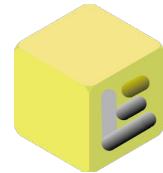


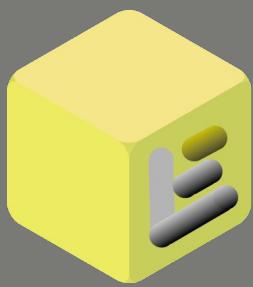
Galaxy による NGS データ解析

Pitagora Galaxy

予定(13:30-15:00)

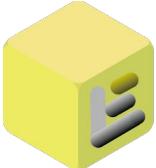


- データ解析環境 Galaxy とは 10 min
- 今すぐ使える Galaxy VM 10 min
- Galaxy の活用事例 2 x 7 min
- Galaxy 七転び八起き 4 x 7 min
- Meet the Experts 14:30- 15 min
- まとめ 5 min



データ解析環境 Galaxy とは

慶應義塾大学
鈴木治夫



Galaxy とは

CAGTTGCTCACGCCTGTAATCCTATCAC

AGACACTACCACAGCGACCAAGCCCCG

AGACACTACCACAGCGACCAAGCCCCG



.....

“Short Reads”

Next Generation Sequencing

Data



Data



Data



Results



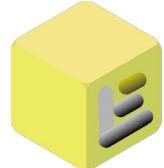
Results



Results



Galaxy とは



Pitagora-Galaxy

Analyze Data Workflow Shared Data Visualization Admin Help User Using 0%

ツール
tophat

NGS: Mapping
Tophat2 Gapped-read mapper for RNA-seq data

Workflows
All workflows

Tophat2 (version 0.6)

Is this library mate-paired?: Single-end

RNA-Seq FASTQ file: 4: brain_2.fastq
Nucleotide-space: Must have Sanger-scaled quality values with ASCII offset 33

Use a built-in reference genome or own from your history:
Use a built-in genome
Built-ins genomes were created using default options

Select a reference genome:
hg19
If your genome of interest is not listed, contact the Galaxy team

TopHat settings to use:
Use Defaults
You can use the default settings or set custom values for any of Tophat's parameters.

Specify read group?: No

Execute

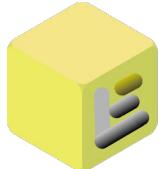
Tophat Overview
Tophat is a fast splice junction mapper for RNA-Seq reads. It aligns RNA-Seq reads to mammalian-sized genomes using the ultra high-throughput short read aligner Bowtie(2), and then analyzes the mapping results to identify splice junctions between exons. Please cite: Kim D, Pertea G, Trapnell C, Pimentel H, Kelley R, and Salzberg SL. TopHat2: accurate alignment of transcriptomes in the presence of insertions, deletions and gene fusions. Genome Biol 14:R36, 2013.

Know what you are doing
⚠ There is no such thing (yet) as an automated gearshift in splice junction identification. It is all like stick-shift driving in San Francisco. In other words, running this tool with default parameters will probably not give you meaningful results. A way to deal with this is to understand the parameters by carefully

ヒストリー

- ① 25: Cufflinks on data
18: gene expression
- ② 22: Cufflinks on data
11: assembled transcript
s
- ③ 21: Cufflinks on data
11: transcript expression
- ④ 20: Cufflinks on data
11: gene expression
- 19: FastQC brain_2.fastq.html
- ⑤ 18: Tophat2 on data
4 and data 3: accepted_hits
- ⑥ 17: Tophat2 on data
4 and data 3: splice_junctions
- ⑦ 16: Tophat2 on data
4 and data 3: deletions
- ⑧ 15: Tophat2 on data
4 and data 3: insertions
- ⑨ 14: Tophat2 on data
4 and data 3: align_summary
- 13: FastQC brain_1.fastq.html
- 12: FastQC adrenal_2.fastq.html

Galaxy とは



Pitagora-Galaxy

Analyze Data Workflow Shared Data Visualization Admin Help User Using 0%

ツール

search tools

[Get Data](#)

[Send Data](#)

[Lift-Over](#)

[Text Manipulation](#)

[Filter and Sort](#)

[Join, Subtract and Group](#)

[Convert Formats](#)

[Extract Features](#)

[Fetch Sequences](#)

[Fetch Alignments](#)

[Get Genomic Scores](#)

[Statistics](#)

[Graph/Display Data](#)

[Evolution](#)

[Motif Tools](#)

[NGS: QC and manipulation](#)

[NGS: Mapping](#)

[NGS: RNA Analysis](#)

[NGS: Simulation](#)

[Phenotype Association](#)

[NGS: Peak Calling](#)

[Operate on Genomic Intervals](#)

[Workflow control](#)

[Inputs](#)

Workflow Canvas | RNA-seq 01

Tool: Tophat2

Version: 0.6

Is this library mate-paired?: Paired-end

RNA-Seq FASTQ file, forward reads
Data input 'input1' (fastqsanger)

RNA-Seq FASTQ file, reverse reads
Data input 'input2' (fastqsanger)

Mean Inner Distance between Mate Pairs: ▼ 300

Std. Dev for Distance between Mate Pairs: ▼ 20

Report discordant pair alignments?: Yes

Use a built-in reference genome or own from your history:
Use a built-in genome

Select a reference genome: hg19

TopHat settings to use:
Use Defaults

Specify read group?: No

Input dataset output

FastQC:Read QC

Short read data from your current history
Contaminant list
html_file (html)

Tophat2

RNA-Seq FASTQ file, forward reads
RNA-Seq FASTQ file, reverse reads
align_summary (txt)
fusions (tabular)
insertions (bed)
deletions (bed)
junctions (bed)
accepted_hits (bam)

Cufflinks

SAM or BAM file of aligned reads
Global model (for user-defined genes)
genes_expression (tx)
transcripts_express
assembled_isoforms
total_map_mass (tx)

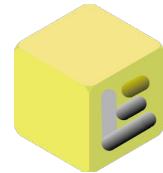
Input dataset output

Tophat2

RNA-Seq FASTQ file, forward reads
RNA-Seq FASTQ file, reverse reads
align_summary (txt)
fusions (tabular)

Input dataset output

Input dataset output



PublicGalaxyServers – Galaxy Wiki

https://wiki.galaxyproject.org/PublicGalaxyServers

PublicGalaxyServers – Galaxy Wiki

PublicGalaxyServers

Locked History Actions

Reader

080+

Public Galaxy Servers
and *still counting*

Publicly Accessible Galaxy Servers

The Galaxy Project's public server ([UseGalaxy.org, Main](#)) can meet many needs, but it is not suitable for everything (see Choices for why) and cannot possibly scale to meet the entire world's needs.

Fortunately the Galaxy Community is helping out by installing Galaxy at their institutions and then making those installations either publicly available or open to their organizations or community.

This page lists such public or semi-public Galaxy servers.

To add your public Galaxy server to this list, please either just add it (hey, it's a wiki!), or describe the server here and we'll post it this directory.

General Purpose / Genomics Servers

These servers implement a broad range of tools and aren't specific to any part of the tree of life, or to any specific type of analysis. These are servers you can use when want to do general genomic analysis.

Contents

- 1. General Purpose / Genomics Servers
 - 1. Andromeda
 - 2. Biomina
 - 3. CBIB Galaxy
 - 4. DBCLS Galaxy
 - 5. Erasmus MC
 - 6. GalaxEast
 - 7. Galaxy@PRABI
 - 8. Galaxy Main
 - 9. Galaxy Test
 - 10. GigaGalaxy
 - 11. GVL QLD
 - 12. GVL Tutorial
 - 13. NELLY
 - 14. Pitagora-Galaxy
- 2. Domain Servers

GALAXY
Community Conference
Early registration & poster/demo deadline is May 20 • Scholarships

Use Galaxy

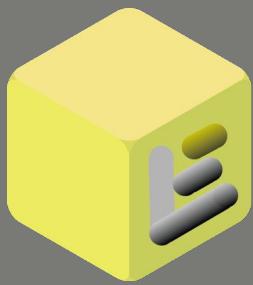
Servers • Learn
Main • Choices
Share • Search

