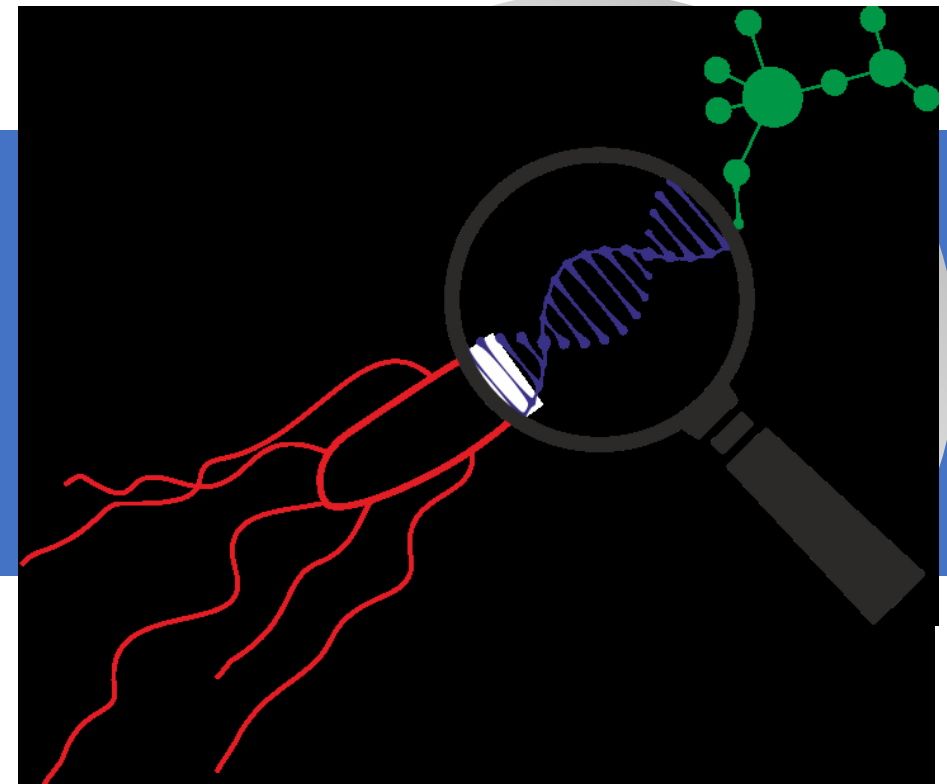


GenoSalmSurv screencasts



GenoSalmSurv screencasts

das Projekt 1

die Pipelines 2

AQUAMIS und die QC Entscheidung 3

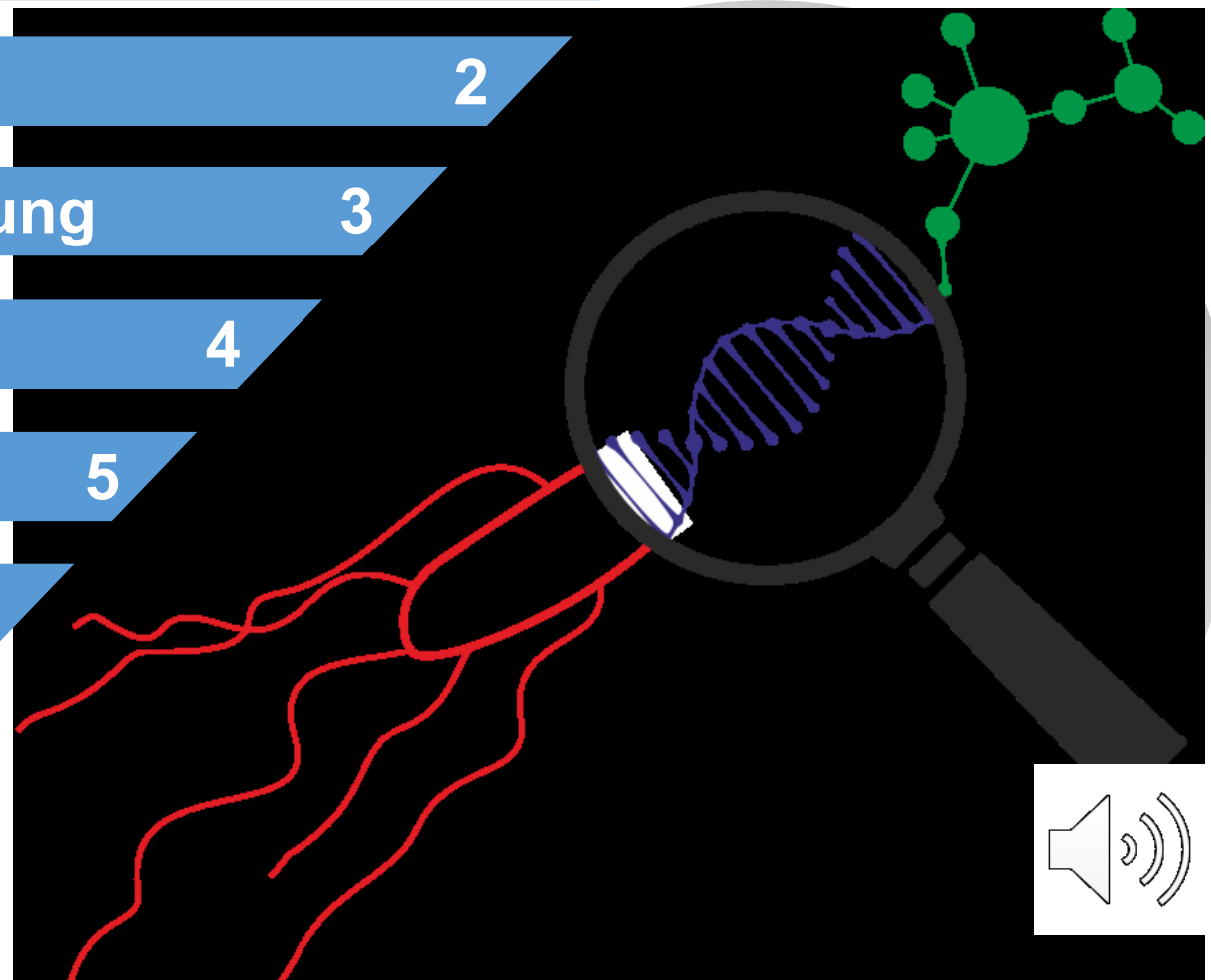
Allele calling with chewieSnake 4

Gemeinsame GenoSalmSurv Datenbank 5

Metachewiereport + Interpretation 6

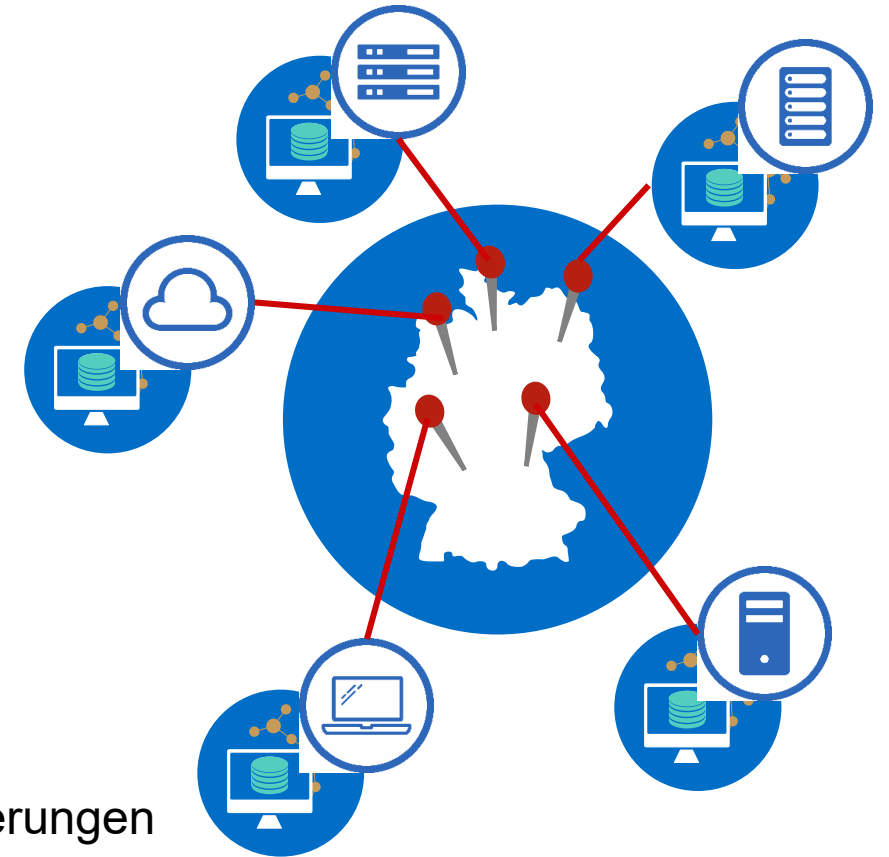
Demo einer Ausbruchsanalyse 7

Installationshilfe 8



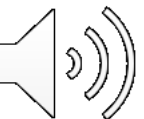
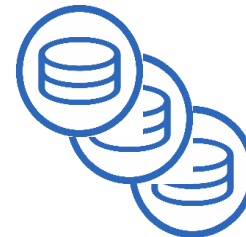
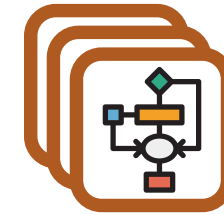
Motivation

- Verteilung von Software zur dezentralen Ausführung
- Vorteile:
 - Volle Kontrolle über Daten auf Seiten der Länder
 - Keine Bedenken bezüglich Datenschutz
 - Kurze Kommunikationswege zwischen Labor und Auswertung
- Anforderungen:
 - Software muss einfach bedienbar sein
