

WinmostarTM チュートリアル Gromacs 界面張力

株式会社クロスアビリティ 2019年4月1日



概要

• 水-ベンゼンの液-液界面間の密度分布と界面張力を計算します。



注意点:

- 分子の種類、初期密度に応じて平衡化に必要なステップ数は本例と異なる場合はあります。
- "本計算"のステップ数が大きいほど、再現性が良く、信頼性の高い結果を取得することができます。特に界面張力の算出値の収束は遅いです。
- 相互作用計算方法や力場も計算結果に大きく影響します。



動作環境設定

本機能を用いるためには、Cygwinのセットアップが必要です。

<u>https://winmostar.com/jp/manual_jp.html</u>の「2. 計算エンジンのインストール」から、Cygwinの自己解凍書庫(exe)を入手し実行してください。

2. 計算エンジンのインストール	
Windows版	
cygwin_wm_v7_20160926.exe(41 MP) ※NMCF (上級者向け)NMChem, Gromacs, AmberのCyg こち	[*] mber Windowsビルド済パッケ~ -ル手順 ※cygwin_wm_v7_20
V6用NWChem ※Windowsビルド済パッケージ	

 デフォルトではC:¥直下にインストールされますが、Winmostarの環境設定の「プロ グラムパス」>「Cygwin」を変更することで任意の場所にインストール可能です。



Copyright (C) 2019 X-Ability Co., Ltd. All rights reserved.



I. 成分1の液相のMD計算(モデリング)

ここでは成分1をベンゼンとする。

- 1. -C6H5をクリックする。
- 2. Replをクリックすることでベンゼンが作成される。





I. 成分1の液相のMD計算(モデリング)

1. (名前を付けて保存)をクリックする。

2. benzene.mol2として保存する。





I. 成分1の液相のMD計算(系の作成)

- 1. (深媒を配置/セルを作成)をクリックする。
- 2. Add mol2 Fileをクリックする。
- 3. 先ほど保存したbenzene.mol2を選ぶ。

💖 Solvate/Build Cell				-		×
Name	# Mol	Position	mol/L ~	Comp	osition	
Add Dis	Add	.mol2 File	Add Water	·	Delete	2
	, 					
Simulation Cell Option						
Set Density [g/cm^3]]	0.6				
O Set Distance from So	lute [nm]					
O Set Lattice Constants	s [nm]				Import	
Ang	les [deg]	90.0 90	90.0	D		
Box Type		cubic		\sim		
Total Number of Atoms:						
Reset		E	Build		Cance	4



I. 成分1の液相のMD計算(系の作成)

- 1. mol2ファイルを選んだ後、Enter # of moleculesに150と入力しOKする。
- 2. Buildをクリックする。



🥨 Solvate/Build Cell				-		×
Name	# Mol	Position	mol/L	~ Com	position	
benzene.mol2	150	Random	7.681	C6H6	5	
Add Displayed Molecule	. Add	.mol2 File	. Add V	Water	Dele	te
Simulation Cell Option						
• Set Density [g/cm^3]	I	0.6				
O Set Distance from Sol	ute [nm]					
O Set Lattice Constants	; [nm]	3.1889	3.1889	3.1889	Import	t
Ang	les [deg]	90.0	90.0	90.0		
Box Type		cubic		~		
Total Number of Atoms:	1800					
Deest			D	rild		



I. 成分1の液相のMD計算(系の作成)

以下のように、メイン画面に作成された系が表示される。





I. 成分1の液相のMD計算(平衡化1)

- 1. ソルバー覧からGromacsを選択し、 M (キーワード設定)をクリックする。
- 2. Resetをクリックする。
- 3. PresetにMinimize (fast)、# of Threadsに並列数を指定する。
- 4. Runをクリックする。座標ファイル名、トポロジファイル名はそれぞれ、 benzene.gro、benzene.topとする。