Communicate

Support • Biostar
Events • Mailing Lists
News • Twitter

Deploy Galaxy

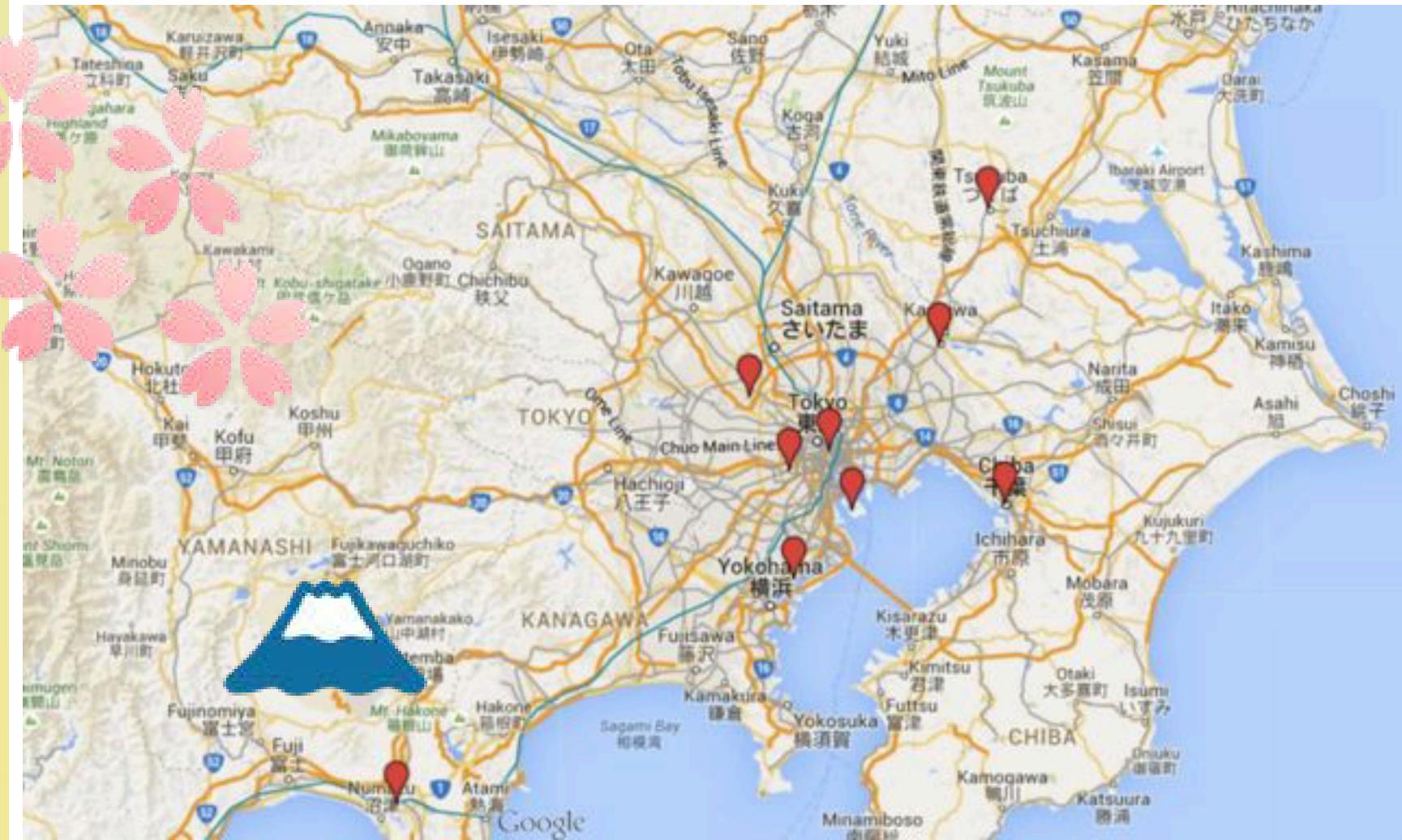
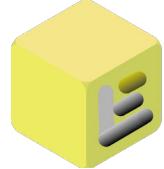
Get Galaxy • Cloud
Admin • Tool Config
Tool Shed • Search



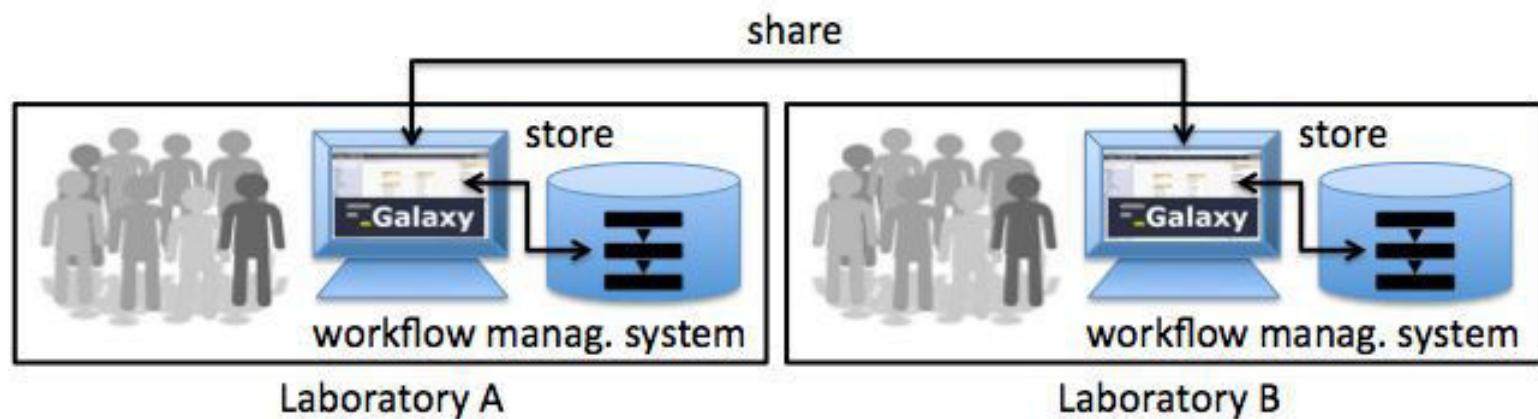
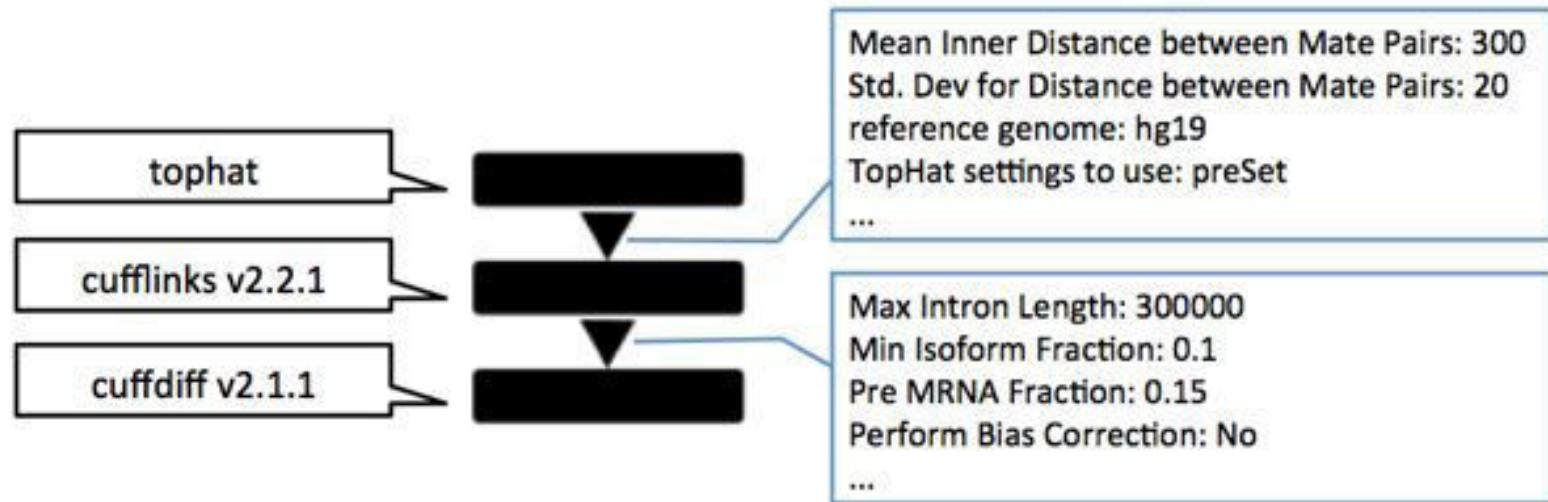
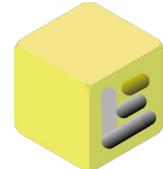
今すぐ使える Galaxy VM の配布

日本オラクル
山中遼太

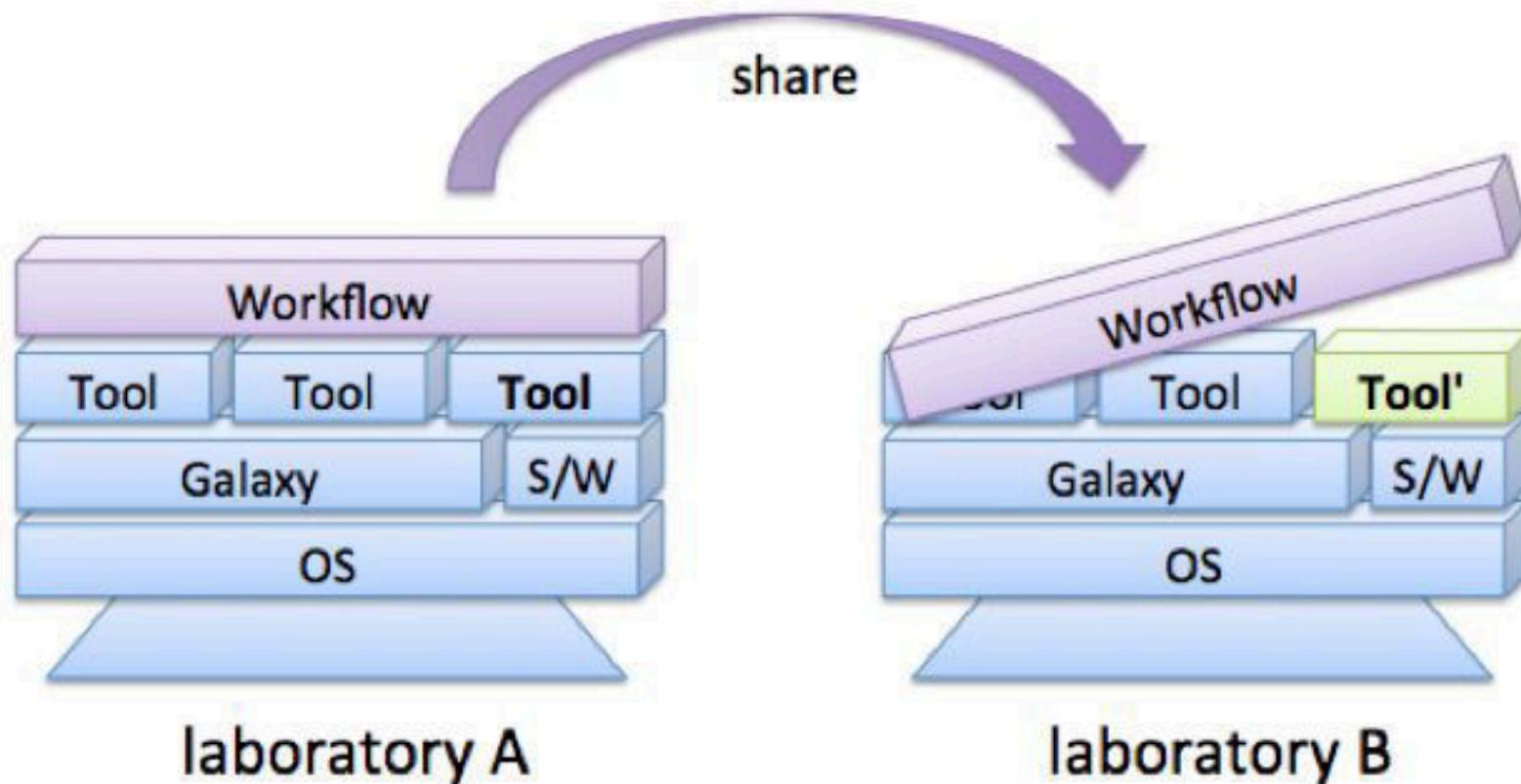
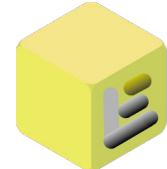
Galaxy Users in Greater Tokyo



