

# Grid Computing

—アカデミック分野での応用—

## バイオグリッドプロジェクト 「スーパーコンピュータネットワークの構築」

Construction of a Supercomputer Network  
towards a New Framework for Advanced Life Science

大阪大学大学院情報科学研究科  
伊達 進 sdate@ist.osaka-u.ac.jp

大阪大学サイバーメディアセンター  
下條真司 shimojo@cmc.osaka-u.ac.jp

大阪大学大学院情報科学研究科  
奥村利幸 okumura55@ist.osaka-u.ac.jp

大阪大学大学院情報科学研究科  
松田秀雄 matsuda@ist.osaka-u.ac.jp

大阪大学サイバーメディアセンター  
秋山豊和 akiyama@cmc.osaka-u.ac.jp

大阪大学蛋白質研究所  
中村春木 harukin@protein.osaka-u.ac.jp

バイオグリッドプロジェクトは文部科学省のITプログラム「スーパーコンピュータネットワークの構築」として2002年から5カ年計画で始まったプロジェクトである。グリッドコンピューティング技術と超高速ネットワーク技術を用いて大学やバイオ系研究機関の持つスーパーコンピュータやデータベース、高性能観測装置等の研究資源をつなぎ、研究者がそれらを共有できるセキュアで高性能なグリッド基盤環境を構築することを目標としている。そのための要素技術であるグリッド基盤技術、コンピューティンググリッド技術、データグリッド技術、データオンライン解析技術の研究開発に取り組んでいる。

### バイオグリッドプロジェクトのねらい

生命科学や医学・創薬の分野では、ヒトゲノム（人間の全遺伝情報）の解読作業が、技術革新とコンピュータの活用によって予定より早く2003年4月に終了することになり、次の研究の焦点は蛋白質の構造・機能解析等のポストゲノム研究へと移ってきている。これらの解析研究には多様な情報・データの高速な処理が必要であり、超スーパーコンピュータ並みのコンピュータパワーが必要と言われている。また、ゲノム医療・ゲノム創薬の要求の高まりから、ゲノムから始まり、細胞、器官、臓器を経て個体のレベルに至る幅広い範囲のデータが必要とされている。それとともに、毎年のように新たなデータベースが構築されており、現在約500個近くのデータベースが存在すると言われている。これらを1個所で維持管理するのは早晚不可能になると予想されており、各データベースを連携させ統合的に扱える情報処理環境が必要とされるなど、ゲノム創薬や再生医療等の新しい分野も含めてIT活用が不可欠になっている。

一方、グリッドとは“グリッドコンピューティング”，すなわち、コンピュータを電力と同じようにネットワークを通じてどこからでも使えるようにしようという発想から生まれた。元々は、米国や欧州のスーパーコンピュ

ータセンターや国立研究所を中心にそれぞれが持つ巨大なスーパーコンピュータを高速ネットワークで相互に連携させ、単体ではできない巨大な仕事をさせようという目的でこれを支援するソフトウェアを開発してきたものが原点になっている。グリッドはまさに生命科学が必要とするITを提供しようとするものである。

このような状況を受けて、大阪大学およびその周辺の関連研究機関が世界的にリードしている医学、生物分野に特化したIT応用研究を推進するため、高度な計算機資源とネットワーク資源が集約されているサイバーメディアセンターを核として、ITの当該分野における応用技術の集約を行い、また、広く国立研究機関や民間企業・研究機関等との共同研究を通じ、競争の激しい当該分野においてスピードの速い技術開発を行うとともに、開発された応用技術のビジネス化を含めた展開を行っていくような新しい研究開発システムを構築しようとする構想が「バイオグリッドプロジェクト」である。平成14年度より、ITプログラムの中の「スーパーコンピュータネットワークの構築」としてプロジェクトがスタートすることになった。

具体的には、医学・生物分野に特化したアプリケーションが必要とする共通基盤をグリッド・ミドルウェアとして開発し、フリーウェアまたはベンチャービジネスを通じた事業化などにより、アプリケーションとともに世

