

# Installer un outil sur votre instance Galaxy depuis le toolshed

Cette documentation détaille la marche à suivre pour installer un outil sur une instance de Galaxy depuis un tool shed. Les tool sheds sont des “app stores” qui peuvent être utilisés pour partager des outils packagés pour Galaxy par la communauté scientifique.

## Autres documents utiles

- la documentation du CRI de l'Université de Lille Sciences et Technologies, qui détaille la procédure générale pour se connecter au cloud, créer une instance, configurer l'accès à l'instance et associer un disque virtuel:  
<http://hpc.univ-lille1.fr/sites/hpc.univ-lille1.fr/files/Calcul/pdf/guide-utilisation-cloud-hpc-universite-lille-gui.pdf>
- la page du cloud bilille, qui accueille l'instance Galaxy: charte d'utilisation, configuration, lexique, documentation,...: <https://wikis.univ-lille1.fr/bilille/calcul>
- la page Galaxy de bilille, pour toutes les autres informations sur Galaxy:  
<https://wikis.univ-lille1.fr/bilille/galaxy>

## Table des matières

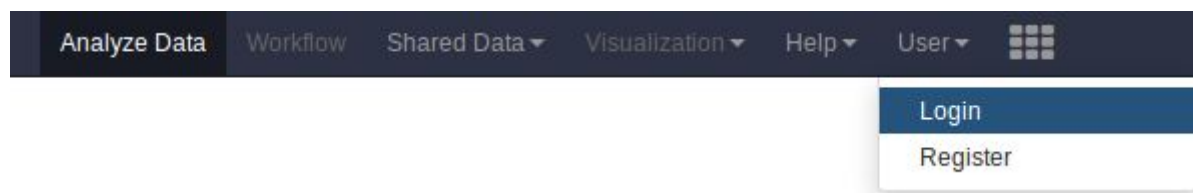
<b>Table des matières</b>	<b>1</b>
<b>1. Se connecter à Galaxy en tant qu'admin</b>	<b>2</b>
<b>2. Accéder à un tool shed</b>	<b>2</b>
<b>3. Chercher un outil</b>	<b>3</b>
<b>4. Sélectionner un outil dans la liste de résultats</b>	<b>4</b>
<b>5. Fin de l'installation</b>	<b>6</b>
<b>6. Aide &amp; support</b>	<b>7</b>



# 1. Se connecter à Galaxy en tant qu'admin

Si vous souhaitez installer sur votre VM Galaxy un outil présent dans le tool shed, vous devez vous connecter en tant qu'admin avec les identifiants suivants :

login : user@bilille.fr / mot de passe : bililleuser



Cliquez sur l'onglet "Admin" qui est apparu dans le menu central.

