実験から論文までのNGS解析サービス

株式会社セルイノベーター
土井 淳

〒812-8582 福岡市東区馬出3-1-1
九州大学コラボ・ステーションI
共同実験室4-1

http://www.cell-innovator.com/jp/

cell innovator

株式会社セルイノベーター

- 九州大学発ベンチャー
  - 九州大学コラボ・ステーションI 共同実験室4-1

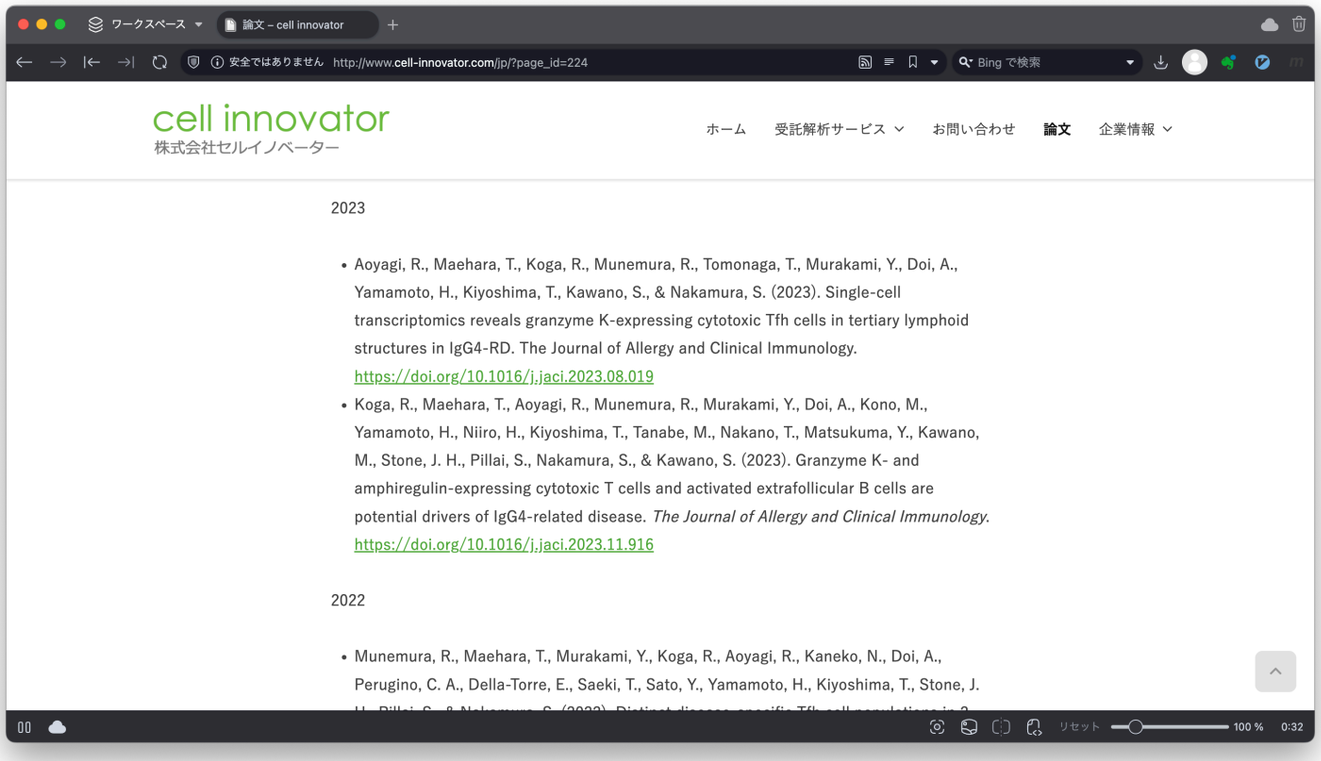
- 実験から論文までをサポート
  - 実験：サンプル回収時のご相談から、RNA抽出などに対応。
  - 論文まで：ボルケーノプロットやヒートマップなど、論文のフィギュアの作成、マテメソの記述、GEOへのデータ登録もサポート。
- 自社設備として、 DNBSEQ を所有。
  - サンプル数が多い場合、お得なレーン買切りプラン。

