

Tekstil Atık Sularında Enzimatik Tepkime Kinetiğinin Doğrusallaştırılması

Oğuz Akpolat^{1*}, Fatma Ayhan¹, Hakan Ayhan²

¹Muğla University, Faculty of Science, Department of Chemistry, Muğla, Turkey.

²Biochemist&Bioengineer, P.B:48; 48000 Muğla, Turkey.

oakpolat@mu.edu.tr

Özet: Tekstil sektöründe ham pamuğa ilk olarak uygulanan ağartma işlemi yapısında bulunan doğal renk pigmentlerinin hidrojen peroksit kullanılarak uzaklaştırılması olup, kalan hidrojen peroksit ise yıkamayla uzaklaştırılmaktadır. Ortamda kalan peroksit ise çevre açısından zararlı olacağından serbest olarak teknik peroksidaz (katalaz) ile enzimatik bir tepkimeyle su ve oksijene dönüştürülür. Ancak sulu ortamda gerçekleştirilen katalizör olarak ortama doğrudan katılan serbest enzimin aktivitesini kaybetmeden ekonomik olarak geri kazanımı mümkün değildir. Bunun çözümü de kullanılan katalaz enziminin taşıyıcısız olarak immobilize edilerek agregat formunda ortama eklenmesidir. Bu çalışmanın amacında taşıyıcısız katalaz enziminin immobilizasyon çalışmaları kapsamında, enzimin kimyasal yolla agregatlarını oluşturmak ve sentezlenen bu agregat enzim sistemlerini peroksit indigenmesi için sürekli sistemlerde sabit yataklı bir reaktöre yerleştirilerek, bu reaktör içerisinde indirgenme reaksiyonuna ilişkin kinetik parametreleri saptamaktır. Yapılan çalışma sonucunda yararlanılan enzimatik reaksiyonun kinetik parametrelerinin ifade edildiği hız denklemi doğrusallaştırılmış ve önerilen üç model için hesaplama algoritması yazılmış ve bu algoritmalar yardımıyla kinetik sabitler hesaplanmıştır.

Anahtar kelimeler: *Enzim immobilizasyonu, Atıksu, renk giderimi, kinetik*

Linearization of the Enzymatic Reaction Kinetics Data for Textile Waste Water

Abstract: First step for bleaching of row cotton in textile industry is removing of natural color pigments in its structure by hydrogen peroxide and, the hydrogen peroxide in its texture by washing. The hydrogen peroxide in washing for a problem for environment water is converted into water and oxygene by enzymatic reaction using technic catalaz enzyme, but this enzyme can not be reused. An proposel for the solution of this case is added the enzyme into the reactor in aggregate form. The aim of this work is produced the catalaz enzyme in aggregate form chemically and the kinetic parameters of the enzymatic reaction. At the end of study the reaction rate equation was linearized and the kinetic constans in proposed three models for linearization was calculated by written solution algorithm.

Keywords: Enzyme immobilization, waste water, decolorization, kinetics

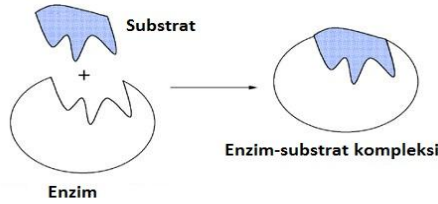
1. GİRİŞ

Tekstil sektöründe ham pamuk ilk olarak, ön terbiye işlemleri olarak da adlandırılan boyutlandırma, aşındırma ve ağartma olmak üzere üç temel adımda işlenir. Ancak bu işlemlerden sonra boyama ve örme aşamalarına geçilebilir. Bunlardan ağartma işlemi ise pamukta bulunan doğal renk pigmentlerinin hidrojen peroksit kullanılarak uzaklaştırılmasıdır. Ham pamukta kalan hidrojen peroksit ise yıkamayla uzaklaştırılmaktadır. Ancak ortamda kalan peroksit çevre açısından zararlı olacağından enzimatik bir tepkimeyle su ve oksijene dönüştürülür. Tekstil endüstrisinde bu amaçla serbest olarak teknik peroksidaz (katalaz) enzimi kullanılmaktadır. Ancak sulu ortamda gerçekleştirilen katalizör olarak ortama doğrudan katılan serbest enzimin aktivitesini kaybetmeden ekonomik olarak geri kazanımı mümkün değildir. Bunu çözümü de serbest olarak kullanılan ve çevreye atılan katalaz enziminin taşıyıcısız olarak immobilize edilmesinden sonra ortama eklenmesidir. Bu çalışmanın amacında taşıyıcısız katalaz enziminin immobilizasyon

