

Статистические характеристики гидратных оболочек белков.
Компьютерное моделирование.
И.О.Ф.

Аннотация.

Молекулы воды и сетка водородных связей являются необходимым структурным компонентом во многих биологических макромолекулярных системах, например, таких как нуклеиновые кислоты, фибриллярные и глобулярные белки. Известно, что плотность воды в гидратных оболочках белка отличается от плотности объёмной воды [1]. В данной работе мы рассматривали плотность как пространственную функцию удаления от белка. В ходе исследования были найдены характеристические особенности полученной функции плотности, а также дано объяснение указанным особенностям.

Ключевые слова: гидратная оболочка белков, молекулярная динамика, плотность

1. Введение. Характеристики физических свойств поверхностей “белок - растворитель” являются существенными для понимания структуры и фолдинга белков. Биологические молекулы растворены в воде, и взаимодействие с белками, аминокислотами и мембранами формирует их структуру и свойства [2].

В отсутствие окружающего водного слоя белки практически неподвижны и ферментативная активность пренебрежимо мала. В работах по дегидратации белков показано, что белок должен быть окружён по крайней мере первой гидратной оболочкой для поддержания своей функциональности [3].

Молекулы воды в растворе белков можно разделить на 3 группы:

- сильно и специфически связанная молекулы воды внутри белка (молекулы воды составляют элемент структуры)
- молекулы воды, взаимодействующие с поверхностью белка
- объёмная вода

Сильно связанные молекулы воды занимают внутренние полости белка и могут быть определены методами кристаллографии. Поверхностные молекулы воды, образующие гидратную оболочку, подвижнее сильно связанных молекул, их водородные связи искажены, именно этот тип молекул исследуется в данной работе.

Свойства слоя воды регулируются дипольным моментом, поляризацией и способностью каждой молекулы образовывать водородные связи. Водные молекулы взаимодействуют с макромолекулами на малых расстояниях ($\sim \text{\AA}$).

В экспериментальной работе [4] с помощью рентгеновского и нейтронного рассеяния установлено, что на поверхности белка плотность воды значительно выше плотности объёмной воды. Также в ряде численных работ по моделированию установлено, что плотность слоя толщины $N \text{\AA}$ на 15

Показано, что различия в плотности первой гидратной оболочки по сравнению с объёмной водой определяются топологическими и электростатическими свойствами поверхностей белков [3]. В среднем, более плотная

вода находится в сжатом состоянии, при котором водные диполи стремятся выровняться параллельно друг другу электростатическим полем, генерируемым атомами белка.

Характеристики гидратации белков существенны для понимания их структуры и функций. Эти характеристики требуют выяснения взаимного влияния атомов белка и молекул воды. Для термодинамического описания гидратации белка – необходимо получить более глобальную картину, в которой растворитель описан в терминах вероятностных распределений. Известный метод для получения радиальных функций распределения в этом направлении – это молекулярное моделирование.

Внутренние параметры поверхностной воды значительно отличаются от объёмной. В работе [1] было с помощью комбинированного малоуглового рассеяния показано, что для различных белков средняя плотность первого гидратного слоя (0–3 Å от поверхности белка) выше плотности объёмной воды. Существуют работы, в которых данный факт подтверждается численными экспериментами (с помощью метода молекулярной динамики), а также методами кристаллографии.

В работе [6] объясняется физические причины этого эффекта с помощью численных экспериментов. Традиционно гидратация белка обсуждается в терминах гидрофобности/гидрофильности поверхностных групп. Но в работе [7] указывается, что здесь имеет место изменения в поверхностной топологии. Изменение топологии сетки водородных связей, а так же электростатическое поле, генерируемое атомами белка, определяют повышенную плотность гидратной оболочки. Наиболее интересными для нас являются: функция распределения плотности и плотности электрического заряда в гидратных оболочках различных белков, а также сравнение полученных функций с аналогичными для объёмной воды.

