

Como hacer un container con singularity

Voy a probar a hacer y ejecutar un container para el [WGS](#) ya que esto al menos he conseguido ejecutarlo localmente.

Construir el container

El container se hace partiendo de un container existente al que se le añaden las herramientas que necesite y las configuraciones necesarias. Aquí se copian archivos, se instalan bibliotecas y programas, se compila lo que sea necesario, etc. Cada sección está descrita en la [documentación de singularity](#)

Receta:

```
Bootstrap: docker
From: centos:centos8
%files
    /data/wgs_image/tools/gatk3.jar /opt/
    /data/wgs_image/tools/gatk4 /opt/
    /data/wgs_image/tools/picard.jar /opt/
    /data/wgs_image/tools/bwa /opt/
    /data/wgs_image/tools/samtools /opt/
    /data/wgs_image/tools/verifyBamID /opt/
    /data/wgs_image/tools/jdk8u265-b01 /usr/lib/jvm/
%post
    yum -y install epel-release
    yum -y install zlib-devel make gcc ncurses-devel bzip2-devel xz-devel
    gcc-c++ openssl-devel R-core python2 python38 git-lfs git
    alternatives --install /usr/bin/java java /usr/lib/jvm/jdk8u265-
b01/bin/java 1
    alternatives --auto java
    ln -s /usr/bin/python3 /usr/bin/python
    cd /opt/bwa
    make
    cd /opt/samtools
    ./configure --prefix=/opt
    make
    make install
    cd /opt/verifyBamID/verifyBamID
    make
    echo '#!/bin/sh' > /opt/bin/picard
    echo 'java -jar /opt/picard.jar $@' >> /opt/bin/picard
    chmod +x /opt/bin/picard
    echo '#!/bin/sh' > /opt/bin/gatk3
    echo 'java -jar /opt/gatk3.jar $@' >> /opt/bin/gatk3
    chmod +x /opt/bin/gatk3
%environment
```

```

export
PATH=$PATH:/opt/gatk4:/opt/bin:/opt/bwa:/opt/verifyBamID/verifyBamID/bin:/usr/lib/jvm/jdk8u265-b01/bin
%files
%post
%test
  picard -h
  exit 0

```

Un poco de explicacion

- *Bootstrap* y *From* indican que para empezar singularity debe bajarse el centos 8 de un hub docker al disco duro.
- *%files* indica que archivos del disco duro local han de copiarse dentro del container y donde
- *%post* es el procedimiento de post install, como si se tratara de una maquina nueva. indica al container las operaciones que han de hacerse. Aqui se instalan paquetes nuevos, se compilan programas, se hacen scripts customized
- *%environment* se usa para fijar cuales son las variables que queremos añadir cuando ejecutemos el container. Aqui se actualiza PATH pero puede ser LD_LIBRARY_PATH o cualquier otra
- *%test* esto solo se usa cuando se construye el container. Son ordenes que se ejecutan cuando se termina de construir y sirven para comprobar que las cosas funcionan bien.

Para construir el container guardo esta receta en un archivo de texto (ejemplo wgs.singularity) y ejecuto,

```
[root@cthulhu wgs_image]# singularity build wgs.sif wgs.singularity
...
...
...
...
```

Usar el container

La manera mas sencilla,

```
[root@cthulhu wgs_image]# singularity run wgs.sif bwa
Program: bwa (alignment via Burrows-Wheeler transformation)
Version: 0.7.17-r1188
Contact: Heng Li <lh3@sanger.ac.uk>

Usage: bwa <command> [options]

Command: index      index sequences in the FASTA format
          mem        BWA-MEM algorithm
          fastmap    identify super-maximal exact matches
          pemerge   merge overlapping paired ends (EXPERIMENTAL)
          aln       gapped/ungapped alignment
          samse    generate alignment (single ended)
          sampe    generate alignment (paired ended)
```

```

bwasw      BWA-SW for long queries

shm        manage indices in shared memory
fa2pac    convert FASTA to PAC format
pac2bwt   generate BWT from PAC
pac2bwtgen alternative algorithm for generating BWT
bwtupdate update .bwt to the new format
bwt2sa     generate SA from BWT and Occ

```

Note: To use BWA, you need to first index the genome with `bwa index'. There are three alignment algorithms in BWA: `mem', `bwasw', and `aln/samse/sampe'. If you are not sure which to use, try `bwa mem' first. Please `man ./bwa.1' for the manual.

Un call mas realista es algo asi,

```
[osotolongo@brick03 wgs]$ singularity run --cleanenv -B /nas:/nas -B /the_dysk:/the_dysk /nas/osotolongo/wgs/bin/wgs.sif samtools index /home/osotolongo/wgs/seq-6/tmp/seq6_sorted.bam
```

Ojo que aqui -B /nas:/nas o -B /the_dysk:/the_dysk no son estrictamente necesarios. Estan puestos para que si se ha de cambiar de entorno se puedan montar las unidades que se montan.

Usando un container ya hecho

```
[root@brick04 build]# singularity build saige.0.43.2.simg
docker://wzhou88/saige:0.43.2
INFO: Starting build...
...
[root@brick04 build]# ls
saige.0.43.2.simg
[root@brick04 build]# cp saige.0.43.2.simg /nas/usr/local/opt/singularity/
```

y ya esta,

```
[osotolongo@brick03 f5cehbi]$ singularity run --cleanenv
/nas/usr/local/opt/singularity/saige.0.43.2.simg step1_fitNULLGLMM.R --help
```

From:
<https://cortafuegos.fundacioace.com/wiki/> - Detritus Wiki

Permanent link:
https://cortafuegos.fundacioace.com/wiki/doku.php?id=cluster:make_container

Last update: **2020/12/17 10:21**

