**Univerzita Karlova v Praze**

**1. lékařská fakulta**

Autoreferát disertační práce



Integratívna fyziológia

v Modelice

Marek Mateják

2015

**Doktorské studijní programy v biomedicíně**

*Univerzita Karlova v Praze a Akademie věd České republiky*

Obor: Fyziologie a Patofyziologie Člověka

Předseda oborové rady: Prof. MUDr. Jaroslav Pokorný, DrSc.

Školicí pracoviště: Ústav patologické fyziologie 1. LF UK

Školitel: doc. Mudr. Jiří Kofránek, CSc.

Abstrakt

Nové informačné technológie prinášajú možnosti ako exaktne uchopiť a simulovať komplexné fyzikálne systémy. Pokrok v tomto smere umožnilo štandardizovanie jazyku Modelica neziskovou celosvetovou asociáciou firiem, univerzít a jednotlivcov. Štandard jazyku umožnil tejto práci definovanie chemických, hydraulických, tepelných a populačných komponent pre fyziológiu človeka. Podobne ako už v Modelice existujúcich elektrických obvodoch je možné aj tieto komponenty graficky spájať a tým definovať komplexnejšie komponenty fyziologických systémov. Ukazuje sa, že je možné takto veľmi efektívne poskladať i tak komplexné fyziologické modely ako je HumMod 1.6, ktorý má viac než 5000 premenných. A nielen to, tieto modely je potom možné veľmi intuitívne modifikovať a rozširovať. Práca tak model HumMod 1.6 nielen implementovala ale aj rozšírila o vlastnosti krvi a hemoglobínu, ktoré pôvodný model nemal. Pri reimplementácii bolo nájdených a autorom reportovaných asi 30 logických, matematických alebo fyziologických chýb, na ktoré sa pri dôkladnej analýze vzťahov narazilo.

Nový model acidobázy nielenže priblížil výsledky skutočným titračným vlastnostiam krvi, ale aj zvýšil stabilitu i simulačnú dobu modelu až na jeden simulačný rok a viac. Vďaka integračnému prístupu bol taktiež navrhnutý nový pohľad na prenos krvných plynov pomocou hemoglobínu A. Tento integratívny model dokáže popísať nielen disociačnú krivku hemoglobínu pre kyslík, ale aj pre oxid uhličitý a dokonca aj pre kyslíkovo prepojené vodíkové ionty, ktoré sa významne podieľajú na udržovaní pH v krvi pri výmene krvných plynov. Prakticky takýmito integráciami i teoreticky pomocou exaktných definícií je v práci ukázané, že integrácia nových poznatkov do jedného komplexného modelu ľudskej fyziológie je možná. Jeho jazykom by mohla byť práve Modelica s vytvorenými fyziologickými komponentmi vďaka podpore veľkého množstva komerčných i nekomerčných nástrojov.

Abstract

New information technologies bring possibilities how to exactly define and simulate a complex physical systems. Huge progress in this field is the Modelica Language Standard developed by worldwide nonprofit Modelica Association. Using the Modelica Language Specification chemical, hydraulic, thermal and population components for human physiology are designed in this thesis. As an analogy with electrical circuits already implemented in Modelica Standard Library there is also possible to connect these components to schemes and this way define more complex components of physiological systems. Using this kind of implementation the thesis presents the extension and improvement of the model HumMod version 1.6 from Mississippi University of Medical Centre (Jackson, MS), which has more than 5000 variables. During reimplementation was found more than 30 logical, mathematical or physiological mistakes, which was reported back to the authors. As a result of graphical schemes our implementation is more error-proof.

New acid-base model with blood gas transport was here designed and integrated. This extensions of HumMod are more sufficiently describing the status of blood during oxygen and carbon dioxide transport even during respiratory or metabolic acid-base disorders. The presented theory of binding multiple ligands to Hemoglobin A is describing the equilibrium of oxygenation, carboxylation and oxygen-linked (de)protonation. This integrative approach can not only shift oxygen-hemoglobin dissociation curve, it can also calculate the carbon dioxide saturation and changes of linked protonation, which is significant to maintain pH of blood during blood gases exchange. Also theoretically is here proven, that all theories can be integrated into one complex physiological model. The language of this complex physiological theory could be Modelica with physiological libraries behind, because it already has a huge commercial and noncommercial support.

Obsah

[1 Úvod 6](#_Toc421029396)

[2 Hypotézy a ciele práce 11](#_Toc421029397)

[3 Materiály a metodika 13](#_Toc421029398)

[4 Výsledky 18](#_Toc421029399)

[5 Diskusia 24](#_Toc421029400)

[6 Závery 27](#_Toc421029401)

[7 Použitá literatúra 30](#_Toc421029402)

# Úvod

Integratívna fyziológia je relatívne mladé odvetvie fyziológie, ktoré by malo slúžiť na komplexné uchopenie širokých znalostí o jednom organizme. A keďže všetky fyziologické znalosti pochádzajú zo skúmania a pozorovania funkčnosti živých organizmov a prírody, tak i základom integratívnej fyziológie by mali byť experimenty a dáta, nad ktorými je možné zovšeobecňovať vzorce funkčnosti. Práca preto v 5-tej sekcii formálne definuje reprodukovateľný experiment, ktorý je možné popisovať fyziologickým modelom (str. 54-55). Tento model je považovaný za tým lepší, čím viac reálnych experimentov dokáže popísať. Práca teda teoreticky i prakticky ukazuje, že modely je možné integrovať tak aby výsledný model bol aspoň tak dobrý ako pôvodné modely pred integráciou. Obvykle táto integrácia predstavuje nájdenie novej teórie, ktorá popisuje všetky požadované javy. Jej identifikovaním s konkrétnymi experimentami v konkrétnych nastaveniach je potom možné túto novú teóriu považovať za model, ktorý popisuje dané experimenty v danej presnosti.

Takýto fyzikálne založený integratívny prístup zďaleka nie je úplnou novinkou. Dokonca i myšlienka, že komplexnú fyziológiu človeka je možné integrovať do jedného komplexného modelu, je v samotnej podstate ukrytá vo vývoji integratívnych modelov alebo lepšie povedané jedného komplexného integratívneho modelu tzv. Guytonovej školy na Mississippskej Univerzite. Jedným z prvých modelov, ktoré odštartovali tento integratívny vývoj na danom pracovisku, bol model kardiovaskulárneho systému s integrovanými objemovými, hormonálnymi i nervovými reguláciami (Guyton, et al., 1972). Modelu bol podložený dátami veľmi zjednodušenej funkcie srdca (Guyton, 1965); perfúzie pľúc, ľadvín a svalov; nervovej a hormonálnej regulácie; a objemovej rovnováhy. Dokonca sám Guyton navrhol ďalšie experimenty založené na nefroktómii u psov, ktoré dokazovali predpokladané správanie modelu (Guyton, et al., 1972). Model bol ďalej rozširovaný a spresňovaný o ďalšie a ďalšie dáta a experimenty, ktoré dokáže popísať. Vznikli tak verzie s názvom „Human“ (Coleman and Randall, 1983), „Quantitative Circulation Physiology - QCP“ (Abram, et al., 2007), „Digital Human“, „Quantitative Human Physiology - QHP“ (Hester, et al., 2008) a nakoniec model „***HumMod***“ (Hester, et al., 2010; Hester, et al., 2011). Integrácia dostupných fyziologických znalostí je tak dlhodobo jedným z hlavných cieľov pracoviska integratívnej fyziológie v Guyton Research Centre na University of Mississippy Medical Centre. Tejto teoretickej fyziológie sa venujú ľudia so širokým matematicko-chemicko-fyzikálno-fyziologickým vzdelaním. Výsledkom ich mnohoročnej práce je jeden komplexný integratívny model fyziológie človeka. A ako je na akademickej pôde dobrým zvykom, tak HumMod verzie 1.6 je voľne prístupný pre ďalší akademický vývoj pod GPL[[1]](#footnote-1) licenciou i mimo Mississippskú univerzitu.

Z nášho pohľadu je najväčším nedostatkom modelu HumMod 1.6 ***acidobáza a prenos krvných plynov***. Jeho veľmi zjednodušené počítanie statusu krvi je tak nutné nahradiť presnejším modelom kyslosti (pH), kyslíku (O2) a oxidu uhličitého (CO2). Model vôbec neviaže CO2 na hemoglobín; neuvoľňuje žiadne Bohrove[[2]](#footnote-2) protóny (Bohr, et al., 1904) a nepočíta žiadne pufračné vlastnosti nebikarbonátových pufrov. Požadovaný nový model statusu krvi by mal reagovať takým spôsobom aby popisoval aspoň nasledujúce vybrané experimenty nad hemoglobínom A (HbA) [[3]](#footnote-3):

1. Disociačná krivka HbA pre O2.
2. Naviazanosť CO2 na oxy-HbA[[4]](#footnote-4) a deoxy-HbA pre rôzne pH.
3. Uvoľňovanie H+ pri zmene deoxy-HbA na oxy-HbA
4. Zmeny viazania O2,CO2 a H+ na HbA pri rôznych teplotách

Model viazania kyslíku na hemoglobín sa dá dnes matematicky popísať minimálne piatimi rozdielnymi spôsobmi : allosterickým modelom (Eaton, et al., 2007; Monod, et al., 1965); Adairovým modelom (Adair, 1925); Hillovým modelom (Hill, 1913); aproximáciou hyperbolickým tangensom (Siggaard-Andersen and Siggaard-Andersen, 1990); alebo aproximáciou výrazom sO2 = (23400\*(pO23 + 150 pO2)-1 + 1)-1 (Severinghaus, 1979). Krivka každého modelu pritom dobre popisuje saturáciu kyslíku (sO2) v závislosti na parciálnom tlaku kyslíku (pO2) za pevne daných normálnych podmienok teploty, pH, CO2, DPG, a iných faktorov. Bohužiaľ len allosterický a Adairov prístup je založený na fyzikálnom popise chemických procesov. Ostatné tri modely sú len matematickými aproximáciami dát, čo nevadí do tej doby, než sa model začne rozširovať o ďalšie ligandy. Tieto komplikované rozšírenia daných aproximácií o vplyv CO2 a pH posunom saturačnej krivky vľavo a vpravo (Dash and Bassingthwaighte, 2010; Rees and Andreassen, 2005; Severinghaus, 1979; Siggaard-Andersen and Siggaard-Andersen, 1990) zlyhávajú ak sa naraz vychýli z normálu hodnota CO2 i hodnota pH. Procesy sú totiž natoľko previazané, že vplyv CO2 na sO2 je silne závislý na tom aké je zrovna pH a naopak (Siggaard-Andersen, 1971). Žiadna z daných aproximácií nedokáže reflektovať zároveň stav saturácie hemoglobínu s CO2 a titračnú[[5]](#footnote-5) zmenu náboja. Preto sa domnievame, že model je omnoho lepšie popisovať fyzikálnymi a chemickými teóriami, ktoré je možné jednoduchšie rozširovať a integrovať pretože reflektujú omnoho komplexnejšie stav daného systému.

