

C7790

# Počítačová chemie a molekulové modelování I

C7800 Počítačová chemie a molekulové modelování I - cvičení

## 5. Programy pro molekulové modelování I

Petr Kulhánek

[kulhanek@chemi.muni.cz](mailto:kulhanek@chemi.muni.cz)

Národní centrum pro výzkum biomolekul, Přírodovědecká fakulta  
Masarykova univerzita, Kotlářská 2, CZ-61137 Brno

# Přehled

## VMD

<http://www.ks.uiuc.edu/Research/vmd/>

Program pro vizualizaci molekul. Po bezplatné registraci dostupný pro MS Windows a Linux.

## Avogadro

[http://avogadro.openmolecules.net/wiki/Main\\_Page](http://avogadro.openmolecules.net/wiki/Main_Page)

Program pro stavbu a vizualizaci molekul. Volně dostupný pro MS Windows a Linux.

Přehled funkcionality: <https://www.youtube.com/watch?v=xdmLoBILmq8>

# Stavba modelu

Program Avogadro

# Spuštění programu Avogadro

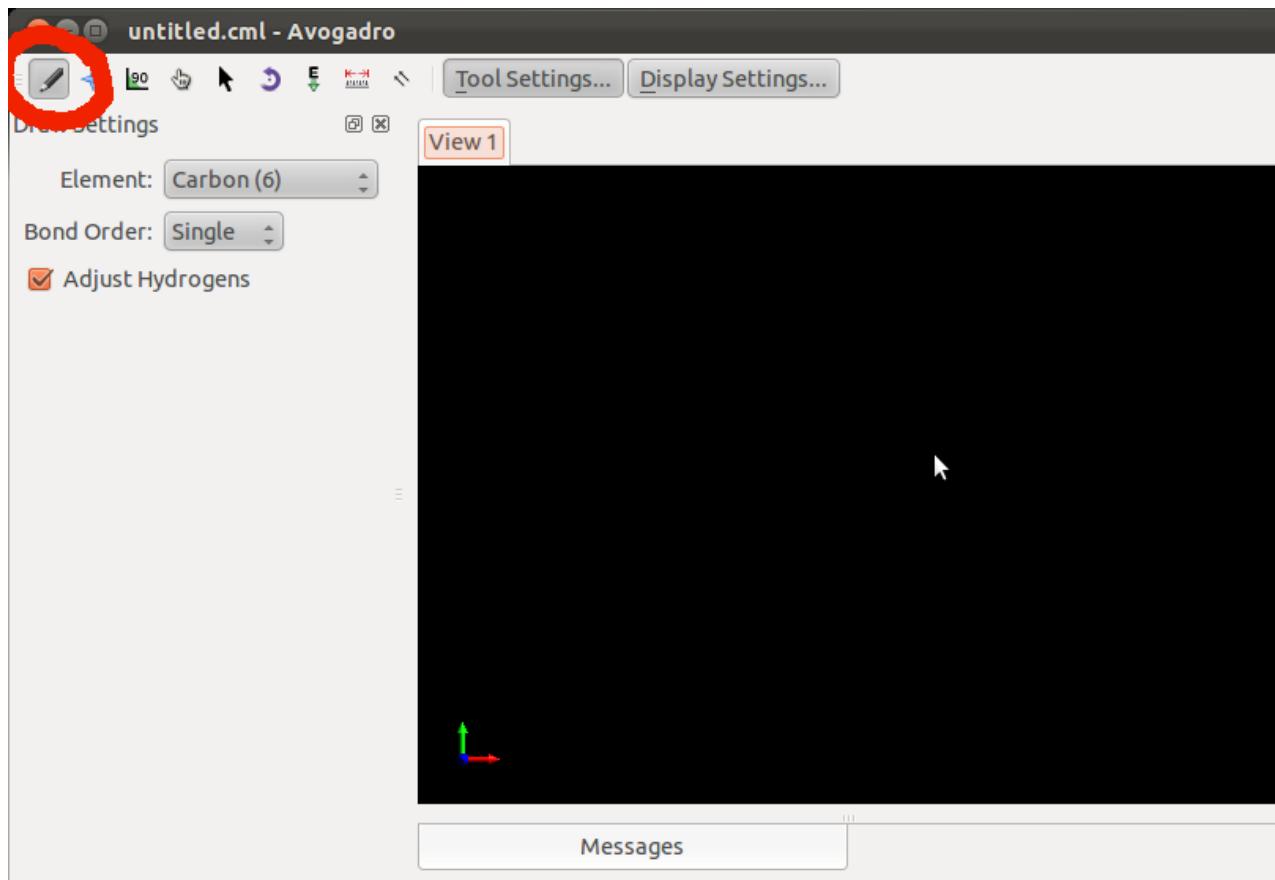


Spuštění terminálu

\$ avogadro

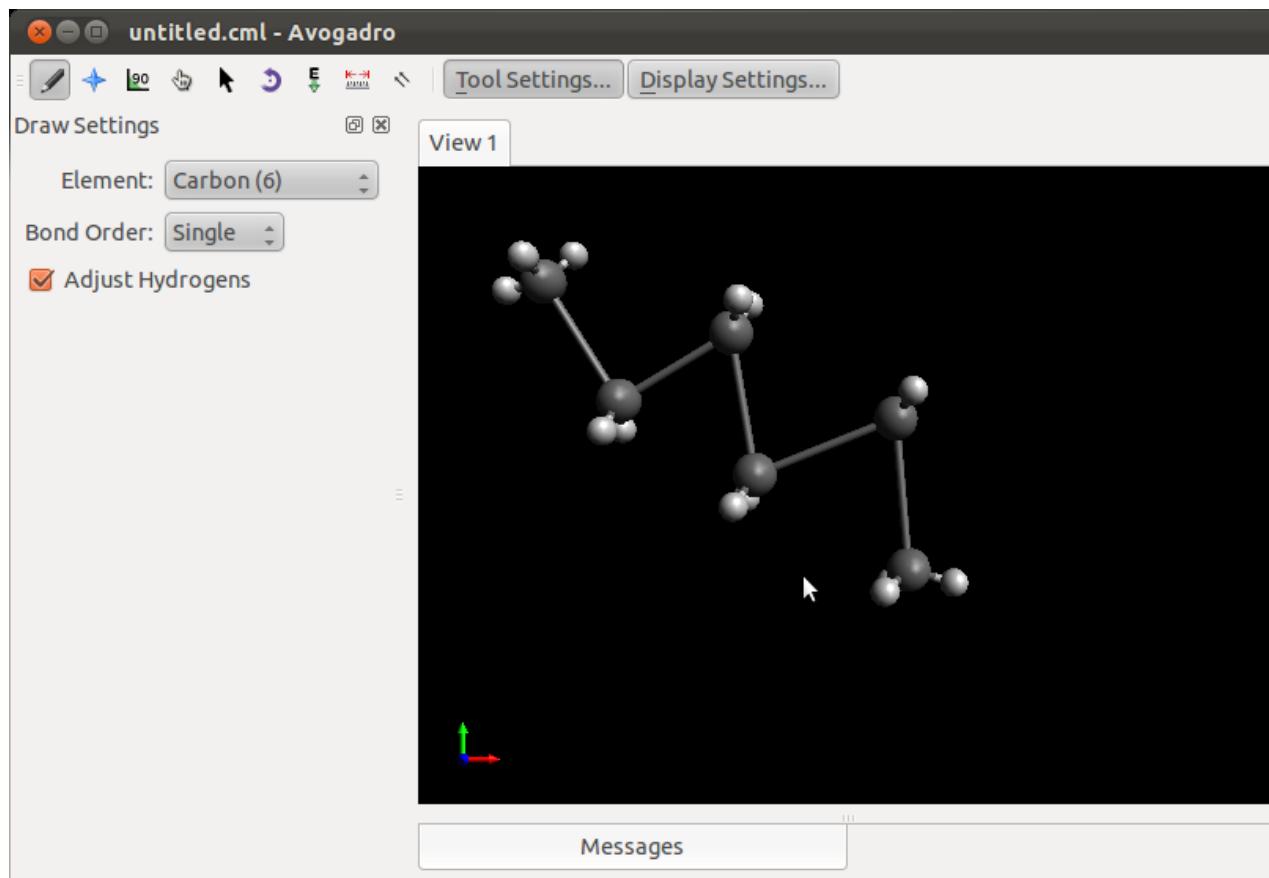
# Stavba modelu

Ke stavbě 3D modelu reaktantu a produktu můžete použít program **Avogadro**. Jedná se o volně šířitelný program, který lze používat jak pod operačním systémem MS Windows tak i pod Linuxovými klony (např. Ubuntu).



