

Эксафлопный GPU суперкомпьютер проекта Folding@Home для исследований COVID-19

Чтобы помочь в исследовании COVID-19, проект распределенных вычислений для симуляции динамики белка [Folding@Home](#), добился [прорыва](#), достигнув эксафлопной вычислительной мощности. Это более 10^{18} операций в секунду, все благодаря краудсорсингу¹. Для сравнения, самый быстрый в мире суперкомпьютер [Summit](#), работающий на более чем 27 000 графических процессоров [NVIDIA V100](#), может официально поддерживать около 150 петафлопс ($1.5 \cdot 10^{17}$ [флопс](#)).

Всего за пару дней около 400 тысяч пользователей выделили свои ресурсы GPU для создания суперкомпьютера Folding@Home. Используя эту мощность, ученые стремятся проанализировать динамику белка COVID-19 и, надеются, лучше понять потенциальные взаимодействия лекарств, которые могут блокировать вирус.

В частности, группа исследователей из Вашингтонского университета в Сент-Луисе занимается проблемой сворачивания белка для COVID-19, физического процесса, благодаря которому белковая цепь приобретает свою естественную трехмерную структуру. Folding@Home указывает на то, что они были первым проектом распределенных вычислений, который использовал графические процессоры для моделирования молекулярной динамики. «Для некоторых типов вычислений мы видели, что графические процессоры дают нам ускорение в 20-30 раз по сравнению с аналогами на базе процессоров» [заявили](#) в организации.

Источник: https://news.developer.nvidia.com/foldinghome-gpu-accelerated-exaflop/?mkt_tok=eyJpIjoiT1RrNE5HTTJOMkV4TldRdyIsInQiOiJWYzFtY05PbXQxWHJVdldvWmRNNkJTbFJlTjIzOHR0aXhGUytVTVwvVUNCL2laZTNuK0ZBdGJPZVdCOctia0hXZEtdT1wvK2tJSkhaV1hFYUVYMFJaRDlUkZwZGI6aFVUSDRaRDlxWGtqaE1WZDA3WU1RSXNnM1oranlJmStDQmg4ci9

¹ Краудсорсинг - Привлечение широкой общественности, через Интернет, в исследовании и решении общественных проблем (термин crowdsourcing впервые применил Jeff Huff в 2006 году в журнале Wired).