

# PA054: Formální modely v systémové biologii

David Šafránek

2.5.2012

Tento projekt je spolufinancován Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky.



## *Obsah*

*Algebraický přístup k modelování biochemických reakcí*

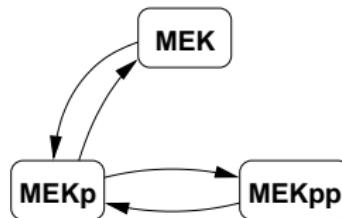
# *Princip modelování*

## *Substráty – molekuly*

- populace interagujících molekul
- každou molekulu (proteinu) lze popsat stavově
  - stav zachycuje konfiguraci vazebných míst
  - volná vazebná místa
  - vazebná místa obsazena jinou molekulou (dimerizující stavy)



- formalizace prostřednictvím sekvenčního procesu:



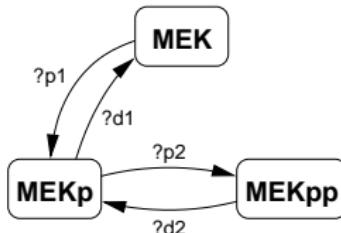
# *Princip modelování*

## *Substráty – molekuly*

- populace interagujících molekul
- každou molekulu (proteinu) lze popsat stavově
  - stav zachycuje konfiguraci vazebných míst
  - volná vazebná místa
  - vazebná místa obsazena jinou molekulou (dimerizující stavy)



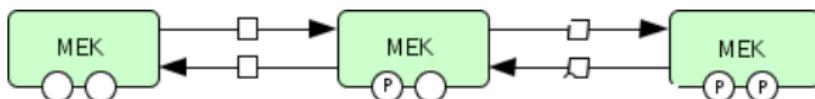
- formalizace prostřednictvím sekvenčního procesu:



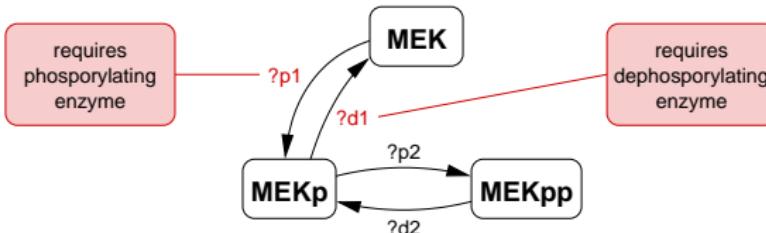
# Princip modelování

## Substráty – molekuly

- populace interagujících molekul
- každou molekulu (proteinu) lze popsat stavově
  - stav zachycuje konfiguraci vazebných míst
  - volná vazebná místa
  - vazebná místa obsazena jinou molekulou (dimerizující stavy)

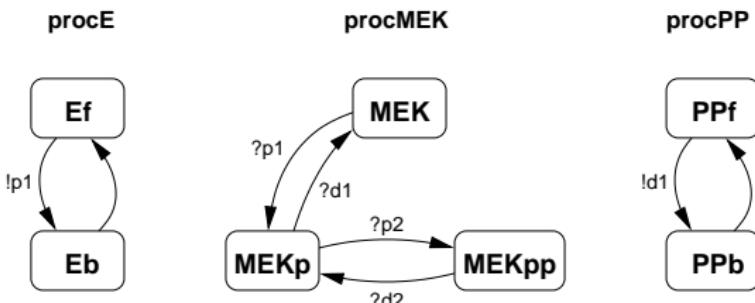


- formalizace prostřednictvím sekvenčního procesu:



# *Princip modelování*

## *Interakce*

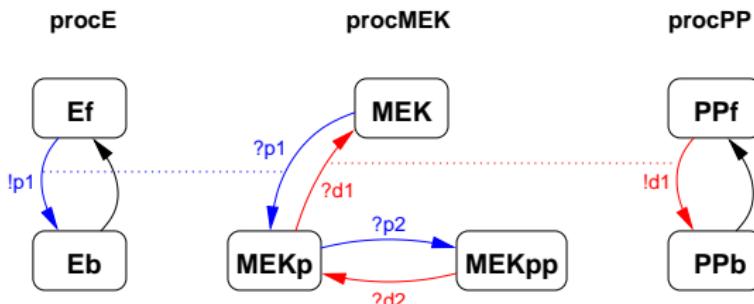


- paralelní chování procesů (molekul)
- binární synchronizace
- roztok lze modelovat jako populaci procesů:

$procMEK | procMEK | procE | procE | procE | procPP | procPP$

# *Princip modelování*

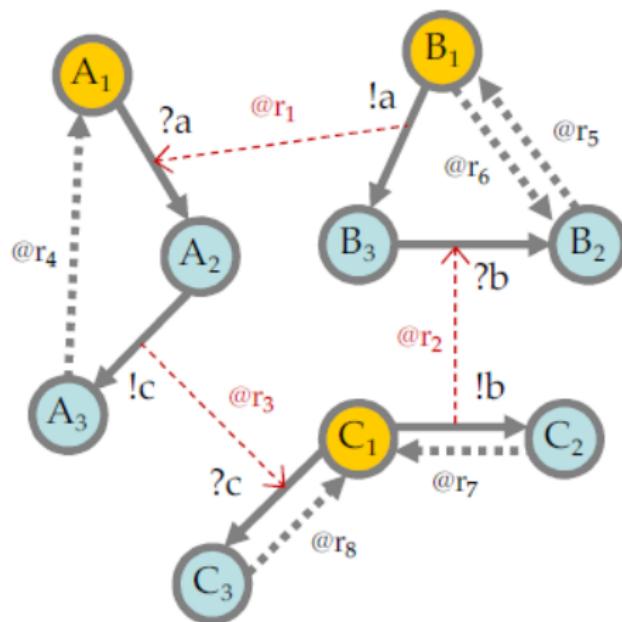
## *Interakce*



- paralelní chování procesů (molekul)
- binární synchronizace
- roztok lze modelovat jako populaci procesů:

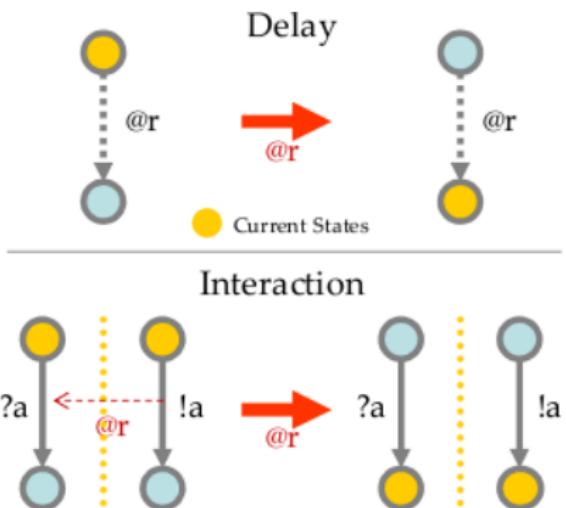
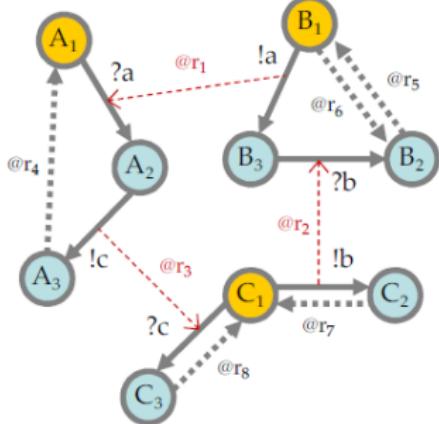
$procMEK | procMEK | procE | procE | procE | procPP | procPP$

# Molekuly jako komunikující automaty

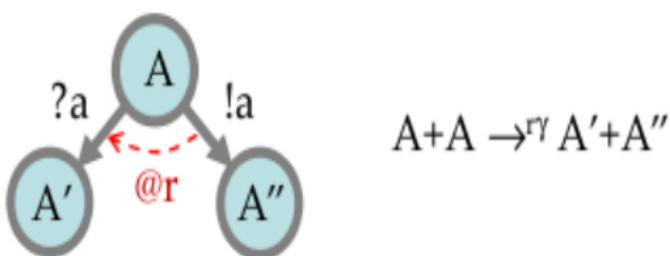
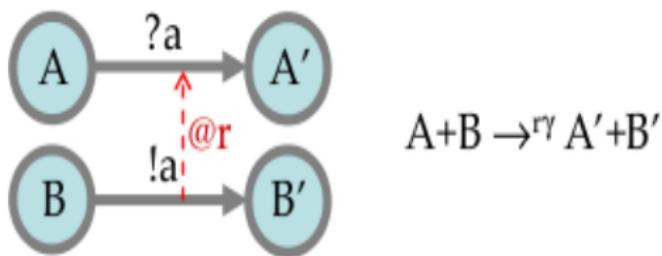
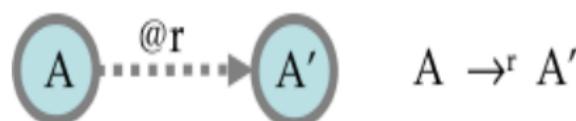


individuální přechody a synchronizace lze modelovat stochasticky  
(provedení přechodu v čase  $t \sim \text{Exp}(r_i)$ )

# Molekuly jako komunikující automaty



# Elementární reakce jako komunikující automaty



# *Elementární kalkulus pro popis (bio)chemických systémů*

## *Syntax*

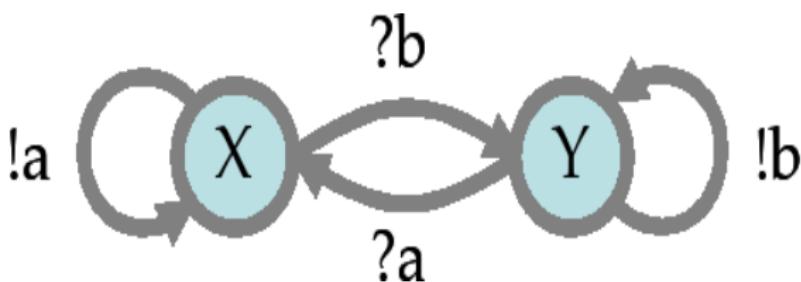
$E ::= 0 : X = M, E$	Reagents
$M ::= 0 : \pi; P \oplus M$	Molecule
$P ::= 0 : X \mid P$	Solution
$\pi ::= \tau_{(r)} : ?n_{(r)} : !n_{(r)}$	Interaction prefix
$CGF ::= E, P$	Chemical Ground Form

