



Master of Science HES-SO in Engineering Av. de Provence 6 CH-1007 Lausanne

Master of Science HES-SO in Engineering

Orientation: Information and Communication Technologies (ICT)

Dockerisation d'environement pour Les projets de bioinformatique

Déruaz Vincent

Under the direction of: Prof. Carlos Andrés Pena CI4CB at HEIG-VD

External expert:
[Title] [FirstName] [LastName]
Company/Lab

Sometimes a scream is better than a thesis.

— Manfred Eigen

To my parents...

Acknowledgements

Cette thèse as àtà réalisé dans le cadre du projet Inphinity à l'HEIG-VD.

Elle fait suite à la thèse de master [TODO: TITLE] réalisée par [TODO: prenom+nom DIOGO].

Abstract

Lorem ipsum dolor sit amet, consectetuer adipiscing elit. Ut purus elit, vestibulum ut, placerat ac, adipiscing vitae, felis. Curabitur dictum gravida mauris. Nam arcu libero, nonummy eget, consectetuer id, vulputate a, magna. Donec vehicula augue eu neque. Pellentesque habitant morbi tristique senectus et netus et malesuada fames ac turpis egestas. Mauris ut leo. Cras viverra metus rhoncus sem. Nulla et lectus vestibulum urna fringilla ultrices. Phasellus eu tellus sit amet tortor gravida placerat. Integer sapien est, iaculis in, pretium quis, viverra ac, nunc. Praesent eget sem vel leo ultrices bibendum. Aenean faucibus. Morbi dolor nulla, malesuada eu, pulvinar at, mollis ac, nulla. Curabitur auctor semper nulla. Donec varius orci eget risus. Duis nibh mi, congue eu, accumsan eleifend, sagittis quis, diam. Duis eget orci sit amet orci dignissim rutrum.

Nam dui ligula, fringilla a, euismod sodales, sollicitudin vel, wisi. Morbi auctor lorem non justo. Nam lacus libero, pretium at, lobortis vitae, ultricies et, tellus. Donec aliquet, tortor sed accumsan bibendum, erat ligula aliquet magna, vitae ornare odio metus a mi. Morbi ac orci et nisl hendrerit mollis. Suspendisse ut massa. Cras nec ante. Pellentesque a nulla. Cum sociis natoque penatibus et magnis dis parturient montes, nascetur ridiculus mus. Aliquam tincidunt urna. Nulla ullamcorper vestibulum turpis. Pellentesque cursus luctus mauris.

Key words:

Résumé

Lorem ipsum dolor sit amet, consectetuer adipiscing elit. Ut purus elit, vestibulum ut, placerat ac, adipiscing vitae, felis. Curabitur dictum gravida mauris. Nam arcu libero, nonummy eget, consectetuer id, vulputate a, magna. Donec vehicula augue eu neque. Pellentesque habitant morbi tristique senectus et netus et malesuada fames ac turpis egestas. Mauris ut leo. Cras viverra metus rhoncus sem. Nulla et lectus vestibulum urna fringilla ultrices. Phasellus eu tellus sit amet tortor gravida placerat. Integer sapien est, iaculis in, pretium quis, viverra ac, nunc. Praesent eget sem vel leo ultrices bibendum. Aenean faucibus. Morbi dolor nulla, malesuada eu, pulvinar at, mollis ac, nulla. Curabitur auctor semper nulla. Donec varius orci eget risus. Duis nibh mi, congue eu, accumsan eleifend, sagittis quis, diam. Duis eget orci sit amet orci dignissim rutrum.

Nam dui ligula, fringilla a, euismod sodales, sollicitudin vel, wisi. Morbi auctor lorem non justo. Nam lacus libero, pretium at, lobortis vitae, ultricies et, tellus. Donec aliquet, tortor sed accumsan bibendum, erat ligula aliquet magna, vitae ornare odio metus a mi. Morbi ac orci et nisl hendrerit mollis. Suspendisse ut massa. Cras nec ante. Pellentesque a nulla. Cum sociis natoque penatibus et magnis dis parturient montes, nascetur ridiculus mus. Aliquam tincidunt urna. Nulla ullamcorper vestibulum turpis. Pellentesque cursus luctus mauris.

Mots clés:

Contents

Ac	know	wledgements			i
Ab	strac	ct (English/Français)			iii
Lis	st of f	figures			ix
Lis	st of t	tables			xi
1	Intro	roduction			1
2	Etat	ts de l'art			3
	2.1	introduction			3
	2.2	Automatisation			3
	2.3	Configuration			3
	2.4	Hmmer			4
	2.5	Parallélisation			4
		2.5.1 Simple			4
		2.5.2 Avancée			5
	2.6	Optimisations			5
	2.7	conclusion			6
3	Base	es de Docker			7
	3.1	Introduction			 7
		3.1.1 Utilisations			 7
		3.1.2 Compatibilité inter-OS			7
		3.1.3 Miracle or illusion			8
	3.2	Pré-requis			8
	5.2	3.2.1 Connaissance			8
					8
	0.0	3.2.3 Téléchargements			9
	3.3	Fonctionnement			9
		3.3.1 Docker			9
		3.3.2 Docker-compose			10
	3.4	Exemples			10
		3.4.1 simple pull, build et run			10
		3.4.2 Serveur Web: Docker compose			13
		3.4.3 Parallélisation			15
4	Para	allelisation python3			17
	4.1	Code de base	•	 •	 17
5	Envi	ironnement et application			19
	5.1	Images Docker			19
		5.1.1 Hmmer			19
		5.1.2 Database			19
		5.1.3 Core			 21
	5.2	Docker Compose			22
	5.3	«Inphinity»			22

