

## 大規模 PC クラスタを用いたインターネット上の公開計算サービス ～並列タンパク質情報解析 (PAPIA) システムの構築と利用実績～

秋山 泰<sup>†</sup> 鬼塚 健太郎<sup>†</sup>  
野口 保<sup>†</sup> 安藤 誠<sup>††</sup>

我々は 64 プロセッサ構成の PC クラスタを用いて、タンパク質情報解析における典型的な計算を高速に並列実行するシステム (PAPIA システム) を構築した。また PAPIA システムへの計算ジョブの投入を、WWW 上のインターフェースから行なうためのメカニズムを実装し、ネットワーク上の WWW ブラウザから気軽に並列計算を依頼できるようにした。並列データベース検索や並列マルチプルアライメントなどの計算結果は、ユーザのブラウザ上にグラフィカルに表示され、さらに関連するデータベースへのハイパーリンクも画面上の随所に埋め込まれている。1998 年春から、本格的にインターネット上での公開計算サービスを開始して、現在までに 58ヶ国からのアクセスがあった。現在、WWW へのアクセス数は毎月およそ 3 万ヒットであり、実際の並列計算のジョブ投入数は 1000 件程度である。

### An opened Internet calculation service using a 64-node PC cluster - the Parallel Protein Information Analysis (PAPIA) system -

YUTAKA AKIYAMA,<sup>†</sup> KENTARO ONIZUKA,<sup>†</sup> TAMOTSU NOGUCHI<sup>†</sup>  
and MAKOTO ANDO<sup>††</sup>

We have implemented the Parallel Protein Information Analysis (PAPIA) system on a 64-node PC cluster and have been operating an opened Internet service using it. The PAPIA system is capable to perform typical calculations in protein information analysis, such as similar structure search, homologous sequence search, and multiple sequence alignment, almost 60 times faster than a single processor. Through a Web browser, a user can easily submit tasks to the PAPIA system and obtain graphical outputs using HTML and JAVA. The Web service has been accessed from 58 countries (about 30000 hits per month).

#### 1. はじめに

各種の生物の DNA 配列を読み取るゲノムプロジェクトの急速な進展にともない、膨大な配列情報が分子生物学データベースに蓄積されつつある。これらの大量のデータベースを駆使して、実験中の未知遺伝子配列から、その機能を推定するための情報解析技術が、精力的に研究されている。特定の機能をもつ遺伝子の部位を比較的良い精度で予測できれば、必要となる生物学的な検証実験をピンポイントに限定することが可能になる。具体的には、未知配列を既知の遺伝子あるいはタンパク質配列と比較して機能の関連性を推測したり、未知配列がコードするタンパク質の分子構造を予測する技術などが求められる。遺伝子がコードしている未知タンパク質の

性質を明らかにすることは、病因の解明・新薬の創造・高分子材料開発・農作物の改良などに直接つながるため、大きな社会的ニーズがあり、21世紀の大きな産業技術になると期待されている。

これらの計算技術は計算生物学 (computational biology) と呼ばれる学問分野を形成しつつある。アルゴリズムの研究が学問的に進められている一方で、一定の有用性が認められた解析用プログラムは、あっという間に世界中に広まって、実験現場のパソコン等で日常的に繰り返し実行されている。実験現場では毎日大量に DNA 配列が明らかにされているため、有用な情報を自動的に抽出する技術の開発は、きわめて差し迫った要求となっており、即時かつ現実的な支援体制が求められている。

配列データベースは、3～4年毎に10倍といわれるペースで容量が増加しており、またそれらを加工して付加価値をつけたデータベースの種類もどんどん増えている。大きな研究センターの例では、データベース用のディスク容量は既に数テラバイトを要すると言われる。同時に、個別の実験現場で一日に産生されるデータ量

