

UNIVERSIDADE DO VALE DO PARAÍBA  
INSTITUTO DE PESQUISA E DESENVOLVIMENTO  
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ENGENHARIA BIOMÉDICA

Bruno Henrique Godoi

**Desenvolvimento e avaliação de uma estufa microbiológica para geração de conjuntos de dados utilizados em aprendizado de máquina**

Development and Evaluation of a Microbiological Incubator for Generating Datasets Used in Machine Learning

São José dos Campos – SP  
2024

Bruno Henrique Godoi

**Desenvolvimento e avaliação de uma estufa microbiológica para geração de conjuntos de dados utilizados em aprendizado de máquina**

Tese de doutorado defendida no Programa de Pós-Graduação em Engenharia Biomédica da Universidade do Vale do Paraíba, como complementação dos créditos necessários para obtenção do grau de Doutor em Engenharia Biomédica.

Orientadora: Profa. Dra Juliana Ferreira Strixino  
Coorientadora: Profa Dra Cristina Pacheco Soares

TERMO DE AUTORIZAÇÃO DE DIVULGAÇÃO DA OBRA

Ficha catalográfica

Godoi, Bruno Henrique

Desenvolvimento e avaliação de uma estufa microbiológica para geração de conjuntos de dados utilizados em aprendizado de máquina / Bruno Henrique Godoi; orientadora, Juliana Ferreira-Strixino; co-orientadora Cristina Pacheco Soares. - São José dos Campos, SP, 2024.

1 CD-ROM, 83 p.

Tese (Doutorado) - Universidade do Vale do Paraíba, São José dos Campos. Programa de Pós-Graduação em Engenharia Biomédica.

Inclui referências

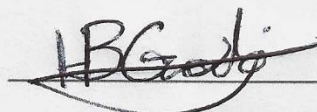
1. Engenharia Biomédica. 2. Estufa Microbiológica. 3. Aprendizado de Máquina. 4. Processamento de Imagem Assistida por Computador. I. Ferreira-Strixino, Juliana, orient. II. Soares, Cristina Pacheco, co-orient. III. Universidade do Vale do Paraíba. Programa de Pós-Graduação em Engenharia Biomédica. IV. Título.

Eu, Bruno Henrique Godoi, autor(a) da obra acima referenciada:

Autorizo a divulgação total ou parcial da obra impressa, digital ou fixada em outro tipo de mídia, bem como, a sua reprodução total ou parcial, devendo o usuário da reprodução atribuir os créditos ao autor da obra, citando a fonte.

Declaro, para todos os fins e efeitos de direito, que o Trabalho foi elaborado respeitando os princípios da moral e da ética e não violou qualquer direito de propriedade intelectual sob pena de responder civil, criminal, ética e profissionalmente por meus atos.

São José dos Campos, 28 de Agosto de 2024.



Autor(a) da Obra

---

**BRUNO HENRIQUE GODOI**
**“DESENVOLVIMENTO E VALIDAÇÃO DE ESTUFA MICROBIOLÓGICA PARA GERAÇÃO  
 DE CONJUNTOS DE DADOS UTILIZADOS EM APRENDIZADO DE MÁQUINA.”**

Tese aprovada como requisito parcial à obtenção do grau de Doutor, do Programa de Pós-Graduação em Engenharia Biomédica, do Instituto de Pesquisa e Desenvolvimento da Universidade do Vale do Paraíba – Univap, pela seguinte banca examinadora:

Emilia A. Lo S. Arisawa	<i>Emilia A. Lo S. Arisawa</i>
Juliana F. Strixino	<i>Juliana Ferreira Strixino</i>
Cristina P. Soares	<i>Cristina P. Soares</i>
Leandro J. Raniero	<i>Leandro J. Raniero</i>
Alessandro C. Mendes	<i>Alessandro C. Mendes</i>
Alejandro G. Miñán	<i>Alejandro G. Miñán</i>

Prof.<sup>a</sup> Dr.<sup>a</sup> Lúcia Vieira

Diretora do IP&D – Univap

São José dos Campos, 08 de março de 2024.

