

# Monte Carlo: Rozwiązywanie równania Poissona na siatce metodą błędzenia przypadkowego

Filip Brodacz

26 maja 2025

## 1 Wstęp teoretyczny

Rozpatrujemy dwuwymiarowe równanie Poissona:

$$\nabla^2 V(\vec{r}) = -\frac{\rho(\vec{r})}{\varepsilon}$$

gdzie  $V(\vec{r})$  to potencjał elektryczny, a  $\rho(\vec{r})$  to znana funkcja rozkładu gęstości ładunku.

Warunki brzegowe:

- Dirichleta (absorpcja) na lewym, dolnym i górnym brzegu:

$$V(0, y) = V_L \sin\left(\frac{\pi y}{y_{\max}}\right), \quad V(x, 0) = V_B \sin\left(\frac{\pi x}{x_{\max}}\right), \quad V(x, y_{\max}) = V_T \sin\left(\frac{\pi x}{x_{\max}}\right)$$

- Neumanna (odbicie) na prawym brzegu:

$$\left. \frac{\partial V}{\partial x} \right|_{x=x_{\max}} = 0$$

Rozkład gęstości ładunku przyjmuje postać:

$$\rho(x, y) = \rho_{\max} \exp\left[-\frac{(\vec{r} - \vec{r}_{\max})^2}{2\sigma_{\rho}^2}\right]$$

## 2 Opis metod

### 2.1 Metoda nadrelaksacji

Dyskretyzując operator Laplace'a, otrzymujemy schemat różnicowy:

$$V_{i,j}^{\text{new}} = (1 - \omega)V_{i,j} + \frac{\omega}{4} \left( V_{i+1,j} + V_{i-1,j} + V_{i,j+1} + V_{i,j-1} + \frac{\Delta^2}{\varepsilon} \rho_{i,j} \right)$$

Zbieżność kontrolujemy za pomocą funkcjonału energii:

$$F = \int \left( \frac{1}{2} \vec{E}^2 - \rho V \right) d^2 r, \quad \vec{E} = -\nabla V$$

$$\left| \frac{F^{(k+1)} - F^{(k)}}{F^{(k+1)}} \right| < \text{tol}$$

## 2.2 Metoda Monte Carlo

Dla każdego punktu generujemy  $N$  łańcuchów Markowa. Potencjał wyznaczamy na podstawie:

$$V_{i_0, j_0} = \frac{1}{N} \sum_{l=1}^N \Delta V_l$$

$$\Delta V_l = V_{\text{brzeg}}^{(l)} + \sum_{p=1}^{d_l-1} \frac{\Delta^2 \rho_{i_p, j_p}}{4\varepsilon}$$

Odchylenie standardowe:

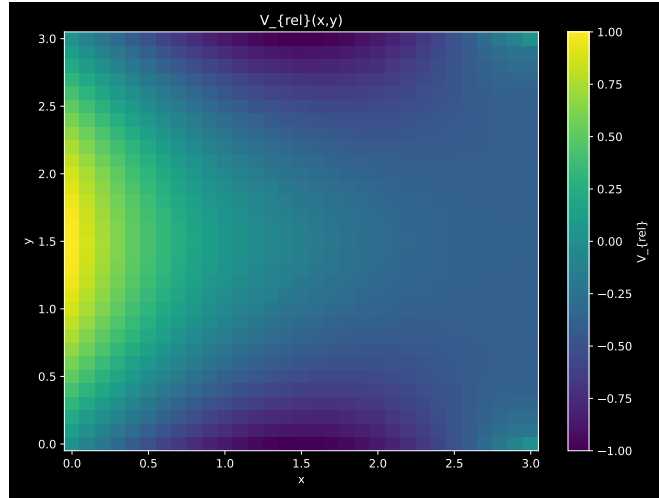
$$\sigma_{V_{i_0, j_0}} = \sqrt{\frac{1}{N} \sum_{l=1}^N (\Delta V_l)^2 - \left( \frac{1}{N} \sum_{l=1}^N \Delta V_l \right)^2}$$

## 3 Wyniki

Symulacje przeprowadzono dla:

