

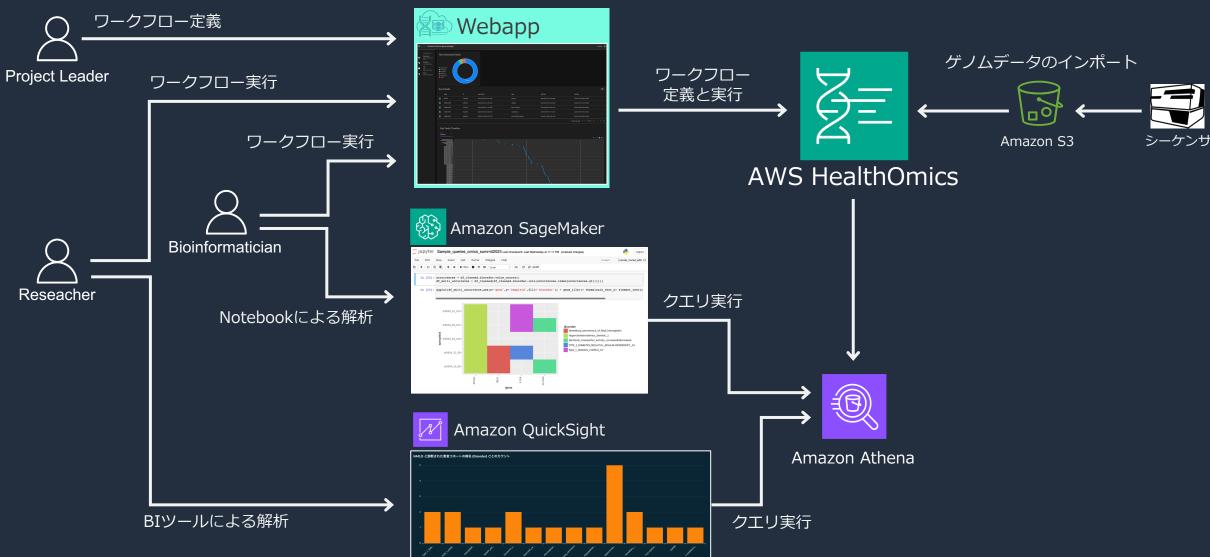
マルチオミクス解析 Demo

- ゲノムデータ解析処理を簡単実行 [AWS HealthOmics]
- 多様なユーザーによるオミクスデータ分析
- 試行錯誤のワークフロー実行

Amazon Web Services Japan

Demo Overview

WebappとAWS HealthOmicsによるゲノムデータの大規模計算とAWSサービスを利用した解析デモのご紹介



Agenda

- 1. オミクス解析における AWS 活用シチュエーション
 - AWS HealthOmics WebApp 利用に関する全体像とデモスコープ
 - 想定ユーザーごとの WebApp 利用シチュエーション
 - Bioinformatician がユーザーの場合
 - Researcher がユーザーの場合
- 2. オミクス解析ワークフロー実行パート
 - AWS HealthOmics Webappを通して簡単実行
 - 入力となるオミクスデータ生成後の自動実行
- 3. オミクスデータ分析パート
 - ノートブックでの分析 by Amazon SageMaker
 - ダッシュボードを使った分析 by Amazon QuickSight
- 4. オミクス解析ワークフロー開発パート