DEDICATÓRIA

Dedico esse trabalho a Sebastião Ribeiro de Godoi e José Benedito de Godoy Filho,  
pois ser teimoso tem algumas vantagens.

## AGRADECIMENTOS

Primeiramente, gostaria de expressar minha sincera gratidão à minha orientadora, Juliana, por sua orientação, paciência e apoio ao longo deste processo. Sua sabedoria e dedicação foram fundamentais para a realização deste trabalho. À minha coorientadora, Cristina, agradeço imensamente pelos conselhos compartilhados e pelo incentivo que trouxe a este projeto.

Um agradecimento especial aos meus amigos de laboratório: Juliana Guerra, Marina, Luciana, Juliana Pedroso, Maria, Nalanda e Isabela. Cada um de vocês contribuiu de maneira única para minha jornada acadêmica, proporcionando momentos de colaboração, aprendizado, cafezinhos e, acima de tudo, amizade. Agradeço ao meu amigo Sérgio que dispôs de tempo e paciência para auxiliar no projeto, sem seus conselhos e entusiasmo com toda certeza seria muito mais difícil chegar aqui.

Não posso deixar de mencionar meus amigos, Lucas Taveira, Lucas Mancio e Marília. Pois apesar de 4 anos conturbados e cheios de mudanças em nossas vidas a amizade e apoio foram essenciais para me manter motivado e focado durante os desafios enfrentados. Aos meus pais, pois a vocês, dedico não apenas este trabalho, mas todas as minhas conquistas. Sem o seu apoio incondicional, nada disso seria possível. Agradeço a cada um de vocês por serem meus maiores professores na escola da vida.

À minha namorada, Amanda, minha eterna gratidão pelo amor, compreensão e paciência. Sua presença constante e apoio foram a força que me guiou através dos momentos mais desafiadores. Ao meu irmão, Diogo, pois parte deste trabalho só pode ser realizado graças a horas de discussão e aprendizado, e ao meu irmão Eduardo, agradeço por estar sempre ao meu lado, quando preciso.

Por fim, mas não menos importante, agradeço a minha família: Job, Mika, Monica, Eliane, Andressa, Silas e Regina. O apoio e amor de vocês foram a base sobre a qual pude construir meus sonhos e aspirações. Este trabalho é o resultado do amor, apoio e confiança de cada um de vocês. A minha mais sincera gratidão.

“Tudo o que temos de decidir é o que fazer com o tempo que nos é dado”

Gandalf, o Branco

## RESUMO

A identificação microbiológica desempenha um papel fundamental em diversas áreas, desde a segurança alimentar até a pesquisa médica, entendendo a sua importância este estudo visa otimizar a identificação microbiológica, superando limitações dos métodos tradicionais que apresentam demoras e custos operacionais elevados. O trabalho propõe o desenvolvimento e avaliação de uma estufa microbiológica inteligente voltada para a geração de conjuntos de dados utilizados em aprendizado de máquina. A inovação central do projeto reside na integração de um sistema de câmeras avançadas dentro da estufa, capaz de capturar imagens de culturas microbiológicas. Estas imagens são processadas e analisadas por um modelo de Rede Neural Convolucional (CNN), projetado para classificar as imagens com precisão em diferentes intervalos de tempo. O objetivo principal é fornecer um dispositivo avançado, porém acessível, que facilite e aprimore os processos de identificação microbiológica. Resultados experimentais indicam precisão do modelo CNN na classificação de imagens de *Staphylococcus aureus* com até 80% de acerto no processo no período de 24 horas de cultivo, porém com menor eficácia para *Escherichia coli*, sugerindo a necessidade de aprimoramento contínuo do modelo. Este trabalho apresenta um método viável e pronto para ser utilizado para criação de bancos de dados aplicados a microbiologia, mesmo com as limitações apresentadas no trabalho, o equipamento foi validado e encontra-se operacional. A tecnologia desenvolvida possui margem para ajustes no modelo de aprendizado de máquina, contudo espera-se que o sistema proposto ofereça uma ferramenta para a identificação rápida e precisa de uma ampla gama de microrganismos, potencializando seu uso em diversas aplicações científicas e industriais.

