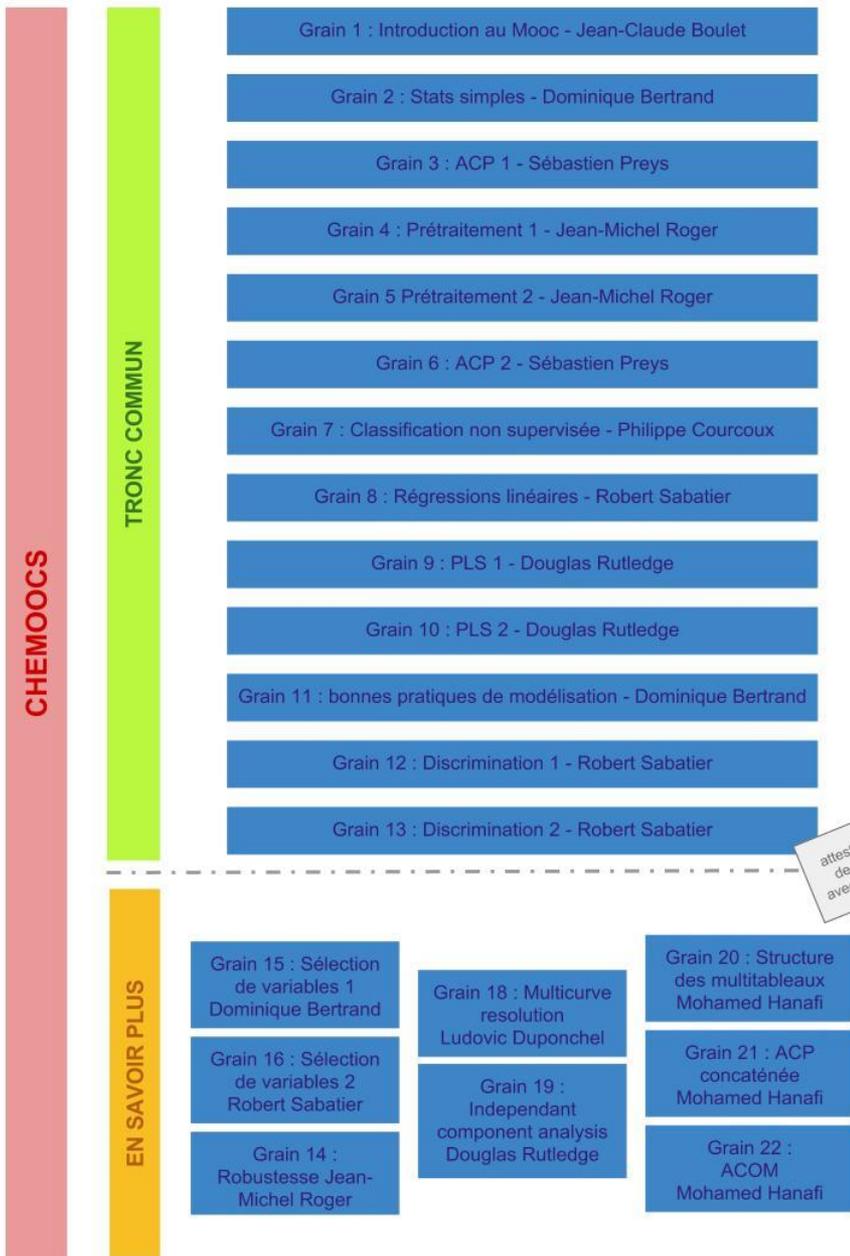
📅 Terminé
25 Oct 2015

[En savoir plus](#)

Pédagogie

- ✓ Des grains
 - ✓ Une vidéo (10')
 - ✓ Des exercices
- ✓ Une animation (ex: forum) pour créer une dynamique
- ✓ Une évaluation
- ✓ Durée limitée : 4 à 6 semaines

