

Computational Systems Biology

UniShare

Davide Cozzi
@dlcgold

Indice

1	Introduzione	2
2	Introduzione alla Systems Biology	3
2.1	PCNA ubiquitylation	11
2.2	I Sistemi Complessi	13
2.3	Rappresentazione Grafica	18
2.4	Tipologie di Modelli	19

Capitolo 1

Introduzione

Questi appunti sono presi a lezione. Per quanto sia stata fatta una revisione è altamente probabile (praticamente certo) che possano contenere errori, sia di stampa che di vero e proprio contenuto. Per eventuali proposte di correzione effettuare una pull request. Link: <https://github.com/dlccgold/Appunti>.

Capitolo 2

Introduzione alla Systems Biology

Per descrivere sistemi biologici complessi si hanno vari tipi di modelli. Kitano (il “padre” di quest’ambito), nel 2002, disse che per capire i sistemi biologici complessi bisogna integrare risultati sperimentali e metodi computazionali, ottenendo quindi la vera e propria **Systems Biology**. Tramite l’interazione di vari componenti si ottengono tali sistemi. Disse infatti:

To understand complex biological systems requires the integration of experimental and computational research — in other words a systems biology approach.

Weston, nel 2004, ha aggiunto l’importanza dello studio delle interazioni e delle regolazioni tra i vari componenti del sistema, studiando le risposte alla genetica o alle perturbazioni ambientali, al fine di capire nuove proprietà del sistema. Infatti disse:

Systems biology is the analysis of the relationships among the elements in a system in response to genetic or environmental perturbations, with the goal of understanding the system or the emergent properties of the system

Ideker (altro “padre” di quest’ambito), già nel 2001, aveva definito la System Biology come l’integrazione dei dati sperimentali con i modelli matematici che descrivono componenti e interazioni, al fine di simulare il comportamento complessivo “in silico”. Nel dettaglio, citandolo:

Systems biology studies biological systems by systematically perturbing them (biologically, genetically, or chemically); monitoring the gene, protein, and informational pathway responses; integrating these data; and ultimately, formulating mathematical models that describe the structure of the system and its response to individual perturbations

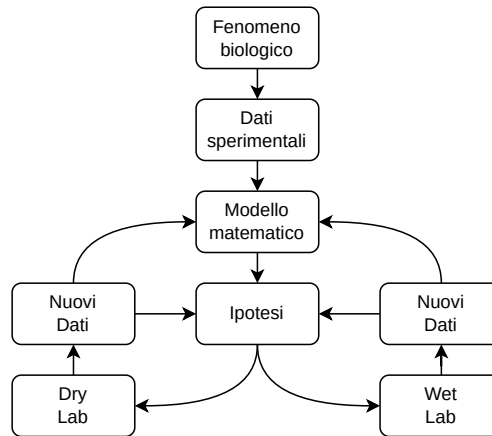


Figura 2.1: Grafico rappresentante il processo ciclico della Systems Biology.

Ai metodi standard della biologia quindi si aggiungono le teorie informatiche, quelle matematiche, quelle fisiche, quelle chimiche, quelle ingegneristiche. A partire dal fenomeno biologico quindi si effettuano esperimenti, ottenendo dei dati sperimentali relativi alle funzioni, alle strutture e alle interazioni delle varie componenti biologiche. A partire da questi dati si costruisce un **modello matematico** che porterà alla produzione di *ipotesi* a partire da esso. Inoltre l'insieme di ipotesi produrrà nuovi dati che potranno essere anche usati per rifinire il modello stesso. Inoltre tali ipotesi possono portare a sperimentazioni in **dry lab**, quindi "in silico" tramite simulazioni, ma anche in **wet lab**, quindi in laboratorio qualora possibile. Tali sperimentazioni contribuiranno a migliorare i dati stessi, producendone anche di nuovi. Si ha quindi un sistema ciclico di costante miglioramento della ricerca stessa, come visualizzabile in figura 2.1.

Un altro aspetto fondamentale del discorso è capire cosa **non** sia la *systems biology*. Citando Wolkenhauer ¹:

Opening then the book, which I discovered in the London bookstore, I read the contents list: "Shotgun Fragment Assembly", "Gene Finding", "Local Sequence Similarities", ... What?? ... "Protein Structure Prediction", "Some Computational Problems Associated with Horizontal Gene Transfer" ... what on earth has this to do with systems biology, I asked myself?

...

Most important to me is however that cells and proteins are interacting in space and time, that is, we are dealing here with (nonlinear) dynamic

¹O. Wolkenhauer, Why Systems Biology is (not) called Systems Biology, BIOforum Europe 4/2007

systems. If you ask me then, systems biology is a merger of systems theory with cell biology.

...

Systems biology and bioinformatics are different but complementary.

Infatti tematiche come l'assemblaggio, l'allineamento etc. . . non sono tematiche della *systems biology* ma della *bioinformatica*, nonostante spesso vengano confuse e sovrapposte. L'analisi diretta dei dati biologici non è campo della *systems biology* in quanto si perde uno degli aspetti fondamentali, ovvero quello del **tempo**, che comporta lo studio di **sistemi dinamici**, che appunto di evolvono nel tempo. In bioinformatica d'altro canto si ha spesso a che fare con dati provenienti da pochi timestamp (se non direttamente da uno solo). Inoltre, sempre in bioinformatica, si studiano solitamente poche componenti biologiche, senza studiarne l'interazione tra esse.

