水・蒸気性質シンポジウム2025 一水と水溶液の物理化学:分子論から水質管理技術まで一 2025年6月2日(月)大阪大学 基礎工学国際棟

水の分子シミュレーションと機械学習

慶應義塾大学 理工学部 泰岡顕治 yasuoka@mech.keio.ac.jp

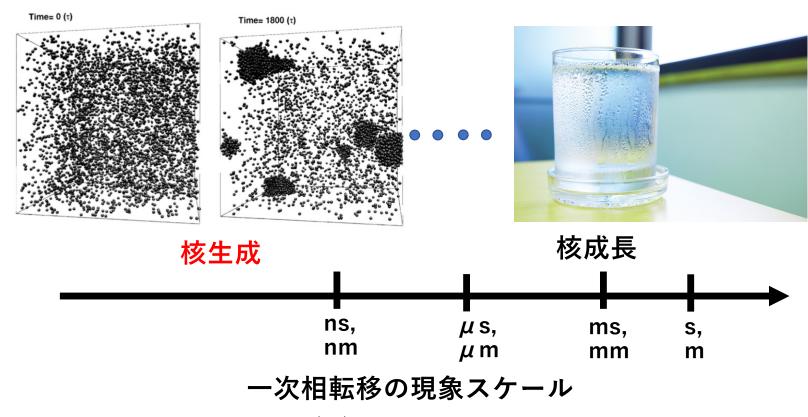
水の分子シミュレーションと機械学習

• 水蒸気の液滴核生成

•計算の高速化と自動解析の機械学習

核生成 (Nucleation) とは

一次相転移現象の初期過程。一次相転移は<mark>核生成と核成長</mark>に大まかに分けられる。 核生成は<mark>分子スケール</mark>の現象である。



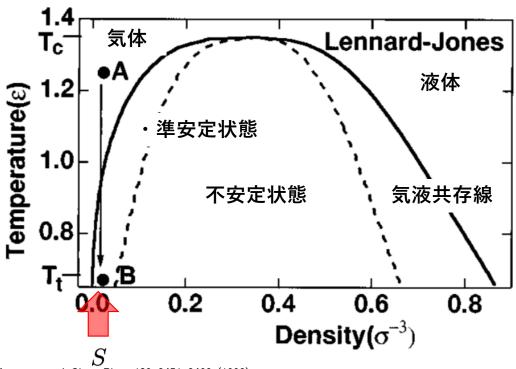
K. Yasuoka and M. Matsumoto, *J. Chem Phys.*, 109, 8451-8462, (1998).

核生成の駆動力 - 準安定状態と過飽和度 -

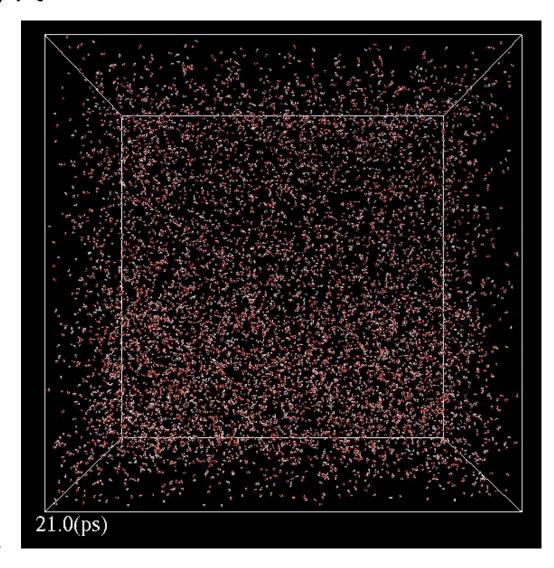
つまりどういうこと?:

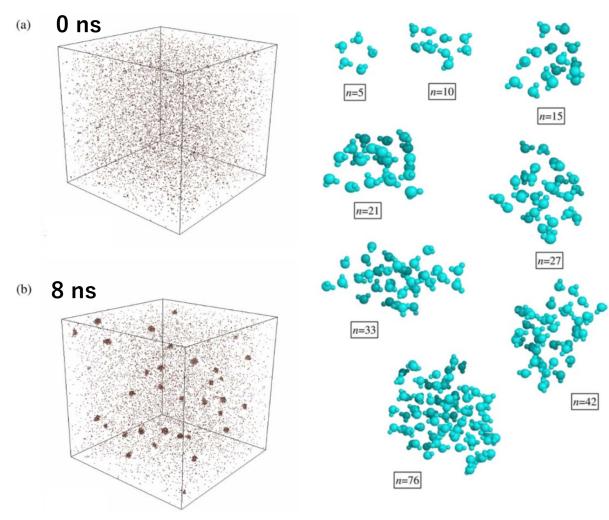
気体を急冷した場合を考える.