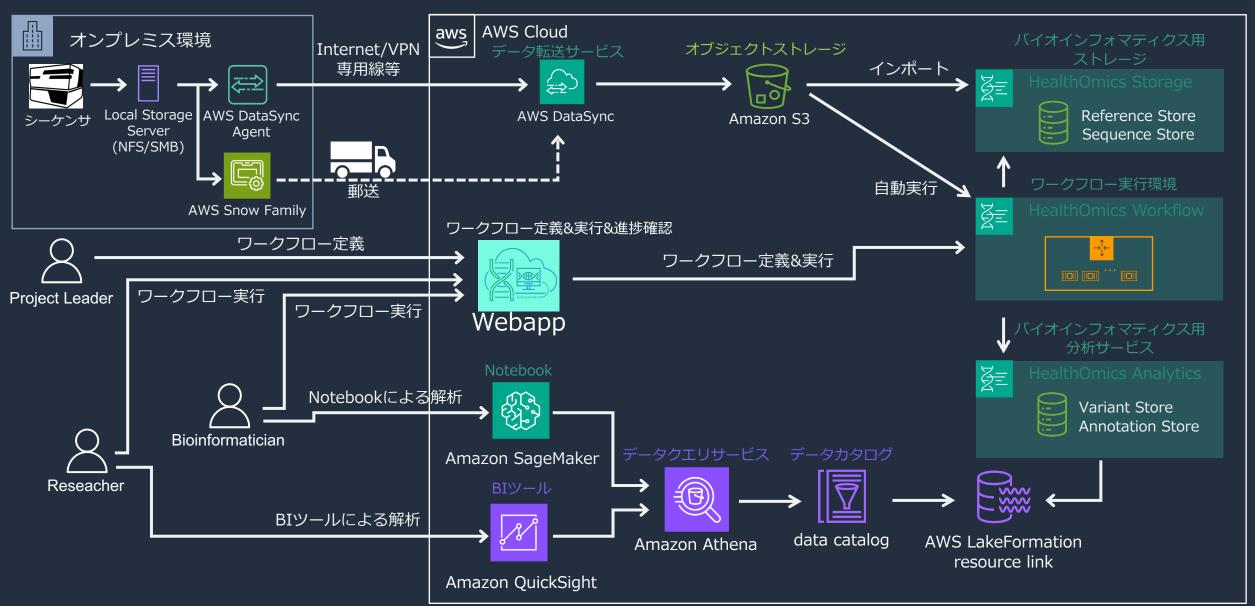


Agenda

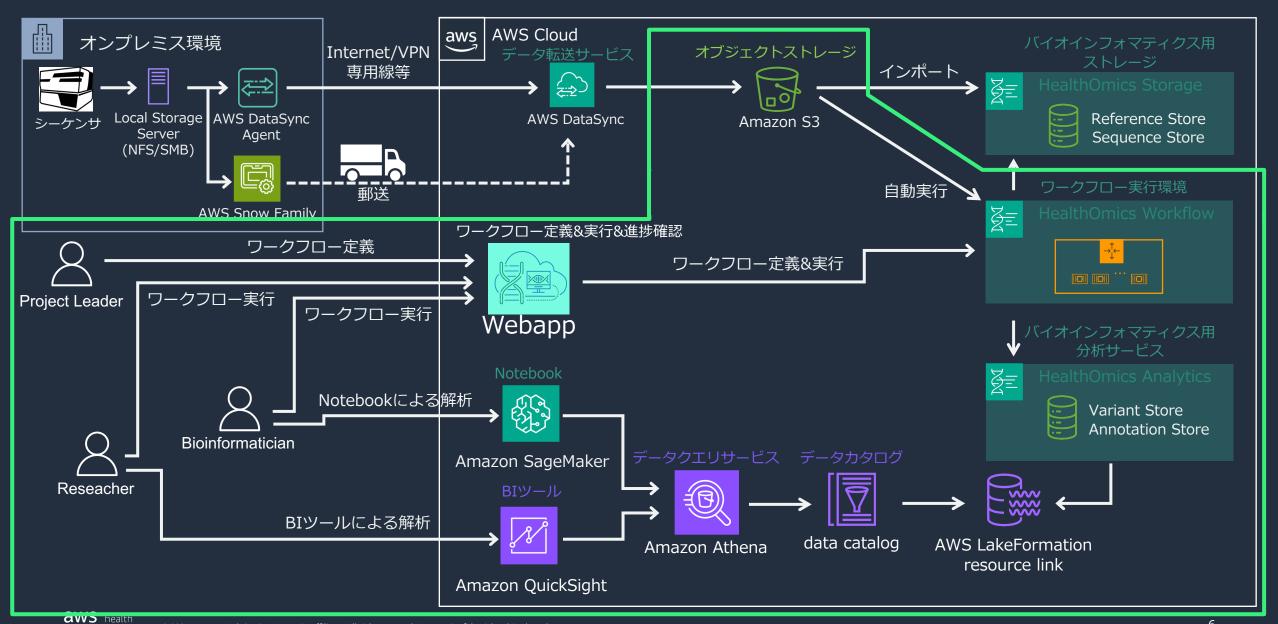
- 1. オミクス解析における AWS 活用シチュエーション
 - AWS HealthOmics WebApp 利用に関する全体像とデモスコープ
 - 想定ユーザーごとの WebApp 利用シチュエーション
 - Bioinformatician がユーザーの場合
 - Researcher がユーザーの場合
- 2. オミクス解析ワークフロー実行パート
 - AWS HealthOmics Webappを通して簡単実行
 - 入力となるオミクスデータ生成後の自動実行
- 3. オミクスデータ分析パート
 - ノートブックでの分析 by Amazon SageMaker
 - ダッシュボードを使った分析 by Amazon QuickSight
- 4. オミクス解析ワークフロー開発パート



