Computational Systems Biology, Final Exam

王宇哲 2201112023

Academy for Advanced Interdisciplinary Studies, Peking University

1. 米氏酶动力学 (Michalis-Menten Kinetics)

根据以下反应机理,变构酶E与底物S反应生成产物P:

其中k是速率常数并且 C_1 和 C_2 是酶-底物复合物。用小写字母表示浓度,初始条件为 $s(0)=s_0, e(0)=e_0, C_1(0)=C_2(0)=0$,请根据质量作用定律写出微分方程模型。

Proof. 根据质量作用定律, 微分方程模型为:

$$\frac{ds}{dt} = -k_1 s e + k_{-1} c_1 - k_3 s c_1 + k_{-3} c_2
\frac{de}{dt} = -k_1 s e + k_{-1} c_1 + k_2 c_1
\frac{dc_1}{dt} = k_1 s e - k_{-1} c_1 - k_2 c_1 - k_3 s c_1 + k_{-3} c_2 + k_4 c_2
\frac{dc_2}{dt} = k_3 s c_1 - k_{-3} c_2 - k_4 c_2
\frac{dp}{dt} = k_2 c_1 + k_4 c_2$$
(2)

如果

$$\varepsilon = \frac{e_0}{s_0} \ll 1$$

$$\tau = k_1 e_0 t$$

$$u = \frac{s}{s_0}$$

$$v_i = \frac{c_i}{e_0}$$
(3)

无量纲化后的反应方程为如下形式:

$$\frac{du}{d\tau} = f(u, v_1, v_2)$$

$$\varepsilon \frac{dv_i}{d\tau} = g_i(u, v_1, v_2), i = 1, 2$$
(4)

请写出 f, g_1, g_2 的具体形式,并且推到当 $\tau \gg \varepsilon$ 时,u的变化由以下方程所决定:

$$\frac{du}{d\tau} = -r(u) = -u\frac{A + Bu}{C + u + Du^2} \tag{5}$$

其中A, B, C, D是正参数。

Proof. 对(2)式进行无量纲化,考虑

$$e_0 = e + c_1 + c_2 \tag{6}$$

得到

$$\frac{du}{d\tau} = -u + \left(u - \frac{k_3}{k_1}u + \frac{k_{-1}}{k_1s_0}\right)v_1 + \left(u + \frac{k_{-3}}{k_1s_0}\right)v_2$$

$$\varepsilon \frac{dv_1}{d\tau} = u - \left(u + \frac{k_3}{k_1}u + \frac{k_{-1} + k_2}{k_1s_0}\right)v_1 - \left(u - \frac{k_{-3} + k_4}{k_1s_0}\right)v_2$$

$$\varepsilon \frac{dv_2}{d\tau} = \frac{k_3}{k_1}uv_1 - \frac{k_{-3} + k_4}{k_1s_0}v_2$$
(7)

也即

$$f(u, v_1, v_2) = -u + \left(u - \frac{k_3}{k_1}u + \frac{k_{-1}}{k_1s_0}\right)v_1 + \left(u + \frac{k_{-3}}{k_1s_0}\right)v_2$$

$$g_1(u, v_1, v_2) = u - \left(u + \frac{k_3}{k_1}u + \frac{k_{-1} + k_2}{k_1s_0}\right)v_1 - \left(u - \frac{k_{-3} + k_4}{k_1s_0}\right)v_2$$

$$g_2(u, v_1, v_2) = \frac{k_3}{k_1}uv_1 - \frac{k_{-3} + k_4}{k_1s_0}v_2$$
(8)

当 $\tau \gg \varepsilon$ 时,可以认为

$$g_1(u, v_1, v_2) = 0 g_2(u, v_1, v_2) = 0$$
(9)

故

$$\frac{du}{d\tau} = -\frac{k_2}{k_1 s_0} v_1 - \frac{k_4}{k_1 s_0} v_2
= -\left(\frac{k_3 k_4}{k_1 (k_{-3} + k_4)} u + \frac{k_2}{k_1 s_0}\right) v_1
= -u \frac{\frac{k_2}{k_1 s_0} + \frac{k_3 k_4}{k_1 (k_{-3} + k_4)} u}{\frac{k_{-1} + k_2}{k_1 s_0} + u + \frac{k_3 s_0}{k_{-3} + k_4} u^2}
\equiv -u \frac{A + Bu}{C + u + Du^2}
\equiv -r(u)$$
(10)

