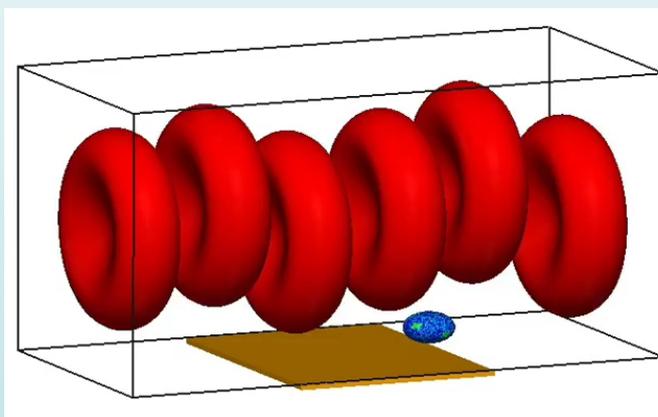
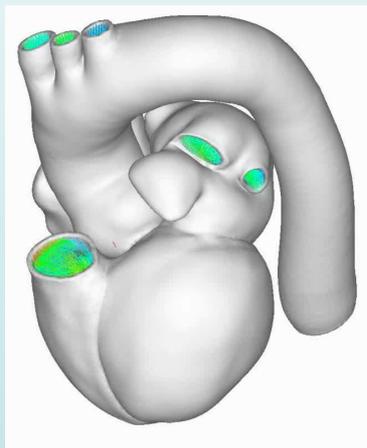


グランドチャレンジ・ライフサイエンス 進捗状況

理化学研究所
次世代計算科学プログラム
姫野龍太郎



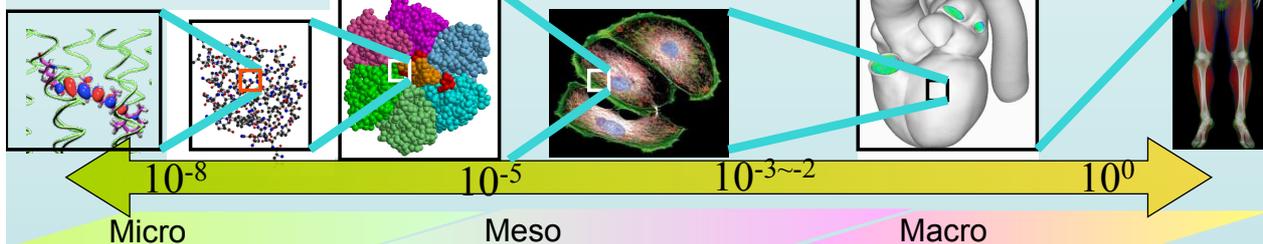
動機

生命現象は最も複雑で難しい問題

複雑で美しい振舞いを示す**超**多体系多階層問題



スーパーコンピュータを使って、この複雑な生命現象を解析
記述する生物学から、予測する生物学へ



ライフサイエンス分野における 計算科学研究開発の世界の現状

3

1) 世界的な研究の中心は

- 三極: アメリカと欧州 (+ 豪州、ニュージーランド)、日本

アメリカ: DoE、NIH、DoD、民間企業(ベンチャー、製薬企業)が主、DoEが基礎科学(生物学+計算科学)、NIHが医療を担当するため、互いの協力は希薄。計算科学と医療をつなぐ動きがない。

欧州: EUがスポンサーとなり、IT技術を医療に生かす取り組みを推進。一例: VPH(Virtual Physiological Human)、個別患者の治療が目標。大学・医療機関・製薬企業・医療機器メーカーが参加、マッチングファンド、5年で数百億円規模。脳科学ではスイスがBlueBrainプロジェクトを推進。世界をリード。



4

2) 海外での研究開発の今後の方向

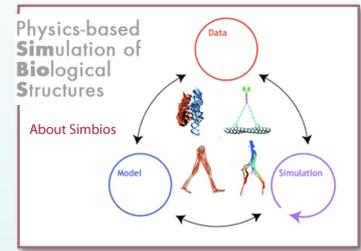
- 世界的に取り組まれているのは
 - タンパクの構造や変化などの解析
 - 大量の実験データに基づく多次元因子解析など

- 現在の研究開発でホットな話題はマルチスケール
NIHもEUでも二つ以上のスケールをつなぐ研究開発にファンディング

日本はグランドチャレンジとして既にマルチスケールに挑戦

- ・方程式に忠実にモデル化し、スケールを超える
- ・膨大な計算量は次世代スパコンで解消

欧米では医療機関で使うことを前提に簡略化したモデル化。
(脳科学では例外的にスパコンを指向)

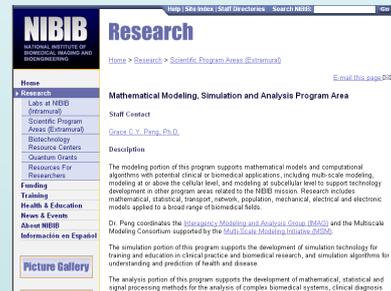


<http://symbios.stanford.edu/>

戦略分野化で、日本が世界に貢献



http://ec.europa.eu/information_society/newsroom/cf/itemdetail.cfm?item_id=3956

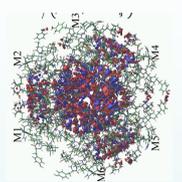


<http://www.nibib.nih.gov/Research/ProgramAreas/MathModeling>

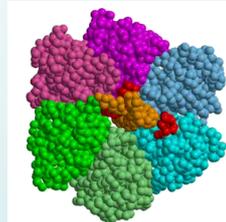
5

3) 国際比較

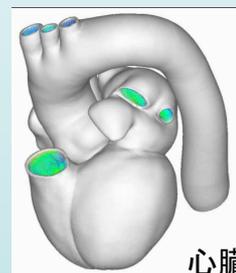
- 分子スケール
 - アメリカは超並列計算で先行
 - 粗視化モデルによる計算、全電子を入れたタンパク質の量子化学計算では日本がリード
- 細胞スケール
 - システムバイオロジー(E-cell等)は日本発
 - 細胞群から臓器へ、分子から細胞へのアプローチはどこもこれから
- 臓器・全身スケール
 - 国際的な研究開発体制が構築されつつある
 - 日本は心臓モデル、健康者からの詳細人体モデルでリード
- バイオインフォマティクス
 - 個人の多様性と医療をつないでゆくところでは日本は優位
 - 次世代超高速シーケンサー等による巨大データに直面、世界的な課題
- 脳科学
 - スーパーコンピュータによるシミュレーションではBlueBrainなどが先行
 - しかし、計算論的神経科学では日本が世界をリード、BlueBrainではこの観点は今では抜けている



全電子計算では世界をリード(ProteinDF)



粗視化モデルによる分子モータ



6

3) 国際比較(続き)

数万並列規模の計算能力をもったソフトウェア開発を推進

今後、次世代スパコンに向けた並列性能向上を加速

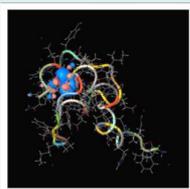
⇒分子・細胞・臓器全身の各スケールと実験データ解析、脳神経系を統合して研究開発

★世界的にも全くない試み

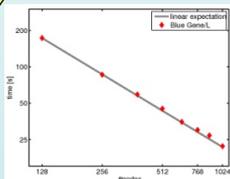
同時に行うことにより、手法やソフトを互いに利用し、開発を加速

⇒次世代スパコンで世界をリードする

↓ チーム間の連携



全電子計算での並列性能 (ProteinDF) 2500コアまでの並列を確認



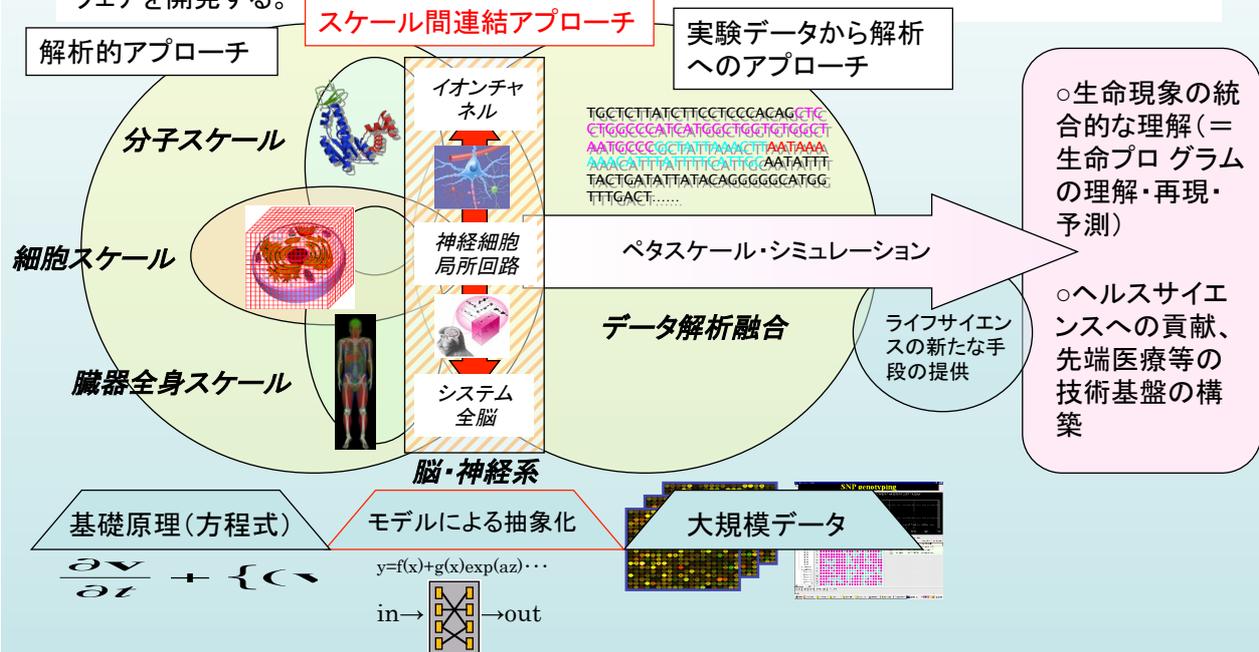
脳の局所回路シミュレーションでの並列性能 (BlueGeneLで1000並列までの速度向上を確認)

