



CONSTRUCCIÓN DE RUTAS BIOQUÍMICAS SIMPLIFICADAS PARA EL ANÁLISIS METABÓLICO DE LA BIOSÍNTESIS DE TREHALOSA EN *Saccharomyces cerevisiae*

Juan S. Aranda Barradas, Juan L. Martínez Hurtado, J. Israel Hernández Oropeza, Edgar Salgado Manjarrez, Laboratorio de Investigación en Bioingeniería, Unidad Profesional Interdisciplinaria de Biotecnología del IPN, Av. Acueducto s/n, Col. La Laguna Ticomán, Del G. A. Madero, 02600, jaranda@acei.upibi.ipn.mx

Palabras clave: *Saccharomyces cerevisiae*, trehalosa, análisis metabólico

Introducción. La levadura *Saccharomyces cerevisiae* es un microorganismo económicamente importante porque es un insumo principal dentro de los sectores de producción de pan y bebidas alcohólicas. De hecho, la calidad de estos productos depende de la composición bioquímica y del estado fisiológico de la levadura que se utilice para elaborarlos. Se ha demostrado que el dímero de glucosa denominado trehalosa, cuyas síntesis y acumulación ocurren en el citoplasma celular, es un compuesto que estabiliza ciertas estructuras proteicas del microorganismo durante los procesos de producción y acondicionamiento con los que es tratado para convertirlo en insumo de otros procesos dentro de la panificación y la producción de etanol. Para realizar un análisis de velocidades de reacción que permita explicar la acumulación de trehalosa en la levadura, es necesario disponer de una red metabólica en la que se puedan generar cálculos estequiométricos consistentes. El propósito del presente trabajo ha sido seleccionar un conjunto de rutas bioquímicas simplificadas que fundamenten un análisis de velocidades de reacción y una estrategia de control metabólico para incrementar la biosíntesis de trehalosa en *S. cerevisiae*.

Metodología. Se tomaron de la base de datos KEGG Pathway Database (1) diferentes rutas bioquímicas involucradas tanto en el metabolismo energético de la levadura como en la síntesis de la trehalosa. Estas fueron condensadas en un solo mapa metabólico (Fig. 1). A partir de esta red metabólica, se construye una matriz estequiométrica T básica para el análisis de las velocidades de reacción en la red completa, mediante la expresión (2):

$q = T^T r x$, donde q es un vector de velocidades extracelulares, r es un vector de velocidades intracelulares y x es la concentración total de biomasa en el cultivo celular.

Resultados y discusión. Se dispone de una red metabólica simplificada para establecer la estequiometría y las velocidades de reacción que permitirán explicar la

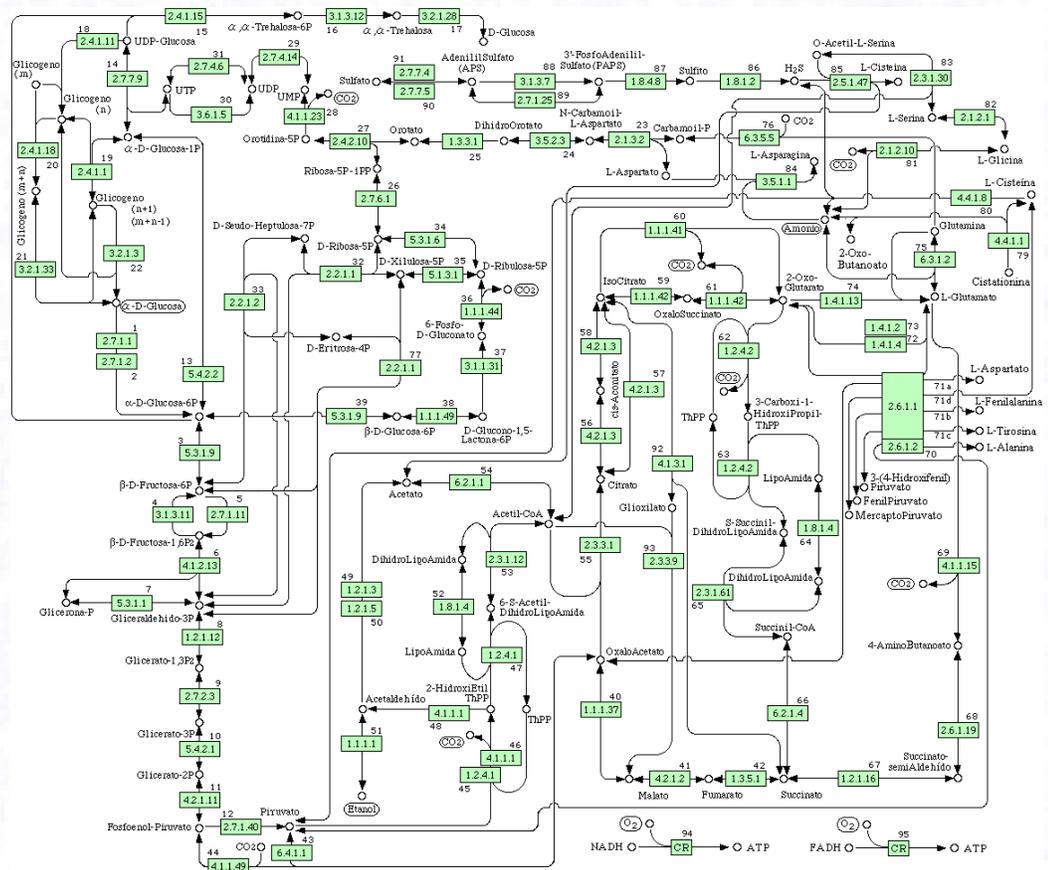


Fig. 1. Rutas bioquímicas para la biosíntesis de trehalosa en *S. cerevisiae*

acumulación de trehalosa en la levadura. Esta información es fundamental para explorar el control metabólico de la biosíntesis del dímero.

Conclusiones. Una serie de reacciones y rutas bioquímicas incompleta puede conducir a estimaciones incorrectas del contenido intracelular de trehalosa en *S. cerevisiae*. Con la red metabólica propuesta, se posibilita la construcción de un modelo metabólico para explicar la producción de trehalosa en el microorganismo, partiendo de un determinado número de velocidades de consumo o producción medidas en el medio de cultivo.

Agradecimiento. El presente proyecto ha sido financiado por la SSIP-IPN, proyectos 20060154 y 20071595.

Bibliografía.

1. www.genome.ad.jp/kegg/pathway.html
2. Nielsen J. y Villadsen J. (1994). Analysis of reaction rates. En: *Bioreaction Engineering Principles*, Plenum Press, USA, 97-162.