

# Hálózatok sejtműködésben és gyógyszertervezésben



Hegedűs Tamás

tamas@hegelab.org

MTA-SE Molekuláris Biofizikai Kutatócsoport  
SE Biofizikai és Sugárbiológiai Intézet

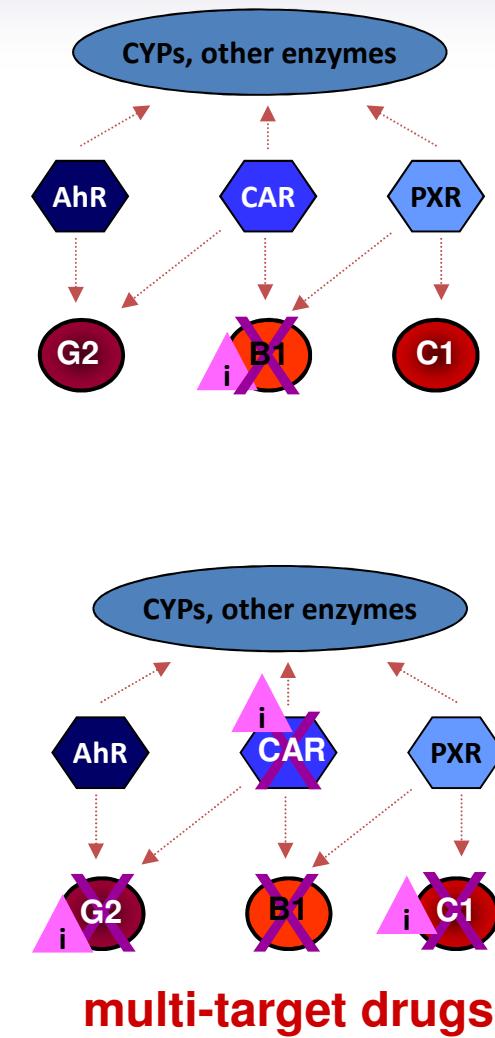
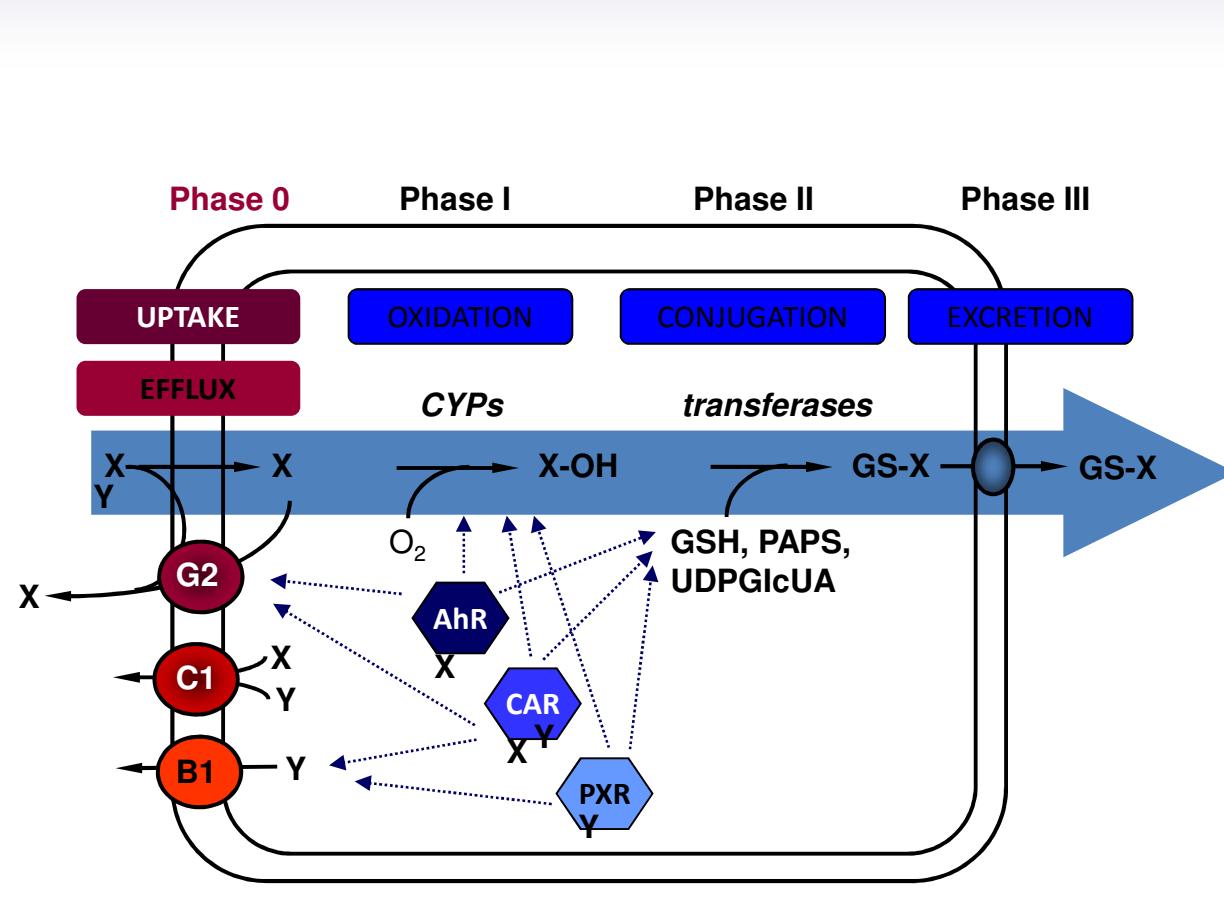


