

PLIEGO DE PRESCRIPCIONES TÉCNICAS PARA EL SUMINISTRO DE UN SERVIDOR INFORMÁTICO PARA EL ANÁLISIS DE DATOS GENÓMICOS DESTINADO AL INSTITUTO DE NEUROCIENCIAS.

OBJETO DEL CONTRATO:

Adquisición de un **equipamiento informático singular que posibilite una computación intensiva de alta capacidad y rendimiento**. Este equipamiento estará dedicado exclusivamente al análisis bioinformático de datos masivos de secuencia genómica.

ESPECIFICACIONES TÉCNICAS DEL SUMINISTRO

Algunas características necesarias para esta plataforma computacional se detallan a continuación:

Este equipamiento debe ser **escalable**, para este objetivo se debe de proporcionar un rack de 42U de las medias 600X1075mm con las siguientes características:

- Paneles frontales perforados
- Puerta delantera y trasera con llave de seguridad
- Paneles laterales
- 20 paneles delanteros para cierre de ventilación forzada

1 PDU de 16A con conectores C19 y montaje vertical, que permita la conexión de todos los elementos e interconexión a una UPS de 3000VA con las siguientes características:

- Monitorización y gestión con tarjeta integrada vía SNMP
- Formato rack de 2U
- Soporte 3Y NBD incluidos de reparación onsite

Para alcanzar las necesidades computacionales requeridas para el análisis de datos genómicos, se requiere **muy alta capacidad de procesamiento** e integración de datos multidimensionales (RNAseq, ChIPseq, ATACseq, HiCseq, BISseq, etc.) procedentes de secuenciación masiva en paralelo. Para ello, se debe de proporcionar un servidor de 4U que permita 4P de las mayores prestaciones posibles, tales como:

- 4 x Intel Xeon E7-8870 v4 (20 cores, 2.1 GHz)
- 2TB RAM (32 módulos 64GB DDR4 2400MHz) con capacidad para 96 DIMMS
- 4 Fuente alimentación 1200W
- 8 puertos 1GbE integrados
- Tarjeta HPE Ethernet 10Gb 2-port 546
- Tarjeta array 12Gb SAS con soporte para Raid 1,5,6,50, 60 con ampliación de cache de 2Gb

- 4 discos SSD HPE 800GB SATA Mixed Use
- 4U de espacio en Rack y guías
- 2 Cables DAC y transceivers
- 9 Slots PCIe Gen3.0 I/O Expansion slots (5x16 slots, 4x8 slots)
- Drive Cage5 Hot-plug SAS/SATA SFF SSD or HDD Bays (Lower)
- 8 USB 2.0 ports (2 front, 4 rear, 2 internal)
- Soporte 3Y NBD onsite para piezas y reparaciones

Los experimentos de secuenciación actuales generan típicamente hasta 6Tb de información de secuencia en cada ciclo de trabajo. Esta situación se ha visto agravada todavía más con la implementación de las nuevas tecnologías de microfluídica, que permiten la secuenciación en paralelo de cientos a miles de muestras independientes (células únicas). Para llevar a cabo el tratamiento y almacenamiento de datos de elevada dimensionalidad (*big data*) requeridos en la diversidad de proyectos genómicos que se desarrollan en la actualidad en el IN, se hace necesaria una **solución específica para el almacenamiento** de este tipo de datos. Se debe de proporcionar un NAS de 2U de las siguientes características o similares:

1 x NAS, cada uno con

- 8 x Discos 6TB
- x4 Gigabit RJ-45 Ethernet port (always on)
- x1 10GbE PCI-E - pre-installed SFP + NIC, no
- Linux embedded system
- Firmware based on 4.2.x or higher
- Processor:64-Bit Quad-Core AMD® G-Series 2.0GHz
- Memory: 4 GB DDR3L RAM, one free slot, max up to 16GB
- 512 MB Flash on DOM
- FAN:2x quiet cooling fan (4 cm)
- Formfactor: Rackmount 1U
- Soporte 3Y NBD onsite

Este equipamiento **debe permitir maximizar sus prestaciones mediante la conexión de varios usuarios trabajando en multisesión, directa o remota**. Se deben suministrar 4 workstation con características como mínimo:

- Procesador Intel Core i7-6700
- RAM DDR4 de 8GB
- HDD 1TB SATA 2.5
- NVIDIA Quadro M620 2GB Graphics
- Varios Puertos USB 3.0
- Alimentación de 200W
- SO Windows 10 Pro
- Teclado
- Ratón

Todas estas especificaciones son irrenunciables.

En Alicante a 13 de Noviembre de año 2017

Fdo. El director del Centro/Instituto



Prof. Salvador Martínez Pérez

