

# RiboBio Galaxy 平台使用教程-v2.1

—— 锐博生物，生物信息部

## 1. 简介

Galaxy 是一个提供执行交互式分析的分析环境，同时确保结果分析具有透明和可重复性的在线生物信息分析平台，其在后台封装了很多高端的生物信息分析计算工具，并且通过网页以直观的使用界面方式把这些工具友好地可视化展示给用户，同时把计算和存储管理的细节隐藏起来，因此它消除了在执行许多常见类型的大规模分析过程中对专门的信息学专业知识的需求，使得 Galaxy 生物信息分析平台成为了目前生物医学研究领域最受欢迎的在线生物信息分析工具。

本文档为定制化的 RiboBio Galaxy 平台 (<http://galaxy.ribobio.com:8088/>，推荐在 Firefox 或者 Chrome 下使用本平台) 使用说明文档，旨在帮助更多的用户熟悉 RiboBio Galaxy，利用 RiboBio Galaxy 平台实现生物信息常见的一些分析，为售后提供支持与帮助。

RiboBio Galaxy 平台主要分为三大块内容：**工具栏**、**参数设置栏**、**历史栏**。

The screenshot shows the RiboBio Galaxy web interface. At the top, there's a navigation bar with 'RiboBio Galaxy' logo and user options like '数据分析', '数据共享', '管理员', '帮助', and '账号管理'. Below the navigation bar, there's a message: '点击刷新, 可切换中文界面! 如果有任何建议, 不要犹豫, 欢迎随时与我们 (galaxy@ribobio.com) 联系!!!'. The main content area is titled '欢迎使用 RiboBio Galaxy 平台' and includes a '使用与服务' section with bullet points about free services and a '资源与数据' section with details on storage and network. The right sidebar, titled '历史', shows a 'Galaxy Analysis History' table with columns for file names, sizes, and actions. The table lists several jobs, including '27: volcano\_example.txt', '26: GC\_Result (from: data 25)', '25: paster.fa', '24: GC\_Result (from: data 23)', and '23: h-BACE1.seq'. Below the table, there's a section for 'uploaded fasta file' with a text area containing sequence data.

- 左侧是**工具栏**，主要包括本平台所有可用的分析工具集。
- 中间是**参数设置栏**，是对选定的某一个特具体工具进行参数设置，提交分析任务操作的详情页。

- 右侧是**历史栏**，是对当前用户执行分析的历史记录，用户可以通过该历史记录查看分析的具体信息、查看分析结果，以及对分析结果进行可视化处理等操作。

## 2. 注册登录

RiboBio Galaxy 默认是需要每个用户注册后才能登录使用。

### 2.1 注册

没有注册的用户，可以直接访问 RiboBio Galaxy 的链接，在注册页面中输入邮箱、密码、用户名进行注册。



一个用户仅限注册一个账号, 我们基于有限的计算资源, 免费提供本平台服务。我们会不定期对多个帐户进行跟踪, 如发现恶意注册将终止帐户和清除数据。

### 创建 Galaxy 账号

邮箱

密码

确认密码

用户名

您的用户名是一个标识符, 将用于为您公开共享的信息生成地址。用户名的长度必须至少为三个字符, 并且只包含小写字母、数字、点、下划线和破折号(' ', '\_', '-').

已有账户? [点击这里登录](#).

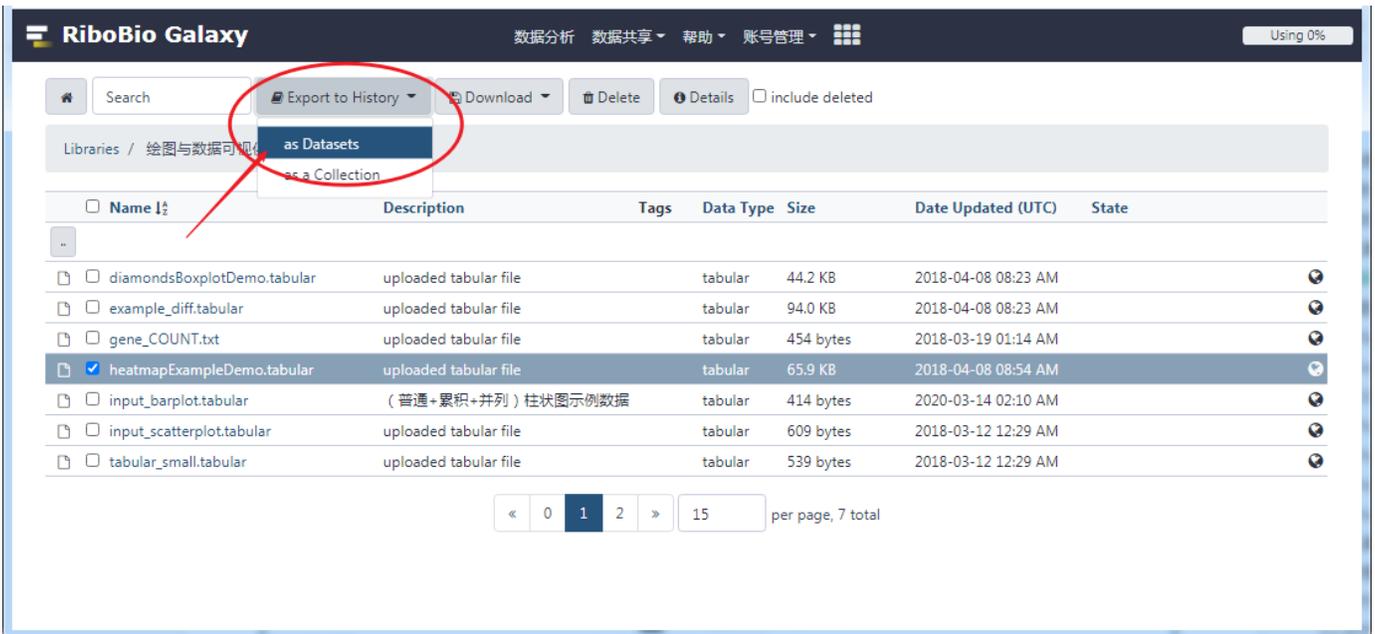
## 2.2 激活

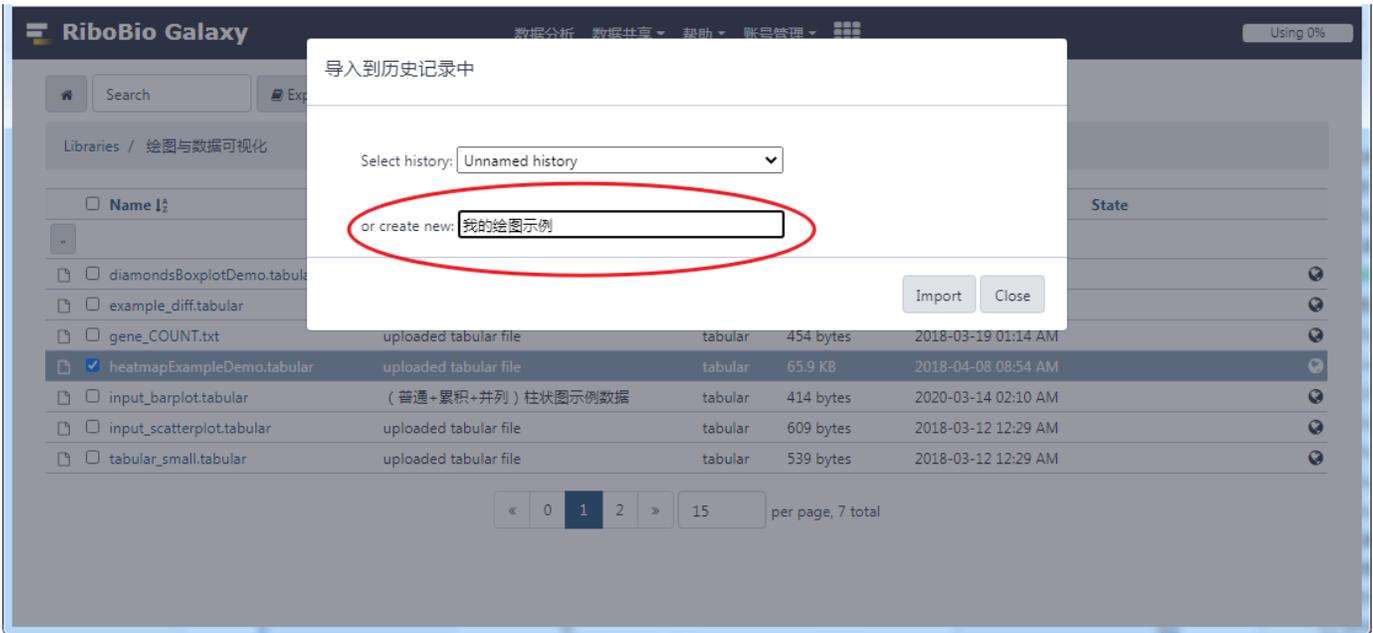
注册完成后, 你的注册邮箱将会收到一封 RiboBio Galaxy 账号激活的邮件, 通过邮件中的链接, 即可完成最后的账号激活。