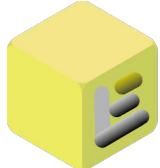
Workflow Management System?



Reproducible? Reusable?

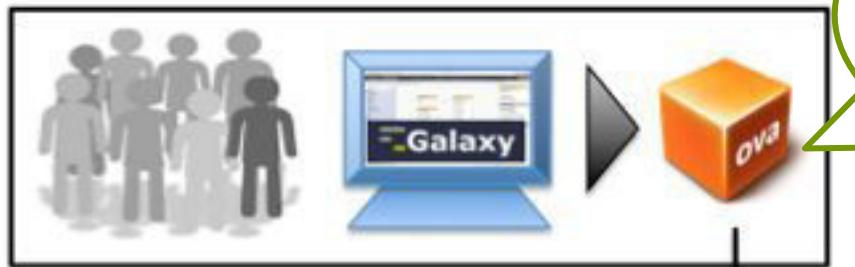


Distribution of Virtual Machine



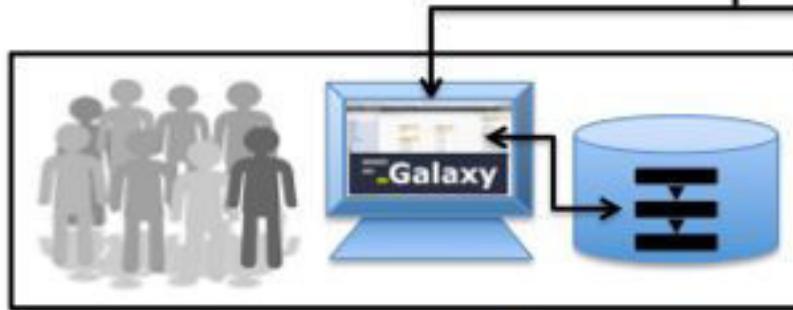
Virtual Machine

仮想マシン：OSとその上の全てのプログラムとデータをイメージに固めてしまえる

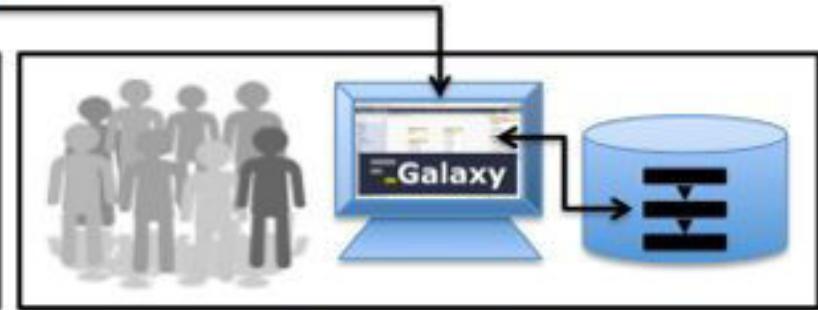


Galaxy Japan Community

share

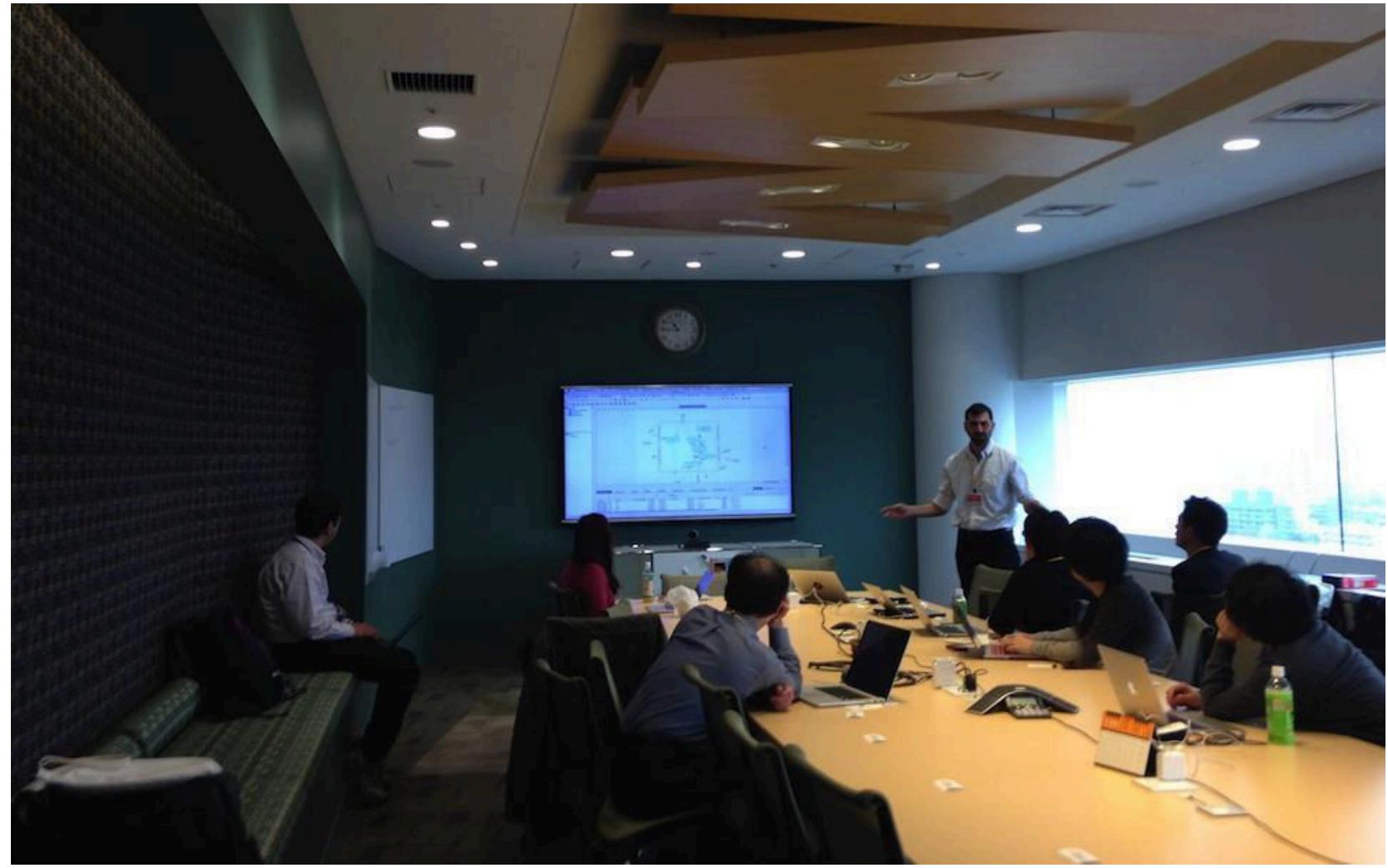
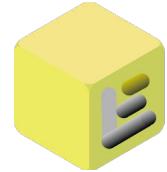


