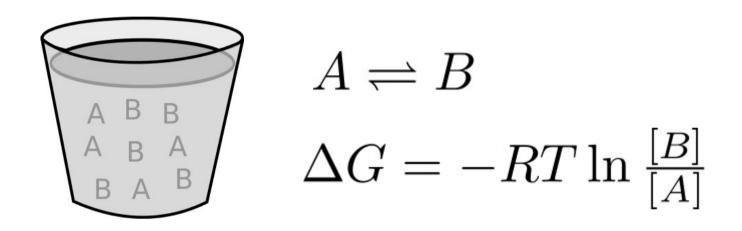
Introducción a Cálculos de Energía Libre



Que es la diferencia de energía libre?

- Origen: Trabajo máximo que puede ser obtenido de un proceso.
- Medida de estabilidad termodinámica: $\Delta G = -RT \ln K_{
 m eq}$

$$A \rightleftharpoons B \qquad \Delta G = -RT \ln \frac{[B]}{[A]}$$

$$\begin{array}{c|c}
\hline
 & B & B \\
\hline
 & A & B & A \\
\hline
 & B & A & B
\end{array}$$

$$\begin{array}{c}
 & B \\
\hline
 & A & B & A \\
\hline
 & B & A & B
\end{array}$$

$$\begin{array}{c}
 & B \\
\hline
 & A & B
\end{array}$$

$$\begin{array}{c}
 & B \\
\hline
 & A & B
\end{array}$$

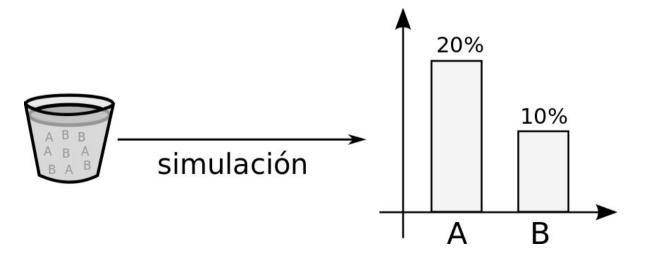
 $A \rightleftharpoons B$ - Medida de estabilidad termodinámica:

$$\frac{[B]}{[A]} = \frac{P_B}{P_A}$$

$$\begin{array}{c|c}
\hline
[B] \\
A & B & A
\end{array} \qquad \overline{AG} = -RT \ln \frac{[B]}{[A]} \text{ (por mol)}$$

Medidas de la probabilidad relativa de encontrar A o B en el sistema

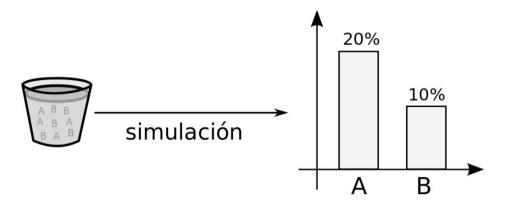
En equilibrio: Medidas de la estabilidad termodinámica relativa de A y B



$$\frac{P_B}{P_A} = 0,5$$

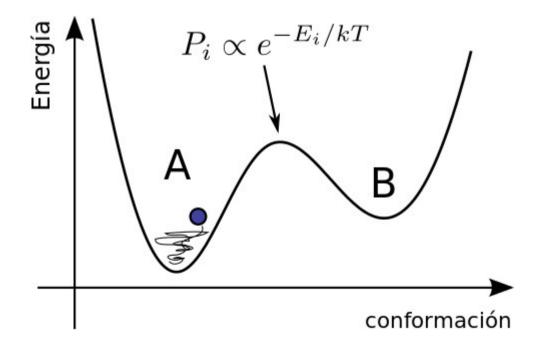
$$\Delta G = -RT \ln 0, 5$$

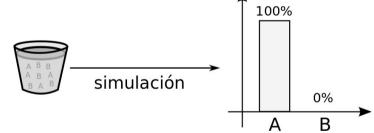
$$\frac{P_B}{P_A} = e^{-\Delta G/RT}$$



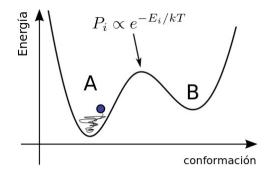
$$\frac{P_B}{P_A} = 0,5$$

$$\Delta G = -RT \ln 0,5$$





La estimativa de las probabilidades relativas está mal.



Como resolver este problema práctico?

- 1. Simular mucho más tiempo.
- 2. Usar artificios que modifican la simulación, pero que son "corregibles":

Conceptos:

- Integración termodinámica
- Perturbación termodinámica
- Muestro sesgado (Dinámica guiada, no-equilibrio, etc.)

Integración Termodinámica

Energía libre: Integración Termodinámica

Todo (conjunto completo)



$$P_A = \frac{\sum_{\text{micr.A}} e^{-E_A/kT}}{Q}$$
 $P_{\text{todo}} = 1 = \frac{Q}{Q}$

$$\Delta G = -kT \ln \frac{[B]}{[A]}$$

$$G(A) \equiv -kT \ln \frac{P_A}{P_{\text{todo}}} = -kT \ln P_A$$

Si
$$E = V + K$$
,

"Microestado" A

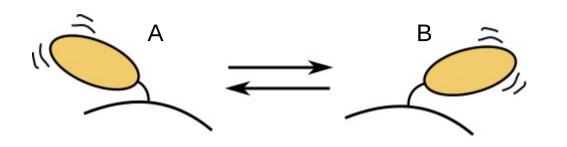
$$\sum_{\vec{x}} e^{-E/kT} = \sum_{\vec{x}} \sum_{\vec{v}} e^{-K/kT} e^{-V/kT} = f(T) \sum_{\vec{x}} e^{-V/kT}$$

$$G(A) = -kT \ln P_A = -kT \ln f(T) \sum_{\text{micr. A}} e^{-V_A/kT}$$

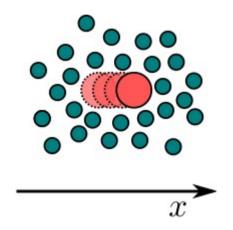
$$\Delta G = -kT \ln \frac{P_A}{P_B} = -kT \ln \frac{\sum_{\text{micr.}A} e^{-V_A/kT}}{\sum_{\text{micr.}B} e^{-V_B/kT}}$$

Si no hay variación de temperatura, lo que importa son las diferencias de energía **potencial**

Energía libre: Integración Termodinámica



$$\Delta G = -kT \ln \frac{[B]}{[A]} = -kT \ln \frac{P_B}{P_A}$$



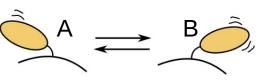
$$G(A) = -kT \ln P_A = -kT \ln f(T) \sum_{\text{micr.A}} e^{-U_A/kT}$$

$$G(x_1) = -kT \ln P(x_1) = -kT \ln \left(Q^{-1} f(T) \sum_{\text{micr.} x_1} e^{-V/kT} \right)$$

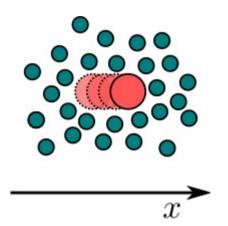
$$\left(\frac{\partial G}{\partial x_1}\right)_{x_1} = \frac{1}{\sum_{\text{micr.} x_1} e^{-V/kT}} \sum_{\text{micr.} x_1} e^{-V/kT} \frac{\partial V}{\partial x_1}$$

$$\left(\frac{\partial G}{\partial x_1}\right)_{x_1} = \frac{1}{\sum_{\text{micr.} x_1} e^{-V/kT}} \sum_{\text{micr.} x_1} e^{-V/kT} \frac{\partial V}{\partial x_1} = \sum_{\text{micr.} x_1} P(\text{micr.}) \frac{\partial V}{\partial x_1} = \left\langle \frac{\partial V}{\partial x_1} \right\rangle_{x_1}$$