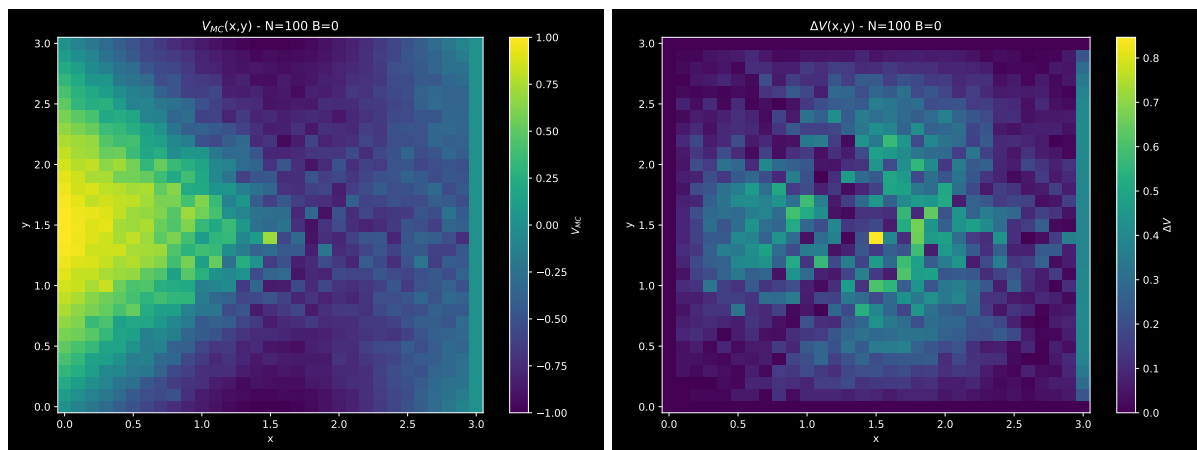
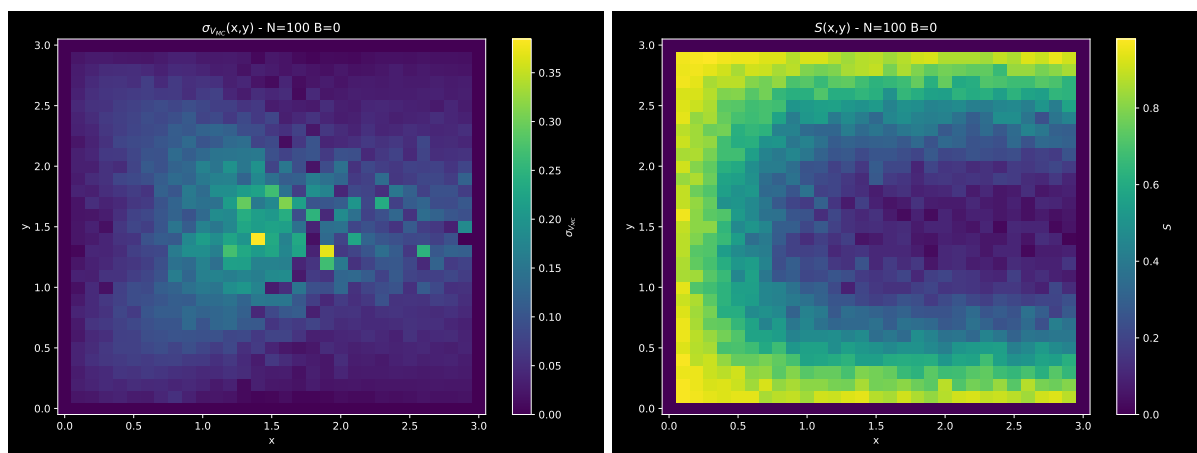
- $nx = ny = 30$ ,  $\Delta = 0.1$ ,  $\varepsilon = 1$
- $V_L = 1$ ,  $V_T = V_B = -1$ ,  $\rho_{\max} = 1$ ,  $\sigma_\rho = x_{\max}/10$
- Dla MC:  $N_{\text{chains}} = \{100, 300\}$ ,  $n_{\text{length}} = \{100, 300\}$ , z i bez blokady węzłów

