

Samurai: une façon simple de faire de l'adaptation de maillage

Loic GOUARIN, CMAP/Ecole polytechnique - Palaiseau

Il existe différentes méthodes d'adaptation de maillage sur grilles cartésiennes (AMR par patch, AMR par cellule, multi-résolution, ...). Chacune d'elles peut se retrouver dans des logiciels open source spécifiques : AMRex et SAMRAI pour l'AMR par patch, p4est et pablo pour l'AMR par cellule. Ces logiciels ne traitent que la structure de données liée à un maillage adapté et ne s'intéressent pas au domaine applicatif. Les opérateurs liés à l'adaptation de maillage (projection et prédiction) et aux schémas sont alors difficiles à écrire car cela nécessite une bonne compréhension de l'interface utilisateur. De plus, les structures de données utilisées dans les méthodes AMR par cellules sont directement reliées à des structures d'arbres qui ne sont pas forcément adaptées aux méthodes numériques faisant intervenir des stencils car cela nécessite une recherche de voisins et la donnée n'est pas contiguë en mémoire.

Dans cette présentation, nous introduirons une nouvelle structure de donnée qui permet de stocker la solution par intervalles contigus suivant une dimension (généralement suivant x) et les niveaux de raffinement. A cela est ajouté une algèbre d'ensembles (intersection, union, différence, ...) permettant de trouver des sous-ensembles du maillage : cellules ayant le même parent, cellules près d'un bord, ... Cette nouvelle approche est plus adaptée à l'utilisation de méthodes numériques habituellement employées sur grille cartésienne et nous le démontrerons par des cas d'usages simples mais représentatifs. L'ensemble de ces travaux est disponible via le logiciel open source samurai qui se trouve à cette adresse : <https://github.com/hpc-maths/samurai>.