

# La costruzione del modello molecolare

Laurea Magistrale in Biotecnologie Mediche  
Curriculum Nanobiotecnologie

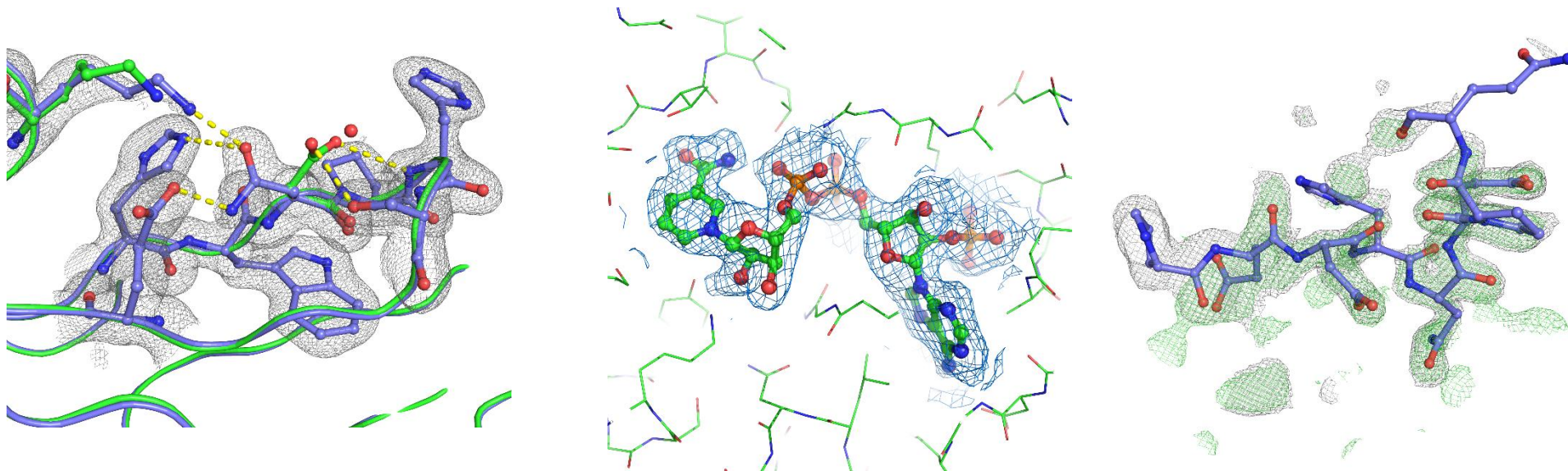
A.A. 2021-22

---

# Costruzione di un modello molecolare

Una volta ottenute le **fasi iniziali** dei fattori di struttura o per via sperimentale (derivato isomorfo o MAD/SAD) o per mezzo del Molecular Replacement siamo in grado di calcolare la **prima mappa di densità elettronica**  $\rho(r)$ .

Lo step successivo è quello di costruire un **modello molecolare coerente con la mappa di densità elettronica**, ovvero con il dato sperimentale.



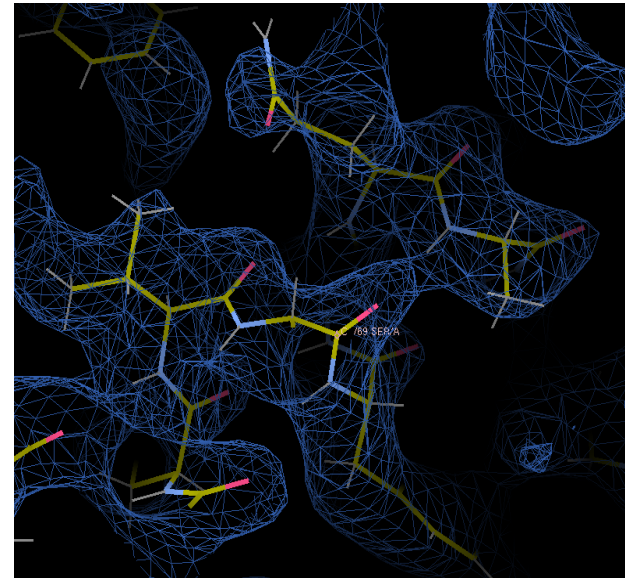
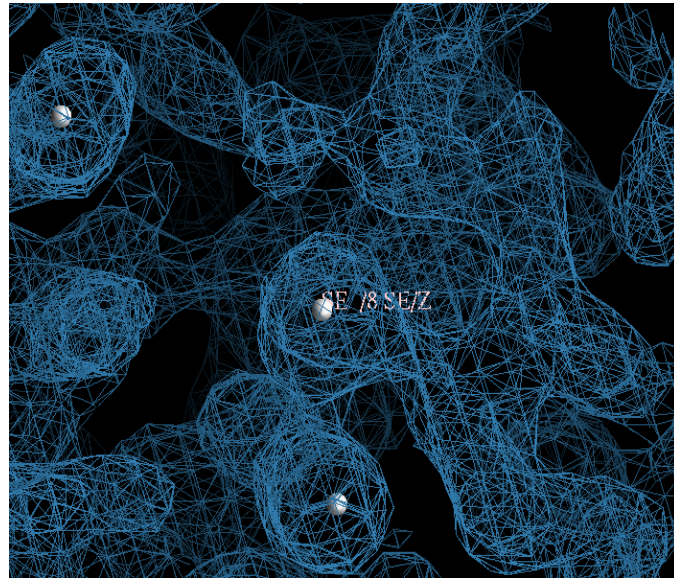
# La mappa iniziale

La mappa di densità elettronica iniziale può essere più o meno facile da interpretare, ovvero può essere più o meno complicato 'costruire' un modello molecolare chimicamente sensato a partire dalle mappe.