Energía libre: Integración Termodinámica A



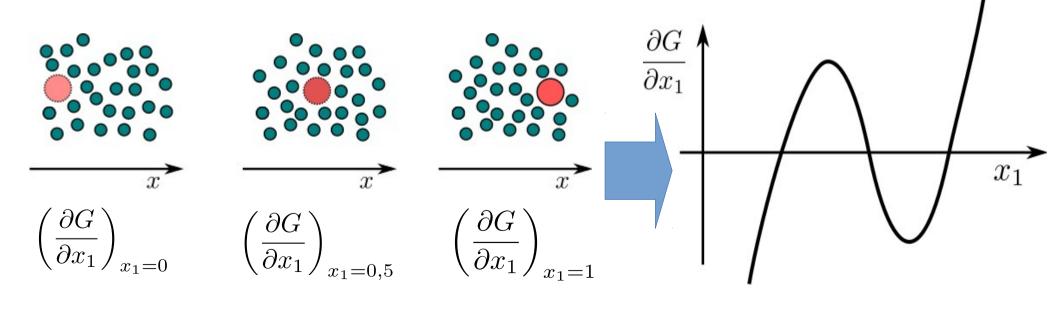
$$\Delta G = -kT \ln \frac{[B]}{[A]}$$



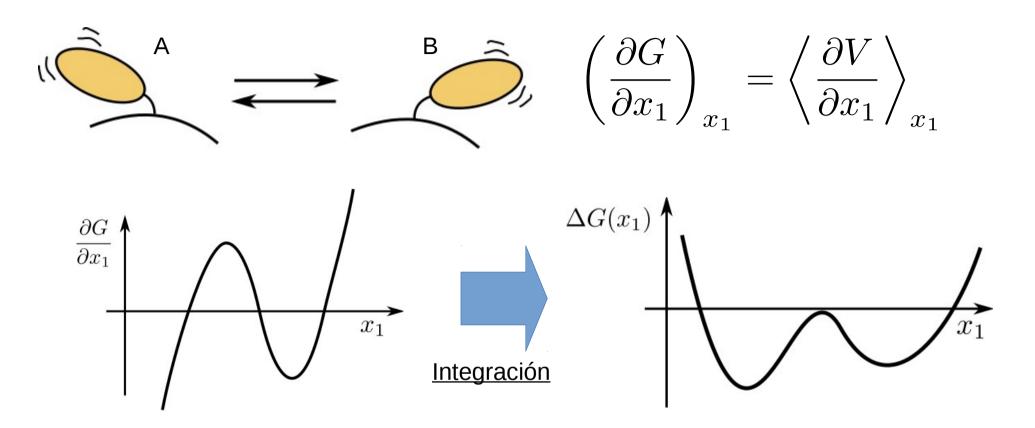
$$\left(\frac{\partial G}{\partial x_1}\right)_{x_1} = \left\langle \frac{\partial V}{\partial x_1} \right\rangle_{x_1} \qquad \text{osea, una simulación} \\ \cos x_1 \quad \text{fijo permite} \\ \cos x_1 \quad \text{fijo permite} \\ \cos x_1 \quad \text{calcular} \quad \frac{\partial G}{\partial x_1}$$

O sea, una simulación

Método: Múltiples simulaciones con valores (fijos) de la coordenada de reacción

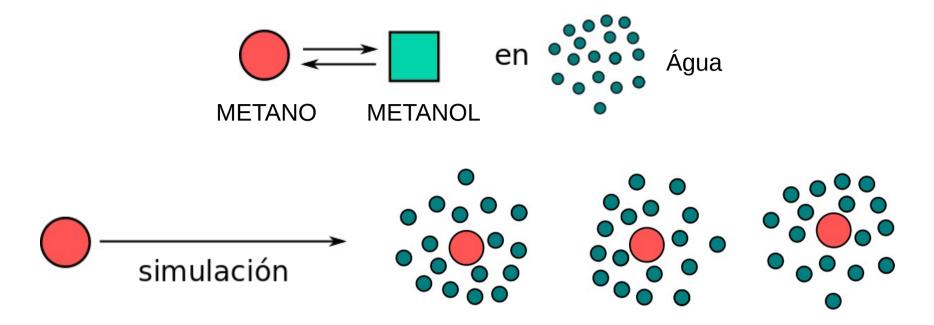


Energía libre: Integración Termodinámica



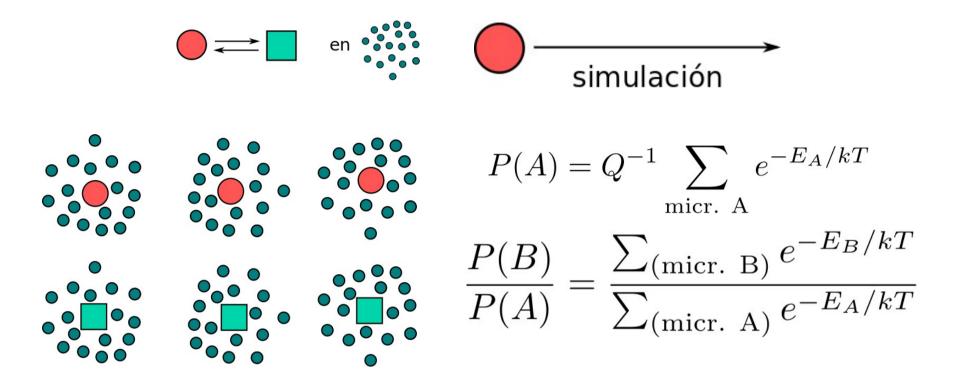
- Integración termodinámica: Realizar simulaciones con coordenada de reacción fija
 - Calcular la derivada de G
 - Integrar para obtener G

Perturbación Termodinámica



- Supongo que la simulación muestreo todas las conformaciones relevantes del solvente.
 - Si, en lugar de tuviera , las conformaciones del solvente serian las mismas...

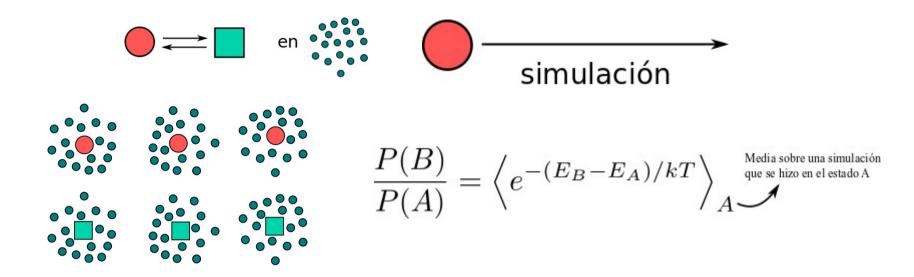
... con probabilidades distintas porque la energía cambió.



