



GPU УСКОРЕНИЕ В
БИОИНФОРМАТИКЕ
С NVIDIA® TESLA®



РЕВОЛЮЦИОННЫЕ РЕШЕНИЯ ДЛЯ ВЫСОКОПРОИЗВОДИТЕЛЬНЫХ ВЫЧИСЛЕНИЙ NVIDIA® TESLA®

“ Мы не только создали самый быстрый в мире компьютер, но и представили гетерогенную архитектуру на базе CPU и GPU, это новое достижение”

Премьер Вэнь Цзябао (Wen Jiabao),
Китайская Народная Республика

В области высокопроизводительных вычислений (ВПВ) неуклонно растет необходимость в вычислительных ресурсах, так как большие и сложные вычислительные задачи становятся привычными во многих отраслях промышленности. Однако традиционные центральные процессоры не обеспечивают достаточную масштабируемость производительности для решения таких задач. Способность GPU к распараллеливанию позволяет разделить сложные вычислительные на тысячи простых, которые можно выполнять параллельно. Такой подход позволяет ученым и исследователям решать самые актуальные вычислительные задачи на порядок быстрее.

“ Увеличение количества суперкомпьютеров на базе GPU в списке Green500 означает, что гетерогенные системы, построенные на процессорах GPU и CPU, обеспечивают высочайшую производительность и беспрецедентную экономичность,”

Ву-чун Фенг (Wu-chun Feng), основатель Green500 и адъюнкт-профессор по информатике Политехнического института штата Вирджиния.

Это достижение кардинально изменило ВПВ. Помимо большого прироста скорости графические процессоры также потребляют меньше энергии, чем традиционные кластеры на CPU. GPU обеспечивают прирост производительности от 10 до 100 раз и решают задачи за минуты вместо часов, превосходя по скорости вычислений традиционные вычислительные системы, основанные лишь на CPU x86.

Графические процессоры NVIDIA® Tesla™ обеспечивают прогресс, который раньше был невозможен из-за технологических ограничений, во многих областях науки и промышленности – от моделирования климата до медицинской томографии.

ПРЕИМУЩЕСТВА GPU ВЫЧИСЛЕНИЙ

Учитывая то, что требования к производительности компьютеров неуклонно растут, системы на базе лишь CPU не способны более составлять весомую конкуренцию. Такие системы становятся быстрее лишь за счет добавления тысяч отдельных компьютеров – этот подход требует слишком большого количества энергии и делает суперкомпьютеры очень дорогими. Иной подход – это параллельные вычисления, и сейчас индустрия ВПВ движется в направлении гибридной вычислительной модели, где GPU и CPU совместно работают над выполнением задач общего назначения.

Параллельные процессоры GPU лучше справляются с большими объемами похожих данных, потому что задачу можно разделить на тысячи частей и выполнять их одновременно.

Последовательные процессоры CPU не предназначены для параллельного типа вычислений, но они лучше справляются с последовательными задачами, такими как работа операционной системы и организация данных. NVIDIA предлагает использовать наиболее подходящий процессор для каждой задачи.

ГРАФИЧЕСКИЕ ПРОЦЕССОРЫ ОБЕСПЕЧИВАЮТ ПРЕВОСХОДНУЮ ПРОИЗВОДИТЕЛЬНОСТЬ ПАРАЛЛЕЛЬНЫХ ВЫЧИСЛЕНИЙ

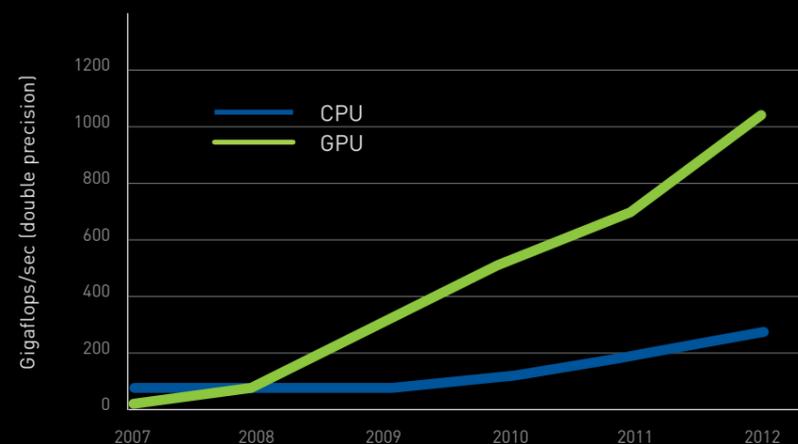
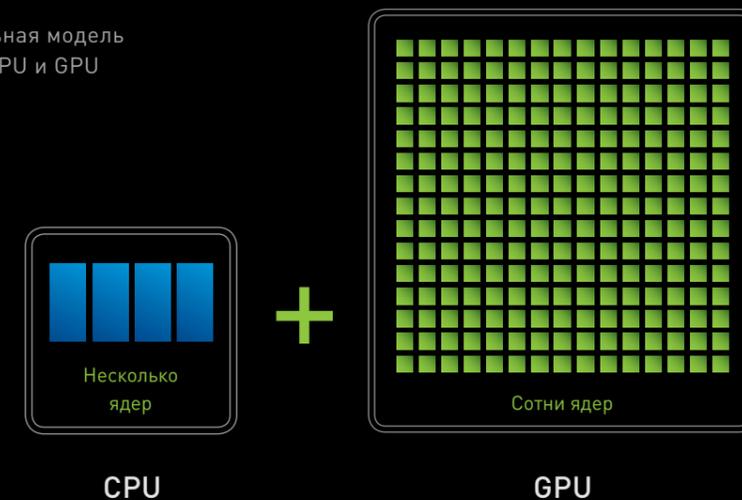


