Нелинейная динамика протеинов: калибровочная симметрия и топология

Александр Молочков

Математика в Медицине, 28-29 мая 2021 г. г. Томск

Мотивация

- Структурные и динамические свойства белков сильно коррелируют с их функцией, и понимание этой связи имеет фундаментальное значение для расшифровки молекулярных механизмов жизни.
- Мы не знаем, как при определенных физических условиях третичная и четвертичная структура белка может быть выведена из последовательности ДНК. Поскольку биологическая функция белка тесно связана с его формой, проблема фолдинга белка является одной из самых важных нерешенных проблем в науке.
- Неправильное сворачивание третичной и четвертичной структуры некоторых белков вызывает множество нейродегенеративных заболеваний, таких как болезни Альцгеймера, Паркинсона и Крейтцфельдта-Якобса, диабет 2 типа и многие виды рака.

Существующие подходы:

• Молекулярная динамика: имитируйте структуру и динамику белка на атомном уровне. Большой прогресс в понимании функции белков.

Однако: MD ограничен как размером системы, так и достижимыми масштабами времени. Для реалистичного моделирования третичной и четвертичной структур в больших пространственных и временных масштабах требуется вычислительная мощность, на 5-6 порядков превышающая технически достижимую в ближайшем будущем.

 Крупнозернистое моделирование: может успешно описать структуру белка с точки зрения эффективных строительных блоков без необходимости огромных вычислительных мощностей.

Однако: Необходим фундаментальные принципы для построения основных используемых блоков.

Симметрии и законы физики (простые примеры)

- Однородность пространства закон сохранения импульса (1-й закон Ньютона)
- Однородность времени закон сохранения энергии
- Изотропность пространства закон сохранения момента импульса



Может ли симметрия и ее нарушения определять более сложные структуры и процессы?



Калибровочная симметрия и ее нарушение могут определять динамику и структуру

Примеры из физики:

- Электродинамика: локальная U(1) симметрия ⇒ уравнения Максвелла.
- Стандартная модель: SU (2) xU (1) с нарушением симметрии ⇒ массивные векторные W и Z-мезоны, поле Хиггса.
- Сильные взаимодействия: SU (3) симметрия, нарушение киральной симметрии ⇒ сильное взаимодействие, удержание с помощью струнного взаимодействия и магнитный монопольный конденсат.
- Сверхпроводимость: локальная U (1) симметрия нарушена ⇒
 Куперовское спаривание и вихри Абрикосова.

Локальные симметрии и их нарушение (более сложный пример)

Траектория шарика не зависит от того, как он повернут в каждой точке

Нарушение симметрии: Сопротивление воздуха создает различие между верхом и низом при вращении - если шарик вращается, то возникает дополнительная сила, приводящая к планированию или более быстрому падению



Киральность: Нарушение зеркальной симметрии в живой материи



Пример токсичности киральных молекул:

Знаменитая история с талидомидом – успокаивающее и снотворное средство. В начале 60-х было обнаружено, что левый изомер талидомида вызывает частое появление врожденных уродств у детей, если мать его принимает во время беременности. Препарат прекратили выписывать, но его жертвами успели стать до 12 тысяч детей, из которых около семи тысяч умерли в раннем возрасте, а остальные остались инвалидами.



Киральность: Нарушение зеркальной симметрии в живой материи – белки образованы левыми аминокислотами



В белке встречаются преимущественно правые спирали







l — расстояние от начала цепи (номер аминокислоты - *i*)

к_i – локальная кривизна

$$\tau_i$$
 – локальное кручение

• Белок описывается как одномерное многообразие (дискретная цепь) в трехмерном пространстве

Геометрия струны определена уравнениями Френе

$$\begin{cases} \frac{d\mathbf{t}}{ds} = \kappa \mathbf{n} \\ \frac{d\mathbf{n}}{ds} = -\kappa \mathbf{t} + \tau \mathbf{b} \\ \frac{d\mathbf{b}}{ds} = -\tau \mathbf{n} \end{cases}$$



where

$$\mathbf{t} = \frac{d\mathbf{r}}{ds}, \quad \mathbf{n} = \frac{d^2\mathbf{r}}{ds^2} \quad \mathbf{b} = [\mathbf{t} \times \mathbf{n}]$$

