

X07b Recipes for GRAPE-SPH

幸田 仁 (東大センター)、和田桂一 (国立天文台)、祖父江義明 (東大センター)

我々は GRAPE-3 を使い、SPH 法のコードを開発した。SPH ではコンパクトなカーネルを使った場合、近傍粒子との相互作用だけを計算すれば良いため、効率的に近傍粒子を探すことが出来れば計算量を格段に減らすことが出来る。我々は GRAPE を使う近傍探しの方法として、(1)GRAPE とモートン法による粒子配列を使う方法を考案した。これによりモートン配列を使わない場合に比べてコミュニケーションの時間が約 7 割程度節約される。さらに我々は、ホストコンピュータで近傍粒子を探すことも考え、(2)grid 法と tree 法を組み合わせた方法も考えた。結果として、GRAPE-3 と現在の速いワークステーションを使った場合には (2) の方法が (1) よりも効率的であると分かったが、速いバスを搭載した GRAPE (GRAPE-4 や GRAPE-5) を使う場合には、(1) が最良の方法であると期待される。また (1) の方法は既存の GRAPE-SPH のコードと簡単に接続され、近傍探しの時間を数倍節約できる。

さらに Hernquist & Katz (1989) で指摘されたように、gather formalism で近傍粒子が探された場合、粒子 i は粒子 j の影響を受けるが、 j は i の影響を受けない、と言う事態が起き得る。我々はこれを SPH 相互作用の対称性を使って解決した。その際、SPH 粒子の半径を相互作用計算の判定条件にした。この方法により、gather formalism で集められた近傍リストは仮想的に scatter formalism の近傍リストと同等になり、作用・反作用の法則は完全に満たされ、計算時間が $1/2$ に節約される。GRAPE は現在、重力多体計算に於いて作用・反作用の方法を満たす唯一の解であるが、我々のコードは SPH の部分も含めて、完全にニュートンの第 3 法則の下に問題を解く。

汎用の並列計算ライブラリを使って GRAPE と SPH を並列に解いた場合、以上の方法を使えば数万体以上の SPH/ N -body 計算は SPH を行わない N -body 計算とほぼ同程度の計算時間になる。