#### NMR

#### Nuclear Magnetic Resonance

$$\begin{cases} E = -\vec{\mu}_m \cdot \vec{H} \\ \frac{d\vec{L}}{dt} = \vec{\mu}_m \wedge \vec{H} \end{cases}$$

Energia (E) di una particella dotata di momento magnetico ( $\mu$ ) in un campo magnetico (H)

Variazione di momento angolare (L) di una particella dotata di momento magnetico ( $\mu$ ) in un campo magnetico (H)

Il momento magnetico di un nucleo dipende dallo spin nucleare (I)

Se il campo magnetico è diretto lungo la direzione z:

$$\vec{\mu}_m = \gamma \vec{I} \Longrightarrow \mu_{m\hat{z}} = \gamma \hbar m_I$$

$$m_I = I, (I-1), ..., -I$$
  $2I+1$  valori

### Nuclei sensibili a spettri NMR

Nuclei maggiormente ricorrenti nei sistemi biologici: <sup>1</sup>H, <sup>12</sup>C, <sup>16</sup>O, <sup>14</sup>N, <sup>31</sup>P, <sup>32</sup>S

$$\vec{\mu}_m = \gamma \vec{I} \Rightarrow \mu_{m\hat{z}} = \gamma \hbar m_I$$

i nuclei con I semintero e maggiore di  $\frac{1}{2}$  hanno un momento di quadrupolo elettrico che riduce il tempo di vita degli stati magnetici rendendo difficoltoso il loro studio.

1

Sottoporre un nucleo ad un campo magnetico genera una sua *polarizzazione* (un allineamento del dipolo magnetico lungo la direzione del campo). Si generano diversi livelli di energia del nucleo nel campo magnetico dipendenti dal suo spin :

$$E(m_I) = -\gamma \hbar m_I H$$

La separazione tra 2 livelli energetici (entità della *polarizzazione*) dipende dall'intensità del campo magnetico:



La differente occupazione di 2 livelli energetici dipende dal fattore di Boltzmann:

$$\frac{n(+1/2)}{n(-1/2)} = \exp(-\frac{\Delta E}{kT}) \approx 1 - \frac{\gamma \hbar H}{kT}$$

In un campo magnetico di 10000 gauss (=1 tesla) il rapporto tra le due occupazioni è solamente pari a 1.000007 ⇒ servono *campi molto intensi* per separare in modo apprezzabile i livelli energetici 3

### Tecnica sperimentale

Campo magnetico fisso, molto intenso:

$$\vec{H} = H\hat{z}$$

Polarizzazione ⇒ separazione di stati con diverso orientamento di spin nucleare: differente energia

$$\Delta E$$

#### Ţ

Campo magnetico oscillante perpendicolare a  $\vec{H} = H\hat{z}$ 

genera le transizioni tra stati a differente energia che producono il segnale misurato sperimentalmente. Ovviamente la frequenza di tale campo deve essere proporzionale a  $\Delta E$ 

Energia del campo magnetico oscillante:  $hv = \Delta E$ 

### Modello classico



Applichiamo ora un campo e. magnetico oscillante (con freguenza di Larmor = radio frequenza) e perpendicolare a z:  $\vec{H}_{x}(t)$ 

 $\bar{H}_{r}(t)$  genera M'

 $\frac{d\vec{M}}{dt} = \vec{M} \wedge \gamma \vec{H}$ 



di Larmor = segnale misurabile

da un detector a bobina

Il sistema cambia la sua magnetizzazione  $\rightarrow M \rightarrow M - m_z \rightarrow fa$  una transizione da un valore di spin nucleare ad un altro: assorbe energia!

Il campo magnetico perpendicolare H<sub>x</sub> oscillante alla frequenza di Larmor genera delle transizioni

 $\vec{m}_{y} \wedge \gamma \vec{H}_{y} \Rightarrow \vec{m}_{z}$ 

# Equazioni di Bloch

2 differenti tempi di rilassamento:

$$M_z = \overline{M}_z (1 - \exp(-t/T_1)) \qquad \qquad M_{x,y} = \overline{M}_{x,y} (\exp(-t/T_2))$$

Quando spegnamo i campi magnetici abbiamo delle equazioni di rilassamento:

$$\frac{dM_z}{dt} = -(M_z - \overline{M}_z)/T_1$$

T<sub>1</sub> longitudinal relaxation time accoppiamento spin-ambiente: spin-lattice  $\frac{dM_{x,y}}{dt} = -M_{x,y}/T_2$ 

 $T_2$  transverse relaxation time, allargamento delle linee spettrali:

8

$$\Delta v = \frac{1}{\pi T_2} \approx 0.1 \ Hz$$

Quando i campi magnetici sono presenti abbiamo delle equazioni che descrivono la variazione della magnetizzazione indotta dal campo magnetico:

$$\frac{dM}{dt} = \vec{M} \wedge \gamma \vec{H} + rilassamento$$
<sup>7</sup>

campo magnetico perpendicolare a z che ruota con frequenza di Larmor:

$$\begin{cases} H_x = H_{xy} \cos \omega t \\ H_y = -H_{xy} \sin \omega t \end{cases} \xrightarrow{\vec{H}_{xy}(t)} \hat{y} \qquad \frac{d\vec{M}}{dt} = \vec{M} \wedge \gamma \vec{H} + rilassamento \\ \frac{d\vec{M}}{dt} = \gamma \begin{pmatrix} \hat{i} & \hat{j} & \hat{k} \\ M_x & M_y & M_z \\ H_x & H_y & H_z \end{pmatrix} + rilassamento = \\ = \gamma \hat{i} (M_y H_z - M_z H_y) + \dots = \hat{i} \left[ \gamma M_y H_z + \gamma M_z H_{xy} \sin \omega t - \frac{M_x}{T_2} \right] + \dots$$

$$\begin{cases} \frac{dM_x}{dt} = \left[\gamma M_y H_z + \gamma M_z H_{xy} \sin \omega t - \frac{M_x}{T_2}\right] \\ \frac{dM_y}{dt} = \left[-\gamma M_x H_z + \gamma M_z H_{xy} \cos \omega t - \frac{M_y}{T_2}\right] \\ \frac{dM_z}{dt} = \left[-\gamma M_x H_{xy} \sin \omega t - \gamma M_y H_{xy} \cos \omega t - \frac{M_z - \overline{M}_z}{T_1}\right] \end{cases}$$
 Equazioni di Bloch

Consideriamo un sistema di riferimento ruotante

$$\vec{H}_{xy} = H_{xy}\hat{u}$$

$$\vec{M} = \vec{M}_{xy} + \vec{M}_{z} = \hat{i}M_{x} + \hat{j}M_{y} + \hat{k}M_{z} = \hat{u}u + \hat{v}v + \hat{k}M_{z}$$

$$\hat{u} = \hat{i}\cos\omega t - \hat{j}\sin\omega t$$

$$\hat{u} = \hat{i}\cos\omega t - \hat{j}\sin\omega t$$

$$\begin{cases} \hat{u} = \hat{i}\cos\omega t - \hat{j}\sin\omega t$$

$$\hat{v} = \hat{i}\sin\omega t + \hat{j}\cos\omega t$$

$$\begin{cases} M_{x} = u\cos\omega t + v\sin\omega t$$

$$M_{y} = -u\sin\omega t + v\cos\omega t$$
sist. di rif. ruotante
$$\frac{d\vec{M}}{dt} = \vec{M} \wedge \gamma \vec{H} + rilassamento$$

$$\frac{d\vec{M}}{dt} = \gamma \begin{pmatrix} \hat{u} & \hat{v} & \hat{k} \\ u & v & M_{z} \\ H & 0 & H \end{pmatrix} + rilassamento = 0$$

$$\frac{d\vec{M}}{dt} = \vec{M} \wedge \gamma \vec{H} + rilassamento \qquad \qquad \frac{d\vec{M}}{dt} = \gamma \begin{pmatrix} u & v & K \\ u & v & M_z \\ H_{xy} & 0 & H_z \end{pmatrix} + rilassamento =$$

$$\frac{d\vec{u}}{dt} + \frac{d\vec{v}}{dt} + \frac{d\vec{M}_z}{dt} = \frac{du}{dt}\hat{u} + \frac{d\hat{u}}{dt}u + \dots = \frac{du}{dt}\hat{u} - \omega u\hat{v} + \frac{dv}{dt}\hat{v} + v\omega\hat{u} + \dots = \frac{du}{dt}\hat{u} - \omega u\hat{v} + \frac{dv}{dt}\hat{v} + v\omega\hat{u} + \dots = \frac{du}{dt}\hat{u} + \frac{du}{dt}\hat{v} + \frac{du}{dt}\hat{$$

$$= \hat{u}v\gamma H_z + \hat{v}\gamma (M_z H_{xy} - uH_z) - \hat{k}v\gamma H_{xy} + rilassamento$$

