SOLUTION BRIEF

Biowissenschaften
Intel® Scalable System Framework

Wissenschaft ohne Grenzen

So wird die nächste Generation datenbasierter Innovationen in den Biowissenschaften vorangetrieben

Wir stehen an der Schwelle zu einer Revolution in den Bio- und Medizinwissenschaften. Ein gesamtes menschliches Genom kann heute in wenigen Stunden für nur 1.000 US-Dollar (ca. 850 Euro) sequenziert werden,[1] und wir nähern uns mit großen Schritten dem 100-Dollar-Genom.[2] Inzwischen helfen Forschern Technologien wie Cryo-Elektronenmikroskopie (Cryo-EM) und Molekulardynamik, Zellenprozesse auf molekularer Ebene zu visualisieren und zu verstehen.

Diese und andere Technologien eröffnen den Blick auf die fundamentalen Prozesse des Lebens. Biologische Pfade können beleuchtet und Krankheitsmechanismen identifiziert werden. Die Entdeckung von Medikamenten kann von einem langjährigen, empirischen und mehrere Millionen Dollar teuren Prozess in einen effizienten, datenbasierten Prozess umgewandelt werden. Als vielleicht bedeutendstes Resultat dieser Entwicklung wird die Präzisionsmedizin sowohl Diagnose als auch Behandlung von Verletzungen und Krankheiten grundlegend verändern. Dies geschieht vor allem mit Profilen auf Molekularebene und personalisierten Behandlungen.

Erkenntnisse aus massiven und komplexen Datensätzen

Es wird nicht leicht sein, diese Vision zu realisieren. Eine der größten Herausforderungen wird dabei die Verarbeitung der massiven Datenmengen sein, die von Hochleistungs-Sequenzern produziert werden. Unternehmen müssen bereits in der Lage sein, täglich bis zu drei Terabyte an Daten von einem einzigen Sequenzer zu speichern, zu sichern und zu verteilen.[3] Eine Studie schätzt, dass bis 2025 zwischen 100 Millionen und 2 Milliarden individuelle Genome sequenziert sein werden, was zwei bis 40 Exabytes an Daten entspricht.[4]

Dieser Datenberg muss dann in Kombination mit ebenfalls umfangreichen, komplexen und weit verteilten Bilddateien, sowie klinischen, persönlichen und Umweltdaten analysiert werden. Es wird eine neue Generation von Hard- und Softwarekapazitäten erforderlich sein, um Forscher und Ärzte nicht durch die lange Verzögerungen und hohen Kosten der Übertragung, Integration und Analyse all dieser Daten zu beschränken.

Systeme und Netzwerke müssen leistungsfähiger und preiswerter werden. Sie müssen außerdem skalierbar genug sein, um ständig steigende Datenvolumen und immer komplexere Algorithmen zu unterstützen. Wie in den folgenden Beispielen beschrieben, arbeitet Intel mit führenden akademischen, kommerziellen und Open-Source-Instituten daran, diese Herausforderungen zu meistern, und häufigere und schnellere Erkenntnisse zu ermöglichen.

Tür zur schnellen Genomanalyse öffnen

Zugewinne bei Größenordnung und Leistung für wichtige Genom-Algorithmen[5]

Über viele Jahre wurden komplexe Software-Algorithmen entwickelt, um genomische Daten zu analysieren. Diese Algorithmen bieten erstaunliche Funktionen. Da sie aber hauptsächlich von Genomforschern geschrieben wurden, deren Schwerpunkt auf wissenschaftlicher Exaktheit lag, wurde deren Code nie für moderne Computerplattformen optimiert.

Professor Knut Reinert, PhD, und sein Team der freien Universität Berlin arbeiten gemeinsam mit Intel an Genomanalysen, die durch Optimierung wichtiger Algorithmen beschleunigten werden, damit sie effizient auf Intel® Multicore- und Manycore-Prozessoren laufen.

Kürzliche Benchmarks mit dem Intel® Xeon® Gold 6148 Prozessor quantifizieren die Vorteile. Die Ergebnisse zeigen Leistungssteigerungen vom 1,6- bis 2,7-fachen gegenüber der Vorgängergeneration Intel® Xeon® Prozessoren E5-2697 v4 (siehe Abbildung 1).[5] Der optimierte Code bietet außerdem eine hervorragende Skalierbarkeit bei einer hohen Zahl an Kernen. Bei Benchmarks mit dem Intel® Xeon Phi™ Prozessor 7250 konnten bei Nutzung aller 68 Kerne im Vergleich zur Verarbeitung derselben Workloads auf nur einem Kern die Laufzeiten um das bis zu 55-fache verringert werden (siehe Abbildung 2).[6]

Professor Reinert und sein Team packten ihre optimierten Algorithmen in SeqAn*, eine Open-Source-Software-Bibliothek, die auf einfache Nutzung, Wartungsfreundlichkeit und Portabilität optimiert ist. Unternehmen können mit SeqAn schnell komplexe genomische Pipelines anlegen, die von der Leistung und Skalierbarkeit von Multicore- und Manycore-Prozessoren von Intel profitieren.

