

## Modelagem matemática do crescimento de microrganismos em alimentos

**Weber S. Robazzi**

Universidade do Estado de Santa Catarina (UDESC) - Departamento de Engenharia de Alimentos  
89870-000, Campus CEO, Pinhalzinho, SC  
E-mail: wrobazzi@yahoo.com.br

**Jhony T. Teleken**

Universidade do Estado de Santa Catarina - Departamento de Engenharia de Alimentos  
89870-000, Campus CEO, Pinhalzinho, SC  
E-mail: jhony\_tt@yahoo.com.br

**Gilmar A. Gomes**

Universidade do Estado de Santa Catarina - Departamento de Engenharia de Alimentos  
89870-000, Campus CEO, Pinhalzinho, SC  
E-mail: gilmargomess@yahoo.com.br

### RESUMO

O uso de modelos matemáticos para o estudo do crescimento biológico contribui de forma significativa para o entendimento e desenvolvimento de novas teorias sobre o sistema estudado. Os modelos de crescimento são empregados com frequência no estudo da microbiologia preditiva. Isto porque uma das principais preocupações no processamento, embalagem e distribuição de alimentos relaciona-se ao controle do desenvolvimento microbiano, visando eliminar os riscos à saúde do consumidor, bem como prevenir ou retardar o surgimento de alterações indesejáveis nos alimentos [3].

Em todos os casos de crescimento microbiano envolvendo variáveis ambientais, os modelos são descritos por equações diferenciais. A abordagem matemática envolvida nos modelos de crescimento parte do princípio de que o ambiente determina o potencial de crescimento do microrganismo, levando em consideração o processo de adaptação e desenvolvimento das células ao novo ambiente [2]. O objetivo deste trabalho consistiu em propor e avaliar um modelo matemático para estudar o crescimento de microrganismos no leite.

Para este fim, foi proposto um sistema de duas equações diferenciais, uma das quais descreve o aumento do número de células em função do tempo ( $dN(t)/dt = \mu(N).N(t)$ ) e a outra descreve a diminuição da taxa com que isso ocorre em função da população e condições ambientais às quais ela está exposta ( $d\mu(N)/dN(t) = -\alpha.N(t)^m$ ). Sendo  $N(t)$  a população no tempo  $t$ ,  $\mu(N)$  a taxa de crescimento específico e  $m$  e  $\alpha$  parâmetros representativos do microrganismo estudado e das condições ambientais.

A taxa de crescimento proposta decai com o aumento da população, o que indica que a taxa de crescimento inicial é equivalente à taxa de crescimento máxima do organismo, ou seja, o modelo está trabalhando apenas com a fase exponencial de crescimento. Algumas das equações tradicionais na descrição de crescimento biológicos trabalham com este princípio, a equação logística e a equação modificada de Gompertz não consideram a fase de adaptação (fase lag), mas apenas o aumento do número de células, uma vez iniciado o crescimento exponencial [1], o que justifica a hipótese empregada. O parâmetro  $\alpha$  está relacionado com as condições ambientais às quais o microrganismo está exposto. Estas condições exercem grande influência sobre a taxa de crescimento do microrganismo, afetando diretamente a população máxima,  $N_f$ , atingida pelo microrganismo. Usando como base esse princípio, é possível expressar  $\alpha$  em termos de  $N_f$  através do cálculo da assíntota horizontal presente na curva de crescimento. O emprego deste procedimento fornece a seguinte forma funcional, para  $m \neq -1$ :

$$N(t) = N_f \cdot \left\{ \left( \frac{N_f^{m+1} - N_0^{m+1}}{N_0^{m+1}} \right) e^{-t \left[ \frac{\mu_0(m+1)N_f^{m+1}}{N_f^{m+1} - N_0^{m+1}} \right]} + 1 \right\}^{\frac{1}{m+1}}$$

A função obtida (com  $m \neq -1$ ) foi empregada para descrever dados do crescimento de *Pseudomonas* em leite UHT. Os dados foram obtidos na base de dados COMBASE (www.combase.cc), a qual é a fonte de referências mais importante da área. A Figura 1 mostra o ajuste do modelo proposto neste trabalho para os dados experimentais:

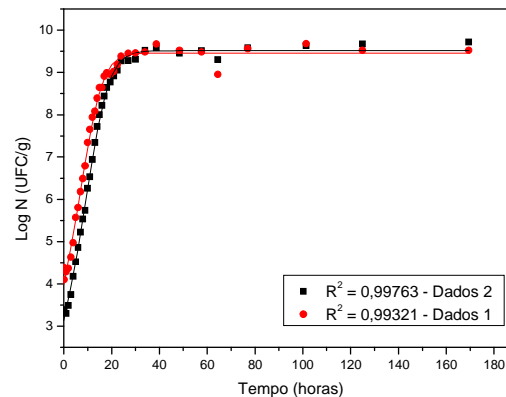


Figura 1 - Curva de crescimento ajustada a dados experimentais de *Pseudomonas* em leite UHT

Na Figura 1 estão representados dois conjuntos de dados experimentais, os quais foram ajustados pelo modelo proposto. Em ambos os casos o coeficiente de determinação,  $R^2$ , foi superior a 0,99, indicando um bom ajuste. Os parâmetros calculados através do ajuste foram: Dados 1-  $N_0 = 3,9934$ ,  $N_f = 9,4587$ ,  $\mu_0 = 0,0665$  e  $m = 2,9447$ ; Dados 2-  $N_0 = 3,1395$ ,  $N_f = 9,5146$ ,  $\mu_0 = 0,0747$  e  $m = 2,2884$ . O parâmetro  $\mu_0$  representa a taxa de crescimento inicial do microrganismo, portanto, como a curva ajustada com os dados 2 apresentou um maior  $\mu_0$  quando comparada a outra, esta apresentou um maior ganho de UFC/g ao longo do tempo. Já o parâmetro  $m$  expressa a velocidade de crescimento, sendo que, quanto maior o valor de  $m$ , menor será o tempo necessário para que o microrganismo atinja sua fase estacionária, como ocorre com a curva ajustada com os dados 1, a qual apresentou um valor numérico de  $m$  maior que o da curva ajustada com os dados 2. Apesar do modelo ter se apresentado eficiente no ajuste destes dados, pode não apresentar o mesmo desempenho quando ajustados os dados de crescimento em que a fase lag se faz nitidamente presente, pelo fato de que o modelo foi proposto levando apenas em consideração a fase de crescimento exponencial.

**Palavras chave:** modelagem matemática, crescimento biológico, equações diferenciais

### Referências

- [1] BARANYI, J.; METRISA, A.; LE MARC, Y.; ELFWING, A.; BALLAGI, A.; Modelling the variability of lag times and the first generation times of single cells of *E. coli*. **International Journal of Food Microbiology**, v. 100, p. 13-19, 2005.
- [2] BARANYI, J.; ROBERTS, T. A.; MCCLURE, P.; A non-autonomous differential equation to model bacterial growth. **Food Microbiology**, v. 10, p. 43-59, 1992.
- [3] FRANCO, B. D. G. M.; LANDGRAF, M. **Microbiologia dos alimentos**. São Paulo: Atheneu, 2007.