Si los microestados A y los microestados B son los mismos:

$$\frac{P(B)}{P(A)} = \frac{\sum e^{-E_B/kT} e^{+E_A/kT} e^{-E_A/kT}}{\sum e^{-E_A/kT}} \qquad \frac{P(B)}{P(A)} = \sum_{\text{(micr. A)}} e^{-(E_B-E_A)/kT} P_{iA}$$

$$\frac{P(B)}{P(A)} = \frac{\sum e^{-E_B/kT} e^{+E_A/kT} e^{-E_A/kT}}{\sum e^{-E_A/kT}} \qquad \frac{P(B)}{P(A)} = \left\langle e^{-(E_B-E_A)/kT} \right\rangle_A^{\text{Media sobre una simulación que se hizo en el estado A}}$$

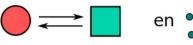


$$\Delta G = -kT \ln \frac{P(B)}{P(A)}$$

$$\Delta G = -kT \ln \left\langle e^{-\Delta E/kT} \right\rangle_A$$

- Simulación de A
- Mutación de A para B en cada configuración
- Computo de ΔE
- Media

Depende de que el conjunto de configuraciones sea parecido para A y B

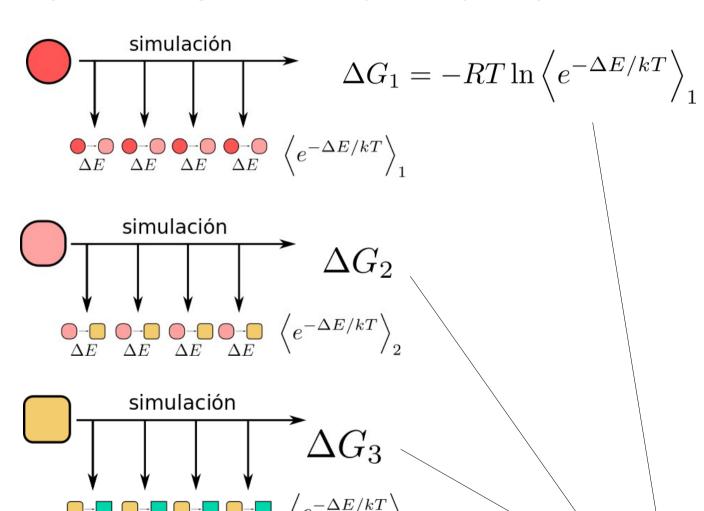


Multiples etapas:

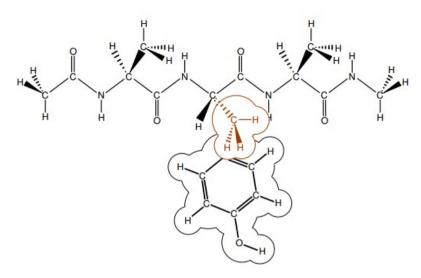


en
$$\Delta G = -RT \ln \left\langle e^{-\Delta E/kT} \right\rangle_A$$

Depende de que el conjunto de configuraciones sea parecido para A y B



$$\Delta G_{A = B} = \Delta G_1 + \Delta G_2 + \Delta G_3$$



Estructura "dupla" (topologia dupla)

$$\bigcirc \stackrel{1}{\rightleftharpoons} \bigcirc \stackrel{2}{\rightleftharpoons} \bigcirc \stackrel{3}{\rightleftharpoons} \boxed$$

Este proceso de transformación consiste en hacer con que una de las estructuras aparezca, y la otra desaparezca, gradualmente

$$V = \lambda V_2 + (1 - \lambda)V_1$$

$$\lambda = 0 \longrightarrow \lambda = 1$$
, con pasos $\delta \lambda$

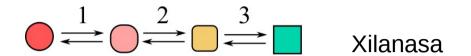
$$G(\lambda + \delta \lambda) - G(\lambda) = -kT \ln \left\langle e^{-\Delta V/kT} \right\rangle_{\lambda}$$

$$\Delta V = V(\lambda + \delta \lambda) - V(\lambda) =$$

$$= [(\lambda + \delta \lambda)V_2 + (1 - \lambda - \delta \lambda)V_1] - [\lambda V_2 + (1 - \lambda)V_1] =$$

$$= \delta \lambda (V_2 - V_1) = \delta \lambda \Delta V_{12}$$

$$\Delta G(\lambda) = -kT \ln \left\langle e^{-\delta \lambda \Delta V_{12}/kT} \right\rangle_{\lambda}$$

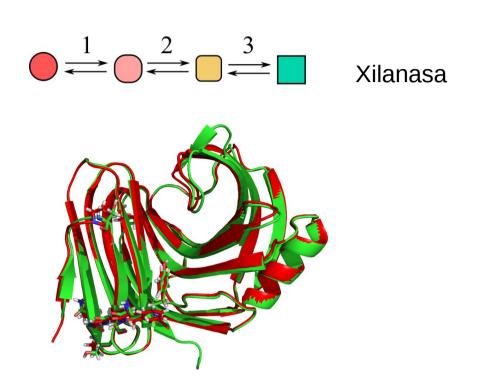


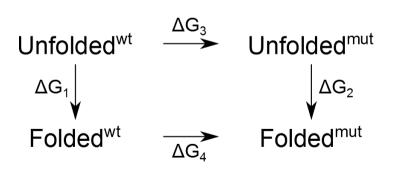
	2	2VUJ	2VUL	
	Aminoácido	Estrutura	Aminoácido	Estrutura
9	SERINA	OH OH OH OH OH OH	PROLINA	OH OH
13	TREONINA	OH CH ₃	FENILALANINA	OH OH
14	ASPARAGINA	OH_2 OH	HISTIDINA	OH NH
18	TIROSINA	OH OH	FENILALANINA	OH OH
34	GLUTAMINA	NH ₂ N	LEUCINA	CH ₃ H ₂ N CH ₃ OH O
35	SERINA	OH OH	AC. GLUTÂMICO	OH OH
71	SERINA	OH OH H₂N	TREONINA	CH ₃



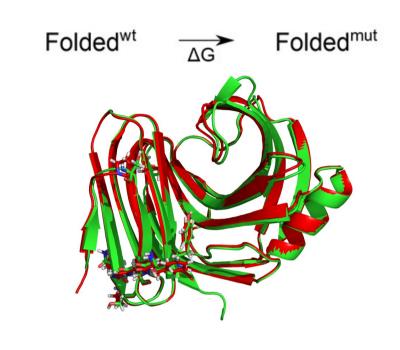
Mutaciones:

Aumento de 25°C en la estabilidad térmica.

