

分類 量子化学計算
 キーワード QCLO、階層並列処理、密度汎関数法
 開発者 上野哲哉、柏木 浩、西川宜孝、佐藤文俊
 作成年月 2004年5月
 コード名 ProteinDF-QCLO
 使用言語 C++

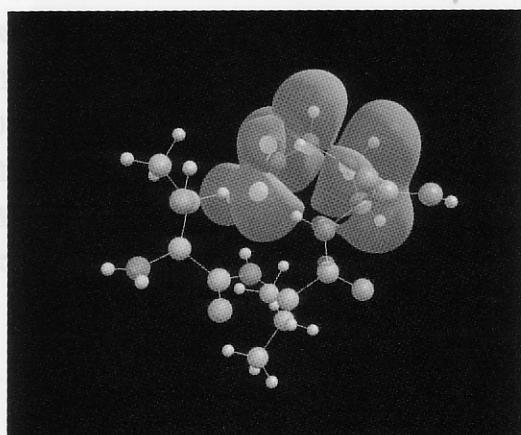
◇擬カノニカル局在化軌道 (QCLO) を用いたタンパク質全電子計算

分子軌道計算では、自己無撞着 (SCF) 法による繰り返し計算によって解を求める。解の収束の良し悪しは初期値に大きく依存する。特にタンパク質のような巨大な系で計算を行うには十分に良い初期値から出発させる必要がある。この良い初期値を作成する方法として、擬カノニカル局在化軌道 (Quasi-Canonical Localized Orbital: QCLO) を用いたタンパク質全電子計算収束過程法を構築した。タンパク質全電子収束過程法では、タンパク質を 1 残基ずつのアミノ酸分子に分けて計算を始め、次にその結果を組み合わせて初期値とし、3 残基の計算を行う。次のステップでは 3 残基の計算結果を組み合わせて初期値を作成し、数残基の計算を行う。これを繰り返して徐々に計算単位 (フレーム分子と呼ぶ) を大きくしていくことで、常に良い初期値を作りながら安全に計算を実行できる。次のステップへ移る際、前のステップの結果を切り貼りして繋げるが、

この際つなぎ目での誤差を少なくするため、

QCLO を利用して切り貼りをする事で誤差を小さくしている。切り貼りに用いる QCLO を計算する単位をフラグメントと呼ぶ。このタンパク質全電子計算収束過程法を効率よく並列処理するため 3 種類の並列処理を実装し、さらにそれらを組み合わせた階層的な並列処理を実装する事により効率を高めたプログラムを開発した。

バイナリ、技術資料、および基本的な計算結果などの資料を公開する。



ペプチド鎖の QCLO の例

◇コードの概要

QCLO を用いたタンパク質全電子収束過程 [1] を並列計算する。タンパク質全電子収束過程では、アミノ酸分子から計算を始めて、最終的には大きな分子の計算を行う。この計算スケールの変化のため、単純な並列処理では高い並列化効率を得ることができない。本プログラムでは 3 種類の並列処理を実装し、収束過程の各ステップで効率の良い方法を用いた。1 つ目はフレーム並行化で、これは各ステップで計算されるフレーム分子を各プロセッサに割り当て、並列処理を行うものである。2 つ目はフラグメント並行化で、これは 1 つのフレーム分子内のフラグメント計算を各プロセッサに割り当てる方法である。3 つ目はフラグメント並列化で、これは 1 つのフラグメントの計算で実行される行列積や対角化の処理を複数のプロセッサで分担して行うものであり、ProteinDF [2] の並列処理機能 [3] を応用了した。また、本プログラムではさらなる効率の向上のために、これらを組み合わせた階層的な並列処理も実装した。階層並列では、従来のマスター・スレーブモデルを拡張した、階層型マスター・スレーブモデルを構築し、処理を行った。

◇計算例

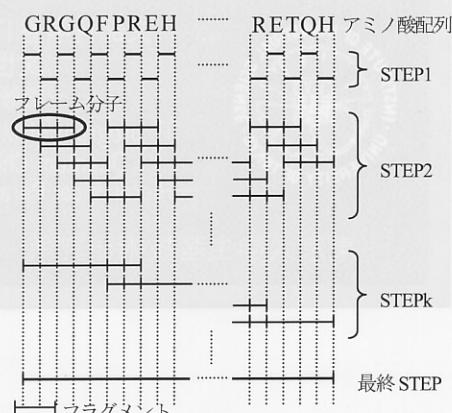
フレーム並行化：28 残基ペプチド鎖の Step1（1 残基、28 フレーム分子）と Step2（3 残基、26 フレーム分子）について、100Base-T で接続されたワークステーション 8 台を用いて並行計算を行った結果、Step1 では 89.7%、Step2 では 99.4% の並列化効率が得られた。

階層並列化：フラグメント並行化とフラグメント並列化を組み合わせた階層並列化で、10,000 軌道のフレーム分子のモデルで並列計算を行った。計算機は同ネットワークのワークステーション 8 台を用いた。4 フラグメント（2,500 軌道のフラグメント 4 つ）の場合、単純な並列処理（フラグメント並列処理）では並列化効率が 77.8% であるのに対し、階層並列処理では 96.7% の効率が得られた。大きさの異なる 3 フラグメント（2,500 軌道のフラグメント 2 つ、5,000 軌道のフラグメント 1 つ）の場合、単純な並列処理では並列化効率が 82.0% であるのに対し、階層並列処理では 91.1% の効率が得られた。

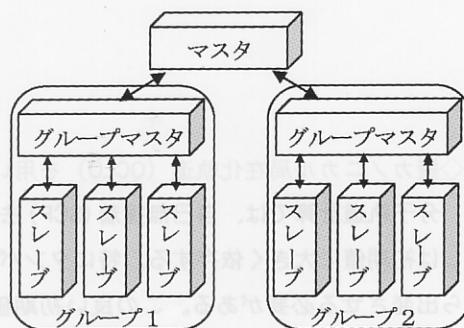
本ソフトウェアは文科省 IT プログラム「戦略的基盤ソフトウェアの開発」プロジェクト (<http://www.fsis.iis.u-tokyo.ac.jp/>) より 2004 年 6 月に公開を予定している。

◇関連論文

- [1] Kashiwagi, H. et al, *Mol. Phys.* **101** (2003) 81-86.
- [2] Sato, F. et al, *Int. J. Quant. Chem.* **63** (1997) 245-256.
- [3] Yoshihiro, T. et al, *Chem. Phys. Lett.*, **346** (2001) 313-321.



タンパク質全電子収束過程



階層型マスター・スレーブモデル