

## Sommaire :

### Introduction

#### 1)Présentation de l'organisme

1.1)présentation générale

1.2)conditions du stage

#### 2) Nom à donner

2.1)Galaxy

2.2)Wrappers

2.2.1)Q'est ce qu'un wrapper ?

2.2.2)Composition d'un wrapper

2.2.3)Le Tool shed

2.3)Test logiciel

#### 3) Développement de tests pour des wrappers dans Galaxy

3.1)L'outil bioinformatique

3.2)Modification du wrapper

3.3)Tests locaux

3.4)Intégration dans le dépôt Github

3.5)Intégration continue

# Introduction

ASaiM (*Auvergne Sequence analysis of intestinal Microbiota*) est un environnement créé pour analyser les microbiotes, et plus particulièrement le microbiote intestinal. Afin d'avoir une analyse correcte de ce microbiote, il faut étudier l'ensemble des génomes issus du milieu et donc faire de la métagénomique.

Il existe de nombreux outils bioinformatiques permettant d'analyser des données métagénomiques et présentant un intérêt certain à être intégrés au sein d'Asaim notamment HumanN2, MetaphLan2 ou encore GraphLan.

Cependant ces outils, comme la grande majorité des outils bioinformatiques, doivent être lancés en ligne de commande. Et la majorité des biologistes n'ont pas ou peu de connaissances en programmation et ont du mal à utiliser ces outils. A cause de cela, ils doivent faire appel à une personne ayant les connaissances suffisantes où se tourner vers un autre moyen d'analyse, comme les tableurs ce qui rend ces analyses bien plus longues et fastidieuses.

Afin de venir à bout de ce problème, une instance basée sur la plateforme Galaxy a été intégrée à AsaiM afin de permettre une utilisation facilitée de ces outils. Grâce à des logiciels faisant office d'interfaces web nommés wrappers et adaptées aux outils il est possible de simplifier grandement l'utilisation de ces derniers. Cependant comme tous logiciels, ces wrappers ont besoin d'être testés afin de garantir leur fiabilité.

L'objectif de mon stage est de produire des tests convenables afin de garantir cette fiabilité.

# 1)Présentation de l'organisme

## 1.1)présentation générale

Fondée en 1976 lors de la cission de l'université de Clermont, l'Université d'Auvergne (UdA) actuellement présidée par Alain Eschalié compte plus de 16 000 étudiants dont 3 000 étrangers rassemblés au sein de 7 composantes :

- École de Droit
- École d'Économie
- École Universitaire de Management
- Faculté de Médecine
- Faculté de Pharmacie
- Faculté de Chirurgie Dentaire
- Institut Universitaire Technologique

L'université dispose aussi de 22 laboratoires de recherche

## 1.2)conditions du stage

J'ai effectué mon stage au sein du laboratoire EA CIDAM (Conception, Ingénierie et Développement de l'Aliment et du Médicament).

Dirigé par le professeur M. ALRIC, l'équipe de recherche travaille notamment à comprendre, évaluer et analyser, dans l'environnement digestif, différentes situations physio-pathologiques liées au vieillissement, à la présence de bactéries pathogènes (en particulier d'*Escherichia coli* entérohémorragiques), ou encore à celle de produits toxiques, de xénobiotiques, en particulier de polluants.

C'est dans ce cadre là que Bérénice BATUT, ma tutrice de stage, développe un environnement bioinformatique permettant de faciliter l'analyse de données massives issues du microbiote, AsaiM.

# 2) Nom à donner

## 2.1)Galaxy :

Galaxie est une plate-forme ouverte et open source, ses données étant accessibles librement en ligne, permettant d'utiliser simplement de nombreux outils d'analyse via son interface.

On peut accéder à Galaxy de différentes façons. Tout d'abord, il existe plusieurs serveurs publics de galaxy. L'avantage de ces serveurs étant qu'ils

disposent souvent d'une importante puissance de calcul. Cependant énormément de personnes utilisent ces serveurs ce qui cause d'important temps d'attente. De plus un nombre limité d'outils sont installés sur ces serveurs et il y a très peu de chances qu'un administrateur installe des outils si la demande lui est faite par une petite communauté.

Il existe cependant de très nombreux serveurs liés à des laboratoires ou des entreprises ces serveurs disposent généralement d'une bonne puissance de calcul et les administrateurs sont censés être disponibles lorsqu'il s'agit d'ajouter des outils.