Laboratory A

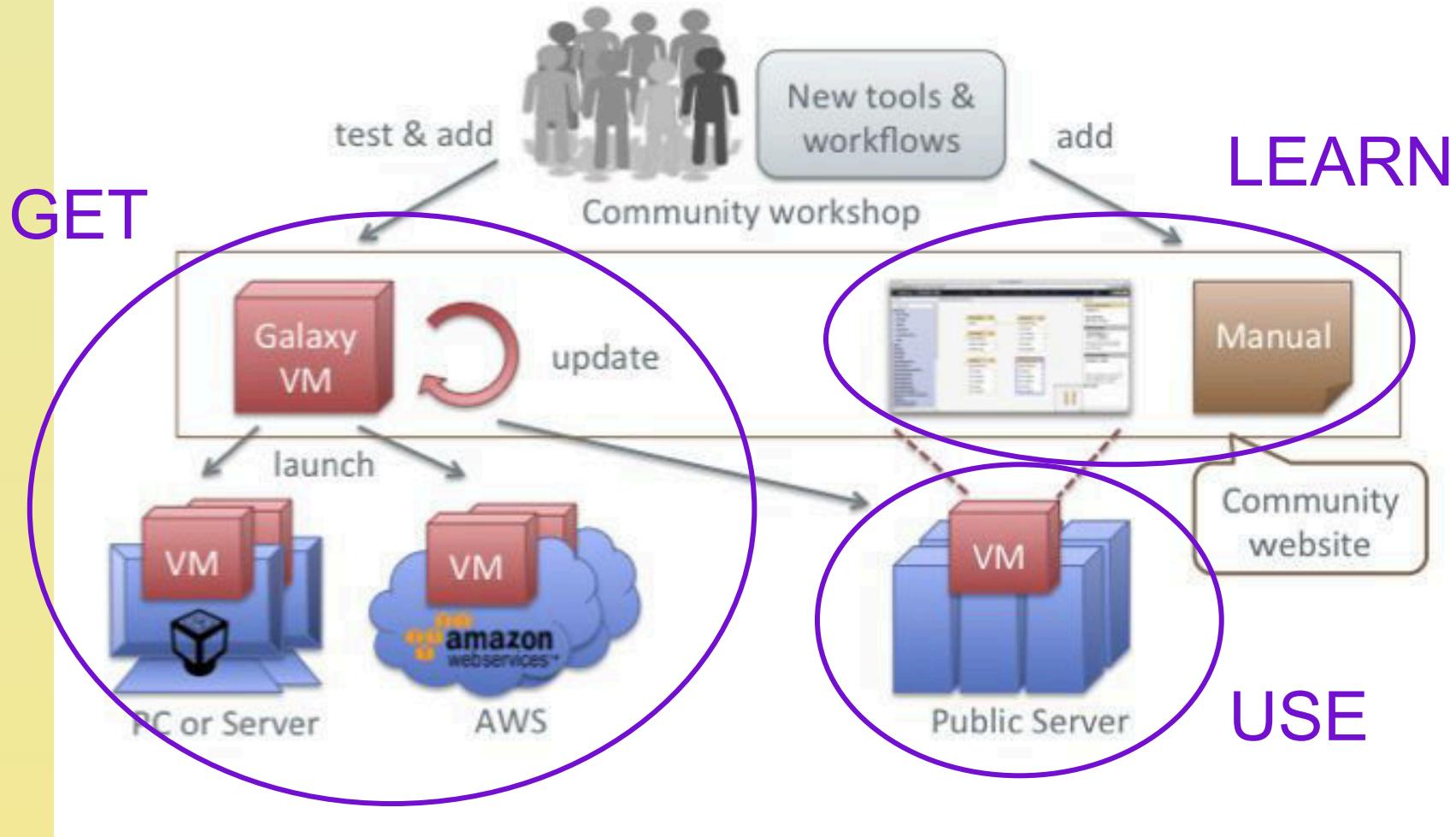
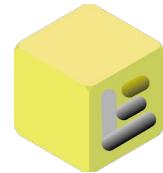


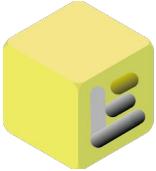
Laboratory B

Monthly Meetup – Since Nov 2014



Get VM, Use Public Servers, and Learn!

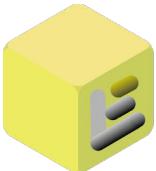




Use: Public Servers



Learn: Wiki



Screenshot of a web browser showing two windows side-by-side.

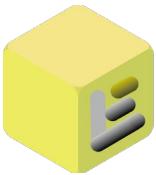
The left window is titled "Pitagora-Galaxy Wiki" and displays the "Main Page". It features a sidebar with links like "Main page", "Recent changes", "Random page", and "Tools". The main content area has a heading "Main Page" and a message "ピタゴラギャラクシーの Wiki へようこそ". Below this are five icons with Japanese labels: "はじめてガイド" (Introduction), "ワークフローの説明" (Workflow explanation), "ツールの説明" (Tool explanation), "イベント" (Events), and "ダウンロード" (Download). A status bar at the bottom shows "This page was last modified on 2016-05-10 by [user]".

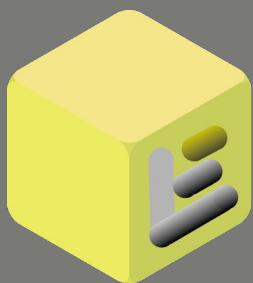
The right window is titled "Workflows - Pitagora-Galaxy" and displays a list of workflows from external servers:

- Galaxy Main**:
ワークフロー名: Bam to BigWig 01
概要: BAM から BigWig を作成する。この際、スコアを合計リード数で補正する。
- Orione**:
ワークフロー名: orione-live-supplement, Workflows
概要: 微生物NGS解析: リードの前処理、リシーケンシング、de novoアセンブリ、RNA-Seq、メタゲノム
- VirAmp**:
ワークフロー名: Workflows
概要: ウィルス ゲノム アセンブリ
- Huttenhower Lab**:
ワークフロー名: Workflows
概要: メタゲノム解析

At the bottom of the right window, there is a link: "この Wiki にワークフローを追加する手順".

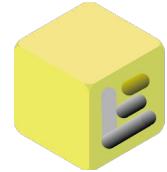
Learn: Workshop





Galaxy の活用事例 (1)

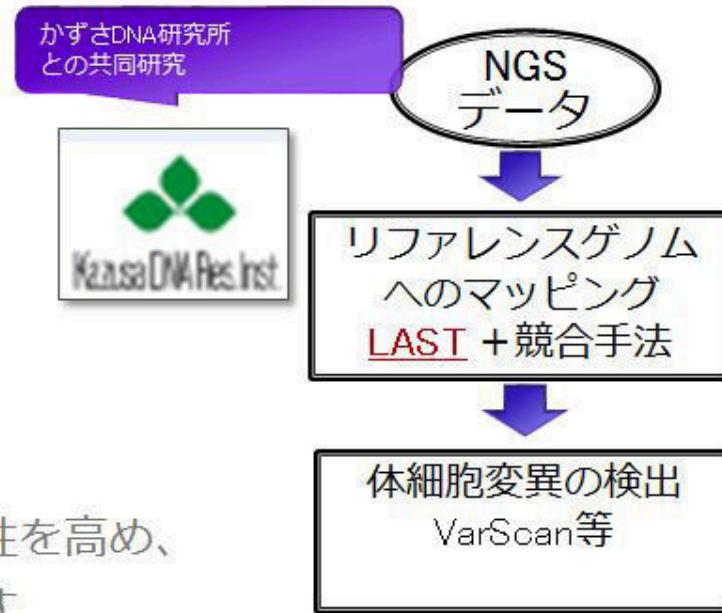
産業技術総合研究所
新海典夫



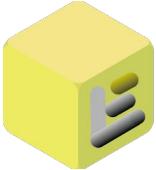
Galaxyをどのように利用しているか？

■ バリアントコーラのパイプライン化

がんゲノム変異の解析フロー（**かずさDNA研究所小原收先生**よりご提供）
に新たにLASTを導入し、既存のアラインメントツール(BWA)を使用した
解析結果と比較

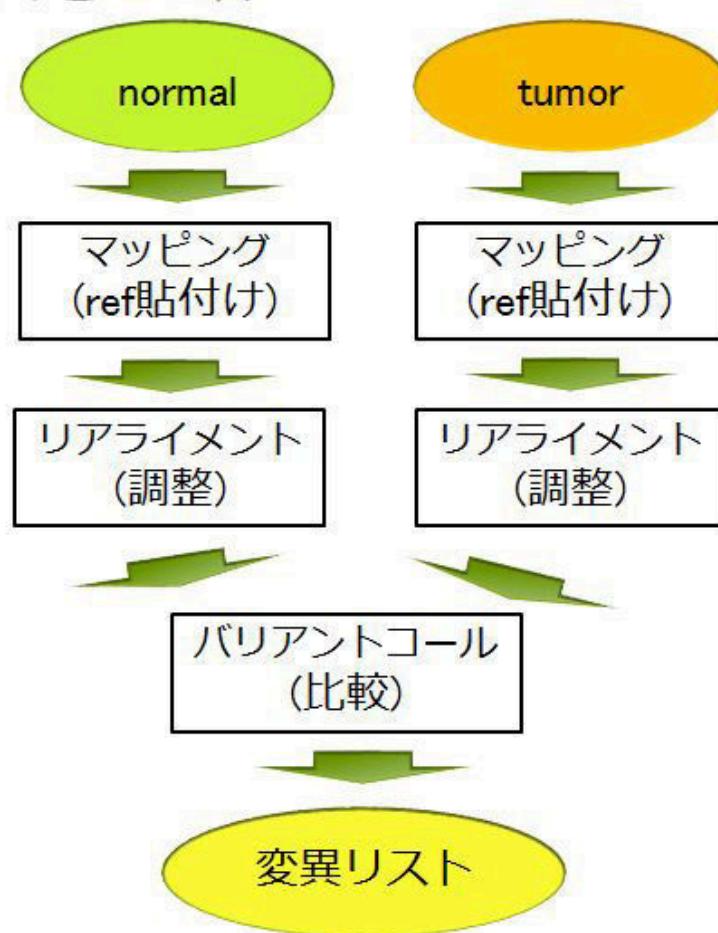


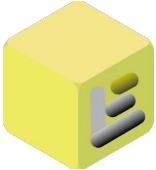
Galaxy化により、
パイプライン等を可視化、
配布容易化することにより利便性を高め、
開発成果の社会への還元を目指す