Palavras-Chave: Estufa Microbiológica; Identificação Microbiológica; Aprendizado de Máquina; Rede Neural Convolucional (CNN); Análise de Imagens Microbiológicas; Processamento de Imagens Digitais

## ABSTRACT

Microbiological identification is fundamental in various fields, from food safety to medical research. Understanding its importance, this study aims to optimize microbiological identification, overcoming the limitations of traditional methods that present delays and high operational costs. The work proposes developing and evaluating an intelligent microbiological incubator designed for generating datasets used in machine learning. The central innovation of the project lies in integrating an advanced camera system within the incubator, capable of capturing images of microbiological cultures. These images are processed and analyzed by a Convolutional Neural Network (CNN) model, designed to classify the images accurately at different time intervals. The main objective is to provide an advanced yet accessible device that facilitates and enhances microbiological identification processes. Experimental results indicate high accuracy of the CNN model in classifying images of *Staphylococcus aureus* with up to 80% accuracy within a 24-hour cultivation period, although with lower efficacy for *Escherichia coli*, suggesting the need for continuous model improvement. This work presents a viable method that is ready for use in creating microbiology databases. Despite the limitations presented in the study, the equipment has been validated and is operational. The developed technology allows for adjustments in the machine learning model, and it is expected that the proposed system will offer a tool for rapid and accurate identification of a wide range of microorganisms, enhancing its use in various scientific and industrial applications.

Keywords: Microbiological Incubator; Microbiological Identification; Machine Learning; Convolutional Neural Network (CNN); Microbiological Image Analysis; Digital Image Processing

**LISTA DE FIGURAS**

<b>Figura 1</b> - Modelo Tridimensional da estufa microbiológica projetado no Tinkercad.	29
<b>Figura 2</b> - Componentes modulares da estufa microbiológica	30
<b>Figura 3</b> - Estrutura segmentada da estufa mostrando os três blocos principais	31
<b>Figura 4</b> - Interface do software Prusa Slicer com o projeto da estufa.	32
<b>Figura 5</b> - Impressoras 3D Two Trees Bluer V3 e Ender 3	32
<b>Figura 6</b> - Placa Arduino NANO	34
<b>Figura 7</b> - Sensor de temperatura DHT 22	36
<b>Figura 8</b> - Manta aquecedora	37
<b>Figura 9</b> - Câmera SQ11 e suas funcionalidades	39
<b>Figura 10</b> - Display	40
<b>Figura 11</b> – Diagrama em blocos do elemento chaveador de potência	41
<b>Figura 12</b> - Técnica de polarização	41
<b>Figura 13</b> - Driver de controle dos Leds	42
<b>Figura 14</b> - Diagrama de blocos do Sistema de monitoração	43
<b>Figura 15</b> - Interface gráfica do usuário (tela inicial)	48
<b>Figura 16</b> - Interface de contagem de colônias	50
<b>Figura 17</b> - Interface de captura de imagens	51
<b>Figura 18</b> - Captura de Imagens das Culturas	52
<b>Figura 19</b> - Processo da diluição seriada das bactérias em placas de petri para aquisição das imagens.	54
<b>Figura 20</b> - Resultado do processamento da imagem	55
<b>Figura 21</b> - Resultado do Processamento das Imagens	58
<b>Figura 22</b> - Curva de Aquecimento da Estufa	59
<b>Figura 23</b> - Curva de compensação da luminosidade durante ciclo de trabalho da Estufa	59
<b>Figura 24</b> - Curva de Estabilidade da Temperatura	61
<b>Figura 25</b> - Curvas de Precisão e Perda	63
<b>Figura 26</b> - Matriz de confusão do ensaio	65
<b>Figura 27</b> - Estufa Microbiológica, visão comparativa	69
<b>Figura 28</b> - Condições dos sensores	71

