多くの小塊を持つガス中での銀河形成

— GRAPE-5 システム用コードの開発 —

幸田 仁 (東京大学大学院理学系研究科付属天文学教育研究センター)

アブストラクト

本プロジェクトでは、分子ガスによる冷 却効果も考慮し、銀河形成初期に存在した 可能性のある分子ガス雲 $(\sim 10^6 M_{\odot})$ の、銀 河形成に果たす役割の理解を目的としてい る。また銀河ガスの"温度"を如何にモデル 化すべきか、を解明する。計算の分解能に よって、計算しているガスの"温度"は以下 の 2 つの異なる意味を持つ:(1)低分解能で はガス雲の速度分散、(2) 高分解能では原子 の速度分散。これまで数値計算は低分解能 で、扱うガスは(1)の性質を持ち、銀河円盤 の動力学計算ではしばしば等温円盤を仮定 した。しかし銀河形成計算は低分解能にも かかわらず、本来(2)の温度で決まる放射 冷却効果を、(1)の温度から計算している。 本プロジェクトでは、N-body/SPH 法を採 用し、初期分子ガス雲まで分解して温度の 問題を解決し、銀河ガスの収縮過程を正し く扱うことを目的とする。1銀河内部での 粒子数 $N = 10^{6-7}$ 、質量分解能 $10^{3-4} M_{\odot}$ の計算を目標とし、本年度は、そのための コードの開発を行った。特に、重力計算部分 について、Barnes のツリーコードを元に、 ツリー + GRAPE コードの開発を行った。

Tree+GRAPE コード

用しながら、再帰的にツリーを下り、重力 合わせる良い方法と言える。

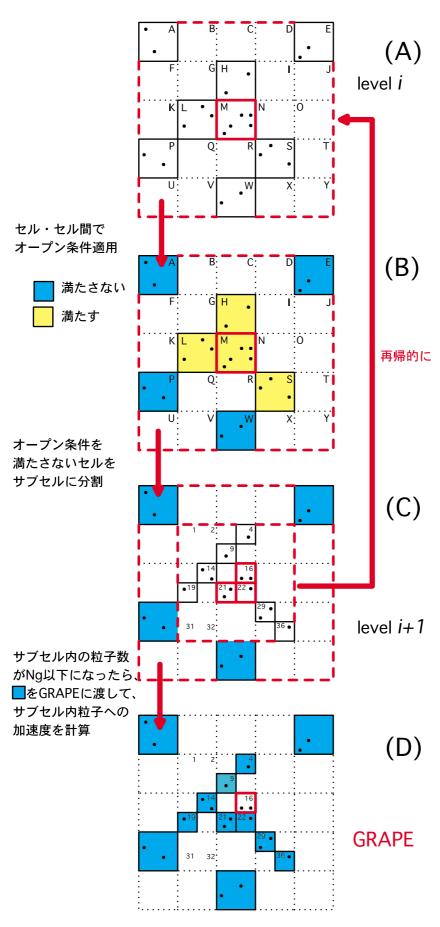
を計算する。

図は(3)について模式図である。まずあ るレベル i に着目する [図 A]。A,B,... は 同じレベル i にあるセル。まずセル M に 着目し、セル M のオープン条件を満たす セルを、同レベルの中から選ぶ(たとえば A,E,P,W、図B)。

次に1つ下のレベル i+1 に移る [図 C]。 セル M と、セル M のオープン条件を 満たさなかったセルを、サブセルに分割 する (1,2,3,...)。内側赤破線の外側のセル (A,E,P,W) は、すでにセル M のサブセル 16,21,22の相互作用リストに入っている。つ まりサブセル 16,21,22 のオープン条件は、 内側赤破線の内部だけに適用すればよい。 図 C の内側赤破線の内部だけを考え、たと えばセル16に注目すると、状況は図Aと同 じになっている。図(A)-(C)の操作を、再 帰的に繰り返しツリーを下る。

上記のようにすると、各レベル毎に1セ ル内の多数の粒子にたいして、一度に相互 作用リストを作ることになり、粒子毎にツ リーを下る場合に比べて操作の数が激減し、 高速化が可能になる。

さらに、注目したセル内部の粒子数が Ng 個 (=2000 個程度が良い) 以下になった場 合には、それまで作った相互作用リストを GRAPE に渡し、注目したセル内部の粒子 このコードでは Barnes のツリー法をベー に対する重力を GRAPE を用いて計算する スに、まず (1) ツリー構造を作り、(2) 各レ [図 D]。この方法では、ツリー法での相互作 ベルのセル内にある粒子数を検索する。そ 用リストと GRAPE に渡す粒子のリストが の後、(3) セル・セル間のオープン条件を適 自然に一致し、ツリー法と GRAPE を組み



結果

Plummer モデルを用いて CPU 時間の測 定を行った。GRAPE-5システムの1ノー ドを使った結果を表に示す。1ステップあ たり、ツリー構築 (mkt)、重力計算 (grv) に 掛る CPU 時間、全 CPU 時間、全使用メモ リ量を示してある。

テストした範囲(粒子数 10⁴⁻⁷)で、計 算時間は粒子数に比例する。 1 ノードでの 計算は、メモリリミットではなく CPU リ ミットになっていて、銀河形成のように高 時間分解能で長時間積分が必要な系の場合、 現実的な時間で、粒子数~106程度まで計 算可能である。重力に関しては、1 ノード で最低目標粒子数に到達出来る。

表には、ツリー構築に掛る CPU 時間の 全 CPU 時間に対する割合が示してある。全 体として約3割がツリー構築に使われてい る。また粒子数が増えるにつれ、ツリーが 深くなるため、割合は上がっている。最終的 な目標である粒子数 $\sim 10^7$ の計算のために は、並列化が必要になる。重力計算の時間 は粒子数と比例関係にあるため、並列化し 表 1: 各粒子数に対する、1 ステップあたり た場合に重力計算部分はノード数に反比例 のメインルーチンの CPU 時間 (単位は秒)。 は、単純に並列化した場合にはボトルネッ (図を参照)。CPUtot:全CPU時間。 クになると予想される。

現在はセルに1粒子しか入らない場合を ツリーの末端としているが、GRAPE を使 う場合、粒子に行き着くまでセルを開かず、 セル内の全粒子について重力を計算してし まう方が速い場合も多い。そのため、ツリー を末端まで作らず、かなり上のレベルでツ リー構築をやめることで、ツリー構築に掛 る時間を減らすことが出来るのではないか と、考えている。

このコードを使って、今後、まず1ノー ドの計算から、本計算を行っていきたい。

粒子数	10^{4}	10^{5}	10^{6}	10^{7}
CPUmkt	0.067	0.26	3.7	58
CPUgrv	0.017	0.93	9.3	108
CPUtot	0.087	1.2	13	167
mkt/tot (%)	20	22	29	35
メモリ		18M	136M	1.3G

すると考えられる。しかしツリー構築部分 CPUmkt:ツリー構築。CPUgrv:重力計算