Rapport de stage Publication du package crisprbuilder_tb

Stephane Robin sous la direction de Christophe Guyeux et Jean-Claude Charr

 $24~\mathrm{juin}~2020$

Remerciements

Je tiens à exprimer mes plus sincères remerciements à Messieurs Christophe Guyeux et Jean-Claude Charr, professeurs à l'université de Franche Comté pour m'avoir guidé, conseillé et soutenu durant le déroulement de ce stage. Leurs explcations et leur disponibilité malgré un emploi du temps chargé ont largement contribué à ma compréhension du sujet.

Je voudrais également souligner la patience dont ils ont fait preuve pour m'expliquer les notions de bioinformatique que j'ai été amené à découvrir durant ce projet. Il en ressort que j'ai particulièrement apprécié de travailler sous leur direction.

Table des matières

	Présentation du projet	
2.	Notations	4
1	Etat de l'art	5
2	Le choix des outils	6
1.	L'environnement de développement	6
2.	Composition d'un package standard	7
	2.1. Quelle licence choisir?	
	2.2. Choix de l'outil d'empaquetage	ç
3.	Poetry	
	3.1. Création d'un package et gestion des dépendances	10
	3.2. Construction d'un package et publication	11
	3.3. La construction du package crisprbuilder tb	12
4	La composition du package	
	La structure d'un package sous Poetry	
	Description du package avec le fichier crisprbuilder_tb.md	
	La création de la librairie	12
1.	La creation de la horanie	12
3	Les tests du package	13
	Les problèmes liés aux chemins d'accès	13
	Améliorer le code avec pylint	
	imionozor lo codo acco pjimo i i i i i i i i i i i i i i i i i i	10
4	Amélioration des performances	14
1	Les principaux áléments du code	15

Préambule

1. Présentation du projet

Dans le cadre d'un travail de recherche en bio-informatique, Christophe Guyeux, Jean-Claude Charr, ... ont créé du code "brut" leur permettant à la fois d'afficher et de stocker des données relatives à une Sequence Read Archive particulière. Ce code doit être rassemblé, réorganisé, nettoyé pour être conforme aux critères PEP. Il doit être rendu fonctionnel puis plus efficace si possible. Il doit s'exécuter en utilisant un CLI, et doit finalement être empaqueté pour qu'un utilisateur puisse l'utiliser quelque soit sa plateforme (Linux, MacOS ou Windows) une fois installé. Pour cela, il est nécessaire de publier ce package sur PyPI et de le documenter clairement en anglais pour en faciliter l'utilisation.

Notons qu'à terme, l'objectif du package sera de proposer une reconstitution du CRISPR.

Lorsque nous avons défini les objectifs du stage, il est immédiatement ressorti l'importance de lui donner un caractère pratique, qui pourrait être transposable dans le milieu professionnel. La reconstruction du programme à partir d'éléments de code, la nécessité de créer localement un environnement spécifique de travail et d'installer automatiquement cet environnement sur les ordinateurs des utilisateurs, la possibilité de faire fonctionner le package sur différentes plateformes, les différents tests effectués, la création et publication du package sont autant de compétences pratiques utiles, auxquelles il faut se confronter pour bien en comprendre les difficultés. Par ailleurs, la construction de ce package a nécessité de comprendre le fonctionnement de termes clés en bio-informatique afin de pouvoir travailler dans ce cadre métier particulier. Ceci a conduit à une synthèse de l'état de l'art fortement orientée vers la biologie et plus particulièrement le CRISPR.

2. Notations

Définissons tout d'abord le vocabulaire que nous allons utiliser dans ce rapport de stage :

- module : un fichier contenant du code Python,
- package : un répertoire contenant des modules Python,
- distribution: une archive de modules ou packages (au format tar, whl, ...)

Etat de l'art

Le choix des outils

1. L'ENVIRONNEMENT DE DÉVELOPPEMENT

XXX -> CONSTRUCTION D'UN ENVIRONNEMENT DE TRAVAIL

Afin de tester les codes de ce projet, l'outil de création d'environnement virtuel *venv* nous permet de créer un environnement de développement. *venv* commence par constituer un dossier contenant tous les exécutables nécessaires à l'utilisation des modules d'un projet Python.