Contents

6	Déploiement 6.1 Obtention des sources 6.2 ●	23 23 23
7	Simplification d'usage 7.1 Commandes et alias	25 25 25
8	Résultats et Benchmarks8.1 Parallèlisation8.2 Dockers8.3 Phases	27
9	Améliorations9.1 Parallèlisation9.2 Machines Amazone9.3 Spark	29 29 29 29
10	Conclusion	31
A	An appendix	33

List of Figures

2.1	Tableau performences Cython	6
	vm vs Docker	
3.3	phpinfo	14
5.1	architecture	22

List of Tables

1 | Introduction

Ce travail a été réalisé dans le cadre du projet INPHINITY [TODO: pour qui ?]. Avec l'émergence de bactéries résistantes aux antibiotiques devenant une problématique mondiale qui menace les progrès de la médecine moderne, une alternative prometteuse pour lutter contre des bactéries multirésistantes consiste à utiliser leurs prédateurs naturels, des bactériophages, virus mangeurs de bactéries. Ces bactériophages, inoffensif pour l'homme, sont extrêmement spécifiques, ne reconnaissant qu'un type bien précis de bactéries. Ceci présente l'avantage de ne pas détériorer la flore bactérienne humaine, mais pose, par contre, une limitation pour leur développement rapide. En effet, pour chaque type de bactérie il faut trouver le bactériophage correspondant. Face à la nécessité d'examiner systématiquement une multitude d'interactions possibles, le développement rapide des bactériophages comme alternative aux antibiotiques ne pourra se faire qu'avec l'aide d'un modèle permettant de prédire les interactions entre bactériophages et bactéries. Ceci permettra notamment de réduire le nombre de validations expérimentales nécessaires à l'identification du bactériophage approprié et contribuera à l'essor de cette voie thérapeutique.

Ce travail se place également dans la continuité d'une précédente thèse de master dont l'objectif était de prouver la pertinence d'une méthode d'analyse par *machine learning*. En effet, il s'agit d'une méthode permettant [TODO 1: compléter].

Dans la présente thèse, il est question de mettre en place plusieurs aspects permettant l'enrichissement du processus d'analyse de la thèse [Modélisation prédictive des interactions entre bactéries et virus bactériophages - Leite Diogo].

Afin de réaliser ces objectifs, une première phase du travail a consisté à réaliser des états de l'art pour les différents domaines utilisés (cf.chapitre 2-Etats de l'art).

Plusieurs phases distinctes de travail ont été nécessaires durant ce travail.

Premièrement, il a fallu reprendre la thèse [Modélisation prédictive des interactions entre bactéries et virus bactériophages - Leite Diogo] et comprendre ce qu'il y a été fait. Les informations concernant la thèse de Mr.Leite Diogo nécessaires à la compréhension de ce travail ont été abordées dans l'introduction, pour davantage d'informations veuillez consulter la thèse en question.

Deuxièmement, une fois les objectifs de thèse fixés, il a été important de réaliser un état de l'art des différentes technologies et aspects techniques susceptibles d'être utilisés dans la présente thèse, voir chapitre chapitre 2-Etats de l'art .

Troisièmement, c'est uniquement après ces deux premières phases que le développement a pu commencer, voir chapitre d'application python3 et chapitre chapitre 5-Environnement et application. Durant cette phase, un certain nombre d'aspects ont été développés: Notamment, l'utilisation de python 3 afin de remplacer l'utilisation de python2, moins efficace.

De plus, on souhaite être capable d'automatiser le lancement de "l'application" et par la même occasion rendre le déploiement facile et unifié, quelle que soit la machine hôte, pour autant qu'elle utilise le système d'exploitation Linux. Ensuite, on souhaite pouvoir lancer l'analyse pour différentes configurations, créées à l'avance. Un autre objectif important était de remplacer l'utilisation d'une API en ligne par une utilisation de sa version locale cf.chapitre 6-Déploiement.

Chapter 1. Introduction

Finalement, le temps de travail étant limité, il faut penser aux utilisations futures de ce qui a été développé. Ceci passe notamment par l'utilisation de l'application réalisée dans ce travail de manière simple voir chapitre chapitre 7-Simplification d'usage, mais aussi par les améliorations possibles à cette thèse, voir chapitre chapitre 9-Améliorations. C'est pour cela qu'un environnement de développement et d'exécution Docker a été produit dans ce travail, qui pourra être utile à d'autres membres du projet.

Il faut aussi préciser que certains résultats et métriques ont été réalisés et sont regroupés dans le chapitre 8-Résultats et Benchmarks.

2 | Etats de l'art

2.1 introduction

Dans ce chapitre, nous aborderons les différentes pistes envisagées afin de remplir les objectifs fixés dans cette thèse, comme listés dans l'introduction (chapitre 1-Introduction).

Avant toutes choses, il a fallu se mettre au niveau et comprendre la thèse [Modélisation prédictive des interactions entre bactéries et virus bactériophages - Leite Diogo].

2.2 Automatisation

En terme d'automatisation, une pratique bien courante chez les développeurs s'agis d'utiliser des scripts bash afin de pouvoir exécuter un certain nombre de commande et de code successivement. Bien que cette méthode présente l'avantage d'êtres simple, il suffit d'une console UNIX et d'un éditeur de texte, elle présente un défaut majeur. En effet, le développeur du script contrôle quel commande et code sont exécutés et peut également définir des paramètres pour ceux-ci, mais il ne peut pas contrôlé l'environnement d'exécution.

Une façon de faire, en plein essor depuis quelque temps, est l'utilisation de la plateforme Docker. Il s'agit d'un logiciel de containerisation. C'est-à-dire la création de brique d'application, qui mise en communes permet de réaliser une application globale. De plus, le développement d'une telle solution permet un partage facilité grâce à un déploiement facilité et autonome. Pour davantage d'explication sur le sujet je vous renvoie au chapitre chapitre 3-Bases de Docker.

