

IDEAS BÁSICAS PARA LA MODELACIÓN ESTRUCTURADA DE LA ACUMULACIÓN INTRACELULAR DE TREHALOSA EN *Saccharomyces cerevisiae*.

Juan Aranda Barradas⁽¹⁾, Edgar Salgado Manjarrez⁽¹⁾, Carlos Ordorica Vargas⁽²⁾.

- (1) Departamento de Bioingeniería, Unidad Profesional Interdisciplinaria de Biotecnología del IPN, México.
Av. Acueducto de Guadalupe s/n, Barrio La Laguna Ticomán, G.A. Madero, México D.F., C.P. 07340.
Teléfono/Fax 57 29 60 00 ext 56 338, jaranda@acei.upibi.ipn.mx.
- (2) Sección de Graduados, Escuela Nacional de Ciencias Biológicas del IPN, México.
Plan de Ayala y Carpio s/n, Col. Plutarco Elías Calles, Miguel Hidalgo, México D.F., C.P. 11340.

Introducción. La trehalosa es un dímero de glucosa sintetizado en el citoplasma de *Saccharomyces cerevisiae* a partir de la glucosa-6-fosfato (G-6-P) y de la uridin-difosfo-glucosa (UDPG). Su acumulación depende de la actividad de dos enzimas: la trehalosa fosfato sintetasa (TPS) y la trehalasa (TH). La actividad catalítica de estas enzimas está controlada tanto por mecanismos de inducción/represión como de inhibición/activación que se pueden describir a través de un modelo de tipo estructurado [1,2].

En el presente trabajo se propone un modelo estructurado del crecimiento celular para estimar el contenido intracelular de trehalosa. También se contrastan los resultados del modelo con los datos experimentales.

Metodología. En el modelo propuesto, la biomasa se descompone en tres compartimentos, el enzimático que contiene a las enzimas TPS y TH, el compartimento trehalosa que indica la variación del dímero en la célula y el compartimento celular que contiene al resto de los materiales celulares.

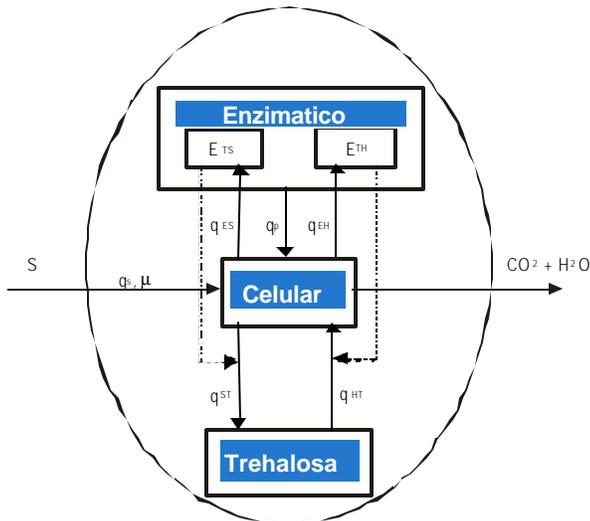


Fig. 1 Estructura de la biomasa

Las ecuaciones básicas del modelo son:

$$\frac{dX}{dt} = \left(\mathbf{m} - \frac{f_v}{V_L} \right) X \quad \text{Concentración de biomasa en el biorreactor.}$$

$$\frac{dV_L}{dt} = f_v \quad \text{Volumen del líquido.}$$

$$\frac{dx_T}{dt} = q_{ST} - q_{HT} - \mathbf{m}x_T \quad \text{Concentración de trehalosa.}$$

$$\frac{dx_{TS}}{dt} = q_{ES} - q_{PS} - \mathbf{m}x_{TS} \quad \text{Concentración de TPS.}$$

$$\frac{dx_{TH}}{dt} = q_{EH} - q_{PH} - \mathbf{m}x_{TH} \quad \text{Concentración de TH.}$$

$$\frac{dx_A}{dt} = q_A - \mathbf{m}x_A \quad \text{Concentración de AMPc.}$$

Resultados y Discusión. En la figura 2 se muestra la que el modelo estructurado de crecimiento se ajusta aceptablemente bien a los datos experimentales para un cultivo de *Saccharomyces cerevisiae* por lote alimentado.

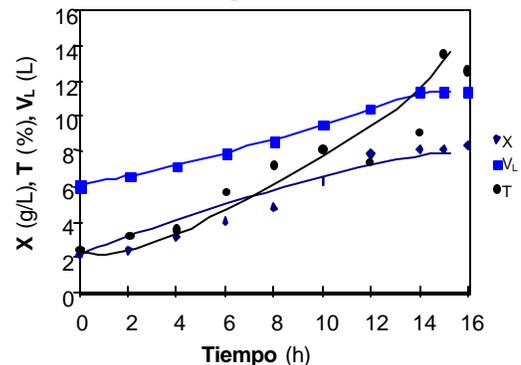


Fig. 2 Comparación de resultados experimentales (símbolos) y del modelo estructurado (líneas). X biomasa, T trehalosa, V_L volumen.

Sin embargo, se requiere mejorar la formulación de varias ecuaciones cinéticas (no mostradas) del modelo.

Conclusiones. La modelación estructurada permite la estimación aproximada del contenido intracelular de trehalosa en la levadura.

Agradecimientos. Este trabajo fue financiado por el Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (México).

Bibliografía.

- Chung, G y Stephanopoulos, G. (1996). On the physiological multiplicity and population heterogeneity of biological systems. *Chem. Eng. Sci.* 51: 1509-1521.
- Fredrickson, AG. (1976). Formulation of structured models. *Biotechnol. Bioeng.* 18: 1481-1486.