

# 高分子锚定的流体膜<sup>\*</sup>

郭坤琨 邱 枫<sup>†</sup> 张红东 杨玉良<sup>‡</sup>

(复旦大学高分子科学系, 教育部聚合物分子工程重点实验室, 上海 200433)

(2004 年 12 月 10 日收到, 2005 年 6 月 13 日收到修改稿)

将高分子自洽平均场理论和膜弹性理论结合起来研究高分子锚定流体膜体系, 得到了高分子链热力学平衡浓度的分布和膜的形状. 由于膜对高分子的不可穿透性, 造成高分子可以实现的构象受到限制, 导致高分子对膜施加不均匀的熵压, 从而锚定点附近的膜弯离高分子. 这些结果符合前人的理论分析和蒙特卡罗模拟的结果. 此外, 考察了膜和高分子链段之间的相互作用, 高分子链长以及膜的弯曲刚性、张力对膜形变的影响.

关键词: 高分子, 流体膜, 自洽场理论, Helfrich 膜弹性理论

PACC: 3620, 8720

## 1. 引 言

生物细胞膜是具有特殊结构和功能的半透性膜, 主要由脂质分子、蛋白质以及其他糖类大分子组成. 蛋白质根据其存在的形式可以分为两类: 跨膜蛋白和周边蛋白<sup>[1, 2]</sup>. 跨膜蛋白是一种嵌入蛋白, 而周边蛋白游离于细胞表面. 这些蛋白质和膜的复合体系在生命运转过程中执行了很多重要的生物功能, 如细胞信号转导、吸附胆固醇、细胞凋亡、胞吞和胞吐等<sup>[3-5]</sup>.

膜和周边蛋白之间的相互作用非常复杂, 到目前为止还存在很多尚未解决的问题. 膜和周边蛋白之间的相互作用主要表现为静电和化学相互作用<sup>[6, 7]</sup>. 它们之间的化学相互作用可简化为高分子锚定在无限大膜上的复合体系来进行研究. 由于高分子链的靠近和锚定, 以及膜和高分子之间的近程相互作用对膜的形变起主导作用, 从而生物膜的厚度涨落、热涨落和长程相互作用都可以近似忽略<sup>[8, 9]</sup>.

当前关于高分子锚定在流动膜上的主要理论方法有梯度近似和蒙特卡罗模拟方法<sup>[10-14]</sup>. 目前, 理论上认为高分子的锚定可能通过改变膜的局部自发曲率、弯曲刚性或对生物膜施加不均匀熵压三种形

式来影响膜的形状. 对于非封闭的流体膜, 由于其内外所处的生物环境相同, 内外膜之间的物理化学性质没有明显差别, 在理论上通常假定其自发曲率为零. 同时, 假定锚定的高分子并没有扩散至双层膜的内部, 即不存在明显的嵌入. 因此, 可以合理地认为锚定的高分子对膜的自发曲率和弯曲刚性模量的影响甚微. 而且已有的理论结果发现自发曲率和弯曲刚性模量这两种改变之间存在尚未能解释的矛盾<sup>[12, 13]</sup>. 由于生物膜的不可穿透性, 膜的存在限制了高分子的活动空间, 因此锚定的高分子对生物膜施加不均匀的熵压, 导致无限大的膜在锚定点形成锥形. 当膜和高分子链锚定的端点之间的距离为零时, 膜的弯曲方向不会随着吸附作用的加强而改变方向. 但是高分子锚定端点和膜之间有一定距离甚至无锚定点时, 膜对高分子的吸附作用会使膜向不同方向弯曲<sup>[12, 13]</sup>.

本文将自洽场方法和膜的弹性理论(Helfrich 理论)结合起来研究高分子锚定的无限大流体膜体系. 该理论将膜的形状和高分子的构象分布紧密地联系起来并得到整个体系的热力学稳定态. 该理论还可为较直观地研究高分子和膜之间的相互作用、高分子链长和膜的弯曲刚性模量以及张力对膜的形状和高分子浓度分布的影响.

\* 国家自然科学基金(批准号: 20104002, 20124010, 20374016, 20221402) 教育部优秀博士论文基金(批准号 200225) 资助的课题.