我们进入其中一个数据库（如，绘图与数据可视化）中，选中特定的数据后，"Export to History" → "as Datasets" 即可把数据库中共享的数据导入到历史记录中进行分析。





## 3.2 绘图与可视化

RiboBio Galaxy 中的绘图与数据可视化整合了目前常见热图（普通热图、环化热图）、柱状图（常规柱状图、累堆叠柱状图、并列柱状图）、散点图、火山图、韦恩图等生物信息分析中最长见的绘图类型。

RiboBio Galaxy 在每个工具的参数设置栏下面，都增加了对当前工具的详细说明和使用示例，在这个帮助文档里我们提供了当前工具的测试数据、参数设置示例，以及绘图结果展示，每个用户在使用该工具前，

请先仔细阅读这一部分的内容，再按照指定的要求去上传和分析数据。

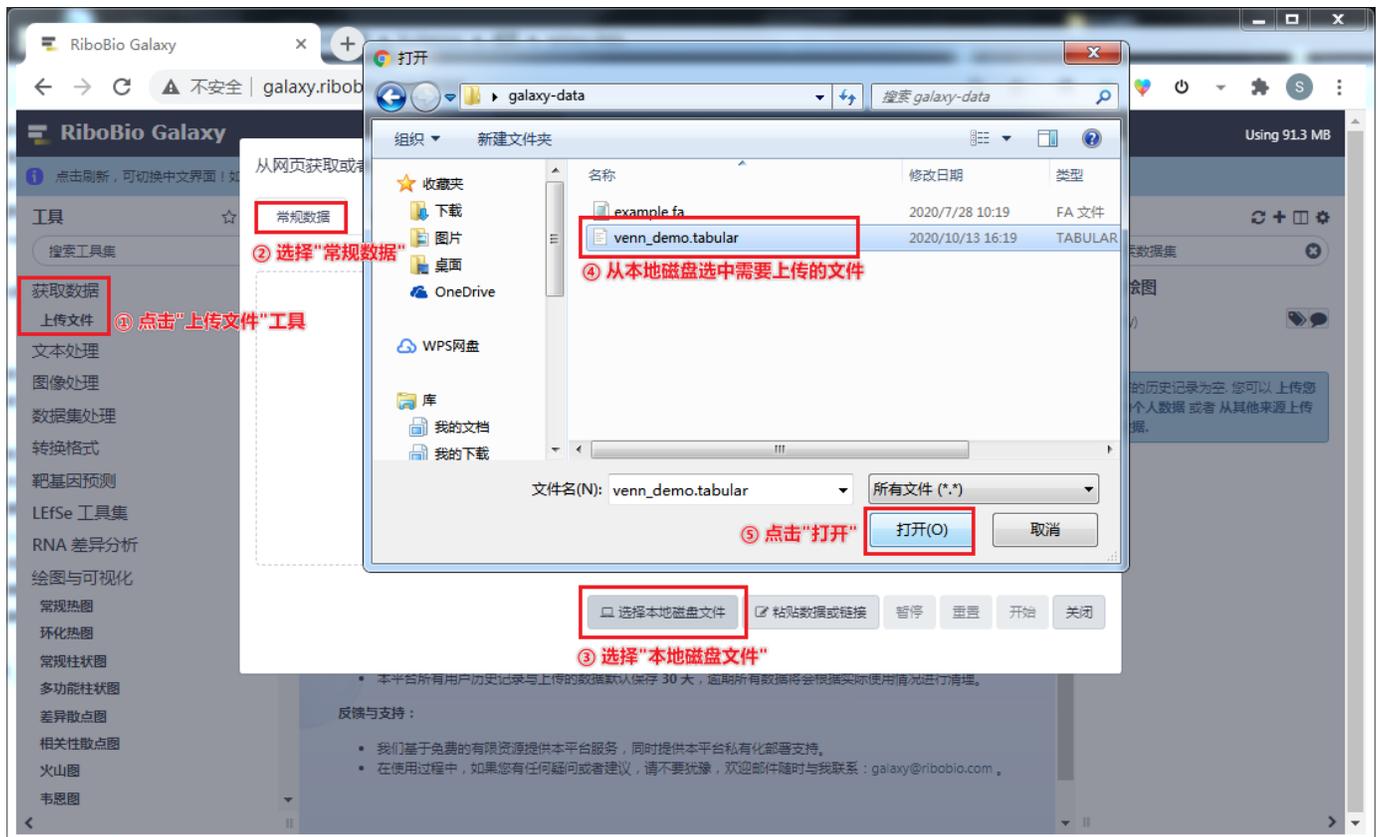
以韦恩图为例。RiboBio Galaxy 的韦恩图可以实现二元、三元和四元韦恩图的绘制，每一种韦恩图的绘制方法可以参考该工具参数页底部的说明文档。