Рис. 1: Совместная обработка отражает использование ускорителя, такого как GPU, для разгрузки CPU и повышения вычислительной эффективности.

МНОГОЯДЕРНОСТЬ CPU И GPU

Рис. 2: Новая вычислительная модель включает многоядерный CPU и GPU с сотнями ядер.

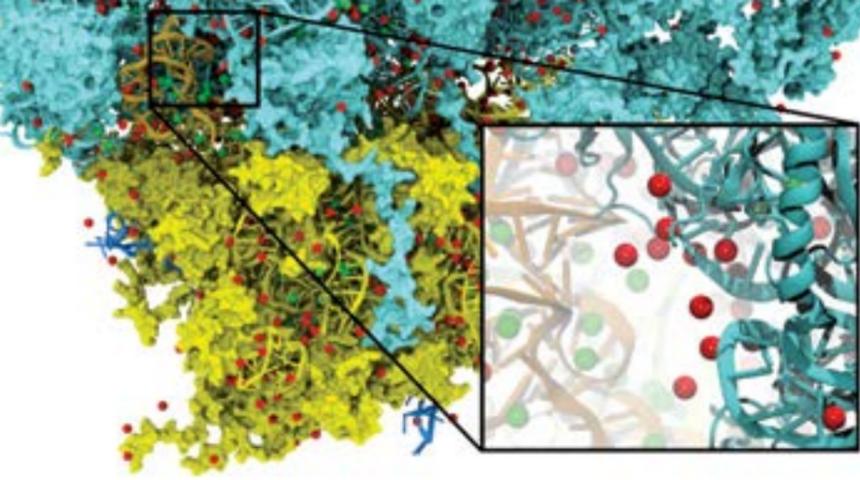


ВЫЧИСЛИТЕЛЬНЫЕ ПРИЛОЖЕНИЯ УСКОРЯЕМЫЕ НА GPU В РАЗЛИЧНЫХ НАУЧНЫХ ОБЛАСТЯХ

Приложение	Название	Поддерживаемые функциональности	Ожидаемое ускорение	Поддержка Multi-GPU	Статус
Биоинформатика					
BarraCUDA	Sequence mapping software	Alignment of short sequencing reads	6-10x	Yes	Available now, Version 0.6.2
CUDASW++	Open source software for Smith-Waterman protein database searches on GPUs	Parallel search of Smith-Waterman database	10-50x	Yes	Available now, Version 2.0.8
CUSHAW	Parallelized short read aligner	Parallel, accurate long read aligner - gapped alignments to large genomes	10x	Yes	Available now, Version 1.0.40
GPU-BLAST	Local search with fast k-tuple heuristic	Protein alignment according to blastp, multi cpu threads	3-4x	Single Only	Available now, V2.2.26
GPU-HMMER	Parallelized local and global search with profile Hidden Markov models	Parallel local & global search of Hidden Markov Models	60-100x	Yes	Available now, Version 2.3.2
mCUDA-MEME	Ultrafast scalable motif discovery algorithm based on MEME	Scalable motif discovery algorithm based on MEME	4-10x	Yes	Available now, V3.0.12
MUMmerGPU	A high-throughput DNA sequence alignment program	Aligns multiple query sequences against reference sequence in parallel	3-10x	Yes	Available now, Version 2
SeqNFind	A GPU Accelerated Sequence Analysis Toolset	Reference assembly, blast, smith-waterman, hmm, de novo assembly	400x	Yes	Available now
UGENE	Opensource Smith-Waterman for SSE/CUDA, Suffix array based repeats finder & dotplot	Fast short read alignment	6-8x	Yes	Available now, Version 1.11
WideLM	Fits numerous linear models to a fixed design and response	Parallel linear regression on multiple similarly-shaped models	150x	Yes	Available now, Version 0.1-1
Молекулярная Динамика					
Abalone	Models molecular dynamics of biopolymers for simulations of proteins, DNA and ligands	Simulations (on 1060 GPU)	4-29x	Single Only	Available now
ACEMD	Simulation of mechanics force fields, implicit & explicit solvent on CUDA	Written for use on GPUs	160 ns/day	Yes	Available now
AMBER	Suite of programs to simulate molecular dynamics on biomolecules	PMEMD: Explicit and Implicit Solvent	89.44 ns/day JAC NVE	Yes	Available now, Version 12 + bugfix9
DL-POLY	Simulate macromolecules, polymers, ionic systems, etc on a distributed memory parallel computer	Two-body Forces, Link-cell Pairs, Ewald SPME forces, Shake VV	4x	Yes	Available now, V4.0 Source only
GROMACS	Simulation of biochemical molecules with complicated bond interactions	Implicit (5x), Explicit(2x) solvent	165 ns/Day DHFR	Single Only	Available now