<sup>†</sup> E-mail: fengqiu@fudan.edu.cn,

<sup>‡</sup> E-mail: ylyang@srcap.stc.sh.cn

## 2. 理论模型和计算方法

我们考察的体系如图 1 所示. 它由一个无限大的膜、 $n_p$  根聚合度为  $N_p$  的高分子和  $n_s$  个溶剂分子组成, 其中下标  $p$  和  $s$  分别代表高分子和溶剂. 高分子链的一端锚定在膜  $R_m(0, 0)$  位置, 其中  $R_m(u, v)$  表示膜的位置,  $u$  和  $v$  表示膜表面的曲面坐标, 在文中简记为  $R_m$ . 假定高分子长链不能穿透膜, 而且忽略溶剂小分子和膜之间的相互作用, 认为溶剂分子可自由穿过膜. 高分子的统计链段长度( Kuhn 长度) 为  $b$ , 每个溶剂分子的体积单元为  $b^3$ . 生物膜一般是由两性分子组成, 其侧向尺寸也和统计链段具有相当的尺度. 因此可以假定整个体系的密度是均匀的, 即  $\rho_0 \propto 1/b^3$ . 溶剂和高分子的微观密度算符分别定义为  $\hat{\rho}_s(r) = \sum_{i=1}^{n_s} \delta(r - R_{si})$ ,  $\hat{\rho}_p(r) = \sum_{i=1}^{n_p} \int_0^{N_p} d\tau \delta[r - R_p^i(\tau)]$  式中  $R_{si}$  是第  $i$  个溶剂分子的位置,  $R_p^i(\tau)$  是第  $i$  根高分子第  $\tau$  个链节的位置. 高分子和溶剂之间的相互作用定义为  $\beta \hat{V}_{ps} = \chi \int d^3r \hat{\rho}_p(r) \hat{\rho}_s(r)$ ; 高分子和膜之间的相互作用定义为  $\beta \hat{V}_{pm} = \eta \int d^2r \hat{\rho}_p(r = R_m)$  其中  $\beta = 1/k_B T$ ,  $\chi$  和  $\eta$  分别是高分子和溶剂、高分子和膜的相互作用参数.

由于高分子和膜的相互作用是瞬时的, 膜内外两层分子之间的“分子反转”( flip-flop )和每层内分子的侧向扩散速度都很慢. 生物膜可以进行粗粒化近似, 其能量用 Canham-Helfrich 哈密顿量表示<sup>[15]</sup>. 膜局部的形变涨落也不会改变它的基本拓扑结构, 从而可以忽略高斯曲率的影响. 对于无限大的膜, 可以在柱坐标体系采用 Monge 度规来描述, 即膜的高度为  $h(r)$ , 令  $h(0)$  为参考平面, 如图 1(b) 所示. 从而无限大膜的哈密顿量可以写为

$$H_m^0[R_m] = \frac{1}{2} \int d^2r [ \lambda (\nabla_{\perp} h(r))^2 + \kappa (\nabla^2 h(r))^2 ], \quad (1)$$

其中  $\kappa$  是膜的弯曲模量,  $\lambda$  为表面张力.  $\nabla^2 h(r)$  为膜的主曲率, 而  $(\nabla_{\perp} h)^2$  是由于膜的倾斜  $\nabla_{\perp} h$  而引起膜面积的改变. 锚定的高分子链可认为是高斯链, 其构象概率分布符合标准的 Wiener 分布<sup>[16]</sup>, 故其哈密顿量可以写为

$$H_p^0[R_p] = \frac{3}{2b^2} \int_0^{N_p} d\tau \left[ \frac{dR_p(\tau)}{d\tau} \right]^2. \quad (2)$$

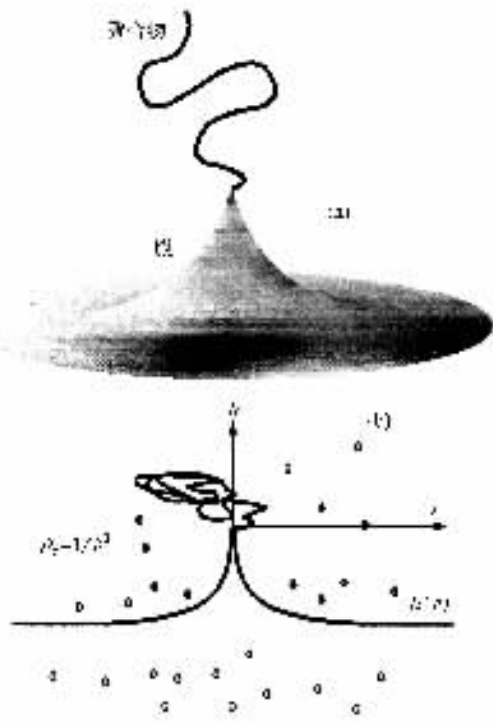


图 1 柱坐标系下, 聚合度为  $N_p$  的高分子一端锚定于无限大膜的  $R_m(0, 0)$  位置的示意图. (a) 三维图形 (b) 二维图形. 线团为高分子(灰色的小圆代表单个溶剂分子, 膜以实曲线表示. 膜的形状由  $h(r)$  描述)

