

Е. Г. Романов (Ульяновск, УлГУ). **Модель движения по карте в задаче трансмутации нуклидов.**

Построение цепочек трансмутации нуклидов, которые могут быть реализованы при облучении материалов в потоках нейтронов атомного реактора, зачастую является довольно сложной задачей, возникающей при анализе путей получения новых нуклидов и причин появления тех или иных примесных атомов. Теория и практика программирования поиска пути на сложной местности оказалась ближе всего к задаче, решаемой программой поиска цепочек ChainFinder комплекса программ ORIP_XXI.

Такие алгоритмы построения пути, как алгоритм Дейкстры, алгоритм «лучший-первый», алгоритм A^* предназначены для поиска пути на изначально известной (или практически полностью известной) карте местности. При поиске цепочек трансмутации информация о возможных ядерных превращениях а priori не всегда известна. Алгоритм D^* работает в тех ситуациях, когда информация о местности поступает только при движении по ней, и позволяет в кратчайшие сроки найти путь с наименьшей «стоимостью» (суммой затрат на отдельные «шаги»). Для его работы необходимо вводить функцию затрат на получение каждого следующего нуклида в цепочке. Скорости превращений изотопов могут кардинально меняться в процессе облучения. Остановка реактора на перегрузку топлива, выгорание заблокированного нуклида, изменение депрессии потока нейтронов оказывают существенное влияние на скорости нейтронных реакций, следовательно, на «стоимость» превращения. Поэтому характеристика, соответствующая «стоимости», не может быть определена. К тому же, алгоритм D^* ищет единственный (хотя и наилучший) путь (в нашем случае, путь производства изотопа, реализующийся с наивысшей вероятностью). Для практических задач обычно интересны все возможные цепочки, в том числе малозначительные с точки зрения производства целевого нуклида, но в то же время существенны для появления примесей, которые и позволяет обнаружить программа ChainFinder.

В работе, представленной данным сообщением, приводятся примеры цепочек трансмутации, найденных программой, которая использует алгоритмы «поиск в ширину» и «поиск в глубину» с возможностью ограничения максимального количества шагов для решения задачи поиска цепочек трансмутации, реализующихся при облучении нуклидов в атомном реакторе.