Il convient de définir la version de Python utilisée dans cet environnement de développement. Pour cela, le module *pyenv* nous permet de définir une version de Python comme version locale de travail dans l'environnement. Nous choisissons pour les besoins du test Python 3.6.5.

Finalement, nous installons dans cet environnement les dépendances nécessaires à l'aide de l'outil pip:

• pkg-resources==0.0.0 (installé automatiquement)

pip install xmltodict

le module xmltodict permet de lire du code XML comme si il s'agissait de code JSON. Il permet donc une lecture plus rapide des fichiers.

pip install openpyxl

le package openpyxl permet de lire et d'écrire dans des fichiers Excel de type xlsx, xlsm, xltx, xltm. Il comprend les modules et-xmlfile et jdcal.

pip install xlrd

le module xlrd extrait des données d'un tableur Excel à partir de la version 2.0 et avant de les formatte.

pip install biopython

le package biopython regroupe un ensemble d'outils Python pour le traitement informatique de la biologie moléculaire et comprend le module numpy.

- DateTime==4.3 Le module datetime permet de manipuler des dates et heures en gérant des objets de type DateTime.
- pytz==2019.3 (installé avec le module datetime)
- zope.interface==5.0.1 (installé avec le module datetime)

Notons que certains modules utilisés dans ce package sont nativement présents dans Python3. C'est le cas par exemple de :

- le module os fournit une manière portable d'utiliser les fonctionnalités dépendantes du système d'exploitation,
- le module pickle permet de sérialiser et désérialiser une structure d'objet Python. Il remplace le module primitif marshal. pickle se trouve déjà dans la librairie standard Python3,
- le module csv implémente des classes pour lire et écrire des données liées à des feuilles de calcul ou des bases de données au format csv,
- le module shutil propose des opérations sur les fichiers et collections de fichiers, notamment la copie et suppression de fichiers. Le module subprocess.run permet de gérer de nouveaux processus, de se connecter à leurs flux d'input/output/erreurs. Il remplace plusieurs modules dépréciés : os. system, os.spawn*, os.popen*, popen2.*, commands.*

Le package, une fois installé par l'utilisateur, devra fournir automatiquement un environnement de travail similaire, afin que son exécution soit rendue possible. On devra donc retrouver les modules installés via *pip* dans un fichier tel que requirements.txt.

2. Composition d'un package standard

Un package standard comporte obligatoirement un fichier __init__.py qui va définir la version du projet et le nom du module de lancement du programme (souvent __main__.py). Il est toutefois acceptable et parfois même recommandé de conserver un fichier __init__.py vide.

Les fichiers setup.py, requirements.txt, LICENSE, README.md ET MANIFEST.in sont également nécessaires.

- setup.py est le script de construction et configuration destiné au setuptools. Il définit notamment le nom et la version du package, ainsi que les fichiers qu'il contient. Il sert également d'interface en ligne de commande relative aux différentes fonctionnalités du package. setup.cfg est un fichier d'initialisation qui contient les options par défaut des commandes du setup.py.
- requirements.txt permet l'installation des dépendances à l'aide d'un unique fichier contenant un module à installer par ligne. Il nécessite l'instruction

pip install -r requirements.txt

pour commencer ces installations.

- LICENSE définit les termes légaux de la distribution. De nombreux pays n'autorisent pas l'utilisation ou la distribution de packages qui ne disposent pas de licence.
- README.md décrit l'objectif du package, son installation, la nature de ses dépendances et les principales fonctionnalités.

MANIFEST.in permet d'inclure dans le package certains fichiers qui ne sont pas automatiquement intégrés.

L'ensemble des modules nécessaires au fonctionnement du package sont regroupés dans un répertoire portant le même nom que le package avec le fichier *init* .py.