因而, 膜和高分子复合体系的配分函数可以写为

$$\Xi = N \frac{1}{n_s! n_p!} \int \prod_{i=1}^{n_s} dR_{si} \times \int \prod_{i=1}^{n_p} [ DR_p^i \exp\{-\beta H_p^0[R_p^i]\} ] \times \int DR_m \exp\{-\beta H_m^0[R_m]\} \times \exp\{-\beta \hat{V}_{ps} - \beta \hat{V}_{pm}\} \times \prod_r \delta[\rho_0 - \hat{\rho}_s - \hat{\rho}_p] \delta \left[ \int_{r \in R_m^{\downarrow}} d^2r \hat{\rho}_p \right], \quad (3)$$

其中,  $N$  是归一化系数,  $R_m^{\downarrow}$  和  $R_m^{\uparrow}$  分别表示在生物膜的下方和上方位置.  $\int DR$  表示对所有分子在全空间中的构象积分. 第一个 Dirac 函数用于实现体系中任一点的不可压缩性条件, 而第二个 Dirac 函数确保高分子链分布在膜的上方.

通过 Hubbard-Stratonovich 变换引入微观算符所对应的集约变量  $\rho_p, \rho_s$  及其相应的共轭分子自洽场  $\omega_p(r)$  和  $\omega_s(r)$ , 还引入拉格朗日因子  $\xi$  和  $\zeta$  实现系统的不可压缩性条件和保证膜对高分子的不可穿透性. 利用这些集约变量, 配分函数可写成

$$\Xi = N \int D R_m \int D \rho_p \int D \rho_s \int D \omega_p \int D \omega_s \int D \xi \int D \zeta \exp\{-\beta F[\rho_p, \rho_s, \omega_p, \omega_s, \xi, \zeta, R_m]\}, \quad (4)$$

其中,自由能泛函  $\beta F$  为

$$\begin{aligned} & \beta F[\rho_p, \rho_s, \omega_p, \omega_s, \xi, \zeta, R_m] \\ &= \chi \int d r \rho_p \rho_s - \int d r \omega_p \rho_p - \int d r \omega_s \rho_s \\ & - n_p \ln Q_p - n_s \ln Q_s - \int d r \xi (\rho_0 - \rho_p - \rho_s) \\ & + \zeta \int_{r \in R_m^\downarrow} d r \rho_p + \eta \int_{r \in R_m} d r \rho_p \\ & + \frac{1}{2} \int d r [\lambda (\nabla_\perp h(r))^2 + \kappa (\nabla^2 h(r))^2], \quad (5) \end{aligned}$$

$Q_s$  是溶剂分子在其共轭场下的配分函数,  $Q_p$  是高分子在其共轭场下的单链配分函数. 它们可以分别写成

$$Q_s = \int d r e^{-\omega_s(r)} \quad (6)$$

和

$$Q_p = \int d r q_p(r, \tau) q_p^\dagger(r, \tau), \quad (7)$$

其中,链段分布函数  $q_p(r, \tau)$  满足扩散方程

$$\begin{aligned} \frac{\partial}{\partial \tau} q_p(r, \tau) &= \frac{b^2}{6} \nabla_r^2 q_p(r, \tau) \\ & - \omega_p(r) q_p(r, \tau), \quad (8) \end{aligned}$$

其初始条件是  $q_p(r = R_m(0, 0), 0) = 1$  和  $q_p(r \neq R_m(0, 0), 0) = 0$ . 由于锚定的高分子两端是不同的, 必须求解出共轭的链段分布函数  $q^\dagger(r, \tau)$ , 其满足(8)式, 但右边必须乘以  $-1$ , 初始条件为  $q^\dagger(r, N_p) = 1.0$ .