理想気体の場合,状態方程式により過飽和度は $S=rac{p^{ extsf{v}}}{p_{ extsf{sat}}}=rac{
ho^{ extsf{v}}}{
ho_{ extsf{sat}}}$



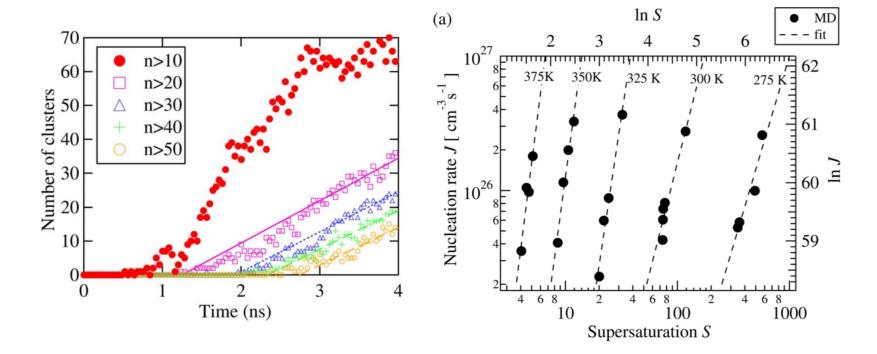
K. Yasuoka and M. Matsumoto, J. Chem Phys., 109, 8451-8462, (1998).

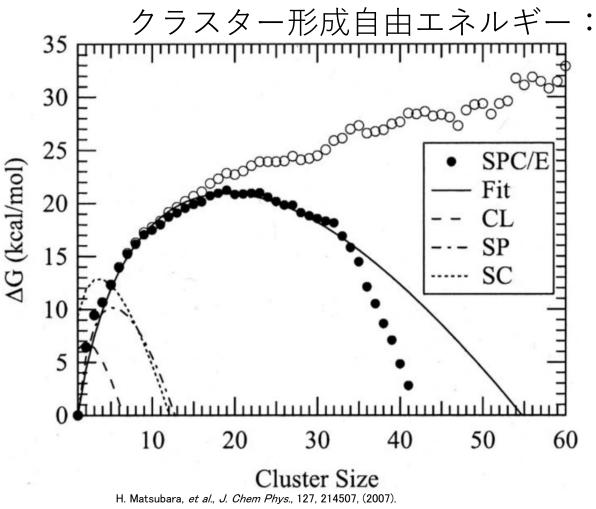




H. Matsubara, et al., J. Chem Phys., 127, 214507, (2007).

核生成速度:

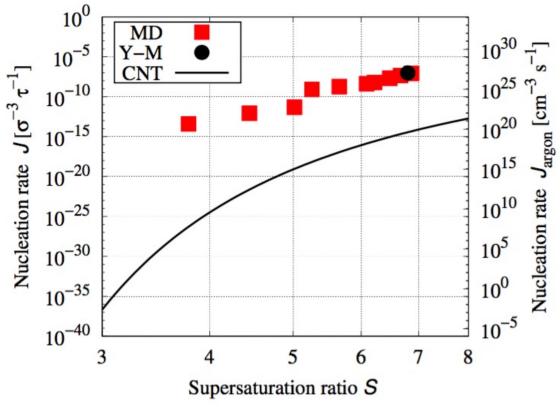




$$\Delta G = -n\Delta\mu + \gamma(\infty)A(n)$$

粒子増加に伴うエネルギー (体積項) 表面エネルギー(表面張力項)

大規模MD - 核生成速度の理論との比較 -



MDとCNTの結果を比較すると、8桁から13桁ほどの 乖離が存在する。

大規模MD – 理論式の妥当性を示す –

MDによって直接求められた物性値からCNTの理論式の妥当性を示した.

