1次元非対称排除過程模型のカレント分布: population dynamics によるアプローチ

日永田 泰啓

佐賀大学 CNC

概要

1次元上の、排他的相互作用を持つ粒子の流れ (カレント) を持つ確率模型 (1次元非対称排他過程模型) を考える。この模型には確率が入ってるので、カレントが分布を持つ。では、このようなカレント分布は、いったいどのような分布なのだろうか? このような素朴な疑問に答えるために、(オリジナルの模型のものから)「変形した」遷移 (確率) 行列を持つ模型の simulation を行い、オリジナルの模型のカレント分布を求める事を試みた。

Current distribution of a one-dimensional asymmetric simple exclusion process model: an approach by population dynamics

Yasuhiro Hieida

Saga Univ.

Abstract

I report calculation of current distribution of a one-dimensional asymmetric simple exclusion process(ASEP) model. A modified transition matrix of the original ASEP model is used. The calculation is Legendre transformation of the eigenvalue of the matrix with the largest real part. The eigenvalue is obtained by population dynamics. A comparison is made between exact solutions and the obtained results.

1 はじめに

下流方向に1レーンしか無い高速道路における交通流の (バルク部分)を非常に単純化すると、1次元上の、排他的相互作用を持つ粒子の流れ (カレント)とみなせるだろう。本研究で対象とする模型は、そのような模型の一つ、1次元非対称排他過程 (Asymmetric Simple Exclusion Process、略して ASEP)模型 [1] である。この模型は、1次元格子上を粒子が (一般に) 非対称にホップする確率模型である。ただし、同一サイトを 2 粒子以上が占めることはできない、という制約がある。以下、話をより具体的にするために、周期的境界条件を課し一方向にのみ動

く("Totally Asymmetric")離散 (discrete) 時間版 ASEP 模型 (以下 dTASEP と略記) を考えよう。この模型においては、各 (離散) 時刻で一つの粒子がランダムに選ばれる。その粒子は、進もうとする方向の隣接サイトに他の粒子が居なければ、そのサイトに移動する (隣接サイトに他の粒子が居たなら、その時刻での粒子の移動はない)。このようなルールで粒子を次々と長時間 (長さを T とする) 動かした時、全粒子が動いた距離を T で割ったものを (単位時間あたりの) カレント (q) とする。

本研究で対象とするカレント分布の具体例を示す。 全サイト数が 4 で全粒子数が 2 である dTASEP において十分長い時間 T の間に各 q を取る確率 (prob) を厳密に計算した。この計算結果が図 1 において

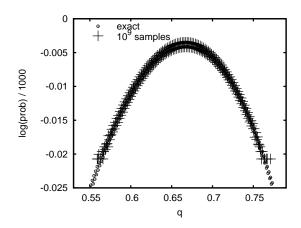


図 1: カレント分布 (サイト数 4、粒子数 2 に対する もの) の頂点付近 $(0.55\stackrel{<}{\sim}q\stackrel{<}{\sim}0.80)$ での比較。 + 印が素直なシミュレーション (サンプル数 10^9) であり、 印が厳密な計算である。横軸は (単位時間 あたりの) カレント (q)。

印でプロットしたものである。これが本研究で「カレント分布」と言ってるものである。図1で用いたのと同じ厳密な計算によるデータを、より広いカレントの領域(横軸領域)でプロットしたものが、図2の実線である。この実線が表す分布には、たとえば、左右対称性は無い。では、この分布はいったいどのような性質を持つものなのだろうか?

このような疑問に答える目的でカレント分布を得ようとする時、全サイト数が大きくなれば(図1や図2に示したような)厳密なデータを求めるのは難しくなるだろう。

だからと言って、乱数を使った素直なシミュレーションでカレント分布を推定するのも厳しいだろう。 実際に乱数を使って粒子を動かして $(T=10^3$ とし、sample 数は 10^9 とした) 得たカレント分布が図 1 の + 印と、図 2 の のののののである (後者は、0.55 < q < 0.75 付近において実線に重なっているものである)。 図 2 の ののように、分布の頂点付近だけが、よくサンプルされる事になってしまう。 そもそも、縦軸値が (たとえば) -0.2 を持つような点を得るには、 $1/\exp(-0.2 \times 1000) \approx 10^{86}$ 程度の莫大なサンプル数が必要である。

2 population dynamics

そこで本研究では、カレント分布を計算するのに population dynamics (以下では PD と略記) を用い

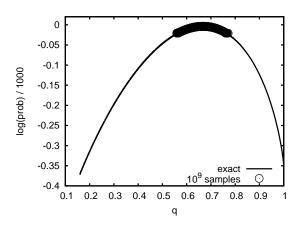


図 2: 図 1 でも使用したデータの全体。横軸は (単位時間あたりの) カレント (q)。 0.55 < q < 0.75付近において実線 (厳密解) に重なっている 印は、素直なシミュレーション (サンプル数 10^9) によるデータ。