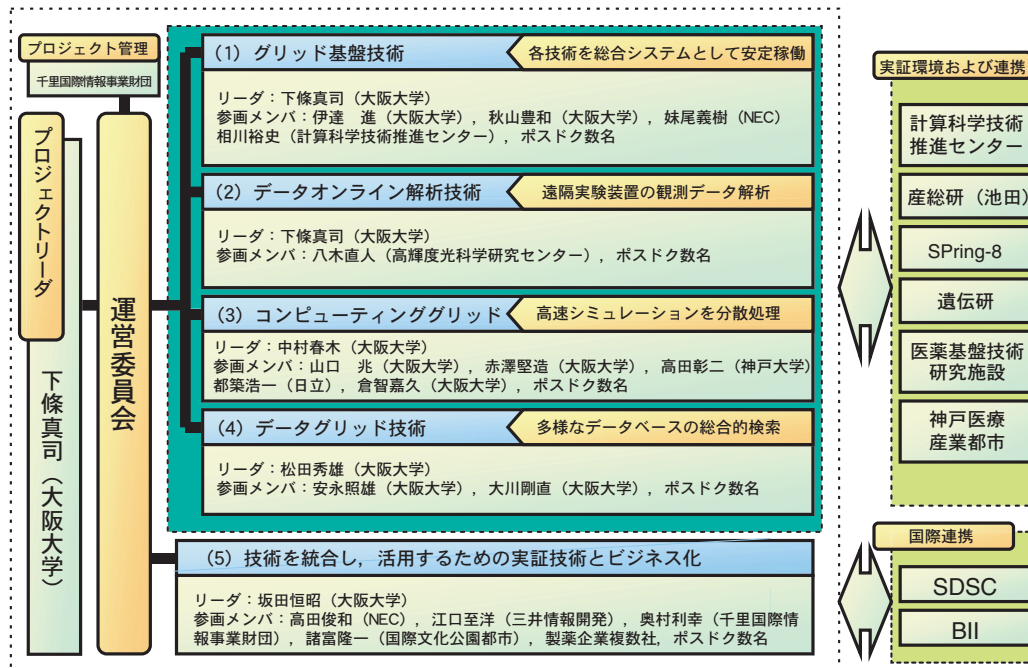


図-1 バイオグリッドプロジェクト

界中の研究コミュニティに提供することを目的としている。また、我が国の当該研究開発における弱点である研究成果の利用促進、産官学連携強化によるネットワーク化の推進、さらにこのような新しい研究のための人材育成および優秀な人材の拡充を早急に行っていくことも狙っている。

グリッド技術はこれまで巨大なスーパーコンピュータやクラスタを用いた大規模分散計算を中心に研究開発が行われてきたため、高性能科学技術計算のための技術と見られがちである。しかし、それは単にコンピューティンググリッド技術といわれる側面のみを見ているに過ぎない。医療・バイオ分野においても生体内蛋白質の分子、原子レベルのシミュレーションなど巨大な計算パワーを必要とする応用が多数存在している。一方、巨大な加速器や電波望遠鏡などの観測データなどの大規模データを高速ネットワークを介して安全に共有する技術はデータグリッド技術と呼ばれる。医療・バイオ分野においては、ゲノム、蛋白質、化合物などさまざまな大量のデータが存在し、この大量データの検索や処理などデータグリッド技術に関連するものが存在する。さらに、医療・バイオ分野において重要なのは、むしろ大量データを検索したり、検索結果に基づいてシミュレーションや分析を行ったりとデータグリッドとコンピューティンググリッドの融合による仮想的な共同研究環境の構築であり、バイオグリッドプロジェクトの中ではこのような両技術の融合を目標としている。

プロジェクトの中では、図-1に示すような5つのサブグループが、研究開発を進めている。すなわち、(1)グリッド基盤技術グループが、セキュアで高性能なグリッド技術の研究開発を行い、(2)データオンライン解析技術グループが、SPring-8<sup>☆1</sup>や超高压電子顕微鏡等の高性能解析装置の接続と解析データの共有を実現し、(3)コンピューティンググリッド技術グループが、蛋白質の構造予測や各種生体シミュレーション技術の研究開発を行い、(4)データグリッド技術グループが、多様なバイオデータベースの連携技術を研究開発している。(5)ビジネス化グループでは、利用者としての創薬グループと開発技術の橋渡しをし、ビジネス化への展開を探っている。以下では、(5)ビジネス化グループを除くそれぞれのグループの取り組みについて概説する。