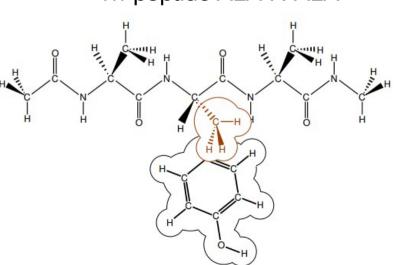


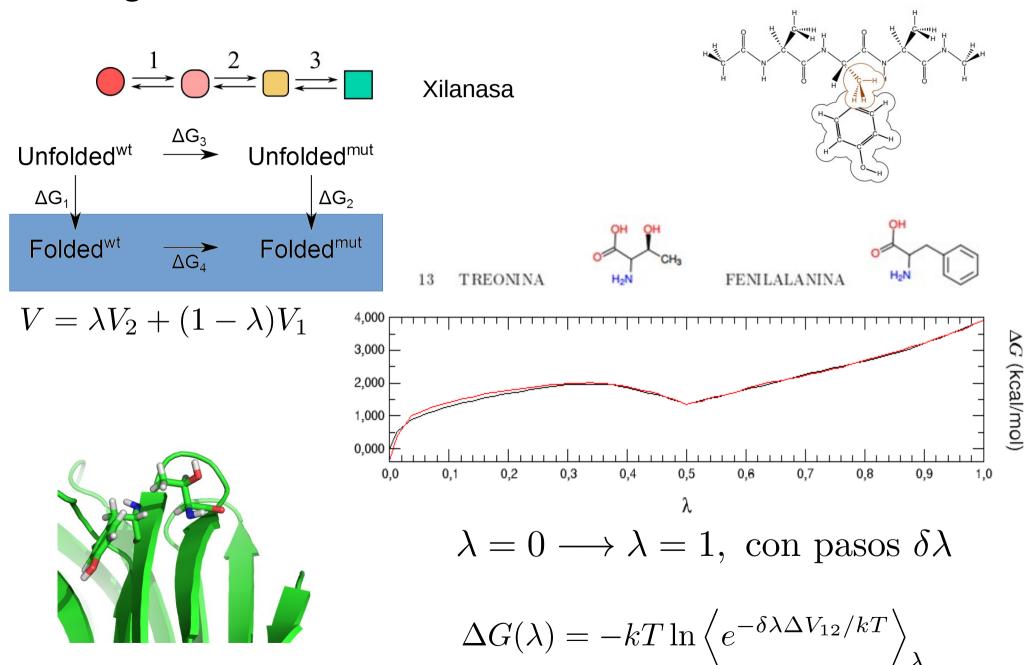


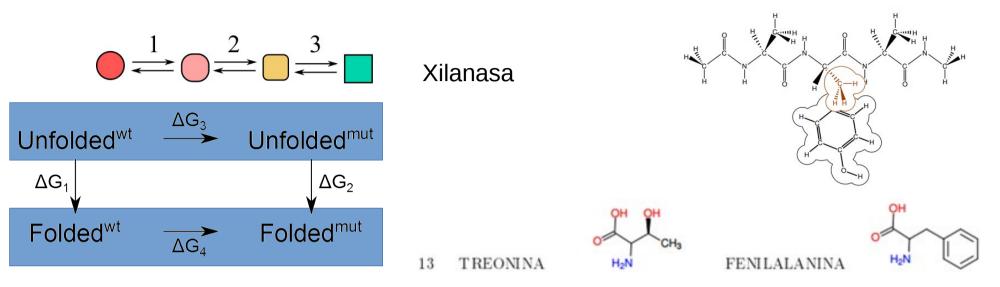
$$\Delta \Delta G = \Delta G_2 - \Delta G_1 = \Delta G_4 - \Delta G_3$$





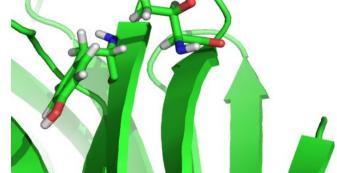






$$V = \lambda V_2 + (1 - \lambda)V_1$$

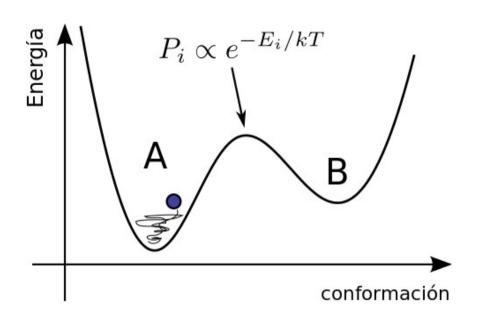
		T = 338K	T = 353K	T = 368K
Conformação	Simulação	$\Delta G_{m\acute{e}dio}(Kcal/mol)$	$\Delta G_{m\acute{e}dio}(Kcal/mol)$	$\Delta G_{m\acute{e}dio}(Kcal/mol)$
	1	3.39	2.22	3.03
Enovelada	2	2.89	3.21	2.89
	3	2.86	2.77	2.46
	1	4.38	4.29	4.31
Desenovelada	2	4.07	3.83	3.91
	2	4.38	3.96	4.33

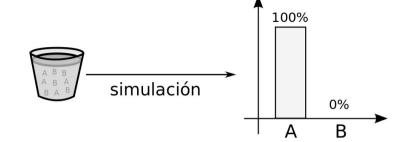


$$\Delta \Delta G = \Delta G_4 - \Delta G_3$$

Conclusión: La mutación estabiliza el estado plegado, de manera similar a cualquier temperatura. ~1 kcal/mol

Muestreo sesgado y variaciones





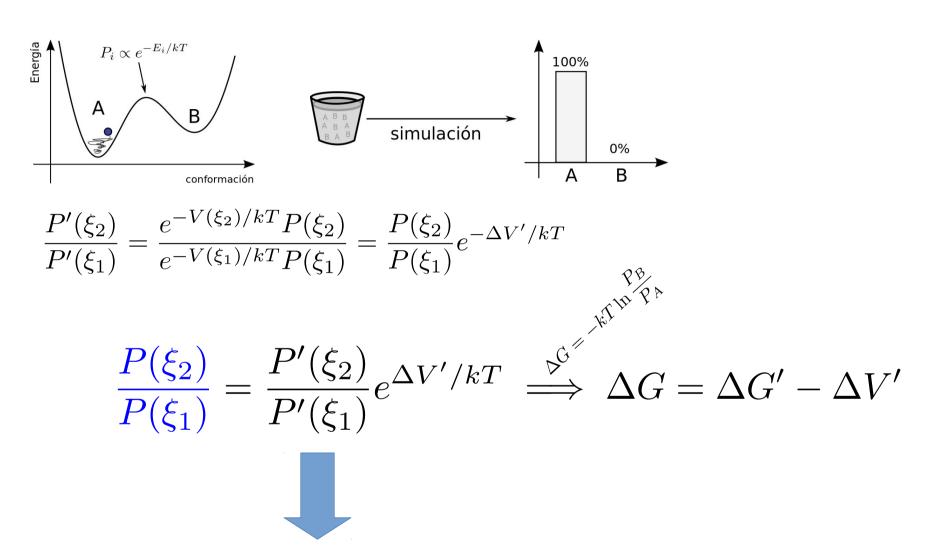
La estimativa de las probabilidades relativas está mal.

$$P(\xi) \propto \sum_{x \in \xi} e^{-V(x)/kT}$$

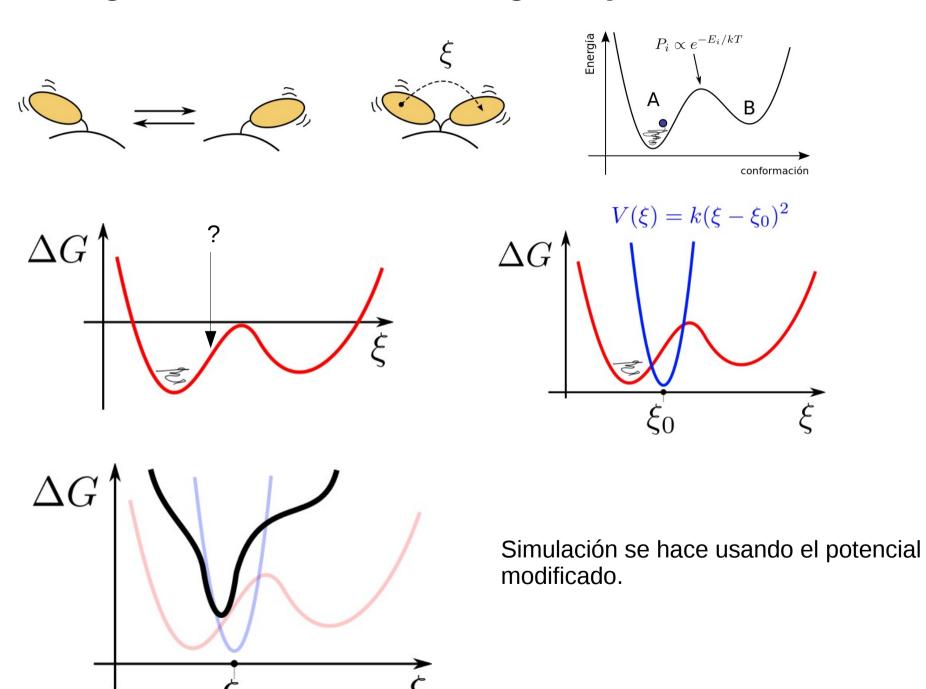
Si se agrega un potencial "externo" constante para todo $x \in \xi$: $\ V'[\xi(x)] \equiv V'(\xi)$

