



XIV Congreso Nacional de Biotecnología y Bioingeniería



DISEÑO DE ESQUEMAS METABÓLICOS PARA EL ANÁLISIS DE VELOCIDADES DE REACCIÓN EN LEVADURAS

José I. Hernández-Oropeza, Edgar Salgado-Manjarrez, Juan S. Aranda-Barradas,
Departamento de Bioingeniería, Unidad Profesional Interdisciplinaria de Biotecnología, Instituto Politécnico Nacional,
Av. Acueducto s/n La Laguna Ticomán, México, D.F., 07340, ji.hdz.o@hotmail.com

Palabras clave: rutas metabólicas, análisis de velocidades de reacción, levaduras

Introducción. El conjunto de reacciones bioquímicas implicadas en la biosíntesis de un metabolito puede ser analizado en términos de sus velocidades de reacción. Sin embargo, un requisito necesario para aplicar éste análisis es el diseño de una ruta bioquímica consistente, ya que si no se dispone del esquema de reacciones que conllevan a la producción del metabolito de interés, no es posible generar análisis confiables de las velocidades de reacción correspondientes [1]. Establecer el conjunto de intermediarios metabólicos necesarios en la producción de etanol por *Saccharomyces cerevisiae* y de xilitol por *Candida parapsilosis* a partir de glucosa y xilosa, respectivamente, fue el propósito del presente proyecto.

Metodología. A partir de la información bioquímica reportada sobre levaduras en la KEEG Pathway [2], se diseñaron rutas metabólicas utilizando el editor de imágenes JPhotoBrush Pro 1.3. Los esquemas quedaron conformados por las reacciones que intervienen en el metabolismo energético de ambos microorganismos, y en la producción de etanol por *S. cerevisiae* y de xilitol por *C. parapsilosis*.

Resultados.

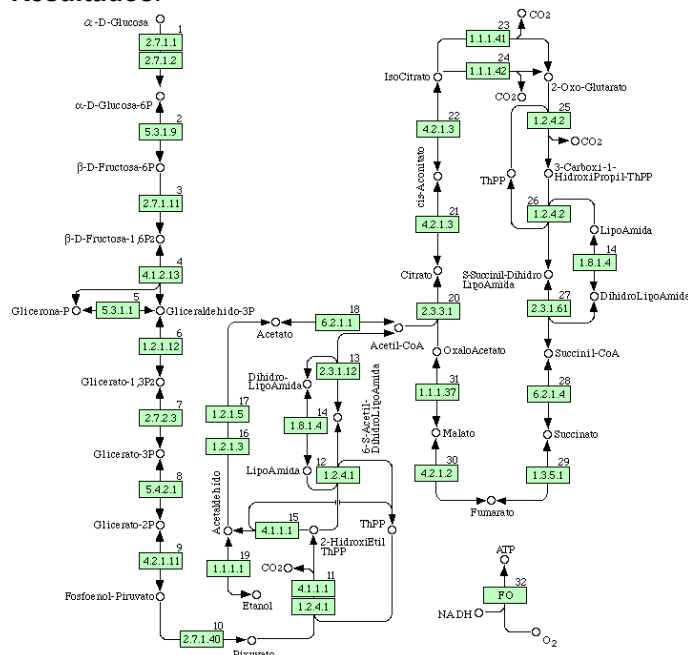


Fig. 1. Esquema metabólico para la producción de etanol en *S. cerevisiae* a partir de glucosa.

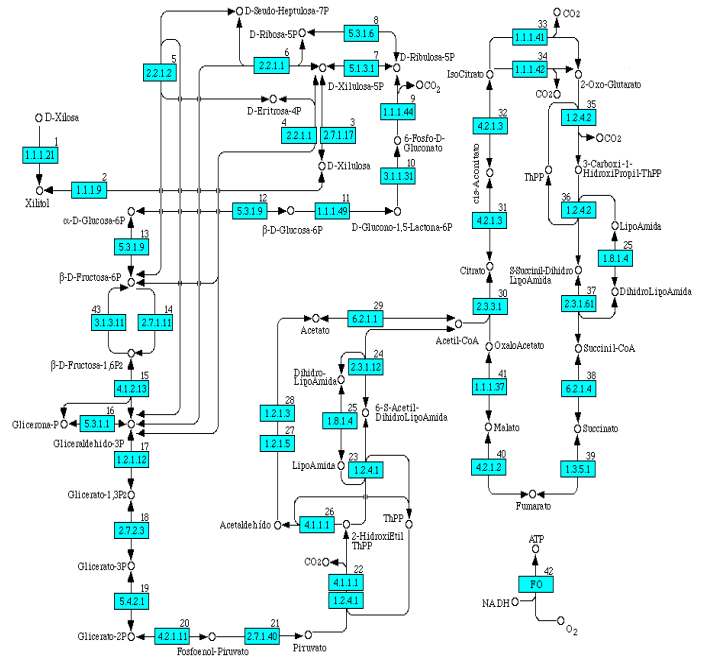


Fig. 2. Esquema metabólico para la producción de xilitol en *C. parapsilosis* a partir de xilosa.

El esquema metabólico para *C. parapsilosis* incluyó 43 reacciones bioquímicas mientras que la ruta metabólica de *S. cerevisiae* únicamente 32. Además de los flujos intracelulares, se consideraron 43 y 36 metabolitos, respectivamente, incluyendo, en ambos casos, los cofactores NADH, NADPH, y ATP.

Conclusión. Una ruta bioquímica incompleta puede conducir a estimaciones incorrectas de las velocidades de reacción. La información bioquímica disponible en la KEEG Pathway permite el diseño de esquemas metabólicos consistentes; fundamentales en estudios cuantitativos de la fisiología celular.

Agradecimiento. Al CONACyT por la beca otorgada al estudiante de maestría José I. Hernández-Oropeza (clave 262952) para la realización de este proyecto.

Bibliografía.

- Stephanopoulos GN, Nielsen J, Aristidou AA. (1998). Metabolic Flux Analysis. En: *Metabolic Engineering. Principles and Methodologies*. Academic Press, San Diego. 309-351.
- Kanehisa M, Goto S, Furumichi M, Tanabe M, Hirakawa M. (2010). *Nucleic Acids Res.* 38: D355-D360.