çalışmaları kapsamında, enzimin kimyasal yolla agregatlarını oluşturmak ve sentezlenen bu agregat enzim sistemlerini peroksit indigenmesi için sürekli sistemlerde sabit yataklı bir reaktöre yerleştirilerek, bu reaktör içerisinde indirgenme reaksiyonu incelemek ve reaksiyona ilişkin kinetik parametreleri saptamaktır. Kinetik parametrelerin belirlenmesindeki en önemli adım ise bu parametreleri içeren reaksiyon hız ifadesini modellemektir. Enzimatik reaksiyonlar için kinetik parametrelerin ifade edildiği hız denklemleri genellikle doğrusal değildir. Bundan dolayı da reaksiyon hızlarının modellenmesi ve simulasyonu bazen çok karmaşık olmakta ve çözülmesi güç optimizasyon problemleri olarak karşılaşılmaktadır. Bu gibi durumlarda karmaşık olan hız ifadelerinin doğrusallaştırılması yoluna gidilir [1, 2, 3, 4, 5, 6, 7].

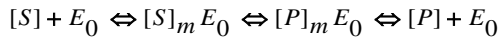
Enzim Kinetiği: Enzimler, canlı hücrelerin doğal olarak yapısında bulunan ve bu hücrelerinin tek başına veya çoklu olarak yer aldığı canlılar olarak adlandırılan biyolojik sistemlerin varlığının sürdürülebilmesi için gerekli olan kimyasalların,

biyokimyasalların üretilmesi ile gerekli olan enerjinin sağlanması, dengeli olarak dağıtılması ve biyolojik sistemlerden uzaklaştırılması sırasında karşılaşılan ve çok karmaşık yapıda oluşan bir dizi tepkimenin gerçekleşmesinde yer alarak onu kolaylaştırabilen, ancak bu tepkimelere doğrudan katılmayıp etkin rol alabilen biyolojik yapıdaki katalizörlerdir. Biyolojik sistemlere ilişkin tepkimelerin gerçekleştirilmesini sağlayan enzimlerin üretilmesini başlı başına bir çalışma alanı olup, daha sonra tekli veya çoklu olarak kullanılmak üzere, üretildikleri hücre yapısından ayrılmaları yani izolasyonları ve kullanımları için saflaştırılmaları gerekmektedir. Bu prosesler de hem çok karmaşık hem de pahalı olduklarından, çoğunlukla pahalı proseslerdir [7, 8, 9]. Enzimler substrata bağlanıp, ardından enzim-substrat yapısını oluşturarak tepkimelerin aktivasyon enerjisini düşürür. Enzim kullanımı tepkimenin denge sabitini etkilemez. Ancak aktivasyon enerjisinde, tepkime aynı sıcaklıkta yürütülmesine rağmen önemli şekilde düşme gözlenir. Şekil 1'den anlaşılacağı gibi enzimler özgül oldukları substrat ile etkileşerek enzim-substrat yapısını oluştururlar [10, 11].



Şekil 1. Anahtar-kilit Modelinin Şematik Gösterimi

Genel olarak tepkime hızı tepkimeye giren bileşenlerin ya da ürünlerin zamana bağlı olarak derişiminin bir ifadesi olup S, substrat, P, ürün ve E_0 'dan başlangıçtaki enzim derişimlerini göstermek üzere genel tepkime denklemi için önerilen tepkime hızı aşağıdaki gibi verilmiştir. Bunlar;



veya (1)



$$v \text{ veya } r = -\frac{dS}{dt} = \frac{dP}{dt} \quad (3)$$

olarak yazılır ve enzimatik olmayan birinci mertebe tepkimeler için en basit tepkime kinetik modeli

$$v = kS \quad (4)$$

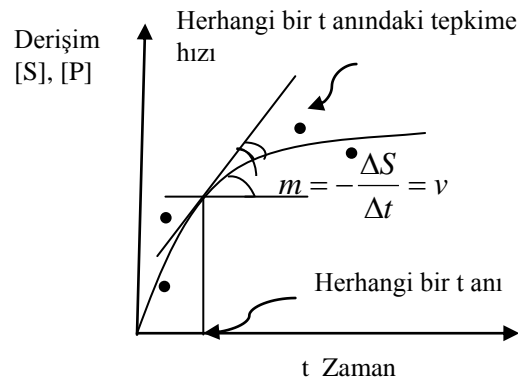
şeklinde iken, bu enzimatik tepkimeler için biraz daha karmaşık olup, Michealis- Menten tarafından aşağıdaki gibi önerilmiş ve uygulamada büyük oranda başarı sağlamıştır.

