
一般口演 | データベース・データウェアハウス

一般口演16

データベース・サーバ構築

2021年11月20日(土) 16:30 ~ 17:30 D会場 (2号館1階212)

[3-D-2-01] クラウドサーバとオンプレミスサーバを組み合わせたハイブリッドシステムの構築と活用

*山口 泉¹、川口 喬久¹、寺岡 亮¹、稲富 雄一¹、深沢 圭一郎³、関谷 勇司⁴、塙 敏博⁴、大川 恭行⁵、前原 一満⁵、南里 豪志⁶、村田 健史⁷、橋本 洋希^{1,2}、松田 文彦¹、山田 亮¹、長崎 正朗^{1,2}（1. 京都大学 大学院医学研究科 附属ゲノム医学センター, 2. 京都大学 学際融合教育研究推進センター, 3. 京都大学 学術情報メディアセンター, 4. 東京大学 情報基盤センター, 5. 九州大学 生体防御医学研究所, 6. 九州大学 情報基盤研究開発センター, 7. 情報通信研究機構 総合テストベッド研究開発推進センター）

*Izumi Yamaguchi¹, Takahisa Kawaguchi¹, Ryo Teraoka¹, Yuichi Inadomi¹, Keichiro Fukazawa³, Yuji Sekiya⁴, Toshihiro Hanawa⁴, Yasuyuki Ohkawa⁵, Kazumitsu Maehara⁵, Takeshi Nanri⁶, Takeshi Murata⁷, Hiroki Hashimoto^{1,2}, Fumihiko Matsuda¹, Ryo Yamada¹, Masao Nagasaki^{1,2}（1. 京都大学 大学院医学研究科 附属ゲノム医学センター, 2. 京都大学 学際融合教育研究推進センター, 3. 京都大学 学術情報メディアセンター, 4. 東京大学 情報基盤センター, 5. 九州大学 生体防御医学研究所, 6. 九州大学 情報基盤研究開発センター, 7. 情報通信研究機構 総合テストベッド研究開発推進センター）

キーワード：cloud system, hybrid system, on-premise, L2 VPN, whole genome sequencing

背景：解析機器の進歩によりゲノム解析で生じるデータが膨大となり、ゲノム研究の被験者規模も増大している。当施設はオンプレミスサーバで解析を行ってきたが、機器維持の労力とコストが増大し、管理運用が年々厳しくなってきた。他方、商用クラウドサービスは近年性能や品質の向上が著しく、高い計算能力と高度なセキュリティを持つ環境を提供する。

目的：オンプレミスサーバにクラウドサービスと学内外のスーパーコンピュータサービスを組み合わせたハイブリッドシステムを構築し、活用法を探る。

方法：①アマゾンウェブサービス（AWS）の SINET接続サービスを用い、自施設 LANと AWSネットワークを SINET網で高速接続。②自施設ストレージと AWSストレージの AWSへの転送速度を比較。③解析パイプライン構築用にコンテナシステム、ジョブ管理用にバッチジョブシステムをオンプレミスと AWSに導入し、スーパーコンピュータを含む三環境で共通の処理が実行可能な体制を構築。④自施設で開発中の疾患関連変異検索サービスの本環境への展開方法を検討。

結果：① SINETの専用 VLANを通じて自施設と AWSを BGP対応 L3スイッチ（10Gbps）で接続した（L2 VPN）。②自施設ストレージ（IBM GPFS）から AWSへの転送速度は AWSストレージ（S3）の転送速度の約 2.5倍であった。③コンテナに Singularity、ジョブ管理に Slurmを採用し、状況によりサーバを使い分ける体制とした。④外部の専門家と AWSで開発後、ElasticSearchによる検索をオンプレミスサーバが、Webサービスを AWSサーバが担当して SINET経由で連携する構成とした。

考察：当施設ではオンプレミスサーバや大学提供の仮想サーバを使用してきたが、今回の仕組みでより柔軟な運用が可能となった。クラウドサービスは従量課金のため費用を見ながら利用範囲を拡げる。

クラウドサーバとオンプレミスサーバを組み合わせたハイブリッドシステムの構築と活用

山口 泉^{*1}、川口 喬久^{*1}、寺岡 亮^{*1}、稲富 雄一^{*1}、深沢 圭一郎^{*3}、関谷 勇司^{*4}、塙 敏博^{*4}、大川 恭行^{*5}、前原 一満^{*5}、南里 豪志^{*6}、村田 健史^{*7}、橋本 洋希^{*1,*2}、松田 文彦^{*1}、山田 亮^{*1}、長崎 正朗^{*1,*2}

