

Capítulo 31**Doi.org/10.53934/9786585062060-31****MODELAGEM MATEMÁTICA DO CRESCIMENTO DE
PSEUDOMONAS SPP. EM CARNE SUÍNA**

Amanda Martins Santos ; **Bianca Ferreira Augustinho** ; **Débora Rodrigues Vieira Toledo** ; **Thays Priscila de Sousa Alves** ; **Ellen Godinho Pinto** ; **Maria do Socorro de Caldas Pinto** ; **Wiaslan Figueiredo Martins** 

**Autor correspondente (Corresponding author) – Email:*
wiaslan.martins@ifgoiano.edu.br

Resumo: O objetivo deste trabalho foi modelar o crescimento de *Pseudomonas* spp. em carne suína refrigerada às temperaturas de 4,5 °C, 7,1 °C, 9,1 °C e 10,4 °C utilizando o software *ComBase*. Os dados do crescimento de “*Pseudomonas* spp.” em carne suína foram adquiridos do trabalho de Zomer (1992) disponíveis na base de dados *ComBase* e o modelo de Baranyi e Roberts foi ajustado as curvas de crescimento estabelecendo modelagem primária e secundária. Pode-se afirmar que o modelo apresentou ótimo desempenho para descrever o crescimento de *Pseudomonas* spp. em carne suína nas quatro temperaturas avaliadas, com valores de R^2 entre 0,971 e 0,993 e Erros Padrão dos ajustes próximos de zero. As previsões do crescimento em condições de oscilação de temperatura destacam a importância na manutenção da cadeia do frio, pois uma mínima alteração nessas condições pode provocar um aumento expressivo no crescimento do micro-organismo em estudo. Com isso, constata-se que o uso de softwares em microbiologia preditiva demonstra uma ferramenta importante para a indústria de alimentos, auxiliando principalmente no controle da vida útil e conservação da carne e dos produtos cárneos.

Palavras-chave: deterioração; microbiologia preditiva; vida útil

INTRODUÇÃO

A produção de carne suína no Brasil vem ganhando destaque em comparação as demais espécies. Segundo o IBGE (1), durante o 1º trimestre de 2022, foram abatidas 13,64 milhões de cabeças de suínos, representando aumento significativo comparado ao ano de 2021. Isso está associado a ascensão do consumo dessa carne, que no Brasil seu consumo per capita foi de 15,3 kg por habitante em 2020 (2). Da carcaça suína podem ser obtidos diversos cortes, como a paleta, sobrepaleta (copa-lombo), barriga, costela, carré, lombo, filezinho, pernil, joelhos, rabo, pés inteiros ou cortados, entre outros. Esses, ainda, podem sofrer o processo de industrialização, gerando novos produtos alimentícios de carne suína (3).

A deterioração da carne e dos produtos cárneos é fortemente determinada pelo crescimento de bactérias na superfície da carne. Em condições de aerobiose e em armazenamento refrigerado as carnes são deterioradas predominantemente por aeróbios e anaeróbios facultativos, como: *Pseudomonas* spp., *Brochothrix thermosphacta*,

Shewanella putrefaciens, *Carnobacterium* spp., *Lactobacillus* spp., membros da família Enterobacteriaceae, entre outras bactérias ácido-lácticas (4).

O desenvolvimento de micro-organismos deteriorantes é influenciado por fatores intrínseco e extrínsecos. A carne e os produtos cárneos possuem em sua composição fatores intrínsecos favoráveis ao desenvolvimento microbiano, como atividade de água (aw), pH e nutrientes. Além disso, a temperatura é um fator extrínseco que influencia diretamente na velocidade de crescimento dos micro-organismos. Além disso, não possui constituintes antimicrobianos. E para estudar os parâmetros de crescimento, destaca-se a ferramenta da microbiologia preditiva (5, 6).

