

# フラグメント分子軌道法およびエネルギー 表示法を活用した自由エネルギー計算の GPGPUによる高速化

Acceleration of FMO based MD/ER by GPGPU

**Ryota Koga 古賀 良太**

President of X-Ability Co.,Ltd. (株)クロスアビリティ

共同研究者

古川祐貴(クロスアビリティ)、安田耕二(名古屋大学)

松林伸幸、桜庭俊(京都大学)

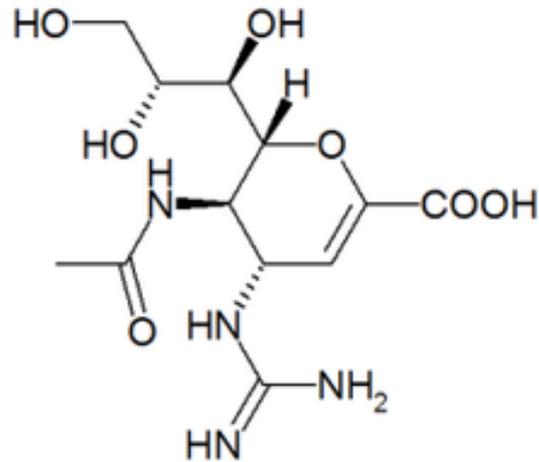
20 Jun 2012

近畿化学協会コンピュータ化学部会@大阪産業創造館

# X-Ability Co.,Ltd. (株)クロスアビリティ

- オフィス5つ(設立:2008年1月15日)
  - 国内: Hongo, Tokyo + The K-comp, Kobe
  - 海外: Thailand, Indonesia, and U.S. branch
- 事業2つ
  - (1) 計算科学(化学分野が主)
    - GPGPU computation**、分子モデリング・メタスケジューラ
    - ・MPIデバッガ・計算用ラップトップの販売、等
  - (2) センサネットワーク

# 計算化学で設計した薬

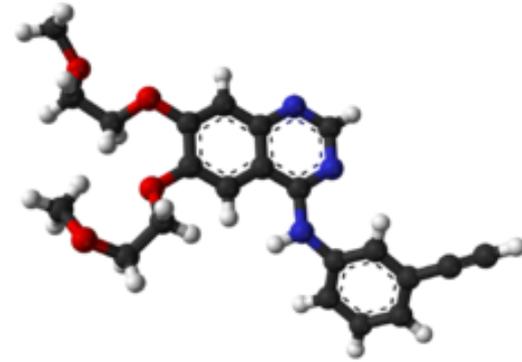


©wikipedia

Zanamivir

trade name **Relenza**

インフルエンザ阻害剤

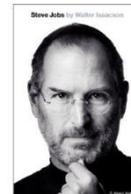


©wikipedia

Erlotinib hydrochloride

(trade name **Tarceva**)

肺がん、膵臓がん



**Steve Jobs might have used  
this to extend his life...**

# 挑戦的テーマ： 量子効果を考慮したタンパクーリガンドの結合自由エネルギー計算のプロセス

- **(a) FMO based MD**

- QM(FMO)電荷のMD

- **(b) MD/ER**

- MDトラジェクトリを使ってER計算

- **(a) + (b) FMO based MD/ER -> Free energy**

- タンパク全体計算は可能だが高精度のリガンドバインディングスキームは挑戦的研究テーマ

本トークは **(a) GPGPU FMO, (b) MD/ER, and (a) + (b) FMO based MD/ER**のためのGUI、と流れます。

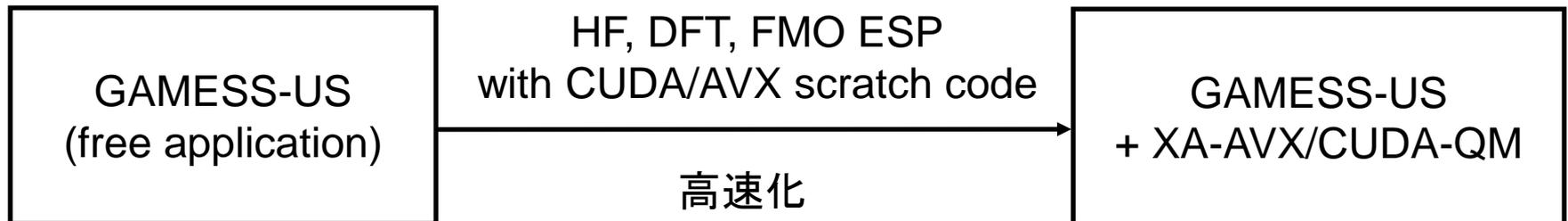
# アブストラクト (a) FMO based MD

- Vectorized PRISM by AVX on Sandybridge CPU
  - HF (Hartree-Fock) : x 3
- DFT by CUDA on NVIDIA GPU
  - J-matrix formation : x 245
  - Exchange correlation : x 4
- ERI J-matrix (Coulomb potential) by CUDA on NVIDIA GPU
  - FMO Environmental Electrostatic Potential : x 8.8-25.0

Benchmark : multicore CPUs



NVIDIA GPU



# CPU[AVX]/GPU[CUDA] ハイブリッド演算

- CPUは必ず必要
  - CPU+GPU architectureが一般的
  - GPUを使わずSIMD並列化に適しているならば、SSE/AVXは良い。
    - AVXは4つの倍精度演算を同時に行う
    - AVXは理論値ではSSEの2倍速い
  - AVXはIntel SandyBridge CPU以降で動作



# AVX : Pros and Cons

## 基本的にベクトルプロセッサ

Pros	Cons
<ul style="list-style-type: none"><li>- SSEの倍速</li><li>- SIMD並列化</li><li>- FPU演算と同じメインメモリの活用</li></ul>	<ul style="list-style-type: none"><li>- 条件分岐 and/or ランダムメモリアクセスには適していない</li><li>- 自動ベクトル化が単純な例では効率的</li></ul>

# 実装計画

## AVX

- AVXのintrinsic関数を陽に使うのを避けるため、C++によるオーバーロード演算子を定義
- 最内部ループの分岐を避けるためのC/C++関数ポインタの利用

## GPU

- GPUアーキテクチャに適したベストチューニングのアルゴリズム
- Fermiコアの共有メモリのL1キャッシュを活用
- 複雑なGPUスレッド制御(同期、キュー)のためのpthreadによるCPUスレッド (pthread)
- CPUスレッド並列のためのOpenMPの利用
- 単精度・倍精度の混合演算

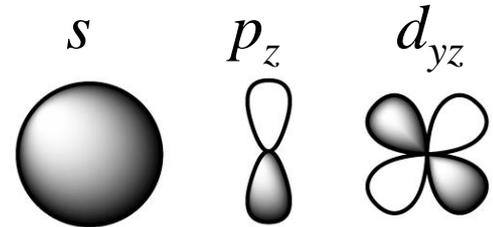
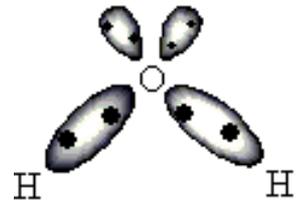
# シュレディンガー方程式

$$H(1\cdots N)\Psi(1\cdots N) = E\Psi(1\cdots N)$$

波動関数を短縮ガウス基底を使って展開する(LCAO近似)

$$\psi_i(r) = \sum_k C_k^{(i)} \chi_k(r)$$

$$s: \chi(r) = \sum_{k=1}^K d_k e^{-\alpha_k(r-A)^2} \quad p_x: \chi(r) = \sum_{k=1}^K d_k (x - A_x) e^{-\alpha_k(r-A)^2}$$



$$F(C)C = SC\varepsilon \quad \text{固有値問題(Self consistent)}$$

# Hartree-Fock SCF (HF-SCF)の手続き

$$F(C)C = SC\varepsilon \quad \text{:SCF} \quad (ab|cd) = \int \frac{\chi_a(r)\chi_b(r)\chi_c(r')\chi_d(r')}{|r-r'|} dr' dr \quad \text{:ERI}$$

$$F_{\mu\nu} = H_{\mu\nu}^{core} + \sum_a \sum_{\lambda\sigma}^{2/N} C_{\lambda a} C_{\sigma a}^* [2(\mu\nu|\sigma\lambda) - (\mu\lambda|\sigma\nu)]$$

$$= H_{\mu\nu}^{core} + \sum_{\lambda\sigma} D_{\lambda\sigma} \left[ (\mu\nu|\sigma\lambda) - \frac{1}{2}(\mu\lambda|\sigma\nu) \right]$$

$$= H_{\mu\nu}^{core} + G_{\mu\nu}$$

**Density Matrix (D)** : Initial guessの後の非線形方程式を解くために毎SCFサイクルでアップデートされる。

**ERIs (ab|cd)** : 1回だけ計算してメモリに置いとけばいいかもしれないが、大量の  $O(N^4)$  メモリを必要とする。よって、ディスクI/Oを減らすためにこれらは毎サイクルで再計算される(Direct SCF)。このステップがボトルネックとなる。

**Density Matrix** × **ERI** = **J-matrix** : クーロンポテンシャル行列

**Density Matrix** × **ERI** = **K-matrix** : HF交換行列。大量のレジスタを必要とするためにGPUでの加速が大変難しい。

# エルミートガウス基底

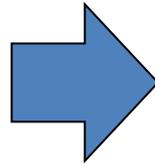
$$|p\rangle = H_t(x - P_x)e^{-\zeta(x - P_x)^2} \times (\text{y factor}) \times (\text{z factor})$$

t-th Hermite polynomial

A Product of two Gaussian functions  $|ab\rangle$  is expanded exactly by Hermite Gaussians  $|p\rangle$ .

(Cartesian) Gaussian

$$J_{ab} = D_{cd}[ab | cd]$$



Hermite Gaussian

$$D_{cd} | cd \rangle = \tilde{D}_q | q \rangle$$

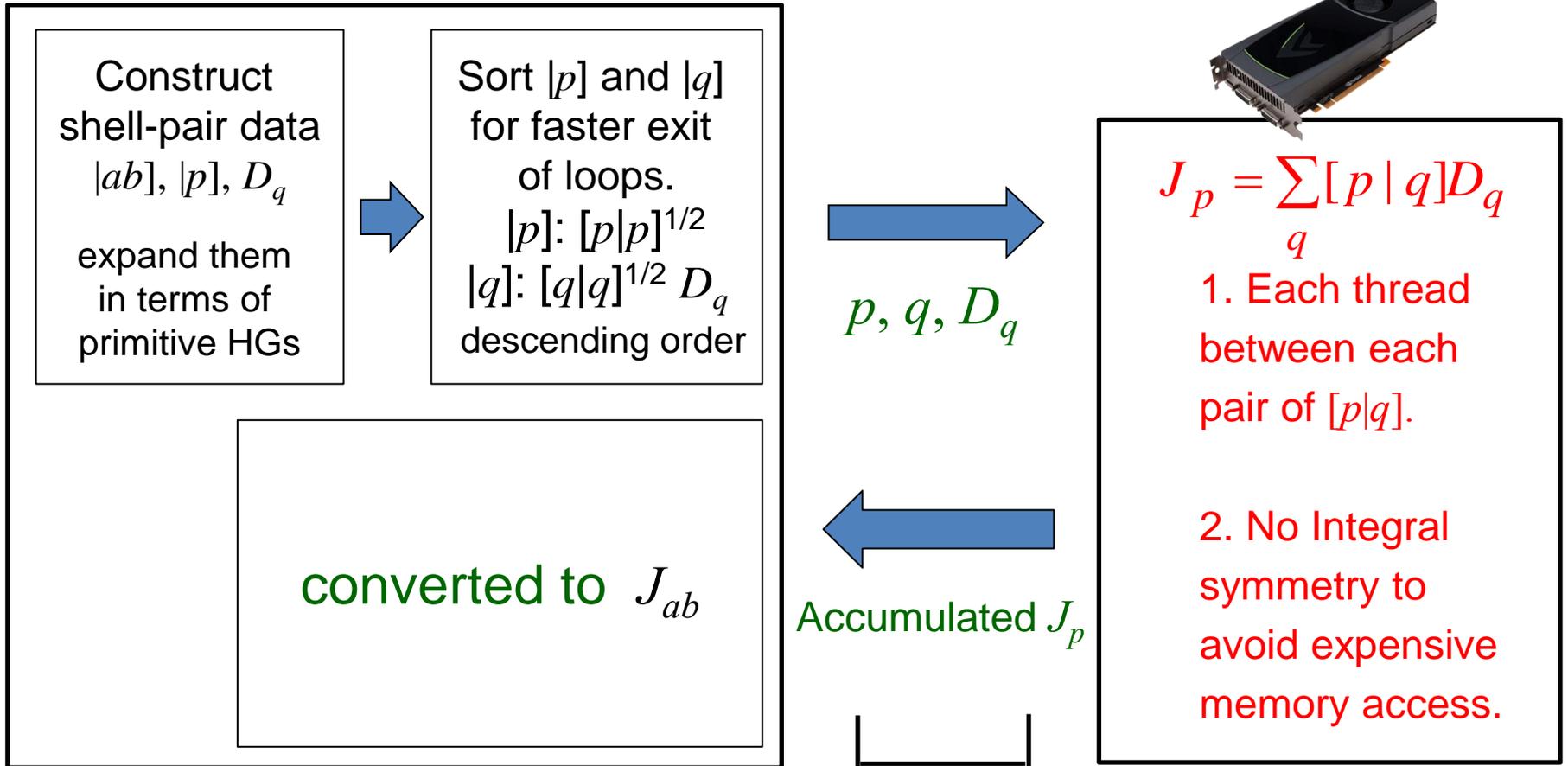
$$\tilde{J}_p = \tilde{D}_q [p | q]$$

$$J_{ab} | ab \rangle = \tilde{J}_p | p \rangle$$

ERI calculation in Hermite Gaussians space is faster than that in the normal Gaussians.