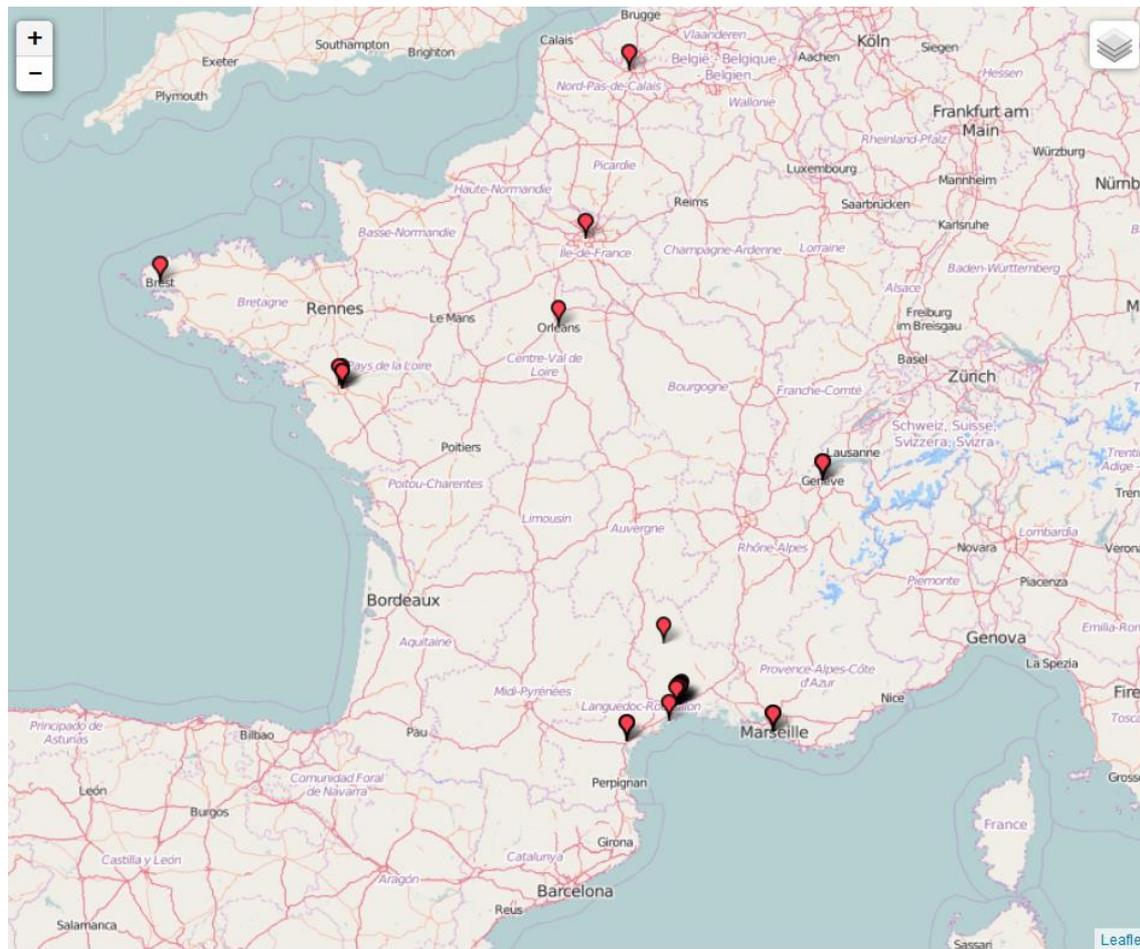
Les inscrits se comptent en milliers



Contributeurs

- ✓ **Coordinateurs :**
Cécile Tredaniel
- ✓ **Réalisateurs :**
Christian Resche
+ équipe Supagro-
Florac
- ✓ **Expert MOOC :**
Christophe Lebegue

Plusieurs outils :
Unscrambler,
PLS-Toolbox,
Matlab, R, Scilab



- | | | | |
|-----------------------|------------------------|-----------------------|----------------------|
| 1. AMAT Sandrine | 7. DUPONCHEL Ludovic | 13. LIJOUR Yves | 19. ROSSARD Virginie |
| 2. BERTRAND Dominique | 8. DUPUY Nathalie | 14. HANAFI Mohamed | 20. RUDAZ Serge |
| 3. BOCCARD Julien | 9. ECARNOT Martin | 15. PREYS Sébastien | 21. RUTLEDGE Douglas |
| 4. BOIRET Mathieu | 10. JAIL LAIS Benoît | 16. RESCHE Christian | 22. SABATIER Robert |
| 5. BOULET Jean-Claude | 11. LATRILLE Eric | 17. REYNES Christelle | 23. TREDANIEL Cécile |
| 6. COURCOUX Philippe | 12. LEBEGUE Christophe | 18. ROGER Jean-Michel | 24. VIVIEN Myrtille |

Outil initial

boîte à outils FACT sous Scilab

✓ Cahier des charges :

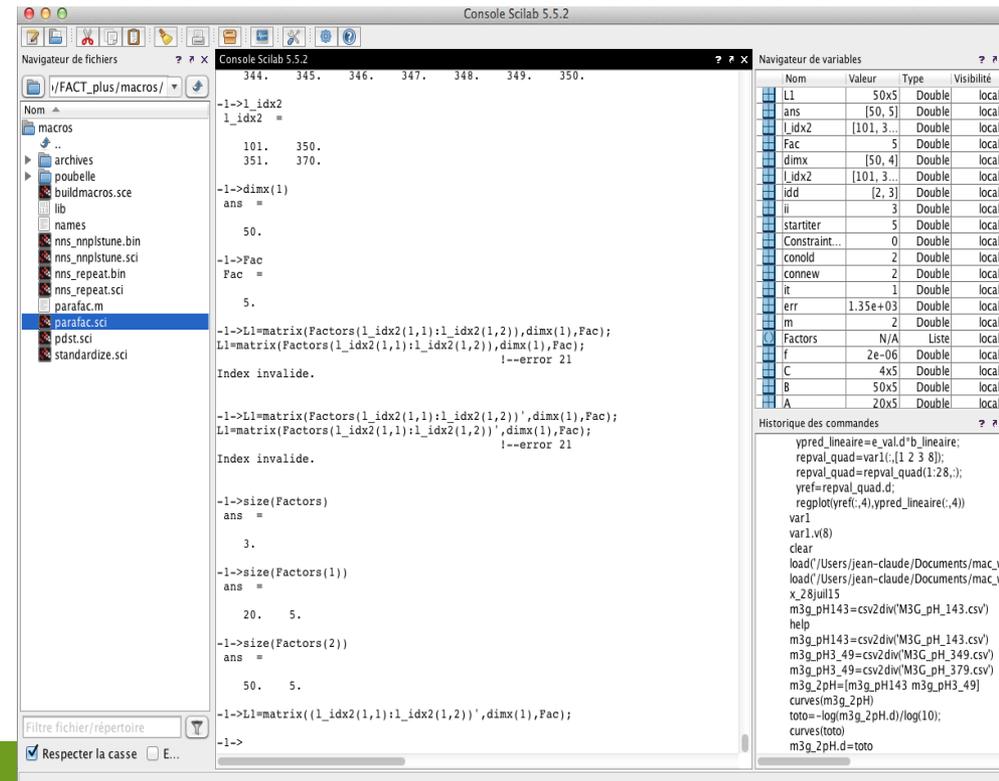
- ✓ Gratuit
- ✓ Contient les méthodes présentées dans le MOOC
- ✓ Facile à utiliser : accès installation
- ✓ Facile à utiliser :
compréhension