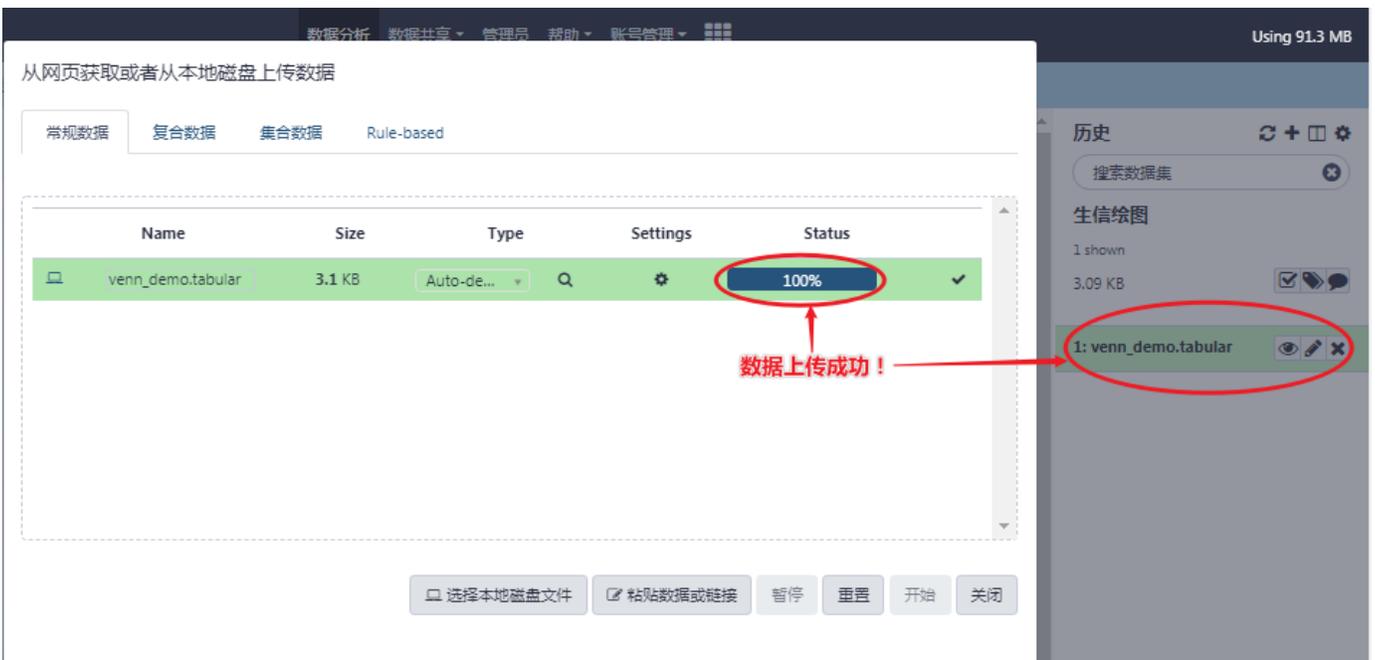
## 1. 获取数据

以 RiboBio Galaxy "绘图与数据可视化" 工具集下 "韦恩图" 提供的示例数据为例：

[http://galaxy.ribobio.com:8088/static/test-data/venn\\_demo.tabular](http://galaxy.ribobio.com:8088/static/test-data/venn_demo.tabular)。

点击 Galaxy 左边工具栏 "获取数据" → "上传文件" → "选择本地磁盘文件" → 选择你要上传的文件 → 设置 Type: tabular → 点击 "开始"，完成最后的上传。





RiboBio Galaxy 中绘图与数据可视化的大部分工具都是基于 tabular 格式进行处理的，这其实就是一个 tab 制表符分隔的 txt 文件。

文件上传后，可以在右侧的历史栏中通过点击眼镜图片查看详细的数据内容。

数据分析 可视化 数据共享 账号管理 Using 0%

1	2	3	4	5
Gene	miRDB	miRTarBase	miRWalk	TargetScan
LRRTM3	1	0	1	1
RPE	1	0	1	1
SLC20A1	1	0	1	1
TSPAN9	1	0	1	1
KLF6	1	0	1	1
DPYSL5	1	0	1	1
SYNC	1	0	1	1
FLT1	1	0	1	1
PAK1	1	0	1	1
CABLES1	1	0	1	1
ATP8B1	1	0	1	1
LOC100130451	1	0	1	1
IL26	1	0	1	1
SUCO	1	0	1	1
TMEM68	1	0	1	1
NPAS3	1	0	1	1
AGRN	1	0	1	1
CDH22	1	0	1	1
BAALC	1	0	1	1
VHL	1	0	1	1
MIA3	1	0	1	1

历史 刷新 + 窗口 设置

搜索数据集

生信绘图

1 shown

3.09 KB ✔️ 🗑️ 💬

**1: venn\_demo.tabular** 👁️ ✎️ ✕️

220 lines

格式: tabular, 数据库: ?

uploaded tabular file

📄 📄 📄 ? 🗑️ 💬

1	2	3	4	5
Gene	miRDB	miRTarBase	miRWalk	TargetScan
LRRTM3	1	0	1	1
RPE	1	0	1	1
SLC20A1	1	0	1	1
TSPAN9	1	0	1	1

## 2. 选择工具，设置参数

点击左侧工具栏下 "绘图与数据可视化" → 选择"韦恩图", 在中间栏出现的参数设置页选择需要执行韦恩图处理的数据, 并设置参数, 提交任务执行。

**工具**

搜索工具集

- 获取数据
- 文本处理
- 合并与拆分
- 转换格式
- Small RNA 分析
- LEfSe 工具集
- RNA 差异分析
- 绘图与数据可视化**
- 热图
- 柱状图 - 单颜色
- 柱状图 - 普通+累积+并列
- 差异散点图
- 火山图
- 箱线图
- 韦恩图** ① 选择工具
- PCA 主成分分析图
- GO 功能分类柱状图
- 锐博生信工具集
- 序列分析工具集

韦恩图 (Galaxy Version 1.0.0)

1: venn\_demo.tabular ② 选择数据

把第一行数据作为表头(header)标题处理?

Yes No

选择要绘制的韦恩图数

3

选择用于绘制第一个图的数据

Column: 2 ③ 设置参数

选择用于绘制第二个图的数据

Column: 3

选择用于绘制第三个图的数据

Column: 4

设置输出图像大小?

默认: 680 x 680

执行 ④ 提交分析

**历史**

搜索数据集

生信绘图

1 shown

3.09 KB

1: venn\_demo.tabular

220 lines

格式: tabular, 数据库: ?

uploaded tabular file

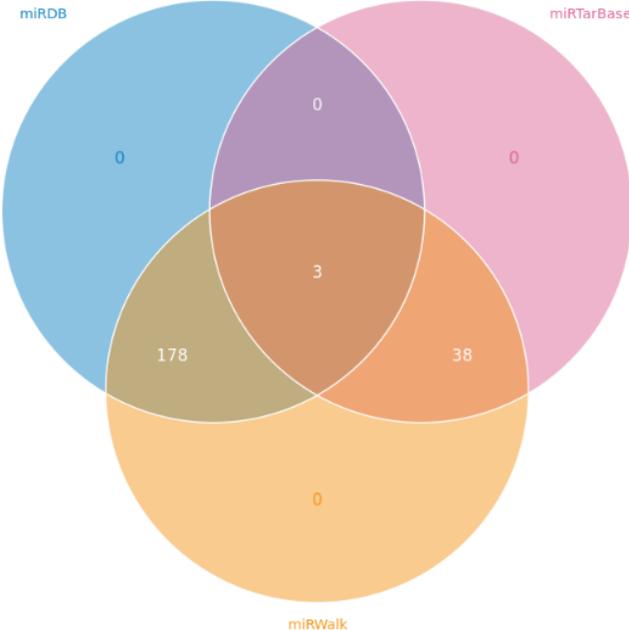
Gene	miRDB	miRTarBase	miRWalk	TargetScan
LART1B	1	0	1	1
RPE	1	0	1	1
SLC20A1	1	0	1	1
TSPAI8	1	0	1	1

### 3. 查看结果

**工具**

搜索工具集

- 获取数据
- 文本处理
- 合并与拆分
- 转换格式
- Small RNA 分析
- LEfSe 工具集
- RNA 差异分析
- 绘图与数据可视化
- 热图
- 柱状图 - 单颜色
- 柱状图 - 普通+累积+并列
- 差异散点图
- 火山图
- 箱线图
- 韦恩图
- PCA 主成分分析图
- GO 功能分类柱状图
- 锐博生信工具集
- 序列分析工具集



miRDB miRTarBase miRWalk

**历史**

搜索数据集

生信绘图

2 shown

43.14 KB

2: 韦恩图 on data 1

40.0 KB

格式: png, 数据库: ?

null device

1

Loading required package: grid

Loading required package: futile.logger

Image in png format

1: venn\_demo.tabular

220 lines

格式: tabular, 数据库: ?

uploaded tabular file

Gene	miRDB	miRTarBase	miRWalk	TargetScan
LART1B	1	0	1	1
RPE	1	0	1	1
SLC20A1	1	0	1	1
TSPAI8	1	0	1	1

## 3.3 RNA 差异分析

RNA-seq 差异表达分析利用了 R 的 DESeq、DESeq2、edgeR、DEGseq 四个包，对 RNA-seq ( Gene、Transcript、mRNA、ncRNA ) 表达数据进行差异分析。