9

# Equazioni di Bloch nel sistema di riferimento rotante

$$\begin{cases} \frac{du}{dt} = \left[\gamma H_z v - \omega v - \frac{u}{T_2}\right] = \left[(\omega_0 - \omega)v - \frac{u}{T_2}\right] \\ \frac{dv}{dt} = \left[-\gamma H_z u + \gamma M_z H_{xy} + \omega u - \frac{v}{T_2}\right] = \left[(\omega - \omega_0)u + \gamma M_z H_{xy} - \frac{v}{T_2}\right] \\ \frac{dM_z}{dt} = \left[\gamma v H_{xy} - \frac{M_z - \overline{M}_z}{T_1}\right] \end{cases}$$

se  $\omega \approx \omega_0 = \gamma H_z$  stato stazionario = magnetizzazione costante:  $\Rightarrow \frac{du}{dt} = \frac{dv}{dt} = \frac{dM_z}{dt} = 0$ 

$$\vec{H}_{xy} = H_{xy}\hat{u}$$

quando siamo nella condizione di risonanza:  $\omega$  =  $\omega_{\scriptscriptstyle 0}~$  e <code>u=O</code>

1. Si applica un campo magnetico  $H_z$ 

2. Si applica un impulso perpendicolare ad  $H_z$  di durata sufficiente a ruotare M di 90° (M  $\rightarrow$  M<sub>xy</sub>)

$$\frac{d\vec{M}}{dt} = \vec{M} \wedge \gamma \vec{H}$$

$$\vec{M} \rightarrow \vec{M}' = \vec{M}_{xy}$$

$$\vec{H}_{x}(t)$$

$$\hat{\chi}$$

$$\vec{M} \rightarrow \vec{M}' = \vec{M}_{xy}$$

11

3. L'impulso si spegne e si misura la magnetizzazione che, ruotando con freq. di Larmor, ritorna a  $M \rightarrow$  si misura la freq. di Larmor

si misurano tutte le freq. di Larmor nel sistema  $\omega = \gamma H$ 

Spettri monodimensionali

Viene prodotto un impulso di frequenza v (per esempio lungo x) con durata temporale pari a  $t_0$ . Si può dimostrare che tale impulso contiene tutte le frequenze comprese nell'intervallo v $\pm 1/t_0$ .

### Segnale NMR

Il segnale è proporzionale a  $v\omega_0$ 

a sua volta v è proporzionale alla magnetizzazione  $\overline{M}_z$ 

se consideriamo un nucleo con spin ½ si ha:

 $\overline{M}_{z} = \mu(N_{1/2} - N_{-1/2})$ 

considerando la distribuzione di Boltzmann:

$$\overline{M}_{z} = \mu N(\exp(\frac{\mu H}{kT}) - \exp(\frac{-\mu H}{kT})) \approx \mu N\left(2\frac{\mu H}{kT}\right)$$

SEGNALE 
$$\propto \mu^2 N\left(\frac{H^2}{kT}\right)\left(\frac{\gamma^2 H_{xy}T_2}{1+T_2^2(\omega_0-\omega)^2+\gamma^2 H^2_{xy}T_1T_2}\right)$$

SEGNALE 
$$\propto \mu^2 N \left(\frac{H^2}{kT}\right)$$

~
З
-

# Caratteristiche degli spettri NMR

si misurano tutte le freq. di Larmor nel sistema  $\omega = \gamma H$ 

#### Chemical shifts:

Il campo magnetico "sentito" dalle particelle non è quello applicato ma dipende dall'intorno chimico delle particelle stesse:

$$H' = H - \sigma H$$



 $H' = H(1 - \sigma) \le H$  effetto di schermo degli elettroni

 $v = \frac{\gamma H(1 - \sigma)}{2\pi}$  piu alta e' la schermatura piu v e' piccolo

Si usa descrivere gli spettri in funzione del parametro di chemical shift  $\delta$ :



δ cresce (diminuisce lo schermo, aumenta la frequenza di Larmoor) quando i protoni sono legati a gruppi che tendono a catturare gli elettroni: esempio: per gli idrogeni del CH3:

δ(CH3-CH3)=1, δ(CH3-OH)=4

Se H=50 kgauss (=5 tesla)  

$$v_{ref} \approx 220 MHz$$
  $\Delta v \approx 0 \div 2500 Hz$   $\delta \approx 0 \div 10 ppm$ 

Il parametro che descrive lo shift chimico dipende da 3 differenti fattori:

$$\sigma = \sigma_1 + \sigma_2 + \sigma_3 \qquad \qquad H' = H - \sigma H$$

- $\sigma_1$  è maggiore di 0 e dipende dalla *polarizzazione diamagnetica* della corrente di elettroni che circondano il nucleo.
- $\sigma_2$  è determinato da *effetti paramagnetici* degli atomi vicini con un contributo minore di *effetti diamagnetici*, può essere positivo o negativo.
- $\sigma_3$  è determinato dalle correnti interatomiche e può essere maggiore o minore di 0.