**Le mappe di densità ottenute da MIR o MAD/SAD possono essere complesse e di difficile interpretazione**

Le mappe ottenute da Molecular Replacement possono invece essere **piuttosto semplici**, soprattutto se il modello usato ha **omologia elevata** con la proteina target

Fasi SAD  
3.2 Å



Fasi MR  
2.2 Å

# Il modello molecolare

Costruire un modello molecolare significa:

- **Determinare le coordinate x, y, z degli atomi che costituiscono l'unità asimmetrica**
- **Determinare i parametri termici associati agli atomi**

Oltre agli atomi costituenti la macromolecola possono essere presenti

- **Atomi di acqua che coordinano con la proteina (*shell* di idratazione)**
- **Costituenti del buffer, della soluzione precipitante o del crio-protettore**
- **Ligandi introdotti volontariamente (per esempio inibitori di un enzima)**

La possibilità di ottenere un modello molecolare quanto più dettagliato dipende dalla qualità dei dati e in ultima analisi dalla risoluzione della struttura.

**Quanto più è elevata la risoluzione tanto più sarà elevato il dettaglio del modello molecolare che possiamo costruire!**

# Miglioramento delle mappe di densità 'sperimentali'

Le mappe ottenute con metodi di fase sperimentale (MIR, MAD/SAD) sono affette da errori sperimentali più o meno grandi quali:

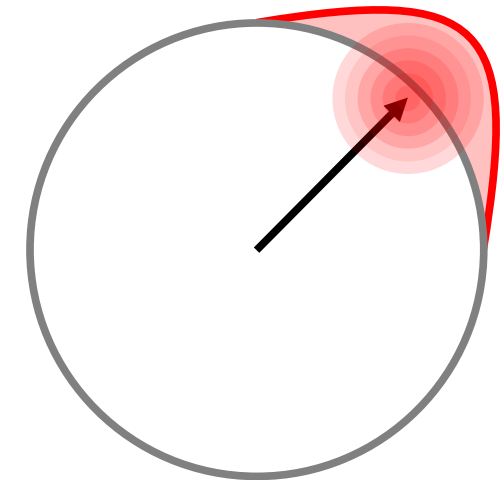
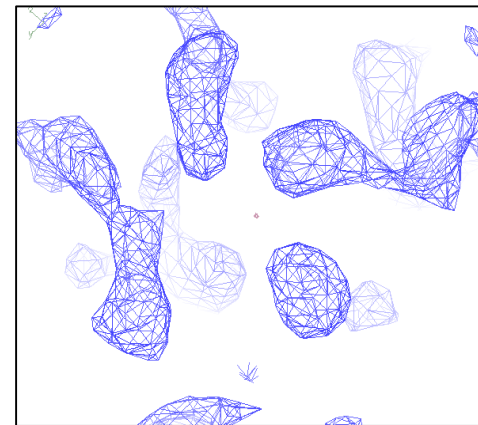
- Non isomorfismo
- Danno da radiazione

Questi errori influenzano i valori delle **fasi** determinate e in ultima analisi la qualità delle mappe di densità elettronica.

Le mappe ottenute da Molecular Replacement possono soffrire di '**bias**' ovvero di un **effetto memoria** della molecola usata come modello

Per migliorare la qualità delle mappe, bisogna migliorare le fasi (**Phase Improvement**).

Il modo più efficace di migliorare le fasi, e quindi le mappe, va sotto il nome generico di **Density Modification**



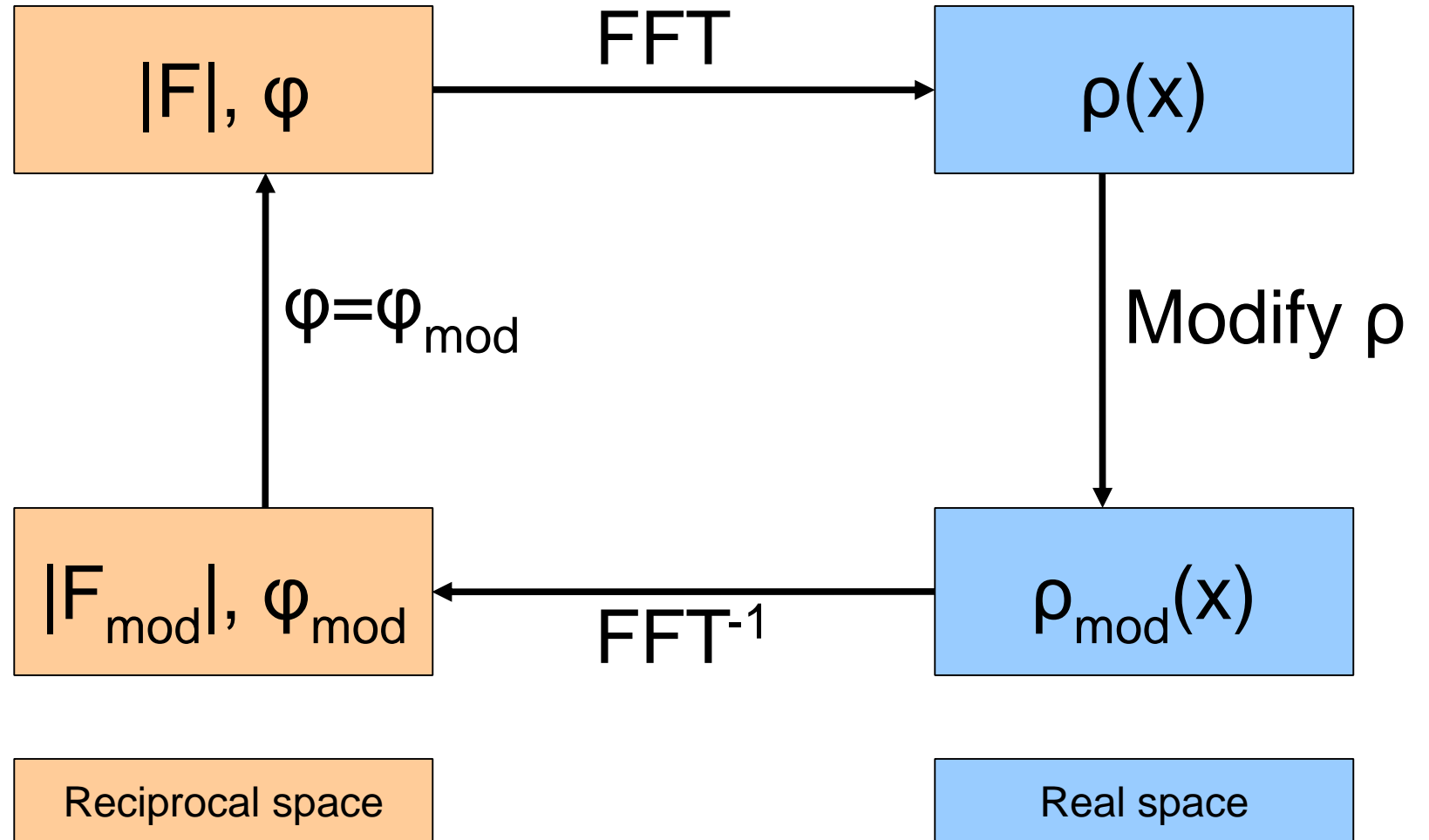
In virtù degli errori sperimentali le fasi sono espresse con una loro probabilità (di essere corrette)

# Density Modification

# Density Modification

L'idea di fondo della density modification consiste nel modificare la mappa di densità, **sulla base di proprietà note delle mappe medesime**, quindi contro-trasformare la mappa modificata in **nuove fasi e fattori di struttura** modificati.