*Příklad*

$$X = !a_{(r)}; X \oplus ?b_{(s)}; Y$$

$$Y = !b_{(s)}; Y \oplus ?a_{(r)}; X$$

X | X | X | Y | Y



# Elementární kalkulus pro popis (bio)chemických systémů

## Sémantika

$$\begin{aligned}
 & \Rightarrow !x.P + M \xrightarrow{!x} P \\
 & \Rightarrow ?x.P + M \xrightarrow{?x} P \\
 & \Rightarrow \tau_r.P \xrightarrow{r} P \\
 P \xrightarrow{!x} P' \quad Q \xrightarrow{?x} Q' & \Rightarrow P|Q \xrightarrow{x} P'|Q' \\
 M \xrightarrow{\alpha} P' & \Rightarrow \pi.P + M \xrightarrow{\alpha} P' \\
 P \xrightarrow{\alpha} & \Rightarrow P|Q \xrightarrow{\alpha} P'|Q \\
 X = P \quad P \xrightarrow{\alpha} P' & \Rightarrow X \xrightarrow{\alpha} P'
 \end{aligned}$$

SOS pravidla definují fragment stochastického  $\pi$ -kalkulu

# *Rozšíření o předávání hodnot*

## *Syntax*

$E ::= 0 : X(p) = M, E$	Reagents
$M ::= 0 : \pi; P \oplus M$	Molecule
$P ::= 0 : X(p) \mid P$	Solution
$\pi ::= \tau_{(r)} : ?n(p) : !n(p)$	Interaction prefix
$CPF ::= E, P$	Chemical Parametric Form

Andrew Phillips, Luca Cardelli, and Giuseppe Castagna, A Graphical Representation for Biological Processes in the Stochastic Pi-calculus, in Transactions in Computational Systems Biology, vol. 4230, pp. 123–152, Springer, November 2006

# Rozšíření o předávání hodnot

## Sémantika

$$\begin{array}{c}
 \Rightarrow !x(n).P + M \xrightarrow{!x(n)} P \\
 \Rightarrow ?x(m).P + M \xrightarrow{?x(m)} P_{\{n/m\}} \\
 \Rightarrow \tau_r.P \xrightarrow{r} P \\
 \\ 
 \begin{array}{lll}
 P \xrightarrow{!x(n)} P' & Q \xrightarrow{?x(n)} Q' & \Rightarrow P|Q \xrightarrow{x} P'|Q' \\
 M \xrightarrow{\alpha} P' & & \Rightarrow \pi.P + M \xrightarrow{\alpha} P' \\
 P \xrightarrow{\alpha} & & \Rightarrow P|Q \xrightarrow{\alpha} P'|Q \\
 X(m) = P & P_{\{n/m\}} \xrightarrow{\alpha} P' \Rightarrow X(n) \xrightarrow{\alpha} P' &
 \end{array}
 \end{array}$$

SOS pravidla definují fragment stochastického  $\pi$ -kalkulu

# Příklad modelování genetické regulační sítě

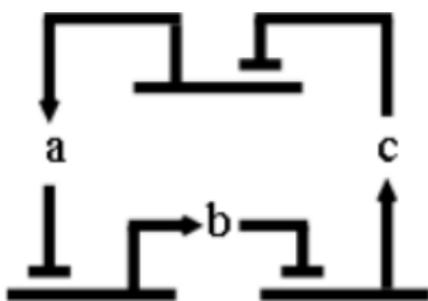


$$\text{Gene}(a, b) = \tau_t. (\text{Gene}(a, b) | \text{Protein}(b)) + ?a. \text{Blocked}(a, b)$$

$$\text{Blocked}(a, b) = \tau_u. \text{Gene}(a, b)$$

$$\text{Protein}(b) = !b. \text{Protein}(b) + \tau_d. 0$$

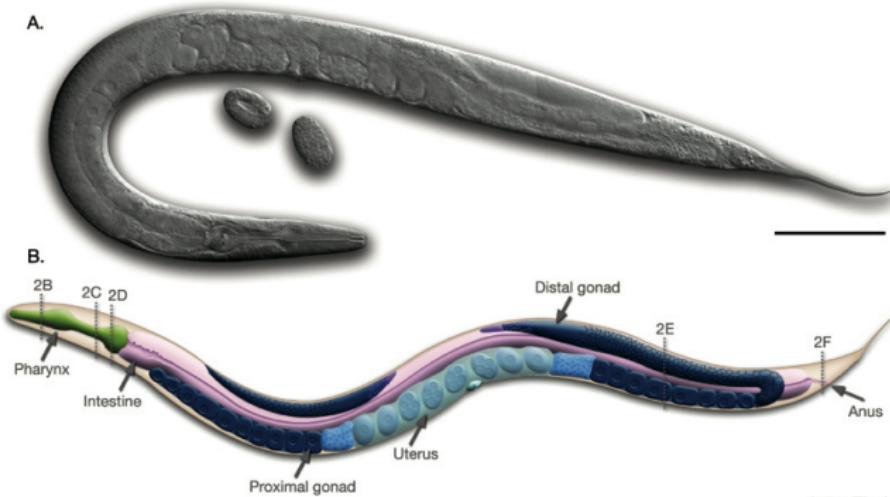
# Příklad modelování genetické regulační sítě