**LISTA DE FLUXOGRAMAS**

<b>Fluxograma 1</b> - Programação – parte 1	46
<b>Fluxograma 2</b> - Programação – parte 2	47
<b>Fluxograma 3</b> - Diagrama de processos e decisões geradas para inicialização do software.	49

## LISTA DE QUADROS

<b>Quadro 1</b> - Especificações Placa Arduino NANO	35
<b>Quadro 2</b> - Resultados de Captura de Imagens	57
<b>Quadro 3</b> - Dados de Aquecimento	60
<b>Quadro 4</b> - Características da estabilização da temperatura da estufa	60
<b>Quadro 5</b> - Características do controle de temperatura da estufa	60
<b>Quadro 6</b> - Qualidade das Imagens Capturadas	61
<b>Quadro 7</b> - Resultados de Precisão e Perda	62
<b>Quadro 8</b> - Métricas do ensaio utilizando apenas imagens com a máscara de corte.	63
<b>Quadro 9</b> - Características da curva de subida da temperatura da estufa	72
<b>Quadro 10</b> - Equações de Métricas	74

**LISTA DE TABELAS**

<b>Tabela 1</b> - Características do Filamento PETG	33
<b>Tabela 2</b> - Especificações do sensor DHT22.	36
<b>Tabela 3</b> - Características da Manta aquecedora	38
<b>Tabela 4</b> - Especificações da microcâmara SQ11s	39

## SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO .....	16
2	OBJETIVO.....	18
2.1	OBJETIVO ESPECÍFICO .....	18
3	REVISÃO DA LITERATURA.....	19
3.1	INTRODUÇÃO À IDENTIFICAÇÃO MICROBIANA.....	19
3.2	MÉTODOS TRADICIONAIS VERSUS MÉTODOS AUTOMATIZADOS: UMA COMPARAÇÃO .....	21
3.3	A IMPORTÂNCIA DO MONITORAMENTO MICROBIOLÓGICO PARA A GERAÇÃO DE DADOS NECESSÁRIOS À CRIAÇÃO DE UM MODELO PREDITIVO.....	23
3.4	UTILIZAÇÃO DE IMAGENS DIGITAIS NA GERAÇÃO DE CONJUNTOS DE DADOS MICROBIOLÓGICOS: AVANÇOS E APLICAÇÕES .....	26
4	METODOLOGIA .....	28
4.1	DESCRIÇÃO DA ESTRUTURA DA ESTUFA MICROBIOLÓGICA.....	28
4.1.2	Projeto tridimensional .....	28
4.1.3	Design modular .....	29
4.1.4	Dimensões e configurações.....	29
4.2	MANUFATURA DO EQUIPAMENTO.....	30
4.2.1	Processo de impressão 3D.....	30
4.2.2	Materiais utilizados .....	31
4.2.3	Configurações de impressão .....	32
4.3	SISTEMA DE CONTROLE E INTERFACE COM O USUÁRIO.....	33
4.3.1	Hardware utilizado .....	33
4.3.2	Programação.....	43
4.4	AVALIAÇÃO E COLETA DAS IMAGENS .....	50
4.4.1	Cultura <i>in vitro</i> .....	51
4.4.2	Padronização .....	52
4.4.3	Processamento das imagens.....	53
4.4.4	Treinamento da CNN.....	53
4.5	ANÁLISE ESTATÍSTICA .....	55
5	RESULTADOS.....	56
5.1	RESULTADOS DO DESENVOLVIMENTO .....	56