# Hálózatok – fehérje hálózatok

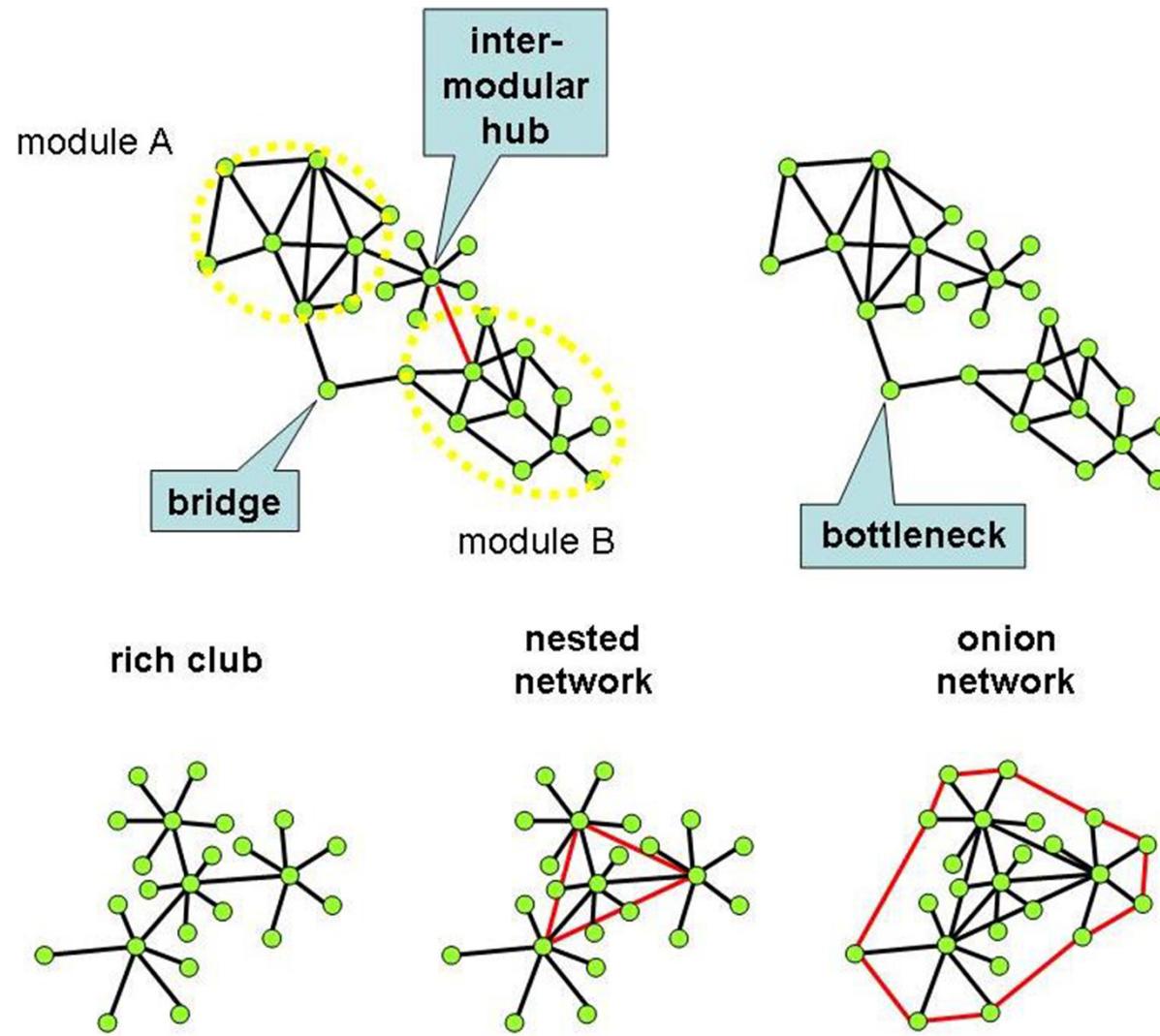
- Rendszerbiológia
- Fehérjék-fehérjék kölcsönhatási hálózata
- Gének-fehérjék-drogok kölcsönhatása
- Kapcsolatok aminosavak mozgásában

Csermely P. et al. 2012, <http://arxiv.org/abs/1210.0330>

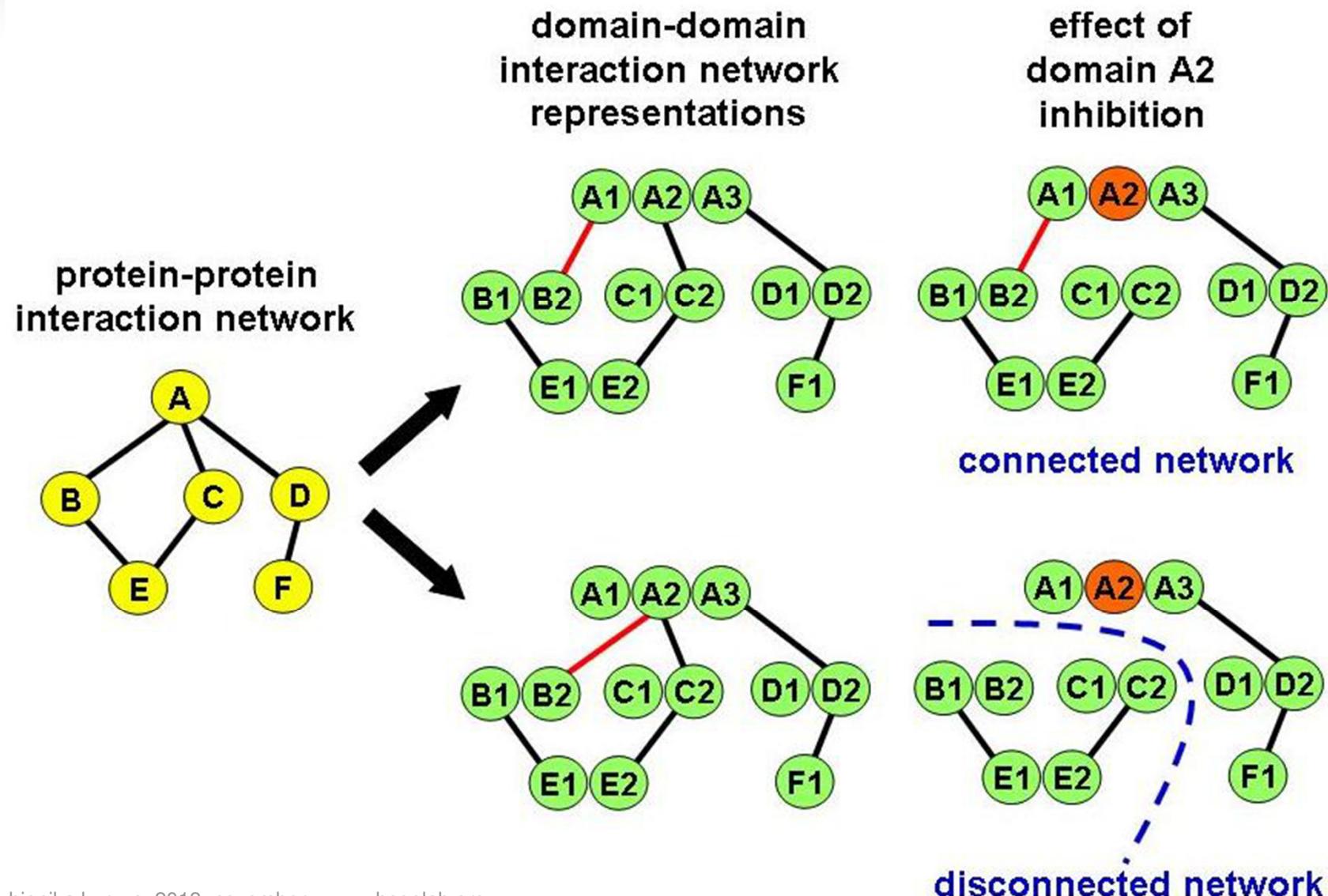
# A sejt vegyvédelme (sejtszintű immunitás)