AWS HealthOmics Webapp 利用想定シチュエーション Overview



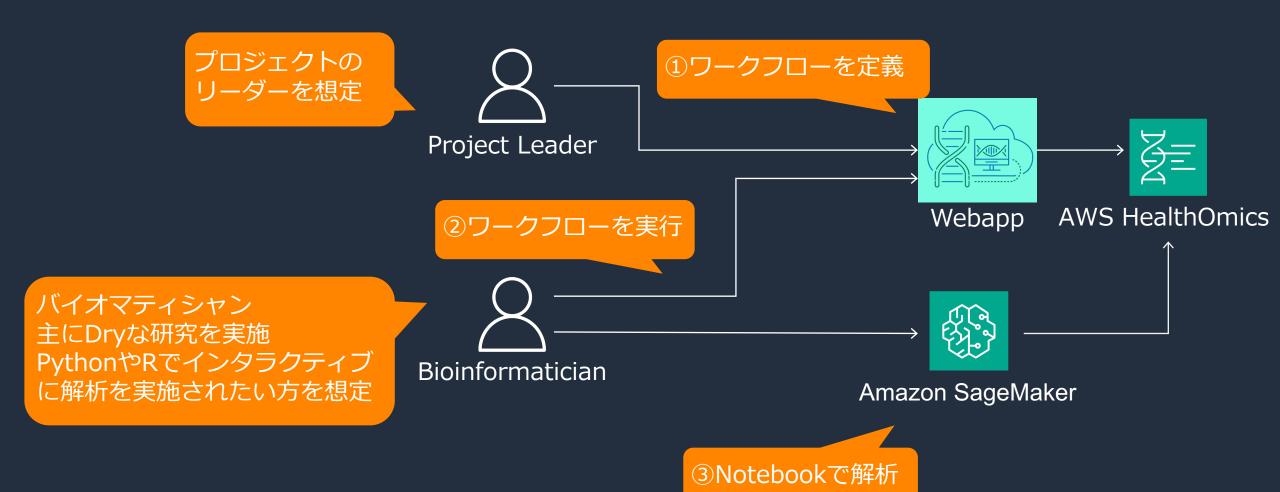
AWS HealthOmics Webapp 利用想定シチュエーション Overview 今回の実演デモ



想定ユーザーごとの利用シチュエーション



想定ユーザーごとの WebApp 利用シチュエーション Bioinformatician がユーザーの場合





想定ユーザーごとの WebApp 利用シチュエーション

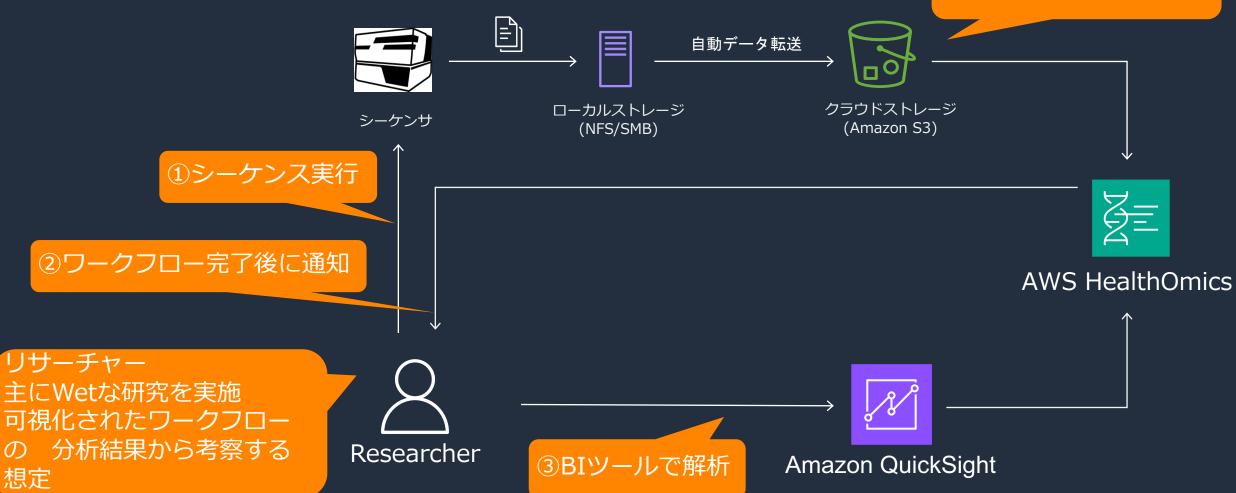
Researcher がユーザーの場合 A: Webapp のみでワークフロー実行・確認



