

Theoretische Modellierung und Simulation Übungsblatt Nr. 7, 07.06.2017

Die Übungsblätter können heruntergeladen werden von

http://www.uni-ulm.de/theochem/

Die Aufgaben werden besprochen in den Übungen im Chemie-Computer-Labor, O26/198, am Freitag, dem O9.06.2017

Aufgabe 14: Leapfrog Algorithmus

Beim Leapfrog Algorithmus ("Froschhüpfen") zur Berechnung von Trajektorien werden die Geschwindigkeiten ${\bf V}$ und die Orte ${\bf R}$ sukzessiv berechnet durch

$$\mathbf{V}(t + \frac{\Delta t}{2}) = \mathbf{V}(t - \frac{\Delta t}{2}) - \left(\frac{\nabla V}{M}\right)_t \Delta t + \dots$$
 (1)

$$\mathbf{R}(t + \Delta t) = \mathbf{R}(t) + \mathbf{V}(t + \frac{\Delta t}{2})\Delta t + \dots$$
 (2)

Leiten Sie den Leapfrog Algorithmus her.

Hinweis: Benutzen Sie Taylorentwicklungen der Geschwindigkeit **V** für $(t + \frac{\Delta t}{2})$ und $(t - \frac{\Delta t}{2})$ um den Zeitpunkt t und des Ortes **R** für $(t + \Delta t)$ und (t) um den Zeitpunkt $(t + \frac{\Delta t}{2})$.

Aufgabe 15: Visualisierung von Molekulardynamiksimulationen

Ein wichtiger Teil von Computersimulationen ist die Visualisierung der Ergebnisse (siehe untenstehende Illustration). Im Linux Chemie-Computer-Labor ist die freie Graphik-Software vmd (*Visual Molecular Dynamics*) installiert.

Diese Software kann kostenfrei heruntergeladen werden von

http://www.ks.uiuc.edu/Research/vmd/

ein Tutorial befindet sich bei

http://www.ks.uiuc.edu/Training/Tutorials/vmd/

tutorial-html/index.html

In dieser Aufgabe sollen Sie im Linux Chemie-Computer-Labor unter Anleitung die Visualisierung einer berechneten MD-Trajektorie üben. Laden Sie dazu von der Webpage der Vorlesung

http://www.uni-ulm.de/nawi/nawi-theochemie/lehre/lehre-ss-2016/theoretische-modellierung-und-simulation.html

auf der sich auch ein Link zu der vmd Homepage befindet, die beiden Dateien XDATCAR_H2O_Ag.zip und POSCAR herunter, die mit dem Programmpaket VASP erzeugt wurden und eine Simulation von zwei Lagen Wasser auf einer Silberoberfläche bei Raumtemperatur über mehrere Pikosekunden mit einem Zeitschritt von 1 fs enthalten.

Zunächst sollen Sie in vmd die Datei POSCAR über File -> New Molecule ... laden, wobei Sie dabei VASP_POSCAR als file type angeben müssen. Über das Menu Graphics -> Representations ... können Sie die Ansicht der Struktur verändern. Entpacken Sie dann die Datei XDATCAR_H2O_Ag.zip mit dem Befehl unzip XDATCAR_H2O_Ag.zip. In der Datei XDATCAR_H2O_Ag befindet sich die Trajektorie (Größe 17 MB). Laden Sie diese Datei auch in vmd, wobei Sie jetzt VASP_XDATCAR als file type angeben müssen. Verfolgen Sie, wie sich die anfangs geordnete Wasserstruktur als Funktion der Zeit auflöst.