Mehr Informationen erhalten Sie unter: **https://software.intel.com/en-us/articles/intel-parallel-computing-center-at-freie-universitat-berlin**

Biologie-Forschung auf nahezu atomarer Ebene

Schnelle Bildrekonstruktion für Cryo-EM

Die Cryo-EM-Technologie ermöglicht es Wissenschaftlern, zelluläre Prozesse und andere komplexe chemische Wechselwirkungen dreidimensional und nahezu auf atomarer Ebene zu erforschen. Allerdings wurde die Forschung durch lange Laufzeiten für die Bildrekonstruktion verlangsamt - etwa 47 Stunden für eine typische Studie.

Durch die Modernisierung der Algorithmen mit Hilfe von Open Source RELION* konnten die Professoren Erik Lindahl von der Universität Stockholm und Sjors Scheres vom MRC Laboratory die Bildrekonstruktionsdauer um eine ganze Größenordnung reduzieren: auf einem einzelnen Server auf nur 5,7 Stunden und auf einem Cluster mit acht Nodes auf nur eine Stunde.[a] Ihre Arbeit wird die Forschung und die Verbreitung dieser leistungsfähigen Bildgebungstechnik beschleunigen.

Weitere Informationen über Cryo-EM: **https://www.youtube.com/watch?v=BtuAz12zXBs**

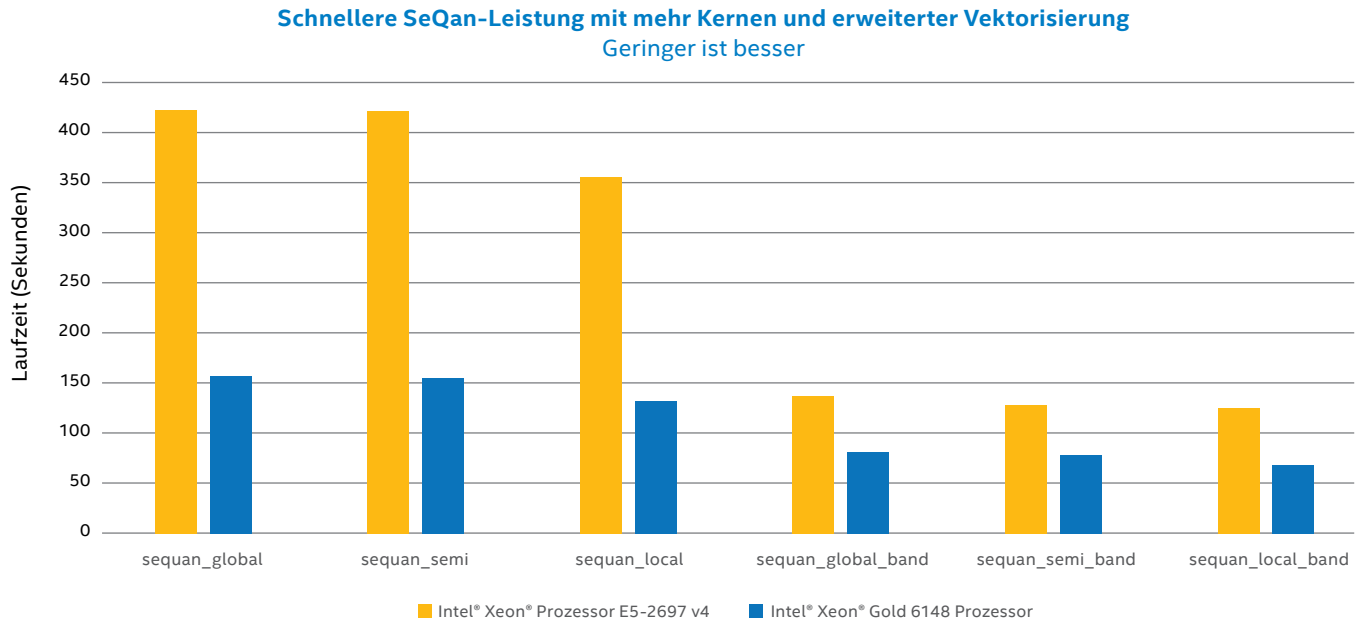

Abbildung 1: Der optimierte SeqAn*-Code nutzt die erweiterten Vektorfunktionen des neuesten Intel® Xeon® Gold 6148 Prozessors, um 1,6- bis 2,7-fache Leistungssteigerungen im Vergleich zu Prozessoren der vorherigen Generation zu ermöglichen.

