高精度分子シミュレーション法の開発

生体高分子やナノマテリアルの分野では、 分子レベルの精密なシミュレーションは実験 的な測定手段の限界を補う役割に止まらず、 研究の方針を決定する手段としても用いられ ている。分子シミュレーションではポテン シャルエネルギーや原子に働く力などの力場 関数を繰り返し評価して分子構造の統計集団 を生成する。この力場関数には一般に経験に 基いて定められた簡便な関数のセットが用い られる。しかし既存の力場関数が利用できる 分子種は限られており、ほとんどの分子では 力場パラメータの調整なしにシミュレーショ ンを実行することはできない。また化学結合 の組換えを伴う系や電子励起状態など、力場 に簡単な関数形が期待できない系も存在す る。これらの領域をカバーするため、分子軌 道法など量子論に基いた手法を用いて力場関 数を評価し、シミュレーションを実行するシ ステムを開発している。この手法は電子の波 動関数に基いて力場を計算するため、幅広い 化学種に対応できるだけでなく、力場関数の 精度を系統的に改善することも可能となる。

量子論的な手法は古典的な力場関数と比較 して桁違いの計算時間を要する。このため本 システムの分子動力学計算では、数値積分公 式を改良して力場計算の回数を削減してい る。またモンテカルロ計算ではレプリカ交換 法 (REXMC)を実装し、複数の力場計算を独立・並行に実行して計算時間を短縮している。 REXMC 法で得られた結果の一例を 図に示す。これは cis-azobenzene を核に持つ aryl ether dendrimer 分子の安定構造で、半経験的分子軌道法 (PM3)を力場計算に用いた REXMC シミュレーションで特定した。古典的な力場関数を用いる場合、アゾ基部分には既存の力場関数がないため、パラメータの決定から始めなければならない。本システムではこのような前準備が不要であるばかりでなく、π結合を通じた電荷の再分配も自然な形で記述できるので、簡便かつ高精度にシミュレーションを実行することができる。

このREXMCシミュレーションでは力場計算の同時実行にグリッド技術を用いており、一台のクラスター計算機上での並列計算から遠隔地の計算機を利用した広域分散処理まで対応可能である。特に複数の大型計算機が利用可能なケースでは、個々の力場計算を大型機上で並列処理することで階層的な並列化を実現でき、実験精度の力場関数を用いたシミュレーションが可能となる。2002 年秋に実施した実験では、3ヶ国4サイトに分散配置された7台の大型計算機上で最大860個のCPUを統合的に利用し、精密なシミュレーションが実行できることを示した。

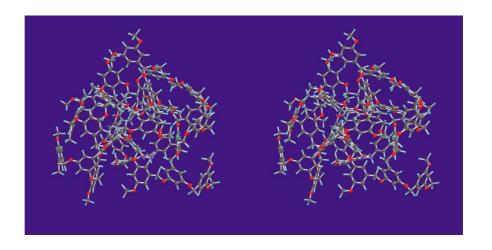


図 REXMC シミュレーションより得られた Aryl ether dendrimer 分子の安定構造 (立体視図・並行法)



いけがみっとも 池上 努 t-ikegami@aist.go.jp グリッド研究センター

関連情報

- T. Ikegami, N. Kurita, H. Sekino, Y.Ishikawa: J. Phys. Chem. A, Vol. 107, 4555 (2003).
- 池上, 武宮, 長嶋, 田中, 関口: 情報処理学会論文誌 コンピューティングシステム, Vol. 44, 14 (2003).