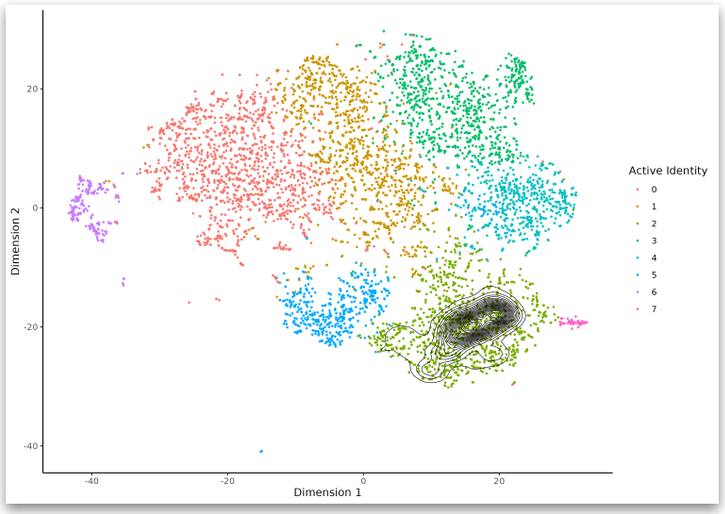
cell innovator

相談の例

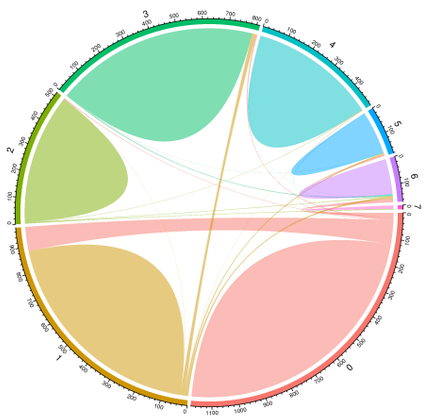
- 実験について
  - サンプル回収がうまくいかない
  - RNA が分解している
  - 試薬に何を使ったらいいか
- データ解析
  - 発現変動遺伝子の結果から、何をすべきか？
    - エンリッチメント解析（GO 解析、GSEA 解析）
    - パスウェイ解析
  - ゲノム配列の決定（糸状菌など）

実験から論文までのトータルサポート



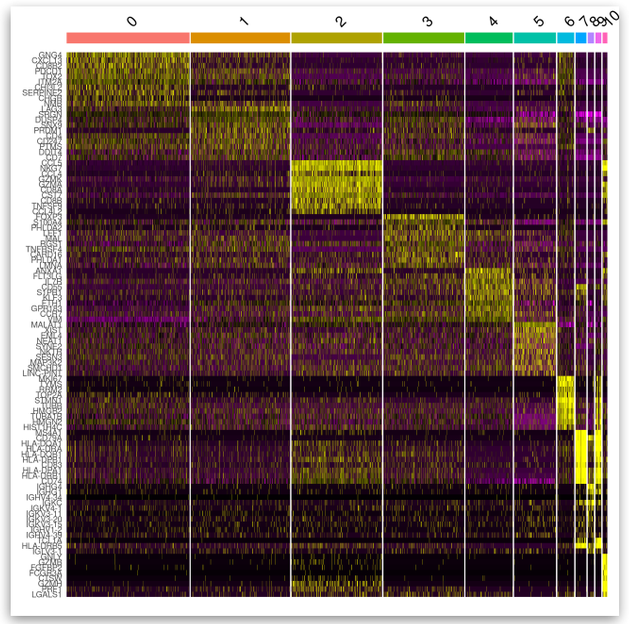


scRNA-seq



TCR レパトア解析

velocity 解析



cell innovator

受託解析

- 対応している解析
  - RNA-seq, small RNA-seq, BS-seq, ChIP-seq
  - WGS, WES
  - de novo assembly
  - Amplicon sequence, meta genome sequence, etc.
  - scRNA-seq
  - 空間トランスクリプトーム
  - マイクロアレイ (Agilent, Thermofisher)
  - SNPアレイ（ジャポニカアレイ）