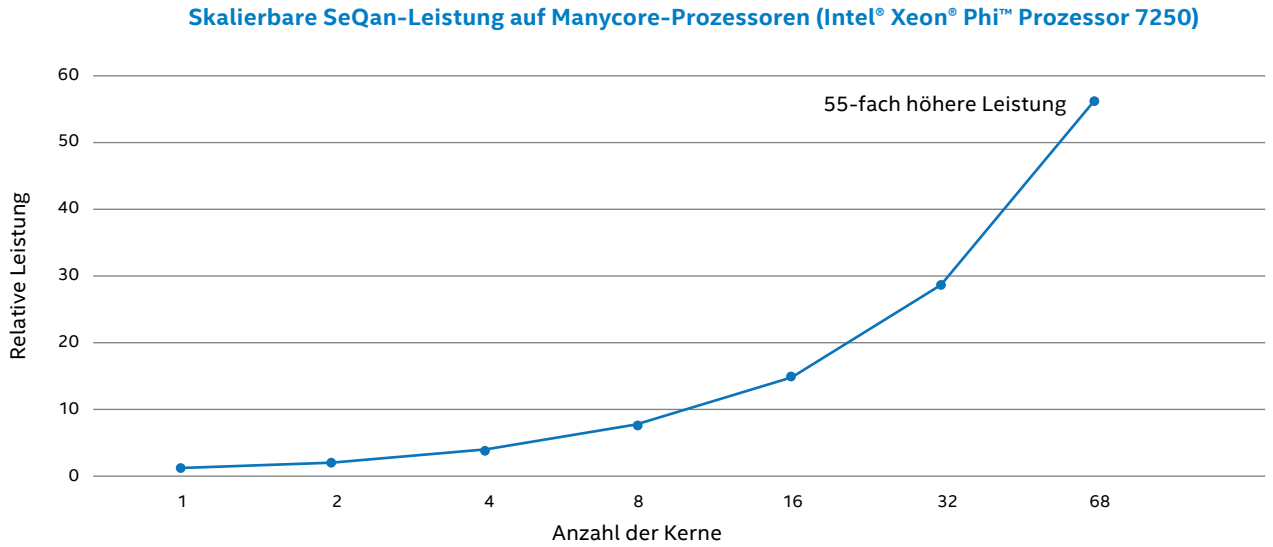

Abbildung 2: Der optimierte SeqAn*-Code bietet außerdem eine erstklassige Skalierbarkeit für alle 68 Kerne des Manycore-Prozessors Intel® Xeon Phi™ 7250.

Neue Einblicke ins Gehirn gewähren - in einem klinisch sinnvollen Tempo

Bis zu 161-fach höhere Leistung in der DCI-Bildverarbeitung[7]

Traditionelle CT- und MRI-Scans liefern nützliche Information über Knochen und Blutgefäße im Gehirn, allerdings wenig über das weiche Gewebe. Diffusionsgewichtete Magnetresonanztomographie (DW-MRT) füllt diese Lücke durch Messung der natürlichen Bewegung der Wassermoleküle zur Identifizierung von Mikrostrukturen und Diagnose der Integrität neuraler Kreise.

Diese Technologie verändert die Forschung und Behandlung von Hirnstörungen. Simon Warfield, Professor der Radiologie an der Harvard Medical School, entwickelte DWI mit seiner Diffusion-Compartment-Imaging-(DCI-)Technik einen Schritt weiter, die ein granuläreres Bild und exaktere Daten liefert. Sein Team nutzt DCI unter anderem zur Untersuchung der normalen Gehirnentwicklung, von Schädel-Hirn-Traumata, multipler Sklerose und Autismusspektrumstörungen.

