مقدمة عن مشروع الجالاكسي

Abdelazeem Abdelhameed Elhabyan
Founder of Galaxy_Arabic Community
Scientific committee member at DTCP
Founder of Mozilla science study group Egypt
Founder of MGA

ما هو مشروع الجالاكسي؟

مشروع لتحليل المعلومات الحيوية بطريقة سهلة تتميز عن .غيرها من الطرق بعدد من المميزات

تم تأسيس المشروع بالاشتراك بين جامعتي

مميزات مشروع الجالاكسي

السهولة : يمكن لأي شخص استخدام جالاكسي حتى لو لم تكن لديه خبرة كافية بتحليل المعلومات الحيوية

النتائج : تحصل على نفس النتائج مهما أجريت التجربة مرات عديدة وهذا يميز جالاكسي عن العديد من الأدوات الاخرى

الشفافية : يمكنك أن تشارك ما توصلت إليه مع زملائك والعالم كله ويمكنك النشر أيضا

سمات الجالاكسي بلاتفورم

كل شخص له اسم مستخدم وكلمة مرور

يتم الاحتفاظ بالنتائج التي أجريتها لفترة طويلة

يمكنك انشاء العديد من التحاليل وحفظ كل منها على حدى بتاريخ معين

سمات جالاكسي بلاتفورم

يمكنك انشاء خريطة عمل واحدة وتطبيقها بطريقة روتينية على كم كبير من البيانات

يمكنك نشر ما توصلت اليه في الحال ومشاركته

يوجد عدد كبير من الادوات ويمكنك ايضا دمج الادوات التي تريدها حتى من خارج الجالاكسي

https://usegalaxy.org

Galaxy | Analyze Data | Workflow | Shared Data | Visualization | Help | User | Using 0 bytes

Tools

search tools

Get Data
Lift-Over
Text Manipulation
Datamash
Convert Formats
Filter and Sort
Join, Subtract and Group
Fetch Alignments/Sequences
NGS: QC and manipulation
NGS: DeepTools
NGS: Mapping
NGS: RNA Analysis
NGS: SAMtools
NGS: BamTools
NGS: Picard
NGS: VCF Manipulation
NGS: Peak Calling
NGS: Variant Analysis
NGS: RNA Structure
NGS: Du Novo
NGS: Gemini
NGS: Assembly
Operate on Genomic Intervals
Statistics

Galaxy is an open source, web-based platform for data intensive biomedical research. If you are new to Galaxy start here or consult our help resources. You can install your own Galaxy by following the tutorial and choose from thousands of tools from the Tool Shed.

Tweets by @galaxyproject

Galaxy Project Retweeted

Guillaume Bourque @guilbourque

History

search datasets

Unnamed history

0 b

This history is empty. You can load your own data or get data from an external source

Waiting for usegalaxy.org...