水の分子シミュレーションと機械学習

• 水蒸気の液滴核生成

•計算の高速化と自動解析の機械学習

MDの計算コストと高速化

- 大規模で長時間のMDシミュレーションは計算コストが膨大
- 大規模なMDシミュレーションの高速化
 - 空間を分割し、超並列で計算[1]
 - 富岳などのスパコンを利用
- 長時間のMDシミュレーションの高速化
 - 並列化が困難
 - 多時間刻み幅法 (Multiple time step method) [2]:依然として高い計算コスト



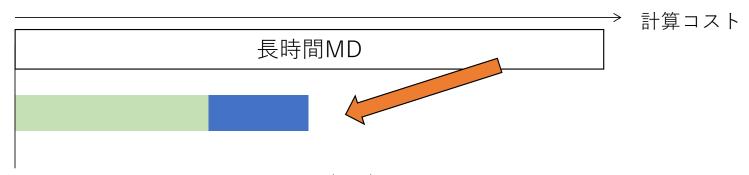
長時間シミュレーションの計算コスト削減が課題

MD-GAN[3]の概要

- 機械学習を用いたMDシミュレーションの高速化→ 長時間トラジェクトリを短時間で取得
- 短時間のMDデータから長時間トラジェクトリを生成



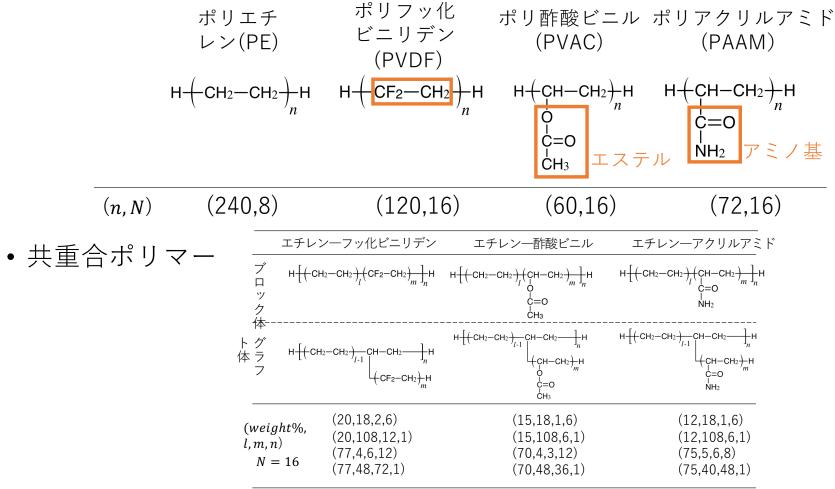
・総計算コスト = 短時間MDの計算コスト+MD-GANの計算コスト



14

高分子内の水分子拡散

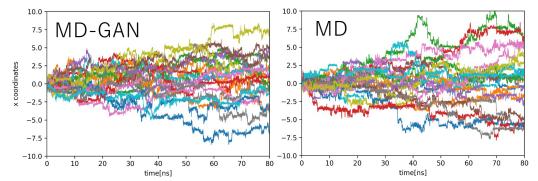
・ホモポリマー



^[1] Kojima H., et al., J. Phys. Chem. B 125, 9357 – 9371, 2021.

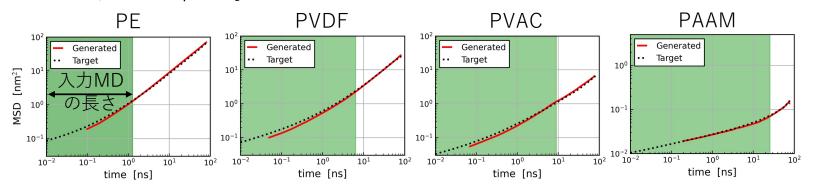
MSDの予測結果

■ PE中の水のMDデータと生成トラジェクトリの比較



トラップと ジャンプをする挙動 が再現されている

■ ホモポリマー中の水のMSD



ホモポリマーの拡散の早い系から遅い系まで予測可能 拡散が遅いほど、長いMD データを入力する必要がある

拡散係数の予測結果

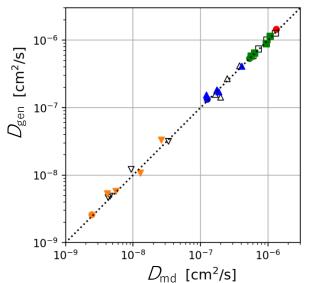
■ 入力したMDデータの長さ

ホモポリマー 共重合ポリマー エチレンー フッ化ビニリ エチレンー 酢酸ビニル PVDF PVAC デン PE PAAM 1.3 ns 6.4 ns 9.0 ns 25.6 ns 3.8 ns 9.0 ns 25.6 ns

