

## ソリューション概要

ライフサイエンス  
インテル® スケーラブル・システム・フレームワーク



# サイエンスを制約から解放

## ライフサイエンス業界に押し寄せるデータ主導型イノベーションの波を乗りこなす

今日のライフサイエンスや医療科学の革新は、日進月歩どころか秒針分歩とも言える速さで進んでいます。今や、ヒトゲノムの全配列は、数時間のうちに、わずか1,000米ドルの費用で決定できるようになり<sup>1</sup>、ゲノム100米ドル時代へと近づきつつあります。<sup>2</sup> それと同時に、研究者はクライオ電子顕微鏡法(クライオEM) や分子動力学などのテクノロジーによって、細胞過程を分子レベルで視覚化し、理解することが可能になってきています。

これらをはじめとしたテクノロジーによって、生命の最も基本的なプロセスを解明する機会がもたらされ、それによって生命科学的な経路を明らかにすることも、病気のメカニズムを特定することも可能になります。創業もまた、数十億ドルかかる長年の試行錯誤の繰り返しから、効率的でデータ主導型のワークフローへと変えることができます。注目すべきは、分子レベルのプロファイリングと患者個人に合わせた治療により、精密医療が怪我や病気の診断および治療方法を根本から変えるだろうという点です。

### 大量かつ複雑なデータセットに埋もれたインサイト

このビジョンを現実とすることは、簡単ではありません。最大の課題となるのは、大容量のシーケンサーによって生成された膨大なデータの処理です。組織によっては、すでに単一のシーケンサーから1日当たり最大3TBのデータを保管、保護、共有することが求められています。<sup>3</sup> ある研究の予測では、2025年までに1億から20億のヒトゲノムの配列が決定される見込みで、これによって2~40エクサバイトのデータが生成されます。<sup>4</sup>

この大量のデータは、画像、臨床、個人、および環境のデータセットと組み合わせて分析する必要があり、そのデータセットも大量かつ複雑で、広範に分散しています。科学者や医療従事者が、こうしたすべてのデータの移動、統合、分析によって大きな遅れを被ったり、莫大なコストがかかるなどの制約を回避するためには、新世代のハードウェアおよびソフトウェア機能が必要になります。

システムとネットワークは、これまで以上にパワフルで、価格面でも手ごろでなければなりません。また、増え続けるデータ量や、アルゴリズムの複雑さに対応できるだけの拡張性も必要です。次の例で説明するように、インテルは先進的教育機関、オープンソース団体、営利団体との連携により、こうした課題を克服して、発見の件数とそのペースが加速するよう取り組んでいます。

### 高速ゲノム解析の可能性を広げる

### 主要ゲノム・アルゴリズムの桁違いの性能向上<sup>5</sup>

ゲノムデータを解析するための複雑なソフトウェア・アルゴリズムは長年にわたって開発されてきました。こうしたアルゴリズムは驚異的な機能を備えていますが、主にゲノム研究者が科学的正確さに重点を置いて作成したため、そのコードは最新のコンピューティング・プラットフォームに対して完全には最適化されていませんでした。

ベルリン自由大学教授のKnut Reinert博士とそのチームはインテルと連携して、非常に重要なアルゴリズムを、マルチコアおよびメニーコアのインテル® プロセッサ上で効率的に実行されるように最適化することで、ゲノム解析の高速化に取り組んでいます。

インテル® Xeon® Gold 6148 プロセッサを使用した最新のベンチマークによって、この効果は数値化されています。結果は、前世代のインテル® Xeon® プロセッサ E5-2697 v4と比較して、1.6倍から2.7倍の範囲の性能向上を示しています(図1参照)。<sup>5</sup> また、最適化されたコードによって、大量のコアにわたる優れた拡張性が実現しています。インテル® Xeon Phi™ プロセッサ 7250を使用したベンチマークでは、68個すべてのコアを使用したときと、同じワークロードをシングルコアで実行したときの比較で、最大55分の1に実行時間が短縮されました(図2参照)。<sup>6</sup>

