No.5-7



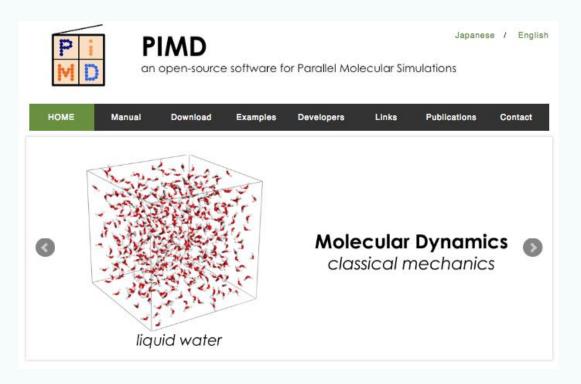
# (JAEA) 分子シミュレーションコード

## 多様な分子シミュレーションを並列計算できる「PIMD」

- 多様な並列分子シミュレーションに対応
- 充実したマニュアル
- 50件を超える国際論文誌で利用

**キーワード:**スーパーコンピューター、高速化、並列化

- ○古典・第一原理分子動力学法、経路積分法、レプリカ交換法、メタダイナミクス法、 ストリング法、QM/MM法、サーフェスホッピング法など多様な手法をサポート。
- ○自己学習ハイブリッドモンテカルロ法により、機械学習ポテンシャルを作成可能。
- ○分子構造(レプリカ)と力場(断熱ポテンシャル)の間での階層的な並列化により、 高速かつ高効率な計算が可能。
- ○Apache 2.0 License の範囲で、無償でダウンロードし、利用可能。



#### 技術のステージ



#### 関連業種

学術・開発研究機関

#### 利用分野

化学、物理学、物質科学における分子 シミュレーション、第一原理計算

### 知財・関連技術情報

並列分子シミュレーションコード「PIMD」 (https://ccse.jaea.go.jp/software/PIMD/ index.jp.html)