拡散が遅い系ほど長いMDデータの入力が必要

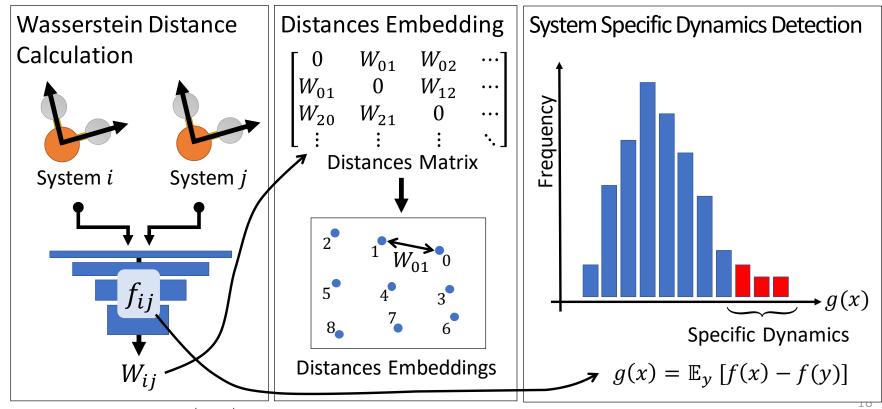
■ すべての系の拡散係数の予測結果

予測した拡散係数が 長時間MDから求めた拡散係数と よく一致



系の違いに寄与する分子運動の探知

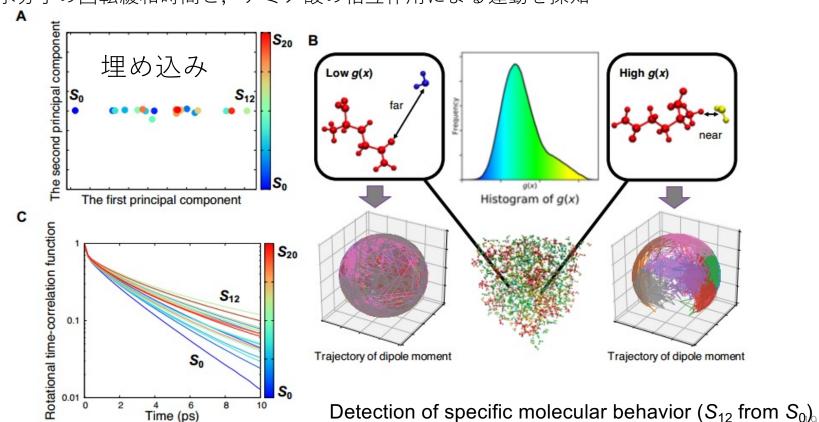
- 訓練済みのDNNの出力は、MDと直接的な関係がある
- その出力は分子運動の特徴度を表す



K. Endo et al., Nanoscale, 11, 10064-10071 (2019).

アミノ酸水溶液の予測

- アミノ酸水溶液 (20種類のアミノ酸溶解液, アミノ酸なしの水) \rightarrow LDEとして64 psの水の双極子モーメントのデータを使用.
- 水分子の回転緩和時間と、アミノ酸の相互作用による運動を探知



K. Endo et al., Nanoscale, 11, 10064-10071 (2019).

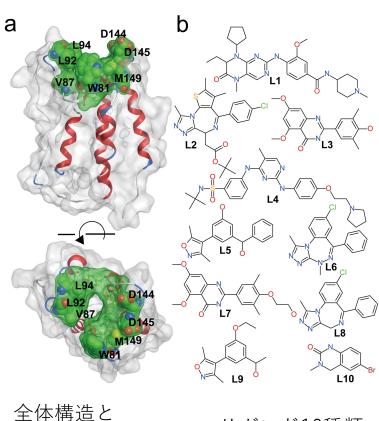
タンパク質と化合物(リガンド)の親和性予測

- タンパク質とリガンドの複合体系(複数)
 - タンパク質の運動を表す座標データを取得
- 化合物が誘起するタンパク質の ゆらぎの類似性から タンパク質-リガンドの結合エネルギーを 推定

タンパク質 + タンパク質-リガンド ΔG (結合エネルギー)

Yasuda, et al. Communications Biology, 5, 481(2022).

