# Química Computacional Taller 1

Gian Pietro Miscione y Sebastián Franco Ulloa

Módulo de Mecánica Molecular Marzo 20, 2017 QUIM-3516

Este taller tiene como objetivo esclarecer las nociones de cargas parciales, energía potencial interna, términos energéticos enlazantes y no-enlazantes, y coordenadas internas. Además se espera que el estudiante se familiarice y adquiera cierta agilidad con Maestro, la interfaz gráfica de Schrödinger, a partir de la cual se pueden visualizar y modificar moléculas al igual que ejecutar o preparar cálculos de interés. Más aun, el estudiante identificará cambios en la energía de un sistema a medida que se alteran las coordenadas de los átomos del sistema.

## 1 Importación y visualización de moléculas en Maestro

- Descargue del repositiorio del curso el archivo aspirina.mol2.
- Abra una ventana en la terminal (Ctrl + Alt + T) y abra el archivo descargado con su editor de texto de preferencia (e.g.  $gedit \ aspirina.mol2$ ) ¿A qué corresponde cada columna de este archivo?
- Escriba Maestro desde la terminal para inicializar el susodicho programa.
- A través de  $File \rightarrow Import\ Structures$ , importe el archivo descargado.
- Identifique la carga total del sistema.
- El sistema en cuestión corresponde a la forma deprotonada de la aspirina pero nos interesa estudiar los sistemas protonado, metilado y etilado.
- Para protonar el sistema existen varias alternativas, una de ellas es dibujar manualmente la estructura
  de interés. Para esto abra la herramienta de dibujo bidimensional Edit → 2D Sketcher. A continuación
  protone el sistema en la posición de relevancia química y aumente en 1 la carga del oxígeno que sostenía
  la carga negativa. Por último oprima Save as New para que no sobreescriba la entrada desde la cual
  es partió.
- Para generar la estructura metilada usaremos otra técnica. Primero debe duplicar la estructura protonada (Click derecho → Duplicate → In Place). Oprima la tecla A para asegurarse que la selección esté
  en modo "átomo" y seleccione el protón que se agregó en el paso anterior. Ahora abra el 3D-Builder
  de Maestro (Edit → 3D Builder) y sustituya el átomo de hidrógeno por uno de carbono. Maestro
  saturará automaticamente este sustituyente.
- Para generar la estructura etilada duplique nuevamente la protonada, vuelva a seleccionar el protón y a abrir el 3D-Builder. Esta vez seleccione la opción las opciones Add Fragments → ... y seleccione ethyl.

#### 2 Modificación de coordenadas internas

- En muchos casos es necesario saber cómo cambiar las coordenadas internas de una molécula, para lo cual lo mejor es trabajar en un visualizador como Maestro.
- Por ahora trabajaremos en la estructura deprotonada de la aspirina.
- Presiona la tecla A para seleccionar únicamente átomos.
- ullet Para variar el largo de un enlace: Seleccione dos átomos enlazados o Click derecho o Adjust Distance.
- Para variar un ángulo: Seleccione 3 átomos  $\rightarrow$  Click derecho  $\rightarrow$  Adjust Angle.
- Para variar un ángulo dihedro: Seleccione 2 átomos  $\rightarrow$  Click derecho  $\rightarrow$  Rotate Dihedral.
- Otra forma de acceder a estos menus es abriendo el 3D-Builder y seleccionar la flecha a la derecha de la opción Move.

# 3 Cálculo de single-point energies

- Para calcular la energía potencial interna del sistema primero nos interesa llevar nuestros sistemas a un mínimo (no necesariamente globlal). Para esto seleccione todos los átomos del sistema protonado y seleccione *Minimize Selected Atoms*.
- ullet Para abrir el calculador de energía MM:  $Tasks \to Current\ Energy$ . Esta interfaz es una dependencia de MacroModel
- Seleccione None como modelo de solvente y mantenga una constante dieléctrica de 1.0.
- En la casilla *ECalc* seleccione la opción de *Complete*. No es necesario modificar las demás opciones para este cálculo en particular.
- Asigne un nombre al cálculo y seleccione Write.
- Se debieron generar 3 archivos: .com con los parámetros del cálculo, .mae con las estructuras y propiedades del sistema y .sbc con los grados de libertad del sistema.
- Lleve la carpeta con los tres archivos a su cuenta del cluster (use *scp* o *rsync*).
- Ingrese al cluster con el comando ssh y sus credenciales.
- Sitúese en el directorio que contiene con los 3 archivos que se generaron
- Ejecute el comando \$SCHRODINGER/macromodel XXX.com.
  - Si se quisiera correr el cálculo en una cola (como normalmente se debe hacer) se debe agregar la opción -HOST seguido del nombre de la cola
- El cálculo no debe tardar más de un minuto y debe generar 3 archivos .log con la información de cómo corrió el cálculo, .maegz con la estructura (coordenadas y conectividad) de la geometría final (en este caso la misma inicial) y .mmo en el cual entraremos en más detalle.
- Lleve los 3 archivos finales a la máquina de trabajo y abra el archivo .maegz.
- En la esquina superior derecha seleccione el símbolo # para abrir la tabla del proyectó. Ahí encontrará todas las propiedades del sistema. Ahí encontrará la columna Potential Energy-OPLS-2005 la cual contiene la energía potencial interna de la molécula en kJ/mol.
- Haga lo mismo para el caso metilado y etilado

## 4 Descomposición de energía interna

- El archivo .mmo que se generó en el punto anterior contiene todas las contribuciones energéticas de cada uno de los términos del campo de fuerza para el sistema en estudio.
- Este archivo es particularmente útil si se desea identificar cuales coordenadas internas son las que mayor influencia tienen sobre la energía actual del sistema.
- El archivo .mmo es un archivo de texto que se puede abrir con editores como vim, nano o gedit
- Abra en su editor favorito este archivo e identifique las diferentes secciones en las que se divide:
  - Todos los enlaces de la molécula con sus constantes de fuerza, largos ideales y contribución a la energía total.
  - Todos los ángulos de la molécula con sus constantes de fuerza, valores ideales y contribución a la energía total.
  - Todos los ángulos de torsiones propias e impropias de la molécula con sus barreras y contribución a la energía total.
  - Todas las interacciones no-enlazantes con sus respectivos parámetros y contribución a la energía total.
  - La energía total del sistema y sumas de cada una de las contribuciones anteriores por separado
  - Las funciones que se incorporaron para el cálculo de energía.
  - Coordenadas, cargas parciales y carga total del sistema.