

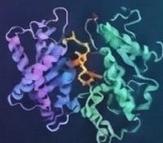
# OpenFold3

生体分子構造予測のオープン・スタンダード

## AlphaFold3同等の性能を、すべての研究者に。 商用利用可能な完全オープンソースAIモデル。

OpenFold3は、Apache 2.0ライセンスで提供されるAIモデルであり、商用利用が完全に可能です。無償で開発に利用でき、タンパク質構造予測の高度な能力を、制限なく研究開発に活用いただけます。

### 主な特長 | Key Features



#### 全構造予測に対応

AlphaFold3同等の性能を持ち、タンパク質、核酸、複合体を含む全構造の予測に対応しています。



#### 完全オープンソース・商用利用可能

ライセンス上の制限がなく、商用利用に関する制限も一切ありません。



#### 高い柔軟性と拡張性

PyTorchで実装されており、コード改変や独自のデータを用いたファインチューニングが容易です。



#### 強力なエコシステム

OpenFoldコンソーシアムが開発を主導し、NVIDIAやAWSなどの強力な支援を受けています。

### 主な利用シーン | Use Cases

#### 創薬スクリーニング

膨大なライブラリからのバーチャルスクリーニングを効率化し、有望な化合物を探索します。



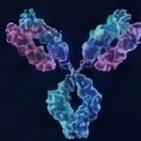
#### 構造ベース創薬 (SBDD)

薬物分子と標的タンパク質の結合モードを予測し、化合物設計を最適化します。



#### バイオ医薬品開発

抗原抗体複合体の構造予測などに利用でき、バイオ医薬品開発を加速します。



#### タンパク質機能解析

未知のタンパク質や複合体の構造を予測し、機能解明や酵素工学に応用できます。



### AlphaFold3との比較 | Comparison

	商用利用可能	高い柔軟性
OpenFold3	✓	✓
AlphaFold3	✗ 制限あり	✗ 限定的

タンパク質やDNAなどの複合体の予測に！

高精度予測AIモデル

# openfold3

にお勧めのHPC/ワークステーション

高性能GPUを搭載しているため、計算がはやい！



複雑な分子の構造と相互作用を高精度に予測する完全オープンソースのAIモデルです。

openfold 3は、タンパク質だけでなく、DNA、RNA、リガンドなどの複雑な分子の構造と相互作用を高精度に予測する完全オープンソースのAIモデルです。医薬品開発やゲノム研究など、生命科学全般の研究を加速させています。

# openfold3



- CPU： [2CPU] AMD EPYC 9454 (2.75GHz/最大3.8GHz/48コア)
- メモリ： 1,024GB (64GB×16)
- ストレージ： 960GB U.3 NVMe SSD
- オンボード： ASPEED AST2600 BMC 64GB (Mini DisplayPort x1)
- GPU： NVIDIA H200 Tensor Core GPU 141GB
- OS： Ubuntu 22.04 LTS
- 電源： [4基] 3,000W/200V - 80 Plus Titanium 認証
- 3年間センドバック方式ハードウェア保証

APPLIED  
GP-EP9454x2A3Q960U4U3

19,800,000 円 (税別)

カスタマイズのご要望も承ります



NVIDIA H200 GPUは、openfold 3の実行環境として非常に強力かつ推奨される選択肢です。H200はAIおよび高性能計算向けに設計されており、特に大規模なモデルやメモリを多く必要とするアプリケーションで優れたパフォーマンスを発揮します。openfold 3は深層学習モデルであり、推論プロセスの大部分をGPU上で実行します。H200はH100の進化版としてメモリ容量とメモリ帯域幅が大幅に向上しており、openfold3のような複雑で大規模な計算に必要な膨大なデータを効率的に処理できます。



<https://www.applied.ne.jp/rs/>

または

アプライド Biz

検索

