

# Implementazione, creazione e ottimizzazione di una pipeline per l'analisi biofisica su cluster a basso consumo energetico

Daniele Dall'Olio

Relatore: Dott. Enrico Giampieri

Correlatori: Prof. Gastone Castellani   Ing. Andrea Ferraro

ALMA MATER STUDIORUM · UNIVERSITÀ DI BOLOGNA

22 Settembre 2017

## Problema

- Costo medio elevato
- Consumo energetico elevato
- Spese per il raffreddamento elevate

## Conseguenze

- Minor accessibilità
- Poche unità acquistabili
- Ridotta scalabilità e flessibilità per aggiornare l'hardware dei server

## Tecnologia di calcolo low power

### Vantaggi

- Costo delle singole unità basso
- Consumo elettrico inferiore
- Flessibilità nell'acquisto di nuovi hardware

### Svantaggi

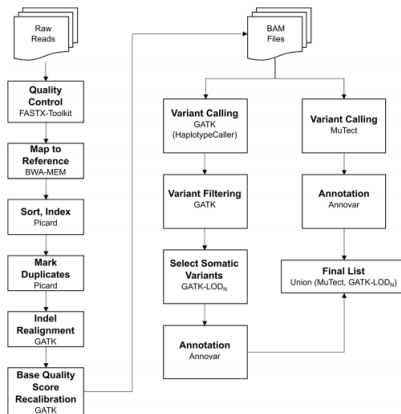
- Cache ridotta
- Potenza inferiore
- Numero inferiori di core

## Obiettivo della tesi

**Ottenere risultati con i nodi low power comparabili a quelli ottenuti con i nodi tradizionali.**

## GATK-LODn

Requisiti molto elevati in termini di potenza di calcolo, di occupazione di memoria e di spazio d'archiviazione.



## NGS

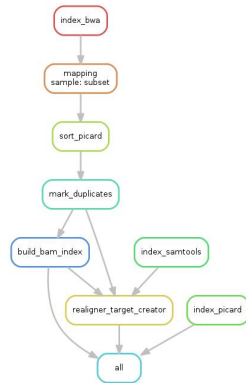
- Comprende le nuove tecniche per il sequenziamento del DNA.
- Tecniche più rapide e meno costose dei metodi precedenti.
- Shotgun Sequencing.
- Necessitano di metodi computazionali basati sulla teoria dei network.

## Studio sulle varianti

- Confronto con il genoma di riferimento.
- Individuazione delle mutazioni somatiche sia nel paziente che nel tumore.
- Ricerca di quelle mutazioni che sono presenti solo nel tumore.
- Confronto tumori simili tra diversi soggetti.

## Struttura delle simulazioni

Una parte di GATK-LOD<sub>n</sub> è stata reimplementata nel tool Snakemake.





## Regole indipendenti dal paziente

Indicizzazione del genoma di riferimento per:

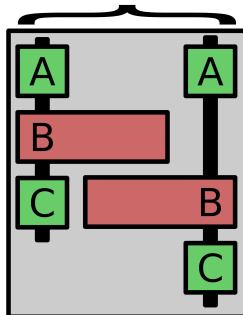
- BWA
- Picard
- Samtools(e GATK)

## Regole dipendenti dal paziente

- **Mapping:** mappatura delle sequenze del paziente sul riferimento.
- **Sort Picard:** riordinamento dei file.
- **Mark Duplicates:** identificazione dei duplicati.
- **Build BAM:** indicizza i file per velocizzare l'analisi.
- **Realigner:** determina gli intervalli che necessitano del riallineamento.

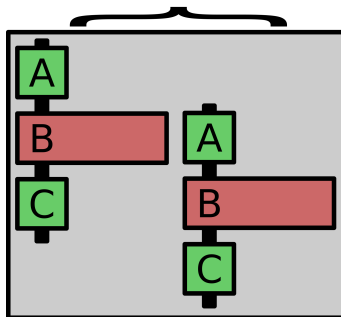
## Procedura tradizionale

RISORSE NECESSARIE



## Procedura ricercata

RISORSE NECESSARIE



## Analisi effettuate

- Tempo di esecuzione
- Memoria utilizzata

## Simulazioni effettuate

numero di letture	dimensione su disco
$1 \times 10^5$	2x 28.4 MB
$1 \times 10^6$	2x 284.9 MB
$3 \times 10^6$	2x 854.9 MB
$9 \times 10^6$	2x 2.6 GB
$4.5 \times 10^7$	2x 12.8 GB

**Tabella:** Stima della dimensione dei subset in relazione al numero di letture. L'ultimo valore si riferisce all'intero paziente.

<i>Nodo</i>	<i>CPU</i>	<i>Memory</i>	<i>Storage</i>	<i>Costo*</i>	<i>Consumo*</i>
<i>xeond</i>	1x Xeon D-1540	16 GB	8 TB(HDD)	€1000	60 W
<i>avoton</i>	1x Atom C2750	16 GB	5 TB(HDD)	€600	30 W
<i>n3700</i>	1x Pentium N3700	8 GB	0.5 TB(SSD)	€130	8 W
<i>bio8</i>	2x Xeon E5-2620v4	128 GB	2 TB(HDD)	€10000	180 W

\* I valori di costo e consumo energetico sono stimati.