1:46 PM
10/30/2016

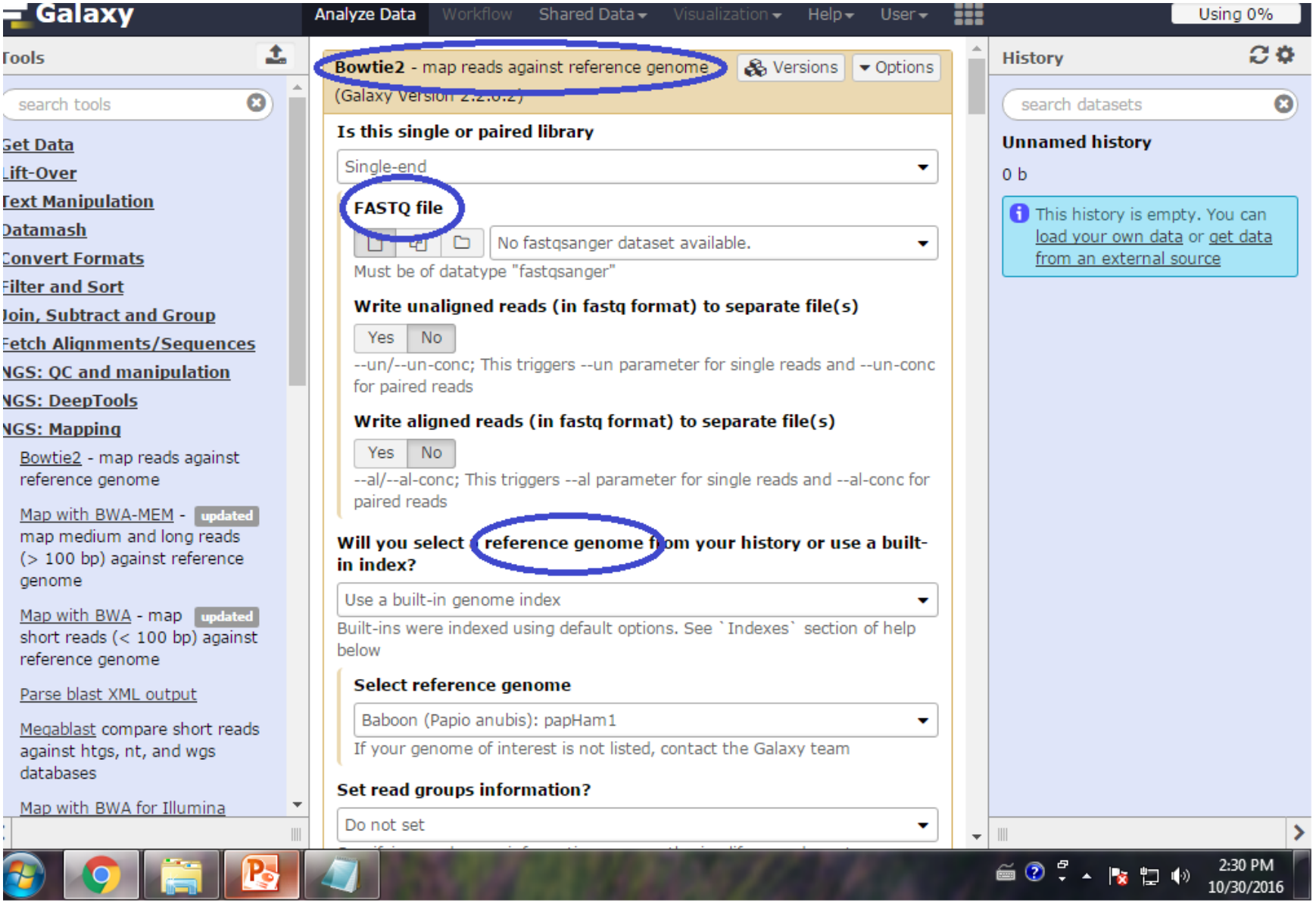
واجهة المتسخدم

شريط الادوات على اليسار

التاريخ التحليلى على اليمين

شريط المساعدة والشير بالأعلى

المركز يحتوي على آخر أخبار الجالاكسي العالمية والمحلية

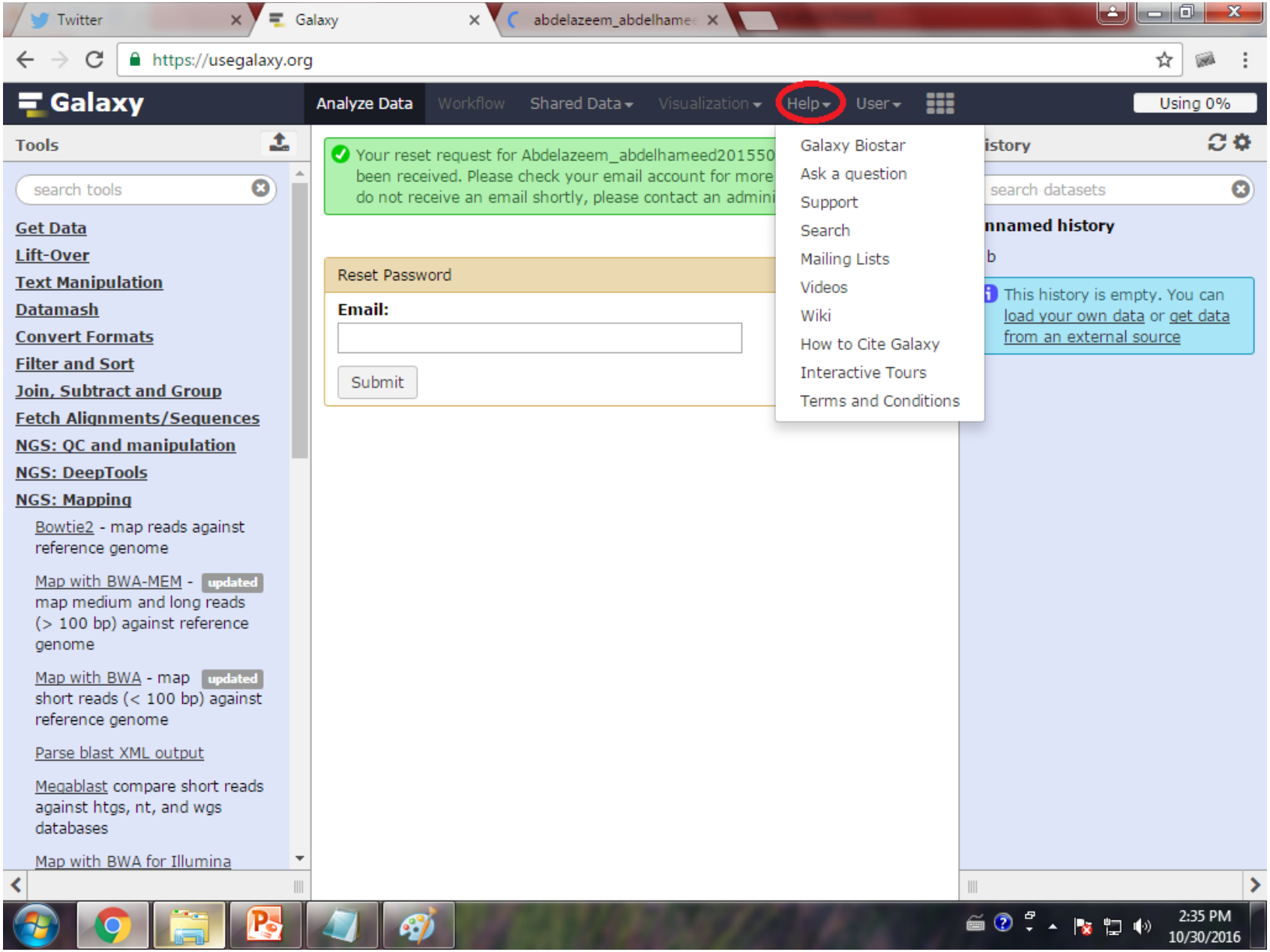

Galaxy
Analyze Data
Workflow
Shared Data
Visualization
Help
User
Using 0%
Tools
search tools
Get Data
Lift-Over
Text Manipulation
Datamash
Convert Formats
Filter and Sort
Join, Subtract and Group
Fetch Alignments/Sequences
NGS: QC and manipulation
NGS: DeepTools
NGS: Mapping
Bowtie2 - map reads against reference genome
Map with BWA-MEM - updated map medium and long reads (> 100 bp) against reference genome
Map with BWA - map updated short reads (< 100 bp) against reference genome
Parse blast XML output
Megablast compare short reads against htgs, nt, and wgs databases
Map with BWA for Illumina
Bowtie2 - map reads against reference genome
Versions
Options
(Galaxy Version 2.2.6.2)
Is this single or paired library
Single-end
FASTQ file
No fastqsanger dataset available.
Must be of datatype "fastqsanger"
Write unaligned reads (in fastq format) to separate file(s)
Yes
No
--un/--un-conc; This triggers --un parameter for single reads and --un-conc for paired reads
Write aligned reads (in fastq format) to separate file(s)
Yes
No
--al/--al-conc; This triggers --al parameter for single reads and --al-conc for paired reads
Will you select a reference genome from your history or use a built-in index?
Use a built-in genome index
Built-ins were indexed using default options. See `Indexes` section of help below
Select reference genome
Baboon (Papio anubis): papHam1
If your genome of interest is not listed, contact the Galaxy team
Set read groups information?
Do not set
History
search datasets
Unnamed history
0 b
This history is empty. You can load your own data or get data from an external source
2:30 PM
10/30/2016