Morrow a spol. (Morrow, et al., 1976) preukázal, že CO2 sa karboxyluje amino konce všetkých štyroch podjednotiek HbA. Rozdielna afinita pre oxy-HbA a deoxy-HbA formy tetraméru spôsobuje jeho na prvý pohľad kompetitívne vlastnosti s viazaním O2 avšak v skutočnosti sa o kompetitívnu väzbu nejedná, pretože O2 a CO2 sa viažu na rozdielne miesto a tak môžu byť naraz naviazané na každej podjednotke. Vďaka hemoglobínu je krv schopná prenášať takmer o 25% CO2 viac. Z toho asi 10-11% je spôsobených priamo väzbou na hemoglobín v podobe karboxilácie amino-terminálov bielkovín (Bauer and Schröder, 1972) a zbytok je výsledkom zmeny Bohrových protónov (tj. zvýšením kapacity krvi pre bikarbonát). Na zisťovanie množstva karboxylových amino-koncov podjednotiek existujú minimálne dva typy experimentov jeden sledovaním parciálneho tlaku CO2 (Bauer and Schröder, 1972) a druhý priamo sledovaní naviazaných izotopov 13CO2 na konkrétnu podjednotku pomocou NMR[[6]](#footnote-6)(Matthew, et al., 1977; Morrow, et al., 1976).

Hemoglobín dokáže veľmi elegantne udržiavať acidobázickú homeostázu medzi arteriálnou a venóznou krvou. V tkanivách, kde hrozí zníženie pH zvýšením koncentrácie CO2, totiž s uvoľňovaním kyslíku reguluje i pH tým, že deoxy-HbA má na viacerých miestach väčšiu afinitu na viazanie protónov (H+) než forma oxy-HbA (Bohr, et al., 1904; Siggaard-Andersen, 1971). Týchto miest, ktoré menia afinitu pre H+ pri zmene tvaru HbA spôsobenej naviazaním alebo uvoľnením O2 bolo identifikovaných viac ako 10, kde väčšina z nich sú postranné reťazce aminokyselín umiestnené medzi beta-podjednotkami (Perutz, et al., 1980; Zheng, et al., 2013). Avšak ukazuje sa, že pre zjednodušenie je ich možné v bežných fyziologických podmienkach nahradiť dvoma fiktívnymi miestami (Antonini, et al., 1965).

Dnes existuje množstvo experimentov ukazujúce posun disociačnej krivky HbA pre O2 spôsobený zmenou teploty (Reeves, 1980; Weber and Campbell, 2011; Weber, et al., 2014). Avšak nielen priamo väzba kyslíku je závislá na konkrétnej teplote, sú to i väzby Bohrových protónov i väzba CO2. Preto prišli (Atha and Ackers, 1974) s návrhom ako eliminovať vplyv Bohrovho effektu na určenie enthalpie chemickej väzby s kyslíkom nezávisle od týchto efektov. Enthalpiu viazania CO2 je možné vyjadriť jednoduchšie, pretože experiment (2.) už nie je závislý na Bohrových protónoch a stačí tak určiť disociačné konštanty v dvoch rozdielnych teplotách (Chipperfield, et al., 1967; Weber and Campbell, 2011; Weber, et al., 2014).

Ďalším nedostatkom modelu HumMod 1.6 je neštandardná forma zápisu. Zápis síce oddeľuje „fyziologické definície“, tie však zostávajú priradeniami, čo môže znamenať zásadné problémy pri modifikovaní a rozširovaní modelu. O tom, že nie je možné pevne rozdeliť všetky fyzikálne vzťahy na definície fyzikálnych veličín zvoliť za každých okolností svedčí i konštrukt implicitných rovníc, ktorý je v originálnej implementácii modelu HumMod 1.6 použitý na miestach kde bolo nutné dosiahnuť hodnôt odpovedajúcim formalizovaným rovniciam. Za veľkú slabosť zápisu je dnes možné považovať i to, že vzťahy sú v modeli opakované na toľkých miestach na koľkých boli použité. Základné pravidlo informatiky je pritom nekopírovať obsahy funkcií a objektov, ale namiesto toho ich definovať len raz a používať ich referenciou s rôznymi vstupmi. Tento jazyk sám o sebe tak trpí veľkými nedostatkami, ktoré sa prejavujú pri zdĺhavej, nečitateľnej, chybovej a veľmi neefektívnej implementácii a modifikácii modelov v ňom implementovaných.

Ideálnym jazykom na zápis komplexných fyzikálnych systémov je napríklad Modelica ([www.modelica.org](http://www.modelica.org)). Nielenže umožňuje násobne používať definované objekty a funkcie, ale umožňuje dokonca rovnice zapisovať v ich prirodzenej neupravenej forme, tzn. nie len vo forme priradenia (<http://book.xogeny.com>). Tým však možnosti jazyka zďaleka nekončia. Jazyk umožňuje definovať grafické komponenty a ich konektory, tak že užívateľ môže vytvárať modely vo forme diagramov z predpripravených knižníc, ktoré sú plne implementované taktiež v jazyku Modelica. Tento postup je možné dokonca aplikovať hierarchicky a vytvárať tak komponenty z komponent. Napríklad pomocou základných chemických reakcií medzi rôznymi chemickými formami si môžeme navrhnúť model receptoru spriahnutého s G-proteínom. Novej komponente môžeme priradiť ikonku, ktorá ho bude reprezentovať pri použití. Vytvorila sa tak univerzálnu fyziologickú časť, ktorú už nie je nutné opakovane definovať. Pri použití stačí len referenciu na tento receptor správne spojiť na rôznych miestach v tele s rôznymi ligandmi a s rôznou intracelulárnou odpoveďou. V každom prípade tak budú použité tie samé rovnice, avšak s lokálnymi hodnotami a v lokálnom kontexte.

# Hypotézy a ciele práce

Hypotéza 1 (formalizačná):

*Modelica, ako jazyk pre formalizovanie komplexných systémov v technických odvetviach, je vhodným jazykom na formalizáciu integratívnej fyziológie.*

Hypotéza 2 (integračná):

*Všetky reálne fyziologické experimenty nad jedným pacientom je možné integrovať do jedného komplexného modelu, ktorý bude vždy aspoň tak dobrý ako všetky samostatné modely popisujúce jednotlivé experimenty*

Prvá hypotéza pochádza z pozorovania, že Modelica dokáže popisovať i veľmi komplexné modely v technických vedách*.* Jazyk Modelica je pritom určený tak všeobecne, že je v ňom možné definovať fyzikálne jednotky, fyzikálne veličiny, fyzikálne vzťahy, komponenty fyzikálnych schém aj ich vzájomné prepojenia. Tým je možné na úrovni počítačového jazyku vytvoriť podporu vo forme relatívne malého množstva komponent reprezentujúcich všeobecne uznávané matematické vzťahy pre elementárne fyzikálne zákony. To, že je táto podpora vhodná i na formalizáciu integratívnej fyziológie, by malo byť preukázané formulovaním, analyzovaním a implementovaním práve základných fyziologických princípov komplexného modelu HumMod 1.6, ktorý je považovaný za jeden z najväčších modelov integratívnej fyziológie (<http://hummod.org>). Takmer výlučne by tak pomocou týchto grafických komponent pre elementárne fyziologické procesy malo byť možné nielen spätne implementovať samotný HumMod 1.6, ale umožniť i jeho rozširovanie a implementovanie iných fyziologických modelov.

Cieľom práce je tak vytvoriť kompaktnú softwarovú knižnicu takýchto generalizovaných fyziologických komponent, ktoré budú slúžiť na implementovanie modelu HumMod 1.6 a iných fyziologických modelov pomocou diagramov v jazyku Modelica.

I napriek tisícom integrovaných vzťahov však HumMod 1.6 stále nedokáže popísať exaktne množstvo fyziologických procesov, na ktorých integráciu je nutné vynakladať ďalšie a ďalšie úsilie. Jedným s cieľov práce je tak tento pôvodný model vylepšiť o exaktnejšie počítanie acidobázy a prenosu krvných plynov, pretože práve tu sme pozorovali významné nedostatky simulačných výsledkov modelu v porovnaní s experimentmi a popisom daných vlastností krvi do Siggaard-Andersena a iných (Siggaard-Andersen, 1971; Siggaard-Andersen, et al., 1972; Siggaard-Andersen and Salling, 1971; Siggaard-Andersen, et al., 1972). Pôvodné riešenie acidobáze v modeli HumMod 1.6 napríklad berie v úvahu pri výpočte kyslosti krvi (pH) len rozdiel silných iónov (SID) a parciálny tlak oxidu uhličitého. Siggaard však v reálnych experimentoch ukazuje, že pH by malo byť závislé i na hematokrite a dokonca významne závislé i na tom, či je krv saturovaná kyslíkom plne (arteriálna krv) alebo len čiastočne (venózna krv).

Ďalším cieľom je preto integrovanie experimentov, ktoré sledujú acidobazický a kyslíkový status krvi, s implementovaným modelom HumMod 1.6 v jazyku Modelica.

Výsledný model integrácie ako aj samotný predchádzajúci vývoj modelu však implicitne predpokladajú, že integrovaný model bude aspoň tak dobrý ako modely, z ktorých vychádza. To je predpoklad, ktorý bol zvolený ako druhou veľmi významnou hypotézou pre vytváranie a využitie veľkých komplexných modelov fyziológie. Integrácia modelov nie je samozrejmosťou a stále existuje debata o tom, či je lepší malý alebo veľký model (Gavaghan, et al., 2006). Preto odpoveď na druhú hypotézu by mala nielen teoretické avšak i praktické dopady. Ak je naozaj možné vždy vytvoriť novú teóriu (model), ktorá bude popisovať všetky reálne experimenty zvolených predchádzajúcich teórií, tak by mala práca poukázať i ukážky pravidiel a postupov, ktoré je treba dodržať aby bol výsledný integrovaný model aspoň tak dobrý ako jeho predchodcovia (t.j. separátne modely, ktoré popisujú navzájom rôzne typy experimentov).

Hlavným teoretickým cieľom práce tak bude poukázať na to, že všetky modely je možné integrovať a vytvoriť tak nový model, ktorý bude popisovať všetky reálne merania popisované danými integrovanými separátnymi modelmi.