Bei jeder DCI-Studie werden zahlreiche Gigabyte an Daten erzeugt, und eine Bildverarbeitung benötigte anfangs mehr als 40 Stunden. Mit Hilfe von Intel® Software Tools optimierte das Team um Professor Warfield den Code und erreichte mit Intel® Xeon® Prozessoren eine 75-fache und mit Intel® Xeon® Phi™ Prozessoren eine 161-fache Leistungssteigerung (siehe Abbildung 3).[7]
Damit kann eine komplette Studie in knapp 16 Minuten verarbeitet werden, was schnell genug ist, um in klinische Abläufe zu passen. Der optimierte Code ist in der Insight-Segmentation-and-Registration-Toolkit-(ITK-)Bibliothek verfügbar, die in zahlreichen Anwendungen zur klinischen Bildgebung verwendet wird.

Professor Warfield entwickelt mit Hilfe von Intel® Tools und Bibliotheken außerdem Anwendungen mit künstlicher Intelligenz (KI), die Hunderte von Bildern automatisch sortieren und so auf bestimmte Merkmale aufmerksam machen können. Durch die stärkere Verbreitung der Anwendungen verbessern sich auch unsere Möglichkeiten enorm, Gehirnstörungen zu verstehen, zu diagnostizieren und zu heilen.

Weitere Informationen erhalten Sie unter: **https://software.intel.com/en-us/articles/intel-parallel-computing-center-at-the-computational-radiology-laboratory and https://itk.org/**

Skalieren für die Zukunft – mit schnellen, preisgünstigen Clustern

Intel® Scalable System Framework für Biowissenschaften

Die Verbesserung der Softwareleistung ist ein wertvoller erster Schritt. Allerdings wird noch höhere Leistung benötigt, um die steigenden Anforderungen von biowissenschaftlichen Workloads zu bewältigen. High-Performance-Computing-(HPC-)Cluster bieten dabei die Lösung für diese Herausforderungen in der Datenverarbeitung. Allerdings stellen Kosten und Komplexität für viele Unternehmen noch immer große Hindernisse dar. Intel arbeitet mit führenden Instituten aus den Bereichen Forschung, Gesundheitswesen, Open Source und der freien Wirtschaft daran, diese Hindernisse aus dem Weg zu räumen.

Ein wichtiges Ergebnis dieser Zusammenarbeit ist das Intel® Scalable System Framework (Intel® SSF) für Biowissenschaften. Diese Hard- und Software-Referenzarchitektur vereint alle Elemente eines HPC-Systems in einer ausgewogenen, leistungsfähigen und für die Forschung und das Gesundheitswesen optimierten Lösung.

Höhere Leistung durch Software-Optimierung

Diffusion-Compartment-Imaging-Schätzung (Bildgröße: 2x2x2 mm3)

Software-Verbesserung	Laufzeit	Leistungsgewinn
- Intel® Xeon® Prozessor E5-2697 v2:		
• Einzelkern (Baseline):	43 h, 6 m, 21 s	14,2-fach
• Parallelisierung v1:	3 h, 2 m, 2 s	1,76-fach
• Speicheroptimierung:	1 h, 43 m, 31 s	1,12-fach
• Vektorisierung:	1 h, 43 m, 31 s	1,37-fach
• Intel® TBB-Filter, dynamischer Pool:	1 h, 7 m, 26 s	1,22-fach
• Flexible Intel® TBB-Dekomposition:	55 m, 23 s	1,44-fach
• Optimizer-Verbesserung:	38 m, 27 s	1,12-fach
• Intel Kompilierungsflagge:	34 m, 14 s	
- Intel® Xeon® Phi™ Prozessor 7210:	16 m, 3 s	2,13-fach

75-fach

161-fach

Abbildung 3: Durch Code-Optimierung konnten Professor Warfield und sein Team die DCI-Schätzungslaufzeiten auf Intel® Xeon® Multicore-Prozessoren um das bis zu 75-fache reduzieren. Die Ausführung des gleichen Codes auf dem Manycore-Prozessor Intel® Xeon® Phi™ 7210 brachte zusätzliche Gewinne um das bis zu 2,13-fache.

Ziel des Intel® SSF für Biowissenschaften ist nicht nur die Verbesserung der Leistungs- und Kostenmodelle, sondern auch die Vereinfachung der HPC-Installation und Unterstützung der gesamten Palette an Workloads auf einer einzigen Plattform - unter anderem Molekulardynamik, Genomik, molekulare Bildgebung, maschinelles Lernen, KI und Datenvisualisierung. Mit dieser Flexibilität und Effizienz ist es für Unternehmen leichter, unterschiedliche Anwendungen laufen zu lassen und verschiedenartige Datensätze zu kombinieren, um komplexe Probleme zu lösen.

