



Reedbush

データ解析・シミュレーション融合
スーパーコンピュータシステム

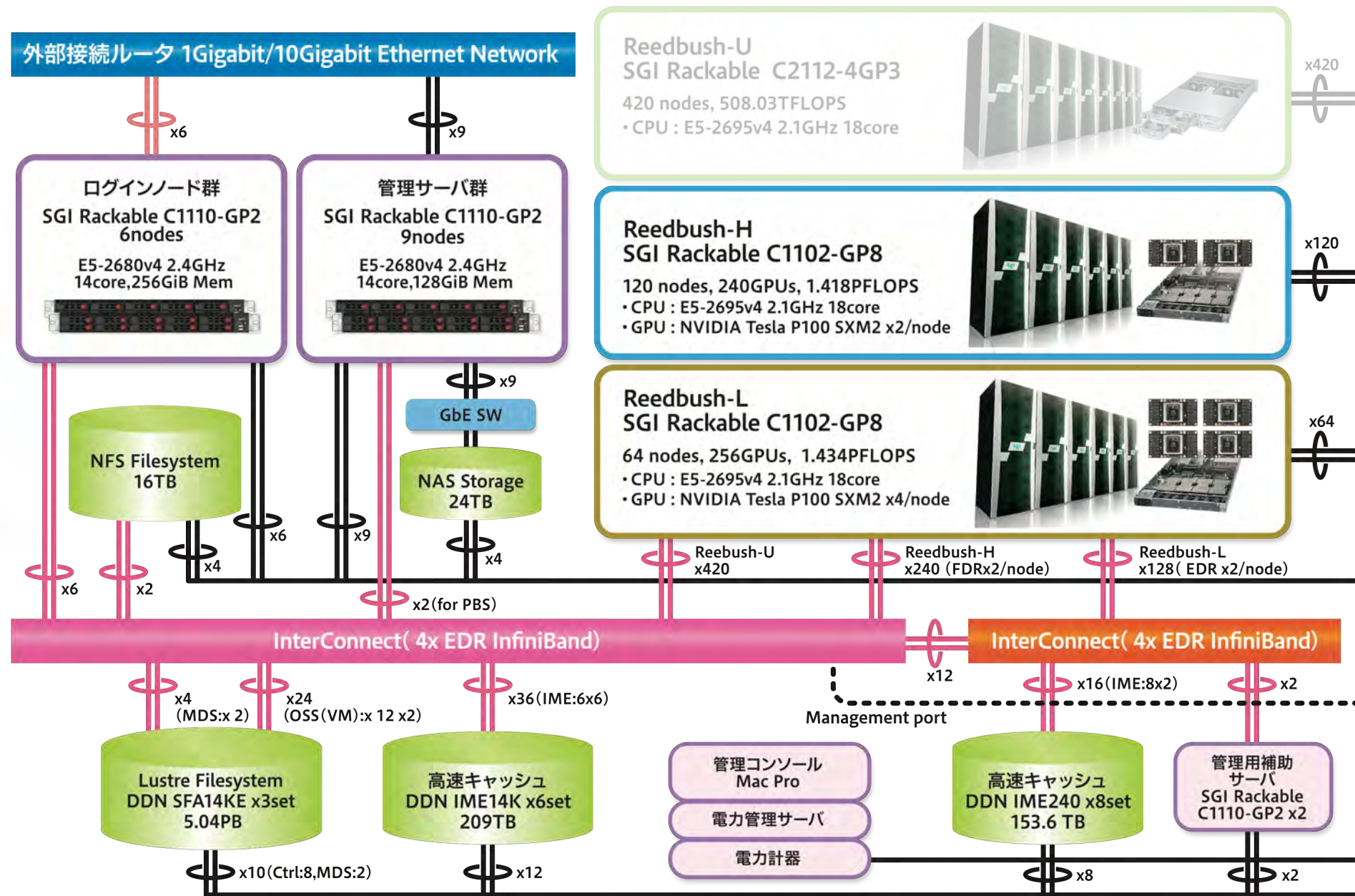


3システム: 利用者2,600+, 学外55+%

- Reedbush (HPE, Intel BDW + NVIDIA P100 (Pascal)) (本郷)
 - データ解析・シミュレーション融合スーパーコンピュータ
 - 3.36 PF, 2016年7月～2021年3月末(予定)
 - Reedbush-U (CPU only, 2020年6月30日で退役)
 - Reedbush-H (2GPU's/n), Reedbush-L (4GPU's)
 - 東大ITC初GPUクラスタ (2017年3月より), DDN IME (Burst Buffer)
- Oakforest-PACS (OFP) (富士通, Intel Xeon Phi (KNL)) (柏)
 - JCAHPC (筑波大CCS & 東大ITC)
 - 25 PF, TOP500で18位 (日本3位) (2020年6月)
 - Omni-Path アーキテクチャ, DDN IME (Burst Buffer)
- Oakbridge-CX (富士通, Intel Xeon Platinum 8280) (柏)
 - 大規模超並列スーパーコンピュータシステム
 - 6.61 PF, 2019年7月～2023年6月, TOP500で60位 (2020年6月)
 - 全1,368ノードの内128ノードにSSDを搭載