$Gene(c, a) | Gene(a, b) | Gene(b, c)$

# *High-level modelování*

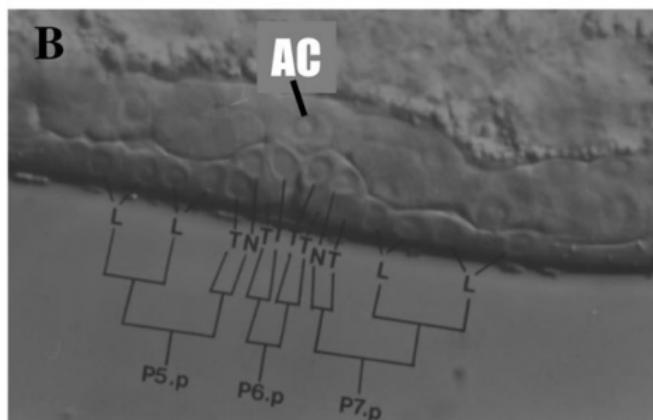
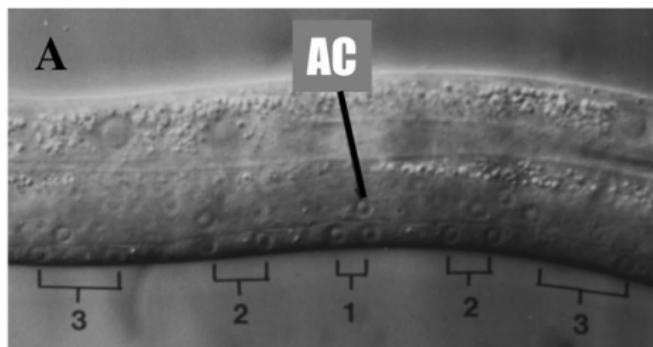
## *C. elegans*

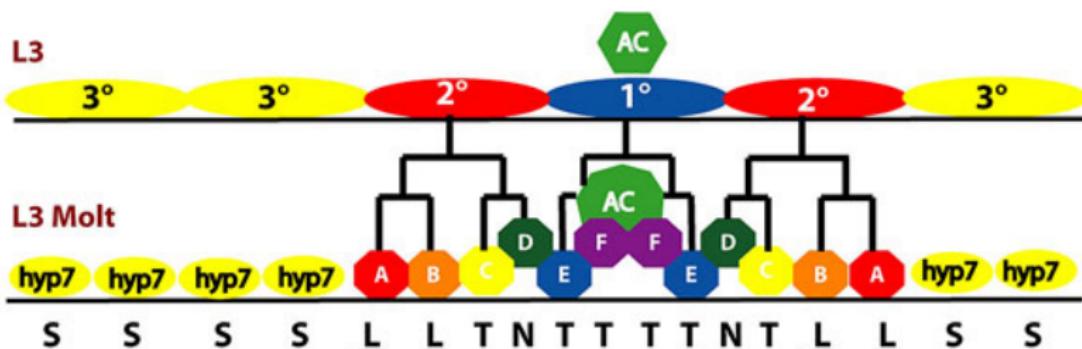
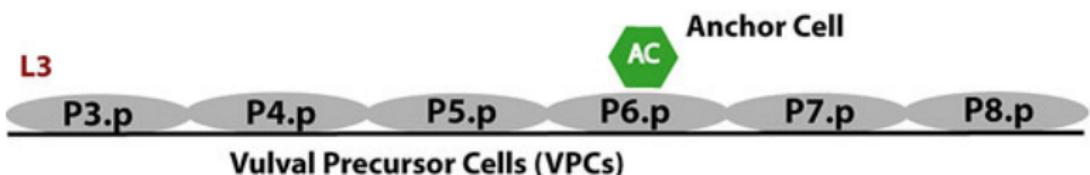


IntroFig1

# *High-level modelování*

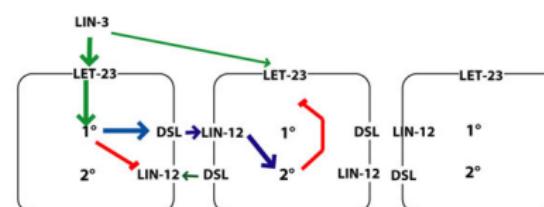
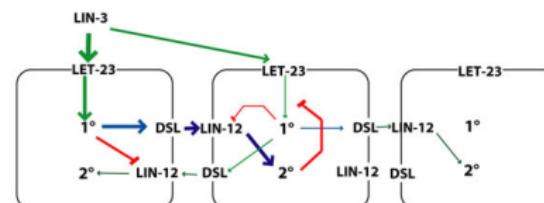
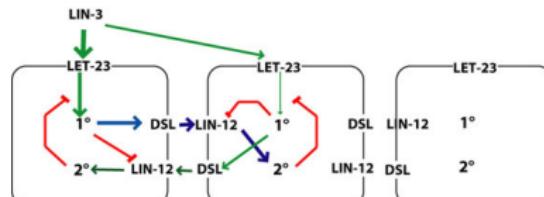
*C. elegans: vývoj vulvy*



*High-level modelování**C. elegans: vývoj vulvy*

# *High-level modelování*

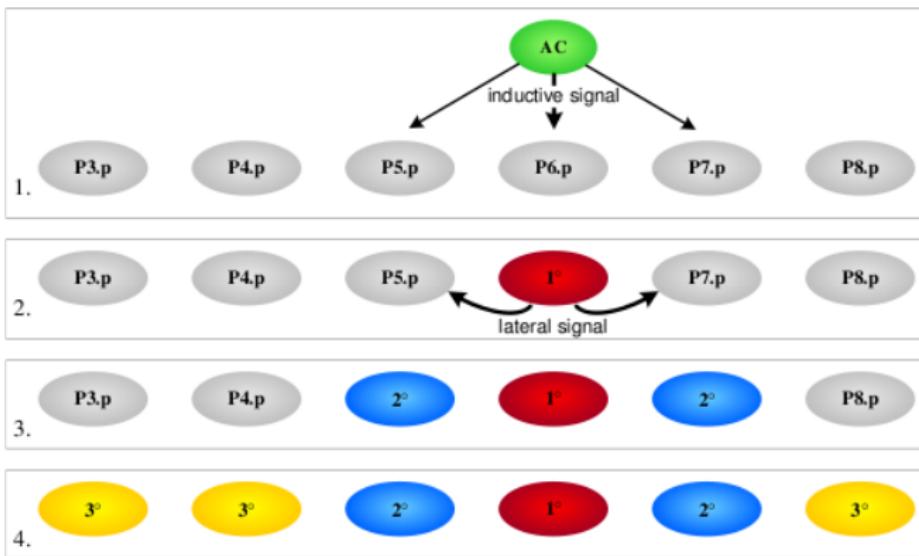
## *C. elegans: možné varianty signálních drah*