#### Esempio:

Il benzene ha un  $\sigma$  negativo generato dalle correnti degli elettroni  $\pi$  che caratterizzano la molecola (downfield shift).



il legame idrogeno D—H - A provoca una diminuzione dello schermo diamagnetico indotto su H ( $\sigma$  negativo, downfield shift).

17

# Effetti dell'interazione spin-spin

Lo stato di spin nucleare degli idrogeni vicini induce uno splitting delle righe nello spettro NMR:



Il picco NMR dei 2 idrogeni di  $CH_2$  (metilene) sarà splittato in 4 picchi a causa della presenza dei 3 idrogeni di  $CH_3$  (metile)

Il rapporto di altezza dei picchi splittati dipende dalla probabilità dei vari stati di spin degli atomi vicini.

Il numero dei multipletti e la loro relativa intensità ( = occupazione relativa degli stati di spin) può essere previsto facilmente nel caso in cui

 $J \leq 0.1 \Delta v$ 

# Costante di accoppiamento spin-spin: J

La costante di accoppiamento spin-spin (accoppiamento scalare) dipende dall'angolo diedro:





#### NOE: Nuclear Overhauser Enhancement

Sistema di 2 nuclei con y differenti.

- 1. Una radiofrequenza saturante viene prodotta per polarizzare il nucleo con γ maggiore (S).
- 2. Rilassamento per cui la polarizzazione passa all'altro nucleo (I)



NOE: modulazione dell'accoppiamento dipolo-dipolo dei 2 spin nucleari da parte del moto browniano





# Spettri 2D, struttura di proteine





Ci sono 3 tipi di trasferimento di magnetizzazione che vengono utilizzati per lo studio delle proteine fino a 10 kD: 2D COSY, 2D TOCSY, 2D NOESY

Trasferimento di magnetizzazione: la magnetizzazione viene trasferita dal primo al secondo nucleo. Il trasferimento avviene per accoppiamento scalare o per interazione dipolare (Nuclear Overhauser Effect, NOE)

# Spettri 2D: trasferimento di magnetizzazione



Prima del primo impulso il sistema è in equilibrio:

$$\vec{M} = \begin{pmatrix} 0 & 0 & M_{A0} \end{pmatrix}$$

1. Il primo impulso lungo y produce una componente di magnetizzazione lungo x

Tra il primo e il secondo impulso la magnetizzazione perpendicolare a z ruota nel piano e decade con un periodo caratteristico  $T_2$ . Tale stato è detto *evoluzione* 

Prima del secondo impulso la magnetizzazione sul piano sarà:

$$\vec{M} = \left( M_{A0} \exp(-t_1/T_{2A}) \cos\Omega_A t_1 - M_{A0} \exp(-t_1/T_{2A}) \sin\Omega_A t_1 - 0 \right)$$

2. Il secondo impulso lungo y agisce sulla componente di magnetizzazione lungo x generando una magnetizzazione lungo z che decade con un periodo caratteristico  $T_1$ .

$$M_{x}(t) = M_{A0} \exp(-t_{1}/T_{2A}) \cos\Omega_{A} t_{1} \exp(-t_{m}/T_{1A})$$

3. Il terzo impulso lungo y produce ancora una componente di magnetizzazione perpendicolare a z:

$$M_{\mathcal{A}}^{+}(t) = M_{\mathcal{A}0} \exp(-t_{1}/T_{2\mathcal{A}}) \cos \Omega_{\mathcal{A}} t_{1} \exp(-t_{m}/T_{1\mathcal{A}}) \exp[t_{2} (i\Omega - 1/T_{2\mathcal{A}})] \qquad t_{2} = t - t_{m} - t_{1}$$
25





Sistema con due atomi indipendenti: 2 picchi lungo la diagonale:  $\omega_1 e \omega_2$ 

Sistema con due atomi interagenti: 2 picchi lungo la diagonale:  $\omega_1 e \omega_2$  più due picchi dovuti al trasferimento di magnetizzazione.