我们要求的稳定状态(如平衡态)是自由能面上的极值点, 这时可采用鞍点近似, 由自由能(5)式分别对  $\rho_p, \rho_s, \omega_p, \omega_s, \xi$  和  $\zeta$  进行泛函变分求极值, 可以得到自洽方程组

$$\omega_p(r) = \begin{cases} \eta/b + \chi \rho_s(r) + \xi(r) & r = R_m, \\ \zeta + \chi \rho_s(r) + \xi(r) & r \in R_m^\downarrow, \\ \chi \rho_s(r) + \xi(r) & r \in R_m^+, \end{cases} \quad (9)$$

$$\omega_s(r) = \chi \rho_p(r) + \xi(r), \quad (10)$$

$$\rho_p(r) = \frac{n_p}{Q_p} \int_0^{N_p} d \tau q_p(r, \tau) q_p^\dagger(r, \tau), \quad (11)$$

$$\rho_s(r) = \frac{n_s}{Q_s} e^{-\omega_s(r)}, \quad (12)$$

$$\rho_0 = \rho_p(r) + \rho_s(r), \quad (13)$$

$$0 = \int_{r \in R_m^\downarrow} d r \rho_p(r). \quad (14)$$

然后根据一般的变分原理和专著中介绍的方法<sup>[17]</sup>, 将自由能对膜的形状进行泛函变分求极值, 可以得到膜的形状方程,

$$\begin{aligned} & (\zeta \rho_p[r = R_m] + \eta \mathbf{n} \cdot \nabla \rho_p[r = R_m]) \\ & - (\gamma \rho_p[r = R_m] + \lambda) \nabla^2 h + \kappa \nabla^2 \nabla^2 h = 0, \quad (15) \end{aligned}$$

其中,  $\mathbf{n}$  是膜的法线方向, 从无高分子的一面指向有高分子的一面.

为了计算方便, 我们将模型简化在柱坐标体系中计算, 其中  $r$  和  $h$  是柱坐标下的空间坐标, 如图 1 所示. 在柱坐标体系下求解自洽方程组(6—14)和形状方程(15). 求解高分子自洽方程组时, 令计算空间的大小为  $L_r = 12$  和  $L_h = 24$ , 空间格子单位  $\Delta r = \Delta h = 0.1$ . 链段的离散步长为  $\Delta \tau = 1$ , 统计链段长度  $b = 1, n_p = 1$ . 在整个计算过程中, 我们首先假定膜的初始形状是  $h = 0$ , 在反射边界的条件下, 采用实空间的方法求解自洽方程组, 得到高分子的浓度分布<sup>[18]</sup>. 然后, 将高分子的浓度分布代入形状方程求解得到膜的形状. 对于形状方程的求解, 我们采用高斯消元的方法, 在边界条件为  $\frac{\partial}{\partial r} h(r = \infty) = 0$  和  $h(0) = 0$  的情况下求解这个四阶的常微分方程. 在求得膜形状条件下, 再次求解自洽方程组得到该形状下的高分子浓度分布, 然后再一次解得新形状. 如此反复进行迭代, 直至前后两次迭代的膜边界处的高度差  $\Delta h(r = \infty) \leq 0.0001$  时, 认为已经获得稳定的膜的形状和浓度分布, 退出迭代程序. 此外, 为了避免边界对形状的影响, 膜的计算区域大于

$50 \sqrt{N_p} b$ .

### 3. 结果和讨论

溶剂和高分子的相互作用参数  $\chi$  没有出现在形状方程(15)中, 而是通过改变高分子的构象分布间接地影响膜的形状. 由于自洽场理论对高分子在不良溶剂中的计算有一定的局限性, 而在良溶剂中相互作用参数  $\chi$  并不会严重影响锚定高分子的浓度分布. 因此, 在本文中只讨论理想高斯链锚定的体系.

图 2(a) 给出了当膜和高分子之间的相互作用参数  $\eta = 0$ , 锚定链长为  $N_p = 100$  时, 高分子锚定膜的形态. 高分子以“蘑菇”(mushroom)的形状分布在膜的上方, 其覆盖尺度大约为  $\sqrt{N_p} b$ , 而且该尺度范围内膜的形状变化很小, 如图 2(a) 所示. 而图 2(b)