# Materiály a metodika

Práca si zakladá hodne na exaktnosti definícií, ktoré nesmú viesť k nejednoznačnostiam. Pretože jedine tak je možné matematicky definovať teóriu fyziológie človeka formalizovateľnú v počítačovom jazyku určenú na počítačovú simuláciu. Exaktnosťou definícií sa tu rozumie to, že každý jeden parameter[[7]](#footnote-7) a každá jedna premenná musia mať pevne daný význam; to že každý jeden komponent je fyzikálne i matematicky dobre definovaný; to že každý jeden typ spojenia musí generovať pevne dané vzťahy medzi prepájanými premennými.

Význam premenných je možné exaktne definovať pomocou ***fyzikálnych veličín*** a ***fyzikálnych jednotiek***. Fyzikálne veličiny ako tlak, teplota, objem, hmotnosť, .. sú celosvetovo uznávané pojmy, ktoré sa veľmi presne viažu na popis jak vstupných parametrov tak i výstupných premenných modelu. Obvykle sa fyzikálne veličiny viažu na konkrétne objekty alebo oblasti, čo býva nutné ďalej anatomicky a fyziologicky špecifikovať – napr. tlak krvi v ľavej srdečnej komore, objem celkovej krvnej plazmy, atď. Bohužiaľ i pri presnej definícii fyzikálnej veličiny jej hodnota v konkrétnom prípade nie je daná jednoznačne. Dôvodom sú rôzne fyzikálne jednotky. Fyzika tento problém vyriešila elegantne – zavedením medzinárodnej sústavy fyzikálnych veličín a ich jednotiek (SI). A kvôli jednoznačnosti hodnôt premenných práca tento systém plne rešpektuje i napriek tomu, že niektoré hodnoty sú extrémne malé (napr. 1 ml = 10-6 m3) a niektoré hodnoty sú z pohľadu fyziológie a medicíny veľmi nezvyklé (napr. Kelvin pre teplotu alebo náboj elektrolytov v Coloumb-och).

***Fyzikálne definície a vzťahy***medzi premennými sú formulované vždy pre hodnoty, ktoré sú SI. Z matematických princípov vyplýva, že pre jednoznačné riešenie množiny rovníc je nutné aby počet nezávislých[[8]](#footnote-8) rovníc bol rovnaký ako počet neznámych premenných. S toho priamo vyplýva, že je teoreticky možné každej neznámej priradiť jednu rovnicu. Bohužiaľ nie pre každú premennú je za každých okolností možné vždy disjunktne[[9]](#footnote-9) vybrať práve jeden a ten samý vzťah ako jej definíciu. Matematické vzťahy sú navyše tak spletené, že bez ďalšieho algebraického alebo numerického riešenia nie je možné dostať riešenie len čistým dosadením parametrov. Algebraické riešenie mnohých obyčajných diferenciálnych[[10]](#footnote-10) rovníc dokonca ani nemusí byť známe. V našom prípade definovania fyzikálnych vzťahov pomocou hybridných[[11]](#footnote-11) obyčajných diferenciálnych rovníc však nie je nutné určovať, ktorý vzťah je definíciou ktorej premennej ani algebraické riešenie sústavy rovníc. Je však nutné dobre porozumieť matematickým a fyzikálnym princípom zápisu daných vzťahov.

Časovo náročné fázy vývoja, ktoré sa týkali matematického riešenia už formalizovaných vzťahov, je dnes už možné takmer úplne preskočiť práve vďaka počítačovým jazykom ako je ***Modelica*** (Tummescheit, 2002). Komplexný systém zapísaný týmto jazykom je vstupom pre kompilátor, ktorý je vyvíjaný nezávislým tímom matematikov a informatikov tak aby dokázal automaticky vyriešiť čo najväčšiu triedu úloh (Engelson, et al., 1999; Mattson, et al., 1997). Preto je možné vývoj v integratívnej fyziológii obmedziť hlavne na formalizovanie jednotlivých zákonitostí vo fyziológii.

Modelica umožňuje definovať ***fyzikálny konektor***, ktorý obsahuje dvojicu premenných – úsilie a tok. Pri spojení komponent pomocou takéhoto konektoru sú vždy na pozadí vygenerované rovnosti pre všetky navzájom prepojené úsilia a jedna rovnica toku pre každý uzol[[12]](#footnote-12) prepojení. Táto všeobecná rovnica toku vraví, že súčet tokov v danom uzle je nula. To znamená, že žiaden tok sa nám v danej schéme nesmie stratiť a to čo z nejakých komponent vytečie musí vtiecť do iných komponent spojených konektormi v jednom uzle. Takýto prístup je natoľko všeobecný, že sa už v Modelica bežne používa napríklad pre elektrické komponenty ako je odpor, cievka, kondenzátor (Mattsson, et al., 1998); pre tepelné komponenty ako je tepelný vodič a tepelný kondenzátor (Elmqvist, et al., 2003); alebo mechanické komponenty ako je pružina, tlmič a zotrvačník (Engelson, et al., 1999).

Už to, že je možné vytvoriť akýsi exaktný formalizovaný zápis komplexného modelu je obrovskou výhodou, pretože to umožňuje vysvetliť mnohé regulačné a synergické fenomény, ktoré nie je možné sledovať ako samostatné elementárne procesy. Ukazuje sa, že počítačová simulácia v technike má obrovské uplatnenie a to nielen v základnom výskume ale i vo vývoji konkrétnych produktov a aplikácií. Obrovský rozvoj v informatike dovolil vyvinúť nástroje, v ktorých nielenže je možné zapisovať priamo matematické rovnice bez nutnosti ich manuálneho algebraického[[13]](#footnote-13) riešenia ale aj umožňujú tieto rovnice generovať priamo z hierarchických grafických schém. Napríklad užívateľ tak môže naklikať vo veľmi krátkom čase i pomerne zložitý elektrický obvod v podobe jeho prirodzenej schémy a po zadaní jednotlivých parametrov priamo sledovať zmeny jeho premenných v čase. Naklikaním sa myslí pretiahnutie komponenty z knižnice komponent do diagramu pomocou počítačovej myši, kde stlačením ľavého tlačítka sa komponent uchopí, pohybom myši sa premiestni a pustením tlačítka nad diagramom modelu sa komponent umiestni ako jeho ďalšie použitie v modeli pod novým názvom. Podobný princípom sa tak pospájajú i konektory daných komponent v diagrame. Pretože algebraické riešenia určitej skupiny rovníc sú plne automatizovateľné (Fritzson and Engelson, 1998), užívateľ nemusí byť zbehlý v matematike aby mohol navrhovať a pracovať s predpripravenými stavebnými komponentami komplexných modelov. Počítačový jazyk Modelica umožňuje užívateľovi takýmto spôsobom definovať zložitejšie komponenty rôznym prepájaním komponent jednoduchších a dokonca i priamo textovo definovať tie úplne základné komponenty reprezentujúce elementárne fyzikálne zákony (Mattson, et al., 1997). Tento jazyk je navrhnutý tak všeobecne, že by malo byť možné do neho implementovať všetky základné fyzikálne zákony z HumModu, obecnú komponentu chemickej speciácie (pre modely allosterisckých effektov ako je náš model equilibria[[14]](#footnote-14) viacerých ligandov na hemoglobíne) i vzťahy z fyzikálnej chémie.

Pre porovnanie Dr. Tom G. Coleman (hlavný autor a dizajnér HumModu) zvolil na implementáciu modelov QHP a HumMod neštandardný vlastný XML jazyk, ktorý nie je možné na prvý pohľad uchopiť a intuitívne s ním pracovať bez pomerne zložitej expertnej znalosti. Na zviditeľnenie vzťahov v danom modeli sme vyvinuli špeciálny skript, ktorý transformuje tento XML jazyk do čitateľnejšej podoby webového prehliadača. Tak bolo možné tisíce vzťahov rozanalyzovať a roztriediť. To umožnilo identifikovať len zopár fyzikálnych zákonov, z ktorých je možné model schematicky opäť zložiť v novej dekomponovanej hierarchii, ktorá sa napríklad vyskytuje vo fyziologických knihách pri rozdelení na kapitoly, podkapitoly, sekcie a konkrétne fyziologické termíny.

Vzhľadom k tomu, že tieto základné komponenty sa ukázali byť naozaj veľmi široko použiteľné, tak ako jedným s hlavných integračných výstupov tejto práce sú i knižnice týchto komponent použitých na finálny komplexný model zvaný Physiomodel, ktorý integruje HumMod s novým modelom acidobázy a prenosu krvných plynov. A práve vďaka tomu, že naša knižnica Physiolibrary (Mateják, et al., 2014) dokázala integrovať základné vzťahy z komplexného modelu HumMod do veľmi malého počtu komponent, získala v roku 2014 hlavnú cenu v súťaži voľných Modelicových knižníc, čím sa stala súčasťou mnohých software-ových nástrojov pracujúcich s jazykom Modelica, napr. OpenModelica, Simulation X, a iné. Veríme, že podobné úspechy ak nie väčšie bude mať i naša knižnica Chemical, pomocou ktorej sme vyriešili mnohé nedostatky predchádzajúcich teórií. Tá pôvodne vznikala za účelom popísania osmotických (Ahlqvist, 2003), Donnanových (Donnan, 1911) a Nernstových rovnováh (Nernst, 1996) na membráne erytrocytu. Avšak použité vzťahy z fyzikálnej chémie, ktoré vyrovnávajú elektrochemické potenciály, sa ukázali byť univerzálne použiteľné i pre ostatné chemické, či elektrochemické procesy. Je tak možné z pomerne malého počtu komponent (napr. homogénny chemický roztok, chemická substancia, chemická reakcia, či pasívny membránový kanálik) poskladať i komplexné viac-kompartmentové (elektro)chemické dráhy. A to dokonca takým spôsobom, že jednotlivé substancie si užívateľ vyberie len podľa názvu z preddefinovanej sady dát a všetky equilibračné[[15]](#footnote-15) koeficienty a zmeny enthalpie[[16]](#footnote-16) sú odvodené už priamo z týchto dát. Vytváranie chemických a elektrochemických modelov sa tak môže natoľko zjednodušiť, že na plné definovanie simulačného experimentu postačuje po naklikaní a prepojení základných komponent už len nastavenie skupenstva, chemického názvu a inicálneho množsta každej použitej chemickej substancie.

# Výsledky

Výsledky práce možno rozdeliť na tri skupiny: formalizovanú teóriu vývoju modelu; komplexný model, ktorý rozširuje HumMod 1.6 o novú acidobázu a prenos krvných plynov; a v neposlednej rade knižnice na podporu vývoja integratívnych fyziologických modelov v jazyku Modelica.

Práve návrh nových univerzálnych Modelicových knižníc umožňuje veľmi elegantne a jednoducho modifikovať, rozširovať i veľmi komplexné fyziologické modely. Na zovšeobecnenie fyzikálnych zákonov boli definované (Tabuľka 1) tri nové fyzikálne konektory: chemický, hydraulický a populačný (Mateják, 2014a).

