2P142

## 多構造マイクロ反復法を用いた巨大分子系の構造最適化

(北大院理1, 京大・福井センター2) 〇鈴木 机倫1, 前田 理1, 諸熊 奎治2

## Multistructural micrositeration for geometry optimization in large systems

(Hokkaido Univ.<sup>1</sup>, FIFC <sup>2</sup>) OKimichi Suzuki<sup>1</sup>, Satoshi Maeda<sup>1</sup>, Keiji Morokuma<sup>2</sup>

【序論】溶液中や生体内の化学反応を分子レベルで理論的に解析する手法として,量子力学(QM)計算 と分子力学(MM)計算を組み合わせた ONIOM 法などの QM/MM ハイブリッド法が広く用いられる. この手法は、重要な反応中心を量子力学的に取り扱う一方で周りを取り囲む溶媒分子やタンパク質な どを分子力学的に取り扱うことにより巨大分子系の計算を可能にする[1].また、巨大系の構造最適化 を効率良く行うために、系を反応中心とそれ以外に分割し反応中心の原子を動かす度に反応中心構造 を固定したエネルギー極小化を実行する, Microiteration 法が開発されたことにより[2], 数千から数万 原子からなる系の反応経路解析が広く行われるようになっている[3]. 最近,人工力誘起反応(AFIR)[4] と Microiteration 法を組み合わせることにより, 巨大分子系の多段階反応の複数の反応経路解析も可 能である[5]. 通常の Microiteration 法は,周囲構造を分子動力学法などにより緩和した単一構造を考 慮する簡便な手法である.しかし、そのような一つの周囲構造が必ずしも適切であるとは限らない. 特に、反応経路に沿って周囲の構造が大きく変化する場合には障壁を過大評価してしまう.このよう な場合、周囲構造の揺らぎを考慮するために自由エネルギー摂動法[6]などのサンプリング法が用いら れる. しかしながら, 定量性が向上する一方, 各反応経路点で QM 計算をサンプリング回数行う必要 があり、収束性の低下と計算コストの増大が問題となる. 多段階反応の複数の反応経路を得るために は、低コストで簡便な Microiteration 法と精度の高い自由エネルギー摂動法などのサンプリング法の 利点を兼ね備えた手法が必要である。そこで、本研究では巨大分子系の多数の反応経路を系統的に調 べるために、複数の周囲環境を考慮した Multistructural Microiteration (MSM)法を新たに提案し種々 の溶液中の反応経路解析へ適用した.

【理論】通常の ONIOM 法における Microiteration 法は,QM 領域の座標を固定し周囲構造(1)式右辺 第3項)を MM 計算により構造最適化後,QM 領域を最適化する.

$$E = E^{\text{model-high}} - E^{\text{model-low}} + E^{\text{real-low}}$$
 1)

本研究で提案する MSM 法は,一つの QM 構造に対して複数の周囲構造を考慮する.エネルギー表式 を以下に示す.

$$E = E^{\text{model-high}} - E^{\text{model-low}} + \sum_{i=1}^{N} E_i^{\text{real-low}} \frac{\exp[-\beta E_i^{\text{real-low}}]}{\sum_{j=1}^{N} \exp[-\beta E_j^{\text{real-low}}]}$$
(2)

ここで、N は考慮する周囲構造数を示し予め与えられているものとする.この手法では、N 個の周囲 構造に対して Mictoiteration を行い、2)式第3項に示す重み付けを行い、最後に2)式全体を計算する. これにより、QM 計算を増加することなく複数の周囲構造を考慮した最適化が可能となる. 【計算方法】溶液中の異性化反応例としてアラニンジペプチ ドを用いた[7,8]. 周囲構造はレプリカ交換 MD を用いて緩和 させた後,エネルギーの低い 10 個の構造を用いた. QM 領 域にはアラニンジペプチドを 1 分子, MM 領域には水 1944 分子を配置した.QM 計算は MP2/cc-pVDZ, MM 計算には, general AMBER force field および制限静電ポテンシャル法に よって得られた電荷を使用した.反応経路解析は AFIR 法 [4,9] により 探索し,エネルギー 勾配計算 および各



MicroiterationはGaussian09プログラムで行い,反応中心の構造最適化はMSM法を組み込んだGRRM プログラムにより行った.

【結果】MSM 法では式 2)に示すように β 中の温度を予め設定する必要があるため、温度依存性について解析した.このとき、β 中の温度はどの程度の構造を取り入れるかのパラメータであり、実際の実験 温度には対応しない.表1には従来の ONIOM 法と MSM 法による全エネルギーを示し、図 2 には構 造最適化中の周囲構造の重み係数の変化を示す.図中の"Point"は周囲構造のラベルを示す.図 2a)から、300 K では最も低エネルギーの Point 1 の構造が 0.8 から 1 付近の値を持っていることがわかる. これは、他の周囲構造が最適化中にほとんど考慮されていないことを意味する.従来の ONIOM 法と 比較するとほぼ同じエネルギーがえられていることから、300 K では従来の方法と同じ結果が得られる ことがわかった.一方、5000 K では低エネルギーである Point 1 の構造が最も大きい重み係数を持つ が Point 2、3 および 4 も係数を持つことがわかる. さらに 10000 K では、多くの周囲構造が 0.1 前後

の重み係数を持ち,5000 K に比べ てより多くの周囲構造の寄与が取 り込まれていることがわかる.こ の手法では,高いエネルギーの周 囲構造も考慮するため全エネルギ

当日発表する.



ONIOM

-529.37488

-529.20201

a) Harminic frequencues were computed at 298 K.

MSM temperature

Energy(a.u.)

Free Energy(a.u.)<sup>a)</sup>



表 1. 従来の ONIOM 法と MSM 法の C7eq の構造最適化の比較.

2000

300

MSM method

5000

-529.37488 -529.36875 -529.36454 -529.36394 -529.36368

-529.20204 -529.19525 -529.19130 -529.19069 -529.19039

10000

20000

[1] L. W. Chung, W. M. C. Sameera, R. Ramozzi, A. J. Page, M. Hatanaka, G. P. Petrova, T. V. Harris, X. Li, Z. Ke, F. Liu, H.-B. Li, L. Ding, and K. Morokuma, *Chem. Rev.*, **115**, 5678 (2015). [2] T. Vreven, M. J. Frisch, K. N. Kudin, H. B. Schelegel, and K. Morokuma, *Mol. Phys.*, **104**, 701 (2006). [3] M. Lundberg, T. Kawatsu, T. Vreven, M. Frisch, and K. Morokuma, *J. Chem. Theor. Comp.*, **5**, 222 (2009). [4]S. Maeda and K. Morokuma, *J. Chem. Phys.*, **132**, 241102 (2010). [5] S. Maeda, E. Abe, M. Hatanaka, T. Taketsugu, and K. Morokuma, *J. Chem. Theor. Comp.*, **8**, 5058 (2012). [6] N. Okumura0Yoshida, K. Kataoka, M. Nagaoka, and T. Yamabe, J. Chem. Phys., **113**, 3519 (2000). [7] Z-X Wang and Y. Duan, J. Comp. Chem., **25**, 1699 (2004). [8] R. Jono, Y. Watanabe, K. Shimizu, and T. Terada, J. Comp. Chem., **31**, 1168 (2010). [9] S. Maeda, Y. Harabuchi, M. Takagi, T. Taketsugu, and K. Morokuma, *Chem. Rec., in press*[DOI: 10.1002/tcr.201600043].