Because of the communication cost we can't get each ERI  $[p|q]$  from GPU.

# J-matrixの手続き (クーロン)



Less than 10% of total cost

# 密度汎関数法(DFT)

Wave function of electron (orbital)

$$[-\nabla^2 / 2 + v_{eff}(r)]\psi_i(r) = \varepsilon_i \psi_i(r)$$

Kinetic  
energy

Coulomb potential from nuclear (**H**core) and  
electron (**J**) + **exchange-correlation potential**

Hartree-Fock :  $F_{\mu\nu} = H_{\mu\nu}^{core} + J_{\mu\nu} + K_{\mu\nu}$

DFT :  $F_{\mu\nu} = H_{\mu\nu}^{core} + J_{\mu\nu} + v_{\mu\nu}$

**Exchange correlation**  $v_{kl} = \int \chi_k(r) \chi_l(r) f(\rho(r), \nabla\rho(r)) dr$

Acceleration of J-matrix + Exchange Correlation  
is necessary.

# 交換相関項の手続き

$$E_{xc} = \sum_i w_i \varepsilon(\rho(r_i), \gamma(r_i)), \quad \gamma(r) = \nabla \rho(r) \cdot \nabla \rho(r)$$

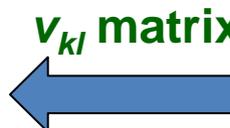
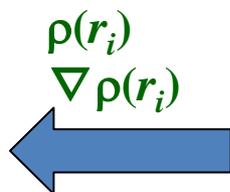
$$\langle \chi_k | v_{xc} | \chi_l \rangle = \sum_i w_i \chi_k(r_i) \left[ \frac{\partial \varepsilon(r_i)}{\partial \rho} \chi_l(r_i) + \frac{2 \partial \varepsilon(r_i)}{\partial \gamma} \nabla \rho(r_i) \cdot \nabla \chi_l(r_i) \right]$$

Quadrature point  $r_i$  and weights  $w_i$  are generated.

$E_{xc}$ , potential on quadrature point  $f_i$ ,  $\mathbf{g}_i$

$$f_i = w_i \frac{\partial \varepsilon(r_i)}{\partial \rho}$$

$$\mathbf{g}_i = 2w_i \frac{\partial \varepsilon(r_i)}{\partial \gamma} \nabla \rho(r_i)$$



Electron density  $\rho(r_i)$ ,  $\nabla \rho(r_i)$  on quadrature points parallelization  

$$\rho(r_i) = \sum_{kl} D_{kl} \chi_k(r_i) \chi_l(r_i)$$

$V_{xc}$  matrix:

$$v_{kl} = \sum_i [f_i \chi_k(r_i) + \mathbf{g}_i \cdot \nabla \chi_k(r_i)] \chi_l(r_i)$$

# DFTの加速 [GPU]

Model, Basis set	Time [sec]	Total energy [a.u]
Paclitaxel(C <sub>47</sub> H <sub>51</sub> NO <sub>14</sub> ), 3-21G		
GAMESS	929.407	-2912.2041896614
This work	305.709	-2912.2041830108
Paclitaxel(C <sub>47</sub> H <sub>51</sub> NO <sub>14</sub> ), 6-31G		
GAMESS	1296.509	-2927.4589680121
This work	370.807	-2927.4589838167
Valinomycin(C <sub>54</sub> H <sub>90</sub> N <sub>6</sub> O <sub>18</sub> ), 3-21G		
GAMESS	2186.225	-3772.6098820622
This work	651.099	-3772.6098692643
Valinomycin(C <sub>54</sub> H <sub>90</sub> N <sub>6</sub> O <sub>18</sub> ), 6-31G		
GAMESS	3010.225	-3792.2248655337
this work	800.743	-3792.2248881864

# DFT計算の詳細 [GPU]

Valinomycin, BLYP/3-21G unit:sec

	GAMESS	This work	speedup
HF Fock Matrix formation	248.927	76.241	x 3.27
DFT J matrix formation	619.465	2.529	x 244.94(※)
DFT exchange correlatin matrix formation	972.364	218.387	x 4.45
total	2186.225	651.099	x 3.36

※カーテシアンガウス基底で陽に計算されるため、オリジナルのGAMESS J-matrixがとても遅い

# PRISMの実装 (1) [AVX]

- PRISM Algorithm

- ✓ ERIを評価する最速アルゴリズムの1つ One of the fastest algorithms to evaluate ERIs.

- ✓ Gaussianが採用している

- ✓ “パス”に従い漸化式を使ったERIにBoys 関数  $[0]^{(m)} \propto \int u^m \exp(-Tu) du$  を変換する。異なった短縮長や軌道角運動量の最適経路を選択する。

# PRISMの実装 (2) [AVX]

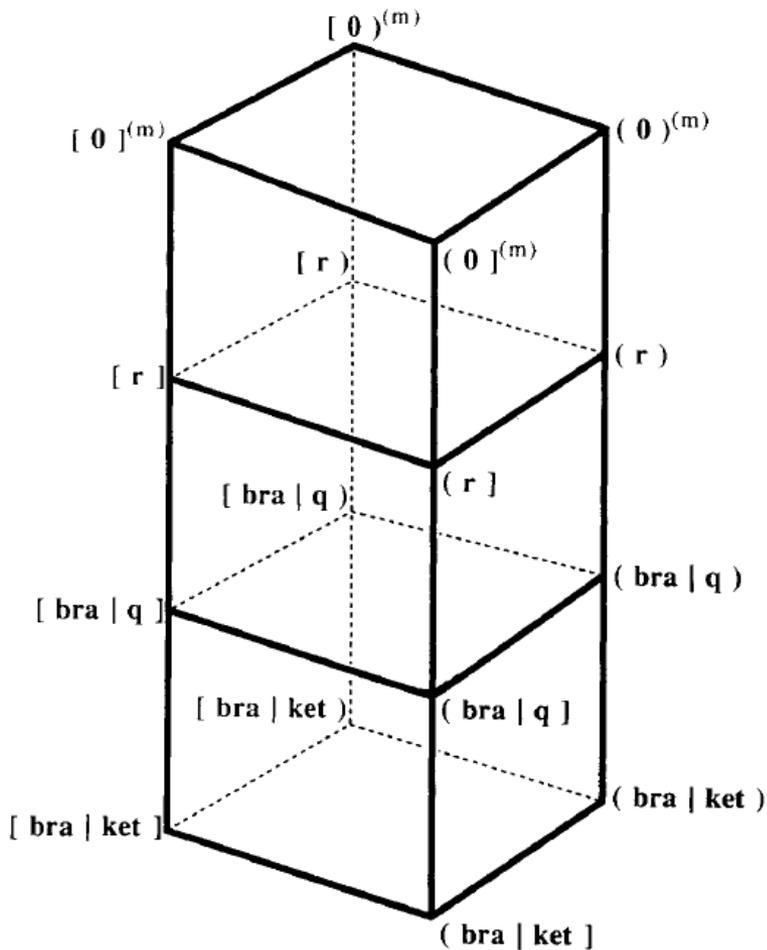


Figure 2. The general PRISM from  $[0]^{(m)}$  to  $(\text{bra} | \text{ket})$ .

Gill and Pople(1991)

全ての漸化式

$$(\text{Integral A}) = a * (\text{Integral B}) + b * (\text{Integral C})$$

同じ漸化式が同一シェル型(軌道角運動量、bra/ketの短縮長)の中間積分に適用される。SIMD並列化に向いている。

# PRISMの実装 (3) [AVX]

```
class double4                                # operator overload
{
public:
    double4& operator=(double d){
        m_d = _mm256_set1_pd(d);
        return *this;
    }
    double4 operator+(const double4& dd){
        return double4(_mm256_add_pd( m_d, dd.m_d ) );
    }
    // ... define other operators
    __m256d m_d;
}
```

# 弊社(XA)とGaussian社によるPRISMの違い

	Gaussian	X-Ability
What is it	それぞれのシェル4つ組をbra/ket短縮シェルの型と数によって、漸化式を動的に生成する。	全てのPRISMの“パス”のソースコードを生成し、それぞれの計算対象に対して動的に適切な関数ポイントを設定する
Pros	昔ながらのベクトルプロセッサに合うように漸化式を使うことで、シェル4つ組を同時にループで処理することができる	8つのシェル4つ組が同時に処理され、 <b>結果的にキャッシュミス可以避免</b> ことができる
Cons	キャッシュミスが生じるのでスカラプロセッサ向きではない。コンパイラはプログラムを効率的に最適化できない。	コードは数万行になり、バイナリは300-400MBの容量がある

