

Formation Cloud IFB

Cursus IBI "Cloud IFB pour les Sciences du Vivant"

Module IBI - 1

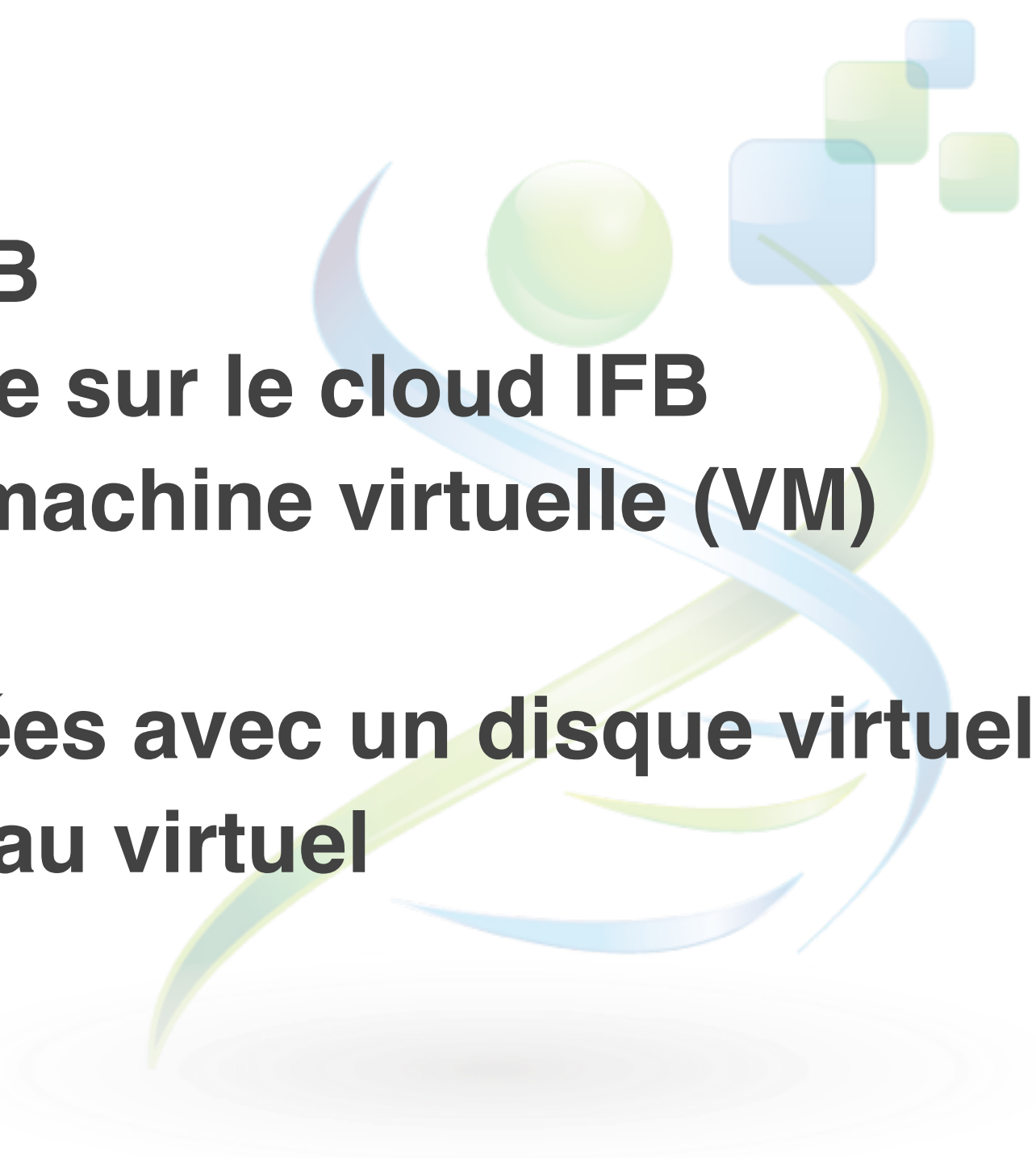
Utilisation de base du cloud IFB



Institut Français de Bioinformatique - IFB
French Institute of Bioinformatics -
ELIXIR-FR

CNRS UMS3601 - Gif-sur-Yvette - FRANCE

Sommaire

- 
- I. Présentation IFB**
 - II. Créer un compte sur le cloud IFB**
 - III. Instancier une machine virtuelle (VM)**
 - IV. Connexion SSH**
 - V. Gérer les données avec un disque virtuel**
 - VI. Utiliser un bureau virtuel**



Présentation IFB et du cloud



IFB - Institut Français de Bioinformatique

French distributed infrastructure for life-science information

**Mission : to make available
core bioinformatics resources
to the life science research
community.**

- ✓ To provide **support for national biology programs**
- ✓ To provide an **IT infrastructure** devoted to management and analysis of biological data
- To act as a middleman between the life science community and the bioinformatics/computer science research community



ELIXIR French Node

- The European distributed infrastructure for life-science information
- To optimize the interactions and **coordination** between the national level and ELIXIR and other ESFRI infrastructures in biomedical and environmental field,
- To promote **consistency and complementarities** between the components offered by the ELIXIR French node and those of other European nodes

IFB's e-Infrastructure

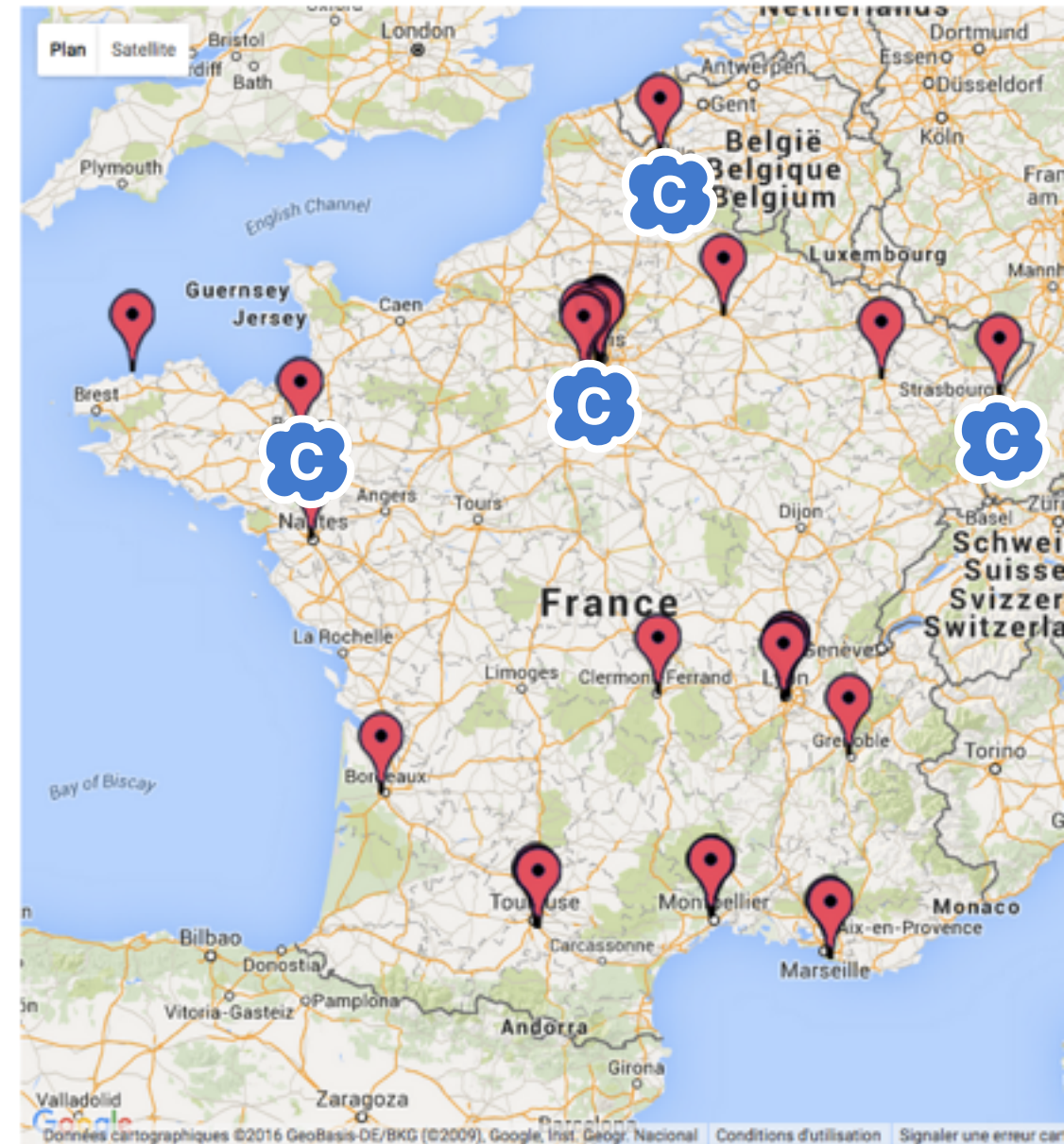
- **Mission : to provide core bioinformatics resources to the life science research community.**

- ✓ To set up a **French IT infrastructure (cloud)** devoted to management and analysis of biological data
- ✓ To provide hardware, data collections and bioinformatics tools
- ✓ To collaborate with international infrastructure (ELIXIR)

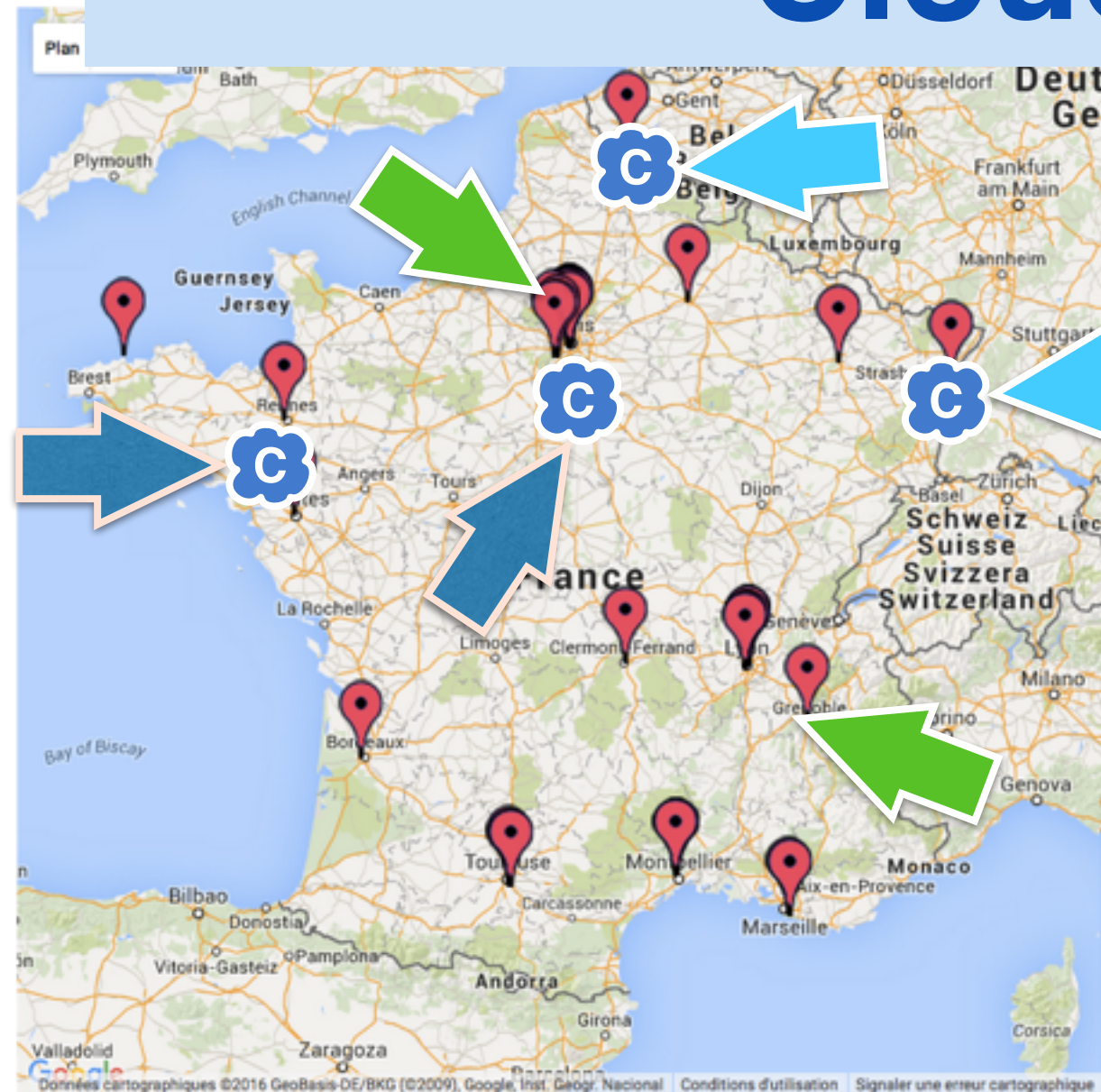
- **Current resources**

- ✓ A **national hub : IFB-core**
IT resources hosted at CNRS IDRIS SC center
- ✓ A network of **regional centers**
34 bioinformatics platforms - 15,000 cores - 6 PB
- ✓ 4 running clouds

