AI applications in Genomics



黃柏榕
生物醫學系

5年內50%大學生 程式設計列必修

分享 分享 留言 列印 存新聞 A− A+

2017-05-13 10:50 聯合報 記者林良齊 / 台北報導 讚 458 分享

教育部次長姚立德昨表示，後年上路的十二年國教新課綱，國、高中生必修程式設計等資訊科技，教育部希望同步提升大學生的資訊能力，未來五年內將透過高教深耕等計畫，讓半數大學生都學過程式設計，增加就業競爭力。

在全球網路時代，資訊科技早已被很多先進國家當成中學生核心能力，列為必修課程。教育部預定一〇八學年上路的十二年國教新課綱，也新增科技領域，將資訊科技列為國、高中生必修課程，其中程式設計為一大學習重點。

反觀國內大學，除了電機、資訊等相關科系學生，其他科系、尤其文科學生很少必修程式設計，多半只會電腦文書處理，沒有設計程式、App的能力，甚至

教育部、經濟部、國發會及台大昨合辦「ＶＲ教育創新論 實境）專家學者、產業界齊聚一堂，希望能建立相關產業資

姚立德[illegible]ＶＲ不是新[illegible]，但近年來熱度不斷增 育部也看到台灣人才培育的新方向。他預告，明年教育部擬將原有的頂尖大學計畫 卓越計畫等計畫，整合成五年一期的高教深耕計畫，「無論哪個科系」，希望每所 少半數學生要修過程式設計課程，和中學新課綱銜接，厚植未來ＶＲ產業的人力。

教育部高教司補充解釋，為因應國教新課綱的程式設計課 學端把程式設計課程納入「高教深耕」指標之一，希望明年先達到三成大學生上這 計課，期待五年內至少一半大學生學過程式設計。

姚立德也說，相信藉此將對ＶＲ產業所需，透過訓練提供重要人才來源，整合程式設計及台灣幾年來穩定發展的設計及影視相關科系人才，跨領域開發優質內容。

108學年度
>50%

目前：長庚大學 42%

107學年度
生醫系大一列為必修:生物人程式設計入門

教育部　函

地　址：10051臺北市中山南路5號
傳　真：02-27382471
聯絡人：項青青
電　話：02-77129108

受文者：各公私立大學校院等
發文日期：中華民國107年4月27日
發文字號：臺教資(二)字第1070060267號
速別：普通件
密等及解密條件或保密期限：
附件：徵件須知、徵件須知附件

主旨：檢送107年度「教育部補助扎根高中職資訊科學教育計畫徵件須知」乙份，請查照。

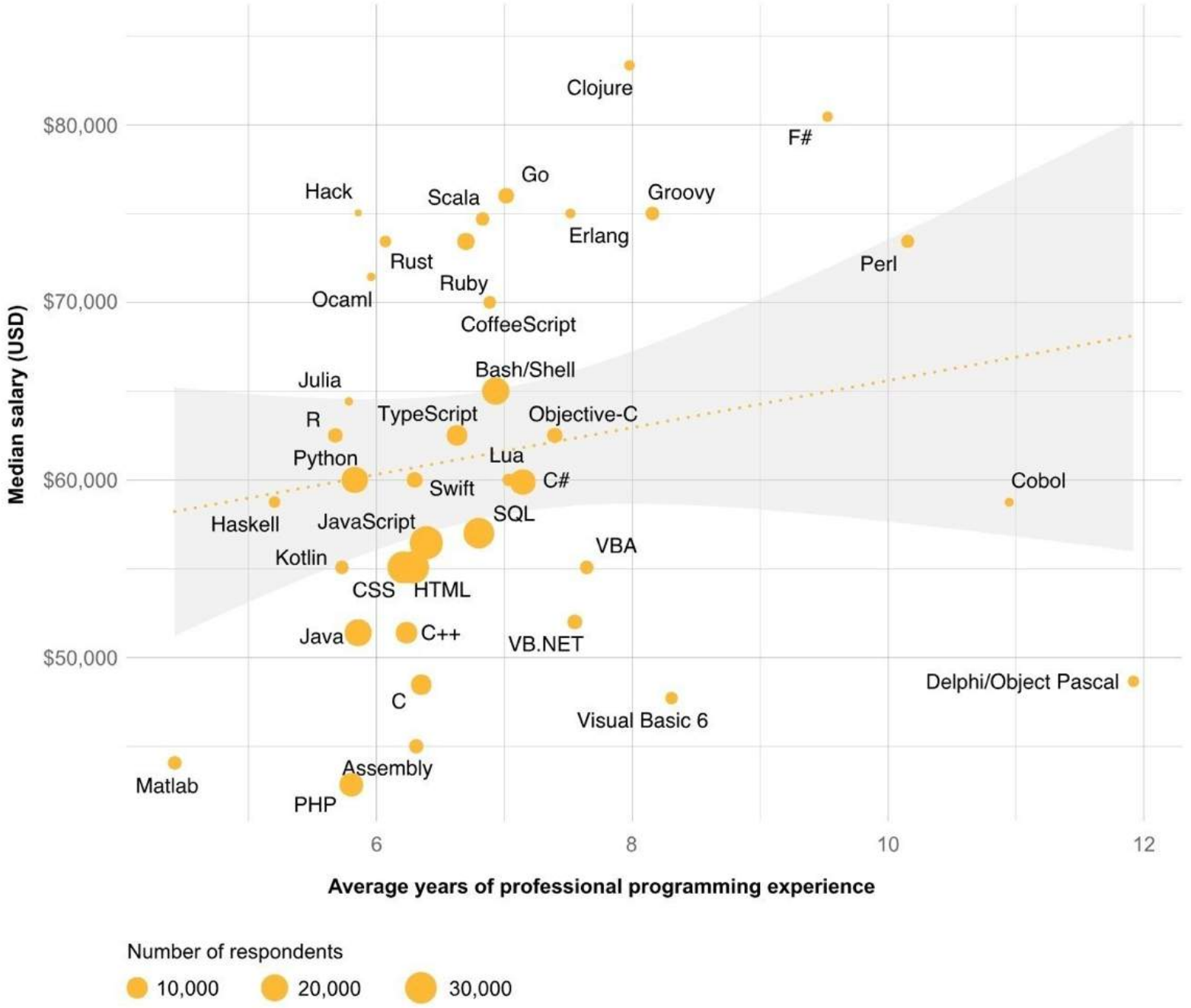
說明：

一、依據107年1月22日以臺教資(一)字第1060189188B號令修正發布之「教育部補助推動人文及科技教育先導型計畫要點」辦理。

二、本徵件須知旨為鼓勵大學校院與高中職合作，向下扎根高中職資訊科學教育，提供高中職生認識資訊科技產業及學習資訊科學的機會。

三、申請方式：請於107年6月4日（星期一）前備妥計畫書及電

Salary and Experience by Language



教育部全國大專校院人工智慧競賽

Aldea x 教育部攜手推廣人才庫

如同網際網路進入社會各個環節的強大影響力，如今，人工智慧也已經掀起另一波革命。對國家的教育政策而言，培養足夠數量研發人工智慧技術的人才，使國民具備與人工智慧 共同協作之能力，進而提升整體社會的競爭力，為重中之重的任務。
本計畫之重心為「標註暨競賽」，著重在目標明確的題目，藉由競賽精確的題目，訓練學生解決明確目標的問題。我們希望能透過競賽，培養學生解決AI問題的經驗與能力，並導 入人工智慧技術與觀念至教育體系。期望將來在投入實習場域進行實戰時，能學以致用。

指導單位——教育部資訊及科技教育司

教育部資訊及科技教育司「結合資訊、科技與人文，引領學校邁向永續發展新世紀」之願景，規劃「前瞻人才培育」、「精緻數位學習」、「科研倫理素養」、「數位公義關懷」、「校園環境永續」五大目標，建構以「人」為中心的學習環境，培育具關懷社會與環境之現代公民，強化國家永續發展。

/ 議題入口 /



生醫論文自動分析正式賽 – 生醫關聯擷取

近年來隨著人工智慧技術的蓬勃發展，人工智慧的應用逐漸落實在日常生活周遭。全球性的市場調查諮詢公司 Markets & M...

2019-03-27 ~ 2019-08-29



新聞立場檢索應用獎金賽

「新聞立場檢索應用獎金賽」報名開跑啦！獎金最高十萬元！歡迎商管、人文系所同學揪團一起來挑戰，結合跨領域專長與創意，為專業...

2019-03-22 ~ 2019-11-20



新聞立場檢索技術獎金賽

具爭議性議題的新聞一直是閱聽人關注與討論的焦點，例如：美國牛肉開放進口、死刑廢除、多元成家等。不論是政治、經濟、教育、兩...

2019-03-22 ~ 2019-09-02

生物資料庫管理及應用

總授課時數 (Total Hours)： 72 小時 (Hours)

項次 No.	上課日期/星期 Date / Weekday	開始/結束 Begin/End	時數 Hours	授課教師 Instructor	教學進度 Outline	訊息 Note
1	2019-02-21 四 (Thu)	5 (13:10) ~ 8 (17:00)	4	生醫系 黃柏榕	Introduction to database system 資料庫系統簡介	
2	2019-02-28 四 (Thu)	5 (13:10) ~ 8 (17:00)	4	生醫系 黃柏榕	Holiday	
3	2019-03-07 四 (Thu)	5 (13:10) ~ 8 (17:00)	4	生醫系 黃柏榕	R Programming Language environment R語言圖形化操作環境 Data Import & Export 資料匯入與匯出	
4	2019-03-14 四 (Thu)	5 (13:10) ~ 8 (17:00)	4	生醫系 黃柏榕	Data Structure & Function Library 資料結構與函式庫	
5	2019-03-21 四 (Thu)	5 (13:10) ~ 8 (17:00)	4	生醫系 黃柏榕	人工智慧生醫文獻資料探勘(I) Biomedical literature mining using Artificial intelligence (I)	
6	2019-03-28 四 (Thu)	5 (13:10) ~ 8 (17:00)	4	生醫系 黃柏榕	人工智慧生醫文獻資料探勘(II) Biomedical literature mining using Artificial intelligence (II)	
7	2019-04-04 四 (Thu)	5 (13:10) ~ 8 (17:00)	4	生醫系 黃柏榕	Basic SQL Language 資料庫SQL語法的基本應用ata Processing & Format Conversion 資料處理與格式轉換	
8	2019-04-11 四 (Thu)	5 (13:10) ~ 8 (17:00)	4	生醫系 黃柏榕	Data Visualization (I) googleVis 資料視覺化呈現 (I) googleVis	
9	2019-04-18 四 (Thu)	5 (13:10) ~ 8 (17:00)	4	生醫系 黃柏榕	Data Visualization (II) Plot.ly 資料視覺化呈現 (II) Plot.ly Interactive database based on R Shiny library 網頁互動式資料庫實作Shiny	
10	2019-04-25 四 (Thu)	5 (13:10) ~ 8 (17:00)	4	生醫系 黃柏榕	Mid-term Exam 期中考	
11	2019-05-02 四 (Thu)	5 (13:10) ~ 8 (17:00)	4	生醫系 黃柏榕	Database linkers & Reproducible Report generation tools (R Markdown) 資料庫連結與格式化報表產生工具R Markdown	
12	2019-05-09 四 (Thu)	5 (13:10) ~ 8 (17:00)	4	生醫系 黃柏榕	Automatic mining tool for PubMed (pubmed.mineR) 生醫文獻資料庫自動化檢索工具 pubmed.mineR	
13	2019-05-16 四 (Thu)	5 (13:10) ~ 8 (17:00)	4	生醫系 黃柏榕	Application for Biomart database using BiomaRt package Biomart資料庫應用 BiomaRt	
14	2019-05-23 四 (Thu)	5 (13:10) ~ 8 (17:00)	4	生醫系 黃柏榕	Genomic data visual analytics I (Gviz package) 基因體數據電腦繪圖 (I) Bioconductor Gviz	
15	2019-05-30 四 (Thu)	5 (13:10) ~ 8 (17:00)	4	生醫系 黃柏榕	Genomic data visual analytics II (circlize package) 基因體數據電腦繪圖 (II) circlize	

學術人士 Academics | 產業人士 Industry insiders | 一般民眾 The public

教育部
資通訊軟體創新人才推升計畫

首頁 | 關於本計畫 | 公佈欄 | 計畫平臺 | 跨校資源中心 | 聯絡我們 | 計畫徵件



快速導覽列

- 電子公告
- 活動訊息
- 學習資源服務平臺
- 線上協同學習平臺

輸入關鍵字

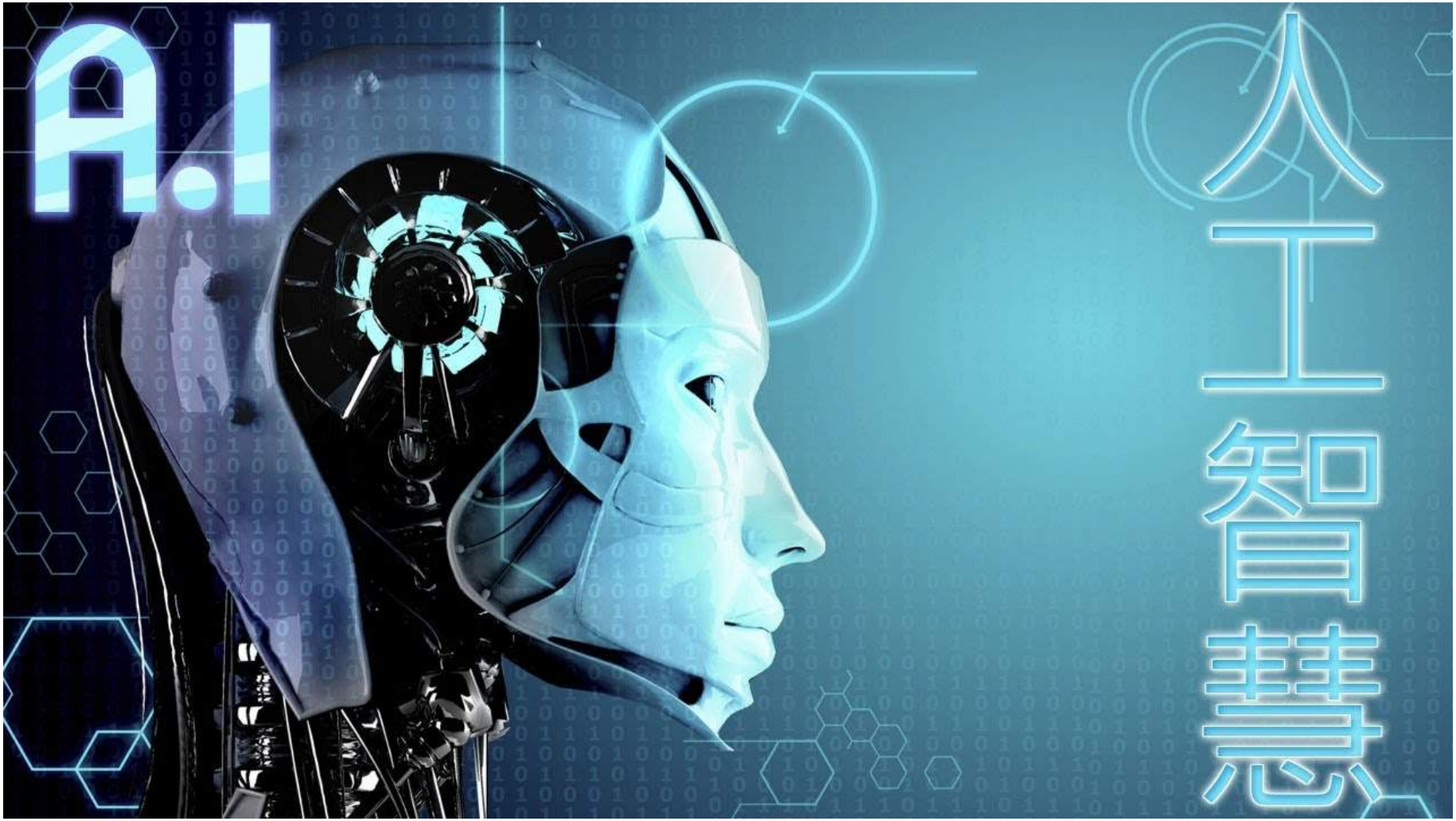
追蹤我們

ITSA 網站改版

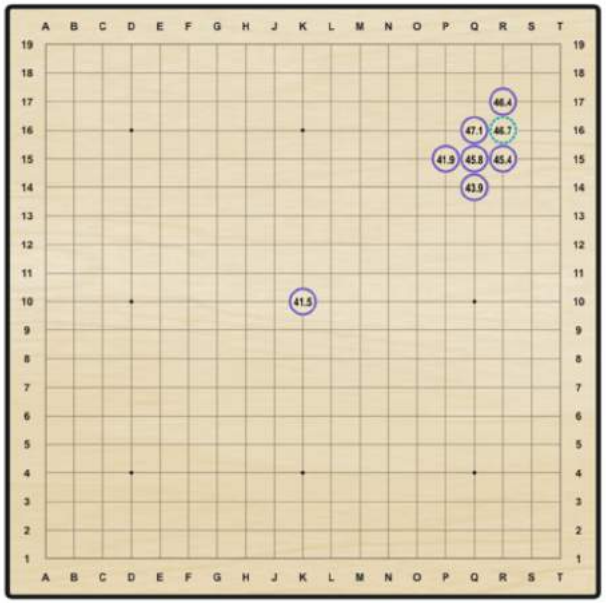
迎接行動裝置時代，ITSA計畫網站即日起升級為HTML5響應式網頁新版型，提供更好的閱覽體驗。上線初期如有發現任何問題或建議，請來信告知我們，謝謝！

Report

- 活動相簿
- 成果影片
- 學生實習媒合平臺
- 線上協同學習平臺
- 學習資源服務平臺


A.I
人工智慧







AlphaGo首席工程師黃士傑揭露AI無敵新關鍵

nature
International journal of science

Article | Published: 27 January 2016

Mastering the game of Go with d neural networks and tree search

David Silver ✉, Aja Huang, Chris J. Maddison, Arthur Guez, Laurent Sifre, Geor Julian Schrittwieser, Ioannis Antonoglou, Veda Panneershelvam, Marc Lancto Dominik Grewe, John Nham, Nal Kalchbrenner, Ilya Sutskever, Timothy Lillicr Koray Kavukcuoglu, Thore Graepel & Demis Hassabis ✉