Reedbush (RB) GPU クラスタ



ライフ/管理ネットワーク 1Gigabit/10Gigabit Ethernet Network

Reedbush-Hの計算ノード (CPU)



Intel Xeon E5-2695v4 (Broadwell-EP)

- 1CPU当たり18コア, 1ノード36コアのマルチコアプロセッサ(並列処理)
- 2.1 GHz, クロック当たり16回の倍精度実数演算 (Double Precision, DP)
- コア当たり最大性能 $\Rightarrow 2.1 \times 16 = 33.6$ GFLOPS (1秒間に336億回の倍精度実数演算)
- 1CPU 18コア, 604.8 GFLOPS (1秒間に6,048億回演算)
- 1ノード 36コア, 1,209.6 GFLOPS = 1.2096 TFLOPS (1秒間に1兆2,096億回演算)

Reedbush-Hの計算ノード (GPU)

NVIDIA Tesla P100

- 1GPUあたり56コア, 1ノード**2GPU**
(並列処理)

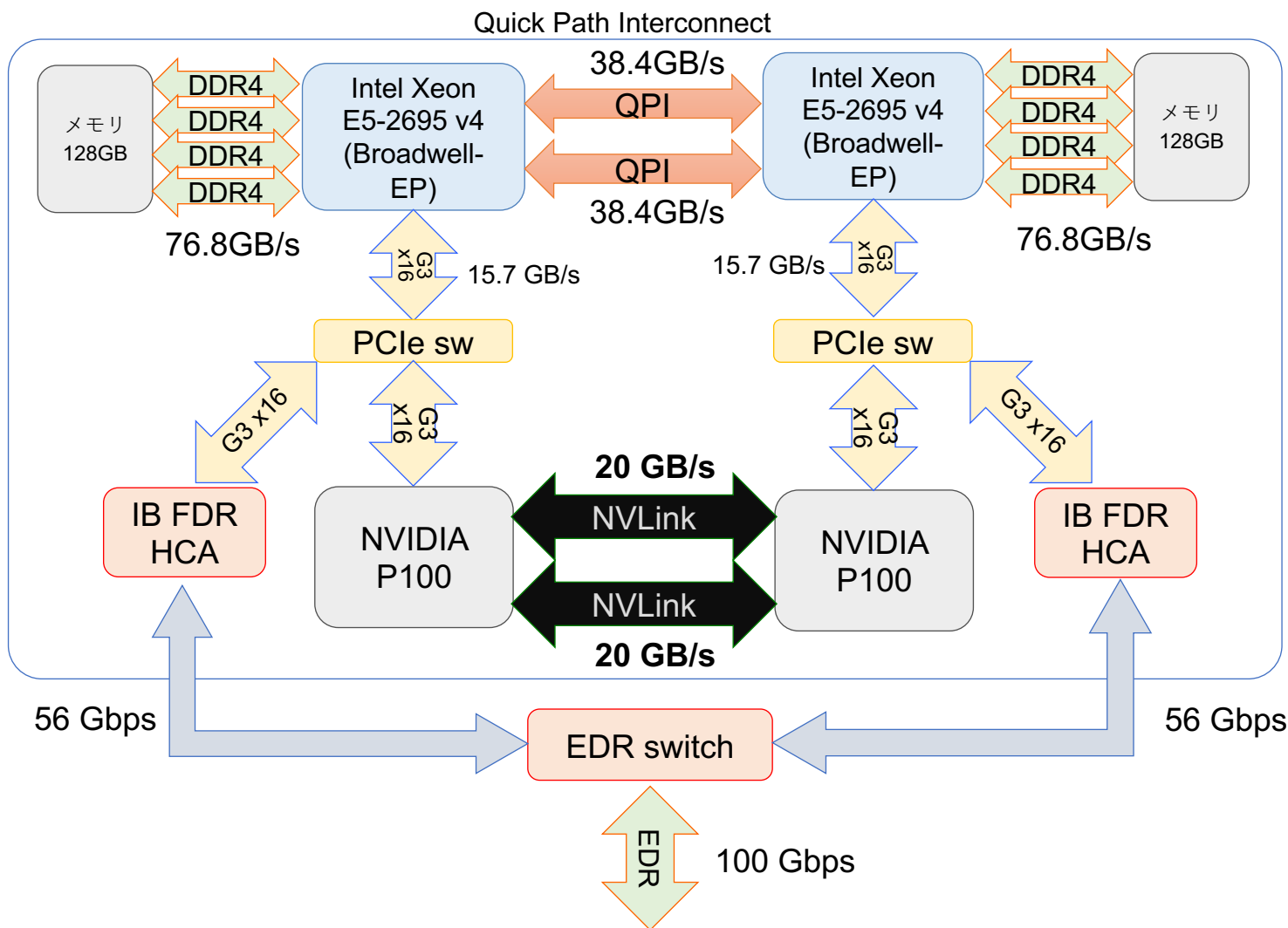
- 1.48 GHz, クロック当たり64回の倍
精度実数演算

- 1コア(SM: Symmetric Multiprocessor)当
たり最大性能⇒ $1.48 \times 64 = 94.72$
GFLOPS (1秒間に947.2億回演
算)

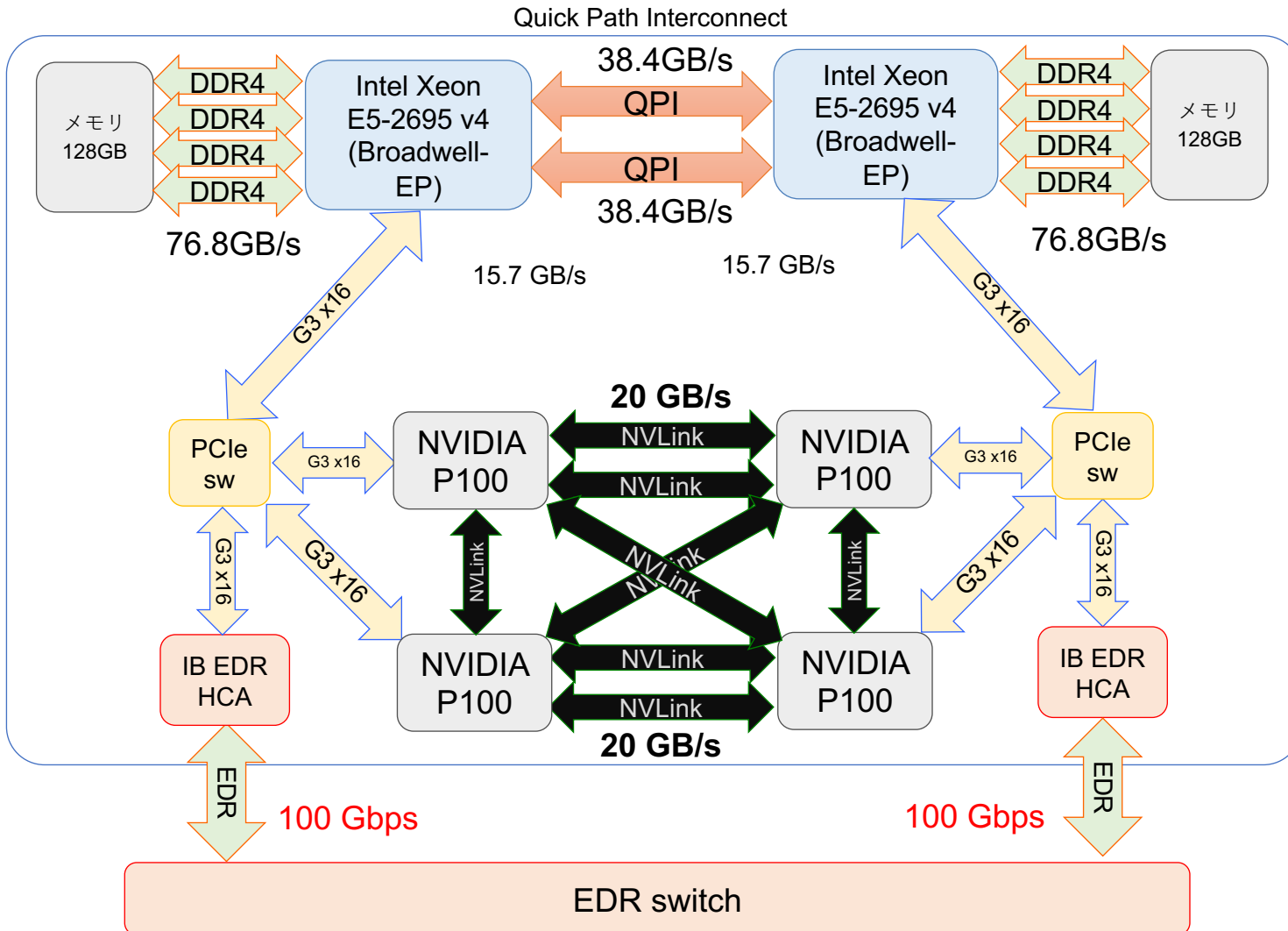
- 1GPU 56コア, 5304.3 GFLOPS=
5.3043 TFLOPS (1秒間に5兆
3043億回演算)