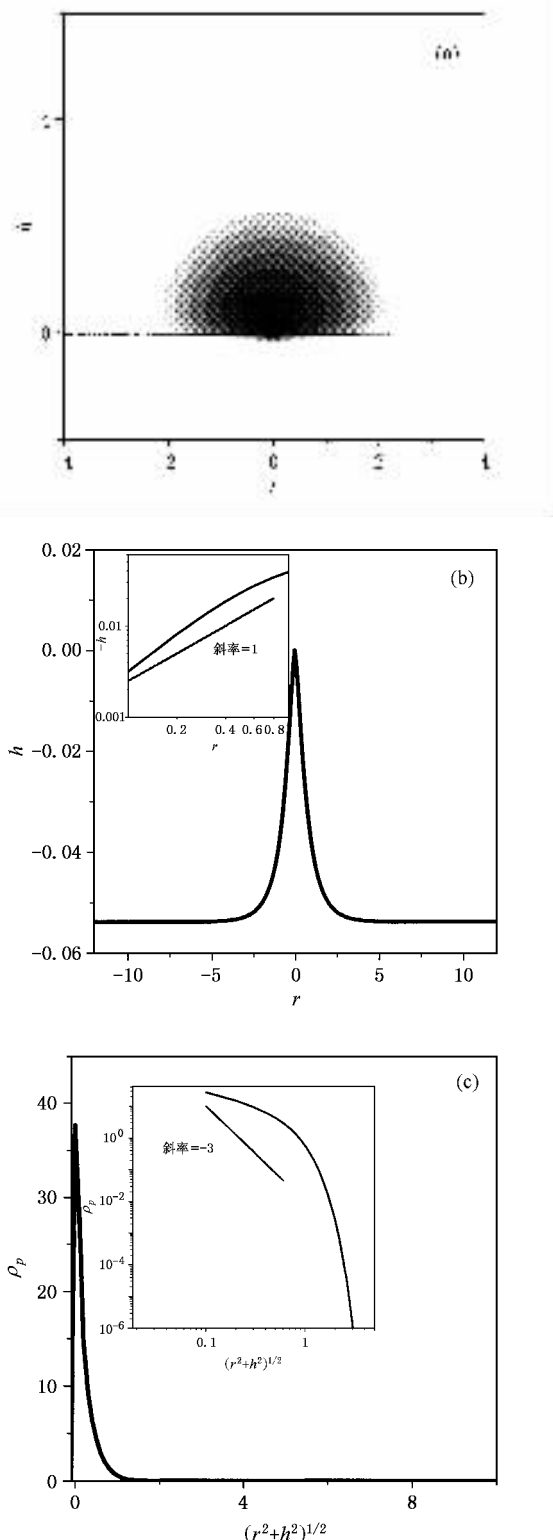


图 2 高分子锚定的无限大膜, 其中  $N_p = 100, \eta = 0, \lambda = 1, \xi = 3, \kappa = 1$ . (a) 高分子锚定膜的形态, 膜以实曲线表示, 高分子的浓度分布以灰度表示, 灰度越大表示浓度越高 (b) 膜的形态, 插图是膜在锚定点附近  $-h(r)$  和  $r$  的对数关系曲线 (c) 高分子浓度沿  $r = 0$  方向的分布, 插图是浓度和位置  $\sqrt{(r^2 + h^2)}$  的对数关系曲线

中给出了膜的局部形态, 发现由于受到锚定高分子施加的不均匀熵压, 膜以一定的程度远离高分子, 从而高分子能获得更大的活动空间. 从图 2 (b) 中可以看出, 离开锚定点后, 膜的高度先以直线方式下降, 然后迅速衰减. 而图 2 (b) 的左上方插图给出了锚定点附近的膜高度  $-h(r)$  和  $r$  的关系, 符合关系式

$$h(r)_{r \rightarrow 0} \approx - \left( \frac{k_B T r}{\kappa 2\pi} \right)^{1/3} \quad [13]$$

图 2 (c) 给出了高分子沿垂直方向上 ( $r = 0$ ) 浓度的分布, 符合高分子刷子模型中对“蘑菇”区的描述. 由于耗尽效应 (depletion effect), 膜表面高分子的浓度并不是最高点. 在图 2 (c) 的插图中给出了浓度和位置  $\sqrt{(r^2 + h^2)}$  的对数图. 发现锚定点附近, 高分子的浓度和  $\sqrt{(r^2 + h^2)}$  呈对数下降, 指数接近于  $-3$ . 这符合熵压在锚定点附近的行为, 即文献中提到的关系式,