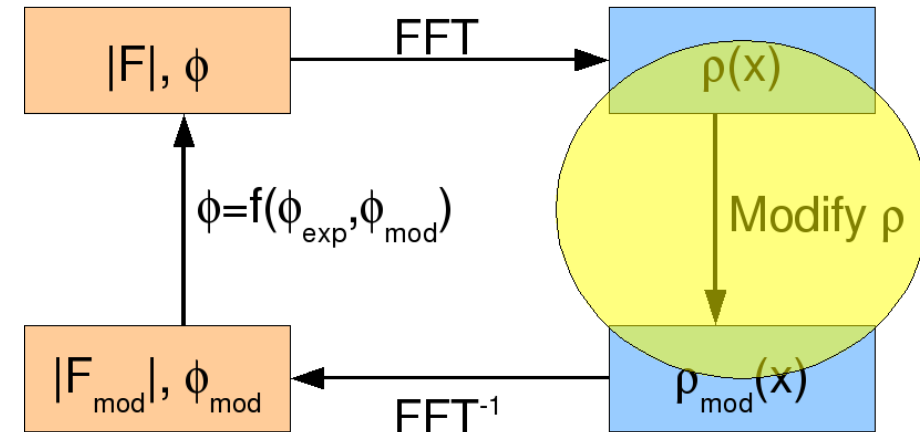
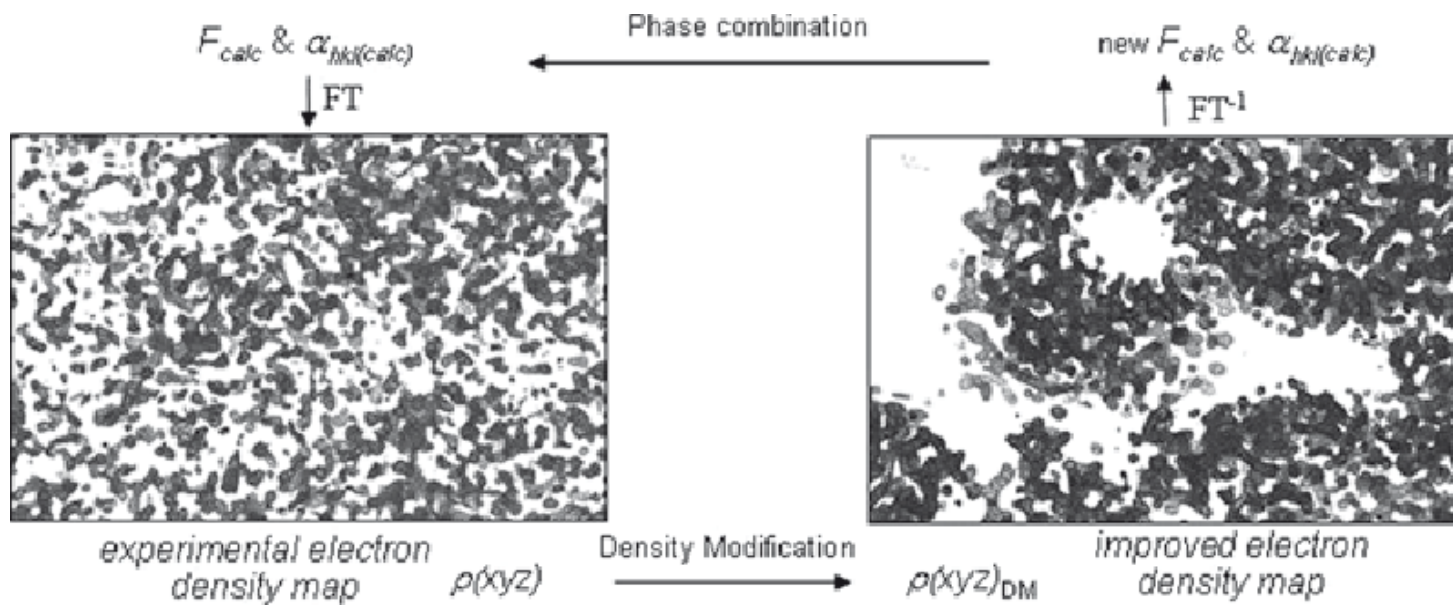
Il processo è ripetuto in modo iterativo fino a convergenza.



# Density Modification

La Density Modification è una **metodologia ibrida** in cui si combinano sia **informazioni presenti nello spazio reale** (**vincoli sulla densità elettronica**) che **quelle nello spazio reciproco** ( $F_{hkl}$  e  $\phi_{hkl}$ ).

Le informazioni nello spazio reale sono utilizzate per modificare le fasi e i fattori di struttura nello spazio reciproco.





# Density Modification

Con il termine **Density Modification** si intende una varietà di metodi che introducendo dei vincoli (constraints) sulla densità elettronica nello spazio reale, e che quindi determinano una modifica di  $F_{hkl}$  e  $\varphi_{hkl}$  nello spazio reciproco.