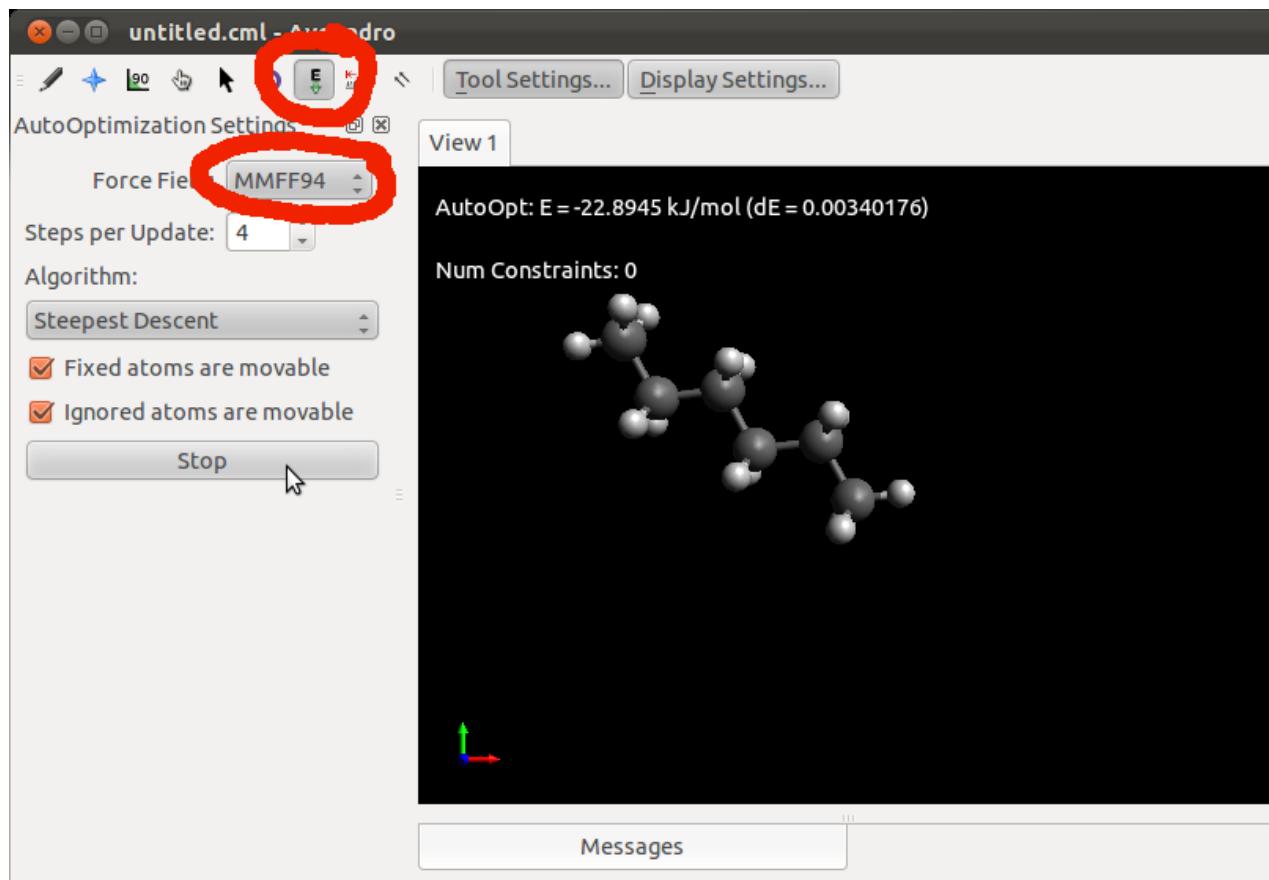
# Draft modelu

Při stavbě molekuly nejsou délky vazeb, úhly a další parametry molekuly optimální. Je to dáno způsobem, jakým se v programu Avogadro, struktury editují. Draft modelu je proto nutné před dalším použitím upravit pomocí optimalizace geometrie.



# Optimalizace modelu

Program používá pro optimalizaci geometrie metody molekulové mechaniky (MM). Pro její správnou funkci musíte ve struktuře správně uvést řády vazeb. Protože MM je empirickou metodou, musíte zvolit i typ parametrizace. V našem případě budeme používat silové pole MMFF94.



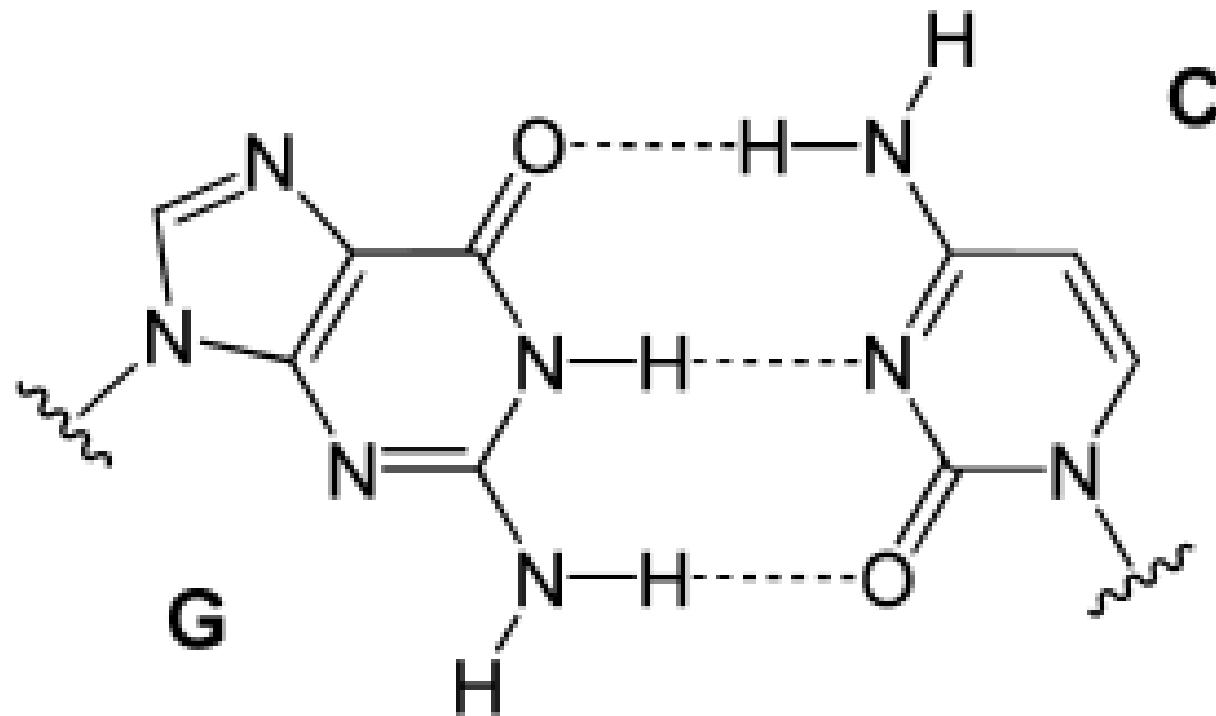
# Úkol 0

1. Postupně vytvořte modely následujících molekul:

- methan
- ethan, ethen, ethyn
- benzen
- adamantan
- kyselina benzoová
- trinitrotoluen
- kyselina salicylová

# Úkol I

1. V programu Avogadro vytvořte model komplementárního párování bází G (guanin) a C (cytosin), podle níže uvedeného schématu. K saturaci volných valencí použijte atom vodíku. K optimalizaci geometrie použijte silové pole MMFF94.



