

Системная биология – сети

М.Гельфанд
«Сравнительная геномика»

БиБи 4 курс

разные сети

- белок-белковые взаимодействия
- регуляторные сети (фактор-ген)
- метаболические

свойства сетей

- N = количество вершин
- распределение степеней вершин
 $P(k)$ = вероятность того, что у случайно взятой вершины будет k ребер
- средняя длина пути между вершинами L

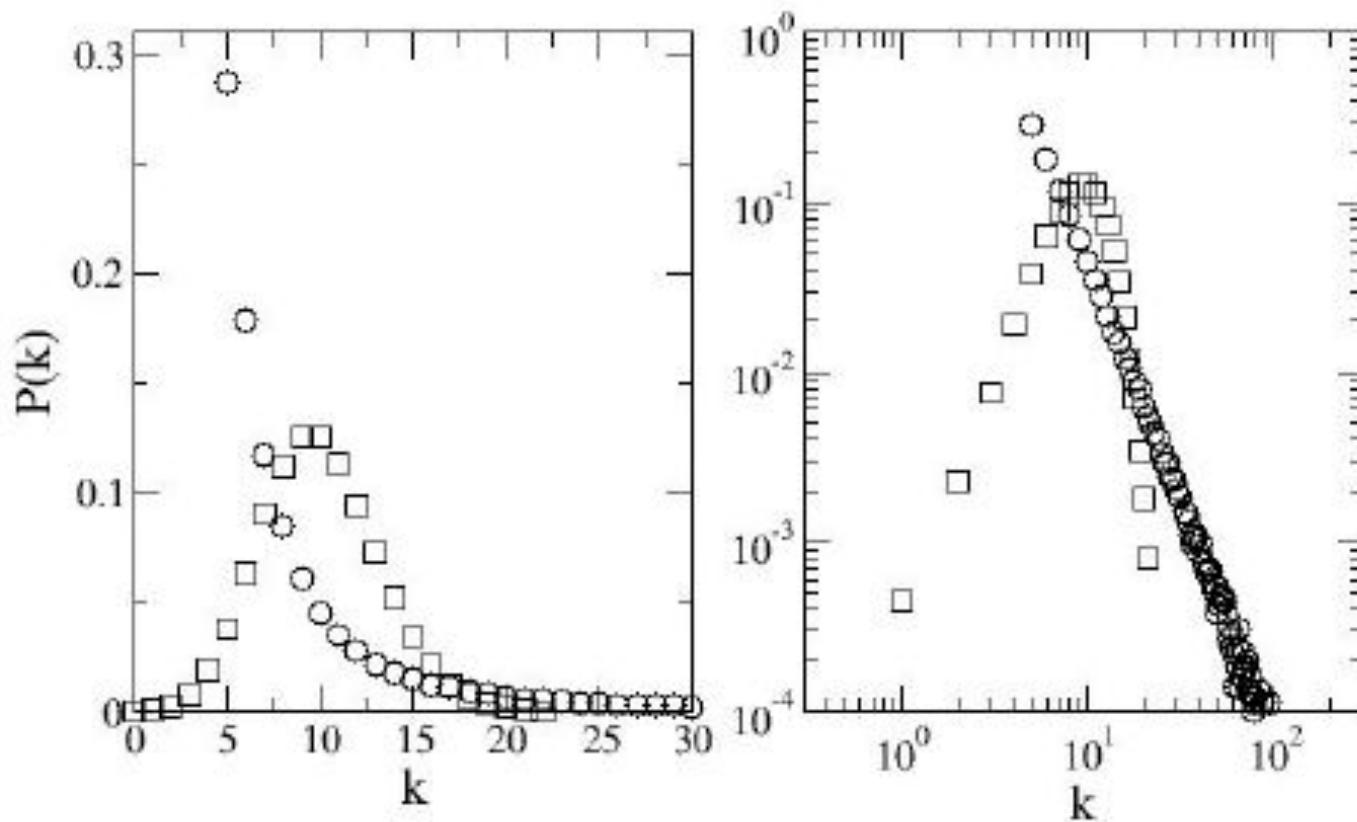
случайная сеть

- пуассоновское распределение
 $P(k) = \exp(-\lambda) \lambda^k / k!$
- Теорема Эрдеша-Ренъи: фазовый переход – возникновение гигантской компоненты
- средняя длина пути $\sim \log N$

scale-free network

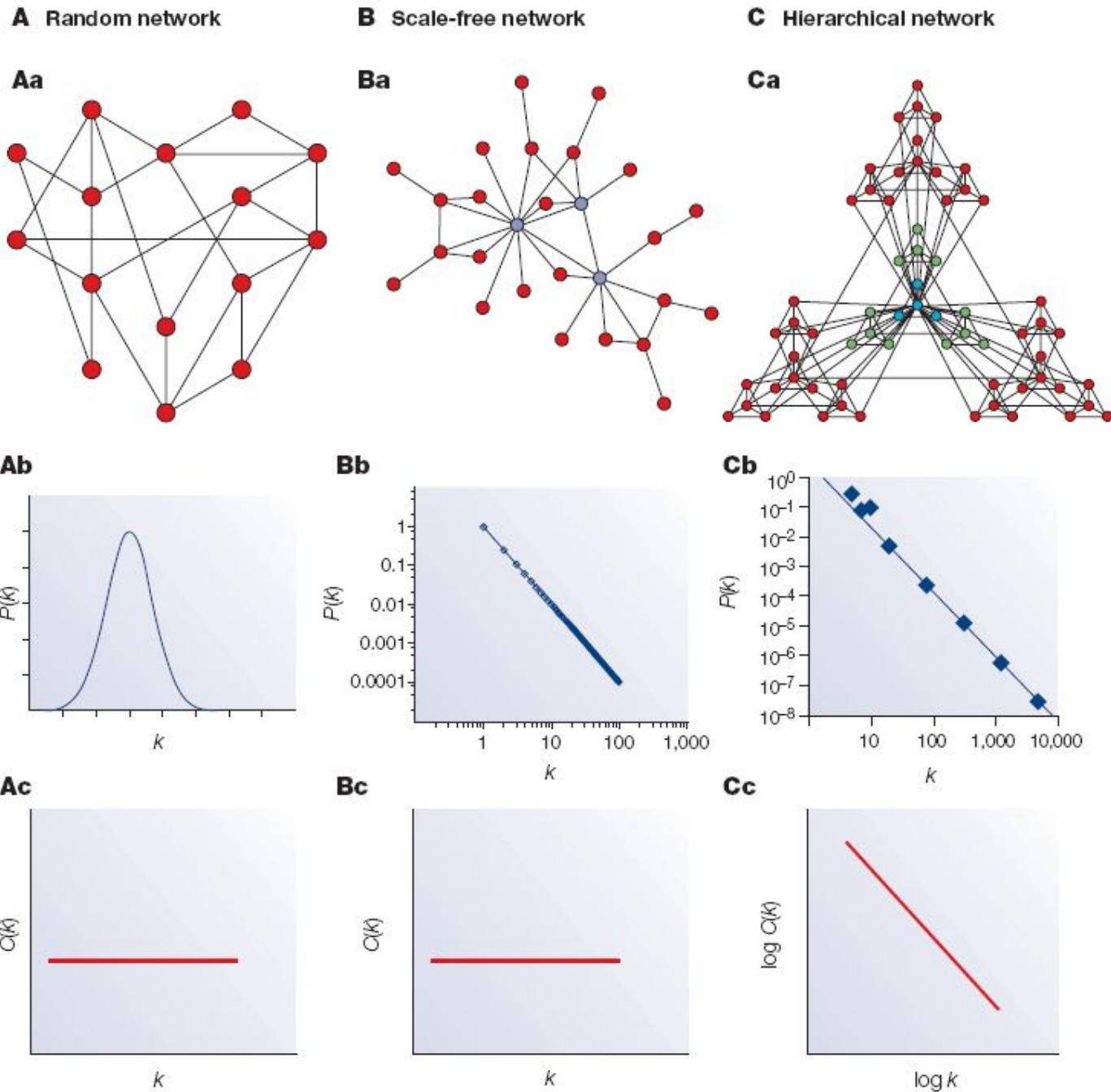
- $P(k) \sim k^{-\gamma}$
- $\gamma > 3$ – ничего особенного
- $2 < \gamma < 3$ – hubs, иерархия
- $\gamma = 2$ большой hub, соединенный с большой долей вершин
- При $\gamma < 3$ удаление случайной вершины не разрушает сеть, удаление hub'a – разрушает
- средняя длина пути (при $2 < \gamma < 3$) $\sim \log \log N$

Random and scale-free $P(k)$ (linear and log scales)



