Nextflow Hands-on

Jacopo Gasparetto



POLICLINICO DI

SANT'ORSOLA

NFN

CLOUD

Workshop on management of distributed resources for genomic communities

29-30 October 2024



dell'Università e della Ricerca











Workshop on management of distributed resources for genomic communities

Data preparation



mkdir workshop && cd workshop curl -0 https://raw.githubusercontent.com/jacogasp/workshopnextflow/refs/heads/main/generate_data.sh chmod +x generate_data.sh ./generate_data.sh data

Il contenuto della cartella dovrebbe essere

ls data A.txt B.txt C.txt D.txt E.txt

Hello, World



Creiamo una cartella che conterrà l'intero progetto Nextflow e chiamiamola pi-workflow

mkdir pi-workflow
cd pi-workflow

Creiamo due file, uno chiamato nextflow.config e uno main.nf.

In nextflow.config inseriamo

// Params
params.data
params.output
// Runners
docker.enabled = true

Workshop on management of distributed resources for genomic communities

Hello, World





Hello, World



Posizioniamoci sopra la cartella pi-workflow e lanciamo Nextflow con il comando

nextflow run pi-workshop --data \$(pwd)/data --output \$(pwd)/results

I parametri definiti in nextflow.config tramite la keyword params vengono passati a Nextflow tramite il *doppio trattino*. Ad esempio, per utilizzare il parametro params.foo, scriveremo

nextflow run my-workflow --foo some_value

Hello, World



L'ouput del run del comando

nextflow run pi-workshop --data \$(pwd)/data --output \$(pwd)/results

dovrebbe essere simile a

NEXTFLOW ~ version 24.04.4

Launching `pi-workshop/main.nf` [friendly_lavoisier] DSL2 - revision: ce254f739d

W O R K S H O P - N E X T F L O W

data directory : /Users/jacopo/pi-ws/data
output directory : /Users/jacopo/pi-ws/results

Main Workflow



In main.nf creiamo il workflow principale tramite la keyword workflow. Continuando sotto log.info aggiungiamo

// log.info \ldots

workflow {
 // everything happens here
}

Main Workflow: Channel.fromPath



Per accedere ai dati input, utilizziamo la funzione Channel.fromPath, la quale genererà una coda di file da sottomettere agli step successivo/i. Utilizziamo la funzione view per mostrare il risultato

```
workflow {
   Channel.fromPath(params.data + "/*.txt") | view
}
```

Lanciamo il workflow con il precedente comando

nextflow run pi-workshop --data \$(pwd)/data --output \$(pwd)/results

Main Workflow: Channel.fromPath



```
workflow {
   Channel.fromPath(params.data + "/*.txt") | view
}
```

Nextflow mostrerà tutti i file con estensione .txt all'interno della cartella data

W O R K S H O P - N E X T F L O W

data directory : /Users/jacopo/pi-ws/data
output directory : /Users/jacopo/pi-ws/results

/Users/jacopo/pi-ws/data/C.txt
/Users/jacopo/pi-ws/data/B.txt
/Users/jacopo/pi-ws/data/A.txt
/Users/jacopo/pi-ws/data/E.txt
/Users/jacopo/pi-ws/data/D.txt

Main Workflow: Channel.fromPath



Possiamo salvare l'output della funzione Channel.fromPath in una variabile usando l'espressione

def nome_variabile = valore

La seguente scrittura sarà equivalente a quello che abbiamo appena scritto

```
workflow {
   def inputs = Channel.fromPath(params.data + "/*.txt")
   inputs | view
}
```



Un *processo* (process) è l'unità funzionale di lavoro che accetta un input e produce un output a in funzione del calcolo che si desidera effettuare. Nel mondo cloud, ogni processo sarà eseguito all'interno di un container Docker, la cui immagine di partenza conterrà il software necessario a svolgere il calcolo.

