

Optativa 4rt curs de Biotecnologia

Modelització i simulació de biosistemes

Sistemes en estat estacionari. MFA

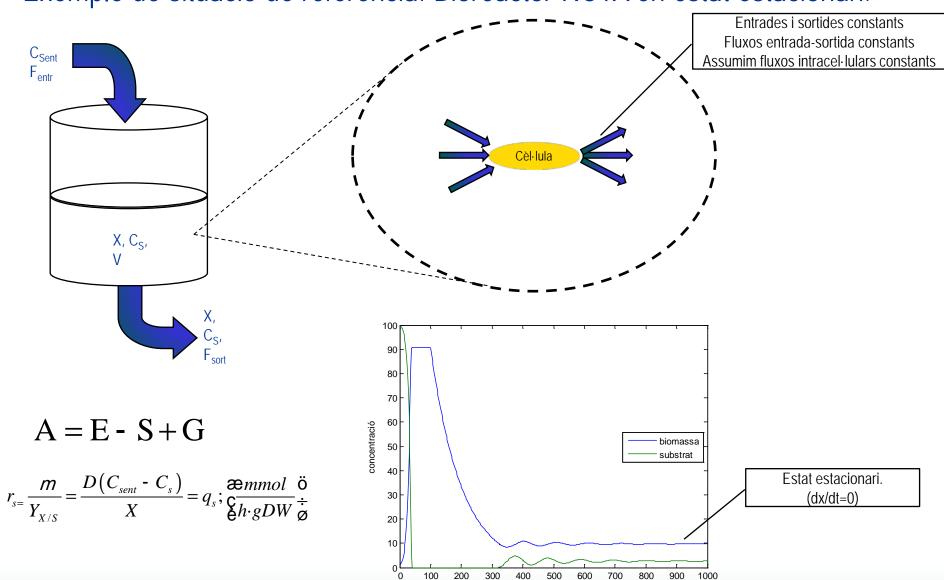
Joan Albiol

Departament d'Enginyeria Química Escola d'Enginyeria Universitat Autònoma de Barcelona



Sistemes metabòlics en estat estacionari

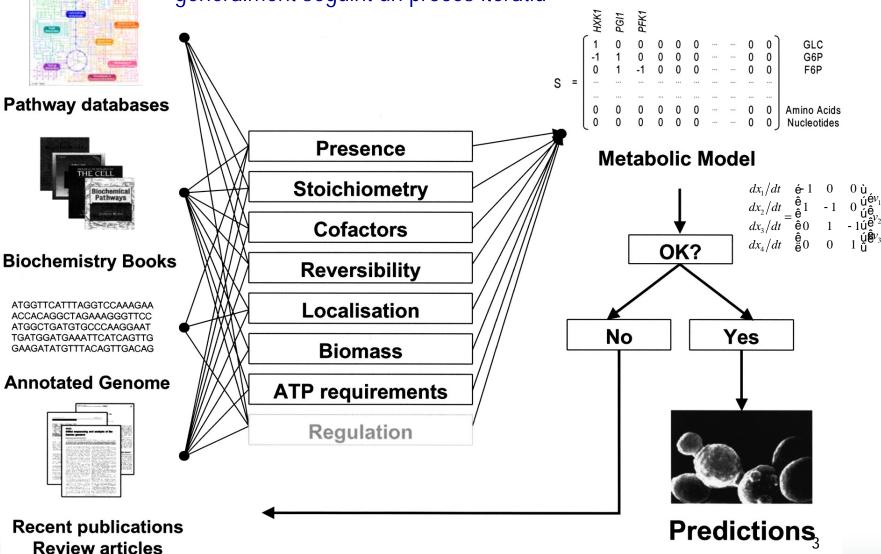
Exemple de situació de referència: Bioreactor RCTA en estat estacionari.



temps



A partir de les diverses fonts d'informació disponibles es poden construir models estequiomètrics per estudiar el metabolisme generalment seguint un procés iteratiu