$$P(r) = \frac{k_B T}{2\pi (r^2 + h^2)^{3/2}} \quad [13]$$

在生物体系中蛋白质通常通过物理和化学相互作用, 吸附在膜表面以实现功能化. 图 3 给出了在不同相互作用  $\eta$  下高分子锚定膜的形态. 其中,  $\eta > 0$  表示膜和高分子之间存在排斥作用, 即脱吸附 (desorb);  $\eta < 0$  表示膜和高分子之间存在吸引作用, 即吸附 (adsorb). 为了比较, 我们将所有膜在无限远边界处的高度都定为零, 由图 3 可见, 随着吸附强度的增大,  $\eta = -0.20$  时锚定点位置被明显地提高, 但是吸附强度进一步增加到  $\eta = -0.25$  时, 锚定点的高度反而有所下降. 图 3 的左右两个插图分别给出了高分子在  $\eta = 0.0$  和  $\eta = -0.25$  时浓度分布的灰度图,  $\eta = 0.0$  为“蘑菇”状, 而  $\eta = -0.25$  时为“煎饼”状 (pancake). 随着吸附强度的增加, 高分子的构象分布实现从“蘑菇”至“煎饼”的转变, 如图 3 中插图所示. 由于高分子受到膜的强吸附作用, 高分子牺牲构象熵而受限于膜的表面形成“煎饼”. 这时增大了膜表面上的高分子浓度, 也增加了对膜施加的熵压 ( $\zeta_{op}(r = R_m)$ ), 导致膜进一步远离高分子. 但另一方面, 吸附强度的增加有利于高分子靠近膜表面. 这两个相反的效应导致随着吸附强度的增加, 锚定点高度先增加后减少. 从形状方程 (15) 中可看出, 当膜和高分子之间有化学相互作用时, 张力项中增加了  $\eta \rho_p(r = R_m)$ , 吸附时  $\eta$  的数值为负, 从而会减少膜的张力系数, 即对膜起到软化作用. 但是膜和高分子之间存在化学相互作用时, 高分子对膜施加吸附压  $\eta \mu \rho_p[r = R_m]$ , 这在一定程度上抵消了为实现

膜不可穿透性而产生的压力,这也就是膜弯离高分子的程度并不是随着吸附强度的增加而单调增大的原因之一.这点不同于 Sung 所报道的无锚定点仅有吸附作用的高分子/膜复合体系,该体系在弱吸附时膜会远离高分子;而在强吸附时膜会弯向高分子<sup>[13]</sup>.即随着高分子的吸附强度的增加,膜的曲率会发生从正到负的改变.

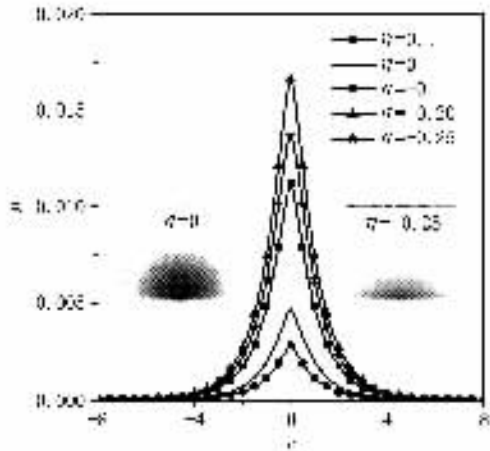


图3 无限大膜随着高分子/膜之间的吸附强度变化时膜的形态和高分子浓度分布的影响:  $N_p = 100, \chi = 0, \lambda = 0.01, \xi = 3, \kappa = 10$ , 左插图中  $\eta = 0$  和右插图中  $\eta = -0.25$  的浓度分布

我们接下来考虑锚定高分子的链长影响.图4给出了链长分别为  $N_p = 10, 100, 200, 400$  时锚定高分子的膜形状.从图4(a)可以看出,当  $\eta = 0.0$  时,随着链长的增加,膜的形状没有明显改变.而在  $\eta = -0.3$  时,锚定点突起的高度随着高分子链长的增加而增加,如图4(b)所示.在 高分子刷子模型中,接枝密度不变的情况下,接枝表面的高分子浓度不随链长的变化而变化<sup>[19]</sup>.而在锚定链数目相同的情况下,膜表面高分子的浓度也随着高分子链长的增加而基本保持不变.而远离膜表面的高分子浓度的增加或减少,改变的仅是体系中膜外的压力.这些高分子所改变的压力不足以对膜起作用.但当膜和高分子之间存在吸附作用时,随着高分子链长的增加,膜表面高分子的浓度增大,从而增大熵压并改变膜的表面张力,导致膜形状的改变.