### グリッド基盤技術グループ

本プロジェクトにおいて、グリッド基盤技術グループは他のグループからの要求をもとに、真に有用なグリッド基盤技術を創造するという役割を担う。最新インターネットプロトコル IPv6 に基づくセキュアなグリッド環境の実現 (6Grid)、脳科学へのグリッド技術の応用を目的とした脳機能グリッドポータル構築など、グリッド基盤技術に関する研究を行っている。特に、セキュアなグリッド環境の実現は創薬や医療などのアプリケーションを持つバイオ・医療分野では期待が大きい。本稿で

☆1 SPring-8 ([www.spring8.or.jp](http://www.spring8.or.jp)) は世界最高性能の放射光を発生することができる大型の実験施設であり、国内外の研究者に広く開かれた共同利用施設として、さまざまな分野に利用されている。特に生命科学の分野ではここから発生する X 線を用いた蛋白質の構造解析に用いることができる。

は、そのような観点から開発されたセキュアグリッドファイルシステムについて、その研究開発動機となったユーザ要求、システム概要について紹介する。

### ■ユーザ要求

本プロジェクトは、さまざまな研究分野の研究者や技術者らが参加するプロジェクトである。そのために、データアクセスに対する要求はセキュリティ要件を中心に多様となる。グリッド上の分散データに対するアクセス手法へ求められる機能を以下に挙げる。

#### 1. SDI (Single Disk Image) :

ユーザはデータの所在についてローカル、リモートの区別なく、既存のファイルシステム NFS のようにアクセスしたい。

#### 2. Confidentiality (機密性) :

ネットワーク上のデータを第三者に見られたくない。

#### 3. 排他性 :

ユーザごとに SDI を構築し、第三者には SDI 情報(自分がアクセスしているデータの情報)を知られたくない。

#### 4. ユーザ利便性 :

セキュリティの強化のために、グリッド上のデータへのアクセスを不便にしたくない。

#### 5. オンデマンド・データアクセス :

必要に応じて動的にデータへアクセスすることにより、セキュリティ強度を高めたい。

本年度基盤グループはこれらの5つの要求を同時に満たすデータアクセス手法に対するソリューションとして、ユーザ利便性を考慮したセキュアグリッドファイルシステム GSI-SFS の実現に成功した。以下、システムについて概説し、そのシステムの有用性を示す。

### ■システム概要

本システム実現の基礎技術として、GSI (Grid Security Infrastructure) <sup>1)</sup> と SFS (Self-certifying File System) <sup>2)</sup> を選択した。前者は、グリッド環境における認証基盤を提供するセキュリティサービスであり、グリッド環境を実現するツールキットとしてデファクトスタンダードとなっている Globus grid toolkit にもサービスの1つとして含まれている。GSI は X.509 形式の証明書を用いる公開鍵基盤であり、ユーザ、ホストの相互認証を可能にする認証基盤である。GSI の最大の特徴は、シングルサインオン機能である。このシングルサインオン機能を利用することにより、ユーザはたった一度の認証を行うだけでグリッド上に広く分散する資源を付与された権限内で利用できる。一方、後

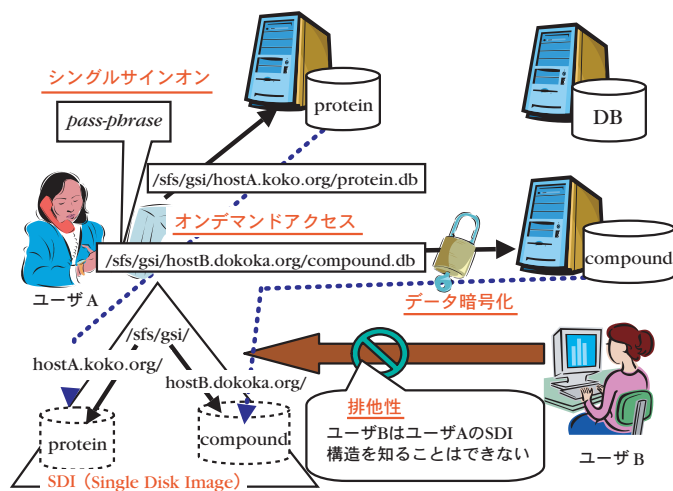


図-2 セキュアグリッドファイルシステム GSI-SFS

者は MIT (Massachusetts Institute of Technology) の David Mazières らによって開発が進められているファイルシステムである。この SFS の最大の特徴は、ネットワーク通信を暗号化するだけでなく、ユーザごとに安全な SDI を提供することである。これらの基盤技術はほかにも非常に高度で有用な機能を提供するものであるが、誌面の関係から割愛する。