Reinert教授とチームは、最適化されたアルゴリズムをSeqAnにパッケージ化しています。SeqAnは使いやすさ、保守性、携帯性の点で最適化されたオープンソース・ソフトウェア・ライブラリーです。SeqAnの使用により、マルチコアおよびメニーコアのインテル® プロセッサに備わった能力および拡張性を活用する、複雑なゲノム・パイプラインを迅速に組み立てることができます。

詳細については、<https://software.intel.com/en-us/articles/intel-parallel-computing-center-at-freie-universitat-berlin/>(英語)を参照してください。

## 原子に近いスケールで生物学を研究する

### クライオEM向けの高速度画像再構成

クライオEMテクノロジーによって、科学者は、細胞の過程やその他の複雑な化学的相互作用を3次元かつ原子に近いスケールで研究することができます。しかし、画像の再構成にかかる実行時間の長さに比例して研究に必要な時間も長くなり、一般的な研究でおよそ47時間が必要になっています。

ストックホルム大学のErik Lindahl教授とMRC研究所のSjors Scheres教授は、オープンソースのRELIONでアルゴリズムを最新化することによって、画像再構成の時間を1ケタ分、つまりシングルサーバー上で5.7時間、8ノードクラスター上ではわずか1.0時間にまで短縮しました。<sup>a</sup> これによって、研究は迅速化し、このパワフルな画像処理技術は急速に広まっていくことでしょう。

クライオEMの詳細については、<https://www.youtube.com/watch?v=BtuAz12zXBs> (英語) を参照してください。

コア数の増加と高度なベクトル化によって高速化する SeqAn パフォーマンス  
値が小さいほど高性能

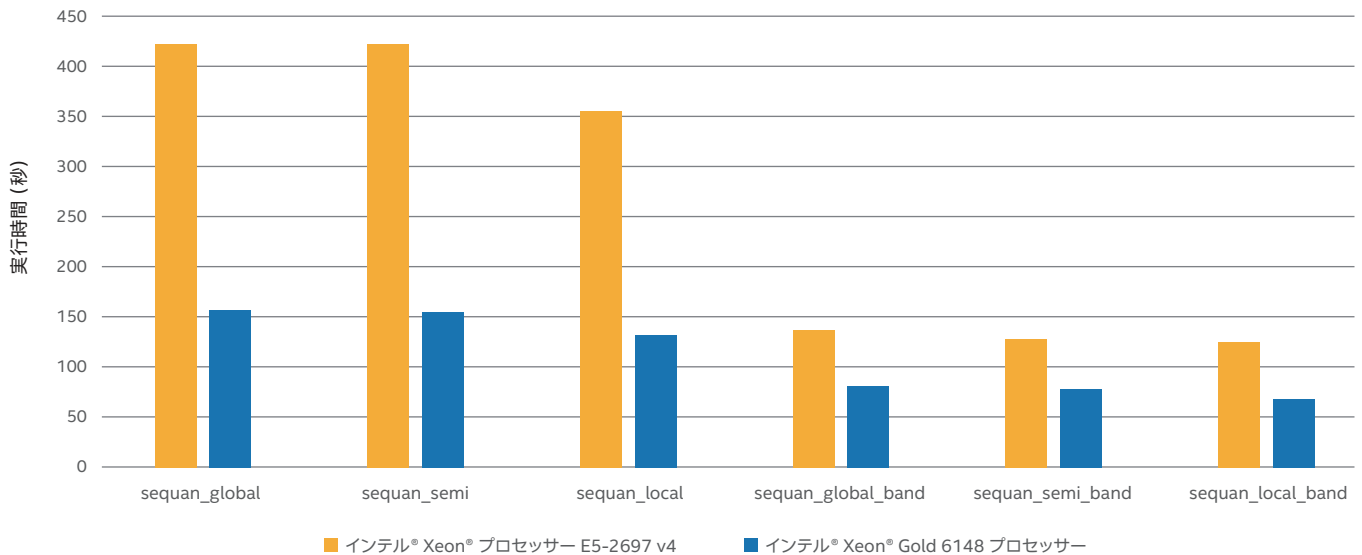


図 1. 最適化された SeqAn コードは、最新の Intel® Xeon® Gold 6148 プロセッサの高度なベクトル機能を活用して、前世代のプロセッサに比べ、最大 1.6 倍から 2.7 倍の性能向上を実現します。