Sono utilizzati principalmente tre metodi

- **Solvent Flattening**
- **Non-Crystallographic Symmetry (Averaging)**

Il Solvent Flattening e l'applicazione della Non-Crystallographic Symmetry sono particolarmente efficaci

# Solvent Flattening

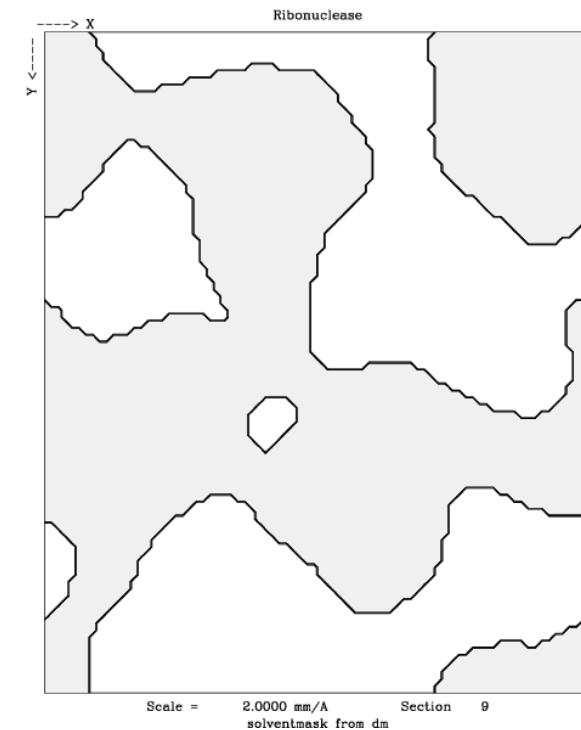
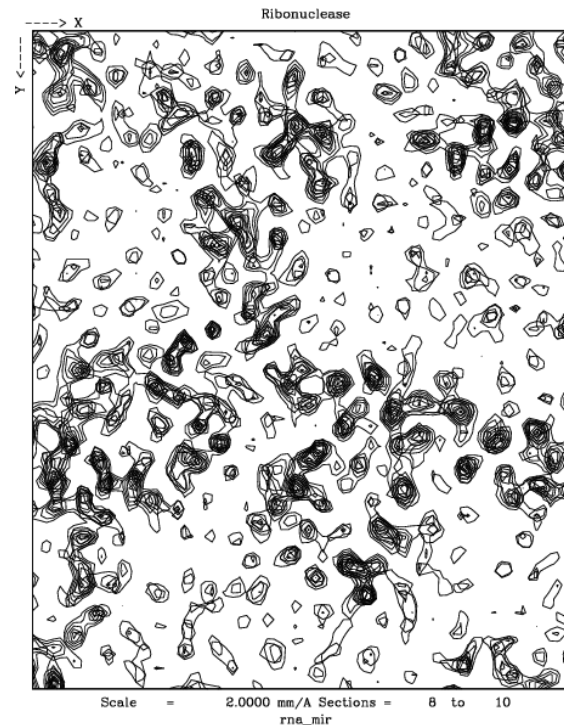
L'idea di base è molto semplice: in un cristallo di proteine una larga parte del volume del cristallo è riempito dal solvente.

Come prima approssimazione si può assumere che lo spazio occupato dal solvente abbia una densità elettronica costante:  $\langle \rho_{\text{solv}}(r) \rangle = 0.33 \text{ e}^-/\text{\AA}^3$

**Nel solvent Flattening, a tutto il volume attribuito al solvente viene imposto un valore di densità pari a  $\langle \rho_{\text{solv}}(r) \rangle$ .**

La densità così modificata viene controtrasformata per dare dei  $F_{hkl}$  e  $\varphi_{hkl}$  modificati.

**La mappa di densità risultante dovrebbe risultare più 'pulita' se le zone di solvente sono state correttamente assegnate.**



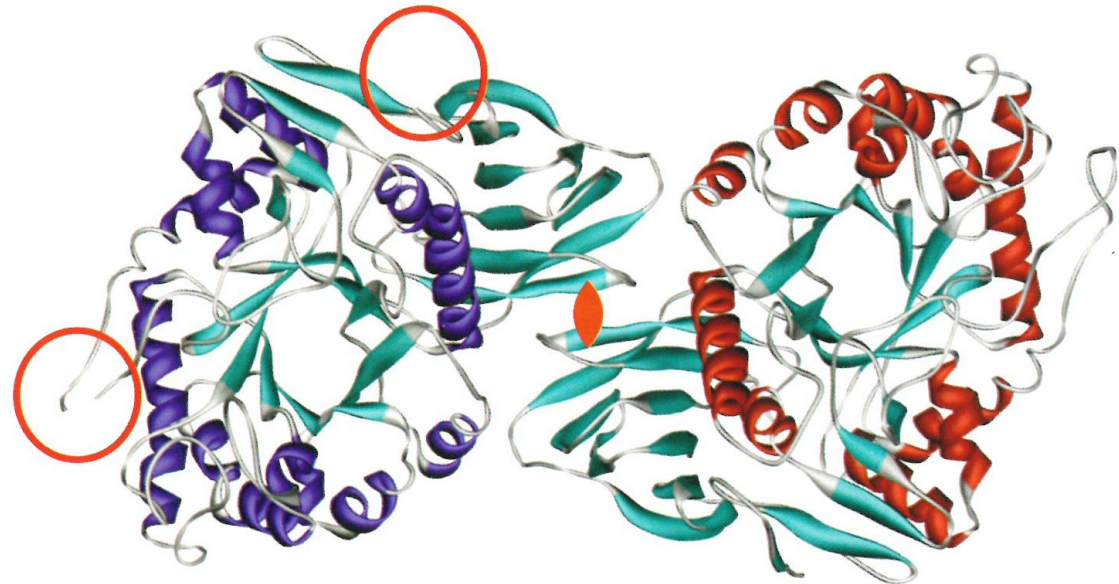
# Simmetria Non Cristallografica

# Simmetria Non-Cristallografica

La simmetria cristallografica stabilisce una relazione esatta tra molecole 'simmetriche'. Nel cristallo, le coordinate delle molecole collegate da relazioni di simmetria cristallografica obbediscono a relazioni matematiche esatte e ben determinate (dal gruppo spaziale).

**Due molecole collegate da relazione di simmetria cristallografica sono esattamente uguali.**

Esiste però un secondo tipo di simmetria, detta **non-cristallografica** (Non-Crystallographic Symmetry: **NCS**), in cui le molecole simmetriche **non sono perfettamente uguali**, ovvero **non sono collegate da una relazione matematica esatta**, ma solo approssimata.



