

1. Celem laboratorium było znalezienie rozwiązania równania Poissona za pomocą metody błędzenia przypadkowego

## 2. Metody

### 2.1. Metoda Monte Carlo

Dla danego punktu  $(x_i, y_i)$  siatki o wymiarach  $n_x * n_y$  generujemy  $N$  łańcuchów Markowa (ścieżek). W każdej iteracji następuje ruch:

- powoduje zakończenie łańcucha na brzegu z warunkiem Dirichleta – wkład  $V(x_{\text{end}}, y_{\text{end}})$ ,
- przemieszcza się po środku siatki,
- odbija od brzegu z warunkami Neumanna,
- następuje zakończenie symulacji z powodu przekroczenia limitu  $N_{\text{MAX}}$  kroków - brak zbieżności

powoduje brak wkładu do potencjału.

Potencjał jest obliczany uśredniając wkłady ze wszystkich ścieżek:

$$V(x_0, y_0) = \frac{1}{N} \sum_{l=1}^N \Delta V_l$$
$$\Delta V_l = V^{(l)}(x_{\text{end}}, y_{\text{end}}) \Big|_{\text{Dirichlet}} + \sum_{p=1}^{d_l-1} \frac{\Delta^2 \rho_{i_p, j_p}}{4\epsilon}$$

gdzie  $d_l$  to długość  $l$ -tej ścieżki, a  $\rho_{i_p, j_p}$  to wartość ładunku w  $p$ -tym punkcie ścieżki.

### 2.2. Metoda relaksacji

Dyskretna wersja równania Poissona na siatce o kroku  $\Delta$ :

$$\frac{V_{i+1,j} - 2V_{i,j} + V_{i-1,j}}{\Delta^2} + \frac{V_{i,j+1} - 2V_{i,j} + V_{i,j-1}}{\Delta^2} = -\frac{\rho_{i,j}}{\epsilon}$$

Rozwiązanie względem  $V_{i,j}$ :

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

### Nadrelaksacja

Wprowadzamy parametr relaksacji  $\omega$ :

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

### Funkcjonał energii

Zbieżność jest kontrolowana poprzez monitorowanie funkcjonatu energii:

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

W wersji dyskretnej:

$$F \approx \sum_{i,j} \left( \frac{1}{2} \left[ \left( \frac{V_{i+1,j} - V_{i,j}}{\Delta} \right)^2 + \left( \frac{V_{i,j+1} - V_{i,j}}{\Delta} \right)^2 \right] - \rho_{i,j} V_{i,j} \right) \Delta^2$$

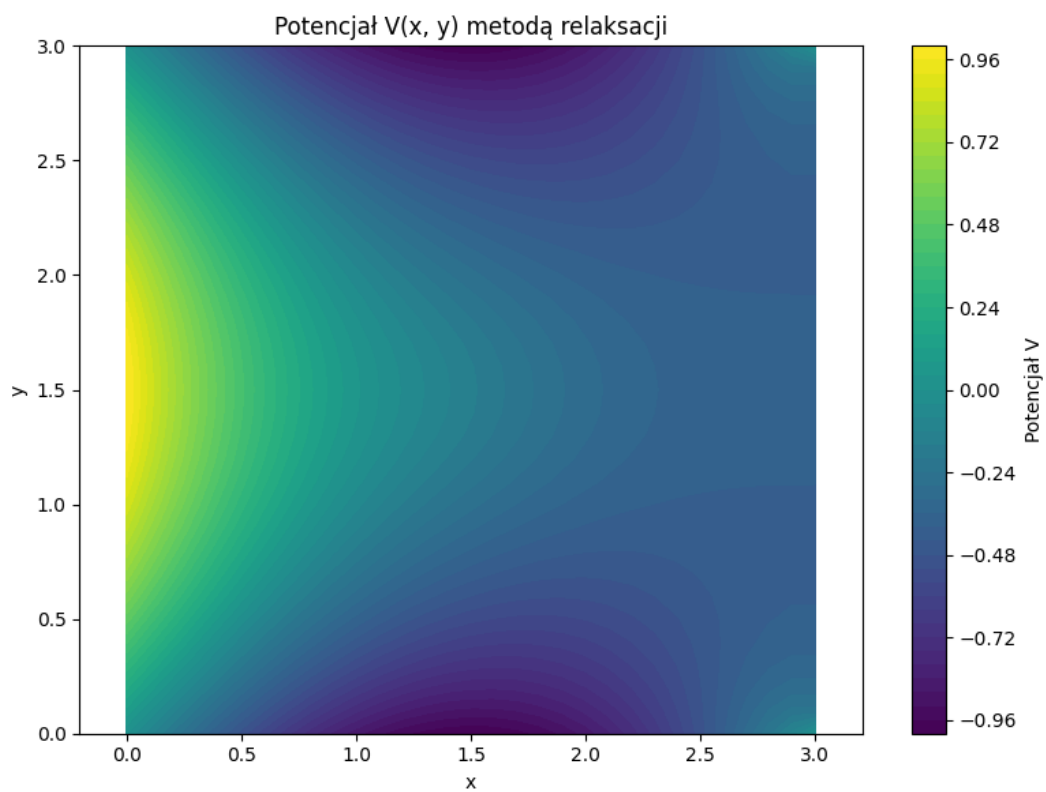
Warunek zatrzymania:

$$\left| \frac{F^{(k+1)} - F^{(k)}}{F^{(k+1)}} \right| < \text{tol}, \quad \text{gdzie } \text{tol} = 10^{-6}$$

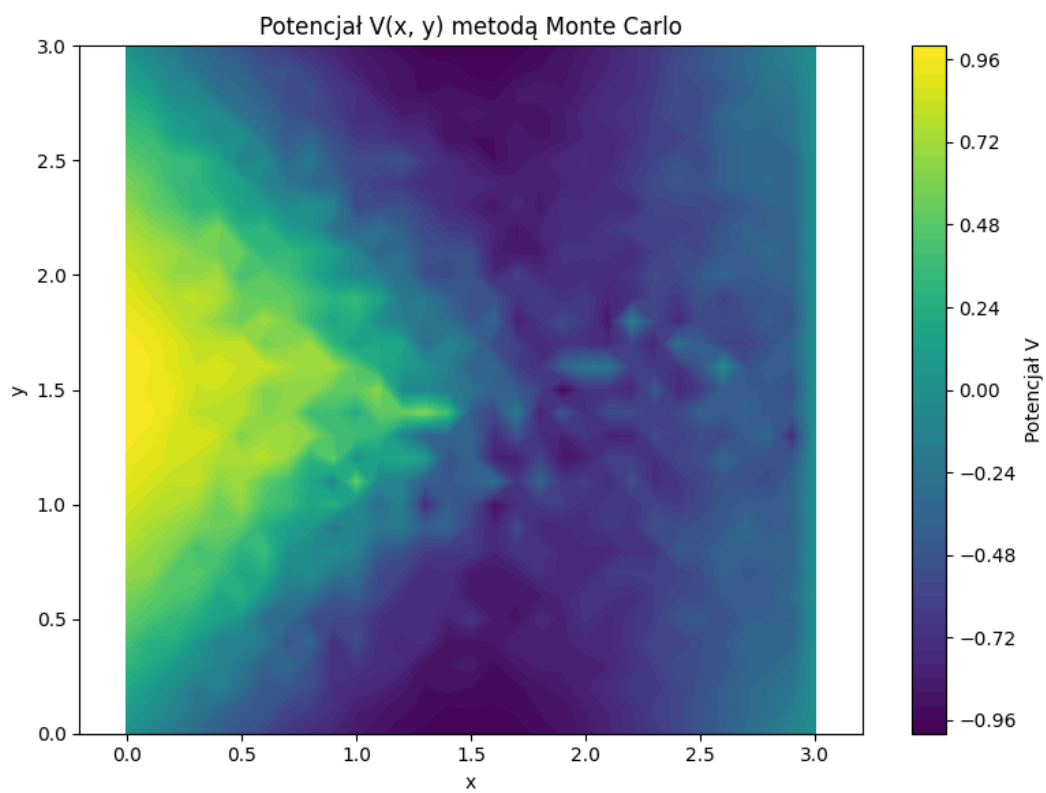
Jako warunek zbieżności użyto metryki normy  $L^1$ . Dodatkowo symulacja została ograniczona do  $10^4$  kroków.