➡ **Create a federation of clouds for life sciences**



Clouds of IFB



• Current IFB's sites

- ✓ In IFB's premises
 - ❖ IFB-core (Gif)
 - ❖ GenOuest (Rennes)
- ✓ In collaboration
 - ❖ BiLille/Univ.Lille (Lille)
 - ❖ BISTRO/IPHC (Strasbourg)
- ✓ PoC & plans
 - ❖ URGI (Versailles)
 - ❖ PRABI-LBBE (Lyon)

Essential characteristics

- On-demand self-service
- Broad network access
- Rapid elasticity
- Resource pooling
- Measured service

• => Towards a federation

- ✓ common identities and authorizations management
- ✓ interoperability of VMs, containers

Hardware Characteristics

SITE	Compute #cores	Storage #TB	RAM #GB	Largest VM	Technology	Location
IFB-core <i>2014-16</i>	200 (+160)	50 (+96)	2,000 (+1)	20c 256GB		CNRS- IDRIS, Paris
2016-11	5,000	1,000	40,800	128c 3TB		CNRS-IDRIS, Paris
2017	10,000	2,000	-	-		CNRS-IDRIS, Paris
GenOuest <i>2014-16</i>	220 (+96)	8 (+20)	685	8c 32GB	OpenNebula	IRISA, Rennes



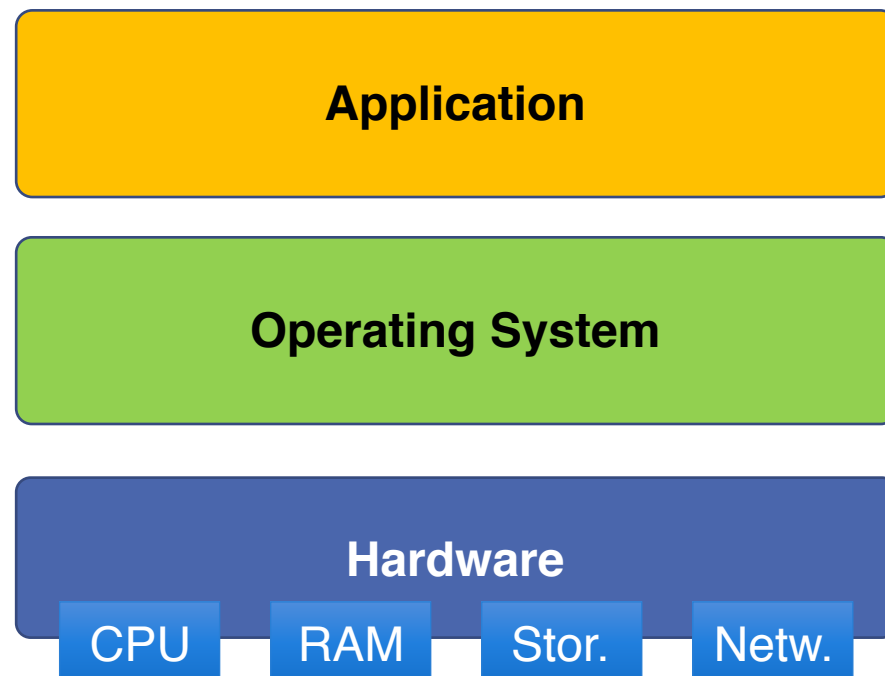
Virtualisation

With some limits...

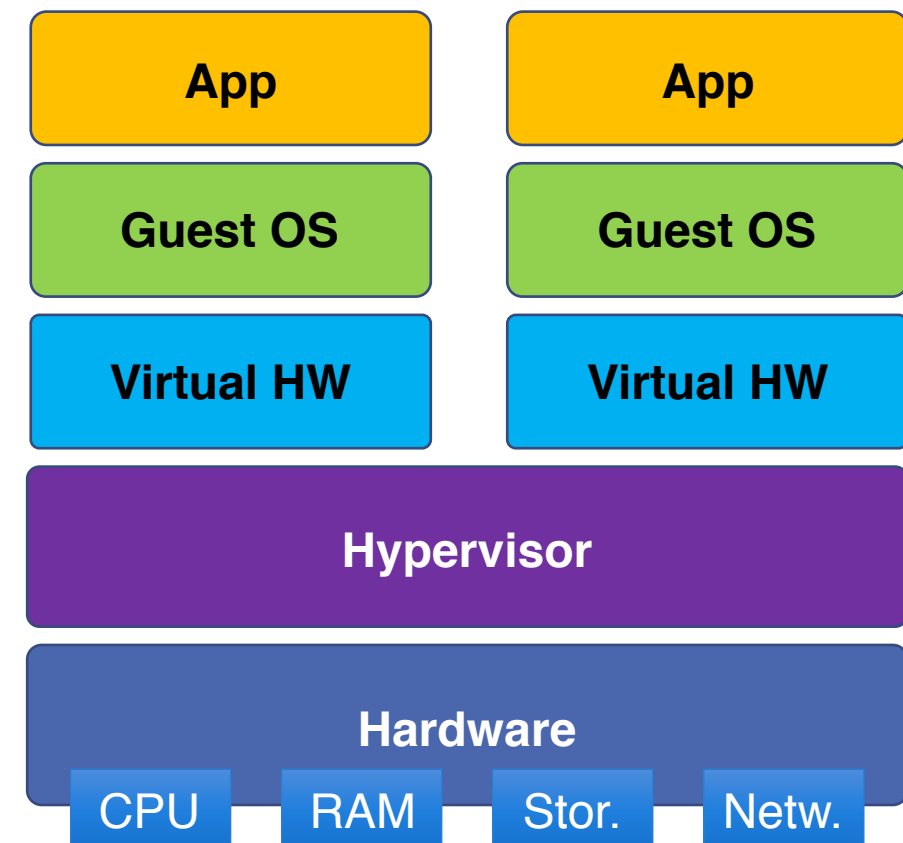


Thanks to Olivier Collin

Virtual machines



Physical server



Cursus "Cloud IFB pour les Sciences du Vivant"

• Description

- ✓ 3 modules (IBI)
- ✓ Durée : une journée chaque
- ✓ Lieu : IFB-core, Gif-sur-Yvette
(des sessions délocalisées sont également envisageables sur demande)

• Contenu

- ✓ IBI-1 - Utilisation de base du cloud IFB
- ✓ IBI-2 - Utilisation avancée du cloud IFB
- ✓ IBI-3 - Développement de machines virtuelles modèles (appliances)

IBI-1 - Utilisation de base du cloud IFB

- **Public** : tout public
- **Fréquence** : bimestrielle

- **Niveau requis**

- ✓ débutant sur le cloud,
- ✓ utilisateur de services bioinformatiques

- **Objectifs**

- ✓ Savoir utiliser le cloud IFB pour des analyses de données biologiques : exécuter ses propres machines virtuelles et transférer ses données entre son poste de travail et le cloud et récupérer les résultats.

- **Contenu:**

- ✓ Présentation du cloud IFB ;
- ✓ Présentation du tableau de bord ;
- ✓ Déploiement des machines virtuelles ;
- ✓ Gestion des données avec des disques virtuels, leur gestion ;
- ✓ Les différents types de connexion aux VMs (SSH, Web et bureau à distance).
- ✓ Pratique : utilisation de l'appliance Galaxy et d'un bureau virtuel

- **Documents:**

- ✓ Diapos : Présentation du cloud IFB
- ✓ Fascicule : Utilisation du cloud IFB

Prochaines sessions

- 18 octobre 2016

IBI-2 - Utilisation avancée du cloud IFB

- **Public** : Utilisateur du cloud

- **Fréquence** : trimestrielle

- **Niveau requis**

- ✓ Avoir suivi IBI-1 (ou équivalent) et maîtriser la ligne de commande

- **Objectifs**

- ✓ Savoir déployer une application complexe pour l'analyse intensive de données biologiques de grande taille.

- ✓ Savoir adapter les machines virtuelles disponibles pour répondre à des besoins plus complexes.

- **Contenu:**

- ✓ Déploiement d'une application bioinformatique complexe comprenant plusieurs machines virtuelles

- ✓ Installation de logiciels à partir d'archives (codes source ou binaires) ou à l'aide de scripts (approver)

- ✓ Utilisation de conteneurs docker pour l'installation de logiciels bioinformatiques

- ✓ Intégration des ressources de données (génomique, annotation ...) grâce à l'appliance BiomaJ ou avec d'autres solutions

- ✓ Gestion des données avec des disques virtuels en NFS

- **Documents:**

- ✓ Diapos : présentation des fonctionnalités avancées du cloud IFB

- ✓ Fascicule : cas pratique des fonctionnalités les plus fréquemment utilisées

Prochaines sessions

- 19 octobre 2016

IBI-3 - Développement de machines virtuelles modèles (appliances)

- **Public :**

- ✓ Développeurs avec une pratique du cloud IFB

- **Fréquence :** semestrielle

- **Niveau requis**

- ✓ avoir suivi IBI-2 (ou équivalent) et connaître le système d'exploitation Linux

- **Objectifs**

- ✓ Savoir intégrer un logiciel ou un pipeline bioinformatique dans une machine virtuelle pour une diffusion et mise à disposition sur le cloud IFB.

- **Contenu:**

- ✓ Présentation des bonnes pratiques de création d'appliance.
- ✓ Présentation des fonctionnalités avancées disponibles dans le cloud IFB : le montage automatique des collections de données publiques de référence, la contextualisation d'un portail web, la configuration des disques virtuels pour la conservation des paramètres d'un logiciel ou portail ...
- ✓ Présentation des différents modèles d'intégration: archives (codes source ou binaires), scripts d'installation automatique (approver, puppet), conteneurs (docker).
- ✓ Création de conteneurs docker pour le déploiement de logiciels bioinformatiques
- ✓ Choix et configuration de l'interface pour les utilisateurs (CLI, portail web, bureau virtuel à distance)
- ✓ Rédaction d'une description pour le référencement dans le cloud IFB

- **Documents:**

- ✓ Diapos : Présentation des bonnes pratiques de création d'appliance sur le cloud IFB
- ✓ Fascicule : Exemples de cas pratique

Prochaines sessions

- fin 2016



Créer un compte sur le cloud IFB



Inscription

<https://cloud.france-bioinformatique.fr/accounts/register/>

You are signed in as cblanchet | [Settings](#) | [Instances](#) | [Monitor](#) | [Help](#) | [Sign out](#)



Bioinformatics cloud



- Remplir le formulaire

✓ **adresse mail institutionnelle !**

Registration

Enter Your Personal Information

Username ?
E-mail ?
Password ?
Password (again) ?
First name ?
Last name ?
City ?
Affiliation ?