**Figure 5-19 A non-crystallographic homo-dimer.** The two copies of a molecule related by a 2-fold NCS axis generally are not quite identical: The molecule to the left has lost a part of its N-terminus and the extended loop is not traced (red circles), perhaps because of increased flexibility and an absence of electron density. In general, there are many small differences between the two molecules of NCS-related dimers. To emphasize the differences between the molecules clearly, the color of the helices has been changed. The NCS pseudo-dyad is indicated by the red dyad symbol.

# Simmetria non-cristallografica

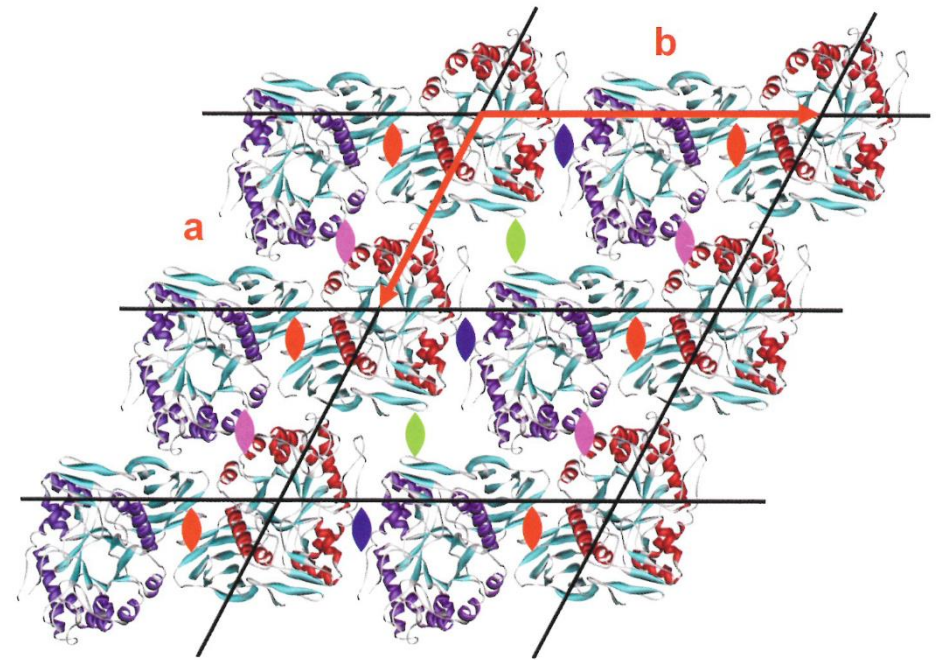
Gli elementi di simmetria cristallografici possono essere presenti solo in determinate posizioni della cella unitaria, in accordo con il gruppo spaziale (le loro posizioni sono riportate per ogni gruppo spaziale, nelle Tabelle Internazionali).

Gli elementi di simmetria non-cristallografici possono invece essere presenti in qualsiasi punto della cella unitaria.

La simmetria non-cristallografica (NCS) non stabilisce relazioni esatte tra molecole, ma solo approssimate. **Sono elementi di simmetria locali**

La deviazione quadratica media (rmsd) tra le posizioni dei C $\alpha$  di due molecole sovrapposte a seguito dell'applicazione della NCS, fornisce un'idea di quanto sia rispettata la simmetria locale

**Figure 5-20 Non-crystallographic dimeric symmetry in a p1 structure.** In analogy to the p2 case depicted in Figure 5-10, additional non-crystallographic symmetry axes (dyad symbols in colors other than red) have been created from the original dimer axis (red) by translational lattice stacking. The single asymmetric unit of the p1 unit cell now contains two molecules—one entire NCS dimer forms the single motif.



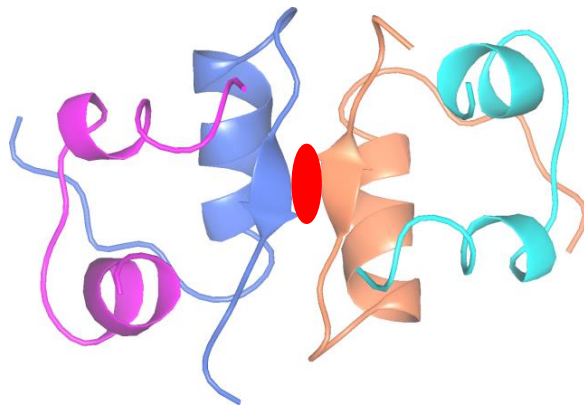
$$P'(xyz) = R P(xyz) + T(xyz)$$

# Simmetria non-cristallografica

Nelle strutture proteiche la simmetria non-cristallografica è piuttosto comune, poiché spesso le proteine sono organizzate in oligomeri: (dimeri, trimetri...).

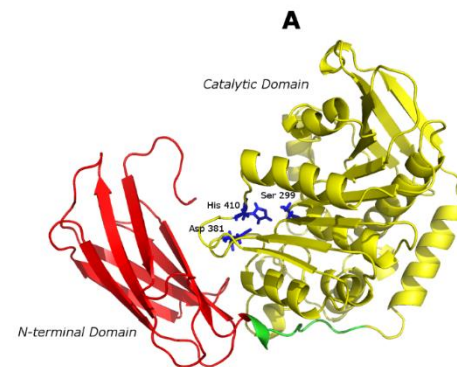
Le forme oligomeriche più comuni sono quelle che vanno da 2 monomeri a 6 monomeri.

Se i monomeri sono in relazione tra loro solo con simmetria locale (NCS), l'intero oligomero è contenuto nell'unità asimmetrica.