其中A, B. C, D为正常数, 即得到(5)式。

当 $k_2=0$ 时,画出反应速率r(u)作为u的函数的草图,并且将其与Michaelis-Menten速率进行比较。

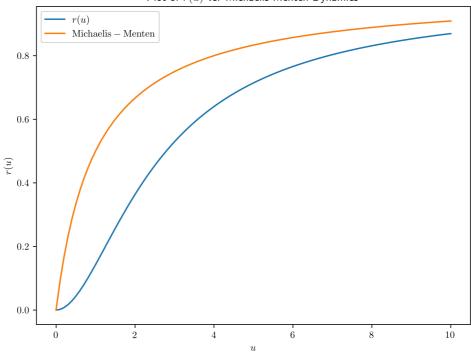
Proof. 当 $k_2 = 0$ 时,反应速率

$$r(u) = \frac{Bu^2}{C + u + Du^2} \tag{11}$$

使用如下Python代码画出r(u)的草图如下,并画出典型的Michaelis-Menten速率作为比较。可见r(u)具有S型曲线的形式。

```
import numpy as np
import matplotlib.pyplot as plt
B = 1
C = 5
D = 1
def r(u, B=B, C=C, D=D):
         return (B * u**2) / (C + u + D * u**2)
def MM(u, K=1, V=1):
          return (V * u) / (K + u)
u_values = np.linspace(0, 10, 100)
r values = r(u values)
MM 	ext{ values} = MM(u 	ext{ values})
fig, ax = plt.subplots()
plt.rcParams.update({
          "text.usetex": True
          })
ax.plot(u values, r values, label='$r(u)$')
ax.plot(u values, MM values, label='\mathbb{\rm Michaelis-Menten\mathbb{\rm Michaelis-
ax.set xlabel('$u$')
ax.set ylabel('\$r(u)\$')
ax.set_title('Plot of $r(u)$ vs. Michaelis-Menten Dynamics')
plt.legend()
fig.set_size_inches(8, 6)
plt.savefig('1.jpg', dpi=1000, bbox inches='tight')
plt.show()
```

Plot of r(u) vs. Michaelis-Menten Dynamics



2. 自抑制中的振荡 (Oscillation in Self-Inhibition)

假设一种蛋白质抑制其自身的表达,使得描述蛋白质浓度p的微分方程为:

$$\dot{p} = \frac{\alpha}{1 + p^n} - p \tag{12}$$

在什么参数范围内,这种自我抑制会导致振荡?平衡点是稳定的还是不稳定的?

Proof. 平衡点po满足

$$\frac{\alpha}{1 + p_0^n} - p_0 = 0 (13)$$

 $\hat{\varphi}\dot{p}=f(p)$, 计算

$$f'(p_0) = -\frac{n\alpha p_0^{n-1}}{(1+p_0^n)^2} - 1 = -\frac{np_0^{n+1}}{\alpha} - 1 < 0$$
(14)

因此这种自我抑制不可能产生振荡,平衡点是稳定平衡点。

a. 现在考虑一个稍微复杂一点的模型, 我们直接用它来模拟转录:

$$\dot{m} = \frac{\alpha}{1+p^n} - m$$

$$\dot{p} = -\beta(p-m)$$
(15)

这组方程的不动点是什么?

Proof. 方程(15)的平衡点 (m_0, p_0) 满足

$$\frac{\alpha}{1+p_0^n} - m_0 = 0 -\beta(p_0 - m_0) = 0$$
 (16)

也即

$$m_0 = p_0 = \frac{\alpha}{1 + p_0^n} \tag{17}$$

b. 使用线性稳定性分析来计算使得这个平衡点变得不稳定,产生振荡的条件(如果有的话)。

Proof. 计算(15)的Jacobian矩阵

$$J = \begin{bmatrix} -1 & -\frac{n\alpha p^{n-1}}{(1+p^n)^2} \\ \beta & -\beta \end{bmatrix}$$
 (18)

因此

$$Tr(J) = -1 - \beta < 0$$

$$\det(J) = \beta + \beta \frac{n\alpha p^{n-1}}{(1+p^n)^2} > 0$$
(19)

因此平衡点(m₀, p₀)为稳定平衡点,无法产生振荡。

c. 如何修改这个模型以增强产生振荡的能力?