受提供	データ解析融合	分子スケール	細胞スケール	臓器全身スケール	脳神経系
データ解析融合	肺ガンと薬	ターゲットタンパクの特定	生体分子ネットワークモデル	画像処理パラメータ推定	パラメータ推定(モデル化)
分子スケール	タンパク-リガンド	代謝・膜	膜での輸送モデル	血栓形成	神経可塑性・変性・イオンチャンネル
細胞スケール	生体分子ネットワークデータ	代謝反応・膜での物質輸送データ	肝細胞	複数細胞から臓器へ・血栓形成	細胞プラットフォーム供給
臓器全身スケール	医療画像データ	データ提供・ドラッグデリバリー	血流・分泌物輸送	循環器系	全身モデル
脳神経系	神経細胞データ・局所回路データ	可塑性や神経変性に関するデータ	成長・変形モデル	運動制御臓器制御	細胞から高次機能までの一言

我々の取り組み

研究開発の概要と達成目標

基礎方程式に基づく解析的アプローチと、大量の実験データから未知の法則に迫る実験データから解析へのアプローチ、さらには多階層を連結するアプローチにより、異なるスケールの研究と実験データを統合的かつ有機的に結びつけ、ペタスケールという桁違いの性能を持つスーパーコンピュータの性能をフルに発揮し、生体で起こる種々の現象を理解し医療に貢献するためのソフトウェアを開発する。

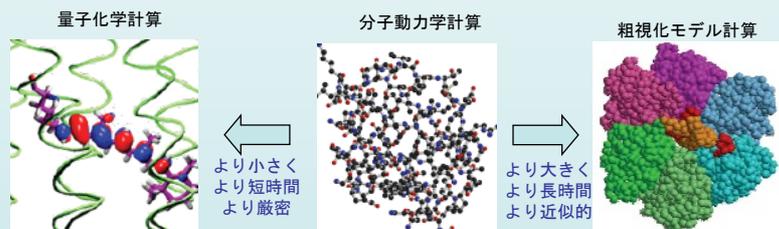


分子スケール研究開発

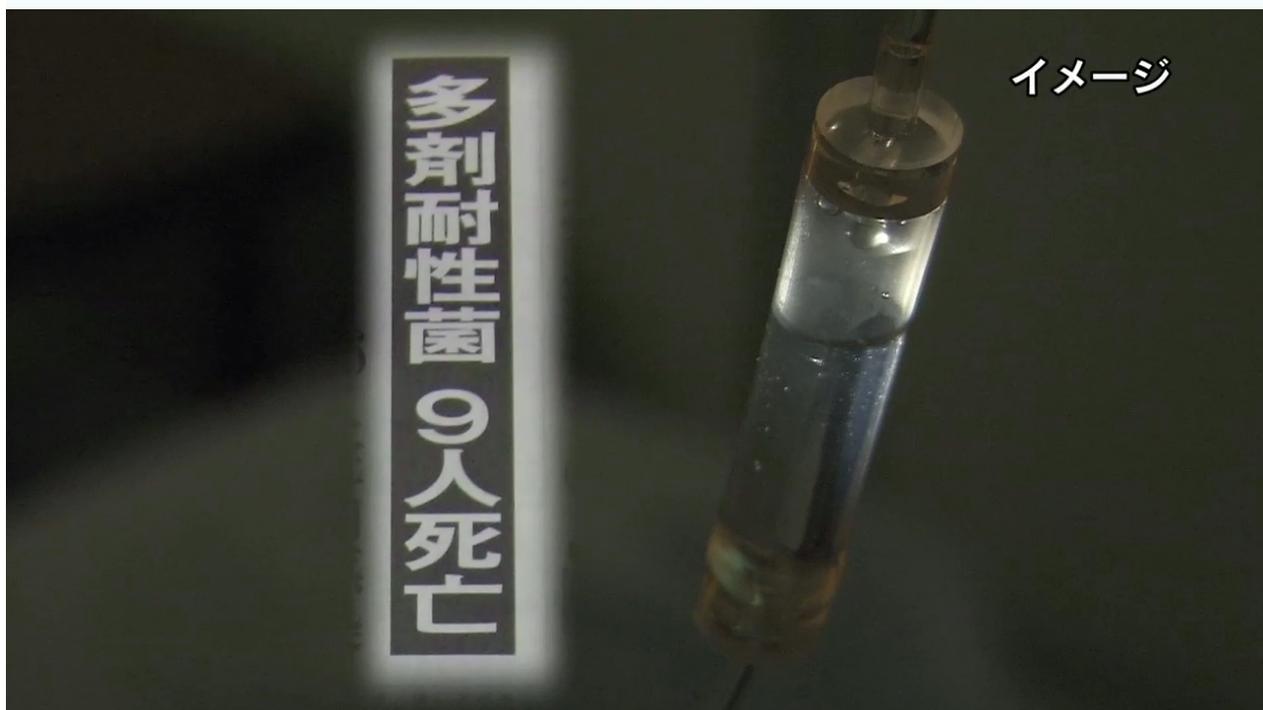
開発目標:量子化学計算(QM)・分子動力学計算(MM)・粗視化モデル計算(CG)を総合化する技術を開発、タンパク質や細胞の機能発現過程のシミュレーションにつなげ、細胞スケールとの有機的な連携を図る。

ターゲット:多剤排出トランスポータ、脂肪酸代謝酵素反応

開発計画:QM、MM、CGの各スケールでプログラムの開発を進めるとともに、それらの手法を結合したQM/MM、MM/CG法によってマルチスケールシミュレーションを実現するためのプログラムを開発する。



進捗状況:QM/MM/CGの3階層それぞれで計算方法をプログラム化し、テストを続けながら開発を行ってきた。昨年4月から京を使ってソフトのテスト中で、12,288ノード並列まで達成した。



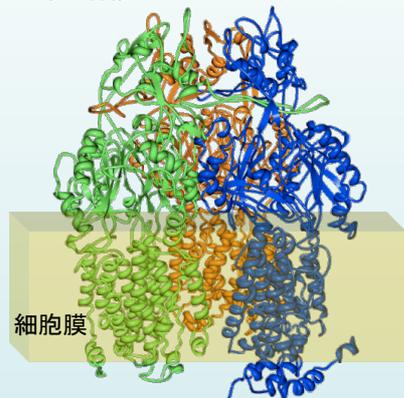
イメージ

11

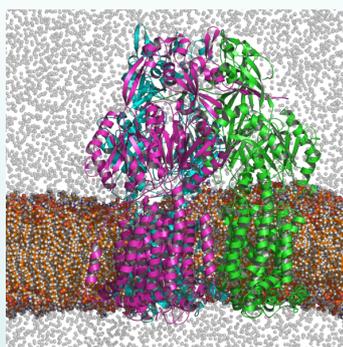
全原子分子動力学計算(MM) : Marble

池口満徳(横浜市大)

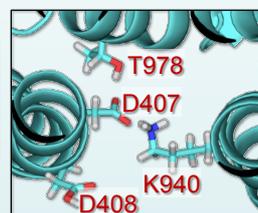
多剤排出トランスポーター



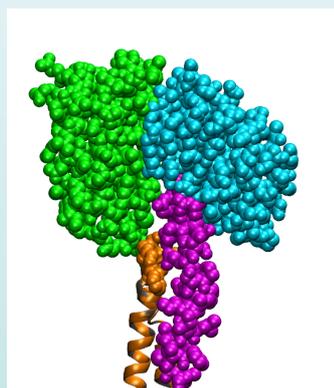
細菌の細胞膜にある多剤排出トランスポーターが、細胞膜内外のプロトン濃度勾配を利用して、その形を変えながら薬剤を細胞外に排出することで薬剤耐性化を引き起こしている。そのメカニズムを明らかにして耐性化を防ぐことが目的である