5.2	RESULTADOS DO SISTEMA DE CONTROLE .....	57
5.3	CURVA DE AQUECIMENTO .....	59
5.3.1	Descrição da metodologia de teste .....	59
5.3.2	Análise dos dados de aquecimento .....	60
5.4	ILUMINAÇÃO DA CÂMARA E AQUISIÇÃO DE IMAGENS.....	60
5.5	TREINO E VALIDAÇÃO DA REDE CONVOLUCIONAL .....	61
5.5.1	DESCRIÇÃO DO PROCESSO DE TREINAMENTO .....	61
5.5.2	Resultados de precisão e perda .....	61
5.5.3	Análise das métricas de desempenho .....	64
6	DISCUSSÃO .....	65
6.1	INTERPRETAÇÃO DOS ACHADOS .....	65
6.2	IMPLICAÇÕES DOS RESULTADOS .....	66
6.3	SISTEMA DE CONTROLE E AQUECIMENTO .....	69
6.4	ILUMINAÇÃO DA CÂMARA E AQUISIÇÃO DE IMAGENS DA CÂMARA .....	72
6.5	TREINO DA REDE CONVOLUCIONAL .....	73
6.6	VALIDAÇÃO DA CNN.....	74
7	CONCLUSÃO .....	78
	REFERÊNCIAS .....	79

## 1 INTRODUÇÃO

A identificação microbiológica desempenha um papel fundamental em vários campos, desde a segurança alimentar até pesquisas médicas, onde a precisão e a rapidez na identificação de microrganismos são cruciais para a prevenção de doenças e a garantia da qualidade dos produtos (Zaborowicz *et al.*, 2014).

Tradicionalmente, para a identificação microbiológica pode se envolver o uso de métodos como o cultivo e crescimento microbiológico em meios sólidos ou líquidos, testes bioquímicos e microscopia. No entanto, estes métodos apresentam diversas limitações como tempo de preparo, processamento das amostras e até mesmo especificidade da identificação necessitando de mais de uma metodologia associada para chegar a uma identificação coerente com aplicação desejada no ambiente laboratorial, hospitalar ou industrial, o que compromete sua eficiência e rapidez (Franco-Duarte *et al.*, 2019; Jiang *et al.*, 2022; Orenstein e Beijbom, 2017).

Assim com o avanço tecnológico na área da microbiologia, foram introduzidas outras metodologias que tradicionalmente eram utilizadas com fins de pesquisa e desenvolvimento e, agora passam a ser adotadas como tecnologias de diagnóstico e identificação. Desta forma, técnicas como o Sequenciamento Genético e Reação em Cadeia da Polimerase (PCR) e derivados, são métodos que se destacam pela sua especificidade e acuracidade na identificação biológica sendo utilizados como referência no processo identificação microbiológica e diagnóstico de doenças, cujo o antígeno não possui testes imunológicos viáveis no mercado ou durante o processo de confirmação dos mesmos (Ayhan *et al.*, 2021; Chun *et al.*, 2022; Franco-Duarte *et al.*, 2019; Myllyniemi *et al.*, 2001).

Há ainda os testes físicos como as análises de espectrometria de massa, uma categoria de testes que visa identificar e quantificar moléculas com base na sua massa e carga elétrica, que são utilizadas em ambientes acadêmicos e industriais, traçando o perfil de determinadas estruturas microbiológicas e comparando-as com as amostras de testes para sua identificação, buscando descrever alterações moleculares nos organismos e identificar assinaturas que evidenciem suas diferenças (Franco-Duarte *et al.*, 2019; Singhal *et al.*, 2015; Zadka *et al.*, 2019).