受託企業としては、すべてに対応できる計算機環境が必要

受託解析におけるクラウド活用

「論文までをサポート」をかかげるセルイノベーターにおいて、
下記の3つがクラウドを導入している理由

1. データの保管

2. 結果の再現性

3. 新規手法への挑戦

1. データの保管

- 「論文投稿までサポート」
  - 博士論文の場合、3年から5年かかることも。
  - 論文投稿時に GEO など公共データベースへの生データ登録が必要。
    - シーケンス結果の fastq は、1サンプルあたり数ギガバイト。
      - トリム後、マッピング後 (bam) => 3倍のデータ量に。
- バックアップ
  - ファイルのバックアップは、2コピーで十分か？ => 6倍のデータ量。
  - RAID でもハードディスクの故障とは無縁ではない。
- 委託されたデータのダウンロード納品
  - 期限内にダウンロードできているか？

クラウドストレージで解決

- たくさんの NAS に囲まれたデスクから解放。
- ハードウェア故障の不安から解放。
- 凍結保存 (Glacier Deep) なら、コストを抑えて、長期間保存。

2. 結果の再現性

- 同じ結果を再現 => 同じ計算機環境が必要。
  - OS は? Windows, Linux, macOS
  - OS のバージョンは？ (18.04 LTS, 22.04 LTS)
  - Samtools のバージョン？
  - scRNA-seq の解析に用いられる R と Python
    - R のバージョンは？
      - bioconducor
      - Seurat v4? v5?
    - Python 2系？ 3系？
      - バーチャル環境は、 venv? conda?

1台のサーバーで対応しようとすると困難

クラウドのバーチャルマシンで解決

- 解析環境構築には時間がかかる。（Docker, Singularity という手もあるが。）
- クラウドなら、マシンイメージ (AMI) として計算時点の環境をそのまま保存。
  - 古い環境でしか動作しないプログラムも解決。

3. 新規手法への挑戦

- 「この論文と同じ解析をやりたい」
  - 新しいプログラムに対応する必要がある。=> コンパイルから。
- 前述の「同じ解析環境を維持する」とは相反する。
  - 例えば、Python にパッケージを導入する場合。
    - Conda で環境を維持していたとしても、conda install できないことも。
    - パッケージによっては、 pip でのインストール。
    - どうなるか？
      - 新たに導入したパッケージは動作するが、これまで動作していた別のパッケージが動かなくなる。=> numpy のバージョンが影響など。
      - 最悪、パッケージの依存関係がバラバラに。=> Conda 環境の再構築。