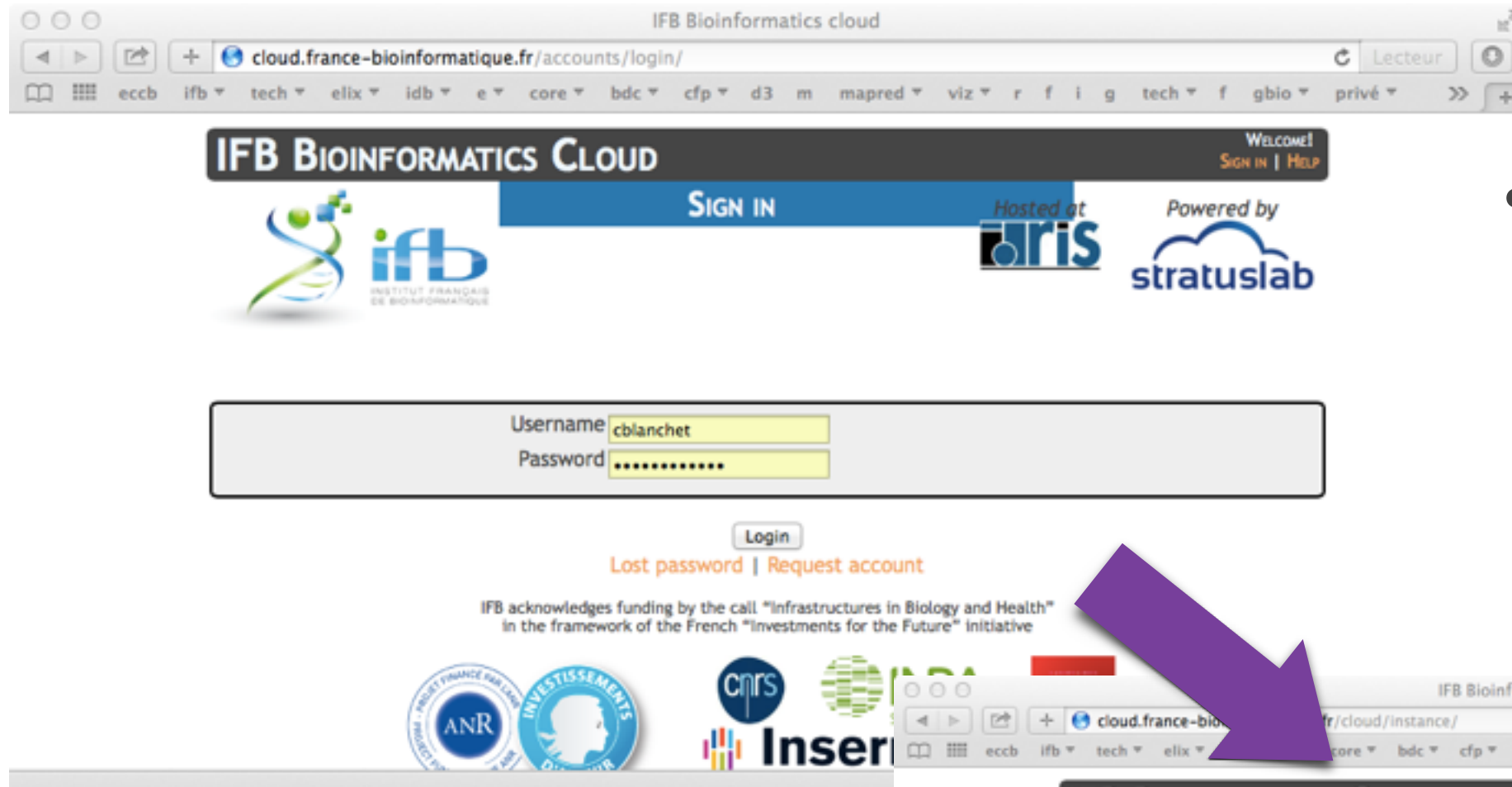
Read Terms And Conditions Of Use

These resources are restricted to the academic community and not subject to financial fees but based on a fair use by all members. These resources are provided on an 'AS IS' basis, without warranty of any kind, either express or implied. In case these resources have been useful for your work, we kindly ask you to acknowledge the **French Institute of Bioinformatics (CNRS UMS3601)** in any publication or report, and to send us the reference at christophe(point)blanchet(at)france-bioinformatique.fr.

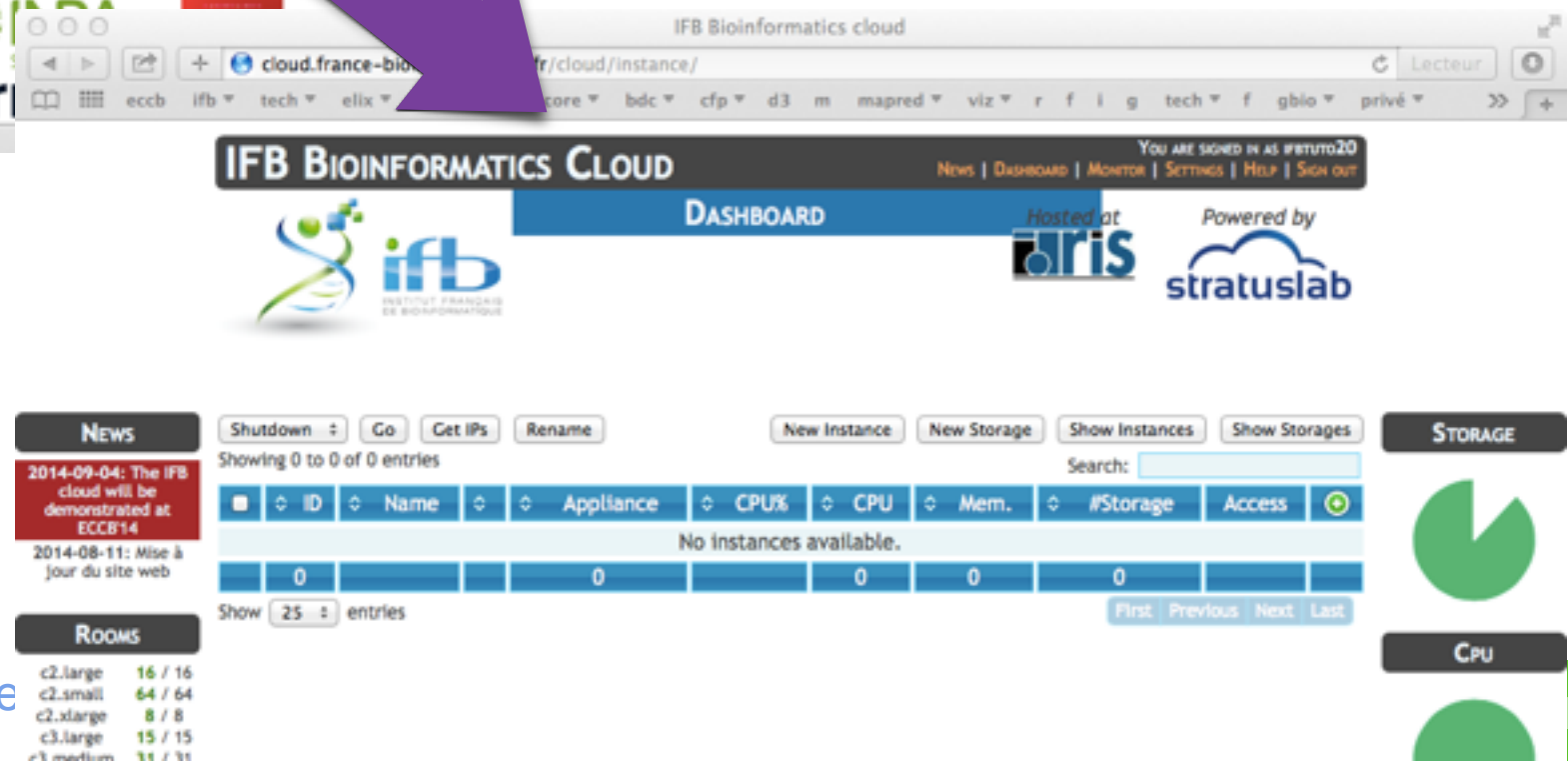
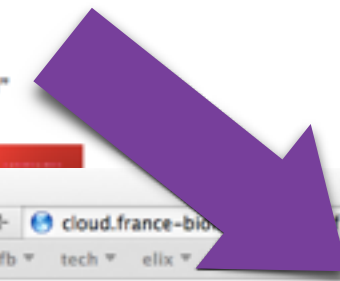
- Envoyer la demande implique l'acceptation des conditions générales d'utilisation !

Connexion au Cloud IFB

<https://cloud.france-bioinformatique.fr/accounts/login/?next=/cloud>



- Connectez-vous au cloud IFB
✓ 'Sign in'

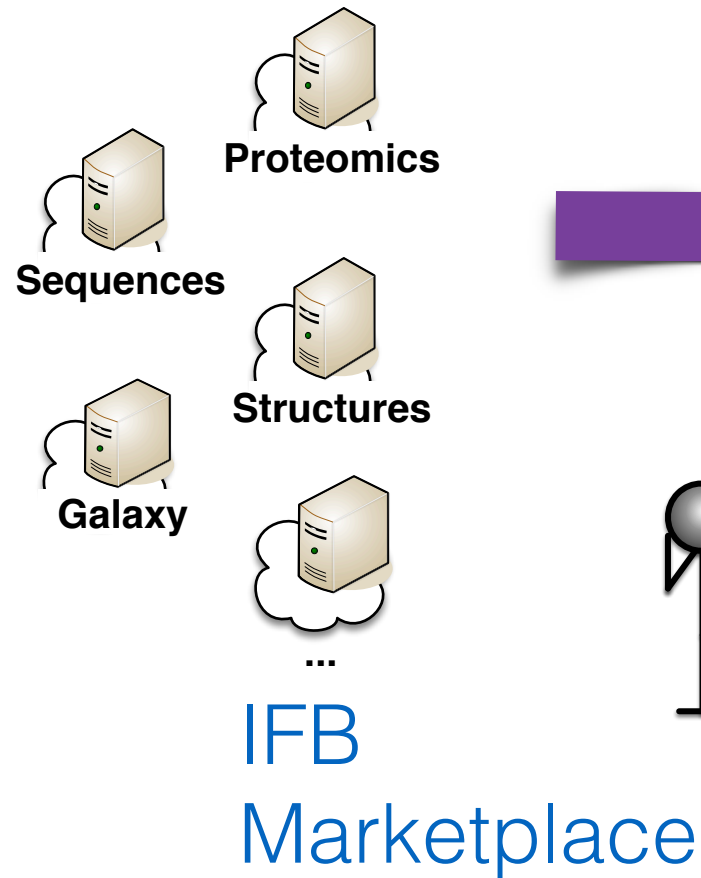




Utiliser les Appliances IFB



Instancier une machine virtuelle



Create Instance

Choose The Appliance
Appliance ? Galaxy
Filter by ? --- THEMATIC FIELDS ---
Galaxy portal

Configure Your Virtual Machines
Name ? myPortal
Unique ? ☐
Type ? c2.large (4 CPU, 8GB RAM)
Number ? 1

Configure Your Storage
Persistent disk ?

Create Cancel

Create Instance

Choose The Appliance
Appliance ? Galaxy MODAL
Filter by ? --- THEMATIC FIELDS ---
Galaxy portal

Configure Your Virtual Machines
Name ? MODAL tools
Unique ? ☐
Type ? c3.xlarge (16 CPU, 64GB RAM)
Number ? 1

Configure Your Storage
Persistent disk ? ECCB 10

Create Cancel



IFB BIOINFORMATICS CLOUD

DASHBOARD

Hosted at iris
Powered by stratuslab

YOU ARE SIGNED IN AS ifbTUTO20
News | Dashboard | Monitor | Settings | Help | Sign out

NEWS
2014-09-04: The IFB cloud will be demonstrated at ECCB14
2014-08-11: Mise à jour du site web

ROOMS
c2.large 11 / 16
c2.small 44 / 64
c2.xlarge 5 / 8
c3.large 11 / 15
c3.medium 25 / 31

Showing 1 to 2 of 2 entries

ID	Name	Appliance	CPU%	CPU	Mem.	#Storage	Access
968	MODAL tools	Galaxy MODAL	0%	16	64	1	ssh http
969	myPortal	Galaxy	0%	4	8	0	ssh http

2 entries

First Previous 1 Next Last

STORAGE
free (88.00%)

CPU

Ne valider qu'une seule fois la création de l'instance, la fermeture de la fenêtre peut prendre du temps.

Choisir les outils

<http://rainbio.france-bioinformatique.fr/rainbio/>

RAINBio - Registry of bioinformatics cloud appliances

The appliances of the IFB cloud come with preconfigured bioinformatics tools, and both are annotated with terms from the topics dictionary of the EDAM ontology. To help you to find the right tools or appliances for your needs, you can browse the list of appliances and tools below and filter it with any terms.

Appliances **Tools** **Topics**

Appliance	Tools	Topics
BIO compute node (3.3) 👁️ ▶️	fastqc Bioconductor 2.11 TopHat MMSEQ 0.11.2a samtools 0.1.18 R muscle MultAlin 5.4.1 Clustal Omega Bowtie2 2.0.0-beta7 bowtie Ray BWA ABySS predator MEME 4.7 HMMER fasta CLUSTALW 2.1 cap3 BLAST+ 2.2.27	Molecular biology Statistics and probability Bioinformatics Sequence analysis RNA splicing Mapping Data architecture, analysis and design Mathematics Sequence comparison Genomics Biology Protein structure analysis Protein structure prediction Sequence composition, complexity and repeats Protein folds and structural domains Sequence sites, features and motifs Sequence assembly
Bacterial genomics (Insyght) (1.2) 👁️ ▶️	Web interface BLAST+ 2.2.30 python 2.7 HMMER	Sequence composition, complexity and repeats Protein folds and structural domains Sequence sites, features and motifs Sequence comparison
Bio Imaging (1.1) 👁️ ▶️	Gnome Bureau virtuel ImageJ	Data architecture, analysis and design Imaging

Appliance

liste des outils/moyens installées

Metadata from

- ELIXIR bio.tools
- cloud marketplace
- docker hub
- ...