La domanda più importante della *systems biology*, della quale possiamo vedere uno schema generale delle fasi in figura 2.2, è quindi:

dato un sistema biologico d'interesse, di cui si vogliono studiare le funzioni etc. . . , quale approccio modellistico è più adatto per descrivere quel sistema?

Una volta risposto a questo quesito bisogna ovviamente capire quale sia lo strumento computazionale di cui si ha bisogno per simulare e analizzare tale sistema. Bisogna infine capire quali predizioni si possono ottenere da questo modello, che comunque deve prima essere validato. Tra le cose principali che si vogliono capire abbiamo, ad esempio, se si può controllare il sistema e se si può riprodurre il tutto in laboratorio riducendo il numero di tentativi e di conseguenza anche il costo dell'esperimento in *wet lab*.

Possiamo quindi facilmente intuire che uno degli aspetti fondamentali di questo ambito è quello di fare le corrette *assunzioni*. Citando ancora Wolkenhauer ²:

The modelling process itself is more important than the model. The discussion between the experimentalists and the theoretician, to decide which variables to measure and why, how to formally represent interaction in a mathematical form is the basis for successful interdisciplinary research in Systems Biology. In light of the complexity of molecular systems and the available experimental data, Systems Biology is the art of making the right assumptions in modelling.

si nota come il raggiungimento delle assunzioni stesse per ottenere il modello sia una fase di importanza maggiore rispetto al modello stesso. Il modello

²O. Wolkenhauer, Why Systems Biology is (not) called Systems Biology, BIOforum Europe 4/2007

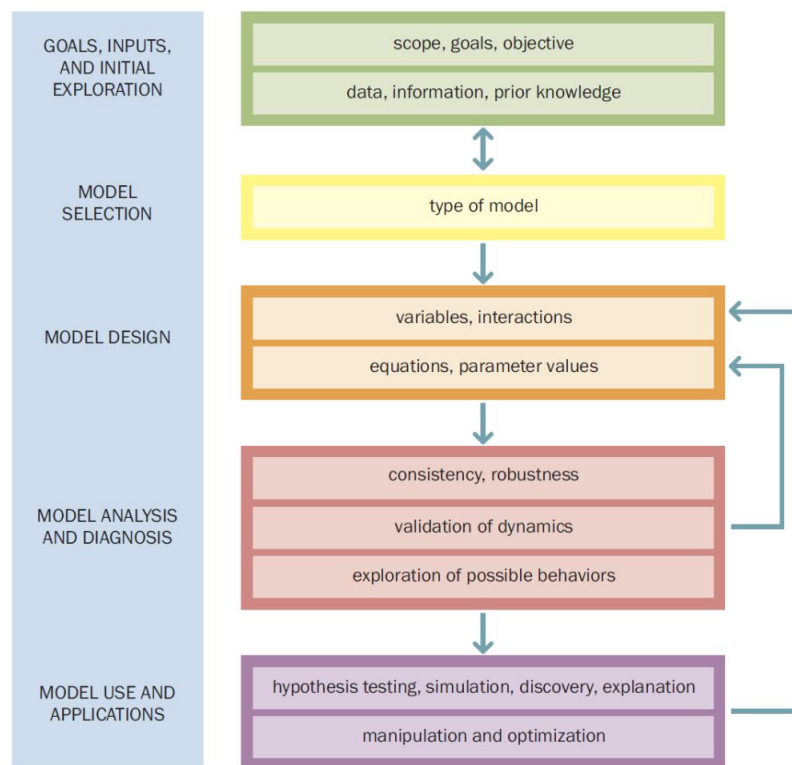


Figura 2.2: Schema generale delle fasi tipiche che compongono la systems biology.

infatti rappresenta la realtà ma non è la realtà stessa e partire da assunzioni false ed errate porterà ad un modello magari funzionante “dal punto di vista sintattico” ma non “dal punto di vista semantico”, avendo che esso non potrà mai essere validato. Nella citazione si parla inoltre di *variabili*, come elemento base dei vari modelli. Tra tali variabili si cercano relazioni, correlazioni etc. . . Normalmente il punto di partenza sono i *dati omici*.

Quanto qui riportato è tratto da wikipedia ³

Definizione 1. *In biologia molecolare, ci si riferisce comunemente al neologismo omica (in inglese omics) per indicare l'ampio numero di discipline biomolecolari che presentano il suffisso “-omica”, come avviene per la genomica o la proteomica. Il suffisso correlato -oma (in inglese -omes) indica invece l'oggetto di studio di queste discipline (genoma, proteoma).*

I più importanti “-oma” proposti recentemente all'interno della comunità scientifica sono:

- il **trascrittoma** è l'insieme degli mRNA trascritti nell'intero organismo, tessuto, cellula; è studiato dalla trascrittomica
- il **metaboloma** comprende la totalità dei metaboliti presenti in un organismo; è studiato dalla metabolomica
- il **metalloma** comprende la totalità delle specie di metalli e metalloidi; è studiato dalla metallomica
- il **lipidoma** comprende la totalità dei lipidi; è studiato dalla lipidomica
- l'**interattoma** comprende la totalità delle interazioni molecolari che hanno luogo in un organismo; un nome che comunemente indica la disciplina della interattomica è quello di biologia dei sistemi (systems biology)
- lo **spliceoma** (da non confondersi con lo spliceosoma, il complesso di proteine ed acidi nucleici coinvolti nello splicing) comprende la totalità delle isoforme proteiche dovute a splicing alternativo; è studiato dalla spliceomica
- l'**ORFeoma** comprende la totalità delle sequenze di DNA che iniziano con un codone ATG e terminano con un codone di stop (sequenze note come ORF, open reading frames). Queste sequenze