Приложение	Название	Поддерживаемые функциональности	Ожидаемое ускорение	Поддержка Multi-GPU	Статус
HOOMD-Blue	Particle dynamics package written grounds up for GPUs	Written for GPUs	2x	Yes	Available now
LAMMPS	Classical molecular dynamics package	Lennard-Jones, Morse, Buckingham, CHARMM, Tabulated, Course grain SDK, Anisotropic Gay-Bern, RE-squared, "Hybrid" combinations	3-18x	Yes	Available now
NAMD	Designed for high-performance simulation of large molecular systems	100M atom capable	6.44 ns/days STMV585x 2050s	Yes	Available now, Version 2.9
OpenMM	Library and application for molecular dynamics for HPC with GPUs	Implicit and explicit solvent, custom forces	Implicit: 127-213 ns/day; Explicit: 18-55 ns/day DHFR	Yes	Available now, Version 4.1.1
Кватовая Химия					
Abinit	Allows to find total energy, charge density & electronic structure of systems made of electrons and nuclei within DFT	Local Hamiltonian, non-local Hamiltonian, LOBPCG algorithm, diagonalization / orthogonalization	1.3-2.7x	Yes	Available now, Version 6.1
ACES III	Takes best features of parallel implementations of quantum chemistry methods for electronic structure	Integrating scheduling GPU into SIAL programming language and SIP runtime environment	10x Kernels	Yes	In Development
ADF	Density Functional Theory (DFT) software package that enables first-principles electronic structure calculations	Fock Matrix, Hessians	TBD	Yes	In Development
BigDFT	Implements density functional theory by solving the Kohn-Sham equations describing the electrons in a material	DFT; Daubechies wavelets, part of Abinit	5-25x	Yes	Available now, Version 1.6
CASINO	Code for performing quantum Monte Carlo (QMC) electronic structure calculations for finite and periodic systems	TBD	TBD	Yes	In Development
CP2K	Program to perform atomistic and molecular simulations of solid state, liquid, molecular and biological systems	DBCSR (space matrix multiply library)	2-7x	Yes	In Development
GAMMESS-US	Is the general purpose ab initio molecular electronic structure program for performing SCF-, DFT- and MCSCF-gradient calculations	(ss/lss) type integrals within calculations using Hartree Fock ab initio methods and density functional theory. Supports organics & inorganics.	8x	Yes	In development, expected Q4/12
TeraChem	Quantum chemistry software designed to run on NVIDIA GPU	Full GPU-based solution . Performance compared to GAMESS CPU version.	44-650x	Yes	Available now, Version 1.45

www.nvidia.ru/teslaapps



НОВЫЕ ВОЗМОЖНОСТИ СОВРЕМЕННОЙ НАУКИ TESLA™ BIO WORKBENCH

NVIDIA® Tesla™ Bio Workbench позволяет ученым в области биофизики и вычислительной химии расширять границы своих исследований. Данная программа позволяет превращать обычный ПК в «вычислительную лабораторию», способную работать со сложными научными алгоритмами в таких областях, как создание медицинских препаратов и определение структуры ДНК, в 10-20 раз быстрее при помощи графических процессоров NVIDIA Tesla.

Решение включает пакет программного обеспечения, сайт сообщества для загрузки материалов, обсуждений и просмотра результатов данных приложений, и платформы на базе GPU.

Сложные математические модели, расчет которых раньше проводился только на суперкомпьютерах, теперь по силам

и рабочим станциям. Это оптимизирует научный рабочий процесс и ускоряет ход исследований. Такие расчеты можно масштабировать на кластеры на базе GPU для моделирования больших молекул и систем, для которых может потребоваться суперкомпьютер.