Proof. 为产生振荡,需要修改模型使得蛋白质p促进自身的表达,即

$$\dot{m} = \frac{\alpha}{1+p^n} - m$$

$$\dot{p} = -\beta(p-m) + \gamma p^2$$
(20)

修改后(20)的Jacobian矩阵为

$$J' = \begin{bmatrix} -1 & -\frac{n\alpha p^{n-1}}{(1+p^n)^2} \\ \beta & -\beta + 2\gamma p \end{bmatrix}$$
 (21)

考虑平衡点为 (m_0, p_0) , 当参数 n, γ, β 满足

$$Tr(J') = -1 - \beta + 2\gamma p_0 > 0$$
 (22)

或

$$\det(J') = \beta + \beta \frac{n\alpha p^{n-1}}{(1+p^n)^2} - 2\gamma p_0 < 0$$
(23)

时,模型可能产生振荡。

3. 主方程 (Master Equation)

考虑以下的负自调控模型

$$\dot{n} = \frac{\beta K}{K+n} - \alpha n \tag{24}$$

其中n是细胞中蛋白质的数量,K是启动子处于半数被抑制时候蛋白质的数量。

a. 使用主方程的形式,写出有n个蛋白质的概率随时间变化的表达式。

Proof. 根据(24), 记

$$f_n = \frac{\beta K}{K+n}$$

$$g_n = \alpha n$$
(25)

主方程给出有n个蛋白质的概率 P_n 随时间变化的表达式为

$$\frac{dP_n}{dt} = -(f_n + g_n)P_n + f_{n-1}P_{n-1} + g_{n+1}P_{n+1}
= -\left(\frac{\beta K}{K+n} + \alpha n\right)P_n + \frac{\beta K}{K+n-1}P_{n-1} + \alpha(n+1)P_{n+1}$$
(26)

b. 假设 $\beta = 1 \, \text{min}^{-1}$, $\alpha = 0.1 \, \text{min}^{-1}$, K = 10 。如果在时间t = 0时,细胞的初始状态为 P(n = 20) = 0.5,P(n = 21) = 0.5,那么在 $\Delta t = 0.01 \, \text{min}$ 后状态的概率分布是什么?保持所有项与 Δt 同阶。

Proof. 各参数代入(26)得

$$\frac{dP_n}{dt} = -\left(\frac{10}{10+n} + 0.1n\right)P_n + \frac{10}{9+n}P_{n-1} + 0.1(n+1)P_{n+1}$$
(27)

使用如下Python代码模拟概率分布随时间的演化,得到 $\Delta t=0.01\,\mathrm{min}$ 后状态的概率分布,方便起见仅展示 $n=17\sim24\,\mathrm{s}$

import numpy as np

import matplotlib.pyplot as plt

Define the parameters

N = 41 # number of states

T = 0.01 # total time

dt = 0.00001 # time step

steps = int(T / dt) # number of steps

Initialize the probabilities

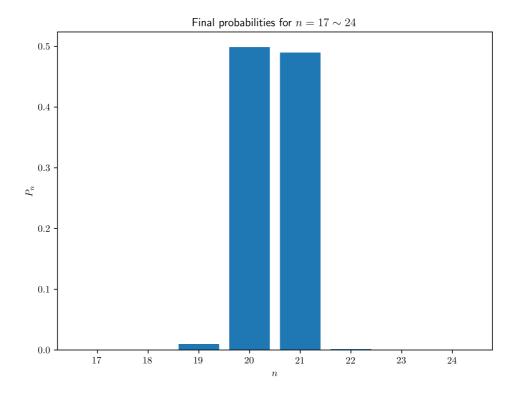
P = np.zeros(N)