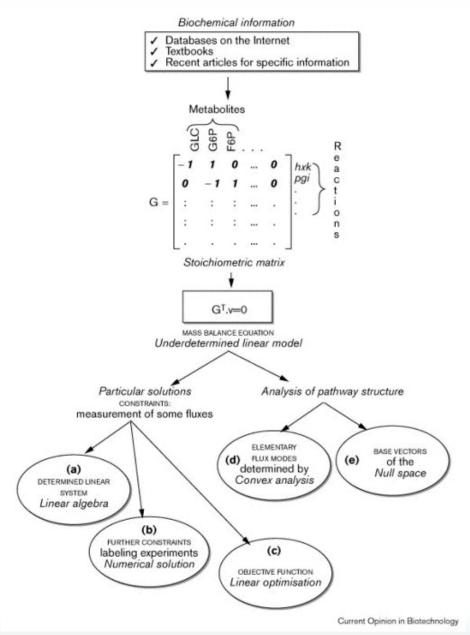




Tipus d'estudis habituals depenent de la informació disponible i els objectius



de Barcelona



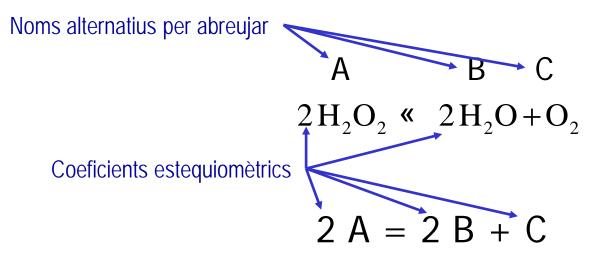






Les xarxes metabòliques es defineixen a partir dels seus constituents fonamentals: les reaccions

Una reacció senzilla tal com la catalitzada per la catalasa [EC 1.11.1.6]



Reordenació convencional:

Productes - Substrats

$$0 = 2 B + C - 2 A$$

En realitat els coeficients no son únics

Es poden multiplicar o dividir per una

constant sense variar la relació.

Exemple alternativa de coeficients: 0 = 1 B + 0.5 C - 1 A

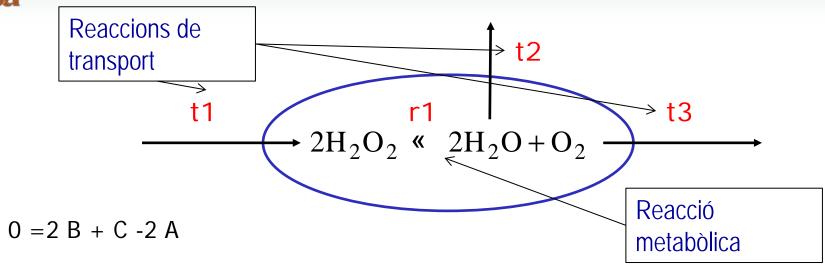




Conceptes bàsics a recordar:

$$0 = 2 B + C - 2 A$$

- Els coeficients estequiomètrics relacionen el nombre de molècules que intervenen. Es poden escalar mantenint la proporcionalitat.
- Els signes dels coeficients depenen de la direcció escollida.
- Les reaccions son reversibles i avancen cap a l'equilibri.
- A l'equilibri les velocitats directa e inversa són iguals
- Els enzims acceleren la reacció però no poden canviar les condicions d'equilibri.
- Les reaccions molt desplaçades cap a productes es poden considerar a la pràctica com a irreversibles.



Com ja hem vist en tots els sistemes vius es compleix el principi de conservació de la matèria que es pot representar com:

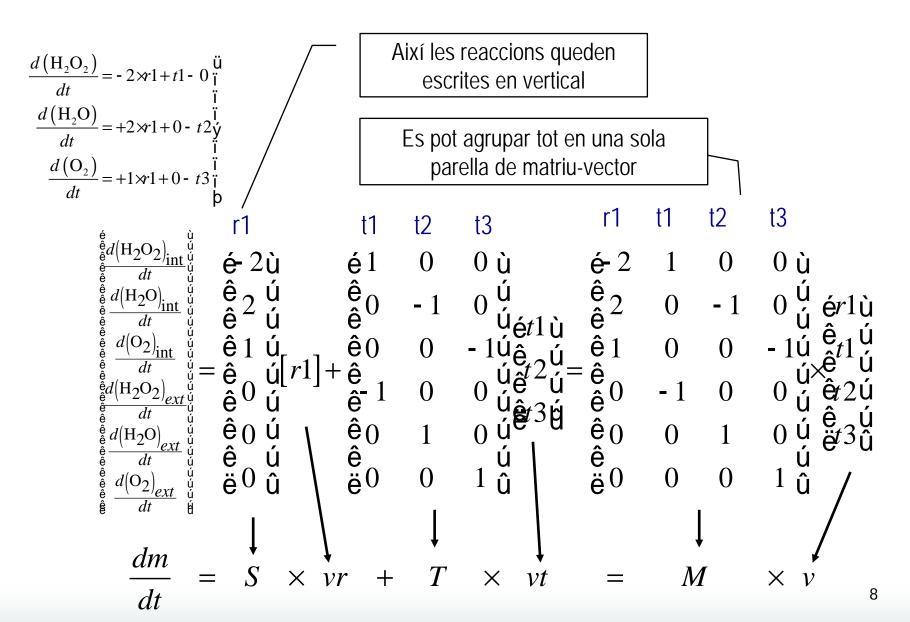
Acumulació = Generació + Entrada - Sortida

Es pot escriure una equació de conservació o balanç per cada metabòlit, per ex.:

Acumulació
$$\frac{d\left(\mathrm{H_{2}O_{2}}\right)}{dt} = -2 \times 1 + t1 - 0$$
 Entrada - Sortida
$$\frac{d\left(\mathrm{H_{2}O}\right)}{dt} = +2 \times 1 + 0 - t2$$
 Generació
$$\frac{d\left(\mathrm{O_{2}}\right)}{dt} = +1 \times 1 + 0 - t3$$
 7



Per treballar és convenient expressar-ho com matrius i vectors





Cada fila de la matriu estequiomètrica representa un balanç a cada metabòlit intern i representa una restricció que s'ha de complir.