## 1. 输入数据

RNA-seq 差异表达分析示例数据，参考 [http://galaxy.ribo.bio.com:8088/static/test-data/rna\\_seq\\_expr.tabular](http://galaxy.ribo.bio.com:8088/static/test-data/rna_seq_expr.tabular)，该数据要求使用 TAB 制表符分隔，行为基因，列为样品分组，值为各个基因在不同分组中的表达值。

tracking_id	RC1	RC2	RC3	RC4	RC5	RC6	TH1	TH2	TH3	TH4	TH5	TH6	TH7	TH8	TH9
3.8-1.2	0	1	0	1	0	1	10	5	4	2	0	1	5	6	0
3.8-1.4	0	0	0	0	0	0	1	6	2	0	0	12	0	1	0
3.8-1.5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
5-HT3C2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
A1BG	2	0	1	4	0	0	1762	1746	1813	2136	1616	2163	2082	2016	2161
A1BG-AS1	0	4	0	0	0	0	20	16	13	9	8	16	20	15	26
A1CF	40	0	0	0	0	0	12175	15226	20142	20152	13619	17699	24032	22221	20490
A2M	1664	35	37	15	0	14	622959	631291	390036	622577	436890	571486	631468	607981	587680
A2M-AS1	416	290	464	105	209	179	113	163	170	127	152	134	135	123	143
A2ML1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
A2MP1	0	2	0	1	4	6	0	0	0	4	0	0	6	1	0
A3GALT2	0	0	0	0	0	0	1	2	1	0	2	0	3	0	1
A4GALT	149	229	158	25	63	61	8	2	6	5	0	7	0	0	3
A4GNT	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

## 2. 参数设置

- 分组信息：

两两分组之间使用双下划线(\_\_)分隔；

每个分组必须符合格式："组名1:列名1,列名2,列名3,...--组名2:列名1,列名2,列名3,...";

例如，Control1:TH1,TH2,TH3--Test1:TH4,TH5,TH6\_\_Control1:TH1,TH2,TH3--

Test2:TH7,TH8,TH9

- 差异表达计算方法：

请参考工具的页面说明。

- log2( Fold\_change ) 筛选值：

Fold\_change 是样本质检表达量的差异倍数，这里取 log2（即以 2 为底 Fold\_change 的对数）以缩小差异特别大和差异比较小的数值之间的差距。