<sup>†</sup> 技術研究組合 新情報処理開発機構  
Real World Computing Partnership

<sup>††</sup> 日本鋼管 (株)  
NKK Corporation

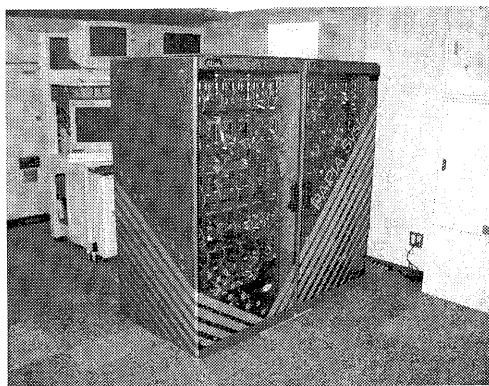


図1 PAPIA クラスタの外観

も、やはり劇的に増加している。各実験現場で、これら二者の比較を行なうような、大規模な計算資源を保有することは容易ではない。そこで、これを解決するための手段の一つとして、インターネット経由での検索や計算サービスがきわめて重要になってくる。

我々は、並列処理の応用研究の立場から、並列計算機を用いたタンパク質情報解析の研究を続けてきた。これらの研究の一貫として、64プロセッサのPCクラスタを作成し、PCクラスタ上にタンパク質情報解析向けの並列計算システムを構築した。このシステムを、並列タンパク質情報解析(PAPIA)システムと名付けた<sup>1),2)</sup>。

PAPIAのような応用システムは、実際の分子生物学者に利用され、厳しいコメントにさらされて初めて真の評価が行なえるとの考えから、PAPIAシステムをインターネット上で無料公開し、世界中のどこからでも気軽に、WWWブラウザから計算依頼を投入できるメカニズムを作成した。現在までに60ヶ国近い国々から、このWWWページはアクセスされている。

本稿では、次節以降で、PAPIAシステムで用いるPCクラスタの概要、PAPIAシステムの構成、WWW経由のサービスの詳細、インターネット上での利用実績、を順に記述する。

## 2. PAPIA クラスタ

本節では、我々がインターネット上の公開計算サービスのために利用しているPCクラスタ(“PAPIAクラスタ”, 図1参照)の仕様を簡単に説明する。

PAPIAクラスタは、計算ノードとして64台、モニターノードとして2台の合計66台のパソコンボード(Intel社製 Pentium Pro, 200MHz)から構成されるPCクラスタである。PAPIAクラスタのハードウェア構成、筐体設計、およびシステムソフトウェアは、全て新情報処理開発機構の手塚ら<sup>3)</sup>のグループが独自に開発したRWC PC Cluster IIをほぼ厳密に踏襲したものであり、1998年2月に完成した。PICMGと呼ばれ

表1 PAPIA クラスタの構成

ノード数	64 計算ノード +2 モニターノード
ノードプロセッサ	Intel Pentium Pro, 200MHz (8KB L1, 512KB L2 cache)
主メモリ	256MB ECC DRAM / ノード
ディスク	4.1GB EIDE HD / ノード
ネットワーク	Myrinet 1.28Gbit/秒/link, PMドライバ <sup>4)</sup> . および 100 Base-T Ethernet.
基本 OS	NetBSD
並列 OS	SCore-D <sup>5)</sup>
言語	MPC++ <sup>6)</sup> , C++, C,
通信ライブラリ	MPICH-PM
寸法	W80cm×D80cm×H160cm × 2 筐体

る産業用規格のボードを用いており、独自設計の筐体に収納されている。PAPIAクラスタの仕様を表1にまとめた。並列データベース検索に応用するため、ディスク容量を各ノード4GBに拡張した点などに特徴がある<sup>1)</sup>(ただし1998年秋に、元のRWC PC Cluster IIもディスク容量は4GBとなり、また計算ノード数は128に拡張された。)

PAPIAクラスタの各計算ノードは、OSとしてNetBSDを搭載しており、独自のIPアドレスを持つ計算機として個別に利用できる。高速なMyrinetで相互接続されており、PM<sup>4)</sup>と呼ばれる高性能の独自通信プロトコルを用いるため、商用並列計算機(MPP)に匹敵する強力な相互通信性能を有している。MPIライブラリを使って記述された並列プログラムは、特別な移植作業なしでそのままPAPIAクラスタ上で高い効率で動作するため、MPPの安価な代替環境として利用できる。さらに、各計算ノードのディスク(4GB)を活かした並列I/Oでは、MPPを凌駕する性能を発揮することも可能である。SCore-D<sup>5)</sup>と呼ばれるギャングスケジューラにより、複数のユーザがPAPIAクラスタ上で同時に並列プログラムを効率よく実行することが可能となっている。NetBSDを用いているため開発環境も整っている。言語は、C, C++, MPC++<sup>6)</sup>を利用している。