具体的にやってること

- normalとtumorのデータを比較して、 tumorのみにある somatic変異をコール

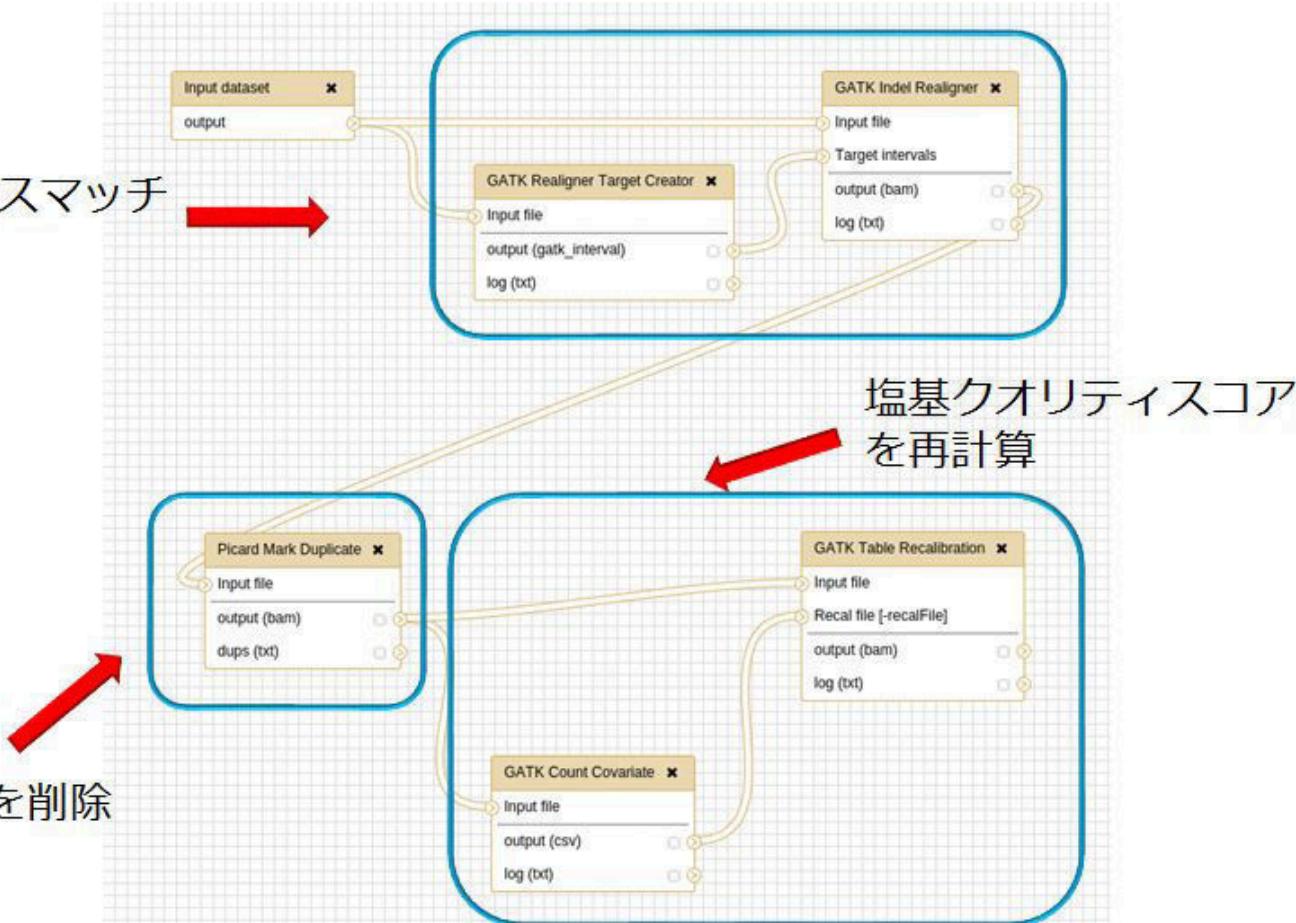


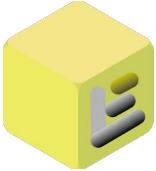


ワークフローの説明 (Variant Calling 01)

■ BAM→recalibrated_BAM

Indelによるミスマッチ
を修正



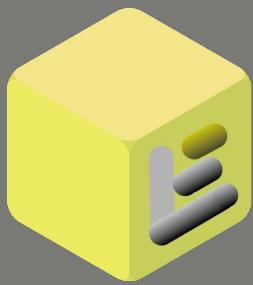


感想とか今後の計画とか

- 実装は出来た
- ただしパイプライン単位での配布は結構大変?
 - そもそも（私自身の技術不足で）実装に（減茶苦茶）手間取った
 - 環境移してもこれ動くの？ とか結構不安
 - ピタゴラVMという形での「環境ごとの」配布は便利かもなあと実感
- ツールの拡充等

謝辞

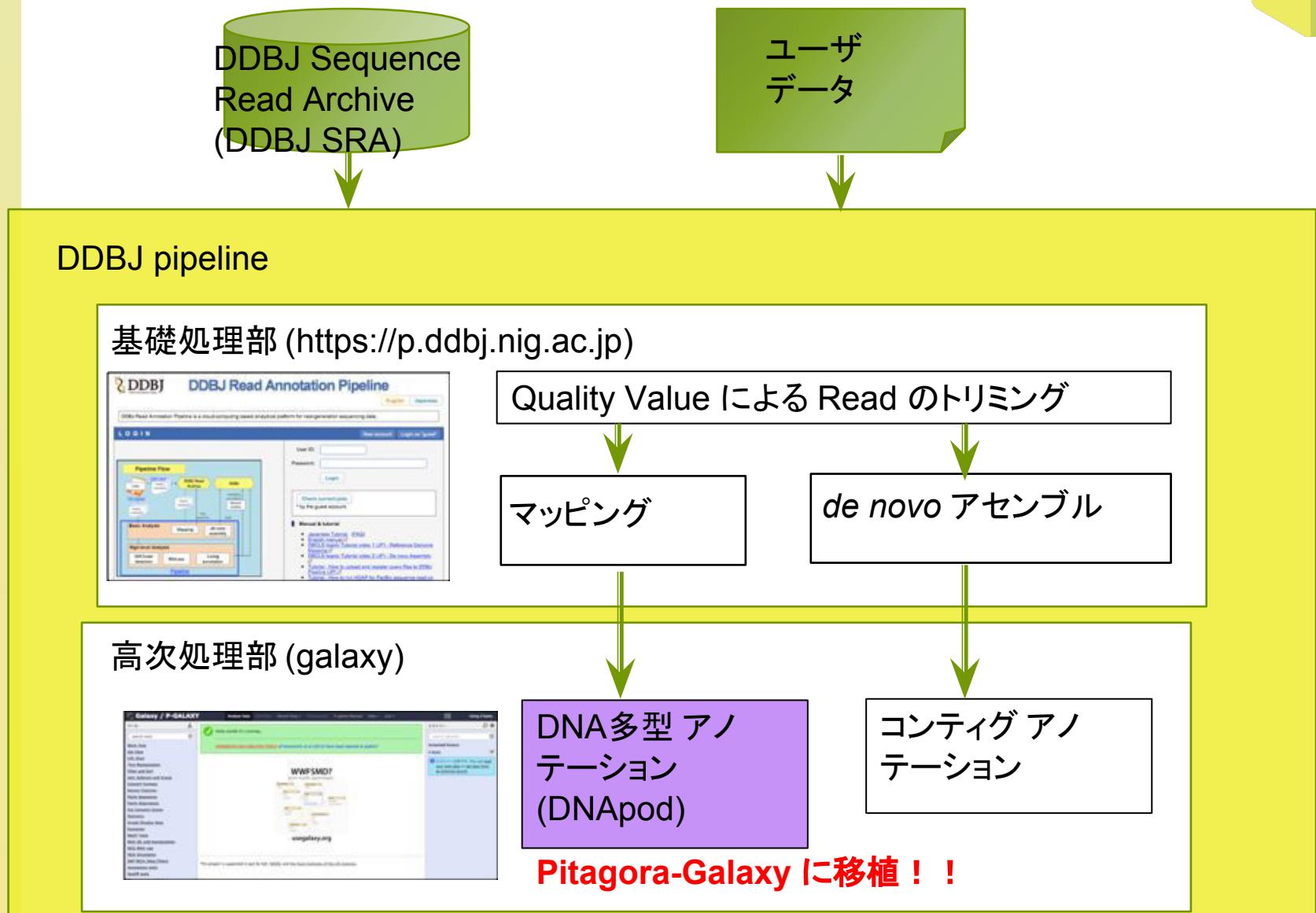
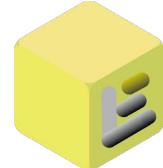
ピタゴラの皆様 かずさDNA研究所 小原先生及びヒトDNA解析グループの皆様 産総研の皆様 ゲノム支援



