



Virginia Bioinformatik Institut entscheidet sich für Conveys Hybrid Core Computing-Plattform

Neue Forschungsansätze für entscheidungs- und politik-basierte Informatik, Mikrosatellitenanalyse und Data Mining

Kronberg, 17.6.2010: - Dr. Harold Garner, Direktor des Bioinformatik-Instituts in Virginia und Professor an der Abteilung Biological Sciences an der Virginia Tech-Universität, verfolgt die Entwicklung der HPC-Architekturen sehr aufmerksam. Vor 15 Jahren stellte ihm eine texanische Computerfirma mit Namen Convex einen Supercomputer bereit, der ihn in die Lage versetzte, das Chromosom 11 und die Hälfte des Chromosoms 15 zu analysieren. Heute ermöglicht ihm und seinem Team eine andere texanische Computerfirma, Convey, Forschungsarbeiten an Genen, die Krebs verursachen, und Untersuchungen, wie sich ein Virus bei einer Pandemie ausbreitet.

Erfolge auf Convex-Rechnern vor 15 Jahren sollen nun mit Convey-Rechnern fortgesetzt werden

Dr. Garner sagt, er habe "eine Menge Vertrauen" in das Convey-Team, den gemeinsamen Convex/Convey Technologie-Stammbaum und den Fokus der Ingenieure auf das Hybrid Core-Computing. "Es gibt hier eine reale Möglichkeit zur Skalierung, die nichts damit zu tun hat, nur einfach weitere Rechner ins Rack zu stellen", so Garner.

Die revolutionäre Hybrid Core Computing-Architektur von Convey integriert sehr eng die Hardwarekomponenten aus Standard-Technologien wie dem x86-Host-Prozessor mit leistungsstarken FPGAs (Field Programmable Gate Arrays) von Xilinx und auf der Softwareseite mit hoch entwickelter Betriebssystem-Software und Compiler-Technologie. Das System hilft Kunden, Energiekosten und Platzbedarf zu senken bei gleichzeitig substanziell gesteigerter Leistungsfähigkeit im Vergleich zu Standard-Servern. Zudem sind die Convey-Systeme leicht zu programmieren, weil sie die Entwicklungsumgebung der ANSI-Sprachen C, C++ und Fortran umfassend unterstützen.

Bioinformatik stellt höchste Ansprüche an die Computersysteme

Die Bioinformatik, ein disziplinübergreifender Ansatz zur Zusammenführung der Informationstechnologie, Medizin und Biologie, wird von den Forschern in Virginia genutzt, um sehr große Datenmengen zu generieren und zu interpretieren. Wesentliche aktuelle Fragestellungen aus den Bereichen Biomedizin, Umweltforschung und Landwirtschaft können damit in Angriff genommen werden.

Für die Forschungsgruppe bietet Convey einen neuen, Berechnungen betreffenden Ansatz, der einen großen Fortschritt verspricht. Die sehr enge Integration von traditionellen Prozessoren und FPGAs erlaubt die Berechnung mit neuen Methoden, die bisher so nicht eingesetzt werden konnten.

Smith-Waterman Algorithmus läuft auf Convey 172 mal schneller

Convey hat kürzlich bekannt gegeben, dass der Smith-Waterman Algorithmus, der im Bereich Life Sciences zum Vergleich der Abfolgen von DNA- und Protein-Sequenzen benutzt wird, 172 mal schneller auf dem Convey HC-1 läuft als auf einem konventionellen System. Mit derart herausragenden Leistungsverbesserungen eröffnen sich den Forschern aus den Bereichen Bioinformatik und Computational Biology neue Möglichkeiten, mehr Informationen über Gene zu erhalten und dadurch neue Wege zur Heilung von Krankheiten beschreiten zu können.

Das neue System wird am Institut auch beim 1000 Genom-Projekt zur Datenanalyse eingesetzt. Dies ist eine internationale Initiative zur Genomsequenzierung bei weltweit rund 2.000 Personen aus 20 verschiedenen Bevölkerungsgruppen, über die man sich neue Erkenntnisse erhofft. Das Team hat bisher 340 TB Daten untersucht, wesentlich mehr wird noch nötig sein. Der HC-1 soll hierbei auch für das Data Mining dieser großen Datenmenge Verwendung finden.

Dr. Garners Arbeitsgruppe beschäftigt sich besonders mit häufigen Wiederholungen einiger DNA-Teile im Rahmen der sogenannten Mikrosatellitenanalyse. Mikrosatelliten spielen nicht nur bei Krebs, sondern auch bei neurologischen Erkrankungen wie Schizophrenie und Autismus eine wichtige Rolle. "Wir versuchen, Krebs durch verbesserte Diagnostik, Identifizierung therapeutischer Ansätze und deren optimale Kombination mit Medikamenten zu heilen", so Garner.

Im neuen Forschungsgebiet "Decision and Policy Informatics" arbeitet das Institut an mathematischen Modellen der Computersimulation zur Ausbreitung von Infektionskrankheiten wie Grippe, die Millionen von Menschen gefährden können. Damit lassen sich unterschiedliche Bekämpfungsmethoden der Krankheit vorab hinsichtlich ihrer Wirkung analysieren.

eTBLAST versteht Texte und findet Duplikate

Weiterhin arbeitet das Institut daran, neue Technologien zu entwickeln, die die Arbeit der Forscher effektiver macht. Dr. Garners Gruppe hat hierfür das Programm eTBLAST entwickelt. Dies ist eine biomedizinische Data Mining-Applikation, die Anfragen versteht und diese mit gespeicherten Texten vergleichen kann, speziell Medline. Die Computer analysieren bis zu 20 TB pro Tag und entdecken Duplikate, um so Plagiate in der akademischen und medizinischen Forschungsliteratur aufzuspüren.

