



# TP PlayMOBY

## 2009/26/11

[Sebastien.Carrere@toulouse.inra.fr](mailto:Sebastien.Carrere@toulouse.inra.fr)  
[Erika.Sallet@toulouse.inra.fr](mailto:Erika.Sallet@toulouse.inra.fr)

### BUT

Deployer un Web-Service BioMOBY qui à partir d'un numero d'accession d'un Cluster BIOS, recupere les lectures membres de ce cluster et fait un assemblage CAP3 de ces lectures.

### COMMENT

1. Ecrire un programme perl (*wrapper*) qui remplit cette tache en ligne de commande
2. Decrire ce programme en utilisant le module **Appli.pm**
3. Deployer le WS en utilisant l'environnement **PlayMOBY**

### PLAN

**PREPARATION DANS ENVIRONNEMENT BIOS (p.2)**

**PREPARATION HORS BIOS (p.2)**

**ECRITURE DU WRAPPER PERL**

**ENTREES/SORTIES/PARAMETRES (p.3)**

**CORPS DU SCRIPT (p.4)**

**BEGIN**

**MAIN**

**INTERFACE**

**METIER**

**TEST DU SCRIPT CLI**

**DESCRIPTION DU PROGRAMME - APPLI.PM (p.5)**

**DEPLOIEMENT DU WEBSERVICE (p.6)**

## PREPARATION DANS ENVIRONNEMENT BIOS

### 1. Installation de CAP3

```
% cd /www-bios/bin/ext
% wget http://seq.cs.iastate.edu/CAP3/cap3.linux.i686\_xeon64.tar
% tar xf cap3.linux.i686_xeon64.tar
```

### 2. Ajout de CAP3 à la configuration de BIOS

```
% vi /www-bios/site/cfg/bios.cfg
Ajouter la ligne prg_cap3=%i/bin/ext/CAP3/cap3
```

## PREPARATION HORS BIOS

```
$USER = (djacob,vbrunaud,saubourg,ebiot,pbaa)
```

### 1. ssh [\\$USER@bios-dev.toulouse.inra.fr](mailto:$USER@bios-dev.toulouse.inra.fr) (147.99.102.9)

### 2. Preparation du repertoire de travail

```
% cd ~
% mkdir -p bin/int bin/ext
% cd bin/ext/
% wget http://seq.cs.iastate.edu/CAP3/cap3.linux.i686\_xeon64.tar
% tar xf cap3.linux.i686_xeon64.tar
% ln -s /www-bios/bin/int/bios_getsequences.pl .
```

### 3. Installation de PlayMOBY

```
% cd ~
% wget http://lipm-bioinfo.toulouse.inra.fr/biomoby/playmoby.tar.bz2
% tar xjf playmoby.tar.bz2
% cd playmoby
% ./pmb_configure.pl
```

```
--http_path: YOUR PlayMOBY URL; same path but accessible via apache (try it with a browser)
--auth_uri : your signature URI
--email : this PlayMoby instance administrator email
--registry : default BioMOBY registry [mobycentral]
                available values :
                *mobycentral = Public online registry
                *inra = INRA network restricted BioMOBY registry
                *opcentral = This is the official test registry

--timeout : timeout SOAP request (default: 10 minutes)
```

→ http\_path = mettre [http://bios-dev.toulouse.inra.fr/formation/\\$USER/playmoby](http://bios-dev.toulouse.inra.fr/formation/$USER/playmoby)  
Cela depend de la configuration de votre serveur Apache



→ auth\_uri = mettre **bios.\$USER.toulouse.inra.fr**  
Permet de signer vos WS (NomWS + AuthURI)

→ registry = choisir **inra**  
Ce sera l'annuaire utilisé par défaut pour enregistrer et tester les WS

→ timeout : laisser par défaut  
Il s'agit du timeout pour les WS exécutés en synchrone. Ce parametre contrôle le timeout de LWP::UserAgent, mais pas celui de Apache; il faut donc synchroniser le timeout apache en sus (httpd.conf)