*1 京都大学大学院医学研究科附属ゲノム医学センター、*2 京都大学学際融合教育研究推進センター、*3 京都大学学術情報メディアセンター、*4 東京大学情報基盤センター、*5 九州大学生体防御医学研究所、*6 九州大学情報基盤研究開発センター、*7 情報通信研究機構総合テストベッド研究開発推進センター

Building and utilizing a hybrid system of cloud servers and on-premise servers

Izumi Yamaguchi^{*1}, Takahisa Kawaguchi^{*1}, Ryo Teraoka^{*1}, Yuichi Inadomi^{*1}, Keiichiro Fukazawa^{*3}, Yuji Sekiya^{*4}, Toshihiro Hanawa^{*4}, Yasuyuki Ohkawa^{*5}, Kazumitsu Maehara^{*5}, Takeshi Nanri^{*6}, Takeshi Murata^{*7}, Hiroki Hashimoto^{*1,2}, Fumihiko Matsuda^{*1}, Ryo Yamada^{*1}, Masao Nagasaki^{*1,2}

*1 Center for Genomic Medicine, Graduate School of Medicine, Kyoto University, *2 Center for the Promotion of Interdisciplinary Education and Research, Kyoto University, *3 Academic Center for Computing and Media Studies, Kyoto University, *4 Information Technology Center, The University of Tokyo, *5 Medical Institute of Bioregulation, Kyushu University, *6 Research Institute for Information Technology, Kyushu University, *7 ICT Testbed Research and Development Promotion Center, National Institute of Information and Communications Technology

With the advancement of genome sequencers, the amount of data generated by genomic analysis has become enormous. In addition, the number of subjects in genomic epidemiological studies is increasing. At our facility, we have been using on-premise analysis servers for our genomic analysis, but the increase in the number of servers and strages has increased the labor and cost required for maintenance, and the management and operation of these devices has become increasingly difficult over the years. In recent years, the quality of major cloud services has improved in terms of availability, operation and maintenance, and performance scalability, and it has become possible to build a flexible and relatively inexpensive computing environment even in the HPC domain. In terms of security, it has become relatively easy to build an environment with high security even in the cloud thanks to the high security technology of each vendor.

In this study, in order to reduce the cost of equipment management and to meet the rapidly increasing demand for analysis resources, we construct a hybrid system that combines our existing on-premise servers with commercial cloud services and supercomputer services from inside and outside our university, and explore how to effectively use the system.

Keywords: cloud system, hybrid system, on-premise, L2 VPN, whole genome sequencing

1. 緒論

ゲノム解析用機器の進歩と普及により、ヒトゲノムの全ゲノムシーケンスに要する時間と費用は年々低下の一途を辿っており、研究に於いて被験者の全ゲノムシーケンスを実施する敷居は年々低くなっている。それにより、ゲノム疫学研究に於けるゲノム解析手法の主流は SNP タイピングから全エクソームシーケンスや全ゲノムシーケンスへと移行しつつあり、それに伴ってゲノム解析で生じる被験者一人あたりのデータ量は 100~200GB にも達するようになった。それに加えてゲノム疫学研究に於ける被験者の人数規模が増加していることも相まって、昨今のゲノム疫学研究に於いて取り扱うデータ量は以前と比較して飛躍的に増加している。

当施設ではこれまで自施設内にサーバ室を用意し、ゲノム解析用に多数の CPU (x64 ベースプロセッサを数十コア) と大容量メモリ (数百 GB) を搭載した計算処理用サーバ及び大容量 (数百 TB) のストレージ (Direct Attached Storage) を複数設置して各サーバ間を Infiniband で高速接続してファイル共有するという機器構成でゲノムデータの蓄積と解析を行ってきたが、全ゲノムシーケンスの件数増加に伴う解析対象データの増大、及びそれに伴って必要となった大容量ストレージ装