✓ Groupe de travail :

- ✓ Jean-Michel Roger
- ✓ Jean-Claude Boulet
- ✓ Eric Latrille
- ✓ Virginie Rossard
- ✓ Fabien Gogé

✓ Expert informatique

- ✓ Pascal Neveu



The screenshot shows the Scilab 5.5.2 interface with a file browser on the left, a central console window, and a variable browser on the right. The console displays the following code and its output:

```

-1->l_idx2
l_idx2 =
    101.    350.
    351.    370.

-1->dimx(1)
ans =
    50.

-1->Fac
Fac =
    5.

-1->L1=matrix(Factors(l_idx2(1,1):l_idx2(1,2)), dimx(1), Fac);
L1=matrix(Factors(l_idx2(1,1):l_idx2(1,2)), dimx(1), Fac);
Index invalide.
!--error 21

-1->L1=matrix(Factors(l_idx2(1,1):l_idx2(1,2)), dimx(1), Fac);
L1=matrix(Factors(l_idx2(1,1):l_idx2(1,2)), dimx(1), Fac);
Index invalide.
!--error 21

-1->size(Factors)
ans =
    3.

-1->size(Factors(1))
ans =
    20.    5.

-1->size(Factors(2))
ans =
    50.    5.

-1->L1=matrix((l_idx2(1,1):l_idx2(1,2)), dimx(1), Fac);
-1->
  
```

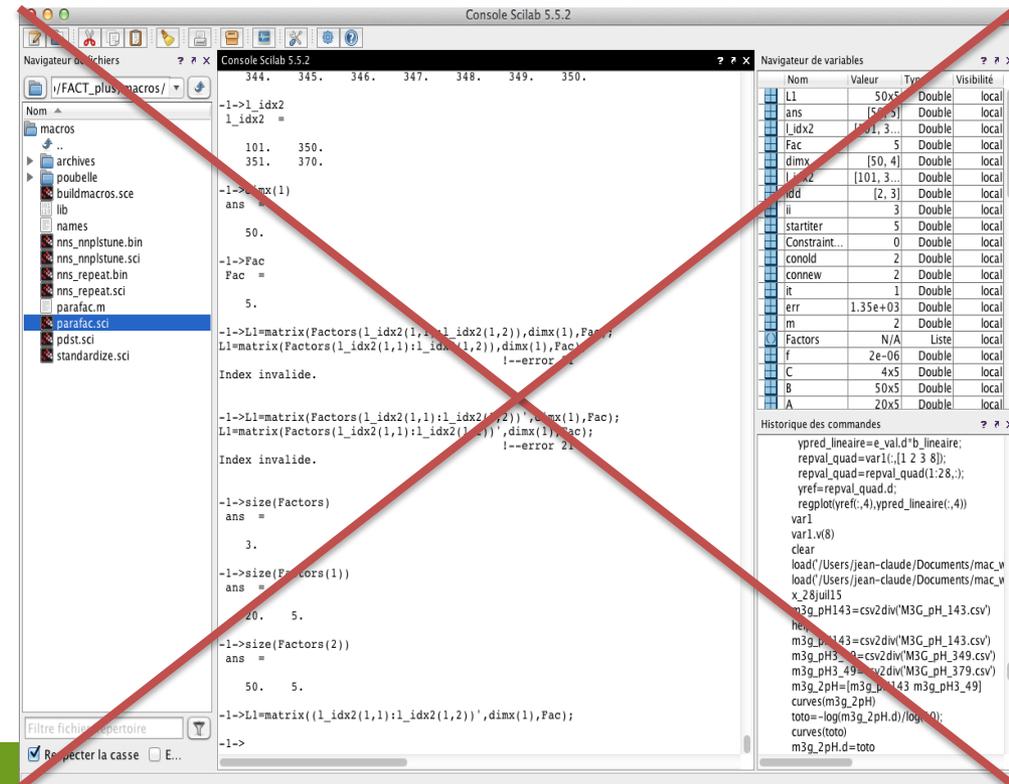
The variable browser on the right shows a list of variables with their names, values, types, and visibility. The 'Historique des commandes' (Command History) panel at the bottom right shows the executed commands and their results.

