### **GUIA DE OPTIMIZACIÓN COBRA-PY**

#### 1- CARGAR EL MODELO Y LAS LIBRERIAS DE COBRA

```
[ ] !pip install cobra

[ ] import cobra
    import cobra.io
    import pandas
    import matplotlib.pyplot as plt

[ ] !wget http://bigg.ucsd.edu/static/models/e_coli_core.xml
    model = cobra.io.read_sbml_model('e_coli_core.xml')
```

Recuerde que el nombre "model" puede ser cualquiera que usted desee. Lo importante es que una vez que escoja el nombre, este siempre deberá ser usado cuando quiera conocer alguna característica del modelo. A las que podrá acceder generalmente poniendo un punto luego del nombre.

#### 2- CONOCIENDO Y DEFINIENDO CARACTERÍSTICAS DEL MODELO

Las siguientes funciones permiten conocer la lista de reacción y metabolitos presentes en el modelo respectivamente.

```
[ ] model.reactions
[ ] model.metabolites
```

En muchas ocasiones será necesario tener acceso a una determinada reacción o metabolito, para ello podemos usar las siguientes funciones.

```
[ ] reaccionX = model.reactions.get_by_id("EX_ac_e")
    metabolitoX= model.metabolites.get_by_id('nadh_c')
```

Ahora podemos cambiar las velocidades de una reacción en particular. Podemos especificar la velocidad mínima y máxima. En el caso de los flujos de intercambios entre el medio extracelular y el intracelular, las velocidades negativas, se consideran como velocidades de ingreso a la célula, mientras que las velocidades positivas se consideran como saliendo de la célula. En el caso de las velocidades internas de la célula, estas se consideran positivas.

```
[ ] reaccionX.upper_bound = 0
  reaccionX.lower_bound = 0
```

#### 3- OPTIMIZANDO EL MODELO

A continuación, se muestra un ejemplo de un proceso de optimización donde se fija la velocidad de entrada de glucosa en 5 mmol/DW-hr y se permite que la entrada de oxigeno fluctúe entre 0 y 15 mmol/DW-hr.

```
# primero se debe asignar el modelo a una variable
model = cobra.io.read_sbml_model('e_coli_core.xml')
# Se especifica que la función a optimizar es la biomasa
model.objective = "BIOMASS_Ecoli_core_w_GAM"
# Se asigna la reaccion de intercambio de oxigeno a la variable "reaccion_02"
reaccion_02 = model.reactions.get_by_id("EX_o2_e")
reaccion_02.lower_bound= -15
reaccion_02.upper_bound= 0
# Se asigna la reaccion de intercambio de glucosa a la variable "reaccion_gl"
reaccion_gl = model.reactions.get_by_id("EX_glc__D_e")
reaccion_gl.lower_bound=-5
reaccion_gl.upper_bound=-5
# Se crean las listas donde se pondran los valores de la optimización
Biomasa=[]
CO2=[]
# Se realiza el proceso de optimización. El proceso de optimización genera una
# Estrcutura, es decir, se generan varias variables con una relación entre ellas.
# En este caso esta estructura sera asignada a la variable res.
res=model.optimize()
```

Ahora podemos conocer el resultado de la optimización, el que, como se dijo anteriormente esta guardado en la variable "res" (Usted puede escoger el nombre que desee)

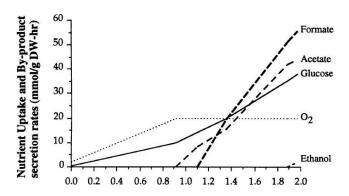
```
# dentro de la variable "res" se encuentra el valor del optimo, que en este caso
# corresponde al optimo de la biomasa
Biomasa.append(res.objective_value)
print(Biomasa)
# dentro de la variable "res" esta la avriable "fluxes" que tiene el valor de
# todos los flujos en el optimo. Dentro de "fluxes", podemos acceder a la velocidad
# de un flujo particular que nos interese. Note que para ir recorriendo las dependencias
# de la variable "res" usamos el "punto"
CO2.append(res.fluxes.EX_co2_e)
print(CO2)
# Finalmente una variable de mucho interes corresponde al multiplicador de lagrange
# asociado a cada metabolito, que nos dice que tan sensible es el óptimo a un pequeño
# cambio en el flujo del metabolito. En este caso nos interesara el 02
multiplicador=res.shadow_prices.o2_e
print(multiplicador)
# finalmete es posible visualizar los resultados en la red metabolica mediante la
# siguiente función
df=pandas.DataFrame.from_dict([res.fluxes]).T
df.to_csv('res.csv')
```

[0.4155977750929033] [12.314028882033709]

-2.22986263976406e-16

## **EJERCICIO 1:**

A continuación, se muestra el grafico numero 3 del paper "Stoichiometric Interpretation of Escherichia coli Glucose Catabolism under Various Oxygenation Rates".



En esta figura el eje "X" indica el óptimo de la función biomasa que va desde 0 a 2 y el eje "Y" indica las velocidades de ingreso o excreción para ciertos metabolitos. La velocidad de ingreso de glucosa va desde 0 a 40 aproximadamente. La velocidad de ingreso de O2 va desde 0 a 20.