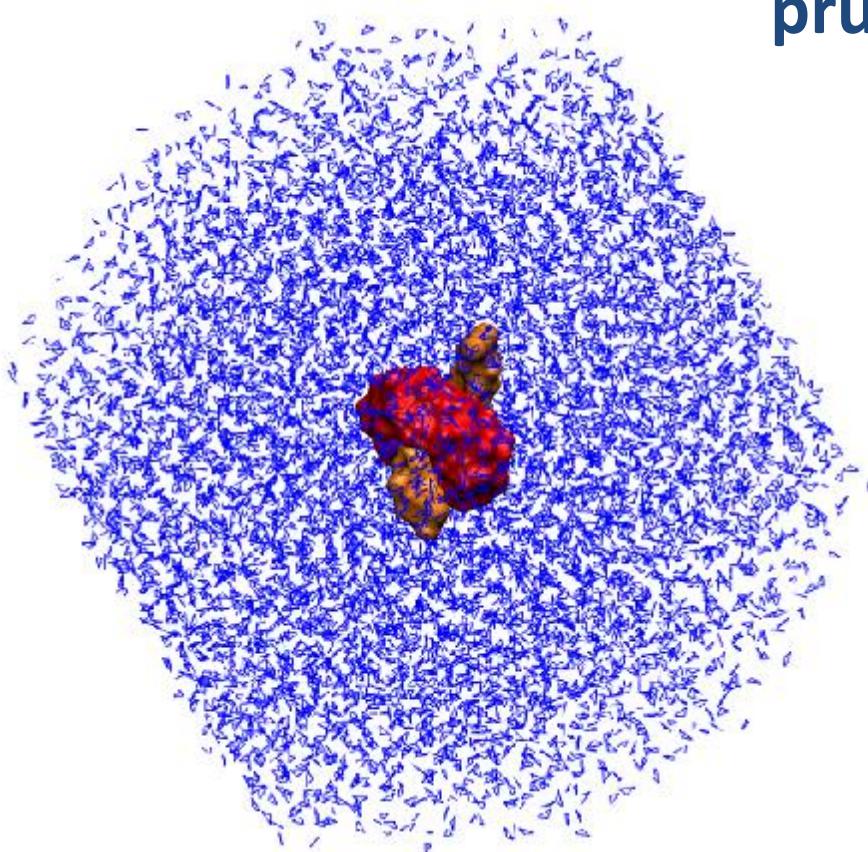
[https://en.wikipedia.org/wiki/Base\\_pair](https://en.wikipedia.org/wiki/Base_pair)