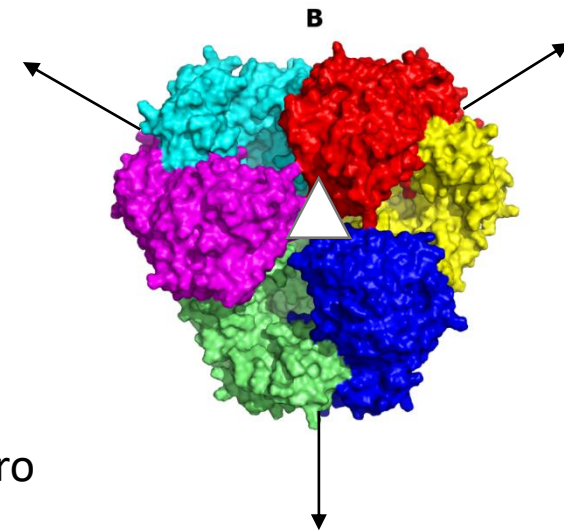
NCS di tipo 2

Un asse binario perpendicolare al piano

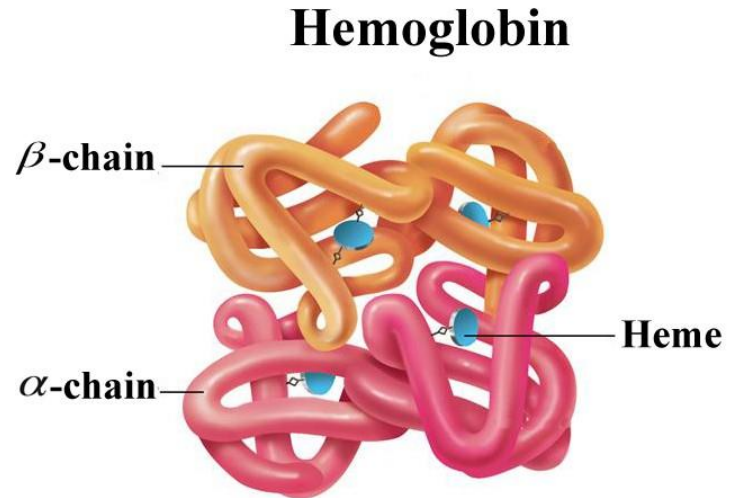


NCS di tipo  $3_2$ , un esamero nell'unità asimmetrica

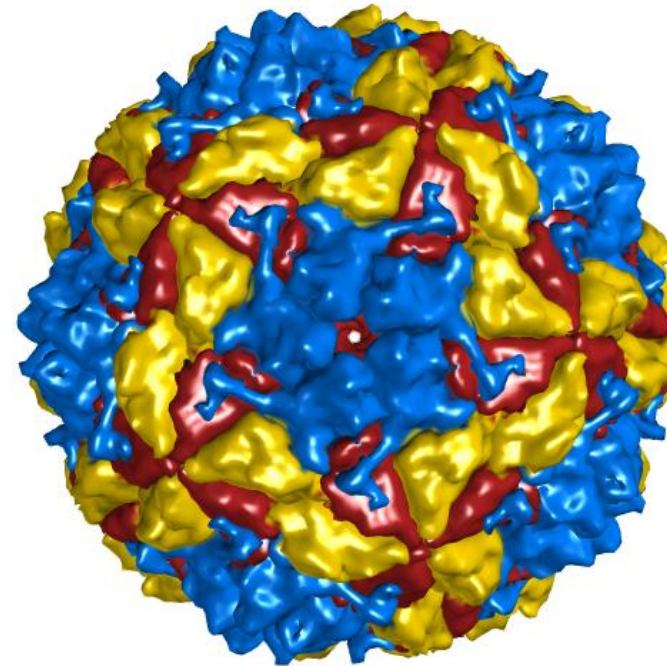
(asse ternario perpendicolare al piano e tre assi binari nel piano)



# Simmetria Non-cristallografica



**Picornavirus (capside)**



# NCS e density modification

La presenza di NCS può essere determinata dall'analisi del contenuto della cella unitaria (dal coefficiente di Matthews) che indica quante molecole sono (probabilmente) contenute nella cella unitaria.

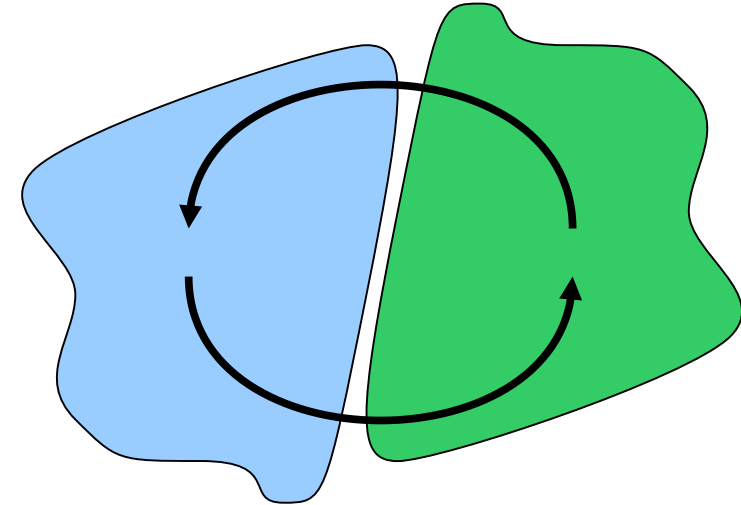
**Nella fase di miglioramento della fase possiamo sfruttare l'NCS**

*Se nell'unità asimmetrica esistono parti legate da simmetria locale (NCS), **queste parti possono essere mediate tra di loro (Averaging)**, quelle parti che non rispettano la simmetria locale sono eliminate.*

In pratica sfruttando la NCS imponiamo dei constraints sulla densità elettronica, **che deve obbedire nello spazio reale (mappa di densità elettronica) alla simmetria locale dovuta all'esistenza della NCS.**

L'utilizzo della NCS è **uno strumento molto potente** che determina un netto miglioramento della mappa di densità elettronica.