$$v = \frac{v_m [S]}{K_m + [S]} \quad (5)$$

Buradan K_m enzimatik tepkimeleri için önerilmiş olan Michealis-Menten kinetik sabitini belirtmektedir. v_m ise ulaşılabilecek en yüksek tepkime hızıdır. Tepkime hızlarının bulunması başlı başına bir işlem olup Şekil 2.2'den anlaşılacağı gibi tepkimeye ilişkin çizilecek zaman-derişim eğrisinin belirlenen noktalarındaki teğetlerinin eğiminden hesaplanabilir. Tepkime hızının hesaplanması zamana ilişkin bir limit işlemi olup, hız hesaplanması

$$v = -\frac{\Delta S}{\Delta t \lim_{\Delta t \rightarrow 0}} = -\frac{dS}{dt} \quad (6)$$

zamana bağlı çizelge haline getirilseydi bu Çizelge 2'deki gibi olurdu [13].



Şekil 2. Tepkime hızlarının zaman-derişim eğrisinden hesaplanması

Görüldüğü gibi tepkime hızlarının bulunmasından sonra ancak kinetik sabitlerin uygun bir yöntemle hesaplanabileceği anlaşılmaktadır. Birinci mertebe enzimatik olmayan tepkimeler için bu, tepkime hızı-derişim grafiğinde çizilecek olan doğrunun eğiminden hesaplanırken, enzimatik tepkimeler için bunun ancak olarak önerilen kinetik modelin doğrusallaştırılmasıyla gerçekleştirilebileceği anlaşılmaktadır [7, 11].

Çizelge 2. Tepkime Hızlarının Hesaplanması (Buradaki hızlar her bir başlangıç derişim değeri için hızın doğrusal değiştiği başlangıç bölgesi içindir $v \ll v_m$)

T ($\Delta t=1$)	[S]	v (Adım adım)	v (Toplam)
$t_0=0$	S_0	$v_0=0$	$v_0=0$
$t_1=1$	S_1	$v_1=(S_1-S_0)/\Delta t$	$v_1=(S_1-S_0)/\Delta t$
$t_2=2$	S_2	$v_2=(S_2-S_1)/\Delta t$	$v_2=(S_2-S_0)/\Delta t$
...
$t_n=t_n$	S_n	$v_n=(S_n-S_{n-1})/\Delta t$	$v_n=(S_n-S_0)/\Delta t$

Enzim aktivitesini değiştiren etmenler; Bunlar Sıcaklık, pH, Enzim Derişimi, Substrat Derişimi,

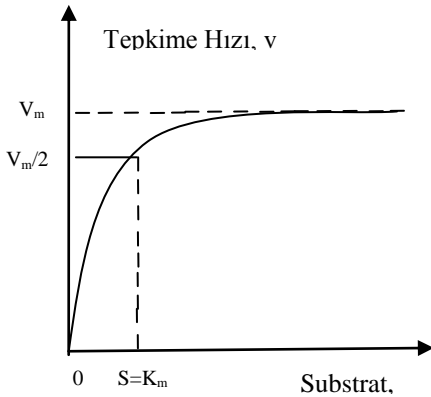
Ürün Derişimi, Tepkime Süresi ekileri olup, sıcaklık etkisi aşağıdaki Arhenius eşitliği ile tanımlanır [7].

$$K_m(T) = A \cdot \exp(-E_a / RT) \quad (7)$$

Maksimum hıza ulaşılan o noktadan sonra sıcaklık düşmeye başlar ve enzimin üç boyutlu yapısı bozulur. Sıcaklık artışı ile enzim aktivitesinin düşmesi olayına “termal denatürasyon” adı verilmektedir.

Michealis-Menten tipi kinetik için hız parametrelerinin deneysel olarak tespit edilmesi

Michealis-Menten tarafından önerilen kinetik modeldeki K_m ve v_m değerlerinin yüksek hassasiyette belirlenmesi oldukça zor olabilir. Deneysel veriler genellikle başlangıç-hız deneylerinden elde edilir ve bunun için kesikli çalışan bir reaktör bilinen miktarda substrat $[S_0]$ ve enzim $[E_0]$ ile yüklenir. Giriş bölümünde açıklandığı gibi, ürün (veya substrat) derişiminin zamana karşı grafiği çizilip eğrinin eğimi hesaplanır. Farklı $[S_0]$ ve $[E_0]$ başlangıç değerleri için v ve $[S]$ eğrileri Şekil 3’deki gibi gösterilebilir. Ancak böyle bir çizimden kesin bir K_m değeri belirlemek zordur. Bundan dolayı alternatif olarak muhtelif hesaplama yöntemleri geliştirilmiştir [12].



