Stockmayer 流体气液相图的计算机模拟

吕中元 欧阳文泽 孙昭艳 李泽生 安立佳

(吉林大学理论化学研究所, 理论化学计算国家重点实验室, 长春 130021; 中国科学院长春应用化学研究所, 高分子物理与 化学国家重点实验室, 长春 130022.* 联系人, E-mail: zysun@ciac.jl.cn)

摘要 提出粒子交换分子动力学模拟方法(particle exchange molecular dynamics, PEMD), 可以用来得到各种流体气液平衡相图. PEMD 中有两个相互耦合的模拟箱, 具有恒定总粒子数、总体积, 粒子在两个模拟箱的转移由两箱粒子化学势之差驱动. 最终两个模拟箱拥有相同压强、温度及粒子化学势, 从而实现热力学平衡. 进而利用 PEMD 研究了极性 Stockmayer 流体的气液相平衡. 讨论了极性变化对相图的影响, 预测了临界点. 与 Gibbs Ensemble Monte Carlo 结果相比较, 发现两者符合得很好.

关键词 分子动力学模拟 Stockmayer 流体相图

了解流体的气液相图, 对于其实际应用有重要意 义,一般来说,气液相图可以通过状态方程理论得到, 另外可以利用计算机模拟方法研究流体的气液相图. 但是、在单一模拟箱中体现两相共存、要求系统包含大 量粒子以减小共存界面的影响,另一种传统方法需要 对每个状态点进行单独的模拟, 从算法的角度来看, 非 常不经济. 1987 年, Panagiotopoulos^[1]发明了吉布斯系 综蒙特卡罗方法(Gibbs Ensemble Monte Carlo, GEMC). 利用此方法可以对流体及流体混合物的气液相共存进 行直接的模拟研究。自GEMC提出之后、由于其简单、 有效, 已经成为研究流体及流体混合物相平衡的最常 用方法[2.3]。由于GEMC方法对相共存模拟体系的动力 学行为无法描述, 因此有必要发展相对应的分子动力 学模拟方法、使之具有GEMC的优点并且可以描述体 系的动力学. 对此已有了一些有意义的尝试[4~6]. 本文 介绍一种粒子交换分子动力学方法PEMD. 在此方法中, 粒子的位移遵循牛顿运动定律、而粒子的交换由两模 拟箱间粒子化学势之差决定.

极性相互作用为长程的,严重影响流体热力学性质. 最常用的极性流体模型为Stockmayer模型,即Lennard-Jones势加上点偶极矩^[7]. 利用PEMD研究了Stockmayer流体的相图,模拟的结果与利用GEMC得到的Stockmayer流体气液相图符合得很好.

1 模型及模拟细节

Stockmayer 粒子间相互作用势为

$$\phi(r_{ij}) = 4\varepsilon \left[\left(\frac{\sigma}{r_{ij}} \right)^{12} - \left(\frac{\sigma}{r_{ij}} \right)^{6} \right] + \frac{1}{4\pi\varepsilon_{0}r_{ij}^{3}} \left[\boldsymbol{\mu}_{i} \cdot \boldsymbol{\mu}_{j} - \frac{3(\boldsymbol{r}_{ij} \cdot \boldsymbol{\mu}_{i})(\boldsymbol{r}_{ij} \cdot \boldsymbol{\mu}_{j})}{r_{ij}^{2}} \right]. \tag{1}$$

其中 $r_{ij} = |\mathbf{r}_i - \mathbf{r}_j|$ 是第 i 个粒子与第 j 个粒子之间的距离, ε_0 为真空介电常数, μ_i 为第 i 个粒子的点偶极向量.为体现相图的普适性,本文中采用粒子半径 σ ,粒子间相互作用能量 ε 和粒子质量 m 作为基本单位.