**Più è elevato il numero di monomeri più grande è l'effetto sulla mappa.**

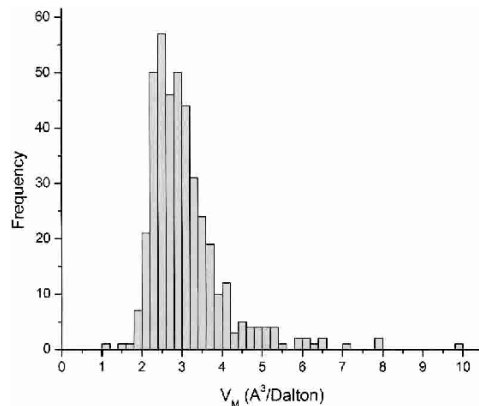




# Contenuto della Cella

E' stato determinato che in media il rapporto tra volume della cella in  $\text{\AA}^3$  e peso molecolare in Da del suo contenuto definito dalla quantità di macromolecole, ha un valore intorno ai  $2.15 \text{ \AA}^3/\text{Da}$ . Questo rapporto è noto come **coefficiente di Matthews** ( $V_m$ )

Noto il peso molecolare della molecola, il gruppo spaziale e il volume della cella elementare, è possibile stimare il numero di molecole presenti nella unità asimmetrica che danno un valore di  $V_m$  vicino al valore aspettato



Matthews - Cell Content Analysis

Job title: Matthews

Calculate Matthews coefficient for: protein only

Read crystal parameters from MTZ file:

MTZ file: Full path.. /home/simon/ttr/mds84/grenoble/MDS2\_4\_5/MDS2\_4\_5\_001

Space group: P21212

Cell a: 43.2407 b: 63.3898 c: 84.8761 alpha: 90.0000 beta: 90.0000 gamma: 90.0000

High resolution limit: 1.400

Use molecular weight: entered in Daltons

Molecular weight of protein: 14000.0

Solvent content analysis

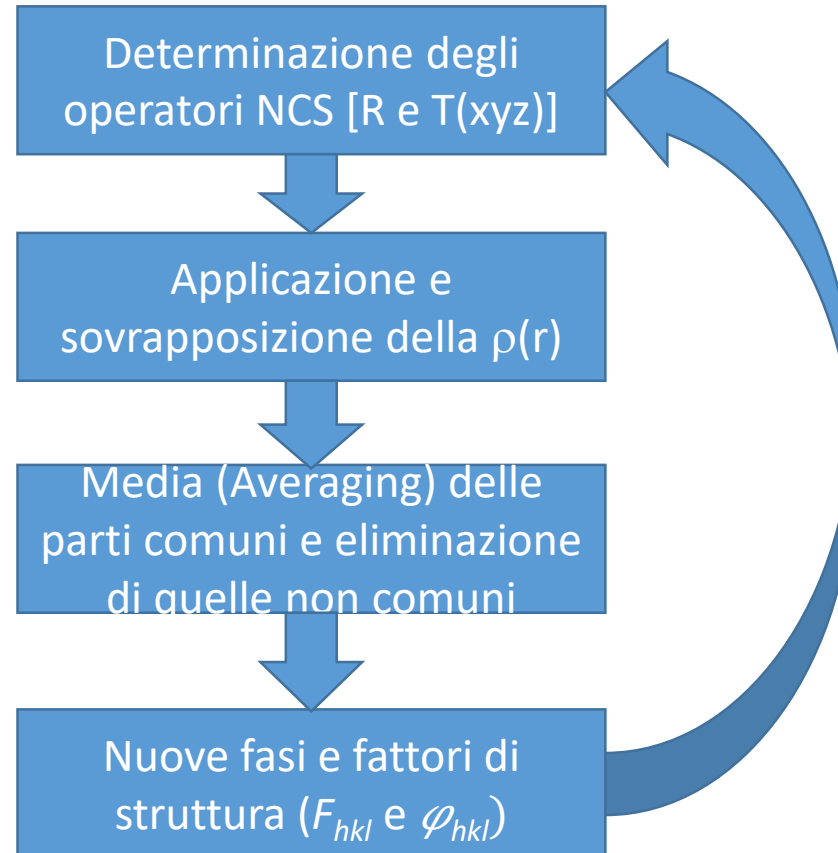
Cell volume: 232647.031

For given protein molecular weight: 14000.0

Nmol/asym	Matthews Coeff	%solvent	P(1.40)	P(tot)
1	4.15	70.41	0.00	0.04
2	2.08	40.82	0.99	0.95
3	1.38	11.23	0.00	0.00

Reset Run Now Close

# Applicazione della NCS



# Costruzione del modello molecolare (Model Building)

# Costruzione del Modello

Quando si dispone di una mappa di qualità adeguata si può **costruire il modello molecolare che meglio si adatta alla densità elettronica.**

Anche questo procedimento è iterativo e nel caso di determinazione delle fasi per mezzo di MIR e SAD/MAD si tratta di **costruire un po' alla volta il modello a partire dalla sequenza della proteina, dal tipo di atomo pesante e dalla forma della mappa.**

**Questo procedimento è in larga parte automatizzato**, tuttavia **la qualità della mappa, la sua risoluzione e altri fattori possono pesantemente influenzare l'esito del model building.**

Può accadere che solo una parte del modello venga costruito, (ad es: solo la Main Chain) o costruito in modo corretto (altre parti del modello molecolare sono costruite in modo non corretto). L'intervento umano è molto spesso necessario per correggere e/o completare il modello.

Questo procedimento è noto come **Automatic Model Building**

# Automatic Model Building

La costruzione di un modello automatico si avvale di due proprietà fondamentali delle proteine:

- **Le proteine sono costituite di una catena lineare di aminoacidi**
- **Il numero di aminoacidi è limitato**

Viene anche usata una proprietà della densità elettronica:

- **La densità elettronica che descrive una catena polipeptidica deve essere continua (connessa)**

Queste proprietà sono utilizzate nel processo di model building automatico

Il model building automatico (Automatic Model Building) non ha una vera e propria teoria, quanto una serie di protocolli che si sono dimostrati efficaci nella pratica.

