Corso di Laurea Specialistica in Chimica delle Molecole di Interesse Biologico Struttura e Dinamica di Biomolecole - 2008/2009

Laboratorio 3 - (7 aprile 2009)

## 1 Chignolina: minimizzazione energia

Si può eseguire la minimizzazione

- con due metodi: Steepest Descent e Conjugate Gradient
- a partire da varie configurazioni NMR

## 1.1 preparazione input ed esecuzione

- 1. Portarsi sulla directory di lavoro (es. ~/orac/data).
- 2. Creare un input (es minim.in) che esegua una minimizzazione dell'energia della molecola:

```
&SETUP
   READ_PDB ../pdb/chignolin.pdb
&END
&SOLUTE
   SCALE_CHARGES 1 1
&END
&PARAMETERS
   READ_TPG_ASCII ../lib/amber_all.tpg
   READ_PRM_ASCII ../lib/amber_all.prm
   JOIN SOLUTE
       gly-h tyr asp pro glu thr gly thr trp gly-o
   END
&END
&POTENTIAL
   [\ldots]
   CUTOFF 100.
   STRETCHING
&END
&SIMULATION
   MINIMIZE
       CG 0.00001
                 SD 0.00001
       # oppure
       WRITE_GRADIENT
   END
&END
   ASCII 100.0 OPEN minim.pdb
&END
&RUN
   TIME 3000.0
   PRINT 100.0
   PROPERTY 100.0
&END
```

3. lanciare il programma usando la prima struttura NMR (es. chignolin.pdb)

## 1.2 analisi risultati

- 1. Visualizzare i risultati con vmd
- 2. Misurare gli RMSD con vmd
- 3. (non fatto) Analizzare i diversi contributi all'energia:

  post-out P="TotPot NonBond Bonded" chigno.out > ene
  plot -1,2-4 ene
- 4. (non fatto) Osservare
  - (a) se vi è correlazione tra variazione nei RMSD e nell'energia
  - (b) quale modifica conformazionale determina la massima variazione di energia
  - (c) quale parte del potenziale guida la transizione verso il minimo

## 2 simulazione di chignolina a 300 K nel vuoto (E,V=cost).

- 1. portarsi in ~/orac/data; creare un input di ORAC (es. chigno.in) per una simulazione:
  - (a) nel potenziale si omette il cutoff (è definito nel blocco &INTEGRATOR), e si levano i C-H, N-H, O-H stretch

```
&POTENTIAL

[...]

# CUTOFF 100.

STRETCHING HEAVY
&END
```

(b) inserire il blocco &INTEGRATOR e modificare il blocco &SIMULATION

```
&SIMULATION

MDSIM

TEMPERATURE 300.0 40.0

&END

&INTEGRATOR

TIMESTEP 2.0

MTS_RESPA

step intra 2

step intra 2

step nonbond 1 100.

test_times OPEN energie

END

&END
```

(c) modificare il blocco &RUN inserendo un ciclo di equilibratura appropriato:

```
&RUN
CONTROL O
REJECT 50000.0
TIME 30000.0
PRINT 100.0
PROPERTY 1000.0
```

2. lanciare il programma con output sullo schermo

```
orac < chigno.in
```

3. lanciare il programma con output su file

```
orac < chigno.in > chigno.out
```