2021年度JHPCN - jh210036-NAH課題 - ポスター (2021/6/29版)







FMOプログラムABINIT-MPの高速化と 超大規模系への対応

望月祐志^{1,2}(課題責任者) 中野達也³、坂倉耕太⁴、渡邊啓正⁵、秋澤和輝¹ 片桐孝洋⁶、大島聡史⁶、山梨祥平⁶、森下誠⁶ 1:立教大、2:東大生研、3:国立衛研、4:FOCUS 5:HPCシステムズ、6:名大

謝辞:SS研「A64FXシステムアプリ性能検討WG」の活動とも連携しています

フラグメント分子軌道(FMO)法

◇巨大分子系

生体高分子や凝集系では一般的
 ⇒ タンパク質、DNA (水和状態)
 数千~数万原子、数千~数十万軌道



◇分割&統合系のアプローチの一つ 北浦らが20年前に2体展開で提案

【HIVプロテアーゼとロピナビル】

- ⇒ フラグメントとその対で系のエネルギーを評価 (FMO2)
- ⇒ 環境静電ポテンシャル (ESP)、直接結合切断 (BDA)
- ⇒ 階層的な並列処理(フラグメントリスト&内部処理)
- ⇒ 電子相関の導入、分子構造の最適化も可能
- フラグメント間の相互作用エネルギー(IFIE)
 - ⇒ 計算対象の解析ツール
 - ⇒ 創薬設計には好適





ダイマ-

モノマー(アミノ酸単位など)

FMO計算のためのプログラム

◇GAMESS-US [米国Gordonグループ]; Fedorov、北浦、中田ら GAUSSIANに抗し得る有カなフリーソフト、世界規模 (Fortran) ⇒ 様々な計算機能をFMO化、GDDI並列

◇ABINIT-MP; 望月、中野ら
 実用機能は十分、東大系PJ・CREST-PJなどで開発 (Fortran)
 ⇒ IOレス、MPI/OpenMP並列、4体展開FMO、専用GUI



ABINIT-MPの主な機能(オープンシリーズとして整備中)

・エネルギー

- \rightarrow FMO4: HF, MP2
- \rightarrow FMO2: HF~CCSD(T), LRD
- \rightarrow FMO2: CIS/CIS(D)

・エネルギー微分

- \rightarrow FMO4: HF, MP2
- → FMO2: MP2構造最適化, MD
- ・その他機能
 - \rightarrow SCIFIE, PB, sp2-BDA, a(ω)
 - → 電子密度生成, CAFI, FILM
- ・並列化環境(PC~スパコン)
 - → MPI, OpenMP/MPI混成
 - → 最深部はBLAS処理

A	、保護されていない通信 cenav.org/abinit-mp-open_ver-1-rev-22/	☆	Ь	0
	計算 「 す 「 す 」 「 す 」 」 し 、 、 、 、 、 、 し に HPCを活用するための ロ ウイン 検索 レポート ニュース 解析事例データベース ライブラリ Q&A コミュニティー			٩

http://www.cenay.org/abinitmpopen1/

ABINIT-MP Openシリーズ (Ver.1 Rev.22)

※2019年3月版(Ver.1 Rev.15)に関するページはこちらです

はじめに

ABINIT-MPは、フラグメント分子軌道(FMO)計算を高速に行えるソフトウェアです[1]。 専用GUIのBioStation Viewerとの連携により、入力データの作成〜計算結果の解析が容易 に行えます。4体フラグメント展開(FMO4)による2次摂動計算も可能です。また、部分構 違黒道化や分子動力学の機能もあります。FMOエネルギー計算では、小規模のサーバから超 並列スパコンまで対応しています(Flat MPIとOpenMP/MPI混成)。

[1]"Electron-correlated fragment-molecular-orbital calculations for biomolecular and nano systems", S. Tanaka, Y. Mochizuki, Y. Komeiji, Y. Okiyama, K. Fukuzawa, Phys. Chem. Chem. Phys. 16 (2014) 10310-10344.