此外,膜本身的张力和弯曲刚性模量也会对高分子锚定膜的形变产生影响.而在实验中可以通过毛细管显微操纵的方法测定膜的张力和弯曲刚性模量.对于通常由磷脂构成的生物膜,常温下其弯曲模量和表面张力的大小分别为  $10\text{--}40k_B T$  和

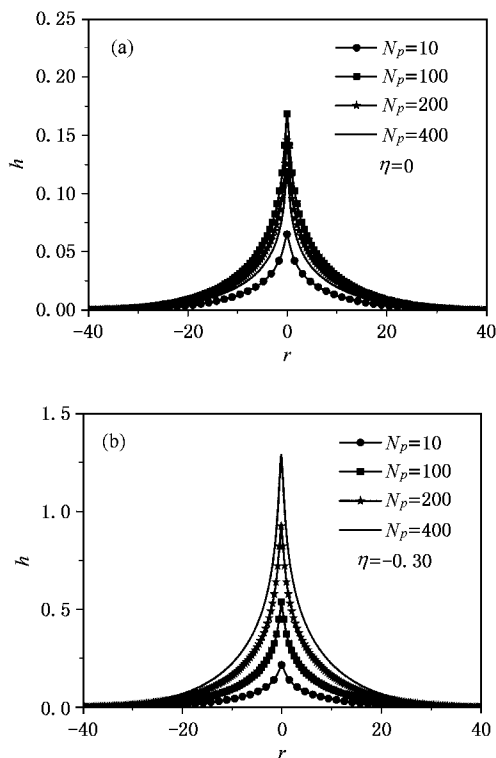


图4 高分子链长对膜形态的影响,参数  $\lambda = 0, \chi = 0, \xi = 3, \kappa = 1$

$0.25k_B T/\text{nm}^{120}$ .图5(a)列出了当膜的弯曲刚性模量从  $\kappa = 10$  降到  $\kappa = 0.2$  时,高分子锚定膜的形状变化.从中可以看出随着膜弯曲模量的增大,其受锚定高分子的影响程度减小,即锚定点的高度下降,膜变得更平.为了定量地说明膜形变和其弯曲模量之间的关系,插图给出锚定点突起的相对高度( $\Delta H = h(0) - h(\infty)$ )和弯曲模量的关系.从图中可以看出  $\Delta H$  和  $\kappa$  基本上呈线性关系,基本符合文献报道的分析结果<sup>[13]</sup>,即  $h(r)_{r \rightarrow 0} \propto \kappa^{-1}$ .图6给出了不同的膜

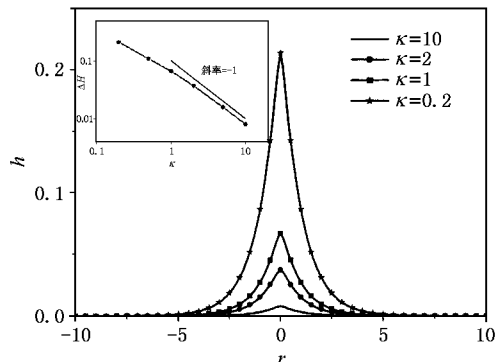


图5 弯曲模量变化对膜形状的影响,  $\eta = 0.0, \lambda = 0.01, \chi = 0, \xi = 3, N_p = 100$ .插图中给出了锚定点突起的高度和膜弯曲模量的关系,黑色的直线的斜率为 -1

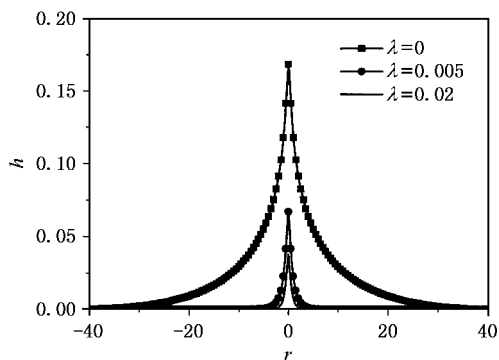


图 6 膜表面张力的变化对膜形状的影响,  $\eta = 0.0$ ,  $\kappa = 1$ ,  $\chi = 0$ ,  $\zeta = 3$ ,  $N_p = 100$

表面张力下高分子锚定膜的形状. 可以看到, 在其他条件相同时, 当膜的表面张力为零时, 高分子对膜的影响会波及到较远的区域, 且锚定点突起的高度也最大. 当膜的表面张力大于零时, 高分子对膜形状的影响只局限在几个  $\sqrt{N_p} b$  的范围内. 随着膜的表面张力的增加, 其影响的范围几乎不变, 但锚定点的高

度略有降低, 这可能是以前的理论模型不考虑张力影响的因素之一.