## 3. PAPIA システム

並列タンパク質情報解析(PAPIA: Parallel Protein Information Analysis)システム<sup>1),2)</sup>は、タンパク質の配列や立体構造に関する情報解析における典型的な計算を、64プロセッサの大規模PCクラスタ上で高速に並列実行するものである。PAPIAシステムにおいて、特に64プロセッサをフルに利用する大規模並列計算機能としては、現在、下記の3つがある。

- 並列タンパク質類似構造検索(最適回転行列計算)
- 並列タンパク質相同配列検索(動的計画法)
- 並列マルチプルアライメント(組み合わせ最適化)

前述のように PAPIA クラスタ上では、SCore-D スケジューラにより、マルチユーザが並列プログラムを同時に効率良く実行できる。PAPIA システムでは、データベース検索等を行なうプログラムをデーモンとして各計算ノードに常駐させているが、これを止めることなく、同時に他の研究用並列プログラムを実行できるという利点は大きい。並列計算機の空き能力を、24 時間公開しているようなサービスが世界的にもまだ少ないのは、並列プロセス間の良いスケジューラが存在していなかった事実と大きく関連していると考えられる。マルチユーザ環境は、PAPIA システム単独においても、サービス向けのプログラムを走らせたままで、デバッグ版や追加開発版を実行できるという利点ももたらしてきた。

PAPIA システムにおける計算エンジンが「常駐」であるというメリットを最大限に活かし、各計算ノードが検索を担当するデータベースの小区分については、オンメモリ展開して待機する方式を取っている。各ノード 256MB のメモリ容量を、64 台分で合計すると、実に 16GB もの容量になり、当該分野の多くのデータベース検索をオンメモリ化できる。データベースが実メモリ上に載っている場合には、ディスクアクセスなしに超高速にデータベース検索を行なうことが可能となっている。これは PAPIA システムのきわめて大きな利点である。

また、PAPIA システムの各機能を実現しているプログラム群は、鬼塚ら<sup>7)</sup>が開発した PAPIA ライブラリと称する C++ クラスライブラリを用いて効率的に実現されている。PAPIA ライブラリは、タンパク質情報解析向けの共通化された部品集であり、データベースの読み取り、配列アライメント、幾何学的距離計算、最適重ね合わせ計算、統計多変量解析等が、タンパク質の配列および構造に関するクラスのメソッド演算としてあらかじめ定義されているため、プログラムの開発期間が短縮できる<sup>7)</sup>。

PAPIA システムにおける、並列プログラムのプロセス間通信は、二つの異なるアプローチで実装された<sup>1),2)</sup>

(このため 2 つの版の開発が並行して進んでいる)。第一は C++ プログラムに MPICH-PM ライブラリによる通信文を埋め込む実装法であり、第二は MPC++<sup>6)</sup>を用いた実装である。

PAPIA における実装の詳細や、並列実行効率については、本稿の目的から外れるため、割愛する。

#### 4. WWW による PAPIA システム利用

タンパク質情報解析には、検索対象の入力や、多くのパラメータの設定が伴うため、様々な入力画面が必要とされる。それを簡便に実現するとともに、遠隔地からの計算依頼を可能とするため、WWW ブラウザを用いた計算起動システムを構築した。

(<http://www.rwcp.or.jp/papia/>)

WWW 経由での外部公開は 1998 年 3 月<sup>1)</sup> から本格

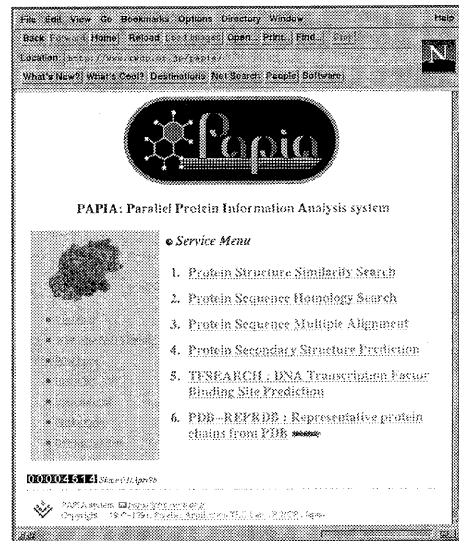


図 2 PAPIA WWW ページ  
(<http://www.rwcp.or.jp/papia/>)

