**Título: “Mapping Omics datasets on KEGG Metabolic Pathways”**

Proponente: João Sequeira (Co-Orientador), Andreia Salvador (Orientador), Miguel Rocha (Orientador) (CEB-UM)

Objectives: In this work, the plots of KEGGCharter will be expanded to include multi-level representation of gene expression information. The work will involve developing new interactive representations over the currently outputted plots, to allows the **inclusion of** **more information in metabolic maps**.

Keywords -> differential gene expression; tools; languages; type of identifiers; what tools do; input format; Genomics; Metagenomics; Metatranscriptomics; Functional annotation; Metabolic pathways mapping; Differential expression analysis

Krona plots – https://iquasere.github.io/reCOGnizer/

KEGG metabolic maps - https://github.com/iquasere/KEGGCharter?tab=readme-ov-file

Resumo reunião:

Kegg – base de dados com informação sobre enzimas metabólicas, análise funcional de comunidades microbianas a expressar em determinado momento, acabar com listas de proteínas envolvidas em vários processos biológicos (mapas metabólicos).

Ferramenta KEGG Charter, vai mapear através de KO’s ou EC’s numbers.

No Kegg mapping, pôr os identifiers e dá o mapa.

Etapas 1ª fase:

Levantamento de Bibliografia

Fazer tabela – expressão diferencial, ferramentas, linguagens, tipo de identifiers, o que cada ferramenta faz, input format. **Nota: 1ªcoluna** -> tools (concentrar o que cada tool faz)

Definir objetivos (melhorar Kegg Chartter a partir dessa pesquisa) e tentar percebê-los -> 1º gerais, depois específicos

Na escrita -> Escrever sucintamente; nunca dar opinião na revisão, apenas coletar e explicar

Enviar -> Stage of the art (inclui as teorias mais recentes, metodologias, tecnologias, descobertas e práticas em uma área específica); articles, Table (legendada)

**Fase 1**

(até 5 de abril)

- Estudo do problema e do estão da arte;

- Definição da solução e sua validação preliminar;

-Escrita do artigo intercalar.

Nesta fase, deverá ser entregue um artigo intercalar, onde deverão ser apresentados uma definição clara dos **objetivos do projeto**, o **estado da arte na área do projeto** (revisão de literatura, trabalhos anteriores relacionados, análise de software relevante, etc), uma análise preliminar do problema a abordar, **com definição sucinta das metodologias a utilizar na sua abordagem** e do plano de trabalhos.

* Artigo deverá ter no máximo, 6 páginas (referências bibliográficas não contam)

Artigos usados:

* UPIMAPI, reCOGnizer and KEGGCharter: Bioinformatics tools for functional annotation and visualization of (meta)-omics datasets;
* Bioinformatic approaches for functional annotation and pathway inference in metagenomics data;
* WebMGA: a customizable web server for fast metagenomic sequence analysis;
* Dynamic exploration and editing of KEGG pathway diagrams;
* KEGG Mapper for inferring cellular functions from protein sequences;
* iPath3.0: interactive pathways explorer v3;
* Pathway Projector: Web-Based Zoomable Pathway Browser Using KEGG Atlas and Google Maps API;
* Comparative analysis of differential gene expression analysis tools for single-cell RNA sequencing data;
* Exploration of the Shared Genes and Molecular Pathways between Pre-Eclampsia and Type 2 Diabetes Mellitus via Co-Expression Networks Analysis;