On peut aussi télécharger une instance de Galaxy en local sur n'importe quel ordinateur. Cependant dans ce cas là, il faut gérer soit même l'installation des outils et la puissance de calcul est limitée à celle de l'ordinateur.

Un des avantages de Galaxy est que si vous êtes connectés sur un compte, tous les fichiers d'entrée ou de sortie produits grâce à Galaxy sont stockés dans l'historique de l'instance et ne peuvent être définitivement supprimés que par un administrateur. Ainsi même plusieurs mois après, on peut récupérer à nouveau nos données.

Mais l'intérêt majeur de cette instance est de pouvoir lancer des outils de bioinformatique, qui fonctionnent normalement en ligne de commande afin d'effectuer des analyses complètes mais surtout reproductibles. Cela grâce aux *wrappers*, des interfaces faisant le lien entre l'utilisateur et la ligne de commande de l'outil.

## 2.2)Wrappers :

### 2.2.1)Qu'est ce qu'un wrapper ?

Les wrappers sont la base de Galaxy. Ils servent d'interface entre l'utilisateur et la ligne de commande qui lance l'outil.

Un wrapper utilise une version de l'outil fixée préalablement. Ainsi même si l'outil est mis à jour, le wrapper continue d'utiliser la version prédéfinie. Cela rend les analyses effectuées reproductibles. En effet, après une mise à jour, l'outil peut analyser les données différemment nécessiter un type de fichiers d'entrée différent ou encore fournir des fichiers de sortie n'ayant rien à voir avec les fichiers fournis avant la mise à jour. Dans ce cas là il y a un fort risque que les résultats issus de la comparaison de fichiers issus de différentes ne soit biaisée et fausse les résultats finaux.

De plus les wrappers gèrent les fichiers d'entrée et de sortie, les paramètres nécessaires ainsi que les dépendances de l'outil, tous les programmes nécessaires au bon fonctionnement de l'outil.

### 2.2.2)Composition d'un wrapper

Les wrappers utilisés dans Galaxy sont de logiciels codés en langage .xml qui est un langage qui permet de décrire et de structurer des données à l'aide de balises qu'il est possible de personnaliser. Un wrapper est composé de trois fichiers. D'abord le fichier principal qui reprend le code du wrapper, c'est ce fichier qui nous intéresse. Puis un fichier tool\_dependencies qui gère l'installation des dépendances nécessaires à l'outil. Et un .shed.yml qui gère l'installation de l'outil dans le tool shed.

Il sont composés de la manière suivante :

On retrouve d'abord les informations générales sur l'outil qui regroupent son nom, son id, sa version et sa description. Vient ensuite la section requirements qui fournit les informations sur les dépendances nécessaires à leur prise en charge.

Ensuite vient la partie "command". C'est elle qui fait le lien entre la ligne de commande de l'outil et les paramètres donnés dans galaxy. Elle reprend la totalité de la ligne de commande : le nom de l'outil, le ou les fichiers d'entrée et de sortie ainsi que toutes les options de l'outil. Chaque fichier ou valeur d'option est fournie par la section input ou la section output.

Puis la section inputs, c'est dans cette partie que l'on définit ce qui va être affiché à l'écran lors de l'utilisation de l'outil dans galaxy notamment les noms que l'on souhaite donner aux différentes entrées afin de faciliter la compréhension ou encore un commentaire d'aide. On y définit les propriétés des fichiers d'entrée, notamment leur type (txt, Fasta, FastQ, etc.), mais aussi celles de chaque paramètre que l'on souhaite afficher. Tout d'abord le type du paramètre, il peut s'agir d'une valeur à rentrer (entier ou décimal) ou d'un texte, ce paramètre peut aussi être une barre de sélection ou encore une check box. Chaque fichier d'entrée ou paramètre que l'on souhaite utiliser doit être présent dans cette section.

La section outputs permet de gérer les sorties de l'outil que l'on veut voir apparaître dans la barre de l'historique de galaxy. On y définit notamment le nom que l'on veut donner à la sortie. On peut aussi modifier son format. Toutes les sorties de l'outil doivent être référencées dans cette section.

