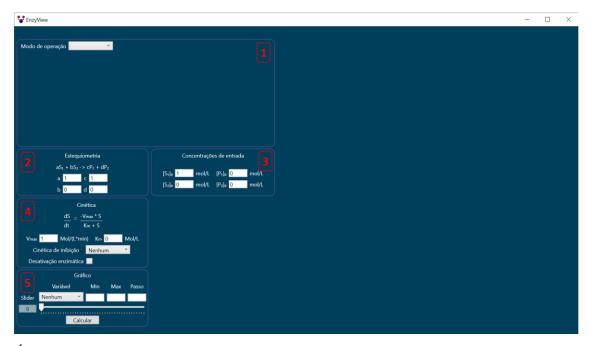
### Guia rápido EnzyView

#### 1 – Tela inicial

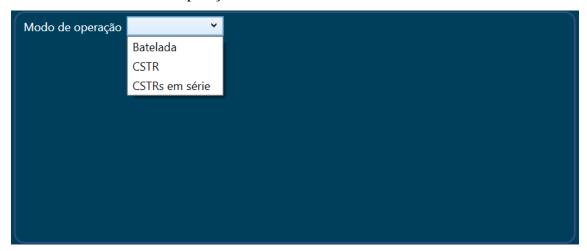


### Áreas da tela inicial:

- Área 1 Modo de operação: nesse campo escolhe-se o modo de operação (Batelada, CSTR ou CSRTs em série).
- Área 2 Estequiometria: nesse campo deve ser informada a estequiometria da reação catalisada, sendo possível escolher uma reação composta por até dois substratos e dois produtos.
- Área 3 Concentrações de entrada: são os inputs de concentrações de entrada no reator.
- Área 4 Cinética: nesse campo escolhe-se os valores dos parâmetros cinéticos v<sub>max</sub> e K<sub>m</sub> do modelo de Michaelis-Menten, o tipo de cinética de inibição e se existe ou não desativação enzimática (esse último pode apenas ser escolhido caso o modo de operação seja em batelada).
- Área 5 Gráfico: nesse campo o usuário pode fazer a opção de utilizar o slider (funcionalidade explicada posteriormente) e, por fim, iniciar a simulação ao clicar em "Calcular").

# 2 – Realizando uma simulação

# 2.1 – Escolher o modo de operação

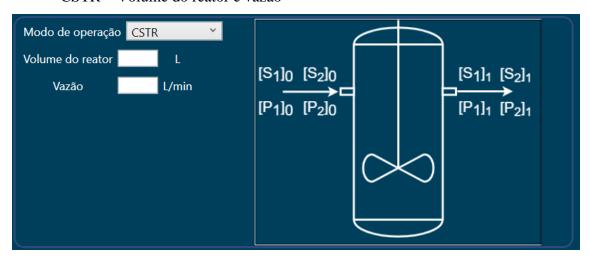


Parâmetros necessários para cada modo de operação:

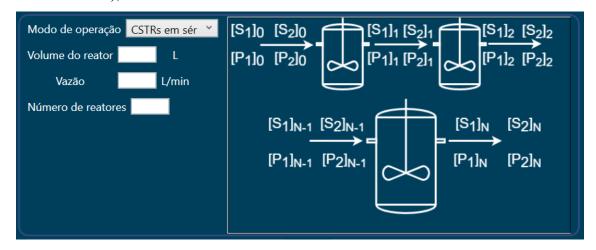
• Batelada - Conversão máxima



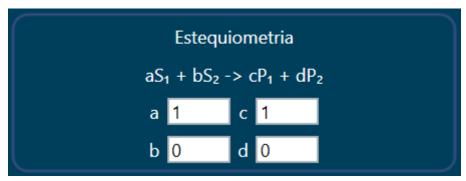
• CSTR – Volume do reator e vazão



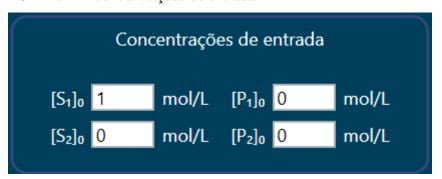
 CSTRs em série – volume dos reatores (o volume de todos os reatores é o mesmo), vazão e número de reatores.