Outil initial

boîte à outils FACT sous Scilab

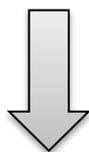
✓ Cahier des charges :

- ✓ Gratuit
- ✓ Contient les méthodes présentées dans le MOOC
- ✓ Facile à utiliser : accès installation
- ✓ Facile à utiliser : code



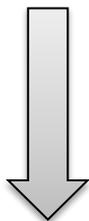
Galaxy

Inpressions

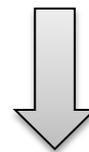


Totalement inutile (pour nous)

- ✓ Énormément d'outils, aucun adapté à nos applications



JDEV2015



Grosses possibilités

- ✓ Programmer sans ligne de commande
- ✓ Utilisation de plusieurs langages
- + Gratuit
- + Interfaces web / connectivité
- + Workflow
- + Grosse communauté

- ✓ Substitution des outils initiaux par les outils de chimiométrie

Notre Galaxy

Version 01/11/2015

Galaxy Analyze Data Workflow Shared Data Visualization Admin Help User Using 124.8 MB

Tools search tools

Get Data
PCA
calculates a PCA

Pretreatments
applies Detrend
applies Savitsky-Golay
applies Standard Normal Variate

Data visualization
see spectra
see observations 2D
Bar chart for multiple columns
Boxplot of quality statistics

Orthogonal Projections
Deconvolutions
Multitable/Multiway Analysis
Classifications
Regressions
calculates a PLS Regression
applies a regression model to a new set of spectra
see references vs predictions

Workflows
chemometric workflows

Chemooocs:
a Galaxy version dedicated to chemometrics

Galaxy is an open, web-based platform for data intensive biomedical research. The Galaxy team is a part of BX at Penn State, and the Biology department at Johns Hopkins University. The Galaxy Project is supported in part by NHGRI, NSF, The Huck Institutes of the Life Sciences, The Institute for CyberScience at Penn State, and Johns Hopkins.

python

Scilab

R

Fichiers :
.xml
.csv
.png

History search datasets
Unnamed history
6 shown, 25 deleted, 6 hidden
11.4 MB

- 37: plot of observations
- 36: eigenvalues, p.cent
- 35: eigenvectors
- 34: scores
- 8: YNIR.csv
- 7: XNIR.csv

```
import sys,random
```

Ex :PARAFAC

```
""" configuration d'Octave """
from oct2py import Oct2Py;
oct=Oct2Py('/usr/bin/octave')
""" ajout du path pour la boite a outils """
oct.eval("addpath('/home/icb/galaxy-
master/tools/chemoocs/matlab/nway331')")

""" configuration de Scilab """
from scilab2py import Scilab2Py
sci=Scilab2Py('scilab')
""" execution de la bonne fonction csv: separateur champ = ','
separateur decimal = '.' """
sci.eval("exec('~\galaxy-
master/tools/chemoocs/scilab/glx_xstruct2xml.sci', -1)")
sci.eval("exec('~\galaxy-
master/tools/chemoocs/scilab/glx_xml2xstruct.sci', -1)")

def stop_err( msg ):
    sys.stderr.write( msg )
    sys.exit()
def __main__():
    """ lecture des parametres et ajustement du format """
    input2=int(sys.argv[2])
    input3=float(sys.argv[3])
    input4=int(sys.argv[4])
    input5=int(sys.argv[5])
    input6=int(sys.argv[6])
    """ passage des arguments dans Scilab et execution """
    """ scilab cherche le fichier .xml de Galaxy et le sauvegarde au format
Matlab """
    sci.push('file1',sys.argv[1])
    sci.push('out1', sys.argv[7])
    sci.eval('x=glx_xml2xstruct(file1);')
    sci.eval("savematfile('/home/icb/galaxy-
master/tools/chemoocs/matlab/killme.mat','x', '-v7') ")
```

```
""" passage des arguments dans Octave """
```

```
oct.push('file', sys.argv[1])
oct.push('nbrcomp', input2)
oct.push('converg', input3)
oct.push('init', input4)
oct.push('max_iters',input5)
oct.push('constr', input6)
oct.push('def_params',[0.000001,0,0,0,0,2500])
```

```
""" chargement des donnees et des arguments dans Octave """
```

```
oct.eval("load('/home/icb/galaxy-master/tools/chemoocs/matlab/killme.mat','-
v7');")
oct.eval('def_params(1)=converg;')
oct.eval('def_params(2)=init;')
oct.eval("def_params(6)=max_iters;")
oct.eval("constr2=constr*ones(1,3);")
oct.eval("if constr==1, constr2(1)=0; end ")
""" x est une structure ; mise au format hypermatrice => x2 """
oct.eval("n=length(fieldnames(x));")
oct.eval("[ni,qj]=size(x.plan1);")
oct.eval("x2=zeros(ni,qj,n);")
oct.eval("for i=1:n; name=sprintf('%s%s','plan',num2str(i)); name2=sprintf('x.
%s',name); eval(sprintf('x2(:,:,i)=%s;',name2));end")
""" application de Parafac """
oct.eval("res=parafac(x2,nbrcomp,def_params,constr2); clear x;")
""" valable uniquement pour les matrices 3D: """
oct.eval(" for i=1:3; name=sprintf('%s%s','plan',num2str(i)); name2=sprintf('x.
%s',name); eval(sprintf('%s=res{i}',name2)); end ")
""" sauvegarde par Octave au format Matlab """
oct.eval("save /home/icb/galaxy-master/tools/chemoocs/matlab/killme.mat x")
""" ecriture au format xml par Scilab """
sci.eval("loadmatfile('/home/icb/galaxy-
master/tools/chemoocs/matlab/killme.mat','x')")
sci.eval("glx_xstruct2xml(x,out1)")
sci.eval("deletefile('/home/icb/galaxy-
master/tools/chemoocs/matlab/killme.mat')")

if __name__ == "__main__" : __main__()
```