Список приложений ускоряемых при помощи GPU включает:

- Для молекулярной динамики и квантовой химии AMBER, GROMACS, GAMESS, HOOMD, LAMMPS, NAMD, TeraChem (квантовая химия), VMD
- Для био-информатики CUDA-BLASTP, CUDA-EC, CUDA-MEME, CUDASW++ (алгоритм Смита-Ватермана), GPU-HMMER, MUMmerGPU

Для более подробной информации посетите страницу: www.nvidia.ru/bioworkbench

AMBER

Сегодня исследователи решают самые важные мировые задачи. Вычислительные исследования, включая поиск лекарств от рака и ВИЧ, зависят от количества прогонов моделей за день. Чем больше прогонов, тем ближе открытие. Для решения этих сложных задач ученые часто обращаются к национальным суперкомпьютерам, чтобы провести расчеты для своих моделей.

GPU обеспечивает всем исследователям производительность на уровне суперкомпьютера прямо на их рабочем месте. Тесты показывают, что четыре GPU Tesla M2090 значительно опережают существующий мировой рекорд, установленный на суперкомпьютерах на базе CPU.

РЕКОМЕНДУЕМАЯ КОНФИГУРАЦИЯ

Рабочая станция

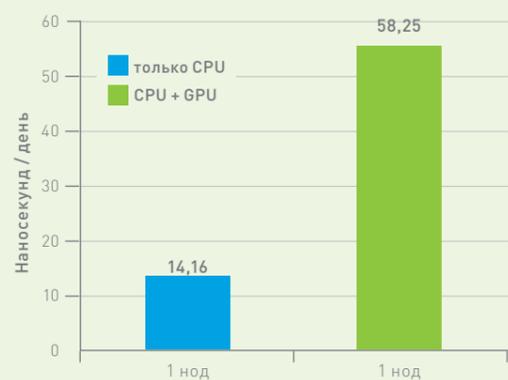
- 2x M2090s or 2x K5000s
- 2x 6-core CPUs
- 16 GB of RAM

Cluster node Configuration

- 4 nodes with 8 Tesla GPUs M2090 or K10 with CUDA
- 2x 6 core CPU / node
- Infiniband QDR / node
- 24 GB of RAM per node

ИСКЛЮЧИТЕЛЬНАЯ ПРОИЗВОДИТЕЛЬНОСТЬ

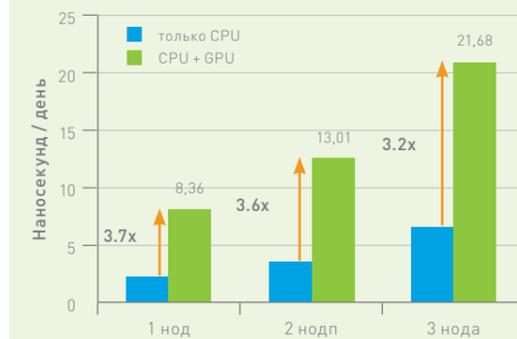
JAC 23K Atoms (NVE)



Выполнено на AMBER 12 с CUDA 4.2 ECC Off

1 нод включает: CPU: 2x Intel X5670 (6 ядер на CPU); GPU: 2x NVIDIA K10. 2 GPU дают **4-кратный** прирост производительности по сравнению с 2 CPU.

ЗАМЕТНОЕ УСКОРЕНИЕ ДАЖЕ НА МАЛЫХ МОДЕЛЯХ



Выполнено на GROMACS 4.6 pre-beta с CUDA 4.1

1 нод включает: CPU: 1x Intel X5550 CPU (95W TDP, 4 ядра на CPU); GPU: 1x NVIDIA M2090 (225W TDP per GPU board).

GPU позволяет получить ускорение в **3.7 раз** по сравнению с 1 CPU

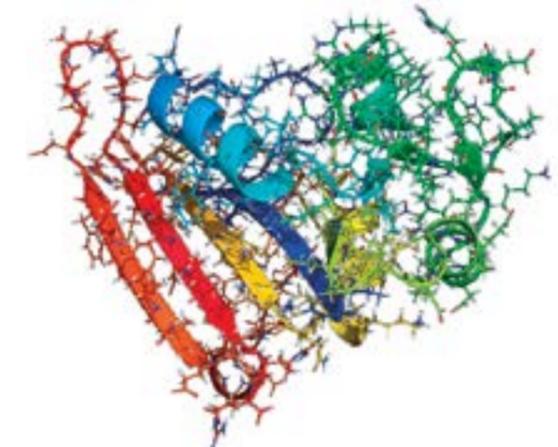
РЕКОМЕНДУЕМАЯ КОНФИГУРАЦИЯ

Рабочая станция

- 1x Tesla C2075
- Четырехъядерный dual-socket CPU
- 2 Гб системной памяти

GROMACS

GROMACS – это пакет по молекулярной динамике, созданный в первую очередь для моделирования биохимических молекул, таких как белки, жиры и нуклеиновые кислоты, которые изобилуют сложными взаимодействиями. CUDA-версия GROMACS с GPU-ускорением поддерживает Particle-Mesh-Ewald (PME), произвольные формы не связывающих взаимодействий и неявное решение обобщенных методов Борна.