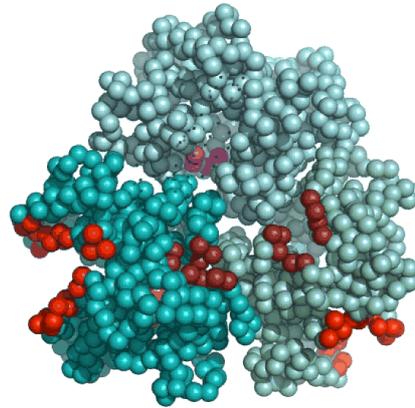
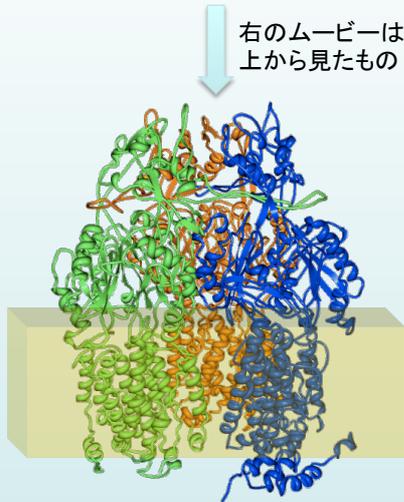
数百ナノ秒の計算で、形を変える初期過程と構造変化の原動力であるプロトン輸送の経路を明らかにした



D408がプロトンを受け取るサイト

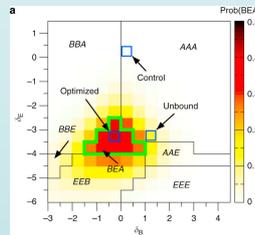
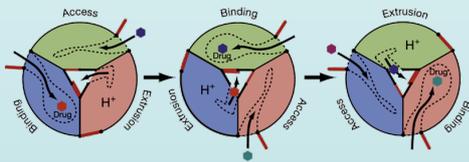


薬剤のタンパク質内部への入口が、構造変化に伴って開く様子が再現できた。細胞膜の直上のモノマー間に入り口ができる。



3量体がその構造を、それぞれ、取り込み(A)、結合(B)、排出(E)という3状態を経ることによって、薬剤を排出する様子をシミュレートすることに成功した

多剤排出トランスポーター



薬剤が結合していない状態では、3量体はすべて取り込み(A)状態の対称な形になり、安定な休止状態にいることを明らかにした。

膨大な長さのDNAが核の中に収納され、必要なときに読み出せる謎に挑む

— 細胞核内でのDNAのヒストンへの巻き付きと、ほどこメカニズムの解明 —

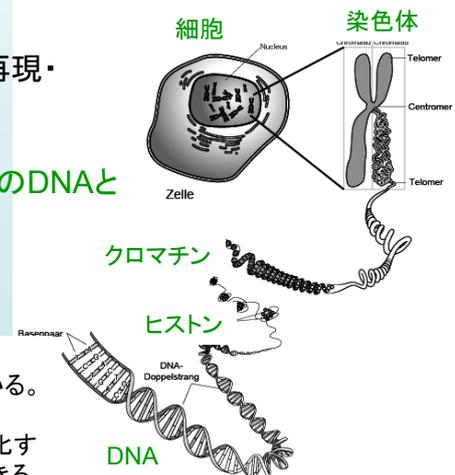
ソフトウェアの特徴

- 規模・時間的に巨大な生体分子の現象をシミュレーションするための粗視化モデル計算
- 世界最大1千万原子規模・世界最長のミリ秒の現象を再現・予測を目指す
- 学術的なインパクトを与える、遺伝情報が転写される際のDNAとヒストンのダイナミクスを再現

細胞中で膨大な長さのDNAはヒストンに巻き付き、コンパクトに核に収納されている(クロマチン構造)

遺伝子が発現する際には、適切な場所のDNAをヒストンからほどこ、遺伝情報を転写している。

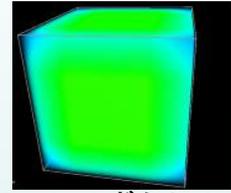
iPS細胞の機能は、クロマチン構造による転写制御機構を初期化することによって達成されるといわれている。そのなぞにも挑戦できる



反応—拡散—膜透過の連成計算を100万Voxel空間で実現!
(100³)

小規模モデルの計算時間(赤血球)

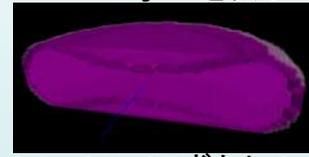
2×2×2(=8)ボクセルを逐次(1CPU)で計算
1000steps/197秒 Δt=1ms (実時間1秒)



2×2×2ボクセル
oxyHbを表示

赤血球形状モデル

64×64×25(=102400)ボクセルを逐次(1CPU)で計算
512並列:1.36h Δt=0.05ms
実時間1分:600h 10万並列:3hr

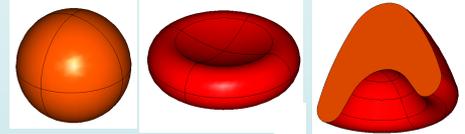


64×64×25ボクセル

肝細胞詳細モデル

100×100×100(百万)ボクセルを10万並列で計算

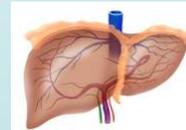
フル代謝モデルを想定 Δt=0.05ms
実時間1分:10万並列:30hr



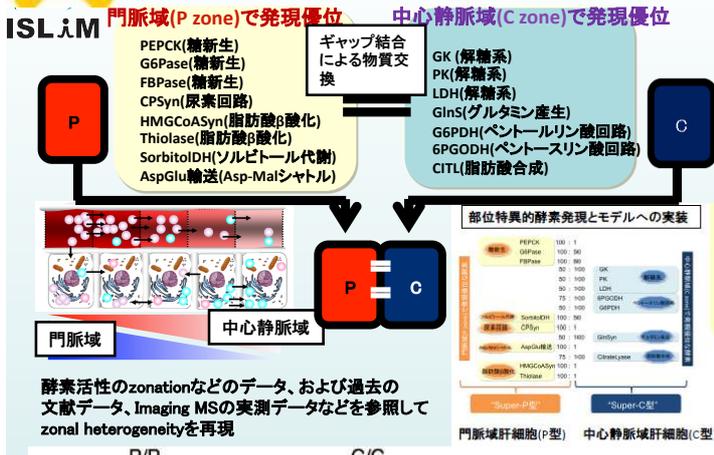
肝小葉モデル(代謝骨格モデル)

50×50×500(百万)ボクセルを10万並列で計算

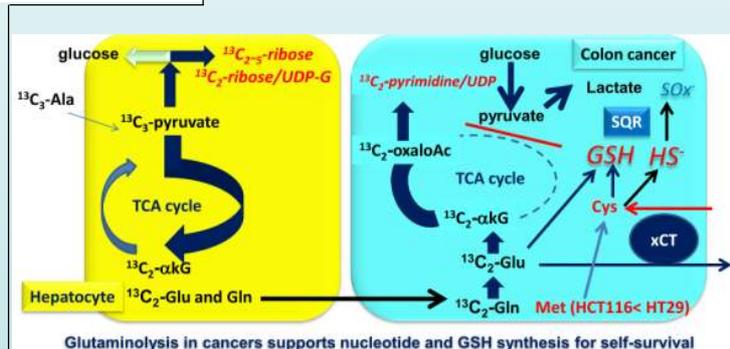
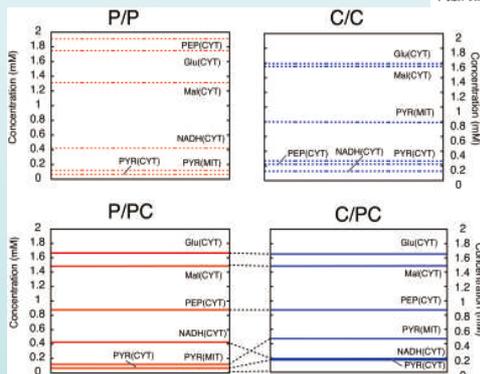
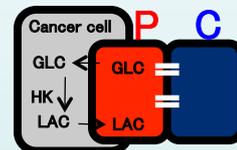
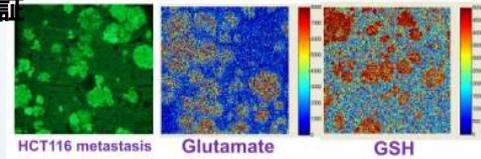
フル代謝モデルを想定 Δt=0.5ms
実時間10分:10万並列:40hr



肝細胞シミュレーション



肝細胞・大腸癌代謝シミュレーションを用いた代謝システム応答予測とImaging MSによる実証





臓器全身スケール研究開発



ISL&M

RIKEN

開発目標:ペタフロップス級の計算量を用いて、数時間で実行可能な臓器全身シミュレーションの構築を目指す。これにより、病態予測や治療予測等の医療支援ツールの開発につなげる。

開発計画:血管網、各種臓器、全身を3次元的に再現した臓器全身モデルを構築し、病態予測や治療予測を行う臓器全身モデルを次世代スパコンに実装、循環器系疾患を始めとする種々の病態のシミュレーションと、ガンなどの治療支援シミュレーション(放射線・集束超音波など)につなげる。



臓器全身モデルの構築

治療・診断の例(超音波を用いた悪性腫瘍の治療予測)



個別患者のモデルを作成



超音波伝搬シミュレーション

進捗状況:1mm分解能の全身ボクセルモデルを開発すると同時に新しい構造流体連成手法と多媒質内の超音波伝搬解析手法を開発した。これらにより、外科手術シミュレーションや収束超音波・重イオンビームによるガンの治療等へつなげる基盤を構築。血流や心臓のシミュレーションで京の理論性能の30-40%を達成