Open Ver. 1 (ポスト「京」のPJで整備) ・Rev. 5 (2016年12月) ・Rev. 10 (2018年2月) ・Rev. 15 (2019年3月) ・Rev. 22 (2020年6月); 当面は併存

Open Ver. 2 (「富岳」の時代に移行) ・Rev. 5 (2021年7月予定)

基本のHF計算

 $\mathbf{F}^{x} \mathbf{C}^{x} = \mathbf{S}^{x} \mathbf{C}^{x} \varepsilon^{x} \qquad \mathbf{F}^{x} = \mathbf{H}^{x} + \mathbf{G}^{x} \quad \Leftrightarrow \quad \mathsf{HFO} - \boldsymbol{\mathrm{\theta}} \boldsymbol{\mathrm{\ell}} \boldsymbol{\mathrm{b}} \boldsymbol{\mathrm{d}} \boldsymbol{\mathrm{b}} \boldsymbol{\mathrm{d}} (\boldsymbol{\mathrm{g}} \boldsymbol{\mathrm{g}} \boldsymbol{\mathrm{g}} \boldsymbol{\mathrm{h}} \boldsymbol{\mathrm{f}} \boldsymbol{\mathrm{g}})$ $H_{\mu\nu}^{x} = H_{\mu\nu}^{core\ x} + V_{\mu\nu}^{x} + \sum_{k} B_{k} \langle \boldsymbol{\mu} | \boldsymbol{\theta}_{k} \rangle \langle \boldsymbol{\theta}_{k} | \boldsymbol{\nu} \rangle \qquad V_{\mu\nu}^{x} = \sum_{K \neq x} (\boldsymbol{\mu}_{\mu\nu}^{K} + \boldsymbol{\nu}_{\mu\nu}^{K}) \quad \Leftrightarrow \quad \mathbf{1}$ $\mathbf{1}$ $\mathbf{1$

高速化のための幾つかの工夫

$$\begin{split} V_{\mu\nu}^{L} &\cong \sum_{\lambda \in L} (\mathbf{P}^{L} \mathbf{S}^{L})_{\lambda\lambda} (\mu\nu \mid \lambda\lambda) \quad \text{for } R_{\min}(X,L) \geq L_{\text{aoc}} \quad \Leftrightarrow \text{ ESP-AOC近似 (実用精度高し)} \\ V_{\mu\nu}^{L} &\cong \sum_{A \in L} \left\langle \mu \mid \left(Q_{A} / |\mathbf{r} - \mathbf{A}| \right) | \nu \right\rangle \quad \text{for } R_{\min}(X,L) \geq L_{\mu\nu} \qquad Q_{A} = \sum_{\lambda \in A} (\mathbf{P}^{L} \mathbf{S}^{L})_{\lambda\lambda} \quad \Leftrightarrow \text{ ESP-PTC近似 (速い)} \\ E_{IJ}^{L} &\cong E_{I}^{L} + E_{J}^{L} + \text{Tr} \left(\mathbf{P}^{I} \mathbf{u}^{J} \right) + \text{Tr} \left(\mathbf{P}^{J} \mathbf{u}^{I} \right) + \sum_{\mu\nu \in I} \sum_{\lambda\sigma \in J} \mathbf{P}_{\mu\nu}^{I} \mathbf{P}_{\lambda\sigma}^{J} (\mu\nu \mid \lambda\sigma) \quad \Leftrightarrow \text{ Dimer-ES近似 (HF計算無)} \end{split}$$

種々の工夫により、FMO2の計算コストのシステムサイズ依存性は2乗より低い

Refs.; Y. Mochizuki et al., *Chem. Phys. Lett.* **396** (2004) 473. & Y. Mochizuki et al., *Theor. Chem. Acc.* **112** (2004) 442. Y. Mochizuki et al. *Chem. Phys. Lett.* **457** (2008) 396.