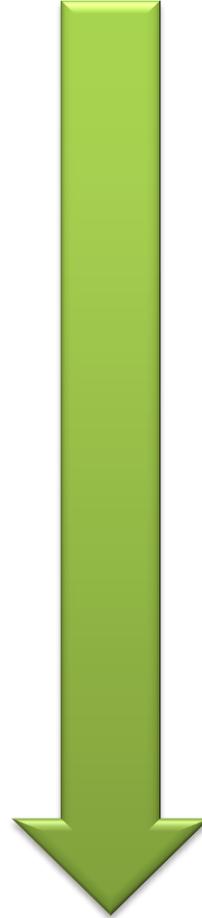
Echéancier

Novembre 2014 à Avril 2016

Mai à Juin 2016

Juillet à Août 2016

Septembre à novembre 2016



- construction du MOOC
- implémentation de Galaxy
- validation des méthodes
- robustification

- Test du MOOC + Galaxy

- Dernières corrections

- Lancement sur FUN

Questions

Format des fichiers

Download data directly from web or upload files from your disk

You added 1 file(s) to the queue. Add more files or click 'Start' to proceed.

Name	Size	Type	Genome	Settings	Status
XNIR.csv	1.2 MB	Auto-det... Auto-detect ab1 affybatch arff asn1 asn1-binary axt bam ...	unspecified (?)		

Type (set all): Auto-detect Genome (set all): unspecified (?)

- Inutile à supprimer

- Supprimer des formats spécifiques à la bioinformatique
- Ajouter les formats chimométriques ex : envi, mat

Questions

Graphiques

- Interactivité : semble impossible
- Choix d'un éditeurs : Matplotlib (Python) ?
- Ou plusieurs éditeurs ?

Diffusion

Machine virtuelle :

- Virtual Box
- Docker ?

Questions

Gains de temps

- Processus extrêmement long !
- Cause : lecture / écriture de fichiers, ouvertures de logiciels
- Pistes d'améliorations :
 - Ouvrir Scilab / Octave/ R une seule fois ?
 - Calculs parallèles ?
 - Autres ?

Finalités

1. Enseignement via le MOOC
2. Diffusion + évaluation de nouvelles méthodes
3. Garantie de la qualité et l'interopérabilité des outils

Conclusion

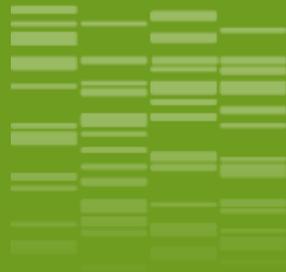
Printemps 2015



Automne 2015



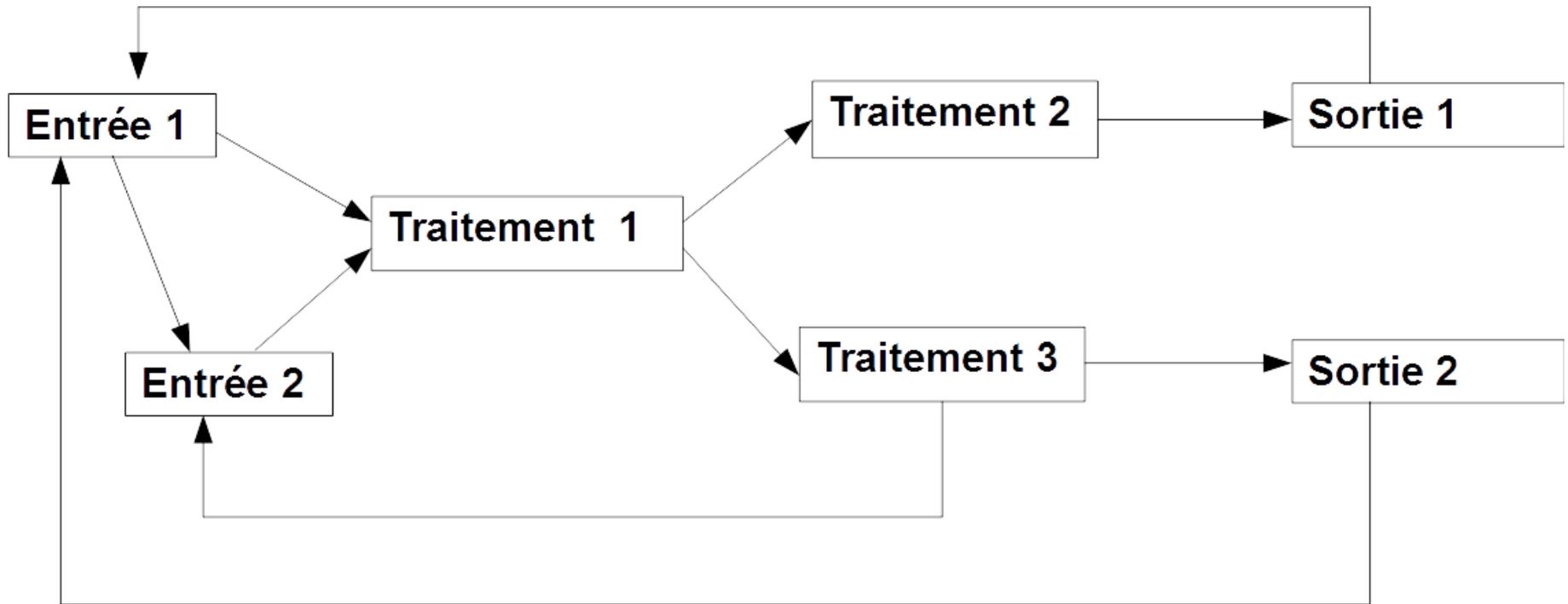
Outil évolutif
Extrêmement intéressant
Même pour la non bio-informatique !



