

X04b Morton を用いた GRAPE による近傍粒子探査の加速法

斎藤 貴之 (北大理)、幸田 仁 (国立天文台)

SPH 法は各粒子の近傍の数十個の粒子を探索し、その粒子との流体的相互作用を計算することによって系の流体力学的進化を表わす。この手法では近傍粒子探索部分が非常に多くの計算時間を要するホットスポットになる。そこで近傍粒子探索を高速化するために GRAPE を利用することを考える。GRAPE の近傍粒子リストの転送は時間がかかるため、転送される近傍粒子リストをなるべくだぶらせた方が転送量を圧縮できてよい。そのために、空間的に近い粒子同士を連続して GRAPE に渡せるように粒子リストを並び替える必要がある。今回は MUV(国立天文台 GRAPE system) の Alpha 264 + GRAPE-5 を使い、(1) GRAPE のみ、(2) GRAPE + X 座標に基づくソート (Steinmetz 1996 MNRAS)、(3) GRAPE + Morton によるソートの 3 つの場合について、ランダムで一様な粒子分布に対する近傍粒子探査 (重力計算も同時に行う) に要した時間を計測した。

粒子数ごと手法ごとに 10 回繰り返して求めた、各手法ごとに要した平均の時間は以下の通り。近傍粒子は 60 個の場合である。Morton によって転送される近傍粒子リストが圧縮され、それにより近傍粒子探査 (重力計算を含む) は 1.3 ~ 2 倍に加速された。X 座標に基づくソートでは粒子数が増えると Morton を用いた場合よりもはや性能が劣化することもわかった。ポスターでは Tree+GRAPE 法による近傍粒子探査との比較も行う。

粒子数	GRAPE のみ	GRAPE + X-sort	GRAPE + Morton
1 万	0.608[sec]	0.450[sec]	0.300[sec]
5 万	5.07[sec]	4.75[sec]	3.43[sec]
10 万	15.2[sec]	14.7[sec]	11.6[sec]