### メニーコア・プロセッサ (Intel® Xeon Phi™ プロセッサ 7250) の拡張性に優れた SeqAn パフォーマンス

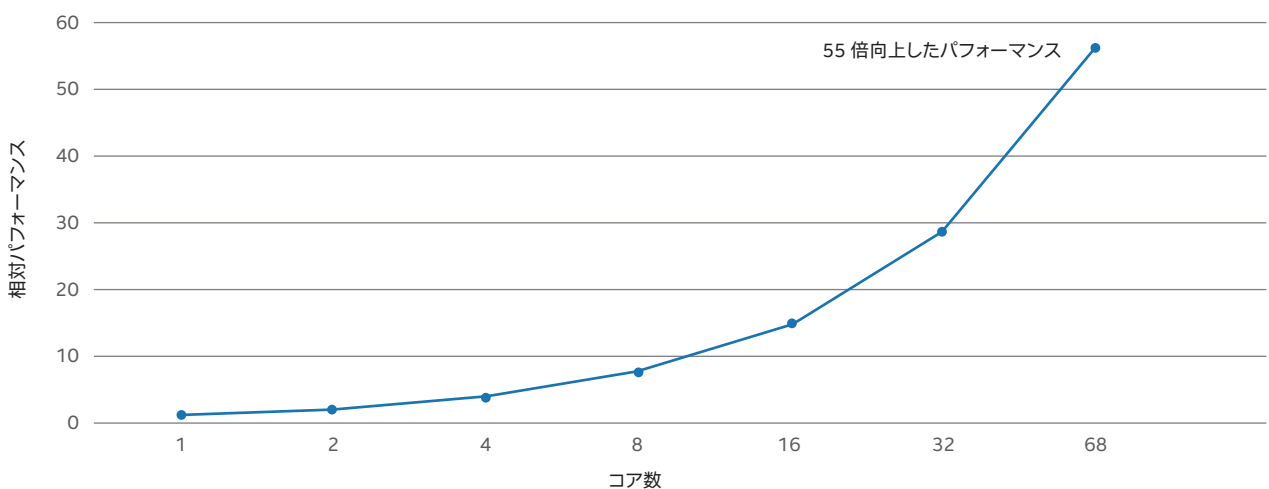


図 2. 最適化された SeqAn コードは、メニーコアの Intel® Xeon Phi™ プロセッサ 7250 の全 68 コアで優れた拡張性も実現します。

## 臨床に適用できる速度で、 脳を調べる新しい手段を提供する

### 最大 161 倍高速化した DCI 画像処理性能<sup>7</sup>

従来の CT および MRI スキャンでも、脳内の骨と血管については有益な情報が得られますが、軟部組織についての情報はほとんど得ることができません。拡散強調画像 (DWI) は、この課題に対処する方法として、水分子の自然移動を測定することにより、微細構造を識別して神経回路の完全性を診断します。

このテクノロジーは、脳疾患の研究および治療法を変革します。ハーバード大学医学大学院で放射線学を研究する Simon Warfield 教授は、DWI を拡散コンパートメント画像 (DCI: Diffusion Compartment Imaging) 手法で一步先に進めました。DCI は、より詳細で正確な情報を提供します。教授のチームは DCI を使用して、正常な脳の発達、脳しんとう、多発性硬化症、自閉症スペクトラム障害などを調査しています。

しかし、DCI による研究のたびに数十ギガバイトのデータが生成され、画像処理は当初 40 時間以上もかかっていた。Warfield 教授とチームは、インテルの各種ソフトウェア・ツールを利用してコードを最適化し、インテル® Xeon® プロセッサを使用した場合で 75 倍、インテル® Xeon Phi™ プロセッサを使用した場合は 161 倍もの性能向上を実現しました (図 3 参照)<sup>7</sup>。調査の完結まで、わずか 16 分ほどで処理できるようになり、これは臨床ワークフローに適用するには十分なスピードです。最適化されたコードは、Insight Segmentation and Registration Toolkit (ITK) ライブラリーから使用できます。このライブラリーは、医療用画像データを処理するアプリケーションで幅広く使用されています。

また Warfield 教授は、数百もの画像を自動で並べ替えて関心領域を特定する人工知能 (AI) アプリケーションを開発するために、インテル

のツールおよびライブラリーを使用しています。これらのソリューションがメインストリームとなるにつれて、私たちが脳を理解、診断、治療する能力は劇的に向上するでしょう。