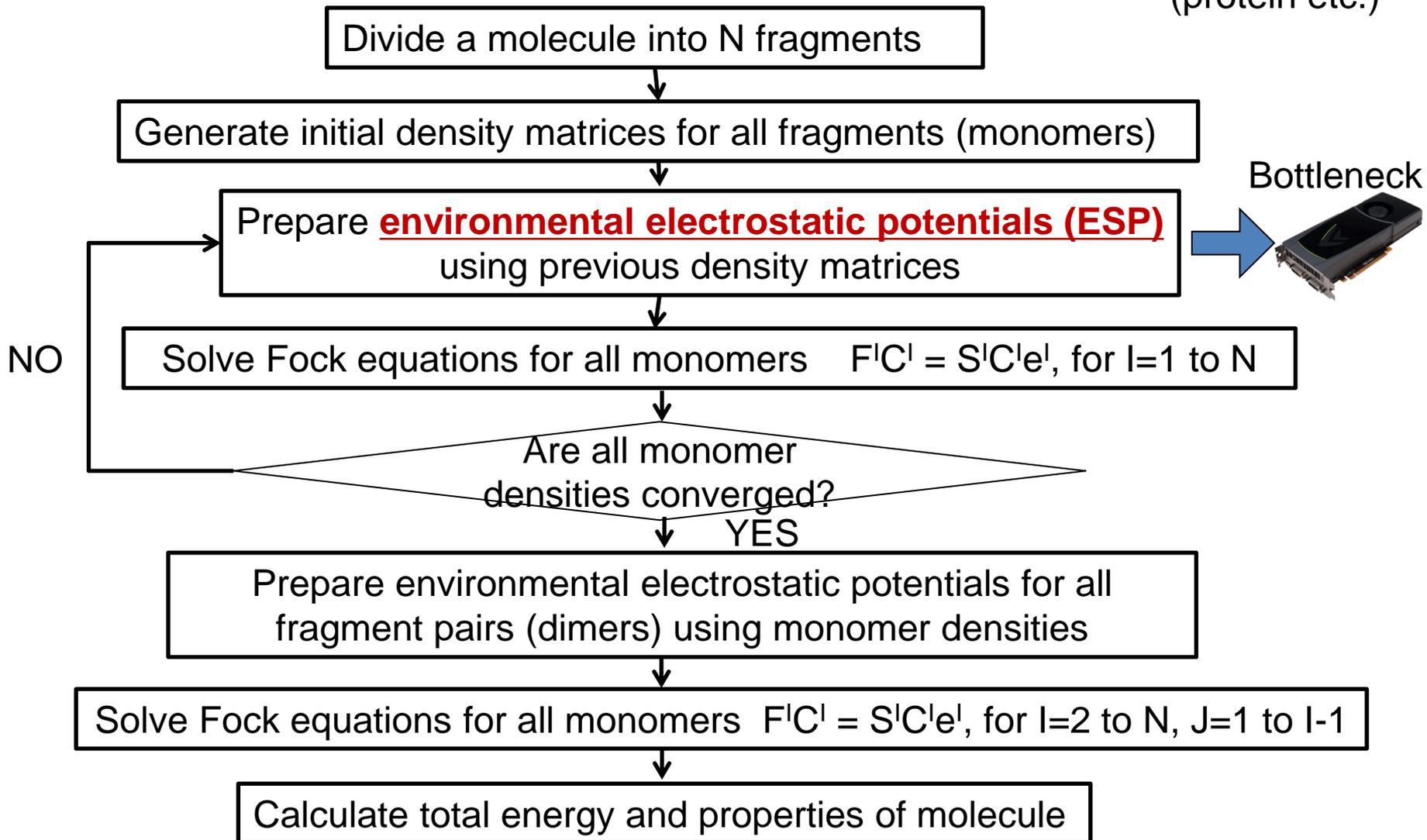
# Hartree-Fockの計算結果 [AVX]

	Time [sec]	Total energy [a.u]
Paclitaxel, 3-21G		
GAMESS	184.048 	-2895.7814570171
This work	78.271 	-2895.7814570169
Paclitaxel, 6-31G		
GAMESS	324.386 	-2910.6633340322
This work	153.632 	-2910.6633340179
Valinomycin, 3-21G		
GAMESS	476.829 	-3750.9205018138
This work	155.481 	-3750.9205017267
Valinomycin, 6-31G		
GAMESS	752.839 	-3770.0595984968
this work	323.098 	-3770.0595984236

$10^{-7}$ hartree is enough accuracy. **We replaced GAMESS ERI with XA PRISM.**

# FMO(Fragment MO)の手順

Ab initio for  
large Insulators  
(protein etc.)



# 環境静電ポテンシャルの高速化(ESP)

フラグメントA      フラグメントB

$$J_{ab} = \sum_{cd} \left( \begin{array}{c|c} ab & cd \end{array} \right) D_{cd}$$

- ERI J-matrixを活用

cd: basis on 隣接フラグメント

- タンパクをアミノ酸毎の小さい単位に分解

Conventional SCF (ERIはディスク保存) は普通のアミノ酸サイズで有効 (# of basis < 180).

**FMOでERIはボトルネックではない**

**環境静電ポテンシャルが支配的**

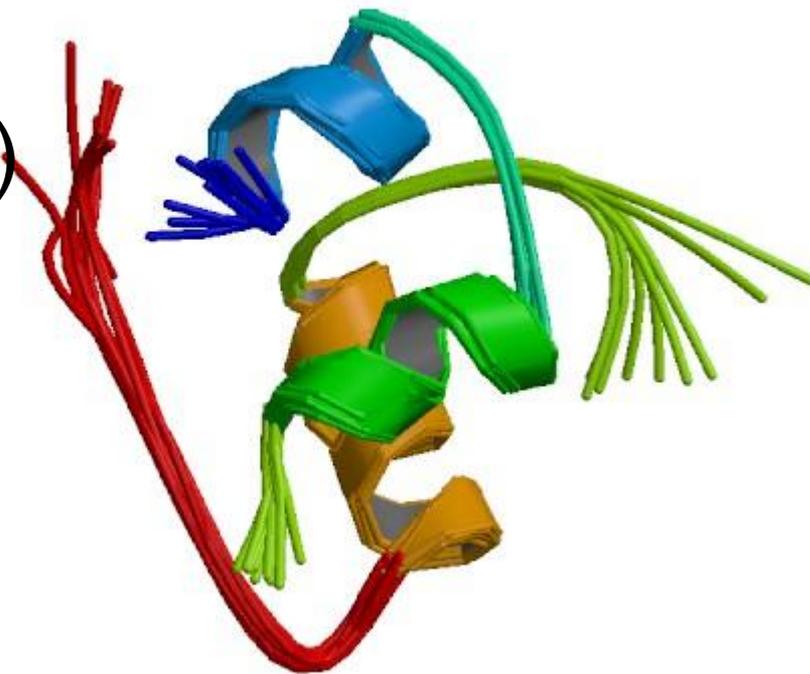
- J-matrix 加速プログラムの活用 by



# テストモデル

インスリン (PDBID:2HIU)

**Small Protein**  
**44 amino acids**



# システム条件

- (1) Intel Core i7-3930K @3.2GHz (6 core) ,  
GTX580 x 2, 32GB, CUDA 4.0
  - (2) Intel Core i7-3930K @3.2GHz (6 core),  
GTX580 x 4, 32GB, CUDA 4.0
  - (3) Intel Core i7-3930K @3.2GHz (6 core) ,  
GTX680 x 2, 32GB, CUDA 4.0
- + Intel Composer XE 12.0 + MKL 10.3

# インスリンの全体エネルギー計算

	Time [sec]	Total Energy [a.u.]
<b>Original GAMESS</b>	3279.944	-21635.4488652520
<b>Our GPGPU work</b>	790.527	-21635.4488649211

- (1) Intel Core i7-3930K @3.2GHz (6 core) , GTX580 x 2, 32GB, CUDA 4.0  
(2) Intel Core i7-3930K @3.2GHz (6 core), GTX580 x 4, 32GB, CUDA 4.0  
(1) + (2)

- 44フラグメントの全体エネルギーのエラーは小さい
- 各アミノ酸のエネルギーはほぼ一致している

# FMO2-ESP and HF-SCF 全体計算

	GAMESS	This work	speedup
ESP part(GPU)	2571.490	170.897	x 15.0
HF-SCF part(host)	708.454	619.630	x 1.14
Total	3279.944	790.527	x 4.15

- (1) Intel Core i7-3930K @3.2GHz (6 core) , GTX580 x 2, 32GB, CUDA 4.0  
(2) Intel Core i7-3930K @3.2GHz (6 core), GTX580 x 4, 32GB, CUDA 4.0  
(1) + (2)

ESPの加速率は全体加速率よりダイブ良い  
HF-SCFはオンメモリ計算 (GPUによるDirect SCFより速い)

# アーキテクチャの比較(FMO2 HF-SCF)

	Time [sec]	Total Energy [a.u.]
Original GAMESS	7026.264	-21635.4488652592
Our work [GTX580 x 2](1)	1670.931	-21635.4488649623
Our work [GTX680 x 2](3)	1708.522	-21635.4488649862

(1) Intel Core i7-3930K @3.2GHz (6 core) , GTX580 x 2, 32GB, CUDA 4.0

(3) Intel Core i7-3930K @3.2GHz (6 core) , GTX680 x 2, 32GB, CUDA 4.0

# FMO2 HF-SCF 6-31G\* (d-orbital)

	ESP [sec]	Total time [sec]	Total energy [a.u.]
Original	19915.745	25360.740	-21643.9995562825
Our GPGPU work	1138.558	5730.080	-21643.9995557664
speedup	x 17.5	x 4.4	

(3) Intel Core i7-3930K @3.2GHz (6 core) , GTX680 x 2, 32GB, CUDA 4.0

# FMO2 HF-Gradient 6-31G

	ESP [sec]	Total time [sec]	Total energy [a.u.]
Original	13234.570	20222.516	-21635.4478224023
Our GPGPU work	1497.256	7917.169	-21635.4478217928
speedup	x 8.8	x 2.5	

(3) Intel Core i7-3930K @3.2GHz (6 core) , GTX680 x 2, 32GB, CUDA 4.0

# FMO3 HF-SCF 6-31G

	ESP [sec]	Total time [sec]	Total energy [a.u.]
Original	53898.693	72271.047	-21635.6075667898
Our GPGPU work	2589.916	19302.927	-21635.6075665173
speedup	x 20.8	x 3.7	

(3) Intel Core i7-3930K @3.2GHz (6 core) , GTX680 x 2, 32GB, CUDA 4.0

FMO3は多体効果を考慮できる

# FMO3 HF-SCF 6-31G\*

	ESP [sec]	Total time [sec]	Total energy [a.u.]
Original	201450.867	329469.507	-21644.1937717434
Our GPGPU work	8055.506	84456.268	-21644.1937714115
speedup	x 25.0	x 3.9	

(3) Intel Core i7-3930K @3.2GHz (6 core) , GTX680 x 2, 32GB, CUDA 4.0

# パフォーマンス・サマリー Results & Discussion

	AVX	GPU
Summary of performance results	Hartree-Fock x 3 by Vectorized PRISM	DFT J-matrix formation: x 245 Exchange correlations: x 4 FMO ESP : x 8.8-20.8
Discussion	予想がたたない実装コスト	レジスタ不足で単純並列化は難しい 短縮ガウス基底を使ったホストとGPUの間の転送コストが低い

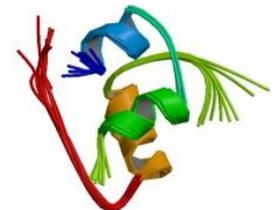
**GPGPU is better regarding price performance ratio.**

# GPGPU FMOのまとめ

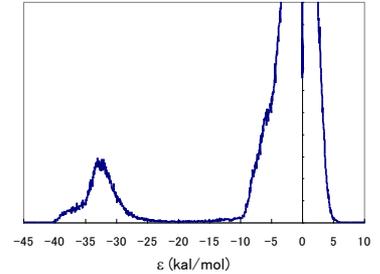
- GTX680(kepler) はGTX580より少々遅いが、、、
  - レジスタ不足がボトルネックなので、十分なCUDAコアを生かしてない可能性
  - GTX580 -> GTX680 clock x 2/3, core x 3, FLOPS x 2
    - 同時に動かせるブロックが少なく、メモリレイテンシを隠ぺいできていない。コア数が過剰になっている。
  - 倍精度が遅い(演算あたりクロック数は上がった)
  - ※CUDA 5.0 でないとkeplerのポテンシャルは引き出せない(が、現状CUDA 5.0にバグがある)という意見もある。
- ESPの加速はFMOのエネルギーおよびGradのどちらの加速にも効いている

# エネルギー表示法 (ER) (b) MD/ER

- 2桁オーダー高速で同等の精度である自由エネルギー計算方法
- ermod <http://sourceforge.net/p/ermod/wiki/Home/>
  - ナショプロソフト(現時点でGromacs, NAMD, Amberの出力に対応)
  - 超臨界流体、イオン液体、ミセル、脂質膜に適応可能
  - タンパク質の全原子自由エネルギー計算も可能
  - 高精度リガンドバイディングは理論的チャレンジが必要



# 計算フロー



溶液系MD  
solute + solvent

分布関数  
生成プログラム

$$\langle \rho^e(\varepsilon) \rangle$$

MDプログラムは何でもよい

自由エネルギー  
プログラム

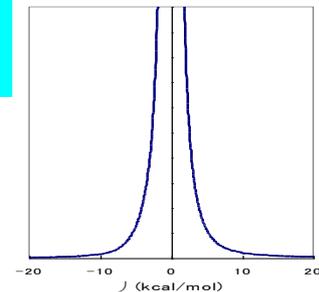
$$\Delta\mu$$

純溶媒系MD  
solvent only

分布関数  
生成プログラム

$$\rho_0^e(\varepsilon)$$

$$\chi_0^e(\varepsilon, \eta)$$



## 溶液・界面・生体分子系

### 統計力学に基づく計算

➤ 構造を表す分布関数や  
ダイナミクス

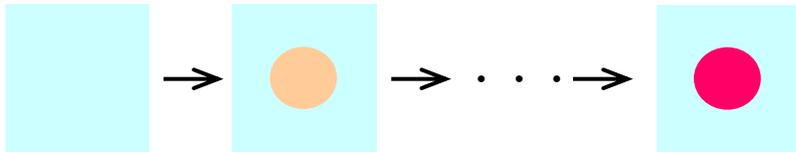
➤ **自由エネルギー**



量子計算における  
エネルギー

計算が難しい  
(時間がかかる)