Коэффициент кластеризации

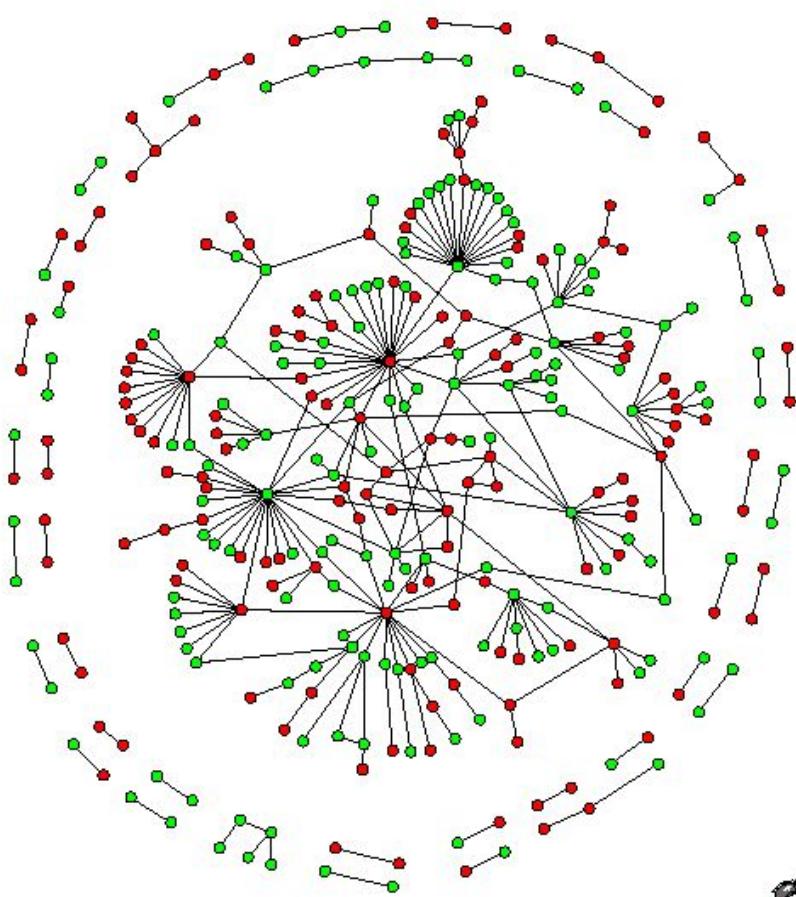
- Мера связи между соседями данной вершины



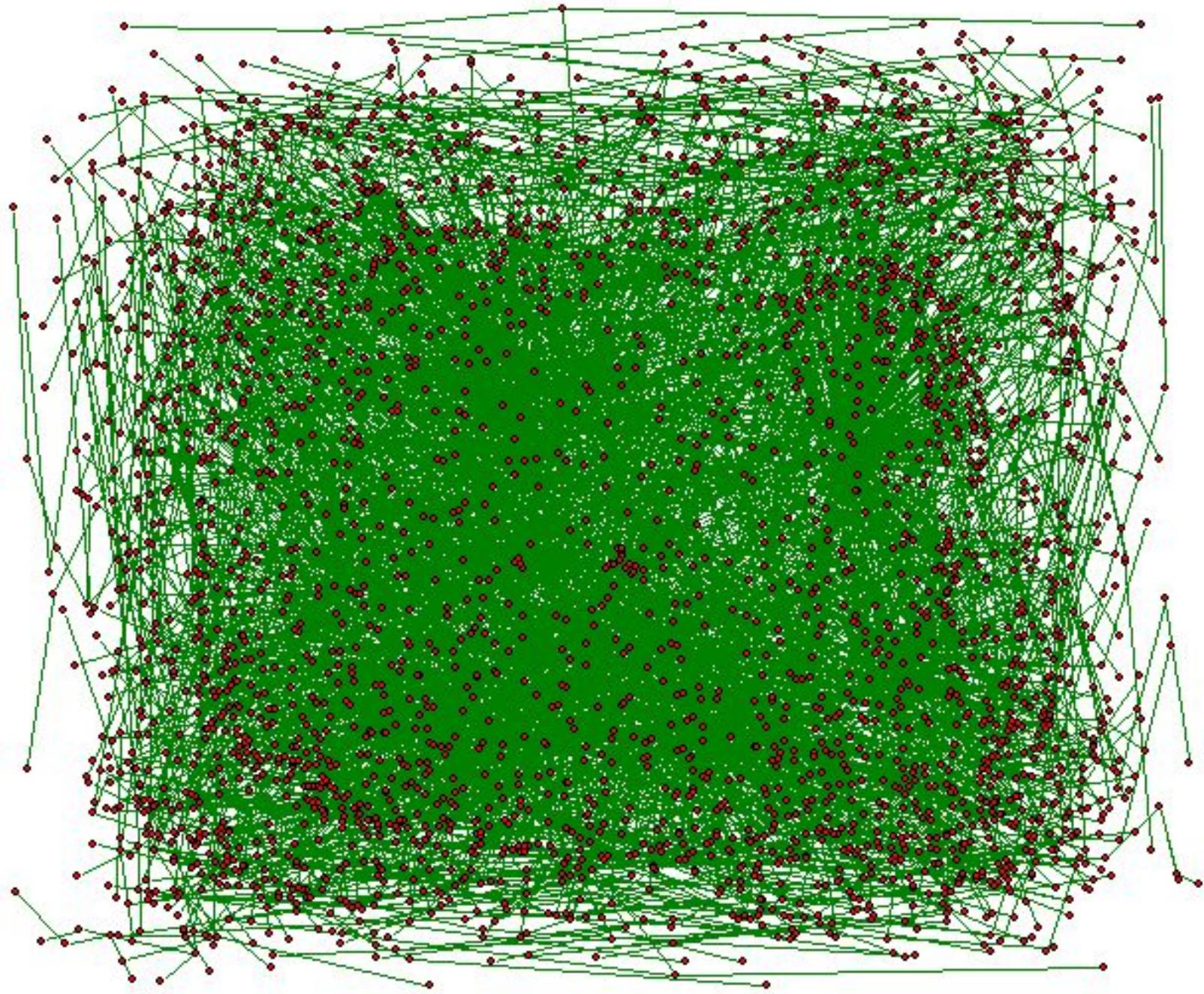
примеры

- белок-белковые взаимодействия
- синтетические летали
- регуляция транскрипции
- метаболические сети

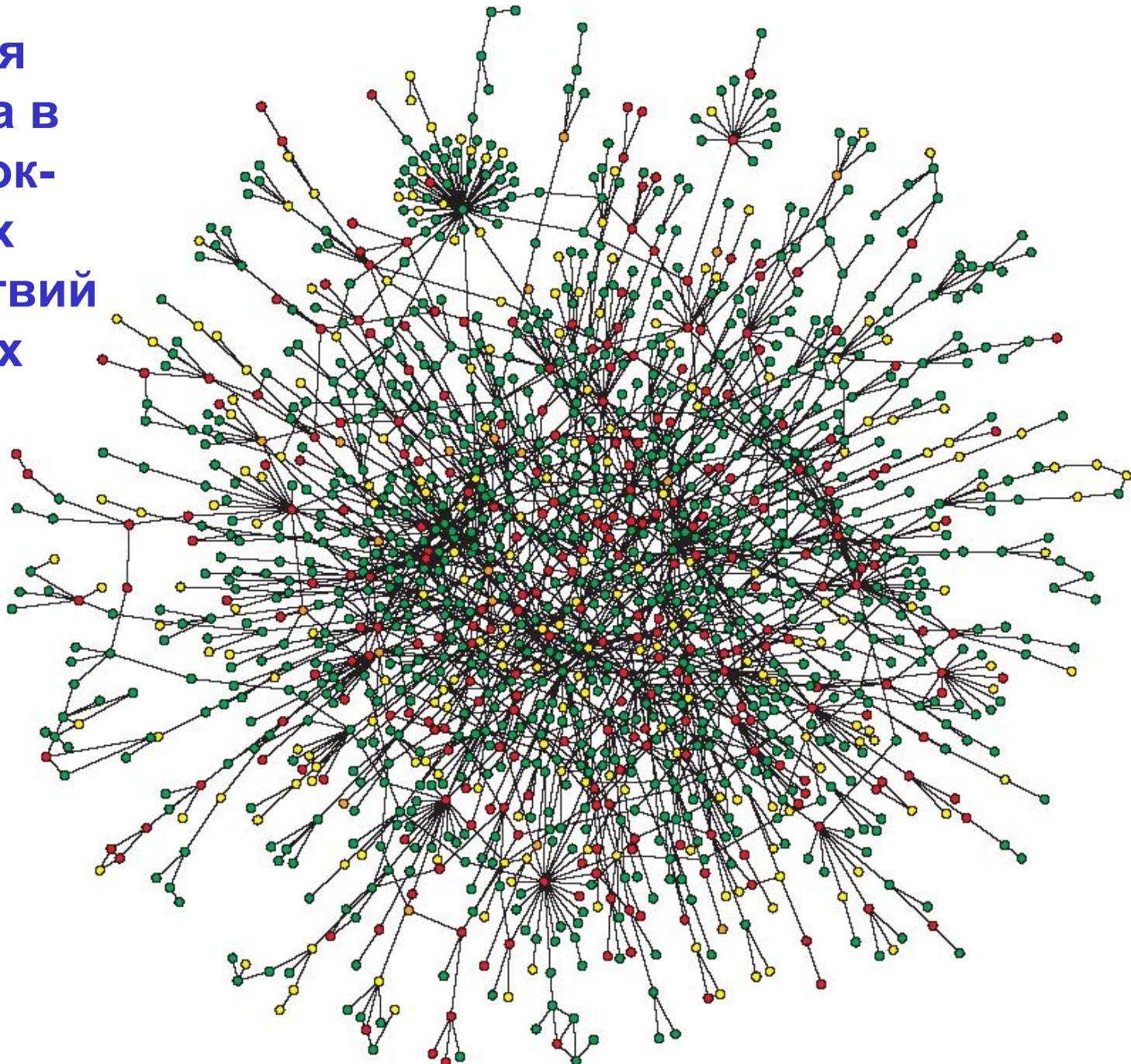
Yeast protein interaction network



- Data from the high-throughput two-hybrid experiment ([T. Ito, et al.](#). PNAS (2001))
- The full set containing **4549** interactions among **3278** yeast proteins
- **87%** nodes in the largest component
- The highest connected protein interacts with **285** others!
- Figure shows only **nuclear** proteins