sono ritenute in grado di codificare per una proteina o per una parte

- **textoma**: l'insieme della letteratura scientifica disponibile alla consultazione (studiato dalla textomica)
- **kinoma**: l'insieme delle protein chinasi (dall'inglese kinase) di una cellula. Esistono pubblicazioni scientifiche che citano il termine kinomica
- **glicosiloma**: correlato alle reazioni di glicosilazione (studiato dalla glicosilomica)
- **fisioma**: correlato alla fisiologia (studiato dalla fisiomica)
- **neuroma**: l'insieme delle componenti nervose di un organismo (studiato dalla neuromica)
- **predittoma**: l'insieme delle predizioni di struttura proteica
- **reattoma**: l'insieme dei processi biologici
- **ionoma**: insieme dei nutrienti minerali e degli elementi in tracce che si trovano in un organismo
- **connettoma**: l'insieme di tutti i neuroni e le sinapsi di un cervello

Si hanno quindi vari “livelli” di studio, al variare dei dati omici, per i quali variano gli strumenti. Ad esempio:

- si ha il **genoma**, studiato tramite il *sequenziamento*, la *genotipizzazione* etc...
- il **trascrittoma**, ottenuto dopo la *trascrizione*, studiato tramite *microarrays*, *oligonucleotide chips* etc...
- il **proteoma**, ottenuto dopo la *traduzione*, studiato tramite *proteomica MS-based*, *elettroforesi* etc...
- il **metaboloma**, ottenuto tramite le *reazioni*, studiato tramite *spettroscopia di massa*, *risonanze magnetiche* etc...
- l'**interattoma**, ottenuto tramite appunto le varie *interazioni*, studiato tramite *screens yeast-to-hybrid* etc...

- il **fenomeno**, ottenuto dopo l'*integrazione* delle varie interazioni, studiato tramite *gene inactivations* etc. . .

Ognuno di questi “livelli” ha una panoramica diversa su quello che sta accadendo, è accaduto, potrebbe accadere o accadrà ad una certa cellula. Partendo dalle informazioni dinamiche/cinetiche, ovvero dai dati, e dalle informazioni strutturali dei vari *pathway* si riesce ad ottenere la rappresentazione matematica. Ovviamente è impensabile pensare di studiare tutti i “livelli” contemporaneamente ma si può studiare solo una parte del sistema, studiandone un paio di “livelli” o poco più. Inoltre ogni “livello” ha associato un suo formalismo matematico, legato alla singola modellazione matematica. Non sempre tali formalismi sono facilmente integrabili (magari in un caso ho delle EDO e in un altro dei grafi). Si ha quindi non solo un discorso di *data integration* ma anche di integrazione dei modelli matematici stessi e questo non sempre è possibile.

Nella realtà, inoltre, prima di scegliere un modello bisogna scegliere l'*approccio* con cui ottenerlo. Generalmente se ne hanno due in *systems biology*:

1. l'approccio **top-down**. In questo caso si parte dalle analisi omiche, solitamente con pochissimi timestamp, i cui risultati vengono trattati con tecniche bioinformatiche, che riducono anche l'influenza degli errori, per ottenere una **mappa globale di interazioni**, con le interazioni tra migliaia di componenti cellulari, dalla quale si ottiene il **modello predittivo del sistema**. Questo approccio è quindi supportato da una grande quantità di dati basati su *high-throughput* e *global profiling*
2. l'approccio **bottom-up**. In questo caso si parte dalle informazioni, prevalentemente di letteratura, le interazioni tra le componenti individuali del sistema, cercando magari le concentrazioni o il *kinetic-rate*. Tali informazioni potrebbero non essere precise. Da queste si formalizza un modello matematico per avere poi comparazioni tra esperimenti e modelli di simulazione, ottenendo alla fine il **modello predittivo del sistema**. Questo approccio soffre quindi la mancanza di dati, specialmente di dati quantitativi. Questo approccio è più vicino a quello tipico della biologia, avvicinandosi per alcuni aspetti al *pensiero riduzionista* (che mira a studiare piccole componenti del sistema). Tale approccio è sicuramente più complesso, per quanto si possa limitare a studiare *pathway* e non l'intero metaboloma, ma per questo anche più informativo.

Ovviamente tali approcci, per quanto sarebbe fantastico, non possono essere usati in contemporanea. Detto questo solitamente l'approccio top-down studia i sistemi su larga scala per poi, a volte, procedere con uno studio bottom-up. In generale comunque la scelta dipende dalla singola situazione. Non esiste un meglio o un peggio, anche se i modelli generati dall'approccio top-down hanno generalmente una minor capacità predittiva anche se studiano sistemi più ampi rispetto all'approccio bottom-up.

Bisogna distinguere quindi quali siano le tecniche tipiche della bioinformatica (ma anche della statistica) e quali quelle della *systems biology*. L'uso di tecniche per la ricerca di similarità, correlazioni, causalità probabilistica, clustering (dove si noti che non ha un ruolo significativo il **tempo**) etc. . . non sono di interesse della *systems biology*, che invece è interessata allo studio delle causalità in cui il *tempo* è intrinseco e necessario. Questa necessità di avere il *tempo* comporta una maggior difficoltà nel recuperare i dati e dell'eseguire la sperimentazione ma comporta, del resto, un forte "potere di spiegazione e predizione" da parte del modello stesso.