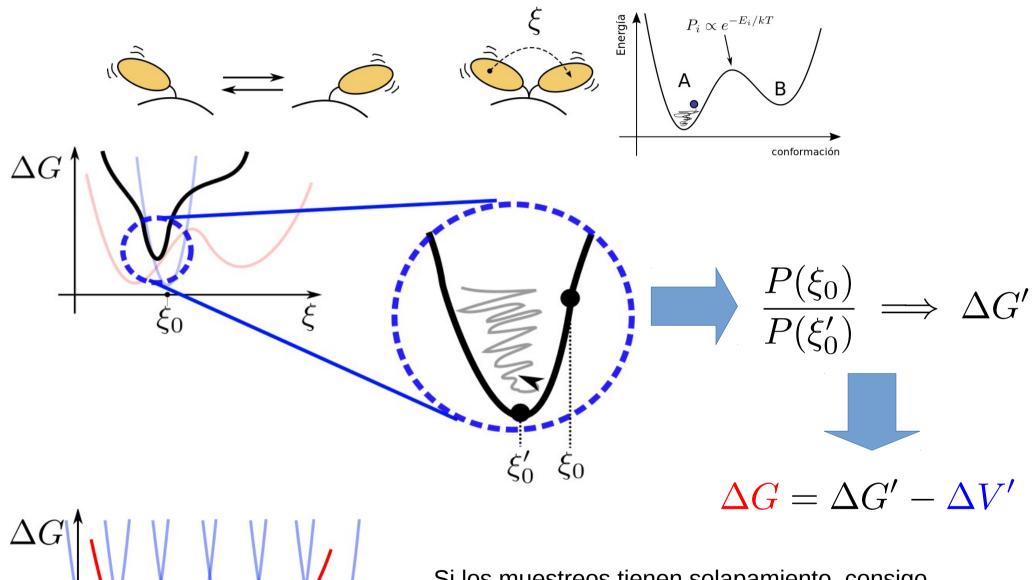
$$P'(\xi) \propto \sum_{x \in \xi} e^{-[V(x) + V'(\xi)]/kT} = e^{-V'(\xi)/kT} \sum_{x \in \xi} e^{-V(x)/kT} \propto e^{-V'(\xi)/kT} P(\xi)$$

$$\frac{P'(\xi_2)}{P'(\xi_1)} = \frac{e^{-V'(\xi_2)/kT}P(\xi_2)}{e^{-V'(\xi_1)/kT}P(\xi_1)} = \frac{P(\xi_2)}{P(\xi_1)}e^{-\Delta V'/kT}$$



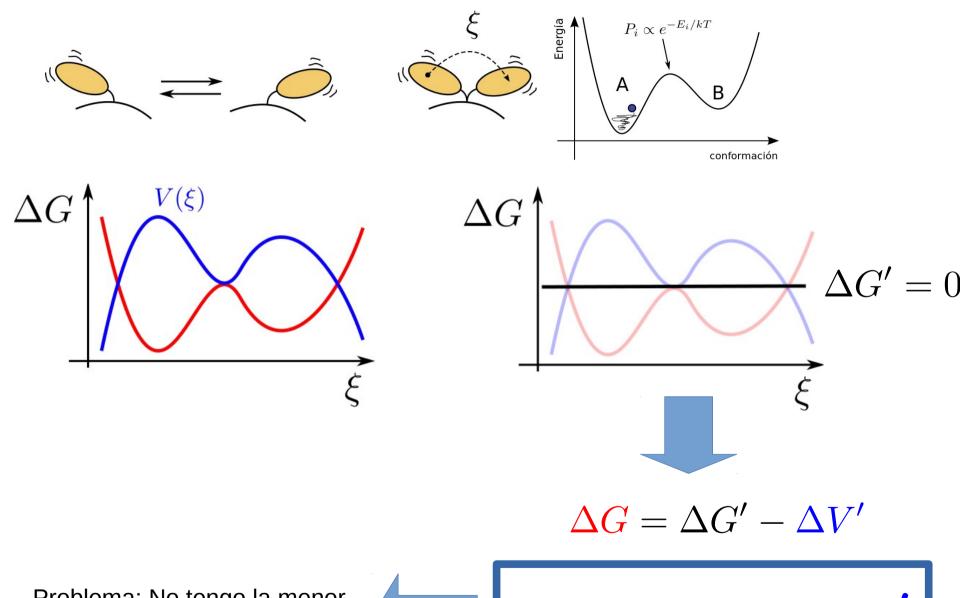
Si uno hace una simulación con el potencial modificado y obtiene una buena estimativa de esto, puede calcular la diferencia de energía libre en el potencial original



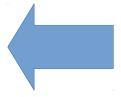


Si los muestreos tienen solapamiento, consigo reconstruir todo el perfil original de probabilidades, por lo tanto el perfil original de energía libre.

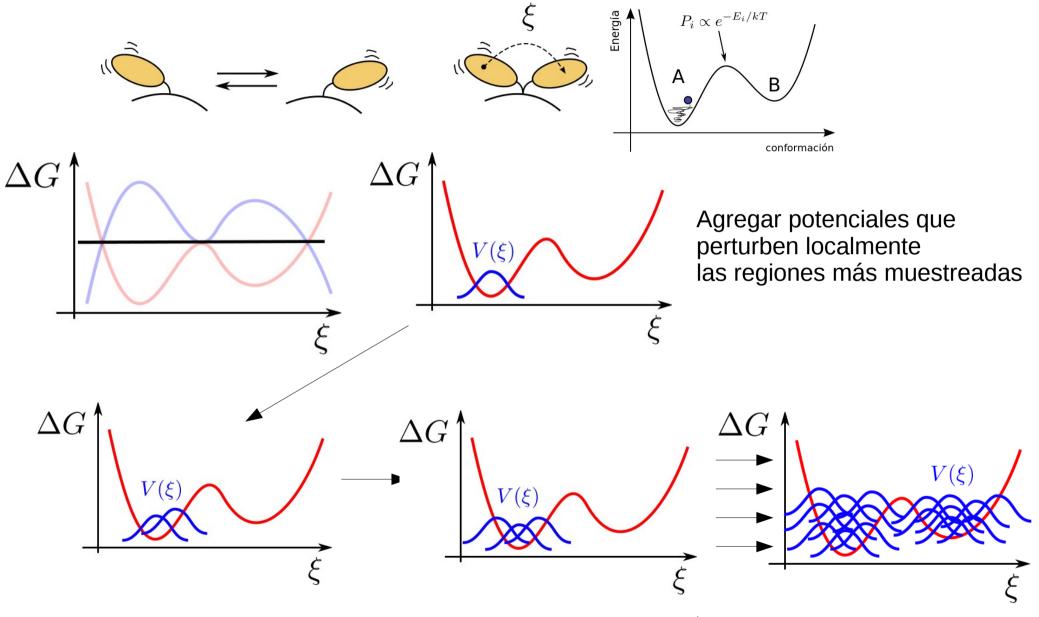
Umbrela Sampling



Problema: No tengo la menor idea de cual es V' tal que G es constante.