想定ユーザーごとの WebApp 利用シチュエーション

Researcher がユーザーの場合 B: データ生成後に自動実行

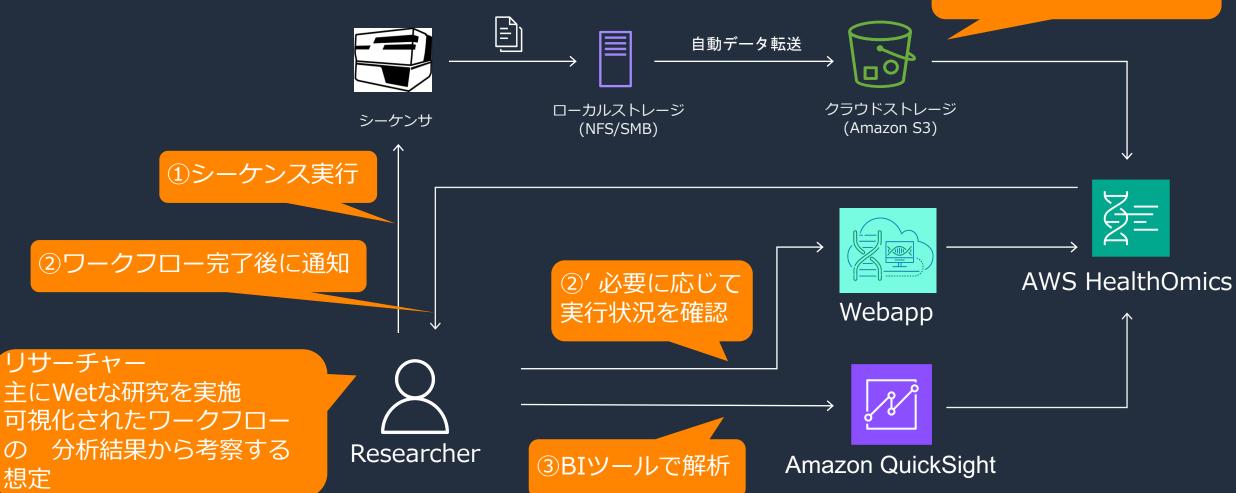
データアップロード後に ワークフローを自動実行



想定ユーザーごとの WebApp 利用シチュエーション

Researcher がユーザーの場合 B: データ生成後に自動実行

データアップロード後に ワークフローを自動実行



Agenda

- 1. オミクス解析における AWS 活用シチュエーション
 - AWS HealthOmics WebApp 利用に関する全体像とデモスコープ
 - 想定ユーザーごとの WebApp 利用シチュエーション
 - Bioinformatician がユーザーの場合
 - Researcher がユーザーの場合
- 2. オミクス解析ワークフロー実行パート
 - AWS HealthOmics Webappを通して簡単実行
 - 入力となるオミクスデータ生成後の自動実行
- 3. オミクスデータ分析パート
 - ノートブックでの分析 by Amazon SageMaker
 - ダッシュボードを使った分析 by Amazon QuickSight
- 4. オミクス解析ワークフロー開発パート



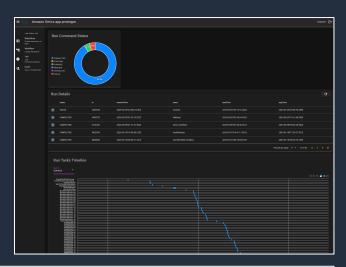
AWS HealthOmics Webapp のご紹介

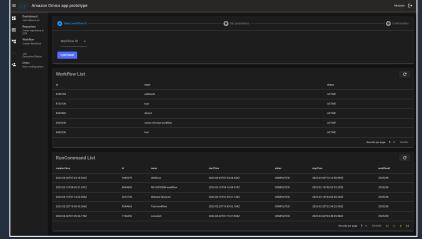




- バイオインフォマティクスに関わるバイオインフォマティシャンや リサーチャーのためのウェブアプリ
- AWS HealthOmics ワークフローをウェブアプリから操作可能
- 実行中のワークフローのステータスをチャートとテーブルで視覚化
- プロジェクトリーダーは、メンバー作成したり グループに追加したりして管理することが可能
- aws-samplesにオープンソースとして提供

GitHub - aws-samples/amazon-omics-webapp-integrations https://github.com/aws-samples/amazon-omics-webapp-integrations