のMD

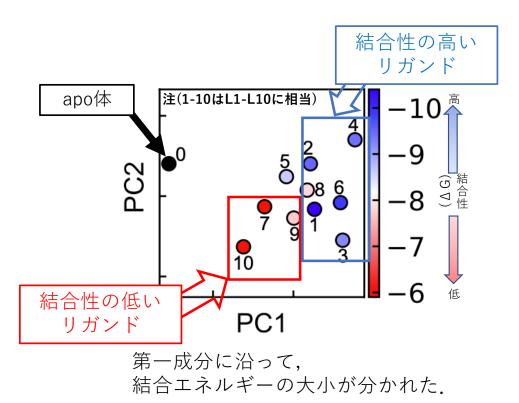


全体構造と ポケットの位置

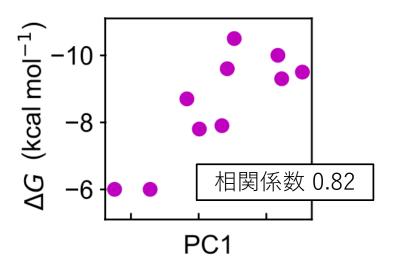
リガンド10種類

タンパク質と化合物(リガンド)の親和性予測

- 系のダイナミクスの違いを 2 次元マップとして表現
- 第一成分と結合エネルギー(計算値)を定量的に比較



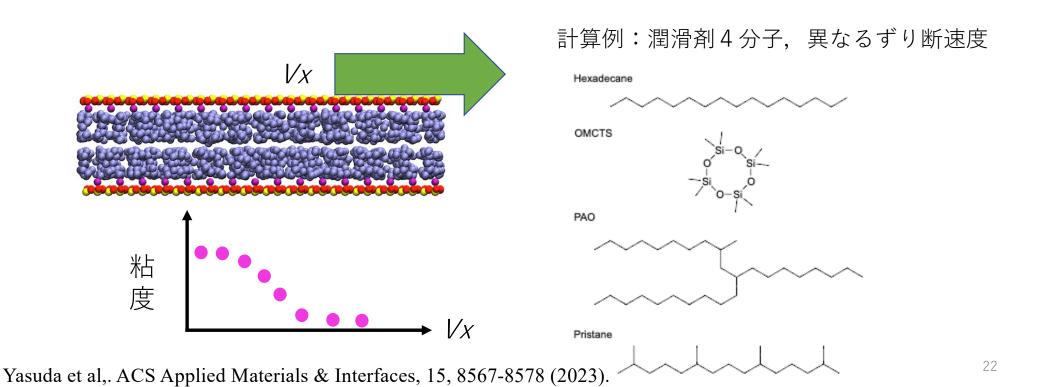
Yasuda, et al. Communications Biology, 5, 481(2022).



結合エネルギーと第一成分に強い相関 →第一成分を用いて<mark>結合エネルギーを予測可能</mark>

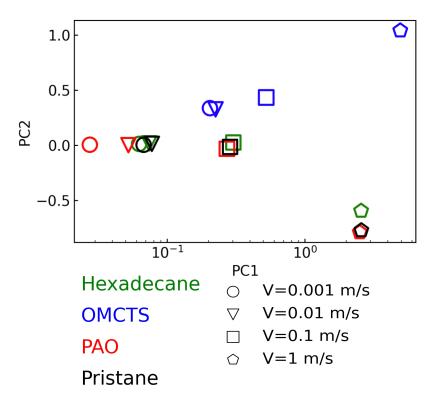
潤滑油の粘度予測

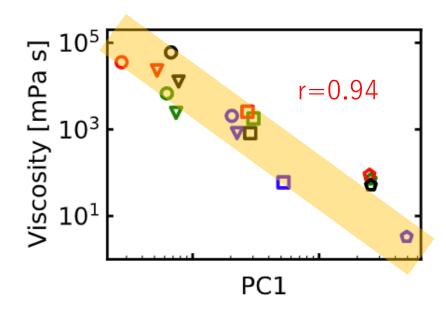
- 閉じ込め系でのMDシミュレーションから時系列座用データを取得
- 潤滑油分子の運動の違いから粘度を推定する.