図-2 は開発したセキュアグリッドファイルシステムの特徴と動作を示したものである。ユーザ A は、グリッド上のプロセッサ、データ資源を利用する際にパスワードを入力する。それ以降は、ユーザがグリッド上に分散するデータにアクセスする際に、リモートファイルシステムが動的にユーザ A の SDI に期限付きでマウントされる。そのため、ユーザはデータ資源の位置について意識することはない。また、ユーザ B はユーザ A の SDI 構造を知ることはできない。

これらの特徴は、共通の研究目的を持つ研究者らの VC (Virtual Community) 間で創薬過程における化合物情報や医療データなどの高機密性情報を機密性を保持したまま共有することを可能にする。言い換えれば、セキュアグリッドファイルシステム GSI-SFS は、グリッドという共有環境上に機密を共有する VC の動的な形成をデータレベルで実現するものであり、トレードオフの関係にあるセキュリティとユーザ利便性の問題を高いレベルで解決するものである。グリッド標準のセキュリティサービスである GSI を導入したことにより、他のグリッドサービスとの親和性も高い。

### ■データオンライン解析技術グループ

超高压電子顕微鏡, SPring-8, MEG <sup>☆2</sup> を始めとする

☆2 Magnetoencephalography (MEG) とは脳内活動を多数の超伝導コイルにより微弱な磁場によって観測する装置であり、簡単に高解像度の脳内活動の観測を行えるのが特徴である。ここでは取り上げていないが、本プロジェクトではグリッドによる MEG 信号の解析を行っている。



高性能なセンサから取得される実観測データはバイオ分野を始めとするさまざまな研究分野において、シミュレーションなどで得られた結果を実証する上で重要となる。しかし、このような高性能センサは価格面や設備規模の問題により、各研究機関に容易に設置することができない。そこで、高性能センサから得られるデータをリアルタイムで解析し、結果を利用者に提示することで、遠隔からのインタラクティブなセンサ利用を実現するデータグリッドシステムの技術開発が重要となってくる。本プロジェクトでは超高压電子顕微鏡およびSPring-8の遠隔利用システムの開発を通じて、技術開発を進めている。

超高压電子顕微鏡の遠隔操作システムは、これまでカリフォルニア大学サンディエゴ校のNational Center for Microscopy and Imaging Research (NCMIR)、San Diego Supercomputing Center (SDSC)、台湾のNational Center for High Performance Computing、大阪大学超高压電子顕微鏡センター、サイバーメディアセンターが協力して構築してきた。超高压電子顕微鏡は3MVという非常に高い加速電圧を持つため、一般的な10kVの電子顕微鏡と比較して厚い試料の観測が可能となっている。しかし、反面この高い加速電圧によって放射線が発生するため、観測者が直接試料を観測することは困難である。そのため、超高压電子顕微鏡には試料撮影用のカメラが設置されており、本体から離れた位置で試料の観測が行えるようになっている。本グループでは、これらの性質とIT技術を利用して、遠隔地からの電子顕微鏡利用を実現することを目指している。さらに、本グループではグローバルコンピューティング時代への要請に応えるべく、次世代インターネットプロトコルIPv6を用いた、システムの遠隔利用実験を積極的に推し進めている。

本グループで構築する遠隔利用システムは観測用の試料ホルダを遠隔操作する機構、動画像を提供する機構、静止画像を提供する機構およびビデオ会議システムから構成される。動画像はWIDEプロジェクトで開発されたDVTSというソフトウェアを用いて転送する。DVTSはIEEE1394インタフェース経由で入力されるSDTV信号をIPパケットに変換してインターネット経由で転送するソフトウェアでIPv6にも対応している。ビデオ会議システムにはPolycom社のソフトウェアおよびハードウェアを利用している。

本グループでは、構築したシステムを国際的なシンポジウムや会議の場で、積極的に実証実験を行い、そのシステムの有用性を国内外に示すことにも取り組んでいる。2002年9月においては、アムステルダムで開催された高速ネットワークを用いたアプリケーションに関する国際会議iGrid2002において超高压電子顕微鏡の遠隔