Vous l'aurez bien compris, le choix qui a été fait est celui de l'utilisation de Docker.

2.3 Configuration

En ce qui concerne la recherche d'une méthode afin de réaliser facilement des fichiers de configurations précréées, beaucoup de solutions existent. Ces différentes méthodes sont plus ou moins flexibles aux modifications.

Les fichiers de configurations dont il est question ici sont spécifiques à la partie python du code qui sera exécuté par notre application chapitre 5-Environnement et application. En effet, l'on souhaite entre autres être capable de donner des fichiers de configuration en entrée et d'obtenir pour chacun un résultat en sortie.

Nous citerons ici uniquement la solution retenue, car les autres solutions trouvées sont soit trop incompatibles soit presque identiques à la solution retenue.

Nous utilisons le module python *Configparser*, qui permet de lire et parser des fichiers à l'extension .ini de manière simple. De plus, la structure d'un fichier .ini est très simple et ne laisse donc que très peu de place aux erreurs de format.

2.4 Hmmer

Dans la thèse [Modélisation prédictive des interactions entre bactéries et virus bactériophages - Leite Diogo] les séquences protéiniques sont recherchées dans la base de données de profile-HMM à l'aide d'une interface de programmation applicative (API) en ligne. Cette API est disponible depuis le site https://www.ebi.ac.uk/Tools/hmmer/.

Comme dis précédemment, un des objectifs de ce travail est de se passer de l'utilisation de cette API car sont accès n'est pas toujours disponible ou stable.

Une recherche rapide à permis de se rendre compte que l'application utilisée derrière cette API est disponible au téléchargement et peut donc êtres utilisée de manière locale. Pour davantage d'information chapitre 5-Environnement et application, sous-chapitre Hmmer.

2.5 Parallélisation

La version existante du code se trouvant dans la thèse [Modélisation prédictive des interactions entre bactéries et virus bactériophages - Leite Diogo] est une version sous forme de script, proof-of-concept, en python2 et non multiprocessed. Afin de garantir une utilisation optimale des ressources de la machine hôte, sur laquelle le code est exécuté, nous souhaitons rendre le code parallèle là où il est possible de le faire.

Plusieurs solution sont possible, encore une fois les solutions les plus compliquées ne sont pas toujours celle les plus efficaces. De plus une méthode trop complexe pourrait réduire la bonne transmission du code à d'autres développeurs.

La partie principale que l'on souhaite paralléliser est l'utilisation de la fonction de scanne de HMMMER, étant donné qu'un très grand nombre de séquences protéiniques doivent être analysées.

2.5.1 Simple

Docker

Docker, mis à part de rendre le déploiement et l'exécution d'application automatisée, permets également de lancer plusieurs conteneurs simultanément, chapitre 3-Bases de Docker. Un conteneur englobe un système de fichier complet possédant tous se qu'y est nécessaire a remplir sa fonction.

Python

En python on retrouve deux principales méthodes permettant de réaliser de code parallèle. En effet, on peut utiliser le *multiprocessing* ou le *multithreading*.

Notre bute est de réaliser et d'optimiser un code Central processing unit (CPU) dépendant, c'est-à-dire coeurs dépendants. Lors de l'utilisation du langage python il faut savoir qu'avec des codes CPU dépendants, python limite les possibilités de parallélisme à cause de la Global Interpreter Lock (GLI). La GLI est nécessaire en python, car python n'est pas *tread safe*. En effet, il y a, en python, un verrou global lorsque l'on essaye d'accéder à un objet depuis un thread.

À cause de se verrous les codes CPU dépendants ne gagneront pas en performance lorsqu'ils sont parallélisés à l'aide de *multithreading*, mais uniquement avec le *multiprocessing*.

2.5.2 Avancée

Docker Swarm

Une autre méthode utilisant une librairie avancée de Docker, consiste à utiliser Docker Swarm. Docker Swarm apporte à Docker une gestion native du *clustering*, afin de transformer un groupe de *Docker engines* en un unique et virtuel *Docker engine*. Grâce à cela, il est possible d'exécuter une application sur une architecture partagée sur plusieurs systèmes physiquement indépendants.

Spark

Spark est un framework *open source* de calcul distribué. Il permet d'effectuer des analyses complexes sur un grand nombre de données.

Il est également un ensemble d'outils pour le traitement de grande source de données, notamment grâce à des fonctions *MapReduce*.

2.6 Optimisations

Le code repris de la thèse [Modélisation prédictive des interactions entre bactéries et virus bactériophages - Leite Diogo] est un code séquentiel, sous forme de script nécessitant des inputs utilisateurs a chaque étape. De plus, ce code est ecrit en python dans sa version 2.

Grâce au travail du Dr. Brett Cannon, See here, on se rend compte que python 3.3 pourrait optimiser les performances de notre application. On peut lire ici que même l'appel des fonctions est en moyenne 1.20 fois plus rapide. De plus, les *threadded count* sont également plus rapide.

Une autre possibilité est d'utiliser *Cython*. Cython est un compilateur/langage de python permettant d'utiliser des appeles au langage C et de compiler un code python en exécutable C. Il faut savoir qu'un exécutable C est généralement plus rapide que l'exécution de l'interpréteur Python.

On trouve le tableau suivant dans la documentation de Cython, qui permet de nous rendre compte des différences.

Method	Time (ms)	Compared to Python	Compared to Numpy
Pure Python	183	x1	x0.03
Numpy	5.97	x31	x1
Naive Cython	7.76	x24	x0.8
Optimised Cython	2.18	x84	x2.7
Cython calling C	2.22	x82	x2.7

Figure 2.1 – Tableau de comparaison de Cython - http://notes-on-cython.readthedocs.io/en/latest/std_dev.html/).

