

Relatório Científico Final – Mestrado

Processo FAPESP 17/20575-9

Identificação de vias de sinalização celular baseada em
repositórios de cinética de reações bioquímicas

Beneficiário: Gustavo Estrela de Matos

Responsável: Marcelo da Silva Reis

Relatório referente aos trabalhos desenvolvidos entre 1 de janeiro de
2018 e 31 de dezembro de 2019

Laboratório Especial de Toxinologia Aplicada, Instituto Butantan

São Paulo, 1 de Janeiro de 2020

Conteúdo

1	Resumo do Projeto Proposto	2
2	Atividades desenvolvidas	2
2.1	Disciplinas cursadas	2
2.2	Estudo de seleção de modelos de via de sinalização celular	2
2.3	Estimação de verossimilhança marginal	4
2.4	Implementação do pacote SigNetMS	4
2.5	Alternativa de avaliação de modelos	4
2.6	Paralelização do SigNetMS	4
2.7	Implementação eficiente de integração de sistemas de equações diferenciais .	4
2.8	Testes da metodologia em uma cadeia do espaço de busca	4
	Referências	4

1 Resumo do Projeto Proposto

A construção de modelos funcionais é uma técnica comum para se estudar vias de sinalização celular e, quando a via estudada é pouco conhecida, é possível que os modelos já propostos sejam incompletos, tornando necessário a sua modificação. Lulu Wu apresentou em 2015, em sua dissertação de mestrado, um método para modificar sistematicamente modelos funcionais, adicionando a estes interações extraídas de repositórios como KEGG. Entretanto, esta metodologia apresentou limitações: a primeira é a incompletude do banco de dados de interações criado, que extraia informações apenas do repositório KEGG; a segunda, a falta de informações sobre constantes de velocidade de interações, que podem ser extraídas de repositórios como BioNumbers; a terceira, a dinâmica do algoritmo de busca, incremental, que pode não achar o mínimo global; e a última, a penalização na complexidade dos modelos, que era feita de maneira aleatória. Propomos neste trabalho enfrentar as limitações encontradas pela metodologia de Lulu, criando um banco de dados de interações mais completo e também novas funções de custo que sejam capazes de penalizar modelos mais complexos (como critério de informação Akaike e *Bayesian inference-based modeling*); esta penalização deve induzir, em cadeias do espaço de busca, curvas em u no custo dos modelos, portanto também propomos a criação de novos algoritmos de busca que explorem essa característica da função de custo. Por fim, esperamos testar nossa metodologia na identificação de vias de sinalização celular da linhagem tumoral murina Y1.

2 Atividades desenvolvidas

2.1 Disciplinas cursadas

2.2 Estudo de seleção de modelos de via de sinalização celular

O desenvolvimento deste projeto se iniciou com o estudo de métodos capazes de avaliar a qualidade de um modelo de via de sinalização celular. Dado um conjunto de experimentos

\mathbf{D} , que medem concentrações de espécies químicas, precisamos escolher uma função de custo $c(\mathbf{D}, M)$ que possa indicar a capacidade de um modelo M em reproduzir corretamente dados observados \mathbf{D} . O modelo de via que utilizamos é definido por um conjunto de reações químicas, produzindo um sistema de equações diferenciais, capaz de simular a dinâmica das concentrações de espécies químicas da via ao longo do tempo. Este sistema de equações diferenciais é criado utilizando leis de cinética química, como no modelo de Michaelis-Menten, e possuem constantes de velocidade que são usualmente desconhecidas; estas constantes são parâmetros dos modelos de vias.

A função de custo escolhida deve considerar possíveis valores para as constantes de velocidade do modelo avaliado. A abordagem de Lulu Wu [?], por exemplo, utiliza um processo de simulated annealing para encontrar o melhor conjunto de valores de parâmetros para um modelo e conjunto de experimentos. Entretanto, esta abordagem teve limitações que podem estar associadas a falta de informação a priori sobre as constantes e também a falta de penalização apropriada a modelos mais complexos. Por conta destas limitações, decidimos implementar uma função de custo baseada em estatística Bayesiana, chamada de verossimilhança marginal; denotamos $p(\mathbf{D}|M)$ a verossimilhança marginal de um conjunto de dados \mathbf{D} dado um modelo M . Esta abordagem, apresentada no mesmo contexto no trabalho de Vyshemirsky e Girolami [?], permite a definição de informações a priori sobre constantes de velocidades e também induzem a penalização automática de modelos mais complexos.

Para calcular a verossimilhança marginal, precisamos definir a função de verossimilhança, $p(\mathbf{D}|M, \theta)$, onde \mathbf{D} é o conjunto de experimentos, M é o modelo de interesse, e θ é um conjunto de valores para os parâmetros (constantes de velocidade) do modelo. Seguindo a abordagem de Kolch e Girolami, assumimos erro Gaussiano e independente:

$$p(\mathbf{D}|M, \theta) = \prod_{i=1}^m p_{\mathcal{N}(0, \sigma^2)}([\phi(M, \theta) - \mathbf{D}]_i). \quad (1)$$

Onde $\phi(M, \theta)$ é um vetor com os valores simulados de concentrações, em cada intervalo de

tempo, pelo modelo M usando parâmetros θ . A partir da função de verossimilhança, podemos obter a verossimilhança marginal com uma marginalização sobre os valores de parâmetros de modelos, ou seja, integrando a função de verossimilhança sobre o espaço paramétrico, Θ . Desta forma podemos escrever:

$$p(D|M) = \int_{\Theta} p(D|M, \theta)p(\theta|M)d\theta. \quad (2)$$

Entretanto, a integral 2 normalmente não pode ser calculada analiticamente. Para se calcular esta integral analiticamente, seria necessário determinar a distribuição de probabilidade conjunta $p(D, \theta|M)$, o que não é possível usualmente. Portanto, como é muito difícil (ou impossível) calcular a verossimilhança marginal, utilizamos um estimador desse valor como nossa função de custo. Este estimador é construído utilizando um método conhecido como Integral Termodinâmica [?].

2.3 Estimação de verossimilhança marginal

2.4 Implementação do pacote SigNetMS

2.5 Alternativa de avaliação de modelos

2.6 Paralelização do SigNetMS

2.7 Implementação eficiente de integração de sistemas de equações diferenciais

2.8 Testes da metodologia em uma cadeia do espaço de busca