- 1ノード 2GPU, 10.608 TFLOPS (1
秒間に10兆6,086億回演算)

- **全系120ノード: 0.145 PFLOPS**
(CPU) + **1.273 PFLOPS** (GPU)
= **1.418 PFLOPS** (1秒間に1,418兆
1,888億回演算)



Reedbush-Lの計算ノード (GPU)



CPU, GPU: Reedbush-Hと同一製品

- 1GPU当たり56コア, 1ノード**4GPU** (並列処理)

- 1.48 GHz, クロック当たり64回の倍精度実数演算

- 1コア(SM: Symmetric Multiprocessor)当たり最大性能⇒ $1.48 \times 64 = 94.72$ GFLOPS (1秒間に947.2億回演算)

- 1GPU 56コア, 5304.3 GFLOPS = 5.3043 TFLOPS (1秒間に5兆3043億回演算)

- 1ノード 4GPU, 21.217 TFLOPS (1秒間に21兆2,172億回演算)

- **全系64ノード: 0.0774 PFLOPS (CPU) + 1.357 PFLOPS (GPU) = 1.435 PFLOPS (1秒間に1,435兆3,203億回演算)**

Reedbushの写真@浅野キャンパス



全体: 19ラック, 330.10 kW (定格), 空冷のみ

	搭載ノード	ラック数	定格消費電力 (kW)
Reedbu sh本体 (RB-U, H)	RB-H	6	139.77
	ストレージ	3	34.92
	インタコネク	1	9.16
	管理系	2	12.50
		12	196.34
RB-L拡 張	RB-L	6	125.82
	ファイルキャッシュ	1	7.94
		7	133.76

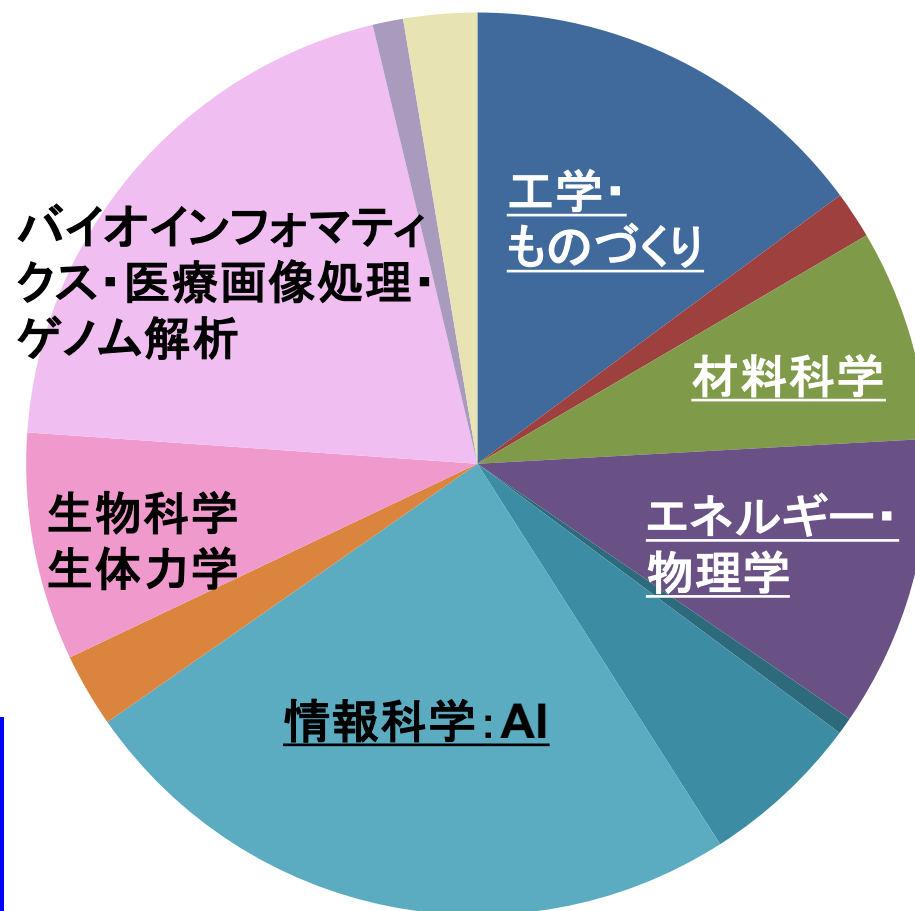
InfiniBand EDR (100 Gbps)
648ポートスイッチ
(RB-Uが退役した現在は
使用ポート数1/3程度)