## 4. 结 论

综上所述, 我们结合高分子链的自洽场理论和膜弹性理论研究高分子锚定膜的复合体系. 由于膜的不可穿透性, 减小了高分子的活动空间, 为了使高分子获得更高的构象熵, 膜发生弯曲远离高分子. 然而, 当膜和高分子之间存在相互作用时, 膜和高分子会表现出不同的行为. 对于高分子, 吸附作用从弱到强, 其构象分布表现出从“蘑菇”至“煎饼”的转变. 而对于无限大膜, 由于高分子和膜表面存在着锚定点, 吸附程度的加强不会改变膜弯曲的方向. 当膜和高分子之间没有相互作用时, 高分子链长的改变不会对膜的形状产生明显的作用, 但当膜和高分子之间有吸附作用时, 链长的增大会加剧膜的形变. 此外, 膜本身的弯曲刚性和张力也会影响膜的形变. 这些结论有助于提高对生物细胞中形态转变问题的认识.

[ 1 ] Lipowsky R, Sackmann E 1995 *Structure and dynamics of membranes* Vol. 1 of Handbook of biological physics, Elsevier  
 [ 2 ] Doebereiner H G, Evans E, Krauss M, Seifert U, Wortis M 1997 *Phys. Rev. E* **55** 4458  
 [ 3 ] Tsafirir I, Guedeau-Boudeville M A, Kandel D, Stavans J 2001 *Phys. Rev. E* **63** 031603  
 [ 4 ] Liu Y Y, Dou S X, Xie P 2005 *Acta Phys. Sin.* **54** 622 (in Chinese) 刘玉颖、窦硕星、谢平 2005 *物理学报* **54** 622  
 [ 5 ] Frette V, Guedeau-Boudeville M A, Kandel D, Stavans J 2001 *Phys. Rev. Lett.* **82** 2465  
 [ 6 ] Ronzon F, Desbat B 2002 *Biochimica et Biophysica Acta.* **1560** 1  
 [ 7 ] Golestanian R, Goulian M, Kardar M 1996 *Phys. Rev. E* **54** 6725  
 [ 8 ] Brooks J, Margues C, Cates M 1991 *J. Phys. II (France)* **1** 673  
 [ 9 ] Podgornik R 1993 *Europhys. Lett.* **21** 245  
 [ 10 ] Breidenich M, Netz R R, Lipowsky R 2001 *Eur. Phys. J. E* **5** 43

[ 11 ] Bickel T, Jeppesen C, Marques C M 2000 *Phys. Rev. E* **62** 1124  
 [ 12 ] Lipowsky R 2000 *Europhys. Lett.* **49** 431  
 [ 13 ] Kim Y W, Sung W 2001 *Phys. Rev. E* **69** 041910  
 [ 14 ] Deserno M 2004 *Phys. Rev. E* **63** 031903  
 [ 15 ] Chaikin P M, Lubensky T C 1995 *Principles of condensed matter physics* (New York: Cambridge University Press)  
 [ 16 ] Doi M, Edwards S F 1986 *The Theory of Polymer Dynamics* (Oxford University Press, Unites States)  
 [ 17 ] Ouyang Z C, Liu J X, Xie Y Z 1999 *Geometric Methods in the Elastic Theory of Membranes in Liquid Crystal Phases* (World Scientific Press, Singapore)  
 [ 18 ] Drolet F, Fredrickson G H 1999 *Phys. Rev. Lett.* **83** 4317  
 [ 19 ] Milner S T 1991 *Science* **251** 905  
 [ 20 ] Bar-Ziv R, Moses E 1994 *Phys. Rev. Lett.* **73** 1392

# Polymer anchored fluid membrane<sup>\*</sup>

Guo Kun-Kun Qiu Feng Zhang Hong-Dong Yang Yu-Liang

( *Department of Macromolecular Science , Key Laboratory of Molecular Engineering of Polymers , Ministry of Education , Fudan University , Shanghai 200433 ,China* )

( Received 10 December 2004 ; revised manuscript received 13 June 2005 )

## Abstract

By combining the self-consistent field theory for polymers with the Helfrich elasticity theory of membrane , the polymer anchored infinite membrane is investigated. Both the density distribution of the polymer and deformation of the membrane are obtained. Close to the anchoring site ,the membrane has the conical shape and bends away from the polymer due to the membrane 's impenetrability to the polymer and the confined space for the polymer , which is consistent with previous theoretical results and Monte Carlo simulations. Moreover , the interaction between the membrane and polymer chain length , and the effects of bending rigidity and surface tension on the deformation of the membrane are investigated.

**Keywords** : polymer , fluid membrane , self-consistent field theory , Helfrich membrane elasticity theory

**PACC** : 3620 , 8720

---

<sup>\*</sup> Project supported by the National Natural Science Foundation of China ( Grant nos. 20104002 , 20234010 , 20374016 , 20221402 ) and the Ministry of Education of China ( Grant No.200225 )