図-3 SC2002 デモ会場の様子

利用実験のデモンストレーションを行った。ここでは、IPv6ネットワークとして、国内はJGNv6、太平洋はAPAN、TransPAC、米国内はAbilene、オランダ国内はSURFnetを利用している。SDTVの画像を最大レートで転送するためには35Mbps程度の帯域が必要となるが、デモではNCMIRと会場にいる共同研究者が協調観測を行う場面を想定し、日本からNCMIRおよびアムステルダムの会場に計70Mbps程度の帯域を利用してSDTV映像の伝送を試みた。その結果、映像品質においてロスなしでの伝送に成功しシステムの有用性を示すことができた。

さらに2002年の11月にはネットワークおよびスーパーコンピューティングの国際会議であるSC2002において、また2003年3月にはNPACI All Hands Meetingにおいてデモンストレーションを行った。これらのデモンストレーションではKDDI研究所の協力により、HDTV品質の画像による遠隔利用実験を行った。デモはiGrid2002のときと同様に大阪大学から会場にHDTV品質の画像を伝送し、同時にSDTV品質でNCMIRに画像を伝送した。HDTV品質の画像伝送のためにKDDI研究所開発のコーデックおよびメディアコンバータを利用した。このコーデックではMPEG-2圧縮を用いており、画像伝送におよそ80Mbpsの帯域を必要とするだけでなく、エラーに対する要求がより厳しくなっている。本グループは、これらの両実験においてIPv6ネットワーク上でのHDTV品質の画像伝送に成功し、科学への応用という将来への可能性を示している(図-3)。

さらに、本グループはこれらの成功に満足することなく、さらに品質の高い映像の伝送という次なる課題へ向けて研究開発を進めている。現在、試料観測用に4000×4000の解像度を持つスロースキャンCCDカメラを新たに導入している。このスロースキャンCCDカメラはPCから制御可能であり、得られたデータはSDSCで

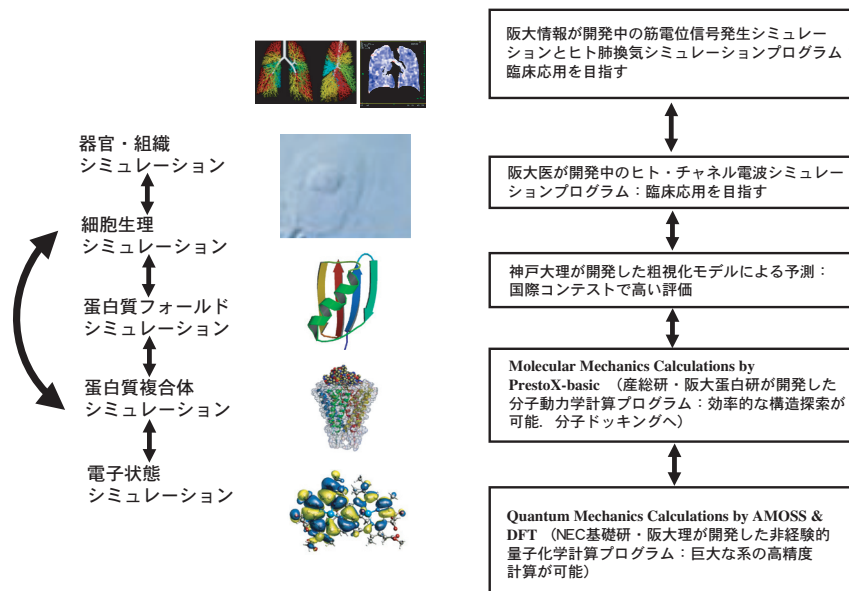


図-4 階層的な生体シミュレーション

開発された Storage Resource Broker (SRB)<sup>3)</sup> というミドルウェアによって実現されるデータ共有環境上で共有される。SRBでは広く普及している Globus Toolkit で用いられている認証機構 GSI によるユーザ認証が可能となっており、グリッド環境へ統合されたデータ共有環境の構築が行える。今後は(株)KDDI 研究所と共同でさらに高品質な動画伝送システムの開発に取り組む。また、顕微鏡ユーザとともにメタデータの付与方法など具体的なデータベース構築方法について検討していく必要がある。