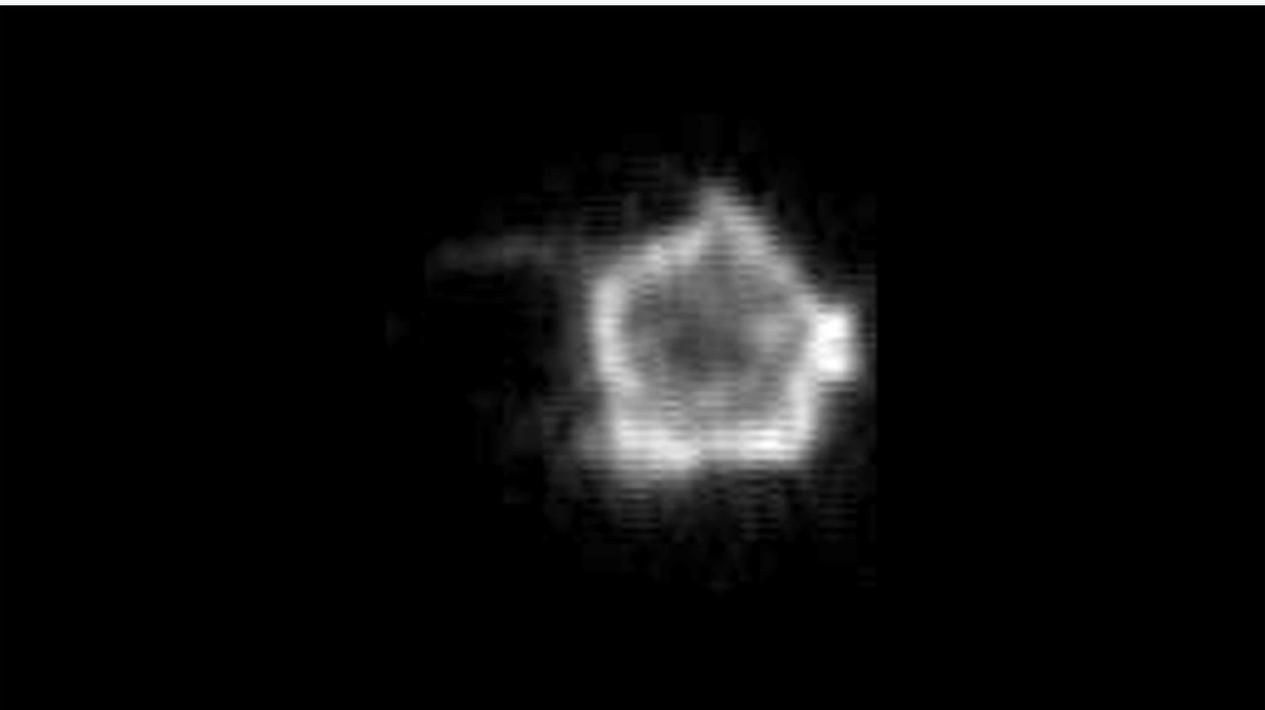


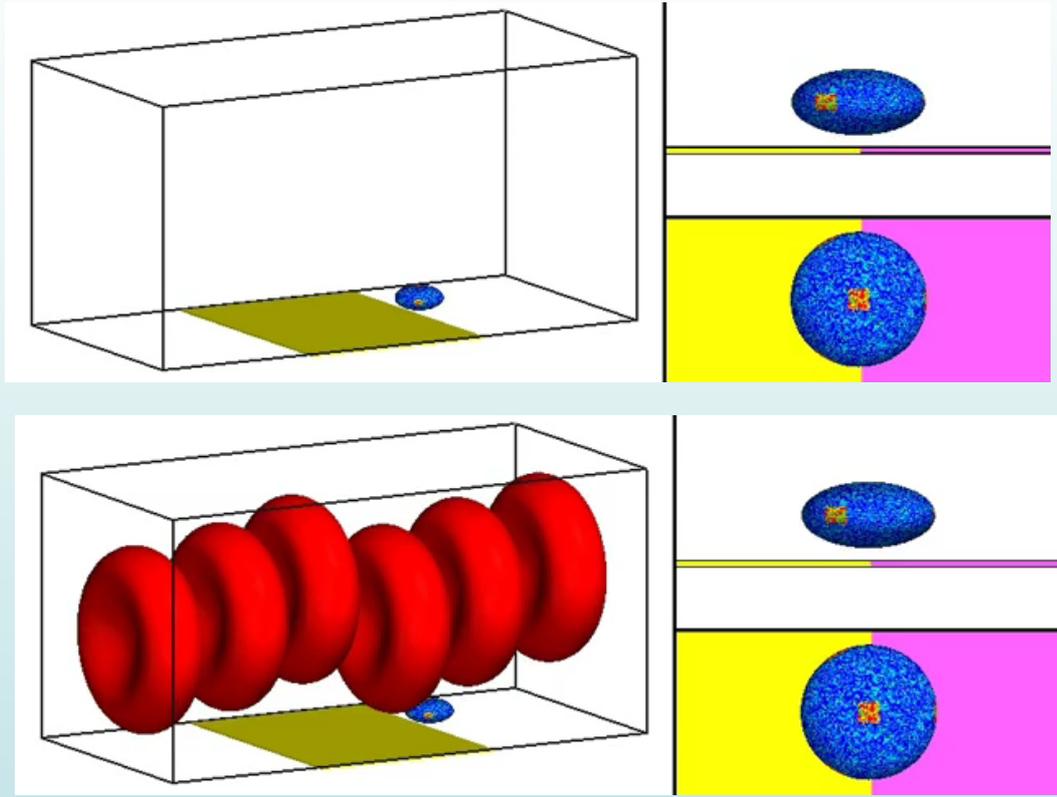
血小板の凝集と血栓の生成



ISL&M

RIKEN





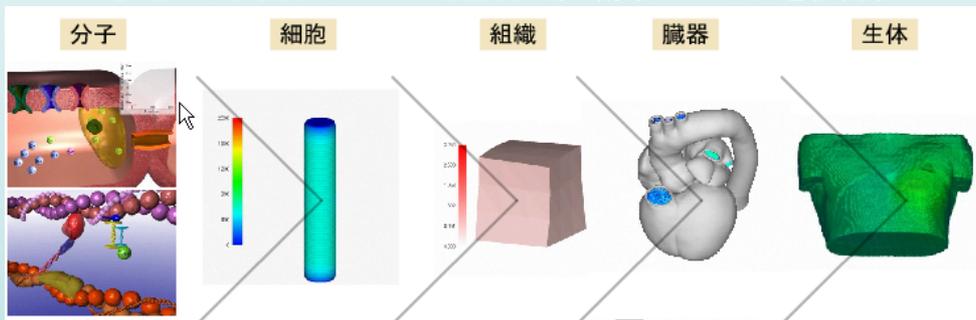
**世界最大規模の
 心筋細胞レベルからの心臓全体シミュレーションを目指す**

— 世界でも前例のないバーチャル心臓を世界最大規模でコンピュータ上に再現 —

ソフトウェアの特徴

○分子レベルの電気化学、力学現象を再現した、心筋細胞のモデルを使って心臓を組み上げ、心臓の動きと血液の拍動を再現するシミュレーション・ソフト

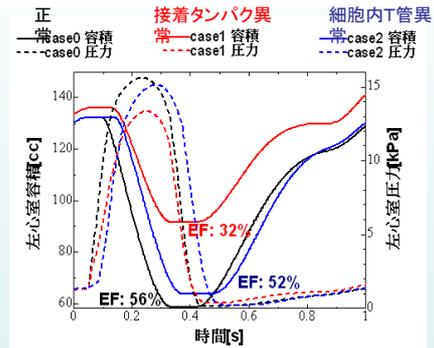
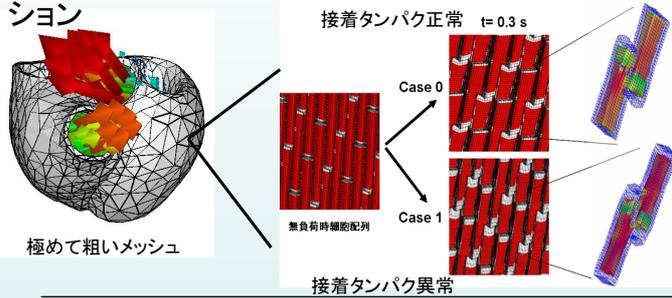
○各種心臓病(不整脈や拡張型心筋症など)の基になっている因子を細胞内で起きる分子レベルの挙動から検討することが可能。医療・創薬への応用を検討。



マルチスケール・マルチフィジクス心臓シミュレータ UT-Heart

マイクロレベルの異常と心疾患の関係を合理的に解明し、医学・医療に貢献する日本の独自技術

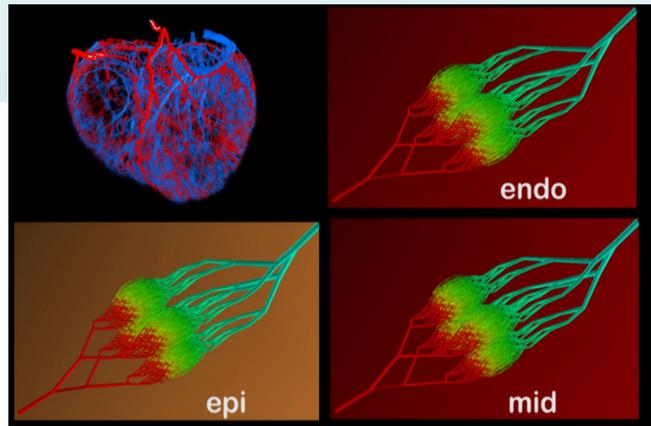
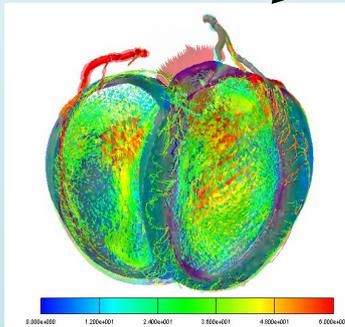
RICC 8000コアによる予備的シミュレーション