Coll. IFB-core/GenOuest

Choisir les outils (2)

The screenshot displays the bio.tools website interface. At the top, there are tabs for 'Appliances', 'Tools', and 'Topics'. A search bar on the right contains the word 'mapping'. Below these tabs, a list of tools is shown, including BWA, TopHat, and others. An orange arrow points from the 'Tools' tab to a detailed view of the BWA tool.

BWA (BWA 0.6.2)

Tool details

- Name:** BWA
- Description:** BWA is a software package for mapping low-divergent sequences against a large reference genome, such as the human genome. It consists of three algorithms: BWA-backtrack, BWA-SW and BWA-MEM.
- Raw name:** BWA 0.6.2
- Raw version:** 0.6.2
- URI:** <https://bio.tools/api/tool/IFB%20ELIXIR-FR/BWA%20cloud%20IFB/0.7.12?format=json>
- Other URIs:**
 - <https://bio.tools/api/tool/IFB%20ELIXIR-FR/BWA%20cloud%20IFB/0.7.12?format=json>

Associated topics: ☒ Hide node if no descendant selected (debug fn)

Associated topics: Bioinformatics, Genomics, Mapping

Topic: Computational biology, Sequence analysis, Mapping, Informatics, Bioinformatics, Genomics

How to use: Expand/collapse node by clicking on them.

arborescences des thèmes EDAM

Choisir les outils (3)

RAINBio - Registry of bioinformatics

The appliances of the IFB cloud come with preconfigured bioinformatics ontology. To help you to find the right tools or appliances for your need

Appliances Tools Topics

BIO compute node (3.3)

fastqc Bioconductor 2.11 TopHat MMSEQ 0.11.2a
muscle MultAlin 5.4.1 Clustal Omega Bowtie2 2.0.0
BWA ABySS predator MEME 4.7 HMMER fasta CLUSTAL
BLAST+ 2.2.27

Bacterial genomics (Insyght) (1.2)

Web interface BLAST+ 2.2.30 python 2.7 HMMER

Bio Imaging (1.1)

Gnome

Appliance BIO compute node

Description

General bioinformatics compute appliance built by CNRS IFB. The following bioinformatics tools are installed and available from the command line: abyss, blast+, bioconductor, bowtie, bowtie2, bwa, cap3, clustal-omega, clustalw2, fastq3, gon4, hmm, mem, mmseq, multalin, muscle, predator, ray, R, samtools, simpafit, tophat, tophat2. To log in, use ssh with your key and the 'root' account. The appliance automatically mount the cloud IFB-public databases repository. This appliance also mount your persistent disk at boot time.

Virtual image

Name	BIO ComputeNode (2015-03)
OS	CentOS 6.6 x86_64
Version	3.3
Created	2015-03-03T19:12:24Z
Creator	cblanchet

Tools

ABySS Bioconductor 2.11 BLAST+ 2.2.27 bowtie
Bowtie2 2.0.0-beta7 BWA cap3 Clustal Omega CLUSTAL W 2.1
fastq fastqc HMMER MEME 4.7 MMSEQ 0.11.2a MultAlin 5.4.1
muscle predator R Ray samtools 0.1.18 TopHat

Associated topics.

☒ Remove nodes with no selected descendant (debug function) ☒ Also display topics associated to its tools

Bioinformatics Biology Data architecture, analysis and design Genomics Mapping Mathematics Molecular biology Protein folds and structural domains
Protein structure analysis RNA splicing Sequence analysis Sequence assembly Sequence composition, complexity and repeats Sequence sites, features and motifs
Statistics and probability

Biology

Genetics Molecular genetics Gene expression RNA splicing

Molecular biology

Molecular genetics Gene expression RNA splicing

IFB BIOINFORMATICS CLOUD

YOU ARE SIGNED IN AS SPERRIN

News | Dashboard | Monitor | Settings | Help | Sign out

Hosted at **iris** Powered by **stratuslab**

CREATE INSTANCE

Choose The Appliance

Appliance ? BIO ComputeNode (2015-03)

Filter by ? --- THEMATIC FIELDS ---

--- TOOLS ---

Configure Your Virtual Machine

Name ?

Unique ? ☐

Type ? c2.small (1 CPU, 2GB RAM)

Number ? 1

Create appliance ? ☐

Plug Your Additional Storage

Persistent disk ?

Run

Partie pré-remplie

Partie à renseigner sur la VM

Partie à renseigner sur le disque

Caractéristiques d'une VM

Appelée aussi 'Instance'

The screenshot shows a web browser window with the URL <https://cloud.ifb.idris.fr/cloud/instance/>. The page title is "Bioinformatics cloud". The main content is a "Create Instance" form with three sections:

- Choose The Appliance**:
 - Appliance ?
 - Filter by ?
 -
- Configure Your Virtual Machines**:
 - Name ?
 - Unique ? ☐
 - Type ?
 - Number ?
 - Create appliance ? ☐
- Configure Your Storage**:
 - Persistent disk ?
 - OR Volatile disk size ?

At the bottom of the form are two buttons: "Create" and "Cancel".

- Compléter les différents paramètres
 - ✓ un nom
 - ✓ nombre de CPUs
 - ✓ taille mémoire
 - ✓ attacher un disque virtuel

Le tableau de bord du Cloud IFB

- **Gérer ses VMs**

- ✓ Créer / arrêter / renommer

- **Gérer ses disques virtuels**

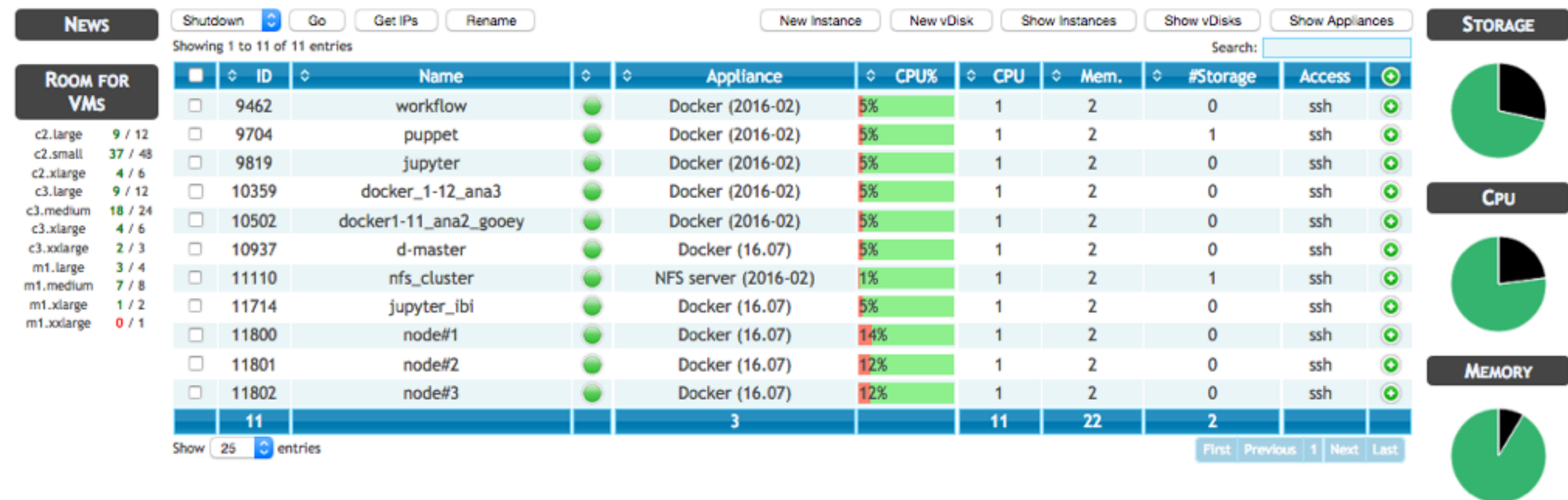
- ✓ Créer / supprimer

- **Visualisez les paramètres**

- ✓ nom/type/taille

- ✓ état/charge CPU

- ✓ disque virtuel attaché



Connexion sur une VM

Liens vers des détails sur l'instance

ssh

ssh

HTTP

SSH

X11

Connection Information

Parameters:
host = 192.54.201.49
port = 22
identifiant = root

Command-line connection:
ssh -A -p 22 root@192.54.201.49

Command-line file transfers:
scp -P 22 \${localfile} root@192.54.201.49:
sftp -oPort=22 root@192.54.201.49

maRacine — root@vm0018:~ — ssh — 1

```
maRacine cblanchet$ ssh -A -p 22 root@192.54.201.49
root login: Wed Nov 5 17:07:10 2014 from 131.254.253.210
root@vm0018 ~]# ls
conda-ks.cfg cluster install install.log install.log.syslog myd
root@vm0018 ~]#
```

Galaxy

frontend.france-bioinformatique.fr/proxy/EclGHX9p0sc5tkACdSC3YLFAMgAZpaL

IFB Bioinformatics cloud

Galaxy

Index of /images/ldb

Galaxy

Analyze Data Workflow Shared Data Visualization Help User

Tools

search tools

Get Data
Send Data
Multiple File Datasets
Lift-Over
Text Manipulation
Filter and Sort
Join, Subtract and Group
Convert Formats

UPLOAD TOOLS
Upload

MODAL TOOLS
MPAgenomics
VCFtools The vcf tools program is intended for analysis of diploid SNP data in VCF format

IFB - Galaxy cloud instance

Welcome to your Galaxy instance hosted on the cloud of the French Institute of Bioinformatics - IFB.

Usage

This appliance is configured with the well-known GALAXY portal. You connect to it with a standard web browser : simply follow the link *html* on the main cloud interface. It can be use as an usual galaxy portal and you have access to pre-installed standard bioinformatics tools (for new tools, send a request to christophe.blanchet@france-bioinformatique.fr).

(!) Do not forget to sign in with the pre-defined user : *user@cloud.idb.fr* (password *idbuser*) to get your previous history and data.

History

Unnamed history
0 bytes

Your history Data on the

X2Go Client

IFB

ego@192.54.201.157

GNOME

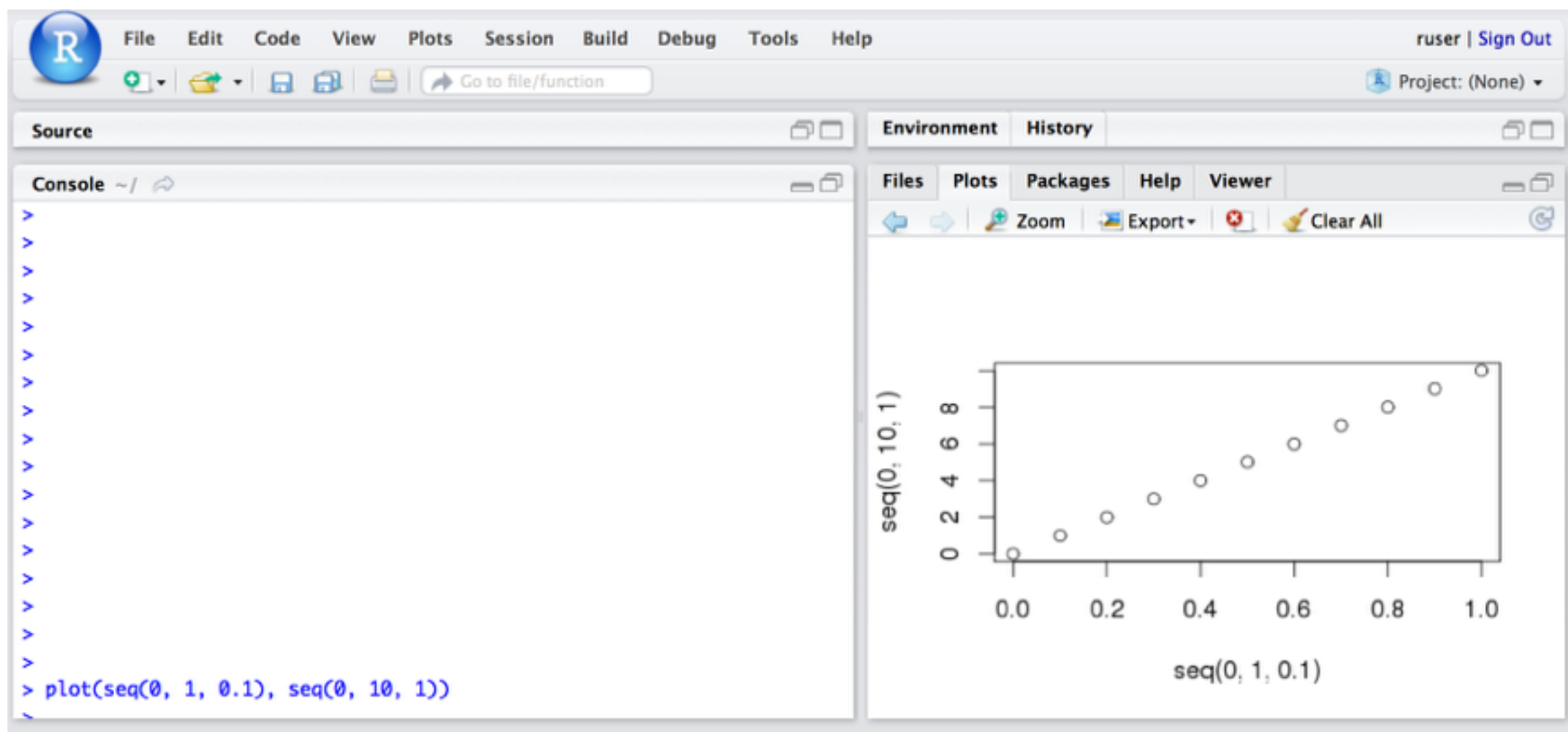
800x600

Enabled

Session:

Pratique

- a) instanciez une appliance **R statistical computing**;
- b) accédez à RStudio avec le lien [http](http://);
- c) connectez-vous comme utilisateur `ruser / ruser`;
- d) dans la console pour tracer un plot :





Connexion SSH



Connexion au Cloud IFB

<https://cloud.france-bioinformatique.fr/cloud/profile>

IFB BIOINFORMATICS CLOUD

YOU ARE SIGNED IN AS SPERRIN

NEWS | DASHBOARD | MONITOR | SETTINGS | HELP | SIGN OUT

SETTINGS

Hosted at oris Powered by stratuslab

Personal Information

Affiliation ? IFB

City ? Paris

Cloud Preferences

Pubkey ? ssh-rsa
AAAAB3NzaC1yc2EAAAADAQABAAQCAQDVeCMRf7oa
930JwBEpu26vQhyexdEFkKMU47qblwtyi3P3mGgG
NpCqgm11/yPX1ojhHhStzxS4nW2rPst15yPGLV84
dvrEy3
/eH/KnLZdG+qYRjNgsnPUstZoGjYwGjCrtDG1
/rKhrrxcHOWIAdcUmc+HKxE4gKYlRQOef2rEmiQ0
/xORpNW3KwmZ5s5ez
/3VKTUv+XWhogD5djz8r1CFFCg
/7ysP+FjjX3tFE1s2+CP18c23SoEfucYU0BW8peZ
2YNYWWR07Hs3qez3pxmrX

Appliance ?

Instance type ?

Save changes

IFB acknowledges funding by the call "Infrastructures in Biology and Health" in the framework of the French "Investments for the Future" initiative

Laisser les valeurs par défaut

• Lors de la première connexion

- ✓ complétez vos paramètres
- ✓ rubrique 'Settings'

• ! clé SSH:

- ✓ La créer (cf. doc.)
- ✓ attention aux retours à la ligne lors du copier-coller

• Saisir plusieurs clés:

- ✓ en les séparants par un ";" et un retour à la ligne.

• Validité des clés:

- ✓ uniquement pour les machines créées après.
- ✓ Les machines déjà créés ne seront plus accessibles si vous changez la clé.

Connexion au Cloud IFB

<https://cloud.france-bioinformatique.fr/cloud/profile>

Connexion à une machine virtuelle :

```
ssh -p 22 -A root@192.54.201.XXX
```

The authenticity of host '192.54.201.123 (192.54.201.123)' can't be established.
RSA key fingerprint is b6:05:ae:53:43:b6:03:1d:bb:87:7d:82:c3:ef:94:01.
Are you sure you want to continue connecting (yes/no)?

Pour la première connexion, confirmer.

En cas de problème ou d'échec de connexion :

- attendre un peu que la machine soit disponible;
- supprimer le fichier /root/.ssh/known_hosts;
- retenter la connexion.

Procédure pour créer les clés SSH en annexes

Connexion au Cloud IFB sous Windows

Utilisation de logiciel pour la génération de clé SSH :

- installer **Putty** et logiciel associé
 - copier la clé publique en entier;
 - sauvegarder la clé privée associée;
 - exporter la clé publique au format OpenSSH pour la connexion avec X2Go pour utiliser le bureau virtuel;
- installer **MobaXterm**, avec la version gratuite. Possède plus de fonctionnalités dont un client SSH

<http://mobaxterm.mobatek.net/>

Procédure pour créer les clés SSH en annexes



Gérer les données avec un disque virtuel

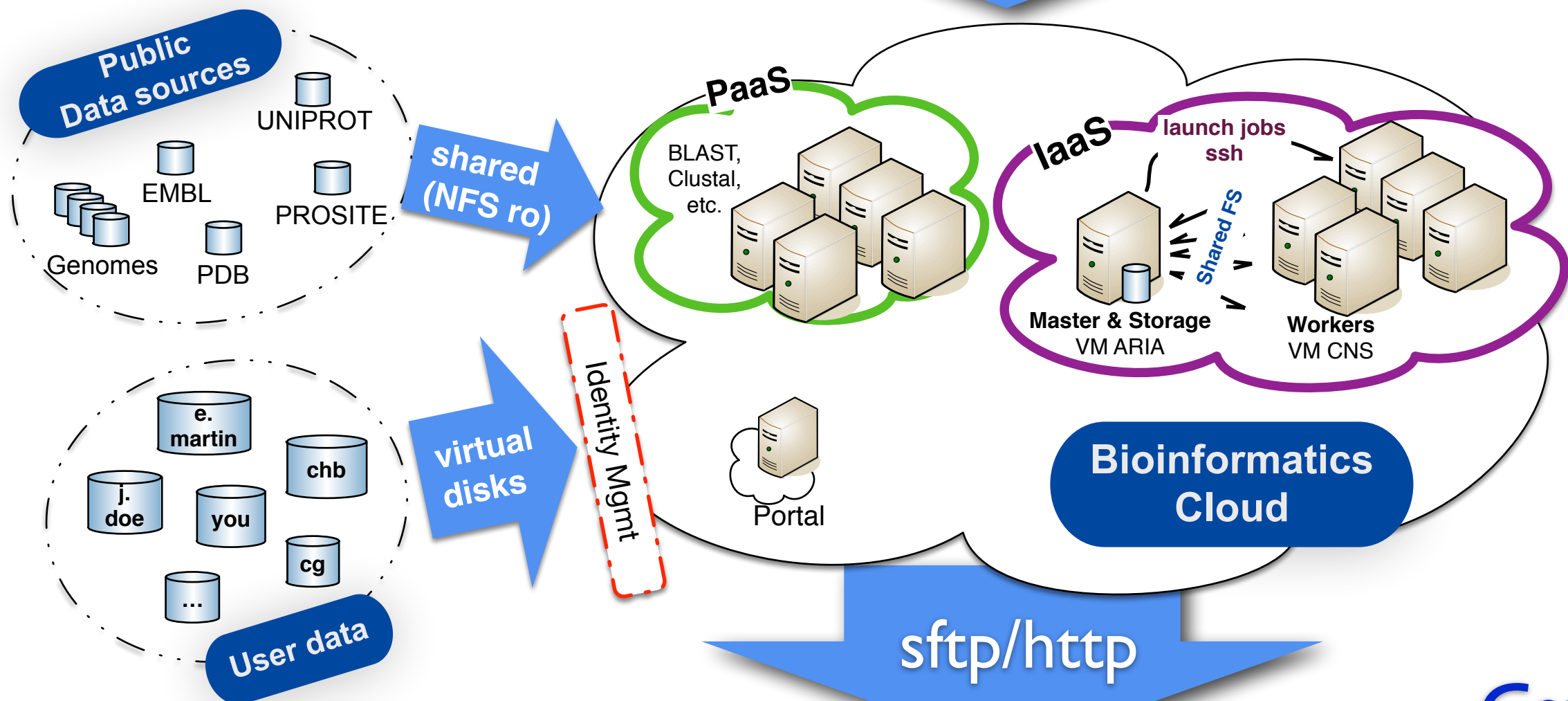


Gérer vos données dans le cloud

CLI (scp, sftp), GUI (Cyberduck, Transmit, Filezilla, ...)

*Upload
your data*

sftp/http



Get your

CLI (scp, sftp), GUI (Cyberduck, Transmit, Filezilla, ...)

Les disques durs virtuels

- Pour stocker ses données au cours du temps

- ✓ taille et nombre variable (quota)
- ✓ retrouver ses données d'une VM à la suivante.
- ✓ ! pas de sauvegarde !

- Sur un vdisk

- l'attacher à une (seule) VM
- à la création de la VM

- Partager un vdisk

- mode cluster
- VM 'NFS'

Instance

Storage

Cpu

ifl INSTITUT FÉDÉRAL DE BIELLE

Delete selected storages ▾ Go Rename New Instance New Storage Show Instances Show Storages

Showing 1 to 15 of 15 entries Search:

☐	◇ Name	◇ Size (GiB)	◇ UUID
☐	dd4	20	d9b2dae1-3c22d5daf7b
☐	dd3	20	5b79798c-5098c14b1282
☐	dd2	20	2f583b45-e6e544fb8bf
☐	SG	10	ef2e30e8-d0a1a566771
☐	trembl-split	100	f353f288-ec03965ab98
☐	dnachip	20	53b7e085-c7c8736bd3d
☐	galaxy 100G	100	9efe5248-6055ccf26b15
☐	lait4	5	a8aa826a-c064d166aa3
☐	milk3	5	0ce3018f-50278d32fa72
☐	milk2	5	f2e5c6c4-7024bf48107d
☐	milk1	5	ef68d2df-5736519bd65
☐	stockage galaxy	10	c16e2998-b03a2991bfde
☐	coll MG	100	23476ebe-d064b70309b5

Echanger les données avec les VMs

ssh/scp

ssh/scp

ssh/scp [http](#)

First Previous 1 Next Last

Connection Information

Parameters:
host = 192.54.201.49
port = 22
identifiant = root

Command-line connection:
ssh -A -p 22 root@192.54.201.49

Command-line file transfers:
scp -P 22 \${localfile} root@192.54.201.49:
sftp -oPort=22 root@192.54.201.49

Close

Galaxy

Analyze Data Workflow Shared Data Visualization Help User Using 0 bytes

Tools

search tools

Get Data

- Upload File from your computer
- UCSC Main table browser
- UCSC Test table browser
- UCSC Archaea table browser
- BX table browser
- EBI SRA ENA SRA
- Get Microbial Data
- BioMart Central server
- BioMart Test server
- CBI Rice Mart rice mart
- GrameneMart Central server
- modENCODE fly server
- Flymine server
- Flymine test server
- modENCODE modMine server
- Ratmine server
- YeastMine server
- metabolicMine server
- modENCODE worm server

Upload File (version 1.1.3)

File Format:
Auto-detect

Which format? See help below

File:
Choisir le fichier aucun fichier sél.

TIP: Due to browser limitations, uploading files larger than 2GB is guaranteed to fail. To upload large files, use the URL method (below) or FTP (if enabled by the site administrator).

URL/Text:

Here you may specify a list of URLs (one per line) or paste the contents of a file.

Files uploaded via FTP:

File	Size	Date
☐ SampleC.1.fastq	269.0 KB	05/22/2013 12:10:19 PM
☐ SampleC.2.fastq	269.0 KB	05/22/2013 12:10:19 PM
☐ SampleB.2.fastq	262.7 KB	05/22/2013 12:10:19 PM
☐ vcfutils.pl	15.3 KB	05/22/2013 12:10:19 PM
☐ SampleA.2.fastq	244.2 KB	05/22/2013 12:10:19 PM
☐ SampleB.1.fastq	262.7 KB	05/22/2013 12:10:19 PM
☐ run_analyses.sh	1.3 KB	05/22/2013 12:10:19 PM

History

Unnamed history
0 bytes

Your history is empty. Click 'Get Data' on the left pane to start

Galaxy

Cyberduck
(Filezilla)

SSH

idb-cloud.ibcp.fr - SFTP

Obtenir une clé d'activation !