2.7 conclusion

Après des tests sur ces différentes technologies et méthodes et quelques discutions ici et là, l'idée ayant été arrêté est d'utiliser *Docker* et *Docker* Compose comme contexte applicatif et de transformer les scripts en une application orientée objet en python 3.3 gérant les fichiers de configurations avec la librairie *Configparser*. Pour ce qui est du parallélisme, il sera réalisé en utilisant la librairie *Multiprocess*.

3 | Bases de Docker

3.1 Introduction

Dans ce chapitre nous allons parler du fonctionnement de *Docker* et *Docker Compose*. Ce chapitre est réalisé sous le ton d'un cours d'introduction à Docker, afin de pouvoir transmettre les connaissances de base a l'utilisation et à la modification du travail réalisé lors de cette thèse. Cela passera entre autres par certains exemples et codes qui seront fournis en annexe notamment.

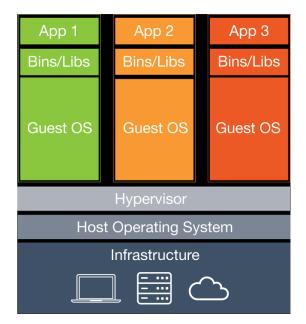
Docker permet l'exécution de code dans un conteneur indépendant de vote système hôte.

3.1.1 Utilisations

3.1.2 Compatibilité inter-OS

Docker permet d'éviter les problèmes liés aux différences entre les environnements d'exécution. En effet, lorsque l'on exécute un code avec Docker ont contrôlé exactement l'état et le type d'environnement d'exécution. Cela rend donc possible l'exécution d'un code sous différent Système d'explotation (OS) hôte (OSX, Linux, Windows).

Mais pourquoi ne pas utiliser une simple machine virtuelle ? Une première différence entre une machine virtuelle et Docker est le fait que Docker n'encapsule pas tout un OS, ceci permet une exécution beaucoup plus rapide, et c'est bien se que l'on cherche dans ce travail.



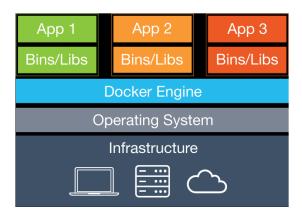


Figure 3.1 – Virtual machine vs Docker

3.1.3 Miracle or illusion

Je tiens ici à faire une mise en garde vis-à-vis de l'utilisation de Docker. Dans sont utilisation Docker est, à mon sens, une solution assez miraculeuse, notamment par le fait que l'on peu partage une application sans se poser de question sur l'hôte cible. Mais attention Docker n'est pas aussi miraculeux que cela dans le développement d'une solution applicative. En effet, il peut parfois êtres compliquer d'arriver du premier coup à réaliser se que l'on souhaite.

Docker n'est donc pas une solution miracle, mais présente beaucoup d'avantages en termes d'exécution standardisée, de partage de code et de déploiement.

3.2 Pré-requis

3.2.1 Connaissance

Il est nécessaire d'êtres à l'aise avec l'OS Linux et l'utilisation de commande UNIX. En effet, la plupart du temps les conteneurs utiliseront un système Linux. Pour plus d'information cf. ci-après.

3.2.2 Installations

Installation Docker

Vous devriez maintenant voir une sortie console semblable a celle de la figure 3.2:

Figure 3.2 – Services Docker opperationnel

Il faut à présent configurer Docker pour votre utilisateur hôte.

```
$ sudo usermod —aG docker $(whoami)
```

À se point ci, il vous faut redémarrer votre machine.

Installation Docker-compose (1.9)

Vous devriez à présent obtenir la sortie console suivante:

```
docker-compose version: 1.9.0
```

3.2.3 Téléchargements

3.3 Fonctionnement

3.3.1 Docker

Il faut commencer par clarifier de quoi on parle lorsque l'on utilise le mot conteneur. Il s'agit d'une *enveloppe* virtuelle permettant de packager une application ou un code avec toutes les dépendances nécessaires au fonctionnement de l'application. On package donc les fichiers source, librairies, runtime, outils, fichiers, base de données, etc.

Un conteneur n'embarque pas de OS, il s'appuie sur celui de l'hôte sur lequel il est déployé. Ce qui rend un conteneur beaucoup moins lourd qu'une machine virtuelle 3.1.

Il faut également spécifier que Docker opère une isolation, des conteneurs, au niveau du système d'exploitation.

Un conteneur Docker est décrit à l'aide d'un simple fichier .*Dockerfile*, il décrit la création du conteneur, en détail. On peut personnaliser cette description de manière très détaillée.

Il faut voir une application réalisée avec Docker comme une somme de microservices. Nous verrons dans la section suivante des exemples basiques d'application Docker. Le but étant de:

- rendre l'application davantage élastique;
- améliorer les performances;
- le déploiement continu est facilité. On peut relancer les services indépendamment les uns des autres.

3.3.2 Docker-compose

Docker-compose permet de définir et d'exécuter des applications multi-conteneurs. En effet, sans compose il fallait lancer les différents services de votre application soit manuellement soit en utilisant des scripts.

Compose utilise un fichier de composition, *docker-compose.yml*, afin de configurer une application Docker. Ce qui permet de lancer une application à l'aide d'une seule commande.

Pour résumer, une application Docker, utilisant Compose, est la combinaison de trois étapes:

- 1. Définir les différents Dockerfile des vos micro services composant l'application;
- 2. Définir les services qui seront utilisés dans le composé, leurs relations et leurs configurations;
- 3. Lancer l'application avec la simple commande, docker-compose up.