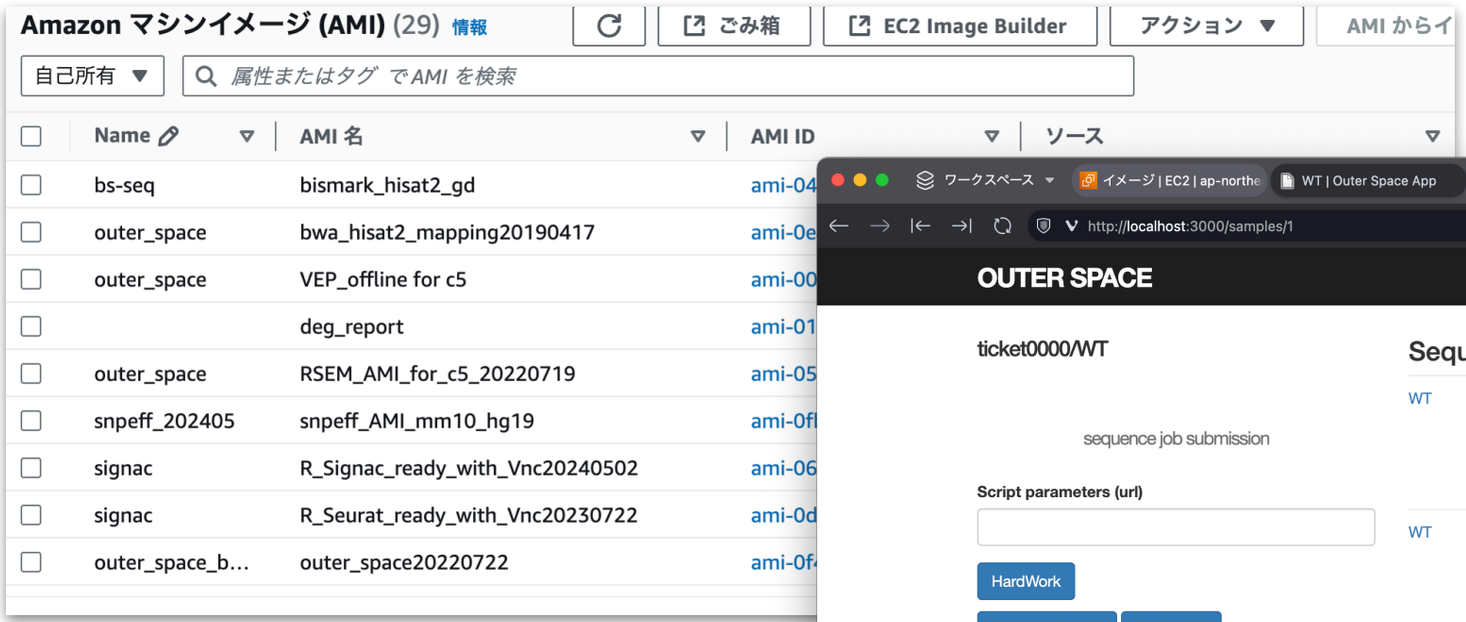
クラウドで解決 (AMI イメージ)

- これも AMI イメージであれば、既存環境を残したまま、新しいパッケージにチャレンジできる。
- 全く別の環境なので、パッケージの依存関係も気にしなくていい。
- 一度、構築した環境は、そのまま保持しておける。