È buona norma organizzare in processi in file chiamati moduli suddivisi per «argomento logico». Creiamo dunque un cartella chiamata modules e all'interno un file chiamato pi.nf

<u> </u>	main.nf
<u> </u>	modules
İ	└── pi.nf
L	nextflow.config



Nel modulo modules/pi.nf definiamo il processo ComputePi. Il processo prenderà come input un singolo file tra i file di dati (A.txt, B.txt, C.txt, ecc) e come output produrrà un singolo file chiamato pi.txt. Definiamo, inoltre, l'immagine che vogliamo utilizzare per eseguire il processo, in questo caso utilizziamo l'immagine Docker ufficiale di Python 3

```
process ComputePi {
    input:
        path fileName
    output:
        path pi.txt
    container "python:3"
    shell:
        """
        // ... some code
        """
```

}



Nella sezione shell è possibile eseguire qualunque comando bash oppure script in altri linguaggi, ad esempio Python. Nella sezione shell aggiungiamo il seguente script per calcolare Pi greco tramite il metodo Monte-Carlo:

```
process ComputePi {
  // input
 // output...
  shell:
  .....
   #!/usr/local/bin/python
    import random
    with open("${fileName}") as f:
        N = int(f.read())
    inside circle = 0
    for i in range(N):
        x = random.random()
        y = random.random()
        if x * x + y * y < 1:
            inside circle += 1
    pi = 4.0 * inside circle / N
    with open("pi.txt", "w") as f:
        f.write(str(pi))
  ......
```



Lo script legge il contenuto del file passato in input (in questo caso un numero intero) e scrive su file il valore calcolato di Pi Greco in funzione del numero N di iterazioni contenuto nel file di input.

```
process ComputePi {
  // input
  // output...
  shell:
  .....
   #!/usr/local/bin/python
    import random
    with open("${fileName}") as f:
        N = int(f.read())
    inside circle = 0
    for i in range(N):
        x = random.random()
        y = random.random()
        if x * x + y * y < 1:
            inside circle += 1
    pi = 4.0 * inside circle / N
    with open("pi.txt", "w") as f:
        f.write(str(pi))
  .....
```



Nel file main.nf, includiamo il processo ComputePi dal modulo pi. Alla prima riga aggiungiamo

include { ComputePi } from './modules/pi'

Dentro il workflow chiamiamo il processo ComputePi passandogli come argomento il channel inputs, e stampiamo il risultato a schermo

```
workflow {
   def inputs = Channel.fromPath(params.data + "/*.txt")
   ComputePi(inputs) | view
}
```



Lanciamo il workflow con il solito comando

nextflow run pi-workshop --data \$(pwd)/data --output \$(pwd)/results

L'output sarà del tipo

executor > local (5)
[f7/8276c4] ComputePi (5) | 5 of 5 ✓
/Users/jacopo/pi-ws/work/d5/c481a14ded426dd035af5aa90bc28b/pi.txt
/Users/jacopo/pi-ws/work/0a/25151cf2bc94be2bb0a868cf508c15/pi.txt
/Users/jacopo/pi-ws/work/ad/c99b2bce572ef790f6abd5acbb179d/pi.txt
/Users/jacopo/pi-ws/work/65/be8efc63864d57d2a342256c2ad16a/pi.txt
/Users/jacopo/pi-ws/work/f7/8276c42124877f8639fed231987a5d/pi.txt



executor > local (5)
[f7/8276c4] ComputePi (5) | 5 of 5 ✓
/Users/jacopo/pi-ws/work/d5/c481a14ded426dd035af5aa90bc28b/pi.txt
/Users/jacopo/pi-ws/work/0a/25151cf2bc94be2bb0a868cf508c15/pi.txt
/Users/jacopo/pi-ws/work/ad/c99b2bce572ef790f6abd5acbb179d/pi.txt
/Users/jacopo/pi-ws/work/65/be8efc63864d57d2a342256c2ad16a/pi.txt
/Users/jacopo/pi-ws/work/f7/8276c42124877f8639fed231987a5d/pi.txt

Nextflow ha lanciato 5 processi identici, uno per ogni file di input (A.txt, B.txt, C.txt, D.txt, E.txt e F.txt) e ha prodotto un file pi.txt ciascuno. Se guardiamo il contenuto di uno di questi file troviamo il nostro risultato

cat /Users/jacopo/pi-ws/work/d5/c481a14ded426dd035af5aa90bc28b/pi.txt
3.1442247658688864



A partire da 5 file di input abbiamo creato 5 risultati di output (relazione one-to-one) utilizzando il parallelismo di 5 processi. Ora vogliamo prendere questi 5 risultati e passarli come singolo input ad un processo che ne fa la media e ritorna il risultato.