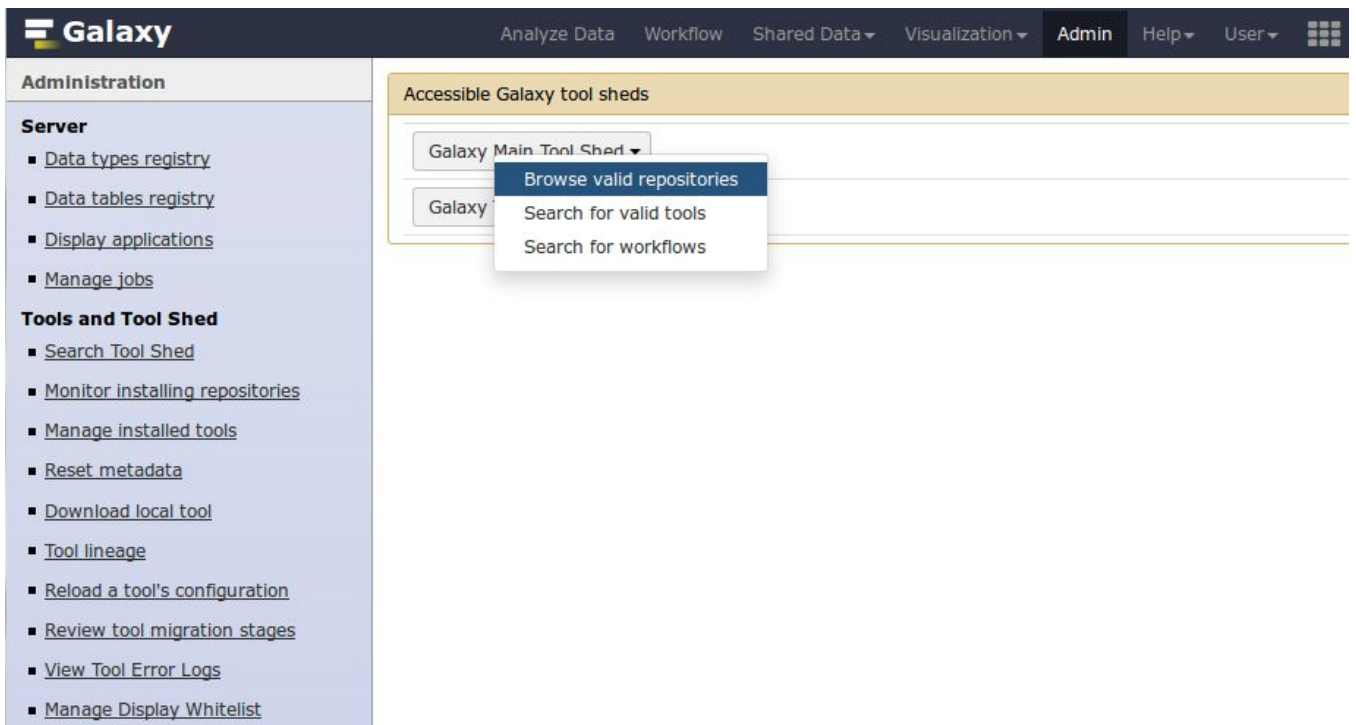
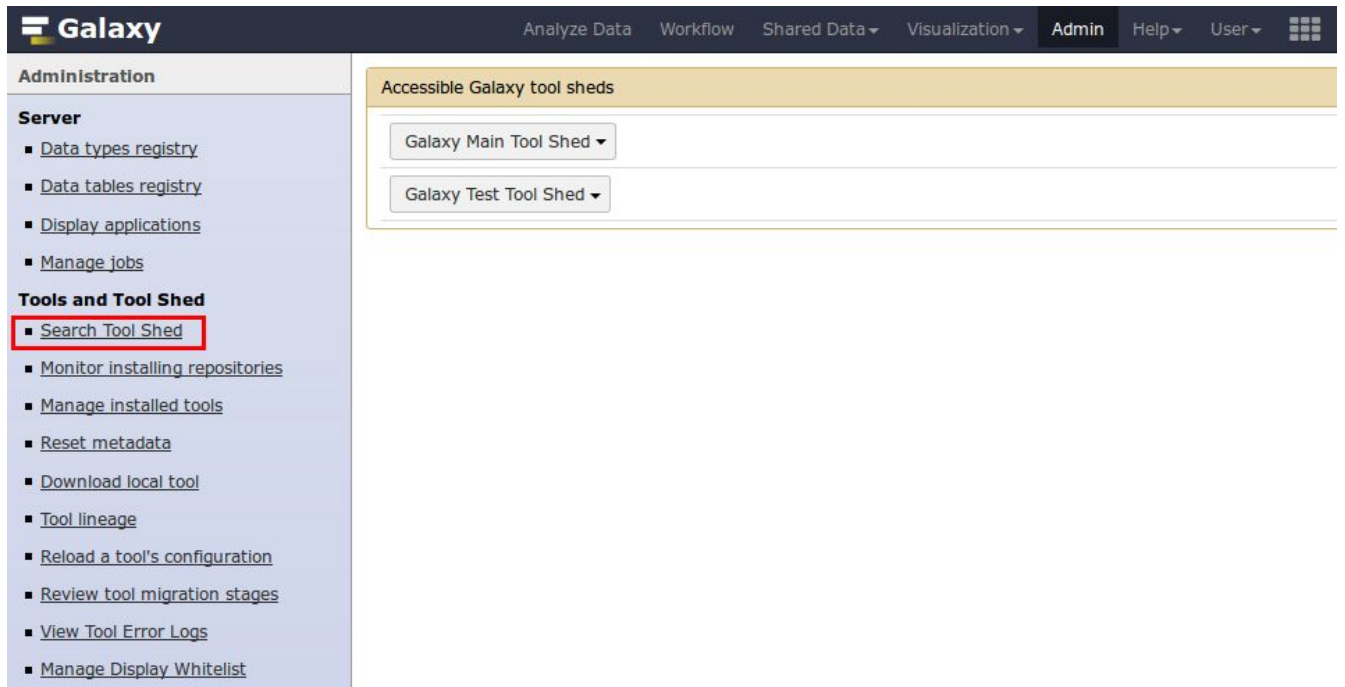