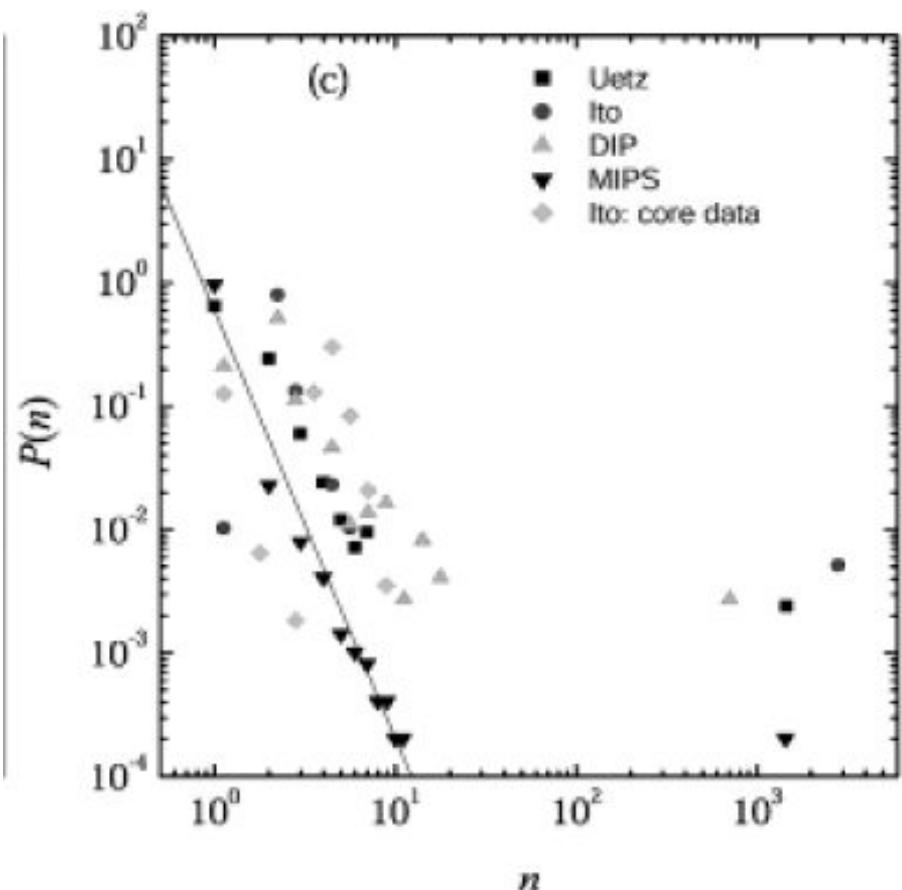
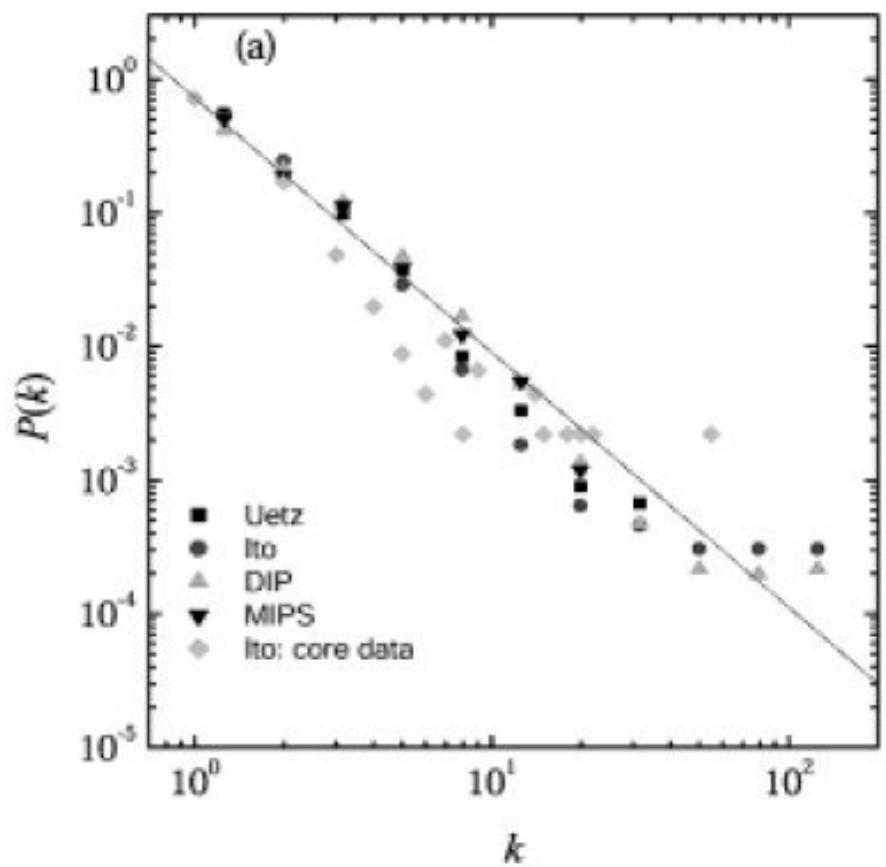


Гигантская компонента в графе белок-белковых взаимодействий в дрожжах

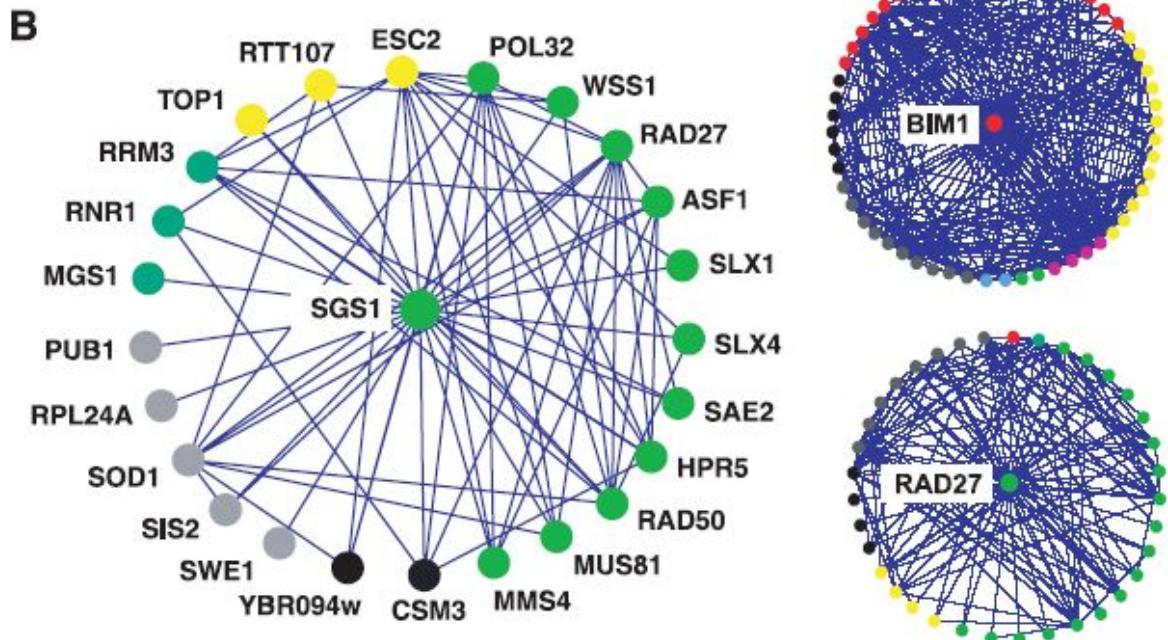
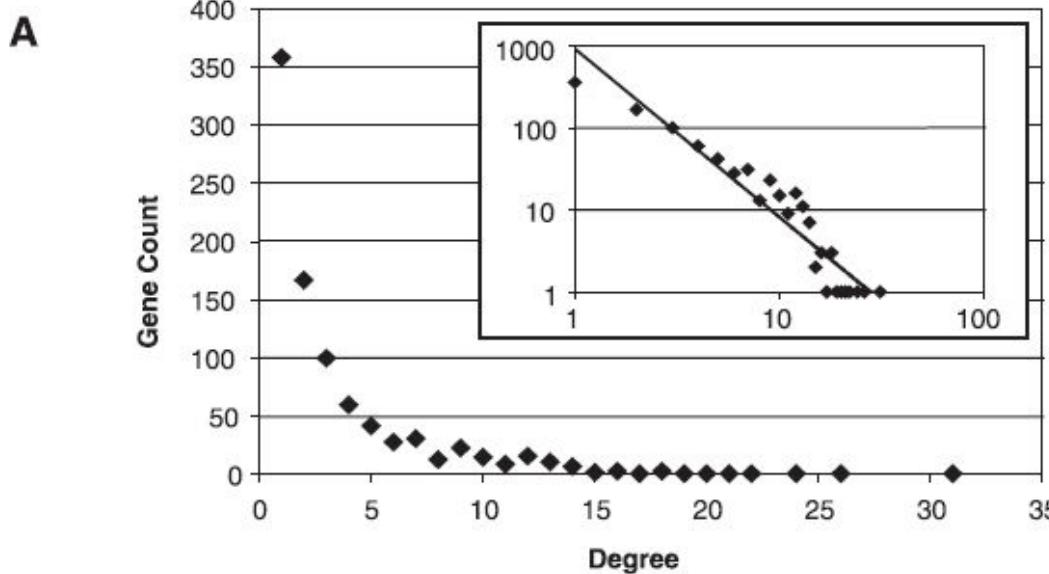


- Красный – летальная мутация
- Оранжевый – медленный рост
- Желтый – неизвестно
- Зеленый – нелетальная мутация