潤滑油の粘度予測

- 系のダイナミクスの違いを2次元マップとして表現
- 第一成分と粘度を定量的に比較





Yasuda et al,. ACS Applied Materials & Interfaces, 15, 8567-8578 (2023).

グラフニューラルネットワーク(GNN)による自動設計

Our Method_[1,2]

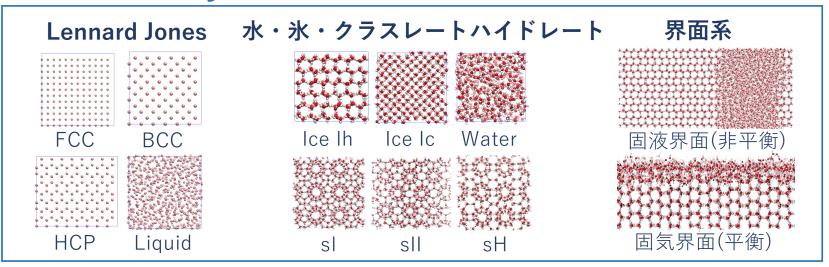
事前知識なくパラメータを自動設計

Expertise



- 局所構造に対するパラメータ
- 構造をグラフとして直接表現

Simulation System

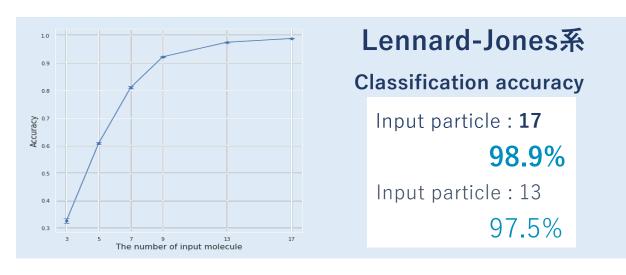


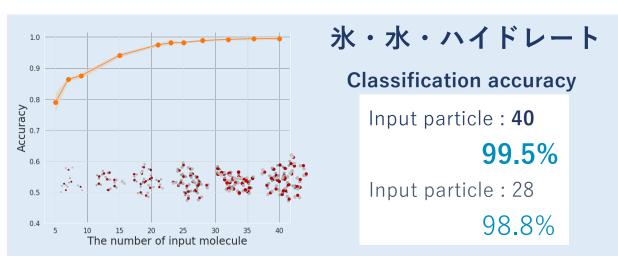
Parameter Design

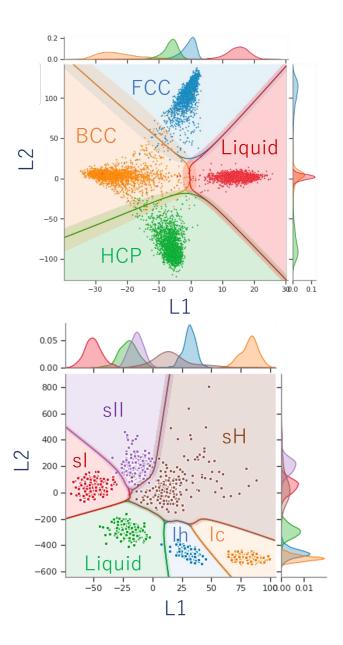
Analysis

[1] Ishiai et al., J. Chem. Phys., 159, 064103 (2023) [2] Ishiai et al., J. Chem. Phys., in press. (2024)

教師あり機械学習手法による結果







水の分子シミュレーションと機械学習

- 水蒸気の液滴核生成
 - •大規模MDシミュレーションと理論を比較
- •計算の高速化と自動解析の機械学習
 - MD-GANにより短時間MDから長時間MDを予測
 - 系の違いを自動判定し、物性値と比較
 - グラフニューラルネットワークを用いて、構造判定