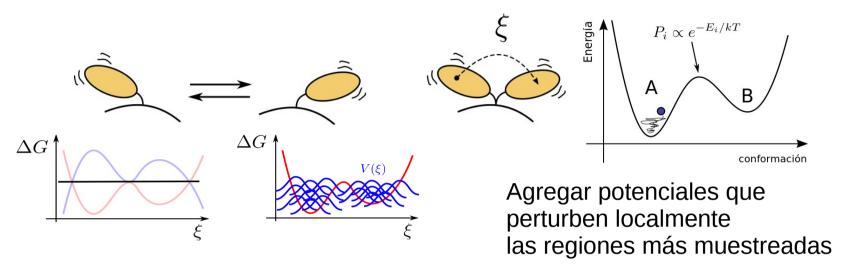


$$\Delta G = -\Delta V'$$



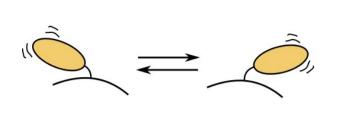
Cuando $P(\xi)$ es aproximadamente constante para todo ξ , sé que $\Delta G = -\Delta V'$

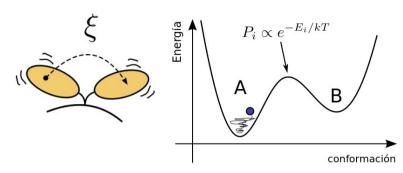
Metadinámica



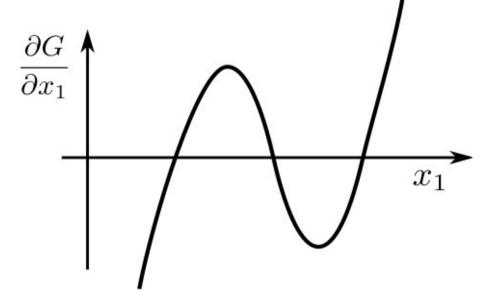


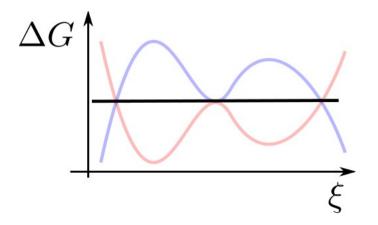
http://people.sissa.it/~laio/Research/Res_metadynamics.php





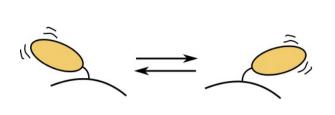
$$\left(\frac{dG}{d\xi}\right)_{\xi} = \left\langle \frac{\partial V}{\partial \xi} \right\rangle_{\xi} = -\left\langle F \right\rangle_{\xi} \qquad \frac{\partial G}{\partial x_1}$$



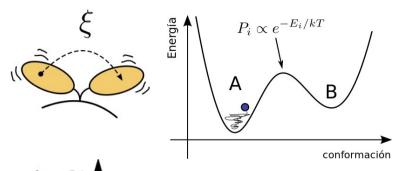


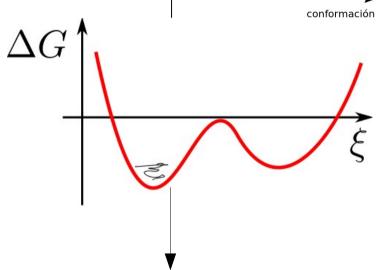
Si estimo bien la derivada de la energía libre en cada coordenada de reacción, puedo restar la fuerza media, y al fin la energía libre, otra vez, es constante

$$\Delta G = -\Delta V' = \int_{\xi_1}^{\xi_2} \left(\frac{\partial G}{\partial \xi}\right)_{\xi} d\xi$$



$$\left(\frac{dG}{d\xi}\right)_{\xi} = \left\langle \frac{\partial V}{\partial \xi} \right\rangle_{\xi} = -\left\langle F \right\rangle_{\xi}$$



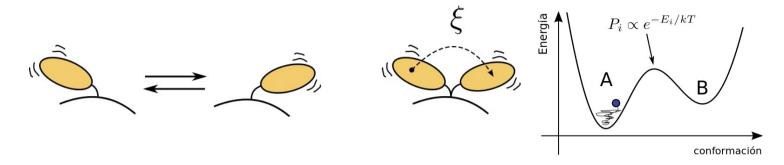


Buena estimativa de $-\langle F \rangle_{\xi}$

Propago la trayectoria con:
$$x(t+\Delta t)=x(t)+v(t)\Delta t+\frac{1}{2m}\left(F(x)-\langle F\rangle_{\xi}\right)\Delta t^2$$

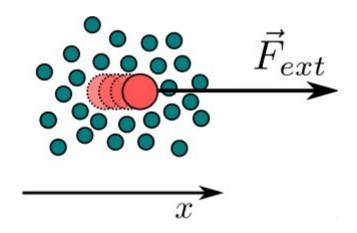
- Si $-\langle F \rangle_{\xi}$ está bien estimado, la aceleración media va a ser nula:
 - 1. El movimiento es difusivo en ξ
 - 2. La integral de la fuerza adicional es la energía libre

Fuerzas Adaptativas (ABF)



Dinámica Molecular Guiada:

Aplicar fuerza externa sobre el sistema, para inducir la trayectoria de interés



Si la fuerza es suave (reversible), la variación de energía libre es el trabajo:

$$\Delta G = \int_{x_1}^{x_2} \vec{F}_{ext} \cdot d\vec{x}$$

Fuerza externa: $\vec{F}_{ext} = k(\vec{v}t - \Delta\vec{x})$

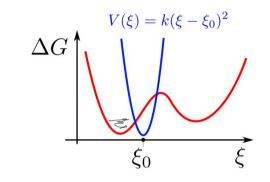
Dinámica Molecular Guiada:

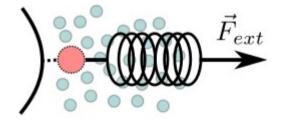
Aplicar fuerza externa sobre el sistema, para inducir la trayectoria de interés

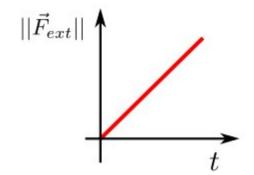
$$\Delta G = \int_{x_1}^{x_2} \vec{F}_{ext} \cdot d\vec{x}$$

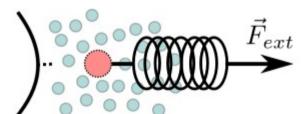
Fuerza externa:

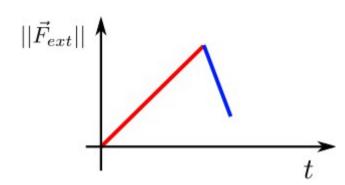
$$\vec{F}_{ext} = k(\vec{v}t - \Delta\vec{x})$$