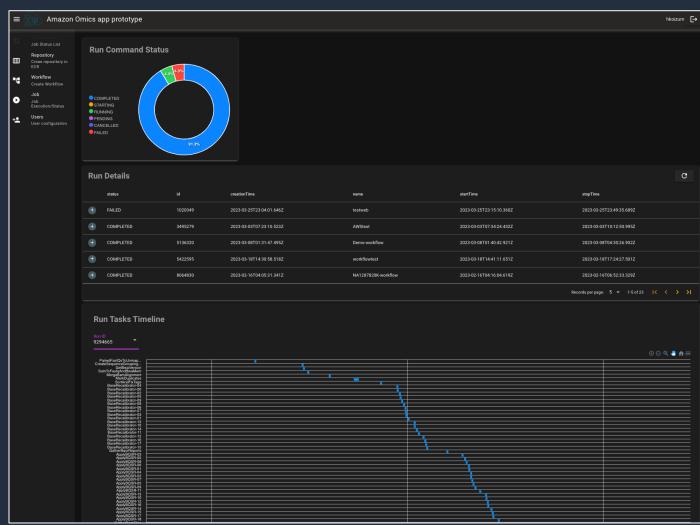






ダッシュボード

- 実行中のワークフローにおける Run Command ステータスのチャート
- Run Command の詳細を表示
- 各タスクをタイムラインで表示

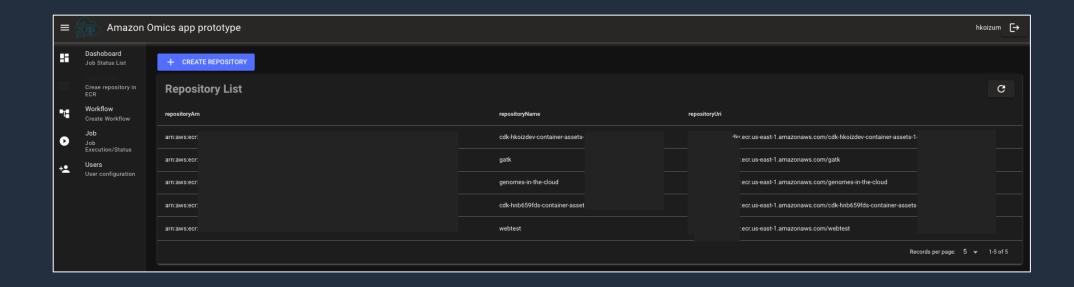






リポジトリ

- ECRにコンテナリポジトリを作成し、ワークフロー実行環境のコンテナイメージをプッシュ可能
- コンテナリポジトリー覧を表示

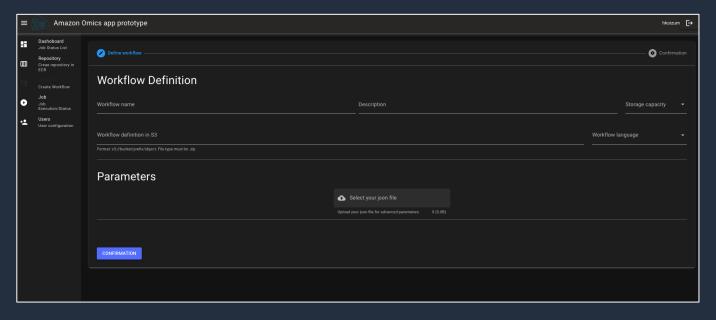






独自ワークフローの定義

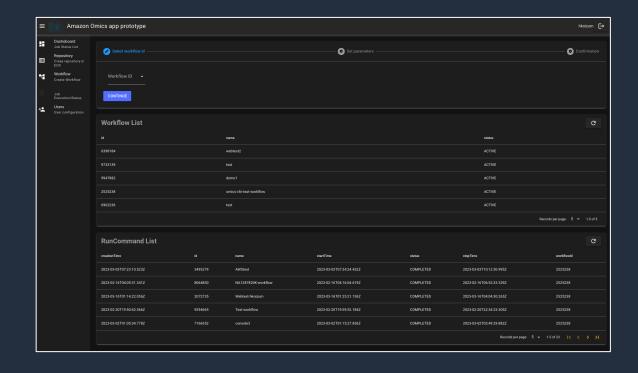
- S3バケットにアップロードしたワークフローの定義ファイルを指定してワークフローを定義可能
- 必要なストレージ容量やワークフロー言語を指定
- パラメーター定義はJSONで定義したファイルをアップロード可能





|ジョブ|

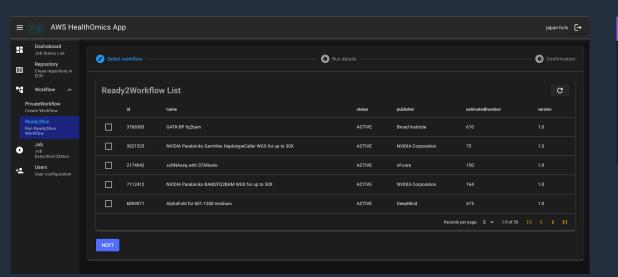
- 定義済みワークフローを指定してジョブを実行可能
- パラメーターはJSONで定義したファイルをアップロード可能





事前構築済みワークフローの実行

• 36 の事前定義済みのワークフロー(Ready2Run ワークフロー)の実行が可能



GATK best practice pipelines

GATK BP germline fq2vcf for 30x

GATK BP FASTQ to BAM

GATK BP Germline BAM to VCF for 30x

GATK BP Somatic WES

GATK BP Somatic WGS

Single cell transcriptomic analysis

scRNAseq with STARsolo

scRNAseg with Kallisto + BUStools

scRNAseq with Salmon Alevin-fry + AlevinQC

Protein folding prediction

ESMFold for up to 800 residues

AlphaFold + MSA for up to 600 residues

AlphaFold + MSA for 601–1200 residues



Element Biosciences

ElementBio Bases2Fastq for 2x75

ElementBio Bases2Fastq for 2x150

ElementBio Bases2Fastq for 2x300

Sentieon

Sentieon Inc.

