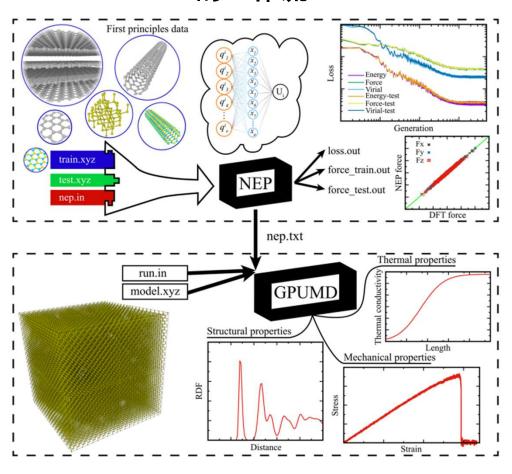
GPUMD的输入与输出

主讲人: 应鹏华

GPUMD&NEP的工作流

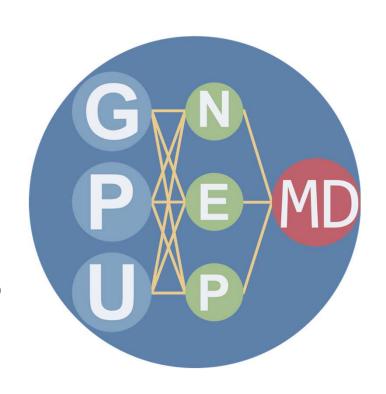


J. Chem. Phys. 157, 114801 (2022)

- 1. 准备训练集
- 2. 训练得到nep模型
- 3. 对得到的nep模型进行测试
- 4. 测试通过后,采用gpumd进行MD模拟
- 5. 后处理MD模拟输出的轨迹和热力学数据
- 6. 分析测量物理量

下载和安装 GPUMD

- 1. 程序下载地址: https://github.com/brucefan1983/GPUMD
- 2. GPUMD 没有任何外部依赖,程序仅使用标准的 C++和 CUDA
- 3. 在windows和linux下均可安装
- 4. 下载最新版本到本地, 然后解压缩
- 5. find / -name nvcc 找到nvcc执行文件的路径 (确认在cuda环境下)
- 6. 从终端进入 src/ 文件夹, 然后敲 make
- 7. 编译成功后会在 src/ 文件夹产生 gpumd 和 nep 两个可执行文件
- 8. 若有需要,可以适当修改 makefile



实时演示task1: 在TEFS下安装最新版本的GPUMD

GPUMD&NEP社群

GPUMD仓库: https://github.com/brucefan1983/GPUMD

GPUMD例子: https://github.com/brucefan1983/GPUMD/tree/master/examples

GPUMD手册: https://gpumd.org/

GPUMD 中文QQ群: 887975816 (非常活跃,有问必答)

NEP势函数开源模型: https://gitlab.com/brucefan1983/nep-data/;

https://materialsmodeling.org/models-nep/

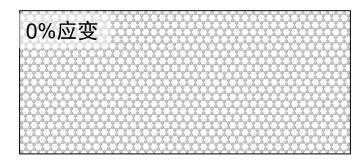
基于GPUMD所发表的文章: https://gpumd.org/publications.html

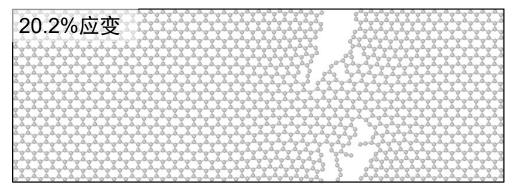
GPUMD&NEP微信公众号: GPUMD与NEP

GPUMD&NEP bilibili账号: GPUMD-NEP (https://space.bilibili.com/3546727982303930)

让我们运行第一个gpumd任务!