置の追加設置により、システムの維持管理に要する労力とコストが大幅に増大し、人員不足も相まって管理運用が年々厳しくなってきた。

近年大手のクラウドサービスは可用性、運用保守性、性能拡張性などの多方面に於いて品質の向上が著しく、ハイパフォーマンスコンピューティング (HPC) 領域でも柔軟かつ比較的安価に計算処理環境が構築出来るようになってきた。外部からの不正アクセスなどが懸念されるセキュリティについても各ベンダーの高いセキュリティ技術を背景に、クラウドサービスに於いても比較的容易に高いセキュリティが担保された仮想環境が構築出来るようになってきている。

クラウド業者によっては利用施設側の内部ネットワークとクラウド業者側の接続拠点との間での L2 VPN 接続を用いてよりセキュアな接続環境を提供するところも出てきており、オンプレミスシステムの代用あるいは併用環境としての利用もしやすくなってきている。¹⁾

2. 目的

機器管理コストの低減と急増する解析リソース需要への対

応のため、自施設で管理運用を行ってきたオンプレミスの解析用サーバに商用クラウドサービス及び学内外のスーパーコンピュータサービスを組み合わせたハイブリッドシステムを構築し、効果的な活用方法を探る。

3. 方法

3.1 当施設と既設オンプレミスシステムの概要

当施設は稀少難治性疾患を対象とした多施設共同ゲノム疫学研究に於けるゲノム解析拠点として DNA タイピング、全ゲノムシーケンス、代謝物分析などのオミックス測定とその統計解析(ゲノムワイド関連解析(GWAS)など)を主たる業務としており、それらの業務のために上述のような仕様の計算処理用サーバとストレージシステムを複数台組み合わせて運用している(表 1, 図 1)。

当施設は京都大学キャンパス内の一角に存在し、京都大学キャンパスネットワークを上流としてネットワークが構成されている。京都大学のキャンパスネットワークは日本全国の大学、研究機関等の学術情報基盤として国立情報学研究所(NII)が構築、運用している情報通信ネットワークである学術情報ネットワーク(SINET)に接続されており、SINET を経由してインターネットに接続している。²⁾

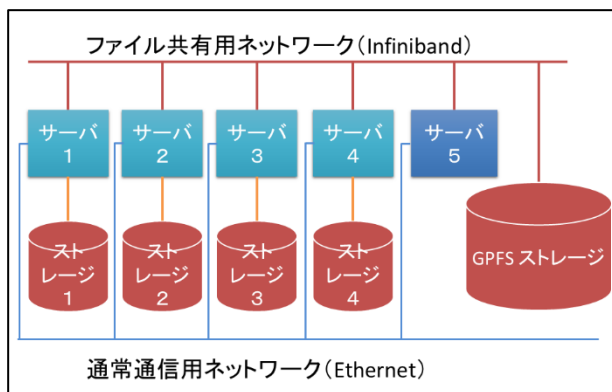


図1 既設オンプレミスサーバ・ストレージ接続図

表1 既設オンプレミス機器仕様

機器	CPU コア数	搭載メモリ (GB)	外付けストレージ 容量(TB)
サーバ1	60	512	594
サーバ2	72	512	778
サーバ3	72	512	296
サーバ4	72	512	296
サーバ5	40	512	0
GPFS	-	-	2176
合計	316	2560	4140

3.2 クラウドシステムとのハイブリッドシステム構築の概要

3.2.1 クラウド業者の選定

クラウド業者の選定に当たっては (1) SINET を介した接続が可能であること、(2) 学術での運用実績があること、(3) 開発や運用に関する技術情報が得やすいこと、(4) セキュリティ関連の機能が豊富であることを主要な要件とした。

3.2.2 サーバ室移転による上流へのネットワーク接続の強化

当施設のサーバ室はこれまでは施設のフロア内にある居室をサーバ室と位置づけて空調及び電源の強化を行って多数のサーバ機器やストレージ機器を稼働させてきた。サーバ室を含むフロア内の各居室から上流のフロアスイッチへのネットワーク接続は 1000BASE-T で構成されており、各サーバの上流への接続も 1000BASE-T であった。

京都大学のキャンパスネットワークを管理する京都大学情報環境機構では学内向けのサービスとして大学の計算機室のデータ設備の一部を使用して学内の部局が保有するサーバの設置スペース・電源設備・空調設備・情報コンセントを提供するハウジングサービスというサービスを有償提供しており、これを利用すると上流へのネットワークとして 1000BASE-T に加えて 10GBASE-T が選択可能である。

