

### ANÁLISIS ESTEQUIMÉTRICO DE LA RUTA METABÓLICA CONDENSADA DE LA ACUMULACIÓN DE COMPUESTOS DE RESERVA EN *Saccharomyces cerevisiae*

Iliana del C. Barrera Martínez, R. Axayacatl González García, Juan S. Aranda Barradas, Departamento de Bioingeniería, Unidad Profesional Interdisciplinaria de Biotecnología del IPN. Av. Acueducto s/n Barrio la Laguna Ticoman, México, D.F. C.P. 07340. Fax 57296000 Ext. 56378. Correo electrónico: [jaranda@acei.upibi.ipn.mx](mailto:jaranda@acei.upibi.ipn.mx)

Palabras clave: análisis estequiométrico, ingeniería metabólica, compuestos de reserva

**Introducción.** La ingeniería metabólica ha sido desarrollada para optimizar procesos biocatalíticos con células a través de la introducción de cambios genéticos o metabólicos dirigidos, modificando flujos metabólicos en rutas bioquímicas seleccionadas (1). Para lograr esto se lleva a cabo el análisis estequiométrico de todas las reacciones involucradas en la producción del metabolito de interés, lo que permitirá comprender el metabolismo celular para reacomodar los flujos metabólicos y obtener la biosíntesis óptima del producto de interés. Después, se pueden aplicar algoritmos para reducir el número de reacciones e incluirlas en un modelo matemático que nos permita encontrar los puntos clave para mejorar los procesos (2). *Saccharomyces cerevisiae* es de gran utilidad en la industria de la panificación, donde se requiere que se mantenga viable y vital. Los compuestos que le confieren estas características a la levadura son la trehalosa y el glucógeno, llamados compuestos de reserva (3).

El objetivo de este trabajo es generar un modelo metabólico de los compuestos de reserva de *Saccharomyces cerevisiae*.

**Metodología.** Se utilizan las bases de datos KEGG (rutas metabólicas) y BRENDA (enzimas) para la construcción de la ruta metabólica propuesta. La simplificación de la ruta metabólica para la acumulación de los compuestos de reserva se realizó de acuerdo al algoritmo de Mavrovouniotis (2). El análisis estequiométrico, y la construcción de la matriz estequiométrica se llevó a cabo con la metodología reportada por Nielsen, et al. (1)

**Resultados y discusión.** La ruta metabólica condensada se muestra en la figura 1. Esta ruta cuenta con 41 reacciones. Posteriormente se realizó un balance de carbonos a cada una de las reacciones de la ruta metabólica condensada. Considerando estas reacciones, su balance de carbonos y los 48 metabolitos se construyó la matriz estequiométrica T (no mostrada).

La ruta metabólica condensada incluye las reacciones necesarias para la biosíntesis de la trehalosa y el glucógeno, además de tomar en cuenta aquellas necesarias para el correcto funcionamiento de la célula. Se incluye la formación de proteínas ya que se propone que estas proveen de esqueletos de carbono a la levadura para la síntesis de trehalosa y glucógeno

cuando la fuente de carbono en el medio de cultivo se agota.

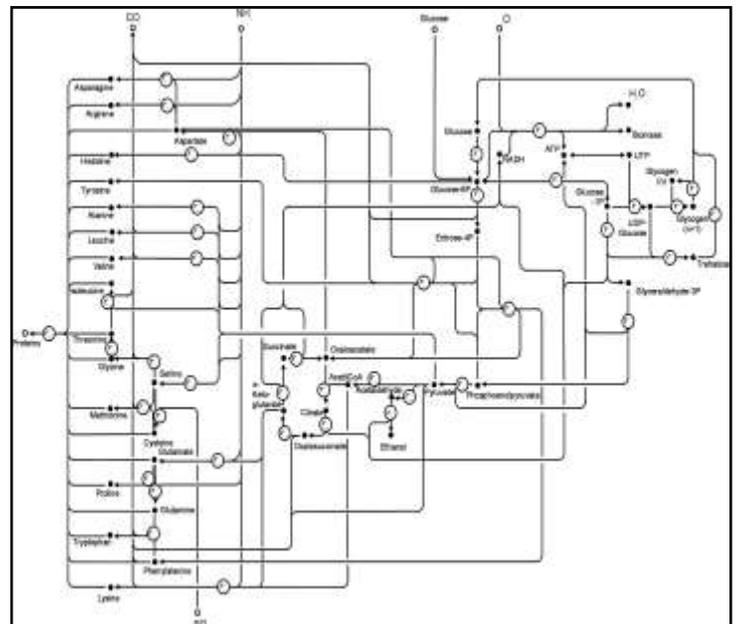


Fig. 1. Ruta metabólica condensada de los compuestos de reserva de *Saccharomyces cerevisiae*.

**Conclusiones y perspectivas.** Se logró construir una ruta metabólica condensada lo que permite obtener un modelo metabólico para los compuestos de reserva de *S. cerevisiae*.

Con la matriz estequiométrica total y su análisis es posible calcular los flujos metabólicos que permitan describir la acumulación de trehalosa y glucógeno.

Se espera recolectar datos experimentales que permitan validar el modelo metabólico propuesto.

**Agradecimiento.** Este proyecto ha sido financiado por la SIP-IPN. Proyecto número 20090347.

#### Bibliografía.

- Nielsen, J. (2001) Metabolic engineering. *Applied Microbiology and Biotechnology*. (55) 263-283.
- Stephanopoulos, G, Aristidou, A, Nielsen, J. (1998) Metabolic pathway synthesis. En *Metabolic Engineering Principles and Methodologies*. Academic Press, EUA. 288-308
- Walker, G. M. (1998) Yeast growth. En *Yeast Physiology and Biotechnology*. Wiley, J. Ed. Wiley. Inglaterra. Primera edición. 101-202