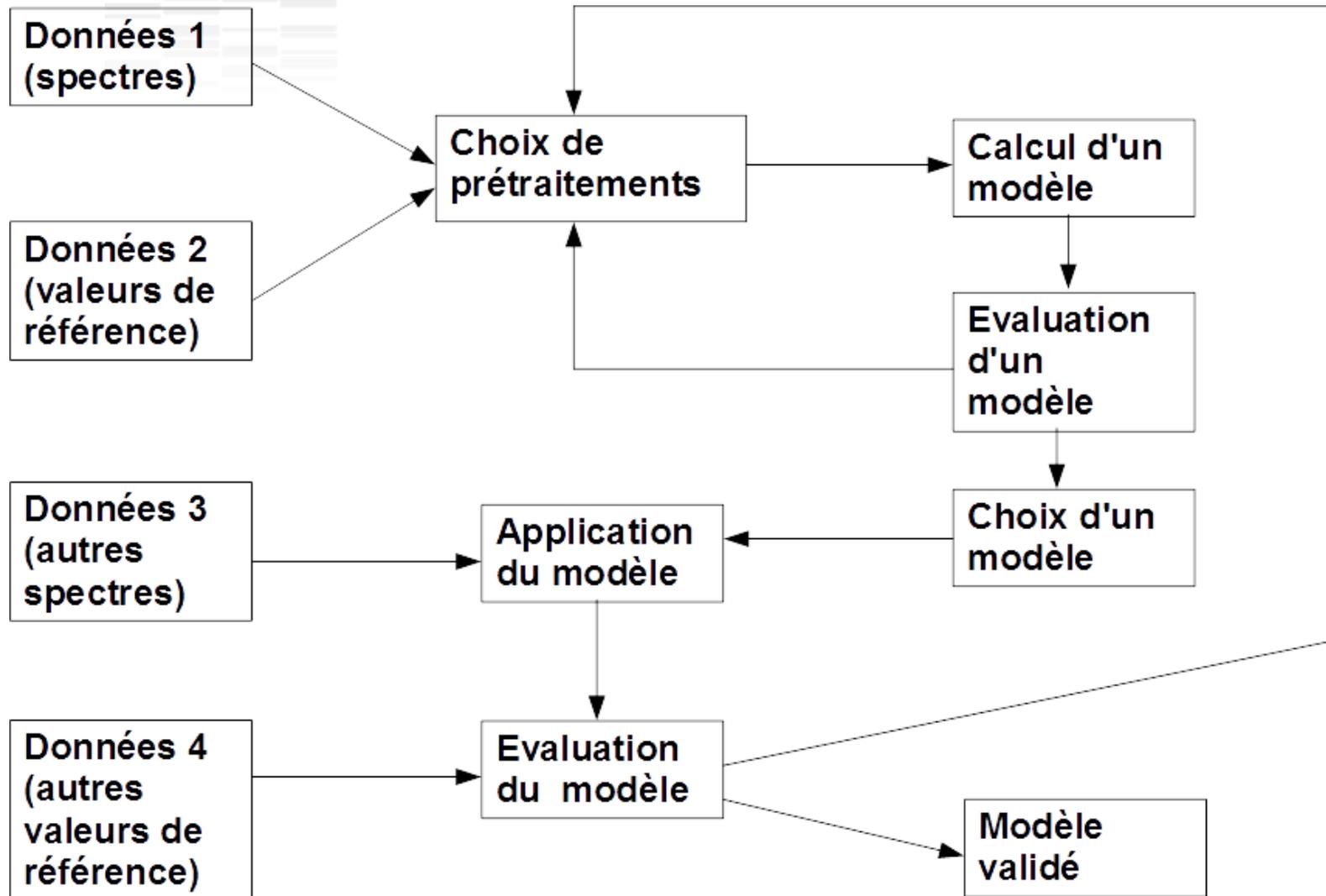
Workflow dédié à la chimiométrie

Définition

- ✓ Modélisation et automatisation de flux d'information
- ✓ Enchaînement automatisé des différentes opérations et étapes de validation d'une tâche plus ou moins complexe



Exemple en chimiométrie



Choix d'un workflow

Source
« Internet »

Source
« P. Neveu »



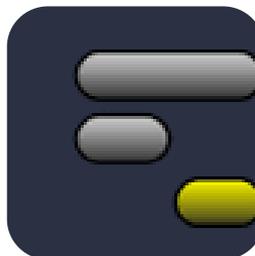
Langage
- Taverna
- YAWL



Open Alea
+ développeur / MPL (C. Pradal)
+ interface graphique
- Pas d'interface
- Petite communauté (suivi?)



Solutions développées
- Knime



Galaxy
+ simple d'utilisation
+ complet
+ grosse communauté



MobyLe
con évalué, plutôt construction ?