Şekil 3. Substrat Derişiminin Tepkime Hızına Etkisi

Kinetik modelin doğrusallaştırılması: Michealis-Menten kinetik modelindeki K_m (Hız sabiti) ve v_m (maksimum hız) sabitlerinin hesaplanması sırasında, denklem doğrusal bir özellik taşımadığından doğrudan çözümü ancak ya kinetik modeli de içeren Şekil 3’de sembolik olarak gösterilen uygun eğri çizilerek doğrudan benzeştirilmesi ile (simulasyon ile) ya da denklemin öncelikle doğrusallaştırılması yapılabilir. Simulasyon karmaşık bir işlem olduğundan onun yerine doğrusallaştırma tercih edilerek işlem basitleştirilebilir, ancak yapılan basitleştirme işlemi ile tüm kinetik etkileri tam olarak gösterilemeyebilir. İster doğrusal olsun isterse olmasın tüm simulasyon eğrilerinin çizimi bir optimizasyon işlemi olup, bu noktaların çizilen eğriye olan uzaklıklarının toplamını en aza indiren

(minimize eden) bir optimizasyon problemidir ve bu problemin çözümüne ilişkin olarak gerekli olan sayısal çözümlene yöntemlerine ihtiyaç duyar [14]. Aşağıda kinetik modelin doğrusallaştırılmasına ilişkin üç yaklaşımdan Line weaver-Burk Yöntemi üzerinde durulmuştur Eşitlik 5’de verilen Michealis-Menten kinetik modeli Line weaver-Burk formu ile doğrusallaştırılarak eşitlik 8 elde edilir.

$$\frac{1}{v} = \frac{1}{v_m} + \frac{K_m}{v_m} \frac{1}{[S]} \quad (8)$$

bu denklemde gösterilen $1/S$ ’ye karşı $1/v$ ’nin çizimi K_m/v_m eğimli doğrusal bir çizgi verir ve y eksen $1/v_m$ ile kesişir. Bu yaklaşımın gerçekleştirilebilmesi için farklı başlangıç derişimlerinde yapılacak denemelerden hızın doğrusal değiştiğinin bilindiği başlangıç bölgesindeki derişim farkından hesaplanabilecek hızların gerektiği unutulmamalıdır.

Line weaver-Burk çizimi v_m üzerine güzel tahminler verir, ancak K_m için aynı başarıyı veremez çünkü verilerin Line weaver-Burk çizimindeki hatası simetrik değildir ve regrasyon analizini uygulamalarında bu tür çizimlerde dikkatli olunmalıdır ve düşük substrat derişimlerinde sonuçlar biraz sapabilir. Diğer iki model ise $v=v_m + K_m v/[S]$ formunda Eadie Hoops ve $[S]/v = K_m/v_m + 1/v_m [S]$ formunda Hanes_Woolf tarafından geliştirilmiştir [12].

2. YÖNTEM

Sunulan çalışmada; **Horseradish Peroksidaz Enziminin** çapraz bağlı enzim agregatları oluşturularak **Taşıyıcısız İmmobilizasyonu** gerçekleştirilmiştir. Deneysel çalışmanın ikinci adımında ise **Peroksidaz Enziminin Aktivite Tayini** yapılmıştır. Buradaki ölçümler **Hidrojen Peroksit Tayini** ile gerçekleştirilmiştir. **Tepkime hızları ve kinetiğinin bulunması adımı**nda ise, önce H_2O_2 ’in tüketim hızın doğrusal değiştiği ilk hız bölgesi için hesaplanmış olup ardından da farklı başlangıç koşulları için tepkime kinetik sabitleri Michealis-Menten kinetik modelinin doğrusallaştırılmış Line weaver-Burk formu kullanılarak bulunmuştur. Daha sonar benzer olarak Eadie-Hopstee ve Hanes_Woolf modelleri denenmiştir [7, 15]. Hazırlanan algoritmaya ilişkin bilgisayar programın tüm adımları yazılım çıktısında gösterilmiştir. Tepkimeye ilişkin çizilen derişim tepkime hızı ve doğrusallaştırılmış hız modellerine ilişkin eğriler Şekil 4, 5, 6 ve 7’de verilmiştir. Son olarak da serbest enzim için hesaplanan kinetik sabitler program çıktısı olarak Çizelge 5’de sunulmuştur. Çizelge 3 ve 4 ise deney setlerinde ölçülen derişim ve buna bağlı olarak hesaplanan tepkime hız değerleridir.