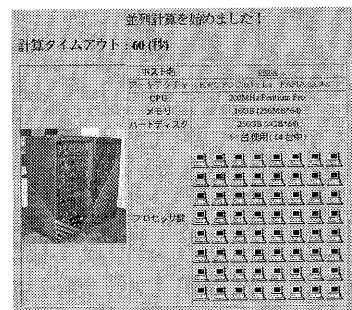


図 3 計算待ち画面の例

的に開始された。PAPIA WWW (図 2) では、現在 6 種類の異なる応用のメニューが提供されている (ただしメニューによっては、PAPIA クラスタ以外の並列計算機でジョブを実行するものも含まれる)。

いずれの計算メニューでも、入力データは HTML で作成された入力フォームを通じて入力 (あるいはファイルの upload) が行なわれる。Submit されたデータは、CGI 経由でジョブ管理キューに渡され、先行するジョブが終了した時に PAPIA クラスタに投入される。クラスタの長期占有を避けるため、各メニューごとに計算の最長時間が設定されており (約 1 ~ 3 分程度)、それを越える計算はタイムアウトされる。計算結果は WWW サーバマシンに戻されて、HTML を用いてグラフィカルな出力結果画面として組み立てられ、サーバ上一時ファイルとして書き出される。ジョブを投入したユーザ側では、WWW ブラウザ上には計算中の待ち

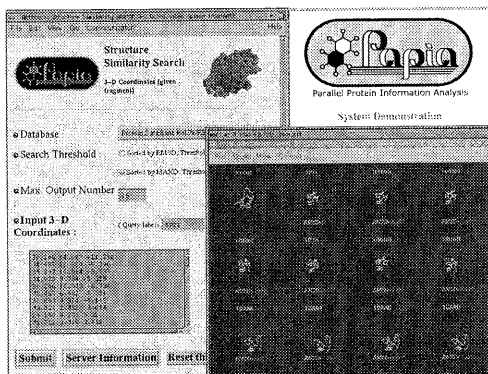


図4 PAPIA WWW上の並列タンパク質類似構造検索

画面(図3)が表示され、IDとマッチする一時ファイルが生成されると、出力ファイルの表示に切り替わる。

現在のところ、ジョブキューは単純なFIFOで、ユーザごとの優先度管理は行っていない。計算メニューごとに、独立なキューと独立な計算サーバ(あるいはパーティション)が指定でき、PAPIAクラスタ以外にも、その時利用可能な様々な並列計算機を併用してサービスを提供できるようになっている。

#### 4.1 タンパク質の並列類似構造検索

この計算メニューでは、入力されたタンパク質(の断片)と類似した立体構造を、タンパク質立体構造データベースPDB<sup>8)</sup>から並列検索する。主鎖のC $\alpha$ 原子のみに注目し、対応原子間のRMSD距離が最小となるような最適重ね合わせ(回転行列)を厳密に求める(Kabsch法)。1残基ずつずらしながら、重ね合わせるための残基間の対応については全通りを試す(ギャップ無し計算)。3000件程度のPDBからの代表的構造データを、静的にデータ分割して並列検索している。

発見された類似立体構造は、重ね合わせのRMSD距離の小さい順に、ソートされた一覧表として表示される。結果画面には、PDBデータベースの対応エントリーに飛ぶためのハイパーリンクも埋め込まれており、リンクを順次たどれば、タンパク質の機能、関連論文、疾病、化学反応等の情報を得ることができる。JAVAを利用した立体構造ビューワー(図4)も作成している。

#### 4.2 タンパク質の並列相同配列検索

タンパク質の相同(homologous)な配列を、PDBや、SwissProt配列データベースから並列検索する。弱い相同性も見逃さないようにNeedleman-Wunsch法による厳密な動的計画法(Dynamic Programming)計算を採用した。