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| Konektor | | Úsilie | Tok[[17]](#footnote-17) |
|  | Elektrický | elektrický potenciál | elektrický prúd |
|  | Termálny | teplota | tok tepelnej energie |
| C:\Users\marek\AppData\Local\Microsoft\Windows\INetCache\Content.Word\ChemicalPorts.png | *Chemický* | *electrochemický potenciál* | *molárny tok* |
|  | *Hydraulický* | *tlak* | *objemový tok* |
| C:\Users\marek\AppData\Local\Microsoft\Windows\INetCache\Content.Word\PopulationPorts.png | *Populačný* | *veľkosť populácie* | *zmena populácie* |

Tabuľka 1, Použité fyzikálne konektory, kurzívou sú nové konektory navrhnuté v práci. Pomocou konektorov sa spájajú komponenty do schém, tak že každé spojenie znamená rovnosť úsilia a súčet prepojených tokov rovný nule.

Nad týmito konektormi práca navrhuje fyzikálne komponenty, ktoré slúžia na definovanie elementárnych dejov vo fyziológii (Mateják, 2014b). Tie sú obvykle veľmi všeobecné a sú popísané jednou alebo veľmi malým počtom rovníc. Niektoré sú analógiou ku štandardným komponentom elektrického obvodu. Napríklad odpor je definovaný ako Ohmov zákon, akumulácia je diferenciálnou rovnicou nahromadenia toku, a zotrvačnosť predstavuje reakciu úsilia na zmenu rýchlosti toku. Avšak mnohé komponenty ako chemická reakcia, ideálny radiátor alebo zmeny populácie v prepočte na jedinca, sú natoľko doménovo špecifické, že ich nemožno takto analogicky zrovnávať cez jednotlivé fyzikálne domény (Mateják, et al., 2014). Každý komponent má pritom grafickú ikonku, ktorá reprezentuje jeho použitie v schémach inak nazývaných i diagramami alebo obvodmi. Zo schém sa potom generujú matematické rovnice, ktoré sú ukryté v jednotlivých spojeniach a v komponentoch.

Hlavným účelom takéhoto grafického prekrytia matematických vzťahov je zaviesť prehľadnosť, čitateľnosť, obmedziť chybovosť, a hlavne umožniť jednoduché rozširovanie modelov (Mateják, et al., 2008). Zápis modelu do jazyka Modelica je však až treťou etapou vývoja. Tou prvou je prichystanie si dostatočného množstva ***experimentov a dát***, ktoré by mal výsledný model s danou presnosťou popísať. Druhou najpodstatnejšou etapou je vymyslenie a navrhnutie novej teórie, ktorú bude daný model reprezentovať.

Nazačiatku práce boli prvé pokusy o re-implementovanie rozsiahlych modelov v prostredí Matlab/Simulink (od firmy Mathworks, U.S.). Tento postup sa však ukázal veľmi zdĺhavý a nepraktický, pretože nezjednodušoval ani nesprehľadňoval pôvodné zápisy modelov, naviac nebolo možné takto implementované časti jednoducho modifikovať a rozširovať. Preto sme od Simulinku upustili a hľadali sme nové možnosti implementovania rozsiahlych modelov (Mateják, et al., 2008). To, že Modelica plne vyhovovala týmto kritériám ukázalo už implementovanie pôvodného Guytonovho modelu z roku 1972 (Mateják, et al., 2009). O rok neskôr už bol v jazyku Modelica implementovaný i model QHP (Mateják and Kofránek, 2010). Tento model bol i jedným z hlavných výstupov veľmi úspešného projektu „e-Golem: lékařský výukový simulátor fyziologických funkcí člověka jako podklad pro e-learningovou výuku medicíny akutních stavů“ (2006-2009, MSM/2C, 2C06031). A ďalším výsledkom bola už implementácia samotného modelu HumMod 1.6 (Mateják and Kofránek, 2011). Tým vznikol podklad na integráciu nových teórií acidobáze, prenosu krvných plynov a kardiovaskulárneho obehu. Roku 2012 bola do modelu implementovaná teória výpočtu statusu krvi podľa Siggaard-Andersona (Siggaard-Andersen and Siggaard-Andersen, 1990). Model tak dokázal simulovať napríklad podporu umelej ventilácie, či dokonca prístrojovej extravaskulárneho okysličenia krvi (Mateják, et al., 2012). Tieto a mnohé ďalšie vstupy v podobe infúzií, dialýzy, transfúzie alebo krvácania boli navrhnuté pre výukové simulácie v projekte „Virtuálny pacient - trenažér pro lékařskou výuku“ (2011-2014, MPO/FR, FR-TI3/869). V podobnom duchu výukových simulácií boli v modeli testované i rôzne respiračné i metabolické poruchy, napr. scenáre ketoacidózy (Mateják, 2013), kde už bolo zahrnuté nové počítanie acidobázy ako dôsledok elektroneutrality pri modelovaní jednotlivých chemických substancií. Posledným najväčším pokrokom v implementovanej práci je spomenutá vyčlenená Modelicová knižnica Physiolibrary (Mateják, et al., 2014) a nakoniec nový komplexný model hemoglobínu (Mateják, 2015; Mateják, et al., 2015). Výsledný komplexný model fyziológie, zvaný Physiomodel, je implementovaný pomocou komponent z Physiolibrary a integruje model HumMod 1.6, model hemoglobínu spolu s modelom acidobázy. Jeho detailná štruktúra a podsystémy sú popísané v práci v sekcii 4.

Vývoj modelu hemoglobínu prechádzal taktiež rôznymi neúspechmi. Ukázalo sa, že absolútne nie je vhodné rozširovať modely založené na matematických aproximáciách ako napríklad Hillov, Siggaardov, či Severinghausov model. Takéto rozšírenia veľmi rýchlo viedli k sporu v prípade, že existovalo viacero pohľadov na previazané procesy. V našom prípade sme pre hemoglobín zvolili pohľad na saturáciu kyslíku (Severinghaus, 1979), karboxiláciu (Bauer and Schröder, 1972) a Bohrove[[18]](#footnote-18) titrovanie (Siggaard-Andersen, 1971) pri rôznych hladinách pH, 02 a CO2. V každom pohľade sa tak zafixujú dve z daných troch hladín a sleduje sa stav pri meniacej sa tretej veličiny. Matematicky je na tento problém možné nazerať ako na sústavu troch rovníc s tromi neznámymi, ktorými sú zmeny priemerného titračného náboja na hemoglobíne; saturácia 02; a saturácia C02. Všetky tri rovnice sú však navzájom nelineárne prepojené tak, že ich nie je možné rozdeliť. Preto samostatné aproximácie jednotlivých neznámych nikdy nebudú postačujúce k popisu týchto vzájomných prepojení. Existuje teda spor – nastavenie systému, ktoré nevyhovuje daným aproximáciám. Ak sa však vychádza z fyzikálnych reakcií jednotliých ligandov (Mateják, et al., 2015) je model pripravený na rozšírenia i iných ligandov ako je 2,3-difosfoglycerát, chlór, či iné fosfáty. Navyše náš model popisuje viazanie, hromadenie a uvoľňovanie jednotlivých molekúl (Obrázok 1), čo umožňuje jeho jednoduché integrovanie do veľkých komplexných modelov.

Obrázok 1, Zrovnanie nameraných dát (krúžky) hemoglobínovej oxygenácie (Severinghaus, 1979), karboxylácie (Bauer and Schröder, 1972), Bohrovej titrácie (Siggaard-Andersen, 1971) a Bohrovho efektu (Naeraa, et al., 1963) s výstupmi (plné a čiarkované čiary) prezentovaného integrovaného modelu hemoglobínu (Mateják, et al., 2015) z rôznych pohľadov závislostí medzi veličinami (viď text).

Vďaka jazyku Modelica je možné tento integratívny model hemoglobínu reprezentovať len použitím štyroch komponent: chemickej substancii reprezentujúcej špecifické formy celého tetraméru i formy jednotlivých nezávislých väzobných miest na podjednotkách; chemickej reakcie reprezentujúcej každú elementárnu reakciu medzi jednotlivými formami; chemickej špeciácie reprezentujúcej výpočet koncentrácie konkrétnej formy celej makromolekuly z koncentrácií vybraných foriem jej nezávislých častí; a chemického roztoku reprezentujúceho extenzívne a intenzívne vlastnosti prostredia, v ktorom sa systém nachádza. Práve tieto komponenty spájateľné pomocou chemického konektoru (Tabuľka 1) sú v práci navrhnuté ako univerzálne stavebné kamene chemickej domény na tvorbu integratívnych fyziologických modelov. Modely je tak možné navzájom prepájať, kde kompatibilita hodnôt je zachovaná vďaka striktnému dodržovanie fyzikálnych jednotiek SI a vďaka fyziologicky dobre definovaným fyzikálnym veličinám.

Podobne ako pre chemickú doménu za pomoci vzťahov fyzikálnej chémie, práca definuje i vzťahy pre hydraulickú doménu, ktoré dokážu definovať väčšinu modelov kardiovaskulárneho systému. Návrh týchto konektorov v práci bol natoľko úspešný, že podnietil vytváranie ďalšieho množstva alternatívnych modelov kardiovaskulárneho systému (Kulhánek, et al., 2014), ktoré popisujú v rôznych detailoch pulzujúci krvný obeh. Bohužiaľ žiaden s týchto modelov dodnes nebol integrovaný s modelom Physiomodel.

Veľmi častým dotazom na veľké integratívne modely je, či má skutočne zmysel vytvárať „monštrá“ s tisícami rovníc a premenných. Odpoveď na túto a ďalšie filozofické otázky sa skrýva v teoretickom dôkaze integračnej hypotézy tejto práce, ktorá znie: *„Všetky reálne fyziologické experimenty nad jedným pacientom je možné integrovať do jedného komplexného modelu, ktorý bude vždy aspoň tak dobrý ako všetky samostatné modely popisujúce jednotlivé experimenty“*. To, že by to malo byť možné plynie zo skúseností z analýzy vývoja modelov z Mississippi, z implementovania modelov v jazyku Modelica a z integrovanie a vytvárania nových integračných modelov. Na potvrdenie tohto výroku bol ale zvolený exaktnejší prístup (v sekcii 5), kde práca formalizuje definíciu reálneho experimentu, modelu a čiastočného usporiadania modelov (operátor „aspoň tak dobrý ako“ medzi dvoma modelmi). Pomocou týchto exaktných definícií použitím pravidiel matematickej logiky vyplýva, že vždy by mal existovať model aspoň tak dobrý ako dva ľubovoľne zvolené modely. Prakticky to však znamená len teoretický dôkaz, že nová teória, ktorá popíše všetky zvolené experimenty musí existovať. Jej nájdenie však bohužiaľ nie je zautomatizovateľné a mnohokrát vyžaduje omnoho väčší nadhľad než len porozumenie samostatných popisovaných experimentov.