石墨烯单轴拉伸模拟





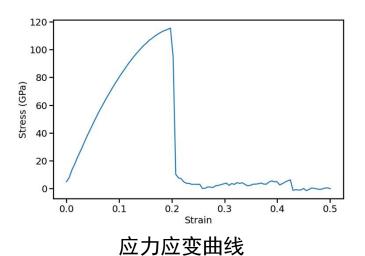
初始和断裂构型

实时演示task2: 在TEFS下运行石墨烯单轴拉伸的模拟

这些输入命令什么意思?让我们一起查阅gpumd.org。

```
potential
                   C_2024_NEP4.txt
3 time_step
                   1.0
                   300
 5 velocity
 6 ensemble
                   npt ber 300 300 100 0 0 0 1000 1000 1000 1000
                   10000
 7 run
 9 ensemble
                   npt scr 300 300 100 0 0 0 1000 1000 1000 1000
10 deform
                   5e-4 1 0 0
11 dump_thermo
                   1000
12 dump position
                   1000
                   100000
```

模拟的输入控制文件(run.in)

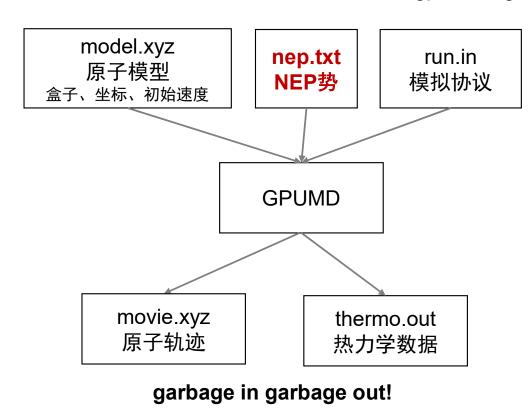


5/30

回顾一下,gpumd只是一个计算器!

原子模型构 采用ase对石墨烯进行建模 建 势函数 采用碳的通用nep势函数 弛豫阶段 速度初始化,在npt系综中弛 豫以释放初始应力 产出阶段 输出热力学数据,譬如拉伸方 向盒子长度和压强 输出 采用接口程序或自行编程得到所 数据后处理 需要的物理量:应力与应变 模拟流程

这些输入输出文件更详细的解释,让我们一起查阅gpumd.org。



GPUMD的输入与输出

6/30

gpumd的输入与输出

gpumd输入文件:

o run.in

计算流程的输入文件,按照输入顺序读取原子模型和势函数,进行分子动力学模拟并输出需要的 热力学数据。

- model.xyzextended xyz格式的原子模型
- 势函数文件 nep.txt

gpumd输出文件:

○ movie.xyz
动力学轨迹文件

o *out

根据不同的命令输出的热力学数据结果

gpumd的输入与输出

o model.xyz格式 (https://github.com/libAtoms/extxyz)

第1行:原子数目

第2行:几组keyword=value来定义盒子大小、边界条件。

properties=property_name:data_type:number_of_columns 来规定原子信息数组每一列的信息。

第3+行:与properties对应的列。

```
1600
Lattice="98.38048586991222 0.0 0.0 0.0 42.5999999999999 0.0 0.0 0.0 3.35" Properties=species:S:1:pos:R:3
pbc="T T F"
        96.53585176
                          0.71000000
                                            1.67500000
        97.76560783
                          1.42000000
                                            1.67500000
        97.76560783
                          2.84000000
                                            1.67500000
        96.53585176
                          3.55000000
                                            1.67500000
        96.53585176
                          4.97000000
                                            1.67500000
        97.76560783
                          5.68000000
                                            1.67500000
        97.76560783
                          7.10000000
                                            1.67500000
        96.53585176
                           7.81000000
                                            1.67500000
```

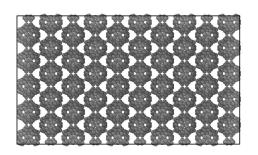
gpumd的输入与输出

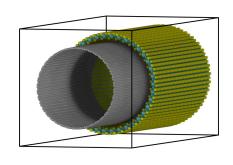
- 如何构建原子模型model.xyz
- 1. 借助VESTA+OVITO从CIF文件转换为model.xyz

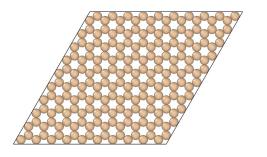
(https://jp-minerals.org/vesta/en/; https://www.ovito.org/)

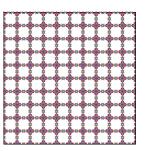
- 2. 借助ASE实现不同模型格式的转换(https://wiki.fysik.dtu.dk/ase/)
- 3. 编程生成model.xyz文件