る [2]。dTASEP において、粒子配置 (configuration) C から C' へと遷移する確率を U (C'|C) と表す。これは遷移 (確率) 行列 U の要素である。カレント分布を計算するには、まず、U を「変形」し、その変形した行列 (M と書く) の「最大」固有値 (「最大」の定義はすぐ後に書く) を求めることになる。M のノンゼロ要素の定義は

$$M\left(C'|C\right)$$

$$:= \begin{cases} U\left(C'|C\right) \exp\left(\lambda\right) & \left(C \rhd C'\right) \\ U\left(C'|C\right) & \left(C = C' \text{ の場合}\right) \end{cases} \tag{1}$$

である。ただし、「 $C \triangleright C'$ 」とは、C から C' への 遷移が 1 回のホップで可能な事を意味する。行列 M の固有値のうち、実部が最大のものが上述の「最大 固有値」であり、以下では $\exp\left(\mu(\lambda)\right)$ と書くことにする。

ここまでの方法で求まるのは最大固有値である。 これと図 1 や図 2 の縦軸値 $\log(\operatorname{prob})/T$ とは、

$$\lim_{T \to \infty} \log(\text{prob})/T = \min_{\lambda} \left[\mu(\lambda) \quad q\lambda \right] \qquad (2)$$

の関係にある (右辺は、与えられた q の下での最小化)。そこで、まず最大固有値 $\exp\left(\mu(\lambda)\right)$ を求め、次に式 (2) の最小化を行うことになる。今回、最小化には、文献 [3] の brent ルーチンを使った。

しかし、システムサイズが大きくなると、そもそも最大固有値 $\exp{(\mu(\lambda))}$ を数値的対角化 (厳密対角化) で求めるのは不可能となる。そこで確率的に求

用意する。まず、対角行列 К の定義は

$$K(C'|C) := K(C) (C'|C)$$
 (3)

である。ただし、

$$K(C) := \sum_{C'} M(C'|C) \tag{4}$$

(C'|C) はクロネッカーのデルタである であり、 (C' = C の時、値 1 を取り、そうでない場合は値 ゼロを取る)。次に U' の方は、その (ノンゼロの) 行 列要素を次のように定義する事で定める(ただし、考 えている模型では、 $K(C) \neq 0$ とする):

$$U'(C'|C) := M(C'|C)/K(C)$$
 (5)

そうすると、上述の行列 M を、2 つの行列 U'、Kの積で表すことができる:

$$M\left(C'|C\right) = U'\left(C'|C\right)K(C) \tag{6}$$

ここで、M は (-般に) 遷移確率行列ではないが、 U' の方は、式(5)の「規格化」によって、遷移確率 行列になっている。ただし、この遷移確率行列 U'は、もともとの遷移確率行列 U とは一般に異なる。 ここまでの話で、最大固有値 $\exp(\mu(\lambda))$ とは、行 列要素が U'(C'|C)K(C) である行列の最大固有値 に等しい事になる (式(6)を参照のこと)。

さて、PD の手順は次の通りである:(オリジナル の模型のものとは異なる) 遷移確率行列 U' に従っ て状態遷移する "walker" 集団を扱う (この一つ一つ の遷移を、以下で U' process と呼ぶ)。ここでの状 態とは、各 walker が (内部状態として持つ) 粒子配 置である。すなわち、各 walker は、dTASEP の系 一つを表す。walker 集団によって、各粒子配置を持 つ walker 数の分布を表現する。各 walker は確率的 に消滅(自滅)したり、自分自身の clone を作る過程 (以下で K process と呼ぶ) によって 行列 K の効果 を取り込む。たとえば、 $0 < K(C) \le 1$ であるような λ の範囲に対しての K process とは、各 walker(内 部状態を C とする) は確率 1 K(C) で消滅 (自滅) するような過程である。ただし、walker がどんどん と消滅していくと、walker は絶滅して計算が続行不 可能となる。そこで、一人の walker が消滅したら、 この消滅前の walker 集団から一人の walker を選ん でその clone を作って補充し、この walker に対し て K process を実行する (この K process 以降で この場合は、左の裾あたりで厳密解からズレている。

める事を考える。そのために、2 つの行列 U'、K を も、消滅したら上記のように補充する事を、消滅し なくなるまで繰り返す)。この結果、全 walker が Kprocess を開始する直前の walker 数と、K process を全 walker が終えた直後の walker 数とが同じ数と なるようにした。