今回クラウドシステムと連携したシステムの再構築を行うにあたり、自施設のフロア内の居室を割り当てていたサーバ室を上記のハウジングサービスを利用して学内の計算機室の一室に移転することとした。これにより上流である SINET へ 10GBASE-T を介して高速接続される。

3.2.3 ネットワークの性能評価

クラウドサービスが提供するストレージサービスは保存するデータ量に基づく従量課金となることが通例であることを考慮し、自施設内のストレージをクラウドサービスのサーバと NFS 接続した場合とクラウドサービスのストレージをクラウドサービスのサーバにマウントした場合とのデータ転送速度の比較を行ってネットワークの性能評価を行う。

3.2.4 ハイブリッドシステムを用いた解析環境の構築

ゲノム解析では Linux などの UNIX 系 OS 用に開発・公開されたオープンソースのコマンドラインツールを複数組み合わせで解析処理のパイプラインを構築・実行することが多い。当センターにおける解析もそのような形態で行っており、CentOS を搭載した計算処理用サーバで解析処理を走らせている。今回はそれを複数拠点に柔軟に分散して効率的に実行可能な環境をオンプレミスサーバやクラウドサーバのみならず自施設から利用可能なスーパーコンピュータサービスも含めた形で構築する。

具体的にはコンテナシステムを用いた解析パイプライン構築とバッチジョブシステムを用いたジョブ管理の仕組みの導入を行う。

3.2.5 その他の応用

当施設では全ゲノムシーケンスデータを解析パイプラインで処理して生成される VCF 形式ファイルを用いて疾患関連変異を検索するサービスを提供するシステムを開発しており、検索エンジンに Elasticsearch を使用することやデータサイズが大きいことから検索処理には高い計算処理能力を必要とする。本ハイブリッドシステムへの最適な展開方法を検討する。

4. 結果

4.1 クラウド業者の選定

Amazon Web Service (AWS) は SINET と IX (Internet Exchange) にてピアリングをしているため SINET 配下の施設から AWS への通信が一般的なインターネットに出ることなく AWS 網内に入るようになっているのみならず、SINET5 の L2VPN サービスに対応し、論理的に分離された VLAN を使用したクラウド接続サービスを提供している。³⁾⁴⁾ このクラウド接続サービスは 10Gbps の回線を複数使用して SINET と接続されており、AWS 網と SINET 網が安全かつ高速に接続されている。また、AWS は代表的な大手クラウドサービス業者の一つで利用ノウハウが豊富に提供されており、利用者も多いことから技術情報の入手も容易である。以上より今回は AWS を採用することとした。

4.2 クラウドサービスとのネットワーク接続

サーバ室を学内の計算機室の一室に移転したことにより、サーバ室内に設置した計算用サーバやストレージを AWS のクラウドサービスに高速接続する物理環境が整った。この状況で当施設が AWS と契約したクラウドサービスと SINET を経由して接続するための専用 VLAN の交付を SINET より受け、当施設の BGP 対応 L3 スイッチ (Alaxala AX3660S-24T4XW) をその VLAN に接続することにより、SINET を経由して AWS のクラウドサービスと自施設のサーバネットワークとの間の高速かつ安全な接続が確立した。京都大学の学内ネットワーク運用ルールを鑑みて両者を直接接続するのではなく、踏み台となる橋渡し用のサーバを間に設置する構成とした。

クラウドサービス側のネットワークはプライベート IP アドレスを用いて自施設からのみ接続可能なネットワークとグローバル IP を設定して外部からもアクセス可能なネットワークを用意し、両者の間の通信は厳格に制限する構成とした(図2)。

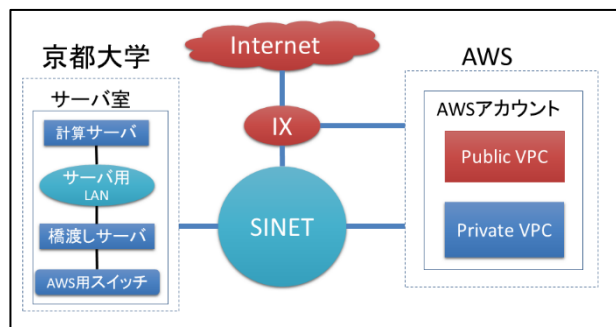


図2 京都大学とAWSとの接続イメージ図
(参考サイト4の図を引用改変)