A utilização dos métodos de identificação listados anteriormente são caracterizados como os métodos mais avançados para execução da função, contudo não são os métodos mais utilizados, devido a suas limitações como, custo de operação que englobam o custo de equipamento, reagentes e mão de obra especializada ou tempo de execução que pode tornar o

processo de identificação inviável dependendo da aplicação realizada, por exemplo o custo de implementação e manutenção de um equipamento como Vitek2 pode chegar a 100 mil dólares anuais para sua operação, já o uso de técnicas como PCR podem variar entre 300 a mais de 10 mil dólares o teste (Aggarwal *et al.*, 2020; Berke e Tierno, 1996; Graf *et al.*, 2000).

Desta forma, durante a busca de métodos de identificação microbiológica que sejam únicos ou complementares aos métodos já estabelecidos, a utilização de “Inteligência artificial”, Redes Neurais, está sendo utilizada para auxiliar no processo de identificação microbiológica (Buetti-Dinh *et al.*, 2019; Orenstein e Beijbom, 2017; Pawłowski, Majchrowska e Golan, 2022; Redd *et al.*, 2022). Com o avanço computacional, foi possível trabalhar com grandes volumes de dados, sendo esses dados resultados de análises tradicionais, biomoleculares ou físicas, geram um volume de dados que podem ser utilizados para o treinamento de Redes Neurais (Buetti-Dinh *et al.*, 2019; Ghannam e Techtmann, 2021; Jiang *et al.*, 2022; Pawłowski, Majchrowska e Golan, 2022; Redd *et al.*, 2022).

A rede neural pode ser caracterizada como um algoritmo de predição baseado em dados previamente coletados e classificados. Assim gerando Redes Neurais Preditivas que podem ser utilizadas para classificar resultados obtidos com maior rapidez e podendo diminuir os custos empregados no processo de identificação microbiológica (Buetti-Dinh *et al.*, 2019; Hanif *et al.*, 2023; Orenstein e Beijbom, 2017; Pawłowski, Majchrowska e Golan, 2022; Redd *et al.*, 2022)

Pode se destacar o banco de dados para a criação da Rede Neural como tão importante quando a rede criada, pois é a partir de suas classificações prévias que os dados são extraídos e gerados uma equação matemática onde o computador é capaz de prever as similaridades de novos dados levando ao processo de predição. Para isso a construção do banco de dados deve ser feita visando buscar diversidade dos dados a serem trabalhados, e eliminação de ruídos ou características externas que podem dificultar ou atrapalhar o processo classificatório, assim é comum que a etapa de maior duração durante o desenvolvimento de uma Rede Neural é a criação do seu banco de dados (Buetti-Dinh *et al.*, 2019; Hanif *et al.*, 2023; Orenstein e Beijbom, 2017; Pawłowski, Majchrowska e Golan, 2022; Redd *et al.*, 2022) .

Assim sendo, diante da necessidade aprimoramento dos métodos de identificação microbiológica, o presente trabalho propõe o desenvolvimento e avaliação de uma estufa microbiológica para monitoramento e criação de banco de dados de imagens de crescimento microbiológico em meio sólido para treinamento de redes neurais com caráter preditivo.

## 2 OBJETIVO

O objetivo principal desta pesquisa foi projetar, desenvolver e avaliar um estufa que desempenha a função de monitoramento do crescimento e identificação microbiológica, visando especialmente a geração de conjuntos de dados para alimentar algoritmos de aprendizado de máquina.

### 2.1 OBJETIVO ESPECÍFICO

- Projetar e construir a estrutura da estufa de crescimento microbiológico, levando em conta as necessidades específicas para a geração de dados consistentes e confiáveis para o aprendizado de máquina.
- Projetar um sistema de captura de imagens em tempo real, otimizado para a geração de conjuntos de dados microbiológicos de qualidade, essenciais para o treinamento de algoritmos de aprendizado de máquina.
- Processar e classificar as imagens do banco de dados de bactérias com precisão e eficiência, considerando sua espécie e estágio de crescimento, para fornecer dados rotulados para o aprendizado supervisionado de algoritmos.
- Implementar e treinar um sistema de identificação automatizada baseado em técnicas de aprendizado de máquina, com foco na categorização precisa dos microrganismos presentes nas imagens, contribuindo para a geração de conjuntos de dados anotados para aprendizado supervisionado.
- Avaliar a funcionalidade do equipamento, não apenas em termos de sua capacidade de identificação microbiológica, mas também em sua eficácia na geração de conjuntos de dados relevantes e úteis para aplicações de aprendizado de máquina na área de microbiologia.