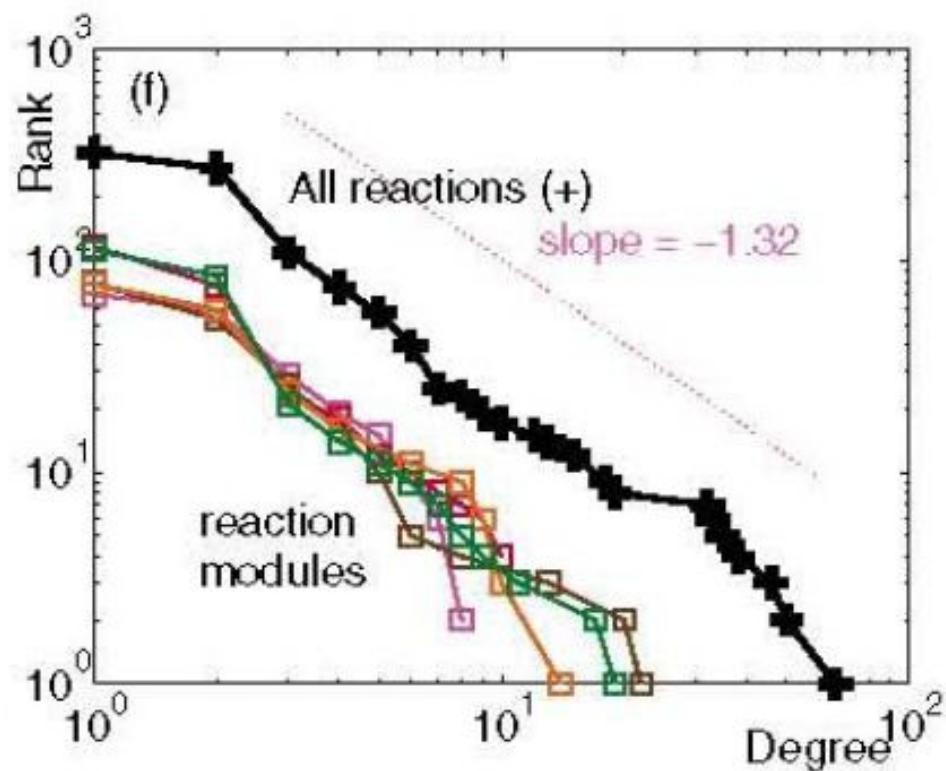
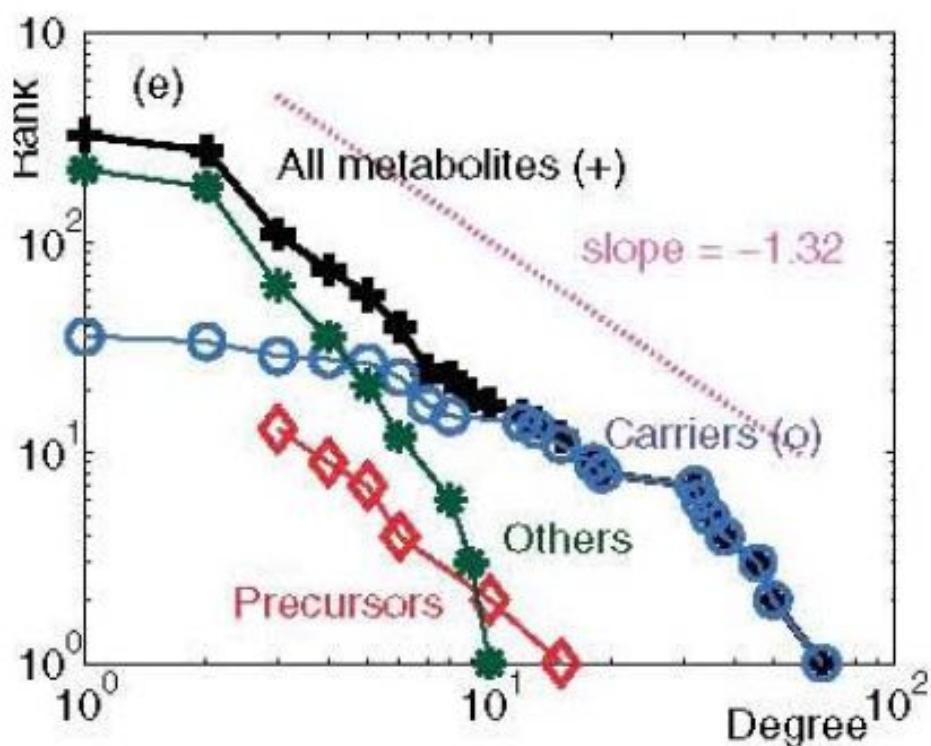
Белок-белковые взаимодействия в дрожжах: $P(k)$ и размеры связных компонент