4.3 ネットワークの性能評価

評価実験には 8236 ファイルで構成される総データ量 14G バイトの全ゲノムデータを転送用データとして使用した。

データの転送先は S3 と呼ばれる AWS の低コスト型ストレージのうちの標準タイプを使用した。転送元は (a) 自施設内のストレージシステム (IBM GPFS) と (b) S3 とし、AWS 内に立ち上げた解析用サーバに (a) を NFS マウント、(b) を Goofys マウントして、

- (1) (a) から解析対象データを順次読み出して解析処理を行い、結果を (b) に書き出す場合
- (2) (b) から解析対象データを順次読み出して解析処理を行い、結果を (b) に書き出す場合

について処理に用いる総所要時間を比較した(図3)。処理データ量(解析対象バリエーション数)の増加とともに両者の差が開き、(2) の所要時間は (1) の所要時間約 2.5 倍という結果となった。

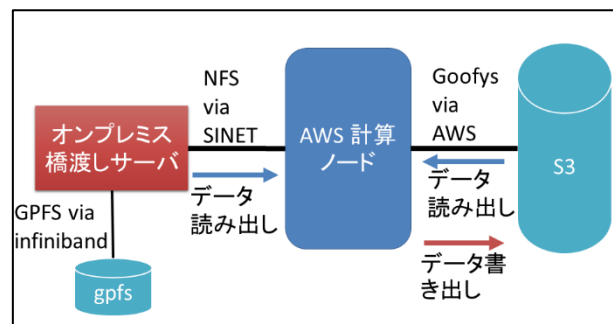


図3 転送速度比較テストのシステムイメージ

4.4 ハイブリッドシステムを用いた解析環境の構築

検討の結果、当施設ではゲノム解析処理にオンプレミスサーバの他に東京大学及び京都大学が提供するスーパーコンピュータサービスを必要に応じて利用するため、(1) 科学及び HPC 環境向けに設計されている、(2) コンテナを実行する際にルート権限が不要であるためスーパーコンピュータサービスに於いても利用可能、(3) GPU の仮想化に対応、(4) Docker イメージを利用可能といった特徴を持つ Singularity をコンテナシステムとして採用することとした。

また、バッチジョブ管理システムとしては Singularity との親和性が高く、GPU スケジューリングも可能で欧米のスーパーコンピュータセンターの多くで採用されている Slurm を採用することとした(図4)。⁵⁾

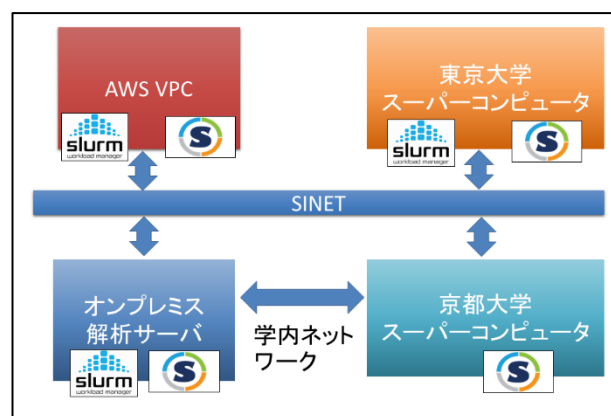


図4 ハイブリッド解析環境イメージ

4.5 その他の応用

国外の専門家と連携したシステム開発を AWS を用いて行ったが、システムが必要とする計算リソースとストレージ容量が大きいことからオンプレミスサーバと AWS サーバを連携させる構成を取ることにし、Elasticsearch による検索処理をオンプレミスサーバが行い、ユーザによる外部からのアクセスなどを処理する Web サーバを AWS で稼働させて、両者が SINET L2VPN 経由で連携する構成とした。

5. 考察

5.1 クラウドサービスについて

大手事業者が提供するクラウドサービスは近年高性能化や高品質化の進歩が著しく、優れた拡張性や強固なセキュリティ機能を備えていることからオンプレミスサーバからクラウドサーバに移行する事例が年々増加している。ゲノム解析などのように高い計算処理能力を必要とする HPC の領域も例外ではなく、使い方を工夫することによってコストを抑えつつオンプレミスと同等あるいはそれを凌ぐ高い計算処理能力を比較的容易に得られるようになっていく。