Аналогия между преобразованием Френе и U(1) симметрией

$$\frac{d}{ds} \begin{pmatrix} \mathbf{e}_1 \\ \mathbf{e}_2 \\ \mathbf{t} \end{pmatrix} = \begin{bmatrix} 0 & (\tau + \eta_s) & -\kappa \cos(\eta) \\ (\tau + \eta_s) & 0 & \kappa \sin(\eta) \\ \kappa \cos(\eta) & -\kappa \sin(\eta) & 0 \end{bmatrix} \times \begin{pmatrix} \mathbf{e}_1 \\ \mathbf{e}_2 \\ \mathbf{t} \end{pmatrix}$$

Система уравнений Френе может быть переписана как калибровочное преобразование U(1):

$$\kappa \sim \phi \rightarrow \kappa e^{-i\eta} \equiv \phi e^{-i\eta}$$
$$\tau \sim A_i \rightarrow \tau + \eta_s \equiv A_i + \eta_s$$

$$H = \int_{0}^{L} ds(|(\partial_{s} + ie\tau)\kappa|^{2} - |\kappa|^{2}m^{2}))$$

Действительная часть гамильтониана

$$H_{\kappa} = \int\limits_{-\infty}^{\infty} ds (\kappa_s^2 + \lambda (\kappa^2 - m^2)^2)$$

Имеет решение в виде солитона (кинка):

$$\kappa(s) = mtanh(m\sqrt{\lambda}(s-s_0))$$





Точка перегиба:

au = 0 $\kappa = 0$

 Z_2 symmetry

 $\kappa \to -\kappa$



Применение преобразования Z₂ симметрии позволяет в случае постоянной кривизны выявить кинк в такой точке (1+1 монополь)



Кинк в телефонном шнуре.

Топологически защищенная структура: такой перегиб невозможно удалить локальными возмущениями.









Другой пример кинка: топологически защищенная волна распространяется без рассеяния







- Вращение вокруг пептидной связи не меняет полную энергию цепи: локальная U(1) симметрия.
- Наличие гидрофобных и гидрофильных сил нарушает U(1) симметрию и приводит к образованию конденсата Хиггса – постоянной кривизны

Распределение кривизны и кручения



Самоорганизация в структуре белков: топологические сектора основного состояния белка определяются нарушением симметрии:

α – спираль (отдельные кинки, нарушена киральная симметрия, отрицательная четность)

β – лента (конденсат из кинков,
 восстановлена киральная симметрия
 положительная четность)

 $\kappa \approx 0$ $\tau \approx \pi$

 $\kappa \approx \frac{1}{2}$

 $\tau \approx 1$

Распределение значений кривизны и кручения по аминокислотам для миглобина. До преобразования симметрии Z₂



Распределение значений кривизны и кручения по аминокислотам для миглобина. После преобразования симметрии Z₂





Сравнение кристаллографических данных (слева) солитонной структуры (справа). RMSD < 1A.

С учетом рассмотренных свойств симметрии гамильтониан белковой молекулы принимает вид

$$H = \int_{0}^{L} ds(|(\partial_s + ie\tau)\kappa|^2 + \lambda(|\kappa|^2 - m^2)^2 + a\tau + \frac{c}{2}\tau^2)$$

Свободная энергия:

$$F = \int ds(\kappa_s^2 + \lambda(\kappa^2 - m^2)^2 + a\tau - b\kappa\kappa_s\tau + \frac{c}{2}\tau^2 + \frac{d}{2}\kappa^2\tau^2)$$

Свободная энергия дискретной цепи:

$$F = \sum_{i=0}^{N_{AA}-1} (\kappa_i - \kappa_{i-1})^2 + \sum_{i=0}^{N_{AA}} \{\lambda_i (\kappa_i^2 - m^2)^2 + b\kappa_i^2 \tau_i^2 + q\kappa_i (\kappa_i - \kappa_{i-1})\tau_i + d\tau_i + e\tau_i^2)\} + \dots$$



Figure: The dependence of radius of gyration as a function of Glauber temperature factor. The blue line is average value and the orange band denotes the one standard deviations fluctuation distance. The dashed grey line estimates 25°C, the dashed red line estimates 75°C and the dashed yellow line estimates 90°C (A. Niemi at al.)

Связь динамики и биологической функцией белка:

Дефолдинг/фолдинг F-спирали



Освобождение/захват гемогруппы





Моделирование фолдинга нетривиальных структур: белок с топологией узла

slipknotted archaeal virus protein AFV3-109







Final state disfolding: trefoil instead of slipknot



Основной вывод:

Фундаментальные свойства локальной симметрии позволяют исходя из топологии белка предсказывать его динамику.

- Детально исследовать фолдинг/дефолдинг,
- Динамику структуры белка при вазимодействии с другими молекулами.
- Динамику струкуры белка при взаимодействии с внешним излучением.