Reedbush-Hラック内部

RB-H, L: ソフトウェア構成

項目		構成
OS		Red Hat Enterprise Linux 7
コンパイラ		GNU コンパイラ Intel コンパイラ (Fortran77/90/95/2003/2008、C、C++) NVCC コンパイラ (CUDA C) PGI コンパイラ (Fortran77/90/95/2003/2008、C、C++、OpenACC 2.0、CUDA Fortran)
メッセージ通信ライブラリ		Intel MPI, SGI MPT, Open MPI, MVAPICH2, Mellanox HPC-X GPUDirect for RDMA: Open MPI, MVAPICH2-GDR
ライブラリ		Intel 社製ライブラリ(MKL): BLAS、LAPACK、ScaLAPACK その他ライブラリ: SuperLU、SuperLU MT、SuperLU DIST、METIS、MT-METIS、ParMETIS、Scotch、PT-Scotch、PETSc、FFTW、GNU Scientific Library、NetCDF、PnetCDF など cuBLAS、cuSPARSE、cuFFT、MAGMA、OpenCV、ITK、Anaconda、ROOTなど
デバッガ、プロファイラ		Total View, Intel VTune, Trace Analyzer & Collectorなど
フリーソフトウェア		Autoconf, automake, bash, bzip2, cvs, emacs, nndutils, gawk, gdb, make, grep, gnuplot, gzip, less, m4, perl, ruby, sed, ubversion, tar, tcsh, tcl, zsh, FUSE, git など
コンテナ仮想化		singularity (dockerイメージ利用可)
機械学習フレームワーク		Theano, Chainer, TensorFlow, PyTorch, Keras, Horovodなど
アプリケーション	オープンソース	OpenFOAM、ABINT-MP PHASE、FrontFlow、FrontISTR、REVOCAP、ppOpen-HPC など
	商用	Hyperworks (アカデミックユーザのみ利用可)

研究分野別利用CPU時間割合(2019年度)



- 工学・ものづくり
- 地球科学・宇宙科学
- 材料科学
- エネルギー・物理学
- 情報科学: システム
- 情報科学: アルゴリズム
- 情報科学: AI
- 教育
- 産業利用
- 生物科学・生体力学
- バイオインフォマティクス
- 社会科学・経済学
- データ科学・データ同化

