

국 문 규 격 서

Commodity Description

| | 정부물품 분류번호 GPCN No. | 품목번호 ItemNo. | 품 명 및 규 격 Description | 단 위 Unit | 수 량 Q'ty |
|--|--------------------------|-----------------|--------------------------|-------------|-------------|
| | 43211501 | 24098843 | Cryo-EM Simulator | set | 1 |

A. 용도(End-user' s Use)

전자현미경을 통해 생성되는 이미지를 3차원 분자구조 규명을 위해 필요한 이미지프로세싱 Motion Correction, CTF Correction, 2D Classification , 3D Classification, 3D refinement, 3D reconstruction 등 계산 및 분석을 하기위한 시뮬레이터로서 Cryo-EM 이미지 데이터의 효율적인 분석을 위해 다수의 그래픽코어와 그 이미지 저장을 위한 대용량 스토리지구축으로 연구의 효율을 극대화 시킨다.

B. 제품의 구성(Configurations of Goods)

- I. CryoServer208
- II. Cryo-EM Software

C. 특성 및 규격

I. 제품의 특성

- Cryo-EM 프로그램 설치 및 최적화를 지원해야 함
- Cryo-EM Application 업그레이드 지원

II. 규격

- Cryo-EM Appliance
- Intel® C621 PCH + PEX8796
- Dual Intel 14nm 16Core - 32Thread Turbo 3.9GHz 150W 22MB Cache
- 16GB x 12EA DDR4 2933 DIMMs (2933 / 2666 / 2400/Mhz)
- DDR4 DIMM Slot x 24 max 3TB 12 x NVDIMM
- 12 x 3.5" HDD Bays, 8x SATA3 (6Gbps) Ports
- 2 x 10Gbase-T Port, 1 x 1000Base-T Ethernet
- 10 double-wide, PCIe x16 Gpu cards for training or 20 single-wide, PCIe x8 GPU cards
- 3 x Ampere 1.70GHz Boost 24GB GDDR6X
- 4800W (3+1) Hot-Swap Power Supplies
- 1TB MLC SR,560MB/s SW,530MB/s Comfortable Linux Disk
- Dual 4TB Scratch Linux Drive
- 10 x PCIe Slot single Root Complex Support
- Cryo-EM Software
- Cryo-EM Comfortable Operation System
- Relion 3.0 / EMAN2 /Cryo-SPARC optimization
- xmipp3.0 , MotionCor2, UCSF Chimera
- Cryo-EM 3D Classification 2D Classification Optimization

D. 기타조건(Remarks)

- 검수 후 1년간 유지보수
- 제조사에서 발행된 제조자(공급자)증명 확인서 및 기술지원확약서
- Relion 벤치마킹 테스트 자료 제출
(아래 주소에서 다운로드한 데이터 셋을 가지고 테스트를 진행한다.)
ftp://ftp.mrc-lmb.cam.ac.uk/pub/scheres/relion_benchmark.tar.gz
- 1. Relion v3.0 이상으로 테스트를 진행해야 하며, 데이터 셋을 가지고 2D Classification, 3D Classification 을 모두 수행해야 한다.
- 2. 실행시 아래의 기본 옵션은 동일해야 한다.
- *2D Classification*
(--i Particles/shiny_2sets.star --ctf --iter 25 --tau2_fudge 2 --particle_diameter 360 --K 200 --zero_mask --oversampling 1 --psi_step 6 --offset_range 5 --offset_step 2 --norm --scale --random_seed 0)
- *3D Classification*
(--i Particles/shiny_2sets.star --ref emd_2660.map:mrc --firstiter_cc --ini_high 60 --ctf --ctf_corrected_ref --iter 25 --tau2_fudge 4 --particle_diameter 360 --K 6 --flatten_solvent --zero_mask --oversampling 1 --healpix_order 2 --offset_range 5 --offset_step 2 --sym C1 --norm --scale --random_seed 0)
- 3. 위의 옵션으로 테스트를 진행해야 한다. (단, 단백질 구조에 영향을 주지 않는 H/W 최적화를 위한 계산에 한하여 수정이 가능함. 이외의 옵션 설정 변경은 허용하지 않는다.)
- 4. 벤치마킹 수행시 컴파일러 제조사가 공식적으로 지원하지 않는 실험적인 컴파일/링크 옵션을 사용할 수 없다.
- 5. 최적화된 라이브러리의 이용은 제조사에 의해 공식적으로 지원될 경우 허용된다.
- 6. 제안사는 위의 결과값을 아래 표에 기록하여 성능 자료를 입찰전에 제출해야 한다

| | 시간 (분) | |
|-----------|------------------------------------|------------------------------------|
| iteration | Cryoemwork 2D Classification | Cryoemwork 3D Classification |
| 1 | | |
| 2 | | |
| 3 | | |
| 4 | | |
| 5 | | |
| 6 | | |
| 7 | | |
| 8 | | |
| 9 | | |
| 10 | | |
| 11 | | |
| 12 | | |
| total | | |