Sentieon Germline DNAseq FASTQ WGS& WES

Sentieon Somatic WGS & WES

Sentieon LongRead for PacBio HiFi

Sentieon LongRead for ONT

Sentieon Germline DNAseq BAM WES & WGS



NVIDIA

NVIDIA Germline (DeepVariant)

NVIDIA Germline (Haplotype Caller)

NVIDIA BAM2FQ2BAM

NVIDIA FQ2BAM

NVIDIA Somatic WGS & WES





ユーザー管理(admin group only)

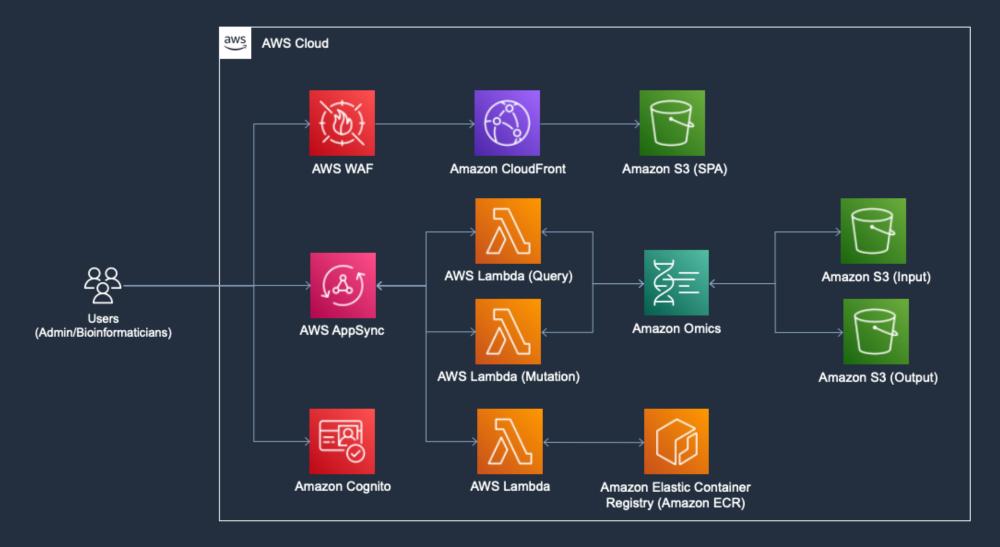
- admin groupに所属するプロジェクトリーダーはユーザー管理が可能
- ユーザーをグループを指定して追加したり削除したりすることが可能





AWS HealthOmics Webapp のアーキテクチャ







データ生成後の自動実行



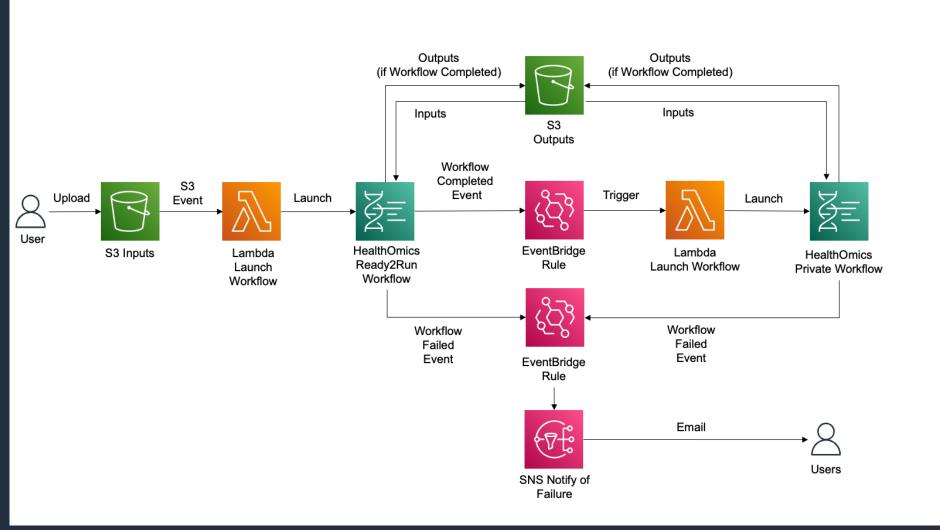
サービスを組み合わせることで便利な自動実行も可能に

例えば・・

- 1. シーケンサからオミクスデータのファイルをローカルストレージに出力
- 2. ローカルストレージのファイルをクラウド上のストレージに自動転送
- 3. データ転送をトリガーに、変異解析ワークフローを自動実行
- 4. 変異解析ワークフローが完了したら、独自のワークフローを実行
- 5. 実行結果をストレージに保存したり、連携先のサービスに自動インポート
- 6. ワークフローが成功/失敗した場合はユーザーに通知



サンプル実装のアーキテクチャ



解説ブログ: <a href="https://aws.amazon.com/jp/blogs/industries/designing-an-event-driven-architecture-for-bioinformatics-workflows-using-aws-healthomics-and-amazon-eventbridge/yースコード: https://github.com/aws-samples/aws-healthomics-eventbridge-integration



Agenda

- 1. オミクス解析における AWS 活用シチュエーション
 - AWS HealthOmics WebApp 利用に関する全体像とデモスコープ
 - 想定ユーザーごとの WebApp 利用シチュエーション
 - Bioinformatician がユーザーの場合
 - Researcher がユーザーの場合
- 2. オミクス解析ワークフロー実行パート
 - AWS HealthOmics Webappを通して簡単実行
 - 入力となるオミクスデータ生成後の自動実行
- 3. オミクスデータ分析パート
 - ノートブックでの分析 by Amazon SageMaker
 - ダッシュボードを使った分析 by Amazon QuickSight
- 4. オミクス解析ワークフロー開発パート