詳細については、<https://software.intel.com/en-us/articles/intel-parallel-computing-center-at-the-computational-radiology-laboratory/> および <https://itk.org/> (英語) を参照してください。

## 高速かつ手ごろな価格のクラスターで、 将来に向けて拡張する

### ライフサイエンス向け インテル® スケーラブル・システム・フレームワーク

ソフトウェア・パフォーマンスの向上は非常に重要な最初のステップですが、生物科学ワークロードの需要の高まりに対応するためには、さらに高いパフォーマンスが必要です。ハイパフォーマンス・コンピューティング (HPC) クラスターは、こうしたデータ処理における課題の解決に至る確実な道筋となります。しかし、採用するにあたって、多くの組織で引き続き障壁となるのがコストと複雑さです。インテルは先進的な研究機関、医療機関、オープンソース団体、営利団体とともに、この障壁の克服に取り組んでいます。

こうした取り組みの重要な結果が、ライフサイエンス向けインテル® スケーラブル・システム・フレームワーク (インテル® SSF) です。このハードウェアおよびソフトウェアのリファレンス・アーキテクチャーによって、HPC システムのすべての要素が、研究組織および医療組織向けに最適化された、バランスの取れた単一の高性能ソリューションに統合されます。

## ソフトウェア最適化によるパフォーマンスの向上

拡散コンパートメント画像の処理予測 (2x2x2 mm<sup>3</sup> の画像)

ソフトウェア拡張機能	実行時間	パフォーマンスの向上
- インテル® Xeon® プロセッサ E5-2697 v2 :		
• シングルコア (ベースライン) :	43 時間 06 分 21 秒	14.2 倍
• 並列化 v1 :	03 時間 02 分 02 秒	1.76 倍
• メモリー最適化 :	01 時間 43 分 31 秒	1.12 倍
• ベクトル化 :	01 時間 43 分 31 秒	1.37 倍
• インテル® TBB フィルター、動的プール :	01 時間 07 分 26 秒	1.22 倍
• 柔軟性に優れたインテル® TBB 分解 :	55 分 23 秒	1.44 倍
• オプティマイザーの向上 :	38 分 27 秒	1.12 倍
• インテルのコンパイルフラグ :	34 分 14 秒	2.13 倍
- インテル® Xeon Phi™ プロセッサ 7210 :	16 分 03 秒	

図 3. コード最適化によって、Warfield 教授とチームはマルチコアのインテル® Xeon® プロセッサ上で DCI の予測実行時間を最大 75 分の 1 に短縮できました。同じコードをメモリーコアのインテル® Xeon Phi™ プロセッサ 7210 で実行した結果、さらに最大 2.13 倍のパフォーマンス向上を実現しました。



ライフサイエンス向けインテル® SSFの目標は、パフォーマンスおよびコストモデルの改良だけでなく、HPCの導入を簡素化し、分子動力学、ゲノム学、分子イメージング、マシンラーニングとAI、データ可視化など、あらゆる種類のワークロードを単一プラットフォームでサポートすることです。この柔軟性と効率性によって、組織は複雑な問題を解決するために、多様なアプリケーションを実行して、種類の異なるデータセットを簡単に結合できるようになります。

インテル® SSFは、クラスター・コンピューティング向けの完全な最適化済みソリューション・スタックを定義し、あらゆるレベルのインテルのイノベーションを統合して低コストで高いパフォーマンスを実現します。

## 強力で拡張性に優れたプロセッサ

強力なプロセッサは、高品質なHPCソリューションのための基盤となります。適切なワークロード用に適切なプロセッサを選択することによって効率がさらに高まり、組織は実際のアプリケーションの極めて厳しいコンピューティングおよびメモリー要件に対応しやすくなります。ライフサイエンス向けインテル® SSFは、インテル® プロセッサを幅広くサポートしています。なかでも、最も重要なプロセッサは以下となります。