Avec la PEP-518, le PyPA a proposé un nouveau standard au format package.toml, qui remplace les fichiers setup.py, requirements.txt, setup.cfg, MANIFEST.in et Pipfile. C'est ce nouveau standard qui est utilisé lors de la création d'un package avec Poetry.

La commande poetry new nomPaquet permet de générer le squelette de l'application, comprenant les tests unitaires, le fichier pyproject.toml, le fichier README.rst que nous changeons au format markdown README.md, le répertoire du projet et le fichier init.py. Nous rajoutons un fichier LICENSE, les composants principaux de la librairie, le présent rapport de stage et un fichier .gitignore pour la gestion des versions.

```
crisprbuilder_tb
      init .py
data
     Brynildsrud_Dataset_S1.xls
     lineage.csv
     NC 000962.3.txt
     spoligo_new.fasta
spoligo_old.fasta
     spoligo_vitro.fasta
spoligo_vitro_new.fasta
    CRISPRbuilder_TB-0.1.0-py3-none-any.whl
CRISPRbuilder-TB-0.1.0.tar.gz
     crisprbuilder-tb.ipynb
    LICENSE
   - requirements.txt
- tree.png
__main__.py
poetry.lock
 pyproject.toml
README.md
    sequences
___init__.py
__test_crisprbuilder_tb.py
```

La plupart des systèmes d'exploitation incorporent Python2.7 par défaut. L'environnement de travail devra donc expressément définir Python3 comme version pour le projet. Nous avons choisi la version 3.6.5 de Python dans le fichier package mymtc.toml.

Les paquets construits pour des systèmes Unix (Linux et MacOS) nécessitent l'incorporation de fichiers build.sh et meta.yaml. Les paquets construits pour les systèmes Windows nécessitent l'incorporation des fichiers bld.bat et meta.yaml. A VERIFIER DANS LE CAS DE POETRY

2.1. Quelle licence choisir?

Trois licences retiennent notre attention. En voici les principales caractéristiques :

- la licence MIT, courte et permissive, préserve exclusivement le copyright et les avis de licence. Toute modification ultérieure peut être distribuée suivant une licence différente et notamment utilisée à des fins personnelles ou commerciales, sans obligation de publication des codes source,
- la licence Apache (2.0) est également permissive et sensiblement similaire dans ses conditions à la licence MIT. Toutefois, elle requiert de préciser les modifications effectuées lors de nouvelles distributions,

• la licence GNU (GPL v3.0) préserve également le copyright et les avis de licence. Elle peut être utilisée à des fins personnelles et commerciales. Elle impose en outre, en cas de modification, la publication complète des codes et l'utilisation de la licence GNU pour les nouvelles distributions.

Dans le cadre de ce projet, aucune spécification restrictive n'étant requise, nous avons choisi la licence MIT qui est simple et peu contraignante.

2.2. Choix de l'outil d'empaquetage

Le PyPA Python Packaging User Guide recommande l'utilisation de :

- setuptools pour définir des projets et créer des sources de distribution,
- pipenv pour la gestion des dépendances de packages lors du développement d'applications,
- *venv* pour isoler les dépendances particulières d'une application et créer un environnement de travail,
- conda permettant de fournir un environnement de travail favorable aux projets scientifiques, avec notamment tous les modules essentiels pré-installés,
- buildout pour les projets de développement Web,
- poetry pour un besoin particulier non couvert par pipenv,
- pip pour l'installation de librairies à partir de PvPI Python Package Index.

Au regard de ces recommandations, nous avons testé les outils suivants dans le but de définir un environnement de développement et de construire un package incorporant les dépendances requises.

pipenv est un gestionnaire de haut niveau pour les environnements, les dépendances et les packages Python. Contrairement à virtualenv, pipenv distingue les dépendances du projet et les dépendances des dépendances du projet. Par ailleurs, pipenv différencie le mode développement du mode production. Il offre l'avantage de bien fonctionner sur Windows. Toutefois, la communauté Python l'a peu mis à jour depuis 2018.

