Déploiement de la plateforme de traitement des données phénotypage haut débit 4P sur l'infrastructure France Grilles

V. Nègre, E. David, M. Weiss, P. Burger, R. Chapuis, B. Adam, A. Tireau, P. Moreau, A. Tong, G. Colombeau, S. Thomas, P. Neveu, J. Pansanel, F. Baret



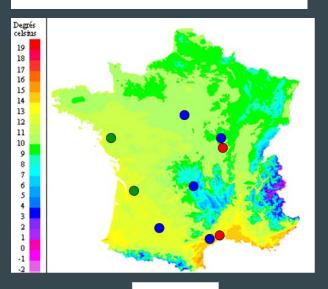






- Projet Investissement d'avenir (2012-2023, 24 M€)
- Infrastructure nationale de phénomique végétale
- Plateformes expérimentales de phénotypage hautdébit réparties sur 9 sites (champ, serre, omique)

Plateformes PHENOME





Exemples de dispositificative Française



Phenoarch





conditions contrôlées

Pheno3C



Auzeville



conditions semi-contrôlées ou au champ





TRAITEMENT DES DONNÉES ACQUISES AU CHAMP

Objectifs scientifiques

- Caractériser les comportements des variétés d'une même espèce dans un environnement donné (climat, sol, pathogènes, ravageurs) sur des espèces variées
- Des milliers de µparcelles (variétés/modalités) à caractériser au cours du cycle de développement de la culture





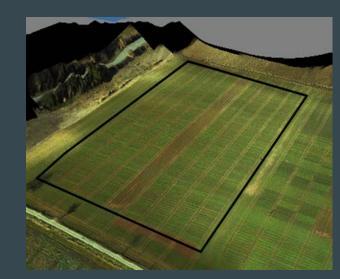












Que peut-on mesurer concrètement?

			Utilisations
3	Camera haute résolution/RVB		Identification adventices Enherbement Taux de couverture verte Développement foliaire Comptage de plante Dégâts de nuisibles Biomasse, risque de verse
	LIDAR Mesure de distance et profondeur		Structure Port du couvert Interception lumineuse Expérimentation
	Caméra IR thermique		Température de surface Stress hydrique Pilotage de l'irrigation
000	Camera multispectrale		Développement Statut azoté/chlorophylle Stress Pilotage de l'azote
	Spectromètre	17595	Chlorophylle/statut azoté Stress (hydrique ,) Développement Composés de la plante

Contraintes de développement

- Utilisable par toutes les plateformes d'acquisition PHENOME
 - Compatible avec les vecteurs/capteurs utilisés
 - Compatible avec la plateforme des partenaires (ARVALIS/HIPHEN): partage des modules de traitement
 - Utilisation en version standalone/cloud

Traçable

- Gestion et archivage des données/capteurs/vecteurs <-> système PHIS (Phenotyping Hybrid Information System)/ontologies
- Gestion et versionnage des chaînes de traitement de données

Flexible

- Générique: intégration de chaînes de traitement développées dans des langages différents (C++, python, matlab), utilisation d'un logiciel commercial sous licence
- Évolutive: ajout de nouveaux traitements/type de données
- Utilisation par un public non informaticien (scientifique/technicien)