- インテル® Xeon® スケーラブル・プロセッサ:** この強力なマルチコア・プロセッサは、多岐にわたる一般的なアプリケーションおよびHPCアプリケーションの拡張性、最適化、パフォーマンスの大幅な向上を実現します。HPCワークロードに対しては、前世代のインテル® Xeon® プロセッサ E5 v4ファミリーに比べて、1.73倍もの性能向上を示しました。<sup>8</sup> また、コア、キャッシュ、メモリー帯域幅の増加に加え、データ負荷の高い環境での効率を高めるために再設計が行われました。
- インテル® Xeon Phi™ プロセッサ:** この高度な並列プロセッサは、インテル® Xeon® プロセッサに比べて、最大2.5倍に増加したコアと最大5倍に増加したスレッドを備えています。<sup>9</sup> これらはブート可能で、統合高速メモリーと一緒に使用することができ、すべての標準x86アプリケーションを実行できます。追加の実行およびメモリーリソースによって、高度な並列コードのパフォーマンス、拡張性、および電力効率が劇的に向上します。コードには、今日最も要求の厳しいライフサイエンス・アプリケーションが含まれます。

## 拡張性と効率性に優れたクラスター

インテル® プロセッサのパフォーマンスは長年にわたり向上してきましたが、メモリーおよびストレージのテクノロジーはそれに比べて後れをとっているため、データアクセスのボトルネックが発生して多数のアプリケーションのパフォーマンスが抑えられています。インテル® SSFは、複数のテクノロジーを結合することにより、こうしたボトルネックを解消し、インテル® プロセッサに備わるパワーを最大限に発揮できます。

- メモリー容量およびストレージ・パフォーマンスの飛躍的な進歩:** インテル® 3D XPoint™ メモリーメディアを搭載したインテル® Optane™ ソリッドステート・ドライブ (SSD) は、メモリー容量とストレージ・パフォーマンスが大きく進歩しています。これらのSSDは、NANDベースのSSDに比べて5~8倍向上したパフォーマンスを実現するように設計され<sup>10</sup>、超高速ストレージ、ストレージキャッシュ、または拡張メモリーとして使用できます。インテル® Optane™ SSDをNANDベースのインテル® Solid-State Driveおよび従来のハードディスク・ドライブと組み合わせると、全体のコストを抑えながら、極めて厳しいデータアクセス要件への対応が容易になります。
- ビッグデータに対応する極めて優れた拡張性:** オープンソースのLustre\* ファイルシステムは、インテル® SSFに統合されて、大規模

な分析環境の重要な課題に対処する次世代のソフトウェア・デファインド・ストレージ・ソリューションを提供します。異なるサーバー上のメタデータを調整し、複数のストレージドライブおよびサーバー間でオブジェクト・データのストライピングを実行することによって、Lustre\* はほとんどあらゆる規模で究極のパフォーマンスを実現します。

- 高速かつ手ごろな価格のファブリック:** 多くの場合、HPCクラスター内のデータは、ノード内のデータと同じようにノード間で効率的に移動される必要があります。インテル® Omni-Path アーキテクチャー (インテル® OPA) は、現時点で最速なInfiniBand\* ファブリックと同じ100 Gbpsリンク速度を提供すると同時に、チップ当たりのポート密度を高めることで、拡張性およびコストモデルの向上を実現します。<sup>11</sup> インテル® OPAコントローラーを統合したインテル® Xeon® プロセッサおよびインテル® Xeon Phi™ プロセッサを使用することで、コスト、密度、パフォーマンスの優位性を高めることができます。

ライフサイエンス向けインテル® SSFは、これらのテクノロジーを効率的でバランスの取れたクラスター・アーキテクチャーに統合しています。このアーキテクチャーは、パフォーマンス、密度、電力効率の面で高度に最適化されています。システムは、小規模なワークグループ・クラスターからスーパーコンピューターまで、その規模を変化させることが可能であり、さまざまなインテル® プロセッサおよびアクセラレーターの選択肢に基づいたコンピューティング・ノードを追加することによって、徐々に拡張や調整ができます。

システム・ソフトウェア・ソリューションも簡素化できます。HPCの専門家であっても、安定し最適化されたHPCソフトウェア環境を維持することは、複雑で時間のかかる作業になります。OpenHPCソフトウェア・プロジェクトには、HPC Linux\* クラスターの導入と管理に必要とされる一般的な要素が集約されています。インテルは、インテル® アーキテクチャーに最適化された最新のオープンソース・ソフトウェア要素を提供し、HPCクラスターを容易に導入および運用できるようにするべく、このコミュニティー・プロジェクトに貢献しています。