Possiamo dividerlo in due fasi:

- **Determinazione della Main Chain**
- **Costruzione delle Side Chain**

# Determinazione automatica della Main Chain

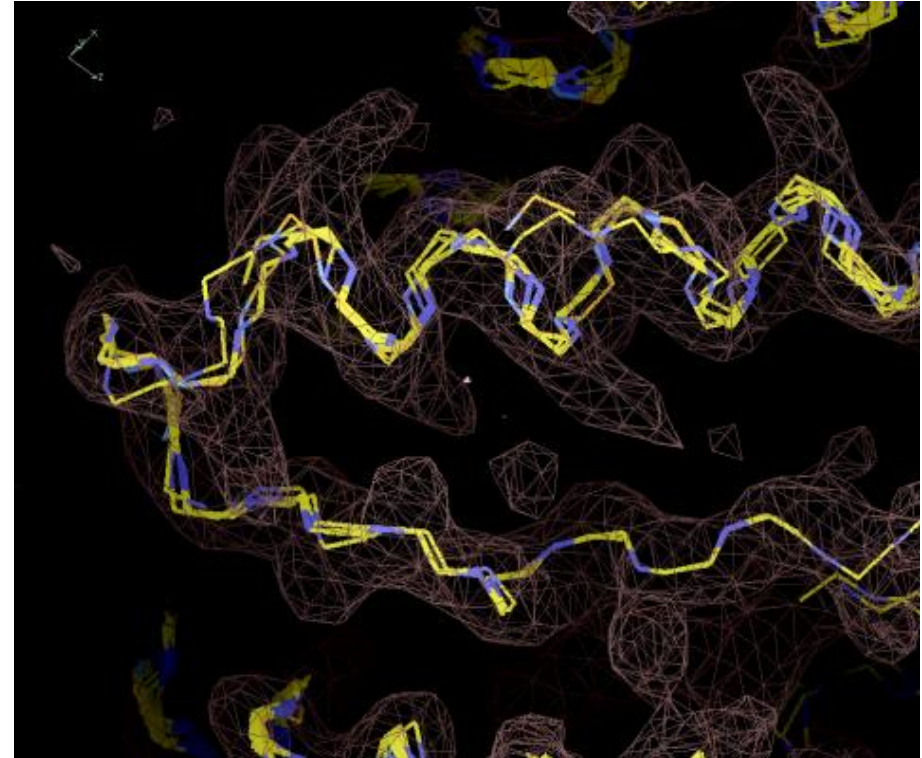
Sulla base della continuità della  $\rho(r)$  è possibile posizionare dei segmenti di lunghezza adeguata che connettono i massimi della  $\rho(r)$  e a partire da questi, stimare la posizione dei  $C\alpha$ .

Questa procedura è anche indicata come 'scheletrizzazione' (*skeletonization*).

In questo modo vengono costruiti dei frammenti di lunghezza variabile che poi vengono 'fusi' tra di loro, per generare dei frammenti aminoacidici (poli-alanina) lineari, rispondenti ai requisiti stereochimici di una catena polipeptidica.

**Gli atomi inseriti vanno a contribuire al miglioramento delle fasi.**

**Nella fase di Autobuilding le fasi sperimentali si combinano con quelle derivanti dal modello molecolare in costruzione.**



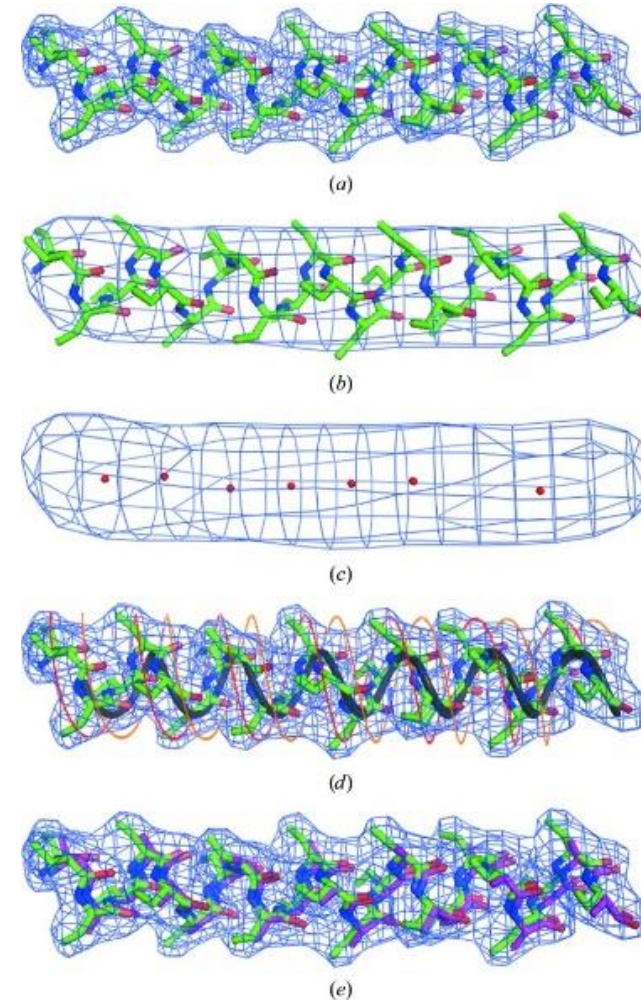
# Insertimento di $\alpha$ -eliche e $\beta$ -foglietti

Nelle procedure di Auto Building è inoltre possibile il riconoscimento della densità elettronica appartenente ad  $\alpha$ -eliche.

E' una procedura che funziona bene anche a bassa risoluzione (4-6 Å).

A risoluzione intermedia (3-3.5 Å) è possibile determinare la direzione dell'elica.

La presenza di determinate strutture secondarie può essere predetta per via bioinformatica.



# Docking

Il riconoscimento degli elementi di struttura secondaria nella mappa di densità, unito alla predizione delle strutture secondarie a partire dalla sequenza aminoacidica, permette l'assegnazione dei frammenti costruiti ad aminoacidi ben precisi, compatibilmente con la sequenza nota (**docking**).

**Poiché la sequenza è nota, alcuni frammenti individuati nella mappa possono essere 'trasformati' in residui, compatibilmente con la sequenza aminoacidica.**

Nel caso di mappe di densità a risoluzione relativamente elevata e di buona qualità si arriva a costruire correttamente più del 90% del modello complessivo.

AutoBuild

PHENIX Preferences Help Run Abort Save Xtriage Coot PyMOL

Configure AutoBuild\_run\_33\_

Status Summary Model-building Structure status

Protein chains

Double-click on any residue or secondary structure element to zoom in on that region in Coot or PyMOL.

Select chain: A Clear selection ?

1	XXXXXXXXXXXX	LAGELKEGSYVVIDGEPCRVEIEKSKTGKHGSAKARI	50
51	VAVGVFDGGKRTL	SLPVDAQVEVPIIEKFTAQILSVSGDVIQLMDMRDYK	100
101	TIEVPMKYVEEEAKGRLAPGAEVEVWQILDRIY	XXXXXXXXXXXX	150
151	KA		200

Non assegnati