Steered Molecular Dynamics (SMD)

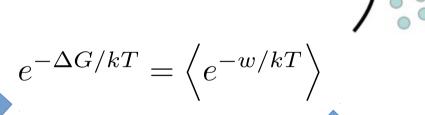
Igualdad de Jarzynski y muestreo de no-equilibrio:

Aplicar fuerza externa sobre el sistema, para inducir la trayectoria de interés

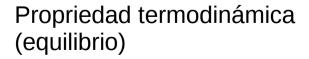
Fuerza externa:
$$\vec{F}_{ext} = k(\vec{v}t - \Delta \vec{x})$$

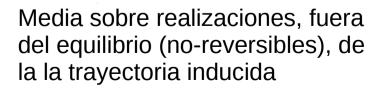
En equilibrio (proceso reversible):
$$\Delta G = \int_{x_1}^{x_2} \vec{F}_{ext} \cdot d\vec{x}$$

Fuera del equilibrio (proceso no-reversible):









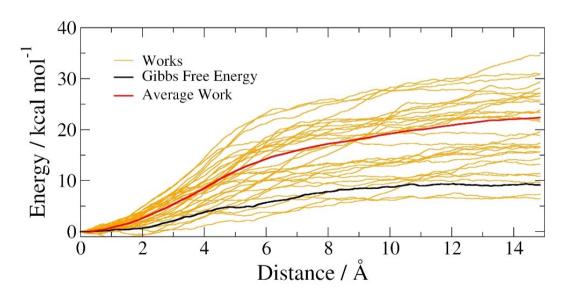
Igualdad de Jarzynski y muestreo de no-equilibrio:

Aplicar fuerza externa sobre el sistema, para inducir la trayectoria de interés

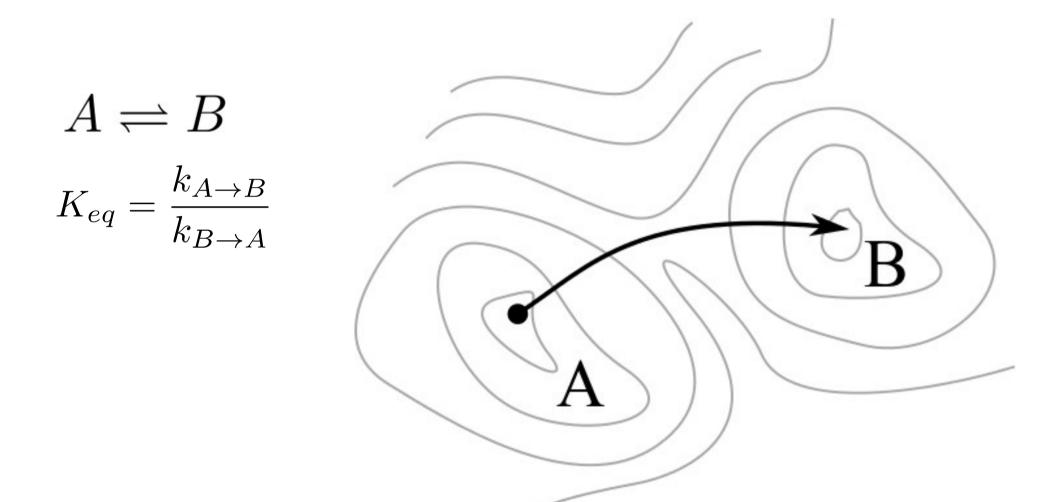
Fuerza externa:
$$\vec{F}_{ext}=k(\vec{v}t-\Delta\vec{x})$$
).
$$e^{-\Delta G/kT}=\left\langle e^{-w/kT}\right\rangle$$



Disociación de un ligando

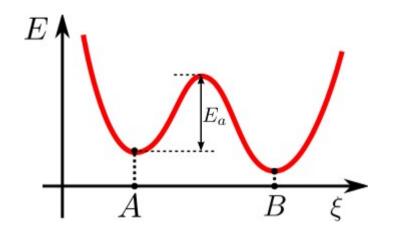


Propiedades Cinéticas



$$A \rightleftharpoons B$$

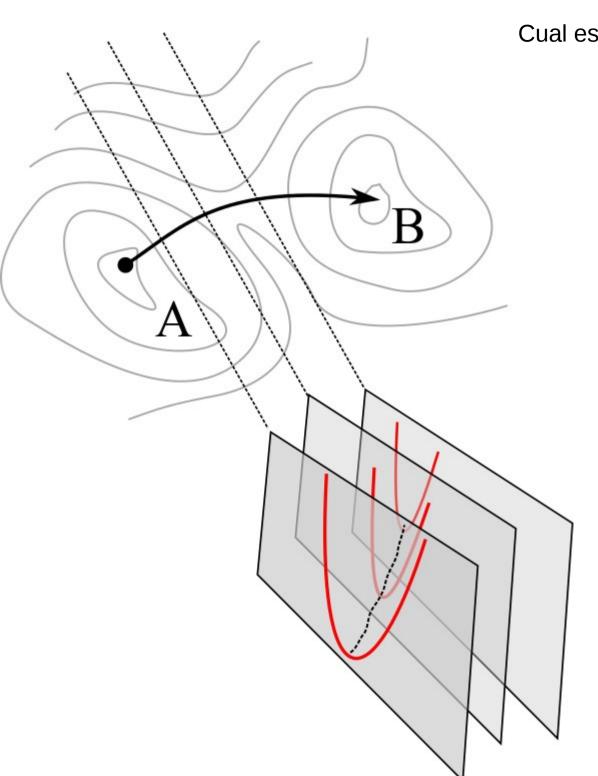
$$K_{eq} = \frac{k_{A \to B}}{k_{B \to A}}$$

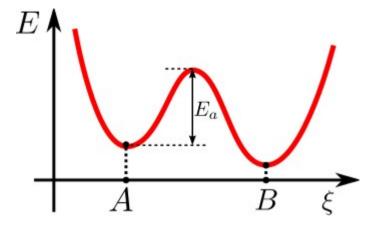


$$k_{A \to B} = C \underline{e^{-E_a/kT}}$$

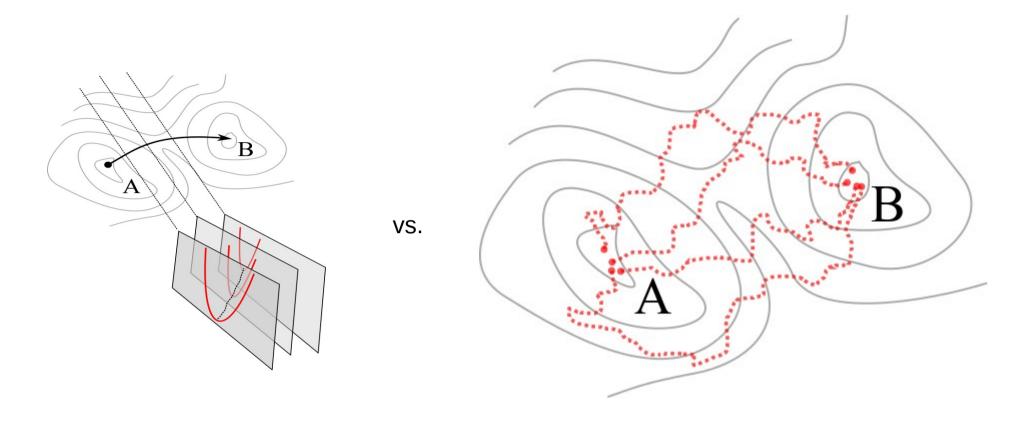
Proporcional al "Número de moléculas de *A*"