مثال على أداة

هذا المثال يحتوي على أداة لمحاذاة النتائج التحليل الجيني بالجينوم المرجعي

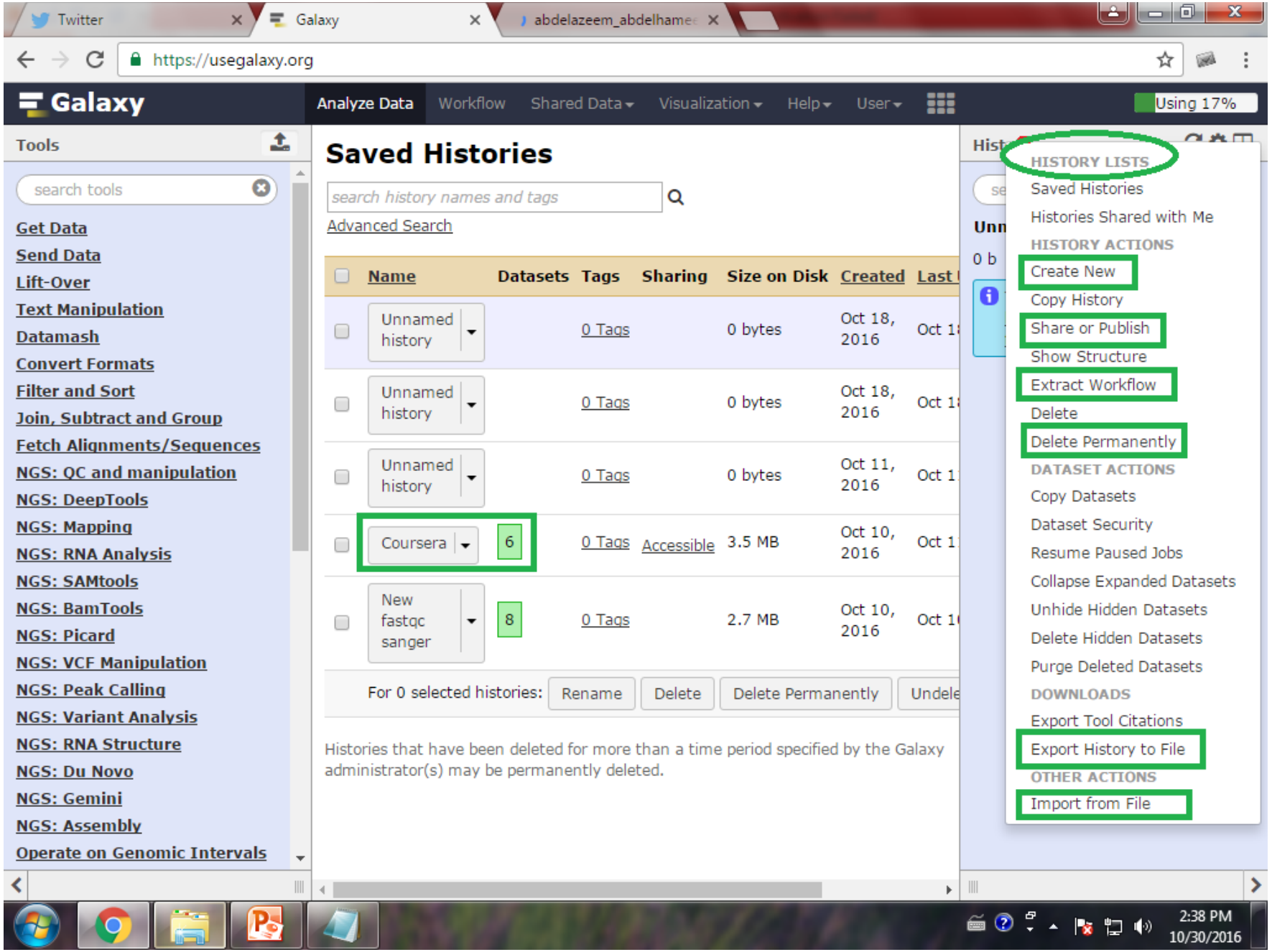
بالاعلى تدخل النتائج المعملية

بالاسفل تختار الجينوم المرجعي الذي تريد المحاذاة له


Twitter
Galaxy
abdelazeem_abdelhame
https://usegalaxy.org
Galaxy
Analyze Data
Workflow
Shared Data
Visualization
Help
User
Using 0%
Tools
search tools
Get Data
Lift-Over
Text Manipulation
Datamash
Convert Formats
Filter and Sort
Join, Subtract and Group
Fetch Alignments/Sequences
NGS: QC and manipulation
NGS: DeepTools
NGS: Mapping
Bowtie2 - map reads against reference genome
Map with BWA-MEM - updated map medium and long reads (> 100 bp) against reference genome
Map with BWA - map updated short reads (< 100 bp) against reference genome
Parse blast XML output
Megablast compare short reads against htgs, nt, and wgs databases
Map with BWA for Illumina
Your reset request for Abdelazeem_abdelhameed201550
been received. Please check your email account for more
do not receive an email shortly, please contact an admini
Reset Password
Email:
Submit
Galaxy Biostar
Ask a question
Support
Search
Mailing Lists
Videos
Wiki
How to Cite Galaxy
Interactive Tours
Terms and Conditions
istory
search datasets
nnamed history
b
This history is empty. You can load your own data or get data from an external source
2:35 PM
10/30/2016