- Qvalue：

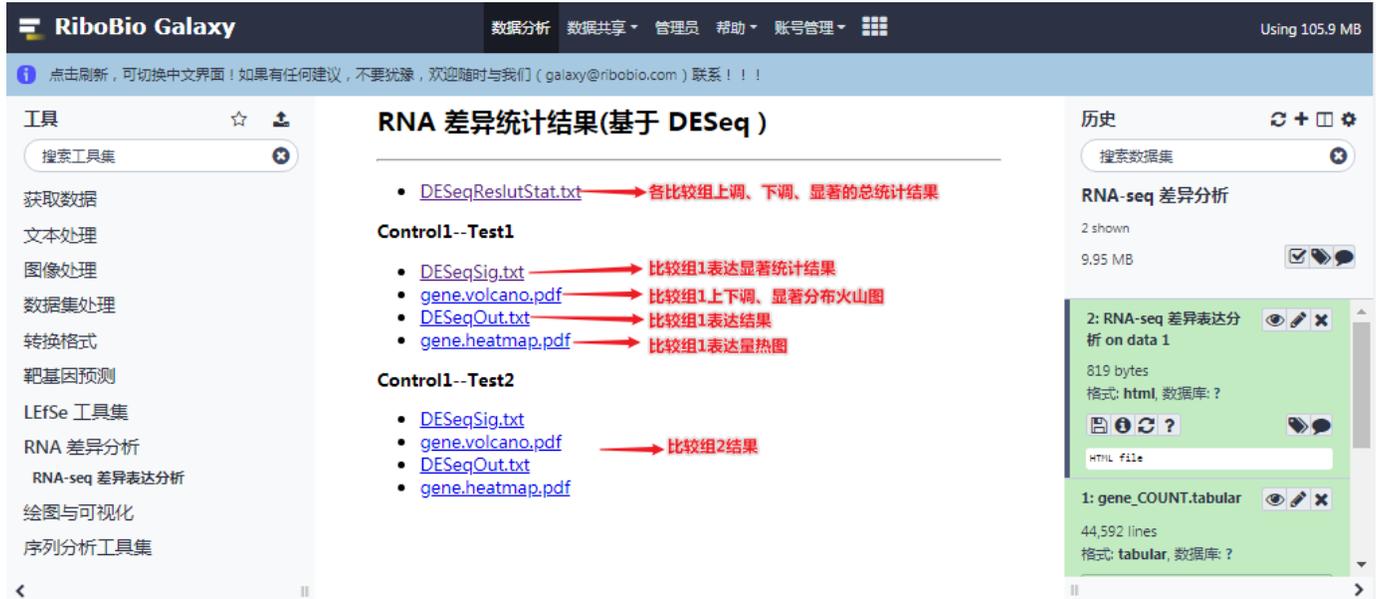
Q值，统计差异的显著性。

- 数据类型：

输入数据的数据类型( gene/transcript/mRNA/ncRNA )。

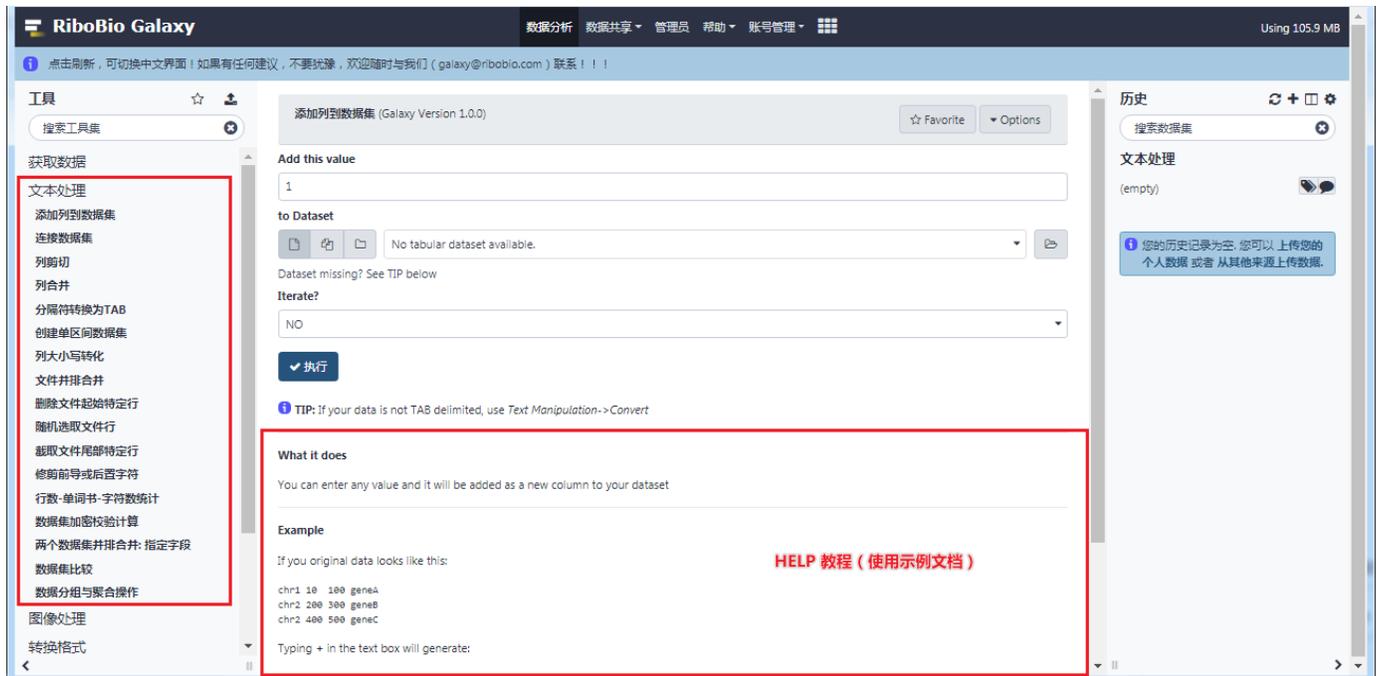
### 3. 结果说明

RNA-seq 差异表达分析工具运行结束后，将得到一个 HTML 格式的结果列表。



### 3.4 文本处理

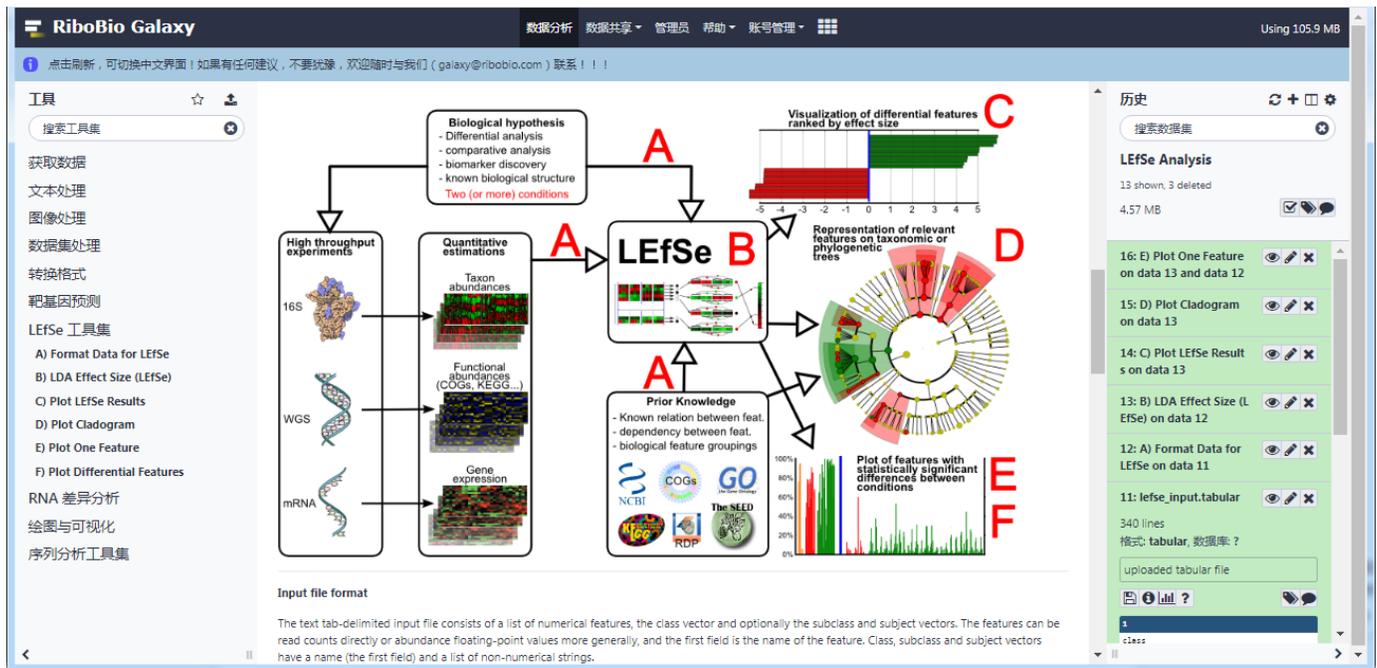
RiboBio Galaxy 把一些常用的文本数据处理，例如行列筛选、大小写转化、数据集比较，等等，进行了整合，并且在每个文本处理的工具页面提供了详细的使用示例，以供大家使用参考。



## 3.5 LefSe 分析

LefSe (Linear discriminant analysis Effect Size) 是一种用于发现和解释高维度数据生物标识（基因、通路和分类单元等）的分析工具，可以进行两个或多个分组的比较，它强调统计意义和生物相关性，能够在组与组之间寻找具有统计学差异的生物标识（Biomarker）。

RiboBio Galaxy 已经集成了 LefSe 的分析，下面简单介绍一下这个工具的使用。



下面我们来介绍一下如何在 RiboBio Galaxy 使用 LefSe 进行分析。本使用示例章节仅对 RiboBio Galaxy 上的 LefSe 的操作使用进行说明，不涉及具体选项的生物学解释，如要了解详细意义请参考相关页面说明。

本章节所使用示例数据：[hmp\\_aerobiosis\\_small.tabular](#)

### A. Format Data for LefSe

第一步，上传数据。

点击 Galaxy 的左边工具栏 "获取数据" → "数据上传" → "选择本地磁盘文件" → [hmp\\_aerobiosis\\_small.tabular](#) → 设置 Type: tabular → "开始"。



第二步，设置参数，提交任务。

点击 Galaxy 中 LEfSe 分析下的 "A) Format Data for LEfSe"，选择第一步输入的数据，设置参数如下。

**A) Format Data for LEfSe (Galaxy Version 1.0)** ☆ Favorite ▼ Options

Upload a tabular file of relative abundances and class labels (possibly also subclass and subjects labels) for LEfSe - See samples below - Please use Galaxy Get-Data/Upload-File. Use File-Type = tabular

1: hmp\_aerobiosis\_small.tabular

Select whether the vectors (features and meta-data information) are listed in rows or columns

Rows

Select which row to use as class

#1:oxygen\_availability

Select which row to use as subclass

#2:body\_site

Select which row to use as subject

#3:subject\_id

Per-sample normalization of the sum of the values to 1M (recommended when very low values are present)

Yes

Execute

完成后提交任务。

✔ Executed A) Format Data for LEfSe and successfully added 1 job to the queue.

The tool uses this input:

- 1: hmp\_aerobiosis\_small.tabular

It produces this output:

- 2: A) Format Data for LEfSe on data 1

You can check the status of queued jobs and view the resulting data by refreshing the History panel. When the job has been run the status will change from 'running' to 'finished' if completed successfully or 'error' if problems were encountered.

历史 🔄 + 🗑️ ⚙️

搜索数据集 ✖️

**LEfSe 分析**

2 shown 🔍 🗨️ 🗑️

1.91 MB

---

2: A) Format Data for LEfSe on data 1 👁️ ✎️ ✖️

63,685 lines

格式: lefse\_internal\_for, 数据库: ?

🗨️ 🔍 🗑️ ⚙️ 🗨️ 🗑️

```
(dp0
S' class_s1'
p1
(dp2
S' sid_02'
```

1: hmp\_aerobiosis\_small.tabular 👁️ ✎️ ✖️

第三步，查看结果。

任务完成，在右侧历史栏可以看到生成的结果 "2: A) Format Data for LEfSe on data 1"。

This dataset is large and only the first megabyte is shown below.  
 Show all | Save

```
(dp0
S'class_s1'
p1
(dp2
S'Mid_02'
p3
(I40
I55
tp4
sS'Low_02'
p5
(I30
I40
tp6
sS'High_02'
p7
(I0
I30
tp8
ssS'class_hierarchy'
```

历史

搜索数据集

LEfSe 分析

2 shown

1.91 MB

2: A) Format Data for LEfSe on data 1

63,685 lines

格式: lefse\_internal\_for, 数据库: ?

```
(dp0
S'class_s1'
p1
(dp2
S'Mid_02'
```

1: hmp\_aerobiosis\_small.

tabular

## B. LDA Effect Size (LEfSe)

第一步，选择数据，设置参数。

点击 Galaxy 中 LEfSe 分析下的 "B) LDA Effect Size (LEfSe)", 选择 A 的结果数据，设置参数如下。

**B) LDA Effect Size (LEfSe)** (Galaxy Version 1.0) ☆ Favorite

Select data

2: A) Format Data for LEfSe on data 1

Alpha value for the factorial Kruskal-Wallis test among classes

0.05

Alpha value for the pairwise Wilcoxon test between subclasses

0.05

Threshold on the logarithmic LDA score for discriminative features

2.0

Do you want the pairwise comparisons among subclasses to be performed only among the subclasses with the same name?