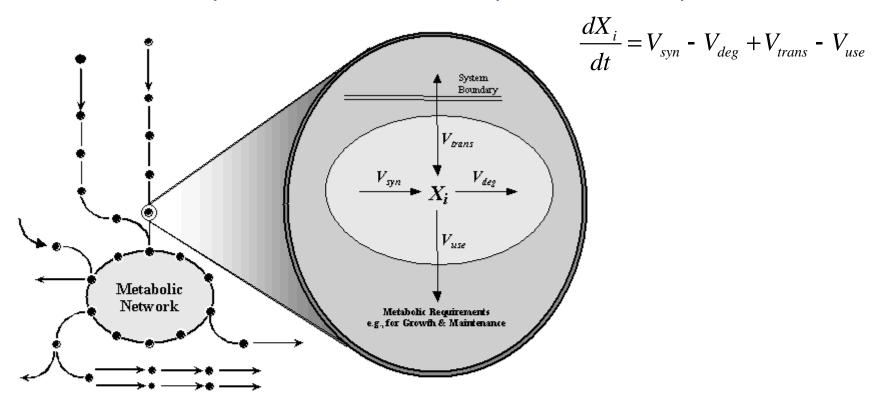


Figure 1: Defining the mass balance constraints. The mass balance constraints are defined by summing the rates of production and degradation for each metabolite in the network.



Per a molts estudis només és necessari tenir en compte les concentracions internes i llavors només mirem la part superior de la matriu



$$\frac{\stackrel{\stackrel{\leftarrow}{e}dA}{\stackrel{\circ}{u}}}{\stackrel{\circ}{e}dS_{1}}{\stackrel{\circ}{u}}{\stackrel{\circ}{u}} = \frac{\stackrel{\stackrel{\leftarrow}{e}dS_{1}}{\stackrel{\circ}{u}}}{\stackrel{\circ}{e}dS_{1}}{\stackrel{\circ}{u}}{\stackrel{\circ}{u}} = \frac{dS}{dt} = \frac{\stackrel{\stackrel{\leftarrow}{e}d(H_{2}O_{2})_{int}}{\stackrel{\circ}{e}dt}{\stackrel{\circ}{u}}{\stackrel{\circ}{u}} = \frac{dS}{dt} = \stackrel{\stackrel{\stackrel{\leftarrow}{e}d(H_{2}O_{2})_{int}}{\stackrel{\circ}{e}dt}{\stackrel{\circ}{u}}{\stackrel{\circ}{u}} = \frac{dS}{e} = \frac{\stackrel{\stackrel{\leftarrow}{e}d(H_{2}O_{2})_{int}}{\stackrel{\circ}{e}dt}{\stackrel{\circ}{u}}{\stackrel{\circ}{u}} = \frac{dS}{e} = \frac{\stackrel{\stackrel{\leftarrow}{e}d(G_{2})_{int}}{\stackrel{\circ}{e}dt}{\stackrel{\circ}{u}}{\stackrel{\circ}{u}} = \frac{e}{e} = \frac{dS}{e} = \frac{\stackrel{\stackrel{\leftarrow}{e}d(G_{2})_{int}}{\stackrel{\circ}{u}}{\stackrel{\circ}{u}} = \frac{e}{e} = \frac{e}{e}$$

Frequentment només tenim en compte els metabòlits que estan dins la cèl·lula (al ss dS/dt=0)

$$= \mathbf{N} \cdot \mathbf{v}$$



D'aquesta manera queda descrit de forma general un sistema de qualsevol grandària

Si tenim S_i metabolits i els seus corresponents coeficients estequiomètrics n_{ij} per cada reacció j llavors tindrem:

$$\frac{\mathrm{d}S_i}{\mathrm{d}t} = \mathbf{\mathring{a}}_{j=1}^r n_{ij} v_j$$

r – número de reaccions j – número de la reacció i – número de metabolit S_i – concentració de metabolit v_j – velocitat de reacció n_{ij} – coeficient estequiomètric

- En aquests casos assumirem que el canvi de concentració de metabòlits només depèn de les reaccions expressades i no d'altres factors com la difusió (sistema homogeni. Conc. igual a tot arreu).
- Per als casos senzills també considerarem que la dilució deguda al creixement cel·lular és negligible respecte al canvi degut a les reaccions (efecte de les reaccions entre 100 i 1000 vegades més gran.
 Turnover – o taxa de recanvi - elevat).