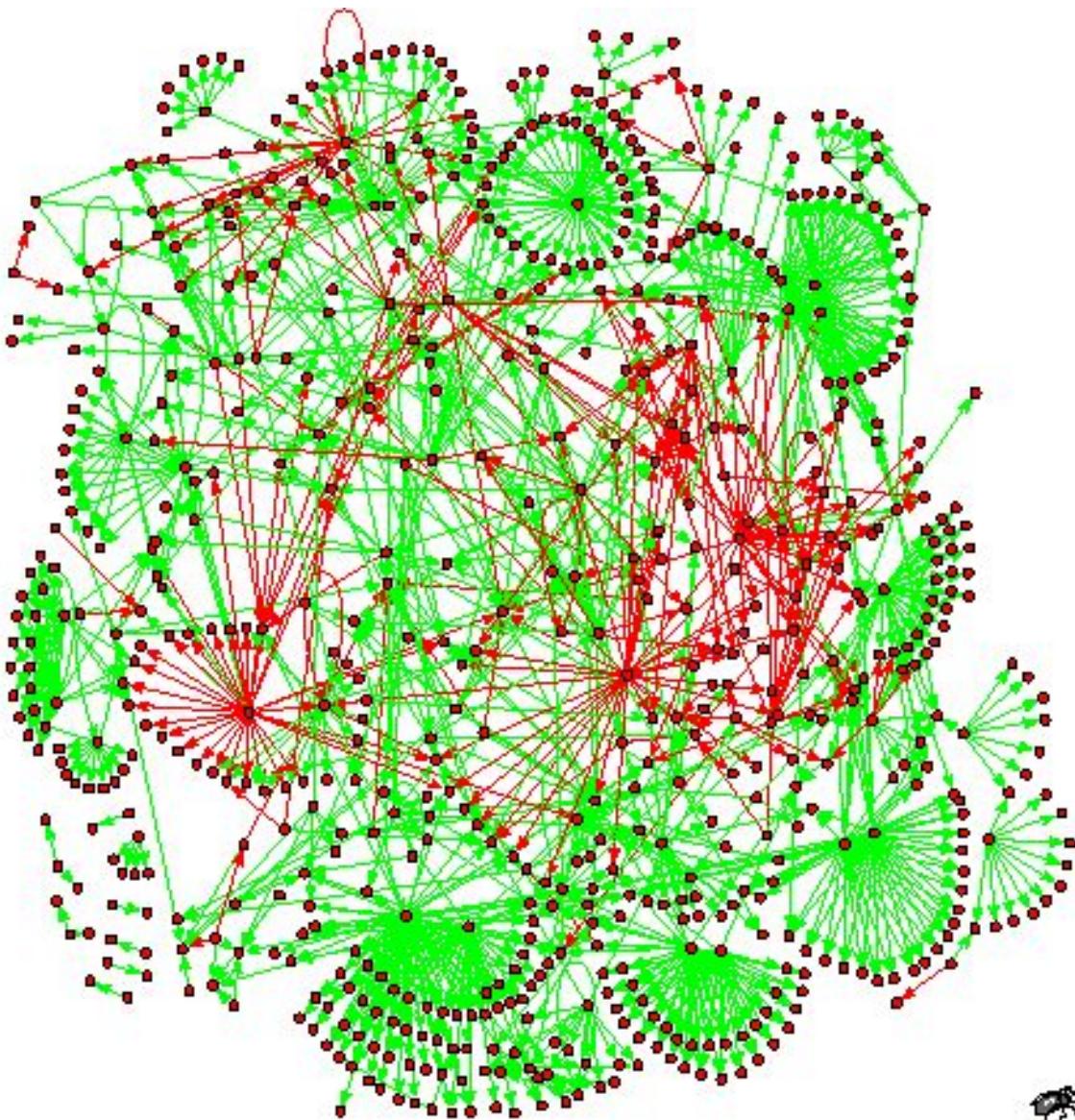
Synthetic lethals in yeast



Rank vs. degree for metabolites and reactions in *Helicobacter pylori*

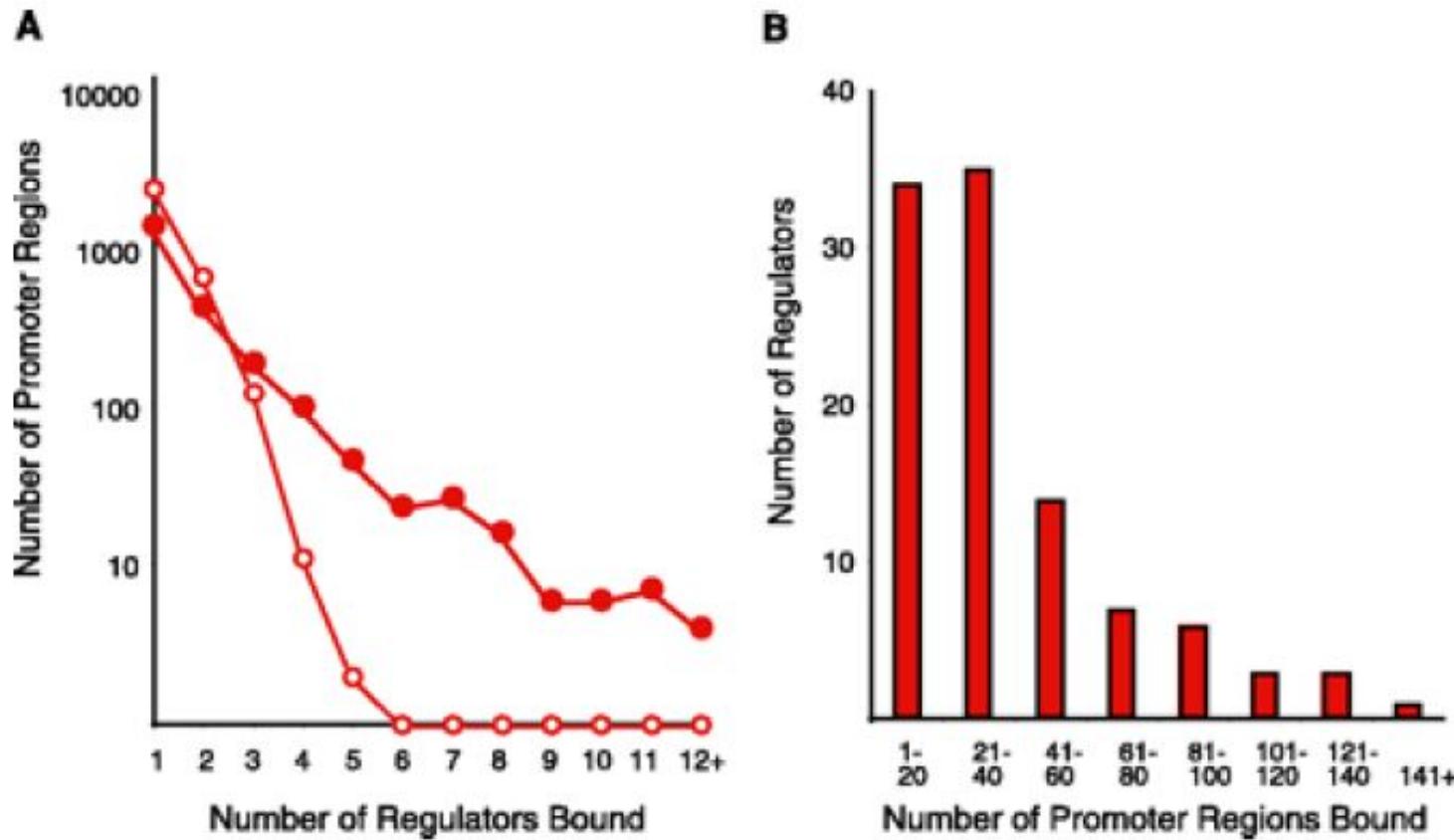


Transcription regulatory network in baker's yeast



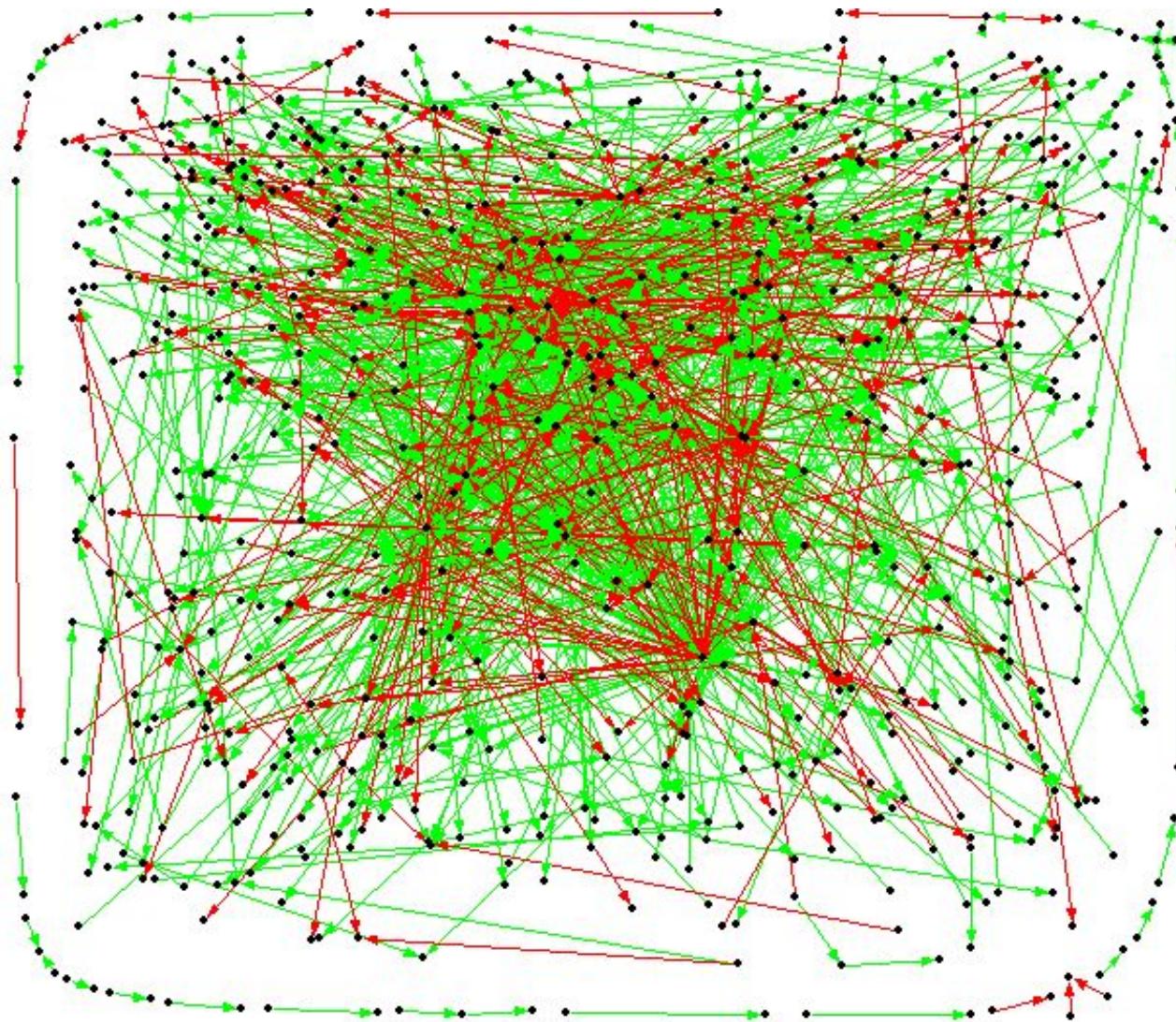
- Downloaded from the YPD database: **1276** regulations among **682** proteins by 125 transcription factors (10 regulated genes per TF)
- Part of a bigger genetic regulatory network of 1772 regulations among 908 proteins
- Positive to negative ratio **3:1**
- Broader distribution of out-degrees (up to **72**) and more narrow of in-degrees (up to **21**)

регуляция транскрипции (дрожжи, ChIP-chip)



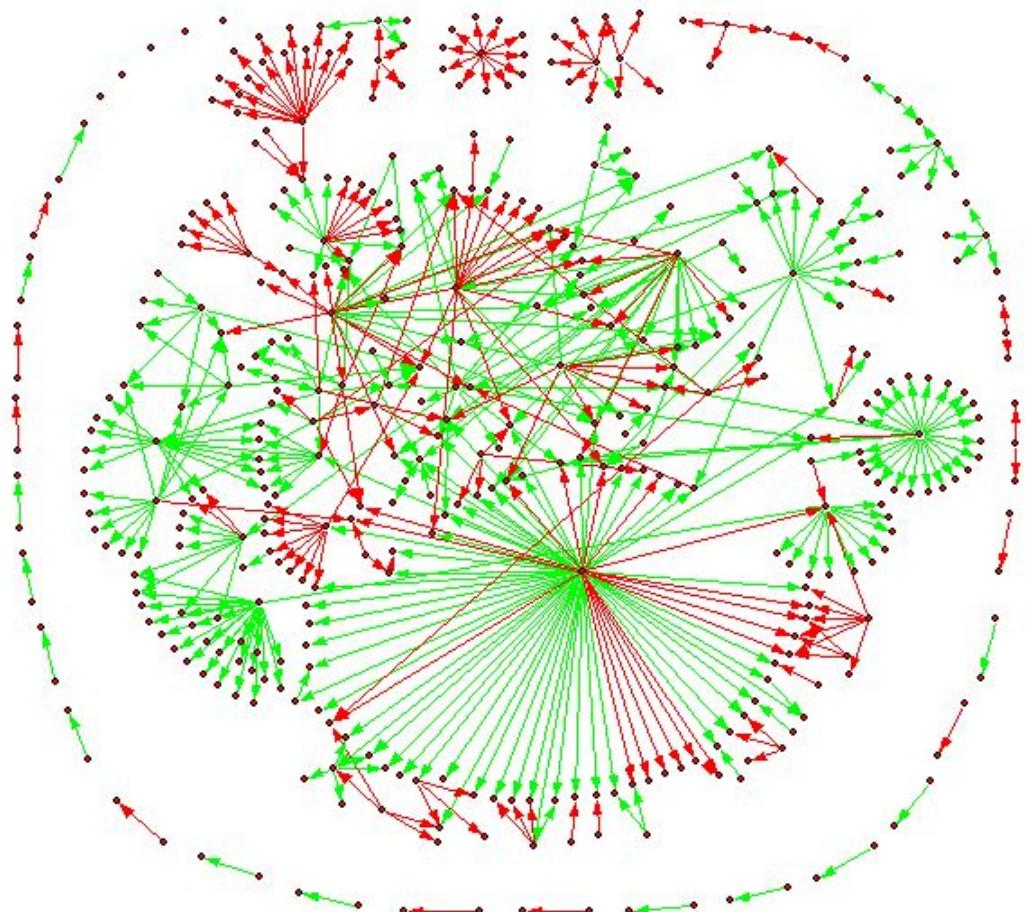
- A: in-degree (относительно регулируемых генов): гистограмма (в полулогарифмических координатах) количества промоторов с заданным числом регуляторов – экспоненциальное распределение (у большинства генов мало регуляторов). Пустые кружки – случайный граф
- B: out-degree (относительно факторов): гистограмма количества факторов, связывающих заданное количество промоторов – scale-free