Nature **529**, 484–489 (28 January 2016) | Download Citation ⬇

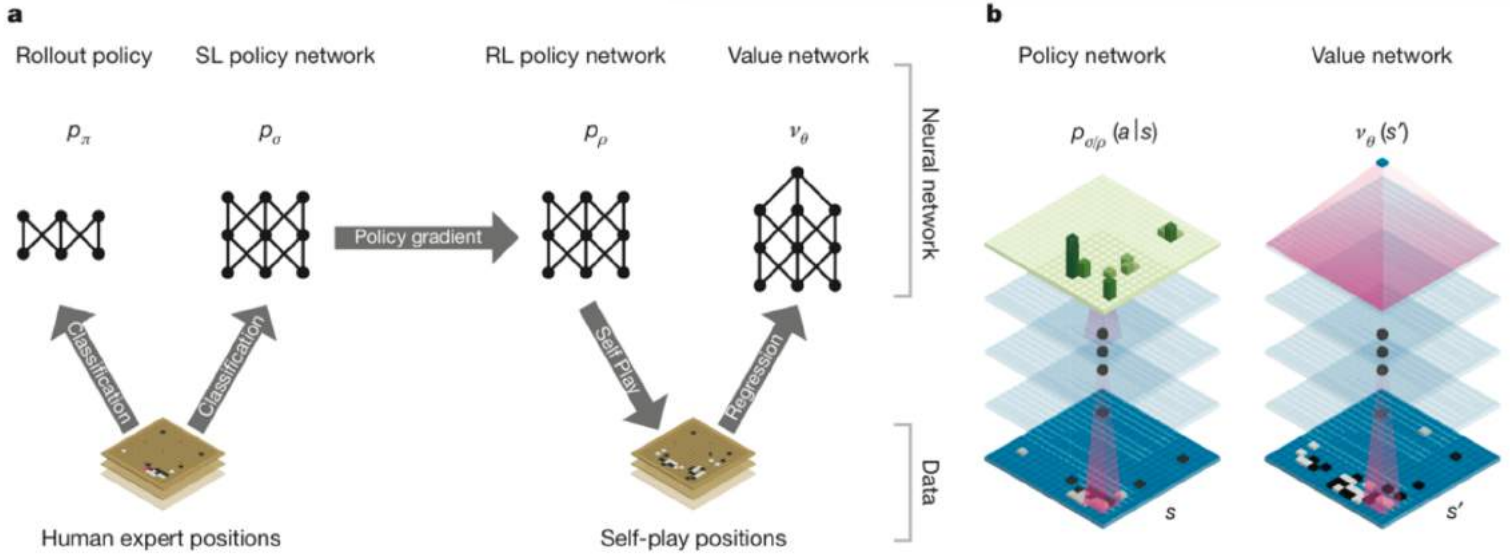
nature
International journal of science

Article | Published: 18 October 2017

Mastering the game of Go without human knowledge

David Silver ✉, Julian Schrittwieser, Karen Simonyan, Ioannis Antonoglou, Aja Huang, Arthur Guez, Thomas Hubert, Lucas Baker, Matthew Lai, Adrian Bolton, Yutian Chen, Timothy Lillicrap, Fan Hui, Laurent Sifre, George van den Driessche, Thore Graepel & Demis Hassabis

Nature **550**, 354–359 (19 October 2017) | Download Citation ⬇



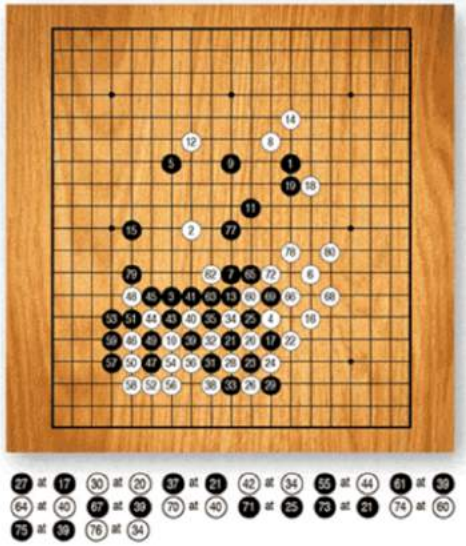

私、失敗しないので。
Doctor-X
外科医・大門未知子
10月12日 Special スタート
毎週木曜よる9時



日本醫師俱樂部的會長內神田景信出於某種目的要在東帝大學醫院試用最先進的人工智能診斷系統“希波克拉底”。院長蛭間馬上同意了，但外科副部長鳥高卻對這種AI持懷疑態度。這時，年輕的天才將棋選手五反田五郎在與世上最強的將棋機器人對決過程中，突然發生手腕痙攣，隨後昏了過去。

Nature 刊登 Deepmind 論文，最強 AlphaGo Zero 已無需人類知識，AlphaGo 慘敗

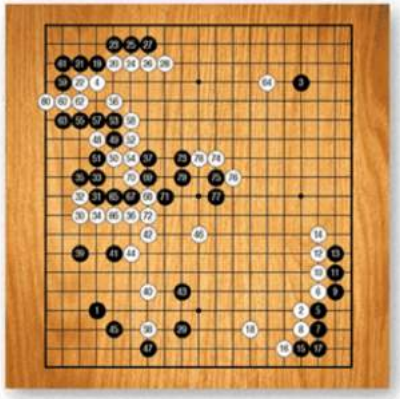




Captured Stones

3 hours

AlphaGo Zero plays like a human beginner, forgoing long term strategy to focus on greedily capturing as many stones as possible.



19 hours

AlphaGo Zero has learnt the fundamentals of more advanced Go strategies such as life-and-death, influence and territory.



Captured Stones

70 hours

AlphaGo Zero plays at super-human level. The game is disciplined and involves multiple challenges across the board.

1. ^ 阿爾法狗的隨想 打開圍棋另一扇門進入黑白世界. 新浪體育. 2016年3月11日.
2. ^ 柯潔決戰「阿爾法狗」勝者獎金150萬美元. 新華網. 2017年4月10日 [2017年5月9日].
3. ^ 對AlphaGo嗆聲 中國圍棋冠軍：管它是阿法狗還阿法貓. 自由時報. 2016-03-13 [2016-03-15].
4. ^ 徐揚生：阿發狗是贏了，但機器人想更聰明還得學習人類. 騰訊網. 2016年8月12日 [2017年5月9日].
5. ^ 不像阿發狗生來打敗人 AI應用華生凸顯人類價值. 自由時報. 2017年2月18日 [2017年5月9日].
6. ^ Google AlphaGo 的勝利：不是電腦打敗人類，而是人類打敗人類. TechNews 科技新報. [2017-03-09].
7. ^ 林, 建甫. 林建甫專欄－人工智慧棋蹟. 中時電子報. [2017-03-09] （中文（台灣））.
8. ^ 8.0 8.1 8.2 8.3 8.4 Research Blog: AlphaGo: Mastering the ancient game of Go with Machine Learning. Google Research Blog. 27 January 2016.
9. ^ Schraudolph, Nicol N.; Terrence, Peter Dayan; Sejnowski, J., Temporal Difference Learning of Position Evaluation in the Game of Go (PDF)
10. ^ 10.0 10.1 10.2 10.3 10.4 Silver, David; Huang, Aja; Maddison, Chris J.; Guez, Arthur; Sifre, Laurent; Driessche, George van den; Schrittwieser, Julian; Antonoglou, Ioannis; Panneershelvam, Veda. Mastering the game of Go with deep neural networks and tree search. Nature: 484–489
40. ^ Demis Hassabis. Demis Hassabis on Twitter: "Excited to share an update on #AlphaGo!". Demis Hassabis's Twitter account. 2017-01-04 [2017-01-04].
41. ^ 41.0 41.1 Elizabeth Gibney. Google reveals secret test of AI bot to beat top Go players. Nature. 4 January 2017 [4 January 2017].
42. ^ 我們感謝所有與我們的 Magister(P) 和 Master(P)帳戶在弈城圍棋網以及野狐圍棋網對弈的棋手. Aja Huang. 2017-01-04.
43. ^ 《新聞聯播》報道Master事件 稱為人機戰預熱. 新浪棋牌. 2017-01-05.
44. ^ Humans Mourn Loss After Google Is Unmasked as China's Go Master. Wall Street Journal. 2017-01-05 [2017-01-06].
45. ^ 柯潔. 柯潔在微博上稱「感謝Alphago最新版給我們棋界帶來的震撼」. 柯潔的微博帳號. 2017-01-04 [2017-01-06].
46. ^ 柯潔年內將戰「阿爾法狗」. 新華社. 2016-06-05 [2016-06-05].
47. ^ 遠洋. 柯潔年內將戰AlphaGo？後者回應：並未確定. IT之家. 2016-06-07 [2016-06-07].
48. ^ 衛冕世界冠軍卻棄人機大賽，柯潔：我無法打敗 AlphaGo.
49. ^ 人機戰第二季勝者獎150萬美金 出場費30萬美金. sports.sina.com.cn. [2017-05-27].

配置與效能[63]

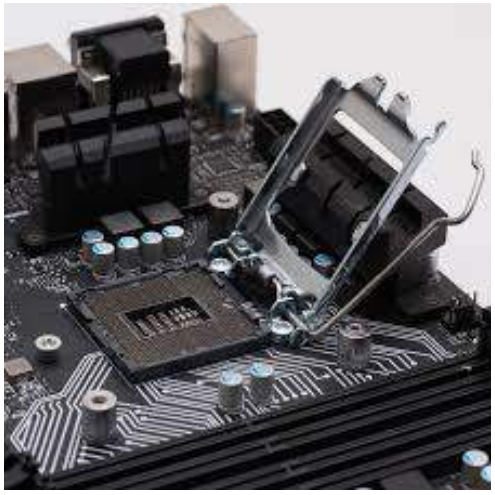
版本	使用規則	硬體	Elo等級分的理論峰值	戰績
AlphaGo樊 (v13[64])	中國規則	176個GPU[56]，分散式	3,144[55]	5比0戰勝樊麾
AlphaGo李 (v18[64])		48個TPU[56]，分散式	3,739[55]	4比1戰勝李世乭
AlphaGo Master		4個TPU v2[56]，單機	4,858[55]	網棋60比0戰勝職業棋士； 3比0戰勝柯潔；1比0戰勝人類團隊
AlphaGo Zero	川普–泰勒規則	4個TPU v2[56]，單機	5185[55]	100:0 戰勝AlphaGo李; 與AlphaGo Master 對戰勝率達90%
AlphaZero		4個TPU v2，單機	N/A	60:40 戰勝AlphaGo Zero（3天版本）

24. ^ deepmind一天戰12盤 究竟是否AlphaGO撰朔迷離.
25. ^ Tygem解密Master測試真相 李世石評價新版AlphaGo.
26. ^ 26.0 26.1 Metz, Cade. In Major AI Breakthrough, Google System Secretly Beats Top Player at the Ancient Game of Go. WIRED. 2016-01-27 [2016-02-01] （美國英語）.
27. ^ Sepcial Computer Go insert covering the AlphaGo v Fan Hui match (PDF). British Go Journal. [2017] [2016-02-01].
28. ^ Première défaite d'un professionnel du go contre une intelligence artificielle. Le Monde. 27 January 2016 （法語）.
29. ^ 29.0 29.1 李世乭：即使AlphaGo得到升級也一樣能贏. 韓國《中央日報》. 23 February 2016 [24 February 2016]（中文）.
30. ^ Google's AI AlphaGo to take on world No 1 Lee Se-dol in live broadcast. *The Guardian*. 5 February 2016 [15 February 2016].
31. ^ Google DeepMind is going to take on the world's best Go player in a luxury 5-star hotel in South Korea. Business Insider. 22 February 2016 [23 February 2016].
32. ^ Novet, Jordan. YouTube will livestream Google's AI playing Go superstar Lee Sedol in March. VentureBeat. February 4, 2016 [2016-02-07].
65. ^ Google AI algorithm masters ancient game of Go. Nature News & Comment. [2016-01-31].
66. ^ Schraudolph, Nicol N.; Terrence, Peter Dayan; Sejnowski, J., Temporal Difference Learning of Position Evaluation in the Game of Go (PDF)
67. ^ David, Eric. Google's AlphaGo "plays just like a human," says top ranked Go player. SiliconANGLE. February 1, 2016 [2016-02-03] （美國英語）.
68. ^ Gibney, Elizabeth. Google AI algorithm masters ancient game of Go. Nature News & Comment. 27 January 2016 [2016-02-03].
69. ^ 李世石:請向柯潔說句「辛苦了」 他應得到掌聲. sports.sina.com.cn. [2017-05-28].
70. ^ Connor, Steve. A computer has beaten a professional at the world's most complex board game. The Independent. 27 January 2016 [28 January 2016].
71. ^ Google's AI beats human champion at Go. CBC News. 27 January 2016 [28 January 2016].
72. ^ Gibney, Elizabeth. Go players react to computer defeat. Nature. 2016. doi:10.1038/nature.2016.19255.
73. ^ 于天立. AlphaGo成為「棋霸王」是有多厲害？人工智慧未來又要怎麼走？. PanSci 泛科學. 2016-03-14 [2016-03-15].
74. ^ Tian, Yuandong; Zhu, Yan. Better Computer Go Player with Neural Network and Long-term Prediction. 2015. arXiv:1511.06410v1 [cs.LG].

CPU、GPU、TPU

CPU





24h購物

INTEL 盒裝Core i5-8400

INTEL 盒裝Core i5-8400(盒裝) "第八代 intel 處理器" ◆ 腳位：1151 ◆ 時脈速度：2.80-4.00 ghz ◆ 快取記憶體：9.0 mb ◆ 核心 執行緒：6 6 ◆ 內含顯示：intel®

網路價$6990

售完，補貨中！

加入追蹤

24h購物

INTEL 盒裝Core i7-8700

INTEL 盒裝Core i7-8700 "第八代 intel 處理器" ◆ 腳位：1151 ◆ 時脈速度：3.20-4.60 ghz ◆ 快取記憶體：12.0 mb ◆ 核心 執行緒：6 12 ◆ 內含顯示：intel® u

網路價$11390

售完，補貨中！

加入追蹤

24h購物

INTEL 盒裝Core i7-8700K

INTEL 盒裝Core i7-8700K(盒裝) "第八代 intel 處理器" ◆ 腳位：1151 ◆ 時脈速度：3.70-4.70 ghz ◆ 快取記憶體：12 .0 mb ◆ 核心 執行緒：6 12 ◆ 內含顯示：int

網路價$12390

1 加入24h購物車

加入追蹤

24h購物

Intel Core i9 7980XE 中央處理器(盒裝)

Intel Core i9 7980 XE 中央處理器(盒裝) "第七代 intel 處理器" ◆ 腳位：2066 ◆ 時脈速度：2.60-4.20 ghz ◆ 快取記憶體：24.75 mb lb ◆ 核心 執行緒：18 36

網路價$60050

1 加入24h購物車

加入追蹤

24h購物

Intel Core i9 7900X 中央處理器(盒裝)

Intel Core i9 7900X 中央處理器(盒裝) "第七代 intel 處理器" ◆ 腳位：2066 ◆ 時脈速度：3.30-4.30 ghz ◆ 快取記憶體：13.75 mb lb ◆ 核心 執行緒：10 20 ◆

網路價$31550

1 加入24h購物車

加入追蹤

24h購物

AMD Ryzen 7-2700X 3.7GHz 八核心 中央處理器

AMD Ryzen 7-2700X 3.7GHz 八核心 中央處理器 cpu 核心數: 8 線程：16 基本時脈速度: 3.7ghz 最大渦輪核心速度: 4.3ghz 預設 tdp tdp: 105w total l2 ca

網路價$10999

1 加入24h購物車

加入追蹤

~~CPU~~、GPU、TPU

Bitcoin 是一個創新的支付網路以及一種新的貨幣？

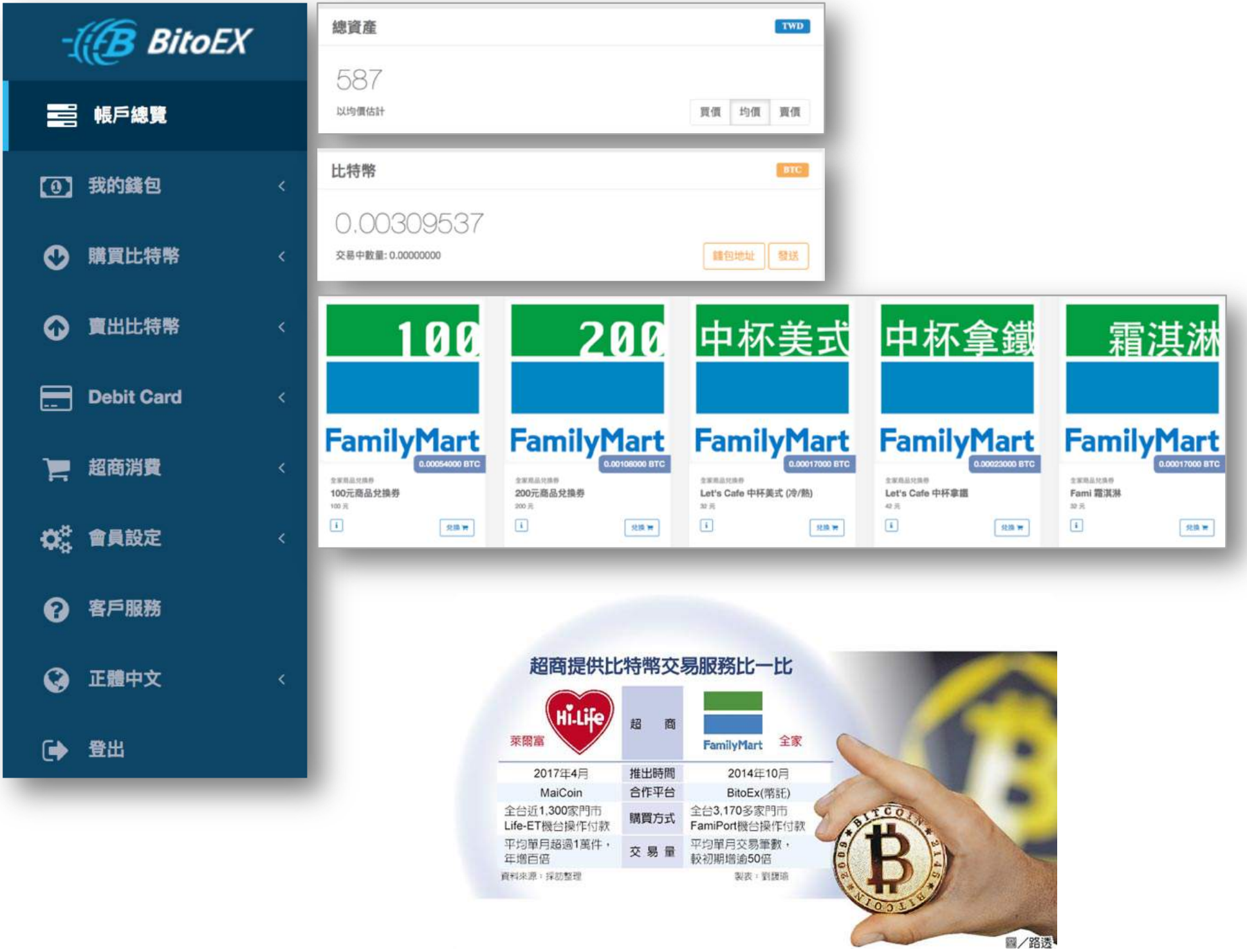






1BTC = ? TWD


BitoEX
均價：1 BTC = 189,984 TWD
194,370
買價 (TWD)
185,599
賣價 (TWD)
匯率換算
周
月
全期
2017-12-17 週日
價格: 607,959
700,000
600,000
500,000
400,000
300,000
200,000
100,000
0
價格(TWD)
10-01
11-01
12-01
01-01
02-01
03-01
04-01
05-01
06-01
07-01
08-01
09-01
BitoEX.com


BitoEX
帳戶總覽
我的錢包
購買比特幣
賣出比特幣
Debit Card
超商消費
會員設定
客戶服務
正體中文
登出
總資產
TWD
587
以均價估計
買價
均價
賣價
比特幣
BTC
0.00309537
交易中數量: 0.00000000
錢包地址
發送
100
200
中杯美式
中杯拿鐵
霜淇淋
FamilyMart
0.00054000 BTC
100元商品兌換券
0.00108000 BTC
200元商品兌換券
0.00017000 BTC
Let's Cafe 中杯美式 (冷/熱)
0.00023000 BTC
Let's Cafe 中杯拿鐵
0.00017000 BTC
Fami 霜淇淋
超商提供比特幣交易服務比一比
Hi-Life
萊爾富
超 商
FamilyMart
全家
2017年4月
推出時間
2014年10月
MaiCoin
合作平台
BitoEx(幣託)
全台近1,300家門市
Life-ET機台操作付款
購買方式
全台3,170多家門市
FamiPort機台操作付款
平均單月超過1萬件，
年增百倍
交 易 量
平均單月交易筆數，
較初期增逾50倍
資料來源：採訪整理
製表：劉建瑜
BITCOIN
/路透

一家日本公司將用比特幣發薪水 員工若自願可得獎勵

鉅亨網新聞中心　2017/12/18 15:40



日本企業對比特幣較各國友善(圖:AFP)

日本人對比特幣的友善與喜好，可能居全球之最。他們不但認可比特幣的合法支付地位，還有日本企業將開始用比特幣支付員工的薪資。

據《法新社》報導，日本科技公司 GMO Internet 表示，自明年 2 月起，4000 名員工可以向公司申請，以比特幣支付部分的薪資，薪資會在 3 月入帳。發言人 Harum Ishii 表示，新辦法並非強制，員工可以自行選擇是否要收比特幣薪水。

這家東京上市公司在今年 9 月時宣布，2018 年上半年，將花費超過 300 萬美元，用於比特幣挖礦。GMO 當時說，他們相信比特幣在未來會成為「日常貨幣」的一部分，創造一個無邊界的經濟區域。

Ishii 說，實際使用虛擬貨幣，也能讓員工更了解這項產品。

每位員工可申請的比特幣支付額度，將介於 1 萬日元至 10 萬日元之間，為了鼓勵員工申請，公司會額外發放 10% 的獎勵金。

GMO 社長熊谷正壽在 Twitter 上表示，這個建議是由員工在提案箱所提出的建議，獲得採用。

儘管許多分析師認為，比特幣是炒作的商品，生活上很少使用時機。不過在日本，支援比特幣的企業卻逐漸增加，特別在今年 4 月取得合法支付地位之後。今年 4 月，日本家電連鎖店 Bic Camera 開始接受比特幣付款，5 月，廉價航空樂桃航空也表示，將開放比特幣購買機票，並計畫在機場設置比特幣專用 ATM。

根據今年早前的預估，日本交易所 bitFlyer 財務長 Midori Kanemitsu 相信，年底前接受比特幣的商家，將可達到 30 萬家。



虛擬加密貨幣市場興起，日本有經紀公司搭上話題，趁勢推出女團「加密貨幣少女」，8名成員各自代表一種虛擬貨幣，用輕鬆帶動唱的方式，帶領大家了解加密貨幣。

が起きる中、アイドルグループ「仮想通貨少女」のメンバーは２９日、一部仮想通貨で支払われる給与について、日本円での支払いを提案されたが断ったと明らかにした。





GPU? TPU?