Pour vérifier que l'installation est correcte (et que le serveur apache est bien configuré (ScriptAlias) cliquez sur [http://bios-dev.toulouse.inra.fr/formation/\\$USER/playmoby/cgi/index.cgi](http://bios-dev.toulouse.inra.fr/formation/$USER/playmoby/cgi/index.cgi)

## ECRITURE DU WRAPPER PERL

**Nom du script:** comme vous voulez, mais si c'est un programme « BIOS » voué à être partagé, nous avons choisi la convention préfixe = 'bios\_'

[BIOS] écrire le script dans ~/bin/int/

[HORSBIOS] écrire le script dans ~/bin

### PRE-REQUIS:



- il doit manipuler des fichiers (contrainte PlayMOBY) en entrée ET sortie
- tout ce qui est écrit sur STDOUT sera perdu
- tout ce qui est écrit sur STDERR sera capturé comme une exception/erreur

## ENTREES/SORTIES/PARAMETRES

```
#
# MANDATORY
#

Input:
--accessions=<accession, list,file of accessions> ex:CLUSTERTEST001 ou CL20Contig1

Outputs:
--ace_outfile=<CAP3 ACE output file>
--cap3_outfile=<CAP3 standard output file>

#
# OPTIONNAL
#

--login=s
--password=s

#
# CAP3 PARAMETERS
#
-a specify band expansion size N > 10 [20]
-b specify base quality cutoff for differences N > 15 [20]
-c specify base quality cutoff for clipping N > 5 [12]
-d specify max qscore sum at differences N > 20 [200]
-e specify clearance between no. of diff N > 10 [30]
-f specify max gap length in any overlap N > 1 [20]
-g specify gap penalty factor N > 0 [6]
-h specify max overhang percent length N > 2 [20]
-i specify segment pair score cutoff N > 20 [40]
-j specify chain score cutoff N > 30 [80]
-k specify end clipping flag N >= 0 [1]
-m specify match score factor N > 0 [2]
-n specify mismatch score factor N < 0 [-5]
-o specify overlap length cutoff > 15 [40]
-p specify overlap percent identity cutoff N > 65 [90]
-r specify reverse orientation value N >= 0 [1]
-s specify overlap similarity score cutoff N > 250 [900]
-t specify max number of word matches N > 30 [300]
-u specify min number of constraints for correction N > 0 [3]
-v specify min number of constraints for linking N > 0 [2]
-y specify clipping range N > 5 [100]
-z specify min no. of good reads at clip pos N > 0 [3]

#
# PLAYMOBY RELATED
#

--mobyfile
--mobyfile_dir=<Mobyfile xml file target directory>
--pmbtest
--verbose
```

### NB:

1. Pour le TP, on laisse les autres fichiers produits par CAP3 (singlets, info, contigs, qual)
2. On ne décrira que le paramètre « -p » de CAP3 pour le TP (je vous donnerai les lignes de codes pour les suivants)

## CORPS DU SCRIPT



Les programmes développés dans le cadre de BIOS étant voués à être partagés par les acteurs du réseau, nous nous efforcerons de respecter les normes de code disponibles sur le site du CATI BIPAS: <http://cati-bipas.toulouse.inra.fr/doku.php/normesprogrammation/normesperl>

### Écriture du bloc BEGIN pour ajouter les répertoires de bibliothèques à @INC

[BIOS]: utilisation de Cwd et `File::Basename` pour reconstruire les chemins vers lib/ et playmoby/lib; positionnement de la variable d'environnement BIOS  
[HORSBIOS] : /www-bios/lib & /www-bios/playmoby/lib