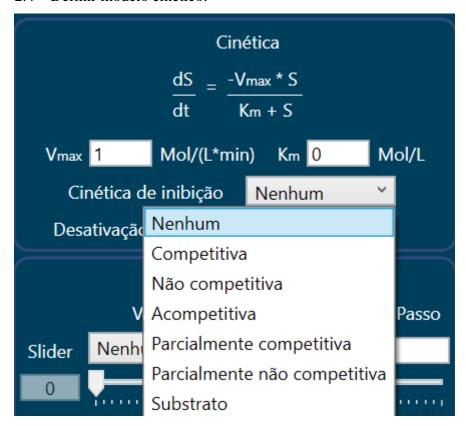
# 2.2 – Definir estequiometria



## 2.3 – Definir concentrações de entrada

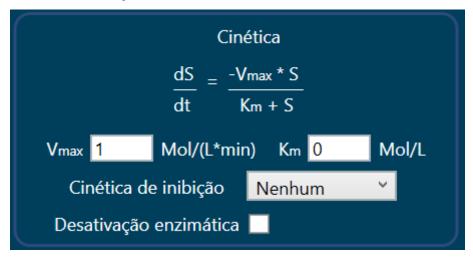


#### 2.4 – Definir modelo cinético:



Parâmetros necessários para cada modelo de inibição

Sem inibição – V<sub>max</sub> e K<sub>m</sub>



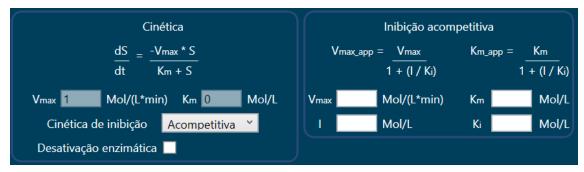
• Inibição competitiva - V<sub>max</sub>, K<sub>m</sub>, I e K<sub>I</sub>



Inibição não competitiva - V<sub>max</sub>, K<sub>m</sub>, I e K<sub>I</sub>



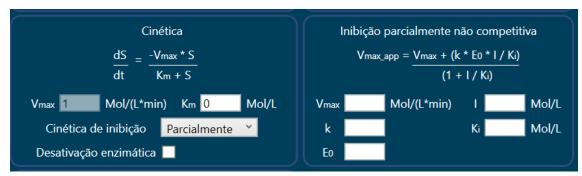
• Inibição acompetitiva -  $V_{max}$ ,  $K_m$ , I e  $K_I$ 



• Inibição parcialmente competitiva - V<sub>max</sub>, K<sub>m</sub>, I, K<sub>I</sub> e K<sub>IS</sub>



• Inibição parcialmente não competitiva -  $V_{max}$ ,  $K_m$ , I,  $K_I$ , k e  $E_0$ 



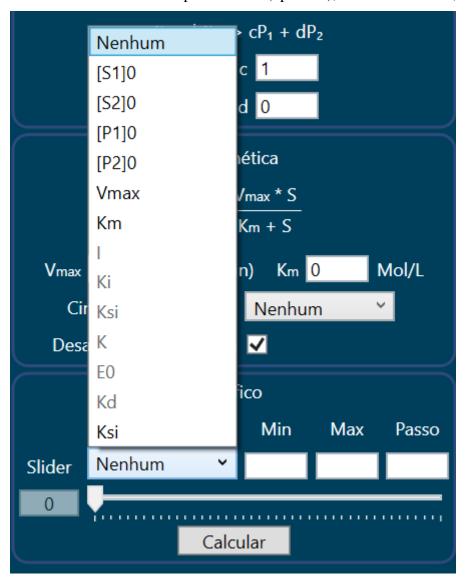
• Inibição pelo substrato - V<sub>max</sub>, K<sub>m</sub> e K<sub>SI</sub>



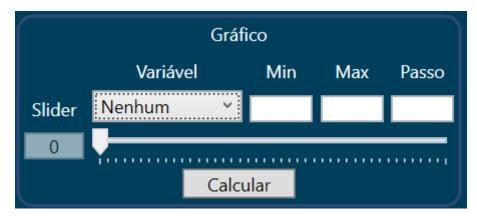
O modelo pode ter desativação enzimática (apenas no modo de operação em batelada), quando ativa é necessário fornecer  $V_{\text{max}0}$  e  $K_{\text{d}}$ 



2.5 – Definir uma variável para o slider (opcional), seu valor mínimo, máximo e o passo



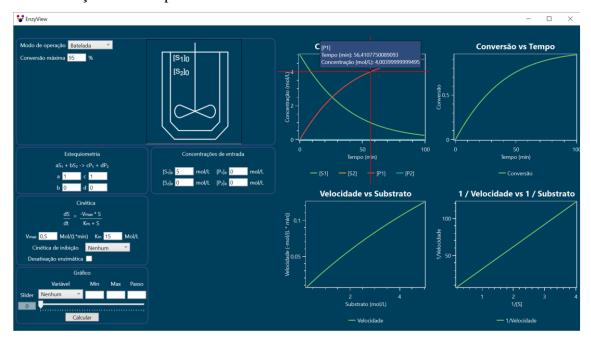
2.6 - Clicar em "Calcular"



# 3 – Funções dos gráficos

- Mover a posição da visualização: Clicar com o botão direito e mover o mouse.
- Zoom: Girar o botão de rolagem do mouse.
- Zoom por retângulo: Clicar com a roda do mouse e arrastar para determinar o retângulo de zoom.
- Resetar a visualização: Clicar botão "Home" do teclado
- Copiar o gráfico: Clicar botão "Ctrl + C". Nesse caso, é possível colar o gráfico como imagem em outros programas como o Word.
- Tracker: clicar com botão esquerdo do mouse.

O Tracker é uma forma de visualizar o valor de um ponto do gráfico, ao clicar com o botão esquerdo do mouse sobre uma das curvas existentes, uma caixa aparece com as informações sobre o ponto



### 4 - Uso do slider

Caso uma varável tenha sido selecionada para o slider, para alterar o seu valor basta clica e arrastar o ponteiro.