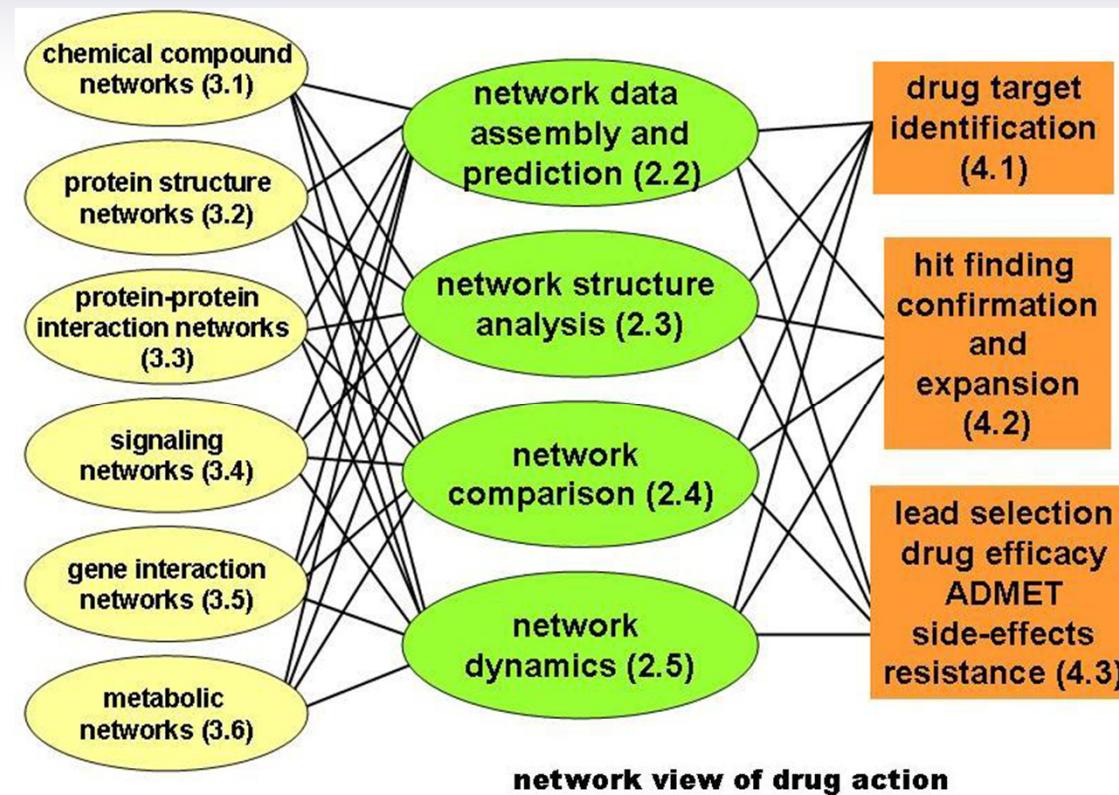
# Hálózatok szerkezete



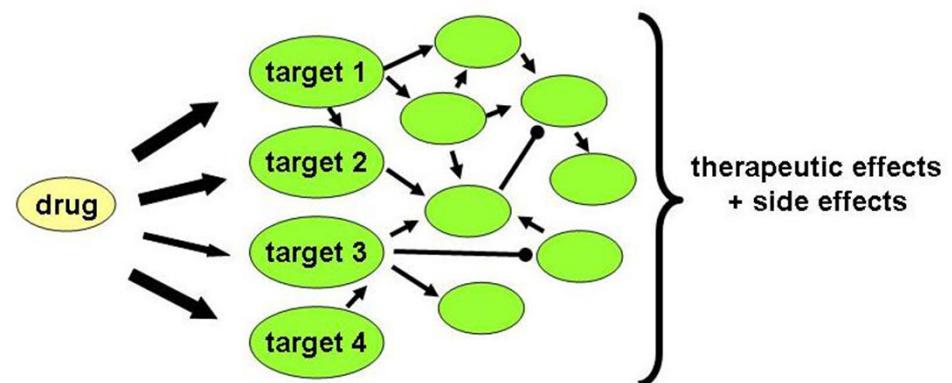
# Fehérje-fehérje kölcsönhatási hálózatok