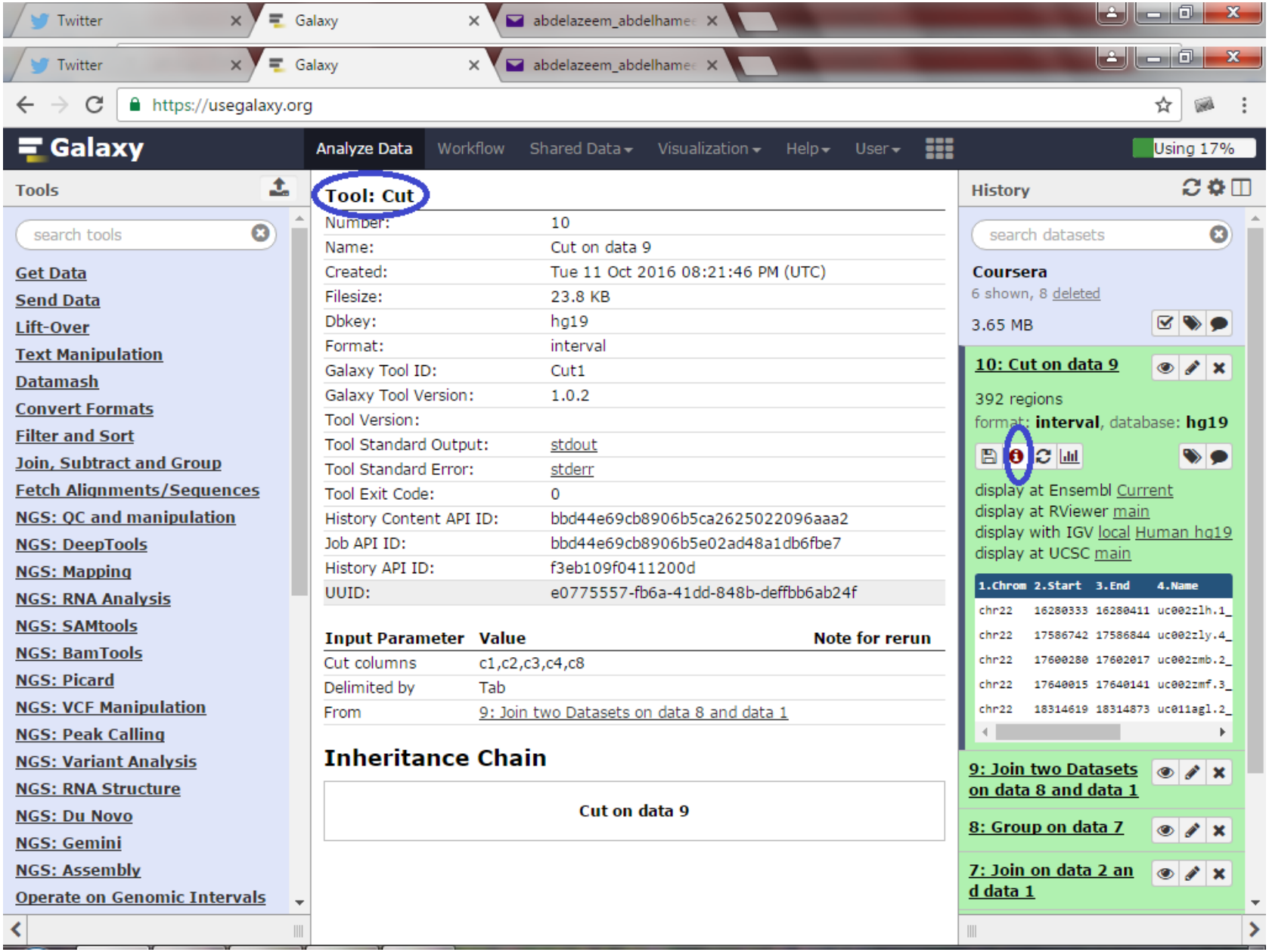
المساعدة

هنا يمكنك الحصول على المساعدة عن طريق سؤال الأدمن مباشرة أو السؤال على منتديات بيو ستارز أو التسجيلات والفيدوهات التعليمية


Twitter
Galaxy
abdelazeem_abdelhame
https://usegalaxy.org
Galaxy
Analyze Data
Workflow
Shared Data
Visualization
Help
User
Using 17%
Tools
search tools
Get Data
Send Data
Lift-Over
Text Manipulation
Datamash
Convert Formats
Filter and Sort
Join, Subtract and Group
Fetch Alignments/Sequences
NGS: QC and manipulation
NGS: DeepTools
NGS: Mapping
NGS: RNA Analysis
NGS: SAMtools
NGS: BamTools
NGS: Picard
NGS: VCF Manipulation
NGS: Peak Calling
NGS: Variant Analysis
NGS: RNA Structure
NGS: Du Novo
NGS: Gemini
NGS: Assembly
Operate on Genomic Intervals
Saved Histories
search history names and tags
Advanced Search
Name
Datasets
Tags
Sharing
Size on Disk
Created
Unnamed history
0 Tags
0 bytes
Oct 18, 2016
Unnamed history
0 Tags
0 bytes
Oct 18, 2016
Unnamed history
0 Tags
0 bytes
Oct 11, 2016
Coursera
6
0 Tags
Accessible
3.5 MB
Oct 10, 2016
New fastqc sanger
8
0 Tags
2.7 MB
Oct 10, 2016
For 0 selected histories:
Rename
Delete
Delete Permanently
Histories that have been deleted for more than a time period specified by the Galaxy administrator(s) may be permanently deleted.
HISTORY LISTS
Saved Histories
Histories Shared with Me
HISTORY ACTIONS
Create New
Copy History
Share or Publish
Show Structure
Extract Workflow
Delete
Delete Permanently
DATASET ACTIONS
Copy Datasets
Dataset Security
Resume Paused Jobs
Collapse Expanded Datasets
Unhide Hidden Datasets
Delete Hidden Datasets
Purge Deleted Datasets
DOWNLOADS
Export Tool Citations
Export History to File
OTHER ACTIONS
Import from File
2:38 PM
10/30/2016