計算が終了すると、発見された相同配列が、相同性の得点や配列中の残基一致率などでソーティングされて、一覧が表示される。

また、検索結果の相同配列から任意のものをピックアップして、次項に説明するマルチプルアライメント計



図5 PAPIA WWW上での並列マルチプルアライメント

算に送り、配列間の関連部位を見ることもできる。

#### 4.3 タンパク質配列の並列マルチプルアライメント

進化上関連のあるタンパク質配列を数本〜百本程度入力して、進化の過程で元々は同一であったと思われる残基同士を推定して、同一カラム上に縦に揃えていく計算である(図5)。対応する残基が欠失している場合はギャップを挿入し、残基間の対応関係がよく説明できる並べ方を、組合せ最適化問題として解く。縦に文字が良く揃った部分は、酵素としての活性部位や、折れ畳みのコア部分など、そのタンパク質が進化の歴史を通じて保存してきた重要な部分であると推測される。

広沢ら<sup>9)</sup>による反復改善法をさらに修正して、A\*アルゴリズムによる枝刈り機能も付加したツリー依存限定分割ツリーベース反復改善法が10時<sup>10)</sup>により並列実装された。従来法に比べ精度が高いため、進化上の弱い関係も発見できる。

#### 4.4 タンパク質配列の並列二次構造予測

タンパク質の主鎖における特徴的な局所構造(二次構造)を予測する。西川-野口の新ジョイント法を用いている。計算時間が膨大であったSSThread法を並列化することにより高速化し、新ジョイント法の構成要素として新たに組み込んだ。並列性が10プロセッサ程度なため、別の並列環境で現在サービスしている。

#### 4.5 転写因子結合部位予測

転写因子と呼ばれるタンパク質等の複合体が、DNA配列上に結合する部位を予測する。秋山が開発したTF-SEARCHプログラムを利用している。TFMATRIXデータベースを用いて、既知の結合部位との相関性が高い配列上の部分を列挙する。PAPIAクラスタ完成前から別環境で公開してきたために、利用者が多い。

#### 4.6 非冗長タンパク質構造データベース

野口らによる非冗長タンパク質構造データベースPDB-REPRDB<sup>11)</sup>を提供。オリジナルのPDB<sup>8)</sup>は、同一のタンパク質を多くの実験グループが測定した結果

表2 PAPIA WWW サービス 利用統計 (99年4月8日現在)

	並列タンパク質 類似構造検索	並列タンパク質 相同配列検索	並列マルチプル アライメント	並列タンパク質 二次構造予測	転写因子結合 部位予測	PDB- REPRDB	WWW 合計
日本	3750	3308	2707	2622	12676	2760	270371
海外	206	192	220	257	38064	217	161577
不明	345	367	494	220	19847	63	99127
合計	4301	3867	3421	3099	70587	3040	531075

などが冗長に登録されており、そのままでは計算生物学の研究に使いにくい。このため、種々の研究用途に合わせて、非冗長に代表点を選んだ研究用データセットへの要求が高い。代表点の正確な選出には、従来は数週間に及ぶ計算が必要であったが、並列化と種々の工夫で大幅に高速化された<sup>11)</sup>。当初は、あらかじめ計算したデータセットを提供していたが、99年4月から、ユーザの指示に応じた動的な計算サービスも実施している。

### 5. PAPIA WWW サービスの利用実績

前述の6種類のサービスの各々について、現在までの計算回数の実績を表2に示す。まだ海外への案内を積極的には行っていないため、国内からの利用が圧倒的に多い(近日に bionet などのニュースグループで国際的にも案内を開始する予定)。転写因子結合部位予測(TFSEARCH)は例外で、すでに国際的に多くのユーザが付いており、海外からの実行がむしろ多い。

実際の計算投入回数とは直接は結びつかないが、PAPIA WWW で提供しているドキュメントへのアクセス等も含めた、総アクセス数について調べてみると、最近ではおよそ毎月3万件程度のアクセス数がある。国内からのアクセスは、このうち半分程度である。月別の推移を、図6に示す。海外からは、ページへのアクセスはあっても、実際に並列計算を起動して、継続的な利用者になるケースはまだ少ない。筆者らも、アメリカ国内からアクセスした経験があるが、検索結果が膨大な場合などに、ネットワーク速度の遅さが感じられた。