P[20] = 0.5

P[21] = 0.5

```
# Define the rates
def rates(n):
  return 10/(9+n), -((10/(10+n))+0.1*n), 0.1*(n+1)
# Time evolution
for t in range(steps):
  dP = np.zeros(N)
  for n in range(N):
     r_minus, r_0, r_plus = rates(n)
     dP[n] += r \ 0 * P[n]
     if n > 0:
       dP[n] += r_minus * P[n - 1]
     if n \le N - 1:
       dP[n] += r plus * P[n+1]
  P += dt * dP
# Print the final probabilities for n = 17 to n = 25
for n in range(17, 26):
  print(f"P_{n} = {P[n]:.5f}")
# Plot the final probabilities
fig, ax = plt.subplots()
plt.rcParams.update({
  "text.usetex": True
  })
ax.bar(range(17, 25), P[17:25])
ax.set_xlabel('$n$')
ax.set_ylabel('$P_n$')
ax.set title('Final probabilities for n = 17 \sin 24')
fig.set size inches(8, 6)
plt.savefig('3.jpg', dpi=1000, bbox inches='tight')
plt.show()
```

```
P_{-}17 = 0.00000
P_{-}18 = 0.00009
P_{-}19 = 0.00987
P_{-}20 = 0.49876
P_{-}21 = 0.48970
P_{-}22 = 0.00157
P_{-}23 = 0.00000
P_{-}24 = 0.00000
P_{-}25 = 0.00000
```



c. 足够长时间之后,系统达到平衡,此时 $\frac{P(n=20)}{P(n=21)}$ 的比例是多少?

Proof. 使用如下Python代码模拟足够长时间内概率分布随时间的演化,直至系统达到平衡。

```
import numpy as np

# Define the parameters
N = 1001 # number of states
beta = 1 # adjust as needed
alpha = 0.1 # adjust as needed
K = 10 # adjust as needed

# Initialize the system of equations
A = np.zeros((N, N))
b = np.zeros(N)
```

```
# Define the rates
def rates(n):
  return (beta * K) / (K + n - 1), -((beta * K) / (K + n) + alpha * n), alpha * (n + 1)
# Build the system of equations
for n in range(N):
  r_minus, r_0, r_plus = rates(n)
  A[n, n] = r \ 0
  if n > 0:
     A[n, n-1] = r\_minus
  if n \le N - 1:
     A[n, n+1] = r plus
# Adjust the last equation to ensure that the probabilities sum to 1
A[-1, :] = 1
b[-1] = 1
# Solve the system of equations
P = np.linalg.solve(A, b)
# Print the steady state probabilities
print(f"{P[20]/P[21]:.5f}")
```

6.30000

因此系统达到平衡时, $\frac{P(n=20)}{P(n=21)} \simeq 6.3000$ 。

4. 随机反应 (Stochastic Reactions)

考虑一个蛋白质转化酶,它可以 $k_{\rm suc}=10\,{
m sec}^{-1}$ 的速率水解一个蔗糖分子(sucrose)或者 $k_{\rm raff}=2\,{
m sec}^{-1}$ 的速率水解一个棉子糖分子(raffinose)。

a. 每种化学反应发生的时间概率密度函数 $p(t_i)$ 是什么?请在同一图上绘制两个概率密度函数,并在x轴上标记相关的时间尺度。

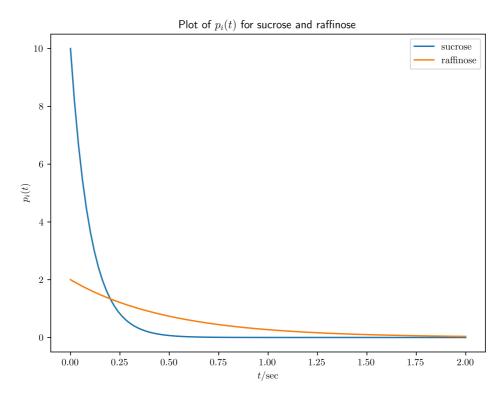
Proof. 化学反应i发生的时间概率密度函数为

$$p_i(t) = k_i e^{-k_i t} (28)$$

使用如下的Python代码绘制两个概率密度函数如下。

import numpy as np import matplotlib.pyplot as plt

```
def p_i(t, k_i):
  return k i * np.exp(-k i * t)
t arr = np.linspace(0, 2, 100)
fig, ax = plt.subplots()
plt.rcParams.update({
  "text.usetex": True
  })
ax.plot(t arr, p i(t arr, k i=10), label='\rm sucrose\rights')
ax.plot(t_arr, p_i(t_arr, k_i=2), label='$\\rm raffinose$')
ax.set xlabel('$t/{\\rm sec}$')
ax.set ylabel('$p i(t)$')
ax.set\_title('Plot\ of\ p_i(t)\ for\ sucrose\ and\ raffinose')
plt.legend()
fig.set size inches(8, 6)
plt.savefig('4-a.jpg', dpi=1000, bbox inches='tight')
plt.show()
```