**Tabella:** Caratteristiche dei nodi.

<i>CPU</i>	<i>Microarchitecture(Platform)/litho</i>	<i>Freq(GHz)</i>	<i>Cores</i>	<i>Cache</i>	<i>TDP</i>
Xeon D-1540	Broadwell/14nm	2.0(2.60)	8(16)	12 MB	45 W
Atom C2750	Silvermont(Avoton)/22nm	2.40(2.60)	8	4 MB	25 W
Pentium N3700	Airmont(Braswell)/14nm	1.60(2.40)	4	2 MB	6 W
Xeon E5-2620v4	Broadwell – EP/14nm	2.10(3.00)	8(16)	20 MB	85 W

**Tabella:** Caratteristiche delle CPU.

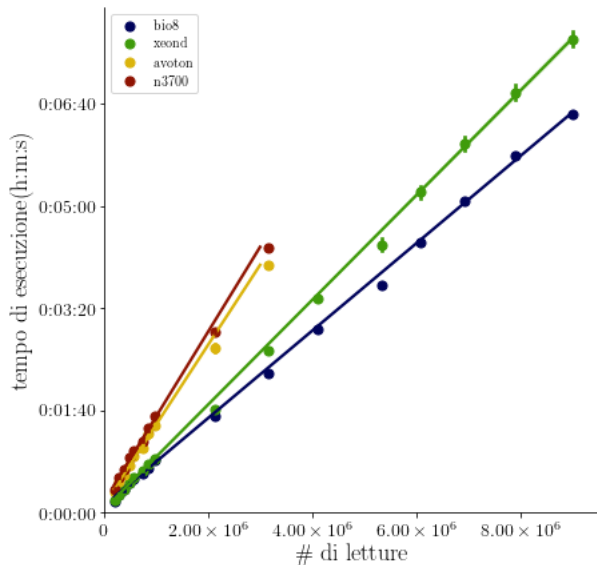


Figura: Tempi per Sort Picard.

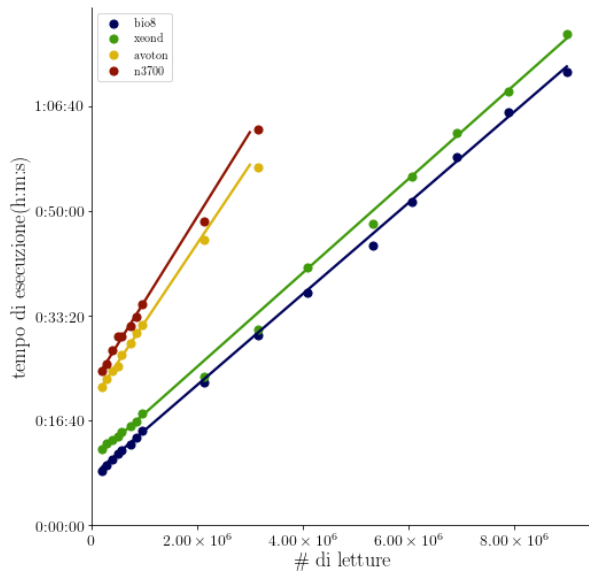


Figura: Tempi complessivi.

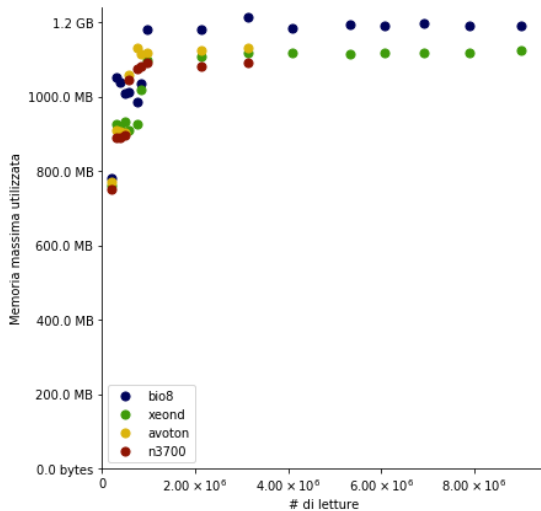


Figura: Sort Picard.



## Tempo di esecuzione

- avoton e n3700 impiegano il doppio del tempo
- xeon è comparabile a bio8 consumando un terzo dell'energia e costando 10 volte di meno

## Memoria utilizzata

- Saturazione
- Valori di saturazioni consistenti
- Sempre inferiore al massimo di memoria accessibile

## Conclusione

**In base a questi risultati questa pipeline di calcolo bioinformatico sembra essere realisticamente eseguibile anche su nodi a bassa potenza senza una perdita considerevole di prestazioni.**

## Sviluppo futuro

- Simulazioni a core multipli sui singoli nodi
- Completamento della pipeline
- Simulazioni su cluster

Una volta terminati questi passi intendiamo pubblicarli.