AWS HealthOmics を利用した解析

AWS Blog のシナリオをもとに作成

Part 2: Amazon Omics を使用したゲノミクスデータの保管と分析のエンドツーエンド自動化 | Amazon Web Services ブログ https://aws.amazon.com/jp/blogs/news/automated-end-to-end-genomics-data-storage-and-analysis-using-amazon-omics/

・利用データ

- AWS Data Exchange で利用可能な Ovation Dx 非アルコール性脂肪肝疾患 (NAFLD) のサンプル データセット (5 サンプル)
- ClinVar のバリアントアノテーション

このシナリオで得られるインサイト

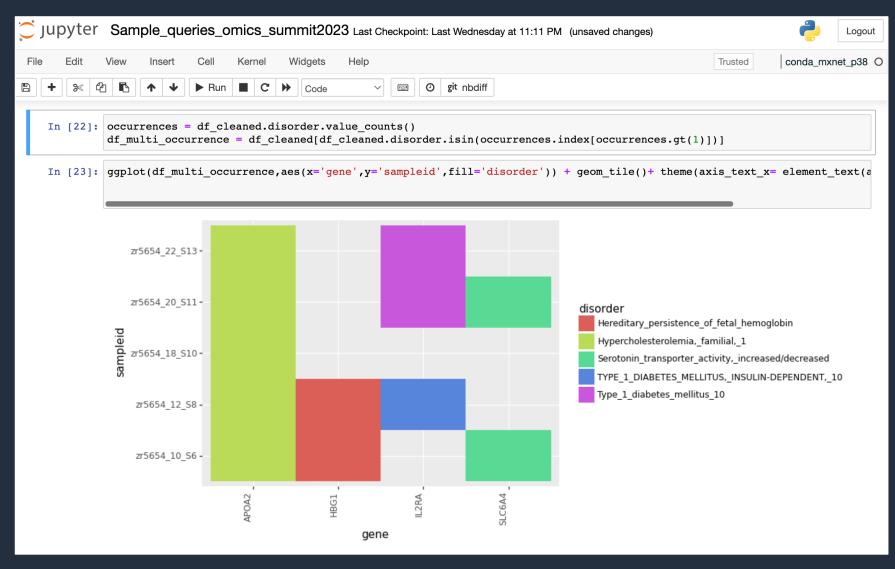
- すべてのNAFLD患者が家族性高コレステロール血症のリスクを高める APOA2 遺伝子のバリアント を持っていること
- NAFLD患者の何人かは Type-1 Diabetes (1型糖尿病) に罹患しやすくなるバリアントも持っていること



補足: HealthOmics Analytics のメリット

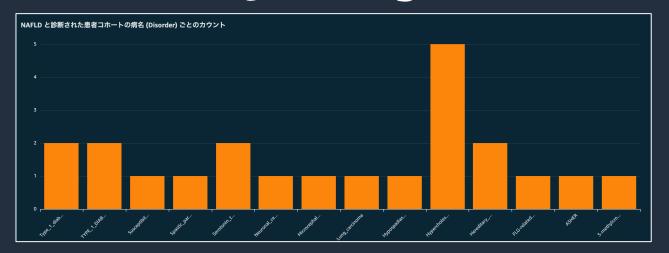


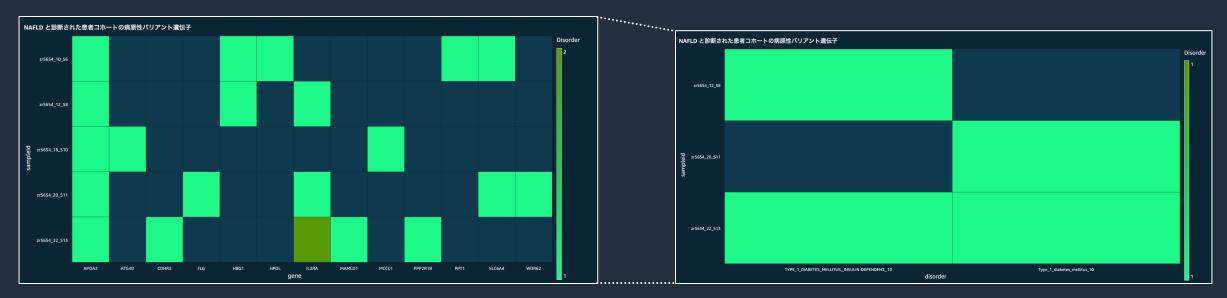
Amazon SageMaker Notebook を利用した解析





Amazon QuickSight を利用した解析







Agenda

- 1. オミクス解析における AWS 活用シチュエーション
 - AWS HealthOmics WebApp 利用に関する全体像とデモスコープ
 - 想定ユーザーごとの WebApp 利用シチュエーション
 - Bioinformatician がユーザーの場合
 - Researcher がユーザーの場合
- 2. オミクス解析ワークフロー実行パート
 - AWS HealthOmics Webappを通して簡単実行
 - 入力となるオミクスデータ生成後の自動実行
- 3. オミクスデータ分析パート
 - ノートブックでの分析 by Amazon SageMaker
 - ダッシュボードを使った分析 by Amazon QuickSight
- 4. オミクス解析ワークフロー開発パート