Partenaires











Ephesia consult

Développement logiciel

Ressources calcul et stockage

France Grilles

INRA

Développement plateforme

UMR EMMAH

UMR LEPSE

UMR MISTEA

Spec/Test/Utilisation

UMR AGIR

UE PHACC

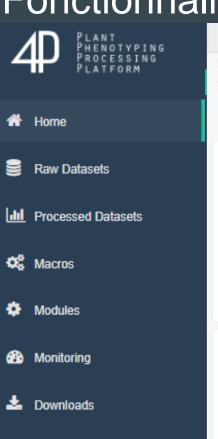
UE DIASCOPE

hi-phen

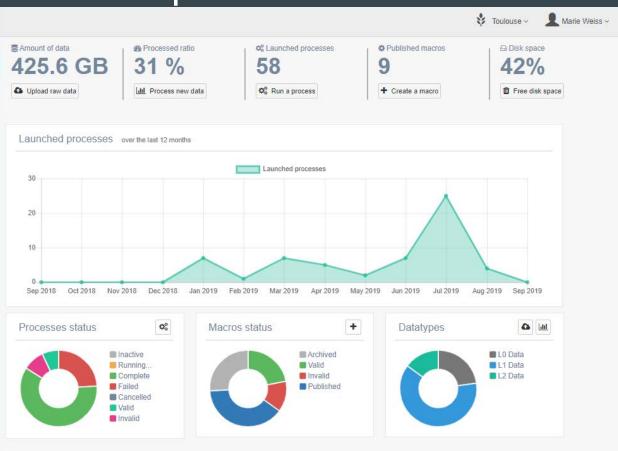
Modules traitement des données ARVALIS

Modules traitement des données

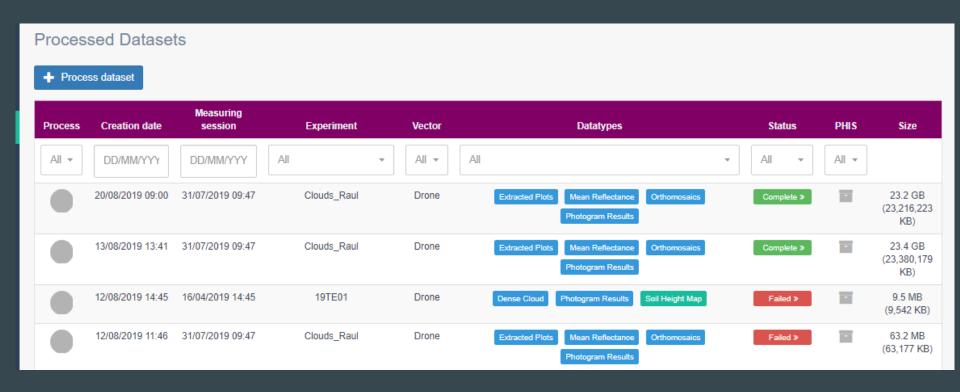
Fonctionnalités de la plateforme



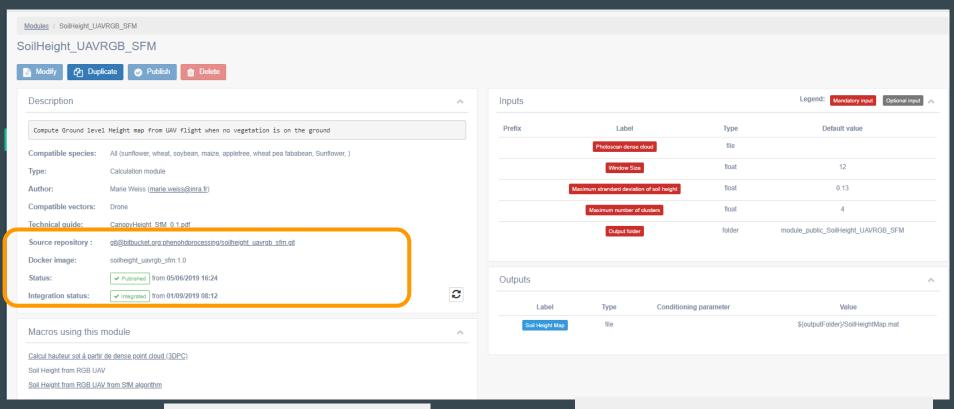
🙈 Data type



Visualisation des données brutes / traitées



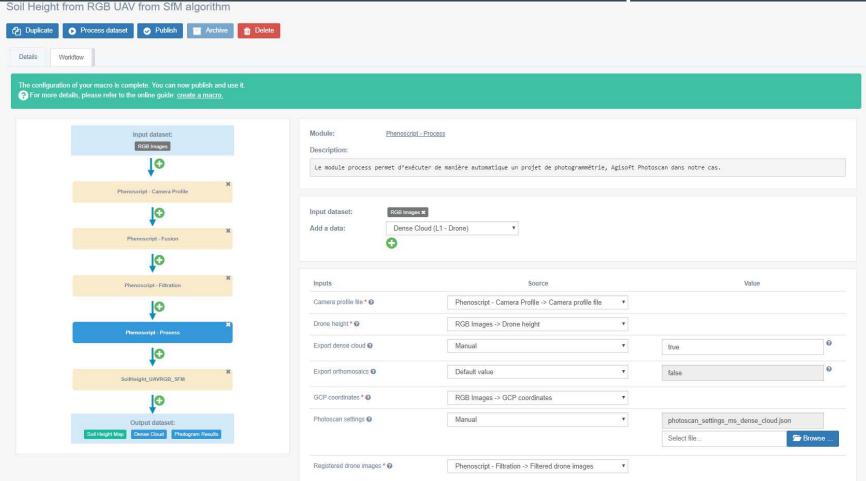
Ajout de modules de traitement



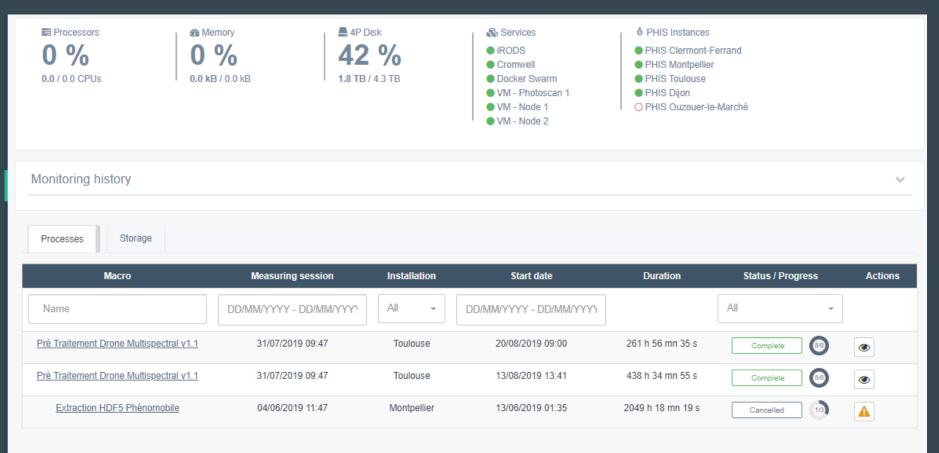
Chemin vers dépôt docker intégration automatique

Choix parmi une liste de type de données
Possibilité de donner des valeurs par
défaut/manuelles ou issues d'autres

Création de Macros = Composition de modu



Outils de Monitoring : traitement/téléchargen





Architecture logicielle http PHIS Nginx Système d'informations scientifique inra4pweb-ihm Moteur de traitement REST Cromwell **iRODS €** Java Docker registry

système fichier

local

PostgreSQL

Module

de calcu

Module

de calcul

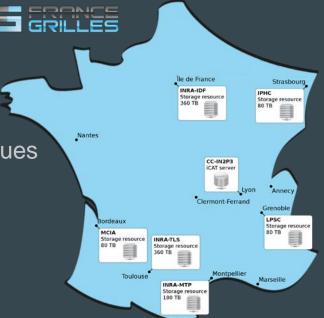
Module

Macro

de calcul

Infrastructure de stockage

- plateforme mutualisée FranceGrilles iRODS
- stockage distribué