采用Ewald加和方法对粒子之间的作用力进行计算. 传统Ewald加和方法中计算量与 N^2 成正比, N为粒子数. Essmann等人提出Particle Mesh Ewald (PME)方法, 计算量与 $N \ln N$ 成正比, 因此可缩短计算时间, 特别适合大体系的模拟 $^{[8]}$. PME中相互作用可分为三部分:

$$U = U_{\rm dir} + U_{\rm rec} + U_{\rm self} , \qquad (2)$$

 U_{dir} 为直接相互作用,在正空间收敛很快:

$$U_{\text{dir}} = \frac{1}{2} \sum_{i,j=1}^{N} (q_i + \boldsymbol{\mu}_i \cdot \boldsymbol{\nabla}_i) \times (q_j - \boldsymbol{\mu}_j \cdot \boldsymbol{\nabla}_j) \frac{erfc(\alpha r_{ij})}{r_{ij}}, (3)$$

 α 为 Ewald 参数, erfc(x) 为误差补偿函数. U_{rec} 为倒 易空间中相互作用, 可写为

$$U_{\text{rec}} = \frac{1}{2\pi V} \sum_{m \neq 0} \frac{\exp(-\pi^2 \alpha^2 m^2)}{m^2} S(m) S(-m) , \quad (4)$$

其中结构因子 $S(\mathbf{m}) = \sum_{j=1}^{N} (q_j + 2\pi \mathbf{\mu}_j \cdot \nabla_j) \exp(2\pi i \mathbf{m} \cdot \mathbf{r}_j)$,

V 为任一模拟箱体积, m 为倒易空间格矢. 第三部分为粒子自相互作用 U_{self} :

$$U_{\text{self}} = -\frac{\alpha}{\sqrt{\pi}} \sum_{j=1}^{N} \left(q_j^2 + \frac{2\alpha^2}{3} \left| \boldsymbol{\mu}_j \right|^2 \right). \tag{5}$$

PEMD 中有两个相互耦合的模拟箱,它们分别 具有三维周期性边界条件,两个模拟箱总的粒子数、

www.scichina.com

总体积和温度恒定. PEMD 中粒子的位移利用差分法解牛顿运动方程来实现. 每个模拟箱的体积修正由两箱中瞬时压强差决定. 体系总势能可以表达为坐标与转移变量 ξ 的函数:

$$U = \sum_{i < j} [U(r_{ij})\xi_i\xi_j + U(r_{ij})(1 - \xi_i)(1 - \xi_j)].$$
 (6)

式中第一个求和代表模拟箱 1 中的势能,第二个求和代表箱 2 中的势能。 $\xi_i=0$ 表示粒子i在模拟箱 1 中, $\xi_i=1$ 表示i在箱 2 中。为控制体系温度恒定以及调节两个模拟箱的体积,利用了Berendsen弱耦合方法^[9],除了粒子平动外,点偶极矩还会转动。定义 $\mu_j=\mu s_j$, $\left|s_j\right|=1$,及 $G_i=-\nabla_{s_i}U$,有转动运动方程如下:

$$\dot{\mathbf{s}}_{j} = \mathbf{u}_{j}; \quad \dot{\mathbf{u}}_{j} = \frac{\mathbf{G}_{j}^{\perp}}{I_{j}} + \lambda_{j} \mathbf{s}_{j}. \tag{7}$$

其中 \mathbf{u}_j 为单位向量 \mathbf{s}_j 的时间微分, $\mathbf{G}_j^{\perp} = \mathbf{G}_j - (\mathbf{G}_j \cdot \mathbf{s}_j) \mathbf{s}_j$, I_j 为粒子j的转动惯量, λ_j 用来控制单位向量长度为常数100.

与其他方法不同,在PEMD中, 利用比较两箱中粒子化学势的办法实现粒子交换. 粒子的化学势可以由Widom试探粒子法求得[11]:

$$\mu_k = \mu_k^{\rm id} + \mu_k^{\rm ex} \,, \tag{8}$$

式中 μ_k^{id} 为理想气体化学势,可写为

$$\beta \mu_k^{\rm id} = \ln \frac{(N_k + 1)\Lambda^3}{V_k} \,, \tag{9}$$

 μ_k^{ex} 为过量化学势,由下式给出:

$$\beta \mu_k^{\text{ex}} = -\ln \left\langle \exp(-\beta \Delta \phi_k) \right\rangle. \tag{10}$$

 $\beta = 1/k_B T_0$, Λ 为粒子的热波长, $\Delta \phi_k$ 为 k 箱中无规插入的试探粒子所导致体系势能的变化. 角括号表示系综平均. 最终两个模拟箱拥有相同压强、温度及粒子化学势, 从而实现热力学平衡.