La section tests est, comme son nom l'indique, liée à la phase de test du wrapper. On fournit dans cette section les fichiers d'entrée et de sortie nécessaires pour le test du wrapper ainsi que les valeurs des différents paramètres. On peut fournir autant de jeux de données différents afin d'avoir une batterie de tests la plus variée possible. Cependant la totalité des fichiers et des paramètres doivent être testés au minimum une fois chacun.

On retrouve à la fin la section help qui permet d'afficher des informations sur l'outil. Et la section citations dans laquelle on liste les différentes citations avec leur DOI.

### 2.2.3) Le Tool shed

Il existe aujourd'hui plusieurs milliers de ces wrappers disponibles en ligne. Ils sont stockés au sein d'une banque de données accessible à tous, le tool-shed. Cette banque de données fonctionne selon le même principe que les plateformes de téléchargement mobile. La totalité des logiciels présents sont mis à disposition et téléchargeables. Ils sont répartis dans des répertoires selon la fonction de l'outil auquel ils sont liés. Le tool-shed dispose aussi d'une barre de recherche nominale.

Il existe deux tool-sheds principaux, tous deux maintenus par l'équipe de développement de Galaxy. Tout d'abord le Main tool-shed où l'on retrouve tous les wrappers utilisables, puis le Test tool-shed qui regroupe tous les wrappers mis en lignes mais encore en cours de développement.

Il est aussi possible d'avoir son propre tool-shed sur son ordinateur cependant il est principalement utilisé lors de la phase de développement ou lorsque l'on souhaite garder ses outils et wrappers confidentiels.

Lors du dernier recensement effectué au sein du Main tool-shed, le 15 Mai 2016, 3904 wrappers étaient disponibles. Cependant n'importe qui peut mettre ses wrappers en ligne sur ce tool-shed. Ainsi une part très importante de ces wrappers ne disposent d'aucun fichiers de test. On ne peut pas se fier aux sorties de ces wrappers, ils ne vont donc qu'être très peu utilisés. Leur développement aura donc été une perte de temps. De plus ils risquent de fausser le travail d'autrui. Il est donc important de produire des fichiers de test pour les wrappers.

## 2.3) Test logiciel :

Tout logiciel ou programme informatique, tels que les wrappers par exemple, a besoin d'être testé afin de garantir une bonne fiabilité au niveau du fonctionnement du programme ainsi que son comportement en présence des différentes entrées.

Le test est une technique de contrôle qui consiste à lancer le logiciel avec des données d'entrée préparées à l'avance et de comparer ce que le programme renvoie avec les sorties attendues.

L'objectif d'un test est d'exécuter un programme dans l'intention d'y trouver des défauts et non pas pour démontrer que le programme ne contient plus d'erreur. Il faut donc que la personne chargée des tests ait pour but de

trouver des erreurs, autrement elle n'en trouvera que peu ou pas.

Cependant il est impossible d'obtenir un programme sans défauts en effet les tests ne peuvent vérifier qu'une partie des possibilités. Cependant un objectif réalisable est de corriger les erreurs sévères et récurrentes à l'aide de données de test représentatives.

Un autre problème est que le test logiciel est un processus destructif, à l'opposé de la programmation qui est un processus constructif. En effet le but du programmeur est de créer un logiciel qui fonctionne et rechigne souvent à effectuer les tests.

On peut comparer la programmation à l'orthographe, on a toujours plus de mal à corriger ses propres fautes et cela demande plus d'efforts. Ainsi, il arrive souvent que des logiciels créés au sein d'équipes restreintes, comme les wrappers de Galaxy, soient publiés sans tests et donc sans garantie de fonctionnement. Ce qui peut poser problème lors de l'utilisation.

L'une des meilleures solutions afin de produire un test convenable est de faire appel à des personnes extérieures à l'équipe de développement (ce qui n'est pas forcément possible pour des travaux de faible envergure) pour développer ces tests avec un regard neuf sur le logiciel.

Il existe de nombreux types de tests différents (unitaires, intégration, performance, etc.) cependant deux types de tests sont principalement utilisés. Tout d'abord les tests unitaires dont le principe est de tester de façon indépendante un seul élément du logiciel.

Le second type de tests est le test fonctionnel qui consiste dans le fait de tester la totalité d'un programme en reproduisant les « conditions réelles ». Cela veut dire que lors du test on effectue ce que l'utilisateur va potentiellement faire. Cela permet de voir à quelles erreurs ce dernier peut être confronté. C'est ce type de test que nous avons pratiqué pour nos wrappers.