Nota: ci sono innumerevoli modi per fare questa cosa, ad esempio gli operatori map, flatMap, reduce ecc. Per una conoscenza approfondita degli operatori fare riferimento alla guida ufficiale https://www.nextflow.io/docs/latest/reference/operator.html

executor > local (5)
[f7/8276c4] ComputePi (5) | 5 of 5 ✓
/Users/jacopo/pi-ws/work/d5/c481a14ded426dd035af5aa90bc28b/pi.txt
/Users/jacopo/pi-ws/work/0a/25151cf2bc94be2bb0a868cf508c15/pi.txt
/Users/jacopo/pi-ws/work/ad/c99b2bce572ef790f6abd5acbb179d/pi.txt
/Users/jacopo/pi-ws/work/65/be8efc63864d57d2a342256c2ad16a/pi.txt
/Users/jacopo/pi-ws/work/f7/8276c42124877f8639fed231987a5d/pi.txt



Aggiungiamo in coda ComputePi(inputs) l'operatore collectFile. Come dice il nome, l'operatore colleziona tutti i file generati dalle 5 esecuzioni di ComputePi() e scrive i risultati in un unico file di testo, chiamato anch'esso pi.txt. Il parametro newLine indica che il risultato di ogni processo sarà scritto in una nuova riga.

```
workflow {
   def inputs = Channel.fromPath(params.data + "/*.txt")
   def results = ComputePi(inputs).collectFile(name: "pi.txt", newLine: true)
   results | view
}
```



Eseguendo il workflow troviamo

executor > local (5)
[1e/fa7866] ComputePi (5) | 5 of 5 √
/Users/jacopo/pi-ws/work/tmp/f2/5ba06b66fdfee790ff92ebfaafec16/pi.txt

e ispezionando il contenuto del file

cat /Users/jacopo/pi-ws/work/tmp/f2/5ba06b66fdfee790ff92ebfaafec16/pi.txt
3.1624713958810067
3.1489698890649764
3.088865764828304
3.124588002636783
3.1569581537606006



All'interno del modulo pi.nf, creiamo un nuovo processo chiamato Avg. Il processo prende in ingresso il singolo file pi.txt contenente i risultati, come output restituisce la media degli N valori. In questo caso non andremo a scrivere il risultato su un file ma direttamente in standard output.

```
process Avg {
    input:
        path fileName
    output:
        stdout
    container "python:3"
    shell:
        """
    #!/usr/local/bin/python
    with open("${fileName}") as f:
        arr = [float(x) for x in f.readlines()]
    pi = sum(arr) / len(arr)
    print(pi)
    """
```



Includiamo il processo Avg all'interno del file main.nf

```
include { ComputePi; Avg } from './modules/pi'
```

e invochiamolo all'interno del workflow

```
workflow {
   def inputs = Channel.fromPath(params.data + "/*.txt")
   def results = ComputePi(inputs).collectFile(name: "pi.txt", newLine: true)
   Avg(results) | view
}
```



Eseguiamo il workflow e come output troveremo

```
executor > local (6)
[11/b52fe9] ComputePi (5) | 5 of 5 ✓
[61/0c2112] Avg (1) | 1 of 1 ✓
3.141324446513296
```

Pubblicazione dell'output



Nonostante si potrebbe salvare il risultato finale direttamente nella processo Avg(), per didattica ed esercizio di questo workshop creiamo un terzo processo la cui unica funzione è prendere il risultato in output di Avg e *pubblicarlo* nella cartella di destinazione.

Creiamo dunque un nuovo processo all'interno del modulo pi.nf chiamato SaveResult

```
process SaveResult {
    input:
        val pi
    publishDir params.output, mode: 'copy', overwrite: true
    container "python:3"
    output:
        path "pi.txt"
    shell:
        """
    echo "${pi}" >> pi.txt
    """
}
```

Pubblicazione dell'output



```
process SaveResult {
    input:
        val pi
    publishDir params.output, mode: 'copy', overwrite: true
    container "python:3"
    output:
        path "pi.txt"
    shell:
        """
        echo "${pi}" >> pi.txt
        """
}
```

Notiamo che questa volta il nostro input non è un file, bensì un *valore*. Utilizziamo invece la direttiva publishDir per pubblicare il nostro risultato nella cartella di destinazione identificata dal parametro params.output.