### 熱力学積分法 (厳密手法)



純溶媒

溶液系

純溶媒系と溶液系を結ぶ  
(仮想的) 中間状態を (多数) 用意

## MDシミュレーションと 溶液理論の結合手法

### 溶媒和自由エネルギー

$$\Delta\mu = \text{〇〇 kcal/mol}$$

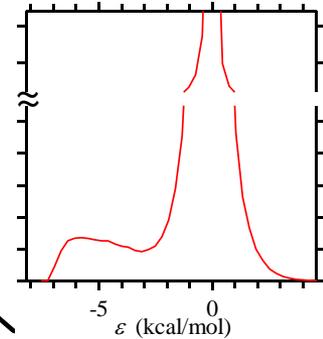
現実の  
使用に  
耐える  
正確さ

### 近似汎関数

$$\Delta\mu = \int d\varepsilon \varepsilon \rho^\varepsilon(\varepsilon) - F[\rho^\varepsilon(\varepsilon)]$$

### エネルギー分布関数

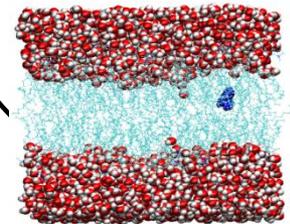
$$\hat{\rho}^\varepsilon(\varepsilon) = \sum_i \delta(\varepsilon - v(\psi, \mathbf{x}_i))$$



容易に  
計算可能

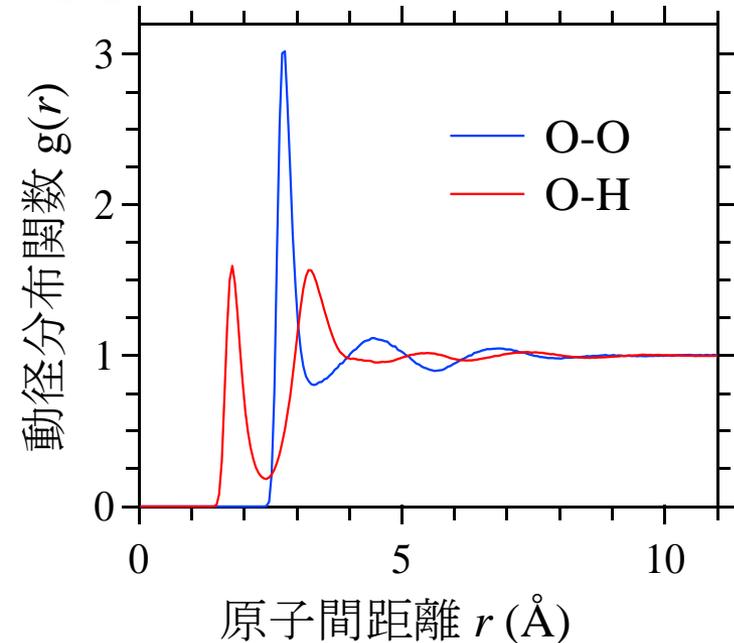
### MD

(典型的に)

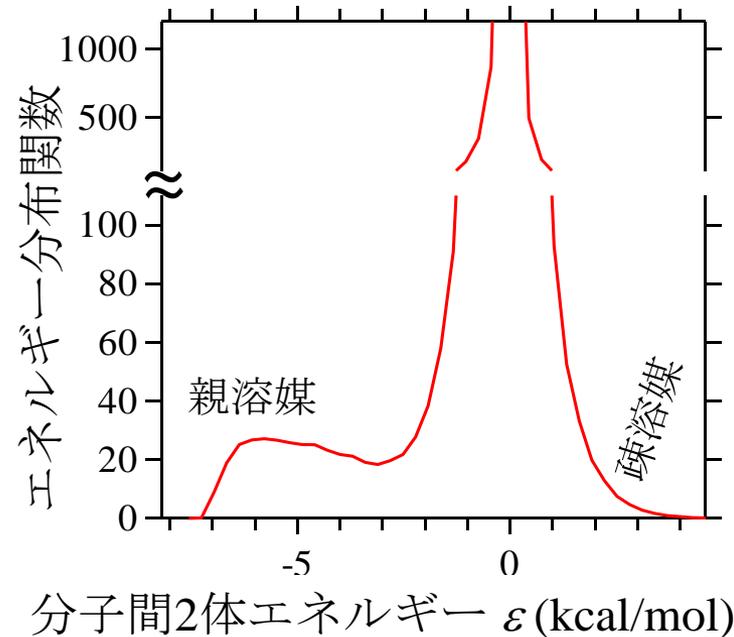


分子内・分子間相互作用

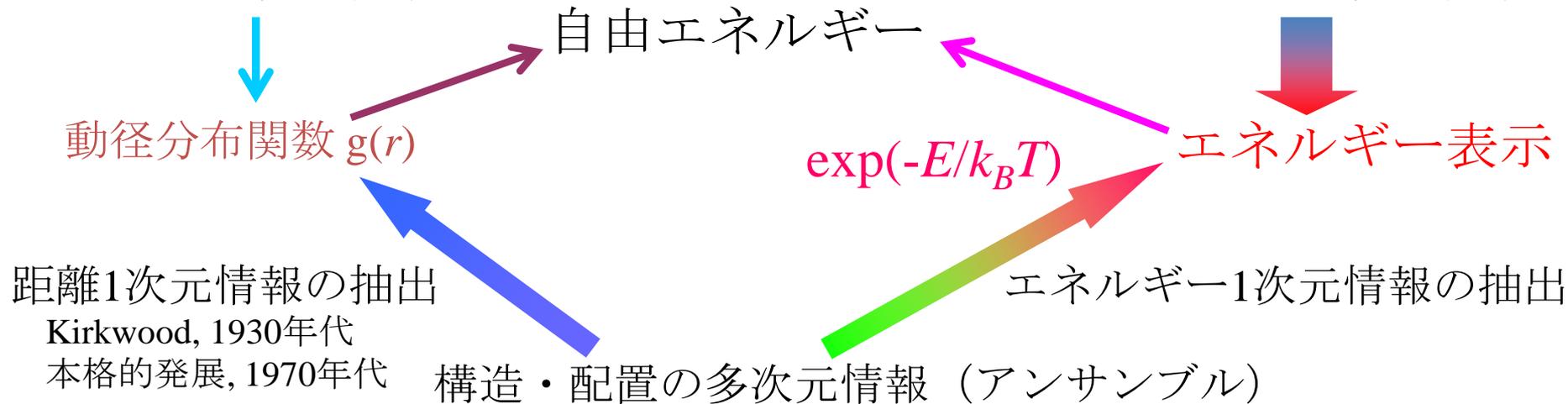
# 動径分布関数とエネルギー分布関数



1 g/cm<sup>3</sup> · 25 °Cにおける  
水の動径分布関数



1 g/cm<sup>3</sup> · 25 °Cにおける  
水のエネルギー分布関数



Kirkwood, 1930年代  
本格的発展, 1970年代

スナップショット配置における2体エネルギー分布 (ヒストグラム)

$$\hat{\rho}^e(\varepsilon) = \sum_i \delta(\varepsilon - v(\psi, \mathbf{x}_i))$$

$\psi$ : 溶質の座標

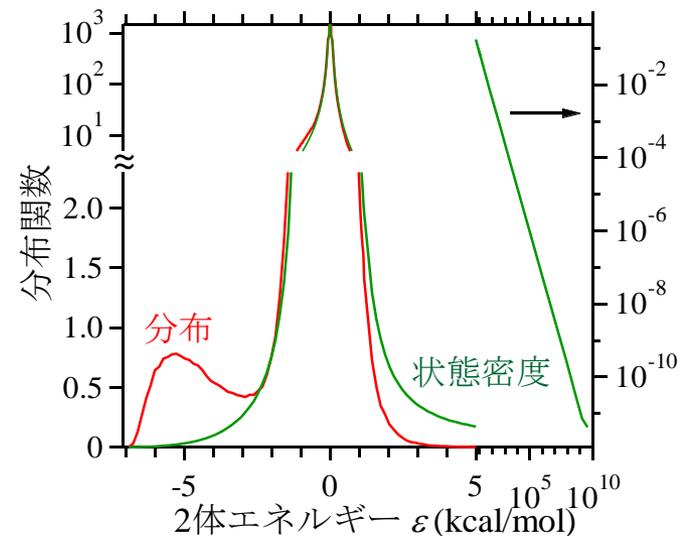
$\mathbf{x}_i$ :  $i$ 番目の溶媒分子の座標

$v(\mathbf{y}, \mathbf{x})$ : 溶質-溶媒間の2体相互作用

$\varepsilon$ : 2体エネルギー値 (分布関数の横軸)

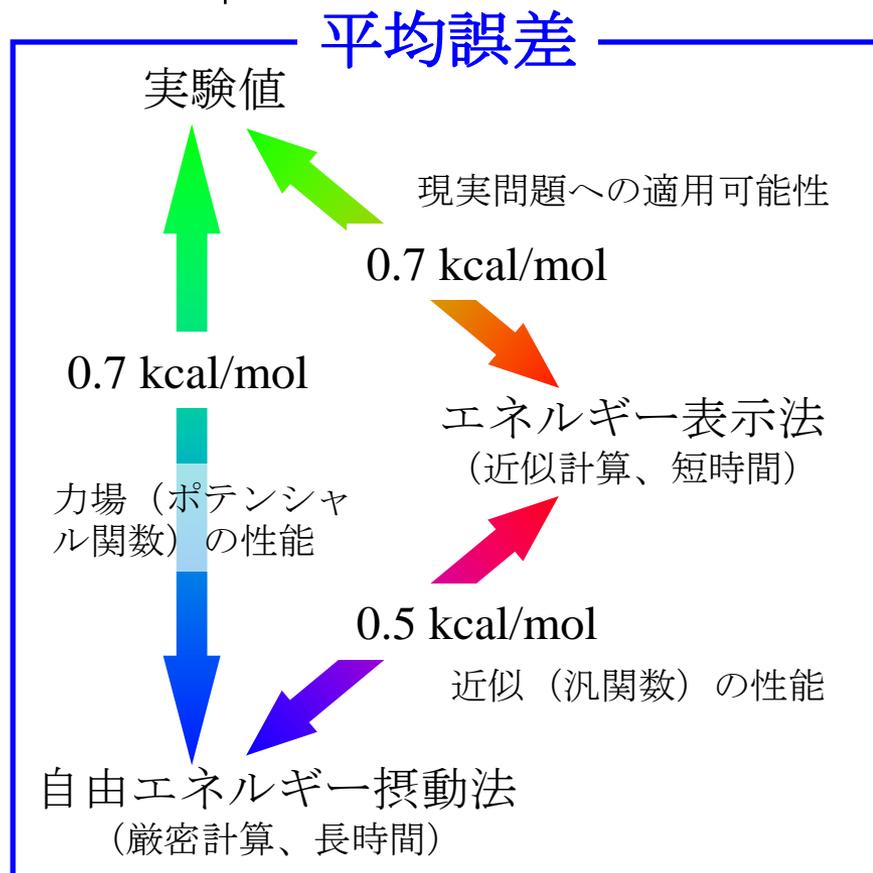
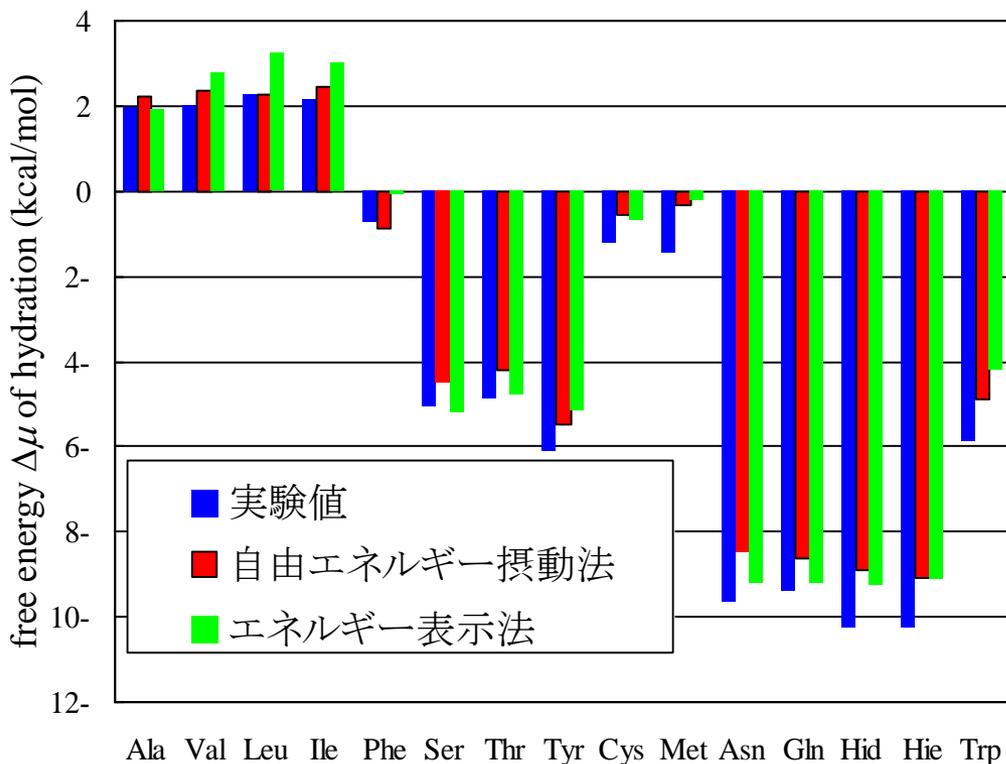
溶媒和自由エネルギー