Live marketplace Find miner Latest payments Language: English

nicehash About For sellers For buyers Help Register / Login

Largest Crypto-Mining Marketplace

Sell or buy computing power on demand

SELL

computing power of your PC, server, workstation, ASIC or farm

- Get paid in Bitcoins
- Payments from 0.001 Bitcoin
- Payments from once per day
- No registration required
- Free software & user friendly guides

Learn more Download

BUY

massive hashing power for mining Bitcoin, Zcash, Ethereum and other coins

- Minimum order price 0.005 Bitcoin
- Cancel at any time without a cancellation fee
- Pay only for valid shares
- Mine on any pool you want
- Real-time statistics & dashboard

Learn more or register now

顯示卡GPU





自由時報 Liberty Times Net

即時新聞 報紙總覽 NEW 影音 財經 娛樂 汽車 時尚 體育 3C 評論 玩咖 臺北市 24-29

電腦不關機運作 致電線走火

〔記者曾健銘、徐聖倫／新北報導〕新北市三重區中正北路一處公寓二樓十二日發生火警，消防人員趕抵，發現屋內是「比特幣礦場」，這處裝有十餘台電腦的機房，疑因二十四小時不斷電挖礦（運算），意外導致電線走火，特別的是，許久未露臉的「蔣家第四代」蔣友青昨下午突現身火場，與另名貌似工人的男子查看屋內毀損情況，外界猜測，蔣有可能是俗稱「礦工」的比特幣礦場投資者，才到場善後。



新北市三重區一處設置「比特幣礦場」的公寓二樓，疑因高熱導致電線走火，蔣友青出現在現場關切，表情凝重。（記者曾健銘翻攝TVBS）



新北市三重區一處設置「比特幣礦場」的公寓二樓，疑因高熱導致電線走火，蔣友青出現在現場關切，表情凝重。（記者曾健銘翻攝）

火警發生在十二日傍晚六時許，消防人車抵達時，住一樓的房東已自行用滅火器撲滅二樓火勢。消防人員發現屋內架設超過十部電腦、散熱風扇，宛如小型機房，事後才知原來是專挖比特幣的機房。

蔣疑到場善後 不願多談此事

此起火警原本並未引起外界太多注意，但有電子媒體事後返回該民宅要補拍畫面時，意外直擊到許久未露臉的蔣友青也在場，蔣一度站在陽台邊抽菸，邊與貌似工人的男子談話，看來眉頭深鎖。

據了解，該民宅是李姓女房東租給陳姓女房客，對於蔣友青為何出現在該民宅？外界猜測他有可能是礦場投資者，本報昨聯絡上蔣友青，他不改一貫「有個性」的態度表示：「你自己找吧！我不喜歡媒體你應該知道的，我對每個媒體都非常不禮貌你不知道嗎？」針對比特幣機房一事不願意多談。

蔣友青四年前曾因寄信恐嚇台北美國學校師生而吃上官司，之後即很少在媒體上露面。

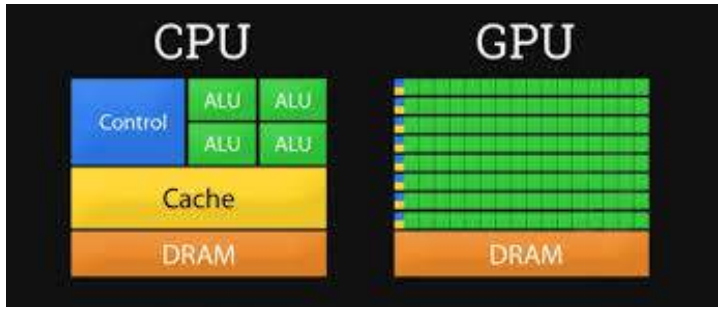
電腦解題獲比特幣 有如挖礦

據指出，比特幣屬全球通用的加密虛擬貨幣，目前一枚行情約十萬台幣，是目前最知名且最昂貴的加密貨幣；為了獲得比特幣，網友必須透過電腦解答數學難題，因過程就像開採礦物般，故又稱為「挖礦」。

由於挖礦過程中需要電腦長時間計算處理，幾乎都是二十四小時不斷電作業，砸大錢購買高階顯示卡、CPU組裝高階電腦，架設機房的「礦工」大有人在。



•網路價$97990





•網路價$10800

24h購物







網路價$39990

GPU	EARNINGS/DAY
NVIDIA TITAN V DaggerHashimoto at 79.75 MH/s	**0.00020343 BTC** 1.32 USD
NVIDIA TITAN XP Lyra2REv2 at 77.671 MH/s	**0.00015220 BTC** 0.99 USD
AMD RX Vega 56 CryptoNightV7 at 1.6 kH/s	**0.00015092 BTC** 0.98 USD
AMD RX Vega 64 CryptoNightV7 at 1.6 kH/s	**0.00015092 BTC** 0.98 USD
NVIDIA GTX 1080 Ti Lyra2REv2 at 71.09 MH/s	**0.00013931 BTC** 0.90 USD

CPU	EARNINGS/DAY
Intel CPU i7-7700K @ 4.70GHz Hodl at 0.8 kH/s	**0.00008800 BTC** 0.57 USD
Intel CPU i7-6700 @ 3.40GHz Hodl at 0.65 kH/s	**0.00007150 BTC** 0.46 USD
AMD CPU Ryzen 7 1700X @ 4.00GHz CryptoNightV7 at 0.61 kH/s	**0.00005754 BTC** 0.37 USD
Intel CPU i7-3630QM @ 2.40GHz Hodl at 0.28 kH/s	**0.00003080 BTC** 0.20 USD
Intel CPU i7-6700T @ 2.80GHz CryptoNightV7 at 0.13 kH/s	**0.00001226 BTC** 0.08 USD

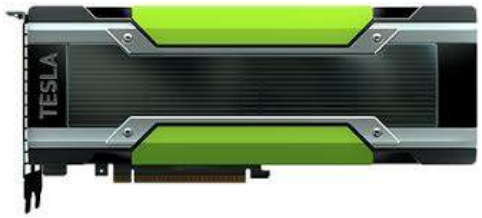
DEEP LEARNING AI 產業別 開發人員 產品 解決方案 教育課程 人工智慧新創公司

解決方案 資料中心 雲端 桌上型電腦 汽車 嵌入式

使用 GPU 加速人工智慧

NVIDIA 硬體與軟體將深度學習融入所有裝置



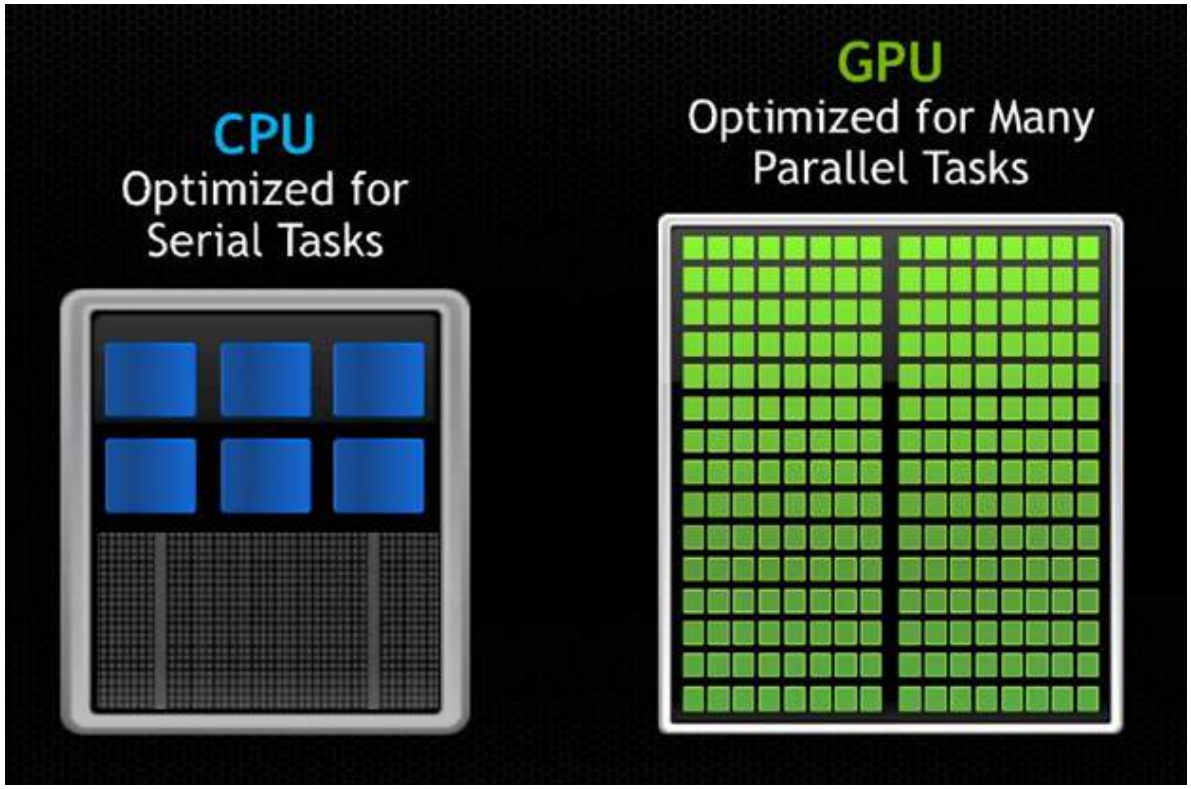






CPU: Central Processing Unit

GPU: Graphics Processing Unit



一場由AI引發的GPU血案，AMD還有機會嗎？



AI 现在也能使用AMD GPU！

AMD Plugs Machine Learning Into Upcoming Vega 7nm GPU

Paul Teich Contributor
Tirias Research
Enterprise & Cloud
I write about new technologies and usage models transforming business.

TWEET THIS

AMD intends Vega 7nm to competitively accelerate #datacenter #DeepLearning #MachineLearning #AI training & inference

AMD sketched its high-level datacenter plans for its next-generation Vega 7nm graphics processing unit (GPU) at Computex today. Putting together bits of information dropped during AMD's PC-heavy hour-and-a-half presentation, it becomes apparent that Vega 7nm is finally aimed at high performance deep learning (DL) and machine learning (ML) applications – artificial intelligence (AI), in other words. AMD's EPYC successes may be paving the way for Vega 7nm in cloud AI training and inference applications.



云网牛站 ywnz.com

(ywnz.com)云网牛站，学习Linux/学习Li
/首拼音即可网址，YWNZ

首页 Linux新闻 Linux下载 Linux安装 Linux教程 Linux软件 Linux命令 Linux美化 Linux培训 Linux云服务器 Li

所在位置：首页 > Linux教程 > TensorFlow使用AMD GPU实现加速（ROCm/Ubuntu 18.04）

TensorFlow使用AMD GPU实现加速（ROCm/Ubuntu 18.04）

2018-07-23 10:24:56 作者：王胖BigWang 稿源：linux网

本文通过AMD开发ROCm平台，Ubuntu 18.04系统中，TensorFlow也能使用AMD GPU实现GPU加速。现在把具体搭建流程呈上。

电脑硬件信息

CPU：AMD Ryzen 1700x
GPU：AMD Radeon RX580
内存：32G
硬盘：SSD 256GB + HDD 2TB

系统安装的是Ubuntu 18.04

本文针对的是Ubuntu 18.04，我选的是最小安装方式，当然也可以安装优麒麟Ubuntu Kylin 18.04，可以参考教程：https://ywnz.com/linuxaz/1443.html

安装AMD GPU驱动程序

1.下载最新的驱动程序，我使用的是18.20版本。
下载地址
里面包含for RHEL 7.5/CentOS 7.5、RHEL 6.9/CentOS 6.9、Ubuntu 18.04、Ubuntu 16.04.4、SLED/SLES 12 SP3版本，选择Radeon Software for Linux version 18.20 for Ubuntu 18.04版本下载。

別再挖了，跟著老師一起學AI吧!









財經新報

跟台積電別苗頭！三星搶下 Innosilicon ASIC 晶片代工訂單

作者 Atkinson | 發布日期 2018 年 08 月 02 日 18:10 | 分類 Fintech , Samsung , 數位貨幣 Follow G+ 讚 3 分享



加密貨幣挖礦機晶片代工大戰再起波瀾！在過去台積電一直獨霸中國 3 大挖礦機廠商訂單之後，2 日南韓三星電子宣布，將以低功耗 FinFET 製程技術，為全球著名挖礦機廠商 Innosilicon 代工製造挖礦機 ASIC 晶片。Innosilicon 對此也表示，該款挖礦機晶片以達到 63W/TH 的耗能打破其業界紀錄。目前，該款晶片已經進入大量生產階段，未來將運用在即將推出彼特幣挖礦機上。

ASIC: 特殊應用積體電路（Application-specific integrated circuit）





ASIC	EARNINGS/DAY
Innosilicon A9 ZMaster Equihash at 50000 Sol/s	**0.00565458 BTC** 36.47 USD
BITFURY B8 SHA256 at 50 TH/s	**0.00174812 BTC** 11.27 USD
Innosilicon A5 DashMaster - overclock mode X11 at 38000 MH/s	**0.00073589 BTC** 4.75 USD
Innosilicon A5 DashMaster - normal mode X11 at 30200 MH/s	**0.00058484 BTC** 3.77 USD
Baikal Giant X10 Qubit at 10000 MH/s	**0.00050205 BTC** 3.24 USD

Google 硬體工程師揭密，TPU 為何會比 CPU、GPU 快 30 倍

作者 雷鋒網 | 發布日期 2017 年 04 月 07 日 14:28 | 分類 Google , GPU , 晶片 Follow G+ 讚 46 分享



在 Google 發表 TPU 一年後，這款機器學習定制晶片的神祕面紗終於被揭開了。

一言以蔽之，TPU 兼具了 CPU 和 ASIC 的優點，它不僅是可編譯的，而且比 CPU、GPU 和 FPGA 擁有更高的效率和更低的能耗。



Letter | Published: 25 January 2017

Dermatologist-level classification of skin cancer with deep neural networks

Andre Esteva, Brett Kuprel, Roberto A. Novoa, Justin Ko, Susan M. Swetter, Helen M. Blau & Sebastian Thrun

Nature **542**, 115–118 (02 February 2017) | Download Citation

TensorFlow

Google

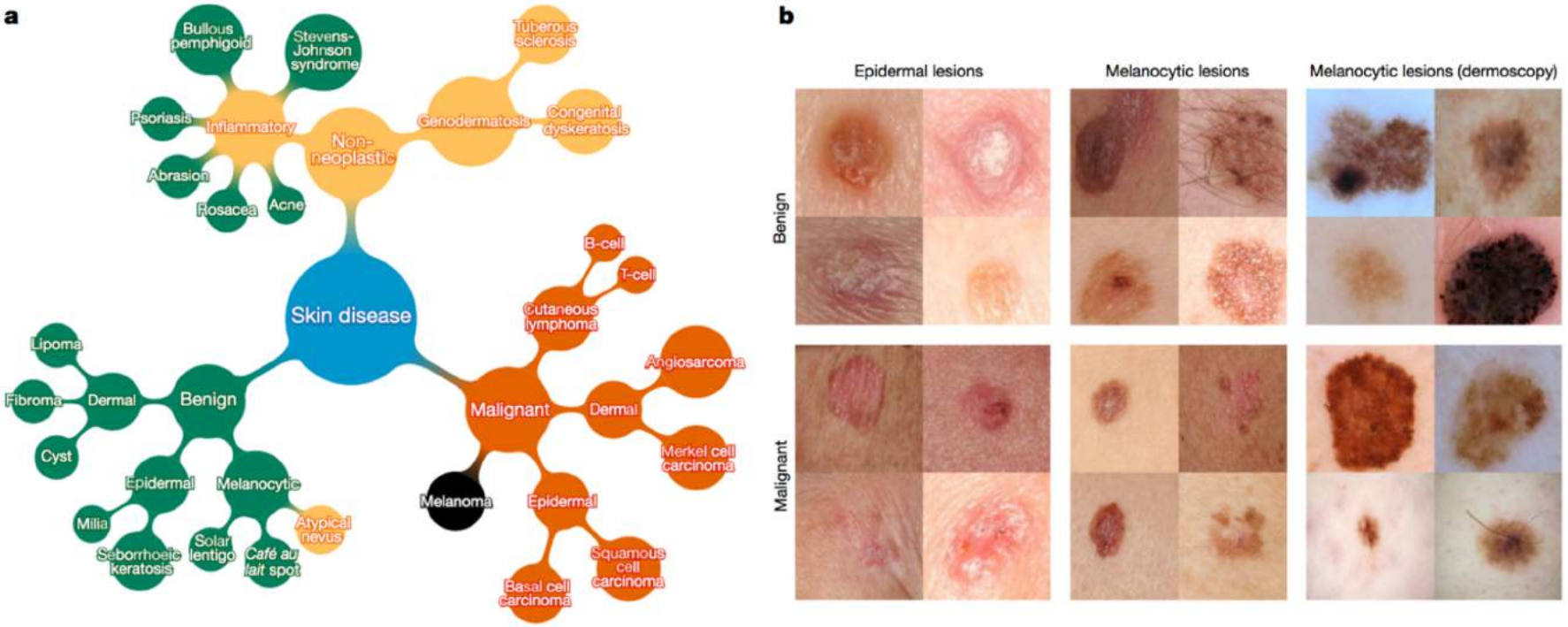


Figure 2 | A schematic illustration of the taxonomy and example test set images. a, A subset of the top of the tree-structured taxonomy of skin disease. The full taxonomy contains 2,032 diseases and is organized based on visual and clinical similarity of diseases. Red indicates malignant, green indicates benign, and orange indicates conditions that can be either. Black indicates melanoma. The first two levels of the taxonomy are used in validation. Testing is restricted to the tasks of **b**. **b**, Malignant and benign example images from two disease classes. These test images highlight the difficulty of malignant versus benign discernment for the three medically critical classification tasks we consider: epidermal lesions, melanocytic lesions and melanocytic lesions visualized with a dermoscope. Example images reprinted with permission from the Edinburgh Dermofit Library (https://licensing.eri.ed.ac.uk/i/software/dermofit-image-library.html).