## まとめ

科学者や医療従事者が、増え続ける複雑なデータから意味を迅速に抽出できるようにするためには、新世代のコンピューティング能力が必要です。インテルでは、この問題に対処するため、以下を含む複数のリソースを提供しています。

- 最適化されたアルゴリズムおよびアプリケーション:** 最新のプロセッサおよびプラットフォームで使用可能な並列化をより適切に活用します。これらのコードによって演算処理を高速化することができ、多くの場合、そのレベルは桁違いです。コードはクラスター化されたアーキテクチャーで効率的に拡張される傾向があります。
- ライフサイエンス向けインテル® SSF:** 効率的でバランスの取れたHPCクラスターの正確な設計図です。HPCクラスターは、導入、管理、拡張が簡単で、ライフサイエンスや医療に関連した幅広いワークロードを効率的に実行するように設計されています。

こうしたリソースを組み合わせると、組織はパフォーマンスを加速させてコストモデルの改善と同時に、コンピューティング環境を簡素化して、サイエンスを実現するコンピューター・システムではなく、組織が扱うサイエンスそのものに集中することを可能にします。

詳しくはこちら

<https://www.intel.co.jp/content/www/jp/ja/high-performance-computing/life-sciences.html>



<sup>a</sup> テストは2017年11月にインテルが実施。47.6時間の実行時間は、2基のインテル® Xeon® プロセッサー E5-2697 v4で構成されるベースライン・サーバー上で、最適化されていないバージョンのRELIONを使用して達成。これを、2基のインテル® Xeon® Gold 6148 プロセッサーで構成される新規サーバー上で、最適化されているバージョンのRELIONを実行したときの平均実行時間である4.6時間、およびそれぞれが2基のインテル® Xeon® Gold 6148 プロセッサーで構成される8ノードクラスターのサーバー上での実行時間である1.4時間と比較したもの。システム構成の詳細:

**RELION:** 開発ビルド: 2017年11月7日のコミット、<https://bitbucket.org/tcblab/relion-devel-tcblab> (英語) リポジトリの「cpu-cuda-merge」ブランチ (RELION 2.1 beta とほぼ同等)。このバージョンは、適切な場合に単精度と倍精度の混合を使用。GCC 4.8.5 (GPU 実行) およびインテル® Cluster Studio 2017 Update 4 (バージョン2017.4.196 - CPU 実行) でコンパイル。すべてのベンチマークは Red Hat® Enterprise Linux® 7.2 カーネル 3.10.0 上で実行。テストは2017年11月にインテルが実施。

ブルームズビル・リソースのワークロードは、[http://www2.mrc-lmb.cam.ac.uk/relion/index.php/Benchmarks\\_%26\\_computer\\_hardware](http://www2.mrc-lmb.cam.ac.uk/relion/index.php/Benchmarks_%26_computer_hardware) (英語) から入手可能。

**ベースライン・サーバー構成:** 2基のインテル® Xeon® プロセッサー E5-2697 v4 (2.30 GHz, 18コア/ソケット, 36コア, ターボおよびHTオン), Supermicro® X10DRG-H マザーボード, American Microtrends Inc. BIOS 2.0a, 合計メモリー128GB, 8スロット / 16 GB / 2400 MT/s / DDR4 RDIMM, 1 x 1TB SATA, Red Hat® Enterprise Linux® 7.2 カーネル 3.10.0-327。

**新しいサーバー構成:** 2基のインテル® Xeon® Gold 6148 プロセッサー (2.40 GHz, 40コア, ターボおよびHTオン), BIOS 86B.01.00.0412, 合計メモリー192GB, 12スロット / 16 GB / 2666 MT/s / DDR4 RDIMM, 1 x 800 GB インテル® SSD SC2BA80, Red Hat® Enterprise Linux® 7.2 カーネル 3.10.0-327。

<sup>1</sup> 出典: National Institute of Health National Human Genome Research Institute「The Cost of Sequencing a Human Genome」(最終更新日: 2016年7月6日)。