## 3) Développement de tests pour des wrappers dans Galaxy

### 3.1) L'outil bioinformatique

Les wrappers sont créés afin de servir d'interface entre l'utilisateur et la ligne de commande d'un outil bioinformatique comme GaphLan par exemple. Afin de développer un test correct il faut donc tout d'abord prendre connaissance du fonctionnement de l'outil. Il faut donc effectuer des recherches sur la documentation de l'outil.

L'outil GarphLan nécessite un fichier d'entrée et quatre paramètres pour fonctionner. Il produit un fichier en sortie.

Voici par exemple une ligne de command permettant de lancer graphlan :

```
graphlan.py input.txt image.png --format png --dpi 100 --size 7 --pad 2
```

On retrouve tout d'abord le nom du fichier permettant de lancer l'outil : graphlan.py

Puis le fichier d'entrée de l'outil : input.txt ainsi que le nom que l'on veut donner à son fichier de sortie : image.png

Viennent ensuite les quatres paramètres nécessaires au fonctionnement de l'outil :

- format png : tout d'abord le paramètre renseignant le format du fichier de sortie, ici on souhaite qu'elle soit au format png

- dpi 100 : ce second paramètre renseigne la définition ou qualité de l'image, ici elle devra être de 100 points par pouce(mesure)

- size 7 : ce paramètre renseigne la taille de l'image en sortie en pouces, ici on souhaite que la taille soit de 7 pouces par 7 pouces

- pad 2 : ce paramètre renseigne la taille des bordures autour de l'image, elle seront ici de 2 pouces

Il faut ensuite s'intéresser aux fichiers d'entrée et de sortie, notamment les données que ces fichiers contiennent ainsi que leur disposition.

Le fichier d'entrée doit contenir des informations taxonomiques liées aux différents organismes que l'on souhaite étudier. Pour chaque organisme, doivent être fournis les huit niveaux taxonomiques (le domaine, le règne, le phylum (ou l'embranchement), la classe, l'ordre, la famille, le genre et l'espèce). Les données peuvent être présentées de deux façons différentes (voir ci contre).

Le fichier de sortie quand à lui doit être une image sur laquelle est représentée un arbre phylogénétique circulaire.

Généralement les fichiers de test ne sont pas fournis et il faut les générer. Dans le cas que l'on étudie, le fichier d'entrée doit être généré. Il s'agit du fichier de sortie de graphlan\_annotate, un outil lié à GraphLan qui ajoute des annotations au fichier d'entrée de GraphLan. Le fichier de sortie de GraphLan doit lui aussi être généré en lançant l'outil avec le fichier d'entrée de test et les paramètres choisis.

### 3.2)Modification du wrapper

Après avoir pris connaissance du fonctionnement de l'outil, il faut éditer le wrapper en conséquence. Il faut générer ou réécrire un ou plusieurs tests et au besoin modifier le corps du wrapper.

Dans le cas de GraphLan, nous avons édité la section tests en fournissant les



données d'entrées citées précédemment.

Cependant suite à l'apparition d'erreurs lors de la phase de test il a fallu corriger le wrapper. L'erreur était due à une dépendance qui n'était pas à la bonne version. Il a donc fallu changer la version de la dépendance graphlan en passant de 0.9.7 à 1.0.0 .

### 3.3)Tests locaux

Après avoir modifié le wrapper, il faut le tester. En commençant par le tester en local, sur l'ordinateur.

Pour tester un wrapper localement, il existe deux méthodes. La première est la méthode manuelle, la seconde est d'utiliser un outil nommé planemo.

Si l'on veut effectuer les tests manuellement, il faut tout d'abord installer galaxy et un tool-shed sur l'ordinateur, pour lancer le wrapper en conditions réelles. Puis, il faut télécharger sur le tool-shed local, un à un, la totalité des fichiers et dépendances nécessaires. Cela peu prendre du temps lorsqu'il y a plus de dix fichiers, ce qui est fréquent. Après cela il faut encore lancer les tests en ligne de commande. Cette opération est à répéter à chaque modification.

La seconde méthode utilise planemo, un outil développé dans le but de faciliter le développement des wrappers pour Galaxy. Tout d'abord, planemo dispose de trois commandes directement liées au test des wrappers :

### 3.4)Intégration dans le dépôt Github

### 3.5)Intégration continue