实时演示task3: 创建model.xyz的几种方式

run.in中的输入参数:设置

potential

语法: potential nep.txt

功能:读取nep势函数

time_step

语法: time_step 1.0

功能:时间步设为1fs

velocity

语法: velocity 300

功能:初始温度设为300K

o deform

语法: deform 1e-4 1 0 0

功能:沿着x方向每步拉伸1e-4 Å

o change_box

语法: change_box 1

功能:x、y、z方向盒子长度同时增加1Å

语法: change_box -1 0 1

功能: x方向减小1 Å, y方向不变, z方向增加1 Å

语法: change_box -1 0 1 0.01 0.02 -0.03

功能: x方向减小1 Å, y方向不变, z方向增加1 Å; yz施加1%应变, xz施加2%应变, xy施加-3%应变。使用该命令时, 盒子必须为三斜。

o fix

语法: fix 2

功能:固定group_label为2的所有原子

run.in中的输入参数:系综

ensemble (standard)

语法: ensemble nve

功能: NVE系综

语法: ensemble nvt nhc 300 300 100

功能: NVT系综Nose-Hoover热浴控温300K, 弛豫时间设为100个时间步

将nvt_nhc替换为nvt_ber、nvt_bdp、nvt_lan等可分别采用其它热浴方法控温。

语法: ensemble npt ber 10 500 100 0 100 1000

功能: NPT系综Berendsen方法控温从10K升至500K,三个方向耦合控压为0 Gpa,等效模量设为100 GPa,控压弛

豫时间设为1000个时间步。(适用于正交盒子,三个方向均为周期性边界条件)

语法: ensemble npt ber 10 500 100 0 0 0 100 100 100 1000

功能:三个方向独立控压为0 GPa

功能:包含剪切自由度六个方向独立控压为0 GPa (适用于三斜盒子)

将以上npt_ber替换为npt_scr可实现stochastic cell rescaling方法控压。

提示: Berendsen方法适用于迅

速获得平衡状态, 无法在动力学

采样中获得物理量的正确涨落。

run.in中的输入参数:系综

ensemble (NEMD)

语法: ensemble heat_lan 300 100 50 1 9

功能:

- 采用朗之万热浴在热源和热汇区域控温以实现非平衡态分子动力学(NEMD)模拟。
- 平均温度T为300 K, 弛豫时间为100步, deltaT为50 K, 因此热源温度为T + deltaT = 350 K, 热汇温度为T deltaT = 250 K。
- 热源施加在1号群组(group_label=1),热汇施加在9号群组。
- 将heat_lan替换为heat_nhc、heat_bdp等可分别实现其它热浴方法进行NEMD模拟。由于朗之万热浴拥有随机性和局域性,因此更适合在NEMD中使用 (J. Chem. Phys. 151, 234105 (2019))



实时演示task4: 一个非平衡态模拟计算热导率的小例子

run.in中的输入参数:系综

o ensemble (mttk)

语法: ensemble npt_mttk temp <T_1> <T_2> <direction> <p_1> <p_2> tperiod <tau_temp> pperiod <tau_press>

功能: NPT系综,与LAMMPS中的NPT系综等价 (https://docs.lammps.org/fix_nh.html)

语法: ensemble npt mttk temp 300 300 iso 10 10

功能: NPT系综Nose-Hoover热浴控温300K, Parrinello-Rahman压浴各向同性控压10 GPa。

温度和压强弛豫时间默认分别设为100和1000个时间步。

如果将iso替换为aniso,则盒子的三个方向独立控压。

如果将iso替换为tri,则允许盒子发生剪切变形(完全的静水压)。

语法: ensemble npt_mttk temp 300 300 x 5 5 y 0 0 z 0 0

功能: NPT系综Nose-Hoover热浴控温300K, Parrinello-Rahman压浴在x方向控压5 GPa, y方向和z方向控压0

GPa.