Intel® SSF definiert ein komplettes und optimiertes Lösungspaket für Cluster-Computing. Innovationen von Intel werden auf allen Ebenen zusammengeführt und ermöglichen so Leistungssteigerung und Kostensenkung.

Leistungsstarke und flexible Prozessoren

Leistungsstarke Prozessoren sind die wesentliche Grundlage für alle hochwertigen HPC-Lösungen. Die Auswahl der richtigen Prozessoren für die richtigen Workloads sorgt für weitere Effizienz und erleichtert es Unternehmen, auch extreme Rechen- und Speicheranforderungen im Alltag zu bewältigen. Intel® SSF für Biowissenschaften unterstützt zahlreiche Intel Prozessoren, dazu gehören vor allem:

- **Skalierbare Intel® Xeon® Prozessoren** Diese leistungsstarken Multicore-Prozessoren bieten Skalierbarkeit, Optimierungsmöglichkeiten und erhebliche Leistungssteigerungen für zahlreiche Alltags- und HPC-Anwendungen. Sie haben Steigerungen um das bis zu 1,73-fache für HPC-Workloads[8] gegenüber der vorherigen Generation der Intel® Xeon® Prozessoren der Produktreihe E5 v4 erreicht. Neben mehr Kernen, Cache und Speicherbandbreite bieten sie eine neue Architektur zur Verbesserung der Effizienz in datenintensiven Umgebungen.
- **Intel® Xeon® Phi™ Prozessoren** Diese hochparallelen Prozessoren bieten bis zu 2,5 Mal so viele Kerne und bis zu 5 Mal so viele Threads wie Intel® Xeon® Prozessoren.[9] Sie sind bootfähig, mit integriertem High-Speed-Speicher verfügbar und für alle Standard-x86-Anwendungen geeignet. Die zusätzlichen Rechen- und Speicher-Ressourcen können enorme Verbesserungen bei Leistung, Skalierbarkeit und Energieeffizienz für hochparallelen Code bringen, zu dem auch manche der aktuell anspruchvollsten biowissenschaftichen Anwendungen zählen.

Effiziente, skalierbare Cluster

Während Intel® Prozessoren in den letzten Jahren immer leistungsfähiger wurden, blieben Speichertechnologien weit zurück. Dies führte zu Engpässen beim Datenzugriff, was die Leistung vieler Anwendungen beeinträchtigt. Intel® SSF vereint zahlreiche Technologien, um diese Engpässe zu beseitigen und die volle Leistung der Intel® Prozessoren nutzen zu können.

- **Ein Durchbruch bei Speicherkapazität und -leistung** Intel® Optane™ SSDs mit 3D XPoint™ Speichermedien verbessern die Speicherkapazität und -leistung erheblich. Diese SSDs liefern eine 5 bis 8 Mal höhere Leistung als NAND-basierte SSDs[10] und lassen sich als ultraschneller Speichercache, normaler Speichercache oder erweiterter Speicher nutzen. In Kombination mit NAND-basierten Intel® SSDs und traditionellen Festplatten erleichtern Intel® Optane™ SSDs die kostenbewusste Bewältigung extremer Datenzugriffsanforderungen.
- **Massive Skalierbarkeit für Big Data** In das Intel® SSF ist das Open-Source-Dateisystem Lustre* integriert. Es bietet eine Software-definierte Speicherlösung der nächsten Generation, die die wichtigsten Herausforderungen in hochvolumigen Analyseumgebungen löst. Durch Skalierung von Metadaten auf separaten Servern und Verteilung von Objektdaten auf mehrere Speicherlaufwerke und Server, ermöglicht Lustre extrem hohe Leistungen in nahezu jeder Skalierungsstufe.
- **Schnelle kostengünstige Fabrics** In einem HPC-Cluster müssen Daten oft genauso effizient zwischen wie innerhalb der Nodes bewegt werden. Die Intel® Omni-Path-Architektur (Intel® OPA) bietet die gleichen 100 Gbps-Verbindungsgeschwindigkeiten wie die derzeit schnellsten InfiniBand*-Fabrics, und bietet gleichzeitig höhere Portdichten pro Chip für bessere Skalierbarkeit und Kostenmodelle.[11] Weitere Kosten-, Dichte- und Leistungsvorteile können durch den Einsatz von Intel® Xeon® und Intel® Xeon® Phi™ Prozessoren mit integrierten Intel® OPA Controllern erzielt werden.