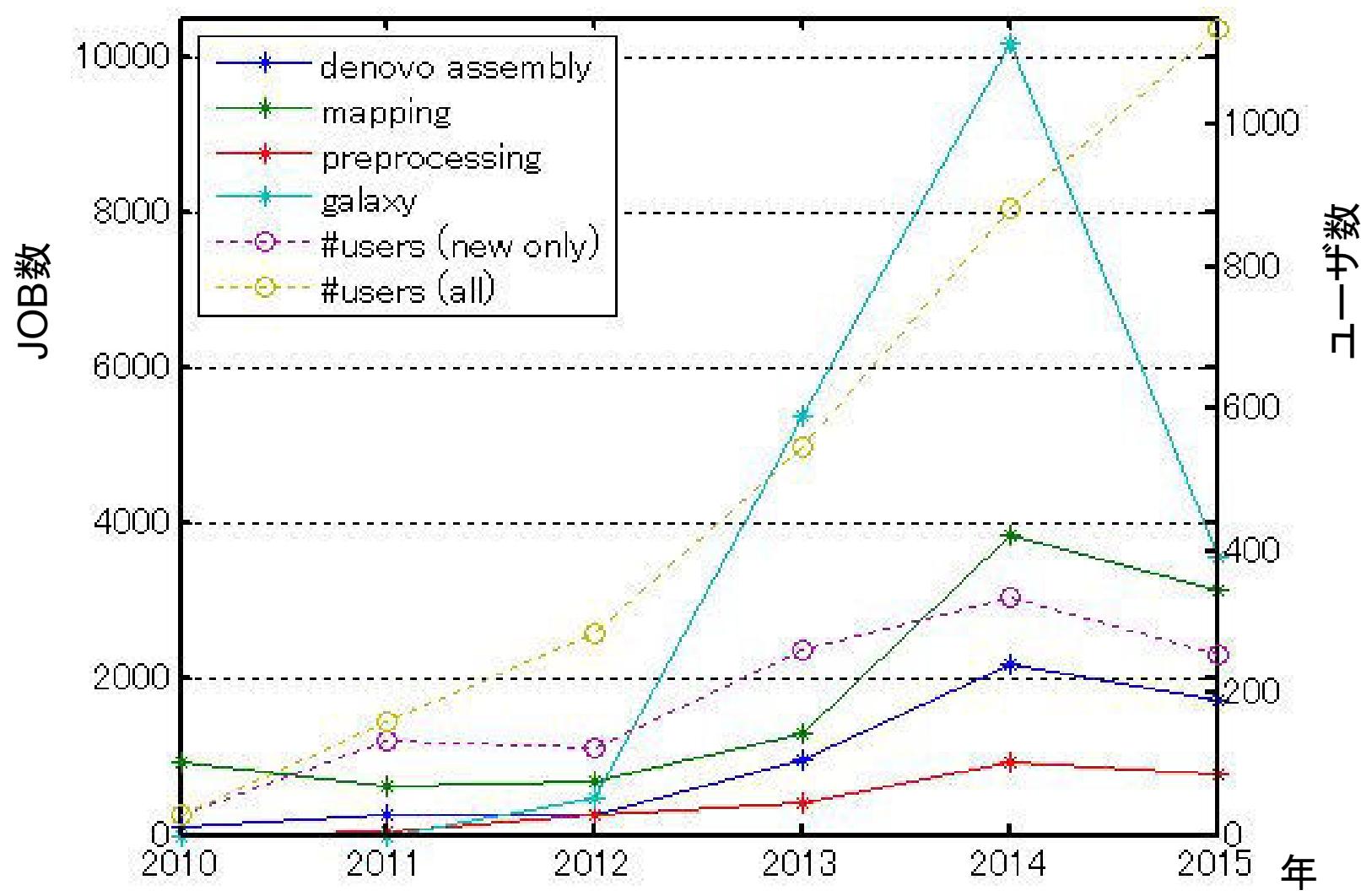
Galaxy の活用事例 (2)

国立遺伝学研究所
望月孝子

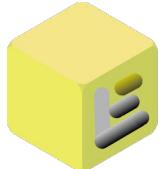
DDBJ pipeline: DDBJ Read Annotation Pipeline



DDBJ pipeline: 利用統計年変動 (JOB数, 登録者数)



DNApod ワークフロー処理フロー



ユーザデータ



DDBJ pipeline

基礎処理部 (<https://p.ddbj.nig.ac.jp>)



Quality Value による Read のトリミング

マッピング (bwa: ver. 0.6.1-r104)

高次処理部 (pitagora-galaxy)



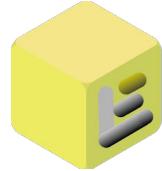
DNA多型の検出 (SAMtools: ver. 0.1.18, bcftools: ver. 0.1.18)

ゲノム上のDNA 多型の分布の描画

既知遺伝子アノテーション (SnpEff: ver. 3.6c)

ユーザデータ
結果ファイル

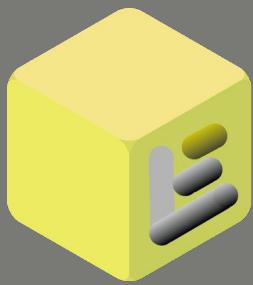




今後の計画

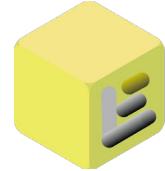
■ワークフローを充実させていく

- ・Genotype Imputation
- ・*De novo* ゲノム アノテーション
- ・*De novo* トランスクリプトーム アノテーション
- ・非モデル生物のRNA-seq データから
アライメントによる遺伝子アノテーションデータの構築



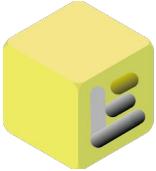
Galaxy 七転び八起き (1)

Percipere, LLC.
池田誠



Galaxy利用のメリット

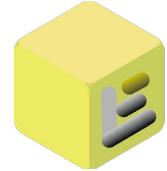
- コマンドラインを利用できなくてもツールが活用できる
 - 機能の確認等が割りと容易に実行できる
 - 複数のツールで同じような処理を比較する等
- ちょっとした事が思うに任せない時に割りと役に立つ
 - "chr"の有無等で困っている実験者は意外に多い



Galaxy利用の困ったところ

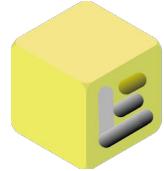
- Galaxyそのもののセットアップが必要
 - Unixの環境に慣れていないとそもそもインストールが困難
- 外部サーバーを利用する場合には
 - 処理するファイルのサイズが大きいとデータの転送だけで時間がかかる

そこでPitagora Galaxy

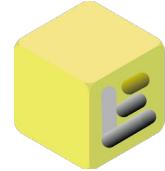


- Virtual Machineなので
 - インストールが簡単
 - WindowsでもMacでもLinuxでも動かせる
 - 日本語のリソースが有る(たぶんこれから充実する期待)
 - コミュニティーが近くにあるかも...

必要なツールの組み込み

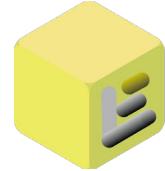


- ツールのインストール(Tool shedに無い時...)
 - バーチャルマシンのコンソールに適切な権限でログイン
 - 適切なディレクトリにバイナリを展開、pathを通して実行環境を整える
 - それって簡単なの...?



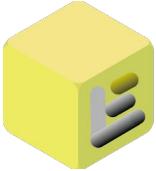
ファイル登録機能でツールを登録

- バイナリデータを単純に登録できると思ったが
 - tarで固めたデータもgzipされたデータも内部で展開される
 - 行末の処理も自動的に実行される
(でもその御蔭で、Windows/Mac/Linuxでテキストの取扱に困らない)
 - しかし、実行形式のデータを単純に登録はできない
- そこで
 - uuencodeでテキストに変えてから登録、
内部で再度デコードしてバイナリを復元



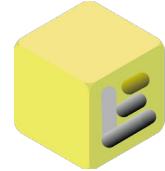
ツールの定義ファイルの作成

- バイナリを実行するためのインターフェイスを必要
 - xmlでユーザーインターフェイスと実行コマンドを定義
 - 細かく処理が記述できるがxmlで色々遷移状態を記述の必要がある
 - ツールの実行コマンド部分は
`<command>![CDATA[...]]</command>`で記述
 - 決して容易とは言えない



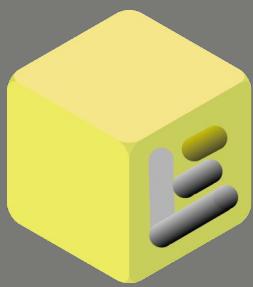
定義ファイル作成の支援ツール

- Planemo
 - コマンドライン形式でツールの定義ファイルを作成
 - ```
$ planemo tool_init --force \
--id 'gatk_35' \
--name 'GenomeAnalysisTK' \
--requirement xxx \
--example_command '...' \
--example_input sample.bam \
--example_output sample.vcf \
...
```
- xmlの雛形が作成されるので後はこのファイルを適宜編集
  - lintで構文チェック、テストも実行可能
  - ただし、手間がそれ程減るわけではない



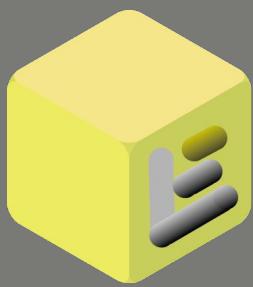
# 再び起ち上がる

- バイナリの登録
  - 姑息だけれど手立てが無いわけでは無い
  - 今後はdockerが有望か？
- 定義ファイルの記述
  - javaの世界でもmavenからgradleに移っているのにxmlで定義ファイルを記述するのは大変
  - そこで...
    - インターフェイスは機能別に分割
    - Do one thing and do it well!



# Galaxy 七転び八起き (2)

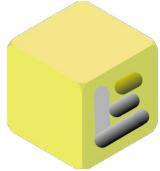
国立遺伝学研究所  
小笠原理



# Galaxy 七転び八起き (3)

ASCADE, Inc.  
那須野 淳

# Galaxyの実運用における留意点について



Galaxyの実運用を想定した場合、Slurm的な視点で考えられるいくつかの問題がある。

## ■ Shared Storage のファイルアクセス権限管理

… 既存のLustreやNFSなどをmountする際、厳密なファイルアクセス権限管理を行いたい。

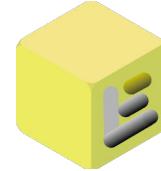
## ■ Cluster System のジョブ実行ユーザ設定

… 既存のGrid Engine (e.g. UGE) を利用する際、ジョブをsubmitするUIDを適切に設定したい。

→ 現在のGalaxyでは、どのような対応ができるか？

# submit job to UGE via DRMAA

(Distributed Resource Management Application API)



## ■ DRMAA I/Fを持つ Job Scheduler に対応

(Univa Grid Engine, PBS Professional, HTCondor, SLURM, ...)