$$\Delta\mu = -k_B T \log \left\langle \exp \left( -\beta \int d\varepsilon \varepsilon \hat{\rho}^e(\varepsilon) \right) \right\rangle_{\text{reference solvent}}$$



- ✓ 同じ溶質-溶媒相互作用を持つ配置(構造)をグループ化(射影)する
- ✓ どのような近似でも、同じ溶質-溶媒相互作用を持つ配置(構造)が溶媒和自由エネルギーに同じ重みで効くという統計力学の原理を破らない ⇒ 精度の高い計算
- ✓ どのようなポテンシャル関数に対しても1次元の座標 ⇒ 計算スピード向上
- ✓ 溶質および溶媒分子が、共に、全体として1つのものとして扱われる
  - ⇒ 内部自由度 ⇒ 外場 ⇒ 不均一系・QM/MM系
  - ⇒ 低密度/濃度極限 ⇒ 超臨界流体・混合溶媒
- ✓ DFT(密度汎関数理論)的な理論構成 ⇒ 系統的定式化

amino acid	analog solute	amino acid	analog solute	amino acid	analog solute
Ala	methane	Val	propane	Leu	<i>iso</i> -butane
Ile	<i>n</i> -butane	Ser	methanol	Thr	ethanol
Phe	toluene	Tyr	<i>p</i> -cresol	Cys	methanethiol
Met	methyl ethyl sulfide	Asn	acetamide	Gln	propionamide
Trp	3-methylindole	Hid	4-methylimidazole	Hie	4-methylimidazole

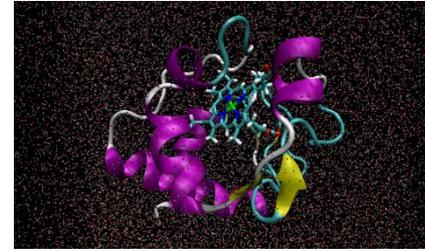




# X-Ability 溶媒をあらわに取扱う、タンパク質の自由エネルギー計算

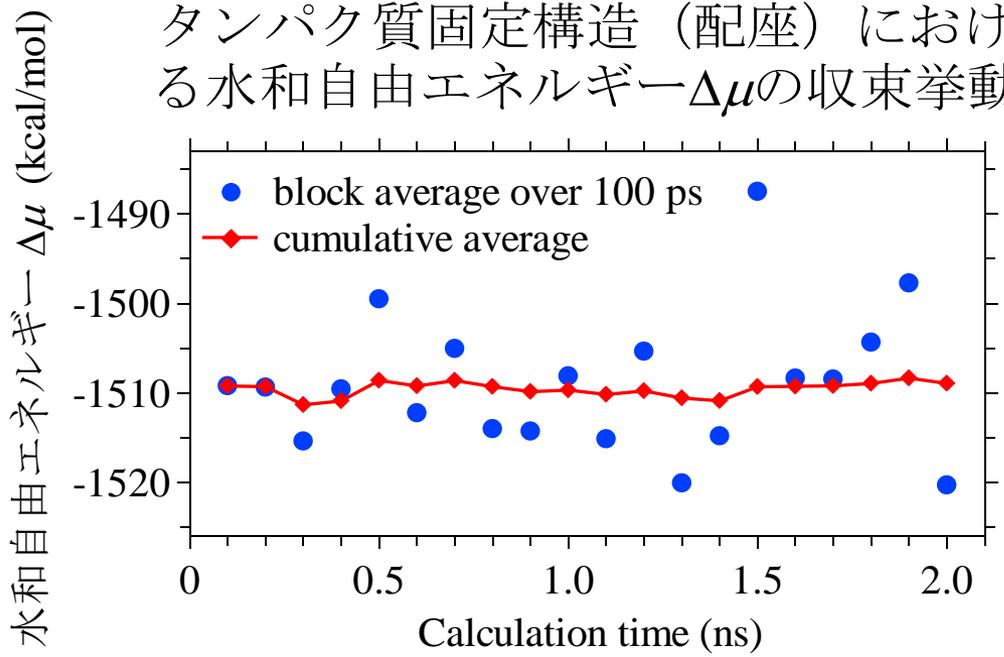
クロスアビリティ

solute: horse heart cytochrome *c* (1HRC),  
 104 residues and heme, 1748 atoms  
 solvent: 20000 water molecules (TIP3P)

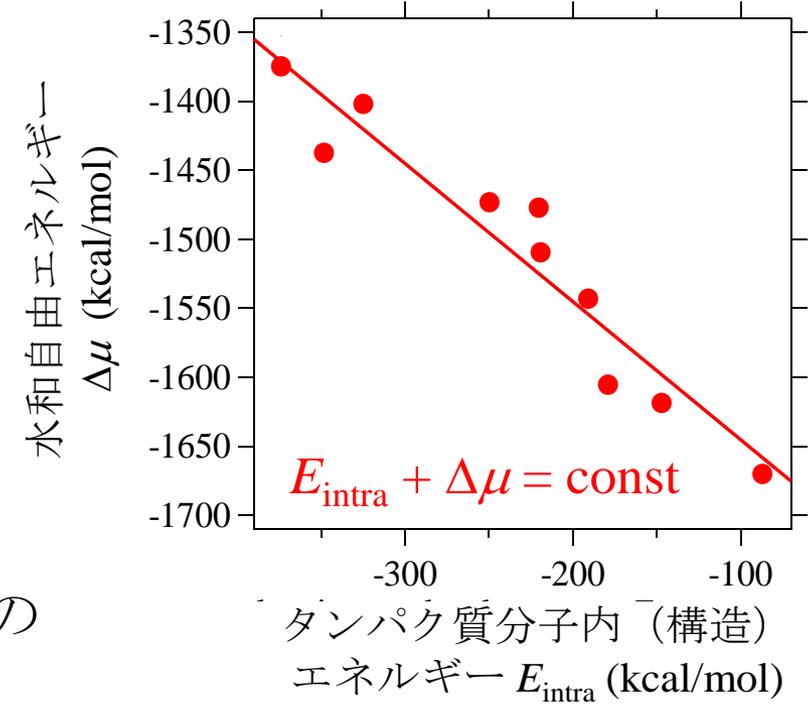


temperature: 300K  
 pressure: 1bar

タンパク質固定構造 (配座) における水和自由エネルギー  $\Delta\mu$  の収束挙動



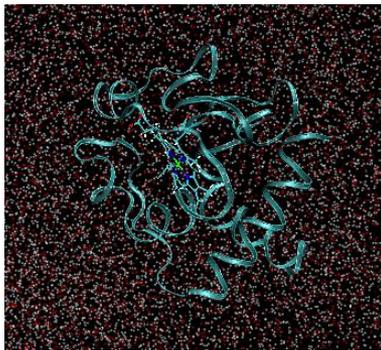
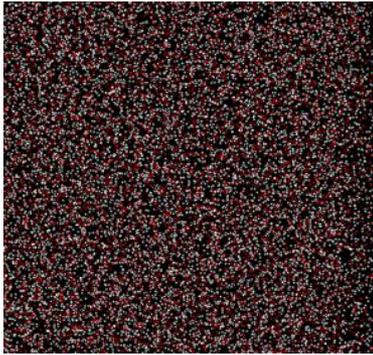
平衡ゆらぎにおけるタンパク質構造と水和の関係



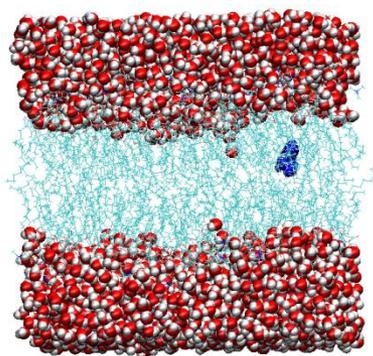
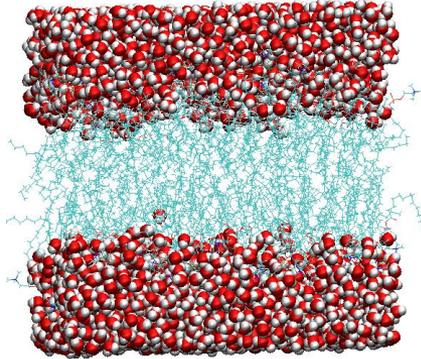
- ✓ タンパク質の水和自由エネルギーの解析が全原子モデルで可能に
- ✓ 10-15 eV におよぶ、タンパク質構造エネルギーのゆらぎが、溶媒水によって、誘起・補償される

# 「溶質」「溶媒」「溶媒和」概念の拡張 ～統一的な概念構成に向けて

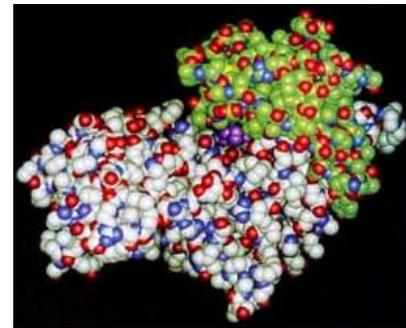
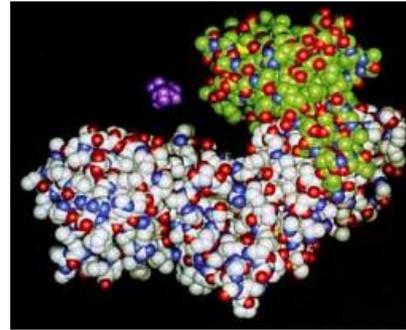
「溶媒」 = 溶液系に最初からあるもの  
「溶質」 = 溶液系に後から入ったもの