Çizelge 3. Serbest enzim ile farklı başlangıç koşullarında yapılan deney setleri için ölçülen Zaman-Derişim değerleri (İlk dakikadaki hız değişiminin doğrusal olduğu kabul edilerek hesaplanan Tepkime Hız değerleri Çizelge 4’de verilmiştir).

Zaman t	Derişim [S] (mol/L)					
(dak)	SetI	SetII	SetIII	SetIV	SetV	SetVI
0	0	0	0	0	0	0
1	0.013122	0.021642	0.032044	0.042181	0.050107	0.055302
2	0.019683	0.043284	0.064088	0.084362	0.100214	0.110604
3	0.024057	0.064926	0.096132	0.126543	0.150321	0.165906
4	0.027338	0.086568	0.118176	0.148724	0.180428	0.201208
5	0.029962	0.09179	0.13022	0.160905	0.200535	0.22651
6	0.032149	0.097015	0.134526	0.173086	0.210642	0.231812

Çizelge 4. Serbest enzim için farklı başlangıç koşullarındaki Derişim-Tepkime Hızı değerleri (EXCEL VERİ DOSYASI)

Derişim [S] (mol/L)	Tepkime Hizi v (mol/L* dak)
0	0
0.05	0.013122
0.1	0.021642
0.2	0.032044
0.4	0.042181
0.8	0.050107
1.6	0.055302