> walker (初期) 集団から、上記 K process と U'process によって時間発展させる事は、walker (初期) 集団が表す初期ベクトルに行列 M をどんどんと書 けていく事に相当している。つまり、power method を確率的に実行しているイメージである。

結果 3

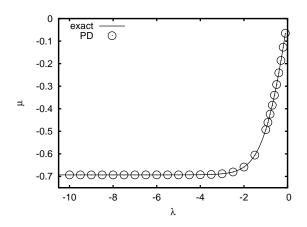


図 3: サイト数 4、粒子数 2 に対する $\mu(\lambda)$ の比較。 横軸、縦軸は、それぞれ λ と μ 。実線は厳密解。 印は、PD による計算値。

全サイト数が4、全粒子数が2 とした場合に、 (10^3) 人の walker を使い、10⁴ iteration の) PD によって $\mu(\lambda)$ を計算した結果が、図3の 印である。同じ図 の厳密解(実線)と良い一致を示している。

そこで、試みに、全サイト数が4、全粒子数が2 とした場合に、100 walker を使った PD によって固 有値を求め、式(2)の最小化を実行してみた。ただ し、各 iteration は (収束判定はせずに) 10^5 回にて 打ち切った。それが、図4においてプラス記号で示 したものである。素朴なモンテカルロ法と違い、厳 密解の(左の)裾の方まで計算できている。なお、図 では示していないが、右の裾の方まで計算する事も 可能なはずである。

4 サイトより大きな系ではどうか? 図5は、全 サイト数を 16、全粒子数を 8 とした場合の計算であ 印が PD による計算、実線が厳密解である。 る。

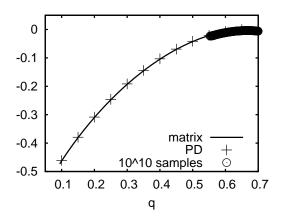


図 4: カレント分布 (サイト数 4、粒子数 2) の左部分における、素直なシミュレーション (π ; サンプル数は 10^{10})、厳密解 (実線)、PD(+ π) の比較。 印は、q>0.55 付近において実線 (厳密解)に重なっている。縦軸は、 $\log(\operatorname{prob})/T$ であるが、PD と厳密解に対しては $T\to\infty$ 、素直なシミュレーションに対しては $T=10^3$ である。



課題は次の通りである:

- 図5の左の裾での、厳密解とのズレを(可能なら)最小化し、(他の手段では計算不可能な)システムサイズの計算を行うこと。
- カレント分布の頂点よりも右側部分を PD で計算可能にする事。
- 粒子の流入、流出があるような境界を持つ ASEP 模型のカレント分布を求める事。
- 連続時間模型に対するカレント分布を計算する事。

上記の2つ目の点に関して補足する。第2節では、walker 数が増減する方法を説明した。walker 数を増減させない方法も考えられる。後者の方法では、第2節のK process を、walker に重みを持たせる事で実装する (よって、walker 数を増減させる必要が無い)。ただし、単位時間分の更新 (K process U' process) の最後に、リサンプリングを行なっている。この walker 数を増減させない方法による (予備的な) 計算結果を図6 に示す (この方法は λ の正負による実装上の違いが無いので、図では $\lambda>0$ の領域も計算してある; 10^3 人の walker を使い、 10^5

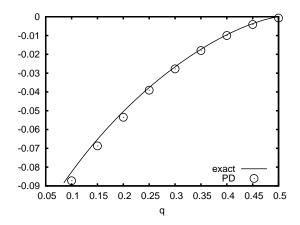


図 5: カレント分布 (サイト数 16、粒子数 8) の左部分。厳密解 (実線; Bethe ansatz による [4] もの) と PD(印) の比較。縦軸は、 $\lim_{T\to\infty}\log(\mathrm{prob})/T$ である。

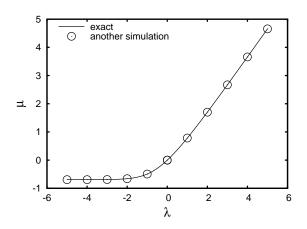


図 6: サイト数 4、粒子数 2 に対する $\mu(\lambda)$ の比較。 実線は (図 3 の) 厳密解 (を、正の λ の領域までプロットしたもの)。 印は、第 4 節の最後で触れた「walker 数を増減させない方法」による計算値。

iteration による計算である)。この方法を用いると 図 4 や図 5 に相当する図を、q の全領域について計算可能であると思われる。

参考文献

- [1] 笹本智弘:物性研究 79(2003)881
- [2] C. Giardinà et al.: Phys. Rev. Lett. 96 (2006)120603.
- [3] W. H. Press et al.: Numerical Recipies in Fortran 90 (Cambridge University Press, 1996).
- [4] B. Derrida et al.: J.Stat.Phys. **94**(1999)1.