Corso di Laurea Magistrale in Scienze Chimiche, Curriculum "Struttura, dinamica e reattività chimica"

Struttura e Dinamica Molecolare di Sistemi Biologici - 2009/2010

Laboratorio 6 - (18 dicembre 2009)

# Simulazioni MD-REM di GPM12

# 1 Descrizione

Si applica il metodo di scambio di repliche (REM) ad una simulazione MD. Il metodo adottato è lo "Hamiltonian Replica Exchange": le varie repliche, invece di avere temperatura crescente, hanno potenziale scalato di un fattore decrescente. Il risultato è lo stesso, ma così

- si riduce il flusso di dati che vengono scambiati.
- si lavora sempre a temperatura ambiente: le molecole non sono calde e non c'è bisogno di ridurre il time step, o simili

Nella terminologia del programma ORAC, una "replica" (1, 2, ..., n) individua un determinato campo di forze, cioè fattore di scala del potenziale; ciascuna **traiettoria**, che viene registrata su una directory separata (PAR0000 ...), è soggetta via via a scambi di potenziale, cioè di replica. Per ricostruire la statistica della replica 1 (a potenziale pieno) si devono raccogliere tratti di traiettoria della replica nelle varie directory.

I dati aggiuntivi necessari per una simulazione MD-REM sono:

- 1. numero di repliche
- 2. fattore di potenziale di ciascuna replica
- 3. l'intervallo di tempo per i tentativi di scambio

# 2 Esecuzione

### 2.1 preparare ambiente parallelo e dati

Si deve usare la versione parallela di ORAC (ad es. orac-p) e gestire l'esecuzione parallela con MPI

1. preparare un file mpd.hosts contenente la lista dei nodi da usare:

```
nd12
nd14
nd17
nd18
```

2. far partire MPI con il numero di nodi richiesto (N.B. ogni nodo ha più processori; il numero delle repliche viene specificato quando si lancia il programma):

```
#> mpdboot -n 4
```

3. input (partenza fredda)

Nella riga SETUP si specifica soltanto il valore minimo del fattore di scala del potenziale (0.75); i fattori sono scalati in modo uniforme nell'intevallo 1-0.75

Con valori dell'ultimo parametro  $\neq 1$  i fattori sono letti dal file REM.set (= 2), oppure ricavati da un restart (= 0).

#### 4. lanciare il job parallelo

Per lanciare il programma con 16 repliche:

```
\#> mpiexec -n 16 orac-p < rem-cold.in
```

#### 5. restart

Per proseguire un run precedente, oltre al normale input per un restart (nei blocchi &RUN e &INOUT) va modificato7 anche il blocco &REM specificando che si tratta di un restart:

# 2.2 Simulazioni

- NVT (con NpT nella replica più "calda" l'acqua bolle)
- 8 repliche
- $\bullet\,$ tempo totale = 20 ns, in tratti di 1 ns l'uno
- due simulazioni:
  - partendo da struttura piegata
  - partendo da struttura elongata