Extending Simulation			# of Threads		2	
eset Minimize (fast))	~	MPI (for Rem	ote Job)	1 Pro	S
c Advance Output	t Interaction	Other	Automatic Optio	ns Forc	e Field	
n Control			Temperature	Coupling	I	
[ps]	0.002		tcoupl		berendsen	/
eps	5000		tc-grps		System	
al time: N/A			ref-t [K]		300.0	
egrator	steep	~	tau-t [ps]		1.0	
locity Generation			Pressure Cou	oling		
n-vel	yes	\sim	pcoupl		no	/
Fix random seed			pcoupltype		isotropic	/
n-seed	12345		ref-p [bar]		1.0	
Explicitly set gen-temp	[K] 300.		tau-p [ps]		1.0	
			compressibility ['bar]	4.5e-5	
			Constraints			
			constraints		hbonds >	



成分1の液相のMD計算(平衡化2)

- 計算終了後、「(キーワード設定)をクリックする。 1.
- 2. **Extending Simulation**にチェックを入れる。
- PresetにNVT (fast)を指定する。 3.
- nstepsに25000、constraintsにall-bondsを指定する。 4.
- Runをクリ 5.

リックする。	🥨 Gromacs Setup		– 🗆 ×
	Extending Simulation	# of Threads	2
	Preset NVT (fast)	MPI (for Remote Job)	1 Processes
	Basic Advance Output Inten on Other	Automatic Options For	ce Field
	Run Control	Temperature Couplin	g
	dt [ps] 0.002	tcoupl	berendsen \checkmark
	nsteps 25000		System
	Total time: 50 ps	ref-t [K]	300.0
	integrator md \sim	tau-t [ps]	1.0
	Velocity Generation	Pressure Coupling	
	gen-vel yes 🗸	pcoupl	no 🗸
	Fix random seed	pcoupltype	isotropic 🗸 🗸
	gen-seed 12345	ref-p [bar]	1.0
	Explicitly set gen-temp [K] 300.	tau-p [ps]	1.0
		compressibility [/bar]	4.5e-5
		Constraints	
		constraints	all-bonds
	Reset Load Save	OK	Cancel Run
Convrie	ht (C) 2019 X-Ability Co. Ltd	L All rights reg	served.



I. 成分1の液相のMD計算(平衡化3)

- 1. 計算終了後、(キーワード設定)をクリックする。
- 2. PresetにNPT (fast)を指定する。
- 3. nstepsに25000、constraintsにall-bondsを指定する。
- 4. **Run**をクリックする。

reset NPT (fast)	$\boldsymbol{\langle}$	MPI (for Remote Job)	1 Processes
asic Advance Output	Interat 1 Other	Automatic Options Force	e Field
Run Control		Temperature Coupling	ı –
it [ps]	0.002	troupl	berendsen \sim
nsteps	25000		System
Fotal time: 50 ps		ref-t [K]	300.0
ntegrator	md 🗸	tau-t [ps]	1.0
Velocity Generation		Pressure Coupling	
gen-vel	no 🗸	pcoupl	Parrinello-Rahma $ \sim $
✓ Fix random seed		pcoupltype	isotropic \checkmark
gen-seed	12345	ref-p [bar]	1.0
Explicitly set gen-temp	[K] 300.	tau-p [ps]	1.0
		compressibility [/bar]	4.5e-5
		Constraints	
		constraints	all-bonds



. 成分1の液相のMD計算(座標の編集)

- 1. MD | Gromacs | 最終構造を読み込み(gro)クリックする。
- 2. デフォルトで選択されるファイルを選択する。
- 3. 表示 | 周期境界折り返し表示 | なしを選択する。





|. 成分1の液相のMD計算(座標の編集)

- 1. 編集 | 周期境界条件に基づき原子を再配置をクリックする。
- 2. セルの内側に分子単位で再配置をクリックする。
- 3.
 ③ (名前を付けて保存)をクリックし、benzene_eq.mol2として保存する。