التاريخ التحليلي

هذا التاريخ يحتوى على التحاليل التي أجريتها مسبقا ويمكنك التحكم في العديد من الخيارات بكل تحليل كتعيين اسم له او استخراج خريطة عمل أو مشاركته مباشرة أو مسحه نهائيا


Twitter
Galaxy
abdelazeem_abdelhame
https://usegalaxy.org
Galaxy
Analyze Data
Workflow
Shared Data
Visualization
Help
User
Using 17%
Tools
search tools
Get Data
Send Data
Lift-Over
Text Manipulation
Datamash
Convert Formats
Filter and Sort
Join, Subtract and Group
Fetch Alignments/Sequences
NGS: QC and manipulation
NGS: DeepTools
NGS: Mapping
NGS: RNA Analysis
NGS: SAMtools
NGS: BamTools
NGS: Picard
NGS: VCF Manipulation
NGS: Peak Calling
NGS: Variant Analysis
NGS: RNA Structure
NGS: Du Novo
NGS: Gemini
NGS: Assembly
Operate on Genomic Intervals
Tool: Cut
Number: 10
Name: Cut on data 9
Created: Tue 11 Oct 2016 08:21:46 PM (UTC)
Filesize: 23.8 KB
Dbkey: hg19
Format: interval
Galaxy Tool ID: Cut1
Galaxy Tool Version: 1.0.2
Tool Version:
Tool Standard Output: stdout
Tool Standard Error: stderr
Tool Exit Code: 0
History Content API ID: bbd44e69cb8906b5ca2625022096aaa2
Job API ID: bbd44e69cb8906b5e02ad48a1db6fbe7
History API ID: f3eb109f0411200d
UUID: e0775557-fb6a-41dd-848b-deffbb6ab24f
Input Parameter
Value
Note for rerun
Cut columns c1,c2,c3,c4,c8
Delimited by Tab
From 9: Join two Datasets on data 8 and data 1
Inheritance Chain
Cut on data 9
History
search datasets
Coursera
6 shown, 8 deleted
3.65 MB
10: Cut on data 9
392 regions
format: interval, database: hg19
display at Ensembl Current
display at RViewer main
display with IGV local Human hg19
display at UCSC main
1.Chrom 2.Start 3.End 4.Name
chr22 16280333 16280411 uc002zlh.1_
chr22 17586742 17586844 uc002zly.4_
chr22 17600280 17602017 uc002zmb.2_
chr22 17640015 17640141 uc002zmf.3_
chr22 18314619 18314873 uc011agl.2_
9: Join two Datasets on data 8 and data 1
8: Group on data 7
7: Join on data 2 and data 1

مثال على تحليل تم إجراءه

الصورة توضح كل المعلومات عن الاداة المستخدمة في التحليل حتى يمكن الحصول على نفس النتائج عند اجراء التحليل مرة أخرى بنفس الاداة في أي مكان في العالم

مجتمع جالاكسي العربي

Twitter :@Galaxy_Arabic

Facebook : Galaxy Arabic Community Group

Mail list : galaxy-arabic@lists.galaxyproject.org

Web : wiki.galaxyproject.org/News/GalaxyArabic

Galaxy
العربية