Vediamo ora qualche definizione di base.

Definizione 2. Definiamo **modello** come una descrizione rigorosa e assolutamente non ambigua di un sistema. Nel dettaglio tale descrizione è ottenuta tramite un adeguato formalismo matematico (l'unico per definizione non ambiguo) e un adeguato livello di astrazione (importante per non avere informazioni ridondanti o inutili nel modello).

Definizione 3. Definiamo **proprietà/comportamento emergente** ogni caratteristica strutturale (quindi di topologia) o dinamica (quindi in evoluzione nel tempo) di un sistema che non può essere capita e/o spiegata banalmente tramite l'enumerazione delle componenti ma che deve essere derivata unicamente come conseguenza tra le componenti stesse del sistema.

Definizione 4. Definiamo **simulazione** come una tecnica "computer-based" per determinare una qualsiasi caratteristica emergente e/o predire l'evoluzione temporale del sistema.

Definizione 5. Definiamo **metodo computazionale** come una soluzione automatica, basata su uno specifico algoritmo, usata per risolvere problemi difficili (da intendersi "difficili" anche a livello computazionale) e per analizzare sistemi in diverse condizioni.

Si noti che, come evidenziato da Fawcett e Higginson⁴, l'uso eccessivo dei formalismi matematici rendono difficile la comunicazione con i biologi,

⁴Tim W. Fawcett and Andrew D. Higginson, Heavy use of equations impedes communication among biologists, PNAS 2012

quindi bisogna muoversi di conseguenza. I modellatori dovrebbero essere preparati a sviluppare nuovi strumenti matematici e computazionali, invece di “forzare” la descrizione e l’analisi del sistema con un framework preferito e facilmente applicabile (tipo usare le EDO per tutto a priori). U biologi sperimentali dovrebbero essere aperti a progettare nuovi protocolli di laboratorio per identificare tutte le caratteristiche qualitative e, soprattutto, quantitative che ancora mancano (per aiutare anche i modellisti). **La parte più interessante del gioco del modellismo non è ciò che il modello permette di capire, ma esattamente ciò che non è in grado di spiegare, infatti, secondo, Box:**

essentially, all models are wrong, but some are useful.

e, secondo Bower e Bolouri:

In fact, all modelers should be prepared to answer the question: “what do you know that you did not know before?” If the answer is “that i was correct”, it is best to look elsewhere.

Infatti un modello non solo deve rispondere a quello che già si sa ma deve predire qualcosa che ancora non si sa (magari anche non funzionando).

2.1 PCNA ubiquitylation

Vediamo brevemente uno studio in cui ha partecipato anche la professoressa Besozzi dove il non funzionamento del modello ha portato ad una nuova scoperta scientifica ⁵.

In questo studio si cercava di studiare la **Post Replication Repair (PRR)**, ovvero il principale pathway di tolleranza al danno del DNA che bypassa le lesioni del DNA durante la *fase S*, che è in citologia (la branca della biologia che studia la cellula dal punto di vista morfologico e funzionale) una fase del ciclo cellulare, durante la quale il processo principale è la sintesi e duplicazione del materiale genetico contenuto nel DNA. Bombardando il lievito con raggi UV si è quindi studiata la proteina **PCNA**, ovvero l’*antigene nucleare di proliferazione cellulare*. La struttura di tale proteina (di forma a ciambella) è in grado di assumere una peculiare conformazione la quale le consente di contattare il DNA (DNA clamp) e di promuovere l’azione della

⁵Flavio Amara, Riccardo Colombo, Paolo Cazzaniga, Dario Pescini, Attila Csikász-Nagy, Marco Muzi Falconi, Daniela Besozzi, Paolo Plevani, In vivo and in silico analysis of PCNA ubiquitylation in the activation of the Post Replication Repair pathway in *S. cerevisiae*, BMC 2013

polimerasi durante la replicazione del DNA ⁶. I raggi UV provocano lesioni che vengono “trattate” dalla PCNA. Se ne è quindi studiata l’**ubiquitazione**, modificazione post-traduzionale di una proteina dovuta al legame covalente di uno o più monomeri di ubiquitina. Tale legame porta, solitamente, alla degradazione della proteina stessa⁷. La *mono-ubiquitazione* avviene tramite gli enzimi *Rad6 Rad8* mentre la *poli-ubiquitazione* tramite gli enzimi *Rad5* e *Ubc13-Mms2*. La prima comporta errori di trascrizione, in quanto si aveva sintesi di DNA tra le lesioni, formando *mutageni*, mentre la seconda è “error free”.

Si conoscevano quindi i principali attori del fenomeno, ovvero la proteina e gli enzimi. C’erano varie cose che però non si conoscevano:

- l’ordine spazio temporale della cascata delle interazioni delle varie proteine, non sapendo anche i tempi di attivazione dei vari enzimi
- se il numero di lesioni influenzasse il bilanciamento tra le *mono-ubiquitazioni* e le *poli-ubiquitazioni*
- se esistesse una soglia relativa al danno che regolasse l’interazione tra i due sub-pathway