II. 成分2の液相のMD計算(系の作成)

- 1. (察媒を配置/セルを作成)をクリックする。
- 2. Set Box Sizeを選択し、Importをクリックする。
- 3. Box TypeにTriclinicを選択する。

Solvate/Build Ce	ell -			-		×
Name	# Mol	Position	mol/L	Com	position	
Add Displayed Molecu	ule Add	.mol2 File	Add Wa	ter	Delet	te
Simulation Cell Opti	on					
○ Set Density [ɑ/cm	n^3]					
0 , 0,						
 Set Distance from 	n Solute [nm]					
Set Distance from Set Lattice Const	n Solute [nm] ants [nm]	2.8948	2.8948 2	.8948	Import	
Set Distance from Set Lattice Const	n Solute [nm] ants [nm] Angles [deg]	2.8948 90.0	2.8948 2	.8948 0.0	Import	
 Set Distance from Set Lattice Const Box Type 	n Solute [nm] ants [nm] Angles [deg]	2.8948 2 90.0 9 triclinic	2.8948 2 90.0 9	.8948 0.0	Import	
 Set Distance from Set Lattice Const Box Type Total Number of Ato 	n Solute [nm] ants [nm] Angles [deg] oms:	2.8948 2 90.0 9 triclinic	2.8948 2 90.0 9	.8948 0.0		



II. 成分2の液相のMD計算(系の作成)

- 1. Add Waterをクリックし700と入力しOKをクリックする。
- 2. Buildをクリックする。

🥨 Solvate/Build Cell				- 0	×
Name	# Mol	Position	mol/L ~	Compositio	n
WATER	700	Random	47.917	H2O	
Add Displayed Molecule.	Add	.mol2 File	Add Water		
Simulation Cell Option					
◯ Set Density [g/cm^3]	0.8632			
◯ Set Distance from So	lute [nm]				
Set Lattice Constant	s [nm]	2.8948	2.8948 2.8	948 Im	port
Ang	gles [deg]	90.0	90.0	0	
Box Type		triclinic		\sim	
Total Number of Atoms	: 2100				
Reset			Build		



II. 成分2の液相のMD計算(平衡化1&2)

- 1. 🗹 (キーワード設定)をクリックする。
- 2. Extending Simulationのチェックを外す。
- 3. PresetにMinimize (fast)を指定する。
- 4. Runをクリックし、ファイル名はwater.groおよびwater.topとする。
- 5. 警告ウィンドウではいをクリックする。
- 1. 計算終了後、 (キーワード設定)をクリックする。
- 2. Extending Simulationをチェックし、PresetにNVT (fast)を指定する。
- 3. Runをクリックする。



II. 成分2の液相のMD計算(平衡化3)

- 1. M (キーワード設定)をクリックする。
 2. PresetにNPT (fast)を指定する。
 3. 以下の様に設定する。
 pcoupltypeにsemiisotropic
 - ref-pに1.0 1.0 tau-pに1.0 1.0 compressibilityに0 4.5e-5 (x,y方向に圧力制御をしないための設定)
- 4. Runをクリックする。







II. 成分2の液相のMD計算(座標の編集)

1. 成分1と同様に、MD | Gromacs | 最終構造を読み込み(gro)をクリックする。

- 2. デフォルトで選択されるファイルを選択する。
- 3. 編集 | 周期境界条件に基づき原子を再配置をクリックする。
- 4. セルの内側に分子単位で再配置を選択し、OKをクリックする。
- 5.
 ② (名前を付けて保存)をクリックし、water_eq.mol2として保存する。





III. 界面系のMD計算(系の作成)

- 1. MD | 界面ビルダをクリックする。
- 2. Cell 1でBrowseをクリックし、benzene_eq.mol2を選択する。
- 3. Cell 2でBrowseをクリックし、water_eq.mol2を選択する。
- 4. Buildをクリックする。