A microbiologia preditiva é uma ferramenta que utiliza modelos matemáticos para prever os efeitos de vários fatores, como a temperatura, a quantidade de sal e de conservantes no comportamento microbiano nos alimentos. Foi desenvolvida por Bigelow, Esty e Meyer no início do século XX para descrever a cinética de morte bacteriana por calor. Sofreu diversos progressos com o decorrer dos anos, surgindo novos modelos e análises multivariadas e, atualmente, o conhecimento sobre estatística aplicada, engenharia e microbiologia estão integrados com a microbiologia preditiva. Assim, são encontrados softwares que utilizam modelos matemáticos que fornecem informações sobre os processos microbiológicos, que auxiliam na estimativa da vida útil e permitem a simulação da influência de diversos fatores (7).

Portanto, objetivou-se, neste trabalho, modelar o crescimento de *Pseudomonas* spp. em carne suína refrigerada a 4,5 °C, 7,1 °C, 9,1 °C e 10,4 °C, utilizando o software *ComBase*.

MATERIAL E MÉTODOS

Os dados de crescimento em diferentes temperaturas foram obtidos no banco de dados *ComBase* (www.combase.cc), utilizando a categoria de alimento “Pork” e o micro-organismo “*Pseudomonas* spp.”. Foram selecionados dados do crescimento (\log_{10} UFC/g) de *Pseudomonas* spp. em carne suína em 4 diferentes temperaturas de armazenamento: 4,5 °C, 7,1 °C, 9,1 °C e 10,4 °C. Os dados foram reportados da pesquisa de Zomer (8), intitulada “*Exploratory investigation into the experimental design of shelf-life tests with fresh meat as a model system (in Dutch)*”, publicada no periódico “*TNO report*”. Os autores, nessa pesquisa, avaliaram o processo de desenvolvimento de *Pseudomonas* spp. em carne bovina (CB) ou suína (CS) embaladas em filme plástico de Poliestileno com alta permeabilidade ao oxigênio.

Para uma avaliação mais biológica sob a presença de micro-organismos e as consequências que eles desencadeiam no alimento armazenado, foi utilizado o modelo matemático primário de Baranyi e Roberts (9). Ele analisa a dinâmica do crescimento do micro-organismo em função do tempo, sendo um modelo matemático primário sigmoidal com função de ajuste e está representado pelas equações 1, 2 e 3. O modelo foi ajustado às curvas experimentais de *Pseudomonas* spp. em carne suína em diferentes temperaturas.

$$Y(t) = y_0 + \mu_{m\acute{a}x}F(t) - \ln \left\{ 1 + \frac{e^{\mu_{m\acute{a}x}F(t)} - 1}{e^{y_{m\acute{a}x} - y_0}} \right\} \quad (1)$$

$$A(t) = t + \left(\frac{1}{\mu_{m\acute{a}x}} \right) \ln [e^{(-\mu_{m\acute{a}x}t)} + e^{(-h_0)} - e^{(-\mu_{m\acute{a}x}t - h_0)}] \quad (2)$$

$$h_0 = \mu_{m\acute{a}x}\lambda \quad (3)$$

Nas equações, $y(t)$ é o logaritmo da concentração microbiana N (UFC/g) no tempo t (horas), ou seja, $y(t) = \log [N(t)]$. O parâmetro $\mu_{m\acute{a}x}$ é a velocidade máxima específica de crescimento (h^{-1}); λ é a duração da fase de latência (h); y é o logaritmo da concentração microbiana inicial, $y_0 = \log (N_0)$; $y_{m\acute{a}x}$ é o logaritmo da população máxima, $y_{m\acute{a}x} = \log (N_{m\acute{a}x})$; h_0 é o parâmetro relacionado ao estado fisiológico das células (adimensional); $A(t)$ é a função do modelo Baranyi e Roberts.

O modelo secundário linear (Equação 4) foram usados para descrever o efeito da temperatura na velocidade máxima específica de crescimento ($\mu_{m\acute{a}x}$), em que a e b são parâmetros empíricos, T é a temperatura de armazenamento ($^{\circ}C$).

$$\mu_{m\acute{a}x} = aT + b \quad (4)$$

Os ajustes do modelo primário aos dados experimentais de crescimento de *Pseudomonas* spp. em carne suína nas temperaturas de armazenamento 4,5 $^{\circ}C$, 7,1 $^{\circ}C$, 9,1 $^{\circ}C$ e 10,4 $^{\circ}C$ foram realizados no *DMFit* online, na interface do *ComBase*. O ajuste foi realizado em apenas uma etapa, obtendo os parâmetros $\mu_{m\acute{a}x}$, λ , y_0 e $y_{m\acute{a}x}$.