逾2.5萬人次外勞 感染寄生蟲

2008-09-08

不合格率 歷年最高

〔記者洪素卿／台北報導〕外勞健康問題，可能帶給我國衛生體系重大考驗？統計顯示，去年我國外勞健檢結果，整體健康檢查不合格率達五點四%，超過兩萬五千人次外勞有寄生蟲，為歷年最高。由於台灣現在寄生蟲病的發生率相對低，專家擔心，若外勞的寄生蟲篩檢沒有做好，可能也會讓國人暴露在感染風險中。



在台外勞人數迄今已達三十七萬四千人新高，至於外籍勞工健康檢查情形，在民國八十六年至九十四年間，其不合格率皆維持約三%以下，不過，從民國九十五年起，不合格率提高至四點三%，去年更增為五點四%，不合格情況有逐年增加趨勢。


北市近三千外勞 有寄生蟲

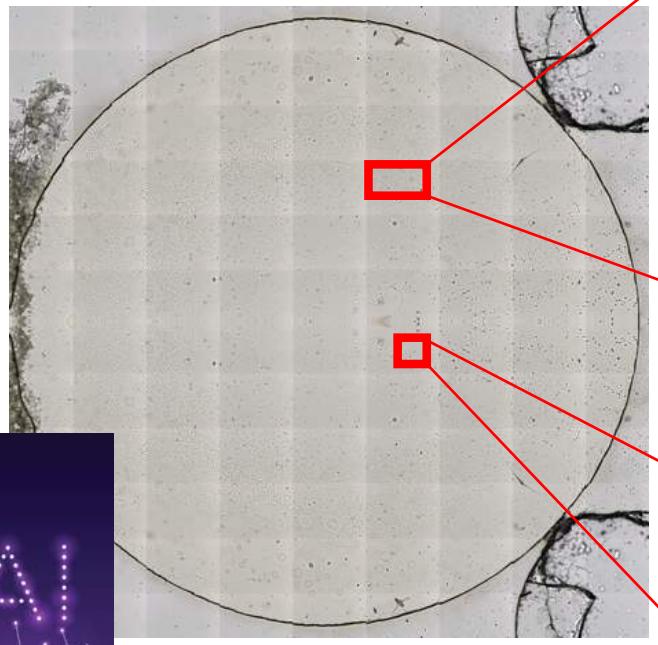
出版時間：2008/04/22

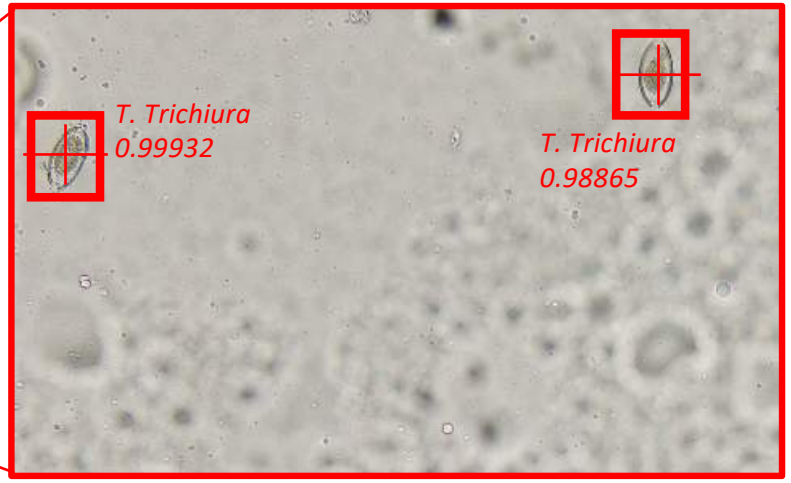
北市有近一成的外勞有寄生蟲，圖為腸道寄生蟲蛔蟲（左）與條蟲。











*Trichuris trichiura (鞭蟲)

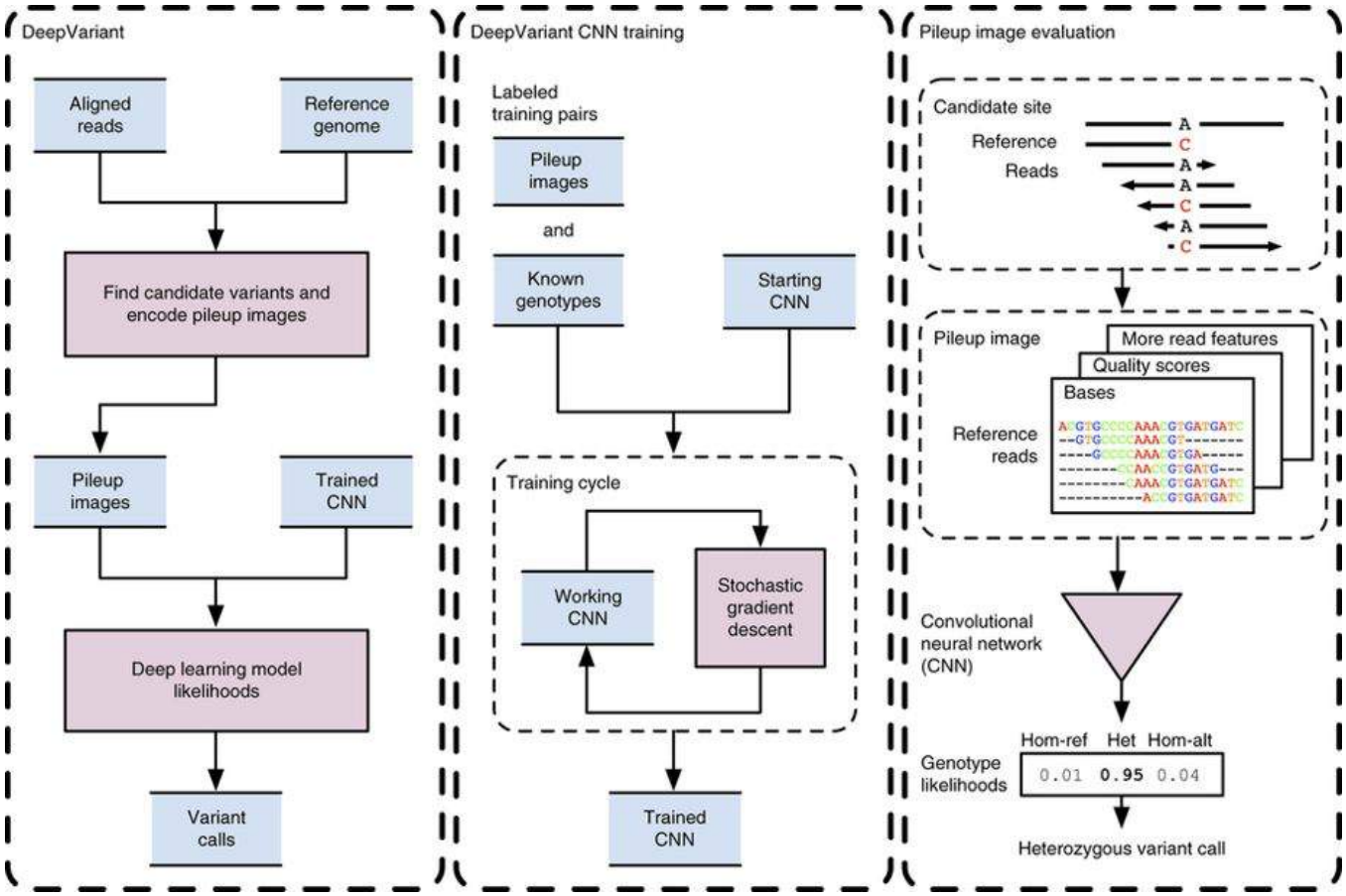


*Enterobius vermicularis (蟯蟲)



A universal SNP and small-indel variant caller using deep neural networks

Nature Biotechnology **volume 36, pages 983–987 (2018)**



DeepVariant: Highly Accurate Genomes With Deep Neural Networks

Monday, December 4, 2017

Posted by Mark DePristo and Ryan Poplin, Google Brain Team

Google AI

Cold Spring Harbor Laboratory

bioRxiv
THE PREPRINT SERVER FOR BIOLOGY

New Results

Creating a universal SNP and small indel variant caller with deep neural networks

Ryan Poplin, Pi-Chuan Chang, David Alexander, Scott Schwartz, Thomas Colthurst, Alexander Ku, Dan Newburger, Jojo Dijamco, Nam Nguyen, Pegah T. Afshar, Sam S. Gross, Lizzie Dorfman, Cory Y. McLean, Mark A. DePristo

doi: https://doi.org/10.1101/092890

《AI》Google推出DeepVariant 利用AI學習精確解讀基因組數據

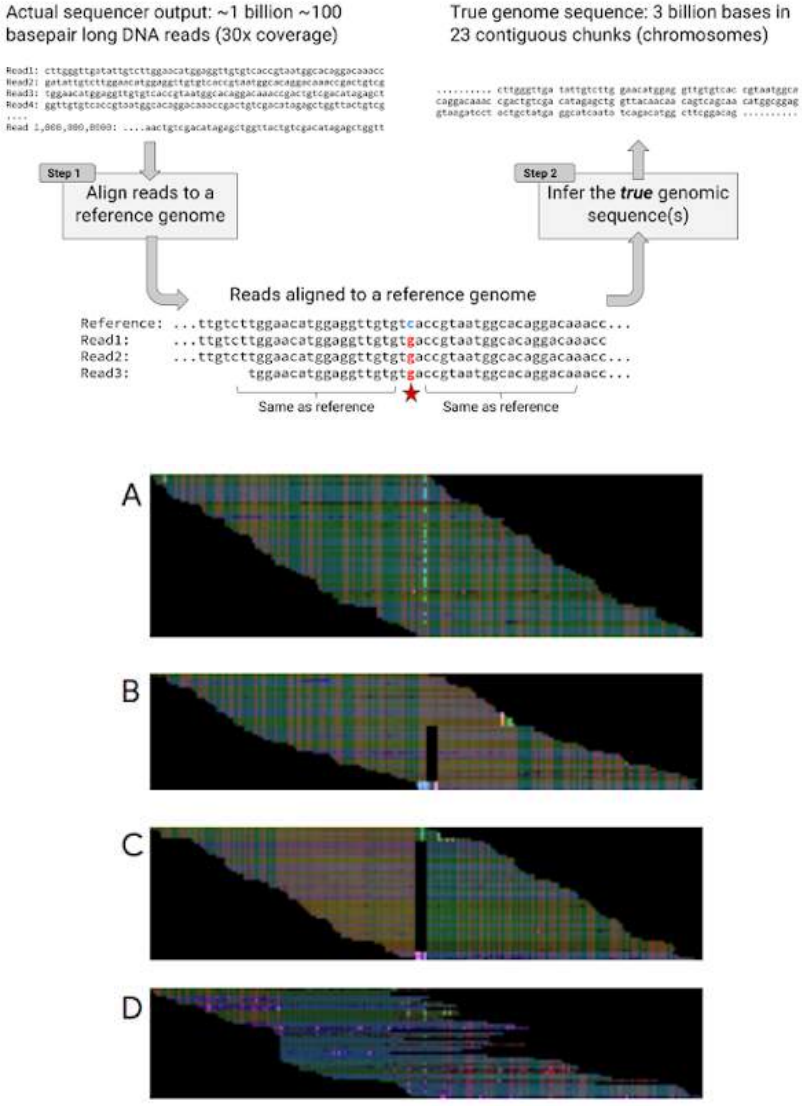
日期：2018/1/19 作者：劉軒彤 基因檢測 、 顛覆科技

21世紀之初，因為高通量測序(High-throughput sequencing ，HTS)開始商業化，得以大規模、更低成本、更快速取得生物體的基因序列，但是基因測序的結果是碎片化的片段訊息，如何讓龐大的基因組數據變得有意義，一直是科學界的挑戰。近日，Google發布了一項AI深度學習工具，名為DeepVariant，幫助建立更精確的人類基因圖譜。

使用圖像分類

先來理解基因測序的樣貌。人體基因組含有30億個DNA鹼基對，基因測序的結果是10億個以內的短序列片段(稱為讀取單位reads)，每個讀取單位含有100個鹼基對，若將讀取單位重疊比對拼出結果後，再與基因序列基準相比對，會發現很多鹼基變異位點，不管是出於何種原因，要將那些小的變異與測序過程中產生的偶發錯誤區別開來，是一道難題。

目前市場上已有軟體在解決這類的問題，使用更簡單的統計和機器學習，嘗試排除讀取錯誤並識別突變，每個工具各有優缺點，但是現在Google發布了DeepVariant，這個由Google Brain團隊與集團所屬生命科學公司Verily合作兩年多開發出來的AI深度學習工具，把基因測序的短序列片段reads拼接問題，轉變成Google擅長的典型圖像分類，在準確率和精確度上，都比傳統的比對拼接方式高出一大截。



A.I Deepvariant

```
pjhuang — pjhuang@dalek:~ — ssh -l pjhuang 163.25.93.72 — 103×27
|    0    152666      C   /usr/bin/python                                26MiB |
|    1    152666      C   /usr/bin/python                             10741MiB |
+-----------------------------------------------------------------------------+
Mon Sep 10 08:54:54 2018
+-----------------------------------------------------------------------------+
| NVIDIA-SMI 396.44                 Driver Version: 396.44                    |
|-------------------------------+----------------------+----------------------+
| GPU  Name        Persistence-M| Bus-Id        Disp.A | Volatile Uncorr. ECC |
| Fan  Temp  Perf  Pwr:Usage/Cap|         Memory-Usage | GPU-Util  Compute M. |
|===============================+======================+======================|
|   0  Quadro K2200        Off  | 00000000:03:00.0  On |                  N/A |
| 42%   33C    P8     1W /  39W |    140MiB /  4040MiB |      0%      Default |
+-------------------------------+----------------------+----------------------+
|   1  GeForce GTX 108...  Off  | 00000000:04:00.0 Off |                  N/A |
| 42%   73C    P2   199W / 250W |  10753MiB / 11178MiB |      0%      Default |
+-------------------------------+----------------------+----------------------+

+-----------------------------------------------------------------------------+
| Processes:                                                       GPU Memory |
|  GPU       PID   Type   Process name                             Usage      |
|=============================================================================|
|    0      7395      G   /usr/bin/X                                    49MiB |
|    0      7454      G   /usr/bin/gnome-shell                          50MiB |
|    0    152666      C   /usr/bin/python                               26MiB |
|    1    152666      C   /usr/bin/python                            10741MiB |
+-----------------------------------------------------------------------------+
```




```
[pjhuang@dalek DeepVariant]$ ls
benchmarkingScripts  main_sge.nf          RESULTS-DeepVariant
Dockerfile           nextflow.config      RESULTS-DeepVariant.bak
LICENSE              nextflow.config.bak  sampleDerivatives
main.nf              pics                 testdata
main.nf.bak          README.md            work
[pjhuang@dalek DeepVariant]$ sudo rm -rf work
[sudo] password for pjhuang:
[pjhuang@dalek DeepVariant]$ nextflow run main.nf --bam_folder "/pj_data/taiwanbiobank/deepvariant_gpu/
" --getBai "true" --fasta "/data2/reference/hg38/GRCh38.p10.genome.fa" --fai "/data2/reference/hg38/GRC
h38.p10.genome.fa.fai" --fastagz "/data2/reference/hg38/GRCh38.p10.genome.fa.gz" --gzfai "/data2/refere
nce/hg38/GRCh38.p10.genome.fa.gz.fai" --gzi "/data2/reference/hg38/GRCh38.p10.genome.fa.gz.gzi"
N E X T F L O W  ~  version 0.31.1
Launching `main.nf` [gigantic_kilby] - revision: 0cfe0e7ecb
[warm up] executor > local
[ba/0050a1] Submitted process > preprocessBAM (NGS2_20150108F_S99_L999-bwa-hg38-20180726235301.bam)
[1a/9ac521] Submitted process > preprocessBAM (NGS2_20150106D_S99_L999-bwa-hg38-20180720030125.bam)
[8c/edb002] Submitted process > preprocessFASTA
[0c/96ea6a] Submitted process > makeExamples (NGS2_20150106D_S99_L999-bwa-hg38-20180720030125.bam)
[20/77bfcd] Submitted process > makeExamples (NGS2_20150108F_S99_L999-bwa-hg38-20180726235301.bam)
[d8/44fb58] Submitted process > call_variants (NGS2_20150106D_S99_L999-bwa-hg38-20180720030125.bam)
[29/966ede] Submitted process > call_variants (NGS2_20150108F_S99_L999-bwa-hg38-20180726235301.bam)
```

愛瑪麗歐 AI人工智能安防攝影機，商場老闆的好幫手







Google 派 AI 擔任數據中心「空調長」　電力大省 3 成



▲Google 派 AI 擔任數據中心「空調長」。（圖 / 翻攝自 Google，下同）

2018-08-24 18:06:27

讚 25 分享 G+

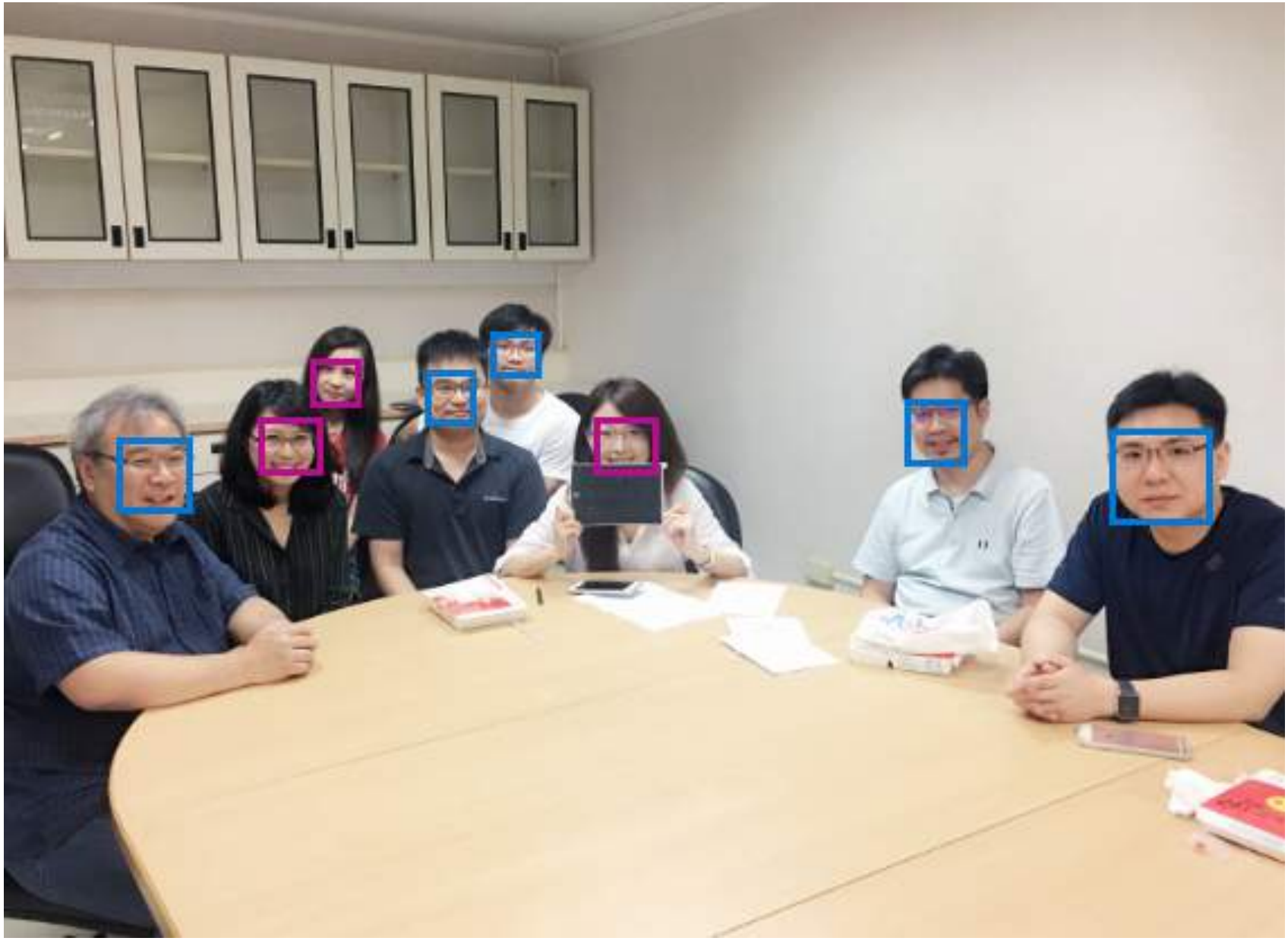
吳佳臻 / 綜合報導

佈滿電腦的數據中心又熱又吵，為避免過熱當機，冷氣全年 24 小時無限供應是必然。在這提倡節能減碳的社會，臉書等科技大老也出各種奇招應對。其中，Google 甚至派出 AI 擔任「空調長」一職，有效節省 3 成電力。