Exemple de Workflow sous Galaxy

Galaxy Analyze Data Workflow Shared Data Visualization Admin Help User Using 131.2 MB

Tools Workflow Canvas | simplePLS

search tools

- Get Data
- Data management
- Plot figures
- PCA
- Pretreatments
- Orthogonal Projections
- Regressions
- Discriminations
- Deconvolutions
- Multitable/Multiway Analysis
- Fasta

Workflow control

Inputs

```
graph LR; I1[Input dataset] --> S1[applies Savisky-Golay]; I2[Input dataset] --> S1; S1 --> C[calculates a PLS Regression]; S1 --> A[applies a regression model to a new set of spectra]; S1 --> R[see references vs predictions]; I3[Input dataset] --> C; I4[Input dataset] --> C; C --> A; A --> R; I5[Input dataset] --> R;
```

Details

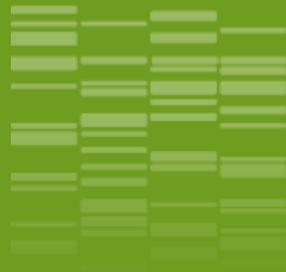
Edit Workflow Attributes

Name:
simplePLS

Tags:

Apply tags to make it easy to search for and find items with the same tag.

Annotation / Notes:
Describe or add notes to workflow
Add an annotation or notes to a workflow; annotations are available when a workflow is viewed.



Installation d'un serveur Galaxy



Préparation VM

Installation d'Ubuntu

- ✓ Ajouter l'image iso d'Ubuntu dans VB/stockage/contrôleur IDE puis démarrer la VM
- ✓ Choisir toutes les valeurs par défaut. ATTENTION disque min de 15Go. RAM 2Go.
- ✓ utilisateur : user mdp : mdp
- ✓ Arrêter la VM

Clavier QWERTY en AZERTY

- ✓ Démarrer la VM
- ✓ En console taper : `setxkbmap fr`
- ✓ Eteindre

Préparation VM

Taille d'écran

L'écran d'Ubuntu dans Vbox est de petite taille. Pour le rendre normal, il faut installer guest additions.

Il faut d'abord installer dkms :

→ `sudo apt-get install dkms`

Puis :

→ Ajouter dans VB/stockage/controlleur IDE l'image iso depuis l'installation de VirtualBox exemple de `/VboxGuestAdditions.iso`

Puis redémarrer VirtualBox

→ Copier `/media/user/VBoxLinuxAdditions-amd64.run` dans un répertoire, p.ex. Documents ou `/home/user/`

→ Console : aller dans ce répertoire et taper : `sudo sh VBoxLinuxAdditions.run`

→ Redémarrer : l'écran doit maintenant être normal (pas petit).

Supprimer le répertoire contenant `VBoxlinuxAdditions`

Installation applications pour Galaxy

Scilab

- ✓ Télécharger le fichier compressé, le décompresser là on veut qu'il soit accessible
- ✓ Depuis scilab-5.5.2 p.ex., taper : `./bin/scilab`
- ✓ Installation d'apt-file puis mettre à jour

```
sudo apt-get install apt-file  
apt-file update
```

Mise à jour du path : dans `.bashrc`

```
PATH=$PATH:/home/jcb/Documents/scilab-5.5.2/bin
```

Installation applications pour Galaxy

GCC

- ✓ Installation de GCC 4.7 :

```
sudo apt-get install gcc-4.7
```

- ✓ Changer de version (4.8 par défaut) (ne semble pas améliorer) :

```
sudo rm /usr/bin/gcc
```

```
sudo ln -s /usr/bin/gcc-4.7 /usr/bin/gcc
```

- ✓ Installation de Python, Scipy, Numpy, Scilab2py :
- ✓ Python est déjà actif par défaut dans Ubuntu

Installation applications pour Galaxy

Python

✓ Numpy

```
sudo apt-get install python-pip
sudo apt-get install python-dev
sudo pip install numpy
```

✓ Scipy

```
sudo apt-get install libatlas-base-dev gfortran
sudo apt-get install python-scipy
```

✓ Scilab2py

```
pip install scilab2py
```

Installation applications pour Galaxy

Boite à outil FACT « Free Access Chemometric Toolbox » de Scilab

- ✓ Ouvre Scilab et vérifie qu'il s'affiche les lignes suivantes dans la console:
« Initialisation :
Chargement de l'environnement de travail »
- ✓ Free Access Chemometric Toolbox (FACT) version 0.6
getting started at: <http://atoms.scilab.org/toolboxes/FACT>
 - Load macros
 - Load gateways
 - Load Java libraries
 - Load help

Installation applications pour Galaxy

Boite à outil FACT « Free Access Chemometric Toolbox » de Scilab

- ✓ Sinon, depuis Scilab, tu vas dans "Applications / Gestionnaire de modules Atoms", et tu choisis FACT-Free Access Chemometric Toolbox que tu installes.

Octave

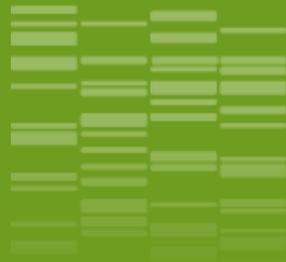
```
apt-get install octave  
pip install oct2py
```

R

```
sudo apt-get install r-base r-base-core r-base-dev  
sudo apt-get install python-rpy2
```

Installation de Galaxy

- ✓ Console : aller dans le répertoire où on veut installer Galaxy.
 - `sudo apt-get install git` (installation de git)
 - `sudo git clone https://github.com/galaxyproject/galaxy`



TP

Suite à la formation Galaxy organisée par G4B à Montauban du 2 au 5 novembre (suivi par VR)

Préparation VM

Installation d'un logiciel de virtualisation

- ✓ [VirtualBox](#) version 5
- ✓ VirtualBox est un logiciel de Virtualisation de système d'exploitation, qui permettra de faire tourner un système Linux (Ubuntu) pré-installé avec les logiciels CHEMOOCS ainsi que les données nécessaires au TP.