模拟箱中均匀放置共 620 个Stockmayer粒子, 其初始速度由Maxwell-Bolzmann分布给出. 然后每个箱进行 10⁵ 步NVT模拟(无粒子交换), 以消除模型建构中形成的局部不平衡. 接着允许粒子交换, 进行PEMD模拟. 为保证模拟的稳定性, 采用了跳蛙算法(leap-frog algorithm)^[10]. 每 2000 步模拟, 随机生成5×10⁴ 个试探粒子, 进行系综平均, 利用 Widom法计算化学势. 比较两箱化学势的大小, 进行粒子交换.

每次交换,从化学势大的箱中随机选择一个粒子移入另一箱中. 粒子转移过程中, 选中的粒子有可能与目标箱中的粒子位置重叠, 从而突然产生非常大的相互作用而导致模拟的中止. Aydt和Hentschke提出了一个方法来解决此问题, 即Lennard-Jones势在粒子距离小于 0.7 时, 由一个抛物线函数来代替[12]. 模拟步长设为 $\Delta t = 0.001$, 每个选定温度下,模拟进行 $^{4.0\times10^6}$ 步,以计算气液平衡状态点.

2 结果与讨论

利用PEMD计算了约化偶极强度 μ^2 为 1.0, 2.0, 3.0 及 4.0 的气液相图, 见图 1. 为得到临界温度与临界密度,将模拟得到的不同温度下状态点利用气液连接线定理进行拟合[14]:

$$\frac{\rho_{\rm l} + \rho_{\rm g}}{2} = \rho_{\rm c} + A(T - T_{\rm c}) , \qquad (11)$$

其中 ρ_1 为液相密度, ρ_g 为气相密度, ρ_c 为临界密度, T_c 为临界温度,A为拟合参数. PEMD模拟给出 $T_c=1.417$, $\rho_c=0.352(\mu^2=1.0)$, $T_c=1.59$, $\rho_c=0.343(\mu^2=2.0)$, $T_c=1.815$, $\rho_c=0.34(\mu^2=3.0)$, $T_c=2.052$, $\rho_c=0.313(\mu^2=4.0)$,与GEMC模拟结果[7,13] $T_c=1.41$, $\rho_c=0.30(\mu^2=1.0)$, $T_c=1.6$, $\rho_c=0.31(\mu^2=2.0)$, $T_c=1.82$, $\rho_c=0.312(\mu^2=3.0)$, $T_c=2.06$, $\rho_c=0.289(\mu^2=4.0)$ 符合得很好,说明PEMD能够对气液相图进行比较精确的描述. 另外,由于PEMD实质上为分子动力学,所以得到相图的同时可对体系动力学进行研究.可

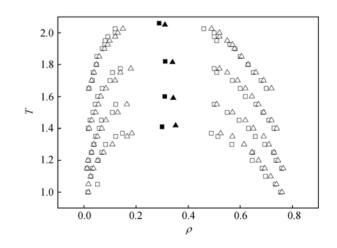


图 1 Stockmayer 流体不同偶极强度下的气液相图 μ^2 从下到上分别等于 1.0, 2.0, 3.0, 4.0. ,利用PEMD得到的状态点; ,利用GEMC得到的状态点 $\frac{[7.13]}{1}$,利用PEMD得到的临界点; ,利用 GEMC 得到的临界点

以发现,随着偶极强度的增加,临界温度明显移向高温,但临界密度变化较小,并移向低密度方向. PEMD结果与 GEMC 结果相比较有系统偏差,气液共存线及临界点都向高密度方向有所偏移. 在温度较低的时候,气相密度偏移较小,而液相密度偏移较大. 这是由于低温对应于高的液相密度,此时 Widom 试探粒子法需要更多的试探粒子才能较精确地得到化学势. 升高温度接近临界点时,体系的两相对外界温度及压强变化非常敏感,即使是一点小小的条件差异就会导致不同的结果. 另外不论何种模拟方法,在非常靠近临界点的计算都有一定的系统误差. 文献[7,13]中粒子数为 216 或 512, 并且没有利用弱耦合控制体积的办法,所以与本文中模拟条件存在差异,这可能是导致两者结果在靠近临界点时差异较大的原因.