2. Проведение компьютерных экспериментов. В данной работе проводилось изучение структур:

- 1CAG.pdb – тройная спираль коллагена, определённая с разрешением 1.9 Å
- 1UBQ.pdb – белок убиквитин, определённый с разрешением 1.8 Å
- water ball - шарообразное скопление молекул воды (3186 молекул), данная структура является аналогом объёмной воды

Для создания структуры water ball и гидратных оболочек белков была использована программа SOLVATE [10].

После растворения изучаемых белков в воде необходимо привести систему в ненапряжённое состояние, сократить возможные влияния энергетически неоптимального расположения структуры “белок-растворитель”. Для наших целей подходит такая последовательность процессов:

1. минимизация потенциальной энергии структуры
2. дальнейшая молекулярная динамика при невысоких (приближенных к нормальным условиям, но с сохранением целостности структуры) температурах
3. для наших целей необходимо было взять несколько структур и сравнить их характеристики. Это необходимо для понимания: какие из

особенностей статистических характеристик являются значимыми и воспроизводимыми, и какие – артефактами

Одной из основных причин появления артефактов является достижение в процессе минимизации методом градиентного спуска (применяемого в нашей работе) точки локального минимума MIN_1 (рис. *, точка А), но не точки глобального минимума MIN_{ABS} . Таким образом, в случае $|MIN_1 - MIN_{ABS}| \gg \epsilon$ (существенного различия локального и глобального минимумов) после минимизации система будет напряжена (обладать существенным запасом потенциальной энергии), и последующая молекулярная динамика при различных начальных условиях будет приводить к различным статистическим характеристикам системы. Для уменьшения влияния этого факта необходимо чередовать минимизацию для преодоления барьера АВ (рис. *).

Список литературы

- [1] D. I. Svergun, S. Richard, M. H. J. Koch, Z. Sayers, S. Kuprin, and G. Zaccai. Protein hydration in solution: Experimental observation by x-ray and neutron scattering // Proc. Natl. Acad. Sci. 1998. Т. 95. № 5. С. 2267–2272.
- [2] Kauzmann W. Some factors in the interpretation of protein denaturation. // Adv. Protein Chem. 1959. Т. 14. С. 1–63.
- [3] Mattos C. Proteins in organic solvents // Curr. Opin. Struct. Biol. 2001. Т. 11. № 6. С. 761–764.
- [4] Burling F.T. и др. Direct Observation of Protein Solvation and Discrete Disorder with Experimental Crystallographic Phases // Science (80-). 1996. Т. 271. № 5245. С. 72–77.
- [5] Lee S.H., Rossky P.J. A comparison of the structure and dynamics of liquid water at hydrophobic and hydrophilic surfaces—a molecular dynamics simulation study // J. Chem. Phys. 1994. Т. 100. № 4. С. 3334.
- [6] Levitt M., Sharon R. Accurate simulation of protein dynamics in solution. // Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A. 1988. Т. 85. № 20. С. 7557–61.
- [7] Cheng Y.K., Sheu W.S., Rossky P.J. Hydrophobic hydration of amphipathic peptides. // Biophys. J. 1999. Т. 76. № 4. С. 1734–43.
- [8] RCSB Protein Data Bank - RCSB PDB - 1CAG Structure Summary [Электронный ресурс]. URL: <http://www.rcsb.org/pdb/explore.do?structureId=1CAG>
- [9] RCSB Protein Data Bank - RCSB PDB - 1UBQ Structure Summary [Электронный ресурс]. URL: <http://www.rcsb.org/pdb/explore/explore.do?structureId=1UBQ>
- [10] Max Planck Institute for Biophysical Chemistry | Research | Research Groups | Theoretical and Computational Biophysics | Research | Methods | Solvate [Электронный ресурс]. URL: <http://www.mpibpc.mpg.de/grubmueller/solvate>