## 附件：

|  |
| --- |
| **仪器名称：测序数据前处理一体机** |
| **申购学院**：**动物科学学院** |
| **预算金额**：**人民币68万元** |
| **论证结果**：**拟同意购买** |
| **主要技术参数** |
| （1）含基于GPU加速的针对二代测序数据的胚系短变异（SNP、INDEL）分析功能。 |
| ▲（2）含基于GPU加速的胚系变异的gVCF合并、genotyping的联合变异分析功能，支持≥1万个动物样本队列的合并。 |
| （3）含基于GPU加速的二代测序数据的体细胞短变异（SNP、INDEL）分析功能。 |
| （4）含拷贝数变异的加速分析功能。 |
| （5）含队列联合变异分析后的VCF文件的硬过滤加速功能。 |
| ★（6）含图形化的生物信息分析流程管理功能，支持分析任务的发起和监控，以及样本碱基数的统计功能。 |
| ★（7）在保修期内免费提供分析流程QC指标定制化开发。 |
| ★（8）在满足以BWA V0.7.17 +GATK V4.1.8流程分析结果为金标准，软件分析结果F1 Score不低于99%的前提下，使用基于GPU加速的基因组数据分析软件完成人类全基因组（30X深度，100G碱基数）胚系短变异分析（从测序仪下机FASTQ.gz格式文件到VCF格式文件）时间≤12分钟。 |
| ★（9）支持对队列联合变异分析后的VCF结果文件进行加速过滤的功能，100例猪联合变异分析后得到的28G的vcf.gz过滤时间不超过5分钟。 |
| ★（10）完成一例猪的全基因组（25X，61G碱基数）胚系短变异分析（从测序仪下机FASTQ.gz格式文件到VCF格式文件）时间≤20分钟 |
| ▲（11）完成一例山羊的全基因组（25X，71G碱基数）胚系短变异分析（从测序仪下机FASTQ.gz格式文件到VCF格式文件）时间≤20分钟 |
| （12）预装基因组数据高速分析系统软件 |
| （13）CPU：2颗CPU，每颗CPU不低于16核/32线程，主频不低于2.0G |
| （14）内存：不低于 512G |
| （15）硬盘：包括2块3.2T 的NVMe硬盘、6块16T的机械硬盘和2块480G的SSD硬盘 |
| ▲（16）显卡：2块 NVIDIA GeForce RTX 4090 24GB |
| （17）网络控制器：2个千兆网口+2个万兆网口 |
| （18）IB卡：Mellanox HDR 100G 单口 HCA卡 |