Intel® SSF für Biowissenschaften kombiniert diese Technologien zu einer effizienten, ausgewogenen Cluster-Architektur, die auf Leistung, Dichte und Energieeffizienz optimiert ist. Systeme können von kleinen Workgroup-Clustern bis hin zu Supercomputern skaliert und im Laufe der Zeit durch Hinzufügen von Nodes auf Basis der verschiedenen Intel® Prozessor- und Beschleunigeroptionen erweitert und angepasst werden.

Außerdem lassen sich Systemsoftware-Lösungen vereinfachen. Der Erhalt einer stabilen und optimierten HPC-Softwareumgebung kann selbst für HPC-Experten eine komplexe und zeitraubende Aufgabe sein. Das OpenHPC*-Softwareprojekt vereint die für die Installation und Verwaltung von HPC-Linux*-Clustern üblichen Komponenten. Intel trägt zu diesem Community-Projekt bei, um aktuelle Open-Source-Softwarekomponenten zu liefern, die für die Intel® Architektur optimiert sind und Installation und Betrieb von HPC-Clustern erleichtern.

Fazit

Eine neue Generation von Rechenleistung ist erforderlich, um Wissenschaftlern und Ärzten zu helfen, aus den wachsenden Mengen komplexer Daten schneller Informationen zu gewinnen. Intel bietet zahlreiche Ressourcen, um diese Herausforderung zu meistern. Dazu gehören:

- **Optimierte Algorithmen und Anwendungen,** die die Parallel-rechentechnik moderner Prozessoren und Plattformen bessernutzen können. Diese Codes können schnellere Resultate bieten und in der Regel auf Cluster-Architekturen effizient skaliert werden.
- **Intel® SSF für Biowissenschaften** als Blaupause für ausgewogene und effiziente HPC-Cluster, die sich einfacher implementieren, verwalten und skalieren lassen, und die für den effizienten Betrieb einer breiten Palette von Biowissenschaften und medizinischen Workloads ausgelegt sind.

Gemeinsam können diese Ressourcen Unternehmen helfen, ihre Leistung und Kostenmodelle zu verbessern und gleichzeitig ihre Computerumgebungen zu vereinfachen, um sich weniger auf die Informatik und mehr auf ihre eigene Wissenschaft konzentrieren zu können.

Weitere Informationen

https://www.intel.com/content/www/us/en/high-performance-computing/life-sciences.html

[a] Von Intel durchgeführte Tests im November 2017. Mit der nicht optimierten Version von RELION auf einem Baseline-Server mit 2 Intel® Xeon® Prozessoren E5-2697 v4 wurde eine Laufzeit von 47,6 Stunden erreicht. Dies wurde mit einer durchschnittlichen Laufzeit von 4,6 Stunden mit der optimierten Version von RELION auf einem neuen Server mit 2 Intel® Xeon® Gold 6148 Prozessoren und einer Laufzeit von 1,4 Stunden auf einem 8-Node-Cluster von Servern mit jeweils 2 Intel® Xeon® Gold 6148 Prozessoren verglichen. Einzelheiten zur Konfiguration:

RELION: Entwicklerversion: 7. November 2017 im "cpu-cuda-merge"-Zweig von https://bitbucket.org/tcblab/relion-devel-tcblab Repository (entspricht in etwa RELION 2.1 beta). Diese Version verwendet eine Mischung aus Einzel- und Doppelpräzision. Sie wurde mit GCC* 4.8.5 (GPU-Läufe) und Intel® Cluster Studio 2017 Update 4 (Version 2017.4.196 - CPU-Läufe) kompiliert. Alle Benchmarks wurden auf Red Hat Enterprise Linux* 7.2 Kernel 3.10 ausgeführt. Getestet von Intel im November 2017.

Die Plasmodium-Ribosome-Workload ist verfügbar bei http://www2.mrc-lmb.cam.ac.uk/relion/index.php/Benchmarks_%26_computer_hardware

Baseline-Server-Konfiguration: 2 Intel® Xeon® Prozessoren E5-2697 v4 (2,3 GHz, 18 Kerne/Sockel, 36 Kerne mit Turbo und HT), SuperMicro X10DRG-H Motherboard von American Microtrends Inc. BIOS 2.0a, 128 GB Gesamtspeicher, 8 Slots / 16 GB / 2400 MT/s / DDR4 RDIMM, 1 x 1TB SATA, Red Hat Enterprise Linux 7.2 Kernel 3.10.0-327.

Konfiguration des neuen Servers: 2 Intel® Xeon® Gold 6148 Prozessoren (2,4 GHz, 40 Kerne mit Turbo und HT), BIOS 86B.01.00.0412, 192 GB Gesamtspeicher, 12 Slots / 16 GB / 2666 MT/s / DDR4 RDIMM, 1 x 800 GB Intel® SSD SC2BA80, Red Hat Enterprise Linux* 7.2 Kernel 3.10.0-327.