京では更に「毛細管まで再現した冠循環」と「細胞内の代謝機構」を導入し、虚血性心疾患など多様な病気を再現

正常な冠循環：大動脈から入った血液は4拍程で毛細血管床に至る

右の動画は冠状動脈（左回旋枝）閉塞により、始めは酸素、やがてATPが欠乏する急性心筋梗塞のシミュレーション。色は収縮力を表す
可視化：富士通（株）



低侵襲治療シミュレーション:ZZ-HIFU (ボクセル超音波伝播プログラム)



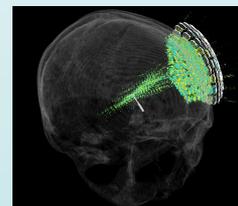
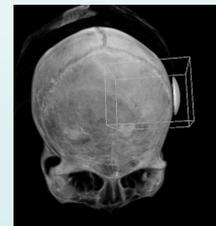
開発責任者：松本 洋一郎（東京大学）

超音波治療機器の設計開発・安全性の確認に貢献

— 患部だけを焼く集束超音波治療の安全な適用に向けた計算科学技術 —

ソフトウェアの特徴

- 人体内（骨や臓器など音響特性の異なる多媒質体内）の超音波伝搬をシミュレーションするソフトウェア
- 医療画像データから開発されたボクセル人体モデルを使ってシミュレーション。HIFU（強力集束超音波）を使った治療機器の超音波の集束状況の高精度な制御をシミュレーション可能
- 現在の超音波治療では対応困難な肝臓などの体内深部にある臓器や脳など骨で囲まれた部位に対して、集束超音波で腫瘍を焼灼する医療機器の開発に利用。シミュレーション結果をもとに超音波の照射方法を検討し、手術計画を立案可能



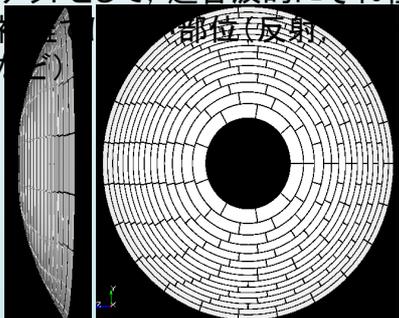
頭蓋骨越しのHIFU照射シミュレーション

超音波治療シミュレータ (ZZ-HIFU)

乳腺疾患治療用256chアレイトランスデューサの開発支援
(国産初の超音波治療の開発に向けて)

TSBMI*における低侵襲診断治療
機器の開発との共同

- 女性の罹患率では乳がんがトップ
- 皮膚表面も傷をつけない温存療法
- 治療機器開発のはじめのターゲットとして、超音波的にそれ程

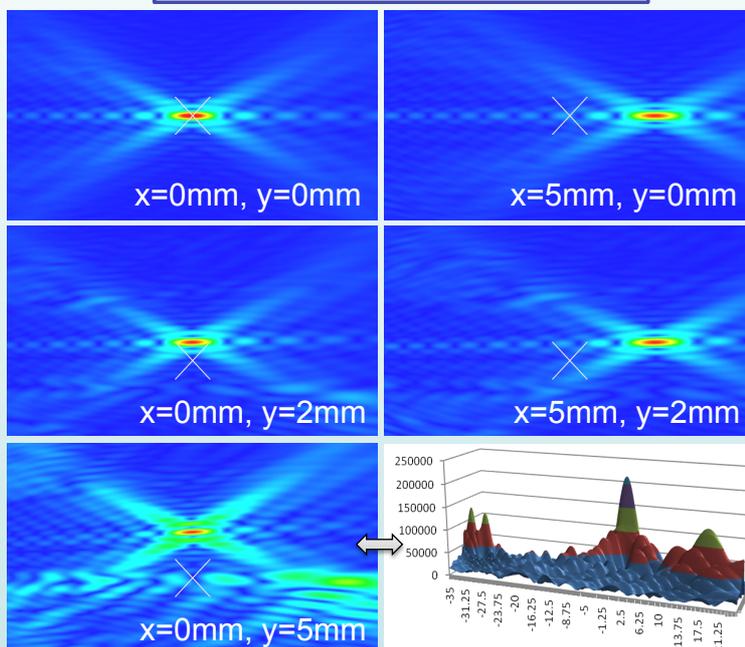


256ch, 2MHz, F=0.8



*システム疾患生命科学による先端医療技術開発拠点

焦点位置による超音波音場の変化



脳神経系チームの目標

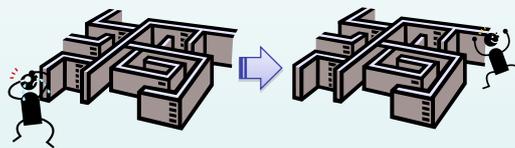


脳神経系シミュレーションで解明すべき生命機能

脳神経系にとって最も重要な機能は、情報処理（知覚処理）と学習（適応）である

①秒以下の時間スケールで情報を処理

②分、時間という時間スケールで学習



次世代スーパーコンピュータで脳神経系のリアルなシミュレーションが初めて可能に

今まで

- ・スケールを小さくした局所回路のシミュレーション
- ・仮想的に設定した入出力について脳神経系の動態を再現



次世代スーパーコンピュータでは

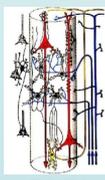
- ・実際の脳の複雑度を再現できるリアルな局所回路のシミュレーション
- ・脳神経系の実際の入出力関係を再現するシミュレーション

次世代スパコンによる脳神経系シミュレーションの具体的なターゲット

①脳神経系の基本的な情報処理単位の役割解明
「神経細胞と局所神経回路」



- ・シナプス結合
- ・スパインの形態変化

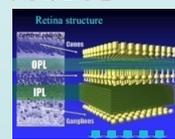


局所回路

②脳全体レベルでの情報処理機構の解明
「無脊椎動物嗅覚系とほ乳類視覚系」



昆虫脳(約10,000ニューロン)



全網膜(約1,000,000ニューロン)