*LIN3* ... signál od řídící buňky (anchor cell, AC)  
*LIN12* ... laterální mezibuněčný signál

# *High-level modelování – interagující buňky*

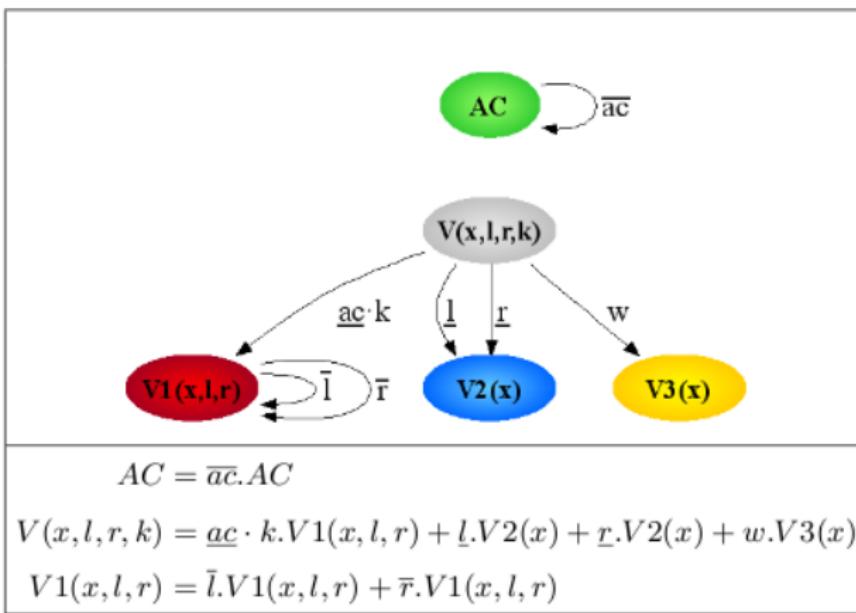
## Vývoj vulvy *C. elegans*



Andrew Phillips, A Visual Process Calculus for Biology, in Symbolic Systems Biology: Theory and Methods, Jones and Bartlett Publishers, 2010.

# High-level modelování – interagující buňky

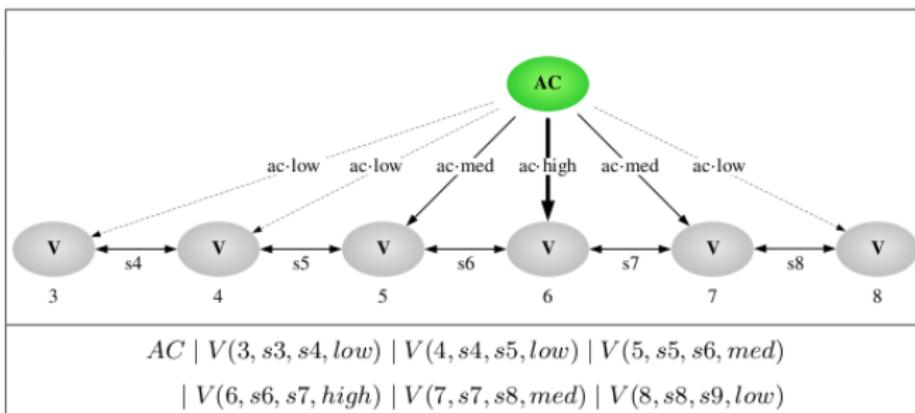
Vývoj vulvy *C. elegans*



$x$  ... č. buňky,  $l, r$  ... kanály laterálního signálu,  
 $k$  ... vzdálenost od AC (frekvence interakce s AC)

# *High-level modelování – interagující buňky*

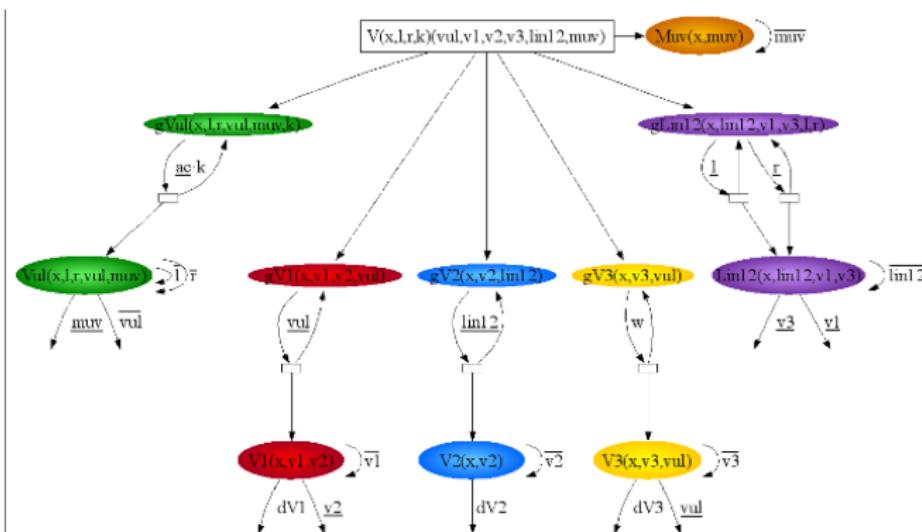
## Vývoj vulvy *C. elegans*



Andrew Phillips, A Visual Process Calculus for Biology, in Symbolic Systems Biology: Theory and Methods, Jones and Bartlett Publishers, 2010.