# Diskusia

Okrem komplexných modelov fyziológie z Mississippi ako je HumMod (Hester, et al., 2011) dnes existujú celé repozitáre implementovaných modelov. Väčšina daného výskumu bola financovaná z medzinárodného projektu Physiome (Bassingthwaighte, 2000; Hunter, et al., 2002; Hunter, et al., 2006). Modely sú rozdelené do úzkych oblastí fyziológie, ktorých sa týkajú. Napríklad pre modely srdca tak vznikol dokonca samo­statný podprojekt Cardiome (Bassingthwaighte, 1997). V Európe sa projekt EuroPhysiome (Fenner, et al., 2008) oficiálne nazýva Virtual Physiology Human - VPH (Díaz-Zuccarini, et al., 2014; Hunter and Viceconti, 2009). Ciele projektu sú však rovnaké a dokonca i účasť je celosvetová. Na formalizáciu fyziológie sú vyvíjané počítačové jazyky System Biology Markup Language - SBML a Cellular Markup Language - CellML (Smith, et al., 2013). A to i napriek tomu, že Európa financuje zároveň projekty určené na vývoj univerzálneho modelovacieho jazyka Modelica a nástrojov s ním spojených (75 Mill. € v rokoch 2007-2015 cez ITEA2 projekty EUROSYSLIB, MODELISAR, OPENPROD, and MODRIO). Technicky i prakticky tak jazyk Modelica ďaleko prevyšuje možnosti nielen jazykov SBML, či CellML, ale dokonca aj zaužívaných komerčných nástrojov. Pre udržanie kroku tak napríklad firma Mathworks (U.S.) prichádza s Modelice veľmi podobným systémom Simscape v programovom prostredí Matlab, avšak s obrovskou nevýhodou, že zápis modelu nie je štandardizovaný a tým je neprenositeľný medzi inými prostrediami. Medzinárodné firmy ako Dassault Systemes, Wolfram alebo Maplesoft zvolili opačnú stratégiu a ich komerčné produkty už jazyk Modelica podporujú natoľko, že je ho možné prepájať s ďalšími softwarovými možnosťami ako sú CAD[[19]](#footnote-19) systémy alebo iné optimalizačné a matematické nadstavby. Jazyk Modelica je tak úspešný, že sa dnes dostáva na prvé priečky v simulačných prostrediach v automobilovom i energetickom priemysle. Z akademického hľadiska je však podstatné, že popri komerčných nástrojoch sa začínajú presadzovať i nekomerčné voľne šíriteľné nástroje jazyka Modelica ako je OpenModelica, v ktorom je naša knižnica Physiolibrary testovaná a plne podporovaná. Dokonca naša implementácia modelu HumMod Golem Edition slúži ako jeden z testov daného vývoja {Kofránek, 2011 #11}.

Udržiavať veľké množstvo navzájom neprepojiteľných modelov je omnoho jednoduchšie, než modely spolu integrovať v jeden veľký komplexný celok. Opačný postup, tj. vytvorenie špecifických konkrétnych modelov pre konkrétne vstupy a výstupy z jedného veľkého komplexného modelu by však malo byť teoreticky plne automatizovateľné. Tento silný potenciál veľkých komplexných modelov však zostáva ukrytý do body než bude možné modely navzájom integrovať a formalizovať pomocou hierarchických (objektovo-orientovaných) jazykov s pevne špecifikovaným rovnicovo založeným významom. Práve Modelica prináša dané možnosti. Možnosti ako skladať fyzikálne zákony v tak komplexné celky ako sú fyziologické systémy. Modelica je však len akási robustná nadstavba nad matematiku hybridných diferenciálnych rovníc, ktorými je daný systém opísateľný. Bez ohľadu na jazyk zápisu naďalej zostáva tou najpodstatnejšou prácou integratívnej fyziológie nachádzanie nových teórií, ktoré budú schopné komplexne vysvetliť pozorované deje. Deje, ktoré napríklad nastávajú v krvi pri priechode kapilár pľúcnych alveolou alebo pri priechode kapilár v jednotlivých tkanivách.

Integrovanie komplexného prenosu krvných plynov s HbA musí zastrešovať všetky tri nelineárne previazané procesy ako je viazanie kyslíku, oxidu uhličitého a Bohrových protónov. I napriek tomu, že separátne sú tieto procesy dobre známe, tak až táto práca ako prvá prináša teóriu viazania všetkých troch ligandov (O2, CO2, H+) s HbA. Využíva pritom zásadne fyzikálnych vzťahov chemického equilibria na hemoglobíne, kde jednotlivé ligandy sú medzi sebou allostericky prepojené.

Dnes najuznávanejšími modelmi viazania kyslíku na hemoglobín sú modely (Eaton, et al., 2007), ktoré vychádzajú s pôvodného allosterického Monod-Wyman-Changeux (MWC) modelu (Monod, et al., 1965). Avšak tieto modely vysvetľujú len viazanie kyslíku pri pevne daných podmienkach a nevysvetlujú doprovodné zmeny viazania CO2 alebo H+. Model v práci je síce založený na staršom Adairovom princípe postupného viazania O2 na tetramér v štyroch krokoch, avšak vysvetľuje zároveň aj dané doprovodné deje. A to do takej miery, že je možné z modelu presne vyjadriť množstvo konkrétnej formy HbA určenej formami podjednotiek (tým, či sú na ňu dané ligandy naviazané alebo nie).

Tento teoretický nadhľad na equilibrium na makromolekule, ktoré podlieha chemickému princípu detailnej rovnováhy je možné zobecniť a tak sme vytvorili komponent chemickej špeciácie ako jeden so základných princípov chemickej domény. Pomocou daného kompounentu je možné implementovať model makromolekuly s ľubovoľným množstvom ligandov, ktoré sa viažu nezávisle na konkrétnu quarernárnu štruktúrnu formu makromolekuly. Quaternárne formy makromolekuly je pritom možné taktiež ľubovoľne na seba prevádzať pomocou chemických reakcií. Komponenta teda umožňuje veľmi prehľadne zapisovať ľubovoľné alosterické procesy s ľubovoľným množstvom ligandov.

Zápis pomocou grafických schém pritom môže ukrývať i množstvo informácií, ktoré sú automaticky odvodené z jednotlivých zapojení. Napríklad každá chemická reakcia má svoju enthalpiu, tj. teplo ktoré skonzu­muje jeden stechiometrický[[20]](#footnote-20) mol reaktantov pri premene na jeden stechiometrický mol produktov. Ak je táto enthalpia záporná hovoríme o exotermickej reakcii, ak je kladná hovoríme o reakcii endotermickej. Zo základných princípov termodynamiky plynie, že ak je chemická reakcia reverzibilná, tak teplo, ktoré v jednom smere skonzumuje musí v opačnom smere vypustiť. Ukazuje sa, že viazanie O2 na HbA je reakcia endotermická (tj. teplo vyžaruje) a teda naopak odviazanie O2 v metabolicky aktívnych tkanivách naväzuje teplo, ktoré takto prenáša do pľúc (Mateják, et al., 2015; Weber and Campbell, 2011; Weber, et al., 2014). Tým prispieva náš model i zlepšeniu výpočtu termoregulácie.

# Závery

Jednoznačným záverom je, že fyziologické modely človeka je možné integrovať do jedného komplexného modelu, ktorý by mal popisovať všetky experimenty pôvodných modelov. Toto tvrdenie práca dokazuje teoreticky pomocou exaktne definovaných pojmov a zároveň ukazuje príklad integrácie nového prístupu acidobázy a prenosu krvných plynov s veľkým komplexným modelom HumMod 1.6.

Nový prácou vypracovaný prístup k acidobáze založený na komplexnej znalosti všetkých elektrolytov, signifikantných zásad a kyselín berie v úvahu titračné krivky daných acidobazických pufrov. Z totálnych koncentrácií všetkých týchto chemických látok tak určí kyslosť roztoku (pH) tak, aby platila elektroneutralita a chemické equilibrium na každej acido-bazickej reakcii. A to jak v plazme, tak v interstitiu, tak i v bunkách. Jedinou výnimkou v našom integrovanom komplexnom modeli je hemoglobín, ktorého titračná krivka sa mení s množstvom naviazaného O2 i CO2. Práve vlastnosti hemoglobínu priamo určujú stav krvi pri prenose krvných plynov. Ukázalo sa, že je možné využitím chemickej detailnej rovnováhy (Alberty, 2004) vysvetliť vzájomné prepojenie afinít O2, CO2 a H+ a vysvetliť tak prenosové vlastnosti hemoglobínu A pri všetkých možných kombináciách fyziologických a patofyziologických hodnôt pO2, pCO2 a pH, ktoré môžu nastať pri prenose krvných plynov i počas respiračných alebo metabolických acidobazických porúch. Navyše integračný prístup pomocou jednotlivých chemických reakcií na konkrétnych miestach na makromolekule umožňuje sledovať i tepelné vplyvy a exotermické-endotermické vlastnosti. Tým bolo možné náš model rozšíriť i o vplyvy viazania tepla jednotlivými reakciami. Potvrdilo sa i pozorovanie, že hemoglobín je schopný preniesť asi 5% vyprodukovaného tepla z metabolicky aktívneho tkaniva do pľúc bez toho aby tento typ prenosu tepla mal vplyv na zmenu teploty krvi (Mateják, et al., 2015).

Úlohou integratívnej fyziológie nie je vytvárať nové matematické rovnice, naopak využívať aktuálne fyzikálne vzťahy na popis fyziologických systémov. Práca ukazuje, že aproximácie dát krivkami nie je možné rozvíjať ďalšími aproximáciami, pretože takýto prístup by znamenal identifikovať n-dimenzionálne funkcie s nefyzikálnymi parametrami, čo by vyžadovalokn nameraných bodov, kde k je počet bodov v jednej dimenzii. Napríklad ak by postačovalo 100 bodov pre každý experiment nad hemoglobínom merajúci vplyv jednej veličiny na druhú veličinu (tj. napríklad pre krivky sO2(pO2), sCO2(pH), ΔBH+(pH) ), tak počet bodov na podobne presnú identicikáciu troj-rozmernej aproximácie ([sO2, sCO2, ΔBH+] = f(pO2, pCO2, pH)) by muslel byť 1003=106. Tento počet by navyše exponencionálne narastal s každým novým ligandom, nehovoriac o tom, že parametre daných funkcií by nemali žiaden fyzikálny význam, takže ich hodnoty by nebolo možné využiť v ďalšom vývoji. Preto by mali byť nefyzikálne aproximácie použité len v krajnom prípade a to len na určenie vzťahu medzi dvomi veličinami. K prepojeným závislostiam je už potreba pristupovať inak - cez fyzikálne a chemické vzťahy, ktoré umožňujú pracovať na rozdiel od daných aproximácií s ľubovoľným počtom rovníc/premenných. Práca sa preto nezaoberá metódami identifikácie množstva nefyzikálnych parametrov z komplexných experimentov. Naopak predpokladá, že všetky parametre alebo aproximácie vzťahov medzi dvojicami veličín sú priamym výsledkom konkrétnych meraní.