Anaconda est une distribution de logiciels multiplateformes (Windows, Linux, MacOS) qui facilite l'installation des librairies scientifiques Numpy et Scipy, ce qui est particulièrement intéressant dans le cas des plateformes Windows où ce processus est plus complexe. Elle incorpore une librairie opensource appelée conda permettant la gestion des dépendances, de l'environnement de travail ainsi que la création de packages. Anaconda semble être approprié au projet, mais c'est une distribution trop lourde pour être intégrée à notre package et Miniconda, qui ne comporte que Python, conda et pip, ne répond pas aux besoins du projet.

Nous avons tout d'abord cherché à construire le package manuellement, à partir de pipenv associé à pip, puis de conda qui dispose d'une riche bibliothèque. Cet effort s'est avéré laborieux et a révélé des incompatibilités lors du build qui n'ont pas permis de valider les exigences de la plateforme testPyPI.

Nous avons donc décidé de construire notre package en utilisant *Poetry*, qui est un outil complet multiplateformes autour duquel la communauté Python reste très active. Il propose à la fois la gestion des dépendances, l'empaquetage (création d'une structure pour un projet et la génération de fichiers de configuration et de manifestes) et la publication. *Poetry* automatise ces différents procédés et facilite grandement le travail. Nous étudions en détail l'utilisation de cet outil dans la section suivante.

3. Poetry

3.1. Création d'un package et gestion des dépendances

La création d'un projet se fait à l'aide de la commande

```
poetry new nom_package
```

qui va créer un répertoire nom_package contenant les éléments suivants :

```
nom_package
____init__.py
__ pyproject.toml
__ README.rst
___tests
____init__.py
___test_nom_package.py
```

Le fichier $nom_package.toml$ remplace les anciens standards de définition de packages : setup.exe et requirements.txt. Il précise notamment le nom du package, sa version, sa description, l'emplacement de son dépôt (par exemple sur GitHub), l'adresse email de l'auteur du package, et la version des dépendances.

En ce qui concerne la version des dépendances, il faut tout d'abord se placer dans le répertoire nom package puis utiliser l'instruction

```
poetry add nom_dependance
```

qui assure la compatibilité de la dépendance $nom_dependance$ avec le package $nom_package$. Il est également possible d'imposer certaines contraintes sur les versions des dépendances ou encore de rentrer manuellement les dépendances dans le fichier $nom_package.toml$, mais l'instruction

```
poetry add nom_dependance
```

offre l'avantage de chercher automatiquement une version compatible de la dépendance, puis de l'inscrire dans *nom package.toml*.

Pour installer ensuite les dépendances du projet, il est nécessaire d'utiliser l'instruction

```
poetry install
```

qui crée les fichiers $mon_package.lock$ et setup.py. Ce fichier empêche les dépendances de télécharger la dernière version au moment de l'installation, en fixant la version utilisable par le package. Par ailleurs, la commande **install** permet la création d'un fichier $nom_package.egg-info$ comprenant le code, les ressources et les métadonnées du projet. Ce format facilite la désinstallation et la mise à niveau du code, car le projet est essentiellement autonome dans un unique répertoire. Il autorise également l'installation de plusieurs versions d'un même projet simultanément. Il s'agit d'un format adapté à la distribution de plugins pour des applications extensibles et des frameworks, similaire au format .jar en Java. Il permet finalement de distribuer les gros packages en entités séparées.

3.2. Construction d'un package et publication

Pour empaqueter le projet, il faut utiliser l'instruction

poetry build

qui va permettre de créer un fichier source au format sdist et une distribution compilée au format wheel.

On peut vérifier la conformité du package avec l'instruction

poetry check

qui renvoie

All set !

si le package ne comporte aucune discordance et peut être publié.

Avant de publier le package, il peut être bon de tester son comportement à l'installation. Pour cela, il est possible de le publier officieusement sur la plateforme de test testPyPI. Il faut alors se placer à la racine du package et lancer en ligne de commande l'instruction

```
twine upload -repository testpypi dist/*
```

L'installation du package à partir de testPyPI se fait à l'aide de l'instruction

```
pip3 install -i https://test.pypi.org/simple/ nom_package
```

ou si on précise la version du package

```
pip3 install -i https://test.pypi.org/simple/ nom_package==nmr_version
```

A noter qu'il ne faut utiliser de guillemets autour de la version du package.