MATLAB DOSYASI:

```
% C:\ ... \ ...
\Linea_Weaver_Burk_01_Enzim_01.m
% Mugla Üniversitesi Fen Fakültesi
% Kimya Bölümü % 2012
%=====
clear all, clc,   clf
% -----

% PART 0
'Enzim_X_Linea_Weaver_Burk_01_Liter
atur_Fig0'
Lin_Wea_Brk=xlsread('Linea_Weaver_B
urk_01_Enzim_01.xls');
LWB(:,1)=Lin_Wea_Brk(:,1);
Ver_Nok=length(LWB)
% PART II Curve by Experimental
Results
% Model      y      (a0)    (a1)    x
% Line weaaver-Burk (LW)'
% 1/v      1/Km    Km/vm    1/[S]
% v        S        1/v      1/S'
% '-----
Km=Lin_Wea_Brk(1,2)    % mol/L
```

```
% v=mol/L*dak
vm=Lin_Wea_Brk(1,3)    % mol/L*dak
Km_vm_LW_EH_HW(1,1)=Km;
Km_vm_LW_EH_HW(1,2)=vm;
L(1,1)=0;L(1,2)=0;
for i=1:Ver_Nok
S=LWB(i,1); L(i+1,1)=S;
v=(vm*S)/(Km+S); LWB(i,2)=v;
L(i+1,2)=v;
LWB(i,3)=1/S;      LWB(i,4)=1/v;
end
% format long , LWB
% xmin=-max(LWB(i,3)*3);
% xmax=max(LWB(i,3)*3);
% ymin=0; ymax=max(LWB(i,4)*3);
% plot(LWB(:,3), LWB(:,4),'*')
% figure(0)
% axis([xmin xmax ymin ymax])
% xlabel('1/[S]'),ylabel('1/v')
% title('Linea Weaver-Burk-Fig1');
grid, L,
xlswrite('Linea_Weaver_Burk_01_Enzi
m_01_01_S_v.xls',L);
figure(1), plot(L(:,1),L(:,2),'o')
xlabel('[S]'),ylabel('v')
title('Enzim X Derişim Hiz 01 Model
Fig0')
legend('S=Km=vm/2=Maksimum
Hiz/2');grid
% -----

% PART I
% Grafik Koordinatlari Icin
Deneyisel Olcum Verilerinin Alinmasi
H2O2_Mod_Ver_00_Enz_00_Ver_Nok(:,1)
=LWB(:,1);
H2O2_Mod_Ver_00_Enz_00_Ver_Nok(:,2)
=LWB(:,2);
H2O2_Mod_Ver_00_Enz_00=H2O2_Mod_Ver
_00_Enz_00_Ver_Nok;
Ciz_Ara=0.001;
% -----
```

```

% Grafik İçin Derisim-Hiz_Bas_01
Miktar Degerlerinin Olusturulmasi
Sc_Bas_01(1:Ver_Nok,1:1)
=H2O2_Mod_Ver_00_Enz_00(1:Ver_Nok,1
:1);
vc_Bas_01(1:Ver_Nok,1:1)
=H2O2_Mod_Ver_00_Enz_00(1:Ver_Nok,2
:2);
S=Sc_Bas_01;          v=vc_Bas_01;
LW(:,1)=v(:,1); LW(:,2)=S(:,1);
EH(:,1)=v(:,1); EH(:,2)=S(:,1);
HW(:,1)=v(:,1); HW(:,2)=S(:,1);
%v,S, LW, EH,HW
% -----
'Enzim_X_Linea_Weaver_Burk_01_Model
_Fig1'

% PART II Curve Fitting by
Experimental Results by Least
Sequare Method
% Model      y      (a0)    (a1)    x
% Line weaaver-Burk (LW) '
% 1/v      1/Km    Km/vm    1/[S]
% v        S        1/v      1/S'
% -----
for i=1:Ver_Nok
vi=LW(i,1); Si=LW(i,2);
vt(i)=1/vi;   St(i)=1/Si;
LW(i,3)=vt(i); LW(i,4)=St(i);
end
%format long , LW
LH(:,1:1)=LW(:,3); LH(:,2:2)=LW(:,4)
; LH; % INPUT DATA
n=1; %'n. Order Polynomial Model
for Curve Fitting (n=1
Linear)Kinetics'
[p,S] = polyfit(LH(:,2),LH(:,1),n)
x = (-max(LH(:,2)): Ciz_Ara:
max(LH(:,2))); f = polyval(p,x);
figure(2),
plot(LH(:,2),LH(:,1), 'o',x,f, '-')
xlabel('1/[S]'),ylabel('1/v')
title('Enzim X Linea Weaver Burk 01
Model Fig1');grid
LH2=polyval(p,LH(:,1)); R2 =
corrcoef(LH(:,2),LH2)
a0=p(2); Km_LW=1/a0, a1=p(1);
vm_LW=Km_LW/a1
Km_vm_LW_EH_HW(1,4)=Km_LW;
Km_vm_LW_EH_HW(1,3)=vm_LW;
% -----
'Enzim_X_Eadie-
Hopstee_01_Model_Fig2'

% PART II Curve Fitting by
Experimental Results by Least
Sequare Method
% Model      y      (a0)    (a1)    x
% Eadie-Hopstee (EA) ',
% v        vm      Km      v/[S]
% v        S        v      v/S'

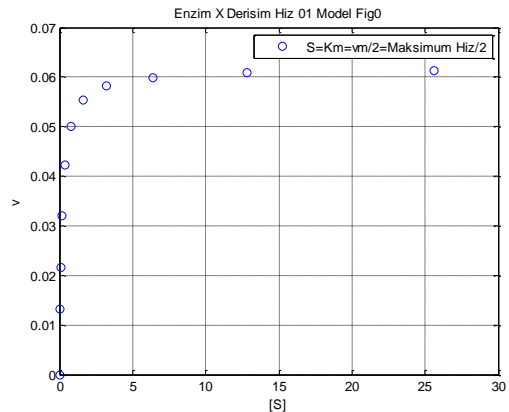
```

```

%'-----
for i=1:Ver_Nok
vi=EH(i,1); Si=EH(i,2);
vt(i)=vi;   St(i)=vi/Si;
EH(i,3)=vt(i); EH(i,4)=St(i);
end
% format long, EH
HH(:,1:1)=EH(:,3); HH(:,2:2)=EH(:,4)
; HH; % INPUT DATA
n=1; %'n. Order Polynomial Model
for Curve Fitting (n=1
Linear)Kinetics'
[p,S] = polyfit(HH(:,2),HH(:,1),n)
x = (-max(HH(:,2)): Ciz_Ara:
max(HH(:,2))); f = polyval(p,x);
figure(3),
plot(HH(:,2),HH(:,1), 'o',x,f, '-')
xlabel('v/[S]'),ylabel('v')
title('Enzim X Eadie Hopstee 01
Model Fig2');;grid
HH2=polyval(p,HH(:,1)); R2 =
corrcoef(HH(:,2),HH2)
a0=p(2); vm_EH=a0, a1=p(1);
Km_EH=-a1
Km_vm_LW_EH_HW(1,5)=Km_EH;
Km_vm_LW_EH_HW(1,6)=vm_EH;
% -----
'Enzim_X_Hanes_Woolf_01_Model_Fig3'

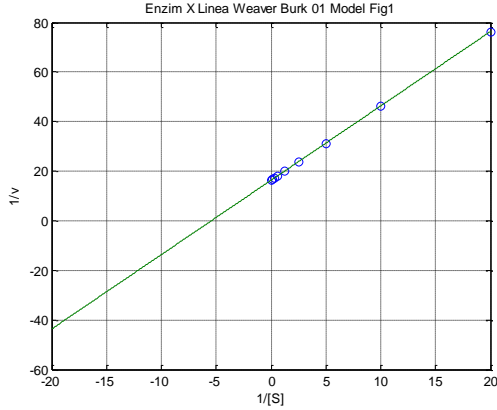
% PART II Curve Fitting by
Experimental Results by Least
Sequare Method
% Model      y      (a0)    (a1)    x
% Hanes_Woolf (HW) '
% [S]/v    Km/vm  1/vm    [S]
% v        S        [S]/v    [S]'
% -----
for i=1:Ver_Nok
vi=HW(i,1); Si=HW(i,2);
vt(i)=Si/vi;   St(i)=Si;
HW(i,3)=vt(i); HW(i,4)=St(i);
end
% format long , HW

