

MD計算機の決定版!!

Amber、GromacsをGPUにて高速計算!

MD5600R-3.06-96GB

NVIDIA最新GPU TeslaC2075搭載!MD計算用計算機!



台数限定
キャンペーン
実施中!

通常価格 1,800,000円のところ

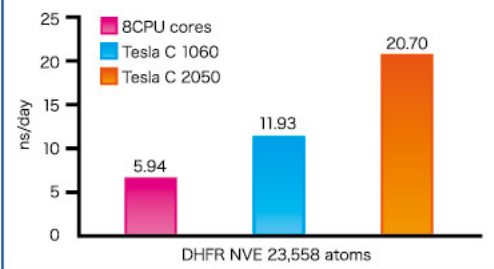
1,420,000円

(税込価格 1,491,000円)

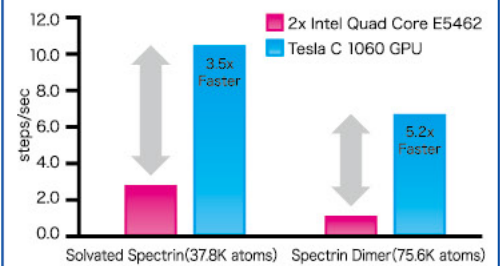
モデル	MD5600R-3.06-96GB
CPU	Intel Xeon X5675 (3.06GHz 6core)X2
Chipset	Intel 5520
Memory	DDR3-1333 8GB x 12 (Total 96GB)
GPU	Quadro600 (画面表示用) NVIDIA TeslaC2075 (計算専用)
HDD	SATA 1TB
光学ドライブ	DVDスーパーマルチ
ネットワーク	2ポート
Case	FullTower (EIA規格19インチラックマウント可能)
価格	<p>通常価格1,800,000円のところ</p> <p>1,420,000円 (税抜)</p> <p>(税込価格 1,491,000円)</p>

台数限定
キャンペーン

TeslaによるAmberベンチマーク



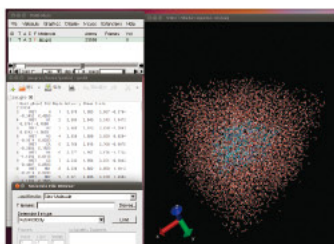
TeslaによるGromacsベンチマーク



製品の特長

カリフォルニア大学が開発した、分子動力学計算ソフトAmber11とフローニンゲン大学で開発されたGromacsをプリインストール(*1)NvidiaTeslaC2075にてAmber、APCを高速計算可能。また、分子動力学計算用可視化ソフト(VMD)も標準搭載しており、計算から可視化まで納入されたその日から始めることが可能です。

VMDによる可視化イメージ
Amber標準ベンチマーク
JACの例



標準設定内容

OSインストール(CentOS5.6)
分子動力学計算ソフト Amber、Gromacsプリインストール(*1)
並列環境インストール(OpenMPI、MPICH1、MPICH2)
CUDA環境インストール(CUDA4.0)
JOB管理ソフトLAVA(*2)、NIS、NFS、ネットワーク設定
可視化ソフト:VMD