Fyzikálne veličiny a fyzikálne zákony sú definované príliš elementárne a univerzálne. Vo fyziológii je bežné, že i fyziologický jav, ktorý sa vysvetľuje jedným pojmom je v skutočnosti násobné využitie viacerých fyzikálnych veličín vo viacerých fyzikálnych dejoch. Práve prepojenie pojmov z fyziky a z fyzikálnej chémie s pojmami fyziológie je krok správnym smerom, pretože jedine tak je možné využívať pripravený aparát s týchto exaktne rozvinutých vied. To, že na prvý pohľad dané komponenty navrhnuté v práci vyzerajú primitívne a intuitívne je obrovským úspechom toho, že sa dané prepojenie vydarilo a ponúklo tak silný a univerzálny aparát v podobe softwarových knižníc na hierarchické definovanie komplexných fyziologických modelov. Tieto Modelicové knižnice Physiolibrary a Chemical sú publikované ako výsledok tejto práce pod [Modelica Licenciou 2](https://www.modelica.org/licenses/ModelicaLicense2) pod Univerzitou Karlovou, čo znamená, že ich môže využiť každý na vlastné riziko pre nekomerčné i komerčné účely.

Na rozdiel od daných knižníc, ktoré už získali svoju takmer finálnu podobu, tak komplexný integratívny model človeka je ešte len akýmsi prvým nástrelom. Zďaleka nepopisuje dopodrobna všetky známe javy vo fyziológii. Physiomodel vyžaduje ešte veľké množstvo úsilia aby bol schopný vysvetliť ďalšie a ďalšie patofyziologické stavy. Avšak ako teoreticky ukazuje práca, tak jeho ďalší vývoj je možný až do takej miery, že bude schopný dávať odpovede i na veľmi komplexné a prepojené fyziologické problémy. Akumulácia znalostí do jednej rozsiahlej teórie uchopiteľnej jak pre počítač[[21]](#footnote-21) tak pre človeka[[22]](#footnote-22) má obrovský potenciál, ktorý dodnes nebol možný.

# Použitá literatúra

Abram, S.R.*, et al.* Quantitative circulatory physiology: an integrative mathematical model of human physiology for medical education. *Advances in Physiology Education* 2007;31(2):202-210.

Adair, G.S. The hemoglobin system VI. The oxygen dissociation curve of hemoglobin. *J. Biol. Chem.* 1925;63(2):529-545.

Ahlqvist, J. Plasma protein osmotic pressure equations for humans. *Journal of Applied Physiology* 2003;94(3):1288-1289.

Alberty, R.A. Principle of Detailed Balance in Kinetics. *J. Chem. Educ.* 2004;81(8):1206.

Antonini, E.*, et al.* Studies on the relations between molecular and functional properties of hemoglobin V. The influence of temperature on the Bohr effect in human and in horse hemoglobin. *J. Biol. Chem.* 1965;240(3):1096-1103.

Atha, D.H. and Ackers, G.K. Calorimetric determination of the heat of oxygenation of human hemoglobin as a function of pH and the extent of reaction. *Biochemistry* 1974;13(11):2376-2382.

Bassingthwaighte, J.B. Design and strategy for the Cardionome Project. In, *Analytical and Quantitative Cardiology*. Springer; 1997. p. 325-339.

Bassingthwaighte, J.B. Strategies for the physiome project. *Annals of Biomedical Engineering* 2000;28(8):1043-1058.

Bauer, C. and Schröder, E. Carbamino compounds of haemoglobin in human adult and foetal blood. *J. Physiol.* 1972;227(2):457-471.

Bohr, C., Hasselbalch, K. and Krogh, A. Concerning a biologically important relationship–the influence of the carbon dioxide content of blood on its oxygen binding. *Skand. Arch. Physiol* 1904;16:402.

Coleman, T.G. and Randall, J.E. HUMAN. A comprehensive physiological model. *Physiologist* 1983;26(1):15-21.

Dash, R.K. and Bassingthwaighte, J.B. Erratum to: Blood HbO2 and HbCO2 dissociation curves at varied O2, CO2, pH, 2, 3-DPG and temperature levels. *Ann. Biomed. Eng.* 2010;38(4):1683-1701.

Díaz-Zuccarini, V., Thiel, R. and Stroetmann, V. The European Virtual Physiological Human Initiative. *Managing EHealth: From Vision to Reality* 2014:244.

Donnan, F.G. Theorie der Membrangleichgewichte und Membranpotentiale bei Vorhandensein von nicht dialysierenden Elektrolyten. Ein Beitrag zur physikalisch-chemischen Physiologie. *Zeitschrift für Elektrochemie und angewandte physikalische Chemie* 1911;17(14):572-581.

Eaton, W.A.*, et al.* Evolution of allosteric models for hemoglobin. *IUBMB Life* 2007;59(8‐9):586-599.

Elmqvist, H., Tummescheit, H. and Otter, M. Object-oriented modeling of thermo-fluid systems. In, *3rd International Modelica Conference*. 2003. p. 269-286.

Engelson, V., Larsson, H. and Fritzson, P. A design, simulation and visualization environment for object-oriented mechanical and multi-domain models in Modelica. In, *Information Visualization, 1999. Proceedings. 1999 IEEE International Conference on*. IEEE; 1999. p. 188-193.

Fenner, J.W.*, et al.* The EuroPhysiome, STEP and a roadmap for the virtual physiological human. *Philosophical Transactions of the Royal Society A: Mathematical, Physical and Engineering Sciences* 2008;366(1878):2979-2999.

Fritzson, P. and Engelson, V. Modelica—A unified object-oriented language for system modeling and simulation. In, *ECOOP’98—Object-Oriented Programming*. Springer; 1998. p. 67-90.

Gavaghan, D.*, et al.* Mathematical models in physiology. 2006.

Guyton, A.C. Circulatory Physiology: Cardiac Output and Its Regulation. *The American Journal of the Medical Sciences* 1965;249(1):122.

Guyton, A.C. Long-term arterial pressure control: an analysis from animal experiments and computer and graphic models. *American Journal of Physiology-Regulatory, Integrative and Comparative Physiology* 1990;259(5):R865-R877.

Guyton, A.C., Coleman, T.G. and Granger, H.J. Circulation: overall regulation. *Annual review of physiology* 1972;34(1):13-44.

Hester, R.*, et al.* HumMod: An integrative model of integrative biomedicine. In, *The Interservice/Industry Training, Simulation & Education Conference (I/ITSEC)*. NTSA; 2010.

Hester, R.L.*, et al.* HumMod: a modeling environment for the simulation of integrative human physiology. *Frontiers in Physiology* 2011;2.

Hester, R.L., Coleman, T. and Summers, R. A multilevel open source integrative model of human physiology. *The FASEB Journal* 2008;22(1\_MeetingAbstracts):756.758.

Hill, A.V. The combinations of haemoglobin with oxygen and with carbon monoxide. I. *Biochem. J.* 1913;7(5):471.

Hunter, P., Robbins, P. and Noble, D. The IUPS human physiome project. *Pflügers Archiv* 2002;445(1):1-9.

Hunter, P.J.*, et al.* Multiscale modeling: Physiome project standards, tools, and databases. *Computer* 2006;39(11):48-54.

Hunter, P.J. and Viceconti, M. The VPH-physiome project: standards and tools for multiscale modeling in clinical applications. *Biomedical Engineering, IEEE Reviews in* 2009;2:40-53.

Chipperfield, J., Rossi-Bernardi, L. and Roughton, F. Direct calorimetric studies on the heats of ionization of oxygenated and deoxygenated hemoglobin. *J. Biol. Chem.* 1967;242(5):777-783.

Kulhánek, T., Kofránek, J. and Mateják, M. Modeling of short-term mechanism of arterial pressure control in the cardiovascular system: Object-oriented and acausal approach. *Computers in Biology and Medicine* 2014;54(0):137-144.

Mateják, M. Simulovanie ketoacidózy. In, *Medsoft 2013*. 2013. p. 140-150.

Mateják, M. Physiolibrary - fyziológia v Modelice. In, *Medsoft 2014*. 2014.

Mateják, M. Physiology in Modelica. *MEFANET Journal* 2014;2(1):10-14.

Mateják, M. Adairove viazanie O2, CO2 a H+ na hemoglobín In, *Medsoft 2015*. 2015. p. 140-149.

Mateják, M. and Kofránek, J. Rozsáhlý model fyziologických regulací v Modelice. In, *Medsoft 2010*. 2010. p. 126-146.

Mateják, M. and Kofránek, J. HumMod–Golem Edition–Rozsáhlý model fyziologických systémů. In, *Medsoft 2011*. 2011. p. 182-196.

Mateják, M., Kofránek, J. and Rusz, J. Akauzální" vzkříšení" Guytonova diagramu. In, *Medsoft 2009*. 2009. p. 105.

Mateják, M., Kulhánek, T. and Matoušek, S. Adair-based hemoglobin equilibrium with oxygen, carbon dioxide and hydrogen ion activity. *Scandinavian Journal of Clinical & Laboratory Investigation* 2015:1-8.

Mateják, M.*, et al.* Physiolibrary - Modelica library for Physiology. In, *10th International Modelica Conference*. Lund, Sweden; 2014.

Mateják, M.*, et al.* Physiolibrary - Modelica library for Physiology. In, *10th International Modelica Conference*. Lund, Sweden; 2014.

Mateják, M.*, et al.* Model ECMO oxygenátoru. *Medsoft* 2012:205-2014.

Mateják, M., Privitzer, P. and Kofránek, J. Modelica vs. blokovo-orientované jazyky matematického modelovania. In: Janech, J., editor, *OBJEKTY 2008*. Žilina, SR: Edis Žilina; 2008. p. 79-94.

Matthew, J.B.*, et al.* Quantitative determination of carbamino adducts of alpha and beta chains in human adult hemoglobin in presence and absence of carbon monoxide and 2, 3-diphosphoglycerate. *J. Biol. Chem.* 1977;252(7):2234-2244.

Mattson, S.E., Elmqvist, H. and Broenink, J.F. Modelica: An international effort to design the next generation modelling language. *Journal A* 1997;38(3):16-19.

Mattsson, S.E., Elmqvist, H. and Otter, M. Physical system modeling with Modelica. *Control Engineering Practice* 1998;6(4):501-510.