MP2エネルギー計算(ABINIT-MPの実装)



$$E^{MP2} = \sum_{ijab} \frac{(ia \mid jb) (2(ia \mid jb) - (ib \mid ja))}{\varepsilon_i + \varepsilon_j - \varepsilon_a - \varepsilon_b}$$

$$(ia \mid jb) = \sum_{\mu\nu\lambda\sigma} C_{\mu i} C_{\nu a} C_{\lambda j} C_{\sigma b} (\mu\nu \mid \lambda\sigma)$$

(基底関数の添字から変換)

Loop over *ij*-batch ! size depending on available memory Loop over σ ! to be parallelized

Loop over λ

Preparing $(\mu\nu|\lambda\sigma)$! for canonical $\mu\nu$ -pair

Forming $(i\nu|\lambda\sigma)$! DGEMM, fixed $\lambda\sigma$, running over μ Forming $(ia|\lambda\sigma)$! DGEMM, fixed $\lambda\sigma$, running over ν

Forming $(ia|j\sigma)$! DGEMM, fixed σ , direct-product for fixed λ

End of loop over λ

Forming (ia|jb) ! DGEMM, direct-product for fixed σ End of loop over σ ! all-reduce operation as barrier Calculate partial MP2 energy with respect to *ij*-batch End of loop over *ij*-batch $(iv | \lambda\sigma) = \sum_{\mu} C_{\mu i}(\mu v | \lambda\sigma)$ $(ia | \lambda\sigma) = \sum_{\nu} C_{\nu a}(iv | \lambda\sigma)$

 $(ia \mid j\sigma) = \sum_{\lambda} C_{\lambda j}(ia \mid \lambda\sigma)$ $(ia \mid jb) = \sum_{\sigma} C_{\sigma b}(ia \mid j\sigma)$

(DGEMMは行列積ルーチン)

DEGMMを使わず、閾値判定でDAXPYを使うことも可能(1段目、3段目)

Refs.; R. Hatada et al., J. Chem. Inform. Model. 60 (2020) 3593 & Appl. Phys. Express 14 (2021) 027003. S. Tanaka et al., J. Phys. Chem. B 125 (2021) 6501.



「富岳」の威力:0.6時間/1構造、100並列で1000構造が総計5時間

21年度のjh210036-NAHでの実施内容と現状(6月)

■ABINIT-MP関係(「不老」Type Iサブシステム)

- ・超大規模系対応: 1万超フラグメントのMP2ジョブの実現
 - →「不要な配列」の削除 (BioStation Viewerとの互換性は保留)
 - →「不要なプリント」の抑制
 - ⇒ 1.1万フラグメントのMP2/cc-pVDZ計算を達成 (1ラック)
 - ⇒ MP2は全段DGEMM処理がベター(10%程度速い)
- ・高速化: 2電子積分生成が全体の1/2のコスト、HF処理が1/4
 - → 積分ルーチンのSIMD化 (小原式アルゴリズムでタイプが多数)
 - → Fock行列の加算処理の改良
 - ⇒ 高速化は積分生成で17%、Fock行列構築で30%の速度向上

■機械学習関係(「不老」 Type IIサブシステム)

- ・画像処理データの準備
 - → 可視化IFIEデータの深層学習
 - → yンパク質の基本構造の判定 (aへリックス、 β シートの存在)
 - ⇒ TensorFlowを使った先行事例の「再訪」に向けて準備中

OPT = -O3 -Knosimd -Koptmsg=2 -V のオプション(暫定)

【「不老」 Type I】

超大規模系への対応(Ver.2 Rev.2:暫定版)

「不老」の1ラック、1プロセス/1ノードで実行 ・インフルHA+Fab抗体×2(PDB id: 1KEN)の水和モデル ・Dimer-ESの遠領域(Ldimer>5)は多重極展開で近似 ・フラグメント総数は11307、MP2/cc-pVDZジョブ、9.2時間 ・基本スケーリングは良好、多ラック使用で加速の見込み