従来からの工学・材料・物理学の研究に加えて、機械学習・AI, 医用画像解析・ゲノム解析などの研究にも多く利用

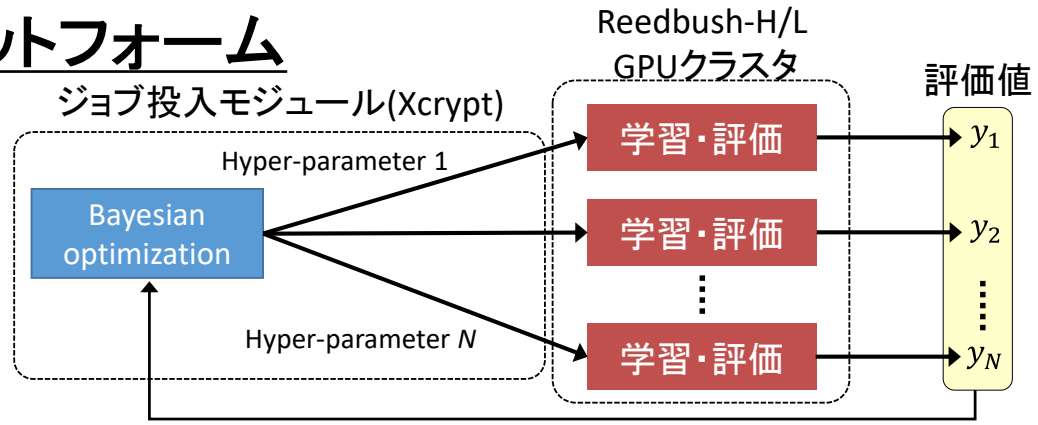
Reedbush-H

Intel BDW+ NVIDIA P100 x2 / node

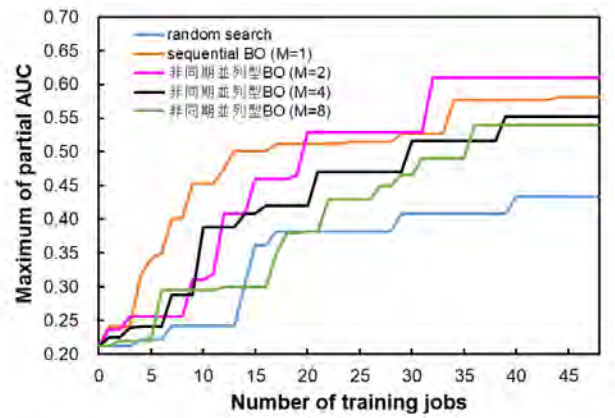
バイオインフォマティクス：医療画像処理

東大病院等

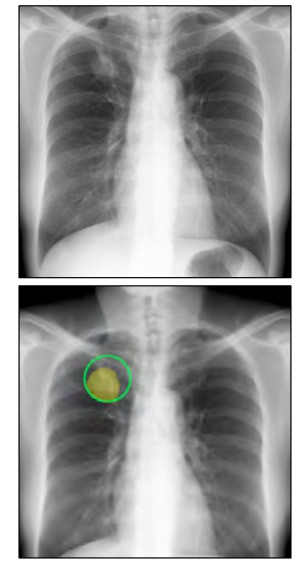
深層学習自動チューニングプラットフォーム



胸部X線写真の肺腫瘍検出



学習ジョブ数と評価値(partial AUC)の最大値との関係

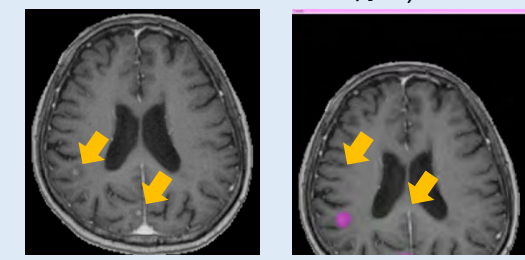


上：元画像、下：検出結果 (黄、緑丸：病変領域)

開発中のソフトウェア

頭部造影MR画像の転移性脳腫瘍検出

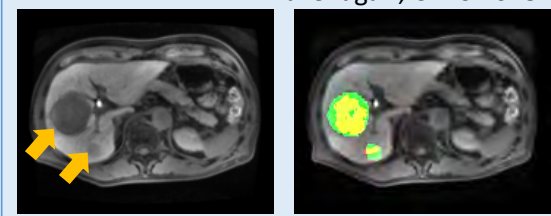
村田, JAMIT2018



検出結果例
左：元画像、右：検出結果(マゼンダ)

造影MR画像の肝結節性病変検出

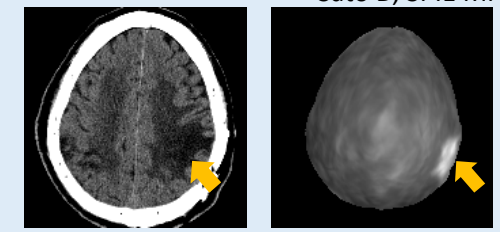
Takenaga T, CARS 2018



検出結果例
(肝細胞がん、左：元画像、右：検出結果)
●:検出、●:過検出、●:未検出

頭部救急CT画像の異常検知

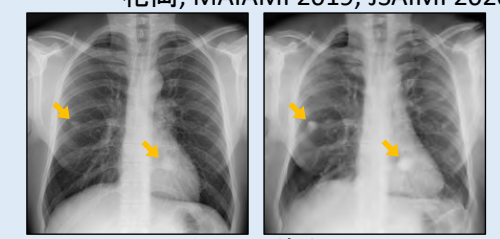
Sato D, SPIE MI 2018



脳梗塞症例
(左：元画像、右：異常度マップ)