# Hálózatok és gyógyszertervezés

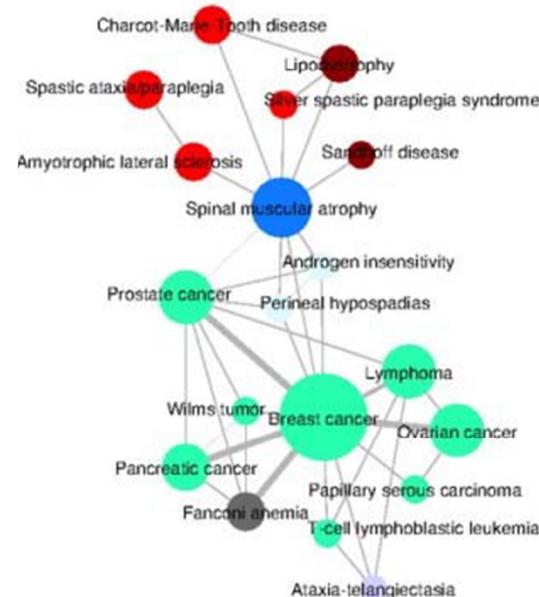


## classic view of drug action

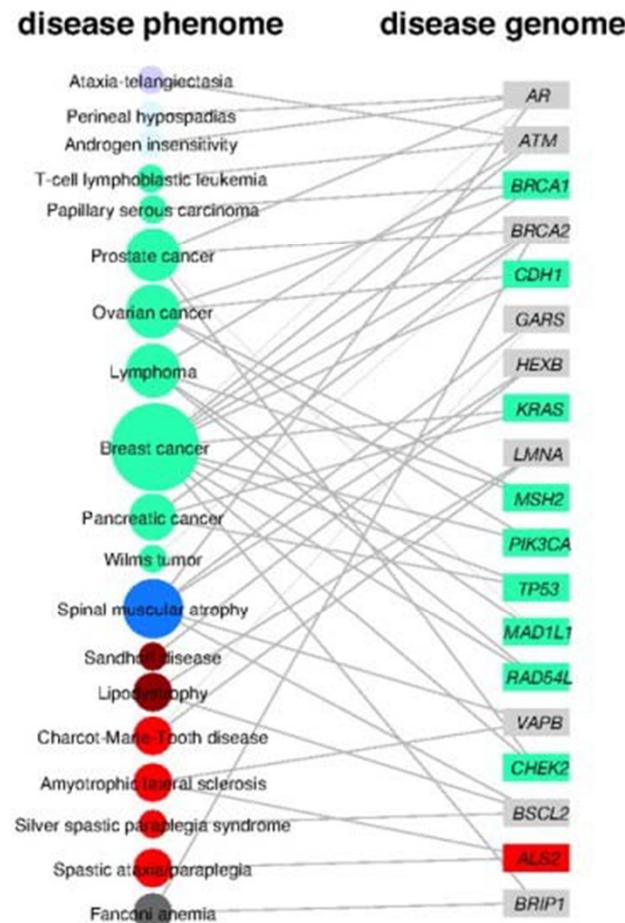


# Network assembly

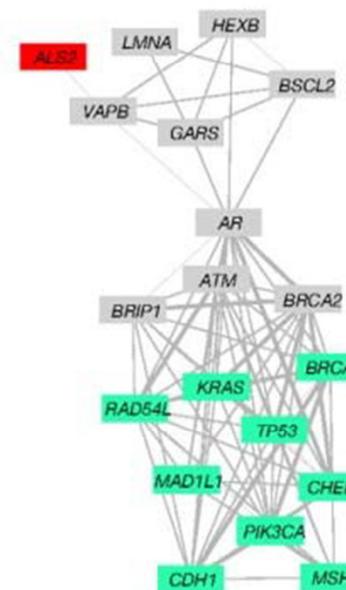
## *Human Disease Network (HDN)*



DISEASOME

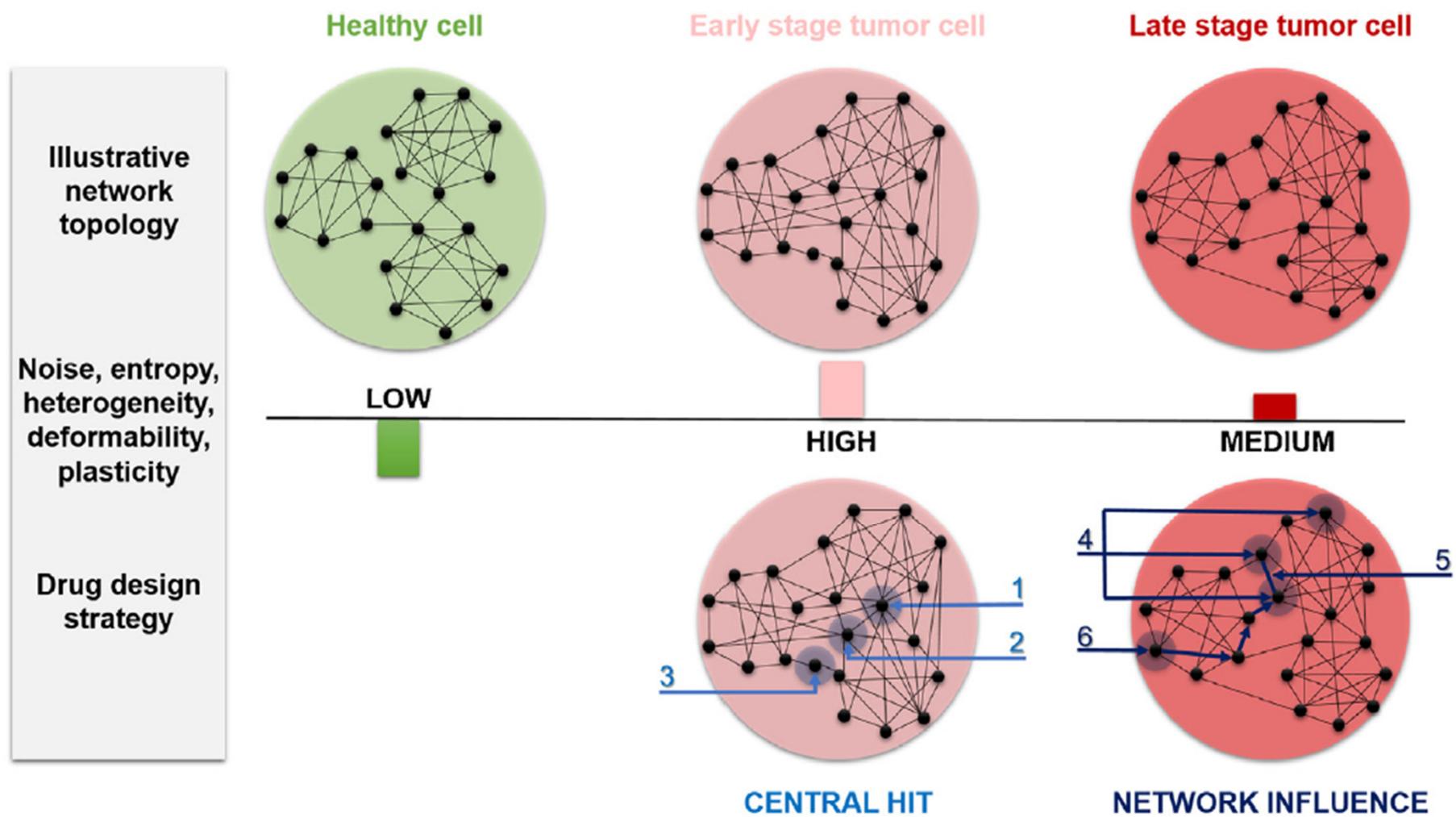


## Disease Gene Network (DGN)



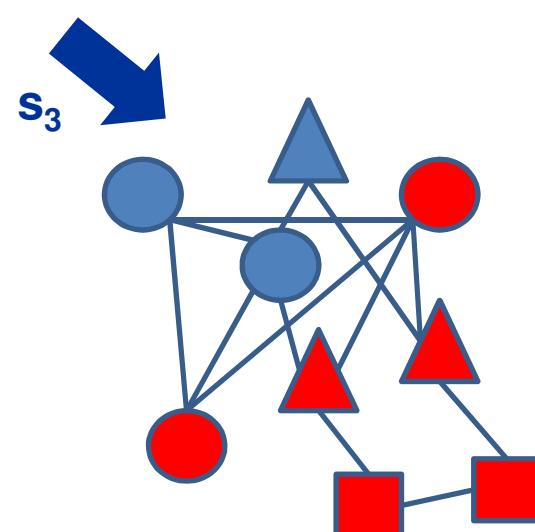
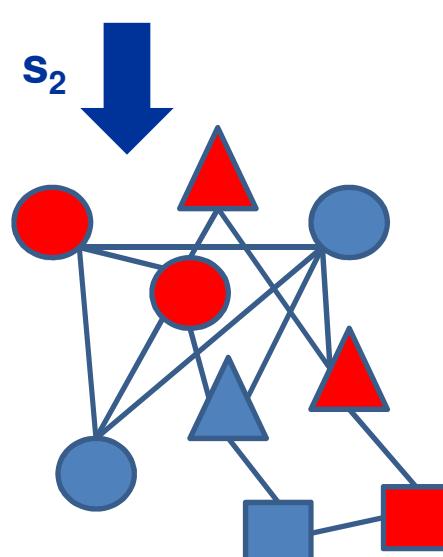
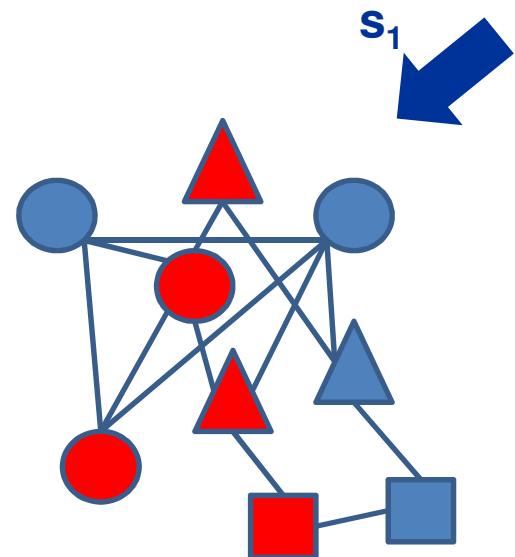
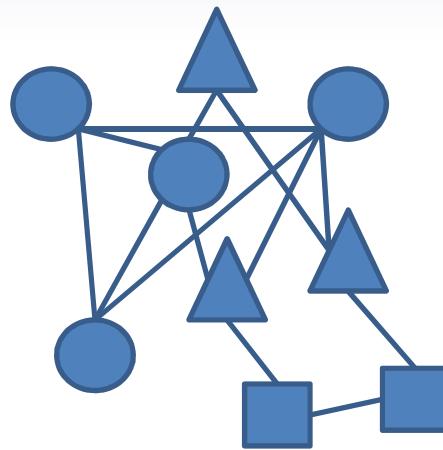
# Rákos sejtek hálózatai