Includiamo il processo SaveResult all'interno del file main.nf

include { ComputePi; Avg; SaveResult } from './modules/pi'

e invochiamolo all'interno del workflow

```
workflow {
  def inputs = Channel.fromPath(params.data + "/*.txt")
  def results = ComputePi(inputs).collectFile(name: "pi.txt", newLine: true)
  def pi = Avg(results)
  SaveResult(pi)
}
```



Dopo aver lanciato il workflow troviamo

```
data directory : /Users/jacopo/pi-ws/data
output directory : /Users/jacopo/pi-ws/results
executor > local (7)
[5b/2f4937] ComputePi (5) | 5 of 5 ✓
[b0/8700ba] Avg (1) | 1 of 1 ✓
[cf/d9f2e1] SaveResult (1) | 1 of 1 ✓
```

e in /Users/jacopo/pi-ws/results troviamo il file finale

cat /Users/jacopo/pi-ws/results/pi.txt

3.1245344250724285

Bonus



La sintassi di Nextflow/Groovy permette scritture alternative che possono generare confusione. Invece di *definire* (def) l'output delle funzioni/processi tramite variabili, si possono concatenare i processi tramite l'operatore "|"

Ad esempio, il workflow

```
workflow {
   def inputs = Channel.fromPath(params.data + "/*.txt")
   def results = ComputePi(inputs).collectFile(name: "pi.txt", newLine: true)
   def pi = Avg(results)
   SaveResult(pi)
}
```

si può scrivere nella forma

```
workflow {
   Channel.fromPath(params.data + "/*.txt") |
   ComputePi | collectFile(name: "pi.txt", newLine: true) |
   Avg | SaveResult
```



Nextflow on K8S



Workshop on management of distributed resources for genomic communities

nextflow.conf



Editiamo il file nextflow.conf per preparalo per lavorare con Kubernetes.Creiamo due profili, uno standard per eseguire il workflow in locale con Docker, e un profilo chiamato k8s per in chiediamo che i processi vengano eseguiti sul cluster

```
// Params
params.data
params.output
// Runners
docker.enabled = true
// Profiles
profiles {
  standard {
    process.executor = 'local'
  k8s { // custom name!
    process.executor = 'k8s'
```

nextflow.conf



Sempre nel file nextflow.conf, aggiungiamo i mount point dei volumi che verranno montanti all'interno dei pod

```
// Kuberetes
k8s.pod = [
   [volumeClaim: "pvc-input", mountPath: "/input/data"],
   [volumeClaim: "pvc-work", mountPath: "/work/nextflow"],
   [volumeClaim: "pvc-output", mountPath: "/output/results"],
]
```

Per concludere, aggiungiamo le informazioni sul namespace, context e user account da utilizzare, e la flag debug.yaml per persistere la configurazione utilizzata da Nextflow per generare i pod

```
k8s {
   namespace = "nextflow"
   context = "sorsola"
   serviceAccount = "nextflow-sa"
   debug.yaml = true
```

Driver pod - Generale



Per poter lanciare sul cluster, è necessario generare un manifest Kuberentes contente il comando Nextflow da eseguire e i volumi, service account e segreti da associare. Creiamo dunque un file chiamato k8s-run.yaml. La risorsa che vogliamo creare sarà di tipo Pod e come metadata gli associamo un nome a piacere e gli assegniamo il namespace nextflow

apiVersion: v1
kind: Pod
metadata:
 name: wf-workshop-change-me
 namespace: nextflow

Driver pod - Spec



Definiamo ora le specifiche nel campo spec. Assegniamo il service account nextflow-sa e ettiamo Never come restart policy.

```
// metadata:
// ...
spec:
   serviceAccountName: nextflow-sa
   restartPolicy: Never
   volumes: ...
   containers: ...
```

Driver pod - Volumes



Nella sezione volumes definiamo tre volumi di tipo persistantVolumeClaim, un volume di input contente i dati, un volume di work e un volume di output per salvare i risultati

spec:

volumes:

- name: input-vol
 persistentVolumeClaim:
 claimName: pvc-input
- name: output-vol
- persistentVolumeClaim:
 - claimName: pvc-output
- name: work-vol
 - persistentVolumeClaim:
 - claimName: pvc-work

- # nome di fantasia
- # nome del Persistent Volume Claim definito nel cluster

Driver pod – Containers 1.