胸部X線画像の異常強調

花岡, MAIAMI 2019, JSAIMI 2020

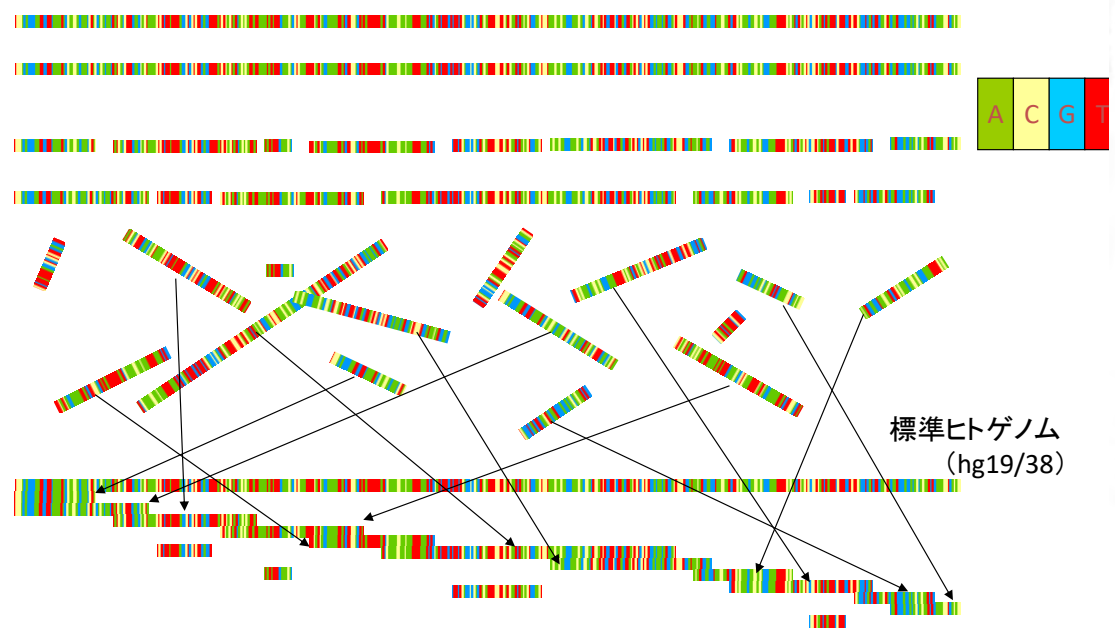


強調画像例
(左：元画像、右：強調結果、矢印：肺腫瘍)

バイオインフォマティクス:ゲノム解析

東大新領域創成科学研究科 等

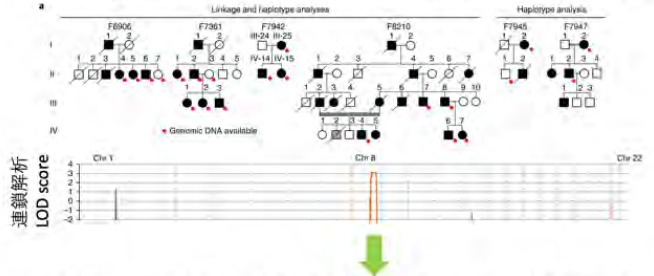
ヒト個人ゲノムはどのように再解読するか？



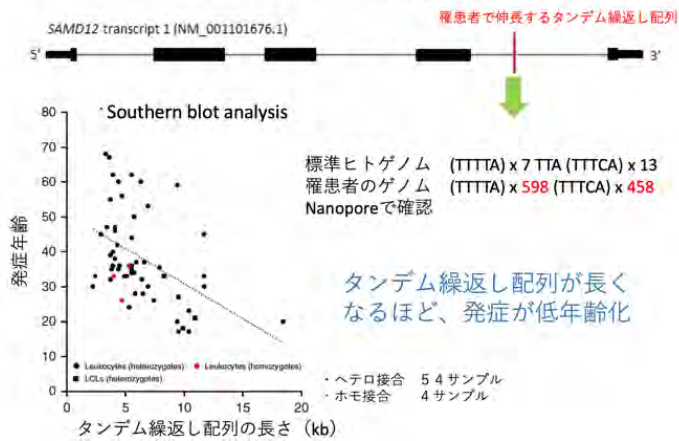
長さ 100~150 塩基のDNA 断片を 10~20億本収集(ヒト1人当たり) 接尾辞配列(suffix array), Burrows-Wheeler 変換等が活用される

[画像提供: 森下真一教授(東京大学新領域創成科学研究科)]

良性成人型家族性ミオクローヌスてんかんの家系



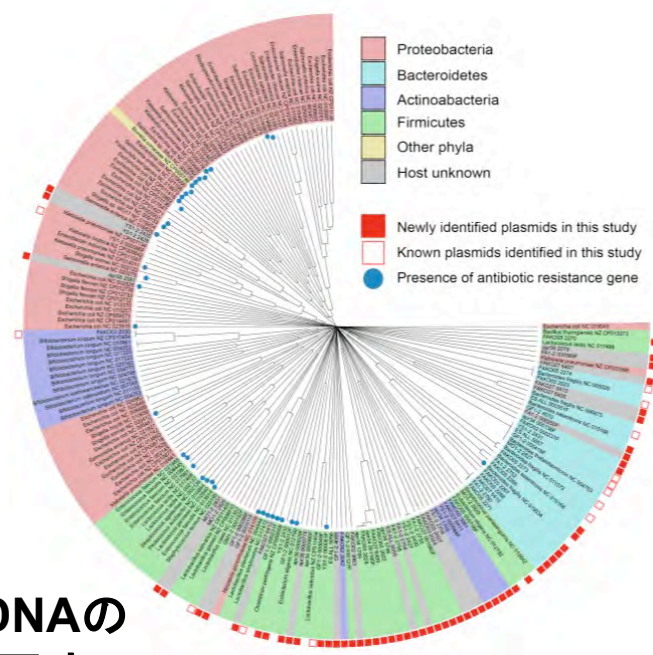
家系の連鎖解析により絞り込んだ8番染色体の領域に存在する38個遺伝子のコード領域には、原因となる1塩基変異が見つからなかった。しかしこの領域のSAMD12のイントロンに、罹患者で伸長するタンDEM繰返し配列を発見。