No

Set the strategy for multi-class analysis

All-against-all (more strict)

✓ 执行

第二步，提交任务，查看结果。

点击"执行"提交任务。任务完成，在右侧历史栏可以看到生成的结果 "3: B) LDA Effect Size (LEfSe) on data 2"，点击眼睛图标可以到如下结果详细信息。

The screenshot displays the LEfSe analysis interface. On the left, a list of bacterial taxa is shown with their corresponding LDA scores. On the right, a sidebar contains a search bar, a 'LEfSe 分析' section with a '3 shown' indicator and a '2 MB' file size, and a detailed view of the selected analysis '3: B) LDA Effect Size (LEfSe) on data 2'. This detailed view shows 1,091 lines of data in the 'lefses\_internal\_res' format and provides summary statistics: 8 significantly discriminative features (131 before internal wilcoxon) and 8 features with an absolute LDA score greater than 2.0. A red arrow points from the eye icon in the sidebar to the detailed view.

Taxa	LDA Score	Other Scores		
Bacteria, Actinobacteria, Actinobacteria, Actinomycetales, Micromonosporaceae, Actinocatenispora	0.932620780672	-		
Bacteria, Firmicutes, Bacilli, Bacillales, Planococcaceae, Paenisporsarcina	0.932620780672	-		
Bacteria, Actinobacteria, Actinobacteria, Coriobacteriales, Coriobacteriaceae	4.1742722203	-		
Bacteria, Firmicutes, Bacilli, Bacillales, Bacillaceae, Exiguobacterium	3.14961753202	-		
Bacteria, Firmicutes, Clostridia, Clostridiales, Eubacteriaceae	3.01763255894	-		
Bacteria, Firmicutes, Bacilli, Bacillales, Bacillaceae, Ureibacillus	0.932620780672	-		
Bacteria, Actinobacteria, Actinobacteria, Actinomycetales, Micromonosporaceae	1.93262078067	-		
Bacteria, Proteobacteria, Alphaproteobacteria, Rhizobiales, Brucellaceae, Ochrobactrum	0.932620780672	-		
Bacteria, Firmicutes, Bacilli, Lactobacillales, Lactobacillaceae, Paralactobacillus	0.932620780672	-		
Bacteria, Proteobacteria, Gammaproteobacteria, Cardiobacteriales, Cardiobacteriaceae, Suttonella	0.932620780672	-		
Bacteria, Proteobacteria, Betaproteobacteria, Burkholderiales, Comamonadaceae, Curvibacter	0.932620780672	-		
Bacteria, Firmicutes, Clostridia, Clostridiales, Lachnospiraceae, Anaerostipes	2.51843157654	-		
Bacteria, Actinobacteria, Actinobacteria, Actinomycetales, Micrococcaceae, Arthrobacter	2.10647315409	-		
Bacteria, Proteobacteria, Betaproteobacteria, Neisseriales, Neisseriaceae, Kingella	3.68124168207	-		
Bacteria, Bacteroidetes, Flavobacteria, Flavobacteriales, Flavobacteriaceae, Elizabethkingia	1.50755996482	-		
Bacteria, Bacteria_incertae_sedis, Ktedonobacteria, Ktedonobacteriales, Ktedonobacteraceae	0.932620780672	-		
Bacteria, Firmicutes, Bacilli, Lactobacillales, Streptococcaceae	5.26505050664	-		
Bacteria, Bacteroidetes, Sphingobacteria	3.08588537696	-		
Bacteria, Proteobacteria, Deltaproteobacteria, Myxococcales, Cystobacteraceae, Archangium	0.932620780672	-		
Bacteria, BRC1, BRC1_genera_incertae_sedis	0.932620780672	-		
Bacteria, Proteobacteria, Gammaproteobacteria, Methylococcales, Methylococcaceae, Methylosarcina	0.932620780672	-		
Bacteria, Firmicutes, Bacilli, Bacillales, Bacillaceae, Geobacillus	0.932620780672	-		
Bacteria, Firmicutes, Clostridia, Clostridiales, Incertae_Sedis_XI, Sporanserobacter	0.932620780672	-		
Bacteria, Proteobacteria, Deltaproteobacteria, Syntrophobacteriales, Syntrophobacteraceae, Desulforhabdus	0.932620780672	-		
Bacteria, Actinobacteria, Actinobacteria, Actinomycetales, Pseudonocardiaceae	2.10204077573	-		
Bacteria, Proteobacteria, Gammaproteobacteria, Enterobacteriales, Enterobacteriaceae, Escherichia_Shigella	2.64682564635	-		
Bacteria, Proteobacteria, Gammaproteobacteria, Xanthomonadales, Xanthomonadaceae, Dokdonella	0.932620780672	-		
Bacteria, Proteobacteria, Alphaproteobacteria, Rhizobiales, Rhodobiaceae, Parvibaculum	0.932620780672	-		
Bacteria, Actinobacteria, Actinobacteria, Actinomycetales, Dermacoccaceae	1.77834577057	-		
Bacteria, Bacteroidetes, Bacteroidia, Bacteroidales, Bacteroidaceae, Bacteroides	5.61386204542	Low_02	5.3141102552	3.03429396914e-07
Bacteria, Proteobacteria, Alphaproteobacteria, Pasteurellales, Pasteurellaceae, Pasteurella	2.56494622965	-	-	
Bacteria, Proteobacteria, Alphaproteobacteria, Rhizobiales, Phyllobacteriaceae	1.89756140216	-	-	
Bacteria, Proteobacteria, Betaproteobacteria, Burkholderiales, Comamonadaceae, Polaromonas	0.932620780672	-	-	
Bacteria, Actinobacteria, Actinobacteria, Thermoleophilales, Thermoleophilaceae, Thermoleophilum	0.932620780672	-	-	
Bacteria, Firmicutes, Clostridia, Clostridiales, Ruminococcaceae, Acetivibrio	2.8643280031	-	-	
Bacteria, Firmicutes, Bacilli, Bacillales, Bacillaceae, Bacillus	2.73156726987	-	-	
Bacteria, Proteobacteria, Alphaproteobacteria, Rhizobiales, Hyphomicrobiaceae, Rhodoplanes	0.932620780672	-	-	
Bacteria, Actinobacteria, Actinobacteria, Actinomycetales, Streptosporangiaceae, Thermopolyspora	0.932620780672	-	-	
Bacteria, Bacteroidetes	5.8345675439	-	-	
Bacteria, Actinobacteria, Actinobacteria, Acidimicrobiales, Acidimicrobiaceae, Ferrithrix	0.932620780672	-	-	