根據《ITmedia》報導，事實上，早在 2016 年 Google 便採用子公司 DeepMind 的 AI 技術來控管數位中心冷卻系統，電力有效大減 4 成。不過當時僅是採取 AI 的建議，而非由 AI 「直接」操控。

這回 AI 則是直接出任「空調長」，儘管目前僅上任數個月，就交出省電 30% 的卓越成績單。

AI年齡辨識系統



AI年齡辨識系統


19
24
Male
Female
Male
Female
Male
Male
29 years old
28 years old
42 years old
19 years old
24 years old
60 years old
41 years old
27 years old

TensorFlow

Getting Started #2



鳶尾花三兄弟（？）



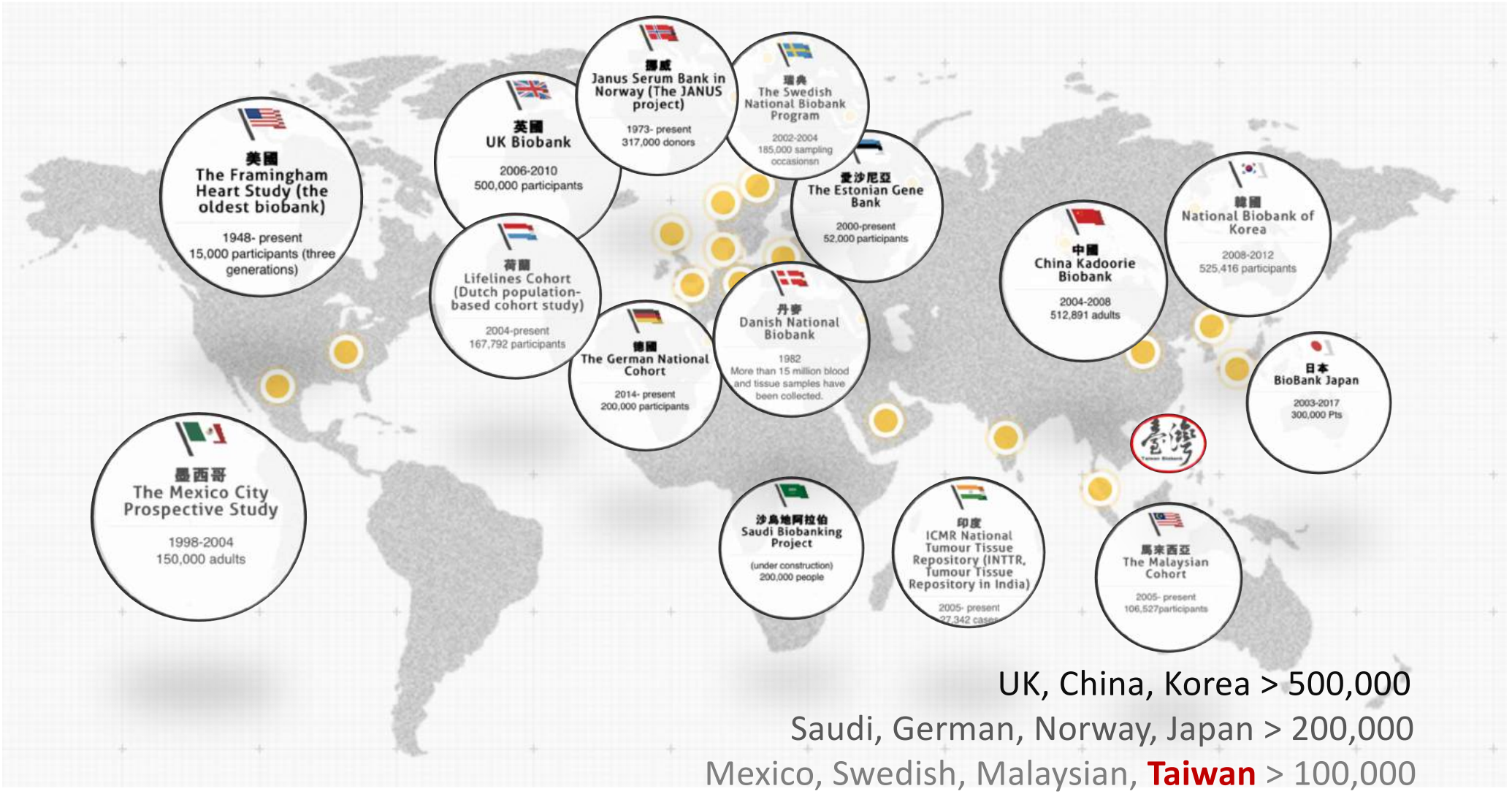
嗯..... 除非你是專業的植物學家，否則在野外應該也很難一眼就分辨出哪種是哪種吧！就讓小編來公佈答案吧，

左：山鳶尾（Iris setosa）；中：變色鳶尾（Iris versicolor）；右：維吉尼亞鳶尾（Iris virginica）。

在資料集中，我們分別定義成 [0 1 2]。蛤？你說你分不出來？沒關係，我們來試試看 TensorFlow 的威力吧！

https://www.mile.cloud/zh-hant/getting-started-2-tensorflow/#toggle-id-1

BIOBANK



UK, China, Korea > 500,000

Saudi, German, Norway, Japan > 200,000

Mexico, Swedish, Malaysian, **Taiwan** > 100,000

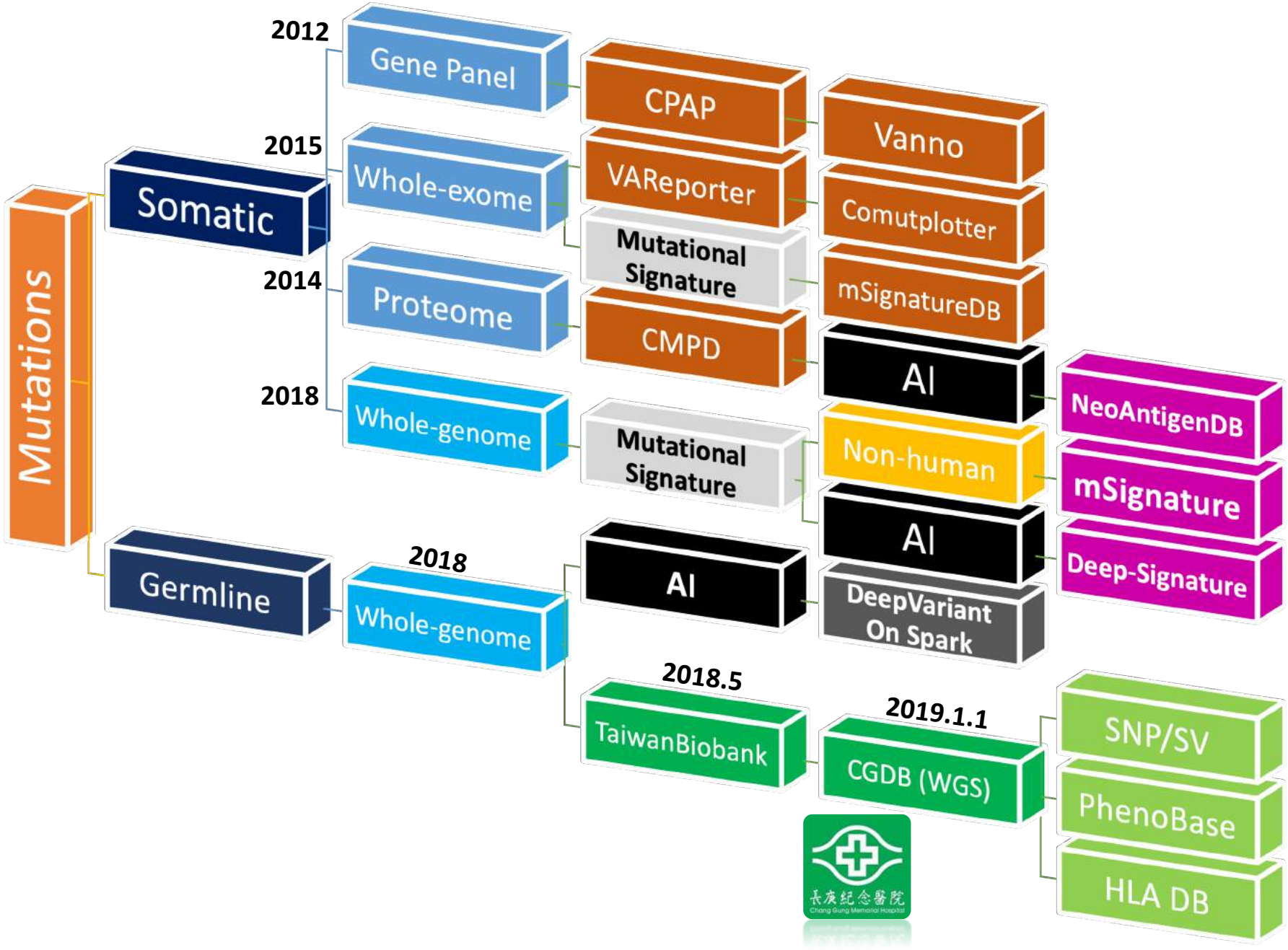
https://www.twbiobank.org.tw/new_web/

Is Taiwan Genetically Independent?

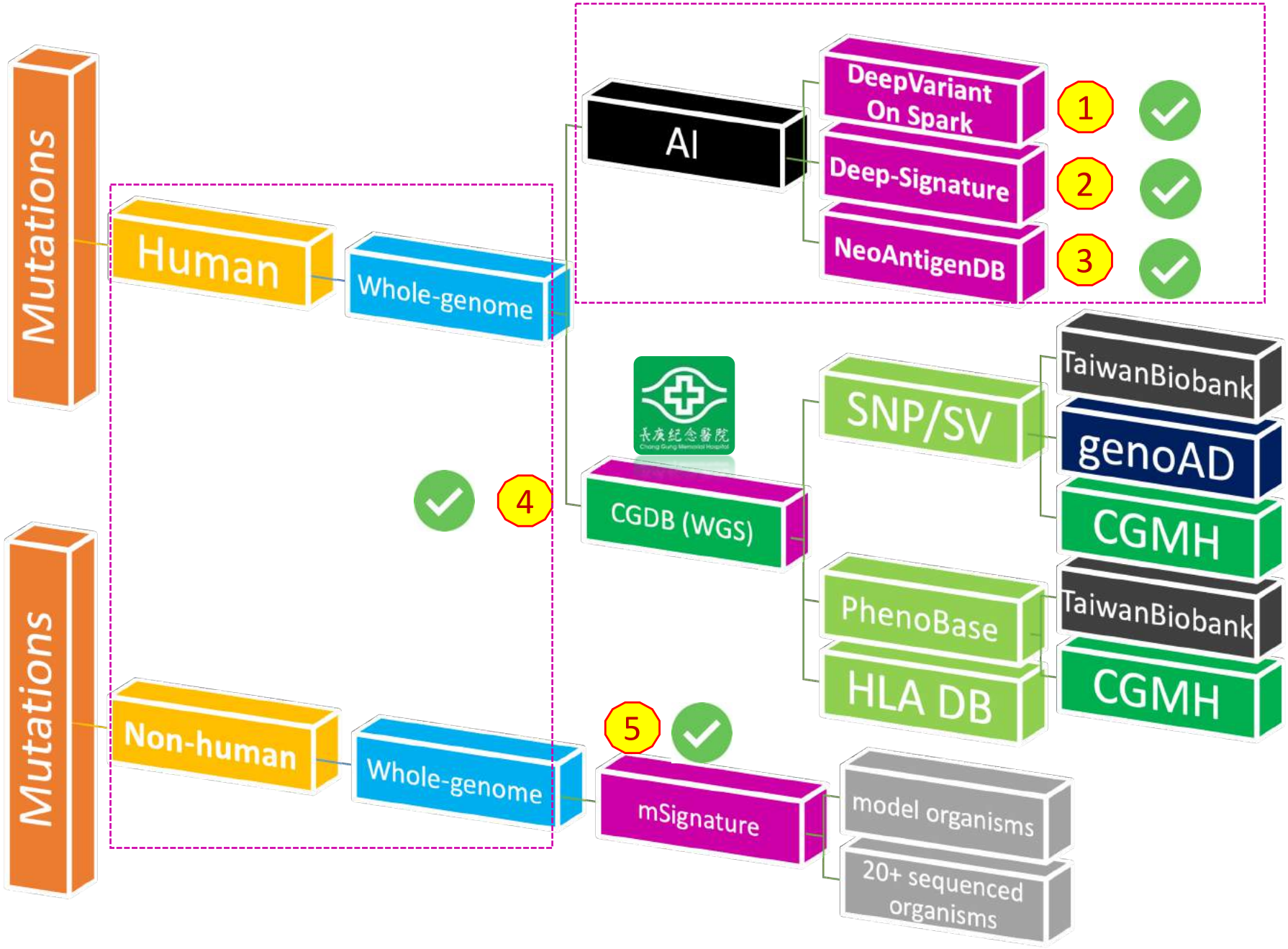


Adapted from https://macarthurlab.org/2018/10/17/gnomad-v2-1/

Track of Our Projects



On-going Projects



Manpower available

研究助理

1	2
在職	待聘

博士班

0	0
在學	畢業

碩士班

5	0
在學	畢業

大學部

1	4
專題研究	技術實習

希望→失望→絕望

1000 samples WGS 30x

臺灣 Taiwan Biobank BIOBANK • 健康世代
中央研究院・臺灣人體生物資料庫

Total: 1500 samples WGS 30x



2.2 GHz
40 cores

gatk4 Official Launch January 9, 2018

nf-core/deepvariant

5 years

32 years

Solution1: Hardware Scaleup





GATK 4 HaplotypeCaller *VCF + gVCF*

Human WGS 30X

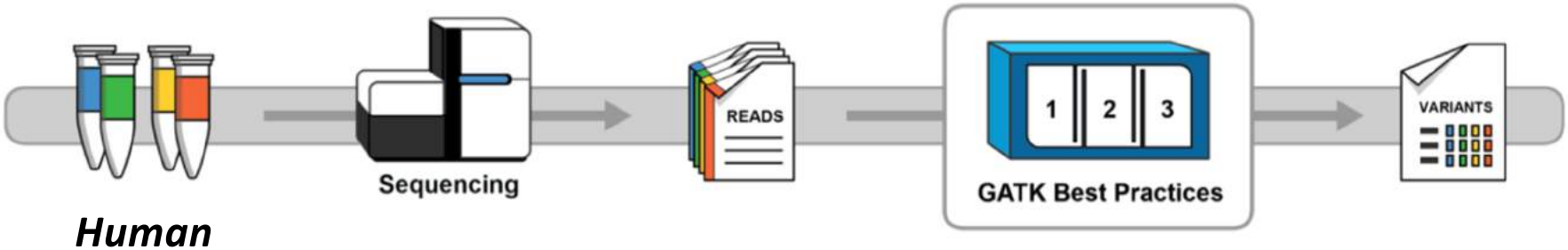




1 node ***6nodes***

1 sample	*2Days*	*2Days*
Computing node(s)	*1*	*6*
1000 Samples	*5.47 yrs*	*333.3 Days*

Solution2: Software Speedup



Human WGS 30X

GATK 4 HaplotypeCaller

VCF + gVCF

1 sample

1000 samples



Original — 2Days/1 sample → 5.47 Yrs



Hardware↑ — 2Days/6 samples → < 1 Yr (333.3 Days)



Hardware↑ Software ↑

- 5.9hrs/1 sample — 23 partitions (chr1, 2, … 22, X) → ~8 Months (250 Days)
- 3.37hrs/1 sample — 156 partitions → ~5 Months (166 Days)

Visible Improvement

WGS (30x)
From fastq to VCF+gVCF

DeepVariant **12Days→4hrs**

GATK **2Days→3.37 hrs**

The benefit of Software Speedup



Human WGS 30X

GATK 4 HaplotypeCaller

VCF + gVCF

1 sample

1000 samples



Hardware↑ 2Days/6 samples → < 1 Yr (333.3 Days)



Hardware↑ Software ↑

- 5.9hrs/1 sample → 23 partitions (chr1, 2, … 22, X) → ~8 Months (250 Days)
- 3.37hrs/1 sample → 156 partitions → ~5 Months (166 Days)



Hardware↑ Software ↑

6*5 = 30 nodes

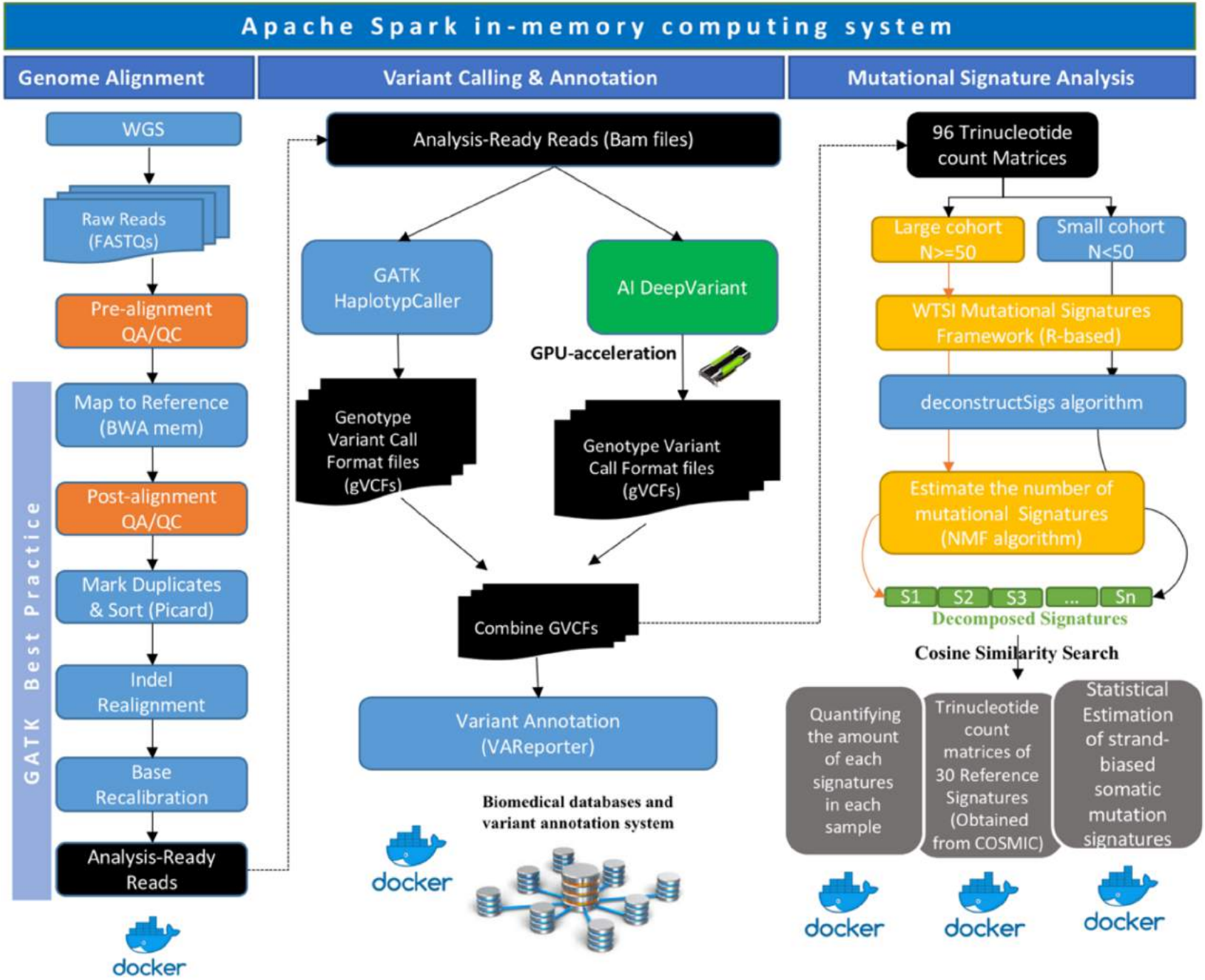
? hrs/1 sample → 156 partitions / 2270 partitions → << 1 month