## ■ wrapper script を用いて、submitするときに 実在アカウント(real user) に setuid, setgid 可能

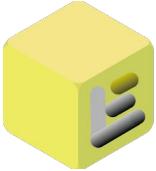
- config/galaxy.ini (drmaa\_external\_runjob\_script)
- scripts/drmaa\_external\_\*.py

c.f.) Submitting Jobs as the Real User

<https://wiki.galaxyproject.org/Admin/Config/Performance/Cluster>

## ■ real user か否かの判定は、Galaxy(logged in) ユーザのemailアドレスを見る →getpwnam(username)

## ■ Shared Storage のファイル入出力に対しても、 この仕組みで適正なUID/GIDが設定されるはず



# Docker-containerized tools

## ■ Dockerコンテナ内で Galaxy Tool を実行可能

<https://wiki.galaxyproject.org/Admin/Tools/Docker> (since Aug 2014)

## ■ コンテナ起動時のUIDは、job\_conf.xml で設定する

⇒ “docker run -u” オプションに相当

ただしGalaxy全体で1つに固定される点に注意

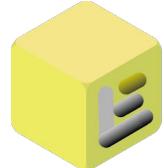
*job\_conf.xml:*

```
<param id="docker_set_user">1001</param>
```

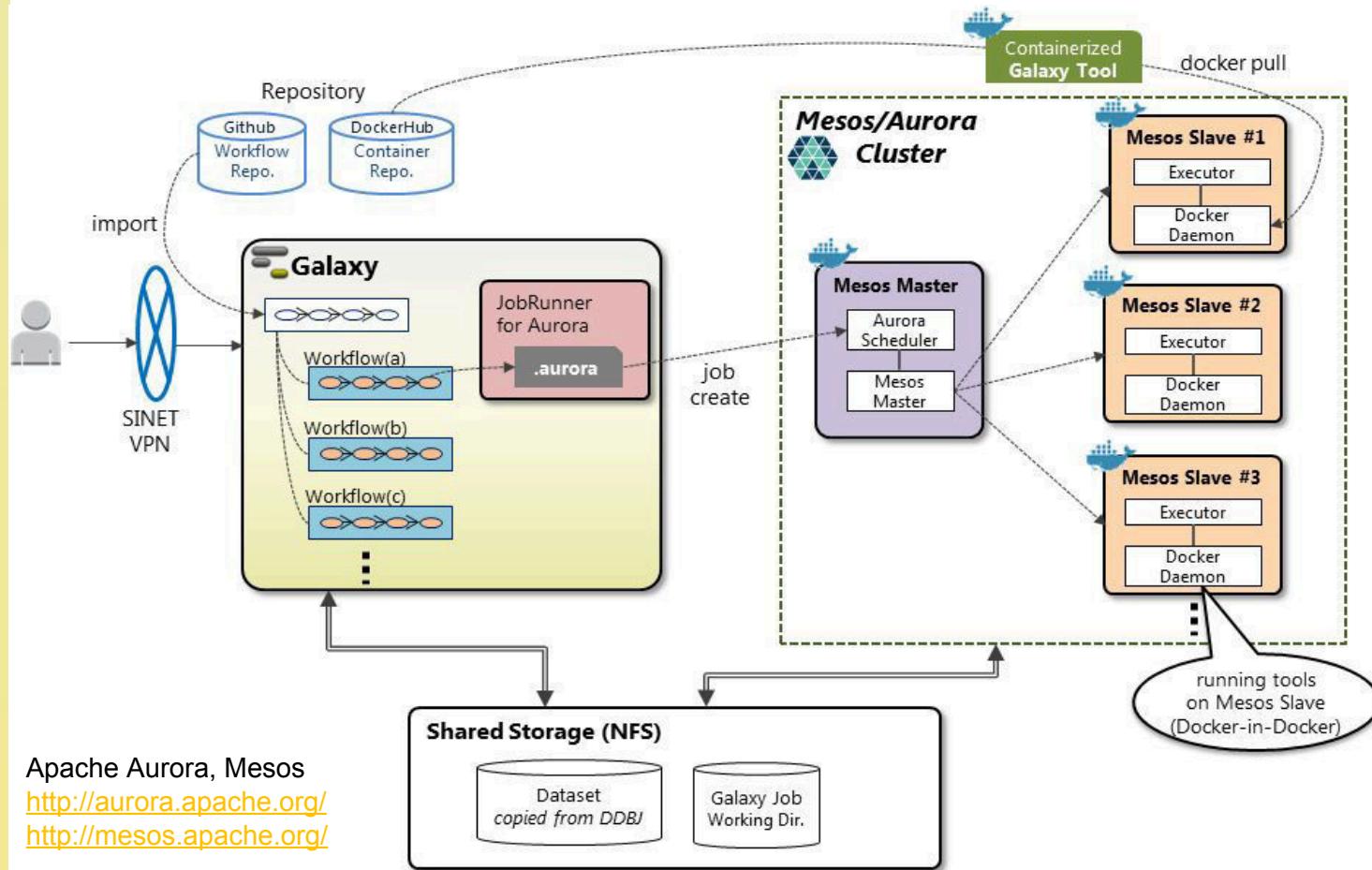
## ■ DRMAA job runner の場合と同様に、

Galaxyユーザを動的に設定できるほうが望ましい  
(各 job runner 側で対応すべきかも?)

# Aurora / Mesos Cluster の利用

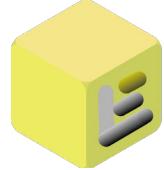


- Docker-containerized toolsをMesos Clusterで実行するための job runner を実装した。

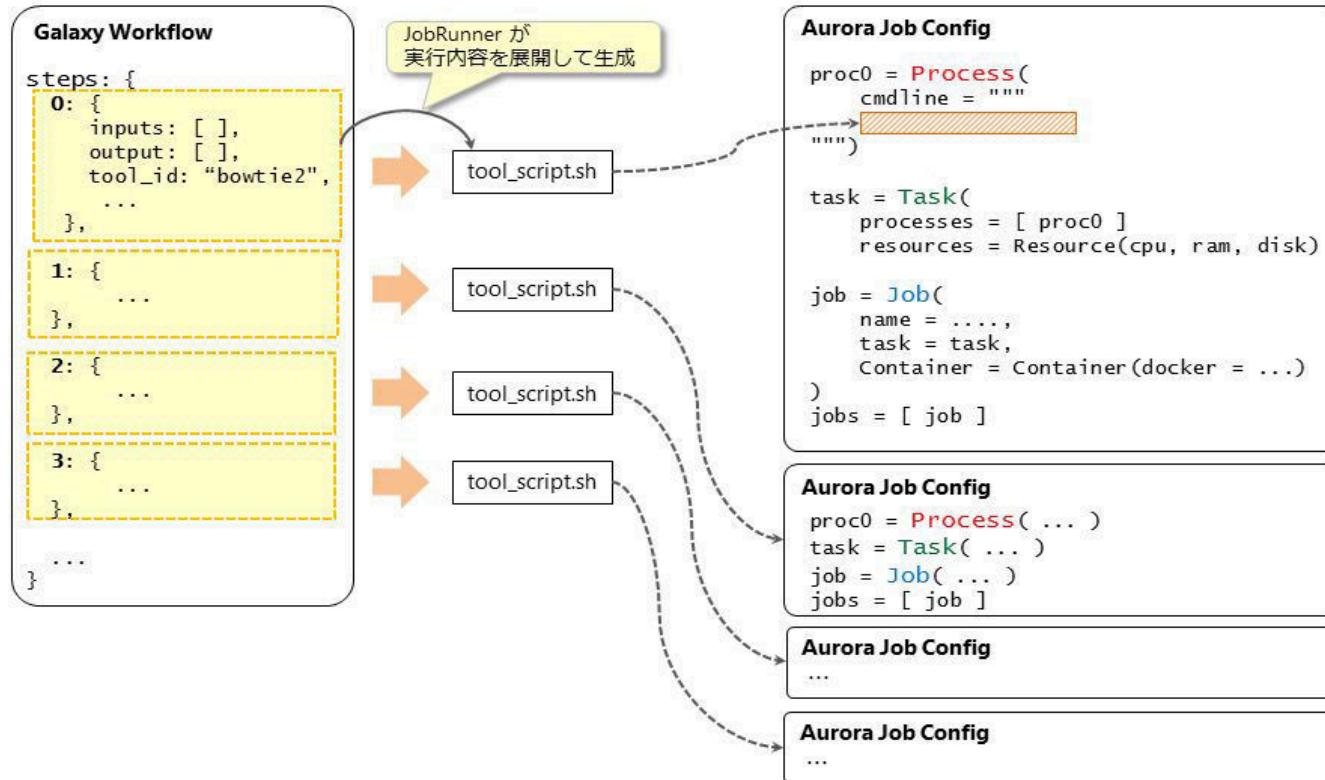


Apache Aurora, Mesos  
<http://aurora.apache.org/>  
<http://mesos.apache.org/>

# Aurora / Mesos Cluster の利用

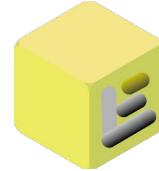


## Galaxy Workflow ⇒ Aurora Job Config(.aurora)



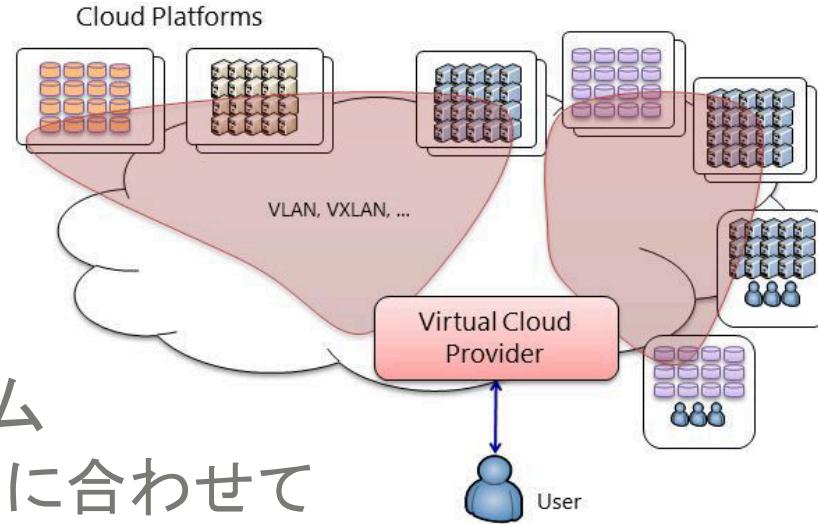
- ジョブ投入時UIDは、Aurora Job Configで設定  
⇒ Mesos Docker Containerizer へそのまま引き渡される仕様
- DRMAAと同様に、動的なUID解決が可能 (今後、実装予定...)