<https://www.genome.gov/27565109/the-cost-of-sequencing-a-human-genome/> (英語)

<sup>2</sup> 出典:「Illumina introduces the NovaSeq Series—a New Architecture Designed to Usher in the \$100 genome」Illumina プレスリリース (2017年1月9日)。

<https://www.illumina.com/company/news-center/press-releases/press-release-details.html?newsid=2236383> (英語)

<sup>3</sup> 出典: NovaSeq® シリーズの配列決定システム、スペックシート。

<https://www.illumina.com/content/dam/illumina-marketing/documents/products/datasheets/novaseq-6000-system-specification-sheet-770-2016-025.pdf> (英語)

<sup>4</sup> 出典:「Genome researchers raise alarm over big data」Erika Check Hayden 著, Nature (2015年7月7日)。 <https://www.nature.com/news/genome-researchers-raise-alarm-over-big-data-1.17912> (英語)

<sup>5</sup> 結果は150 bp Illumina リードでの結合 / 非結合細胞のローカルおよびグローバル配列に基づく(2.85 x 1011 非結合, 3.21 x 1010 結合)。ベースライン構成の実行時間を比較したパフォーマンスに関する記述は、2基のインテル® Xeon® プロセッサー E5-2697 v4 (2.30 GHz, 18コア) と2基のインテル® Xeon® Gold 6148 プロセッサー (2.40 GHz, 40コア) との比較。どちらのシステムも Linux® 3.10.0-514.21.1.el7.x86\_64 を使用し、すべてのテストで GNU コンパイラ 7.2.0 を使用。

<sup>6</sup> 結果は、2.66 x 1013 の細胞のグローバル配列に対する Pac Bio リードに基づく。1 から 68 コアのシングルサーバー上で実行される同じワークロードの実行時間を比較したテスト。サーバー構成はインテル® Xeon Phi™ プロセッサー 7250 (1.40 GHz, 68コア, 16 GiBi MCDRAM)。すべてのテスト実行に seqan\_global, Linux® 3.10.0-514.21.1.el7.x86\_64, GNU コンパイラ 7.2.0 を使用。

<sup>7</sup> ベースライン: インテル® Xeon® プロセッサー E5-2697 v2 (2.70 GHz, 24コア) 上で実行される最適化されていない DCI 画像処理ワークロードと、同一のサーバーおよびインテル® Xeon Phi™ プロセッサー 7210 (1.30 GHz, 72コア) を搭載した2番目のサーバー上で実行される最適化された DCI 画像処理ワークロードの比較。最適化されたソフトウェアは、各プロセッサーで使用可能なすべてのコアを利用できた。

<sup>8</sup> 最大1.73倍: LAMMPSに基づく。LAMMPSは従来の分子力学コードであり、Large-scale Atomic/Molecular Massively Parallel Simulatorの略語。LAMMPSを使用して原子の移動をシミュレートし、より適切な治療の促進、代替エネルギー装置の改良、新素材の開発などを行う。性能に関するテストでは、インテル® Xeon® プロセッサー E5 v4ファミリーで構成されるベースライン・サーバーと、インテル® Xeon® スケーラブル・プロセッサー搭載の新しいサーバーを比較。ベースライン・サーバー構成: 2基のインテル® Xeon® プロセッサー E5-2697 v4, 2.30 GHz, 36コア, インテル® ターボ・ブースト・テクノロジーおよびインテル® ハイパースレッディング・テクノロジー (インテル® HT テクノロジー) オン, BIOS 86B0271.R00, 8x16 GB 2400 MHz DDR4, Red Hat® Enterprise Linux® 7.2 カーネル 3.10.0-327。新しいサーバー構成: 2基のインテル® Xeon® Gold 6148 プロセッサー, 2.40 GHz, 40コア, インテル® ターボ・ブースト・テクノロジーおよびインテル® HT テクノロジー オン, BIOS 86B.01.00.0412.R00, 12x16 GB 2666 MHz DDR4, Red Hat® Enterprise Linux® 7.2 カーネル 3.10.0-327。

<sup>9</sup> インテル® Xeon Phi™ プロセッサーは最大72コアとコア当たり4スレッドを提供するのにに対し、インテル® Xeon® スケーラブル・プロセッサーは最大28コアとコア当たり2スレッドを提供。