## C. Plot LEfSe Results

第一步，选择数据，设置参数。

点击 Galaxy 中 LEfSe 分析下的 "C)Plot LEfSe Results", 选择 B 的结果数据, 设置参数如下。

**C) Plot LEfSe Results** (Galaxy Version 1.0) ☆ Favorite

**Select data**

3: B) LDA Effect Size (LEfSe) on data 2

**Set text and label options (font size, abbreviations, ...)**

Default

**Set some graphical options to personalize the output**

Default

**Output format**

png

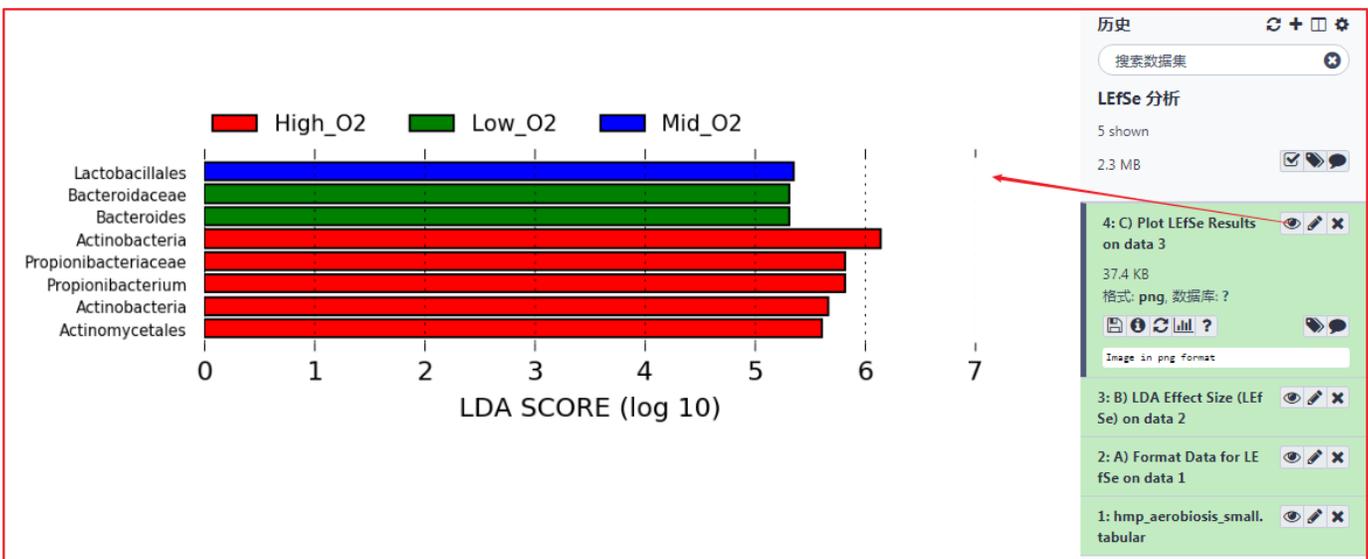
**Set the dpi resolution of the output**

150

✓ 执行

第二步, 提交任务, 查看结果。

点击 "执行", 提交任务。任务完成, 在右侧历史栏可以看到生成的结果 "4: C) Plot LEfSe Results on data 3", 点击眼睛图标可以到生成的结果。



## D. Plot Cladogram

第一步，选择数据，设置参数。

点击 Galaxy 中 LEfSe 分析下的 "D) Plot Cladogram"，选择 B 的结果数据，设置参数如下。

**D) Plot Cladogram** (Galaxy Version 1.0) ☆ Favorite

**Select data**

   3: B) LDA Effect Size (LEfSe) on data 2  

**Set structural parameters of the cladogram**

Default 

**Set text and label options (font size, abbreviations, ...)**

Default 

**Set some graphical options to personalize the output**

Default 

**Output format**

png 

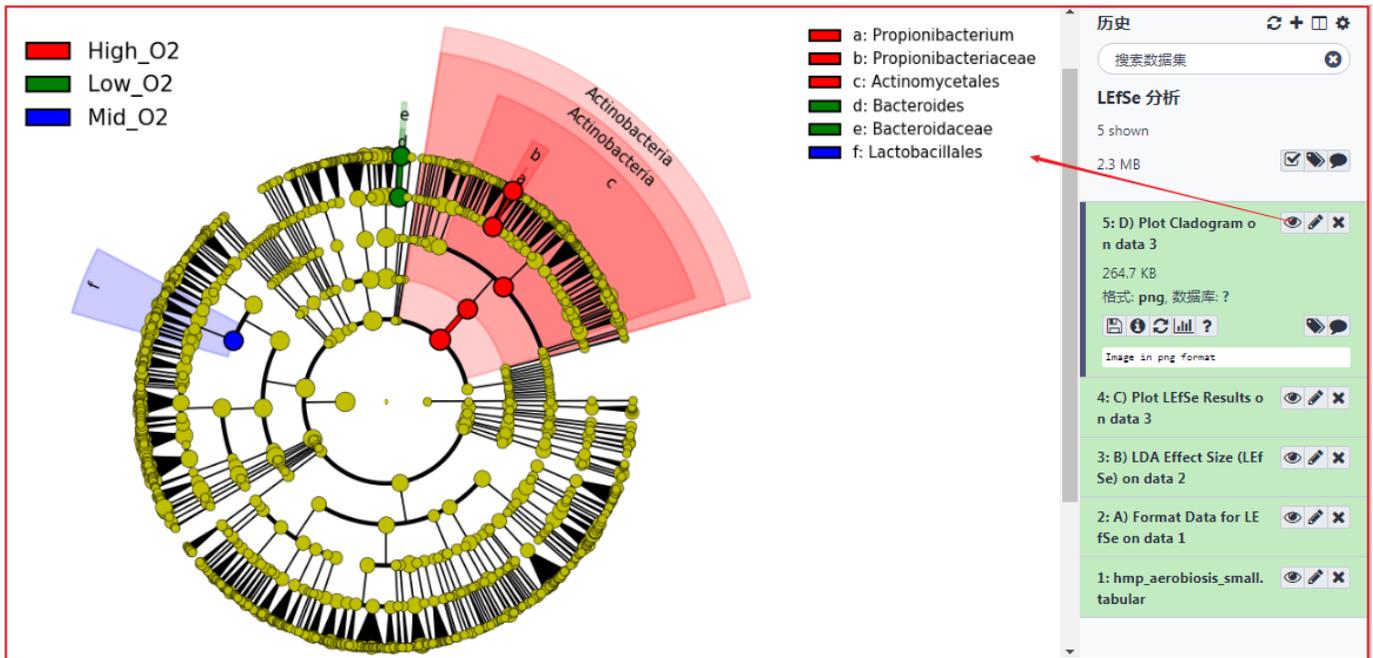
**Set the dpi resolution of the output**

150 

 执行

第二步，提交任务，查看结果。

点击 "执行"，提交任务。任务完成，在右侧历史栏可以看到生成的结果 "5: D) Plot Cladogram on data 3"，点击眼睛图标可以到生成的结果。