付属品

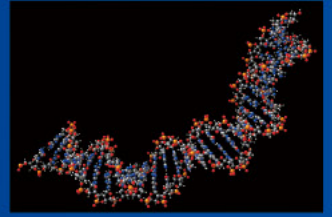
キーボード・マウスセット、LANケーブル

*1Amber11のライセンスを所有されていることが条件となります。
*2ジョブ管理ソフトLAVAはTeslaに対するジョブ管理には対応しておりません。

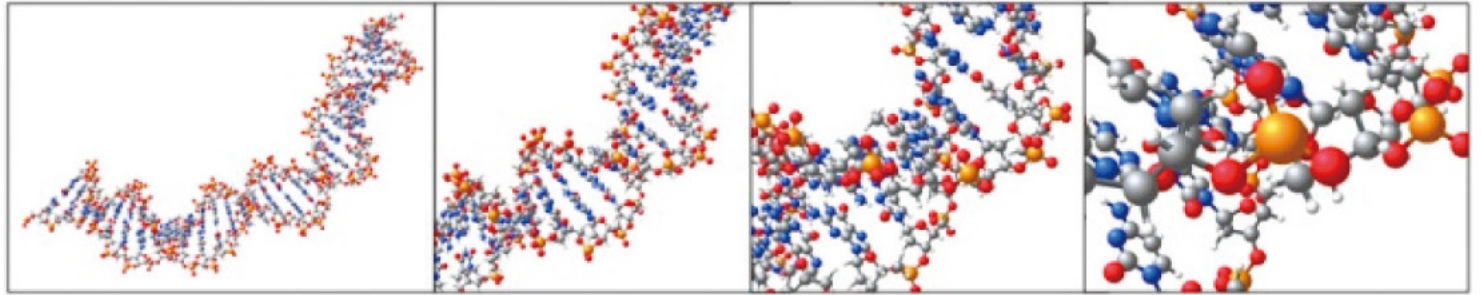
詳しくはお問い合わせください。*写真はイメージです。

Gri3D-MD

Webブラウザを使用したMD計算可視化ソフトウェア



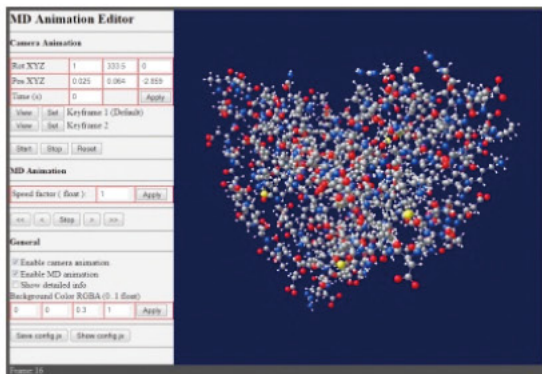
簡便性	MDの計算結果をWebブラウザに ドラッグ&ドロップ するだけ。
ビジュアル化	60フレーム/秒で20,000原子以上の リアルタイム可視化 が可能。
カスタム・カメラ・アニメーション	Gri3D-MDは 予め決められたカメラワーク をサポートします。
カメラ・アニメーション・エディター	容易にキーフレーム・カメラ・アニメーション を作成することが出来ます。
水分子の縮小が可能	水分子により解明できない分子構造を、可視化の際に 水分子を縮小 することが出来ます。
Webブラウザで使用可能	既存の Webブラウザで使用可能 です。



マウス操作による簡単操作を実現

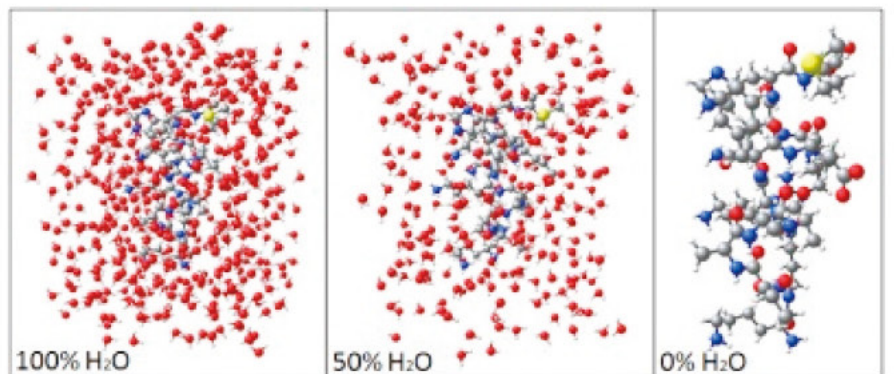
Gri3D-MD アニメーションエディタ

簡単操作でアニメーションの作成が可能



Gri3D-MD Water Reduction

H₂O分子が、100%、50%、0%時の比較



MDデータフォーマットは、Protein Data Bank (PDB)を標準サポートしております。
デモライセンスをご用意しております。下記連絡先までご連絡下さい。

動作環境: Mozilla Firefox 4.0以上 OS: Linux, windows

製品価格等、詳しくはお問い合わせください。※写真はイメージです。