3.4 Exemples

3.4.1 simple pull, build et run

Les trois commandes les plus importantes de Docker sont *pull*, *build* et *run*. En effet, ces commandes sont indispensables et doivent impérativement être comprises.

Premièrement, intéressons-nous à la commande pull:

```
$ docker pull debian:jessie

jessie: Pulling from library/debian

5040bd298390: Pull complete

Digest: sha256:

→ abbe80c8c87b7e1f652fe5e99ff1799cdf9e0878c7009035afe1bccac129cad8

Status: Downloaded newer image for debian:jessie
```

Avec cette commande l'engin Docker à téléchargé l'image de debian Jessie depuis le *Docker Hub*. Vous pouvez trouver un grand nombre d'images sur *Docker Hub* - https://hub.docker.com/.

Il est possible de gérer les images contenues sur une machine hôte. La commande suivante permet d'afficher la liste des images:

```
$ docker images

REPOSITORY TAG IMAGE ID CREATED

SIZE

debian jessie e5599115b6a6 2 weeks ago

123 MB
```

Il est également possible de supprimer une image, afin de libérer de l'espace disque:

```
$ docker rmi e5599115b6a6
```

```
Untagged: debian:jessie
Untagged: debian@sha256:
```

→ abbe80c8c87b7e1f652fe5e99ff1799cdf9e0878c7009035afe1bccac129cad8

Deleted: sha256:

→ e5599115b6a67e08278d176b05a3defb30e5564f5be6d73264ec560b484514a2

Deleted: sha256:

→ a2ae92ffcd29f7ededa0320f4a4fd709a723beae9a4e681696874932db7aee2c

Je tiens a signaler que l'on peut déjà se rendre compte d'un avantage de Docker par rapport a une machine virtuelle, l'image de Debian que l'on vient de télécharger ne fait que 123MB.

À présent lançons notre premier conteneur Docker:

```
$ docker run —it debian:jessie /bin/bash
root@47e35436f723:/#
```

Il est maintenant possible d'exécuter n'importe quelle commande à l'intérieur du conteneur:

```
$ date
Sun Feb 5 11:01:11 UTC 2017
```

Ctrl+d permet de sortir du conteneur.

```
$ docker run —itd debian:jessie
5c09ebfa8bc99235ad482256dfb9fa1fa470a42314ed61654b6a653aff6fee6b
```

En ajoutant l'option "d" le conteneur est exécuté de manière détachée.

En utilisant la commande suivant, il est possible de visualiser les conteneurs en cours d'exécution:

```
$ docker ps

CONTAINER ID IMAGE COMMAND CREATED

→ STATUS PORTS NAMES

5c09ebfa8bc9 debian:jessie "/bin/bash" About a

→ minute ago Up About a minute

→ admiring_brattain
```

Il est possible d'exécuter n'importe quelle commande dans un conteneur en cours d'exécution:

```
$ docker exec —it admiring_brattain date

Sun Feb 5 11:06:21 UTC 2017
```

Ici le conteneur est identifié par son nom, si à l'exécution aucun nom n'est défini, Docker en attribue un de manière aléatoire. Il est également possible d'identifier un conteneur en utilisant son *CONTAINER ID*.

En effet, il est possible et bien utile de définir un nom à vos conteneurs:

```
$ docker run -itd —name inphinity debian:jessie
$ docker ps
CONTAINER ID
               IMAGE
                              COMMAND
                                              CREATED
             STATUS
                                            NAMES
                             PORTS
                              "/bin/bash"
                                              3 seconds
c4be3f837adc
               debian: jessie
            Up 3 seconds
                                           inphinity
  → ago
```

Finalement, abordons la commande *build*. En effet, pour le moment nous n'avons fait qu'utiliser des images déjà construites. Un aspect très intéressant de Docker est de pouvoir décrire en détail la construction d'une image qui sera ensuite utilisée afin de lancer notre conteneur.

Prenons comme exemple le cas ou vous souhaité lancer un conteneur qui possède Python 3 préinstallé dans la version que l'on souhaite.

Pour se faire, il faut créer un fichier *Dockerfile* dans un dossier vide. Vous pouvez retrouver le fichier de cet exemple dans le dossier "sources" et en annexe.

1. Il faut spécifier l'image de base:

```
FROM debian: jessie
```

2. On souhaite premièrement mettre à jour les paquets:

```
RUN apt-get update && \
apt-get upgrade -y
```

3. Finalement, on installe le paquet que l'on souhaite, python dans sa version 3:

```
RUN apt-get install -y python3
```

À présent, on peut build notre image Docker, l'exécuter et voir que python 3 est bien présent:

```
docker build -t exemple_1 .

[...]
Successfully built dead33da7d24

$ docker run -it exemple_1

root@41ac57ce9c0f:/# python3
Python 3.4.2 (default, Oct 8 2014, 10:45:20)
[GCC 4.9.1] on linux
Type "help", "copyright", "credits" or "license" for more information.
>>>>
```

3.4.2 Serveur Web: Docker compose

Afin de montrer l'utilisation de *Docker Compose* nous allons réaliser un petit serveur web. Cela nous permettra également de voir comment plusieurs microservices encapsulés chacun dans un conteneur Docker, peuvent former une application.

Toutes les sources de cet exemple sont disponibles dans le dossier, sources/exemple₂.

Cet exemple consiste en deux conteneurs Docker, construit à partir de deux Dockerfile.

Premièrement, un conteneur avec mysql, qui gère la base de données:

```
FROM mysql:5.7

COPY ./my.cnf /etc/mysql/conf.d/
```

Deuxièmement, un conteneur avec PHP et apache, afin d'exécuter les pages web:

De plus, les sources se trouvent dans se que l'on appelle un volumes, une source de données pour nos conteneurs. Dans cet exemple nous y mettons uniquement un fichier *index.php* avec la commande *phpinfo()*, afin de vérifier que notre application fonctionne bien.