Nella sezione containers definiamo un solo container basato sull'immagine custom di Nextflow.

Settiamo la working directory del container nella stessa cartella di work (/work/nextflow) così di eseguire il processo nextflow all'interno di questa cartella; in questo modo Nextflow sarà in grado di salvare la cache all'interno di /work/nextflow/.nextflow

```
spec:
containers:
    name: nextflow
    image: gitlab-sorsola-integration.cnaf.infn.it:4567/sorsola/docker-images/nextflow
    imagePullPolicy: Always
    workingDir: "/work/nextflow/my-workflow"
    args: [ ... ]
    volumeMounts: ...
```

La direttiva imagePullPolicy: Always ci garantisce di utilizzare sempre l'ultima immagine disponibile, se non già scaricata sul nodo del cluster.

Driver pod – Containers 2.



Scriviamo nella sezione args tutto il comando che vogliamo eseguire sotto forma di lista di argomenti. Ricordiamo che un "-" rappresenta un parametro nativo di Nextflow, mentre due "--" rappresentano un parametro custom che abbiamo definito in nextflow.config.

```
spec:
containers:
    name: nextflow
    # ...
    args: [
        "nextflow", "run",
        "jacogasp/workshop-nextflow", "-r", "main", # repo, branch (revision) "main"
        "jacogasp/workshop-nextflow", "-r", "main", # repo, branch (revision) "main"
        "-profile", "k8s", # profile defined in nextflow.conf
        "-w", "/work/nextflow/my-workflow ", # nextflow's workdir
        "--data", "/input/data/workshop",
        "--output", "/output/results/workshop",
        "-resume" # resume workflow if any cache is found
```

Driver pod – Containers 3.



Come ultima cosa, è necessario montare i persistent volume claim che abbiamo definito in spec.volumes all'interno del container. I mountPath sono definiti dall'architettura di rete NFS del cluster e possono essere variati solo dall'amministratore.

spec:
containers:
- name: nextflow
#
volumeMounts:
- name: input-vol
<pre>mountPath: "/input/data"</pre>
- name: work-vol
<pre>mountPath: "/work/nextflow"</pre>
- name: output-vol
<pre>mountPath: "/output/results"</pre>

```
apiVersion: v1
kind: Pod
metadata:
  name: wf-workshop-change-me
  namespace: nextflow
spec:
  serviceAccountName: nextflow-sa
  restartPolicy: Never
  volumes:
    - name: input-vol
      persistentVolumeClaim:
        claimName: pvc-input
    - name: output-vol
      persistentVolumeClaim:
        claimName: pvc-output
    - name: work-vol
      persistentVolumeClaim:
        claimName: pvc-work
  containers:
    - name: nextflow
      image: gitlab-sorsola-integration.cnaf.infn.it:4567/sorsola/docker-images/nextflow
      imagePullPolicy: Always
      workingDir: "/work/nextflow/change-me"
      args: [
        "nextflow", "run",
        "jacogasp/workshop-nextflow", "-r", "main",
        "-profile", "k8s",
        "-w", "/work/nextflow/my-workflow ",
        "--data", "/input/data/workshop",
        "--output", "/output/results/workshop",
        "-resume"
      volumeMounts:
        - name: input-vol
          mountPath: "/input/data"
        - name: work-vol
          mountPath: "/work/nextflow"
        - name: output-vol
          mountPath: "/output/results"
```

Esecuzione su Kubernetes



Per lanciare il workflow sul cluster

```
token=$(oidc-token sorsola)
alias k="kubectl token=$token -n nextflow"
k apply -f k8s-run.yaml
```

Per monitorare lo stato del work flow

```
k get po
k logs -f wf-workshop-change-me
k exec <pod-name> -it -- bash
// oppure
k9s --token=$token
```

https://monitoring-sorsola-integration.cnaf.infn.it