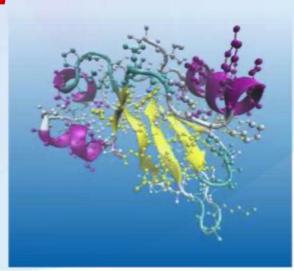
Лекция 5 Методы молекулярной динамики в решении биологических задач

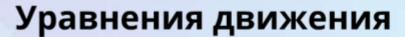


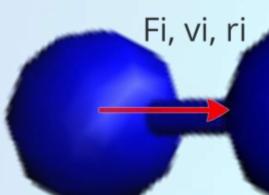
Определение

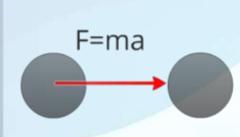
Метод молекулярной динамики (МД) —

метод моделирования, основаный на расчёте эволюции системы взаимодействующих частиц (атомов молекул) путем интегрирования уравнений их движения









$$\frac{d^2r_i}{dt^2} = \frac{F_i}{m_i}$$

$$F_i = -\frac{\partial U(r_{1,...,r_N})}{\partial r_i}$$



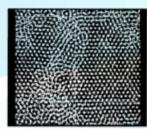
История



Молекулярная динамика твердых сфер

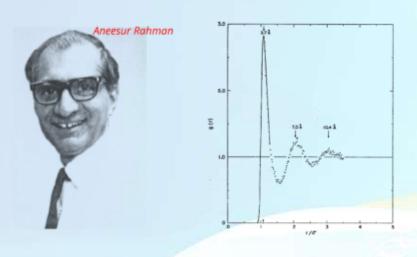






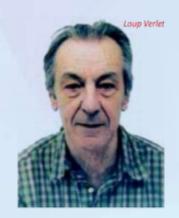
B. J. Alder and T. E. Wainwright (1957). "Phase Transition for a Hard Sphere System". J. Chem. Phys. 27 (5): 1208

Расчеты жидкого аргона (864 атома)



A. Rahman (1964), "Correlations in the motion of atoms in liquid argon", Phys. Rev. 136A, 405-411

Метод численного интегрирования уравнений движения

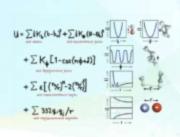


 $\mathbf{v}_{i}(t) = [\mathbf{r}_{i}(t+h) - \mathbf{r}_{i}(t-h)]/2h$.

Самосогласованное силовое поле





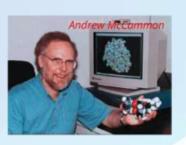


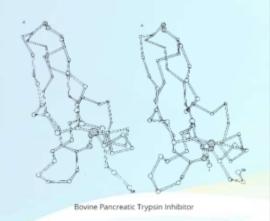
Street CASA Companie Assessment of Companies and Theorem, 19840. N

M. Maria and C. Charles (1967). Minimal Science and Date of Spiritual Science and District Science and Company of Spiritual Science and Spiritual Science









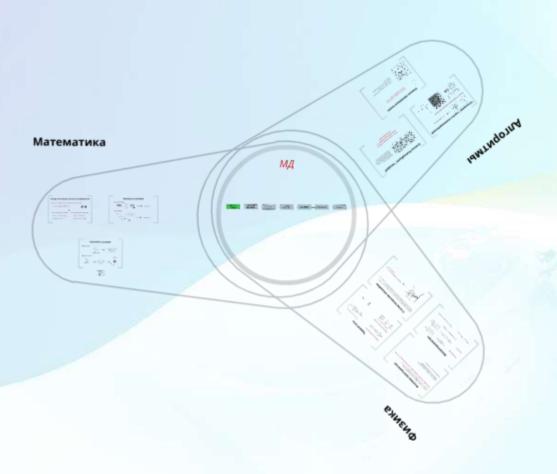
Алгоритм поддержания постоянной температуры (термостат)