## 2. Accéder à un tool shed

Dans le volet de gauche, cliquez sur "Search tool shed". Vous avez accès à différents toolshed, dont le nombre peut varier selon l'instance choisie. On peut citer notamment :

- le [Main Tool Shed](#), proposé par la Galaxy Team, qui contient des outils jugés suffisamment bons pour être partagés avec la communauté.
- le [Test Tool Shed](#), proposé par la Galaxy Team, qui est plutôt un bac à sable avec des outils non validés par leur propriétaire.
- le [tool shed géré par la plateforme GenOuest](#).

Ouvrez le tool shed de votre choix en cliquant sur "search for valid tools".



### 3. Chercher un outil

Les outils sont classés par catégorie. Vous pouvez explorer les différentes catégories, ou bien faire une recherche par mot-clé.

Galaxy Analyze Data Workflow Shared Data Visualization Admin Help User Using 238.4 MB

Administration

**Server**

- Data types registry
- Data tables registry
- Display applications
- Manage jobs

**Tools and Tool Shed**

- Search Tool Shed
- Monitor installing repositories
- Manage installed tools
- Reset metadata
- Download local tool
- Tool lineage
- Reload a tool's configuration
- Review tool migration stages
- View Tool Error Logs
- Manage Display Whitelist

**User Management**

- Users
- Groups
- Roles
- API keys

**Data**

- Data libraries
- Local data

**Form Definitions**

- Form definitions

### Categories of Valid Repositories by Category

Name	Description	Valid repositories
<a href="#">Assembly</a>	Tools for working with assemblies	96
<a href="#">ChIP-seq</a>	Tools for analyzing and manipulating ChIP-seq data.	51
<a href="#">Combinatorial Selections</a>	Tools for combinatorial selection	7
<a href="#">Computational chemistry</a>	Tools for use in computational chemistry	52
<a href="#">Constructive Solid Geometry</a>	Tools for constructing and analyzing 3-dimensional shapes and their properties	11
<a href="#">Convert Formats</a>	Tools for converting data formats	95
<a href="#">Data Export</a>	Tools for exporting data to various destinations	1
<a href="#">Data Managers</a>	Utilities for Managing Galaxy's built-in data cache	45
<a href="#">Data Source</a>	Tools for retrieving data from external data sources	68
<a href="#">Entomology</a>	Tools that involve insect studies	1
<a href="#">Epigenetics</a>	Tools for analyzing Epigenetic/Epigenomic datasets	15
<a href="#">Fasta Manipulation</a>	Tools for manipulating fasta data	99
<a href="#">Fastq Manipulation</a>	Tools for manipulating fastq data	79
<a href="#">Flow Cytometry Analysis</a>	Tools for manipulating and analyzing FCS files	24
<a href="#">Genome annotation</a>	Tools for annotating genomic information	1
<a href="#">Genome editing</a>	Tools for analyzing genome editing data	6
<a href="#">Genome-Wide Association Study</a>	Utilities to support Genome-wide association studies	17
<a href="#">Genomic Interval Operations</a>	Tools for operating on genomic intervals	52

## 4. Sélectionner un outil dans la liste de résultats

Dans la liste des résultats, sélectionnez l'outil (ou les outils) que vous souhaitez installer.