3 结论

本文提出的 PEMD 模拟可以用来研究各种流体的气液相平衡. PEMD 中粒子在两个模拟箱的转移完全是由两箱粒子化学势之差驱动的. 因此, PEMD 更接近于实际体系, 有更好的物理直观, 并且容易实现. 利用 PEMD 研究了极性 Stockmayer 流体的气液相平衡. 讨论了极性变化对相图的影响, 预测了临界点.与 GEMC 结果相比较, 发现两者符合得很好.

致谢 本工作为国家自然科学基金重大项目(批准号: 20490220), 国家自然科学基金(批准号: 20304015, 20404005)、吉林大学青年教师基金资助项目.

参 考 文 献

- 1 Panagiotopoulos A Z. Direct determination of phase coexistence properties of fluids by Monte Carlo simulation in a new ensemble. Mol Phys, 1987, 61: 813 ~ 826
- 2 Laso M, de Pablo J J, Suter U W. Simulation of phase equilibria for chain molecules. J Chem Phys, 1992, 97: 2817 ~ 2819[DOI]

- 3 Martin M G, Chen B, Siepmann J I. Molecular structure and phase diagram of the binary mixture of n-heptane and supercritical ethane: A Gibbs ensemble Monte Carlo study. J Phys Chem B, 2000, 104: 2415 ~ 2423[DOI]
- 4 Lu Z-Y, Hentschke R. Swelling of a model polymer network by a one-site solvent: Computer simulation and Flory-Huggins-like theory. Phy Rev E, 2001, 63: 051801-1~051801-8
- 5 Palmer B J, Lo C. Molecular dynamics implementation of the Gibbs ensemble calculation. J Chem Phys, 1994, 101: 10899 ~ 10907[DOI]
- 6 Kotelyanskii M J, Hentschke R. Gibbs-ensemble molecular dynamics: Liquid-gas equilibrium in a Lennard-Jones system. Phy Rev E, 1995, 51: 5116 ~ 5119[DOI]
- 7 Smit B, Williams C P, Hendriks E M, et al. Vapour-liquid equilibria for Stockmayer fluids. Mol Phys, 1989, 68: 765 ~ 769
- 8 Essmann U, Perera L, Berkowitz M L, et al. A smooth particle mesh Ewald method. J Chem Phys, 1995, 103: 8577 ~ 8593[DOI]
- 9 Berendsen H J C, Postma J P M, van Gunsteren W F, et al. Molecular dynamics with coupling to an external bath. J Chem Phys, 1984, 81: 3684 ~ 3690[DOI]
- 10 Allen M P, Tildesley D J. Computer Simulation of Liquids. Oxford: Clarendon Press, 1987
- 11 Widom B. Some topics in the theory of fluids. J Chem Phys, 1963, 39: 2802 ~ 2812
- 12 Aydt E M, Hentschke R. Swelling of a model network: A Gibbs-ensemble molecular dynamics study. J Chem Phys, 2000, 112: 5480 ~ 5487[DOI]
- 13 Van Leeuwen M E, Smit B, Hendriks E M.Vapour-liquid equilibria of Stockmayer fluids: computer simulations and perturbation theory. Mol Phys, 1993, 78: 271 ~ 283
- 14 Frenkel D, Smit B. Understanding Molecular Simulation: From Algorithms to Applications. San Diego: Academic Press, 1996

(2004-09-24 收稿, 2004-10-20 收修改稿)

www.scichina.com