Nous allons utiliser *Docker Compose*, afin de lancer notre application complète:

```
$ nano docker—compose.yml
version: '2'
services:
  mysql:
    build: ./mysql
    environment:
      MYSQL ROOT PASSWORD: pass
    volumes:
      - db:/var/lib/mysql
  php:
    build: ./php
    ports:
      - '8080:80'
    volumes:
      - ./html:/var/www/html
    depends on:
      - mysql
volumes:
  db:
```

Exécutons, à présent, notre application web:

```
$ cd exemple 2/
$ docker—compose up —d
[...]
Creating exemple2 mysql 1
Creating exemple2_php_1
$ docker ps
CONTAINER ID
                   IMAGE
                                       COMMAND
                                                                CREATED
                  STATUS
                                      PORTS
                                                             NAMES
                                       "docker-php-entrypoin"
e921dc5930ac
                   exemple2_php

→ minutes ago

                       Up 4 minutes
                                            0.0.0.0:8080 -> 80/tcp
   ⇔ exemple2_php_1
cdb19eaa3cb7
                   exemple2 mysql
                                        "docker-entrypoint.sh"
                       Up 4 minutes
   3306/tcp

    ⇔ exemple2 mysql 1
```

Pour vérifier que tous fonctionnent, utilisez votre navigateur favori et accédez à l'adresse *localhost:8080* 3.3.

PHP Version 7.1.1	php
System	Linux e921dc5930ac 4.4.0-21-generic #37-Ubuntu SMP Mon Apr 18 18:33:37 UTC 2016 x86 64
Build Date	Jan 24 2017 18:33:18
Configure Command	'./configure'with-config-file-path=/usr/local/etc/php'with-config-file-scan-dir=/usr/local/etc/php/conf.d' 'disable- cgi' 'enable-ftp' 'enable-mbstring' 'enable-mysqlnd' 'with-curl' 'with-libedit' 'with-openssl' 'with-zlib' 'with-apxs2'
Server API	Apache 2.0 Handler
Virtual Directory Support	disabled
Configuration File (php.ini) Path	/usr/local/etc/php
Loaded Configuration File	/usr/local/etc/php/php.ini
Scan this dir for additional .ini files	/usr/local/etc/php/conf.d
Additional .ini files parsed	/usr/local/etc/php/conf.d/docker-php-ext-gd.ini, /usr/local/etc/php/conf.d/docker-php-ext-mcrypt.ini, /usr/local/etc/php/conf.d/docker-php-ext-pdo_mysql.ini
PHP API	20160303
PHP Extension	20160303
Zend Extension	320160303
Zend Extension Build	API320160303,NTS
PHP Extension Build	API20160303,NTS
Debug Build	no no
Thread Safety	disabled
Zend Signal Handling	enabled
Zend Memory Manager	enabled
Zend Multibyte Support	provided by mbstring
IPv6 Support	enabled
DTrace Support	disabled
Registered PHP Streams	https, ftps, compress.zlib, php, file, glob, data, http, ftp, phar
Registered Stream Socket Transports	tcp, udp, unix, udg, ssl, tls, tlsv1.0, tlsv1.1, tlsv1.2
Registered Stream Filters	zlib.*, convert.iconv.*, string.rot13, string.toupper, string.tolower, string.strip_tags, convert.*, consumed, dechunk, mcrypt.*, mdecrypt.*

Figure 3.3 – phpinfo()

3.4.3 Parallélisation

Il est possible de lancer plusieurs conteneurs avec la même image. Nous allons utiliser ceci dans la suite du développement afin de lancer plusieurs conteneurs pour l'analyse des séquences.

\$ docker run -	itd debian:jessie		
kamyh@kamyh—lii	nux-tower ~/projects/1	master/documents/sc	ources/exemple_2 \$
CONTAINER ID	IMAGE	COMMAND	CREATED
\hookrightarrow	STATUS	PORTS	NAMES
8901929d2bf0	debian:jessie	"/bin/bash"	2 seconds
	Up 1 seconds		
→ determin	ned_sinoussi		
877d2cddce6d	debian:jessie	"/bin/bash"	3 seconds
	Up 2 seconds		boring_nobel
4ff340b9c797	debian: jessie	"/bin/bash"	4 seconds
	Up 3 seconds		loving_mccarthy
e9a8bda7688f	debian:jessie	"/bin/bash"	4 seconds
	Up 3 seconds		focused_dijkstra
2060301458d6	debian:jessie	"/bin/bash"	5 seconds
	Up 5 seconds		
→ awesome	_blackwell		

Ici nous avons cinq conteneurs debian lancé simultanément. Ceci peut être très utile, par exemple, dans le cas d'une application web, afin de partager la charge des connexions utilisateurs entre plusieurs conteneurs.

4 | Parallelisation python3

Nous allons principalement nous servir de deux fonctionnalités afin de rendre une partie, critique, du code parallèle. En effet, la recherche de domaine protéinique, à l'aide de *HMMER Scan* est une opération très longue.

Nous allons rendre parallèle les appeles à un conteneur Docker encapsulant une version locale de *HMMER* et la lecture des résultats.

Pour plus d'information sur la transformation du code, que se soit l'ajout de la philosophie objet ou que se soit au niveau des optimisations veuillez consulter le chapitre chapitre 5-Environnement et application

4.1 Code de base

Dans se sous chapitre il est question de comment paralléliser un code en python 3, lorsque l'on a un traitement à appliquer sur un ensemble de données de même type.