Si è quindi proceduto, in *wet lab*, irradiando il lievito in modo controllato, misurando *mono-ubiquitazioni* e le *poli-ubiquitazioni* al passare del tempo (da 0 a 300 minuti) a varie dosi di UV, e contemporaneamente studiando un modello matematico (tramite le varie reazioni, rappresentate tramite *prodotti* e *reagenti*) per effettuare le simulazioni. Si è visto, in laboratorio, che le varie forme ubiquitilate di PCNA sono assenti a basse dosi di UV ($5 \frac{J}{m^2}$ e $10 \frac{J}{m^2}$), mentre ad alte dosi di UV ($50 \frac{J}{m^2}$ e $75 \frac{J}{m^2}$) entrambi i segnali sono ancora presenti dopo 5 ore nei *western blot*. La simulazione matematica confermava quanto stesse succedendo a bassi dosaggi ma non riusciva ad ottenere i risultati ad alti dosaggi. Dopo vari tentativi, rifacendo gli esperimenti (variando enzimi e geni) e sistemando il modello (tramite *parameter sweeping/estimation, analisi di sensitività*) si è sospettato che il modello fosse in realtà “corretto” ma non completo, mancava qualche ipotesi. Da qui la scoperta: si ha anche un altro pathway, il **Nucleotide Excision Repair (NER)** che “assiste” la PCNA quando le cellule sono gravemente lesionate. NER è infatti attivo nella *fase S* e serve alla *PRR* per funzionare correttamente *in vivo*. Risistemando il modello con NER ed enzimi annessi le simulazioni hanno funzionato.

⁶<https://it.wikipedia.org/wiki/PCNA>

⁷<https://it.wikipedia.org/wiki/Ubiquitina>

Questa è la prova che quando un modello non funziona si può ottenere anche una scoperta scientifica, ed è una delle situazioni (coi giusti limiti) più interessanti di questa branca di ricerca.

2.2 I Sistemi Complessi

In *systems biology* si ha quindi a che fare con sistemi che vengono definiti **sistemi complessi**, ovviamente presi nella loro “sottoclasse” relativa ai sistemi biologici.

Definizione 6. *Si definisce un **sistema complesso** con un sistema consistente di un certo numero di componenti più o meno semplici che, prese nel loro insieme, danno vita ad un comportamento emergente, grazie alle loro mutue interazioni.*

In questo contesto assumono importanza tre concetti chiave:

1. **comportamento non lineare**, quindi non facilmente prevedibile
2. **sistema aperto**, ovvero dove l’interazione con l’ambiente da parte del sistema è una delle caratteristiche da studiare e modellare
3. **sistema dinamico**, ovvero si ha che il sistema evolve nel tempo

Uno dei punti cruciali è inoltre capire che quando si procede alla modellazione di un certo sistema non si deve modellare anche cosa ci si aspetta da quel modello. Tale informazione infatti deve scaturire dalle simulazioni del modello stesso in modo completamente autonomo.

Come visto si studiano quindi insiemi di componenti. L’insieme complessivo delle funzionalità del sistema non è determinato però da una specifica funzione di ogni componente ma dalle loro interazioni. Si hanno quindi altri due concetti chiave:

1. **topologia/architettura interna**
2. **moduli funzionali**

Anche componenti molto semplici possono dare vita a un sistema complesso. Vediamo quindi qualche esempio di sistema complesso:

- un esempio “semplice” è quello di una **reazione enzimatica con feedback negativo**. In questo caso si hanno una serie di *reazioni lineari* che dal legame di un *substrato* portano ad un *prodotto*. La

complessità viene data dal *feedback negativo* in quanto la produzione del prodotto stesso porta il substrato a non legare. Si ha quindi la cosiddetta **autoregolazione** che rende questo un vero e proprio *sistema complesso*, avendo che il comportamento emergente del sistema è in realtà difficile da prevedere.

Ovviamente si potrebbe anche assumere il caso meno semplice dove si ha una serie di *reazioni non lineare*.

Si può quindi arrivare anche a parlare di casi più “estesi”, come quello ad esempio di un **pathway metabolico**. Ci sarebbe inoltre un caso, seguendo questo filo pensiero, ancora più estremo, ovvero quello del **metabolismo di un’intera cellula**, come visualizzabile nella figura 2.3, dove si hanno moltissime parti che nel dettaglio sono lineari ma che si autoregolano a vicenda, ottenendo quindi un *sistema complesso* davvero impossibile da studiare.

- un altro esempio può essere quello di una **rete di interazioni proteina-proteina** (*protein-protein interaction network*) dove si hanno:
 - **nodi** che rappresentano le proteine
 - **archi** che rappresentano **interazioni fisiche** e **interazioni funzionali** tra proteine (???)

In questo caso la “complessità” è data soprattutto dal numero incredibilmente alto di proteine (quindi di nodi) e di interazioni tra esse (quindi di archi) nel nostro sistema. Un esempio è visualizzabile in figura 2.4.

- un altro esempio è quello delle **reti di regolazione genica** (*gene regulatory network*) dove appunto si studiano le relazioni che si hanno tra le espressioni e le regolazioni tra geni. In questo caso si hanno:
 - **nodi** che rappresentano i geni
 - **archi** che rappresentano le regolazioni tra geni

Anche in questo caso si possono avere feedback e tali reti sono utili per studiare l’*over-espressione di geni*. Inoltre deve essere chiaro che la modifica in un certo gene si ripercuote, chi più chi meno, sull’intera rete anche se non si ha un singolo gene che “controlla” l’intera rete ma tutti contribuiscono alla funzionalità dell’intero sistema complesso