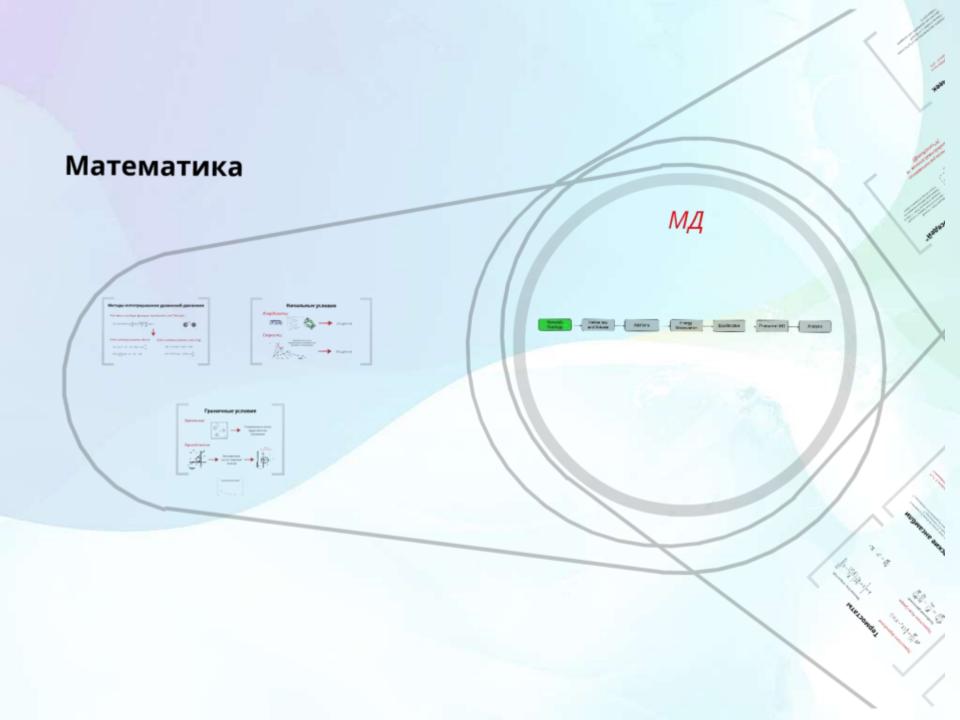




ger Hamandham (1994) Metama. Willi vom Lameraman di Matter Matter de Algeria miles y Matter de Algeria de Alberta de Alberta menter d'Alberta (1984)

Метод молекулярной динамики





Методы интегрирования уравнений движения

Разложим исходную функцию координат в ряд Тейлора:

$$r(t+\Delta t)=r(t)+\Delta t \frac{d}{dt}r(t)+\frac{(\Delta t)^2}{2!}\frac{d^2}{dt^2}r(t)+\dots$$

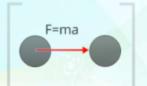




Схема интегрирования Верле:

$$r_i(t+\Delta t) \approx -r_i(t-\Delta t) + 2r_i(t) + \Delta t^2 \frac{F_i}{m_i}$$

$$v_i(t) \approx \frac{1}{2\Delta t} [r_i(t+\Delta t)-r_i(t-\Delta t)]$$

Схема интегрирования Leap-frog:

$$r_i(t+\Delta t) \approx r_i(t) + \Delta t v_i(t+\Delta t/2)$$

$$v_i(t+\Delta t/2) \approx v_i(t-\Delta t/2) + \Delta t \frac{F_i}{m_i}$$

Начальные условия

Координаты:

http://www.pdb.org/pdb



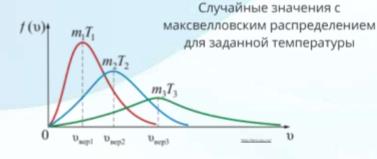
Методы получения атомных координат:

- X-RAY (70097)
- Solution NMR (9275)
- Electron Microscopy (409)
- Solid-State NMR (50)
- Hybrid (48)
- Neutron Diffraction (38)
- · Fiber Diffraction (37)
- Electron Crystallography (32)
- · Solution Scattering (32)
- Other (23)



{ri} для t=0

Скорости:

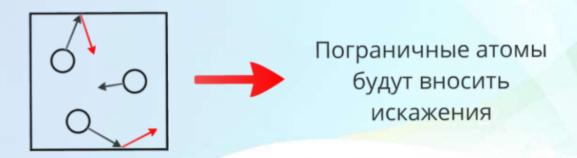




{Vi} для t=0

Граничные условия

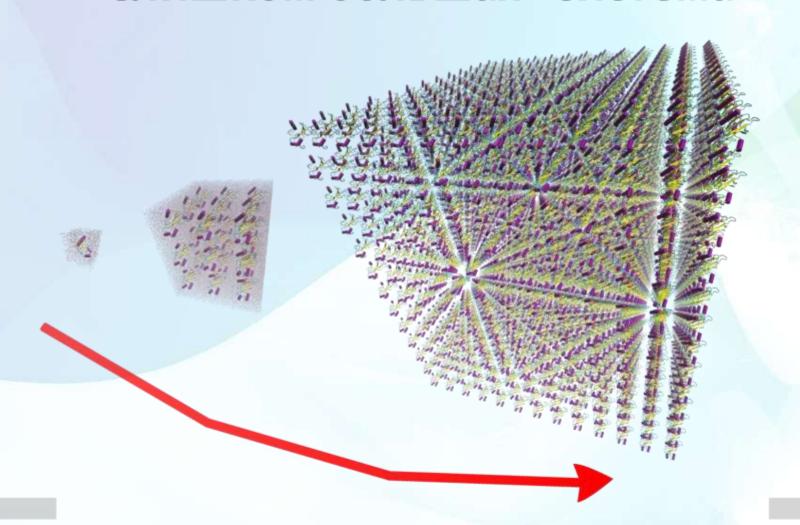
Зеркальные:



Периодические:

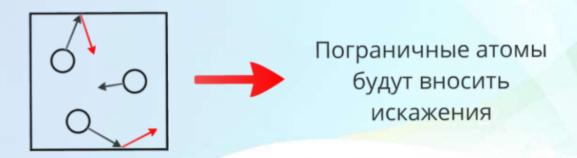


"Слишком большая" система



Граничные условия

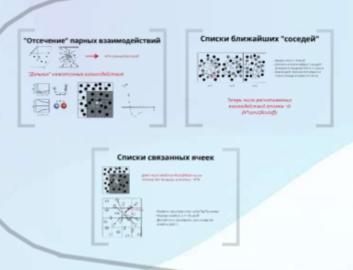
Зеркальные:

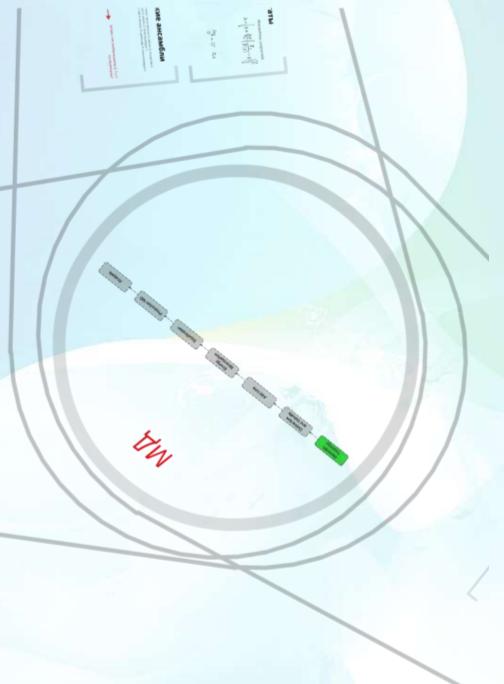


Периодические:



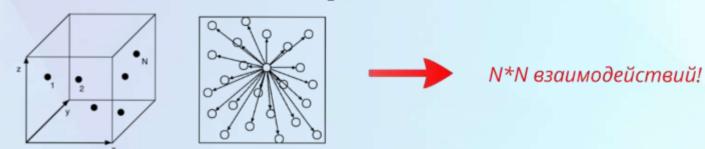
Алгоритмы



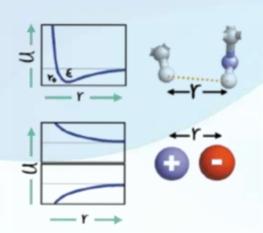


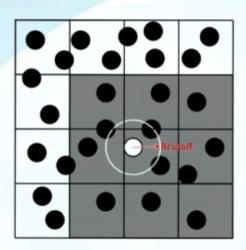


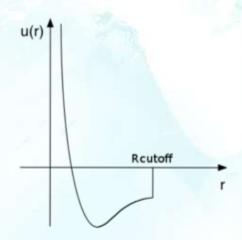
"Отсечение" парных взаимодействий



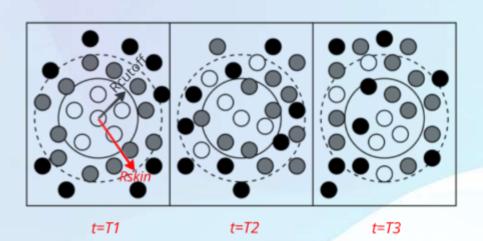
"Дальние" межатомные взаимодействия:







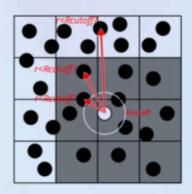
Списки ближайших "соседей"



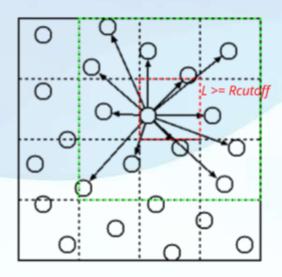
- Введём Rskin > Rcutoff
- Для всех атомов найдём "соседей", лежащих в пределах Rskin -> список
- Взаимодействия рассчитываются только между атомами в списке

Теперь число расчитываемых взаимодействий атомов ~N (N*const(Rcutoff))

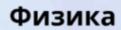
Списки связанных ячеек

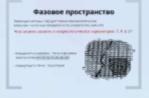


Даже после введения Rcutoff/Rskin число атомов для проверки остаётся ~ N*N



- Разбить пространство на Lx*Ly*Lz ячеек
- Размер ячейки, L >= Rcutoff
- Достаточно проверить все соседние ячейки (26+1)











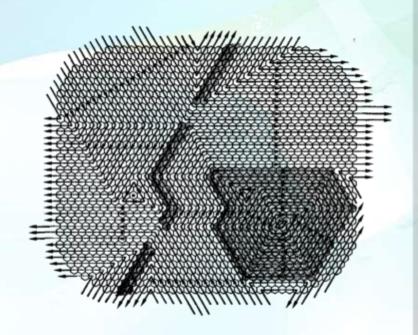


Фазовое пространство

Эволюция системы с МД даёт только микроскопическое описание: частичные координаты {ri}, скорости {vi}, силы {Fi}

Что можно сказать о макроскопических параметрах: T, P, V, E?

- Координаты и импульс точка в фазовом пространстве о = (rx, ry, rz, px, py, pz)
- Совокупность точек траектория



Макропараметры

Температура

$$T = \frac{1}{3Nk_B} \sum_{i=1}^{N} m_i v_i^2$$

N — число атомов

kB — константа Больцмана

ті — масса атома

vi — скорость атома

Давление

$$P = \frac{2N}{3V} E_k + \frac{1}{3V} \sum_{i} \sum_{j} F_{ij} \cdot r_{ij}$$

N — число атомов

V — объём системы

Ek — кинетическая энергия

Fij — сила от атома ј на i

rij — вектор от атома i до j

Эргодическая гипотеза

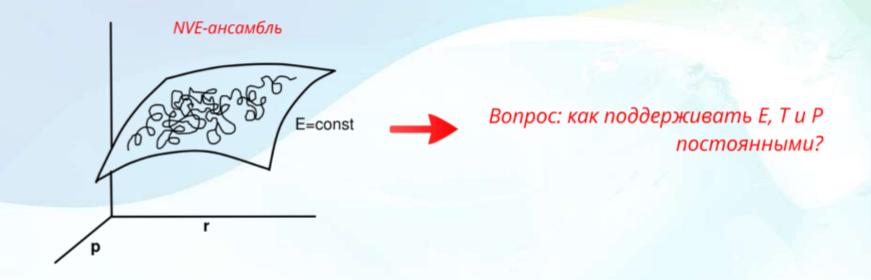
$$<\!A\!>_{_{\it время}}=<\!A\!>_{_{\it траектория}}$$

МД даёт только средние по времени

Статистические ансамбли

- Микроканонический (NVE). Постоянными являются: число атомов, N, объём, V, и энергия, E.
- Канонический (NVT). Постоянные: число атомов, N, объём, V, и температура, T.
- Изобарно-изотермический (NPT). Постоянные: число атомов, N, давление, P, и температура, T.

• ...