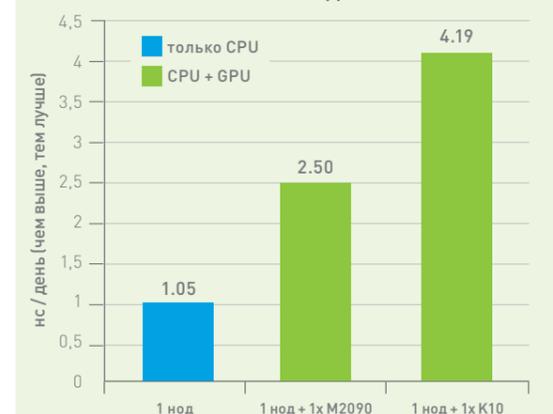


NAMD

Команда разработчиков из Университета штата Иллинойс в Урбана-Кампэйн (UIUC) работает над обеспечением CUDA-ускорения в NAMD с 2007 года и демонстрирует блистательные результаты. Пользователи NAMD получают огромные приросты скорости в своих исследованиях с помощью GPU Tesla. Тесты (см. ниже) показывают, что 4 узла сервера на GPU опережают 16 узлов на CPU. Они также показывают, что GPU масштабируются лучше, чем CPU с большим количеством узлов.

Ученые и исследователи, у которых есть мощные GPU-ускорители, сделали открытия, которые раньше были невозможны. Посмотрите, как другие исследователи получили производительность на уровне суперкомпьютера в небольшом кластере, и возьмите новые высоты.

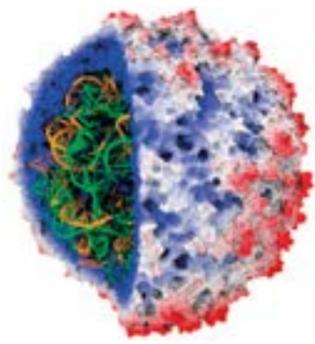
K10 - САМЫЙ БЫСТРЫЙ GPU С ОДИНАРНОЙ ТОЧНОСТЬЮ



Выполнено на NAMD версия 2.9

1 нод включает: CPU: 2x Intel Xeon X5690 CPUs (6 Cores per CPU); GPU: 1x NVIDIA M2090 или 1x K10.

M2090 позволяет получить ускорение в **2.4 раза** и K10 в **4 раза** по сравнению с CPU.



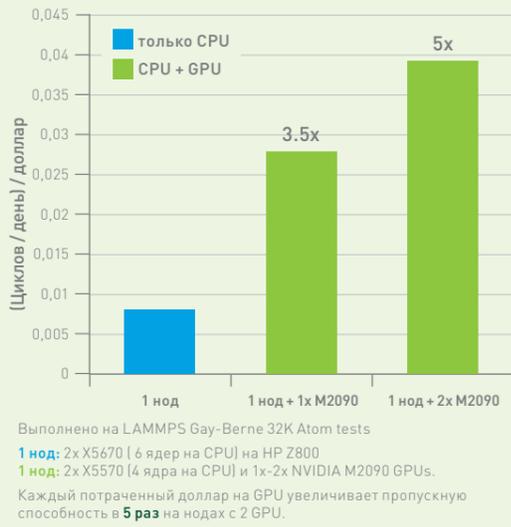
LAMMPS

LAMMPS – это классический программный пакет для работы с молекулярной динамикой, созданный для одновременной работы на нескольких компьютерах. Он поддерживается и распространяется Национальной лабораторией корпорации Sandia в США как бесплатное решение с открытым кодом.

LAMMPS позволяет работать с мягкими материалами (биомолекулы, полимеры), твердотельными материалами (металлы, полупроводники) и крупнозернистыми или мезоскопическими системами.

Версия CUDA для LAMMPS ускоряется за счет переноса ресурсоемких вычислений на GPU.

ВЫСОКОЭКОНОМИЧНАЯ ЭФФЕКТИВНОСТЬ



UGENE: УНИВЕРСАЛЬНЫЙ ПАКЕТ БИОЛОГИЧЕСКИХ ИНСТРУМЕНТОВ

Все алгоритмы биоинформатики, использующие поиск и имеющие независимость по данным, могут быть оптимизированы на графических процессорах по технологиям CUDA или OpenCL в большей или меньшей степени.



UGENE – это мощная вычислительная визуально-интуитивная платформа для молекулярных биологов, бесплатная и с открытым исходным кодом. UGENE отлично работает на Windows, Mac OS, Linux. Программный пакет очень прост в установке и использовании. Обладает русскоязычным интерфейсом.