Monod, J., Wyman, J. and Changeux, J.-P. On the nature of allosteric transitions: a plausible model. *Journal of Molecular Biology* 1965;12(1):88-118.

Morrow, J.*, et al.* Carbon 13 resonances of 13CO2 carbamino adducts of alpha and beta chains in human adult hemoglobin. *J. Biol. Chem.* 1976;251(2):477-484.

Nernst, I.E. Electrotonic Membrane Potentials. *Clinical Neurophysiology* 1996;46:50.

Perutz, M.*, et al.* Identification of residues contributing to the Bohr effect of human haemoglobin. *J. Mol. Biol.* 1980;138(3):649-668.

Rees, S.E. and Andreassen, S. Mathematical models of oxygen and carbon dioxide storage and transport: the acid-base chemistry of blood. *Crit. Rev. Biomed. Eng.* 2005;33(3).

Reeves, R.B. The effect of temperature on the oxygen equilibrium curve of human blood. *Respir. Physiol.* 1980;42(3):317-328.

Severinghaus, J.W. Simple, accurate equations for human blood O2 dissociation computations. *J. Appl. Physiol.* 1979;46(3):599-602.

Siggaard-Andersen, O. Oxygen-Linked Hydrogen Ion Binding of Human Hemoglobin. Effects of Carbon Dioxide and 2, 3-Diphosphoglycerate I. Studies on Erythrolysate. *Scand. J. Clin. Lab. Invest.* 1971;27(4):351-360.

Siggaard-Andersen, O.*, et al.* Oxygen-Linked Hydrogen Ion Binding of Human Hemoglobin. Effects of Carbon Dioxide and 2, 3-Diphosphoglycerate: IV. Thermodynamical Relationship between the Variables. *Scand. J. Clin. Lab. Invest.* 1972;29(3):303-320.

Siggaard-Andersen, O. and Salling, N. Oxygen-linked hydrogen ion binding of human hemoglobin. Effects of carbon dioxide and 2, 3-diphosphoglycerate. II. Studies on whole blood. *Scand. J. Clin. Lab. Invest.* 1971;27(4):361-366.

Siggaard-Andersen, O.*, et al.* Oxygen-Linked Hydrogen Ion Binding of Human Hemoglobin. Effects of Carbon Dioxide and 2, 3-Diphosphoglycerate: III. Comparison of the Bohr Effect and the Haldane Effect. *Scand. J. Clin. Lab. Invest.* 1972;29(2):185-193.

Siggaard-Andersen, O. and Siggaard-Andersen, M. The oxygen status algorithm: a computer program for calculating and displaying pH and blood gas data. *Scand. J. Clin. Lab. Invest.* 1990;50(S203):29-45.

Smith, L.*, et al.* SBML and CellML translation in Antimony and JSim. *Bioinformatics* 2013:btt641.

Tummescheit, H. Design and implementation of object-oriented model libraries using modelica. 2002.

Weber, R.E. and Campbell, K.L. Temperature dependence of haemoglobin–oxygen affinity in heterothermic vertebrates: mechanisms and biological significance. *Acta Physiologica* 2011;202(3):549-562.

Weber, R.E., Fago, A. and Campbell, K.L. Enthalpic partitioning of the reduced temperature sensitivity of O2 binding in bovine hemoglobin. *Comparative Biochemistry and Physiology Part A: Molecular & Integrative Physiology* 2014.

Zheng, G., Schaefer, M. and Karplus, M. Hemoglobin Bohr Effects: Atomic Origin of the Histidine Residue Contributions. *Biochemistry* 2013;52(47):8539-8555.

Publikace Autora, které jsou podkladem disertace

1. s impact factorem (uvést hodnotu IF)
2. Mateják Marek, Kulhánek Tomáš, Matoušek Stanislav. Adair-based hemoglobin equilibrium with oxygen, carbon dioxide and hydrogen ion activity. Scandinavian Journal of Clinical and Laboratory Investigation, **IF: 2.009**, ISSN: 0036-5513 (print), 1502-7686 (electronic).
3. T. Kulhánek, J. Kofránek, and M. Mateják. Modeling of short-term mechanism of arterial pressure control in the cardiovascular system: Object oriented and acausal approach. Computers in Biology and Medicine, Received 15 May 2014, Accepted 22 August 2014, Available online 1 September 2014.<http://dx.doi.org/10.1016/j.compbiomed.2014.08.025>, **IF: 1.475**, ISSN: 0010-4825

b) bez IF

1. T. Kulhanek, M. Matejak, J. Silar, and J. Kofranek. Parameter estimation of complex mathematical models of human physiology using remote simulation distributed in scientific cloud. In Biomedical and Health Informatics (BHI), 2014 IEEE EMBS International Conference on, pages 712–715, June 2014.
2. Marek Mateják, Tomáš Kulhánek, Jan Šilar, Pavol Privitzer, Filip Ježek, Jiří Kofránek: [Physiolibrary -Modelica library for Physiology](http://www.researchgate.net/publication/259892318_Physiolibrary_-Modelica_library_for_Physiology), In Conference Proceeding, 10th International Modelica Conference 2014, March 12, 2014 ([1st price](http://patf-biokyb.lf1.cuni.cz/wiki/_media/modelicafreelibraryaward2014.pdf))
3. Tomáš Kulhánek, Marek Mateják, Jan Šilar, Jiří Kofránek: Identifikace fyziologických systémů, sborník příspěvků MEDSOFT 2014, ISSN 1803-8115, 148-153
4. Marek Mateják: Physiolibrary - fyziológia v Modelice, sborník příspěvků MEDSOFT 2014, ISSN 1803-8115, 165-172
5. Filip Ježek, Anna Doležalová, Marek Mateják: Vývoj modelu pro výukovou aplikaci ECMO, sborník příspěvků MEDSOFT 2014, ISSN 1803-8115, 82-89
6. Mateják,M.: Krvné plyny, acidobáza a hemoglobín. 19. Konferencia Slovenských a Českých Patofyziológov, Lekárska fakulta MU Brno, 5.-6. září 2013, GRIFTART s.r.o. Brno, ISBN 978-80-905337-3-8
7. Mateják, Marek: Simulovanie ketoacidózy. In MEDSOFT 2013, (Milena Ziethamlová Ed.) Praha: Agentura Action M, Praha, str.140-150, ISSN 1803-8115.
8. Mateják, Marek, Nedvědová, Barbora, Doležaloví, Anna, Kofránek, Jiří, Kulhánek, Tomáš: Model ECMO oxygenátoru. In MEDSOFT 2012, (Milena Ziethamlová Ed.) Praha: Agentura Action M, Praha, str. 205-214, ISSN 1803-8115.
9. Jiří Kofránek, Marek Mateják, Pavol Privitzer: HumMod - large scale physiological model in Modelica. 8th International Modelica Conference 2011, Dresden.
10. Marek Mateják, Jiří Kofránek: HUMMOD - GOLEM EDITION - ROZSÁHLÝ MODEL FYZIOLOGICKÝCH SYSTÉMŮ. In Medsoft 2011
11. Jiří Kofránek: KOMPLEXNÍ MODELY FYZIOLOGICKÝCH SYSTÉMŮ JAKO TEORETICKÝ PODKLAD PRO VÝUKOVÉ SIMULÁTORY. In Medsoft 2011
12. Filip Ježek, Marek Mateják, Pavol Privitzer: Simulace tlakových a průtokových křivek u různě velikých pacientů s pulsatilní srdeční podporou. In Medsoft 2011
13. Mateják,M., Kofránek,J.: Quantitative human physiology – rozsiahly model fyziologických regulácií ako podklad pre lekársky výukový simulátor. 18. Konferencia Slovenských a Českých Patofyziológov, Lekárska fakulta UPJŠ Košice, 9.-10. september 2010, (Roman Beňačka Ed.), Equilibria s.r.o. Košice
14. Privitzer,P., Mateják,M., Šilar,J., Tribula,M., Kofránek,J.: Od modelu k simulátoru v internetovom prehliadači. 18. Konferencia Slovenských a Českých Patofyziológov, Lekárska fakulta UPJŠ Košice, 9.-10. september 2010, (Roman Beňačka Ed.), Equilibria s.r.o. Košice
15. Marek Mateják, Jiří Kofránek: Rozsáhlý model fyziologických regulací v modelice. MEDSOFT 2010. Praha: Agentura Action M, Praha 2010, str. 66-80. ISSN 1803-81115
16. Jiří Kofránek, Matoušek Stanislav, Marek Mateják: Modelování acidobazické rovnováhy. MEDSOFT 2010. Praha: Agentura Action M, Praha 2010, str. 66-80. ISSN 1803-81115
17. Jiří Kofránek, Marek Mateják: Electrophysiology in Modelica, Introduction to large models: Quantitative Human Physiology; Modeling Multiscale Cardiovascular and Respiratory System Dynamics, Physiome Project – National Simulation Project. August 23-27,2010, N140 William H.Foege Building, Univesity of Washington, Seattle, WA 98195; <http://www.physiome.org/Course/Session_1/index.html>
18. Jiří Kofránek, Marek Mateják, Pavol Privitzer: Dřinu strojům – moderní softwarové nástroje pro tvorbu simulačního jádra výukových programů, MEFANET 2009, 3. Konference lékařských fakult ČR a SR s mezinárodní účastí na téma e-learning a zdravotnická informatika ve výuce lékařských oborů, Masarykova Univezita, Brno, 2009, ISBN 978-80-7392-118-7
19. Jiří Kofránek, Marek Mateják, Pavol Privitzer: Kreativní propojení objektových technológií pro tvorbu výukových biomedicínkých simulátorů. **OBJEKTY 2009**,

Ročník konference, Hradec Králové, 5.-6.11.2009, (Pavel Kříž Ed.), Gaudeamus, Hradec Králové, s. 1-21. ISBN 978-80-7435-009-2