Para avaliar o desempenho do modelo primário, foram usados o Coeficiente de Determinação (R^2) e o Erro Padrão (EP) do ajuste, obtidos no *DMFit*. Um valor de $R^2 = 1$ e $EP = 0$ indica que existe uma concordância perfeita entre todos os dados experimentais e os valores do ajuste dos modelos aos parâmetros $\mu_{m\acute{a}x}$ em função da temperatura de armazenamento.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os dados de crescimento utilizados neste trabalho foram obtidos do artigo de Zomer (8). O comportamento de *Pseudomonas* spp. em carne suína foi analisado pelo autor, a fim de avaliar o crescimento desse micro-organismo nas temperaturas de 4,5 $^{\circ}C$, 7,1 $^{\circ}C$, 9,1 $^{\circ}C$ e 10,4 $^{\circ}C$ de armazenamento. O modelo de Baranyi e Roberts foi ajustado aos dados de crescimento utilizando o software *DMFit* do *Combase*.

As curvas de crescimento de *Pseudomonas* spp. em carne suína e os ajustes do modelo de Baranyi e Roberts aos dados experimentais nas temperaturas entre 4,5 °C, 7,1 °C, 9,1 °C e 10,4 °C de armazenamento estão representadas na figura 1.

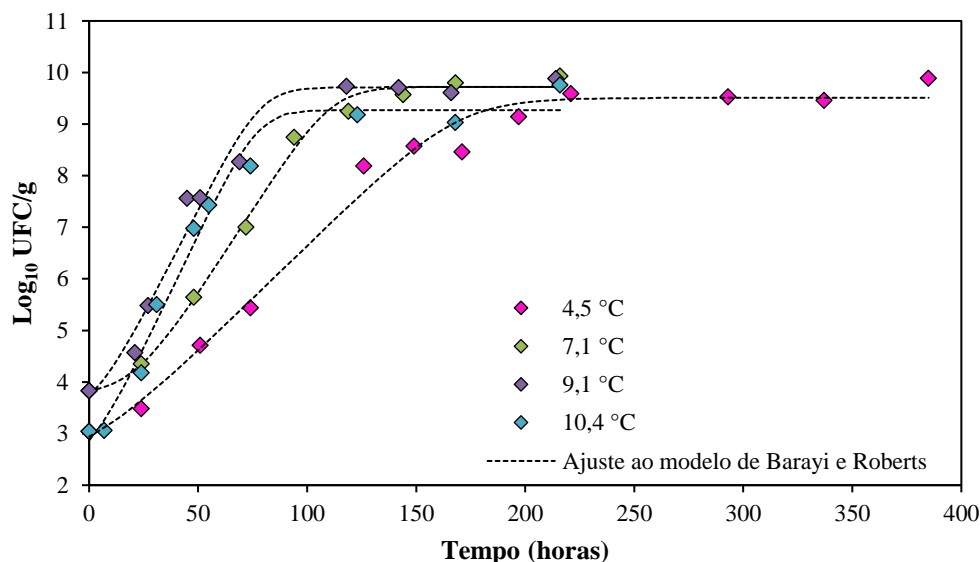


Figura 1 – Curvas de crescimento de *Pseudomonas* spp. em carne suína e os ajustes do modelo de Baranyi e Roberts aos dados experimentais nas temperaturas de 4,5 °C, 7,1 °C, 9,1 °C e 10,4 °C de armazenamento. No gráfico, os dados experimentais estão representados pelos símbolos em losango e a linha tracejada representa o ajuste do modelo de Baranyi e Roberts.

Tabela 1 – Parâmetros de crescimento estimados pelo ajuste do modelo de Baranyi e Roberts aos dados experimentais de *Pseudomonas* spp. em carne suína artificialmente inoculada a 4,5 °C, 7,1 °C, 9,1 °C e 10,4 °C e os índices estatísticos de desempenho do modelo.