TIME PROFILE

Elapsed	time:	Monomer SCF	=
Elapsed	time:	Monomer MP2	=
Elapsed	time:	Monomer (Total)	=
Elapsed	time:	Dimer ES	=
Elapsed	time:	Dimer SCF	=
Elapsed	time:	Dimer MP2	=
Elapsed	time:	Dimer (Total)	=
Elapsed	time:	FMO (Total)	=

Time profile

Number of cores (tota	al) = gment) =	384 1			
THEFADE (EDACMENT)	gmen <i>t</i>)	1			
IHREADS (FRAGMENI) = 48					
Total time =	33120.9	seconds			

14546.6	seconds
32.5	seconds
14741.5	seconds
4021.8	seconds
7215.9	seconds
2492.4	seconds
18240.6	seconds
32982.1	seconds

スケーリング性能の例

【測定&まとめ:SS研 - 井上グループ(富士通株式会社コンピューティング事業本部計算科学事業部)】

FMO-MP2計算のコスト分析(Ver.1 Rev.22)

■ プログラム全体のコスト分布

・Ala₉GlyのFMO-MP2/6-31G*のテストジョブ ・12スレッド8プロセス (2ノード実行 : FX1000)

- 基本プロファイラによるプロセス0番、スレッド0番のコスト分布
- 2電子積分処理が全体の約半分を占める ただし、81種の処理の総和であるため、 1種あたりのコストは1%前後と非常に小さい
- 通信に関連したコストは8%程度と小さい
- 性能改善に向けたソース分析は以下を対象とする
 - •2電子積分
 - Direct SCF
 - ■リスト作成

```
2電子積分:81種のサブルーチン(sub_*)のコスト総和Direct SCF:サブルーチンdirect_scf_gmatのコストリスト作成:3種のサブルーチン(get_tei_rs_fix,get_tei_pq_fix,get_ixijcs_to_proc_pqfix)のコスト総和通信関連:通信に関連した処理(putofu_*,opal_*,mca_*)のコスト総和システム関連:ライブラリやOSなどに関連した処理のコスト総和その他:上記以外の処理の総和
```


改善の方向性(積分の生成)

- 改良指針(井上G@富士通の助言)
 - OCL指示詞の導入によるSIMD化の促進、一部スカラ変数化も必要
 - コンパイラオプションの変更
- リファレンス
 - オリジナルコード、AlagGlyのMP2ジョブ
 - コンパイラオプション: -O3 Knosimd Koptmsg=2 V
 - 6-31G*//cc-pVZ: 153.0s/134.5s//337.4s/306.1s (MP2;AXPY/GEMM)
- 手動での最適化と結果
 - オリジナルコード+ssss, psss, spss, ssps, sssp, ppss, psps, psps, sspp, dsss, sdss, ssds, sssd(スカラ変数化)
 - OCL指示詞の追加
 - コンパイラオプション: -O3 Knosimd Kocl
 - 6-31G*//cc-pVZ:142.5s/124.5s(7.4%)//294.4s/254.0s(17.0%) (cc-pVDZの場合、オリジナルコードと比較して全体で17.0%の高速化) (kfastオプションの指定によってさらに高速化される可能性あり)

【「不老」 Type I】

改善の方向性(Fock行列の構築)