1. Jiří Kofránek, Pavol Privitzer, Marek Mateják, Martin Tribula: Akauzální modelování – nový přístup pro tvorbu simulačních her. MEDSOFT 2009. (Milena Zeithamlová Ed.) Praha: Agentura Action M, Praha 2008, str. 31-37. ISBN 978-80-904326-0-4
2. Jiří Kofránek, Marek Mateják, Pavol Privitzer: Causal or acausal modeling: labour for humans or labour for machines. In Technical Conmputing Prague 2008, 16th Annual Conference Proceedings. (Cleve Moler, Aleš Procházka, Robert bartko, Martin Folin, Jan Houška, Petr Byron Eds). Humusoft s.r.o., Prague, 2008, ISBN 978-80-7080-692-0. CD ROM, str. 1-16, [Online] http://www2.humusoft.cz/kofranek/058\_Kofranek.pdf.
3. Marek Mateják, Jiří Kofránek, Jan Rusz: Akauzální „vzkřísení“ Guytonova diagramu. MEDSOFT 2009. (Milena Zeithamlová Ed.) Praha: Agentura Action M, Praha 2008, str. 105-120. ISBN 978-80-904326-0-4
4. Jiří Kofránek, Jan Rusz, Marek Mateják: From Guyton’s graphic diagram to multimedia simulators for teaching physiology. (Resurection of Guyton’s Chart for educational purpose) **Proceedings of the Jackson Cardiovascular-Renal Meeting 2008**. (Stephanie Lucas Ed,), CD ROM, 11. pp.
5. Marek Mateják, Jiří Kofránek: [Modelica vs. blokovo-orientované jazyky matematického modelovania.](http://patf-biokyb.lf1.cuni.cz/wiki/_media/modelica_vs.pdf?id=nase_publikace&cache=cache) In **OBJEKTY 2008** (Žilina SR): Žilinská Univerzita, 20.-21.11.2008, (Jan Janech Ed.), Edis, Žilina, s. 79-94. ISBN 978-80-8070-923-3
6. Marek Mateják: SVK 9/ Jazyky pre fyziologické modelovanie
7. Kofránek Jiří, Andrlík Michal, Mateják Marek, Matoušek Stanislav, Privitzer Pavol, Stodulka Petr, Tribula Martin, Vacek Ondřej: Škola (multimediální simulační) hrou: využití multimediálních aplikací a simulačních modelů ve výuce patologické fyziologie, Sborník 17. Konference českých a slovenských patofyziologů, 11-12. září 2008, ISBN 978-80-254-0863-6, CD ROM příloha

Publikace autora bez vztahu k tématu disertace

1. s IF (uvést hodnotu IF)
2. Jiří Kofránek, Stanislav Matoušek, Jan Rusz, Petr Stodulka, Pavol Privitzer, Marek Mateják, Martin Tribula,: Atlas of physiology and pathophysiology - web-based multimedia teaching tool with simulation games. Computer Methods and Programs in Biomedicine 2011, **IF: 1.516**, ISSN: 0169-2607.
3. bez IF
4. Kulhánek T., Mateják M., Šilar J.,Privitzer P., Tribula M., Ježek F., Kofránek J.: Hybridní architektura pro webové simulátory. MEDSOFT 2013, str. 115-121, ISSN 1803-8115
5. Šilar J., Stavåker K., Mateják M., Privitzer P., Nagy J.: Modeling with Partial Differential Equations - Modelica Language Extension Proposal. OpenModelica Annual Workshop February 3, 2014
6. Kulhánek T.,Mateják M., Šilar J.,Privitzer P., Tribula M., Ježek F., Kofránek J.: RESTful web service to build loosely coupled web based simulation of human physiology: IEEE EMBC 2013, Osaka, Japan 3-7 July 2013, late breaking research poster, published in August 2013, Trans JSMBE, ONLINE ISSN: 1881-4379
7. Kulhánek T, Mateják M., Šilar J.,Privitzer P., Tribula M., Ježek F., Kofránek J. Hybrid architecture for web simulators of pathological physiology. EFMI STC 2013 Prague 17-19 April 2013. WS1 workshop.
8. Privitzer P., Šilar J., Kulhánek T., Mateják M., Kofránek J.:Simulation Applications in Medical Education. EFMI STC 2013 Prague 17-19 April 2013. WS1 workshop.
9. Ježek, Filip, Kroček, Tomáš, Mateják, Marek, Kofránek, Jiří: Zkušenosti z inovace výuky modelování a simulace na FEL ČVUT. In MEDSOFT 2012, (Milena Ziethamlová Ed.) Praha: Agentura Action M, Praha, str. 139-146, ISSN 1803-8115.
10. Jiří Kofránek, Pavol Privitzer, Marek Mateják, Stanislav Matoušek: Use of Web Multimedia Simulation in Biomedical Teaching, Worldcomp 2011, Las Vegas.
11. Martin Tribula, Marek Mateják, Pavol Privitzer: Webový simulátor ledvin. MEDSOFT 2010. Praha: Agentura Action M, Praha 2010, str. 201-210. ISSN 1803-81115
12. Jiří Kofránek, Pavol Privitzer, Marek Mateják, Ondřej Vacek, Martin Tribula, Jan Rusz: Schola ludus in modern garment: use of web multimedia simulation in biomedical teaching. Proceedings of the 7th IFAC Symposium on Modeling and Control in Biomedical Systems, Aalborg, Denmark, August 12-14, 2009, 425-430
13. Jiří Kofránek, Marek Mateják, Stanislav Matoušek, Pavol Privitzer, Martin Tribula, Ondřej Vacek: School as a (multimedia simulation) play: use of multimedia applications in teaching of pathological physiology. In MEFANET 2008. (Daniel Schwarz, Ladislav Dušek, Stanislav Štípek, Vladimír Mihál Eds.), Masarykova Univerzita, Brno, 2008, ISBN 978-80-7392-065-4, CD ROM, str. 1-26, [Online] http://www.mefanet.cz/res/file/articles/prispevek-mefanet-anglicky-kofranek.pdf
14. Kofránek Jiří, Mateják Marek, Matoušek Stanislav, Privitzer Pavol, Stodulka Petr, Tribula Martin, Vacek Ondřej, Hlaváček Josef: Škola (simulační) hrou. Sborník 17. Konference českých a slovenských patofyziologů, 11-12. září 2008, str.14
15. Kofránek Jiří, Privitzer Pavol, Stodulka Petr, Tribula Martin, Mateják Marek: Metodologie tvorby webových výukových simulátorů. Sborník 17. Konference českých a slovenských patofyziologů, 11-12. září 2008, str.19-20

1. General Public License je voľná licencia pre software, ktorá umožňuje jeho voľné, neobmedzené a nespoplatnené šírenie pre nekomerčné účely za podmienky, že všetky odvodené diela budú taktiež v licencii GPL. [↑](#footnote-ref-1)
2. Bohrove protóny sú vodíkové ióny (H+), ktoré sa uvoľňujú z tetraméru hemoglobínu pri naviazaní molekuly kyslíka. Za bežných fyziologických podmienok sa pri naviazaní dvoch molekúl kyslíka uvoľní v priemere jeden Bohrov protón. Vplyv týchto protónov na viazanie kyslíka sa nazýva Bohrov effekt. [↑](#footnote-ref-2)
3. Hemoglobín A tvorí 97% hemoglobínu u dospelého člověka. Je to proteín - tetramér tvorený dvomi alfa a dvomi beta podjednotkami kódovanými génmi HbA1, HbA2 na 16-tom chromozóme a HBB na 11-tom chromozóme. Uprostred každej so štyroch podjednotiek je hemové jadro s atómom železa. [↑](#footnote-ref-3)
4. Oxy-HbA je hemoglobín A s naviazanými štyrmi O2 na každý zo štyroch atómov Fe2+ v každom heme každej podjednotky. Deoxy-HbA je HbA bez O2. [↑](#footnote-ref-4)
5. Titračnoým nábojom na molekule sa myslí náboj, ktorý vzniká odtrhnutím protónu (H+) z molekuly, resp. pripojením H+ na molekulu. [↑](#footnote-ref-5)
6. NMR - Nukleárna Magnetická Rezonancia [↑](#footnote-ref-6)
7. Parameter je premenná s konštantnou hodnotou počas simulácie. [↑](#footnote-ref-7)
8. Nezávislá rovnica v množine rovníc je rovnica, ktorú nie je možné algebraicky odvodiť z ostatných rovníc v množine. [↑](#footnote-ref-8)
9. Jeden vzťah môže byť vybraný len pre definíciu jednej premennej. [↑](#footnote-ref-9)
10. Obyčajná diferenciálna rovnica je rovnica, ktorá počíta s plynulými zmenami premenných v čase (deriváciami podľa času). [↑](#footnote-ref-10)
11. Hybridná rovnica je rovnica, ktorá môže obsahovať podmienku, napr. tok krvi cez aortálnu chlopňu je podmienený kladným tlakovým gradientom. [↑](#footnote-ref-11)
12. Uzlom prepojení sa myslí množina konektorov spojená v jednom bode tak, že pre každý konektor v tejto množine existuje spojenie (i cez viac konektorov množiny) s každým iným konektorom tejto množiny. Uzol obvykle obsahuje dva spojené konektory, no v prípade paralelného vetvenia obvodu ich môže obsahovať ľubovoľne veľa. [↑](#footnote-ref-12)
13. Algebraické riešenie rovnice je úprava algebraickými operáciami tak, že vo výslednej rovnici je na ľavej strane len neznáma premenná, ktorá sa na pravej strane rovnice už nevyskytuje. [↑](#footnote-ref-13)
14. Chemické equilibrium je stav uzavretého systému, kde každý elementárny chemický proces dosiahol svojho equilibria. [↑](#footnote-ref-14)
15. Equilibračné koeficienty nazývané aj disociačnými koeficientami sú pomermi súčinov aktivít produktov k sučinu aktivít reaktantov. Pojem disociačná konštanta nie je úplne správny, pretože ich hodnota nie je konštantná pri zmenách teploty. [↑](#footnote-ref-15)
16. Enthalpia je tepelná energia [↑](#footnote-ref-16)
17. Tok pritekajúci smerom do komponentu má hodnotu kladnú, tok odtekajúci z komponentu má hodnotu zápornú. Konektory a ich spojenia udržujú toky tak aby sa nikde nestrácali – tj. vždy musí v každej schéme pre každý typ konektoru platiť, že to čo jednými konektormi vytečie musí inými konektormi vtiecť. [↑](#footnote-ref-17)
18. Bohrovým titrovaním HbA sa myslí titrovanie oxy-HbA na pH, ktoré mal vo forme deoxy-HbA pred pridaním O2. [↑](#footnote-ref-18)
19. CAD – Computer Aided Drafting = počítačom podporované 2D alebo 3D technické kreslenie [↑](#footnote-ref-19)
20. Stechiometrický mol substancií chemickej reakcie sú molárne množstá jednotlivých reaktantov a produktov určené stoichimetrickými koeficientami. Tj. napríklad pre reakciu A + 2B <-> 3C je to 1 mol A, 2 moly B a 3 moly C. [↑](#footnote-ref-20)
21. Uchopiteľnosťou pre počítač sa myslí, že dokáže daný model numericky riešiť - pre dané nastavenie dokáže simulovať stav každej premennej modelu v čase. [↑](#footnote-ref-21)
22. Uchopiteľnosť pre človeka znamená hierarchické schémy, ktoré sú veľmi intuitívne, je možné ich ľubovoľne preskupovať a ich komponenty sú parametrizovateľné a mnohonásobne použiteľné. [↑](#footnote-ref-22)