



Título:	OTIMIZAÇÃO E INTEGRAÇÃO DE UM SIMULADOR DE BIORREATORES EM PYTHON PARA ANÁLISE DINÂMICA DE PROCESSOS		
Autores:	Dieisson Kassiel Tavares; Cleiton Bittencourt da Porciúncula.		
Área	<input type="checkbox"/> Humanas <input type="checkbox"/> Sociais Aplicadas <input type="checkbox"/> Biológicas e da Saúde <input checked="" type="checkbox"/> Exatas, da Terra e Engenharias	Dimensão:	<input type="checkbox"/> Ensino <input checked="" type="checkbox"/> Pesquisa <input type="checkbox"/> Extensão <input type="checkbox"/> Inovação
Resumo: <p>O objetivo deste trabalho é o desenvolvimento, otimização e integração de um simulador virtual para biorreatores, utilizando a linguagem de programação Python e a IDE Spyder como ambiente de desenvolvimento. Partindo de uma base de código existente (Luz, 2023), o projeto buscou elevar a capacidade analítica e a interatividade da ferramenta, superando limitações da versão anterior, que incluíam deficiências na visualização dinâmica de dados e na robustez das simulações de perturbação. A intervenção concentrou-se em refinar a arquitetura do software para garantir uma representação mais fiel e aprimorada dos processos biológicos. A metodologia empregada, começando pela substituição das perturbações aleatórias, presentes no código base, por uma perturbação senoidal determinística e controlável. Esta perturbação, gerada pela função é aplicada diretamente aos parâmetros cinéticos chave do modelo, permitindo uma análise clara e reprodutível da dinâmica do processo. O núcleo do simulador foi expandido para modelar três modos de operação de reatores: batelada, semi-batelada e contínuo (CSTR). Essa modularidade foi alcançada pela implementação de conjuntos específicos de Equações Diferenciais Ordinárias (EDOs) para cada cenário (ODE_batch, ODE_fedbatch, ODE_CSTR), que são resolvidas numericamente utilizando a função solve_ivp da biblioteca SciPy. A interface gráfica, construída com a biblioteca Tkinter, foi projetada para ser intuitiva e funcional. Ela permite ao usuário selecionar o tipo de reator através de um menu suspenso e configurar facilmente os parâmetros da simulação, como condições iniciais de biomassa (X_0), substrato (S_0) e produto (P_0), volume inicial (V_0), vazão de alimentação (F), concentração do substrato na alimentação (S_f) e o tempo total de simulação. A interface também inclui um checkbox para ativar ou desativar a perturbação senoidal, oferecendo controle direto sobre os cenários a serem analisados. A principal inovação reside na integração de uma animação gráfica diretamente na janela do Tkinter, utilizando a biblioteca Matplotlib, a animação é renderizada quadro a quadro de forma assíncrona, permitindo uma visualização dinâmica e contínua das concentrações de biomassa, substrato e produto, bem como do volume (no caso do reator semi-batelada), sem travar a interface do usuário. Os gráficos resultantes exibem simultaneamente as curvas da simulação com perturbação e sem perturbação, facilitando a comparação das perturbações no sistema. Os resultados demonstram um simulador significativamente mais estável, versátil e didático. A ferramenta é capaz de modelar com precisão diferentes regimes de operação de biorreatores e ilustrar de forma clara e informativa</p>			



o comportamento dinâmico do processo. A otimização da performance gráfica e a modularidade do código estabelecem uma plataforma robusta, não apenas para análise de processos, mas também como um recurso valioso para futuras investigações no campo da engenharia de bioprocessos.

Palavra-chave: biorreatores; simulação; Python; modelagem; dinâmica de processos.

REFERÊNCIAS

LUZ, T. J. T. Modelagem, simulação e virtualização da produção de triptofano a partir de cepa modificada de e. coli (Escherichia coli). 2023.

Link do Vídeo:

<https://drive.google.com/file/d/1HoHDMmboKgHgapBju4slVVccyrF6Kiq3/view?usp=sharing>