PAPIA への計算の投入は、基本的には匿名(依頼者を非特定)で行なわれるが、WWW へのアクセス数については、ログの解析により国別統計を得る事ができる。現在までに、58ヶ国からのアクセスが記録されている。表3に、このうち上位20ヶ国について、国名とアクセス数の累計を示した。

## 6. 議 論

### 6.1 PC クラスターの役割

PC クラスターは、その強力な計算/検索機能に比較し、価格が手頃であることから、巨大なデータセンターにだけでなく、分子生物学の実験施設の拠点にも、今後普及していく事が考えられる。

遺伝子等の研究では、研究中の配列情報の秘密性がきわめて高く、たとえ通信経路は完全に暗号化されていて

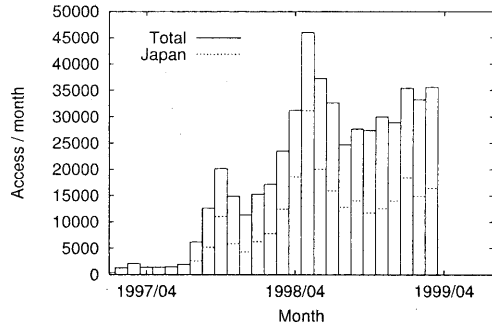


図6 PAPIA WWW サービス 月次アクセス数の推移

表3 PAPIA WWW アクセス 上位20ヶ国 (99年4月8日現在)

国名	アクセス数	国名	アクセス数
日本	269883	イタリア	2926
アメリカ	78826	韓国	1542
ドイツ	16573	台湾	1535
イギリス	11177	フィンランド	1435
フランス	8793	イスラエル	1387
カナダ	8626	スイス	1211
オランダ	4925	ノルウェー	1154
オーストラリア	4806	オーストリア	1009
スウェーデン	4297	ベルギー	852
スペイン	4134	デンマーク	823

も、外部の計算サービスに未公開配列を投げること自体が敬遠される場合が多い。安価な並列環境が普及すれば、未公開配列の解析の支援になる。一方では、遺伝子やタンパク質の情報は、人類共通の財産として、次々にネットワーク上でオープンにもされている。ネットワーク上での検索や計算のオープンサービスは学問分野の進歩の為に非常に重要と考えられる。

### 6.2 WWW を利用したサービスの特徴

PAPIA システムに限らず、WWW を利用したサービスには、以下の特徴が考えられる<sup>12)</sup>。

- (1) 遠隔アクセス: 世界中からアクセス可能。
- (2) 引用自在性: 他の情報資源へのハイパーリンク。
- (3) マルチプラットフォーム: 操作が同一。
- (4) 作成容易性: HTML で簡便に i/f を作成。
- (5) マルチメディア: 画像や音声等を扱える。

遠隔アクセスという点では、1990年代の前半、計算生物学の分野でも盛んに、TCP/IP 通信を用いたクラ

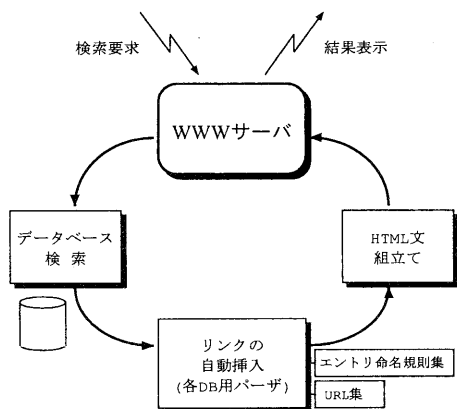


図7 ハイパーリンクの自動挿入

クライアント-サーバ型のプログラムが書かれていた。しかし、次の「引用の自在性」と「マルチプラットフォーム」という2点で、ほぼ完全にWWWを利用する方式に移行してしまった。

引用の自在性は、この分野では特に重要である事を指摘したい。ほぼ全ての、公開されたデータベースのエントリがURLで指定可能であり、論文のアブストラクトや、化学構造式なども無償で引用することができる。PAPIAシステムにおいても、検索結果画面からは、関連データベースにさまざまなリンクが張られている。これらの、データベース間のハイパーリンクは、あらかじめ静的に計算する方法だけでなく、動的に付加する方法もある。我々のシステムでは、データベースの表示時点において、ある種のパーザを用いて動的にハイパーリンクを挿入する方式<sup>12)</sup>を取っている(図7)。