D.M. Gyurkó et al. / Seminars in Cancer Biology 23 (2013) 262–269



# Hálozatok működésének feltérképezése

$s_i$  - sejtvonal<sub>i</sub> vagy drog<sub>i</sub> vagy...



# Pipeline of analysis

- Human samples treated with drugs
- NCBI Gene Expression Omnibus (GEO) database
- Preprocessed (by GEO) data & quality check

	our interest	example(s)
DataSet (GDS) <sup>1</sup>	180 (1 335 human)	Anti-cancer agent sapphyrin PCI-2050 effect on lung cancer cell line: dose response (GDS2499)
Experiment <sup>2</sup>	883 (2786 cont.+treat.)	treatment: 1) Actinomycin-D 5 ug/ml 2-3) Sapphyrin PCI-2050 1.25 ug/ml, 2.5 ug/ml
Tissue/cell	132	lung cancer cell line, MCF-7, HUVEC, primary fetal astrocytes, tumor biopsies ...
Drug or xenobiotic	222	actinomycin D, sapphyrin PCI-2050, thapsigargin, tunicamycin, doxorubicin ...
Microarray platform (GPL)	26	Affymetrix - Human Genome U133 Plus 2.0 Array (GPL570)

<sup>1</sup>Collection of coherent experiments (by GEO)

<sup>2</sup>One celltype, one agent, one timecourse, one dose

# Pipeline of analysis

- Calculate the expression changes
    - Discretization

	Expression change (fold)	Discret value
upregulated	>2x	1
downregulated	<0,5x	-1
no change	-	0
no probe on chip	-	2

## – Vectors

Data

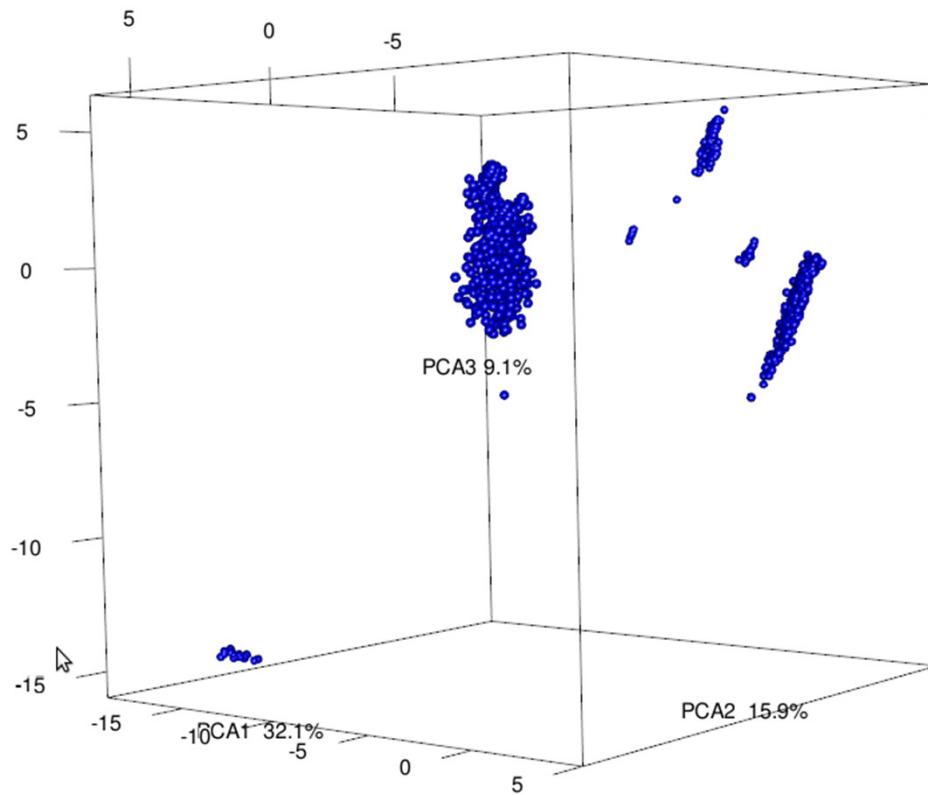
Expression-  
changes

Expression-  
patterns

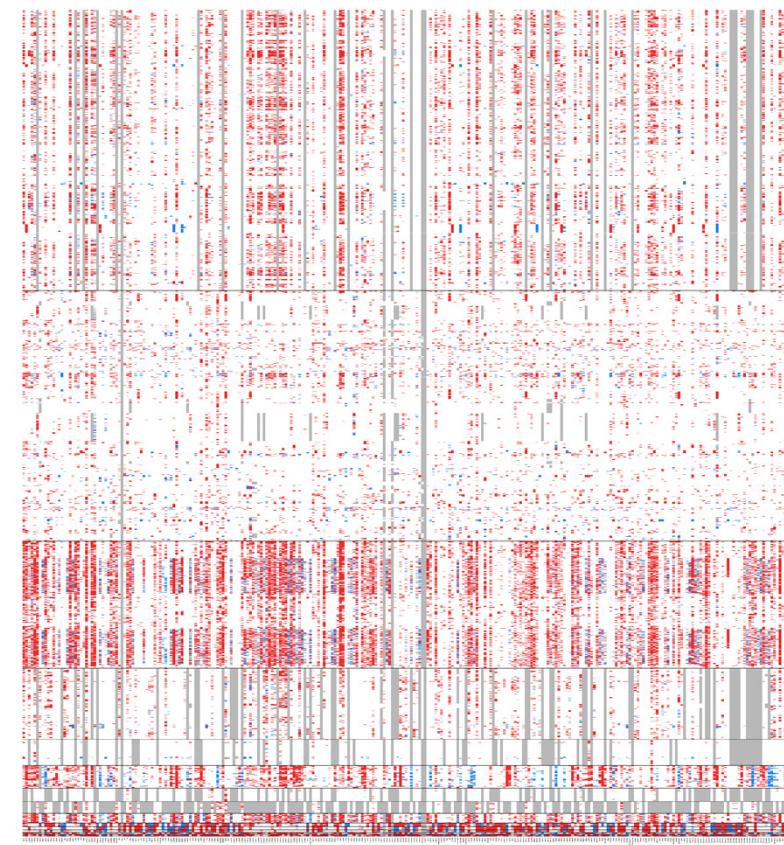
Biochemical  
pathways

# Whole dataset

PCA analysis (the first 3 component)