C:¥wi	inmos9¥UserDa	ata¥benzen	e_eq.mol2		Browse	
	C L L					
attice	Constants					
a:	28.9480	[A]	Alpha:	90.0000	[deg]	
b:	28.9480	[A]	Beta:	90.0000	[deg]	
c:	28.9480	[A]	Gamma:	90.0000	[deg]	
2						1
C:¥wi	inmos9¥UserDa	ata¥water_e	eq.mol2		Browse	
attice	Constants					
a:	28.9480	[A]	Alpha:	90.0000	[deg]	
b. [28.9480	[A]	Beta:	90.0000	[deg]	
.			Camma	90.0000	[dea]	
ь.	28.9480	[A]	Beta:	90.0000	[deg]	



III. 界面系のMD計算(系の作成)

- 1. ファイル名はinterface.mol2として保存する。
- 2. 保存後、界面ビルダを**Close**する。
- 3. 視点を調整すると作成された系を確認できる。





III. 界面系のMD計算(平衡化1~3)

- 1. 🗹 (キーワード設定)をクリックする。
- 2. Extending Simulationのチェックを外す。PresetにMinimize (fast)を指定する。
- 3. **Run**をクリックする。
- 4. ファイル名はそれぞれinterface.groおよびinterface.topとする。
- 1. 計算終了後、 (キーワード設定)をクリックする。
- 2. Extending Simulationをチェックする。
- 3. PresetにNVT (fast)を指定し、constraintsにall-bondsを指定する。
- 4. Runをクリックする。
- 1. 計算終了後、 (キーワード設定)をクリックする。
- PresetにNPTを指定し、以下のように指定する。 Basicタブのpcoupltypeにsemiisotropic ref-pに1.0 1.0 tau-pに1.0 1.0 compressibilityに0 4.5e-5 constraintsにall-bonds
- 3. Runをクリックする。



III. 界面系のMD計算(本計算)

- 1. 計算終了後、「(キーワード設定)をクリックする。
- 2. Basicタブにてnstepsを50000と指定する。
- 3. **Run**をクリックする。

Gromacs Setup			-		×
Extending Simulation	# of Th	reads [2		
Preset NPT	~ MPI ((for Remote Job)	1	Processe	2S
asic Advance Output Inter	action Other Automatic	Options Force	Field		
Run Control	Tempe	rature Coupling			
dt [ps] 0.000	5 toupl		nose-hoov	ver ~	1
nsteps 50000		[System		
Total time: 25 ps	ef-t [K]		300.0		
ntegrator md	√ tau-t [ps	3]	1.0		
Velocity Generation	Pressu	re Coupling			
gen-vel no	~ pcoupl		Parrinello-	Rahma 🗸	-
✓ Fix random seed	pcouplty	pe	semiisotro	pic 🗸	1
gen-seed 12345	i ref-p [ba	ar] [1.0 1.0		
Explicitly set gen-temp [K] 3	00. tau-p [p:	s] [1.0 1.0		
	compres	sibility [/bar]	0 4.5e-5		
	Constra	aints			
	constrair	nts	all-bonds	~	-
teset Load Save		ОК	Cancel	Run	



Ⅳ. 結果処理

- 1. **〇(結果解析) | 密度分布**を選択する。
- 2. デフォルトで選択されるファイルを開く。





Ⅳ. 結果処理

- 1. DenstyタブのGroupでWaterとnon-Waterにチェックを入れる。
- 2. Drawをクリックすると、z方向に沿った密度分布が出現する。
- 3. 確認後、Closeをクリックする。





Ⅳ. 結果処理

1. Marceller (エネルギー変化)をクリックし、デフォルトで選択されるファイルを開く。

 Calc Aveをクリックし、Enter first frame to readは0のままOKをクリックする。 表示されたテキストファイルの#Surf*SurfTenの欄に、 界面張力と系内の界面数(ここでは2)の積が表示される。 単位は1 bar nm=0.1mN/m





https://www.facebook.com/X-Ability-CoLtd-168949106498088/