ソフトウェアの開発状況

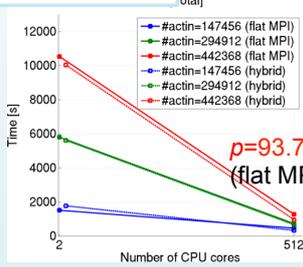


ISL&M

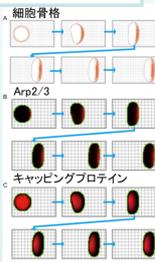
神経細胞形態シミュレータ NeuroMorphoKit

★京上でのハイブリッド並列実装、フィラメントベースの細胞形態変化シミュレーションの達成

京での性能評価

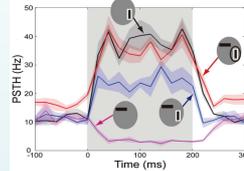


細胞走性の再現

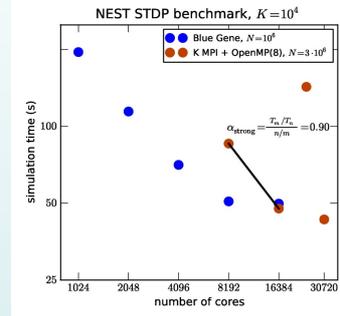


局所回路シミュレータ NEST

★京上で30720並列により大規模回路のシミュレーションを達成、層構造を持つ大脳皮質回路の特性を

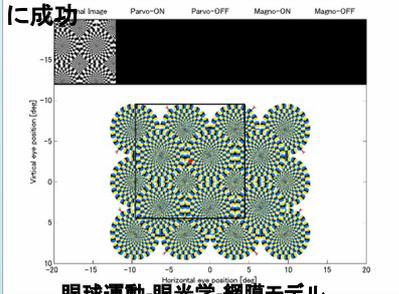


注意に依存した層依存的活動を再現

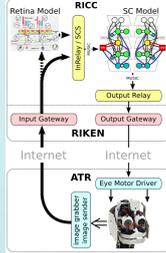


全視覚系シミュレーション環境 VSM

★RICC上で全視覚系の2460並列を達成、RICC上の視覚モデル統合によりロボットカメラをオンライン制御に成功

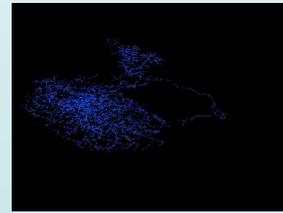


眼球運動-眼光学-網膜モデル

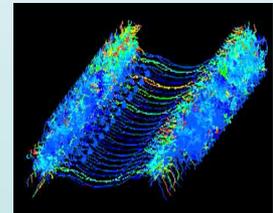


昆虫嗅覚系シミュレータ IOSSIM

★詳細データに基づき京上で49152並列での回路シミュレーションを達成、嗅覚情報処理の動特性の再現



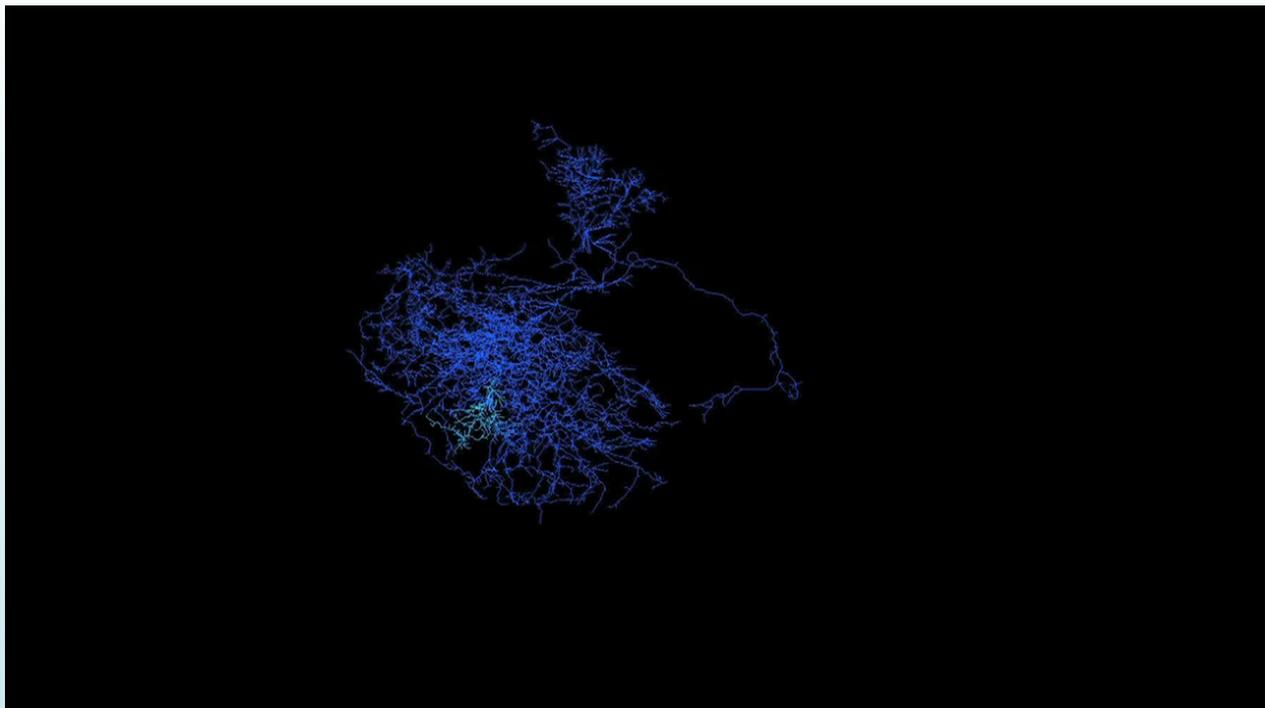
単一ニューロン活動のシミュレーション

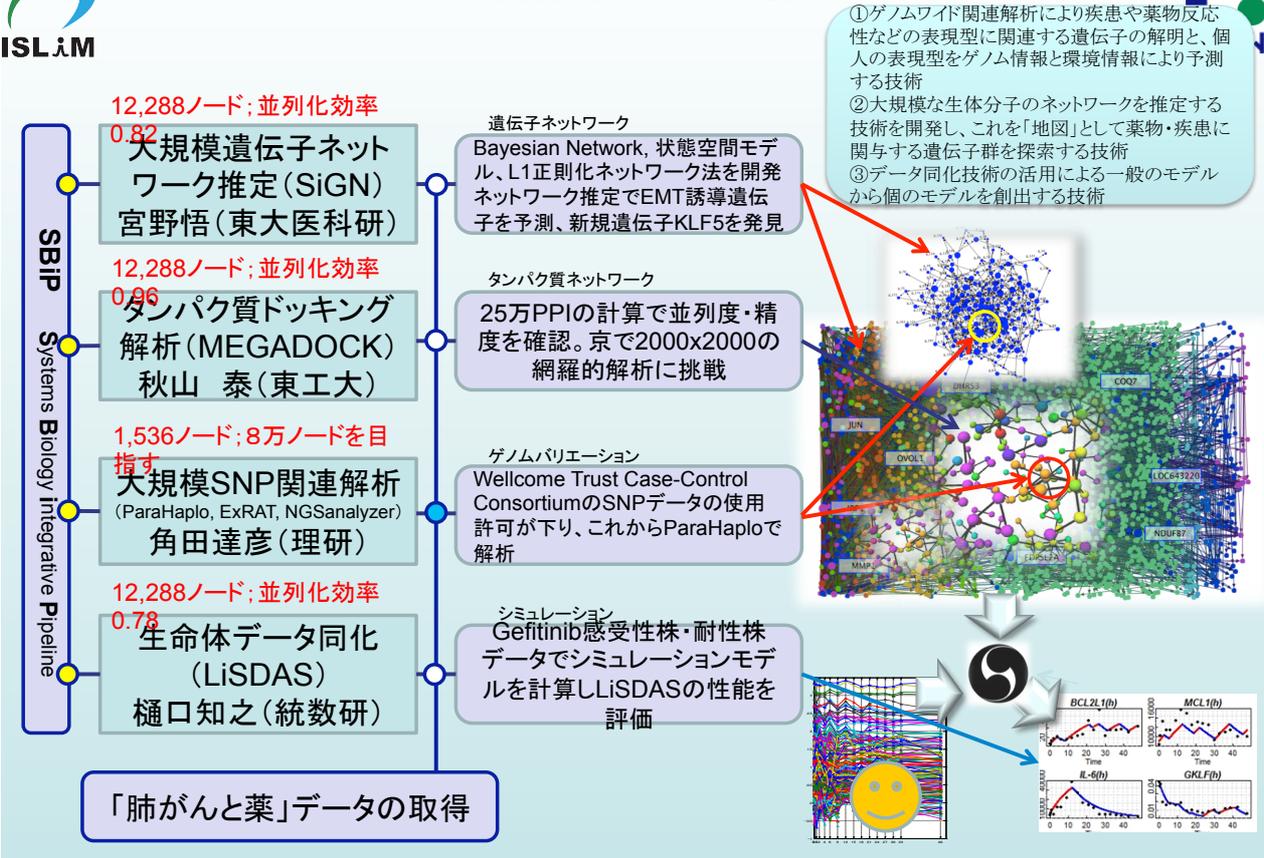


神経回路活動のシミュレーション



神経系シミュレーション(蚕蛾)





ハプロタイプ関連解析に於ける統計検定ソフトウェア (ParaHaplo)

開発責任者: 角田 達彦 (理化学研究所)

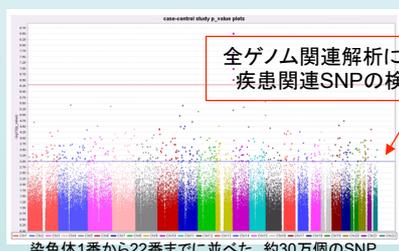
疾患の原因遺伝子を一挙に発見することを目指す

— 個人の遺伝情報と疾病、薬物反応性の関連を明らかに —

ソフトウェアの特徴

- 複数の遺伝子や環境要因(身長、体重、喫煙、飲酒など)の組み合わせによって決まる疾病や薬物の効き方、副作用などの関連を網羅的に解析
- 全ゲノム(30億塩基)の個人ごとの遺伝情報の違いの中から、疾病に関連する遺伝情報を、網羅的に精度よく探し出すことが可能に