Precision/recall evaluation

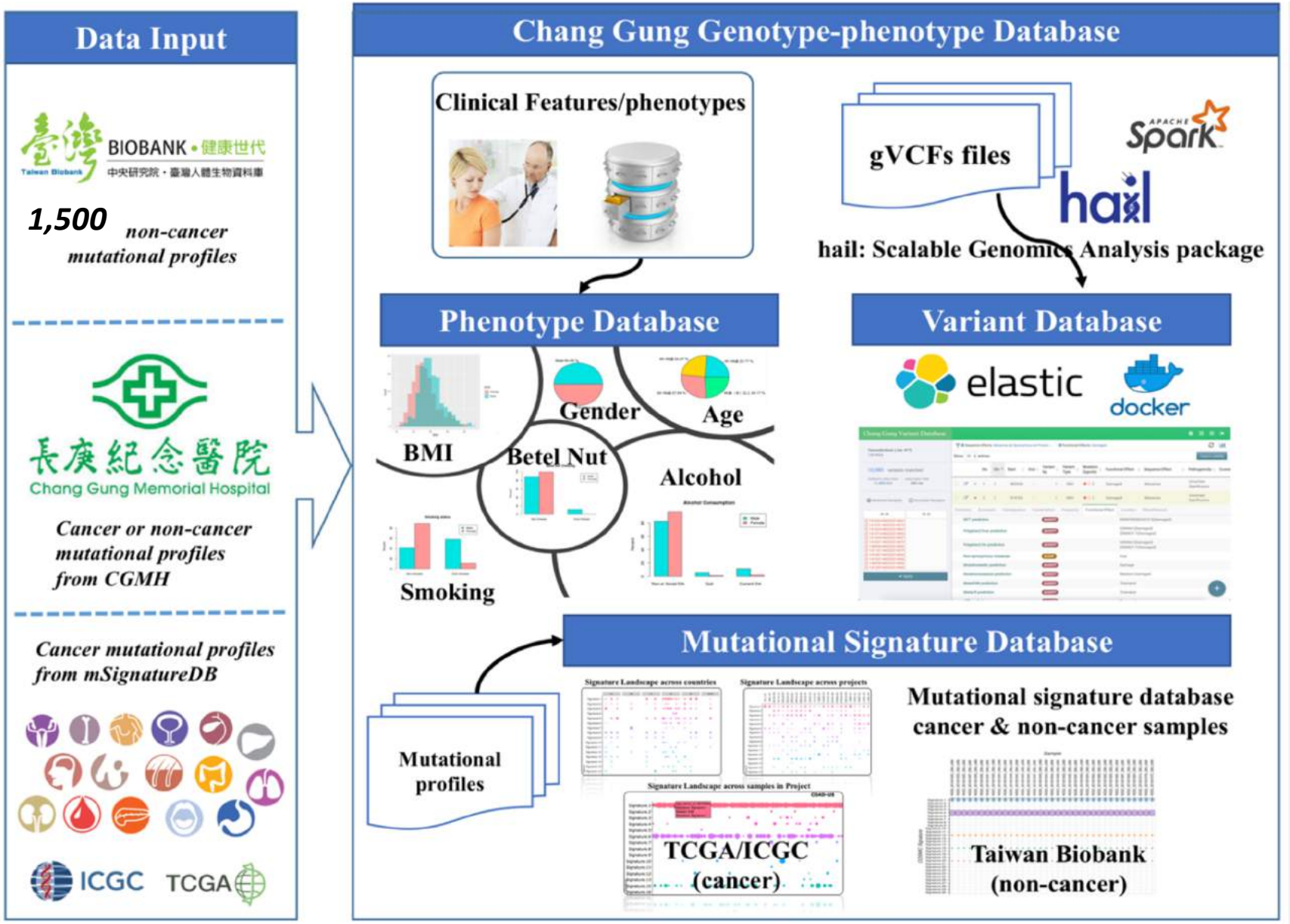
QUERY	RECALL	PRECISION	F1_SCORE
GATK4 #1	99.8757%	99.6161%	99.7457%
GATK4 #23	99.8764%	99.5932%	99.7346%
GATK4 #156	99.8761%	99.5969%	99.7363%
DeepVariant #23	99.9367%	99.9427%	99.9397%
DeepVariant #156	99.9366%	99.9426%	99.9396%

Platinum Genomes truth sets:
Eberle, MA et al. (2017) A reference data set of 5.4 million phased human variants validated by genetic inheritance from sequencing a three-generation 17-member pedigree. **Genome Research** 27: 157-164. doi:10.1101/gr.210500.116

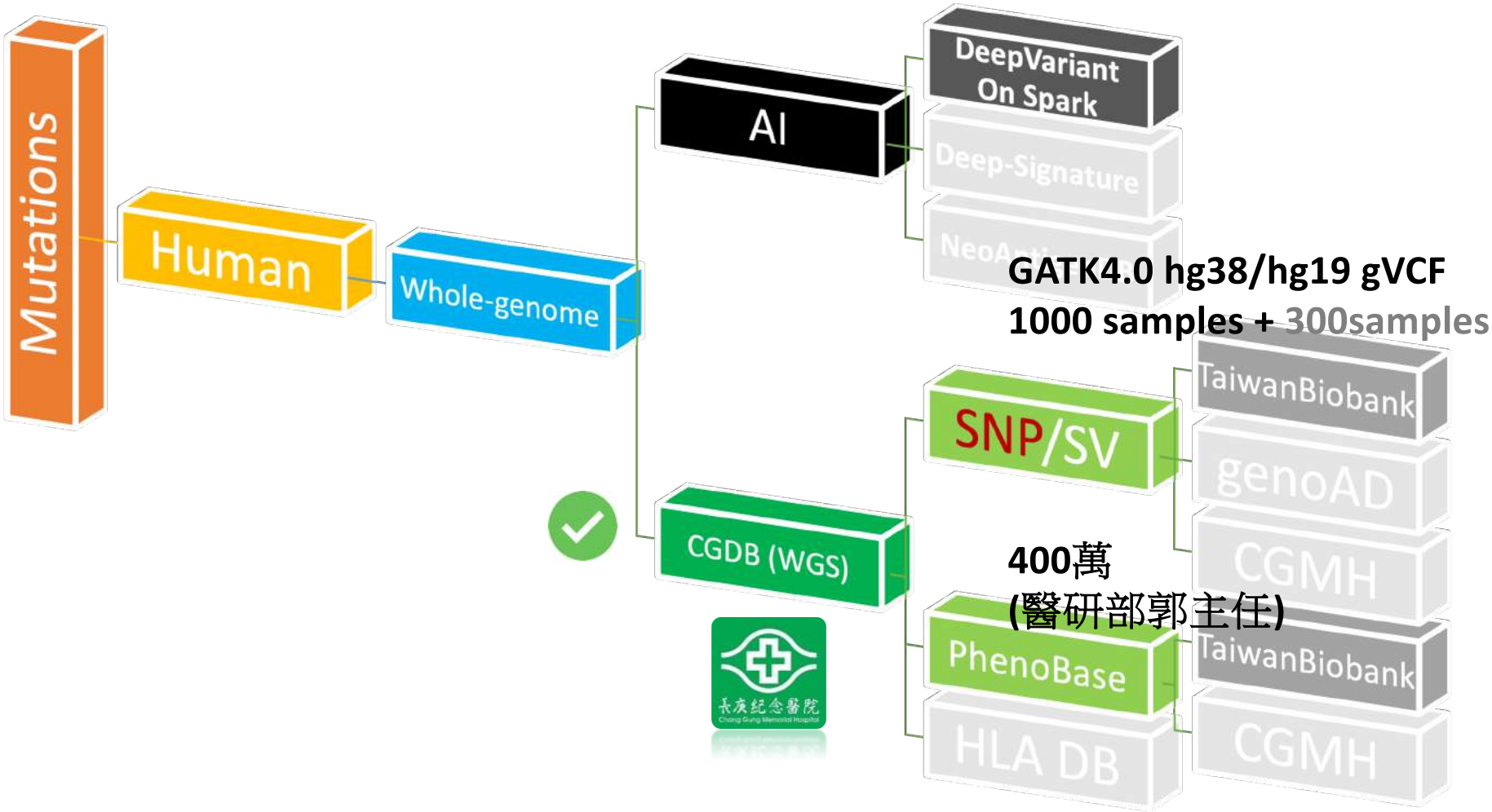
Genome in a Bottle truth sets:
Zook, JM et al. (2014) Integrating human sequence data sets provides a resource of benchmark SNP and indel genotype calls. **Nature Biotechnology** 32: 246-251. doi:10.1038/nbt.2835


Apache Spark in-memory computing system
Genome Alignment
Variant Calling & Annotation
Mutational Signature Analysis
WGS
Raw Reads (FASTQs)
Pre-alignment QA/QC
Map to Reference (BWA mem)
Post-alignment QA/QC
Mark Duplicates & Sort (Picard)
Indel Realignment
Base Recalibration
Analysis-Ready Reads
GATK Best Practice
docker
Analysis-Ready Reads (Bam files)
GATK HaplotypCaller
AI DeepVariant
GPU-acceleration
Genotype Variant Call Format files (gVCFs)
Genotype Variant Call Format files (gVCFs)
Combine GVCFs
Variant Annotation (VAReporter)
Biomedical databases and variant annotation system
docker
96 Trinucleotide count Matrices
Large cohort N>=50
Small cohort N<50
WTSI Mutational Signatures Framework (R-based)
deconstructSigs algorithm
Estimate the number of mutational Signatures (NMF algorithm)
S1
S2
S3
...
Sn
Decomposed Signatures
Cosine Similarity Search
Quantifying the amount of each signatures in each sample
Trinucleotide count matrices of 30 Reference Signatures (Obtained from COSMIC)
Statistical Estimation of strand-biased somatic mutation signatures
docker
docker
docker

Chang Gung Genotype-phenotype Database



Chang Gung Genotype-phenotype Base (WGS)



希望→失望→絕望

臺灣 Taiwan Biobank BIOBANK • 健康世代
中央研究院・臺灣人體生物資料庫

1000 samples WGS 30x



2.2 GHz
40 cores

gatk4 Official Launch January 9, 2018

nf-core/deepvariant

~~5 years~~

32 years

DeepVaraintOnSpark

DeepVariant-on-Spark

DeepVariant-on-Spark is a germline short variant calling pipeline that runs Google DeepVariant on Apache Spark at scale.

Why DeepVariant-on-Spark

- DeepVariant is **highly accurate**. In 2016 DeepVariant won PrecisionFDA Truth Challenge in the best SNP Performance category.
- Apache Spark is a lightning-fast unified analytics engine for large-scale data processing. Apache Spark achieves high performance for both batch and streaming data, using a state-of-the-art DAG scheduler, a query optimizer, and a physical execution engine.
- DeepVariant (v0.7) hasn't supported multiple GPUs utilized across multiple nodes. For example, nVidia
- DeepVariant-on-Spark leverages Atgenomix SeqPip DeepVariant pipeline on Spark and to use Yarn to o



Documentation

- DeepVariant-on-Spark release notes

Dependence

- Apache Hadoop 2.8.x
- Apache Spark 2.2.x
- Apache Adam v0.23 (forked and modified by Atgenomix)
- DeepVariant v0.7.0 (forked and modified by Atgenomix)

Quick start and Case studies

- DeepVariant-on-Spark quick start on Google Cloud vid DataProc
- DeepVariant-on-Spark WGS case study
- Multiple GPU acceleration
- Customization
- Troubleshooting

Contributing

Interested in contributing? See CONTRIBUTING.

License

DeepVariant-on-Spark is licensed under the terms of the Apache 2.0 License.

ATGENOMIX
Powering The Future of Genomics Data



生醫系 業師
蘇中才 博士

Google Cloud Platform

Google Brain Team
Make machines intelligent. Improve people's lives.

清華大學生物資訊與結構生物研究所

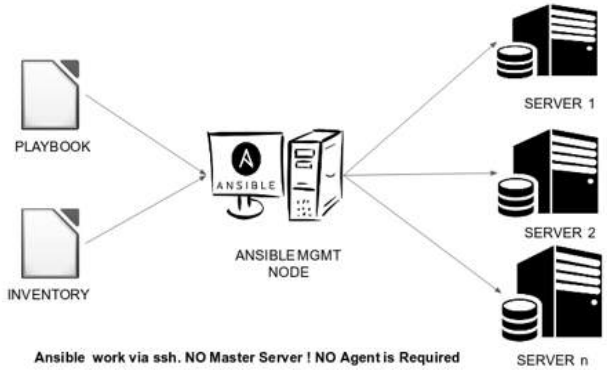


林后賢
清華大學呂平江教授
共同指導



張瑞桓
長庚大學生醫所

ANSIBLE



資金

連結國內外天使、種子及A輪資金投資夥伴，協助健康醫療、智慧裝置、農業、金融科技、教育科技、綠能科技等創業團隊加速發展。

訓練課程

每年不定期舉辦20餘場主題課程、創投、創業家經驗分享及交流活動，以及至少3場國際級技術研討會，曾邀請MIT電腦暨人工智慧實驗室、醫學工程科學研究中心等教授來台。

創業空間

2014年起，由嘉新兆福文化基金會捐贈共約200坪創業空間；提供7組成長期團隊獨立辦公空間，以及早期育成團隊40席共同工作空間座位。

See More

人才招募

透過時代基金會自1998年起積累的人才社群---好人網，協助團隊招募具有創業精神，及想要加入新創企業的人才。

See More

業師

連結超過90位國內外業師，包含經驗豐富的創業家、法律/會計顧問、產業專家以及天使投資人，不定期提供新創企業一對一諮詢輔導，協助新創企業加速成長、提升產業發展。

See More

國際交流

源自各界的國際資源，累積來自北美、歐洲、亞洲等近40家合作的加速器、育成中心及媒體等組織，包含MIT CSAIL實驗室，為Garage+注入活水，讓台灣創業環境接軌世界。

See More

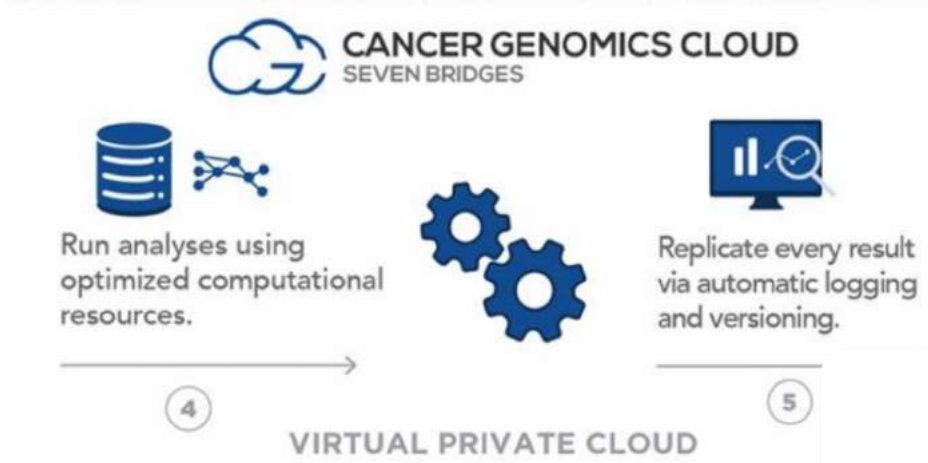




時代基金會成立的創業社群



第一堂課：善用所有的免費資源



SevenBridges

amazon web services™

LINE

長庚大學 - AWS 推動小組 (13)

Google Cloud Platform

Google Cloud Platform 免費版

GCP 免費版

$300美元

目錄

12 個月免費試用，並提供 $300 美元抵免額

信用卡驗證



Microsoft Azure

研究融入教學 or 教學融入研究





科目名稱 Course Title	生物資料庫管理及應用 Biological Database Management and Applications

4	2019-03-14 四 (Thu)	5 (13:10) ~ 8 (17:00)	4	生醫系 黃柏榕	Data Structure & Function Library 資料結構與函式庫
5	2019-03-21 四 (Thu)	5 (13:10) ~ 8 (17:00)	4	生醫系 黃柏榕	人工智慧生醫文獻資料探勘(I) Biomedical literature mining using Artificial intelligence (I)
6	2019-03-28 四 (Thu)	5 (13:10) ~ 8 (17:00)	4	生醫系 黃柏榕	人工智慧生醫文獻資料探勘(II) Biomedical literature mining using Artificial intelligence (II)