# High-level modelování – interagující buňky

Vývoj vulvy *C. elegans* – podrobný model



Andrew Phillips, A Visual Process Calculus for Biology, in Symbolic Systems Biology: Theory and Methods, Jones and Bartlett Publishers, 2010.

# *High-level modelování – interagující buňky*

## *Vývoj vulvy C. elegans – podrobný model*

$$V(x, l, r, k) = (vul, v1, v3, v3, lin12, muv)$$

$$( \text{ } gVul(x, l, r, vul, muv, k) \mid gLin12(x, lin12, v1, v3, l, r) )$$

$$\mid gV1(x, v1, v2, vul) \mid gV2(x, v2, lin12) \mid gV3(x, v3, vul) \mid Muv(x, muv))$$

$$gVul(x, l, r, vul, muv, k) = \underline{ac} \cdot k. (gVul(x, l, r, vul, muv, k) \mid Vul(x, l, r, vul, muv))$$

$$\begin{aligned} gLin12(x, lin12, v1, v3, l, r) &= \underline{l}. (gLin12(x, lin12, v1, v3, l, r) \mid Lin12(x, lin12, v1, v3) \\ &\quad + \underline{r}. (gLin12(x, lin12, v1, v3, l, r) \mid Lin12(x, lin12, v1, v3))) \end{aligned}$$

$$gV1(x, v1, v2, vul) = \underline{vul}. (gV1(x, v1, v2, vul) \mid V1(x, v1, v2))$$

$$gV2(x, v2, lin12) = \underline{lin12}. (gV2(x, v2, lin12) \mid V2(x, v2))$$

$$gV3(x, v3, vul) = \underline{w}. (gV3(x, v3, vul) \mid V3(x, v3, vul))$$

$$Vul(x, l, r, vul, muv) = \bar{l}. Vul(x, l, r, vul, muv) + \bar{r}. Vul(x, l, r, vul, muv) + \bar{vul} + \underline{muv}$$

$$Lin12(x, lin12, v1, v3) = \bar{lin12}. Lin12(x, lin12, v1, v3) + \underline{v3} + \underline{v1}$$

$$Muv(x, muv) = \bar{muv}. Muv(x, muv)$$

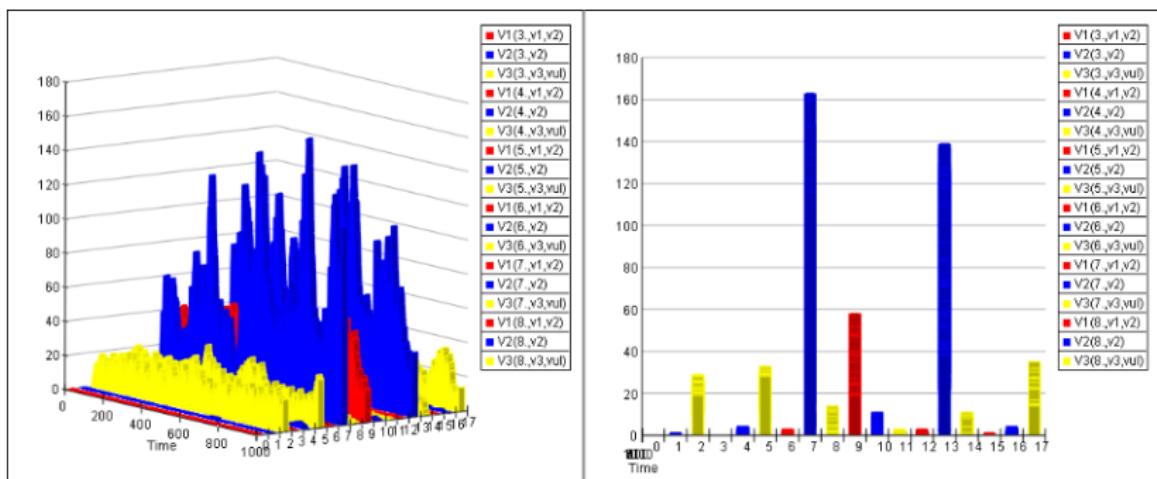
$$V1(x, v1, v2) = \bar{v1}. V1(x, v1, v2) + \underline{v2} + dV1$$

$$V2(x, v2) = \bar{v2}. V2(x, v2) + dV2$$

$$V3(x, v3, vul) = \bar{v3}. V3(x, v3, vul) + \underline{vul} + dV3$$

# *High-level modelování – simulace*

Vývoj vulvy *C. elegans*

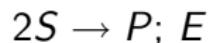


# *Kalkuly pro biologické systémy*

- Stochastic  $\pi$ -calculus (SPiM, BioSPI)
- BioPEPA
- $\kappa$ -calculus
- Brane-Calculus, BetaBinders, BlenX
- ...