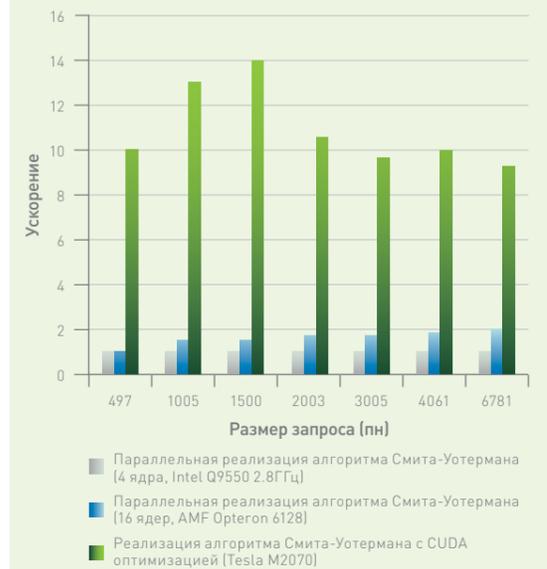
Для некоторых алгоритмов, где возможно распараллеливание по данным, в дистрибутиве доступны оригинальные оптимизации для многоядерных процессоров (CPU) и графических процессоров (GPU).

Алгоритм Smith-Waterman (SW), популярный алгоритм поиска локального выравнивания, имеет высокую независимость по данным, что благоприятно для оптимизации. Распараллеливанием процессов заполнения матрицы динамического программирования и восстановления выравнивания было получено четыре версии алгоритма, ориентированные на разные технологии – 1) multicore; 2) SSE2; 3) CUDA; 4) OpenCL.

Реализация алгоритма Смита-Уотермана с CUDA-ускорением обеспечивает прирост производительности до 9 раз по сравнению с параллельной реализацией алгоритма (также поставляемой в пакете UGENE) и 40-кратное ускорение по сравнению с классической реализацией.

Более подробная информация ugene.unipro.ru/hpc.html

СРАВНЕНИЕ ОПТИМИЗАЦИЙ АЛГОРИТМА SW В UGENE



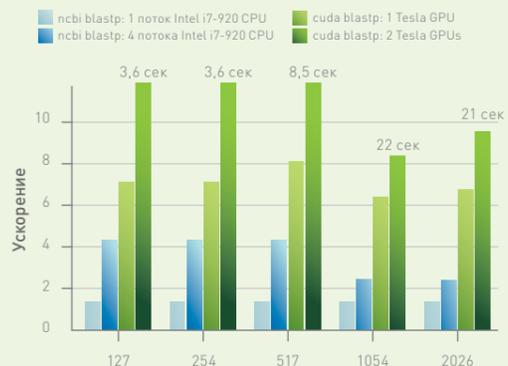
CUDA-BLASTP

CUDA-BLASTP предназначен для ускорения NCBI BLAST, сканирования баз данных цепочек протеинов, с помощью архитектуры параллельных вычислений CUDA графических процессоров NVIDIA Tesla. CUDA-BLASTP также включает утилиту для конвертации формата FASTA в файлы, распознаваемые CUDA-BLASTP.

CUDA-BLASTP исполняется на рабочей станции с двумя Tesla C1060 GPU в 10x быстрее чем NCBI BLAST (2.2.22) исполняемая на Intel i7-920 CPU. Это сокращает время вычислений с минут на CPU до секунд на GPU.

УСКОРЕНИЕ CUDA-BLASTP В СРАВНЕНИИ С NCBI BLASTP

Данные предоставлены Технологическим университетом Наньян, Сингапур



GPU-HMMER используя GPU ускоряет инструмент hmmsearch, что позволяет получить ускорение в 60-100 раз. GPU-HMMER также может использоваться в рабочей станции с несколькими Tesla GPU для сокращения поиска с часов на CPU до минут на GPU.

HMMER: В 60-100Х БЫСТРЕЕ

Данные предоставлены Технологическим университетом Наньян, Сингапур



GPU-HMMER

GPU-HMMER – это программное обеспечение по биоинформатике, которое выполняет выравнивание последовательности белков с помощью скрытой модели Маркова (HMM) на базе архитектуры параллельных вычислений CUDA графических процессоров NVIDIA Tesla. GPU-HMMER в 60-100 раз быстрее HMMER (2.0).

UGENE Genome Aligner – алгоритм, выравнивающий короткие риды на референсную последовательность, допускающий до 10% несовпадений. Оптимизации поддается только часть алгоритма, а именно бинарный поиск. Из таблицы видно, что именно часть, ответственная за поиск, обуславливает GPU-ускорение всего алгоритма по технологии OpenCL.

ugene.unipro.ru

Процессор / Время	Полная сборка (сек)	Бинарный поиск (сек)
CPU (1 поток)	296	136
CPU (4 threads)	284	50
GPU (Open CL)	160	10

УСКОРЕНИЕ РАСЧЕТОВ В MATLAB®

GPU-ВЫЧИСЛЕНИЯ В MATLAB ОТ MATHWORKS®



Parallel Computing Toolbox и MATLAB Distributed Computing Server предоставляют пользователям мощь вычислений на GPU благодаря всего лишь нескольким изменениям в существующем коде MATLAB, а также делают возможным запуск ядер CUDA непосредственно из MATLAB.