### 3.1 Metoda odniesienia — Nadrelaksacja

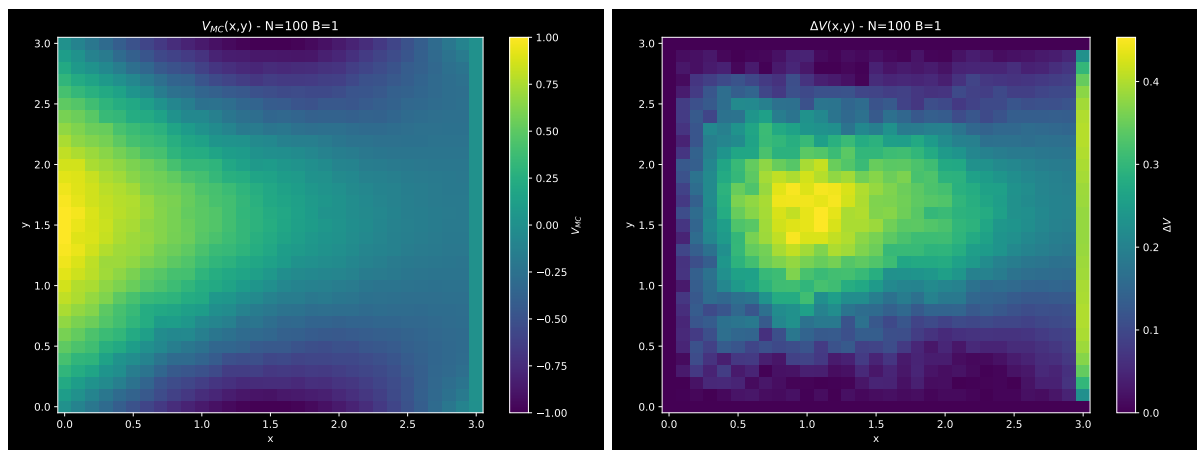
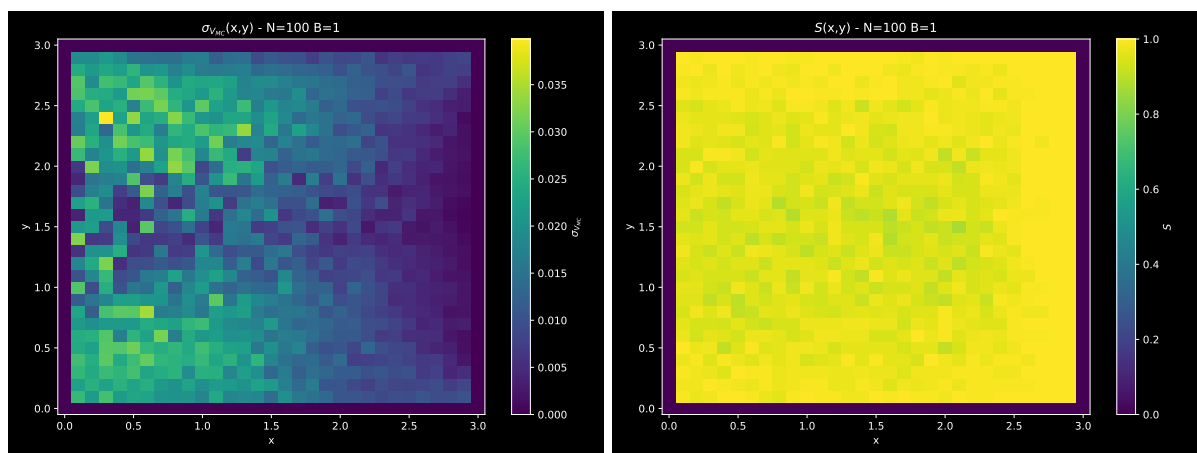


Rysunek 1: Potencjał odniesienia  $V_{\text{rel}}$  uzyskany metodą nadrelaksacji