```

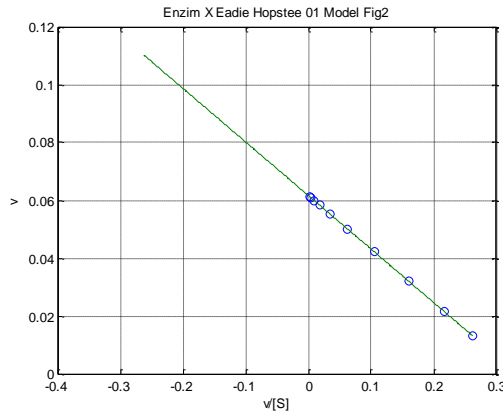


Şekil 4. Tepkime derişimi-hız grafiği

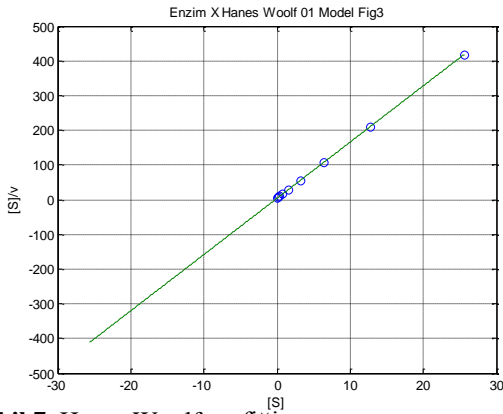
Tekstil Atık Sularında Enzimatik Tepkime Kinetiğinin Doğrusallaştırılması



Şekil 5. Linea_Weaver_Burk grafiği



Şekil 6. Eadie Hopstee grafiği



Şekil 7. Hanes Woolf grafiği

```

WH(:,1:1)=HW(:,3);WH(:,2:2)=HW(:,4)
; WH; % INPUT DATA
n=1; %'n. Order Polynomial Model
for Curve Fitting (n=1
Linear)Kinetics'
[p,S] = polyfit(WH(:,2),WH(:,1),n)
x = (-max(WH(:,2)):Ciz_Ara:
max(WH(:,2))); f = polyval(p,x);
figure(4),
plot(WH(:,2),WH(:,1),'o',x,f,'-')
xlabel('[S]'),ylabel('[S]/v')

```

```

title('Enzim X Hanes Woolf 01 Model
Fig3');;grid
WH2=polyval(p,WH(:,1)); R2 =
corrcoef(WH(:,2),WH2)
a0=p(2); a1=p(1); vm_HW=1/a1,
Km_HW=a0*vm_HW
Km_vm_LW_EH_HW(1,7)=Km_HW;
Km_vm_LW_EH_HW(1,8)=vm_HW;
Km_vm_LW_EH_HW
xlswrite('Linea_Weaver_Burk_01_Enzi
m_01_02_Km_vm_LW_EH_HW.xls',Km_vm_L
W_EH_HW),
% -----

```

Çizelge 5. Serbest enzim için farklı başlangıç koşullarındaki Derişim-Tepkime Hızı değerleri (EXCEL VERİ DOSYASI)

Serbest Enzim I	Km (mol/L*dak)	Vm (mol/L)
Lin-wea-Brk	0.020567	0.0617
Eadie-Hof	0.1851	0.0617
Hanes_Woolf	0.1851	0.0617