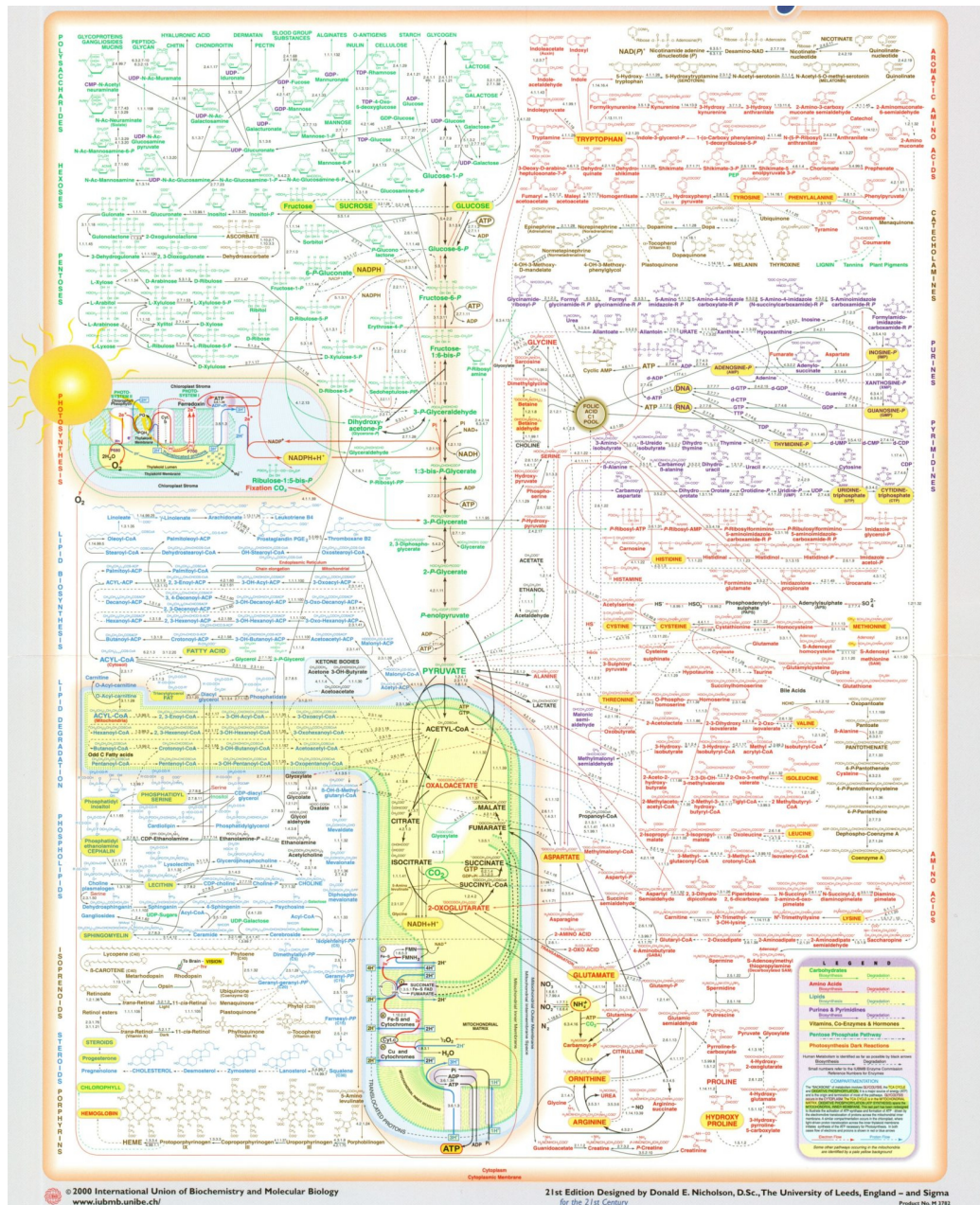


Figura 2.3: Insieme dei pathway che “compongono” il metabolismo di un’intera cellula. Tale rappresentazione è stata fatta da Donald E. Nelson, dell’università di Leeds e dall’azienda Sigma-Aldrich per la International Union of Biochemistry and Molecular Biology del 2000.

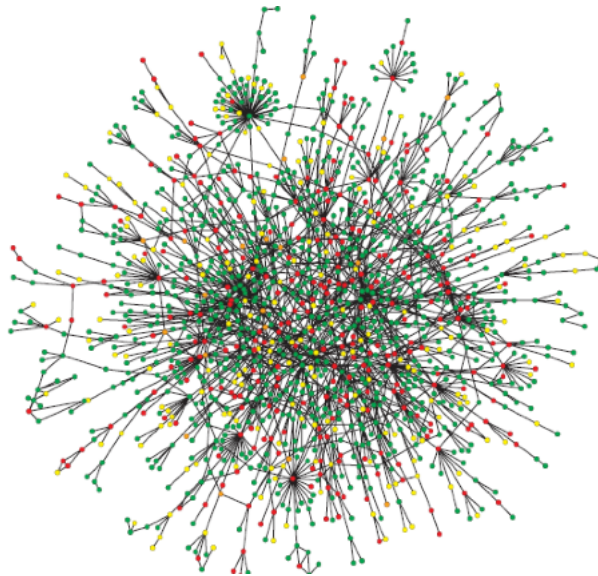


Figura 2.4: Esempio di rete di interazioni proteina-proteina, <https://www.ebi.ac.uk/training/online/courses/network-analysis-of-protein-interaction-data-an-introduction/protein-protein-interaction-networks/>