Segnale di interazione tra i 2 nuclei: fonte primaria di dati nell'esperimento 2D

Sulla diagonale: dati di magnetizzazione che non sono stati cambiati dal mixing = conservano la stessa frequenza in entrambe le dimensioni



#### 2D COSY: accoppiamento tra atomi vicini





H-5 → H-3 → H-10 → OH H-10 -> H-9 H-3 → H-16 H-16 → H-11

#### 2D TOCSY (Total Correlation Spectroscopy): la magnetizzazione è maggiormente dispersa grazie a successivi accoppiamenti scalari)



Con questa tecnica è possibile individuare segnali caratteristici utili ad identificare i differenti amminoacidi



2D NOESY (Usa l'interazione dipolare degli spin: l'effetto Overhauser nucleare: NOE)

L'intensità dei picchi è proporzionale a 1/r<sup>6</sup> (dist. inferiori a 5 Å)



# Analisi di uno spettro NMR, NOESY

Assegnazione delle risonanze: ciascun picco di risonanza è assegnato ad un particolare protone.



Identificazione dei 5 amminoacidi con un pattern specifico di cross signals (gruppi metile -CH<sub>3</sub>):



Contatti sequenziali tra gli amminoacidi già identificati Analisi dello spettro 2D NOESY



I dipeptidi identificati si prolungano in oligopeptidi.

La connettività si interrompe quando si incontrano delle proline. Infatti esse non hanno l'idrogeno amminico:



Comunque, se la prolina (i) è in configurazione *trans*, si può apprezzare un cross signal tra  $H_N(i-1)-H_d(i) \in H_a(i-1)-H_d(i)$ .

33

### Analisi delle distanze

Le distanze tra atomi vengono ricavate dall'intensità dei picchi dopo la calibrazione per segnali *NOE* che vengono da distanze note

NOE class	distance [Å]	upper bound [Å]
very strong	2.3	2.5
strong	2.8	3.1
medium	3.1	3.4
weak	3.5	3.9
very weak	4.2	5.0

I picchi da assegnare superano facilmente i 1000 per proteine di 120 a.a.

Si distinguono 2 regioni. La prima tra cross picchi di aa. distanti non più di 5 aa. (range medio) utili a ricavare la posizione della catena principale e dunque le strutture secondarie.



 $J(phi) = A * \cos^2(phi - 60) - B * \cos(phi - 60) + C$ 

35

### Calcolo della struttura terziaria

Si determinano sperimentalmente distanze e angoli di torsione

Si usano i vincoli dati dalle distanze di legame note

Si calcola una struttura 3D casuale sulla base del dato sperimentale e dei vincoli

Si determina una funzione di *energia potenziale generalizzata*, che tenga conto del dato sperimentale e delle interazioni interne nella proteina

Si utilizza una procedura di simulated annealing per minimizzare l'energia potenziale del sistema

 $V = E_{empirical} + E_{effective} \qquad E_{effective} = E_{NOE} + E_{torsion}$  $E_{empirical} = E_{bond} + E_{angle} + E_{dihedral} + E_{vdw} + E_{elect}$ 

### Lo stato dell'arte: spettroscopia TROSY (Transverse Relaxation-Optimised Spectroscopy)

L'NMR ha dei grossi problemi nell'analisi di proteine con massa maggiore di 25 kDa:

• Il grande numero di risonanze causa sovrapposizione del segnale. Problema risolvibile con parziale deuterazione

• Il segnale NMR per molecole più grandi tende a decadere più velocemente: allargamento dei picchi. Problema risolvibile con TROSY



37

Con la tecnica TROSY il rilassamento effettivo può essere ridotto sia durante la fase di preparazione che durante la fase di acquisizione si è arrivati alla struttura di proteine di 900 kDa.

L'interferenza tra *due differenti meccanismi di rilassamento* può essere additiva o può determinare una effettiva sottrazione

Sostituendo nella catena polipeptidica <sup>15</sup>N (massa dispari e carica dispari, spin semintero) si ha un accoppiamento scalare <sup>1</sup>H-<sup>15</sup>N che determina la presenza di 2 picchi per ogni idrogeno.

Tali picchi sono legati a tempi di decadimento differenti (hanno larghezza diversa) e vengono riuniti in uno negli esperimenti classici.

La tecnica TROSY seleziona il picco più stretto (si perde così la metà del segnale). La tecnica funziona meglio con proteine aventi massa maggiore di 20 kDa



# MRI: magnetic resonance imaging

La tecnica si basa sulla variazione del campo magnetico in funzione della posizione nello spazio

$$v = \gamma(B_0 + Gx) = v_0 + \gamma Gx \qquad \Rightarrow x = \frac{v - v_0}{\gamma G}$$

Volendo un'immagine sul piano xy si applica un gradiente di campo magnetico lungo la direzione y e si registrano più spettri man mano che il vettore y viene ruotato.



Una volta soppresso il background si può visualizzare un immagine