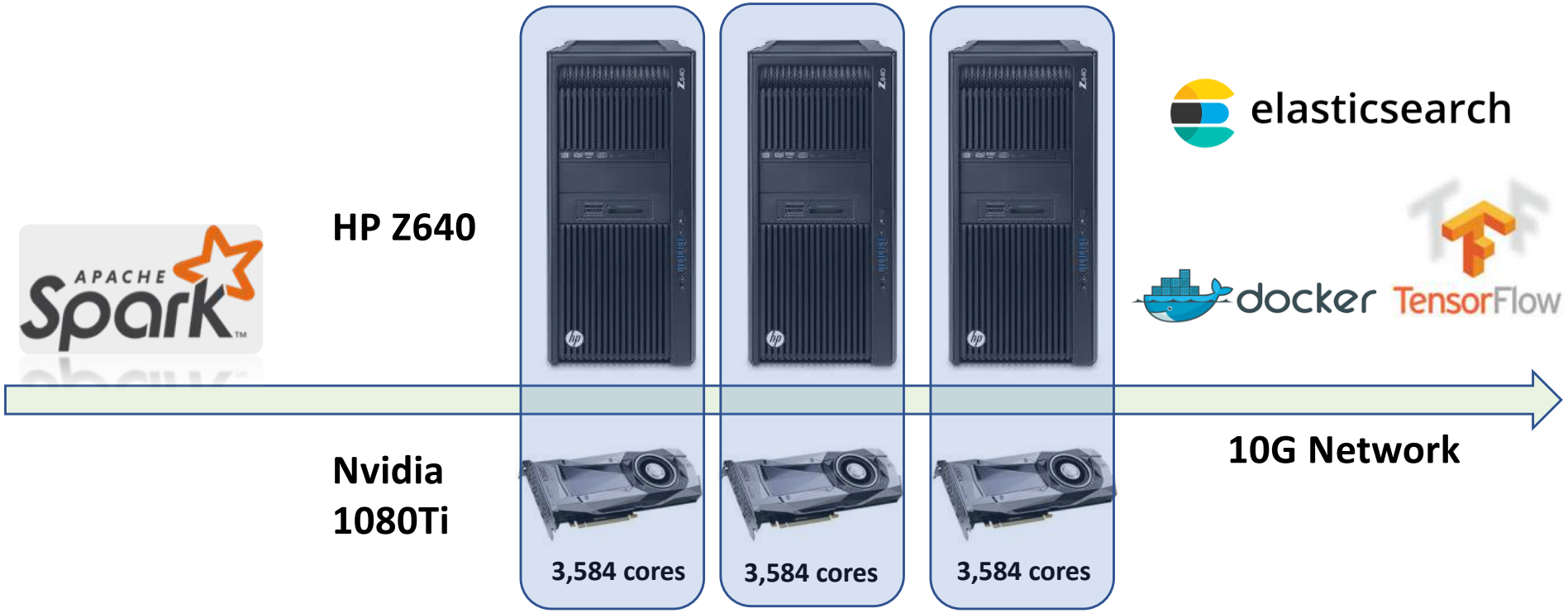
Benchmarking

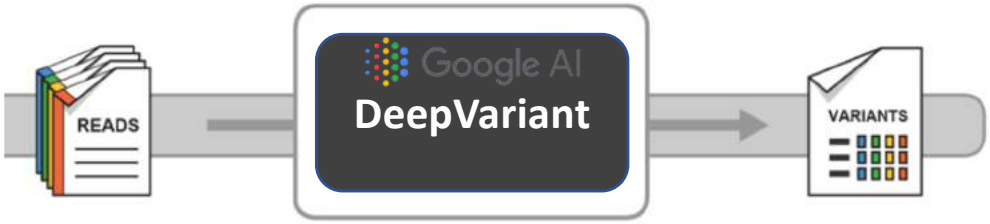
30X PE WGS

	DeepVariant (Google)	DeepVariant (PJ modified)	DeepVariant (Google Cloud)	SparkDV (CGU)	SparkDV (AI center)
CPU	24	24	80	72	?
GPU	x	3,584	35,840	10,752	1,376,000
Spark	x	x	x	v	v
Output	VCF	VCF	VCF+gVCF	VCF+gVCF	VCF+gVCF
Time	16hr	6hr	2hr	2hr ~~20m~~	<< 1hr



SparkDV: DeepVariant on Spark





<2h~~20m~~/sample

~~602~~ 992 WGS (2018 Sep. ~ now)

Plan: 1,500 WGS

NVIDIA

DATA CENTER

DGX-1

NVIDIA DGX-1

AI 研究主要利器

DGX-1 4套: V100 x 32片
V100: 43,000 cores
Total: 1,376,000 cores





NVIDIA

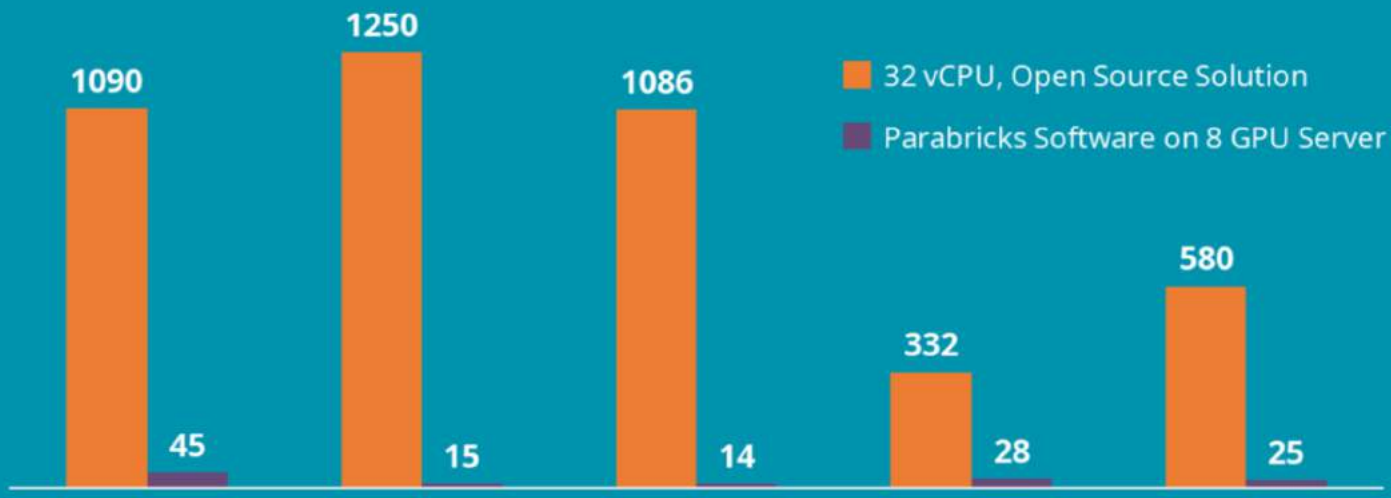
GPU machine: DGX-1 GPU*8



Parabricks

Home Pipelines News Resources About Contact Us

Processing Time in Minutes for 40x Whole Genome



Accuracy

BAM : **100%** Match, VCF : **99.99%** Match

We have enabled Multiple GPU Acceleration!

Currently DeepVariant (v0.7.x) support single GPU

Multiple GPU machine: DGX-1 GPU*8 (no benefit)



Hardware Spec.	Pure CPU cluster	1-GPU Cluster	2-GPU Cluster	4-GPU Cluster
Execution Time	1h 20m 49s	16m 46s	9m 34s	7m 19s




```
Fri Jan 11 22:35:59 2019
+-----------------------------------------------------------------------------+
| NVIDIA-SMI 390.87                 Driver Version: 390.87                    |
|-------------------------------+----------------------+----------------------+
| GPU  Name        Persistence-M| Bus-Id        Disp.A | Volatile Uncorr. ECC |
| Fan  Temp  Perf  Pwr:Usage/Cap|         Memory-Usage | GPU-Util  Compute M. |
|===============================+======================+======================|
|   0  Tesla P100-PCIE...  Off  | 00000000:00:05.0 Off |                    0 |
| N/A   62C    P0   171W / 250W |  16112MiB / 16280MiB |    100%      Default |
+-------------------------------+----------------------+----------------------+
|   1  Tesla P100-PCIE...  Off  | 00000000:00:06.0 Off |                    0 |
| N/A   65C    P0   166W / 250W |  15624MiB / 16280MiB |    100%      Default |
+-------------------------------+----------------------+----------------------+
|   2  Tesla P100-PCIE...  Off  | 00000000:00:07.0 Off |                    0 |
| N/A   63C    P0   163W / 250W |  15624MiB / 16280MiB |    100%      Default |
+-------------------------------+----------------------+----------------------+
|   3  Tesla P100-PCIE...  Off  | 00000000:00:08.0 Off |                    0 |
| N/A   60C    P0   157W / 250W |  16070MiB / 16280MiB |    100%      Default |
+-------------------------------+----------------------+----------------------+

+-----------------------------------------------------------------------------+
| Processes:                                                       GPU Memory |
|  GPU       PID   Type   Process name                             Usage      |
|=============================================================================|
|    0     19863      C   /usr/bin/python                             4227MiB |
|    0     19868      C   /usr/bin/python                             4227MiB |
|    0     19880      C   /usr/bin/python                             4225MiB |
|    0     22558      C   /usr/bin/python                             3421MiB |
|    1     19876      C   /usr/bin/python                             4225MiB |
|    1     20093      C   /usr/bin/python                             4225MiB |
|    1     20094      C   /usr/bin/python                             4225MiB |
|    1     21556      C   /usr/bin/python                             2937MiB |
|    2     19864      C   /usr/bin/python                             4225MiB |
|    2     19874      C   /usr/bin/python                             4225MiB |
|    2     20095      C   /usr/bin/python                             4225MiB |
|    2     21555      C   /usr/bin/python                             2937MiB |
|    3     19879      C   /usr/bin/python                             4227MiB |
|    3     21986      C   /usr/bin/python                             3513MiB |
|    3     22495      C   /usr/bin/python                             4225MiB |
|    3     22686      C   /usr/bin/python                             4093MiB |
+-----------------------------------------------------------------------------+
```

GPU 1 — 4 jobs

GPU 2 — 4 jobs

GPU 3 — 4 jobs

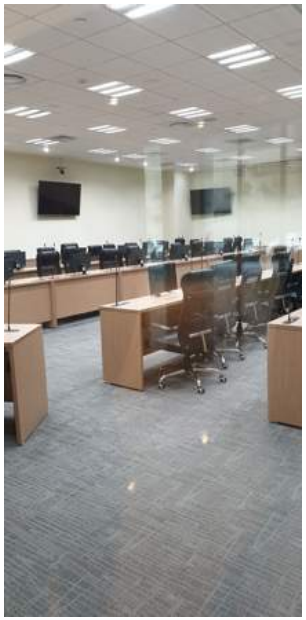
GPU 4 — 4 jobs

⋮

GPU N

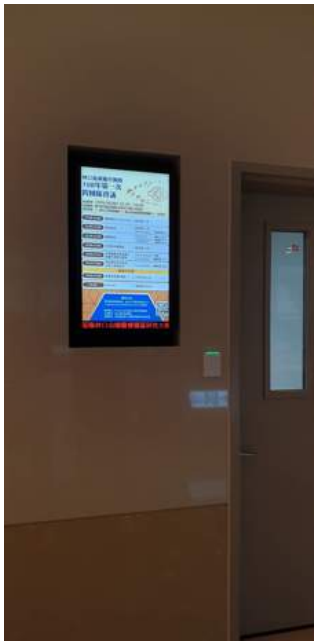
永慶尖端醫療園區 (~搬家~)













AI application 2

Deep-Signature



Michael Stratton



Steve Rozen



Gad Getz



Ludmil Alexandrov

The Repertoire of Mutational Signatures in Human Cancer

Posted May 15, 2018.

Download PDF

Ludmil B Alexandrov, Jaegil Kim, Nicholas J Haradhvala, Mi Ni Huang, Alvin WT Ng, Arnoud Boot, Kyle R Covington, Dmitry A Gordenin, Erik Bergstrom, Nuria Lopez-Bigas, Leszek J Klimczak, John R McPherson, Sandro Morganella, Radhakrishnan Sabarinathan, David A Wheeler, Ville Mustonen, Gad Getz, Steven G Rozen, Michael R Stratton,
on behalf of the PCAWG Mutational Signatures Working Group and the ICGC/TCGA Pan-Cancer Analysis of Whole Genomes Network

doi: https://doi.org/10.1101/322859

Tweet 0

This article is a preprint and has not been peer-reviewed [what does this mean?].

Abstract | Full Text | Info/History | Metrics | Preview PDF

ABSTRACT

Somatic mutations in cancer genomes are caused by multiple mutational processes each of which generates a characteristic mutational signature. Using 84,729,690 somatic mutations from 4,645 whole cancer genome and 19,184 exome sequences encompassing most cancer types we characterised 49 single base substitution, 11 doublet base substitution, four clustered base substitution, and 17 small insertion and deletion mutational signatures. The substantial dataset size compared to previous analyses enabled discovery of new signatures, separation of overlapping signatures and decomposition of signatures into components that may represent associated, but distinct, DNA damage, repair and/or replication mechanisms. Estimation of the contribution of each signature to the mutational catalogues of individual cancer genomes revealed associations with exogenous and endogenous exposures and defective DNA maintenance processes. However, many signatures are of unknown cause. This analysis provides a comprehensive perspective on the repertoire of mutational processes contributing to the development of human cancer.

Subject Area

Cancer Biology

Subject Areas

All Articles

Animal Behavior
Biochemistry
Bioengineering
Bioinformatics
Biophysics
Cancer Biology
Cell Biology
Clinical Trials
Developmental B
Ecology
Epidemiology

The repertoire of mutational signatures in human cancer

4,645 Genomes

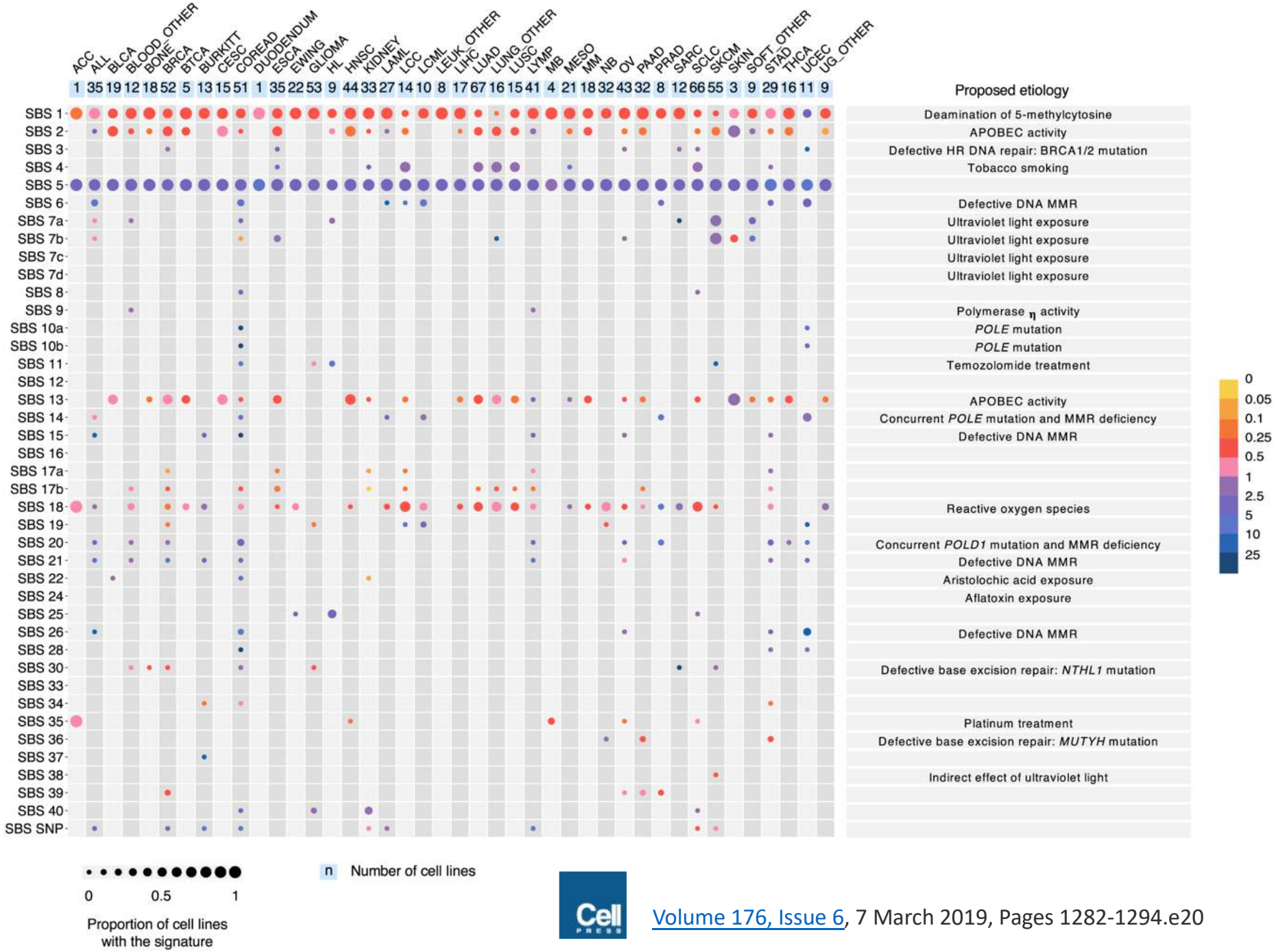
19,184 Exomes



Mutational Signatures

- 49 SBS: Single base substitution
- 11 DBS: Double base substitution
- 4 CBS: Clustered base substitution
- 17 IDS: Insertion and deletion

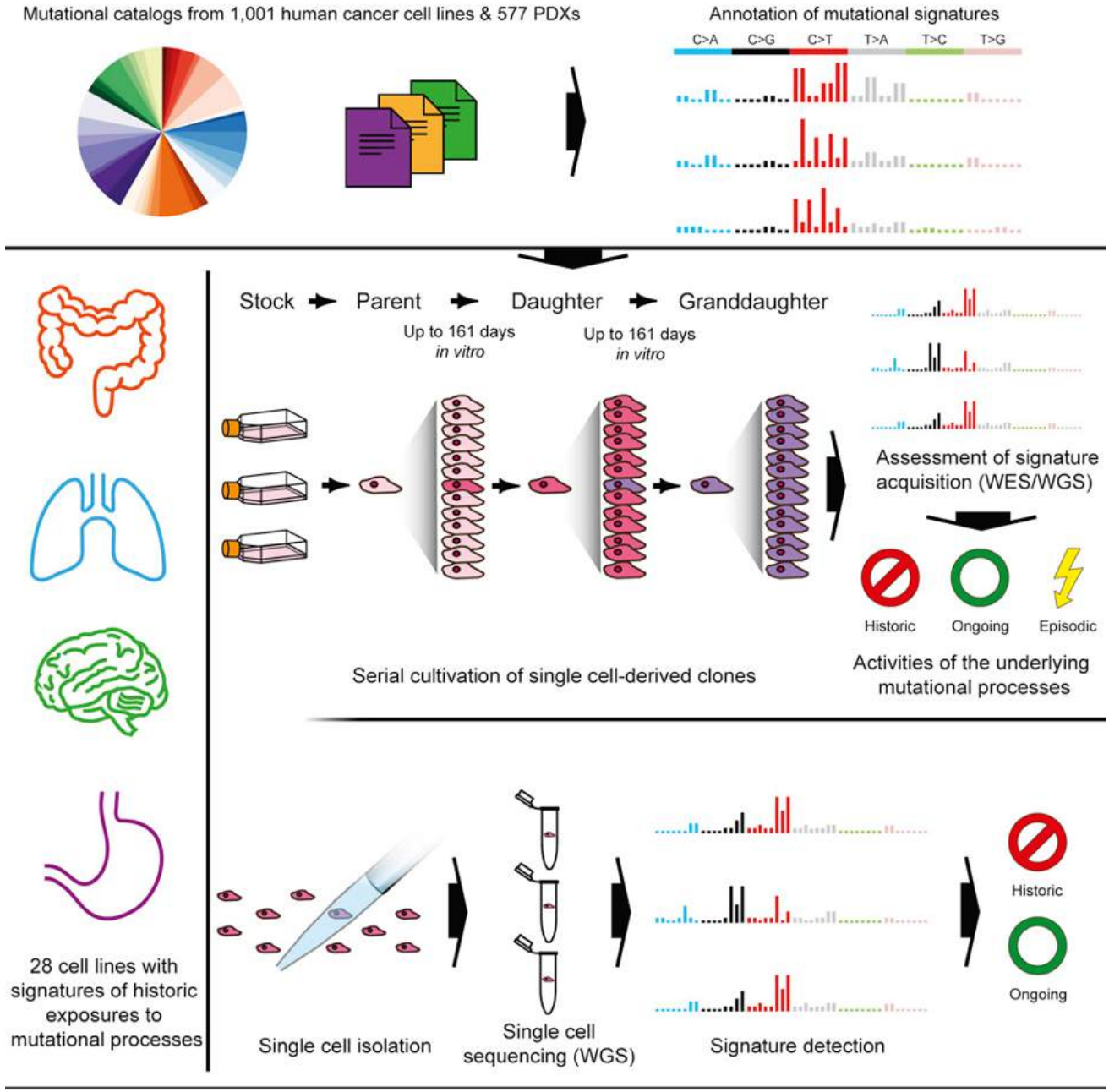
Mutational Signatures in 1,001 Human Cancer Cell Lines and 577 PDX models