 - Installation auf diversen Systemen mit unterschiedlichen Anforderungen
 - Reproduzierbarkeit muss gegeben sein



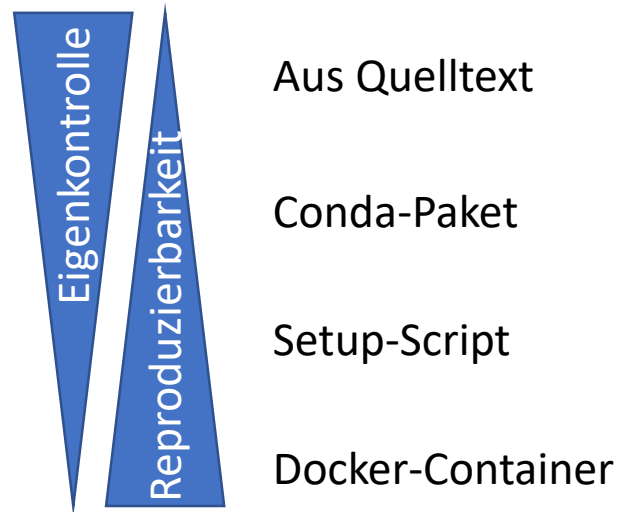
Herausforderungen

- Komplexe Software
- ~50 direkte Softwareabhängigkeiten, > 500 sekundäre Abhängigkeiten
- Diverse Systeme müssen bedient werden
- Mehrere Referenzdatenbanken
- Für Interoperabilität werden vergleichbare Referenzdatenbanken benötigt
- Einige Funktionen benötigen Internetzugriff



Verteilungswege der GenoSalmSurv-Software

- Verschiedene Installationswege, um unterschiedliche Anforderungen zu erfüllen
- Unterscheiden sich in Komplexität und Kontrolle auf Seiten der Nutzenden



Aus dem Quelltext

- Verfügbar für
 - AQUAMIS (https://gitlab.com/bfr_bioinformatics/AQUAMIS)
 - chewieSnake (https://gitlab.com/bfr_bioinformatics/chewieSnake)
 - BakCharak (https://gitlab.com/bfr_bioinformatics/bakcharak)
- Prinzip:
 - Quelltext der Software wird direkt auf System gespeichert
 - Abhängigkeiten und Datenbanken werden nicht automatisch installiert
- Ablauf:
 - Klonen des Quellcodes aus dem jeweiligen Repositorium
 - Installation aller Abhängigkeiten aus der mitgelieferten Umgebungsdatei (env.yaml)
 - Download von Referenzdatenbanken, durch Skript oder manuell



Aus dem Quelltext

Problem	Lösung
Abhängigkeitsinstallation über Conda nicht möglich	Paketmanager Mamba verwenden
Conda-Verzeichnis zu klein	Conda-Konfiguration anpassen
Download von Datenbanken nicht möglich	Internetverbindung herstellen oder Daten manuell an die vorgesehenen Orte kopieren
Fehlende Schreibberechtigung im Conda-Verzeichnis (bei geteilten Conda-Installationen)	Schreibberechtigung erteilen oder Conda selbst installieren