Nouvelle connexion Connexion rapide Action Actualiser Édition Se déconnecter

/root

Nom du fichier	Taille	Date de modification
anaconda-ks.cfg	2.5 KB	02/03/12 09:09
cleaner.sh	338 B	27/09/12 13:33
install	--	27/09/12 13:51
install.log	10.5 KB	02/03/12 09:09
install.log.syslog	3.8 KB	02/03/12 09:08
mydisk	10 B	16/11/12 16:03

6 Fichiers

```
idb1:dataset cblanchet$ scp -P 20132 * root@idb-cloud.ibcp.fr:upload_dir/
SampleA.1.fastq      100% 244KB 244.2KB/s 00:00
SampleA.2.fastq      100% 244KB 244.2KB/s 00:00
SampleB.1.fastq      100% 263KB 262.7KB/s 00:00
SampleB.2.fastq      100% 263KB 262.7KB/s 00:00
SampleC.1.fastq      100% 269KB 269.0KB/s 00:00
SampleC.2.fastq      100% 269KB 269.0KB/s 00:00
ref1.fasta           100% 10KB 9.9KB/s 00:00
run_analyses.sh      100% 1321 1.3KB/s 00:00
vcfutils.pl          100% 15KB 15.3KB/s 00:00
idb1:dataset cblanchet$
```

Gestion des données avec FileZilla



Shutdown

Go

Get IPs

Rename

New Instance

New vDisk

Show Instances

Show vDisks

Show Appliances

Showing 1 to 12 of 12 entries

Search:

☐	ID	Name	☐	Appliance	CPU%	CPU	Mem.	#Storage	Access	☐
☐	9856	igv	☒	BioDataCloud IGV 1.0	4%	1	2	0	ssh	☒
Storages - LocalIP 192.54.201.74 StartTime 2016-06-06T15:06:19 Node host012.france-bioinformatique.fr										
☐	9930	test	☒	ImageJ	5%	1	2	0	ssh	☒
☐	9939	rsat	☒	RSAT-2014-11	0%	1	2	0	ssh http	☒

Connection Information

Parameters:
 host = 192.54.201.126
 port = 22
 identifiant = root

Command-line connection:
 ssh -A -p 22 root@192.54.201.126

Command-line file transfers:
 scp -P 22 \${localfile} root@192.54.201.126:
 sftp -P 22 root@192.54.201.126

Close

Paramètres de connexion

Commande de connexion à la machine

Commandes de transfert fichiers

Saisir uniquement l'host
(adresse IP de la machine),
Filezilla identifie le
protocole de transfert à
utiliser (sftp)

sftp://root@192.54.201.126 - FileZilla

Hôte : sftp://192.54.201.126

Identifiant : root

Mot de passe :

Port :

Connexion rapide

Statut : Contenu du dossier "/root/" affiché avec succès

Statut : Récupération du contenu du dossier "/root/toto"...

Statut : Listing directory /ifb/galaxy-dist/database/files/user@cloud.idb.fr

Statut : Contenu du dossier "/ifb/galaxy-dist/database/files/user@cloud.idb.fr" affiché avec succès

Statut : Récupération du contenu du dossier "/"...

Statut : Listing directory /

Statut : Contenu du dossier "/" affiché avec succès

Site local : /tmp/

dev

etc

home

net

opt

private

sbin

tmp

KSOOutOfProcessFetcher.501.sAgICyxY5IzPoNgfmEvv-ZqGI-w=

com.apple.launchd.NSdS0J7NXL

com.apple.launchd.NSdS0J7NXL

Site distant : /root

opt

proc

root

.approver

.pki

.python-eggs

.ssh

mydisk

toto

upload_dir

sbin

arborescence de la
machine local

arborescence de la
machine du cloud

Sélectionner fichiers/dossiers, transferts en glissant
dans le dossier destination

Gestion des données en ligne de commandes

- **transfert des données en ligne de commandes permet des déplacements de fichiers/dossiers:**
 - ✓ entre votre machine locale et une machine virtuelle et réciproquement;
 - ✓ entre deux machines virtuelles du cloud;
 - ✓ entre une machine virtuelle du cloud et une machine d'un autre serveur.

cas 1 `scp -P 22 <source/path/file> root@192.54.201.12:./<destination/path/>`

cas 2 : depuis le poste local, récupération de fichiers vers la VM

`scp -P 22 <source/path/file> root@192.54.201.12:./<destination/path/>`

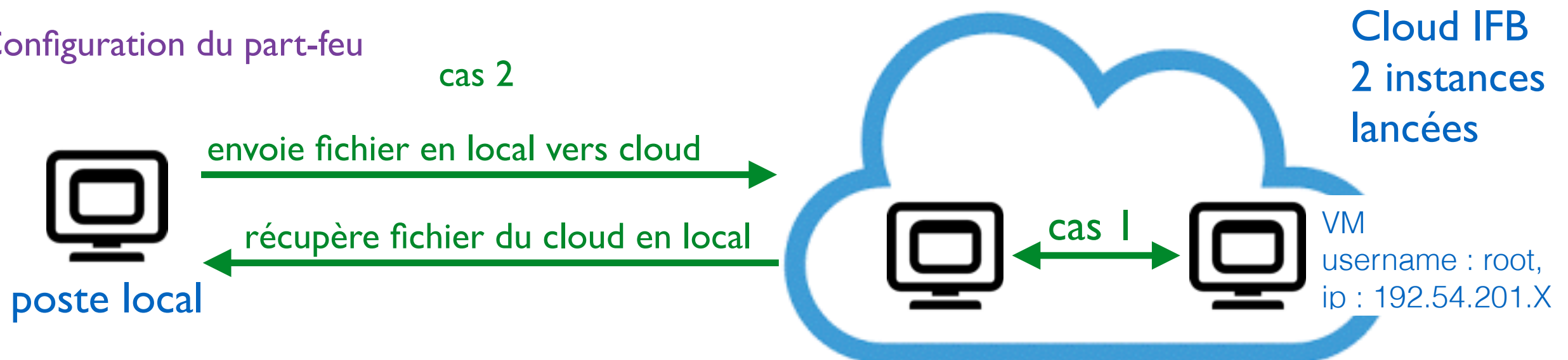
cas 2 : depuis le poste local, envoi d'un dossier depuis la VM

`scp -P 22 -r root@192.54.201.12:./<source/path/> <destination/path>`



Configuration du part-feu

cas 2

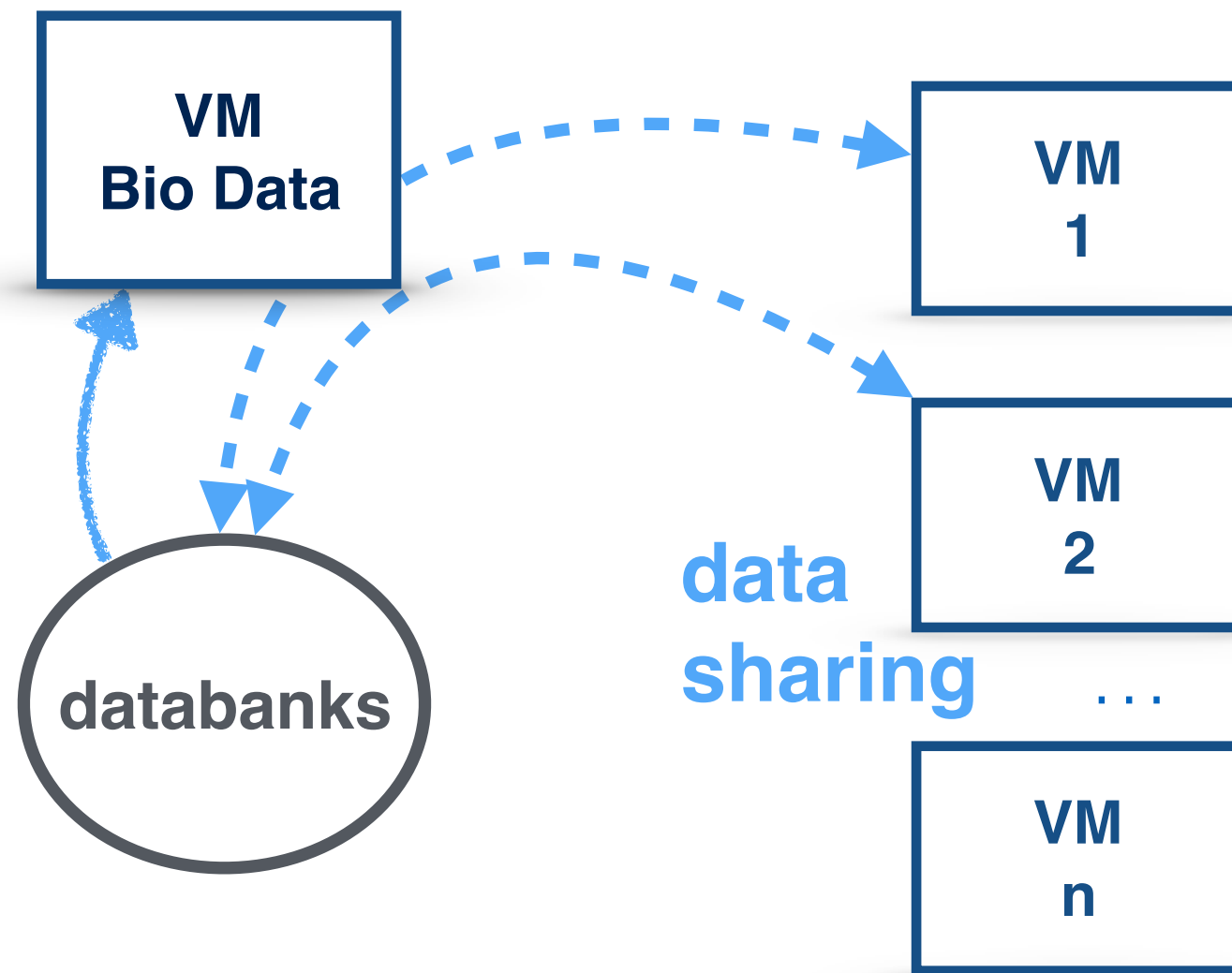


Pratique

Instance Galaxy, analyse de données (exemple dans le fascicule)

ATTENTION: pour le montage des disques virtuels contrairement aux VMs, le disque n'est pas accessible dans /root/mydisk mais dans /root/upload_dir qui est lié avec le dossier de gestion des données de Galaxy

Dépôt BioMaj



L'appliance BioData permet de partager vos données de références.

L'accès aux banques de données publiques de référence gérées par BioMaj est automatique pour toutes les appliances.

[/ifb/databases](http://ifb/databases)

<http://biomaj.genouest.org/>

Monitor your usage

IFB BIOINFORMATICS CLOUD YOU ARE SIGNED IN AS IFBTUTO20
News | Dashboard | Monitor | Settings | Help | Sign out