# *BioPEPA*

- na rozdíl od  $\pi$ -based kalkulů je BioPEPA orientovaný blíže SBML
- rozlišení není až na úroveň molekul, ale na úroveň substrátů a reakcí  
⇒ proces není molekula, ale substrát
- výhodou je kompatibilita sémantik s SBML (srovnej s Petriho sítěmi)
- možnost plného modelování netriviální kinetiky (např. regulace, enzymová kinetika)

*BioPEPA – příklad*

$$\begin{aligned} S &= (\alpha, 2) \downarrow S \\ E &= (\alpha, 1) \oplus E \\ P &= (\alpha, 1) \uparrow P \end{aligned}$$

$$(S(I_{S_0}) \bowtie_\alpha (E(I_{E_0})) \bowtie_\alpha P(I_{P_0}))$$

Sémantika dynamiky je definována pravidlem  $f_\alpha = \frac{v \cdot E \cdot S}{K + S^2}$ .

*BioPEPA – syntax  
Algebra modelových komponent*

$$S ::= (\alpha, k) \text{ op } S \mid S + S \mid C$$

$$\text{op} = \downarrow \mid \uparrow \mid \oplus \mid \ominus \mid \odot$$

$$P ::= P \bowtie_{\mathcal{L}} P \mid S(I)$$

- $\mathcal{L}$  je množina reakcí
- $I$  je iniciální podmínka

# *BioPEPA – syntax*

## *Definice elementárních komponent – substráty*

Každá komponenta  $C$  je charakterizována 5-ticí  $\langle H, N, M_0, M, V \rangle$ , kde:

- $H \in \mathbb{R}^+$  je rozlišení kvantity (velikost jedné “úrovně” koncentrace),
- $N \in \mathbb{N}$  je maximální hodnota kvantity,
- $M_0 \in \mathbb{R}^+ \cup \{-\}$  je iniciální koncentrace,
- $M \in \mathbb{R}^+ \cup \{-\}$  je maximální koncentrace,
- $V$  označuje kompartment do něhož je komponenta přiřazena.

Pozn. (1):  $-$  značí “nedefinovanou hodnotu”

Pozn. (2):  $M, M_0$  jsou uvedeny pro kalibraci se spojitým modelem.

# *BioPEPA – syntax*

## *Definice elementárních komponent – substráty*

- diskretizace koncentrace pomocí úrovní stejné délky (v počtu molekul)
- diskrétní sémantika tedy umožňuje kalibraci se spojitou (aproximace)
- počet úrovní pro komponentu  $C_i$  je  $N_i + 1$ , kde  $N_i$  je max. úroveň
- platí:  $N_i = \lceil \frac{M_i}{h} \rceil$
- pro aktuální úroveň  $0 \leq l_i \leq N_i$  je koncentrace definována vztahem  $x_i = l_i \cdot h$

# *BioPEPA – definice biologického procesu*

BioPEPA systém je šestice  $\langle \mathcal{V}, \mathcal{N}, \mathcal{K}, \mathcal{F}_R, Comp, P \rangle$  kde:

- $\mathcal{V}$  ... množina kompartmentů,
- $\mathcal{N}$  ... množina kvantit popisujících substráty,
- $\mathcal{K}$  ... množina definic parametrů,
- $\mathcal{F}_R$  ... množina definic dynamiky,
- $Comp$  ... definice komponent,
- $P$  ... komponenta popisující systém.

## *BioPEPA – sémantika*

- každá akce  $\alpha$  má přiřazenu kinetickou funkci  $f_\alpha$  nad kvantitami substrátů
- kvantity substrátů jsou určeny z kontextu akce  $\alpha$
- kinetické funkce mohou obsahovat kinetické parametry, které musí být asociovány v  $\mathcal{K}$
- příklady typů kinetických funkcí:
  - $fMA(k) = k \cdot \prod_{i=1}^{n_j} (C_i)^{\kappa_i}$  kde  $n_j$  je počet reaktantů reakce  $\alpha_j$  a  $\kappa_i$  je příslušný stechiometrický koeficient reaktantu  $C_i$
  - $fH(v, K, n) = v \cdot C^n / (K + C^n)$  je Hillova kinetika

# *BioPEPA – operační sémantika*

Předpokládáme  $\mathcal{C}$  spočetná množina zahrnující všechny možné modelové komponenty.

BioPEPA systém má asociovánu stochastickou sémantiku, která je definována prostřednictvím *odvozující relace*  $\rightarrow_c \subseteq \mathcal{C} \times \Omega \times \mathcal{C}$ , kde  $\theta \in \Omega$  vyjadřuje kvantitativní informaci potřebnou k vyhodnocení kinetické funkce,

$$\theta := (\alpha, w)$$

kde  $w := [S : op(I, \kappa)] \mid w@w, S \in \mathcal{C}, I$  hodnota kvantity komponenty  $S$ ,  $\kappa$  stechiometrický koeficient komponenty  $S$  v  $\alpha$ .

Relace  $\rightarrow_c$  je definována jako minimální relace splňující pravidla na následujícím sladu.