Temperatura (°C)	Parâmetros			Índices estatísticos	
	Zomer (1992)			R ²	Erro padrão
λ (h)	$\mu_{m\acute{a}x}$ (h ⁻¹)	$Y_{m\acute{a}x}$ (log ₁₀ UFC/g)			
4,5	10,282	0,0413	9,508	0,982	0,344
7,1	21,401	0,0657	9,723	0,993	0,206
9,1	6,316	0,0823	9,715	0,971	0,39
10,4	5,136	0,089	9,273	0,974	0,407
Combase (meio de cultivo)					
	λ (h)	$\mu_{m\acute{a}x}$ (h ⁻¹)	$Y_{m\acute{a}x}$ (log ₁₀ UFC/g)	R ²	Erro padrão
4,5	36,34	0,049	8,26	-	-
7,1	26,58	0,067	8,26	-	-
9,1	29,5	0,085	8,26	-	-
10,4	18,17	0,098	8,26	-	-

A temperatura é um fator interferente no desenvolvimento microbiano, todos os micro-organismos possuem uma faixa de temperatura, na qual se multiplicam, ou seja, um valor limite mínimo, ótimo e máximo. Esse fator afeta diretamente no desenvolvimento microbiano e na velocidade da sua multiplicação. Uma alta velocidade é adquirida com a faixa de temperatura próxima a ótima, e essa decresce à medida que se distancia desse valor (10). Ao observar a figura 1 e tabela 1 é possível verificar que a

velocidade específica máxima de crescimento de *Pseudomonas* spp. em carne suína variou de 0,0413 h⁻¹ a 0,089 h⁻¹ para as temperaturas de 4,5 °C a 10,4 °C, respectivamente, demonstrando que a velocidade é diretamente proporcional ao aumento de temperatura. Esse crescimento é devido a carne suína apresentar uma microbiota propícia ao desenvolvimento desse micro-organismo e está ser armazenada em temperatura de refrigeração, que o caracteriza como psicrotrófico. Segundo Fagundes et al. (11), o armazenamento em baixa temperatura é utilizado para diminuir a multiplicação microbiana, entretanto, salienta-se que, quanto maior o tempo de estocagem sob essa condição, maiores serão as possibilidades de alterações no produto, pela ação de micro-organismos psicrotróficos, com o predomínio do gênero *Pseudomonas* spp.

Ao observar o formato sigmoidal das curvas de crescimento nas temperaturas 9,1 °C e 10,4 °C, verifica-se que esse micro-organismo apresentou pouca variação em suas velocidades de crescimento, sendo essas 0,082 h⁻¹ e 0,089 h⁻¹, respectivamente. Essa semelhança ocorre devido a estreita variação de temperatura entre as variáveis.

É possível verificar uma redução da fase lag (λ) com o aumento de temperatura, com exceção de 4,5 °C ($\lambda = 10,28$ h), em que o valor obtido foi inferior à de 7,1 °C ($\lambda = 21,4$ h). Esse fato pode estar relacionado ao estado fisiológico das células durante o preparo do inóculo, no qual os micro-organismos já se encontravam adaptados e com elevado desenvolvimento quando submetido ao armazenamento, o que evidencia um menor tempo de adaptação em baixa temperatura.

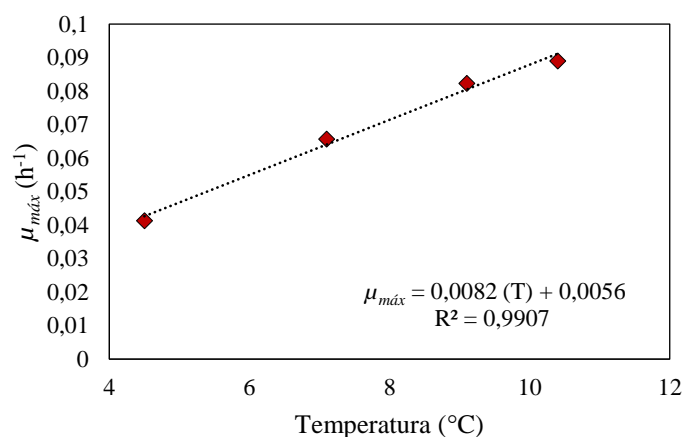


Figura 2 – Modelagem secundária que representa a influência da temperatura na velocidade específica máxima de crescimento de *Pseudomonas* spp. em carne suína.