Термостаты

Термостат Берендсена

$$dT\frac{(t)}{dt} = \frac{1}{\tau}(T_0 - T(t))$$

Множитель скоростей:

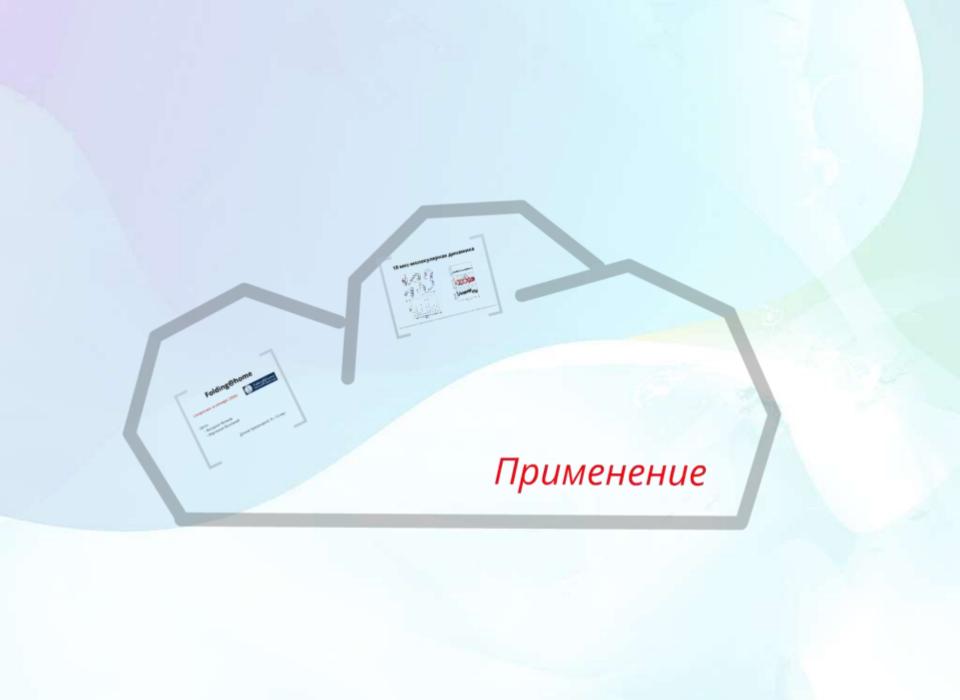
$$\lambda = \left[1 + \frac{\Delta t}{\tau_T} \left(\frac{T_0}{T(t)} - 1 \right) \right]^{\frac{1}{2}}$$

Термостат Нозе-Гувера

Уравнения движения:

$$\frac{\mathrm{d}^2 \boldsymbol{r}_i}{\mathrm{d}t^2} = \frac{\boldsymbol{F}_i}{m_i} - \frac{p_{\xi}}{Q} \frac{\mathrm{d}\boldsymbol{r}_i}{\mathrm{d}t}$$

$$\frac{\mathrm{d}p_{\xi}}{\mathrm{d}t} = (T - T_0)$$



Folding@home

Стартовал в октябре 2000г

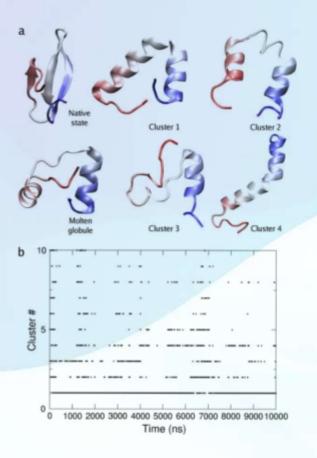


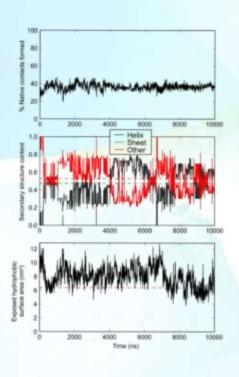
Цели:

- Фолдинг белков
- Изучение болезней

Длина траекторий: 5—10 мкс

10 мкс-молекулярная динамика





Peter L. Freddolino, Feng Liu, Martin Gruebele and Klaus Schulten. "Ten-Microsecond Molecular Dynamics Simulation of a Fast-Folding WW Domain". Biophys J. 2008 May 15; 94(10): L75-L77