ifb INSTITUT FRANÇAIS DE BIOINFORMATIQUE

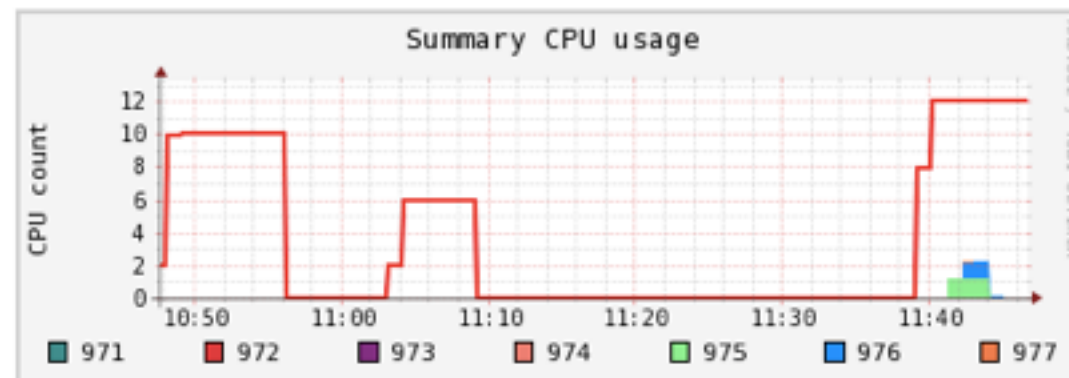
MONITOR

Hosted at **iris** Powered by **stratuslab**

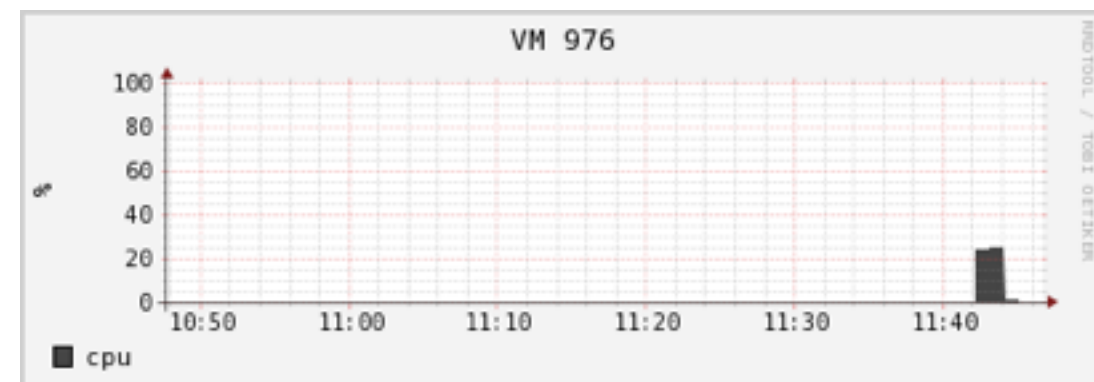
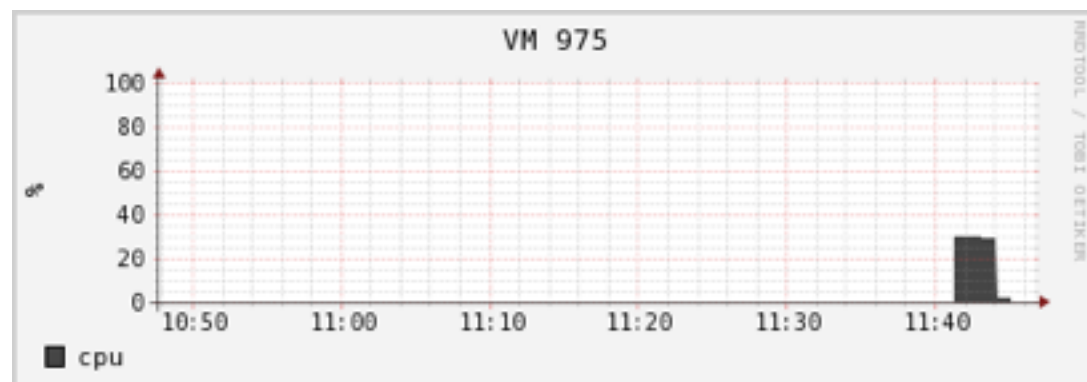
start user refresh

IFBTUTO20

7



VM 971



Pratique

- **Instance Biocompute**
- **Gestion des données**



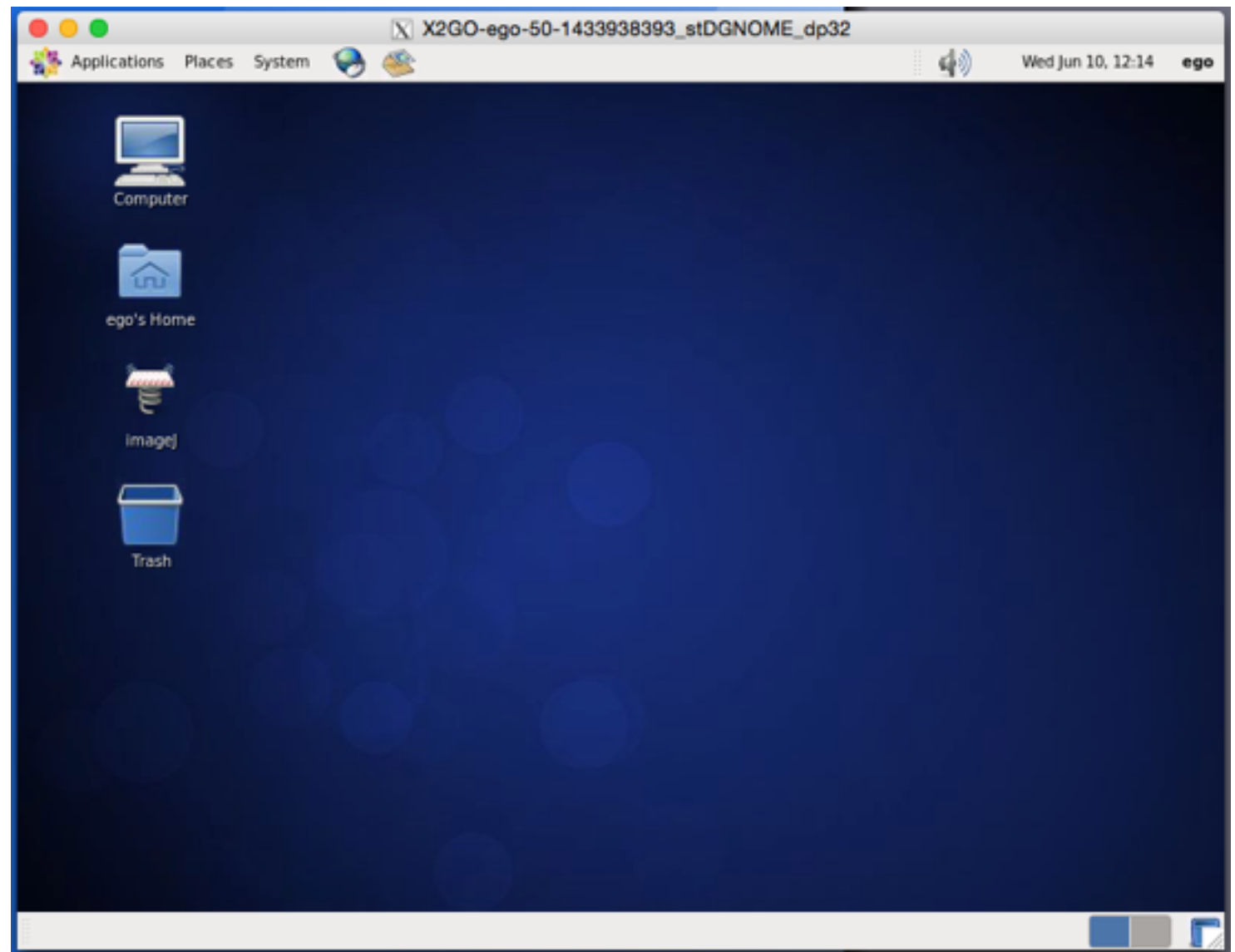
Bureau virtuel



Bureau virtuel

Le bureau virtuel apporte une interface graphique à une machine virtuelle

De quoi avez-vous besoin ?



- sur votre machine local un client X2Go et un serveur X11
- sur le cloud une appliance comprenant un serveur NX : Biodatacloud IGV, Proteomics, ImageJ, R studio...

Utilisation de X2Go

Connection Information ✕

Parameters:
host = 192.54.201.84
port = 22
identifiant = root

Command-line connection:
`ssh -A -p 22 root@192.54.201.84`

Command-line file transfers:
`scp -P 22 ${localfile} root@192.54.201.84:`
`sftp -oPort=22 root@192.54.201.84`

Close

Préférences de session - ImageJ

Session Connection Préférences Dossiers partagés

Session name: ImageJ

 << change icon

Server
Host: 192.54.201.84
Identifiant: ego
SSH port: 22
Use RSA/DSA key for ssh connection: 

☒ Try auto login (ssh-agent or default ssh key)
☐ Kerberos 5 (GSSAPI) authentication
☐ Delegation of GSSAPI credentials to the server
☐ Use Proxy server for SSH connection

Session type
KDE
GNOME
LXDE
XFCE
MATE
UNITY
Connect to Windows terminal server
XDMCP
Connect to local desktop
Custom desktop
Single application
Published applications

Command:

Ok Cancel Défauts

Pour les personnes *sous Windows*
renseigner le plus la clé SSH en indiquant le chemin version la clé
OpenSSH exporter depuis PuttyGenerator. Voir en annexes de détails.

Utilisation X2Go (2)

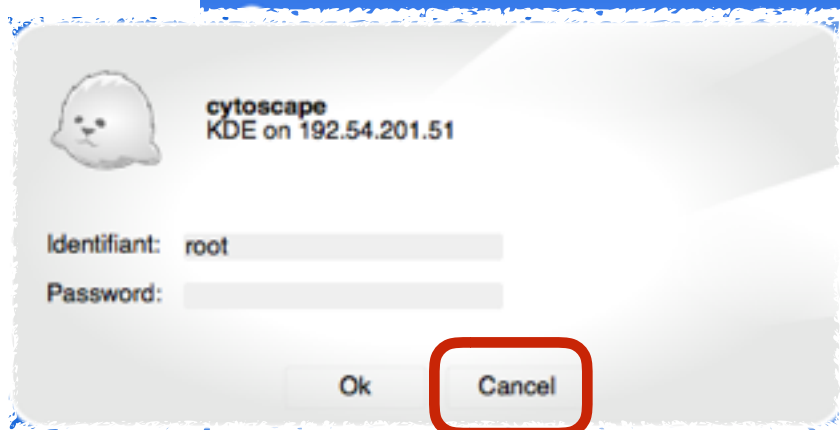
Nouvelle session

Session en cours exécution

liste des sessions

lancement double clic

accès aux préférences de la session



Session fermé, quitter la fenêtre en cliquant sur 'Cancel'
Il n'y a pas de password à saisir, le connexion se fait en SSH.

Utilisation d'une machine Virtuelle

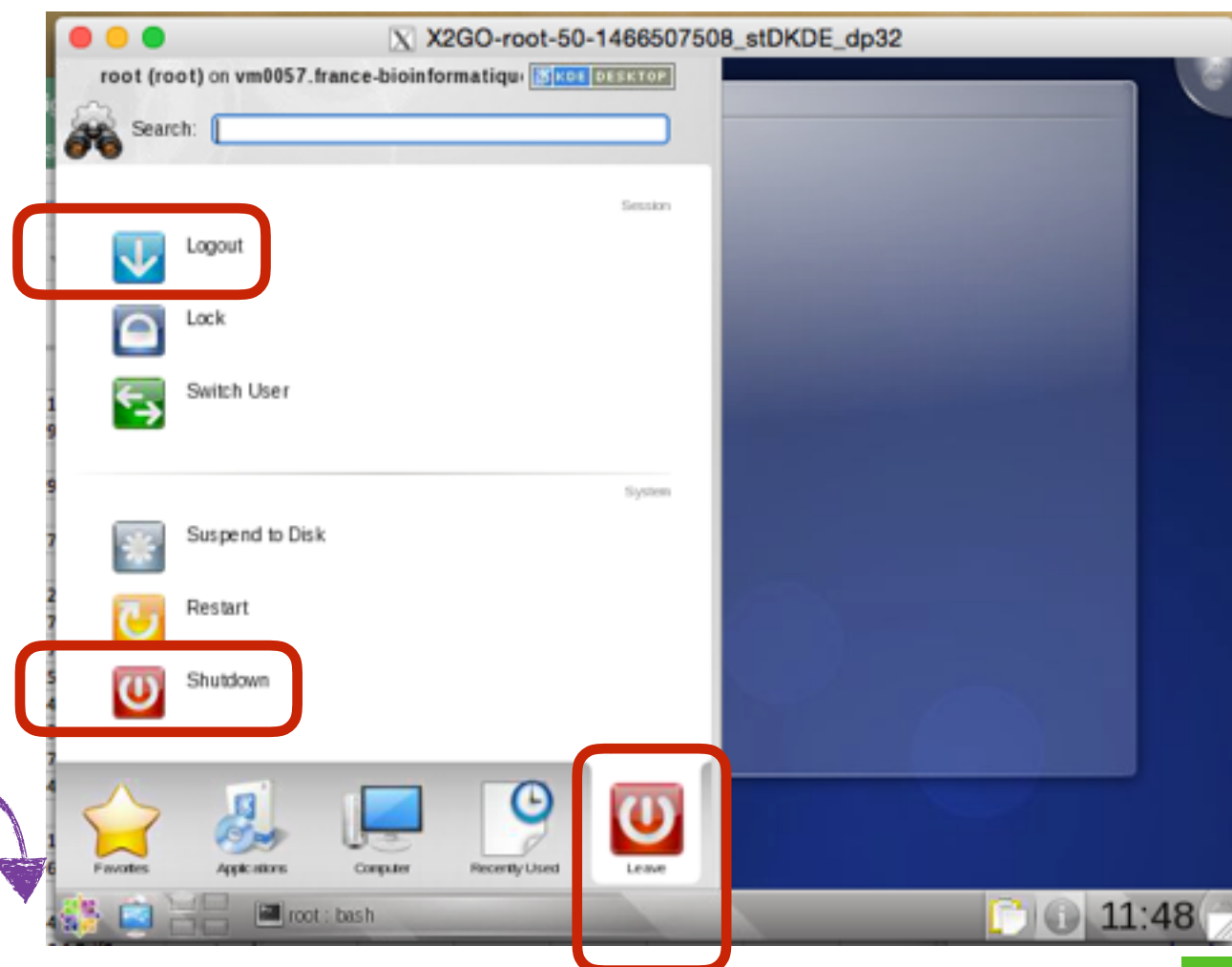
- **Compte utilisateur par défaut :**
 - ✓ un compte **root** : avec les droits admin;
 - ✓ un bureau de type **KDE**;
- **Compte utilisateur spécifique :**
 - ✓ un compte **ego**, qui n'a pas les droits en écriture dans tous les dossiers;
 - ✓ un bureau de type **GNOME**.