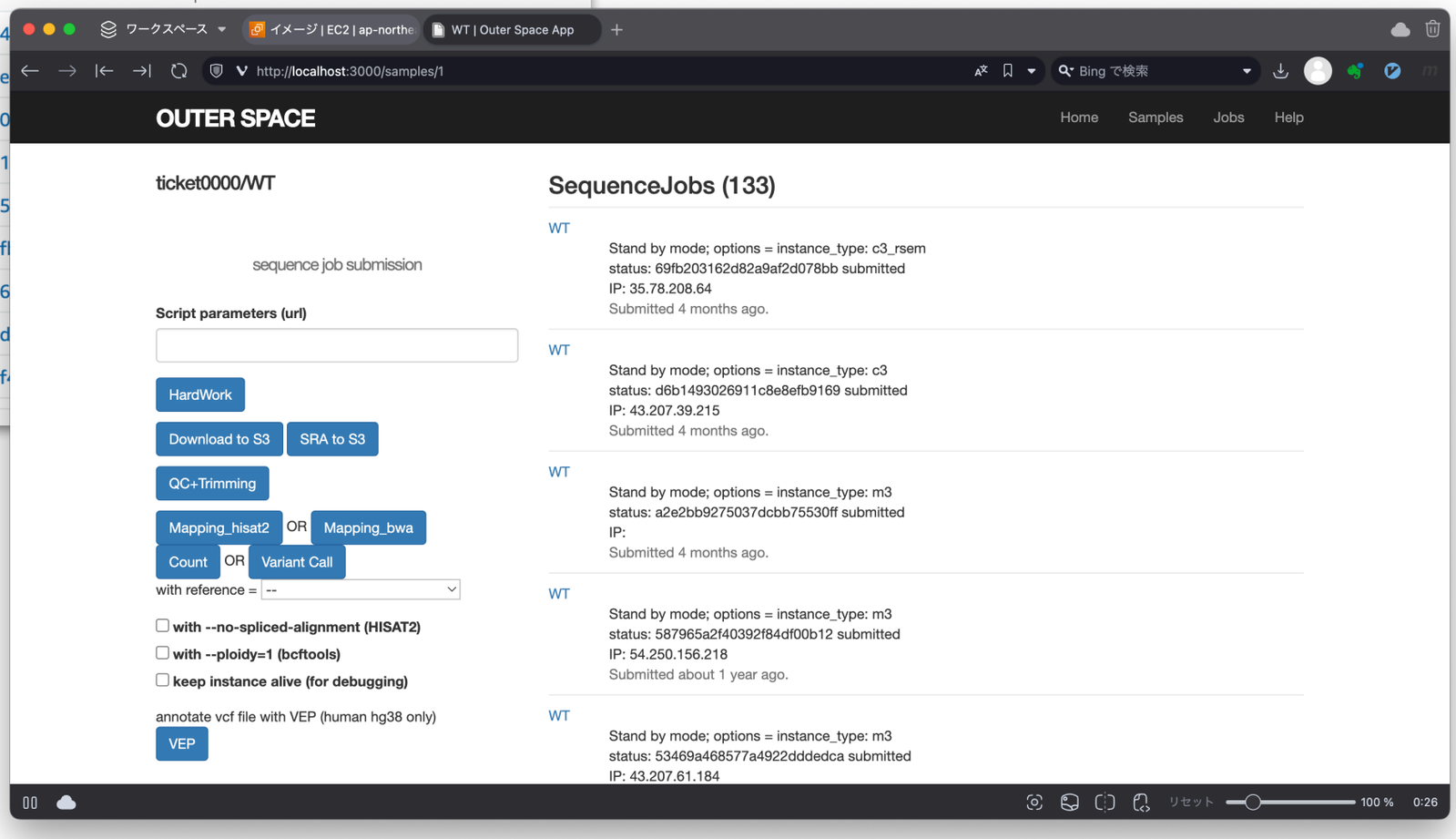
クラウド環境の利用

- outer_space: 自社開発のクラウド環境
- AWS 上に構築
    - RNA-seq や、WGS など必要に応じたインスタンスを起動。
    - 複数サンプルを20台のインスタンスを立ち上げて並列処理。
    - メモリを多くする計算にも、256GB メモリのインスタンスで対応。
    - 計算結果は、クラウドストレージ (S3) に保存。
    - 解析環境を AMI イメージとして保存。 => 後日再現するため。
    - スポットインスタンスを使用して、コスト削減。

クラウドを利用した解析環境



解析用マシンイメージ



ジョブ実行用インターフェイス

cell innovator

1からクラウド環境を作成する必要はありません

- そう、 Basepair ならね。

- とりあえず、発現変動遺伝子を確認したい。
  - GSEA の結果も自動で生成。
- できるだけコストを抑えたい。
  - 1サンプルから解析可能。

- その後の解析に不安。。。
  - セルイノベーターにて、データ解析のサポートプランあり。

まとめ

- 論文までのサポートを実現するには
  - データの保管
    - => クラウドストレージの活用 (S3)。
  - 結果の再現性
    - => 仮想マシン (AMI) による解析環境の保存。
  - 新規手法への挑戦
    - => 仮想マシン (AMI) によるパッケージの依存関係に悩まされない環境構築。
- クラウド環境としての Basepair
  - セルイノベーターにて、サポートプランあり。

http://www.cell-innovator.com/jp/

cell innovator