# Vizualizace molekulárně dynamických simulací

Program VMD

# Úkol II

průběh molekulárně dynamické  
simulace molekulárního  
přepínače



# Zobrazení simulace



Spuštění terminálu

\$ ~kulhanek/start-vmd-3

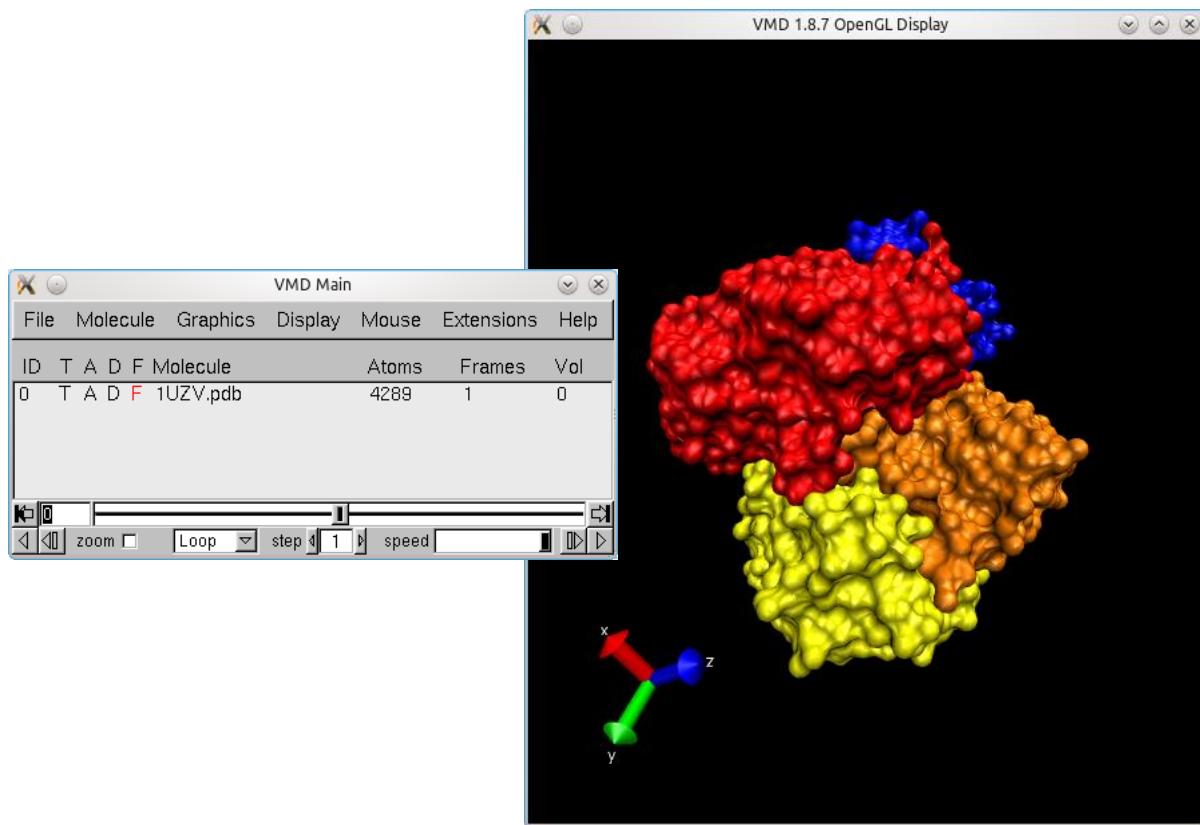
# Program VMD

<http://www.ks.uiuc.edu/Research/vmd/>

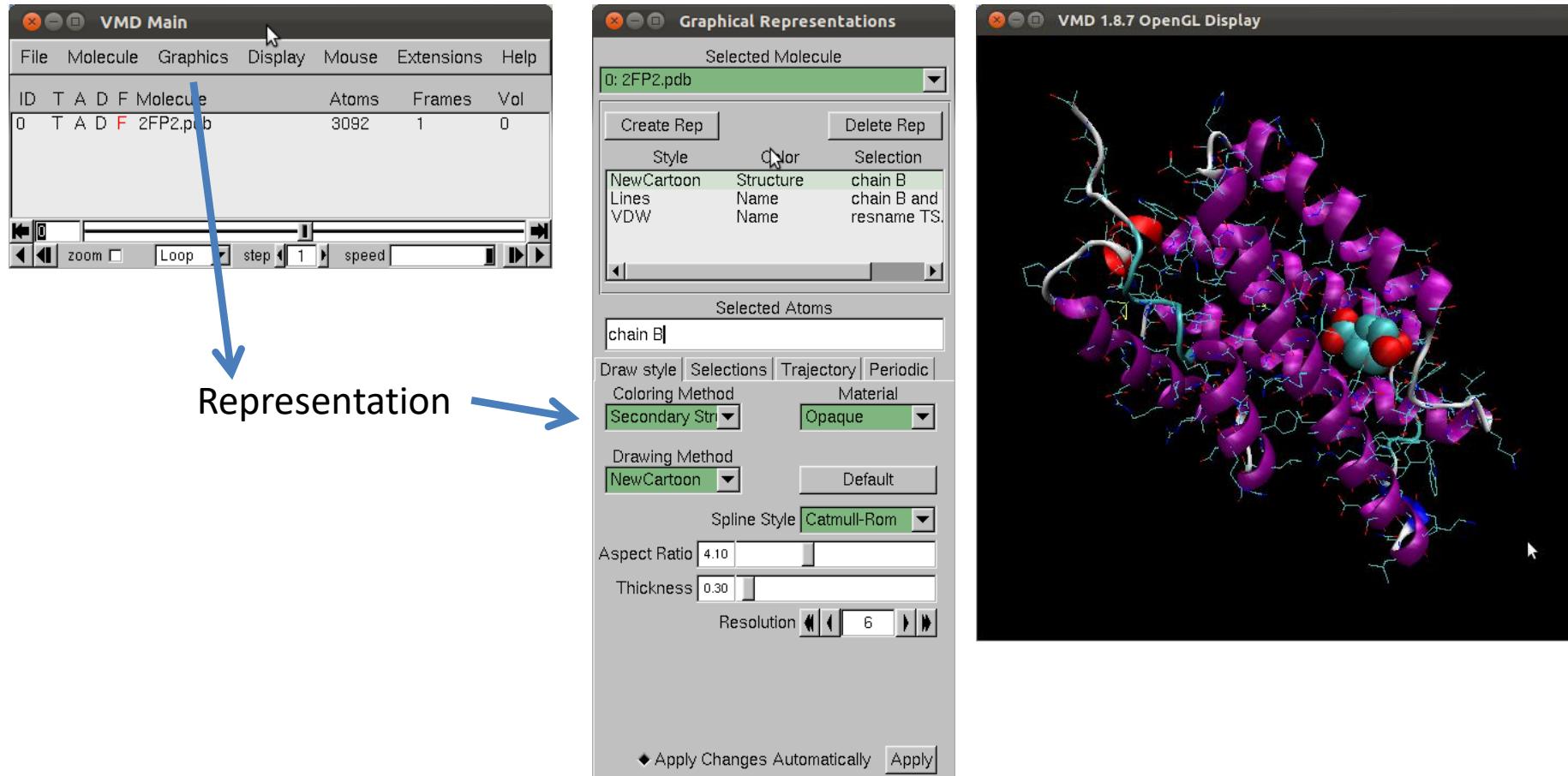
Program slouží k vizualizaci (bio)molekul a k analýze výsledků molekulárně dynamických simulací. Program je volně dostupný (vyžaduje registraci) a je dostupný i pro operační systém MS Windows.

