

규격 가격 동시 입찰 요청서

1. 품목 및 수량 :

생명정보 분석 슈퍼컴퓨터 - 1 set

품명	항목	요구규격	수량
연산 서버	Form	- 5U Rack mountable	1식
	CPU	- Intel® Xeon® Processor E7-8830 (24M Cache, 2.13 GHz, 6.40 GT/s Intel® QPI) = 64Core Thread of 128Core	
	Memory	- MEM-DR316L-SL01-ER13 (Total 1TB)	
	System HDD	- 180GB SSD * 2	
	ODD	- DVD Multi	
	ChipSet	- 2x Intel® 7500 (Boxboro-EX) chipset, ICH10R	
	N/W	- Intel® 82576 Dual-Port Gigabit Ethernet Controllers	
	OS	- Ubuntu 14.04 x86_64	
	Storage (DAS)	- 45Bay DAS Storage Box - NL SAS 4TB * 36	
	Rack	- Deforg E2-4210 42U Rack Cabinet * 6ea	
	Switch	- 48Port Switch / L2 / Gigabit Support * 1ea	
		- 24Port Switch / L2 / Gigabit Support / SFP(2) * 2ea	
		- 48Port Switch / L2 / Gigabit Support / SFP(4) * 1ea	
	Console	- LCD Console 17" / 16Port KVM * 1ea	
		- LCD Console USB Type Cable * 16ea	
	10G Card	- MCX312A-XCAT * 1ea	
- CBL-LC-OM3-5M * 1ea			

2. 용도 설명 :

생명정보 서열 데이터 처리에서 가장 중요한 병목(bottleneck)을 해결하기 위한 대용량 생정보 데이터 분석 및 저장을 수행하고, 대용량 유전체 정보 생산과, 처리,

자동화, 파이프라인을 개발하여 초고속으로 처리하는데 목적이 있음

- (1) 대용량의 NGS 데이터를 효율적으로 분석하기 위해서는, 분석종류에 맞는 최적화된 분석 서버의 구축이 필요함.
- (2) Whole genome sequencing (WGS), Whole exome sequencing (WES), RNA sequencing, de novo assembly 등이 가장 널리 이용되는 NGS 서열해독의 종류임.
- (3) 대용량의 NGS 데이터를 서로 다른 서버에 분산하여 분석했을 경우에는, 데이터의 전송과정 및 I/O에서 병목현상이 발생하므로, 단일 노드로 서버를 구축하여 병목현상을 최소화 해야 함.
 - 최근 널리 활용되고 있는 de novo assembly 분석의 경우에는, 알고리즘의 특성상 단일 노드에서 대용량의 메모리(1TB 이상)와 cpu를 사용하여야 분석이 가능함.
- (4) NGS 분석 분야는 급속히 기술이 발전하고, 알고리즘이 개발되고 있으므로, 다양한 데이터 및 프로그램에서도 이용 될 수 있도록 분석 서버를 구축해야 함.

3. 규격입찰 요청 사유

- 1) 대용량 생명정보 데이터를 버틀랙 없이 분석하려면 단일 머신에 CPU, 메모리 등이 고집적화 되어 있는 서버 시스템이 필요합니다.
- 2) 본 장비의 구매 시 동종 장비의 납품 실적을 평가하여 그 검증 결과를 구매 절차에 반영하여 성능이 입증된 장비에 대하여 구매를 진행하고자 합니다.
- 3) 사후 관리가 가능한 지속적인 서비스 제공이 되는 업체의 선정이 필요합니다.

2014. 06. 17

울산과학기술대학교 생명과학부
담당교수 : 박종화 (인)

