## MVPによる放射化計算ベンチマーク問題の解析<sup>1</sup>

2025/4/2 改訂 千葉 豪

1次元球体系のベンチマーク問題を対象に、連続エネルギーモンテカルロコード MVP-3 を用いて固有値 計算を行った。基準ケース(ヒストリー数1,000,000、バッチ数200,000、捨てバッチ数1,000)に加えて、 総ヒストリー数を同一としてヒストリー数とバッチ数を変えた以下の3ケース(捨てバッチ数はいずれも 100)について計算を行った。

- ケース1:40,000 ヒストリー、100,000 バッチ。
- ケース2:100,000 ヒストリー、40,000 バッチ。
- ケース 3: 1,000,000 ヒストリー、4,000 バッチ。

各領域平均の中性子束についてのケース1から3の計算結果を、線形スケールで Fig. 1 と 2 に、対数ス ケールで Fig. 3 と 4 に、それぞれ示す。

 $<sup>^1</sup>$  /Document/Study/Activation\_JSPS/MVP\_cal



Fig. 1: Region-averaged neutron fluxes obtained by Monte Carlo calculations (linear scale, 1/2)



Fig. 2: Region-averaged neutron fluxes obtained by Monte Carlo calculations (linear scale, 2/2)



Fig. 3: Region-averaged neutron fluxes obtained by Monte Carlo calculations (log scale, 1/2)



Fig. 4: Region-averaged neutron fluxes obtained by Monte Carlo calculations (log scale, 2/2)

また、3 ケースの結果について、基準ケースの結果に対する比を 1σ 相当の統計誤差とともに Fig. 5 と 6 に示す。いずれのケースも統計誤差の大きさは同程度であるが、バッチあたりのヒストリー数が小さいほど、基準ケースに対する差異 (バイアス)が大きくなっていることが分かる。



Fig. 5: Ratio of region-averaged neutron fluxes obtained by cases 1, 2, and 3 to the reference (1/2)



Fig. 6: Ratio of region-averaged neutron fluxes obtained by cases 1, 2, and 3 to the reference (2/2)

さらに、バッチあたりのヒストリー数が最も小さいケース1と同一の条件について、初期乱数を変えた計算を7セット行った。基準ケースに対する各セットの結果の比を、1 $\sigma$ 相当の統計誤差とともに Fig. 7と8 に示す。計7つのセットのうち4セットが Fig. 5と同程度の偏りを示した一方、残りの3セットはさらに 大きな偏りを示した。



Fig. 7: Ratio of region-averaged neutron fluxes obtained with different random seeds to the reference (1/2)



Fig. 8: Ratio of region-averaged neutron fluxes obtained with different random seeds to the reference (2/2)

これら 7 セットの計算における累積バッチ毎の実効増倍率の予測値の推移を Fig. 9 に示す。基準ケースの結果 0.80839±0.0001% に対するセット毎の差異の傾向は、Fig. 7 に示した中性子束分布における差異と同様であった。



Fig. 9:  $k_{\text{eff}}$  estimation dependent on the number of cumulative batches

同一の総ヒストリー数であるのに関わらず、ヒストリー数とバッチ数の設定値や初期乱数の違いにより結果が有意に異なる挙動については、計算における並列数が多いことが原因であった。MVP での並列化の仕様では、バッチあたりのヒストリー数の並列数に対する比が 500 を下回ると、適切な計算が行えない場合があるとのことであった [1]。

ー般的なモンテカルロコードでは各バッチで並列計算を行っているが、MVP ではバッチの最後で各ス レッドで得られた核分裂点(次のバッチの中性子の発生点)を集約していないという特徴がある。そのた め、ヒストリー数が少ないと、各スレッドで得られた中性子の発生点に偏りが生じることになり、これが計 算結果に偏りを生じさせる可能性がある。この措置は、CPU 数が少なく CPU 間の通信がボトルネックに なっていた古い計算機での並列化効率を上げるためのものであり、現在では適切とは言えないものである。 なお、MCNP などは各バッチの最後で次のバッチの中性子発生点をまとめ、次のバッチで再度各スレッド に振り分けるという処理を行っているため、スレッドでの中性子の発生点に偏りは生じない[1]。

## 参考文献

[1] 多田健一、私信.