Bioconda-Paket

- Verfügbar für
 - AQUAMIS (<https://anaconda.org/bioconda/aquamis>)
 - chewieSnake (<https://anaconda.org/bioconda/chewiesnake>)
- Prinzip:
 - Conda als Paketmanager
 - Software direkt auf System installiert
 - Unterschiedliche Umgebungen können parallel auf einem System vorliegen
- Ablauf:
 - Installation der Software als Conda-Paket
 - Alle Abhängigkeiten sind bereits aufgelöst
 - Download von Referenzdatenbanken, durch Skript oder manuell



Bioconda-Paket - Troubleshooting

Problem	Lösung
Abhängigkeitsauflösung über Conda nicht möglich	Paketmanager Mamba verwenden
Falsche Version einer Abhängigkeit installiert	Manuelle Korrektur durch Installation spezifischer Version
Download von Datenbanken nicht möglich	Internetverbindung herstellen oder Daten manuell an die vorgesehenen Orte kopieren
Fehlende Schreibberechtigung im Conda-Verzeichnis (bei geteilten Conda-Installationen)	Schreibberechtigung erteilen oder Conda selbst installieren
Zu wenig Platz im Conda-Verzeichnis	Conda-Konfiguration anpassen



Setup-Script

- Verfügbar für
 - AQUAMIS (https://gitlab.com/bfr_bioinformatics/AQUAMIS)
- Prinzip:
 - Automatisiert alle gewünschten Schritte der Installation
- Ablauf:
 - Installation der Software als Conda-Paket
 - Alle Abhängigkeiten sind bereits aufgelöst



Docker-Container

- Verfügbar für
 - AQUAMIS (<https://hub.docker.com/r/bfrbioinformatics/aquamis>)
 - chewieSnake (<https://hub.docker.com/r/bfrbioinformatics/chewiesnake>)
- Prinzip
 - Dockercontainer läuft als virtualisierte Instanz
 - Nutzt System-Kernel und Bibliotheken
 - Anwendung vom System isoliert
- Ablauf
 - Nach dem Download vom Docker-Hafen sofort einsatzbereit



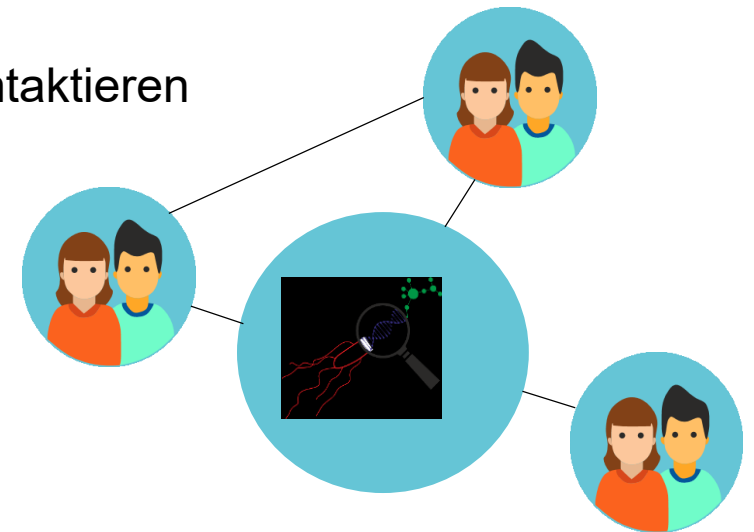
Docker-Container - Troubleshooting

Problem	Lösung
Docker aus Sicherheitsgründen verboten	Singularity nutzen
Zu wenig Platz im Docker-Verzeichnis	Docker-Konfiguration anpassen
Keine Schreibrechte im Ergebnisordner	Ein Identitätswechsel beim Docker-Aufruf ist möglich



Generelle Hinweise

- Exakte Installationsanweisungen finden sich im jeweiligen Gitlab-Repository
- Bei Problemen mit der Installation zuerst das ReadMe konsultieren
- Gegebenenfalls die im Repository genannten Entwickler_innen kontaktieren
- Bei Problemen mit der Software bitte Gitlab-Issues eröffnen



GenoSalmSurv screencasts

das Projekt 1

die Pipelines 2

AQUAMIS und die QC Entscheidung 3

Allele calling with chewieSnake 4

Gemeinsame GenoSalmSurv Datenbank 5

Metachewiereport + Interpretation 6

Demo einer Ausbruchsanalyse 7

Installationshilfe 8