Probabilidad que una molécula de A adquiera energía suficiente para transponer la barrera que lleva a B





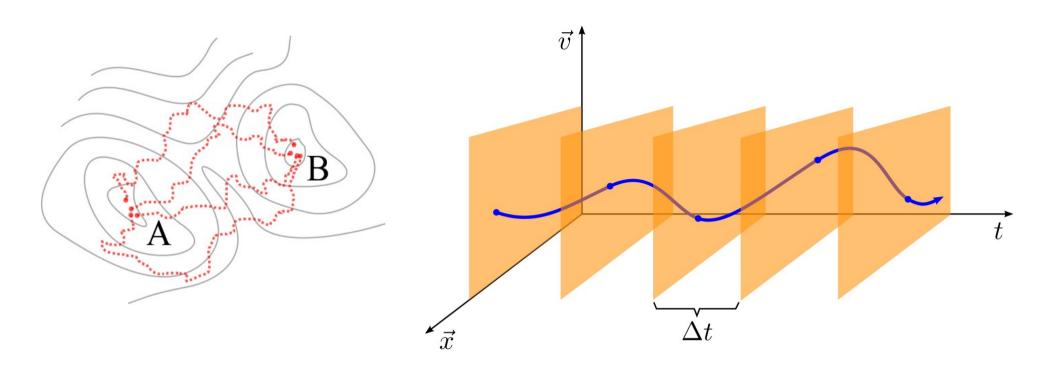
Un único camino puede, en algunos casos ser muy predominante, a punto de que conocer la "trayectoria de mínima energía", o el en algunos casos nada más que la energía del estado de transición, es suficiente.



Múltiplos caminos con probabilidades importantes

Las propiedades de la transición son medias sobre los caminos

Muestreo de Caminos de Transición

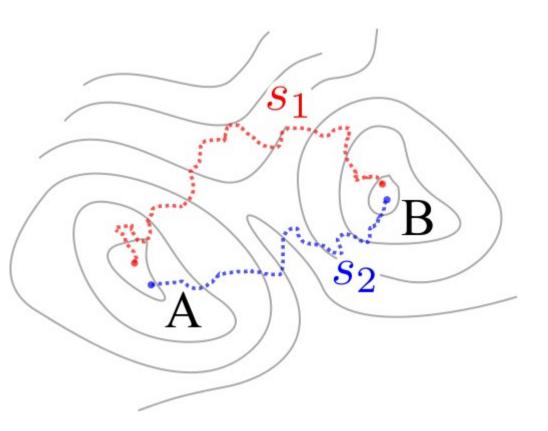


Probabilidad de una trayectoria:

$$P(s) = p(x_0) \prod p[x_i(t) \to x_{i+1}(t + \Delta t)]$$

Muestreo de Caminos de Transición

$$P(s) = p(x_0) \prod p[x_i(t) \to x_{i+1}(t + \Delta t)]$$



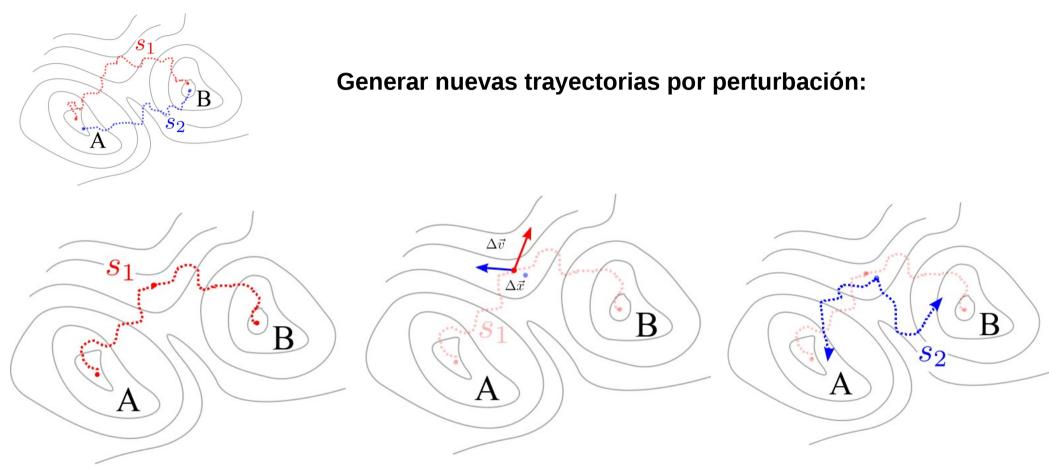
Monte-Carlo en el espacio de trayectorias:

- Dada una trayectoria $\,s_1\,$
- Genero una nueva trayectoria $\,s_2\,$
- Si $P(s_2) \geq P(s_1)$ acepto S_2
- Si $P(s_2) < P(s_1)$ acepto con con probabilidad $P(s_2)/P(s_1)$



Ensemble de trayectorias Propiedades medias

Muestreo de Caminos de Transición



Perturbación de posiciones y/o velocidades en un punto intermedio

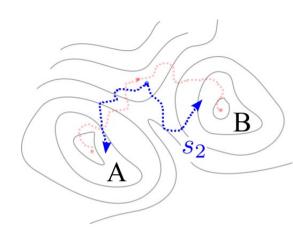
Simulación en ambas direcciones temporales

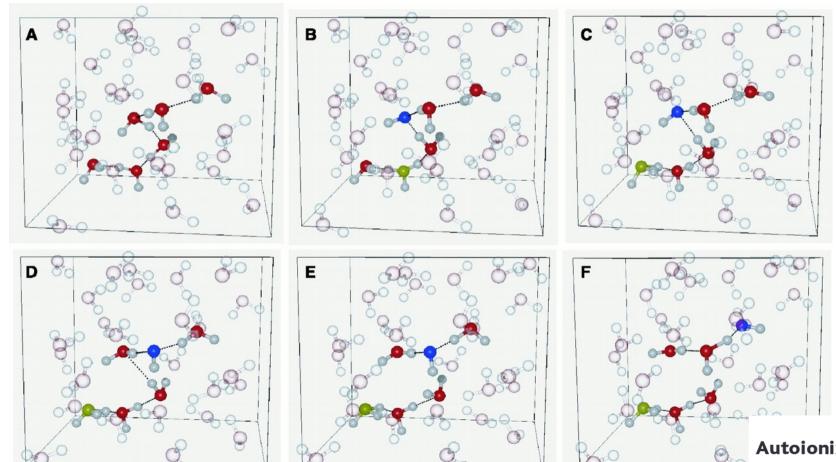
Si la nueva trayectoria lleva A a B, puede ser aceptada.

Muestreo de Caminos de Transición

Eventos rápidos y raros:

3. 1. Água: pH=7 (10^{-7} mol/L) ~ 1 em cada 10^{18} moléculas 50 moléculas - DFT:





REPORTS

Autoionization in Liquid Water

Phillip L. Geissler, 1 Christoph Dellago, 1,2 David Chandler, 1*

Jürg Hutter, 3† Michele Parrinello3

The dissociation of a water molecule in liquid water is the fundamental event in acid-base chemistry, determining the pH of water. Because of the short time scales and microscopic length scales involved, the dynamics of this autoionization have not been directly probed by experiment. Here, the autoionization