En forma de matrius i vectors:

Matriu estequiomètrica:
$$\mathbf{N} = \{n_{ij}\}$$
 $i = 1 \text{K} \ n, (metabol.)$ $j = 1 \text{K} \ r, (reacc.)$

Vector de concentracions de metabòlits:
$$\mathbf{S} = [S_1, K S_n]^T$$

Vector de velocitats de reacció:
$$\mathbf{v} = [v_1, K v_r]^T$$

Vector paràmetres:

Les concentracions de metabòlits i les velocitats de reacció depenen del valor dels paràmetres:

Amb aquesta nomenclatura podem escriure una equació que descriu el balanç sencer:

$$\mathbf{p} = [p_1, K p_m]^T$$

$$\mathbf{S} = \mathbf{S}(\mathbf{p})$$
 ; $\mathbf{v} = \mathbf{v}(\mathbf{S}, \mathbf{p})$ per ex.: $\mathbf{v} = \frac{\mathbf{v}_{\text{max}} \times \mathbf{S}}{K_{\text{max}} + S}$

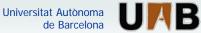
$$\frac{d\mathbf{S}}{dt} = \mathbf{\mathring{S}} = \mathbf{N} \cdot \mathbf{v}$$

O també:

$$\frac{d\mathbf{S}}{dt} = \mathbf{N} \cdot \mathbf{v} (\mathbf{S}(\mathbf{p}), \mathbf{p})$$

 $\mathbf{p} = [\mathbf{v}_{\text{max}}, K_m]$





Un estat que interessa és l'estat estacionari:

Aquell estat dinàmic en que les variables (concentracions de metabòlits) no canvien amb el temps

Si les variables que descriuen el sistema no varien -> la derivada és zero

$$\frac{d\mathbf{S}}{dt} = 0 \qquad \text{El que implica->} \qquad 0 = \mathbf{N} \cdot \mathbf{v} (\mathbf{S}(\mathbf{p}), \mathbf{p})$$

En un estat metabòlic estacionari anomenarem flux metabòlic a:

$$\mathbf{J} = \mathbf{v}(\mathbf{S}(\mathbf{p}), \mathbf{p})$$

Es a dir els fluxos metabòlics equivalen al **conjunt de velocitats de reacció que** s'estableixen en estat estacionari (no confondre la J amb el Jacobià)





En un cas general l'equació:

$$\frac{d\mathbf{S}}{dt} = \mathbf{N} \cdot \mathbf{v} (\mathbf{S}(\mathbf{p}), \mathbf{p})$$

- És un sistema d'equacions habitualment no lineal on les velocitats de cada reacció depenen de les cinètiques de cada enzim.
- A la majoria de casos quests sistemes no tenen solució analítica i s'ha de recorre a buscar una solució numèrica.
- En un cas en estat estacionari ideal $\frac{d\mathbf{S}}{dt} = 0$, les concentracions de metabòlits no varien i els fluxos són constants.
- En aquest cas els fluxos es poden determinar si es disposa d'una informació mínima.

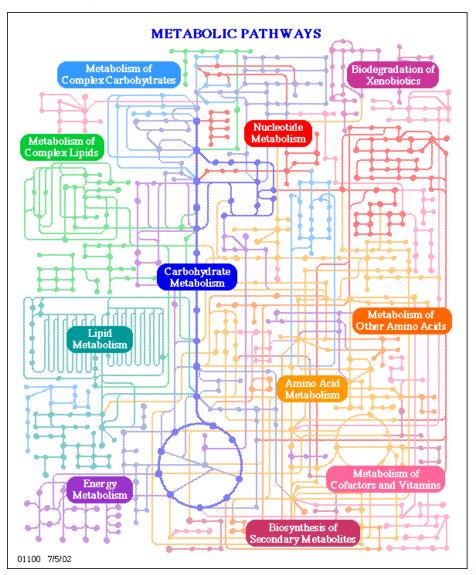
$$0 = \mathbf{N} \cdot \mathbf{v}$$

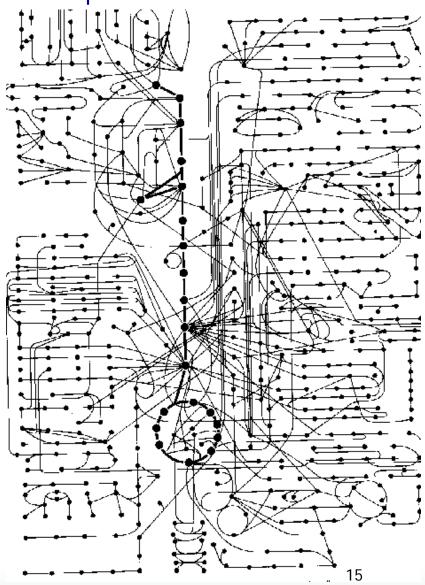
 La matriu N conté informació de totes les vies metabòliques considerades i delimita les solucions possibles. El seu estudi ja dona informació valuosa



Anàlisi de la distribució del flux. (Metabolic Flux analysis)