Transcription regulatory network in *Homo Sapiens*



- Data courtesy of **Ariadne Genomics** obtained from the literature search: **1449** regulations among **689** proteins
- Positive to negative ratio is **3:1 (again!)**
- Broader distribution of out-degrees (up to **95**) and more narrow of in-degrees (up to **40**)

Transcription regulatory network in *E. coli*



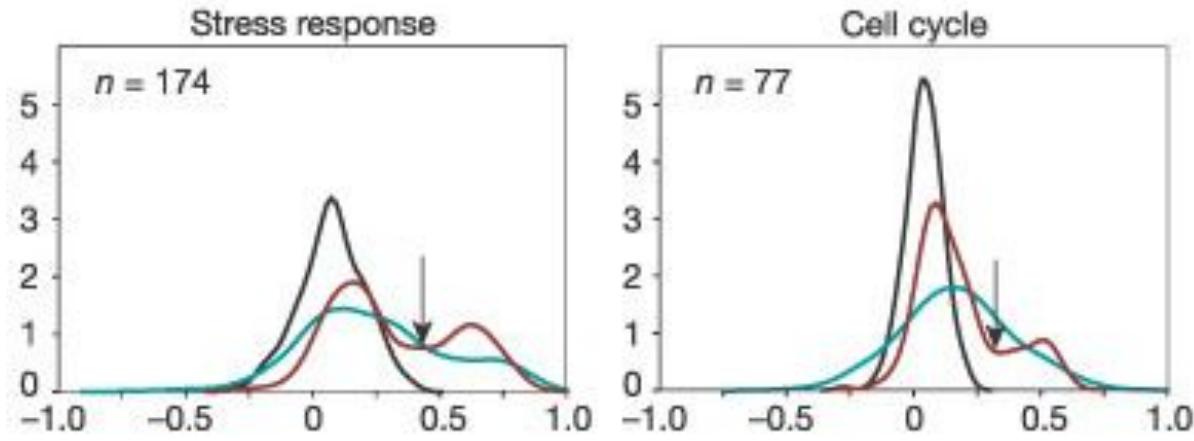
- Data (courtesy of **Uri Alon**) was curated from the Regulon database: **606** interactions between **424** operons (by 116 TFs)
- Positive to negative ratio is **3:2** (different from eukaryots!)
- Broader distribution of out-degrees (up to **85**) and more narrow of in-degrees (only up to **6** !)

зависимость физиологических и геномных свойств от топологии

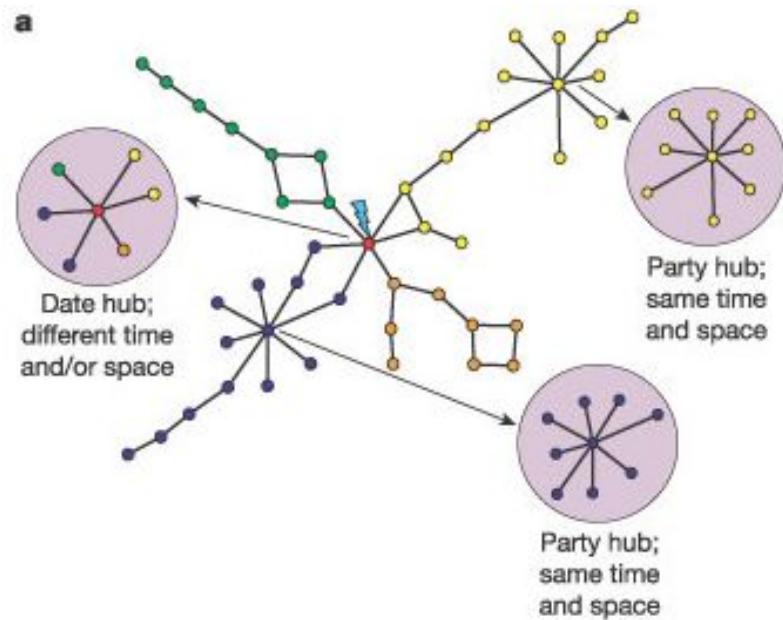
- дрожжи:
 - ~10% genes with <5 links are essential
 - >60% genes with >15 links are essential
- гены с большим числом связей
 - с большей вероятностью имеют ортологов в многоклеточных эукариотах
 - ближе к ортологам из *C. elegans*

party hubs и date hubs

- Бимодальное распределение корреляций уровня экспрессии
 - Красный: hubs
 - Голубой: non-hubs
 - Черный: случайный граф

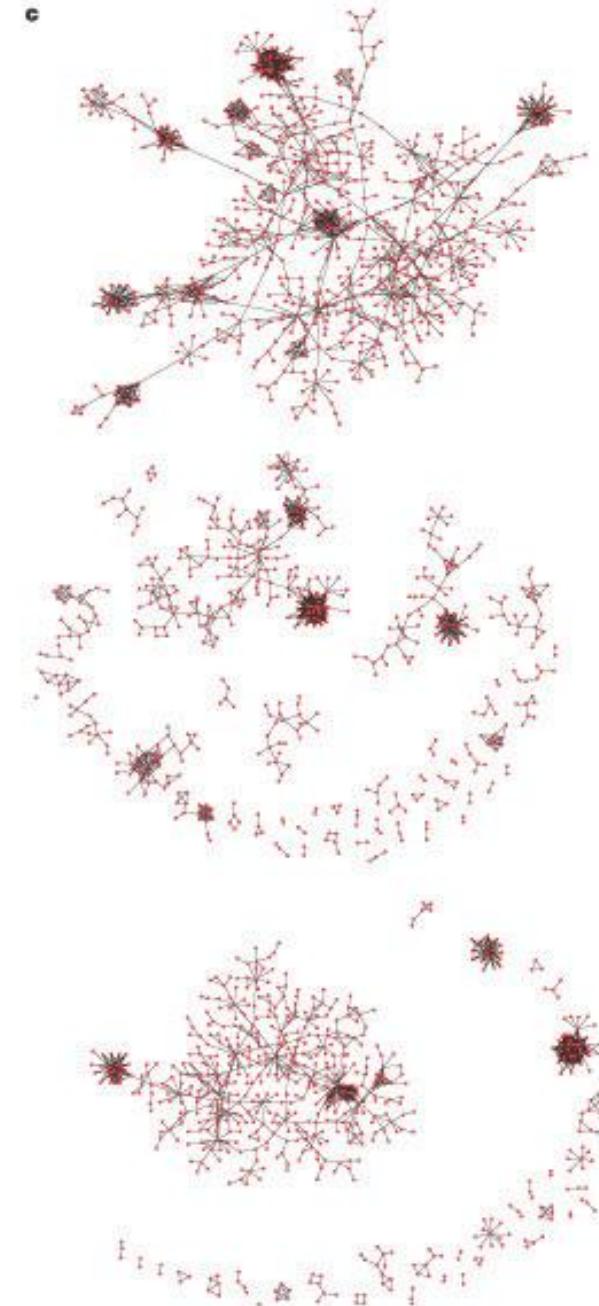
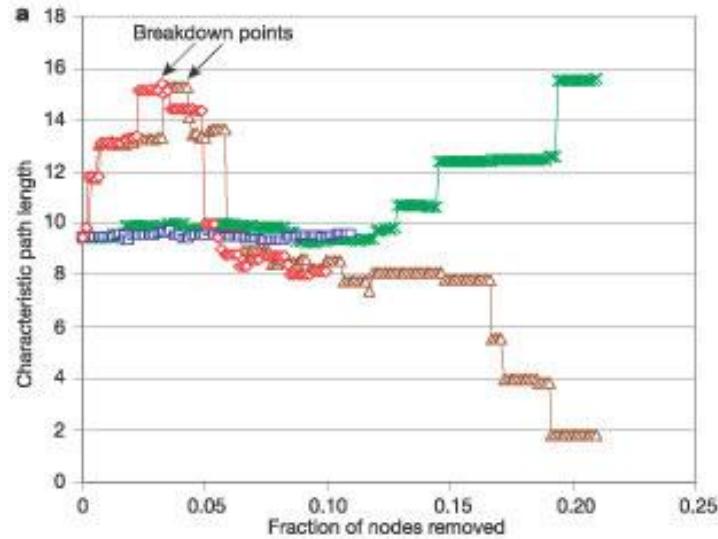


- Party hubs: сам и соседи ко-экспрессируются (комплексы)
- Date hub: нет корреляции в уровнях экспрессии (сигнальные пути)



Устойчивость к атаке (распадение гигантской компоненты)

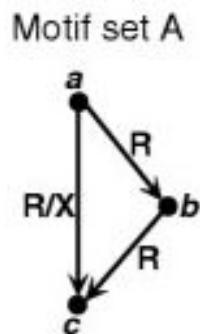
основа сети
– party hubs



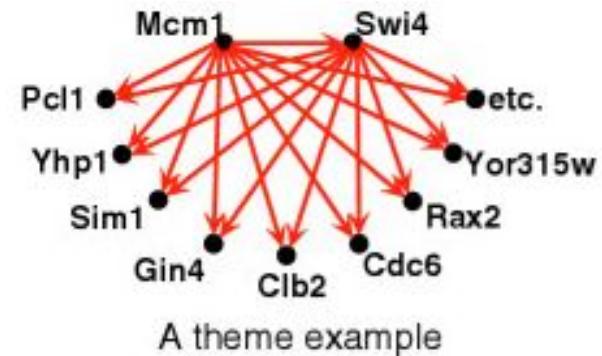
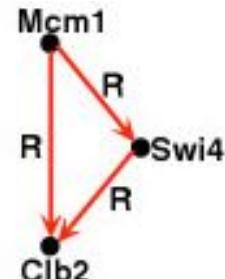
МОТИВЫ