Le code suivant montre comment utiliser la librairie multiprocessing et les pool.

```
from multiprocessing import Pool

def f(x):
    return x*x

if __name__ == '__main__':
    p = Pool(processes=5)
    print(p.map(f, [1, 2, 3]))
```

Se qui se passe dans se code c'est que l'on *map* une fonction sur un tableau de données. Ce code va donc appliquer la fonction carrée sur chaque élément du tableau et renvoyer les résultats dans un tableau.

Il est également possible de passer à la fonction *Pool.map()* des paramètres plus complexe:

```
from multiprocessing import Pool

def f(x, y):
    return x+y

if __name__ == '__main__':
    p = Pool(processes=5)
    print(p.starmap(f, [[1,2],[3,4],[5,6]]))
```

La ligne suivante, permets de définir le nombre de coeurs CPU que l'on souhaite utiliser:

```
p = Pool(processes=5)
```

Chapter 4. Parallelisation python3

Attention la fonction starmap n'est disponible que depuis python 3.3.

Retrouver ces codes dans le dossier $sources/exemple_3$. Dans ce chapitre nous n'aborderons que les éléments nécessaires à la compréhension et à l'utilisation du code produit dans cette thèse. Pour plus d'informations sur la librairie multiprocessing cf. https://docs.python.org/2/library/multiprocessing.html.

Dans un des scripts du code de la thèse [Modélisation prédictive des interactions entre bactéries et virus bactériophages - Leite Diogo], des séquences protéiniques sont traitées en faisant appel à l'API de HMMER. Dans le chapitre chapitre 5-Environnement et application nous verrons comment cet appel a été remplacé par un conteneur Docker.

5 | Environnement et application

Nous allons aborder, dans ce chapitre, le nouvel environnement créé a l'aide de Docker et le nouveau code produit à partir de celui de la thèse [Modélisation prédictive des interactions entre bactéries et virus bactériophages - Leite Diogo].

L'environnement est réalisé à l'aide de *Docker Compose*, il est composer de trois images différentes. Le code, orienté objet sera executé dans ce nouvel environnement.

5.1 Images Docker

Tous les fichiers necessaire à la construction des images de notre environnement se trouve dans le dossier developpement/dockers.

5.1.1 Hmmer

La première image est celle visant à remplacer l'utilisation de l'API en ligne de HMMER. Il sagit d'encapsuler l'application HMMER afin de pouvoir l'utiliser pour traiter les séquences protéinique.

Les fichiers necessaire se trouvent dans le dossier *developpement/dockers/hmmer*. Il sagit d'un image basées sur *centos*, qui est un image de base Docker très legere.

Tout d'abord, le *Dockerfile* de cette image, install le compilateur C++ *gcc*. Puis, il recupere les sources de l'application HMMER et les compilent.

Pour davantage de detail veuillez consulter directement le fichier *Dockerfile* de l'image.

5.1.2 Database

L'application necessite plusieurs base de données Mysql. L'image *database*, dont les sources se trouve dans le dossier *developpement/dockers/database*, remplis cette fonctionnalitée.

Pour des raison de simplicité, cette image est construite à partir de Debian Jessie, la différence entre Centos et Debian est négligeable du fait que nous ne lanceront qu'un seul conteneur de cette image.

Due à la fois à la phase de débug et pour de futurs debug, l'image est construite avec un certains nombres de paquets afin de facilité la vie du developpeur.

La mise en place d'une image *Docker* avec un serveur mysql n'est, par experience, jamais une chose facile à réaliser. C'est pour cela que nous allons entré un peu plus dans les détail les différentes commande qui composent le fichier *Dockerfile* de cette image. Il n'est pas forcément necessaire de lire ce sous-chapitre pour comprendre les aboutissant de cette thèse, mais il est necessaire que les informations qui suivent y figure.

Premièrement, afin de pouvoir accèder au conteneur lancé à partir de cette image, il faut faire en sorte que mysql écoute les connexions en entrée.

```
RUN sed -i -e" s/^bind-address\s*=\s*127.0.0.1/bind-address_=_0.0.0.0/" / \leftrightarrow etc/mysql/my.cnf
```

Maintenant que notre conteneur peut reçevoir des connexions, on install *mysql-server mysql-client libmysqlclient-dev* qui installent Mysql sur notre image.

On peut démarrer le service Mysql:

```
RUN mysqld &
RUN service mysql start
```

On oublie pas d'exposer le port de connection que l'on souhaite. Ici le 3306 qui est le port par défault de Mysql.

```
EXPOSE 3306
```

On modifie également quelques configuration Mysql, afin de pouvoir utiliser des fichiers .*sql* de tailles plus grandes.

```
RUN sed —ire 's/max_allowed_packet.*=.*/max_allowed_packet = 200M/g' /

→ etc/mysql/my.cnf

RUN sed —ire 's/key_buffer_size.*=.*/key_buffer_size = 128M/g' /etc/

→ mysql/my.cnf
```

On ajoute le fichier startup.sh et ont fixe qu'au lancement du conteneur il soit executé.

```
ADD ./startup.sh /opt/startup.sh

CMD ["/bin/bash", "/opt/startup.sh"]
```

Regardons se que l'on trouve dans le fichier startup.sh:

```
# For 3_F1 countScoreInteraction.py
    mysql phage_bact < /tmp/db/score_interactions_create.sql

echo "CREATE_DATABASE_domine" | mysql
mysql domine < /tmp/db/domTGo.sql
mysql domine < /tmp/db/domPfam.sql
mysql domine < /tmp/db/domPgmap.sql
mysql domine < /tmp/db/domTInteract.sql

# For 4_F1 FreqQtdScores.py
    mysql phage_bact < /tmp/db/qtd_scores_create.sql

killall mysqld
sleep 10s

fi
/usr/bin/mysqld_safe</pre>
```

Dans se script, on commence par donner les privilèges Mysql à l'utilisateur admin. Ensuite ont mets en place les différentes base de données, $phage_bact, domine$, dont l'application à besoins. On crée ces deux base de données et leurs tables.