- aumentando ancora il livello di complessità potremmo pensare allo studio di un certo pathway, come ad esempio il *segnale di trasduzione*, in una cellula tenendo però conto anche della *componente spaziale*, tridimensionale, della stessa, nonché le interazioni con l'ambiente. La componente spaziale, che ovviamente aggiunge complessità, è una parte rilevante del modello, come il “movimento” al suo interno (prestando sempre attenzione a non aggiungere componenti inutili al modello stesso). L'interazione con l'ambiente può portare, ad esempio, a *cascade di reazioni intra-cellulari* e a vari “input”, come *ormoni*, *fattori di sopravvivenza*, *fattori di crescita/anti-crescita*, *fattori di morte etc...* da considerare nel modello
- un altro esempio ancor più “complesso” può essere quello della **crescita tumorale**, magari ponendo al centro dello studio anche il rapporto tra essa e la **vascolarizzazione**, ovvero la distribuzione di vasi sanguigni in un tessuto, in quanto magari si vuole studiare la vicinanza tra il tumore e i vasi sanguigni. In questo contesto non solo lo spazio tridimensionale è di fondamentale importanza ma bisogna anche modellare cellule di vario tipo

(normali, cancerogene, legate al sistema immunitario, in apoptosi, necrotiche etc. . .), che interagiscono in modo diverso tra loro, magari avendo anche “mutazioni” da normali a cancerogene etc. . . Si hanno quindi componenti eterogenee, dovendo per lo più anche modellare i vasi sanguigni e le interazioni con le cellule.

- un altro esempio, “complesso” almeno quanto il precedente, è lo studio della **formazione di biofilm**, ovvero una aggregazione complessa di microrganismi contraddistinta dalla secrezione di una matrice adesiva e protettiva. Tale barriera è comunque una struttura permeabile permettendo il passaggio dei nutrienti. In un biofilm i microrganismi, tendenzialmente batteri, non solo crescono ma, soprattutto quelli più interni e “protetti”, diventano anche più resistenti. Questa è una seria complicazione per la loro eliminazione quando fuoriescono dal biofilm. Anche qui quindi bisogna modellare lo spazio tridimensionale, l’interazione con l’ambiente, l’interazione tra i vari microrganismi (anche se si ha solitamente poca eterogeneità)
- cambiando prospettiva un altro esempio di *sistema complesso* è quello dello **sviluppo embrionale e della differenziazione cellulare** dove, a partire dall’embrione e da cellule staminali si vanno a formare tutti i tipi di cellule che formeranno, ad esempio, i tessuti, gli organi etc. . . dell’uomo. In questo caso solitamente si ha un tipo di modellazione diverso, basato su componenti semplici
- un altro esempio è quello dello studio dell’**ecosistema**. Nel dettaglio uno degli aspetti studiati è quello della cosiddetta **dinamica preda-predatore**. Tale dinamica descrive il rapporto tra il numero di prede e di predatori e osserva un comportamento oscillatorio (se aumentano i predatori diminuiscono le prede fino a che non sono abbastanza per i predatori, che calano di numero, portando il numero di prede a crescere etc. . .)
- infine un ultimo esempio, molto attuale, di *sistema complesso* è quello dello **studio epidemiologico della diffusione di epidemie/pandemie** dove la “complessità” è incrementata anche dagli aspetti sociali e psicologici delle persone, nonché dalla loro eterogeneità anche nel dominio epidemiologico (infetti, gravemente infetti, guariti, esposti, suscettibili all’infezione, morti etc. . .)

In questi esempi si è spesso parlato più o meno esplicitamente di **livelli di complessità**. Per poter avere un'idea di quanti possano essere bisogna considerare vari punti di vista:

- un primo punto di vista è dato dalla **scala spaziale** dei fenomeni che si studiano. Possiamo studiare infatti eventi che accadono nel range dei nanometri, o meno, fino a pensare ad eventi in scala umana, in metri. Inoltre anche un evento che avviene in nanometri può avere conseguenze visibili in metri. Questo tipo di complessità è per lo più un problema matematico dal punto di vista della gestione della stessa
- un secondo punto di vista è dato dalla **scala temporale** dei fenomeni che si studiano. Anche in questo caso si passa dai nano-secondi, o meno, ai miliardi di anni. Un evento quasi istantaneo può avere conseguenze evolutive tra milioni di anni. La gestione di questo tipo di complessità è un grande problema dal punto di vista computazionale. La complessità aumenta all'aumentare della scala temporale
- altri livelli di complessità sono dati dai *livelli di funzione di un organismo*, avendo, ad esempio, che da *trascrittoma*, *proteoma* e *metaboloma*, in ottica pathway, si passa al *fisioma*, in ottica cellule, tessuti, organi e direttamente l'uomo

Pensando anche solo alla scala spaziale e quella temporale si ha inoltre che esse sono in sinergia ma è comunque pressoché impossibile pensare ad un modello che tenga traccia in modo completo o quasi di entrambe queste scale.