Nature Genetics 2018

新たに発見された疾患を引き起こすDNAの繰返し配列伸長異常:様々な動的計画法, de Bruijn グラフ探索等が活用

ヒト腸内細菌叢から発見された多様なプラスミド・ファージ配列の全貌

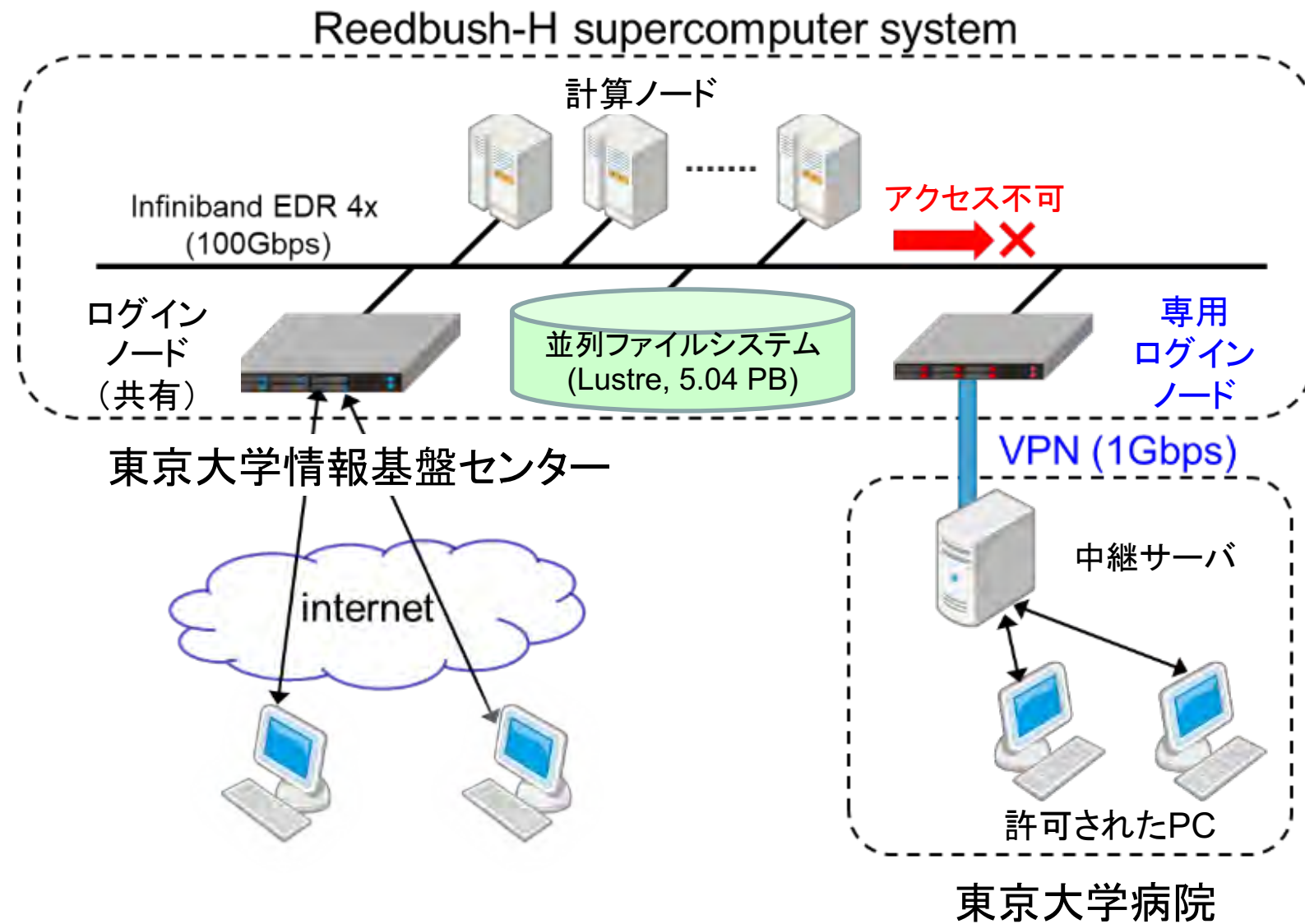


Microbiome 2019

東大病院とReedbushの連携

セキュリティの確保が重要

- 個人情報 は 病院内で匿名化されてRBに転送
- 専用ログインノードとVPN(論理的な専用線)によって、他のプロジェクトと分離
- 必要最小限のデータだけをRBに置いて計算



- Reedbush (RB) の概要
 - システム構成
 - 利用分野
 - 研究事例