Galaxy Administration

Valid Repositories

Search:  search repository name, description

Name	Synopsis	Type	Installable Revisions	Owner
<a href="#">bwa</a>	Wrapper for bwa mem, aln, sampe, and samse	Unrestricted	20 (2018-02-01)	devteam
<a href="#">bwa_0_7_5</a>	bwa new version 0.7.5, nomore bwa aln, bwa same/sampe. BWA-MEM only for this integration version.	Unrestricted	4 (2013-12-10)	yufei-luo
<a href="#">bwa_mem</a>	BWA-MEM	Unrestricted	1 (2014-03-21)	crs4
<a href="#">bwameth</a>	Fast and accurate alignment of BS-seq reads.	Unrestricted	4 (2017-11-09)	iuc
<a href="#">bwa_tools_mini</a>	bwa_tools with restricted resources for use in classes	Unrestricted	0 (2013-08-26)	curtish
<a href="#">bwa_wrappers</a>	Galaxy wrappers for the BWA short read aligner.	Unrestricted	2 (2014-06-06)	evan
<a href="#">bwa_wrappers</a>	Galaxy wrappers for the BWA short read aligner.	Unrestricted	3 (2014-01-16)	devteam
<a href="#">bwa_wrappers_demo</a>	Forked versions of tools with smaller resource requirements	Unrestricted	0 (2013-08-26)	curtish
<a href="#">data_manager_bwa_mem_index_builder</a>	Data Manager for building BWA (0.6+) indexes	Unrestricted	5 (2017-04-04)	devteam
<a href="#">data_manager_bwameth_index_builder</a>	bwa-meth is a fasta and accurate aligner for BS-seq data.	Unrestricted	3 (2017-09-21)	iuc
<a href="#">package_bwa_0_5_9</a>	Contains a tool dependency definition that downloads and compiles version 0.5.9+116 of the BWA package	Tool dependency definition	2 (2014-02-14)	devteam
<a href="#">package_bwa_0_6_2</a>	Contains a tool dependency definition that downloads and compiles version 0.6.2 of the BWA package	Tool dependency definition	0 (2015-06-05)	crn]seu
<a href="#">package_bwa_0_6_2</a>	Contains a tool dependency definition that downloads and compiles version 0.6.2+126 of the BWA package	Tool dependency definition	0 (2013-02-05)	devteam
<a href="#">package_bwa_0_7_10_039ea20639</a>	bwa binaries for version 0.7.10	Tool dependency definition	0 (2014-09-29)	devteam
<a href="#">package_bwa_0_7_12</a>	Contains a tool dependency definition that downloads and compiles bwa version 0.7.12.	Tool dependency definition	0 (2015-12-03)	iuc
<a href="#">package_bwa_0_7_12</a>	Contains a tool dependency definition that downloads and compiles version 0.7.12 of the BWA package	Tool dependency definition	0 (2015-06-09)	avowinkel
<a href="#">package_bwa_0_7_7</a>	Contains a tool dependency definition that downloads and compiles version 0.7.7 of the BWA package	Tool dependency definition	0 (2014-03-11)	iuc
<a href="#">package_python_2_7_bwameth_0_2_0</a>	Installs version 0.2.0 of bwa-meth from github	Tool dependency definition	0 (2016-09-14)	iuc

Galaxy Administration

Repository 'bwa'

20 (2018-02-01) repository tip

Select a revision to inspect and download versions of Galaxy utilities from this repository.