SNP遺伝子型と疾患との関連を示すアソシエーション検定のP値の $-\log$ P値



■ 高度化支援

- ISLiMで開発されたソフトウェアの京コンピュータ上での稼働・チューニング支援

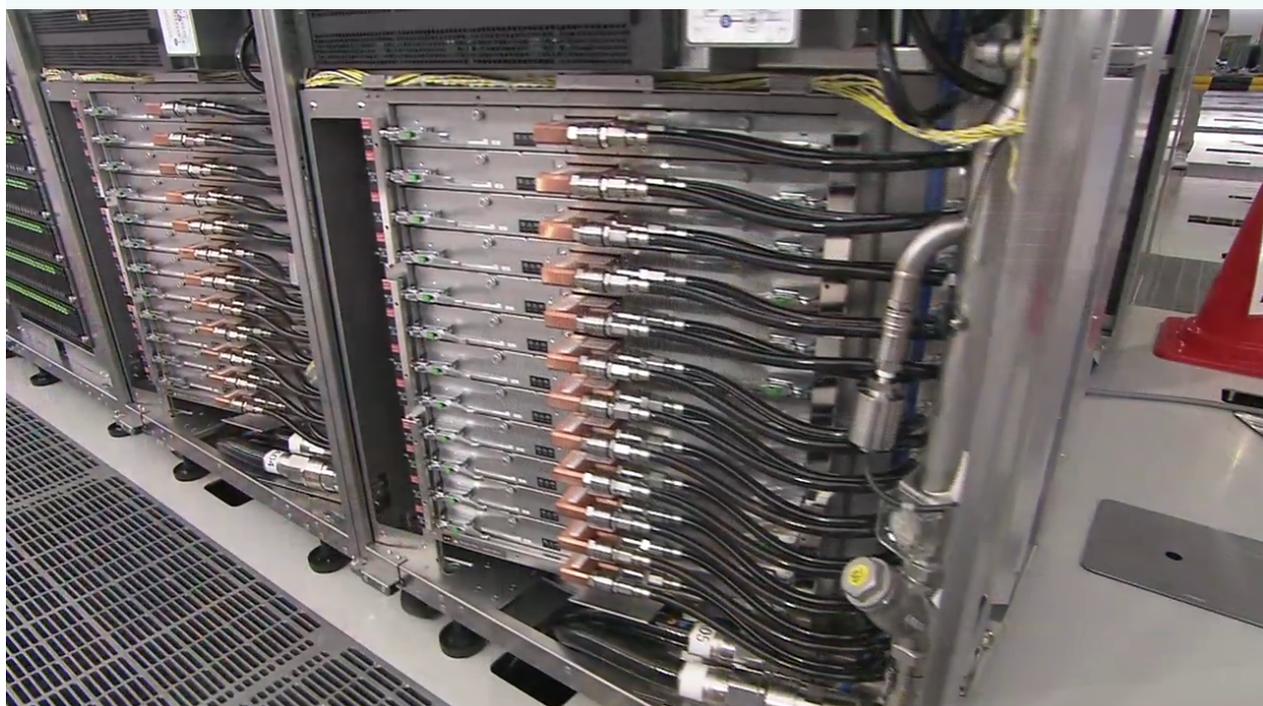
■ MDコアソフトウェア

- 高い並列度・性能を達成
- Gordon Bell Prizeへのエントリーを目指す

■ 大規模仮想化合物ライブラリ(東大・船津)

- 大規模な計算能力を活用するための仮想化合物ライブラリ

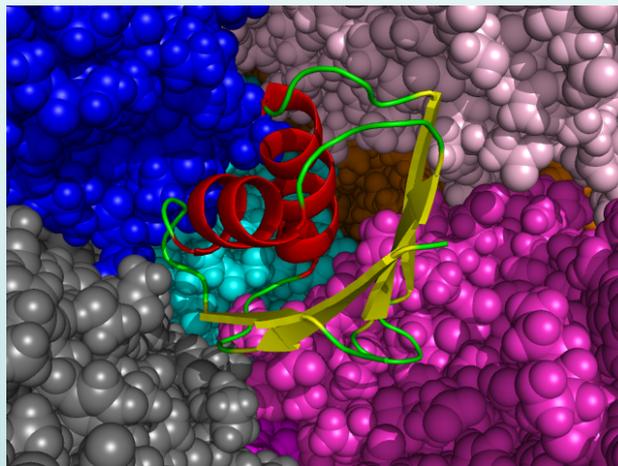
- 1.3PetaFLOPS, 実効効率37.2%(3月末)



3.5PFLOPSの京コンピュータ上で、 1.315PFLOPSの性能を達成

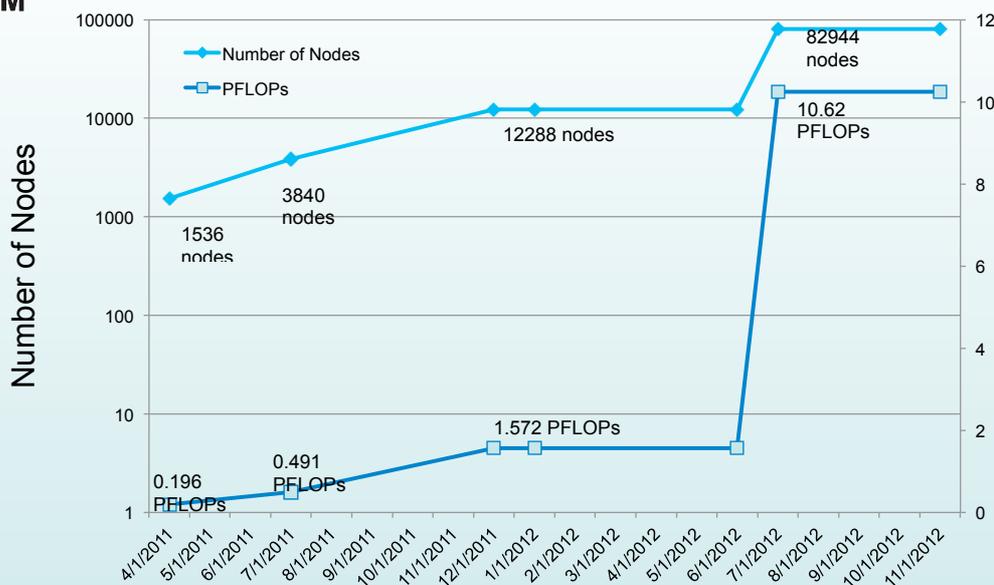


- 効率 37%
- 細胞混雑下でのタンパク質動態シミュレーション
- 1.8億原子、カットオフ
- これまで行われたタンパク質の分子動力学シミュレーションで最高の性能

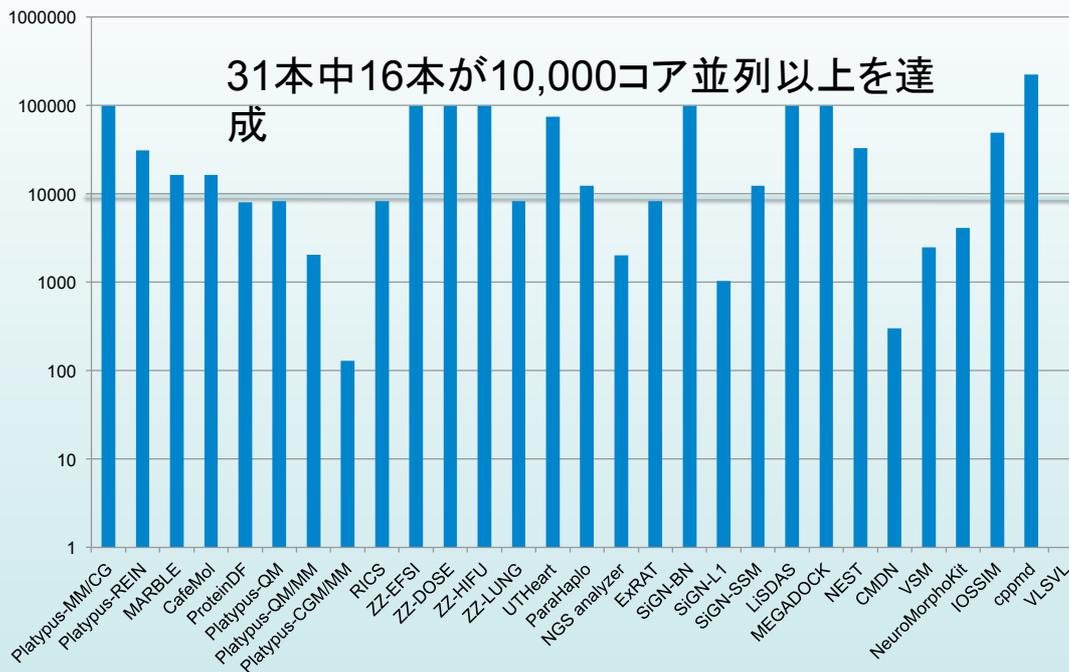
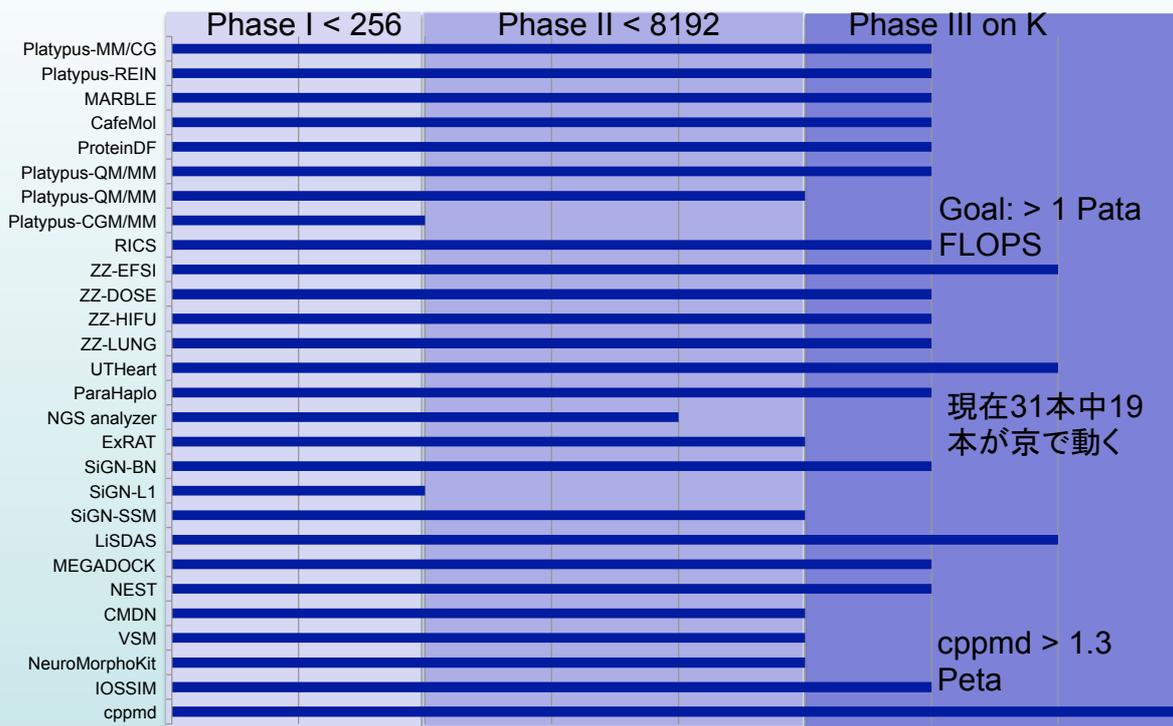