Visions generals del metabolisme com xarxes complexes



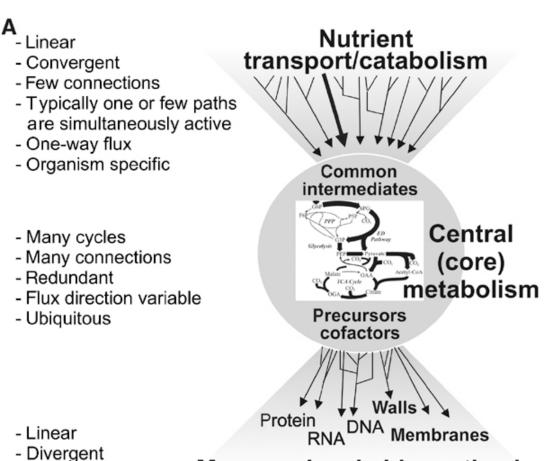


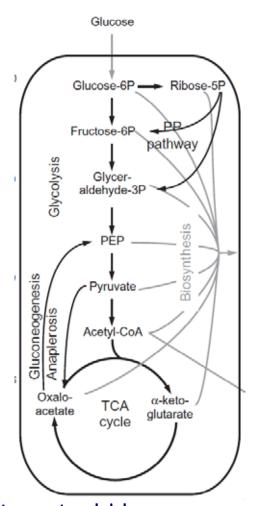




Anàlisi de la distribució del flux. (Metabolic Flux analysis)

Visió del metabolisme com una estructura en 'corbatí' (bow Tie))





- Few connections

Macromolecule biosynthesis

Tot i que el metabolisme és una xarxa complexa, frequentment n'hi ha prou considerant el metabolisme central. (Sempre que transporti la major part del carboni)





En molts casos interessa calcular la distribució de fluxos metabòlics d'una xarxa donat que es troben directament relacionats amb el seu estat fisiològic. Per determinar-los es necessiten mesures experimentals.

Podem reformular el sistema inicial tal com:

$$0 = \mathbf{N} \cdot \mathbf{v} \qquad \qquad 0 = \mathbf{N}_c \cdot \mathbf{v}_c + \mathbf{N}_m \cdot \mathbf{v}_m$$

Agrupant les reaccions en dues matrius que inclouen respectivament, els fluxos calculats i els mesurats.

$$\mathbf{N}_c \cdot \mathbf{v}_c = -\mathbf{N}_m \cdot \mathbf{v}_m = b$$
$$\mathbf{N}_c \cdot \mathbf{v}_c = b$$

Depenent del sistema i del nombre de mesures hi ha 3 possibilitats

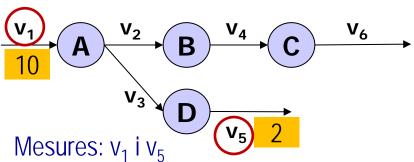
- Sistema completament determinat: nombre d'incògnites = nombre files de N_c = rang(N_C)
- Sistema sobredeterminat: nombre d'incògnites < nombre equacions (assumint nombre d'incògnites = rang(NC)
- Sistema subdeterminat: nombre d'incògnites > nombre equacions (liff. ind.)



Sistema determinat: incògnites=rang(N_c)







$$0 = \mathbf{N} \cdot \mathbf{v}$$

$$v_1 \quad v_2 \quad v_3 \quad v_4 \quad v_5 \quad v_6$$

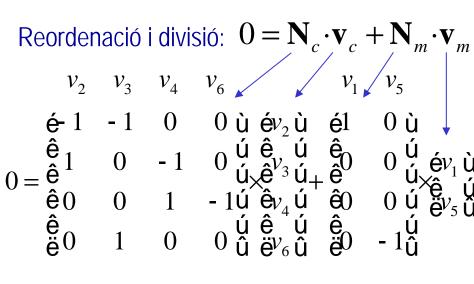
$$A \stackrel{?}{e} \quad 1 \quad -1 \quad 0 \quad 0 \quad 0 \quad \dot{\mathbf{u}}$$

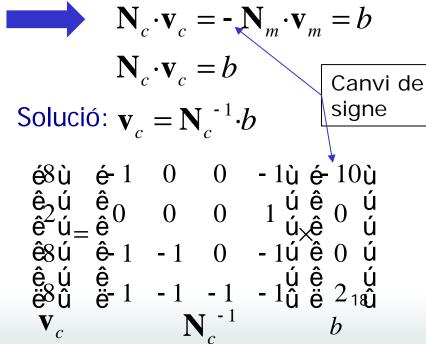
$$B \stackrel{?}{e} \quad 0 \quad 1 \quad 0 \quad -1 \quad 0 \quad 0 \quad \dot{\mathbf{u}}$$

$$C \stackrel{?}{e} \quad 0 \quad 0 \quad 1 \quad 0 \quad -1 \quad \dot{\mathbf{u}}$$