## Spuštění programu:

```
$ module add vmd  
$ vmd
```



# VMD

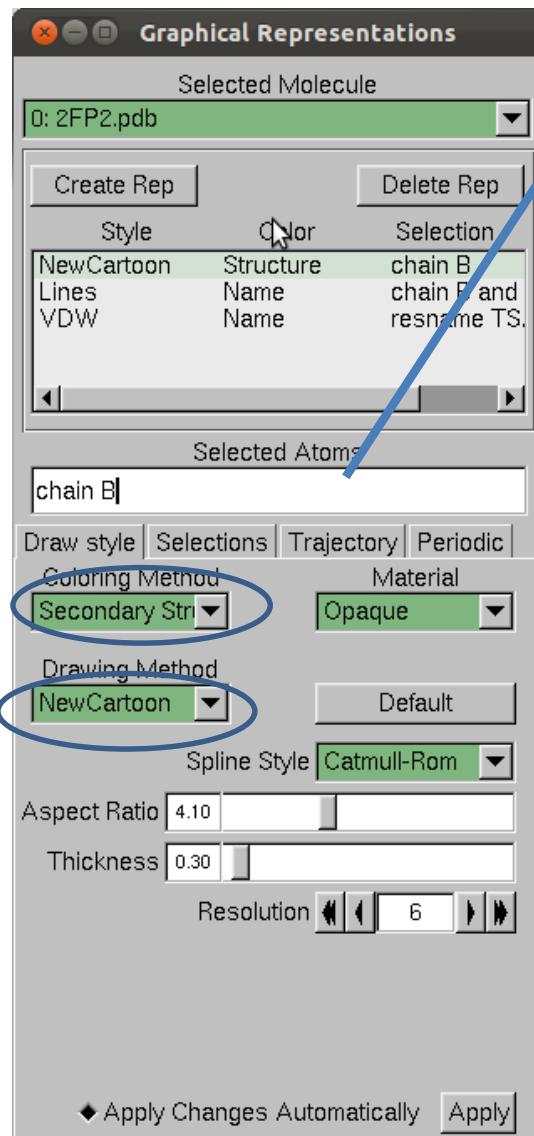


VMD

<http://www.ks.uiuc.edu/Research/vmd/>

Program pro vizualizaci molekul. Po bezplatné registraci dostupný pro MS Windows a Linux.

# Program VMD – změna modelů



## Selekce (volba, maska) části molekuly:

water

– zvolí všechny molekuly vody

resname X

– zvolí residuum s názvem X

resid X

– zvolí residuum s číslem X

not hydrogen

– nezobrazuj atomy vodíků

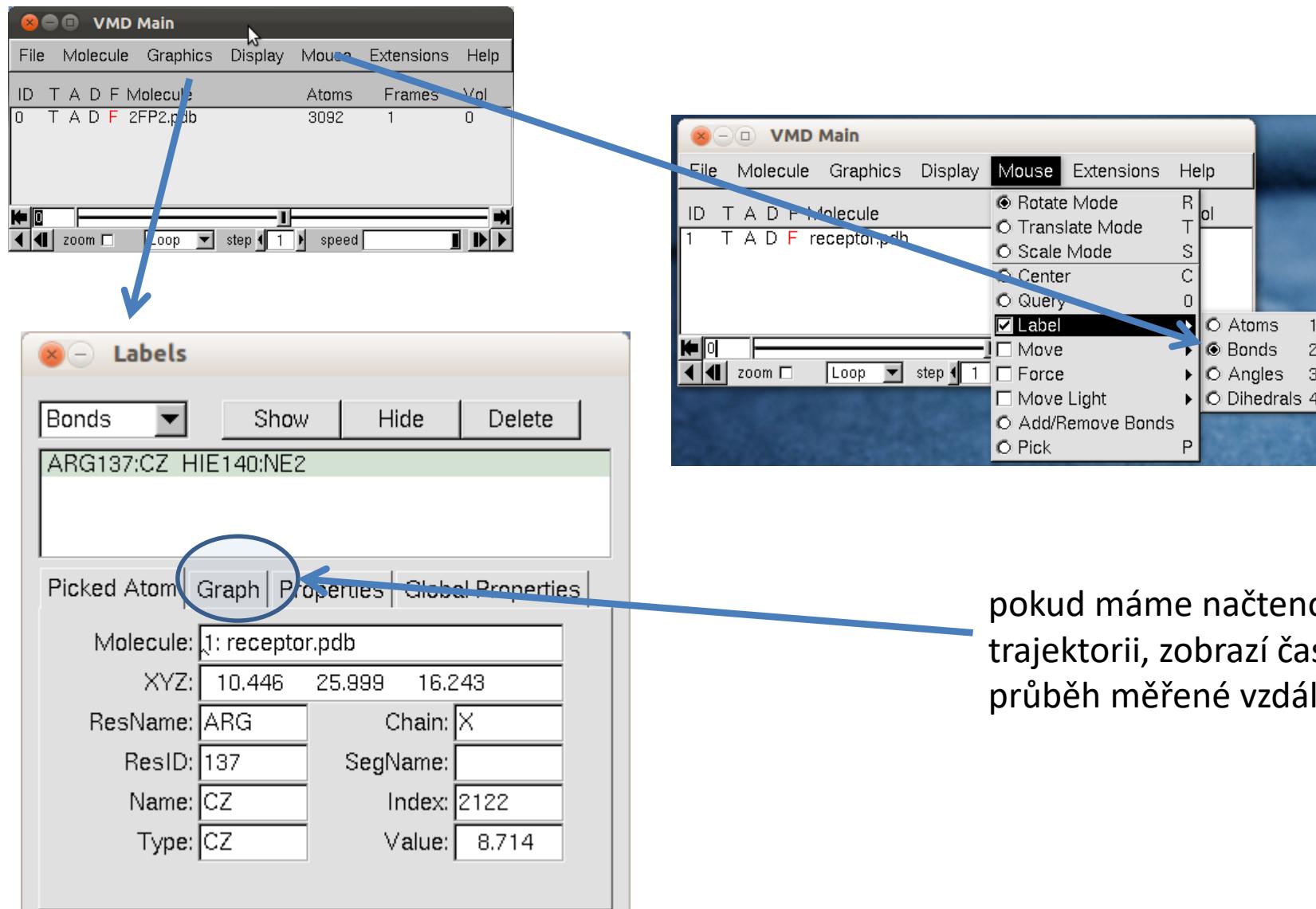
## Příklady:

resid 1 to 7

resid 8 9 10

residuum muže být aminokyselina, ligand, či část ligandu

# Program VMD – měření

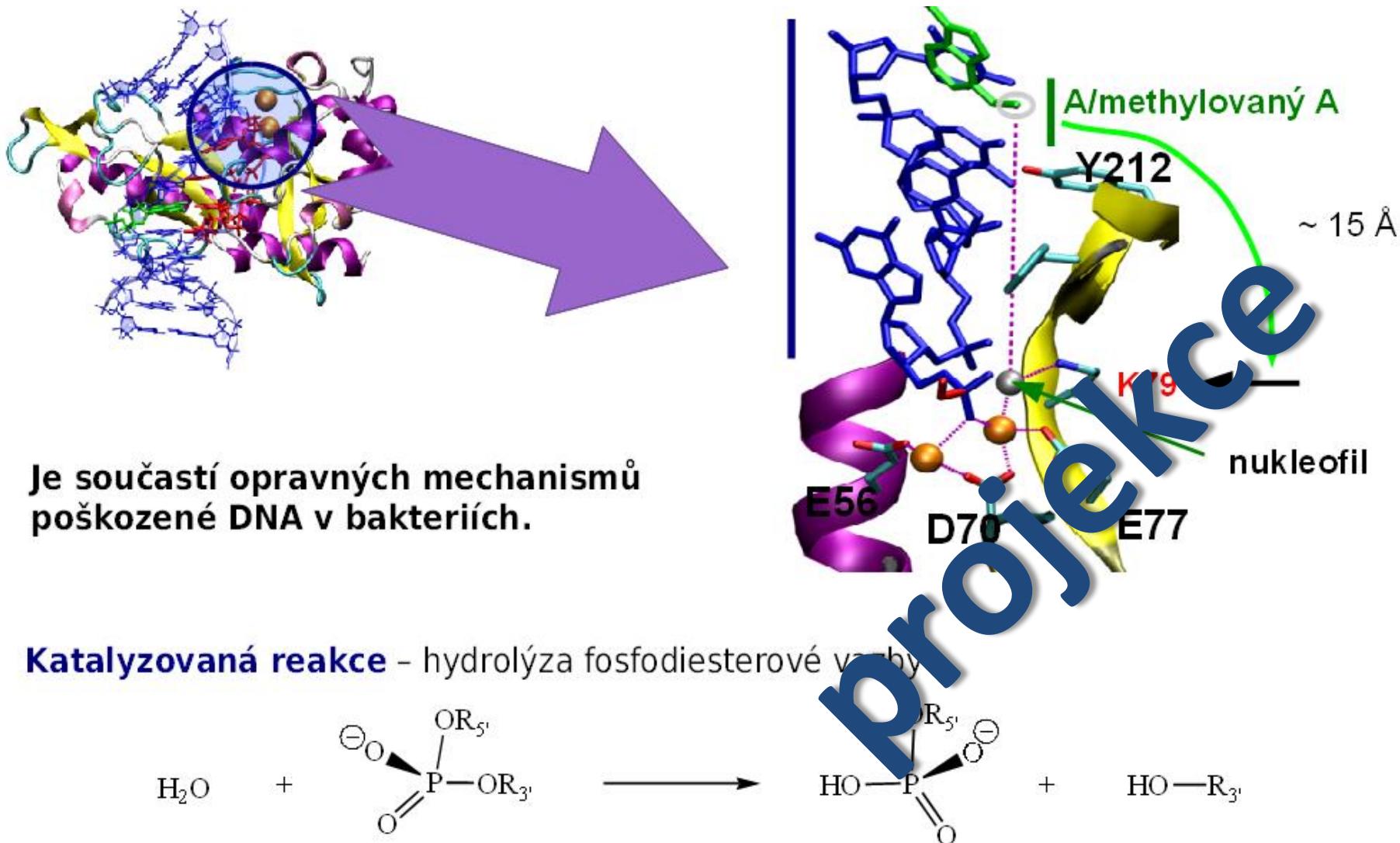


# Úkoly

- Kolik atomů obsahuje model?
- O jaký cucurbit[n]uril se jedná?
- Co se děje s molekulami vody na rozhranní simulačního boxu?
- Jaké funkční skupiny obsahuje osička?
- Jaký je celkový náboj osičky?