Repository README files - may contain important installation or license information

Readme files

**bwa-mem**


A collection of Galaxy wrapper for bwa mem, aln, samse, sampe, pemege, and bwasm

Contents of this repository

Valid tools - click the name to preview the tool and use the pop-up menu to inspect all metadata

Vous pouvez installer l'outil dans une section du panel d'outils déjà existante ou bien créer une nouvelle section. Si l'outil a des dépendances, celles-ci seront affichées sur cette page, et Galaxy vous proposera de les installer automatiquement.

**A noter :** il arrive que l'installation échoue à cause d'un problème de time-out. La plupart du temps il suffit de relancer l'installation.

 The Galaxy development team does not maintain the contents of many Galaxy Tool Shed repositories. Some repository tools may include code that produces malicious behavior, so be aware of what you are installing. If you discover a repository that causes problems after installation, contact [Galaxy support](#), sending all necessary information, and appropriate action will be taken. [Contact the repository owner](#) for general questions or concerns.

**The following tool dependencies are required by the current repository**

Dependency	Version	Current Installation Status
bwa	0.7.12	✔ Installed through Galaxy_Package
samtools	1.2	✔ Installed through Conda

**Confirm dependency installation**

By default Galaxy will install all needed dependencies for the repository. See the [dependency resolver documentation](#).

You can control how dependencies are installed (this is an advanced option, if in doubt, use the default)

**Choose the tool panel section to contain the installed tools (optional)**

**Add new tool panel section:**

Add a new tool panel section to contain the installed tools (optional).

**Select existing tool panel section:**

Choose an existing section in your tool panel to contain the installed tools (optional).

Clicking **Install** without selecting a tool panel section will load the installed tools into the tool panel outside of any sections.

## 5. Fin de l'installation

La page qui s'affiche vous permet de suivre le processus d'installation.

Monitor installing tool shed repositories				
Name	Description	Owner	Revision	Status
<a href="#">bwa</a>	Wrapper for bwa mem, aln, sampe, and samse	devteam	7bee165c3a44	New
<a href="#">package_bwa_0_7_12</a>	Contains a tool dependency definition that downloads and compiles bwa version 0.7.12.	iuc	6af9b24ddee	Installing tool dependencies

Depuis l'onglet "Manage installed tools" vous pouvez vérifier l'état de tous les outils installés depuis le tool shed, ainsi que les désactiver ou désinstaller.

The screenshot shows the Galaxy web interface. The top navigation bar includes 'Galaxy', 'Analyze Data', 'Workflow', 'Shared Data', 'Visualization', 'Admin', 'Help', 'User', and 'Using 3.0 MB'. The left sidebar is titled 'Administration' and contains sections for 'Server', 'Tools and Tool Shed', and 'User Management'. The 'Tools and Tool Shed' section has 'Manage installed tools' highlighted with a red box. The main content area is titled 'Installed tool shed repositories' and features a search bar, an 'Advanced Search' link, and a table of installed repositories. The table has columns for Name, Description, Owner, Revision, Installation Status, and Tool shed. Two repositories are listed: 'bwa' (devteam, 7bee165c3a44, Installed) and 'package\_bwa\_0\_7\_12' (iuc, 6af9b24ddee, Installed). Below the table, there is a button 'Deactivate or uninstall' and a legend with icons for updates, newer revisions, latest revisions, deprecated repositories, exported workflows, and information retrieval errors.

## 6. Aide & support

bilille organise régulièrement des sessions de formations d'initiation à Galaxy, ainsi que des permanences d'aide aux utilisateurs. Toutes les informations sont disponibles à la rubrique Galaxy du site web de la plateforme: <https://wikis.univ-lille1.fr/bilille/galaxy>

Vous pouvez également adresser vos questions par mail à [samuel.blanck@univ-lille2.fr](mailto:samuel.blanck@univ-lille2.fr) et [isabelle.guigon@univ-lille1.fr](mailto:isabelle.guigon@univ-lille1.fr)