Obwohl das Institut bereits über beachtliche Computerkapazität verfügt, arbeitet es eng mit der Universität zusammen, um eine neue Verbindungsstelle für High Performance Computing (HPC) zu etablieren. Die Universität hat eine erfolgreiche Vergangenheit, was die Entwicklung experimenteller Computer für die Zusammenarbeit der Bereiche Ingenieurwesen, EDV, Biologie und anderer Bereiche der Life Sciences-Forschung angeht. "Wir wollen Supercomputerleistung auf Abruf zur Verfügung stellen, um die Expansion klinischer Applikationen zu unterstützen. Die neu gegründete Carilion School of Medicine in Roanoke wird hierbei ein erster Anwender sein. Wir erwarten eine Menge faszinierender neuer Anwendungen aus sehr berechnungsintensiven

Gebieten wie Data Mining, Bildbearbeitung, radiologischen Daten und Magnetresonanztomographie", meint Garner.

"Die Bioinformatik macht gewaltige Fortschritte", ergänzt er. "Mit der Ankunft der neuen Arbeitsmittel wie Ultra-Hochleistungsgeräten der nächsten Generation zur DNA-Sequenzierung nimmt die Datenmenge schneller zu als unsere Fähigkeit, diese Daten in Wissen umzumünzen. Als Folge davon benötigen wir mehr Computerleistung und Speicherplatz. Das neue Potenzial des Convey HC-1 befähigt uns dazu, bei wissenschaftlichen Entdeckungen in zahlreichen Disziplinen wieder etwas weiter voranzukommen."

Über Convey Computer Corporation

Die in Richardson, Texas, ansässige **Convey Computer** bricht Energie-, Geschwindigkeits- und Programmierbarrieren mit dem weltweit ersten Hybrid-Core-Computer. Hierbei handelt es sich um ein System, das Kosten minimiert und ein einfaches Programmiermodell aufweist, wie es herkömmliche Systeme bieten. Gleichzeitig wartet es jedoch mit einer Performance-Charakteristik auf, die nur in speziellen Hardware-Architekturen vorzufinden ist. Convey nutzt seine langjährige Erfahrung und speziellen Kenntnisse zur Lösung von Performance-Problemen. Die Führungskräfte und die Entwicklungsteams entstammen Firmen, die schon in der Vergangenheit erfolgreich Computer-Systeme entwickelt haben wie Convex Computer Corporation und Hewlett-Packard. Zu den Convey Computer-Investoren zählen Firmen wie Braemar Energy Ventures, CenterPoint Ventures, Intel Capital, InterWest Partners, Rho Ventures und Xilinx. Weitere Informationen unter www.conveycomputer.com.

Über HMK Supercomputing GmbH

HMK Supercomputing GmbH (www.hmk-supercomputing.de) wurde im Oktober 2009 als jüngste Firma der HMK-Group in Kronberg bei Frankfurt am Main gegründet. Ihr Ziel ist es, der HPC-Welt innovative Produkte und Lösungen anzubieten und ihren Kunden so je nach Bedarf möglichst maßgeschneiderte Systeme bereitzustellen. Intensive Beratung, Hilfe bei der Installation und der anschließende Support sind dabei selbstverständlich. Als Master-Reseller für Deutschland, Österreich, die Schweiz und andere Länder vertreibt die HMK Supercomputing Systeme und Lösungen der Firma **Convey Computer Corporation** aus Texas/USA. Die HMK-Group als Dachorganisation, unter der auch HMK Supercomputing agiert (www.hmk.de), wurde 1995 von **Dipl.-Ing. Helmut Mühl-Kühner** gegründet. Die Gruppe ermöglicht innovativen Firmen durch gezielte Vertriebstätigkeit, Consulting und Support einen schnellen und effektiven Zugang zum europäischen Markt. Bisher lagen die Schwerpunkte u. a. auf den Geschäftsfeldern Storage & Data-Management sowie IT-Security & Access. Weltweit betreut die HMK-Group über 500 Kunden in allen Geschäftsbereichen von mittleren und großen Unternehmen bis hin zu Organisationen wie Großforschungseinrichtungen und Universitäten

Über Virginia Bioinformatics Institute:

Das Institut (www.vbi.vt.edu) der Virginia Tech-Universität forscht an führender Stelle auf den Gebieten Bioinformatik und Computational Biology mit Schwerpunkt auf der interdisziplinären Zusammenarbeit verschiedenster Forschungsgruppen. Mehr als 240 internationale Forscher arbeiten an dem Institut. Die gewaltigen Datenmengen, die hier gesammelt und analysiert werden, stehen allen Forschern weltweit zur Verfügung.

Weitere Informationen:

HMK Supercomputing GmbH

Ernst M. Mutke

Frankfurter Str. 111

D-61476 Kronberg

Tel: +49 (0)6173-32747-0

Fax: + 49 (0) 6173-32747-19

info@hmk-supercomputing.de

www.hmk-supercomputing.de

Public Relations

Dr. Manfred Schumacher PR

Mainzer Straße 7

55278 Mommenheim

Dr. Manfred Schumacher

Tel: +49 (0) 61 38-94 19 95

Fax: +49 (0) 61 38-94 19 96

m.schumacher@msch-pr.de

www.msch-pr.de