



DISEÑO DE UN SOFTWARE PARA EL DESARROLLO Y OPTIMIZACIÓN DE BIOPROCESOS.

César Reyes¹, Ketzasmin Terrón¹, Germán López-Valdez², Salvador Chávez¹ y Heber Jair Barrales¹.

¹División de Ingeniería en Biotecnología, Universidad Politécnica del Valle de Toluca, 50904, Almoloya de Juárez, México

²Laboratorio de Productos Naturales, AP74 Oficina de Correos Chapingo, Universidad Autónoma de Chapingo, Km 38.5 Carretera México-Texcoco, Texcoco Estado de México, 56230

César Reyes, e-mail: cesarey2003@yahoo.com.mx

Palabras clave: Software, simulación, bioprocesos

Introducción. Durante el desarrollo de un bioproceso se requiere de la comprensión de la futura producción lo más pronto y detallada posible. El modelamiento de los bioprocesos en desarrollo, así como la estimación de equipo y de materia prima ayuda a mejorar este conocimiento [1]. El modelamiento de bioprocesos aerobios es una herramienta útil y esta puede ser la base para una optimización adecuada, así como la evaluación del valor comercial del bioproceso. El avance de un bioproceso es determinado por el rendimiento y productividad de un microorganismo, de su productividad en un biorreactor, así como la composición del medio de cultivo. El propósito del desarrollo de un software es disminuir la complejidad del modelamiento y relacionar todas las variables involucradas en un bioproceso y esto a su vez tiene un efecto sobre su control y optimización.

El objetivo del presente proyecto es modelar los principales tipos de cultivo: *batch*, cultivo continuo, *fedbatch*, sistemas de inmovilización y caracterización de biorreactores.

Metodología. Se desarrolló un software basado en *Phyton*, uno de los lenguajes más usados en el mundo de la informática y este a su vez fue basado en las ecuaciones y correlaciones empíricas comunes en la Tecnología de Bioprocesos. Este software lo llamamos "Software Simulator Bioprocess (SSBP)". El software soluciona automáticamente correlaciones empíricas de ingeniería de matraces agitados: P/V , $k_L a$, t_m , Re , τ y γ . Para fermentadores agitados mecánicamente: P/V , $k_L a$, Na , V_s , T_c , T_m , así como modelamiento de cinéticas tipo *batch*, cultivo continuo, *fed batch* y sistemas de inmovilización de enzimas.

Resultados. Existen infinidad de ejemplos de cinéticas que se pueden simular. En la Figura 1a se muestra la producción de Rhamnolipidos, un biosurfactante producido por *Pseudomonas aeruginosa* y reportado por [2]. En la Figura 1b se muestra su modelamiento del *batch* en el SSBP, usando las ecuaciones propuestas por [3]. Para modelar la cinética, el programa pide los siguientes datos cinéticos y estequiométricos: μ_{max} (h^{-1}), P_o (g/L), S_o (g/L), X_o (g/L), K_s (g/L), $Y_{x/s}$ (g/g), k_1 (-), k_2 (-) y el tiempo de cultivo. Las mismas constantes pueden ser usadas para simular el comportamiento en un cultivo continuo de simple etapa (Tabla 1).

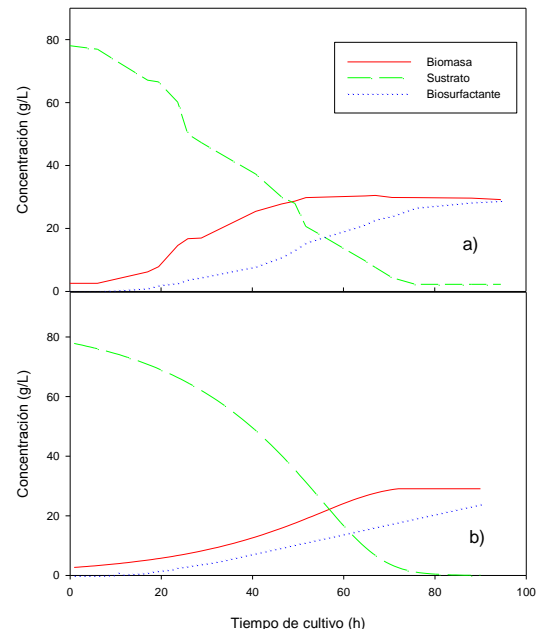


Fig. 1. a) Datos experimentales reportados por [2], donde se muestra el crecimiento de *Pseudomonas aeruginosa*, consumo de sustrato y formación del surfactante. b) Modelamiento en el SSBP del *batch*.

Tabla 1. Máxima productividad en cultivo continuo simple etapa de la producción del biosurfactante por *Pseudomonas aeruginosa*.

Sustrato reservorio (g/L)	Máxima productividad (g.L/h)	Dilución de máx. prod. (h^{-1})
50	0.34	0.016
100	0.37	0.016
150	0.47	0.015

Conclusiones. El software hasta ahora es capaz de simular cultivos *batch*, cultivo continuo, así como con la capacidad de caracterizar matraces y fermentadores mecánicamente agitados.

Agradecimiento. Se agradece el apoyo financiero del Programa de Apoyo a la Educación Superior (PADES), México (UPVT/SEP PADES 2013-05-15-014-134).

Bibliografía.

- Heinzle, E; Biver A; Cooney, C. 2006. Modeling and Assesment. En: *Development of Sustainable Bioprocesses*. Wiley J & Sons. England. Pág 1-10.
- Zu. L; Yang X; Chen Y; Lu, W. 2012. Enhanced rhamnolipid production by *Pseudomonas aeruginosa* based on a pH stage-controlled fed-batch fermentation process. *Bioresour Technol.* 117: 208-213.
- Dunn, I; Heinzle, E; Ingham, J, Presonil J. 2003. Dynamic Modelling Fundamentals with Simulation Examples. En: *Biological Reaction Engineering*. Verlag &Co. KGaA, Weinheim. Pág 1-508.