## E. Plot One Feature

第一步，选择数据，设置参数。

点击 Galaxy 中 LEfSe 分析下的 "E) Plot One Feature", 选择 A 和 B 的结果数据, 设置参数如下。

E) Plot One Feature (Galaxy Version 1.0) ☆ Favorite

The formatted datasets  
2: A) Format Data for LEfSe on data 1

The LEfSe output  
3: B) LDA Effect Size (LEfSe) on data 2

Select the feature names among biomarkers or all features  
Biomarkers only

Select the feature to plot  
Bacteria.Actinobacteria

Set some graphical options to personalize the output  
Default

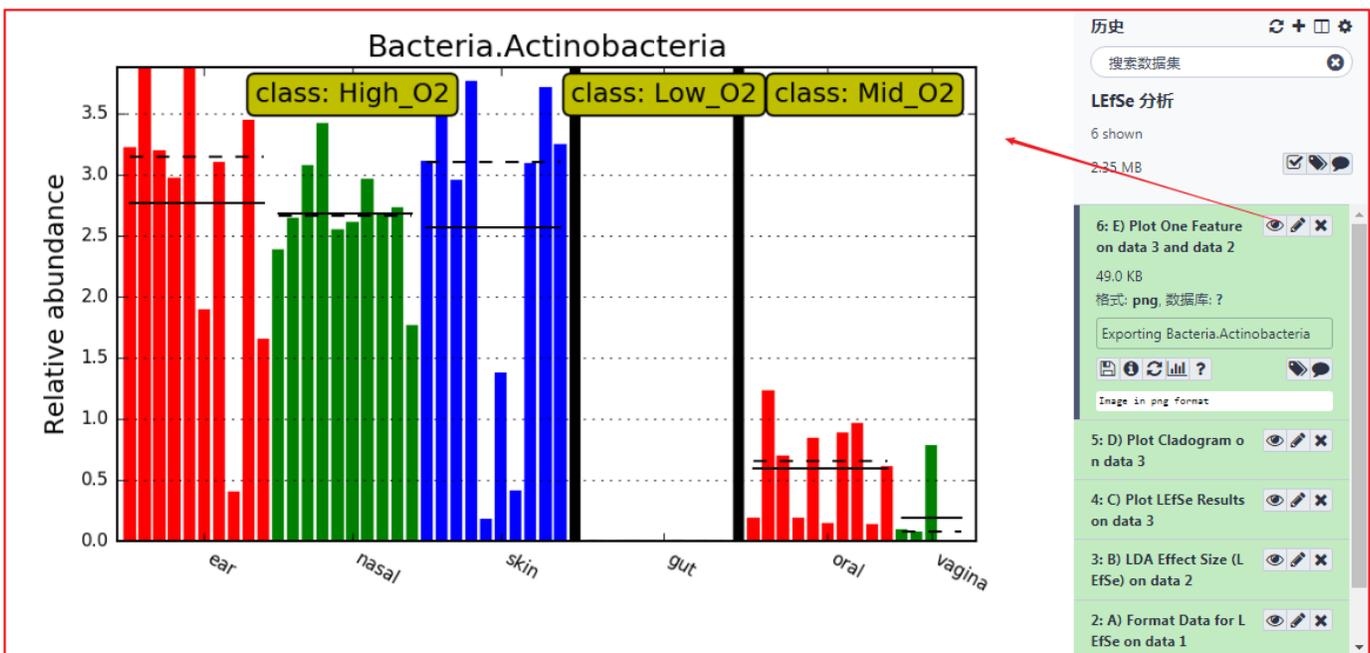
Output format  
png

Set the dpi resolution of the output  
150

执行

第二步, 提交任务, 查看结果。

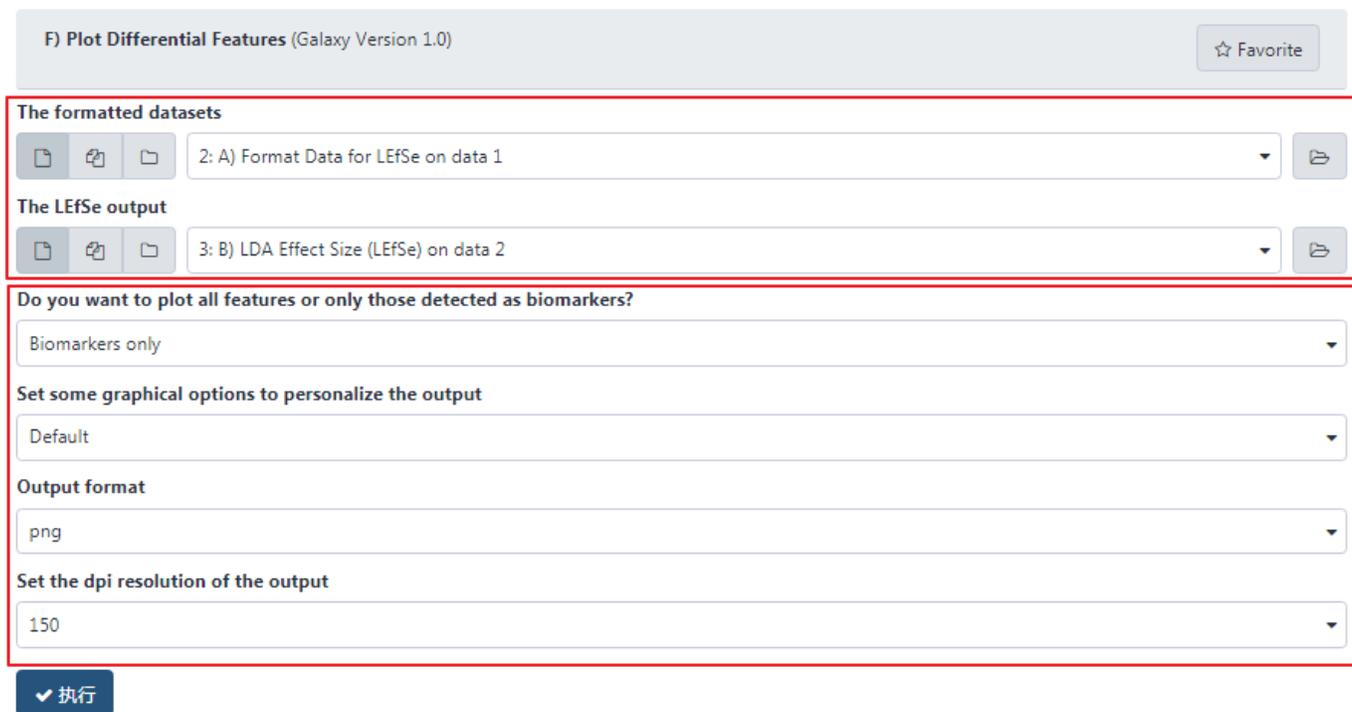
任务完成, 在右侧历史栏可以看到生成的结果 "6: E) Plot One Feature on data 3 and data 2", 点击眼睛图标可以到生成的结果。



## F. Plot Differential Features

第一步，选择数据，设置参数。

点击 Galaxy 中 LefSe 分析下的 "F) Plot Differential Features", 选择 A 和 B 的结果数据，设置参数如下。



F) Plot Differential Features (Galaxy Version 1.0) ☆ Favorite

The formatted datasets  
2: A) Format Data for LefSe on data 1

The LefSe output  
3: B) LDA Effect Size (LefSe) on data 2

Do you want to plot all features or only those detected as biomarkers?  
Biomarkers only

Set some graphical options to personalize the output  
Default

Output format  
png

Set the dpi resolution of the output  
150

✓ 执行

第二步，提交任务，查看结果。

任务完成，在右侧历史栏可以看到生成的结果 "7: F) Plot Differential Features on data 3 and data 2", 点击眼睛图片可以下载本次分析的打包文件(\*.zip)。





在开始数据清理前，先了解一下几个相关名词。

## 5.1 对于整个历史级别的数据删除

- **删除**：Really delete the current history. 将当前历史的所有数据标记为删除（真正的数据会继续保留在磁盘上），只会在当前历史头部显示数据已删除。



- **永久删除**: Really delete the current history permanently? This cannot be undone. 永久删除数据，会把当前历史下的所有数据从磁盘上清除掉，而且数据无法恢复！



## 5.2 对于数据集级别的数据删除

Galaxy 里面数据集的概念，就是指我们在历史栏中看到的一个个的数据，例如下面截图中的 81、82、... 都是数据集。每个数据集后面都三个小图标，分别表示查看当前数据集、编辑当前数据集的属性、将当前数据集标记为删除。



- **删除数据集**: 这个跟每个数据集后面的 "X" 删除图标的效果是一样, 唯一区别在于这是对多个数据集进行操作。删除数据集只是把数据集标记为删除, 真正的数据会继续保留在磁盘上。而且, 数据集级别的标记删除是可以恢复的。





- **永久删除数据集：**永久删除数据集会把原始的数据从磁盘上清除掉，清除后的数据无法恢复。





## 5.3 清空已删除的数据集

清空已删除的数据集 (Really delete all deleted datasets permanently. This cannot be undone.) , 会把你**所有历史中已经标注为删除的数据全部从磁盘中清除, 而且数据清除后不可恢复!** 所以, 我们平时所说的数据清理, 指的就是数据已经从磁盘中被清除掉。**而且只有数据从磁盘中被清除掉后, 你的磁盘使用量才会被释放!**



## 6. 支持服务

我们基于免费的有限资源提供本平台服务，同时提供本平台私有化部署支持。

在使用本平台的过程中，如果您有任何疑问或者建议，请不要犹豫，欢迎随时与我们联系，联系邮箱：[galaxy@ribobio.com](mailto:galaxy@ribobio.com)。