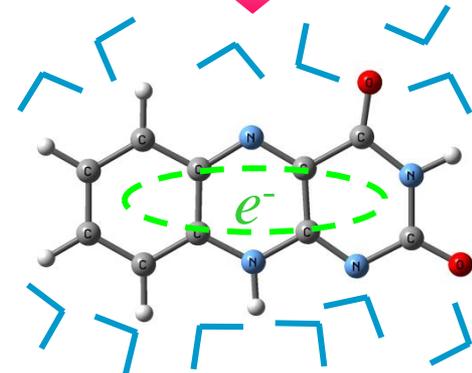
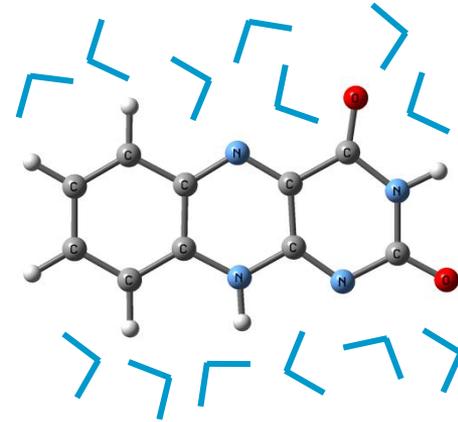
通常の意味での  
溶媒和



脂質膜・ミセル  
への分子結合



タンパク質への  
基質結合



電子の付加  
(還元)

# 溶液理論構成の要件

➤ 内部自由度のある分子

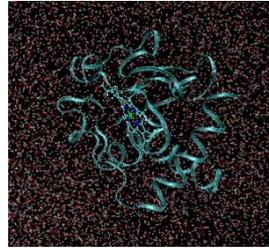
➤ 不均一系

➤ 混合溶媒

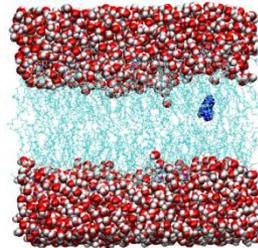
➤ 気体様低密度(1対1の「結合」)から  
液体様高密度領域をカバー

➤ 量子論との結合(QM/MM法)

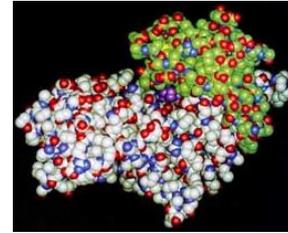
➤ 非物理的挙動を導かないような数学的に堅牢な定式化



通常の意味での  
溶媒和



脂質膜・ミセル  
への分子結合



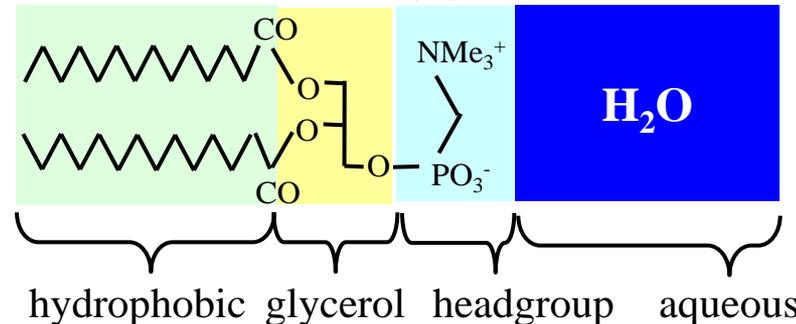
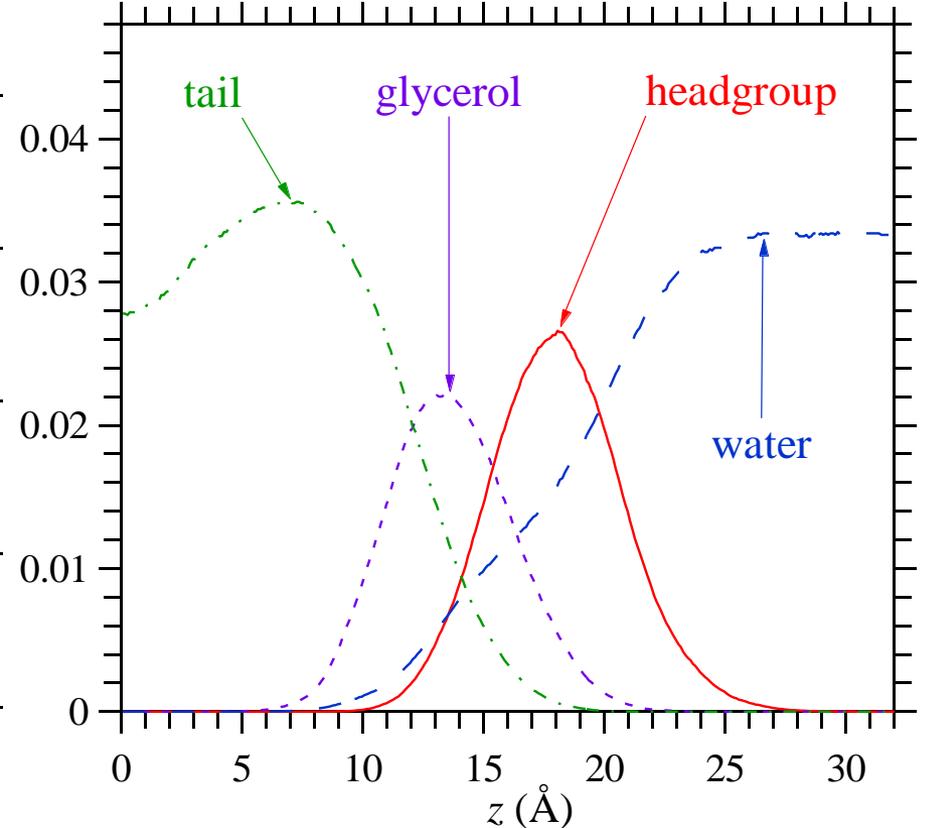
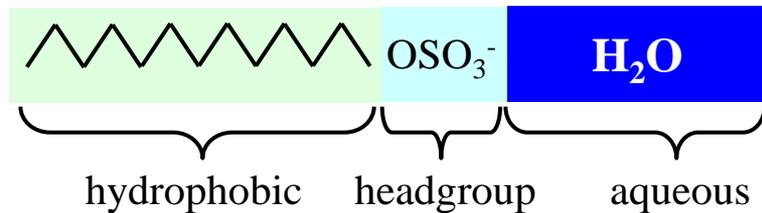
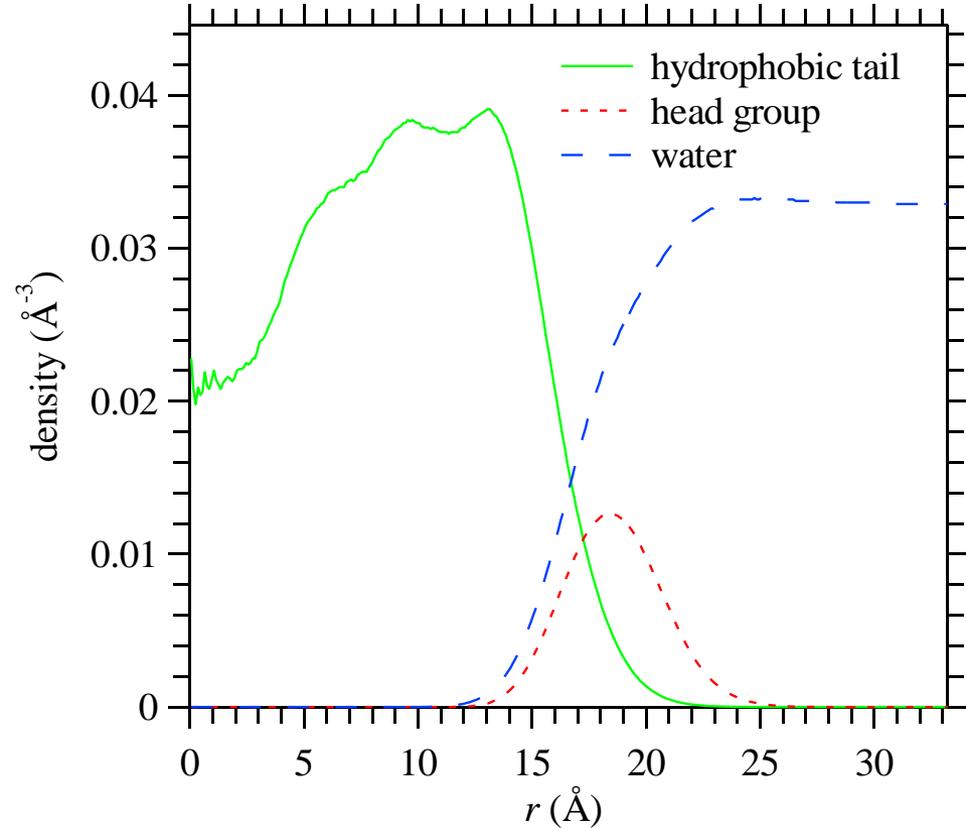
タンパク質への  
基質結合



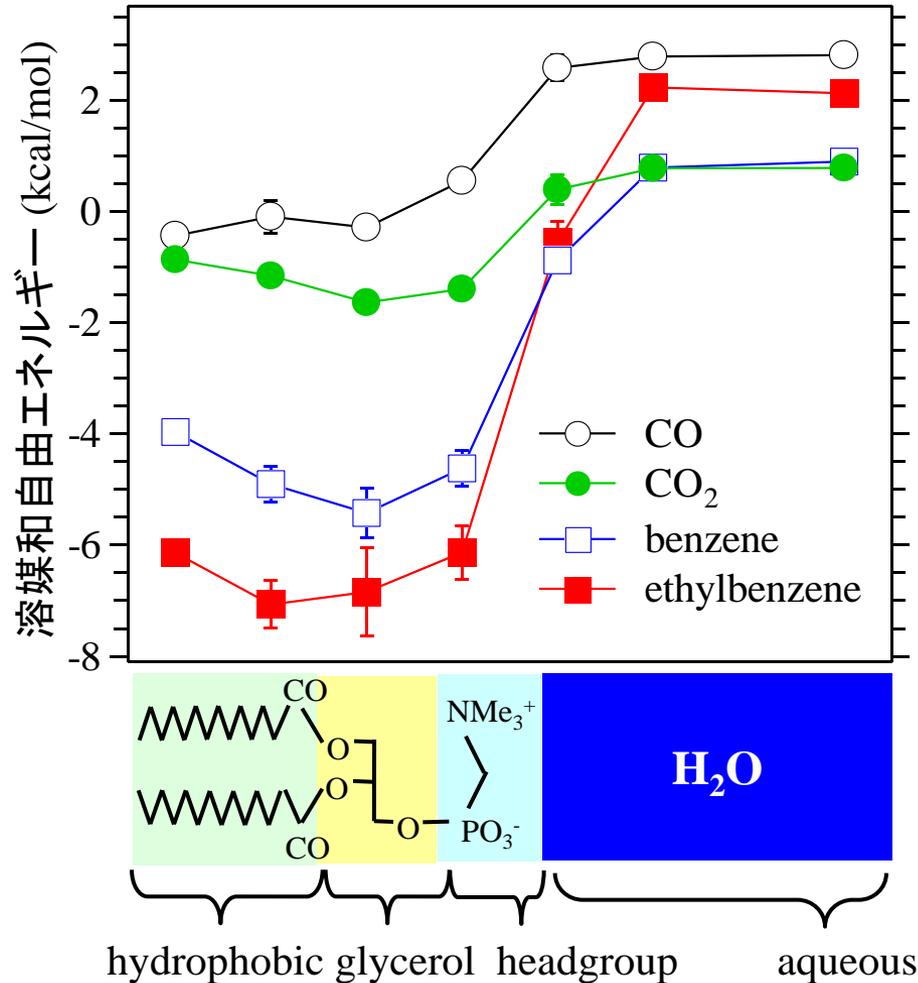
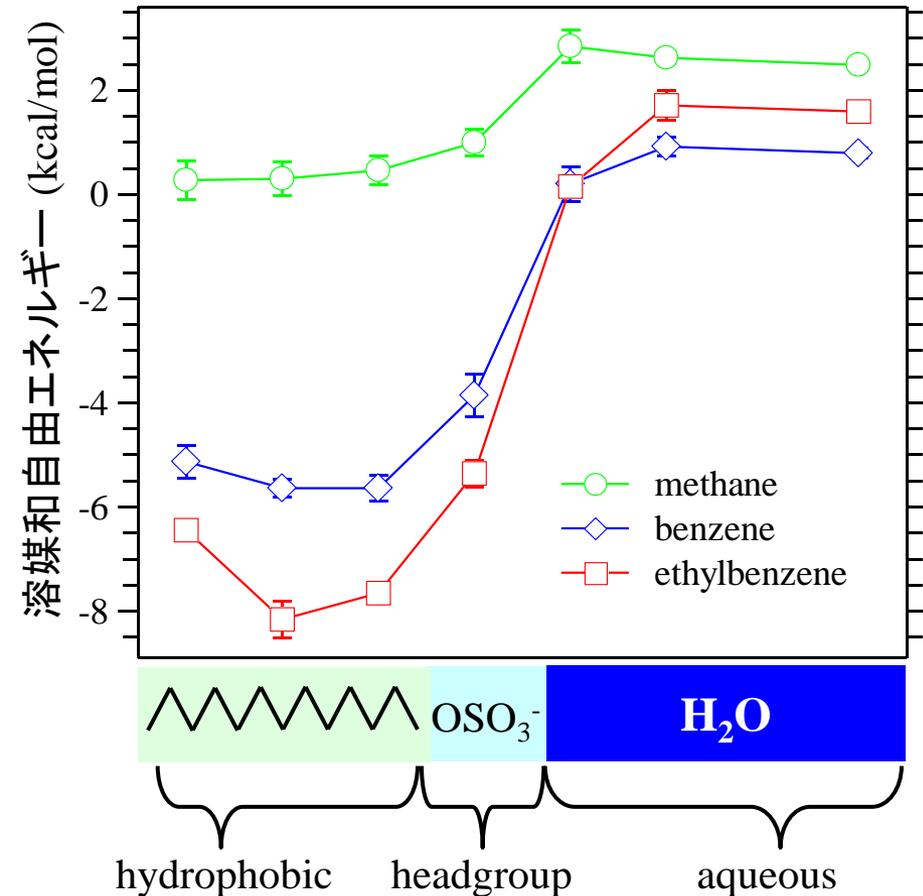
電子の付加  
(還元)