### 3. Wyniki

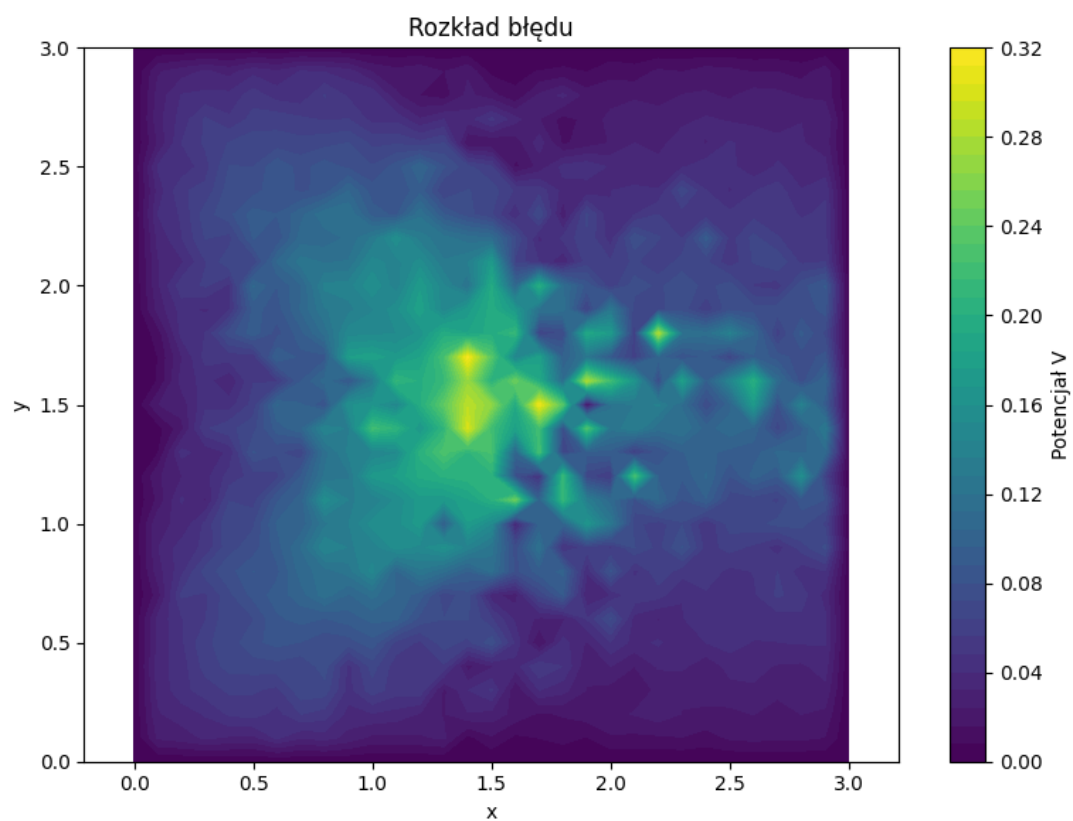
Poniżej załączone rysunki 1-5 pochodzą z siatki  $30 \times 30$ , z generowaniem 100 łańcuchów dla każdego punktu siatki, ograniczeniem długości łańcucha do 100 kroków oraz jego absorbcją na brzegu Dirichleta. Na rysunku 3 można zauważyć większe wartości błędu w środku siatki (dla metody MC), nie widać jednak podobnej zależności w przypadku różnicy potencjałów pomiędzy metodami relaksacji i MC. Widoczny jest również znaczący spadek absorbcji łańcuchów wraz ze wzrostem odległości od brzegów z warunkiem Dirichleta.



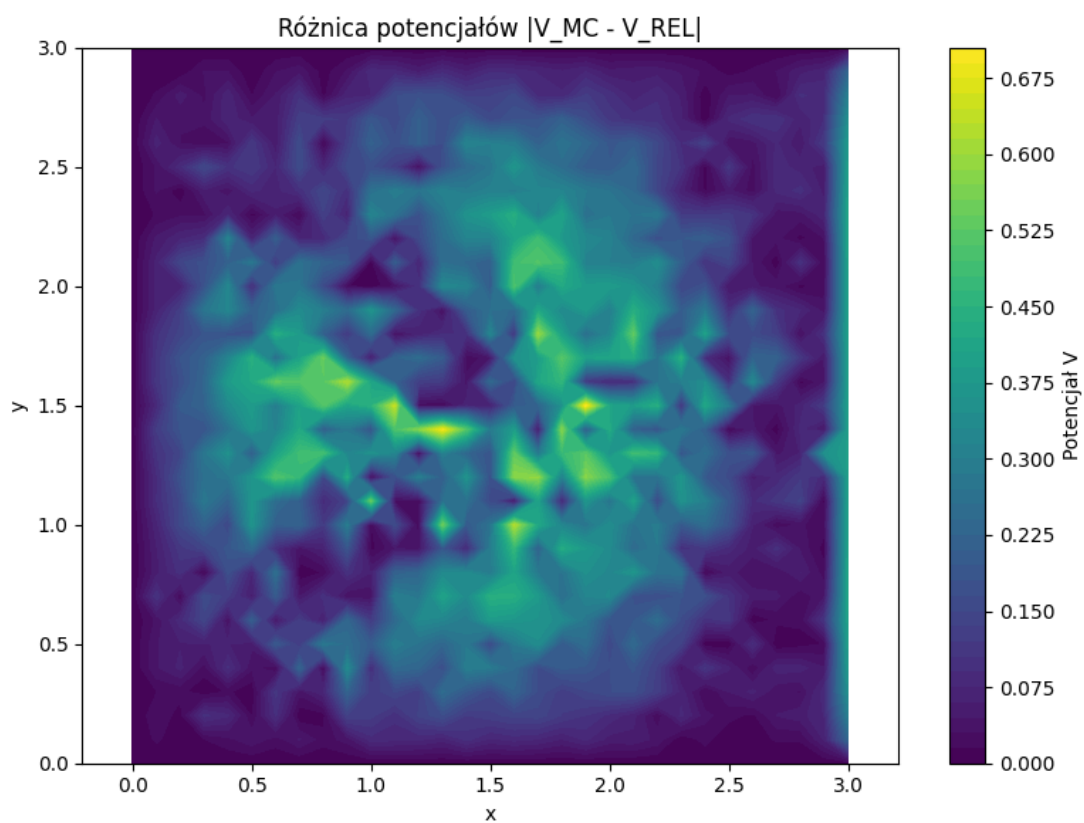
Rys 1. Potencjał  $V(x, y)$  uzyskany metodą relaksacji.