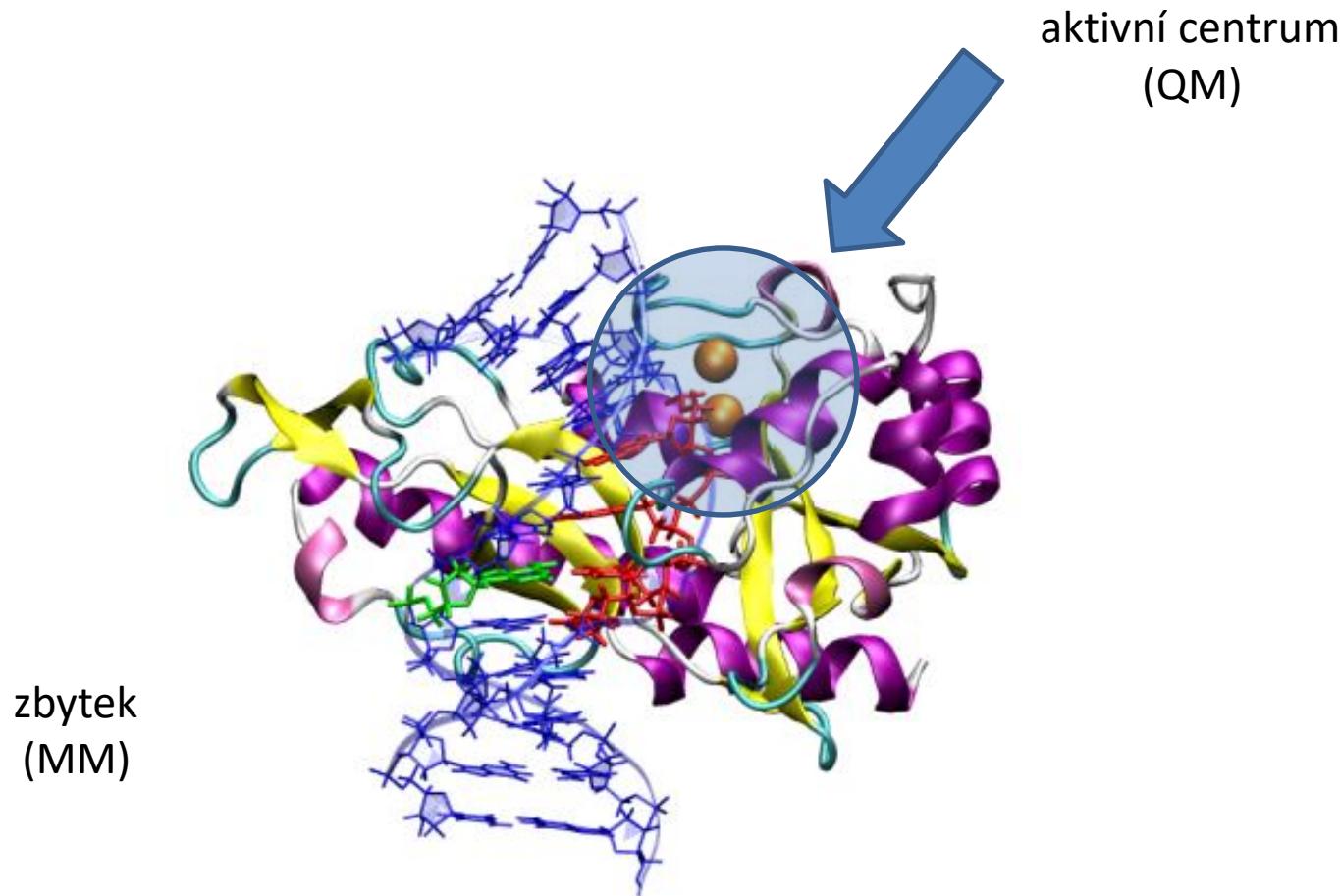
## Simulace enzymatické reakce

# Endonukleáza MutH



# Endonukleáza MutH

Hybridní QM/MM přístup



# Zobrazení simulace



Spuštění terminálu

\$ ~kulhanek/start-vmd-2

# Úkoly

- Lokalizujte aktivní místo enzymu. Jakou roli mají hořečnaté kationty?
- Jakou reakci enzym katalyzuje?
- Lokalizujte štěpenou molekulu DNA.
- Ve struktuře DNA nalezněte GC páry.
- Změřte vzdálenost atakujícího atomu kyslíku k atomu fosforu a zobrazte její časový vývoj.
- Co se stane s odstupující alkoxy skupinou?