O modelo de Baranyi e Roberts ajustou bem aos dados de crescimento de *Pseudomonas* spp. em carne suína, com valor de R² variando de 0,971 a 0,993 para as temperaturas de 9,1 °C a 7,1 °C, respectivamente, com destaque para a temperatura 7,1 °C, que apresentou R² de 0,993. Os valores de erro padrão variaram de 0,206 a 0,407, sendo esse menor na temperatura de 7,1 °C. Valores de R² próximos a 1 indicam melhor desempenho do modelo, e valores de erro padrão próximos a zero sugerem a melhor aproximação entre os valores preditos e observados (12).

CONCLUSÕES

É notório que o modelo primário de Baranyi e Roberts apresentou um bom desempenho ao descrever o crescimento de *Pseudomonas* spp. em carne suína em diferentes temperaturas (4,5 °C, 7,1 °C, 9,1 °C e 10,4 °C) de armazenamento. Ademais, o modelo secundário linear se mostrou adequado para descrever a influência da temperatura na velocidade de crescimento desse micro-organismo. Com isso, constata-se que o uso de softwares em microbiologia preditiva se demonstra uma ferramenta importante para a indústria de alimentos, auxiliando principalmente no controle da vida útil e conservação da carne e dos produtos cárneos.

REFERÊNCIAS

1. IBGE – INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. Indicadores: Estatística da Produção Pecuária. Rio de Janeiro: IBGE, 2022.
2. ABPA – ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DE PROTEÍNA ANIMAL. Relatório Anual 2020 [Internet]. 2020. [acesso em 2023 Fev 22]. Disponível em: Disponível em: <https://abpa-br.org/relatorios>.
3. Sousa JK. A carne suína: legislação, cortes e comércio (uma revisão) [trabalho de conclusão de curso]. Brasília: Universidade de Brasília; 2018.
4. Doulgeraki AL, Ercolini D, Villani F, et al. Spoilage microbiota associated to the storage of raw meat in different conditions. *International Journal of Food Microbiology* 2012;157:130-141.
5. Mathias SP, et al. Alterações oxidativas (cor e lipídios) em presunto de peru tratado por Alta Pressão Hidrostática (APH). *Ciência Tecnologia de Alimentos* 2010;30:852-857.
6. Alcantara M, et al. Principais microrganismos envolvidos na deterioração das características sensoriais de derivados cárneos. *Revista Brasileira de Higiene e Sanidade Animal* 2012;7:1- 20.
7. Lira AL, et al. Uso da Microbiologia Preditiva na Segurança Alimentar de Produtos. *Brazilian Journal of Development* 2020;6:104223-104237.
8. Zomer. Exploratory investigation into the experimental design of shelf-life tests with fresh meat as a model system (in Dutch). TNO report 1992;92.603.
9. Baranyi J, Roberts TA. A dynamic approach to predicting bacterial growth in food. *International Journal of Food Microbiology* 1994;23:277-294.
10. Matos LR. Microbiologia Preditiva Aplicada à análise de amostras de carne de vaca e porco [dissertação]. Lisboa: Universidade de Nova Lisboa; 2014.

11. Fagundes CM, et al. Presença de *Pseudomonas* spp. em função de diferentes etapas da ordenha com distintos manejos higiênicos e no leite refrigerado. *Ciência Rural* 2006;36:568-572.
12. Perini FO. Avaliação da multiplicação de *Bacillus thuringiensis* no leite UHT por meio de modelagem matemática e microbiologia preditiva [trabalho de conclusão de curso]. Porto Alegre: Universidade Federal do Rio Grande do Sul; 2014.