一方、SPring-8 においても、観測されたデータは観測者が持参したハードディスクに記録して持ち帰るといったかたちで運用されてきたが、遠隔からの観測およびデータ取得可能とすることでより観測者の利便性を高めることができるものと考えられる。このようなことから、SPring-8 についても電子顕微鏡で構築したアーキテクチャに基づき、同様に遠隔利用システムの構築に取り組んでいる。ビームラインの遠隔利用の際には、結晶試料の状態はビデオカメラにより撮影し、X線検出器により検出された映像は4000×4000ピクセルの高精細画像として取得する。このビデオカメラ画像およびX線検出器の画像をWebブラウザにより観測できるようにシステム構築を行っている。

現在は、ネットワークの基盤整備を進めており、これまで6Mbpsの帯域で外部のネットワークと接続されていたが、兵庫情報ハイウェイを利用して、大阪大学まで500Mbpsの速度で接続することが可能となった。大阪大学にはSINETのノードが設置されているため、SPring-8から外部ネットワークへの広帯域なネットワーク接続が確保できている。本年度はこれらのネットワーク基盤上での実験を積極的に行っていく予定である。

### コンピューティンググリッド技術グループ

ゲノム科学は生命科学全体に対してパラダイムシフトを生じさせた。つまり、蛋白質分子のネットワーク(プロテオーム)、細胞のネットワーク(セローム)、器官・組織のネットワーク(フィジオーム)と、それぞれのレベルで複雑なネットワークを作り、さらにレベル間が結びついて、生物個体は形成されていると理解されるようになった。生命に対するこのような理解に基づくと、生体シミュレーションにも階層的にさまざまなレベルのものがあることが分かる。本グループでは、この生物個体の階層性に対応して、図-4に示すように、電子状態から蛋白質、細胞、器官のシミュレーションを独自のアルゴリズムで行っているシミュレーション計算を集積し、データグリッドと融合したデータベース連携と、階層的に異なるレベルの連成計算(ハイブリッド化)を目的としている。

この統合化を実現するために、バイオフィガ(Bio Pfuga (Biosimulation Platform United on Grid Architecture))と称するプラットフォームを考案した。これは、グリッド(異機種・多様なマシン)のハード上で、異なるレベルのアプリケーション・プログラムが統合化されて連成計算を実行する仕組みであり、特に、バイオシミュレーションに焦点をあてたものをバイオフィガと称する。バイオフィガを具体化するためには、各アプリケーション・プログラムのパーツ化と、各アプリケーション・プログラム間のデータ授受の標準化が必要である。特に後者のために、その記述仕様としてUDS-XML(Universal Data Set-XML)を提案し、スキーマの設計とデータ・ハンドリングを行うための各種ツールを