- **КЛИКИ**
 - много в графах белок-белковых взаимодействий (масс-спектр. анализ комплексов – по определению)
- подграфы фиксированной структуры, встречающиеся существенно чаще, чем в случайном графе (с теми же свойствами)

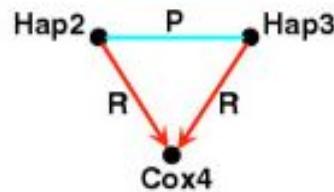
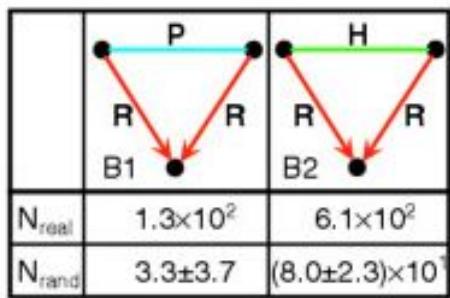
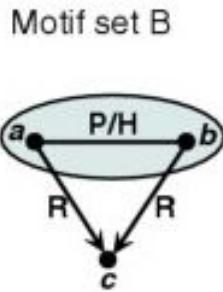
Регуляторный каскад



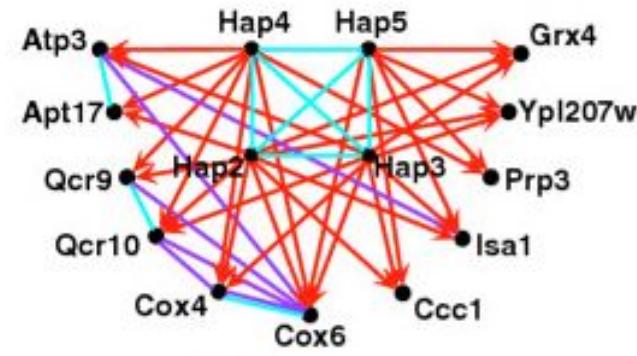
	A1	A2
N _{real}	4.7×10^2	3.0×10^1
N _{rand}	$(2.6 \pm 0.5) \times 10^2$	5.4 ± 3.2



- R – транскрипционная регуляция
- X – ко-экспрессия



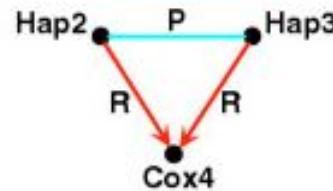
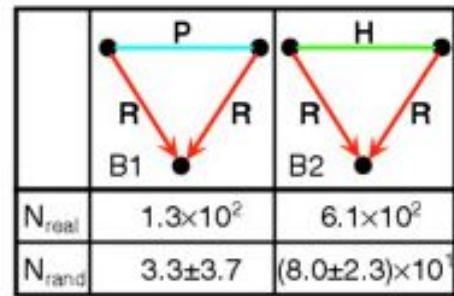
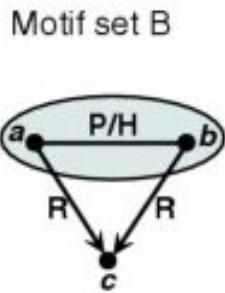
A motif example



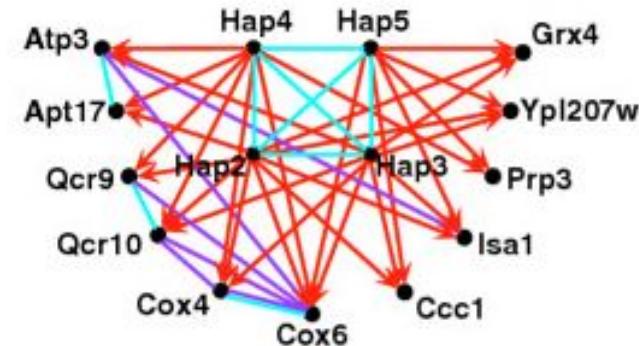
A theme example

- R – транскрипционная регуляция
- P – белок-белковое взаимодействие
- H – гомология

Субъединицы факторов транскрипции



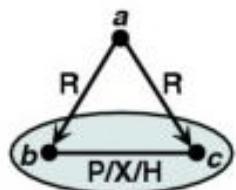
A motif example



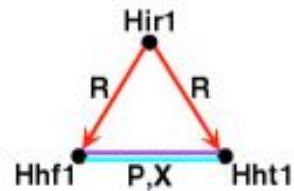
A theme example

- R – транскрипционная регуляция
- P – белок-белковое взаимодействие
- H – гомология

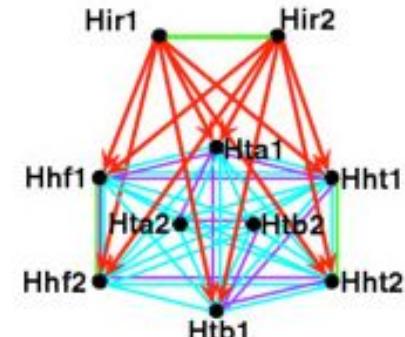
Motif set C



	C1	C2	C3
N _{real}	5.9×10^3	3.5×10^3	1.9×10^3
N _{rand}	$(5.4 \pm 0.5) \times 10^2$	$(2.7 \pm 0.3) \times 10^2$	$(5.3 \pm 0.5) \times 10^2$



A motif example

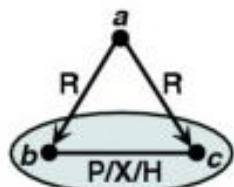


A theme example

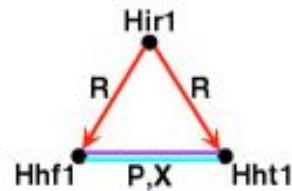
- R – транскрипционная регуляция
- P – белок-белковое взаимодействие
- X – ко-экспрессия
- H – гомология

Регулоны

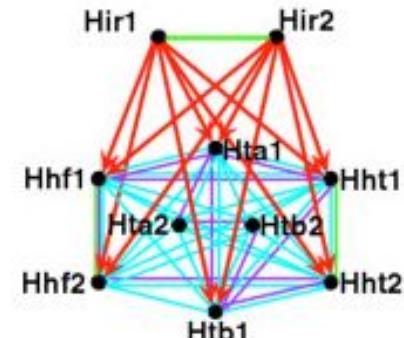
Motif set C



	C1	C2	C3
N _{real}	5.9×10^3	3.5×10^3	1.9×10^3
N _{rand}	$(5.4 \pm 0.5) \times 10^2$	$(2.7 \pm 0.3) \times 10^2$	$(5.3 \pm 0.5) \times 10^2$



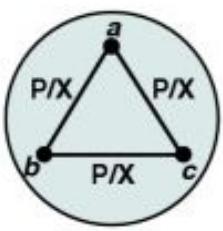
A motif example



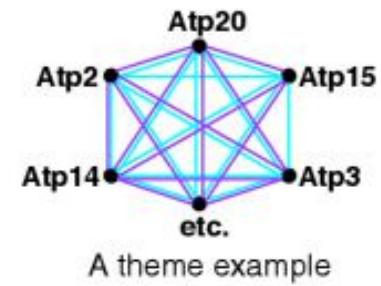
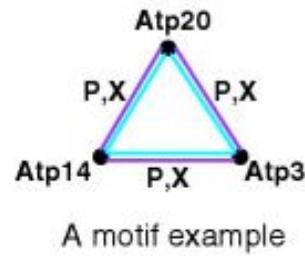
A theme example

- R – транскрипционная регуляция
- P – белок-белковое взаимодействие
- X – ко-экспрессия
- H – гомология

Motif set D



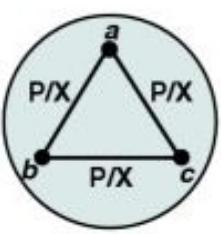
	D1	D2	D3	D4
N _{real}	5.7×10^5	9.9×10^4	6.7×10^4	1.2×10^5
N _{rand}	$(1.1 \pm 0.0) \times 10^5$	$(8.2 \pm 0.3) \times 10^4$	$(5.2 \pm 0.2) \times 10^4$	$(2.7 \pm 0.1) \times 10^4$



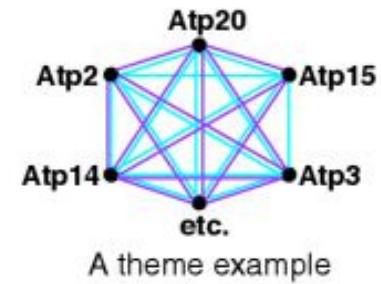
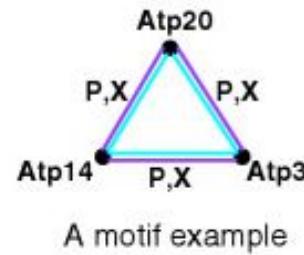
- Р – белок-белковое взаимодействие
- X – ко-экспрессия

Ко-экспрессия в комплексах

Motif set D

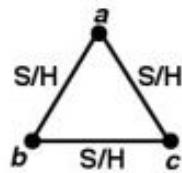


	D1	D2	D3	D4
N_{real}	5.7×10^5	9.9×10^4	6.7×10^4	1.2×10^5
N_{rand}	$(1.1 \pm 0.0) \times 10^5$	$(8.2 \pm 0.3) \times 10^4$	$(5.2 \pm 0.2) \times 10^4$	$(2.7 \pm 0.1) \times 10^4$