今回採用した AWS は数あるパブリッククラウドサービス業者の最大手の一つであり、(1) 長年蓄積した技術情報が豊富に提供されていて容易に入手可能である、(2) セキュリティに関連する機能や第三者認証(ISO/IEC 27017 等)が充実しており、数多くの利用実績があるといった特徴を有し、SINET への直接接続が可能で学術領域での利用実績も豊富である(注: SINET への接続について現在は Google Cloud Platform など対応業者が増えている)。

利用コストについては VM インスタンスの稼働時間に応じて料金を精算するオンデマンド型の契約形態を取った場合は例えばゲノム解析のようにサイズの大きいデータを対象として多大な計算リソースを長期間占有するような処理を実行すると利用料金が想定を超えた高額になりかねないため、(1) データのダウンロードは有料だが、ダウンロードは無料という特性を活用した利用方法、(2) リザーブドインスタンスと呼ばれる長期の継続利用を前提とした割引サービスの利用、(3) 性能を低めに抑えたコスト重視型のインスタンスを用途に合わせて選択、などの工夫が重要であり、当施設でもコストを見定めながら少しずつ利用範囲を広げている。⁶⁾

5.2 オンプレミスシステムとの接続について

自施設のネットワークの上流である SINET に 10GBASE-T で高速接続するためにサーバ室の移転、BGP 対応 L3 スイッチの導入といった初期コストを要したが、その効果により施設内の高速大容量ストレージをネットワークがボトルネックとなることなく AWS 内の計算ノードに読み出させることが出来ており、期待以上の効果が得られている。この接続により京都大学及び同じ SINET 配下にある東京大学のスーパーコンピュータサービスとオンプレミスシステムとの間のデータ転送もより高速に行うことが可能となり、解析処理の分散の効率化に寄与している。

5.3 ハイブリッドシステムの活用について

当施設ではこれまでゲノム解析や外部向けの Web サービスシステムにオンプレミスサーバや京都大学が提供する仮想サーバを使用してきたが、今回オンプレミスサーバとクラウドサーバを L2 VPN によって密に連携させ、学内外のスーパーコンピュータサービスとの高速通信も可能な仕組みを導入することで用途に応じてより柔軟なシステム構成を取ることが可能となった。

上述の利用料金などを考慮に入れ、クラウドサービスについては現状では (1) 常時稼働型の Web サービス(部内向け及び外部向け)、(2) オンプレミスサーバやスーパーコンピュータの混雑で十分な計算リソースが得られない場合の解析処理、(3) 学外との共同研究に於ける共同研究機関への作業環境提供といった使用が主であるが、今後は少しずつ利用範囲を広げていく予定である。

6. 結語

全ゲノムシーケンスの普及などによって解析対象となるゲノムデータが急増して解析に要する計算リソースやストレージ量が増加し続けていることを受け、昨今高機能化高性能化が著しいクラウドサービスを L2 VPN サービスを利用して既存のオンプレミスシステムとセキュアに連携させられる環境を構築し、さらに学内外とのスーパーコンピュータとも高速接続出来る柔軟な解析環境が得られた。現状ではクラウドサービスは利用料金が高騰しないようにする工夫が必要なため様子を見ながら使用しているが、少しずつ利用範囲を広げていく予定である。

7. 参考文献及び参考サイト

- 1) Amazon Web Service, AWS Direct Connect とは
https://docs.aws.amazon.com/ja_jp/directconnect/latest/UserGuide/Welcome.html
- 2) 学術情報ネットワーク SINET5, 学術情報ネットワークとは
<https://www.sinet.ad.jp/aboutsinet>
- 3) 学術情報ネットワーク SINET5, クラウド接続
https://www.sinet.ad.jp/connect_service/service/cloud_connection
- 4) Amazon Web Service. 学術研究機関での SINET5 を経由した AWS の利用.
<https://aws.amazon.com/jp/blogs/news/sinet5-aws-explain/>
- 5) Slurm Workload Manager
<https://slurm.schedmd.com/overview.html>
- 6) Amazon Web Service. Amazon EC2 リザーブドインスタンスの料金.
<https://aws.amazon.com/jp/ec2/pricing/reserved-instances/pricing/>

8. 謝辞

本研究は JHPCN (Japan High Performance Computing and Networking plus Large-scale Data Analyzing and Information Systems) の採択課題 jh200047-NWH/jh210018-NWH の助成を受けたものである。