

**ACOPLAMIENTO DEL MODELO DE GOMPERTZ CON LOS MODELOS DE PIRT Y DE LUEDEKING – PIRET PARA LA SIMULACIÓN DE BIOPROCESOS**

Celli Martin\*<sup>a</sup> y Saucedo-Castañeda Gerardo\*<sup>b</sup>

Universidad Autónoma Metropolitana Unidad Iztapalapa, <sup>a</sup> Departamento de Matemáticas y <sup>b</sup> Departamento de Biotecnología, Av San Rafael Atlixco 186, Ciudad de México, CP 09310.

\*Responsables del trabajo: [celli@xanum.uam.mx](mailto:celli@xanum.uam.mx); [saucedo@xanum.uam.mx](mailto:saucedo@xanum.uam.mx)

*Palabras clave: Modelos de Gompertz, Pirt, Luedeking-Piret*

**Introducción.** Se han reportado modelos para describir el crecimiento microbiano, el consumo de sustrato y la formación de productos [1, 2, 3]. Se acopló e integró el modelo logístico con los modelos de Pirt (consumo de sustrato) y de Luedeking-Piret (formación de producto). El modelo logístico presenta simetría en el punto de inflexión, aplicable a bioprocesos simétricos en este sentido. Por otra parte el modelo de Gompertz, no es simétrico en el punto de inflexión, esto podría ayudar a simular bioprocesos cuya fase de aceleración de crecimiento es muy rápida mientras que la de desaceleración es lenta. En este trabajo se desarrolló y validó el acoplamiento del modelo de Gompertz, con los modelos de Pirt y de Luedeking y Piret.

**Desarrollo del modelo matemático y metodología.**

En este trabajo se usa el modelo de Gompertz para describir el crecimiento microbiano (1 y 2):

$$\frac{dX}{dt} = k X \ln \left[ \frac{X_{max}}{X} \right] \text{ y } X = X_{max} \exp(-b \exp(-k t))$$

El modelo de Pirt describe el consumo de sustrato asociado al crecimiento y al mantenimiento:

$$-\frac{dS}{dt} = \left[ \frac{1}{Y_{x/s}} \right] \frac{dX}{dt} + m X \text{ (3), mientras que el modelo de}$$

Luedeking y Piret describe la formación de producto asociado y no asociado al crecimiento

$$\frac{dP}{dt} = \alpha \frac{dX}{dt} + \beta X \text{ (4)}$$

La ecuación 3 se expresa:  $-\frac{dS}{dt} - \left[ \frac{1}{Y_{x/s}} \right] \frac{dX}{dt} = m X \text{ (5)}$

De la ecuación 1 se despeja X y se sustituye en 5

$$-\frac{dS}{dt} - \left[ \frac{1}{Y_{x/s}} \right] \frac{dX}{dt} = m X = \left[ \frac{m}{k} \right] \frac{\frac{dX}{dt}}{\ln \left[ \frac{X_{max}}{X} \right]} \text{ (6)}$$

Se elimina dt, se integra entre límites y reorganizando resulta:

$$S = S_0 - \left[ \frac{1}{Y_{x/s}} \right] (X - X_0) - \left[ \frac{m X_{max}}{k} \right] \left[ li \left( \frac{X_0}{X_{max}} \right) - li \left( \frac{X}{X_{max}} \right) \right] \text{ (7)}$$

Para la formación de producto y siguiendo una metodología similar se llega a:

$$P = P_0 + \alpha (X - X_0) + \left[ \frac{\beta X_{max}}{k} \right] \left[ li \left( \frac{X_0}{X_{max}} \right) - li \left( \frac{X}{X_{max}} \right) \right] \text{ (8)}$$

Los modelos se validaron con datos de una fermentación láctica.

**Resultados.** En las figuras 1 y 2 se aprecia que el modelo describe muy de cerca el comportamiento de los datos experimentales. El contar con modelo

cinéticos es fundamental para el diseño de reactores biológicos. En el modelo aparece una función denominada logaritmo integral (li) que se define como  $li(x) = \int_0^x \frac{du}{\ln(u)}$  y es evaluada numéricamente con el software Maxima (<https://maxima.sourceforge.io>) con la mayor precisión posible. La función del logaritmo integral es aplicada en física y teoría de números [4].

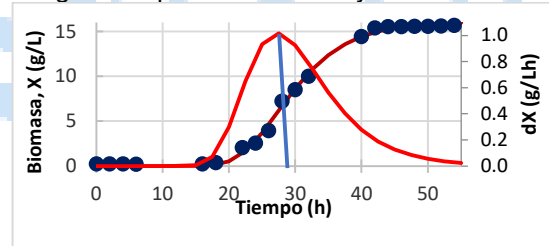


Fig. 1. Simulación del crecimiento microbiano para una fermentación láctica con el modelo propuesto.

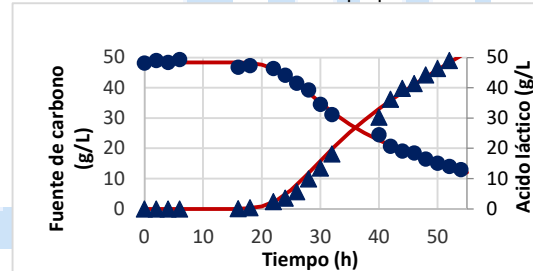


Fig. 2. Simulación del consumo de sustrato y formación de ácido láctico en una fermentación láctica con el modelo propuesto.

**Conclusiones.** Hasta donde sabemos es la primera vez que se reporta el acoplamiento del modelo de Gompertz, con el de Pirt y Luedeking-Piret para modelar bioprocesos, con muy buenos resultados predictivos. La función del logaritmo integral (li) tiene un potencial de aplicación en bioprocesos.

**Bibliografía.**

- 1.- Soto-Cruz O, Favela-Torres E, Saucedo-Castaneda G.(2002) . *Biotech Prog.* **18** (2):193-200.
- 2.- Viniestra-González G., Favela-Torres E., Aguilar C.N., Romero-Gómez S., Díaz G., Augur C. (2003) *Biochem Eng J.* **13** 157-167.
- 3.- Martínez-Ramírez C., Esquivel C., Ferrera-Serrato D., Martínez-Ruiz. A., Rodríguez-Serrano G., Saucedo-Castañeda G. (2021) *Bioprocess & Biosys Eng.* doi.org/10.1007/s00449-021-02537-3
- 4.- Gradshteyn S. & I. Ryzhik M. (2014) *Table of Integrals, Series, and Products.* Academic Press. Octava edición.