

**BTC 3610 – TÓPICOS ESPECIAIS EM BIOTECNOLOGIA E BIOCIÊNCIAS -
*Ferramentas Computacionais para a Engenharia Metabólica***

Nº de Créditos: Um (1) **Total Horas-Aula:** Quinze (15)

Docentes: Prof. Marcelo Maraschin (Coordenador)
Prof. Miguel Rocha (Associado – Depto Informática – Universidade do Minho,
Braga – Portugal)

TRIMESTRE: 2018/1

PERÍODO: 22/01/2018 a 26/01/2018.

HORÁRIO: Segunda a sexta-feira – 08:30h às 11:50h

NÚMERO DE VAGAS: 20

LOCAL DAS AULAS: Sala 207 – CCA – Pós-Graduação em Aquicultura

HORÁRIO E LOCAL DE ATENDIMENTO A ALUNOS

- Laboratório de Morfogênese e Bioquímica Vegetal – CCA/UFSC
- Segunda a sexta-feira: 14: 00h às 15: 30h

PRÉ-REQUISITOS

- Estar regularmente matriculado em cursos de pós-graduação da UFSC, ou desenvolver atividades de pós-doutoramento. Conhecimentos básicos em bioquímica e computação são reconhecidos como de importância.

EMENTA

- Modelos metabólicos, predição do fenótipo por simulação dos modelos metabólicos, otimização de estirpes e tópicos avançados (integração de modelos metabólicos com dados *ômicos* (expressão gênica, proteômica, metabolômica e fluxômica; ferramentas de visualização de modelos e dados *ômicos* no OptFlux
-

METODOLOGIA DE ENSINO:

- Palestras e aulas teóricas - As palestras e aulas teóricas serão expositivas, com a utilização de material audiovisual (*datashow*) e lousa, visando promover a interação e a discussão dos temas propostos. A abordagem didático-pedagógica enfocará a compreensão e crítica dos temas apresentados.
- Estudos dirigidos (atividades extra-classe): um conjunto de estudos dirigidos e exercícios será utilizado, com estratégia de ampliação e refoço dos conteúdos ministrados em sala.

AVALIAÇÃO:

- A avaliação será um processo contínuo, considerando a presença e efetiva participação discussiva dos tópicos ministrados (peso = 20%). Um projeto teórico-prática englobando todo o conteúdo ministrado comporá o segundo item de avaliação, correspondendo a 80% da nota final.

CONTEÚDO PROGRAMÁTICO E CRONOGRAMA:

Dia/Hora	Conteúdo	Professor(a)
Dia 1 (22/01) 8: 30h	- Modelos metabólicos, sua estrutura e representações matemáticas e computacionais - Reconstrução de modelos metabólicos: etapas, métodos e ferramentas computacionais - Manipulação de modelos na aplicação OptFlux: carregamento, importação/exportação, exploração, visualização	Miguel Rocha Marcelo Maraschin
Dia 2 (23/01) 8: 30h	- Conceitos básicos de modelação baseada em restrições - Análise de fluxos metabólicos - Análise de balanço de fluxos - Predição do fenótipo de estirpes mutantes - Ferramentas computacionais: predição do fenótipo no OptFlux (estirpes selvagens e mutantes; definição de condições ambientais e genéticas)	Miguel Rocha
Dia 3 (24/01) 8: 30h	- Otimização de estirpes: tarefas e algoritmos - Métodos de otimização de estirpes bi-nível: OptKnock e variantes - Meta-heurísticas para otimização de estirpes: OptGene e variantes - Ferramentas computacionais: otimização de estirpes no OptFlux	Miguel Rocha
Dia 4 (25/01) 8: 30h	- Integração de modelos metabólicos com dados ômicos (expressão, proteômica, metabolômica, fluxômica)	Miguel Rocha
Dia 5 (26/01) 8: 30h	- Ferramentas de visualização de models e dados ômicos no OptFlux - Projeto teórico-prático	Miguel Rocha

BIBLIOGRAFIA RECOMENDADA & LINKS DE INTERESSE

- **Bibliografia**
- Reed J et al. A translational synthetic biology platform for rapid access to gram-scale quantities of novel drug-like molecules. *Metabolic Engineering*, 42: 185-193, 2017.
- Lehning CA et al. Assessing glycolytic flux alterations resulting from genetic perturbations in *E. coli* using a biosensor. *Metabolic Engineering*, 42: 194-202, 2017.
- Owen C et al. Harnessing plant metabolic diversity. *Current Opinion in Chemical Biology* 40: 24–30, 2017.
- Releasing the potential power of terpene synthases by a robust precursor supply platform. *Metabolic Engineering*, 42: 1-8, 2017.

- **Links**

- <http://darwin.di.uminho.pt/jecoli>
- <https://www.journals.elsevier.com/metabolic-engineering>
- <http://www.hmdb.ca/>