Heatmap (result of clustering)



proteins (280)

experiments (883)

Data

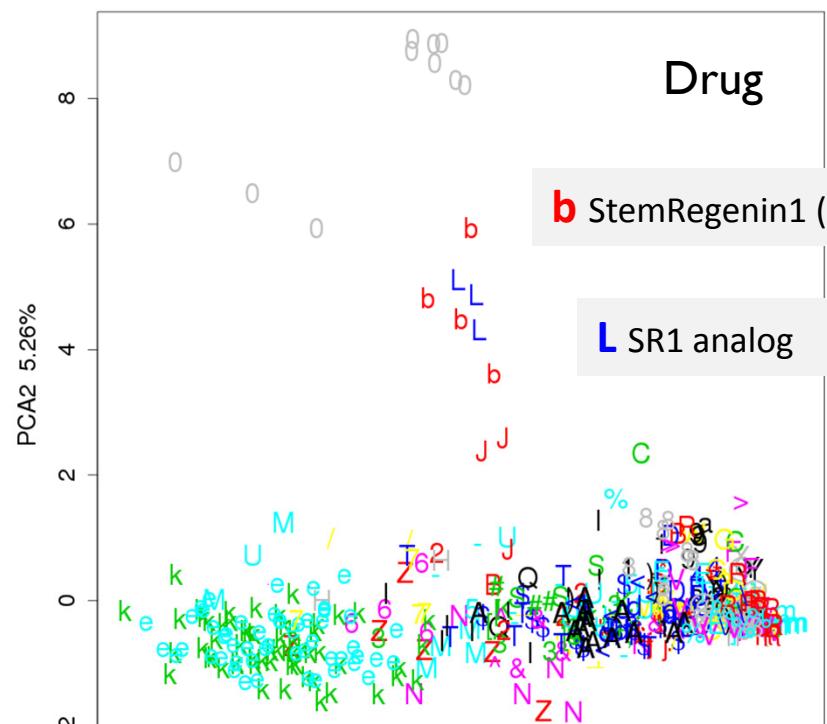
Expression-changes

Expression-patterns

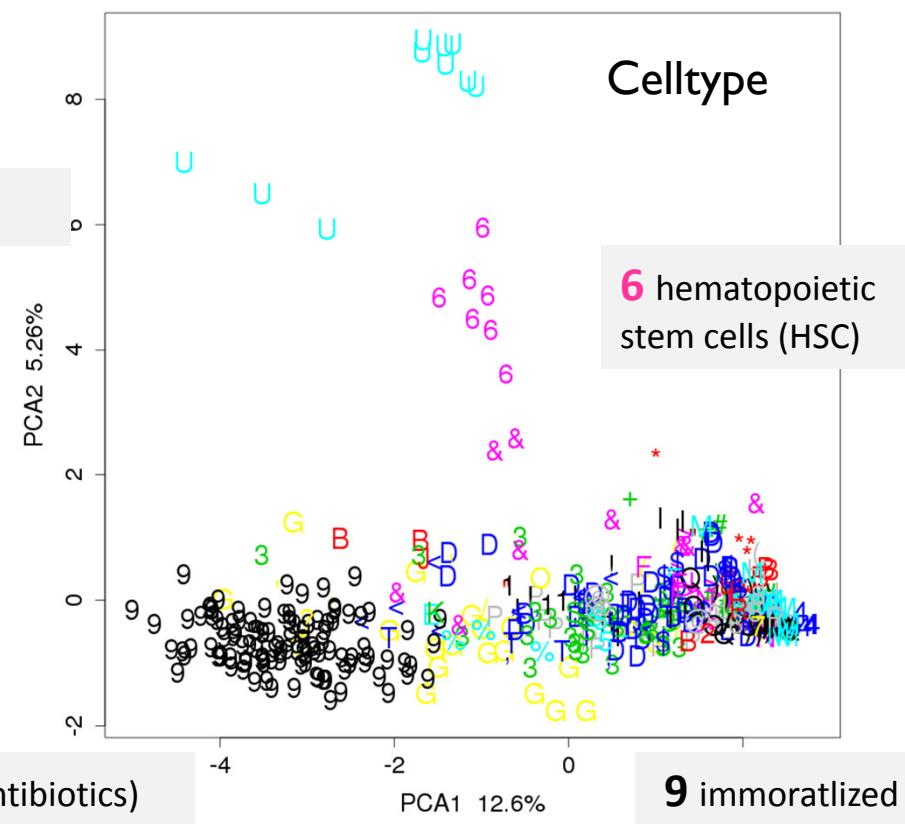
Biochemical pathways

# PCA analysis

0 BPDE (carcinogen)

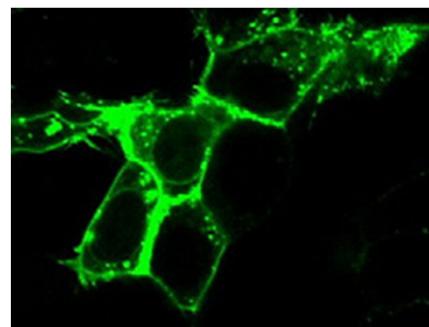


U normal lung WI-38 fibroblasts



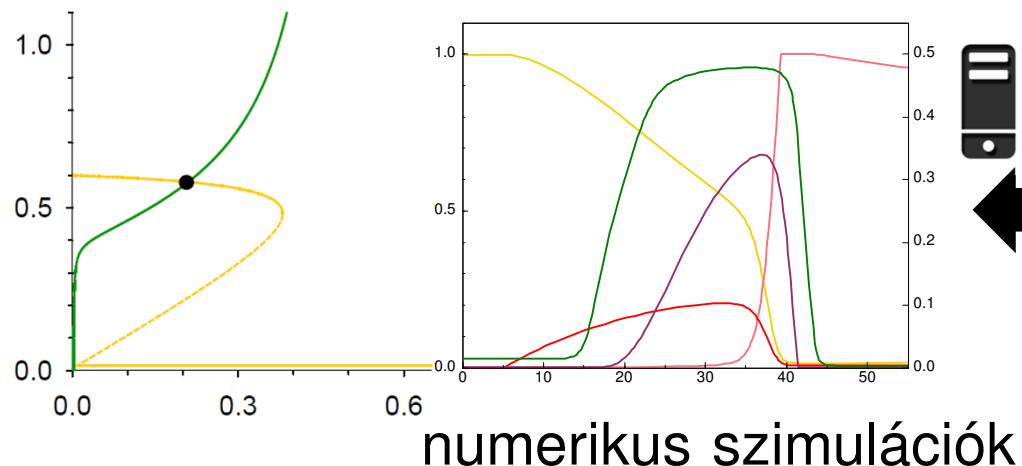


kísérletes kutatások

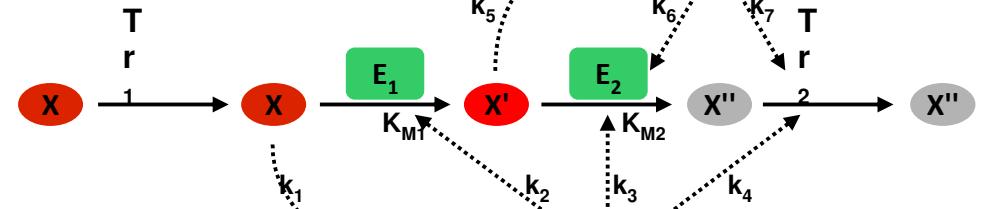


