

はじめに 近年、遺伝子情報については多くの解析がなされてきた。しかし、遺伝子により構築された細胞が他の細胞と影響を与え合い、組織化するのかという点については不明な点が多い。そこで各細胞をモデル化、実時間シミュレーションによって細胞の挙動の観測が可能であれば、細胞の組織化の過程を解明する一助となりうる。

PXCA(Pixel Cluster Automata) モデルは細胞を xy 平面上に存在するピクセルの集合体として表す細胞指向モデルである [1]。細胞の特性をピクセルの状態を決定する計算式によって比較的容易に実装することができ、細胞モデルとして有用である。しかし計算量が膨大であるため、実用的なシミュレーションとするためには高速で大規模な計算が可能な環境が必要になる。

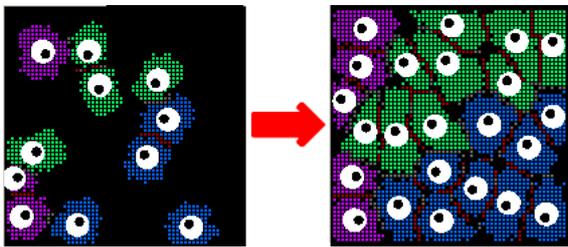


図 1: PXCA モデルによるシミュレーションの様子、ピクセル集合体が各細胞に相当

Cell/B.E.(Cell Broadband Engine) はソニー、IBM、東芝の 3 社が共同開発した異なる種類のプロセッサを複数持つヘテロニアスプロセッサである。PlayStation3(以下 PS3) に搭載されており、汎用動作をする PPE(PowerPC Processor Element)1 個と計算用に特化された SPE(Synargistic Processor Element)8 個から構成され、各プロセッサは高速に並列動作する。また、マルチコアによる並列処理が可能な環境として PS3 は比較的容易かつ低コストで導入が可能である。

本研究は、PXCA モデルによるシミュレーションプログラムを PS3 を用いて実装し動作時間や大規模化の可能性について調査・検討することを目的とする。

実装方法 細胞の成長・連結・死滅などの動作を再現した PXCA モデルによるシミュレーションプログラムを PS3 上に実装した。また、実装したプログラムについて連続した 4 値をベクトルとして扱い同時に処理を行う SIMD(Single Instruction Multiple Data) 演算を用いて最適化し、さらに利用可能な SPE に処理を割り振る並列化を行った。このプログラムについて初期段階から 1000 世代までの計算をピクセル場の大きさ、使用 SPE 数などの条件を変えて実行、それぞれの実行時間を測定・比較した。

結果及び検討 細胞数を 120、ピクセル場の大きさを 120×120 、 240×240 と設定したときの各種条件下での実行時間のグラフをそれぞれ図 2 に示す。

PPE のみで計算を行う場合、SIMD 演算を用いた最適化によってそれぞれ実行時間をおよそ 1/2 にする事ができた。また SPE を用いて並列化した場合、使用する SPE 数を多くするほど実行時間が短くなり、特に 5 個以上 SPE を使用した場合は PPE のみで処理をする場合よりも処理時間が短縮された。使用 SPE 数が少ない場合はメインメモリから SPE 内メモリにデータを読み込む時間がボトルネックになっていると考えられるが、この処理について効率化を図ることにより、今後更なる高速化が期待できる。

また PS3 上では製作プログラムからグラフィックボードへの直接アクセスが許可されていないため、計算した情報を画面に描画する処理に時間がかかるという欠点がある。従って、実時間シミュレーションを実現するためには PS3 を計算サーバとして稼働させ、描画はそれに接続されたクライアント側の計算機で行うといった対策が必要であると考えられる。

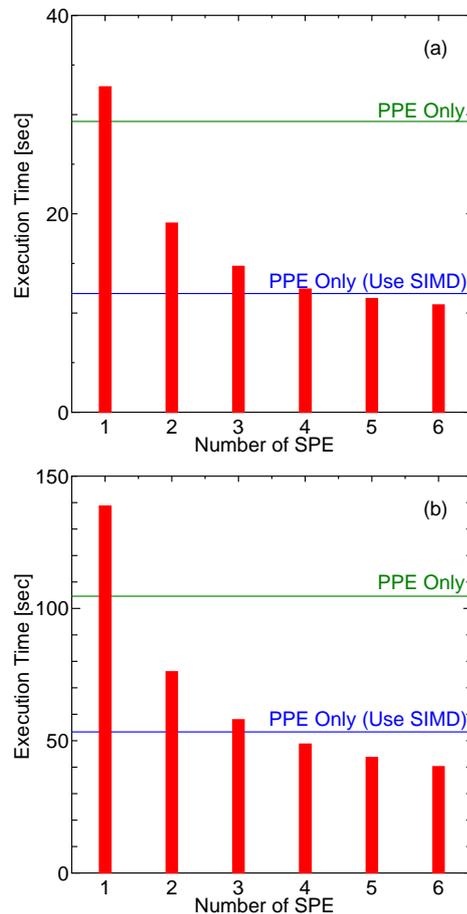


図 2: ピクセル場 (a) 120×120 、(b) 240×240 の場合の使用 SPE 数に対する実行時間

参考文献

- [1] 松野哲也, 「リアルタイムシミュレーションによるデジタル発生生物学」, FAIS マルチコアプロセッサ Workshop 2008