Exemple : bureau virtuelle sous KDE, connexion en tant que root

Commande de fermeture de session,
le bureau virtuelle se ferme. Via X2Go elle peut être relancée.

Commande pour fermer la machine virtuelle.
Dans le cloud IFB, une machine arrêtée n'est plus accessible.
Cela revient à faire un 'Shutdown/Kill' depuis le dashboard.

accès aux ressources et logiciels installés



Pratique

- **Instance Biodatacloud IGV**

Liens

Cloud IFB : <https://cloud.france-bioinformatique.fr/accounts/login>

RAINBIO : <http://rainbio.france-bioinformatique.fr/rainbio/>

BioShaDock : [**http://docker-ui.genouest.org/app/#/all/containers**](http://docker-ui.genouest.org/app/#/all/containers)

Documentation : <http://www.france-bioinformatique.fr/fr/core/doc-du-cloud>



Annexes



Machine Linux/MacOS

Connexion avec la commande ssh

Utilisation à partir d'un terminal

Connexion ssh sous Linux/MacOS

Dans un terminal, les clés sont enregistrées dans le dossier :

`ls -la ~/.ssh`

Générer la clé utilisée pour le cloud

`ssh-keygen -t rsa -b 4096`

Ajouter à l'agent SSH, le chemin vers la clé privée générée. Opération obligatoire si vous n'enregistrez pas la clé dans le dossier ssh.

`eval "$(ssh-agent -s)"`

`ssh-add ~/.ssh/id_dsa`

```
root@vm0151:~# ssh-keygen -t dsa
Generating public/private dsa key pair.
Enter file in which to save the key (/root/.ssh/id_dsa):
Enter passphrase (empty for no passphrase):
Enter same passphrase again:
Your identification has been saved in /root/.ssh/id_dsa.
Your public key has been saved in /root/.ssh/id_dsa.pub.
The key fingerprint is:
4b:e1:6d:d8:8e:47:b9:e7:eb:f7:51:e1:df:b2:90:71 root@vm0151
The key's randomart image is:
+--[ DSA 1024]-----+
|
|      .
|     . = .
|    S * . E..
|   . * . + +
|  o + + ..o
|   . o ..o
|   .+o...
|
+-----+
root@vm0151:~# ls -la ~/.ssh/
total 24
drwx----- 2 root root 4096 Feb 26 11:12 .
drwx----- 11 root root 4096 Feb 23 17:01 ..
-rw----- 1 root root 1489 Feb 23 09:01 authorized_keys
-rw----- 1 root root 751 Feb 26 11:12 id_dsa
-rw-r--r-- 1 root root 601 Feb 26 11:12 id_dsa.pub
-rw----- 1 root root 442 Feb 8 16:39 known_hosts
```

Copier la clé publique pour l'ajouter dans la page Settings du Cloud, (attention pas de retour à la ligne).

`pbcopy < ~/.ssh/id_dsa.pub`

Coller la clé publique dans la partie Settings du compte du Cloud.



SETTINGS

Hosted at
iris

Personal Information

Affiliation ? ifb
City ? Paris

Cloud Preferences

Pubkey ?

```
ssh-rsa
AAAAB3NzaC1yc2EAAAADAQABAAQCAQVVeCMBE7oa
910JwBEpu26vQhyexdEFkKHU47qblwty13F3mgqG
NpCqgm1/yFX1o3hHh8tax84w2rPat15y2GLV84
dvrEy3
/eH/KnL2dG+qYR3nGanPUatSoGjYwGjCrtDQ1
/rKhrxcNDwIAdcUmc+HKxE4gKY1RQOef2rEmIQ0
/xORp8W3KwmS5a3ex
/3VKTGv+XWhogD5djz8z1CFFCg
/7yaP+TjX3tFE1a2+CP18c23SoEfucYU08W8pe2
2TNYW9078a3ges3pamrx
```

Appliance ?
Instance type ?

Save changes

NB: pas gestion de clé openssh pour se connecter avec le bureau virtuel X2Go, comme avec Windows.

Machine Windows

Connexion avec le logiciel PuTTY

Installation à partir du lien avec PuTTY Generator

<http://www.putty.org/>

SETTINGS

Hosted at

ifb

INSTITUT FRANÇAIS DE BIOINFORMATIQUE

Personal Information

Affiliation ? ifb
City ? Paris

Cloud Preferences

Pubkey ?

```
ssh-rsa
AAAAB3NzaC1kc3MAAACBAJzqgFq69IRa7kuGtaJtmSy07sdrP1pm8c9ycY2bSneI5k9
N55xov63BSUcUEXYrwZ9yHJE2mLM/AnuE7vvhX9mqdfeF5JdOPxeTFXJXp3uUtw.ZG
qv24ReZfMFZ+1Q1wGNsq3fM1NpPfrM
+KylOVnfP9BDFLFFawWOylmUwYwBjZ9AWENsdA4d6HDbBg9BBEz67SPccS/L
```

Appliance ?
Instance type ?

Save changes

Key Generator

File Key Conversions Help

Key

Public key for pasting into OpenSSH authorized_keys file:
ssh-dss
AAAAB3NzaC1kc3MAAACBAJzqgFq69IRa7kuGtaJtmSy07sdrP1pm8c9ycY2bSneI5k9
N55xov63BSUcUEXYrwZ9yHJE2mLM/AnuE7vvhX9mqdfeF5JdOPxeTFXJXp3uUtw.ZG
qv24ReZfMFZ+1Q1wGNsq3fM1NpPfrM
+KylOVnfP9BDFLFFawWOylmUwYwBjZ9AWENsdA4d6HDbBg9BBEz67SPccS/L

Key fingerprint: ssh-dss 2048 0d:4a:ed:cb:57:d2:22:18:23:86:14:66:f6:f9:81:07

Key comment: dsa-key-20150823

Key passphrase:
Confirm passphrase:

Actions

Generate a public/private key pair
Load an existing private key file
Save the generated key

Generate
Load
Save public key
Save private key

Parameters

Type of key to generate:
☐ SSH-1 (RSA) ☐ SSH-2 RSA ☒ SSH-2 DSA

Number of bits in a generated key: 2048

x2go

Use RSA/DSA key for ssh connection: C:\Users\IFB-CORE\Desktop\openssh

Connection Information

Parameters:
host = 192.54.201.126
port = 22
identifiant = root

Command-line connection:
ssh -A -p 22 root@192.54.201.126

Command-line file transfers:
scp -P 22 \$(localfile) root@192.54.201.126:
sftp -oPort=22 root@192.54.201.126

Close

View Keys
Add Key
About
Exit

Pageant Key List

Add Key
Remove Key
Close

PuTTY Configuration

Category:

Terminal
Keyboard
Bell
Features
Window
Appearance
Behaviour
Translation
Selection
Colours
Connection
Data
Proxy
Telnet
Rlogin
SSH
Kex
Cipher
Auth
TTY
X11
Tunnels
Bugs
More bugs

Options controlling SSH authentication

☐ Bypass authentication entirely (SSH-2 only)
☒ Display pre-authentication banner (SSH-2 only)

Authentication methods

☒ Attempt authentication using Pageant
☐ Attempt TIS or CryptoCard auth (SSH-1)
☒ Attempt "keyboard-interactive" auth (SSH-2)

Authentication parameters

☒ Allow agent forwarding
☐ Allow attempted changes of username in SSH-2

Private key file for authentication:
C:\Users\IFB-CORE\key_putty.ppk
Browse...

About
Open
Cancel

PuTTY Configuration

Category:

Session
Logging
Terminal
Keyboard
Bell
Features
Window
Appearance
Behaviour
Translation
Selection
Colours
Connection
Data
Proxy
Telnet
Rlogin
SSH
Kex
Cipher
Auth
TTY
X11
Tunnels

Basic options for your PuTTY session

Specify the destination you want to connect to

Host Name (or address) 192.54.201.34 Port 22

Connection type:
☐ Raw ☐ Telnet ☒ Rlogin ☒ SSH ☐ Serial

Load, save or delete a stored session

Saved Sessions

Default Settings

Load
Save
Delete

Close window on exit:
☐ Always ☐ Never ☒ Only on clean exit

About
Open
Cancel

ifb

INSTITUT FRANÇAIS DE BIOINFORMATIQUE

IBI-1 - du mardi 18 octobre 2016, IFB-core, Gif-sur-Yvette

50

PuTTY Generator - clé ssh

- 1 Choisir le paramètre "SSH-2 DSA" (en bas de la fenêtre) puis cliquer sur « Generate ». Bouger la souris dans le cadre pour générer la clé.
- 2 Copier la clé publique du cadre et la copier dans le cadre ssh-key de la page Settings du cloud. Attention : aucun retour à la ligne, la clé doit commencer par ssh.
- 3 Sauvegarder la clé privée générée, liée à la clé publique.
- 4 Dans le menu Conversion, choisir exporter la clé openssh, elle sera utilisée pour se connecter avec X2Go au bureau virtuel,

PuTTY Pageant - clé ssh

- 5 Faire un clique droit sur l'icône de pageant dans la zone de notification et cliquer sur « View Keys ». Ensuite, cliquer sur « Add Key » et renseigner le chemin vers le fichier de la clé privée.

PuTTY - connexion à une machine virtuelle

- 6 Dans le menu, à gauche (Connexion/SSH/Auth), configurer la connexion ssh en renseignant le chemin vers le fichier de la clé privée.
Dans le menu à gauche (Session), avec les informations sur la machine virtuelle données dans le tableau de bord du cloud, renseigner l'adresse IP et le port (22), type de connexion ssh.
- 7 Cliquer sur Open pour ouvrir un terminal, puis entrer le login.

Connexion avec MobaXterm

Installer à partir du lien

<http://mobaxterm.mobatek.net/download.html>

Use RSA/DSA key for ssh connection: C:\Users\IFB-CORE\Desktop\openssh

x2go

4

2

5

1

3

6

Session settings

SSH

Connection Information

Parameters:
host = 192.54.201.1
port = 22
identifiant = root

Command-line connection:
ssh -A -p 22 root@192.54.201.126

Command-line file transfers:
scp -P 22 {localfile} root@192.54.201.126:
sftp -oPort=22 root@192.54.201.126

Session settings

Basic SSH settings

Remote host: 192.54.201.193

Specify username: root

Port: 22

Advanced SSH settings

Terminal settings

Network settings

Bookmark settings

X11-Forwarding

Compression

Remote environment: interactive shell

Execute command

Do not exit after command ends

Display SSH-browser

Use SCP protocol

Follow SSH path (experimental)

Use private key: C:\Users\IFB-CORE\Desktop\cloud.ppk

Send local language settings to the remote host

OK

Cancel

SETTINGS

Hosted at

ifb

Personal Information

Affiliation: ifb

City: Paris

Cloud Preferences

Pubkey: ssh-rsa AAAAB3NzaC1yc2EAAAADAQABAAQDAQ0V6eChE7oa 9J0cV8Bpu2eQ9yexdEPxK0047qblvty1JF3mggD 8pCupm1/y7F10j1h83xax846w2zPm15y7OLY84 dvrTy3 /m/KoL8dG-vgYJnDen8Uat8oCjYwGjCr1D01 /cRncx80v1AdeDac+8Xa84gTY1JqQeF2z8M1Q0 /x0RpW3Rve25a3e3 /JVK0v+8Hmg0d1j8r1CPTCg /7yapP+5(X3LFE1a2+CP18c235oEucY08WpeS 2TYW90T8a3gea3pK0rX

Appliance:

Instance type:

Save changes

Menu Settings - génération key-ssh

- 1 Choisissez le paramètre DSA puis cliquez sur Generate. Bouger le souris dans le cadre pour générer la clé.
- 2 Copier la clé publique du cadre et la copier dans le cadre ssh-key de la page Settings du cloud. Attention : aucun retour à la ligne, la clé doit commencer par ssh.
- 3 Sauvegarder la clé privée générée, correspondant à la clé publique.
- 4 Dans le menu Conversion, choisir exporter la clé openssh, elle sera utilisée pour se connecter avec X2Go au bureau virtuel,

Menu Session

- 5 Sélectionner le protocole ssh. Dans le fenêtre, renseigner l'adresse IP et le port (22) avec les informations sur la machine virtuelle données sur le cloud,.
- 6 Configurer la connexion ssh en renseignant le chemin vers le fichier de la clé privée. Cliquer sur Open pour ouvrir un terminal.