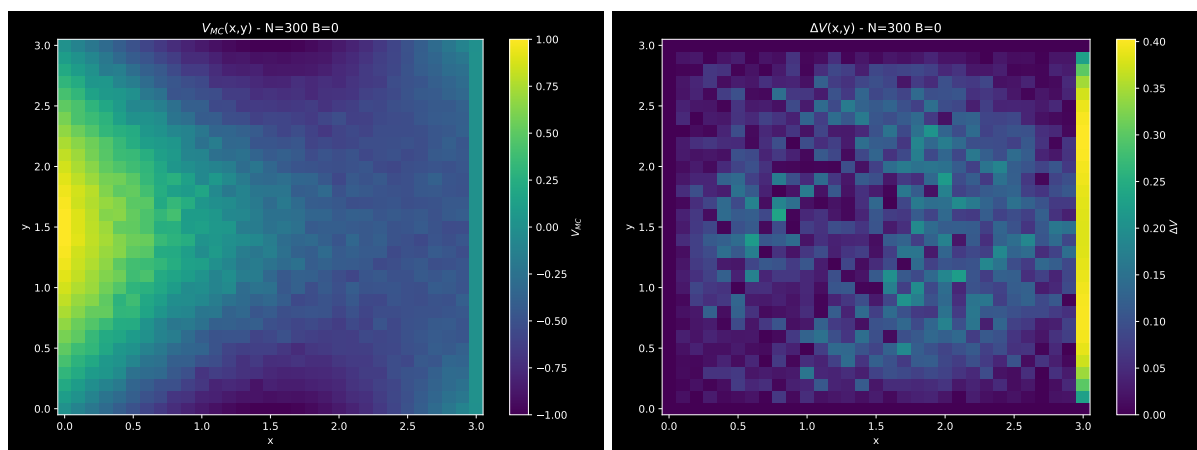
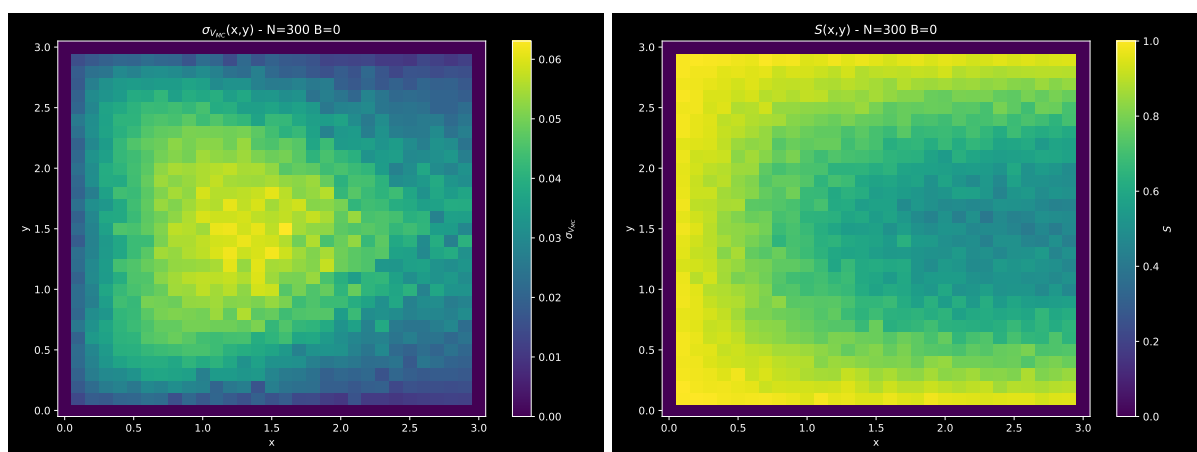
Potencjał  $V_{\text{rel}}$  stanowi punkt odniesienia dla porównań z metodą Monte Carlo. Jest to wynik dokładny (deterministyczny) przy zadanym poziomie tolerancji.

3.2 Przypadek 1:  $N = 100$ , bez blokady ( $blocked = 0$ )Rysunek 2: Potencjał  $V_{MC}$  i różnica  $\Delta V$ Rysunek 3: Odchylenie standardowe  $\sigma_V$  oraz mapa absorpcji łańcuchów