## MAIN

### INTERFACE

1. création de l'objet ParamParser (source = GetOptLong)  
`New ParamParser( 'GETOPTLONG','param1=type','param2=type', ...);`
2. écriture de l'usage CLI  
`ParamParser::SetUsage`
3. définition des chemins d'accès aux programmes  
[BIOS] chargement de la configuration BIOS (fonction `&BIOSLoadCfg` de BIOS/Utils.pl) et utilisation de ParamParser  
[HORSBIOS] définition des variables pour accéder aux binaires
4. Récupération des paramètres  
`ParamParser::Get`  
Contrôles `ParamParser::Assert*`
5. Positionnement des valeurs par défaut  
`ParamParser::SetUnlessDefined`

### METIER



6. création de l'espace de travail temporaire  
→ CAP3 écrit les fichiers résultats là où se trouvent les séquences
7. récupération des séquences du cluster  
`bin/int/bios_getsequences.pl --cluster_accession`  
→ ce programme peut déjà manipuler des accèsions, listes et fichiers
8. exécution système de CAP3  
→ reconstruction de la ligne de commande
9. copie des fichiers vers les fichiers destinations `ace_outfile` et `cap3_outfile`  
`File::Copy::copy`
10. nettoyage  
`File::Path::rmtree`

### TEST DU SCRIPT CLI

Input =

1. `accession=CL20Contig1`
2. `accession=CL20Contig1,CL21Contig1`
3. `accession=liste.txt` (contenant CL20Contig1)

Doc: <http://lipm-bioinfo.toulouse.inra.fr/biomoby/playmoby/doc/Appli.html>

Choix des bons types BioMOBY: <http://lipm-bioinfo.toulouse.inra.fr/registry>

Choix des types Mobyale automatique : dictionnaire + OntologyMap.pm

<http://lipm-bioinfo.toulouse.inra.fr/biomoby/playmoby/data/BioMobyMobyaleDictionary.xml>

### 1. Description Generale du programme (%h\_appli\_general)



*BIOMOBY → Type de Service: catégorie du service (Analysis, Retrieval, Sequence\_Assembly)*

### 2. Description des entrées (%h\_appli\_inputs)



*BIOMOBY → Type de données : le format de mes données d'entrée; il faut être le plus juste possible (le plus précis : FASTA\_AA vs. FASTA) dans l'optique « workflow »*

### 3. Description des sorties (%h\_appli\_outputs)



*BIOMOBY → Type de données : le format de mes données de sortie; il faut être le plus juste possible (le plus précis : FASTA\_AA vs. FASTA) dans l'optique « workflow »*

### 4. Description des parametres (%h\_appli\_parameters)



*BIOMOBY → Type de données: format bas niveau [ String, Integer, Float, DateTime, Boolean ]  
→ Min, Max, Default, enum  
Ici aussi il faut veiller a être précis afin que le programme soit fonctionnel et cohérent même utilisé avec les valeurs par défaut*

NB: Clé **cmd** des tableaux de hash

- Pour chacun des parametres: mapping entre le parametre du WS et la commande du CLI; on peut très bien donner un nom plus verbeux pour le parametre du WS.

exemple: **percent\_identity** pour **-p** de cap3; a ce moment la on aura  
\$h\_appli\_parameters{**percent\_identity**} = {cmd => '-p \$value'}

- \$value est un mot réservé: il est substitué par la valeur du parametre

### 5. L'écriture du fichier MOBYLE-XML sera déclenchée par le paramètre --mobyale du CLI

## DEPLOIEMENT DU WEBSERVICE

<http://lipm-bioinfo.toulouse.inra.fr/biomoby/playmoby>

1. Préparer un fichier de test pour l'entrée
2. se placer dans l'environnement PlayMOBY configuré (URI, annuaire par défaut)

source .setenv

3. Construction de l'archive du WS à partir de la description Moby

```
$PMBBIN/pmb_MobyleParser.pl --xmlfile <Mobyle-xml>
```



→ synchrone/asynchrone : Mon programme peut-il mettre plus de temps que le timeout ?  
→ attachement des données de test : 1 par entrée (fichier préparé en point 1)

4. Déploiement (enregistrement) et test

```
$PMBBIN/pmb_DeployWS.pl
```