- réplication automatique sur 3 sites géographiques
- (DC Toulouse; DC IDF; CINES Montpellier)





Infrastructure de calcul

- service FranceGrilles-Cloud
- 6 machines virtuelles
- CentOS 7, jusqu'à 16VCPUs, 64Go de RAM





Création d'une module

- Un module de calcul peut être écrit dans n'importe quel langage (Java, C, C++, Python, etc.) mais doit suivre les conditions suivantes:
- être embarqué dans une image Docker incluant tout l'environnement d'exécution
- **exécutable en ligne de commande** sans intervention de l'utilisateur
- paramètres (déclarés dans 4P) doivent être fournis en arguments

```
CLI Example: docker run -v <host>:<mount_point> -w <mount_point> <module_name>:<tag>
    [arguments]
```







Création d'une module

```
#!/usr/bin/env groovy
     node {
          stage('Checkout') { ...
16
17
18 >
          stage('Docker build') { ...
21
22
          stage('Docker check') { ...
23 >
25
26
          stage('Parsing version') { ...
27 >
46
47
          stage('Docker push') { --
67
69
```

Fichier Groovy



Exécution d'un workflow

- moteur d'exécution CromWell développé par le Broad institute
- Lorsque l'utilisateur crée une macro, l'application 4P génère un fichier WDL (Workflow Description Language) décrivant les modules et leur enchaînement ainsi qu'un fichier JSON décrivant les paramètres d'entrées.