[1] Quelle: National Institute of Health National Human Genome Research Institute, "The Cost of Sequencing a Human Genome", letzte Aktualisierung vom 6. Juli 2016. https://www.genome.gov/27565109/the-cost-of-sequencing-a-human-genome/

[2] Quelle: "Illumina introduces the NovaSeq Series—a New Architecture Designed to Usher in the $100 genome," Illumina-Pressemeldung vom 9. Januar 2017. https://www.illumina.com/company/news-center/press-releases/press-release-details.html?newsid=2236383

[3] Quelle: NovaSeq* Series of Sequencing Systems, Datenblatt. https://www.illumina.com/content/dam/illumina-marketing/documents/products/datasheets/novaseq-series-specification-sheet-770-2016-025.pdf

[4] Quelle: "Genome researchers raise alarm over big data", von Erika Check Hayden, Nature, 7. Juli 2015. https://www.nature.com/news/genome-researchers-raise-alarm-over-big-data-1.17912

[5] Ergebnisse basieren auf lokalen und globalen Gruppierungen von gebänderten und nicht gebänderten Zellen und 150 bp Illumina-Messwerten (2,85 x 1011 ungebändert, 3,21 x 1010 gebändert). Leistungsansprüche vergleichen Laufzeiten für eine Baseline-Konfiguration mit 2 Intel® Xeon® Prozessoren E5-2697 v4 (2,30 GHz, 18 Kerne) und mit 2 Intel® Xeon® Gold 6148 Prozessoren (2,4 GHz, 20 Kerne). Beide Systeme arbeiten in allen Tests mit Linux* 3.10.0-514.21.1.el7.x86_64 und GNU*-Compiler 7.2.0.

[6] Ergebnisse basieren auf Pac Bio-Messungen für eine globale Gruppierung von 2,66 x 1013 Zellen. Tests vergleichen Laufzeiten für dieselbe Workload auf 1 bis 68 Kernen eines Einzelservers mit Intel® Xeon Phi™ Prozessor 7250 (1,4 GHz, 68 Kerne, 16 GiBi MCDRAM). Alle Tests arbeiten mit seqan_global, Linux* 3.10.0-514.21.1.el7.x86_64 und GNU*-Compiler 7.2.0.

[7] Baseline: Unoptimierte DCI-Bildverarbeitungs-Workloads mit Intel® Xeon® Prozessor E5-2697 v2 (2,70 GHz, 24 Kerne) und optimierte DCI-Bildverarbeitungs-Workloads auf demselben Server sowie auf einem zweiten Server mit Intel® Xeon Phi™ Prozessor 7210 (1,30 GHz, 72 Kerne). Die optimierte Software konnte alle verfügbaren Kerne auf jedem Prozessor nutzen.

[8] Bis zu 1,73-facher Anspruch basierend auf LAMMPS: LAMMPS ist ein klassischer molekulardynamischer Code und ein Akronym für Large-scale Atomic/Molecular Massively Parallel Simulator. Er wird eingesetzt, um die Bewegung von Atomen zu simulieren. Das dient zur Entwicklung besserer Therapeutika, der Verbesserung von Geräten, die alternative Energien nutzen, der Entwicklung neuer Materialien und zu anderen Zwecken. Die Leistungstests vergleichen einen Baseline-Server mit Intel® Xeon® Prozessor aus der Produktreihe E5 v4 mit einem neuen Server mit einem skalierbaren Intel® Xeon® Prozessor. Baseline-Serverkonfiguration: 2 Intel® Xeon® Prozessor E5-2697 v4, 2,3 GHz, 36 Kerne, mit aktivierter Intel® Turbo-Boost-Technologie und Intel® Hyper-Threading-Technologie (Intel® HT Technology), BIOS 86B0271.R00, 8 x 16 GB 2400 MHz DDR4, Red Hat Enterprise Linux* 7.2 Kernel 3.10.0-327. Konfiguration des neuen Servers: Dual-Sockel Intel® Xeon® Gold 6148 Prozessor, 2,4 GHz, 40 Kerne, mit aktivierter Intel® Turbo-Boost-Technologie und Intel® Hyper-Threading-Technologie, BIOS 86B.01.00.0412.R00, 12 x 16 GB 2666 MHz DDR4, Red Hat Enterprise Linux 7.2 Kernel 3.10.0-327.