语法: ensemble npt_mttk temp 300 300 x 5 5

功能: NPT系综Nose-Hoover热浴控温300K, Parrinello-Rahman压浴在x方向独立控压为5 GPa, y和z方向固定。

run.in中的输入参数:三种控压方式

○ 各向同性控压
ensemble npt_ber 300 300 100 0 50 1000
#ensemble npt_scr 300 300 100 0 50 1000
#ensemble npt_mttk temp 300 300 iso 0 0

○ 三轴独立控压

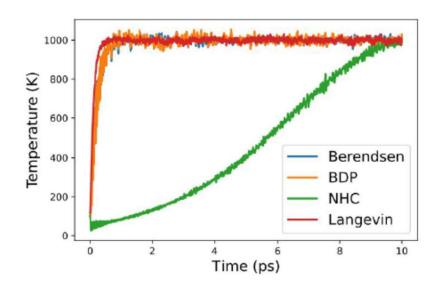
```
ensemble npt_scr 300 300 100 10 0 0 50 50 50 1000
#ensemble npt_mttk temp 300 300 x 10 10 y 0 0 z 0 0
```

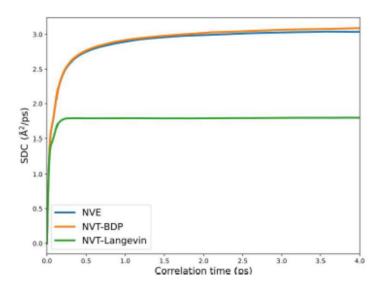
○ 六自由度控压

```
ensemble npt_scr 300 300 100 0 0 0 0 0 10 50 50 50 50 50 50 1000
#ensemble npt_mttk temp 300 300 x 0 0 y 0 0 z 0 0 yz 0 0 xz 0 0 xy 10 10
```

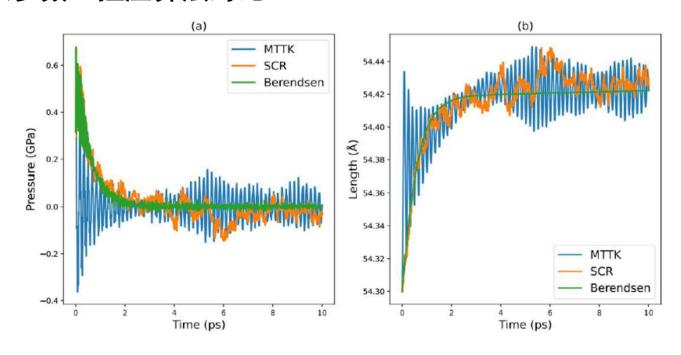
run.in中的输入参数:控温算法对比

控温算法	Berendsen	BDP	NHC	Langevin
是否产生正则系综	否	是	是	是
达到平衡态速度	快	快	慢	快
对动力学的影响	弱	弱	弱	强





run.in中的输入参数: 控压算法对比



提示: Berendsen压浴无法产生物理的应变涨落, 因而无法基于该压浴和应变涨落法计算材料的弹性模量。

$$egin{aligned} S_{lphaeta\gamma\kappa} &= rac{\langle V
angle}{k_{
m B}T} {
m cov}(arepsilon_{lphaeta}(t), arepsilon_{\gamma\kappa}(t)) \ &= rac{\langle V
angle}{k_{
m B}T} \langle (arepsilon_{lphaeta}(t) - \langle arepsilon_{lphaeta}
angle) (arepsilon_{\gamma\kappa}(t) - \langle arepsilon_{\gamma\kappa}
angle)
angle \end{aligned}$$

M. Parrinello and A. Rahman, J. Chem. Phys., 76, 2662–2666 (1982). 16 / 30

run.in中的输入参数:运行

minimize

语法: minimize sd 1.0e-6 10000

功能:采用最速下降法进行能量最小化,终止标准为系统中原子最大力小于1e-6 eV/Å,或者最大运行步数为10000步。

语法: minimize fire -1 10000

功能: 使用FIRE方法进行10000步的能量最小化。

run

语法: run 1000000 功能: 运行100万步。

一般来说,在执行run命令前,需要定义系综以进行分子动力学模拟。

例如:

"ensemble nvt_nhc 300 300 100

run 100000"

这样,就可以在NVT系综中控温300 K进行10万步的分子动力学模拟。

run.in中的输入参数: 计算

compute

语法: compute 0 10 100 temperature

功能:对group method为0的所有原子群计算<mark>温度</mark>,每10步抽样一次平均100之后输出一次结果。结果写出至**compute.out**文件中。将*temperature*替换为*potential*, *force*, *virial*, *jp和jk*可以计算相应的势能、力、位力、热流的势能项和热流的动能项。在NEMD中计算温度时,最后两列分别为热源、热汇和体系的能量交换。