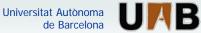
$$D \stackrel{?}{e} \quad 0 \quad 0 \quad 1 \quad 0 \quad -1 \quad 0 \quad \dot{\mathbf{u}}$$

Matriu estequiomètrica N de rang: 4









19

Sistema sobredeterminat : nombre d'incògnites < nombre equacions

en principi N_c no es pot invertir **Solució: una possibilitat** -> reduir la matriu N_c fins a quedar un sistema determinat i fer servir les altres equacions per verificar la consistència de dades

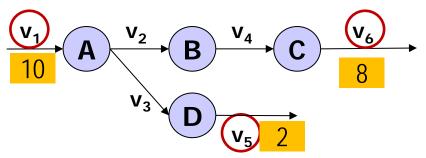
Divisió de matrius:
$$\mathbf{N}_c = \mathbf{e}^{\mathbf{K}_c^{rang(N)}} \mathbf{\hat{u}}_c$$
; $b = \mathbf{e}^{\mathbf{b}_a^{rang(N)}} \mathbf{\hat{u}}_c$; $b = \mathbf{e}^{\mathbf{b}_a^{rang(N)}} \mathbf{\hat{u}}_c$

$$b = \mathbf{e}^{b \cdot b_{a}^{rang(N)}} \mathbf{b}$$

Solució:

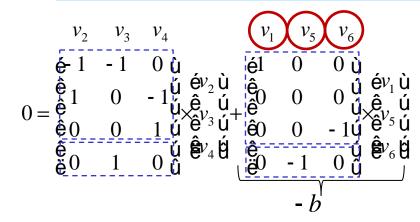
$$\mathbf{v}_c = \left(\mathbf{N}_c^{rang(N)}\right)^{-1} \cdot b_a^{rang(N)};$$

Exemple anterior mesurant v_1 , v_5 , v_6 :



Validació:

$$b_b^{n-rang(N)} - \mathbf{N}_c^{n-rang(N)} \times \mathbf{v}_c = 0$$



Validació:

$$\begin{bmatrix} 2 \end{bmatrix} - \begin{bmatrix} 0 & 1 & 0 \end{bmatrix} \times \hat{\mathbf{e}}^{2} \hat{\mathbf{u}} = 0$$

$$b_{b}^{n-rang(N)} \mathbf{N}_{c}^{n-rang(N)} \hat{\mathbf{e}}^{8} \hat{\mathbf{u}}$$

$$\mathbf{V}_{c}$$



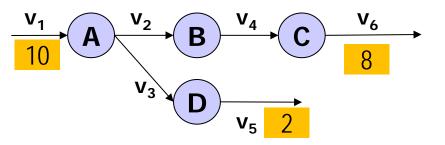


Sistema sobredeterminat II: nombre d'incògnites <nombre equacions

Solució alternativa: fer servir la **pseudoinversa** (preferentment la de Moore-Penrose) (equivalent a una solució per mínims quadrats)

$$\mathbf{v}_c = \left(\mathbf{N}_c^T \times \mathbf{N}_c\right)^{-1} \times \mathbf{N}_c^T \times b = \mathbf{N}^\# \times b$$

Exemple anterior mesurant v_1 , v_5 , v_6 :