3 SONUÇLAR VE TARTIŞMA

Yapılan bu çalışmanın amacında taşıyıcısız katalaz enziminin immobilizasyon çalışmaları kapsamında, enzimin kimyasal yolla agregatlarını oluşturmak ve sentezlenen bu agregat enzim sistemlerini peroksit indirgenmesi için sürekli sistemlerde sabit yataklı bir reaktöre yerleştirilerek, bu reaktör içerisinde indirgenme reaksiyonuna ilişkin kinetik parametreleri saptamaktır. Yapılan çalışma sonucunda yararlanılan enzimatik reaksiyonun kinetik parametrelerinin ifade edildiği hız denklemini doğrusallaştırılmış ve önerilen üç model için hesaplama algoritması yazılmış ve bu algoritmalar yardımıyla kinetik sabitler hesaplanmıştır. Sonuçlar incelendiğinde kinetik verilerin doğrusallaştırılması için hazırlanan algoritma önerilen üç doğrusallaştırma modeli için hem kendi içinde uyumlu hemde birbirleriyle çok sayı sonuç vermiş olup, hesaplanan kinetik verilerin ise literature çalışmalarıyla karşılaştırıldığında kabul edilebilir düzeyde olduğu anlaşılmaktadır.

4. KAYNAKLAR

- [1] Erenler, A., Biyoenzimler ve Biyoenzimlerin Örne Kumaş Özelliklerine Etkisi, Yüksek Lisans, Çukurova Üniversitesi, Adana, 2009, 100 s.
- [2] Körlü, A., Altay, P., 2009. Enzimatik Yün terbiyesi, Tekstil Teknolojileri Elektronik Dergisi, 3(2): 81-91
- [3] İnkaya, T.;Eren, H.A.; Anış, P., 2008. Pamuk Ağartılmasında Lakkaz/ Mediator Sistemlerinin Oksijen ve Ozon İle Kombine Edilmesi, Pamukkale Üniversitesi Mühendislik Fakültesi Mühendislik Bilimleri Dergisi, 14(1), 77-82 s.

- [4] Özata, A., Kutlu, M., 2000. Enzimoloji Ders Notları, T.C:Anadolu Üniversitesi Yayınları, Eskişehir, 1-8 s.
- [5] İspirli, Y.; Taşıyıcısız İmmobilizasyon Yöntemiyle Çapraz Bağlı Glukoz Oksidaz (GOD) Enzim Agregatlarının ve Kristallerinin Sentezi ve Karakterizasyonu, Yüksek Lisans, Muğla Üniversitesi, Muğla, 2008, 79 s.
- [6] Topçular, C., Taşıyıcılı ve Taşıyıcısız Sistemlerde İmmolize Peroksidaz Enziminin Karakterizasyonu, Yüksek Lisans, Hacettepe Üniversitesi, Ankara, 2006, 71 s.
- [7] Bailey, J.E.; Ollis, D.F., 1986. Biochemical Engineering Fundamentals, McGraw-Hill Book Company, Singapore
- [8] Telefoncu, A., 1997. Enzimoloji, Lisansüstü Yaz Okulu, Aydın, Türkiye, 1-4, 8-11, 197, 213-216 s
- [9] Kieran, P., Berovic, M., (Edit), 2001. Bioprocess Engineeirng Course Notes, The European Federation of Biotechnology, 286-288 s.
- [10] Sheldon, R.A, 2007. Enzyme Immobilization: The Quest for Optimum Performance, Adv. Synth. Catal Wiley-VCH Verlag GmbH&Co. KGaA, Weinheim, 1298-1300 s.
- [11] <http://www.chemistry.wustl.edu/~edudev/LabTutorials/Carboxypeptidase/carboxypeptidase.html>, 22.11.2011
- [12] Shuler, M.L., Kargi, F., 1992. Bioprocess Engineering Basic Concepts, Prentice Hall, Englewood Cliffs, New Jersey, 64-67 s.
- [13] Lübbert, A., Simutis, R.; Volk, N., S.; Galvanuskas, V., 2000, Biochemical Process Optimization and Control, Hands-on Course, Martin Luther Universitat, Germany
- [14] Akpolat, O., 2009. Matlab Uygulamaları ile Endüstriyel Ekonomi, Muğla Üniversitesi Yayınları, Muğla, 116-119 s.
- [15] Arifoğlu, U., 2005. Matlab 7.04 Simulink ve Mühendislik Uygulamaları, Alfa Ltd