- 改良指針(井上G@富士通の助言)
 - 14個のIF分岐(添字の同値性判断)が最適化を阻害、アクセスも不連続に

■ 手動での最適化と結果

- 基底関数添字の同値性を(1/2)ⁿ (n=1,2,3)で繰り込み
- IFは積分閾値の篩い落としのみ
- 系にも拠るが最大で30%の加速

```
do p=ixi1, ixi2
  do q=ixj1, ixj2
    do r=ixk1, ixk2
       do s=ix11, ix12
         ix=ix+1
         val = sint(ix)
         if((abs(val) <= tv)) cycle
         fock(q, p) = fock(q, p) + dc(s, r) + val + 2. d0! クーロン項
         fock(s, r) = fock(s, r) + dc(q, p) * val*2. d0
         fock(r, p) = fock(r, p) - dc(s, q) * val*0.5d0! 交換項
         fock(s, p) = fock(s, p) - dc(r, q) * val*0.5d0
         fock(r, q) = fock(r, q) - dc(s, p) * va1*0.5d0
         fock(s, q) = fock(s, q) - dc(r, p) * val*0.5d0
        end do
    end do
  end do
end do
```

Ref.; S. Saitou et al., *Chem-Bio Inform. J.* 18 (2018) 58. / タンパク質の残基間のIFIEを上三角が安定化、下三角が不安定化でBSVで可視化、 当時はPCで行ったため32x32サイズに落として学習・判断させていた。

FMO計算結果の可視化の深層学習の先行例

αヘリックス構造

【「不老」 Type II】

可視化結果の再解析の準備

- ・既報のFMO計算結果をpython系ツールで再処理して可視化、ワークフローを確立中
- GPUスパコンの高速処理を前提に、画像をダウンサンプリングしないでそのまま利用

```
1 import seaborn as sns
       2 import pandas as pd
       3 import matplotlib.pyplot as plt
       4 import os
       5 import glob
       6 import subprocess
       7 import datetime
       8
       9 folder1 = input('csvにするフォルダ')
      10
      11 path1 = './'+folder1+'/*.out'
      12 files1 = glob.glob(path1)
      13
      14 print(path1)
      15 print(files1)
      16
      18 for i in range(len(files1)):
            subprocess.call(["python", "/home/sugiura/abmptools/getifiepieda.py","-ff","1-50","51-100","-i",files1[i]])
      19
22 foldername = input("フォルダ名入力")
23 path='./'+foldername+'/*-MP2total-ffmatrix.csv'
25 files = glob.glob(path)
26 print(files)
27 mkfoldername = folder1+'picture-'+str(datetime.datetime.now().strftime("%Y%m%d%H%M"))
28 os.makedirs(mkfoldername,exist_ok=True)
  for i in range(len(files)):
      df_ifie_csv = pd.read_csv(files[i], header=0, index_col=0, float_precision="high")
       plt.figure()
      sns.heatmap(df_ifie_csv,vmax=50,vmin=-50,center=0, cmap='bwr_r',cbar=False) #最大値 50,最小値-50 カラーバー非表示
       plt.axis('off')
```

```
plt.savefig(mkfoldername+'/seaborn_heatmap_list'+str(i)+'.png')
```

```
38
       plt.close('all')
```

24

29

30 31 32

33

35 36

まとめと(21年度の)関連活動

■jh210036-NAH課題@「不老」

・超大規模系対応 (Type Iサブシステム)

- ⇒ 1万フラグメントのFMO-MP2/cc-pVDZの完走は1Q期に達成
- ⇒ 2万フラグメント到達に向けて改良を継続(配列の追加整理が必要)
 ⇒ ベンチマーク的な応用計算の実行
- 高速化(Type Iサブシステム)
 - ⇒ 高速化は積分生成で17%、Fock行列構築で30%の速度向上
 - ⇒ HFでは積分バッファリングの併用を検討 (積分計算の総数を削減)

機械学習 (Type IIサブシステム)

⇒ 可視化IFIEデータの深層学習の実施

■hp210026課題@「富岳」(代表者:望月)

・ウイルスタンパク質の大規模FMO計算による相互作用エネルギー解析
 ⇒ MM-MD/FMO連携による統計的&データ科学的な評価

HPCI拠点へのABINIT-MPのライブラリ整備 (責任者:望月) ・A64FX系スパコンへの改良版の導入 ⇒「富岳」、「不老」、「Wisteria-o」