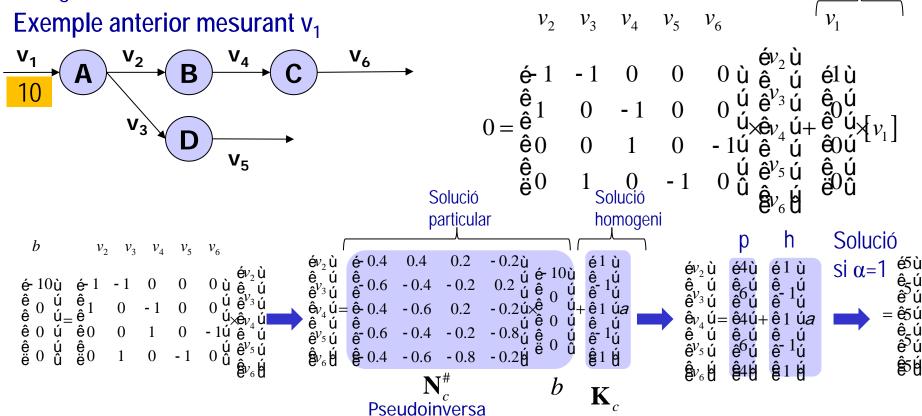


$$0 = \begin{pmatrix} v_{2} & v_{3} & v_{4} & v_{1} & v_{5} & v_{6} \\ e^{-1} & -1 & 0 & \dot{u} & e^{-1} & 0 & 0 & \dot{u} \\ e^{-1} & 0 & -1 & \dot{u} & e^{-1} & e^{-1} & 0 & 0 & \dot{u} & e^{-1} \\ e^{-1} & 0 & 1 & \dot{u} & e^{-1} & \dot{u} & e^{-1} & \dot{u} & e^{-1} \\ e^{-1} & 0 & 1 & \dot{u} & e^{-1} & \dot{u} & e^{-1} & \dot{u} & e^{-1} \\ e^{-1} & 0 & 1 & \dot{u} & e^{-1} & \dot{u} & e^{-1} \\ e^{-1} & 0 & \dot{u} & e^{-1} & \dot{u} & e^{-1} \\ e^{-1} & 0 & \dot{u} & e^{-1} & \dot{u} & e^{-1} \\ e^{-1} & 0 & \dot{u} & e^{-1} & \dot{u} & e^{-1} \\ e^{-1} & 0 & \dot{u} & e^{-1} & \dot{u} \\ e^{-1} & 0 & \dot{u} & \dot{u} \\ e^{-1} & 0 & \dot{u} \\ e^{-1} & 0 & \dot{u} & \dot{u} \\ e^{-1} & 0$$



Sistema subdeterminat: nombre d'incògnites >nombre equacions Solució: **no hi ha solució única**. Possibilitats:

- Fer servir el kernel i un criteri d'optimització per seleccionar-ne una. $\mathbf{v} = \mathbf{N}_c^{\#} \times \mathbf{b} + \mathbf{K}_c \times \mathbf{a}$
- Afegir informació experimental (habitualment basada en marcatge amb 13C)
- Afegir noves restriccions ...



Universitat Autònoma

Solució

homogeni

Solució

particular

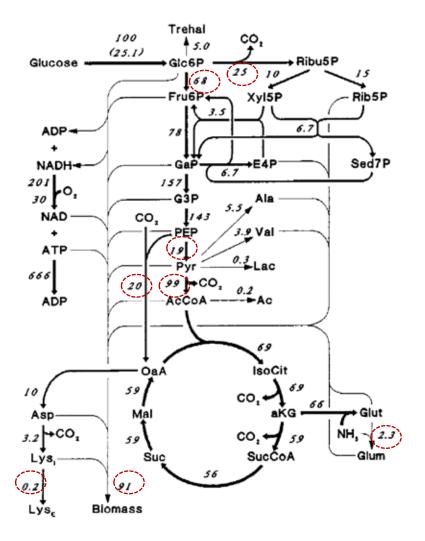
Consideracions per tots els casos: la bondat de la solució depèn del condicionament de la matriµ N_c i de la propagació l'error experimental

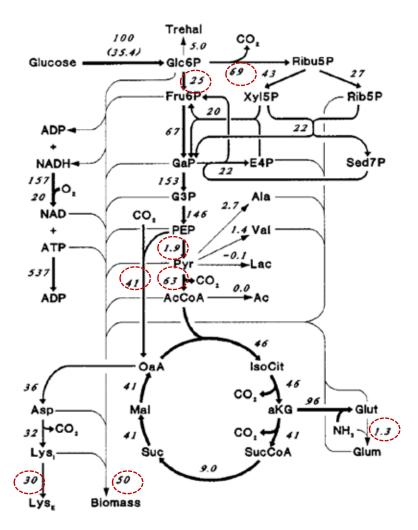
Moore-Penrose



Universitat Autònoma de Barcelona

Exemple d'utilització del càlcul de fluxos: Síntesi de lisina a C.glutamicum





Fase no productora

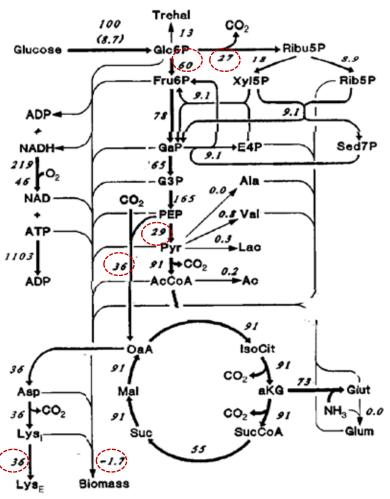
Fase productora

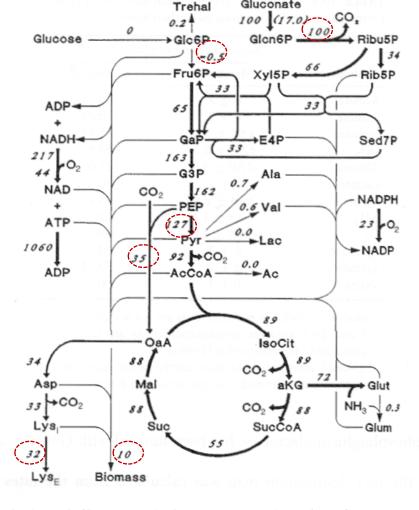


Universitat Autònoma

Gluconate

Exemple d'utilització del càlcul de fluxos: síntesi de lisina a C.glutamicum II





Pertorbacions al Glc6P: A partir de mesures experimentals amb consum de glucosa en un mutant de C. glutamicum (NFG068) amb atenuació (90%) a la Glc6P isomerasa per veure si el flux redirigia de Gl6P a la via PPP. S'observa creixement, producció de productes menors que el control i de lisina un 25% més gran però degut a una més llarga fase de producció. Però els flux eren similars i les velocitats d'acumulació 2-3 vegades menors.