## 7. おわりに

本稿では、64プロセッサ構成のPCクラスタを用いた、インターネット上のタンパク質情報解析サービス(PAPIAシステム)と、その利用実績について紹介した。合計16GBのメモリ空間と256GBのディスク空間を有効に利用する事により、強力なデータベース検索および計算環境が実現できた。

分子生物学者にとっては、解析を支えている(並列)情報技術よりは、提供されるコンテンツそのもの、解析結果の質そのものが、興味の全てである。60倍高速な並列エンジンよりも、1台のパソコン上の商用プログラムの気の効いた近似解法と後処理のほうが生物学者にとっては役に立つケースも現に存在し、このような価値観の中で応用システムの実用性評価を行なうのはなかなか厳しい。しかし類似構造検索など、他に例のないサービスもPAPIAシステムでは可能になっており、並列応用技術の実証の立場から、今後もインターネット上での質の良いサービスの提供を実験として続けていきたい。

## 参考文献

- 1) 秋山, 鬼塚, 野口, 安藤, 斎藤: 並列タンパク質情報解析(PAPIA)システムのPCクラスタ上での実現, 情処研報 97-HPC-70-6, pp.31-36 (1998).
- 2) Akiyama, Y., Onizuka, K., Noguchi, T., Ando, M.: Parallel Protein Information Analysis (PAPIA) system running on a 64-node PC Cluster, *Proc. the 9th Genome Informatics Workshop (GIW'98)*, pp.131-140 (1998).
- 3) 手塚, 堀, O'Carroll, 石川: RWC PC Cluster IIの構築と性能評価, 情処研報 97-HPC-70-5, pp.25-30 (1998).
- 4) Tezuka, H., Hori, A., Ishikawa, Y., Sato, M.: PM: An Operating System Coordinated High Performance Communication Library, High-Performance Computing and Networking '97, *Lecture Notes in Computer Science*, Vol.1225. Springer-Verlag, pp.708-717 (1997). <http://www.rwcp.or.jp/lab/pdslab/clusters/>
- 5) Hori, A., Tezuka, H., Ishikawa, Y.: Highly Efficient Gang Scheduling Implementation, *Proceedings of SC98* (1998).
- 6) Ishikawa, Y.: Multi Thread Template Library - MPC++ Version 2.0 Level 0 Document -, RWC Tech. Repo. TR-96012, (1996). <http://www.rwcp.or.jp/lab/pdslab/mpc++/>
- 7) Onizuka, K., Noguchi, T., Akiyama, Y.: Parallel PDB Data Retriever 'PDB Diving Booster', High Performance Computing, *Lecture Notes in Computer Science*, Vol.1336. Springer-Verlag, pp.389-396 (1997).
- 8) Bernstein, F., Koetzle, T., Williams, G., Meyer, E., Brice, M., Rodgers, M.J., Kennard, O., Shimanouchi, T., Tasumi, M.: The Protein Data Bank: A Computer-based Archival File for Macromolecular Structures, *J. Mol. Biol.*, Vol. 112, pp.535-542 (1977).
- 9) Hirose, M., Totoki, Y., Hoshida, M., Ishikawa, M.: Comprehensive Study on Iterative Algorithms of Multiple Sequence Alignment, *Comput. Applic. Biosci.*, Vol.11, pp.13-18 (1995).
- 10) 十時, 秋山, 鬼塚, 野口, 斎藤, 安藤: アミノ酸配列のマルチプルアライメントにおける反復改善過程の並列化とA\*アルゴリズムの適用, 情処論, Vol.40, No.SIG(TOM2) (1999) (採録決定).
- 11) 野口, 秋山, 鬼塚, 安藤: タンパク質立体構造の配列および原子間距離による分類と非冗長化されたPDB代表タンパク質チェインデータベース(PDB-REPRDB)の作成, 情処論, Vol.40, No.SIG2(TOM1), pp.91-104 (1999).
- 12) 秋山: WWWによる研究支援, システム制御情報学会誌, Vol.40, No.7, pp.291-296 (1996).