SDS (sodium dodecyl sulfate) ミセル

DMPC (1,2-dimyristoyl-*sn*-glycero-3-phosphatidylcholine) 二重膜



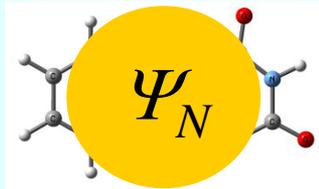
各領域における溶媒和自由エネルギーの算出



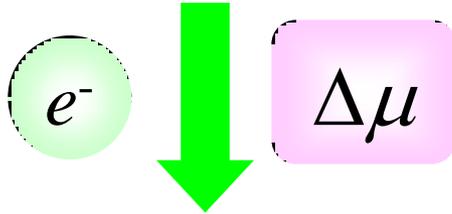
- ✓ 疎水性領域における顕著な安定化
- ✓ 疎水性・親水性領域の違いは、ミセルの場合により顕著
- ✓ 疎水性溶質の分布は、ミセル中でより局所的
- ✓ ミセル・膜内部と水領域での、溶質の安定性の逆転

分子結合の強度(分配係数)とサイトを決定可能  
結合寿命も評価可能

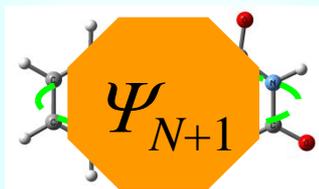
溶液内



酸化状態



溶液内



還元状態

溶質種: 電子

混合溶媒種: 電子が付加される分子(イオン)

(普通の意味での)溶媒(水など)

$$\varepsilon_{\text{QM}} = \langle \Psi_{N+1} | H_{\text{QM}} | \Psi_{N+1} \rangle - \langle \Psi_N | H_{\text{QM}} | \Psi_N \rangle$$

$$\varepsilon_{\text{MM}} = v(\Psi_{N+1}, \mathbf{x}) - v(\Psi_N, \mathbf{x})$$

$$\exp(-\beta\Delta\mu) = \left\langle \exp\left(-\beta\left\{\varepsilon_{\text{QM}} + \sum_i \varepsilon_{\text{MM},i}\right\}\right) \right\rangle_N$$

電子分布は、溶媒配置によって揺らぐ  
エネルギー座標を構成する相互作用は多体的  
 $\rho(\varepsilon_{\text{QM}})$ と $\rho(\varepsilon_{\text{MM}})$  (及び関連相関関数) から、 $\Delta\mu$ を構成

FAD (Flavin Adenine Dinucleotide) の活性部位(イソアロキサジン環) の還元への適用

$$\Delta\mu_{\text{QM}} = -39.5 \text{ kcal/mol}$$

$$\Delta\mu_{\text{MM}} = -40.6 \text{ kcal/mol}$$

大きな水の効果(波動関数部分に匹敵)

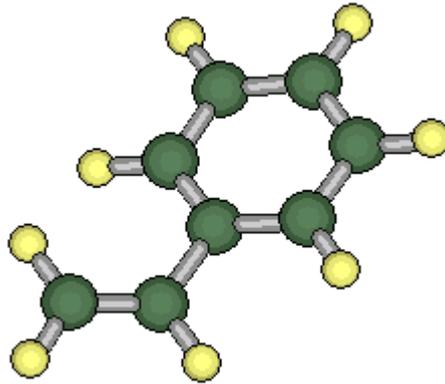
# ERの欠点

- 高速化近似法であるため、FEPのような厳密手法に比べると、適用範囲が現時点では狭い
  - 現時点でリガンドバイディングはうまくいっていない(サンプリングスキームの改善を検討中)
    - 現状、一番良い結果で $R^2=0.4$ 程度
    - $\rho$ と $\rho_0$ が重なっていないと使えない(粗視化モデルとの融合により解決可能?)
- 溶媒和自由エネルギーしかやらない
- MDの欠点を改善するものではなく、引き継ぐ
  - MDとの組み合わせによるため、力場問題は存在
- 理論がちょっと難しいが、理解しなくても使える

## GUI for (a) + (b)

- Winmostar開発（及び販売）を徐々にクロスアビリティが引き継いでいる
  - 64bit化は成功
  - Macintosh対応中
  - MD GUI対応中
    - 各種HPCIにジョブ投入
  - 商用版リリース予定時期は2013年1月以降
    - その前も順次アカデミックフリー・個人版はリリース

# Winmostarは計算化学のGUI



分子モデリング

初期座標作成

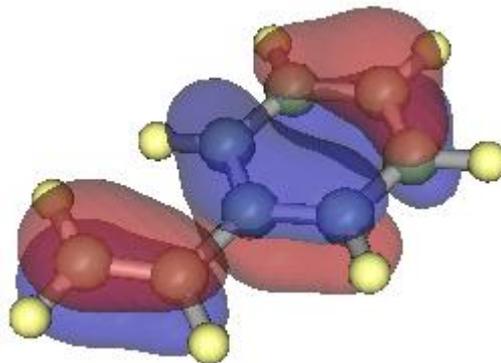
GUI

分子計算ソルバー

解析結果  
・分子構造  
・電子状態  
・諸物性

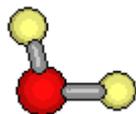
MOPAC6、MOPAC7  
CNDO/S UV-VIS計算  
内蔵

Gaussian、GAMESS  
のインターフェイス



# Winmostar

## 初期構造の作成



```
AM1 EF PRECISE GNORM=0.05 NOINTER GRAPHF

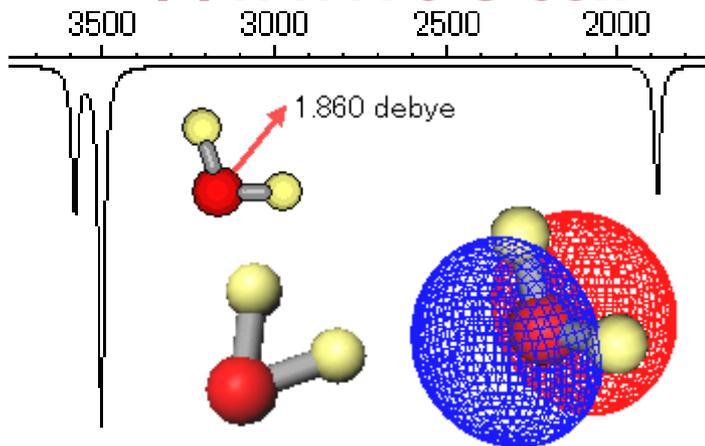
Winmostar
0 0          0 0          0 0          0 0          0 0
H 1.1        1 0          0 0          0 1          0 0
H 0.96       1 101.7031  1 0          0 1          2 0
```

## 計算ソルバー

## 分子軌道法計算



# Winmostar



```
AM1 EF PRECISE GNORM=0.05 NOINTER GRAPHF

Winmostar
```

ATOM NUMBER (I)	CHEMICAL SYMBOL	...	...	...	...	NC
1	O					
2	H	1.10000 *				1
3	H	.96000 *	101.70310 *			1 2

CARTESIAN COORDINATES

NO.	ATOM	X	Y	Z
1	O	.0000	.0000	.0000
2	H	1.1000	.0000	.0000
3	H	-.1947	.9400	.0000

H: (AM1): M. J. S. DEWAR ET AL, J. AM. CHEM. SOC. 107 3902-3909 (1985)  
O: (AM1): M. J. S. DEWAR ET AL, J. AM. CHEM. SOC. 107 3902-3909 (1985)

## 計算結果の表示

# 現時点のWinmostarの特長

1. 軽い
2. 簡単(分子モデリング)
3. Gaussian、GAMESS、MOPAC対応
4. ソルバーの起動(PC、Linux機)
5. 対応が早い  
(質問、不具合、新機能の要望)

Winmostar V3.808

ファイル(F) 編集(E) 表示(V) QM(C) MD その他(Z) ヘルプ(H)

Add Del -CH

¥¥baggio¥share¥  
Winmostar 16 10  
16-2-12-12 Leng=4.7516 Ang=77.2 Dmed=0 Lper=0 H

Gromacs  
NAMD  
LAMMPS  
Amber

Rep H Chng

BS1 BS2 1.15 Connect

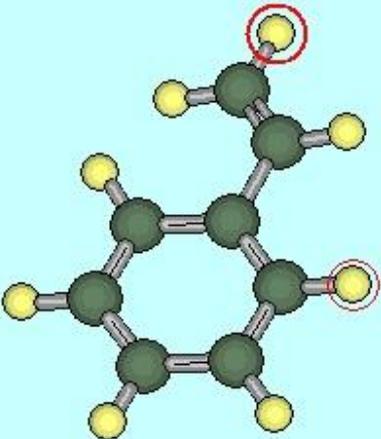
Number All Atoms Mark

Zoom 1  
Atom 0.25  
Bond 10

undo

AM1 EF PRECISE GNORM=0.05 NOINTER GRAPHF MMOK

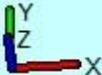
Winmostar



1	C	0	1	0	1	0	1	0	0	0
2	H	1.09966	1	0	1	0	1	1	0	0
3	C	1.39504	1	120.0019	1	0	1	1	2	0
4	C	1.39504	1	119.9984	1	179.9993	1	1	2	3
5	C	1.39504	1	120.0021	1	0.028	1	4	1	3
6	C	1.39505	1	119.9993	1	0.028	1	3	1	4
7	C	1.39505	1	119.9979	1	-0.0166	1	5	4	1
8	H	1.09967	1	119.998	1	179.972	1	4	1	3
9	H	1.09966	1	120.0066	1	179.9743	1	5	4	1
10	C	1.4938	1	120.0016	1	-0.0044	1	3	1	2
11	H	1.09966	1	120.0033	1	179.9929	1	6	3	1
12	H	1.09966	1	120.0049	1	-179.984	1	7	5	4
13	C	1.32591	1	122.7153	1	160	1	10	3	1
14	H	1.09823	1	114.5621	1	179.9953	1	10	3	13
15	H	1.09828	1	122.713	1	-0.0013	1	13	10	3
16	H	1.09828	1	122.7184	1	179.9999	1	13	10	15