Поддерживаемые возможности GPU в MATLAB:

- Работа с данными при помощи NVIDIA GPU
- Операции в MATLAB с GPU-ускорением
- Поддержка ядер CUDA собственной разработки в приложениях MATLAB
- Вычисления на нескольких NVIDIA GPU при помощи нескольких запущенных одновременно служб MATLAB благодаря Parallel Computing Toolbox в настольном ПК и MATLAB Distributed Computing Server в вычислительном кластере

MATLAB поддерживает GPU с NVIDIA® CUDA™ с версией compute capability 1.3 и выше, такие как GPU Tesla® 10-серии, 20-серии и K-серии. Поддержка MATLAB CUDA служит основой для операций MATLAB с GPU-ускорениями и позволяет внедрять существующие программные ядра CUDA в приложения MATLAB.

УМНОЖЕНИЕ МАТРИЦ (ДВОЙНАЯ ТОЧНОСТЬ)



Узнайте больше, посетив:
www.nvidia.co.uk/matlab

GPU-ВЫЧИСЛЕНИЯ В MATLAB С ACCELEREYES JACKET™

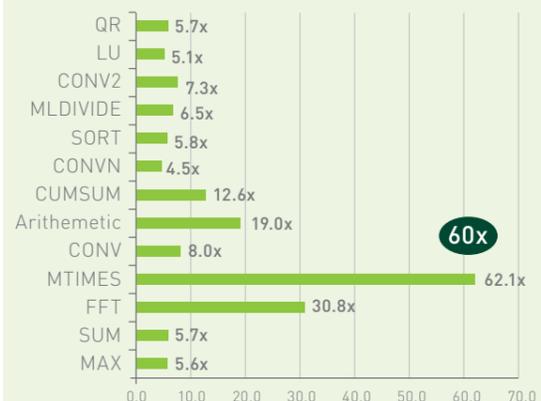


Jacket включает в себя большое количество ключевых функций, которые в результате предоставляют:

- Более 500 функций, включая математические вычисления, обработку сигналов, обработку изображений и статистику
- Специализированные циклы FOR для параллельного выполнения итераций с циклами GFOR
- Оптимизация работы с памятью и конфигураций ядра
- Интеграция пользовательских ядер CUDA в MATLAB посредством Jacket SDK
- Вычисления на нескольких графических процессорах NVIDIA посредством Jacket MGL и HPC

С программированием Jacket пользователи MATLAB могут наслаждаться аппаратным ускорением графического процессора с простым высокоуровневым интерфейсом.

JACKET НА GPU ПРОТИВ MATLAB НА CPU



Ускорение: Tesla GPU на Ivy Bridge CPU
Tesla M2090, Ivy Bridge Core i7 3720QM CPU

РЕКОМЕНДОВАННЫЕ КОНФИГУРАЦИИ TESLA И QUADRO

Высокопроизводительные рабочие станции

- 2 Tesla C2075
- 1 Quadro 6000
- 2 CPUs
- 24 ГБ памяти

Рабочие станции среднего сегмента

- 1 Tesla C2075
- 1 Quadro 2000
- 1 CPU
- 12 ГБ памяти

Рабочие станции начального уровня

- 1 Tesla C2075
- 1 Quadro 600
- 1 CPU
- 6 ГБ памяти



ВЫЧИСЛИТЕЛЬНЫЕ РЕШЕНИЯ TESLA GPU

Вычислительные решения серии Tesla 20 созданы с нуля для высокопроизводительных вычислений и поддерживают новейшую архитектуру NVIDIA CUDA под кодовым названием Fermi. Она включает множество необходимых особенностей для ВПВ, в том числе ECC-память для высокой точности и надежности, поддержку C++ и семикратную скорость вычислений двойной точности по сравнению с CPU. В сравнении с четырехядерными CPU графические процессоры серии Tesla 20 обеспечивают эквивалентную производительность при 1/10 стоимости и 1/20 энергопотреблении.

• НАИЛУЧШАЯ ПРОИЗВОДИТЕЛЬНОСТЬ

Высочайшая производительность при выполнении операций с плавающей запятой с двойной точностью и большой объем локальной памяти для поддержки больших массивов данных для ВПВ.

• ВЫСОКАЯ НАДЕЖНОСТЬ

Бескомпромиссная надежность данных благодаря использованию ECC и стресс-тестов для недопущения ошибок.