# 今後の開発予定 (Galaxyをユースケースの1つとして)



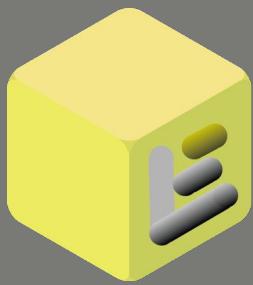
## ■ オーバーレイクラウド基盤ミドルウェア開発

- Application毎に最適化された仮想クラウド環境をオンデマンドに構築するための基盤技術を確立。
- SINET5 VPLSを活用し、来年度から試行運用予定。



## ■ 計算資源の動的再構成システム

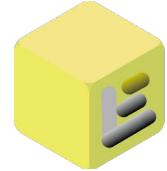
- Application実行状況の変化に合わせて計算資源の再構成を行うための技術開発  
→各タスクの進行率、スペックの待ち状況、CPU/RAM使用状況などを監視し、Auto ScalingやPublicクラウドからの新たな資源確保を行う。
- 特殊な制約を持つ計算資源にも対応させる  
→個人情報が保存されたストレージ、スーパーコンピューターなどの資源制約に関する要件を考慮



# Galaxy 七転び八起き (4)

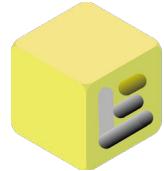
理化学研究所  
石井学

# 実際に七転びするとどうなるか



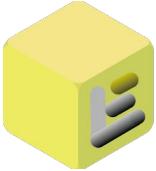
- bayes linux 開発中その中にGalaxy
- Galaxy は、開発スピードが速く、また規模もそれなりに大きい
- 実際に使ってみると、問題が発見されること「も」ある
- あるかなあと思った機能がないこと「も」ある
- 実際に七転びくらいするとどうなるのかわからなかつたので試してみた

# 実際に七転びするとどうなるか、途中経過



- 欲しい機能なども含めて7つ(以上)はPRした
- Galaxy本体や、docker 版など

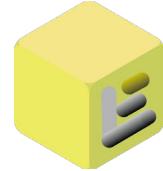
	Opened 7 other pull requests	
	bgruening/docker-galaxy-stable Not create conf.d/25ansible_postgresql.conf	Aug 24
	galaxyproject/ansible-postgresql postgresql option config	Aug 24
	galaxyproject/galaxy tool run in docker derived from All-in-one-Galaxy-con...	Aug 10
	galaxyproject/galaxy Check job_directory is set or not	Aug 10
	galaxyproject/galaxy Fix docker command_list	Aug 8
	galaxyproject/galaxy Fix directory of local_container_script	Aug 5
	galaxyproject/ansible-galaxy-extras Add NONUSE option for condor in startup	Aug 3



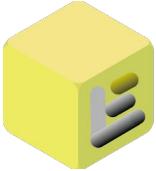
# その1、ドキュメントの修正

- start\_liteというスクリプトを使って、docker版を最小構成で実行できるという記述をREADMEで発見。
- 実際にそのコマンドを打ったら動かなかった
  - 原因は、スクリプトの末尾に.shがついていた
- Pull Requestを送った
  - fix typo

# その2、docker関連の修正1



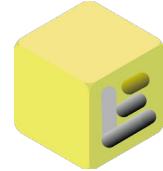
- Dockerを使うことができるのだが、初回のジョブ投入で必ず失敗する。
  - 二回目は問題なく動く
- Pull Requestを送った
  - Fix docker command\_list
    - 壊した人が、名乗り出てくれた（誠実）
    - 壊れているバージョンへbackportされた



## その3、docker関連の修正2

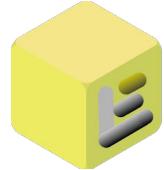
- Dockerを使う時に依存するツールも動かしたかった
- Pull Requestを送った
  - tool run in docker derived from All-in-one-Galaxy-container
  - そのまま取り込まれなかつたけど、素晴らしい解決策を別に作ってくれた。
  - すごい嬉しい

# その4、GridEngine関連のパッケージ追加



- Dockerを使ったGalaxyでは、GridEngine関連のパッケージが入ってなかつた
  - slurmはインストールされていた。
  - condorも入っていた。
- Pull Requestを送った
  - Add GridEngine client and its DRMAA
  - 細かくいろいろチェックしてもらった

# その5、GridEngineに関するREADME



- GridEngineを実際に使うための、ドキュメントを書いて欲しいと言われていた。
- 手伝うとも書いてあるようだ



bgruening commented on Aug 8

Owner



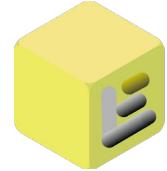
Thanks again! Let me know if you need help with the documentation.

## ■実際に書いてみた

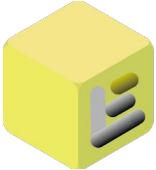
### ■ About how to use Grid Engine environment

### ■ 丁寧に英語を直してくれた!!

# まとめ、実際に七転びした結果、予定



- Galaxy関連のプロジェクトにPullRequestをよく送るようになった。
  - 思っていたほど敷居は高くなかった
  - とにかく褒めてくれる
  - 親切に対応してくれる
  - travisでSGE用のテストを書く予定
- 日本のコミュニティも優しくtypoを教えてくれる



# ありがとうございました

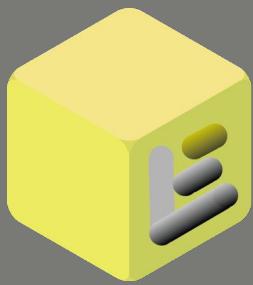
- Galaxyはに参加中のこと
- PR送って開発に参加してみよう。

The screenshot shows a tweet from the Galaxy Project (@galaxyproject). The tweet text is:  
Galaxy has joined the **#hacktoberfest** event.  
Work on our list of beginner-friendly issues and  
win a free T-shirt. [github.com/galaxyproject/ ...](https://github.com/galaxyproject/)

The tweet includes two options for getting involved:

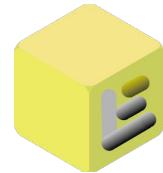
- Submit your open-source project**: Apply the label "Hacktoberfest" to issues in your GitHub-hosted project that are ready for new contributors to work on. Learn more about what makes an issue a good fit.
- Contribute to other open-source projects**: Submit four pull requests to win a free T-shirt. Browse issues labeled "Hacktoberfest" on GitHub for other projects.

At the bottom of the tweet, there are engagement metrics: 9 retweets and 8 likes. Below the tweet are standard social media sharing icons and a timestamp: 13:19 - 2016年9月27日.



## Meet the Experts

# What is Valid / Invalid Tool?



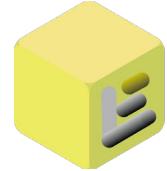
- Some tools become “invalid” after retrieving and installing from Tool Shed, and those tools are not shown in the tool panel.
- What is the reason and how we can check why?

The screenshot shows a software interface with a dark header bar containing 'Localization ▾', 'Admin', and 'Help ▾'. A dropdown menu is open under 'Admin' with the following options:

- SEARCH TOOL SHED
- Manage installed tools
- Recat metadata

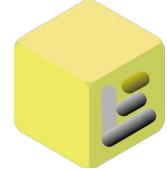
To the right, there is a sidebar with a yellow header 'Contents of this repository' containing a link 'Invalid tools'. Below it is another section with a yellow header 'Invalid tools' containing a link 'bowtie2\_wrapper.xml'.

# Tool Dependency Package or Docker?



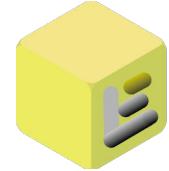
- As tools' requirement, we can prepare dependency packages (on Tool Shed) or docker images. Which is preferable?

# Tools' Version and Revision?



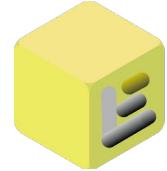
- Tool Shed manages revisions which are different from versions written by developers.
- The revisions seem necessary since updated tools can have the same versions as the old ones.
- At the same time, for each history, revisions of the tools executed are not saved. Should it be recorded for traceability and reproducibility?
- How about when we use Docker images?

# The Best Method to Test Tools?

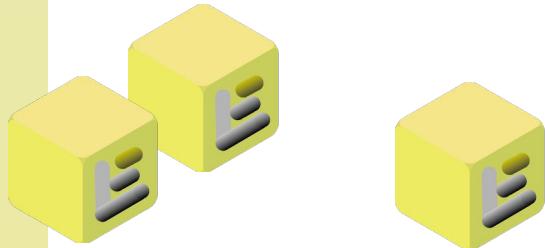


- Test Tools
  - using Planemo?
  - using Docker?
- Test workflows – end-to-end testing
  - CasperJS, Selenium, Jenkins?
  - related issue

# Improvement of User Interface?



- Galaxy UI seems not very popular for the biologists (at least in Japan. One reason may be because it is in English).
- For example, input/output file name is basic point but still improving. [related issue](#)
- Do you have a plan to renovate UI?  
Do you have such an internal discussion?
- Is there any project to develop simplified UI which wrap Galaxy UI?



# Q & A