Volume 176, Issue 6, 7 March 2019, Pages 1282-1294.e20

Characterizing Mutational Signatures in Human Cancer Cell Lines Reveals Episodic APOBEC Mutagenesis

Volume 176, Issue 6, 7 March 2019, Pages 1282-1294.e20



Research Article
Cancer

2018

JOURNAL OF HEPATOLOGY

Mutational landscape of a chemically-induced mouse model of liver cancer

Frances Connor[1,†], Tim F. Rayner[1,†], Sarah J. Aitken[1,2,‡], Christine Feig[1,‡], Margus Lukk[1,‡], Javier Santoyo-Lopez[3], Duncan T. Odom[1,*]

[1]Cancer Research UK Cambridge Institute, University of Cambridge, Robinson Way, Cambridge CB2 0RE, UK; [2]Department of Histopathology, Cambridge University Hospitals NHS Foundation Trust, Hills Road, Cambridge CB2 0QQ, UK; [3]Edinburgh Genomics (a joint facility), The Roslin Institute, The University of Edinburgh, Easter Bush, Midlothian EH25 9RG, UK

GENOME RESEARCH

2017

Genome-scale mutational signatures of aflatoxin in cells, mice, and human tumors

Mi Ni Huang[1,2,9], Willie Yu[1,2,9], Wei Wei Teoh[3], Maude Ardin[4], Apinya Jusakul[1,5], Alvin Wei Tian Ng[2,6], Arnoud Boot[1,2], Behnoush Abedi-Ardekani[7], Stephanie Villar[4], Swe Swe Myint[5], Rashidah Othman[3], Song Ling Poon[1,5], Adriana Heguy[8], Magali Olivier[4], Monica Hollstein[4], Patrick Tan[1], Bin Tean Teh[1,5], Kanaga Sabapathy[1,3], Jiri Zavadil[4] and Steven G. Rozen[1,2]

GENOME RESEARCH

2014

C. elegans whole genome sequencing reveals mutational signatures related to carcinogens and DNA repair deficiency

Bettina Meier[1], Susanna L Cooke[2], Joerg Weiss[1], Aymeric P Bailly[1], Ludmil B Alexandrov[2], John Marshall[2], Keiran Raine[2], Mark Maddison[2], Elizabeth Anderson[2], Michael R Stratton[2], Anton Gartner[1,3] and Peter J Campbell[2]

Author Affiliations

[1] University of
[2] Wellcome Tru

wellcome sanger institute

DukeNUS Medical School

GENOME RESEARCH

2018

Mutational signatures of DNA mis repair deficiency in *C. elegans* and human cancers

Bettina Meier[1,7], Nadezda V. Volkova[2,7], Ye Hong[1], Pieta Schofield[1,3], Peter J. Campbell[4,5,6], Moritz Gerstung[2] and Anton Gartner[1]



Steve Rozen



Ludmil Alexandrov

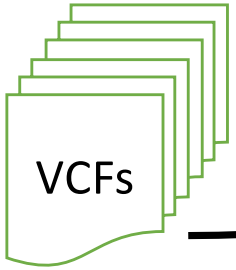


Michael Stratton



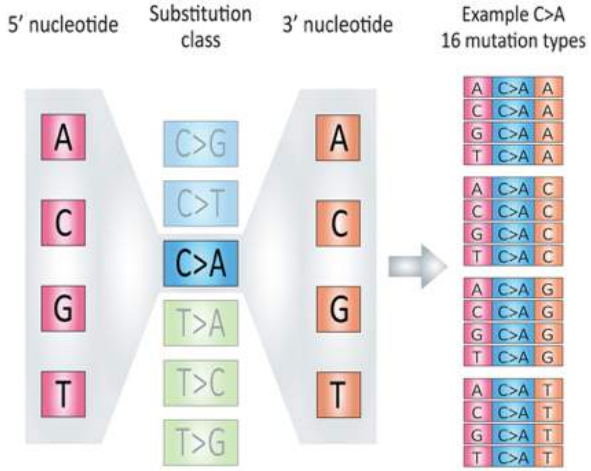
Peter Campbell
Head of Cancer, Ageing and Somatic Mutation, and Senior Group Leader

VCFs to M_{ij}



C. elegans
Mouse
Fly
Bee
Trichomonas vaginalis
(~20 sequenced organisms)

M_{ij} : **Mutation count matrix of 96 trinucleotides (motifs)**



4 * 6 * 4 = 96

j: sample

i: motif

	S_01	S_04	S_06	S_09	S_10	S_11	S_13	S_14	S_15	S_16	S_18	S_19	S_21	S_22
A[C>A]A	8	1	4	9	0	5	6	3	4	7	1	4	4	5
A[C>A]C	1	2	2	2	4	1	0	2	1	7	0	1	1	4
A[C>A]G	0	2	0	0	1	1	2	2	0	3	0	1	1	0
A[C>A]T	1	1	2	0	1	3	3	1	1	1	0	4	3	2
C[C>A]A	6	1	1	2	5	6	2	7	0	9	1	3	4	4
C[C>A]C	3	3	3	1	3	3	1	2	2	4	1	2	4	3
C[C>A]G	1	3	1	4	3	2	0	2	2	8	1	1	0	0
C[C>A]T	2	6	6	2	2	1	2	2	0	5	0	1	2	4
G[C>A]A	10	7	7	11	18	2	9	7	2	8	2	3	5	5
G[C>A]C	0	2	2	2	7	1	1	7	2	4	0	0	4	2
G[C>A]G	4	2	1	0	10	4	2	1	1	6	0	0	3	2
G[C>A]T	4	2	2	5	18	2	1	4	0	8	0	5	3	6
T[C>A]A	17	0	5	7	5	4	8	3	0	41	0	6	4	6
T[C>A]C	11	1	3	5	2	2	8	4	0	37	0	3	4	6
T[C>A]G	2	2	1	1	1	1	2	2	0	19	0	3	1	1
T[C>A]T	12	4	2	8	8	3	8	3	1	33	0	5	7	2
A[C>G]A	4	1	4	0	2	1	6	5	0	5	0	3	2	2
A[C>G]C	3	1	1	0	4	1	1	6	2	3	0	0	1	1
A[C>G]G	0	2	0	0	1	0	1	0	0	3	0	0	0	0
A[C>G]T	4	2	0	3	0	1	3	0	1	7	0	0	4	3
C[C>G]A	7	2	5	2	0	1	1	2	0	10	0	1	2	4
C[C>G]C	0	1	0	1	0	1	3	2	1	6	0	1	0	1

Non-negative matrix factorization (NMF)

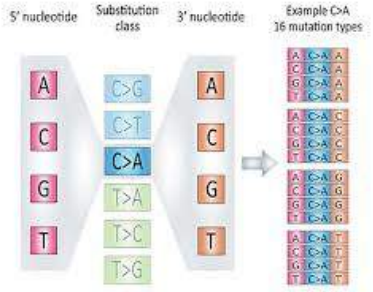
i: motif (ex. A[C>A]A)
j: sample
k: *k*th signature

$$M_{ij} = \sum_{k=1}^{r} W_{ik} H_{kj} + \varepsilon_{ij}$$

W: composition of a signature
H: contribution of each signature to a particular sample j
r: number of signatures

M_{ij}

	Sample01	Sample02	Sample03	Sample04	..	Sample N
A[C>A]A	8	1	4	9		
A[C>A]C	1	2	2	2		
A[C>A]G	0	2	0	0		
A[C>A]T	1	1	2	0		
C[C>A]A	6	1	1	2		
C[C>A]C	3	3	3	1		
C[C>A]G	1	3	1	4		
C[C>A]T	2	6	6	2		
G[C>A]A	10	7	7	11		
G[C>A]C	0	2	2	2		
G[C>A]G	4	2	1	0		
G[C>A]T	4	2	2	5		



4 * 6 * 4 = 96 possible motifs

=

W_{ik}

	SignatureA	SignatureB	SignatureC	SignatureD
A[C>A]A	3.249479e-02	3.503686e-03	0.008037484	0.0229407750
A[C>A]C	4.035044e-03	2.020597e-03	0.007723346	0.0063505108
A[C>A]G	8.234375e-03	6.756928e-04	0.004091822	0.0026345930
A[C>A]T	1.674006e-02	2.096341e-04	0.004344802	0.0063222097
C[C>A]A	0.000000e+00	2.684686e-03	0.005048376	0.0228333080
C[C>A]C	6.446185e-03	5.908851e-04	0.008907210	0.0107377040
C[C>A]G	0.000000e+00	1.425114e-03	0.004100198	0.0102339650
C[C>A]T	2.168341e-02	1.422013e-03	0.004306194	0.0160521860
G[C>A]A	3.373368e-09	2.959277e-03	0.006115318	0.0387491400
G[C>A]C	1.123672e-02	5.657528e-04	0.006393033	0.0113647080
G[C>A]G	1.196163e-25	2.284688e-03	0.004989549	0.0077296080
G[C>A]T	1.795580e-02	1.602704e-03	0.004540974	0.0230448860
T[C>A]A	2.588315e-02	1.792287e-02	0.004489218	0.0187690370
T[C>A]C	2.541957e-02	1.239242e-02	0.005014753	0.0131803780
T[C>A]G	0.000000e+00	5.830468e-03	0.002189514	0.0061883930
T[C>A]T	1.829565e-02	1.139105e-02	0.006483608	0.0311363060
A[C>G]A	6.548117e-03	2.930061e-03	0.006755131	0.0051888540
A[C>G]C	0.000000e+00	7.656575e-04	0.005283677	0.0044727780
A[C>G]G	0.000000e+00	4.835939e-04	0.003224087	0.0019122467
A[C>G]T	1.614254e-02	2.344688e-03	0.007354372	0.0044570174
C[C>G]A	0.000000e+00	2.970879e-03	0.006527352	0.0010698504
C[C>G]C	1.901355e-17	1.266100e-03	0.009031444	0.0016185363
C[C>G]G	0.000000e+00	1.253844e-03	0.007001213	0.0066030594

X

H_{kj}

	Sample_01	Sample_04	Sample_06	Sample_09	Sample_10
Signature.A	6.687693e-24	4.738640e-40	6.696851	15.41487	2.954238
Signature.B	9.047959e+02	6.919253e+00	38.994140	95.17419	9.687942
Signature.C	6.226840e+01	1.664556e+02	98.471340	109.71647	49.469116
Signature.D	9.525633e+01	1.156605e+02	119.692430	165.10849	221.359040

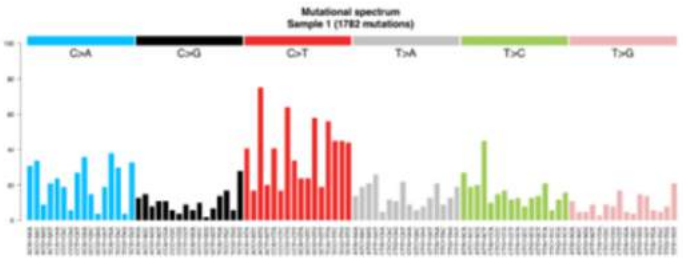
Signature decomposition (Bottleneck)

i: motif (ex. A[C>A]A)
j: sample
k: *k*th signature

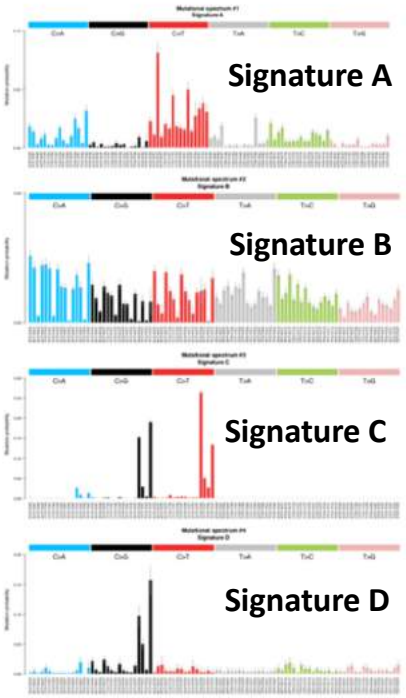
$$M_{ij} = \sum_{k=1}^{r} W_{ik} H_{kj} + \varepsilon_{ij}$$

W: composition of a signature
H: contribution of each signature to a particular sample j
r: number of signatures

M_{ij} = W_{ik} X H_{kj}



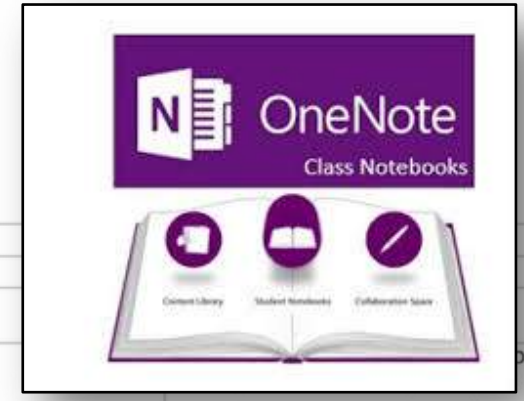
=



X



黃柏榕老師實驗室
歡迎使用
_內容庫
_共同作業空間
吳明峰
實驗紀錄本
講義
進度報告
論文
李宇璿
林后賢
林睿妤
邱弘毅
邱怡樺
邱翎雅
柯竣偉
張瑞桓
楊旻軒
蔡雨娟
鄭元筑





鄧致剛老師共同指導
吳明峰
長庚大學生醫所



		detail
2/26		Total 21 file converted(from source folder),and record in g
2/27		Alternative function for repmat(replicate matrix) : repma Result : extract no work (dimension no match)
3/5	evaluateStability/deconvolute.r compiling Github repository mat2R pubilc --> private	Alternative function for mnrnd(matlab) (from stackoverfl t(sapply(seq(n), function(i){rmultinom(1, c()[i], m[i,])})) ,n must be 1) , c = target matrix ,n according to c ' length ility(total
3/6	evaluateStability.r compiling	Need Alternative function for squareform(pdist(x,'cosine'))
3/7	evaluateStability.r compiling	Need Alternative function for silhouette(t(Wall), idx, processesDist('cosine'))
3/11	evaluateStability.r compiling evaluateStability.r --> can work	Alternative function with squareform(pdist(x,'cosine')) found Alternative function for silhouette(t(Wall), idx, processesDist('cosine')) found solution evaluateStability.r can work but output of idxs is abnomal,most of idxs is 0. --> due to seq(1,1000,10) (O) seq(1,10,1000) (X)
3/19	Parallelization of sigprofiler	Refer mutSignature source (foreach +doParallel)
3/27	eval_single_sample.r & parameterized_objective2_custom.r recompiling	Search for alternative function with fmincon & KLDiv fmincon : pracma ::fmincon KLDiv : KLDiv.r Output of KLDiv 有問題 eval_single_sample.r & parameterized_objective2_custom.r & KLDiv.r finish (?)
4/1	exportExposures.r &exportExposuresPattren.r Complete Search alternative function with fmincon	Use fprintf complete programming of exportExposures.r &exportExposuresPattren.r Fmincon will be error when x0 's length = 1 (eval_single_sample.r)
4/2	Compare fmincon with nloptr::slsqp	nloptr
4/8	Fix the bug of eval_single_sample.r	allSignatures[,exposures>0] --> as.matrix(allSignatures[,exposures>0]) 數值尚未確認
4/9	Fix the bug of eval_single_sample.r	發現造成R /Matlab 數值差異的原因：由於slsqp function在沒有受限的情況下，導致產出的數值和total mutation不一致 -->數值偏差 sqp_res <- slsqp(x0,ObjectiveFunction,lower = lb,upper = ub) Sum(x0) != maxmutaion
4/12	Programming analysisignature.r &fix the bug of deciphersignature.r	
4/15	Extract 2 signature in 1000 sample (5 iteration)	

明峰

Solution (GPU)

PYTORCH

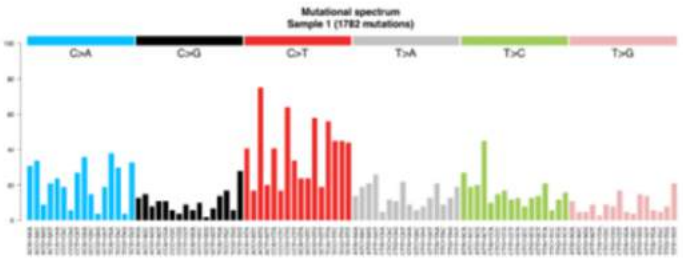
colab



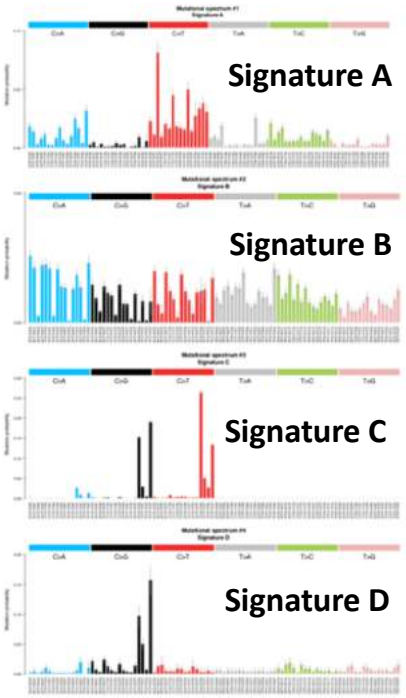
NVIDIA CUDA

Speedup 200X

M_{ij} = W_{ik} X H_{kj}



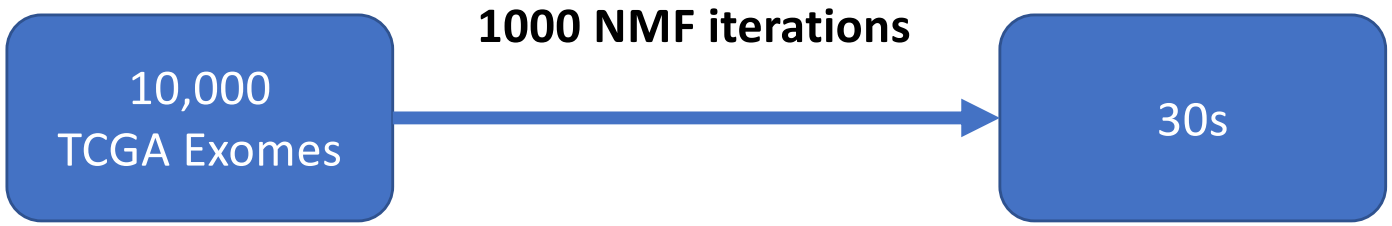
=



X



Benchmarking of NMF decompositions



DRAGEN Bio-IT Platform

DRAGEN



Analyze a whole human genome at 30x coverage from Fastq to VCF in ~20 min

50-80x improvement over using standard software solutions

edico genome

Enabling the Promise of Personalized Medicine

GUINNESS WORLD RECORDS

Rady Children's Institute Genomic Medicine



Secondary Analysis

DRAGEN

Sample Prep | Sequencing | Tertiary Analysis

19.5 Hours

Ultra-Rapid Whole Genome Diagnosis for Critically Ill Newborns in 19.5 Hours

edico genome

Genomics at Scale

GUINNESS WORLD RECORDS

Fastest Analysis of **1,000** Whole Human Genomes

1000WHG **2hr25min**

Children's Hospital of Philadelphia

DRAGEN

aws

edico genome



Ultimate Solution

工人智慧+人工智慧=0元

大一必修程式課

120人

$300美元免費額度/人



$30美元/sample

DeepVariantOnSpark



4hrs/sample

120 * 10 = 1200 samples

4hrs * 10 = 40 hrs




Thank
you