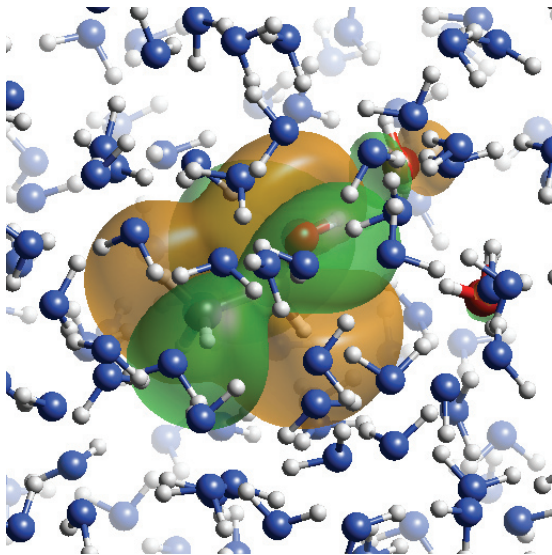


図-5 水中のエタノール分子のQM/MM 連成シミュレーション計算の実施例

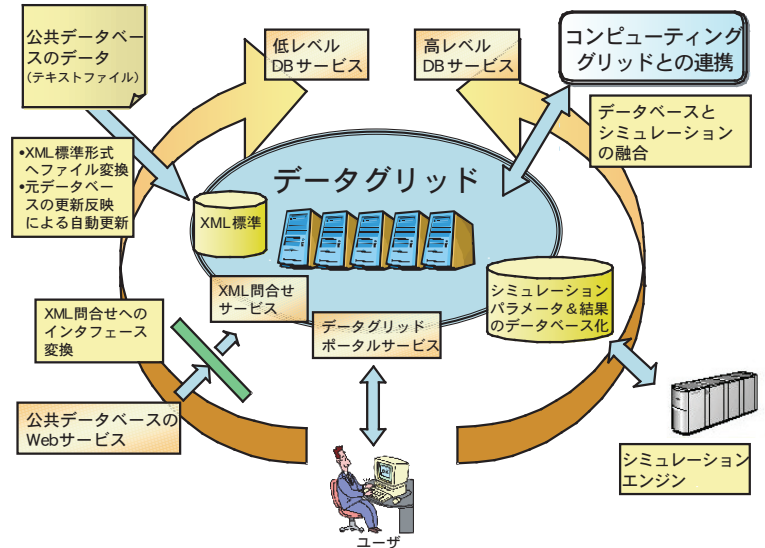


図-6 データグリッド構成

開発・整備している。データ授受にXMLを用いることで、パーツ間でやりとりされる複雑なデータを標準的な方法で扱うことができる。

このバイオフィーガのプラットフォームを利用して、分子動力学計算 (MM) プログラム prestoX-basic と分子軌道計算 (QM) プログラム AMOSS を連結した連成プログラムのプロト版を開発し、水溶液中のエタノールを解析対象に動作検証を行った (図-5)。このシミュレーションではエタノール (中心の赤球の酸素分子を持つ) とその水酸基近辺の水2分子 (赤球の酸素分子を持つ) は量子化学 (MINI-4, 35 軌道) で扱い、他の 226 個の水分子 (青球の酸素原子を持つ) は古典力学 (TIP4P) で扱い、温度 283K での分子動力学計算を実施した。量子化学計算の結果は、オレンジと緑で示される HOMO 軌道で示している。今後は、さらにこのバイオフィーガを一般的な利用が可能となるように成熟させるとともに、prestoX-basic や AMOSS 以外の異なるプログラムも統合していくことを考えている。

## データグリッド技術グループ

生命科学や医療に関連する多数のデータベースを検索する場合、ユーザが個別にデータベースの場所を探索してそこからデータを検索し、得られた多数の検索結果を手作業で対応付けていくのは労力の点で困難であり、ソフトウェアによる自動的なデータベース探索とデータの検索、および複数のデータベースからの検索結果の統合が重要になる。そこで、本グループではグリッド技術のデータベース検索への応用である、次のような研究課題に取り組んでいる (図-6 参照)。

### ■データベースの異種性の解消

多数存在するバイオ関連データベースにおいて、データベースごとのスキーマの違いや、書式・項目・表記の揺らぎなどの曖昧性の問題を解消するため、XML に基づく標準データベース形式 (以下、XML 標準形式と呼ぶ) を設計している<sup>4)</sup>。

この XML 標準形式への変換は、標準データベーススキーマの構築と、個別のデータベースの形式から標準形式に変換するための変換ルールの適用からなる。基本的には、データベース間で相互に対応する属性データなどを記述したメタデータを利用したデータベースのスキーマ統合とはほぼ同じ処理であるが、スキーマレベルの統合だけでは解消できないインスタンスレベルのデータの表記の揺らぎなどの曖昧性を解消する必要があった。テキスト処理技術、知識処理技術、マンマシンインタフェース技術などを駆使することで、バイオ関連データベースの内容を、XML 標準形式に基づいて半自動的に変換するためのシステムを開発している。

### ■データベースの自動更新システム

バイオ関連データベースのデータ量は、ゲノムデータを中心に年間 1.5 倍から 2 倍という猛烈な勢いで増え続けている。これに対して、主に新規な遺伝子や蛋白質の機能を予測するため、データベース全体のデータにまたがる BLAST や FASTA といった類似性検索がしばしば必要になる。このような検索では、一度に大量のデータをアクセスする必要から、データベースをローカルなディスクにコピーして利用することがしばしば行われる。元のデータベースが更新されたときには、コピーの方も更新する必要があるため、データベースのコピーを自動更新するシステムを開発している。データベースによっ