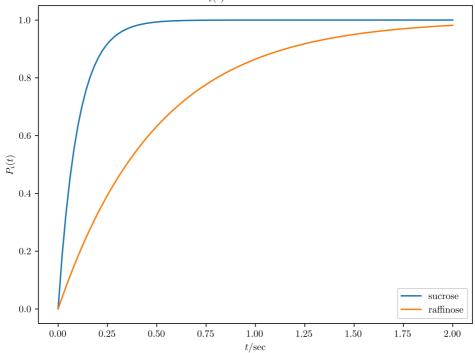


b. 每个化学反应的累积概率分布P(t)是什么? P(t)定义为反应在时间t前发生的概率。同样,请在同一图上绘制两个累积概率分布,并标记x轴和y轴。

Proof. 对(28)积分得

使用如下的Python代码绘制两个累积概率分布如下。

```
import numpy as np
import matplotlib.pyplot as plt
def P_i(t, k_i):
                     return 1 - np.exp(-k_i * t)
t arr = np.linspace(0, 2, 100)
 fig, ax = plt.subplots()
 plt.rcParams.update({
                      "text.usetex": True
                      })
ax.plot(t_arr, P_i(t_arr, k_i=10), label='\mathbb{\rm sucrose\mathbb{\rm sucrose\mat
 ax.plot(t arr, P i(t arr, k i=2), label='\mathbb{\rm raffinose\mathbb{\rm raffinose\mathbb{\r
 ax.set_xlabel('$t/{\\rm sec}$')
ax.set_ylabel('$P_i(t)$')
ax.set title('Plot of $P i(t)$ for sucrose and raffinose')
plt.legend()
 fig.set_size_inches(8, 6)
 plt.savefig('4-b.jpg', dpi=1000, bbox_inches='tight')
 plt.show()
```



c. 这两个反应在时间t之前都没有发生的概率是多少?

Proof. 根据(29), 两个反应在时间t之前都没有发生的概率为

$$P_{\text{none}}(t) = (1 - P_{\text{suc}}(t))(1 - P_{\text{raff}}(t)) = e^{-(k_{\text{suc}} + k_{\text{raff}})t} = e^{-12t}$$
(30)

d. 两个反应中第一个发生之前的概率密度函数是什么?如何解释这个结果。

Proof. 对(30)进行归一化,得到概率密度函数为

$$p(t) = \frac{1}{k_{\text{suc}} + k_{\text{raff}}} e^{-(k_{\text{suc}} + k_{\text{raff}})t} = \frac{1}{12} e^{-12t}$$
(31)

该结果说明两个反应中有一个发生的Waiting time服从参数为 $k_{\text{suc}} + k_{\text{raff}}$ 的指数分布。

e. 前面的计算为模拟随机化学动力学提供了一种可能的方案。已知第一个反应发生的概率分布,接下来我们需要一种方法来估计哪个反应发生了。蔗糖在棉子糖之前水解的概率是多少?

Proof. 估计哪个反应发生,可以使用如下算法: 生成[0,1]上均匀分布的随机变量r,如果 $r < \frac{k_{\text{suc}}}{k_{\text{suc}} + k_{\text{raff}}} = 0.8333$,则认为蔗糖在棉子糖之前水解,否则认为棉子糖在蔗糖之前水解。 蔗糖在棉子糖之前水解的概率为0.8333。

5. 致病性进化 (Evolution of Virulence)

考虑一组方程来模拟致病性的进化,其中x是未感染的宿主数量, y_1 是感染寄生虫1的宿主数量, y_2 是感染寄生虫2的宿主数量

$$\frac{dx}{dt} = k - ux - x(\beta_1 y_1 + \beta_2 y_2)$$

$$\frac{dy_1}{dt} = y_1(\beta_1 x - u - v_1)
\frac{dy_2}{dt} = y_2(\beta_2 x - u - v_2)$$
(32)

a. 在平衡状态下,两种寄生虫中通常只有一种能存活。为什么?