• СОЗДАНО ДЛЯ ВЫСОКОПРОИЗВОДИТЕЛЬНЫХ ВЫЧИСЛЕНИЙ

Подробнее о продуктах Tesla GPU и приложениях смотрите на странице www.nvidia.ru/tesla

TESLA ДЛЯ ЦЕНТРОВ ОБРАБОТКИ ДАННЫХ

GPU Tesla, доступные у OEM-компаний и сертифицированных реселлеров, призваны многократно повысить производительность вашего вычислительного кластера.



Вычислительные модули Tesla M2090 позволяют объединять в одном сервере или блейд-сервере графические и центральные процессоры.

TESLA ДЛЯ РАБОЧИХ СТАНЦИЙ

Вычислительные процессоры NVIDIA Tesla GPU, обеспечивающие производительность уровня кластера на рабочей станции, делают возможным переход на параллельные вычисления с использованием персонального суперкомпьютера прямо у вас на рабочем месте.



Вычислительный процессор Tesla C2075 GPU обеспечивает мощь кластера в форм-факторе рабочей станции.

NVIDIA® TESLA® KEPLER НОВЫЙ УРОВЕНЬ ПРОИЗВОДИТЕЛЬНОСТИ

ВЫЧИСЛИТЕЛЬНЫЕ РЕШЕНИЯ С TESLA KEPLER

ГРАФИЧЕСКИЙ ПРОЦЕССОР NVIDIA TESLA K10

Вычислитель Tesla K10, основанный на новой архитектуре NVIDIA Kepler™, обеспечивает самую высокую в индустрии производительность одинарной точности (4.58 терафлопс) и самую широкую полосу пропускания памяти (320 ГБ/с). Демонстрируемая производительность в 12 раз больше, чем у CPU новейшего поколения Intel Sandy Bridge(1), а ширина пропускания памяти больше в 6.4 раза.



ГРАФИЧЕСКИЙ ПРОЦЕССОР NVIDIA TESLA K20

Вычислитель Tesla K20 – это новый флагман семейства Tesla, созданный для самых ресурсоемких вычислительных задач. Tesla K20 основан на GPU GK110 Kepler. В операциях с двойной точностью он обеспечивает производительность втрое выше, чем продукты Tesla на базе предыдущей архитектуры (Fermi), а также поддерживает Hyper-Q и динамический параллелизм.



ТЕХНИЧЕСКИЕ ХАРАКТЕРИСТИКИ TESLA KEPLER

	TESLA K10	TESLA K20
Пиковая производительность для вычислений двойной точности с плавающей точкой	0.19 teraflops	Будет объявлено
Пиковая производительность для вычислений одинарной точности с плавающей точкой	4.58 teraflops	Будет объявлено
Производительность GPGPU	2 x GK104s	1 x GK110
Ядра CUDA	2 x 1536	Будет объявлено
Размер памяти (GDDR5)	8 ГБ	Будет объявлено
Полоса пропускания памяти (без ECC)	320 ГБ/с	Будет объявлено
Приложения для вычислений на GPU	Обработка сейсмических данных, обработка сигналов и изображений, видеоаналитики	Вычислительная гидродинамика, САПР, финансовые вычисления, вычислительная химия и физика, анализ данных, моделирование погоды
Поддерживаемые архитектуры	SMX	SMX, Dynamic Parallelism, Hyper-Q

ПОЛЕЗНЫЕ ССЫЛКИ ПО TESLA И CUDA

НОВОСТИ И ИСТОРИИ УСПЕХА

Еженедельная рассылка CUDA
www.nvidia.ru/object/cuda_week_in_review_newsletter

Новости и статьи
www.nvidia.co.uk/page/tesla-articles

Tesla видео на YouTube
www.youtube.com/nvidiatesla

Истории успеха
www.nvidia.ru/object/tesla-case-studies-ru

АППАРАТНОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ

Высокопроизводительные вычисления с NVIDIA
www.nvidia.ru/tesla

Tesla для персональных суперкомпьютеров
www.nvidia.ru/psc

Решения Tesla для дата-центров
www.nvidia.ru/page/preconfigured_clusters

Техническая литература о Tesla
www.nvidia.ru/page/tesla_product_literature

ПРОГРАММНОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ

CUDA в бионформатике
www.nvidia.ru/object/bio_info_life_sciences_ru

Примеры из практики Tesla
www.nvidia.ru/object/tesla-case-studies-ru

CUDA Zone
www.nvidia.ru/cuda

CUDA в действии
www.nvidia.ru/object/cuda_in_action_ru

Книги о CUDA
www.nvidia.ru/object/cuda-books-ru

CUDA тренинги и консультации
www.nvidia.ru/page/cuda_consultants

Инструменты разработчика
www.nvidia.ru/object/tesla_software_ru

Веб-сайт/форум по CUDA Московского Государственного Университета
sites.google.com/site/cudacsmsusu/home

Антон Джораев
Менеджер по продажам профессиональных решений
 E-mail: adzhoraev@nvidia.com
 Тел.: +7 495 981 03 00 ext. 10764