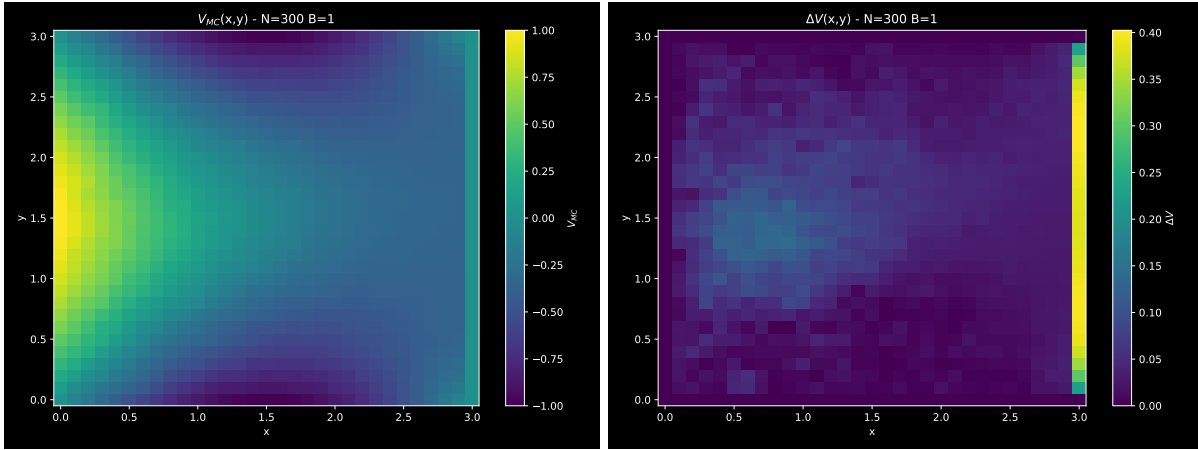
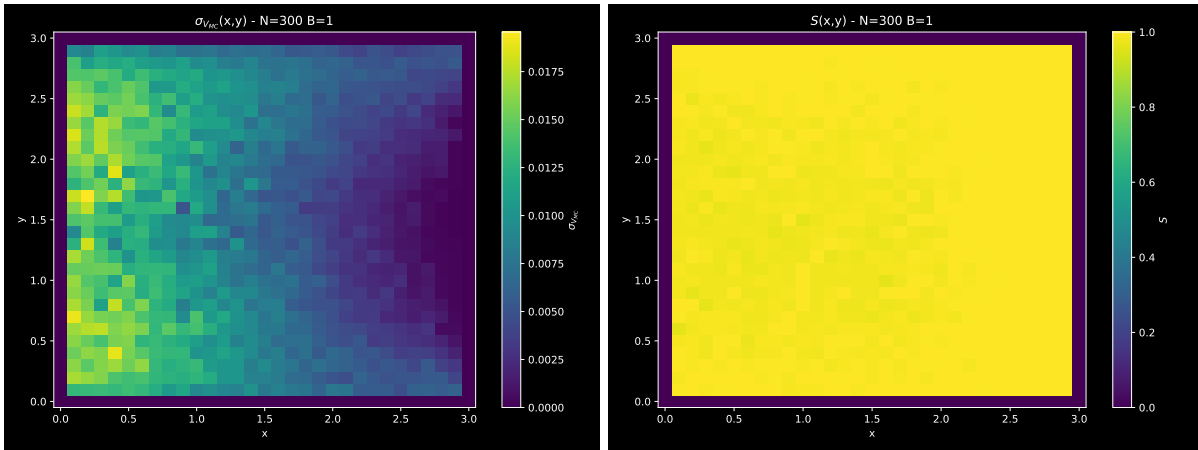
Brak blokady skutkuje mniejszą dokładnością w centralnych obszarach siatki, co wynika z niskiego udziału zaabsorbowanych łańcuchów. Obserwuje się wyższe wartości  $\Delta V$  oraz większe odchylenie  $\sigma_V$ .

3.3 Przypadek 2:  $N = 100$ , z blokadą ( $blocked = 1$ )Rysunek 4: Potencjał  $V_{MC}$  i różnica  $\Delta V$ Rysunek 5: Odchylenie standardowe  $\sigma_V$  oraz mapa absorpcji łańcuchów

Blokada węzłów poprawia lokalną spójność wyników — potencjał MC zbliża się do wyniku relaksacji. Widać wyraźnie obszary o niskiej liczbie zaabsorbowanych łańcuchów, gdzie odchylenie  $\sigma_V$  jest najwyższe.

3.4 Przypadek 3:  $N = 300$ , bez blokady ( $blocked = 0$ )Rysunek 6: Potencjał  $V_{MC}$  i różnica  $\Delta V$ Rysunek 7: Odchylenie standardowe  $\sigma_V$  oraz mapa absorpcji łańcuchów

Większa liczba łańcuchów istotnie redukuje błąd  $\Delta V$  w porównaniu do przypadku  $N = 100$ . Mimo braku blokady, wynik jest zauważalnie bardziej zgodny z metodą deterministyczną.

3.5 Przypadek 4:  $N = 300$ , z blokadą ( $blocked = 1$ )Rysunek 8: Potencjał  $V_{MC}$  i różnica  $\Delta V$ Rysunek 9: Odchylenie standardowe  $\sigma_V$  oraz mapa absorpcji łańcuchów

Najlepsze dopasowanie do  $V_{rel}$  spośród wszystkich przypadków. Blokowanie węzłów oraz duża liczba łańcuchów skutkują najmniejszym błędem  $\Delta V$ , najmniejszymi odchyleniami oraz największym ułamkiem zaabsorbowanych łańcuchów.

## 4 Podsumowanie

- Wyniki metody Monte Carlo dobrze zgadzają się z metodą relaksacji w punktach, gdzie procent zaabsorbowanych łańcuchów jest wysoki.
- Odchylenie standardowe  $\sigma_V$  pokrywa się z błędem  $\Delta V$ , wskazując na poprawność estymacji niepewności.
- W obszarach centralnych siatki, gdzie absorpcja jest mniejsza, pojawiają się większe odchylenia i błędy.
- Zwiększenie liczby łańcuchów oraz blokowanie wyznaczonych węzłów poprawia dokładność kosztem czasu obliczeń.