[9] Intel® Xeon Phi™ Prozessoren bieten bis zu 72 Kerne und 4 Threads pro Kern, skalierbare Intel® Xeon® Prozessors bis zu 28 Kerne und 2 Threads pro Kern.

[10] Gemeinsame Konfiguration: Intel® 2U Server-System mit 2 Intel® Xeon® Prozessoren E5-2699 v4 (2,20 GHz, 22 Kerne) mit 396 GB RAM (DDR @ 2133 MHz), Intel® Optane™ SSD DC P4800X mit 375 GB und Intel® SSD DC P3700 mit 1600 GB, CentOS* 7.2 Kernel 3.10.0-327.el7.x86_64. Leistungsmessung mit einer 4K 70-3-Workload bei QD1-16 mit FIO 2.15.

[11] Die Switches basieren auf der Intel® Omni-Path-Architektur mit einem 48-Port-Switch-Chip im Vergleich zu 36-Port-Chips der aktuellen InfiniBand*-Switches. Cluster können potenziell mit weniger Switches und Switch-Hops aufgebaut werden, was zur Optimierung von Kosten, Skalierbarkeit und Performance beiträgt.

Die Benchmark-Ergebnisse wurden vor der Implementierung der neuesten Software-Patches und Firmware-Updates ermittelt, die als Gegenmaßnahmen für die als „Spectre" und „Meltdown" bezeichneten Exploits bereitgestellt wurden. In Leistungstests verwendete Software und Workloads können speziell für die Leistungseigenschaften von Intel Mikroprozessoren optimiert worden sein. Leistungstests wie SYSmark und MobileMark werden mit spezifischen Computersystemen, Komponenten, Softwareprogrammen, Operationen und Funktionen durchgeführt. Jede Veränderung bei einem dieser Faktoren kann abweichende Ergebnisse zur Folge haben. Als Unterstützung für eine umfassende Bewertung Ihrer geplanten Anschaffung sollten Sie noch andere Informationen und Leistungstests heranziehen – auch im Hinblick auf die Leistung des betreffenden Produkts in Verbindung mit anderen Produkten. Weitere Informationen finden Sie unter http://www.intel.de/performance/datacenter.

Durch dieses Dokument werden weder ausdrücklich noch stillschweigend oder auf andere Weise irgendwelche Rechte an geistigem Eigentum gewährt. In Verbindung mit einer Rechtsverletzungs- oder anderen rechtlichen Überprüfungen im Hinblick auf hier beschriebene Intel® Produkte dürfen Sie dieses Dokument weder verwenden noch dessen Verwendung Dritten ermöglichen. Sie stimmen zu, Intel eine nicht exklusive, gebührenfreie Lizenz auf jeglichen Patentanspruch zu gewähren, der zu einem späteren Zeitpunkt aufgesetzt wird und hier behandelte Themen umfasst.

Die normalisierte Leistung erhält man, indem man die jeweiligen Benchmarkergebnisse für jede der Plattformen durch das entsprechende Ergebnis für das Vergleichssystem dividiert.

Durch Technologien von Intel ermöglichte Funktionsmerkmale und Vorteile hängen von der Systemkonfiguration ab und können entsprechend geeignete Hardware, Software oder die Aktivierung von Diensten erfordern. Die Leistungsmerkmale variieren je nach Systemkonfiguration. Kein Computersystem bietet absolute Sicherheit. Informieren Sie sich beim Systemhersteller oder Fachhändler oder auf www.intel.de.

Die beschriebenen Produkte können konstruktionsbedingte Defekte oder Fehler (Errata) enthalten, die zu Abweichungen der Produkteigenschaften von den angegebenen Spezifikationen führen. Eine Liste derzeit bekannter Errata ist auf Anfrage verfügbar.

Intel schließt sämtliche ausdrücklichen oder impliziten Garantien aus, einschließlich der impliziten Garantie der Marktgängigkeit oder der Eignung für einen bestimmten Zweck sowie der Nichtverletzung von Rechten, sowie Garantien, die aus einer Leistungserbringung, aus dem Handel oder der Verwendung im Handel entstehen.

3D XPoint, Intel, das Intel-Logo, Intel Optane, Intel Xeon Phi und Xeon sind Marken der Intel Corporation in den USA und anderen Ländern. *Andere Marken oder Produktnamen sind Eigentum der jeweiligen Inhaber.

© 2018 Intel Corporation. 0418/KK/MG/PDF Gedruckte Exemplare nach Gebrauch bitte recyceln. 337452-001US