16 H 1.098282 122.7184 179.9999 13 10 15

Debug 1 1 1



Winmostar V3.808

ファイル(F) 編集(E) 表示(V) QM(C) MD その他(Z) ヘルプ(H)

分子表面積、体積  
アスペクト比  
検索  
Job Manager  
連続実行  
パスの設定  
PIO  
ER  
ガラス転移点  
密度

Add Del -CH3

¥¥baggio¥share¥tm  
Winmostar 16 104.  
16-2-12-12 Leng=4.7

Rep H Chng

BS1 BS2 1.15 Connect

Number All Atoms Mark

Zoom 1  
Atom 0.25  
Bond 10

undo

AM1 EF PRECISE GNORM=0.05 NOINTER GRAPHF MMOK

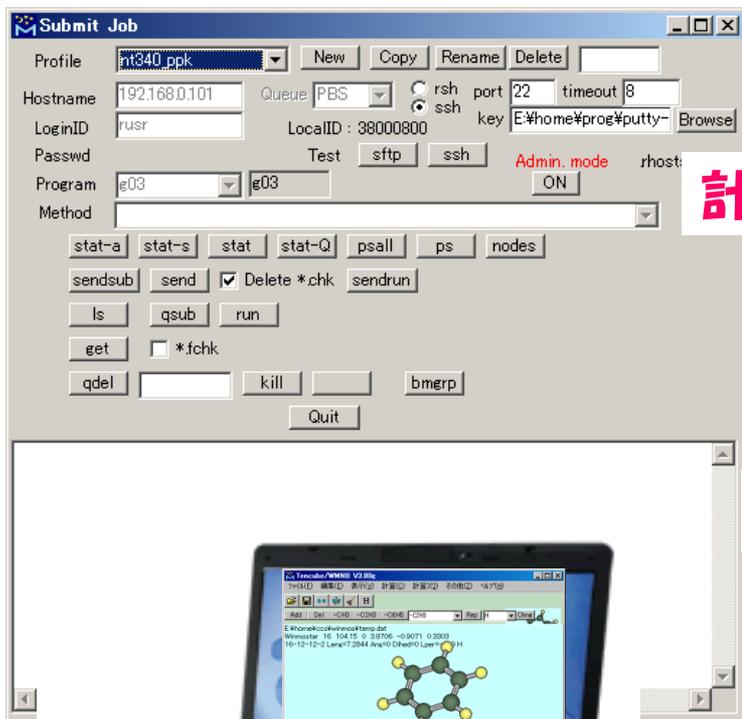
Winmostar

1	C	0	1	0	1	0	1	0	0	0
2	H	1.09966	1	0	1	0	1	1	0	0
3	C	1.39504	1	120.0019	1	0	1	1	2	0
4	C	1.39504	1	119.9984	1	179.9993	1	1	2	3
5	C	1.39504	1	120.0021	1	0.028	1	4	1	3
6	C	1.39505	1	119.9993	1	0.028	1	3	1	4
7	C	1.39505	1	119.9979	1	-0.0166	1	5	4	1
8	H	1.09967	1	119.998	1	179.972	1	4	1	3
9	H	1.09966	1	120.0066	1	179.9743	1	5	4	1
10	C	1.4938	1	120.0016	1	-0.0044	1	3	1	2
11	H	1.09966	1	120.0033	1	179.9929	1	6	3	1
12	H	1.09966	1	120.0049	1	-179.984	1	7	5	4
13	C	1.32591	1	122.7153	1	180	1	10	3	1
14	H	1.09823	1	114.5621	1	179.9953	1	10	3	13
15	H	1.09828	1	122.713	1	-0.0013	1	13	10	3
16	H	1.09828	1	122.7184	1	179.9999	1	13	10	15

16 H 1.098282 122.7184 179.9999 13 10 15

Debug 1 1 1

# Tencube/WMからLinux機へのジョブ投入



計算ジョブ投入



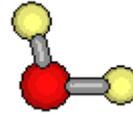
計算結果



Linuxクラスター  
FOCUS  
TSUBAME  
京？

ShareTask, LSF, PBS,  
SGE, NQS等  
Gaussian, GAMESS

Winmostar



Winscpでデータ転送

Putty(Teraterm)でジョブ投入

```
vi script.sh
```

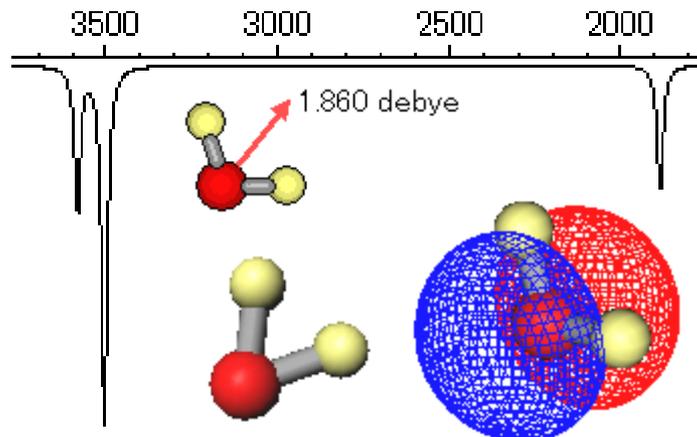
```
bsub < script.sh
```

Winscpで結果ファイル受信

ジョブ投入機能

FOCUS外からは  
SSL-VPN接続

Winmostar



Tencube/WMNB V3.807e

ファイル(F) 編集(E) 表示(V) 計算(C) 計算2 その他(Z) ヘルプ(H)

E:\home\ccs\winmos\ttt.gjf  
 Winmostar 6 28.05 0 -1.45  
 6-1-1-1 Leng=2.1304 Ang=0

MOPACキーワード  
 (1)MOP6W70 start  
 (2)MOPAC606 start  
 (3)MOPAC2009 start  
 Iデット out  
 Iデット arc  
 分子軌道表示  
 Import

FMO  
 GAMESSキーワード  
 (1)GAMESS.11 start.  
 (2)PCGAMESS start.  
 Edit out(log)  
 Import  
 GAMESSのホームページ

Gaussianキーワード  
 G03 start  
 Edit log(out)  
 Import  
 FormChk  
 Import Fchk(Cubegen)  
 Import Cube

**UNIX Server**  
 CNDO/Sキーワード  
 CNDO/S スタート  
 UV-VIS スペクトル表示(V)  
 Edit CNDO/S OutFile  
 MOSF

ep H Chng  BS1  BS2 1.15 Connect  
 Number  All Atoms  Mark  
 Zoom 1



Submit Job

Profile focus1\_seminar     default

Hostname f002j-focus.jp Queue LSF  rsh timeout 60 port 22   
 ssh

LoginID uled0001 LocalID: 38000800 key   
 Passwd \*\*\*\*\* IDdir: 38000800

Program g09.txtfocsem g09 Test   Admin. mode hosts  
 RemoteDir

Method -q s128t24h -n 12 -R "span[hosts=1]"

fchk  Delete \*.chk

\*.fchk ttt

```
<sftp test>
sftp test OK!
```

-q s128t24h -n 12 -R "span[ptile=12]"

**Animation**  
E:\home\ccs\winmos#a-metst.log

1	E(RHF) = -344.883332608	A.U. after 12
2	E(RHF) = -344.890697070	A.U. after 13
3	E(RHF) = -344.891881948	A.U. after 13
4	E(RHF) = -344.892401842	A.U. after 13
5	E(RHF) = -344.892639273	A.U. after 15
6	E(RHF) = -344.892783290	A.U. after 12
7	E(RHF) = -344.892822845	A.U. after 11
8	E(RHF) = -344.892850238	A.U. after 12
9	E(RHF) = -344.892871890	A.U. after 12
10	E(RHF) = -344.892879286	A.U. after 1
11	E(RHF) = -344.892879721	A.U. after 1

Reload Rewind

Last

Slow Fast

temp

3D anime

jpeg  gif

autorew

**3D**

Excel

**▶**

Quit

Optimization completed.

0.000000000

**Energy Level Diagram**

Quit Excel a.u. eV

HOMO=32

56	0.8760
55	0.8407
54	0.7815
53	0.6252
52	0.6001
51	0.5635
50	0.5349
49	0.5137
48	0.4928
47	0.4486
46	0.4279
45	0.3945
44	0.3776
43	0.3593
42	0.3582
41	0.3519
40	0.3378
39	0.3245
38	0.3106
37	0.2916
36	0.2603
35	0.2081
34	0.1497
33	0.1345
32	-0.3182
31	-0.3396

**Gaussian MO Plot**

File(E)

E:\home\ccs\winmos#a-metst.log  
HOMO=32(alpha),32(beta) NBASIS=101

saveCube

Mesh  Contour Map

透明 0.0

MO

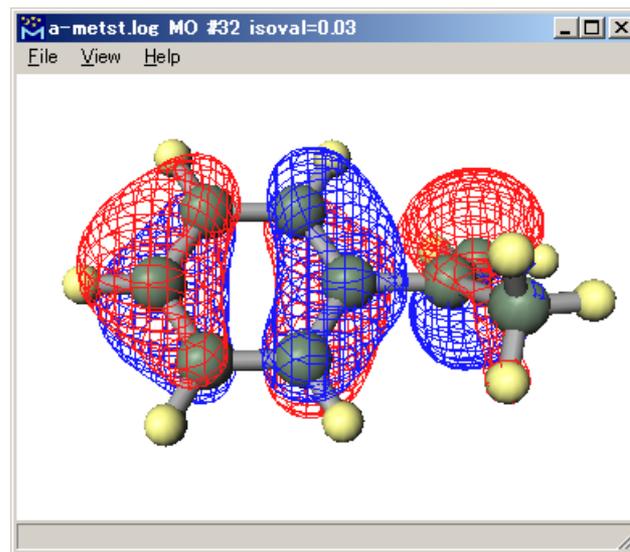
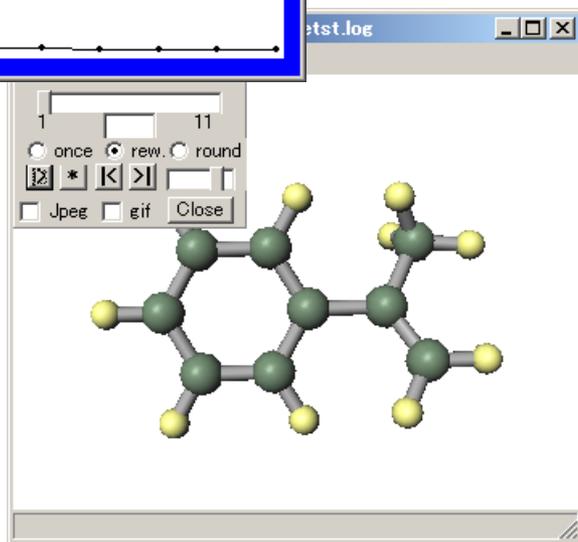
Number of MO 32 **Energy Level**

Iso. Level 0.03

Points 50  
Scale 15

**3D** 2D VRML Quit

F-max, F-min .171745 -.170808

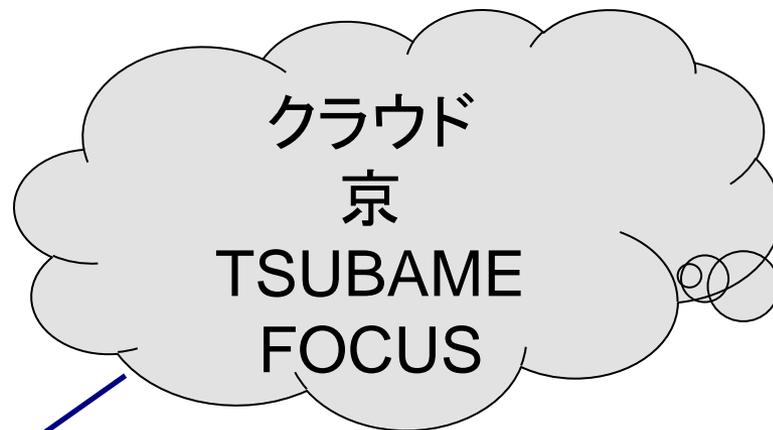


# 20年前



# 現在





並列クラスター計算機

SSH



ご静聴ありがとうございました