<sup>10</sup> 一般的な構成: 2基のインテル® Xeon® プロセッサー E5-2699 v4 (2.20 GHz, 22コア) を搭載したインテルの2Uサーバーシステム, 396 GB RAM (DDR @ 2133 MHz), インテル® Optane™ SSD DC P4800X シリーズ 375 GB とインテル® SSD DC P3700 1600 GB, CentOS® 7.2 カーネル 3.10.0-327.el7.x86\_64。パフォーマンスは FIO 2.15 を使用した 4K 70-30 ワークロードに QD1-16 で測定。

<sup>11</sup> インテル® Omni-Path アーキテクチャーに搭載されたスイッチが使用される 48ポート・スイッチ・チップと、今日の InfiniBand® スwitchで使用される 36ポート・チップとの比較。クラスターは、より少ないスイッチおよびスイッチチップを使用して構築される可能性があるため、コスト、拡張性、パフォーマンスの最適化が可能で。

ベンチマーク結果は、「Spectre」および「Meltdown」と呼ばれる脆弱性への対処を目的とした最近のソフトウェア・パッチおよびファームウェア・アップデートの適用前に取得されたものです。性能に関するテストに使用されるソフトウェアとワークロードは、性能がインテル® マイクロプロセッサー用に最適化されていることがあります。SYSmark® や MobileMark® などの性能テストは、特定のコンピューター・システム、コンポーネント、ソフトウェア、操作、機能に基づいて行われたものです。結果はこれらの要因によって異なります。製品の購入を検討される場合は、ほかの製品と組み合わせた場合の本製品の性能など、ほかの情報や性能テストも参考にし、パフォーマンスを総合的に評価することをお勧めします。詳細については、<http://www.intel.co.jp/performance/datacenter/> (英語) を参照してください。

本資料は、明示されているか否かにかかわらず、また禁反言によるとらえられず、いかなる知的財産権のライセンスも許諾するものではありません。本資料に記載されているインテル製品に関する侵害行為または法的調査に関連して、本資料を使用または使用を促すことはできません。本資料を使用することにより、お客様は、インテルに対し、本資料で開示された内容を含む特許クレームで、その後作成したのものについて、非独占的かつイヤーリタイア無料の実施権を許諾することに同意することになります。

正規化したパフォーマンスは、特定のプラットフォームのベンチマーク結果をベースラインとして1.0の値を割り当て、ベースラインとなるプラットフォーム以外の各プラットフォームのベンチマークの結果を、ベースラインとなるプラットフォームの実際のベンチマーク結果で割り、報告されたパフォーマンスの向上に比例する相対パフォーマンスの数値を割り当てることによって計算されています。

インテル® テクノロジーの機能と利点はシステム構成によって異なり、対応するハードウェアやソフトウェア、またはサービスも有効化が必要となる場合があります。実際の性能はシステム構成によって異なります。絶対的なセキュリティを提供できるコンピューター・システムはありません。詳細については、各システムメーカーまたは販売店にお問い合わせいただくか、<http://www.intel.co.jp/> を参照してください。

説明されている製品には、エラッタと呼ばれる設計上の不具合が含まれている可能性があり、公表されている仕様とは異なる動作をする場合があります。現在確認済みのエラッタについては、インテルまでお問い合わせください。

インテルは、明示されているか否かにかかわらず、いかなる保証もいたしません。ここにいう保証には、商品適格性、特定目的への適合性、および非侵害性の黙示の保証、ならびに履行の過程、取引の過程、または取引での使用から生じるあらゆる保証を含みますが、これらに限定されるものではありません。

Intel, インテル, Intel ロゴ, 3D XPoint, Intel Optane, Xeon, Intel Xeon Phi は、アメリカ合衆国および/またはその他の国における Intel Corporation またはその子会社の商標です。

\* その他の社名、製品名などは、一般に各社の表示、商標または登録商標です。

## インテル株式会社

〒100-0005 東京都千代田区丸の内3-1-1

<http://www.intel.co.jp/>

©2018 Intel Corporation. 無断での引用、転載を禁じます。

2018年7月

337452-001JA

JPN/1807/PDF/SE/MKGTG/SU