※本成果は、グランドチャレンジプロジェクト「次世代生命体統合シミュレーション」の一環であり、早期の成果創出の要求に基づきマシン割り当てに特別な配慮をいただいて実現したものです。

京での試験利用の計画概要



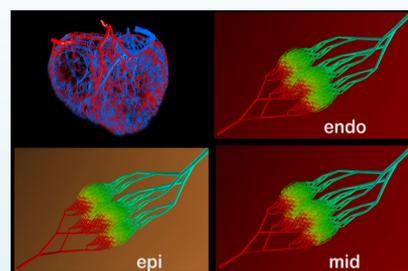
	2011/4/1	2011/7/1	2011/12/1	2012/1/1	2012/6/1	2012/7/1	2012/11/1
Number of Nodes	1536	3840	12288	12288	12288	82944	82944
PFLOPs	0.196	0.491	1.572	1.572	1.572	10.62	10.62



心臓シミュレーション: 約30%

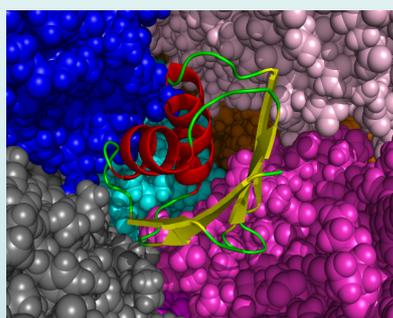
血流シミュレーション: 43%

分子動力学ソフト: 37%

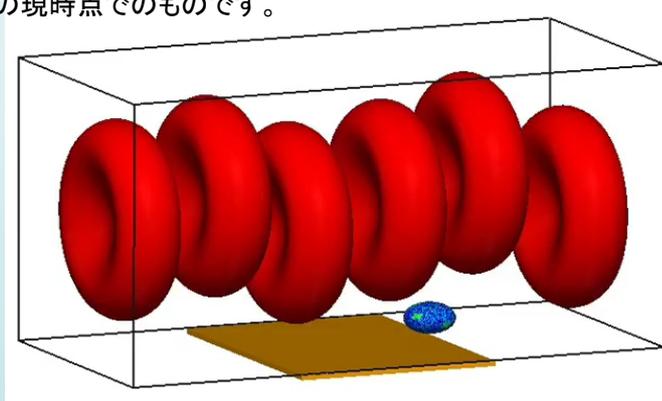


UT-Heart

註: これらの性能数値は開発途中の京の現時点でのものです。



cppmd



ZZ-EFSI

まとめ

- 京のフル稼働に向けて着々とソフトの最適化を進行中
 - SIMD、hybrid並列に合わせたコード書き換え
 - Tofuネットワークに合わせた通信の最適化
 - 超並列アルゴリズム
- 最適化後のソフトは理論性能の約40%の実効性能
- 今後
 - コードの最適化は継続し、さらなる性能向上に努める
 - 同時に生命科学・医療で成果を上げ、ソフトを普及させる方向に力をシフトする

謝辞: 京での計算に関しては京速コンピュータ京の試験利用、および本年3月での特別運用での結果です。また、PCクラスターでの性能計測に関しては理化学研究所情報基盤センターのRICCを使用しています。



ISL&M



RIKEN



JAIST
JAPAN
ADVANCED INSTITUTE OF
SCIENCE AND TECHNOLOGY
1999



KYOTO UNIVERSITY
FOUNDED 1869



大阪大学
OSAKA UNIVERSITY



KOBE
UNIVERSITY



広島大学



大学共同利用機関法人
情報・システム研究機構
Research Organization of Information and Systems



13機関：東京大学、大阪大学、京都大学、東北大学、北陸先端大学、東海大学、千葉大学、慶応大学、横浜市大、東工大、広島大学、統計数理研究所、理化学研究所
約200名の研究者（ポスドク約80名）



RIKEN



東北大学



国立大学法人 千葉大学
National University Corporation
Chiba University



東京大学
THE UNIVERSITY OF TOKYO

Keio University



1858
CALAMUS GLADIO FERTIOR



東京工業大学
Tokyo Institute of Technology



TOKAI
UNIVERSITY
EDUCATIONAL SYSTEM



公立大学法人 横浜市立大学



ISL&M

Contributors



RIKEN



Workshop in 2009

1st Joint Workshop on Coi
7-8 Jul 2008

Workshop in 2008



アプリのリスト(1)

	アプリケーション名	略称	開発責任者	言語	並列化の方法
分子	密度汎関数法に基づくタンパク質全電子波動関数計算	ProteinDF	佐藤(東大)	C++	MPI, OpenMP
	粗視化モデル計算	CafeMol	高田(京大)	Fortran90	MPI, OpenMP
	全原子分子動力学計算	MARBLE	池口(横浜市大)	C	MPI
	マルチコピー・マルチスケール分子シミュレーション法開発の基盤となるクラスライブラリ	Platypus-MM/CG	木寺(横浜市大・理研)	C++	MPI
	ハイブリッドQM/MM反応自由エネルギー計算	Platypus-QM/MM-FE	林(京大)	FORTTRAN77	GAMESSのsocksライブラリ
	レプリカ交換分子動力学計算インターフェイス	Platypus-REIN	杉田(理研)	Fortna90	MPI
	粗視化モデル計算/分子動力学計算	Platypus-CGM/MM	中村(阪大)	C++, Fortna90	MPI
	量子化学計算/分子動力学計算	Platypus-QM/MM	中村(阪大)	FORTTRAN77, Fortran90	MPI
	量子化学計算	Platypus-QM	中村(阪大)	FORTTRAN77, Fortran90	MPI
細胞	細胞シミュレーションプラットフォーム	RICS	横田(理研)	Fortran, C, C++	Sphere(MPI)
臓器全身	全身ボクセルシミュレーション(ボクセル構造流体連成解析プログラム)	SPH3D	高木(東大・理研)	Fortran, C, C++	Sphere(MPI)
	マルチスケール・マルチフィジックス心臓シミュレーション	UTHeart	久田(東大)	Fortran	MPI&OpenMP
	低侵襲治療シミュレーション(ボクセル超音波伝播プログラム)	HIFU	高木・松本(東大)	Fortran90	MPI&OpenMP
	微小循環シミュレータ(埋め込み境界法による微小循環プログラム)	ZZ-RBC	高木(東大・理研)	Fortran90	Sphere(MPI)
	重粒子線治療シミュレーション	ZZ-DOSE	高木(東大・理研)	Fortran90	MPI
	肺呼吸・肺循環シミュレーション	ZZ-LUNG	和田(阪大)	Fortran, C, C++	Sphere(MPI)

アプリのリスト(2)

データ解析融合	ハプロタイプ関連解析に於ける統計検定を行うためのソフトウェア	ParaHaplo	鎌谷(理研)	C	MPI, OpenMP
	大規模遺伝子制御ネットワーク推定プログラム	SIGN	宮野(東大)	C99	MPI, EP (SGE)
	再帰的正則化法による生体内分子の大規模ネットワーク推定プログラム	LIGN	宮野(東大)	R	EP (SGE)
	状態空間モデルによる時系列データからの遺伝子ネットワーク推定プログラム	SSM	宮野(東大)	C, C++, JAVA	MPI, OpenMP
	データ解析融合プラットフォームの開発	SBIP	宮野(東大)		プラットフォーム
	網羅的タンパク質ドッキング解析プログラム	MEGADOCK	秋山(東工大)	C++	MPI
	生命体データ同化プログラム	LiSDAS	樋口(統数研)	Fortran90, C, C++	MPI, OpenMP
	次世代シーケンス解析プログラム	NGS analyzer	鎌谷(理研)	perl, shell	EP
	拡張RAT法による2SNP組合せの全ゲノム関連解析ソフトウェア	ExRAT	鎌谷(理研)	C++	MPI
脳神経	Neural Simulation Tool	NEST	Diesman(理研)		
	Cortical Microcircuit Developed on NEST - Interneuron	CMDN	深井(理研)	SLI, C++	MPI
	神経細胞形態シミュレーションキット	NeuroMorphoKit	石井(京大)	MATLAB, C/C++	逐次
	視覚系シミュレーションのための共有プラットフォーム	VSM	臼井(理研)		プラットフォーム
基盤	昆虫嗅覚系全脳シミュレータ	IOSSIM	神崎(東大)		実験系アプリ
	大規模並列用MDコアプログラム	cppmd	泰地(理研)	C++	MPI
	大規模仮想化合物ライブラリー	VLSVL	船津(東大)		EP
	分散並列大規模データ可視化システム	LSV	小野(理研)	C++, C	MPI
アプリケーションミドルウェア	SPHERE	小野(理研)	C++,C	MPI	