2.3 Rappresentazione Grafica

Ai biologi/biotecnologi etc. . . piace fare diagrammi e mappe concettuali per rappresentare graficamente le conoscenze biologiche che hanno su un sistema, ad esempio componenti molecolari e le loro mutue relazioni, formazione di complessi molecolari, presenza di feedback di regolazione positivi/negativi etc. . . . Come si intuisce facilmente diagrammi di questo tipo sono soggetti ad interpretazioni ambigue e limitano anche l'esplicita rappresentazione della conoscenza biologica. La matematica è l'unico linguaggio non ambiguo e fortunatamente esistono anche formalismi, come i *grafi*, le *reti di Petri* etc. . . che non solo sono formalmente rigorosi ma hanno anche un'interpretazione grafica (tanto amata dalle persone). Ovviamente non sempre si hanno queste

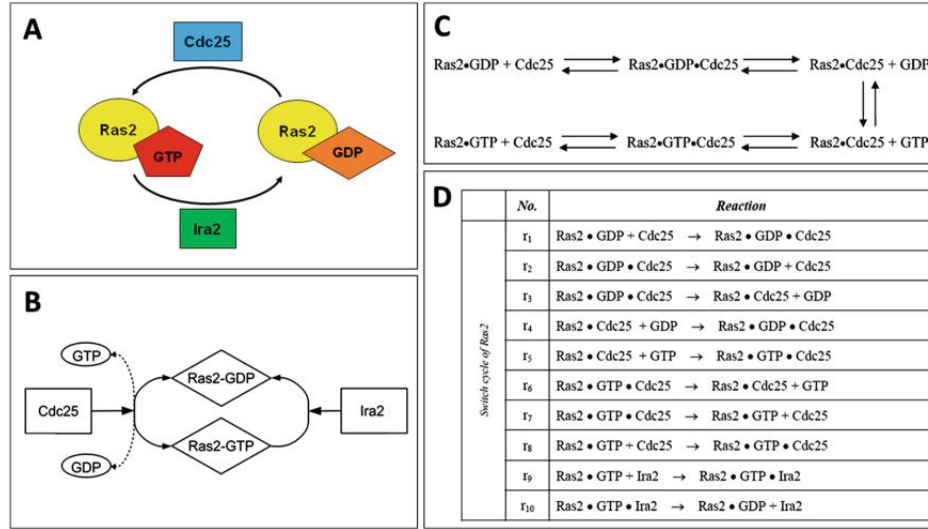


Figura 2.5: Esempio (senza entrare nei dettagli biologici che sarebbero ora superflui) di un diagramma ambiguo, in figura A, tipico dell’approccio biologico. Si hanno poi successive miglierie formali fino ad arrivare al modello matematico preciso, in figura D, e non ambiguo formato da 10 reazioni biochimiche.

soluzioni intermedie. La modellazione matematica risolve ogni errata interpretazione e descrive in modo non ambiguo quello che accade nel sistema e può potenzialmente includere ogni tipo di ipotesi che può poi essere studiata e testata in *wet lab*. In ogni caso i diagrammi possono avere utilità nella fase preliminare di discussione tra il biologo e il modellista: può essere un buon punto di partenza ma non sarà mai sufficiente per modellare il sistema, che si può ottenere solo con la formalizzazione matematica di componenti e interazioni. Un esempio è visualizzabile in figura 2.5⁸.

2.4 Tipologie di Modelli

Sistemi biologici differenti necessitano di approcci modellistici differenti, ovvero di framework matematici, quindi ad un preciso formalismo, e conseguentemente computazionali diversi. Inoltre bisogna sempre tenere in considerazione che ogni metodo computazionale legato ad un preciso modello

⁸Besozzi D. (2016) Reaction-Based Models of Biochemical Networks. In: Beckmann A., Bienvenu L., Jonoska N. (eds) Pursuit of the Universal. CiE 2016. Lecture Notes in Computer Science, vol 9709. Springer, Cham. https://doi.org/10.1007/978-3-319-40189-8_3

può rispondere solo a certe tipologie di domande. Non si ha però una corrispondenza biunivoca tra ogni approccio modellistico e ogni sistema biologico, infatti diversi modelli potrebbero prestarsi bene ad un certo sistema biologico (anche se alcuni modelli sono inapplicabili per certi sistemi biologici o per certe domande su tali sistemi). La scelta del modello è quindi fortemente legata alle entità che si vogliono rappresentare e alle risposte che si vogliono ottenere dal modello. **Non si ha una strategia universalmente valida per scegliere il miglior approccio modellistico in base al sistema biologico d'interesse.**

Il primo passo è quindi l'interazione tra il biologo/biotecnologo e il modellista. Il primo deve porsi varie domande tra cui:

- cosa si sa e cosa non si sa del sistema biologico in questione?
- che tipologie di dato di laboratorio sono disponibili?
- che tipologie di dato posso misurare effettivamente in laboratorio?

Anche il modellista quindi si deve porre delle domande fondamentali, tra cui:

- quale formalismo matematico si presta meglio per questo problema?
- che strumenti computazionali sono necessari?
- che tipo di predizioni mi aspetto dal modello?

Queste questioni sono “in ciclo” tra di esse e sono la base degli studi in *systems biology*, dove farsi domande è una parte fondamentale. In merito all'ultima domanda del biologo è interessante notare che un modello **deve** essere validato in laboratorio. Qualora non sia possibile, ad esempio un “caso limite” emerso dallo studio del modello, non si può fare nulla (anche se, qualora si avessero più modelli completamente distinti che portano allo stesso risultato si può presupporre che ci sia un fondo di verità).

La domanda fondamentale resta però:

qual è la questione scientifica? Perché mi serve un modello?

La risposta a questa domanda deve essere “sicura” prima di intraprendere uno studio di modellazione.

Nel dettaglio, durante il corso, si vedranno i quattro approcci modellistici tradizionali più usati anche se si tratta di una selezione tra la moltitudine degli approcci presenti:

1. modelli basati su interazioni (*interaction-based models*)
2. modelli basati su vincoli (*constraint-based models*)
3. modelli logici (*logici-based models*)
4. modelli meccanicistici (*mechanism-based models*)