

## Atelier GALAXY NEXTFLOW

Session 2021 - 2022

### Lien visio :

SARAH MAMAN HADDAD vous invite à une réunion Zoom planifiée.

Sujet : SARAH MAMAN HADDAD - Salle de réunion personnelle

Participer à la réunion Zoom

<https://inrae-fr.zoom.us/j/5252250514>

ID de réunion : 525 225 0514

Une seule touche sur l'appareil mobile

+33170379729,,5252250514# France

+33170950103,,5252250514# France

Composez un numéro en fonction de votre emplacement

+33 1 7037 9729 France

+33 1 7095 0103 France

+33 1 7095 0350 France

+33 1 8699 5831 France

+33 1 7037 2246 France

ID de réunion : 525 225 0514

Trouvez votre numéro local : <https://inrae-fr.zoom.us/u/abHTj2CUeH>

Participer via Skype Entreprise

<https://inrae-fr.zoom.us/skype/5252250514>

Si vous avez choisi d'enregistrer la réunion : assurez-vous de rentrer dans le cadre décrit sur <https://intranet.inrae.fr/donnees-personnelles/Avant-de-collecter-ou-de-re-utiliser-des-donnees/Bonnes-pratiques-et-situations-frequentes-FAQ/Vous-souhaitez-enregistrer-une-visioconference-ou-un-webinaire> .

Prévenez vos participants à l'avance et de nouveau lors du lancement de l'enregistrement. Soyez attentif aux conditions de réutilisation de la vidéo de votre réunion.

Documentation : <http://genoweb.toulouse.inra.fr/~sigenae/sarah/UPS/>

### Voici le programme de vos 4 journées Galaxy / Nextflow:

**JOUR 1 : VENDREDI 10 septembre - 13h30 / 17h30**

**PM : FORMATION EN LIGNE**

\* Distribution des comptes TEMPORAIRES de formation.

\* Présentation de Sigeneae + PF Bioinfo Genotoul

\* Présentation du cluster de calculs

**JOUR 2 : MARDI 14 septembre - 9h00 / 12h00 - 13h30 / 17h30**

**AM : FORMATION EN LIGNE**

\* Exercices lignes de commande linux

\* Initiation à Galaxy - slides uniquement.

#### **PM : FORMATION EN LIGNE**

\* Format des fichiers bioinformatiques (si besoin).

\* Présentation de l'infra Galaxy (si besoin)

\* Cours admin Galaxy

#### **JOUR 3 : MERCREDI 15 septembre - 9h00 / 12h00 - 13h30 / 17h30**

##### **AM : FORMATION EN LIGNE**

\* Cours admin Galaxy (suite et fin)

\* Présentation de Nextflow

PM : EN AUTONOMIE (support mail)

\* TP - Initiation à Galaxy

\* TP - Admin Galaxy

\* TP - Nextflow

#### **JOUR 4 : LUNDI 20 septembre - 9h00 / 12h00 - 13h30 / 17h30 - EN AUTONOMIE (support mail)**

AM/PM : Suite des TP précédents

Merci de m'envoyer des imrim écrans et des liens vers les résultats des TP.

#### **JOUR 5 : MARDI 21 septembre - 13h30 / 17h30 - EN AUTONOMIE (support mail)**

\* Etudier le manuel de plusieurs outils bioinformatiques : ligne de commande valide, fichiers tests à générer, manuel d'utilisation. L'objectif est de choisir un outil qui pourra faire l'objet d'un mini-projet.

Liste des outils proposés (liste ouverte) : bwa, STAR, tophat, samtools index, samtools merge, samtools sort, bamtools (bedtools), multiqc.

\* Choisir un outil à wrapper par binôme. Me donner vos groupes par mail ainsi que l'outil choisi.

#### **Voici quelques consignes pour votre mini-projet tutoré:**

1 / Choisir, dans la liste ci-dessous, un seul outil : bwa, STAR, tophat, samtools index, samtools merge, samtools sort, bamtools (bedtools), multiqc. Cette liste est ouverte.

2 / Etudier le manuel d'un outils bioinformatique ou d'une ligne de commande linux, tester l'exécution depuis un terminal avec des fichiers tests légers.

3 / Wrapper cet outil dans votre instance locale de Galaxy.

4 / Rédiger un manuel d'utilisation à destination des utilisateurs pour l'usage de l'outil et un autre à destination de l'administrateur Galaxy pour l'installation de l'outil.

Voici les points sur lesquelles je vais m'appuyer pour vous noter : explication de la démarche, fonctionnalité de l'outil, rédaction du README et du manuel, tests et fichiers de tests, qualité du code.

Le mini projet est à rendre avant le 20 décembre 2021. Je reste disponible par mail :

[sarah.maman@inrae.fr](mailto:sarah.maman@inrae.fr) pour vous aider, un peu, pas trop ... et équitablement:)