Proof. 在平衡状态下,有

$$\frac{dx}{dt} = k - ux - x(\beta_1 y_1 + \beta_2 y_2) = 0$$

$$\frac{dy_1}{dt} = y_1(\beta_1 x - u - v_1) = 0$$

$$\frac{dy_2}{dt} = y_2(\beta_2 x - u - v_2) = 0$$
(33)

通常 $\beta_1 x - u - v_1$ 与 $\beta_2 x - u - v_2$ 不同时为0,因此 y_1 与 y_2 不同时> 0,也即两种寄生虫中通常只有一种能存活。

b. 首先考虑没有寄生虫2的情况下的动态。找到第一种平衡(E_1)的表达式,在该平衡下寄生虫1存活而寄生虫2不存活。

Proof. 由(33), 当 $y_2 = 0$ 时, 第一种平衡 E_1 满足

$$x = \frac{u + v_1}{\beta_1}$$

$$y_1 = \frac{k}{u + v_1} - \frac{u}{\beta_1}$$

$$y_2 = 0$$
(34)

c. 当寄生虫1的基本传染数(basic reproductive ratio) R_1 大于1时,寄生虫1为地方病(非零)。 R_1 的表达式是什么?如何解释它?

Proof. 寄生虫1的本底表达率 R_1 为

$$R_1 = \frac{\beta_1}{u + v_1} \tag{35}$$

对 R_1 解释如下:在(32)中,u为宿主的自然死亡率, v_i 为感染寄生虫i额外导致的死亡率, β_i 为寄生虫i的传染率,k为宿主的出生率。 R_1 为寄生虫1的基本传染数,即1个寄生虫1的感染者在健康的宿主种群中平均增加了多少新的感染者。(35)式计算时用寄生虫1的传染率 β_1 除以自然死亡率u与寄生虫1造成的死亡率 v_1 之和,如果 $R_1 > 1$,说明每个感染寄生虫1的宿主平均造成的二次感染数> 1,故感染可以在宿主种群中传播。

d. 请证明当 $R_2 > R_1 > 1$ 时,寄生虫2可以入侵平衡1,而寄生虫1不能入侵平衡2(当寄生虫2以非零数量存在时)。

Proof. 当 $R_2 > R_1 > 1$,即

$$\frac{\beta_2}{u+v_2} > \frac{\beta_1}{u+v_1} > 1 \tag{36}$$

时,考虑在平衡 E_1 下,感染寄生虫2宿主数量的变化率

$$\frac{dy_2}{dt} = y_2(\beta_2 x - u - v_2)
= y_2 \left(\beta_2 \frac{u + v_1}{\beta_1} - u - v_2\right)
= y_2 \beta_2 \left(\frac{u + v_1}{\beta_1} - \frac{u + v_2}{\beta_2}\right)
> 0$$
(37)

因此寄生虫2可以入侵平衡1。反之,考虑在平衡 E_2 下,感染寄生虫1宿主数量的变化率

$$\frac{dy_1}{dt} = y_1(\beta_1 x - u - v_1)
= y_1 \left(\beta_1 \frac{u + v_2}{\beta_2} - u - v_1\right)
= y_1 \beta_1 \left(\frac{u + v_2}{\beta_2} - \frac{u + v_1}{\beta_1}\right)
< 0$$
(38)

因此寄生虫1不能入侵平衡2。

e. 当 $\beta_1 = \alpha v_1$, 并且 $\beta_2 = \alpha v_2$ 时, 其中 α 是常数, 致病性 v_i 如何随着时间演化?

Proof. 当 $\beta_1 = \alpha v_1$,并且 $\beta_2 = \alpha v_2$ 时,(32)式变为

$$\frac{dx}{dt} = k - ux - x(\alpha v_1 y_1 + \alpha v_2 y_2)$$

$$\frac{dy_1}{dt} = y_1(\alpha v_1 x - u - v_1)$$

$$\frac{dy_2}{dt} = y_2(\alpha v_2 x - u - v_2)$$
(39)

而基本传染数变为

$$R_1 = \frac{\alpha v_1}{u + v_1}$$

$$R_2 = \frac{\alpha v_2}{u + v_2}$$
(40)

 R_i 随 v_i 单调递增,因此在寄生虫1与寄生虫2竞争的选择压力下,致病性 v_1 , v_2 会单调递增。但由于 $v_i \to \infty$, $R_i \to \alpha$,因此 v_1, v_2 增长的选择压力会越来越小,增长速率越来越慢。