fiziológia

fázissík analízis



## Kinetikai modellezés



hálózati diagram

$$\frac{dX'}{dt} = k_1 X - \frac{k_2 E_2 X'}{K_{M2} + X'}$$

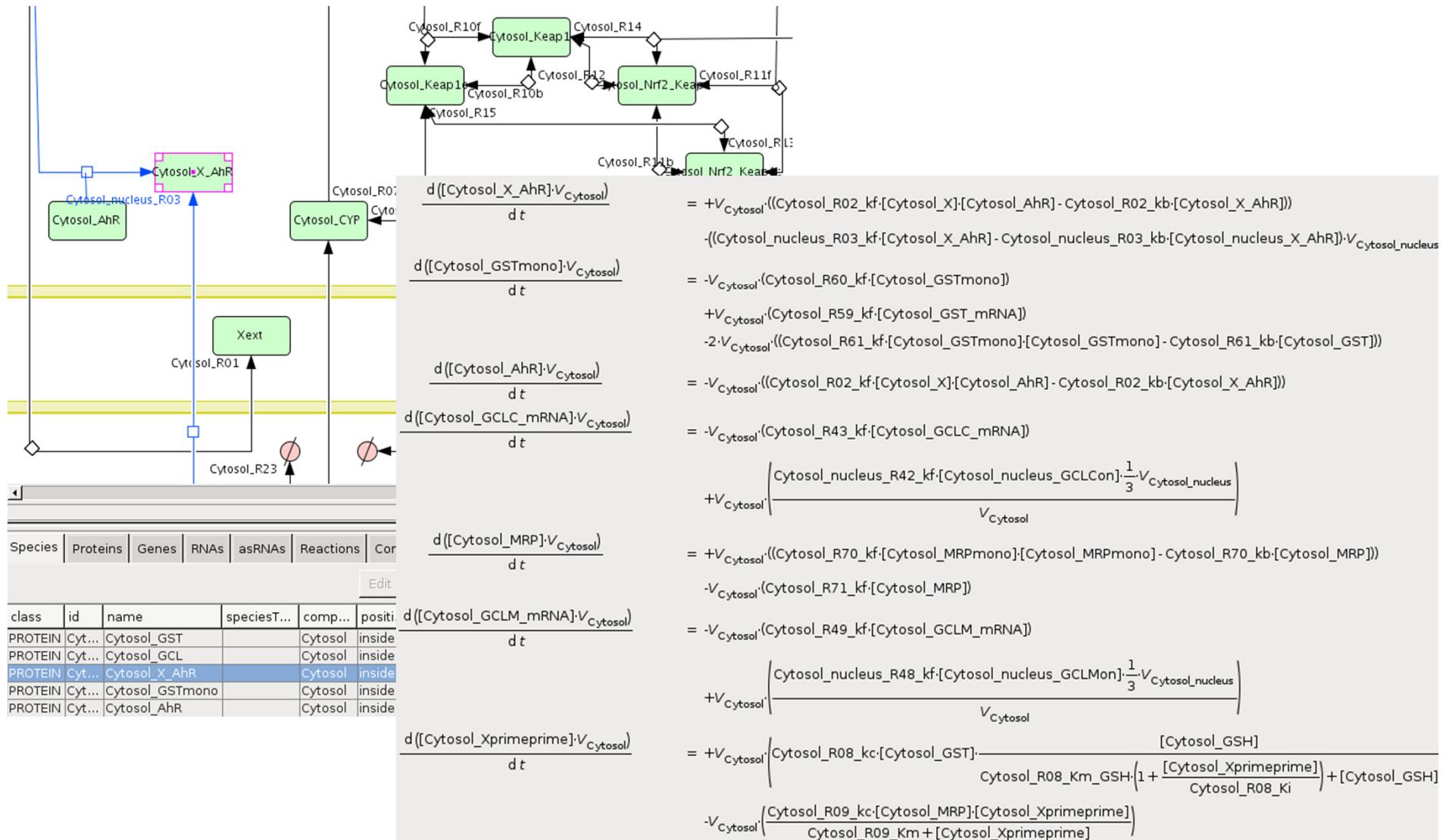
$$\frac{dX''}{dt} = \dots$$

$$\frac{dNR}{dt} = \dots$$

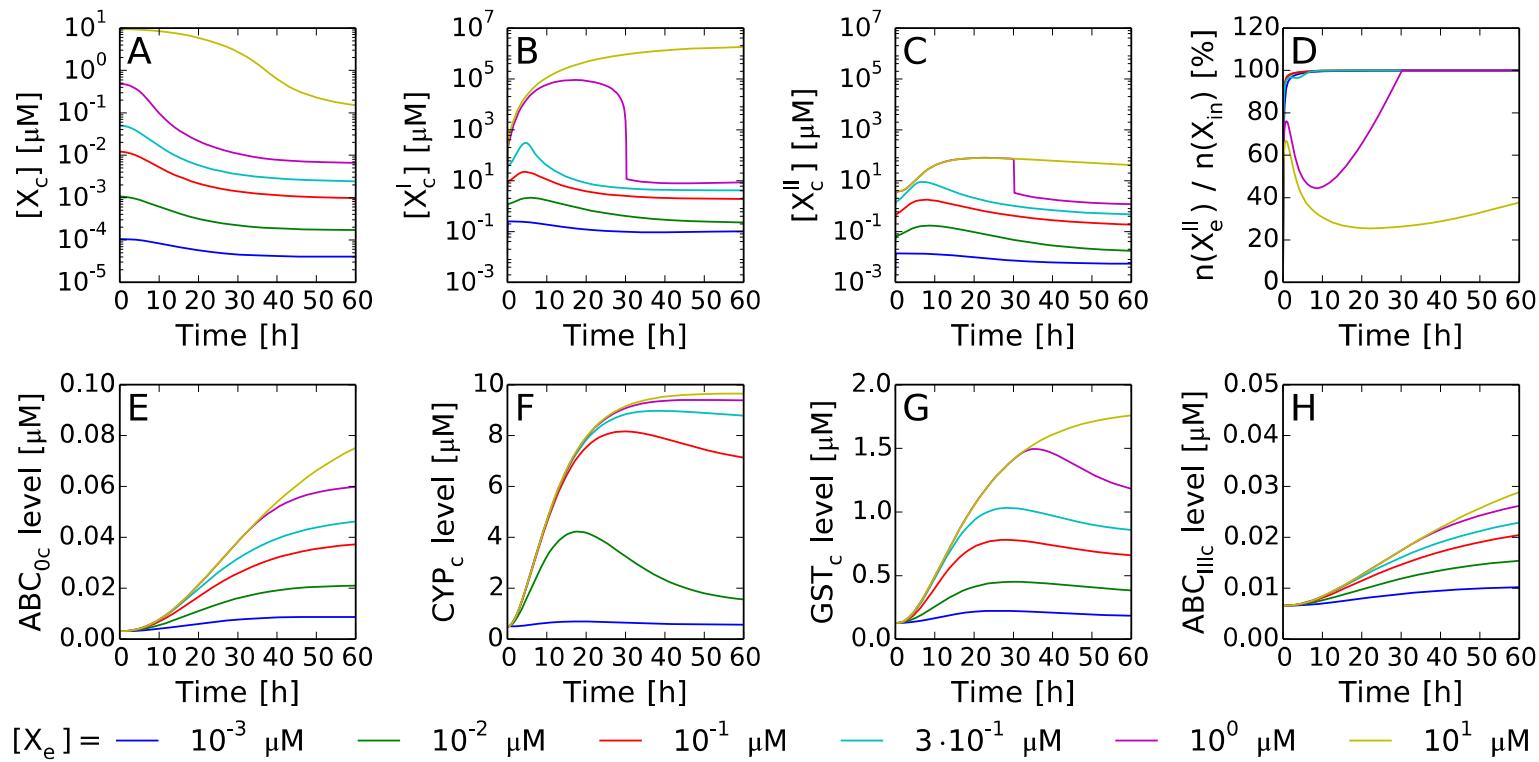
$$\frac{dT}{dt} = \dots$$

matematikai modell

# Mathematical modeling to understand relationships in the chemodefense network

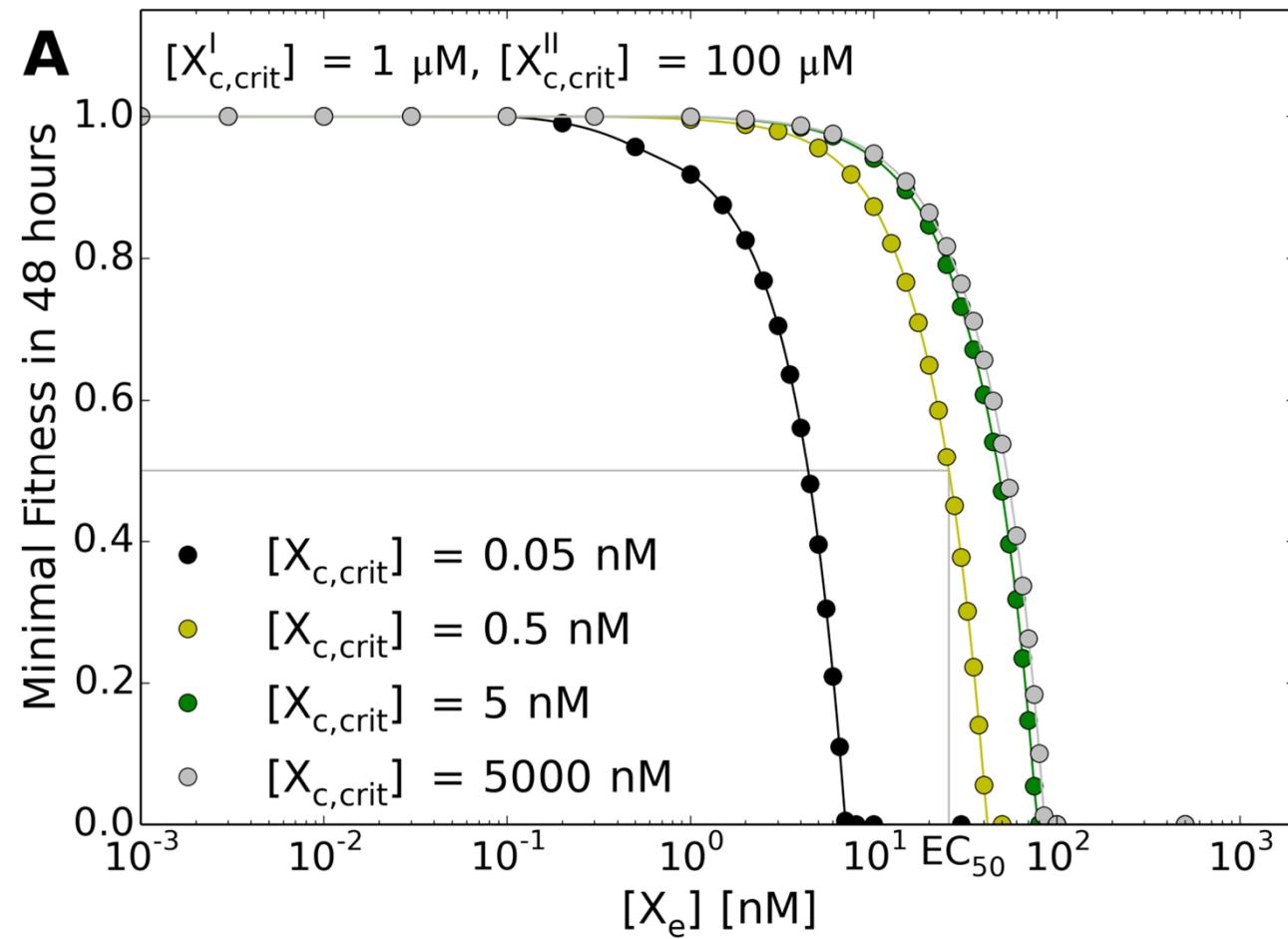


# A rendszer kinetikai modellezése



# A rendszer kinetikai modellezése

Ismeretlen vegyület mit csinál?



# Összefoglalás

- Bevezetés – a fehérje dinamika és a szimulációk jelentősége
- Fehérjék jellemzése bioinformatikai eszközökkel
- Fehérjék dinamikájának modellezése
- Fehérjék feltekeredésének szimulációja
- Informatikai eszközök – biológus szempontból
- Hálózatok, gének, fehérjék, drogok