compute_cohesive

语法: compute_cohesive 0.9 1.2 301

功能:计算内聚能,盒子缩放因子从0.9至1.2,对中间301个构型分别进行能量最小化。结果写出到cohesive.out文

件中,第一列为缩放因子,第二列为对应能量最小化后的势能。

compute_elastic

语法: compute_elastic 0.01 cubic

功能:施加0.01应变对cubic晶体计算弹性常数,结果写出至elastic.out文件中。

run.in中的输入参数: 计算

compute_dos

语法: compute dos 5 200 400.0

功能:进行声子态密度计算,每5步记录一次速度,一共200个关联时间点,最大角频率为400 THz。结果写出至

mvac.out和dos.out, 前者包含速度自关联函数随关联时间演化的信息, 后者为态密度在角频率区间的分布。

compute_phonon

语法: compute_phonon 11 0.01

功能:调用compute_phonon命令计算声子色散。参数11表示用11埃的截断距离计算力常数,参数 0.01 表示有限差

分法中的原子位移量为0.01 Å。结果写出至omega2.out和D.out文件,分别包含色散信息和动力学矩阵。

compute_sdc

语法: compute_sdc 1 1000

功能: 计算自扩散系数 (self-diffusion coefficient), 每1步保存一次速度数据, 最大关联步为1000。结果写出至

sdc.out文件,包括速度自关联函数及自扩散系数随关联时间演化的信息。

run.in中的输入参数: 计算-热导率相关

compute_hac

语法: compute hac 10 100000 10

功能:在平衡态分子动力学(EMD)模拟中计算热流自关联函数(HAC),每10步记录一次热流数据,最大关联步为1e5,

输出的HAC每10个数据进行一次平均。结果写出至hac.out文件, 包含HAC和跑动热导率的结果。

compute_hnemd

语法: compute_hnemd 1000 0.00001 0 0

功能:在**齐性非平衡态分子动力学(HNEMD**)模拟中计算热导率,每1000步的数据进行一次平均并输出,在x方向

施加驱动力1e-5 Å-1。结果写出至kappa.out文件,包含面外面内跑动热导率的结果。

compute_shc

语法: compute_shc 2 250 0 1000 400.0

功能:在NEMD和HNEMD模拟中计算谱热流(热导率在声子频率空间的分布),每2步采集一次数据,最大关联步为250步,考虑x方向的谱分解,一共输出1000个频率点数据,最大角频率400 THz。结果写出至**shc.out**文件,包

含非平衡态位力-速度关联函数和谱热流的结果。

run.in中的输入参数:输出

dump_position

语法: dump_position 1000

功能:每1000步输出一次轨迹文件。结果写出至movie.xyz,包含盒子信息及原子坐标。

dump_exyz

语法: dump_exyz 1000 1 1

功能:在dump_position基础上进一步输出原子速度和力的信息。结果写出至**dump.xyz**。

dump_thermo

语法: dump_thermo 1000

功能:每隔1000步输出一次系统的热力学信息。结果写出至thermo.out。

run.in文件的工作流

计算声子态密度

potential	Graphene_Lindsay_2010_modified.txt	基本设置
time_step	1	
velocity	300	立 治师人
ensemble run	npt_ber 300 300 100 0 0 0 100 100 100 1000 100	平衡阶段

- 在平衡及产出阶段的区块一般包含以下三个部分:
- o 系综设定 ensemble
- 计算或输出需要的物理量 compute* or dump*
- 。 运行分子动力学模拟 run

总结

- 通过时间演化,我们会得到模拟体系在相空间的轨迹。测量的目标就是从该轨迹中获取我们感兴趣的结果。
- 我们可以将轨迹输出后再测量,一般称为后处理。但是,GPUMD 的风格是尽量在轨迹产生的过程中就同时进行测量(所谓 on-the-fly 的处理方式),一般不需要输出轨迹进行后处理。
- 为此,在 GPUMD 中有很多计算"命令",它们都会指示 GPUMD 一边演化轨迹,一边计算物理量,比如扩散系数、态密度、热导率等。当跑的步数完成,测量也就基本完成了。
- 当然,因为目前 GPUMD 中的"命令"个数有限,有些物理量的计算无法在程序内部完成,此时就只能输出轨 迹进行后处理了。
- GPUMD支持的命令在不断丰富。如果你需要用到更多的命令,在下一讲中我们会介绍NEP与LAMMPS的接口, 这样可以使用NEP势在LAMMPS进行模拟。