Dans l'éventualité ou l'on souhaiterais ajouter une nouvelle base de donnée c'est ici qu'il faudra ajouter la command Mysql de création.

De plus si l'on souaite ajouter des table ou données à une de nos base de données, c'est également dans se fichier qu'il faudra le faire.

Comme vous pouvez le voir tous les fichier .sql necessaire sont placé dans le dossier developpement/dockers/data

5.1.3 Core

Due à la fois à la phase de débug et pour de futurs debug, l'image est construite avec un certains nombres de paquets afin de facilité la vie du developpeur.

C'est véritablemenmt cette images qui contient tous se qui est necessaire à l'execution de l'aspect bioinformatique de l'application. C'est également elle qui controlle l'application, étant donné que cest dans se conteneur que le code de l'application est executé.

Comme pour l'image *database* ont install les paquets necessaire à utiliser Mysql, *mysql-server*, *mysql-client*, *libmysqlclient-dev* et python.

On install pip3, le gestionnaire de paquets pip pour python3:

```
RUN apt-get install -y python3-pip r-base
```

On install aussi un des paquets les plus important de cestte image.

```
RUN pip3 install biopython
```

Afin d'acceder à la base de donnée depuis le code python il nous faut installer le paquet:

```
RUN pip install mysql—connector
```

Finalement, on install Docker, car il nous faudra pouvoir communiquer avec l'engin Docker de l'hôte, afin d'executer des conteneur de l'image HMMER.

```
RUN apt-get install -y curl
RUN curl -fsSL https://get.docker.com/ | sh
```

5.2 Docker Compose

Maintenant que nous avons toutes les images necessaire à notre environnement applicatif orienté bioinformatique, nous allonms voir comment les combiner à l'aide de *Docker Compose*.

La figure 5.1 montre l'architecture qui est mise en place à l'aide de *Docker*.



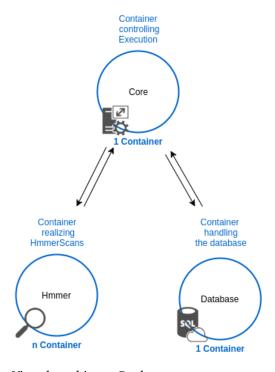


Figure 5.1 – Virtual machine vs Docker

5.3 «Inphinity»

6 | **Déploiement**

- 6.1 Obtention des sources
- 6.2 •

7 | Simplification d'usage

- 7.1 Commandes et alias
- 7.2 Scripts

8 | Résultats et Benchmarks

- 8.1 Parallèlisation
- 8.2 Dockers
- 8.3 Phases

9 | Améliorations

- 9.1 Parallèlisation
- 9.2 Machines Amazone
- 9.3 Spark

10 | Conclusion

Lorem ipsum dolor sit amet, consectetuer adipiscing elit. Ut purus elit, vestibulum ut, placerat ac, adipiscing vitae, felis. Curabitur dictum gravida mauris. Nam arcu libero, nonummy eget, consectetuer id, vulputate a, magna. Donec vehicula augue eu neque. Pellentesque habitant morbi tristique senectus et netus et malesuada fames ac turpis egestas. Mauris ut leo. Cras viverra metus rhoncus sem. Nulla et lectus vestibulum urna fringilla ultrices. Phasellus eu tellus sit amet tortor gravida placerat. Integer sapien est, iaculis in, pretium quis, viverra ac, nunc. Praesent eget sem vel leo ultrices bibendum. Aenean faucibus. Morbi dolor nulla, malesuada eu, pulvinar at, mollis ac, nulla. Curabitur auctor semper nulla. Donec varius orci eget risus. Duis nibh mi, congue eu, accumsan eleifend, sagittis quis, diam. Duis eget orci sit amet orci dignissim rutrum.

Nam dui ligula, fringilla a, euismod sodales, sollicitudin vel, wisi. Morbi auctor lorem non justo. Nam lacus libero, pretium at, lobortis vitae, ultricies et, tellus. Donec aliquet, tortor sed accumsan bibendum, erat ligula aliquet magna, vitae ornare odio metus a mi. Morbi ac orci et nisl hendrerit mollis. Suspendisse ut massa. Cras nec ante. Pellentesque a nulla. Cum sociis natoque penatibus et magnis dis parturient montes, nascetur ridiculus mus. Aliquam tincidunt urna. Nulla ullamcorper vestibulum turpis. Pellentesque cursus luctus mauris.

A | An appendix

Lorem ipsum dolor sit amet, consectetuer adipiscing elit. Ut purus elit, vestibulum ut, placerat ac, adipiscing vitae, felis. Curabitur dictum gravida mauris. Nam arcu libero, nonummy eget, consectetuer id, vulputate a, magna. Donec vehicula augue eu neque. Pellentesque habitant morbi tristique senectus et netus et malesuada fames ac turpis egestas. Mauris ut leo. Cras viverra metus rhoncus sem. Nulla et lectus vestibulum urna fringilla ultrices. Phasellus eu tellus sit amet tortor gravida placerat. Integer sapien est, iaculis in, pretium quis, viverra ac, nunc. Praesent eget sem vel leo ultrices bibendum. Aenean faucibus. Morbi dolor nulla, malesuada eu, pulvinar at, mollis ac, nulla. Curabitur auctor semper nulla. Donec varius orci eget risus. Duis nibh mi, congue eu, accumsan eleifend, sagittis quis, diam. Duis eget orci sit amet orci dignissim rutrum.