Lorsque le package est finalement prêt pour être publié sur PyPI, on utilise l'instruction

```
poetry publish
```

L'auteur du package doit pour cela être enregistré sur PyPI avec un identifiant et un mot de passe. A partir de ce moment-là, le package est rendu disponible publiquement.

L'installation du package par un utilisateur quelconque se fait maintenant grâce à l'instruction

```
python3 -m pip install nom_package
```

Les explications relatives à l'utilisation pratique de *Poetry* sont reprises dans le tutoriel suivant que nous venons de publier sur YouTube : adresse YuouTube

3.3. La construction du package crisprbuilder tb

Par exemple pour construire le package $crisprbuilder_tb$ à l'aide de Poetry, les instructions suivantes sont nécessaires en ligne de commande :

```
poetry new crisprbuilder_tb cd crisprbuilder_tb
poetry add python3
poetry add xlrd
poetry add xmltodict
poetry add biopython
poetry install
poetry build
poetry check
poetry publish
```

4. LA COMPOSITION DU PACKAGE

Le package est décrit en détail dans le document crisprbuilder_tb.md

Ainsi, une recherche effectuée à partir de ERR2704808 permet d'obtenir le résultat suivant :

5. La structure d'un package sous Poetry

Lors de l'exécution de l'instruction poetry new crisprbuilder_tb s'est créé le package crisprbuilder_tb disposant de la structure suivante :

photo structure

Le répertoire crisprbuilder the contient les fichiers init .py et main .py

6. Description du package avec le fichier crisprbuilder tb.md

7. LA CRÉATION DE LA LIBRAIRIE

=== A CHANGER === Pour créer une librairie à partir de conda, il est nécessaire d'installer conda-build puis de construire un recipe composé de :

- un fichier meta.yaml contenant toutes les métadata du recipe
- un script build.sh qui installe les fichiers de la librairie sur Linux et macOS, exécuté avec une commande bash
- un script bld.bat qui installe les fichiers de la librairie sur Windows, exécuté avec une commande cmd
- un fichier optionnel $run_t est.py$, qui s'exécute automatiquement pour effectuer des tests
- un fichier readme et des icônes si nécessaire.

Les trois premiers fichiers se créent avec la commande conda skeleton. ===FIN CHANGEMENT===

Les tests du package

- 1. LES PROBLÈMES LIÉS AUX CHEMINS D'ACCÈS
- 2. Améliorer le code avec pylint

pylint fournit une note entre 0 et 10 qui reflète le respect des règles du PEP8, notamment en ce qui concerne la lisibilité du code. Il reprend également certaines exigences relatives à ...

Le fichier $__main__.py$ est noté 9, / 10 avec les commentaires suivants : XXX et le fichier support.py est noté 9, / 10 avec les commentaires suivants : XXX

S'agissant d'un test statique, le code n'est pas exécuté et la performance du code n'est pas prise en compte lors de l'évaluation faite par *pylint*. Ainsi, *pylint* peut reprocher l'utilisation injustifiée de listes compréhensives, sans tenir compte de l'efficacité d'un tel traitement.

Amélioration des performances

Conclusion

Ce stage m'a ouvert l'esprit vers le domaine de la bioinformatique et m'a permis de réfléchir à PROBLEME

 $\label{local_lib_python_3.6} mv \ / home/stephane/.local/lib/python_3.6/site-packages/crisprtest \ / home/stephane/Téléchargements répétition de pip install$

1. Les principaux éléments du code

dico est composé de la façon suivante :

Un fichier pkl tel que dico_africanum.pkl est créé par pickle et contient un flux d'octets représentant les objets à sérialiser.

pickle permet aux objets d'être sérialisés en fichiers sur disque et désérialisés dans le programme au moment de l'exécution.

Références

 $https://packaging.python.org/guides/\\https://realpython.com/pypi-publish-python-package/$

Index

pip, 6 venv, 6 pyenv, 6