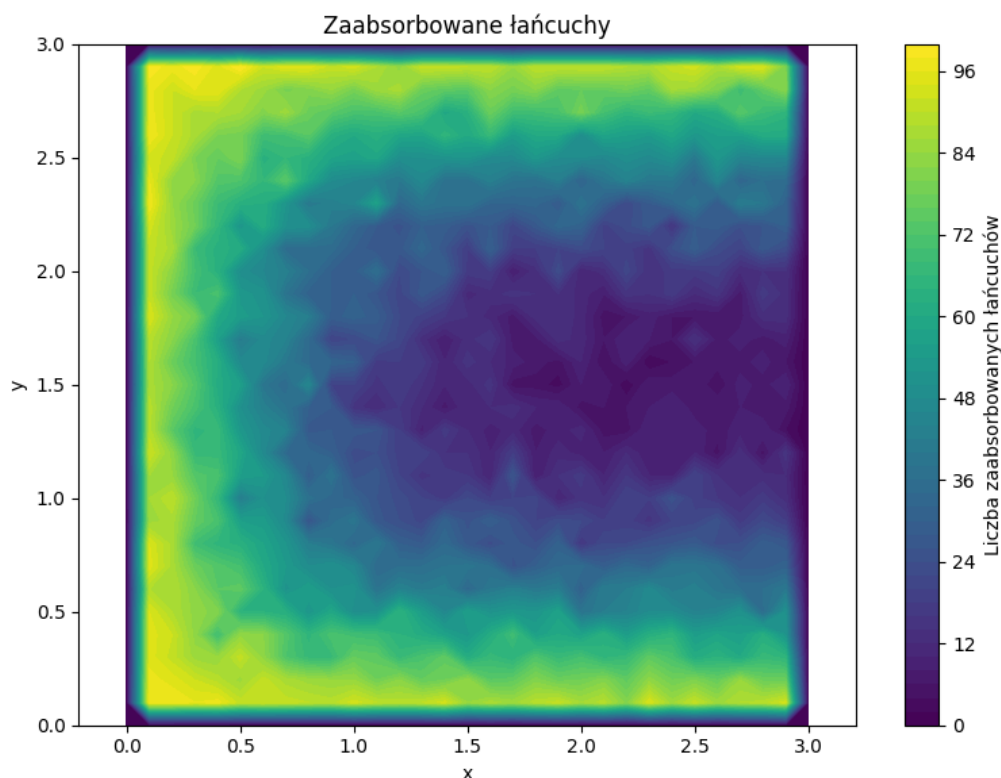
Rys 2. Potencjał  $V(x, y)$  uzyskany metodą MC.



Rys 3. Rozkład błędu dla metody MC.



Rys 4. Różnica potencjałów między metodami.



Rys 5. Liczba zaabsorbowanych łańcuchów  $N_{max} = 100$ .

#### 4. Wnioski

Wpływ możliwości blokowania węzła - poprzez zmianę parametru B po wyznaczeniu potencjału prowadzi do trzech znaczących zmian:

- przyspieszenia symulacji poprzez średnie skrócenie długości generowanych łańcuchów – szybciej trafiają na punkt absorpcji.
- zmniejszenie błędu wewnętrznego metody MC - łańcuchy są szybciej zbieżne, czyli mają mniej czasu żeby się od siebie odróżnić.
- potencjalne zwiększenie różnic pomiędzy metodami = błędowi metody MC. Jest to spowodowane nawarstwianiem błędów przybliżeń dla kolejnych punktów.

W praktyce nie zaobserwowano zmian czasowych pomiędzy różnymi symulacjami (punkt 1). Również nie zaobserwowano szczególnego wpływu na różnice pomiędzy metodami (punkt 3) - powodem jest dość równo rozmieszczony błąd metody MC, do potwierdzenia tej hipotezy należałoby skorzystać z

bardziej zaawansowanych metod statystycznych niż porównanie na oko.

Zaobserwowano jednak wpływ na rozkład odchylenia metody MC: nie zaobserwowano praktycznych różnic wartości STD czy wartości zaabsorbowanych łańcuchów w zależności od położenia początkowego węzła.