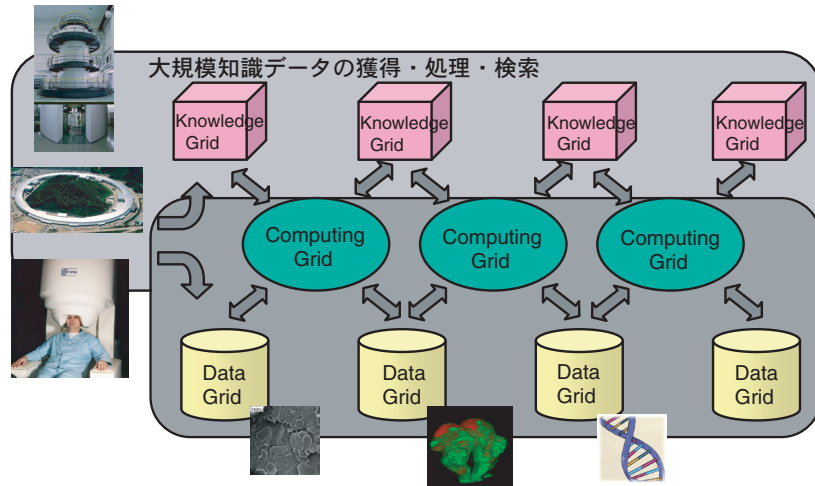


図-7 バイオグリッドの挑戦

てはデータ量が 100GB を超しているものがあり、更新のためのデータ転送にかなりの時間を要するため、自動更新システムではデータ転送時の障害や、データ転送中に元データベースの更新が行われることなどを考慮しなければならず、きめ細かな障害検出機能と更新処理の再起動機能などが必要になる。

### ■データベースサービスのためのグリッド技術の開発

前述のようにデータベースの異種性を解消するため XML 標準形式を開発しているが、いくつかのデータベースでは Web サイトのみが公開され、データベースそのものはコピーできない場合がある。現状の Web サイトはその多くが HTML、CGI ベースであり、XML 標準形式にそのままでは対応できない。そこで、Web サイトの手前に変換レイヤを設け、XML ベースの問合せを CGI ベースの問合せに変換し、問合せ結果も返ってくる HTML を XML に変換する方式を開発している。今後、データベースのためのグリッド・サービスは OGSA<sup>5)</sup> などに見られるように、XML ベースの Web サービスの方向に進むと考えられており、本システムはグリッドサービスへの移行のための技術と位置づけられる。

### ■データベースとシミュレーションの融合

バイオ関連データベースについてのサービスの将来像を考えた場合、現在は論文に発表されたデータが中心であるが、前章で紹介したように、今後は解析やシミュレーションのソフトウェアから得られたデータをもデータベースに格納することにより、データの属性やデータ相互の関連性を拡大していくと考えられる。すなわち、多数のシミュレーション・ツールとデータベースが相互に組み合わさって、データの相互交換を行いながら処理を進める形態となる。本グループによる多数のデータベースの連携と、前述のコンピューティンググリッド技術

ループによる多様なシミュレーションプログラムの統合とを結びつけることでデータベースとシミュレーションの融合を目指している。

### まとめ

コンピューティンググリッドとデータグリッドを結びつける機構は Knowledge grid あるいは Semantic grid と呼ばれている (図-7)。グリッドの標準化団体である GGF (Global Grid Forum) は今後グリッド技術と Web サービスの融合を図っていくと宣言している。これにより、グリッドが知識をやりとりする基盤ともなることを意味しており、バイオ・医療分野の基盤ソフトウェアとなることが期待できる。バイオグリッドプロジェクトでもそのような技術開発を目指している。本プロジェクトに関する詳細はプロジェクト Web ページ <http://www.biogrid.jp> をご覧いただきたい。

**謝辞** 本研究は、文部科学省科学技術振興費主要 5 分野の研究開発委託事業の IT プログラム「スーパーコンピュータネットワークの構築」の一環として実施された研究成果の一部である。また、本プロジェクトにかかわるすべての人々に謝意を表する。

### 参考文献

- 1) Butler, R., Engert, D., Foster, I., Kesselman, C., Tuecke, S., Volmer, J. and Welch, V.: National-Scale Authentication Infrastructure, IEEE Computer, Vol.33, No.12, pp.60-66 (2000).
- 2) SFS Web Page, <http://www.fs.net>
- 3) SRB, Storage Resource Broker, Version 2.0.0, SDSC (2003). <http://www.npaci.edu/dice/srb>
- 4) Matsuda, H.: Development of Bio-Information Environment on the Grid, GlobusWorld, San Diego (2003).
- 5) Foster, I., Kesselman, C., Nick, J. and Tuecke, S.: The Physiology of the Grid: An Open Grid Services Architecture for Distributed Systems Integration, Open Grid Service Infrastructure WG, Global Grid Forum (June 2002).

(平成 15 年 4 月 25 日受付)