A vérifier BIOS

Activer dans votre BIOS (onglet « Advanced ») la case « VT », Virtualisation Technologique.

Préparation VM

Importation de la VM dédié à ce TP

1. [Téléchargez le fichier « OVA »](#) de la machine virtuelle.
2. Lancer VirtualBox
3. Choisissez l'item « Importer application virtuelle » du menu fichier et choisissez le fichier « OVA » , cliquez sur suivant.
4. Vous pouvez changer le nom de votre machine virtuelle
5. Si vous avez moins de 4 Go de mémoire sur la machine hôte, changez la valeur de l'item « Mémoire vive » à 2048 Mo.
6. Vérifier que votre contrôleur USB est désactivé (configuration de votre machine virtuelle -> USB -> décocher la case activer).

Préparation VM

MAC

- ✓ Le réglage par défaut est celui d'un clavier PC. Les utilisateurs Mac doivent cliquer sur l'icône en forme de clavier dans le bandeau en haut, puis choisir l'item « Français macintosh » .
- ✓ Par défaut, dans la machine virtuelle, le clavier et la souris sont en « mode capture », c'est -à dire que vous ne pouvez plus interagir avec le système hôte. Pour sortir de ce mode, il faut utiliser la « host key ». Par défaut c'est la touche contrôle droite (touche commande ⌘ sous Mac).

Préparation VM

Accès au disque dur de la machine hôte (optionnel)

- ✓ Cliquer sur l'icône en forme de dossier en bas de la fenêtre VirtualBox, choisir l'item « dossier partagés ». Ajouter à l'aide de la boîte de dialogue le dossier à partager de la machine hôte, sélectionner les items « Sélection automatique » et « Configuration permanente ». Cliquer sur « Ok ».
- ✓ Redémarrer la machine virtuelle (item « Éteindre » du menu en forme de roue dentée en haut à droite de la fenêtre). Le dossier partagé apparaîtra dans votre machine virtuelle sous le répertoire /media.

Préparation VM

Pour démarrer

1. la lancer en cliquant sur l'icône « Démarrer » de la fenêtre « Gestionnaire de machines ».
2. L'utilisateur du TP a pour login « jcb » et pour mot de passe « chemoocs».
3. Tester sur votre machine virtuelle votre connexion à internet via le navigateur Firefox.
4. Dans un terminal depuis votre repertoire galaxy (cd galaxy-master) : `sh run.sh`
ou en mode démon : `sh run.sh --daemon`
5. Pour stopper : `sh run.sh --stop-daemon`
6. Depuis votre navigateur préféré exemple Firefox taper dans l'URL : `localhost :8080`
7. Vérifier que votre service fonctionne : `ps -edf |grep galaxy`

Manipulation sous Galaxy

Ajouter vous comme utilisateur

1. éditer le fichier config/galaxy.ini (modifier le paramètre admin_users)
2. relancer votre galaxy depuis le terminal
3. depuis l'interface Galaxy déconnectez-vous
4. ensuite vous enregistrez : menu user -> register, enregistrer vous en tant qu'utilisateur avec votre mail du fichier (galaxy/config ; ligne 798 ; rechercher « @supagro ») galaxy.ini (copier votre galaxy.ini.sample en galaxy.ini).

Manipulation sous Galaxy

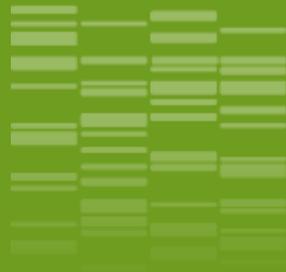
Installer un outil R

1. Cet outil permet de faire des analyses de variance
2. Depuis Galaxy, Menu « Admin » -> Tool Sheds -> Search -> cliquer sur Galaxy Main Tool Shed (pas la flèche).
3. Taper anova puis cliquer sur installer et le mettre dans la section « demo with r ».
4. Télécharger les données d'entrées depuis l'interface Galaxy (menu gauche GetData -> UploadData -> Upload) :
~/shed_tools/.../* .tsv.
5. Remarque : les librairies de R sont déjà téléchargées et les droits utilisateur galaxy ont été modifiés pour que galaxy puisse accéder aux librairies.
6. Puis tester la fonction anova(). Lire la description de la fonction. Dans condition, il faut mettre par exemple : age

Manipulation sous Galaxy

Créer votre fonction R / octave et l'intégrer dans Galaxy

1. Dans `~/galaxy/tools/chemoocs/` créer un fichier `.r` / `.m` et `.xml`
2. Dans `~/galaxy/config/` copier le fichier `tool_conf.xml.sample` en `tool_conf.xml`
3. Fermer le terminal ou vous avez lancer galaxy par la commande `> sh run.sh`. Rouvrir un terminal et relancer le service galaxy. Puis ouvrir votre navigateur et taper dans la barre URL : `http://localhost:8080`



Merci pour votre attention