Pertorbacions al Glc6P a partir de mesures experimentals amb consum de gluconat amb el que es sobrepassa el punt GL6P. Si aquest punt es rígid i el limitant, ara s'hauria de produir més lisina. La producció instantània no va passar del 35 %. Va augmentar la respiració i no hi va haver productes. Per tant el node GL6P és flexible i en tot cas no era on hi havia una limitació. 23

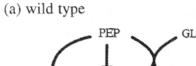




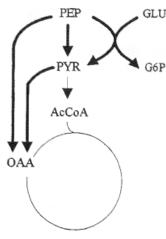
Exemple d'utilització del càlcul de fluxos: síntesi de lisina a C.glutamicum III.

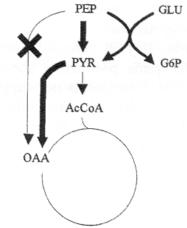
Exemples de comparació de fluxos i efecte de condicions

El gruix de la línia indica la grandària del flux metabòlic.



(b) ppc mutant

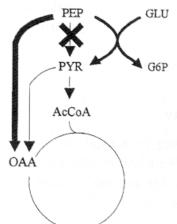


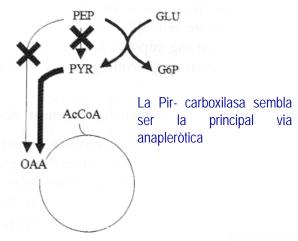


Creixement i producció de lisina no afectats.

(c) pyk mutant

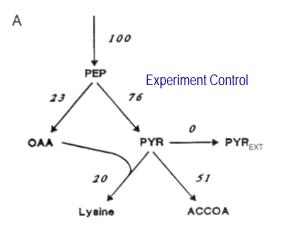
(d) ppc pyk mutant

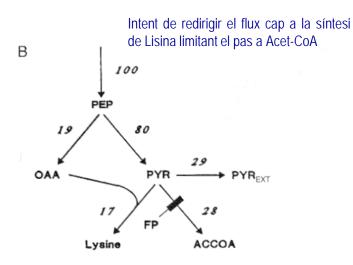




Mitjanament atenuats Reducció de creixement (al 77%) i lisina (al 50%) I

Fortament atenuats en creixement (30%) i producció de Lisina (25%)





Fermentació amb el pas Pir-AcCoA amb flux reduït (inhibit per fluoropiruvat.o fent servir un mutant atenuat de PDC) Es redueixen ambdós flux i es força la excreció de piruvata Indica que segurament el node PEP/Pir és rígid



Anàlisi de fluxos metabòlics (Metabolic Flux Analysis- ¹³C)



Si no hi ha prou informació per resoldre la Xarxa metabòlica s'obté més informació per mitjà de la tècnica de marcatge amb ¹³C. (¹³C Metabolic flux analisis)

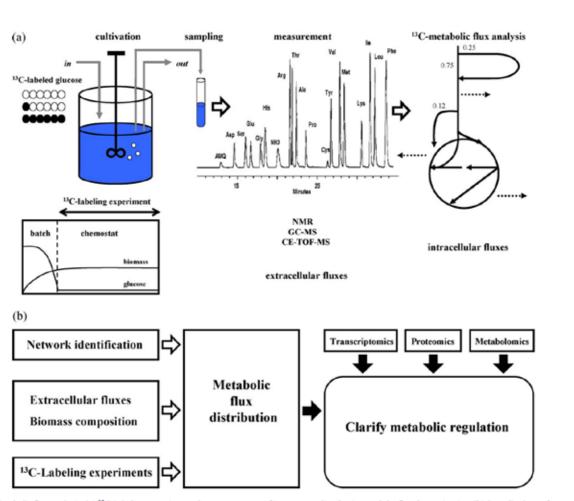
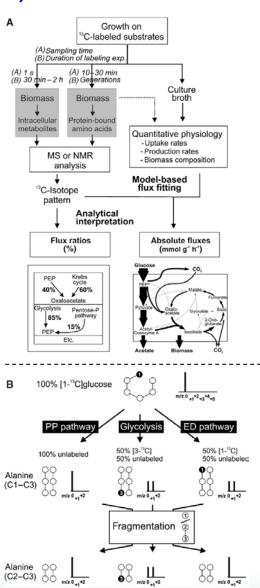


Fig. 2. 13C-Metabolic flux analysis: (a) 13C-Labeling experiment, the measurement of isotopomer distribution, and the flux determination. (b) Overall scheme for metabolic flux analysis to uncover metabolic regulation.



Sauer et al. 2006