A continuación, usted debe generar la optimización en tres regiones. Tratando de replicar los datos de esta figura y debe informar los flujos de

- a) oxigeno
- b) biomasa
- c) formato
- d) acetato
- e) etanol

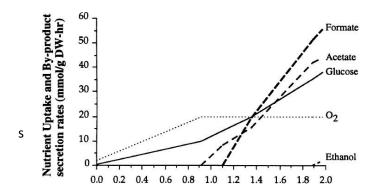
Debe adjuntar el diagrama de la red metabólica en cada caso y realizar una discusión de una posible explicación de los resultados obtenidos. Compruebe que los resultados que obtengan sean similares a los del gráfico y discuta el valor del multiplicador de Lagrange asociado a la entrada de O2 en cada caso.

Caso 1: ingreso de glucosa =5 mmol/gDW-hr

Caso 2: ingreso glucosa= 20 mmol/gDW-hr

Caso 3: ingreso glucosa= 60 mmol/gDW-hr

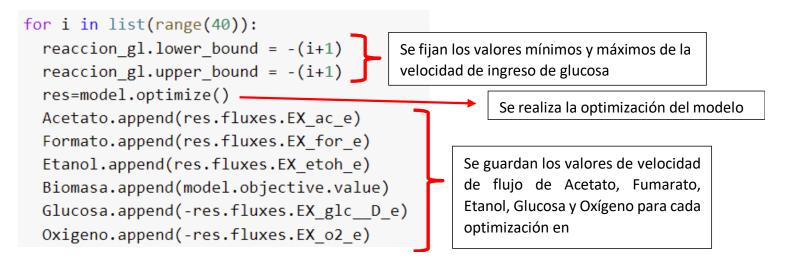
### GENERACIÓN DEL SCRIPT PARA RECREAR LA FIGURA 3 DEL ARTÍCULO



El procedimiento para seguir será el siguiente. Se optimizará la biomasa para diferentes valores de ingreso de glucosa (valores de 0 a 40), permitiendo que la velocidad de ingreso de O2 este libre entre 0 y -20. La primera parte del código es la siguiente y permite crear las listas donde se cargarán los datos de la optimización y se especifica el valor de las variables, donde es importante notar que se especifica el valor mínimo del ingreso de oxígeno en -20 y el máximo en 0 (flecha roja).

```
# Se asigna el modelo en la variable "model"
model = cobra.io.read sbml model('e coli core.xml')
# Se especifica que la función a optimizar es la biomasa
model.objective = "BIOMASS Ecoli core w GAM"
# Se asigna la reaccion de intercambio de oxigeno a la variable "reaccion 02"
reaccion_02 = model.reactions.get_by_id("EX_o2_e")
# Se asigna la reaccion de intercambio de oxigeno a la variable "reaccion 02"
reaccion gl = model.reactions.get by id("EX glc D e")
# Se especifica el limite inferior de la entrada de oxigeno entre -20 y 0
reaccion 02.lower bound = -20
reaccion 02.upper bound = 0
# Se crean las listas donde se pondran los valores de la optimización
Acetato=[]
Formato=[]
Etanol=[]
Biomasa=[]
Oxigeno=[]
Glucosa=[]
Oxigeno=[]
```

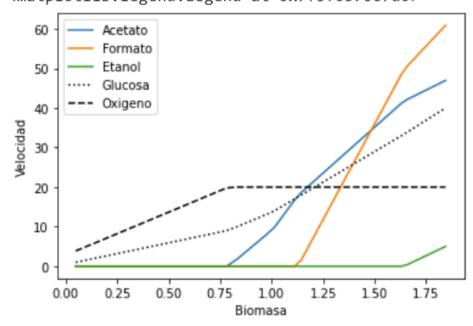
En la segunda parte del código se generará el loop de optimización. Esto es, para distintos valores velocidad de ingreso de glucosa se optimiza la biomasa



Finalmente se procede a realizar el grafico mediante el siguiente comando.

```
plt.plot(Biomasa, Acetato, label='Acetato')
plt.plot(Biomasa, Formato, label='Formato')
plt.plot(Biomasa, Etanol, label='Etanol')
plt.plot(Biomasa, Glucosa, ':k', label='Glucosa')
plt.plot(Biomasa, Oxigeno, '--k', label='Oxigeno')
plt.xlabel('Biomasa')
plt.ylabel('Velocidad')
plt.legend()
```

<matplotlib.legend.Legend at 0x7f3f037067d0>



# **EJERCICIO 2:**

Note que el grafico obtenido es muy similar al del artículo. Ahora usted debe cambiar levemente el código para simular que ocurre con los flujos de Acetato, Fumarato y Etanol cuando la velocidad de ingreso de oxígeno puede oscilar entre 0 y -40. Discuta los cambios que ocurre en el gráfico.

## Indicaciones de entrega:

Usted debe entregar para el ejercicio 1 y 2. Pantallazos de pantalla de los códigos utilizados y gráficos según corresponda. Además, recuerde discutir cuando se le pida. Debe entregar un solo pdf en la sección de tareas de U-CURSOS.