# BioPEPA – odvozující relace

<b>prefixReac</b>	$((\alpha, \kappa) \downarrow S)(l) \xrightarrow{(\alpha, [S: \downarrow(l, \kappa)])}_c S(l - \kappa) \quad \kappa \leq l \leq N$
<b>prefixProd</b>	$((\alpha, \kappa) \uparrow S)(l) \xrightarrow{(\alpha, [S: \uparrow(l, \kappa)])}_c S(l + \kappa) \quad 0 \leq l \leq (N - \kappa)$
<b>prefixMod</b>	$((\alpha, \kappa) op S)(l) \xrightarrow{(\alpha, [S: op(l, \kappa)])}_c S(l) \quad \text{with } op = \odot, \oplus, \ominus \text{ and } 0 \leq l \leq N$
<b>choice1</b>	$\frac{S_1(l) \xrightarrow{(\alpha, w)}_c S'_1(l')} {(S_1 + S_2)(l) \xrightarrow{(\alpha, w)}_c S'_1(l')}$
<b>choice2</b>	$\frac{S_2(l) \xrightarrow{(\alpha, w)}_c S'_2(l')} {(S_1 + S_2)(l) \xrightarrow{(\alpha, w)}_c S'_2(l')}$
<b>constant</b>	$\frac{S(l) \xrightarrow{(\alpha, S': [op(l, \kappa)])}_c S'(l')} {C(l) \xrightarrow{(\alpha, C: [op(l, \kappa)])}_c S'(l')} \quad \text{with } C \stackrel{\text{def}}{=} S$
<b>coop1</b>	$\frac{P_1 \xrightarrow{(\alpha, w)}_c P'_1}{P_1 \bowtie_{\mathcal{L}} P_2 \xrightarrow{(\alpha, w)}_c P'_1 \bowtie_{\mathcal{L}} P_2} \quad \text{with } \alpha \notin \mathcal{L}$
<b>coop2</b>	$\frac{P_2 \xrightarrow{(\alpha, w)}_c P'_2}{P_1 \bowtie_{\mathcal{L}} P_2 \xrightarrow{(\alpha, w)}_c P_1 \bowtie_{\mathcal{L}} P'_2} \quad \text{with } \alpha \notin \mathcal{L}$
<b>coop3</b>	$\frac{P_1 \xrightarrow{(\alpha, w_1)}_c P'_1 \quad P_2 \xrightarrow{(\alpha, w_2)}_c P'_2}{P_1 \bowtie_{\mathcal{L}} P_2 \xrightarrow{(\alpha, w_1 @ w_2)}_c P'_1 \bowtie_{\mathcal{L}} P'_2} \quad \text{with } \alpha \in \mathcal{L}$

# BioPEPA – stochastická sémantika

Stochastická sémantika BioPEPA systému je určena relací:

$$\rightarrow_s \subseteq \mathcal{P} \times \Gamma \times \mathcal{P}$$

kde  $\gamma \in \Gamma$ ,  $\gamma := (\alpha, r_\alpha)$ ,  $r_\alpha \in \mathbb{R}^+$  určuje parametr exponenciální distribuce události v čase (rate).

Relace  $\rightarrow_s$  je definována pomocí pravidla:

$$\text{Final} \quad \frac{P \xrightarrow{(\alpha_j, w)}_c P'}{\langle \mathcal{V}, \mathcal{N}, \mathcal{K}, \mathcal{F}, Comp, P \rangle \xrightarrow{s} \langle \mathcal{V}, \mathcal{N}, \mathcal{K}, \mathcal{F}, Comp, P' \rangle}$$

kde

$$r_\alpha[w, \mathcal{N}, \mathcal{K}] = \frac{f_\alpha[w, \mathcal{N}, \mathcal{K}]}{h}$$

- $h$  je velikost kroku
- $f_\alpha[w, \mathcal{N}, \mathcal{K}]$  značí kin. funkci  $f_\alpha$  vypočítanou v přísl. kontextu

## *BioPEPA – stochastická sémantika*

Evaluace  $f[w, \mathcal{N}, \mathcal{K}]$ :

- pro každou komponentu  $C_i$  je odvozena koncentrace  $I_i \cdot h$
- volný výskyt  $C_i$  je nahrazen  $(I_i \times h)^{\kappa_{ij}}$ , kde  $\kappa_{ij}$  je stechiometrický koeficient substrátu  $C_i$  v reakci  $R_j$
- pozn.: pro  $h = 1$  a vhodné omezení kinetických funkcí dostáváme přímou stochastickou sémantiku (relace  $\rightarrow_s$  definuje CTMC, který bychom získali interpretací stochastické Petriho sítě odpovídající BioPEPA systému)

*BioPEPA – příklad*

Uvažujme reakci  $\alpha : 2X + Y \xrightarrow{k} 3Z$ . Kinetika je definována funkcí  $v = k \cdot X^2 \cdot Y$ . Definujeme komponenty BioPEPA:

$$X \stackrel{\text{def}}{=} (\alpha, 2) \downarrow X \quad Y \stackrel{\text{def}}{=} (\alpha, 1) \downarrow Y \quad Z \stackrel{\text{def}}{=} (\alpha, 3) \uparrow Z$$

Reakční systém je definován:

$$X(I_{X_0}) \bowtie_{\{\alpha\}} Y(I_{Y_0}) \bowtie_{\{\alpha\}} Z(I_{Z_0})$$

kde  $I_{X_0}, I_{Y_0}, I_{Z_0}$  značí iniciální úrovně koncentrace, kin. funkce je definována  $f_\alpha = fMA(k)$ .

Pro reakci bude odvozením stochastické sémantiky vypočítán rate

$$r_\alpha = \frac{k \cdot (I_X \cdot h)^2 (I_Y \cdot h)}{h}$$

Reakce bude provedena pouze v situaci:  $N_X$  je nejméně 3,  $N_Z$  je nejméně 4.

$\kappa$ -calculus