https://software.broadinstitute.org/wdl/



Exécution d'un workflow

• Ce fichier est transmis à **CromWell** qui exécute le traitement

java -jar Cromwell.jar run myWorkflow.wdl --inputs myWorkflow_inputs.json

Exécutable Comwell

Description des modules et enchaînement (workflow)

Paramètres du traitement



Exécution d'un workflow

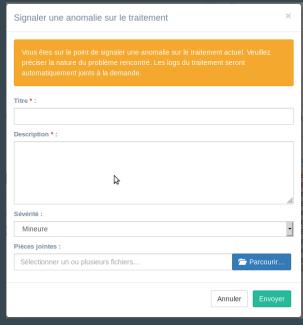
```
workflow macro_138 {
String workingPath ...
 call logTaskStart as logTaskStart_importData
input: description = "import data from iRODS"
  # Begin parallelization
scatter (mono_parameter n inputPhenomobileFiles) {
      call logTaskStart_module_public_PhenomobileExtraction {...}
      call module_public_PhenomobileExtraction { ...}
   # End of parallelization
 task logTaskStart {
  String description ...
  command <<<
      echo "{\"date\":\" date
'+%s%3N'`\",\"level\":\"INFO\",\"message\":\"log.process.task.start
\",\"parameters\":[\"${description}\"]}"
  >>>
output {
      String out = "out"
  output
      String out = "out"
                  exemple de fichier WDL
```

Description du workflow (macro)

Déclaration des modules

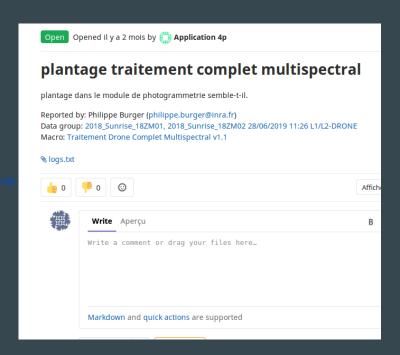


Soumission d'une anomalie



API REST gitlab

4P - interface soumission d'une anomalie sur un traitement



ouverture d'un ticket sur forgemia.inra.fr (gitlab)



Monitoring

- Basé sur le logiciel Prometeus
- Sur chaque VM une tâche tourne et envoie le résultat à la machir manager







Intégration avec le SI PHIS

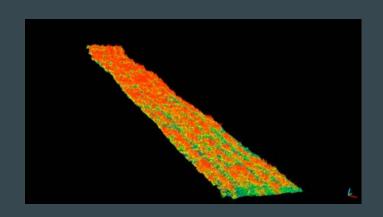
- appel à des services webs REST basé sur l'API Swagger
- Web services implémentent la Breeding API (standard pour phénotypage)
- Récupérer les droits des utilisateurs, type de capteur (vecteur), type de données (session d'acquisition)

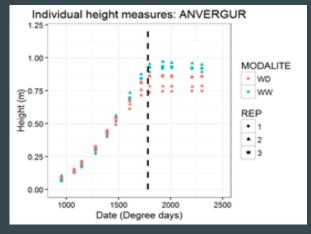


http://www.phis.inra.fr/



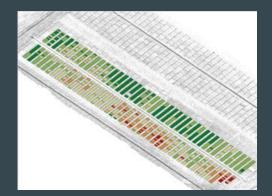
Exemples concrets

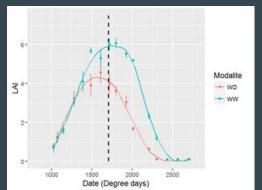






LIDAR
Suivi hauteur de couvert
(S.Madec, S. Thomas)







Caméra multispectrale Suivi d'indice foliaire Caractérisation spatiale & temporelle



Perspectives

- développer de nouvelles macros (données phénomobile, ré-encodage modules matlab, passage en python)
- renforcer intégration avec le SI scientifique PHIS (récupération des variables, publication des traitements)
- optimiser l'exécution des workflows (instanciation des VMs ou containers à la volée)

Conclusion

- Fonctionnalités ont été implémentées
- Bonne communication entre les partenaires du projet notamment avec le prestataire informatique qui a su intégrer de multiples technologies
- Support fourni par France Grilles a permis de déployer rapidement la plateforme

Remerciements













Questions?