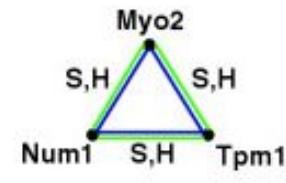


- Р – белок-белковое взаимодействие
- Х – ко-экспрессия

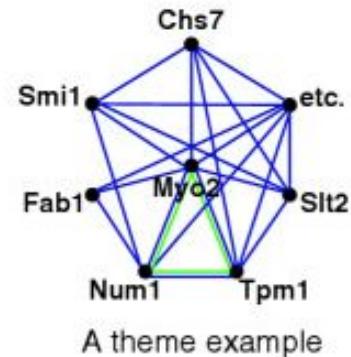
Motif set E



	E1	E2	E3	E4
N_{real}	2.7×10^3	9.8×10^2	3.2×10^3	5.6×10^5
N_{rand}	$(1.7 \pm 0.1) \times 10^3$	$(3.8 \pm 0.4) \times 10^2$	$(1.3 \pm 0.1) \times 10^3$	$(1.0 \pm 0.2) \times 10^5$



A motif example

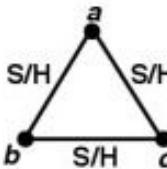


A theme example

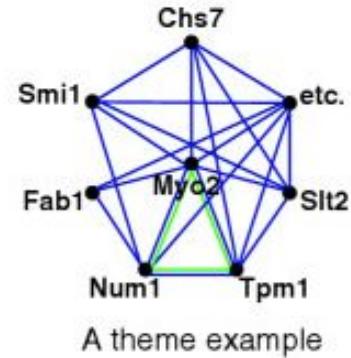
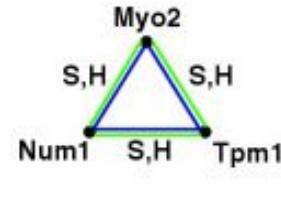
- S – синтетические летали (слабость)
- H – гомология

Взаимозаменяемость паралогов (?)

Motif set E



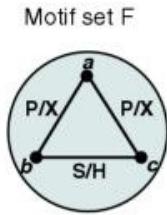
	E1	E2	E3	E4
N_{real}	2.7×10^3	9.8×10^2	3.2×10^3	5.6×10^5
N_{rand}	$(1.7 \pm 0.1) \times 10^3$	$(3.8 \pm 0.4) \times 10^2$	$(1.3 \pm 0.1) \times 10^3$	$(1.0 \pm 0.2) \times 10^5$



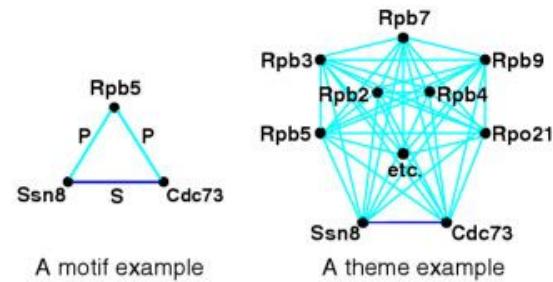
- S – синтетические летали (слабость)
- H – гомология

Компенсаторные комплексы (?)

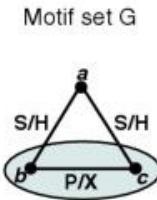
(f)



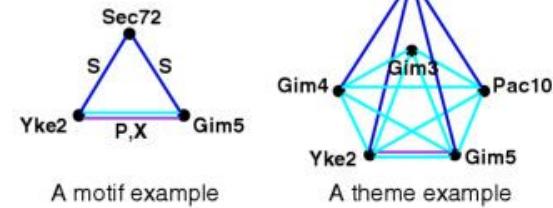
	F1	F2	F3	F4	F5	F6
N _{real}	1.2×10 ³	2.7×10 ²	2.8×10 ²	4.1×10 ⁴	1.1×10 ⁴	4.4×10 ⁴
N _{rand}	(7.6±0.7)×10 ²	(1.5±0.3)×10 ²	(1.3±0.2)×10 ²	(1.1±0.0)×10 ⁴	(2.0±0.1)×10 ³	(2.4±0.1)×10 ³



(g)



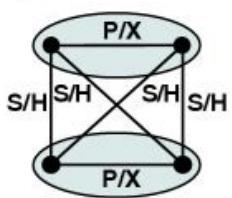
	G1	G2	G3	G4	G5	G6
N _{real}	2.0×10 ³	7.2×10 ²	3.0×10 ⁴	2.8×10 ²	2.5×10 ²	4.3×10 ⁴
N _{rand}	(2.4±0.3)×10 ²	(3.5±0.3)×10 ²	(1.2±0.1)×10 ⁴	(7.0±1.5)×10 ¹	(1.2±0.2)×10 ²	(4.0±0.2)×10 ³



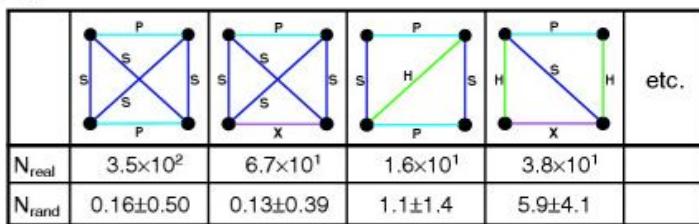
- S – синтетические летали (слабость)
- H – гомология
- P – белок-белковое взаимодействие
- X – ко-экспрессия

Четверные мотивы: взаимозаменяемость

(a)



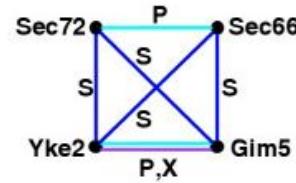
(b)



Key

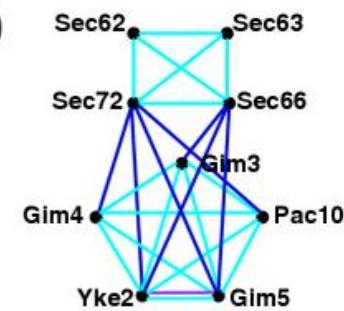
- S: synthetic sickness or lethality
- H: sequence homology
- X: correlated expression
- P: stable physical interaction

(c)



A motif example

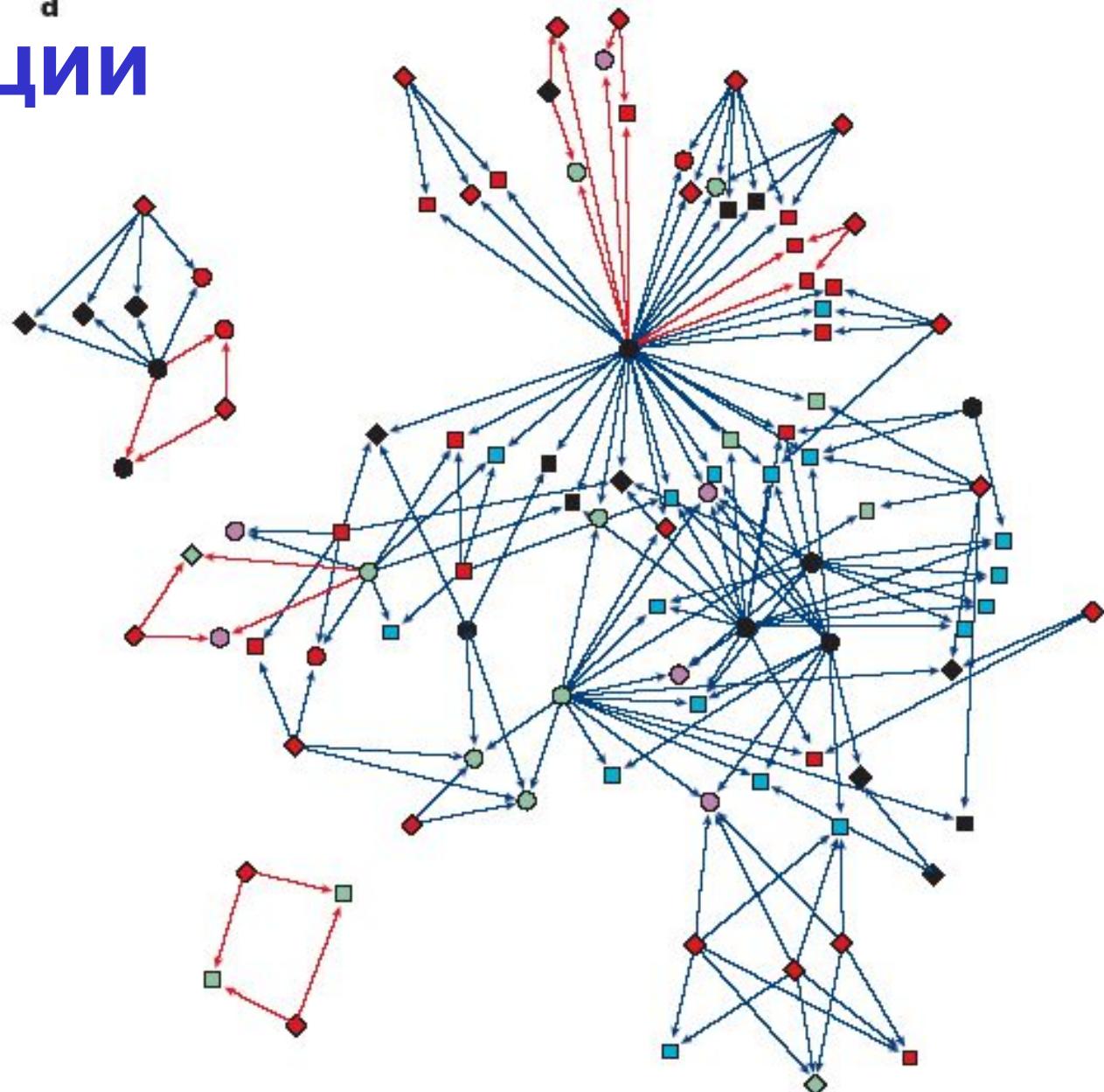
(d)



A theme example

Регуляция транскрипции в *E.coli*

- Почти все
“bi-fan”
мотивы
связаны
друг с
другом



ЭВОЛЮЦИЯ

- rich get richer
- дупликации
- случайные рождения/исчезновение ребер