解析パイプラインをどの環境で開発するか

パイプライン環境	Pros	Cons	ツール/サービス例
オンプレミス環境	手軽さパイプライン実装の柔軟性 (ワークフロー言語, シェルス クリプト, etc)	計算リソース/ストレージの制限→処理時間の長期化や解析データサイズ制限	ローカルPCオンプレミスの 開発用サーバー
クラウドのコンピュー ティングリソース	スケーラビリティパイプライン実装の柔軟性 (ワークフロー言語, シェルス クリプト, etc)環境構築と削除の高速化	学習コスト非定型ワークフロー(試行 錯誤の段階)での柔軟性	・ クラウドサービス (e.g. AWS ParallelCluster, AWS Batch, AWS HealthOmics)
クラウドのワークフローサービス	 スケーラビリティ GUIベースで実装 環境構築と削除の高速化 失敗タスクからのリトライや ユニットテスト (シングルタスクテスト) 	 学習コスト タスクによる環境制限の可能性(実行時間、パッケージ容量など) パラメーター受け渡しの工夫(リトライ処理) 	AWS Step Functions

AWSのスケーラブルなゲノム解析環境



AWS ParallelCluster

オープンソースの クラスタ管理ツール

- ジョブスケジューラと連動し 、ジョブに応じたインスタン ス起動・停止が可能
- 既存ジョブスケジューラ環境 からの移行が容易



AWS Batch

AWS独自のフルマネージドな ジョブスケジューラ

- ジョブをコンテナとして定義 することで、ジョブに応じた インスタンス起動・停止が可 能
- 実行処理をコンテナ化している場合は移行が容易



AWS HealthOmics

ゲノム解析特化型 ソリューション

- ゲノム用ストレージ、解析環境、分析環境を提供し、オミクスデータからインサイトを得ることが可能
- 事前定義済みワークフローの 提供
- WDL, Nextflow, CWLのワークフローからの移行が容易



AWSのワークフローサービスで分析パイプライン構築



AWS Step Functions 実験的な試行錯誤ワークフロー

- 250以上のAWSサービスと統合されており、ワークフローから各サービスのAPIアクションを実行可能
- 特定タスク(State)をテスト可能 TestState API*1
- 途中失敗したタスクからの再実行が 可能

Redrive



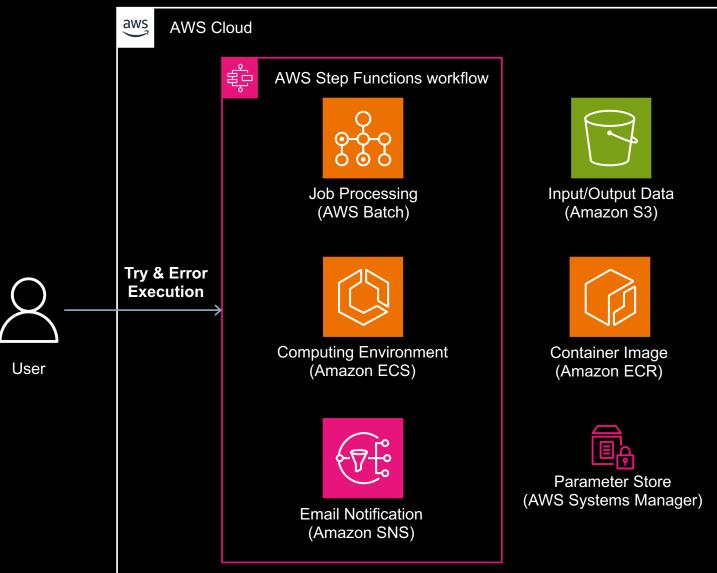
AWS HealthOmics 定型ワークフロー

- WDL, Nextflow, CWLのワークフローが実行可能
 Private workflows
- 事前定義済みワークフローも実行可能Ready2Run workflows

*1: TestState API does not support '.sync' integration patterns



Expression analysis with AWS Step Functions



Demo scenario: Variant calling

- Reference: hg38
- Pipeline:
 QC -> Alignment -> Sort ->
 MarkDuplicates -> Index -> Variant calling
- Test single task : TestState API
- Retry workflow from failure: Redrive

Demo enviroment deployment

 sst/ion (Pulumi), not AWS CDK https://github.com/sst/ion



Thank you!