### 3 REVISÃO DA LITERATURA

#### 3.1 INTRODUÇÃO À IDENTIFICAÇÃO MICROBIANA

A identificação microbiológica desempenha um papel fundamental em diversas áreas, desde a segurança alimentar até a pesquisa médica. A precisão e rapidez na identificação de microrganismos são cruciais para a prevenção de doenças e a garantia da qualidade dos produtos. Métodos tradicionais, como o cultivo em meios sólidos ou líquidos, testes bioquímicos e microscopia, são amplamente utilizados, embora apresentem limitações significativas, como o tempo de preparo das amostras e a especificidade das identificações (Zaborowicz *et al.*, 2014).

Diversos autores tentam caracterizar as técnicas de identificação sejam por gerações ou pelo resultado obtido como técnicas qualitativas e quantitativas, nessa revisão, optamos por trabalhar com a classificação entre métodos tradicionais e avançados. Entre os métodos tradicionais de identificação microbiológica, destaca-se como um dos pilares da microbiologia o cultivo de microrganismos em meio sólido ou líquido, técnica usada para isolar e crescer microrganismos específicos, tal técnica difundida desde a universidade até grandes centros de pesquisas e laboratórios de análises clínicas empregam para auxiliar no crescimento e detecção de microrganismos, contudo o cultivo de microrganismos é uma técnica demorada, podendo levar dias ou até semanas para identificar certos patógenos (Orenstein e Beijbom, 2017). Ademais, a especificidade da identificação pode ser limitada, pois muitos microrganismos possuem características de crescimento semelhantes.

Para isso é possível utilizar os testes bioquímicos como técnica que complementa o cultivo ao fornecer dados sobre as propriedades metabólicas dos microrganismos, porém mesmo utilizando de forma automatizada, também enfrentam limitações quanto à especificidade e tempo de execução (Ayhan *et al.*, 2021; Chun *et al.*, 2022; Franco-Duarte *et al.*, 2019; Osborne, 2010; Qu *et al.*, 2019; Żukowska, 2021).

Outra técnica tradicionalmente explorada é a microscopia em suas diversas variações, que permite a visualização direta de microrganismos, oferecendo informações valiosas sobre sua morfologia (Ferrari, Binnerup e Gillings, 2005; Franco-Duarte *et al.*, 2019; Osborne, 2010). Todavia, essa técnica também tem suas limitações, pois muitos microrganismos são morfologicamente indistinguíveis e a preparação das amostras pode ser complexa (Collins *et al.*, 1993; Franco-Duarte *et al.*, 2019).

Com o avanço da tecnologia, novas metodologias, como o sequenciamento genético e a reação em cadeia da polimerase (PCR), surgiram, oferecendo maior precisão e acurácia na identificação microbiológica. O sequenciamento genético permite a análise detalhada do DNA microbiano, identificando com precisão espécies e linhagens específicas, entre as técnicas de sequenciamento se destaca o sequenciamento de nova geração (NGS) (Cao *et al.*, 2017; Didelot *et al.*, 2012; Gu, Miller e Chiu, 2019; Hilt e Ferrieri, 2022; Wensel *et al.*, 2022).

O NGS permite a análise simultânea de milhões de fragmentos de DNA, oferecendo uma visão abrangente do microbioma em amostras complexas. Esta técnica é particularmente útil em estudos metagenômicos, onde o objetivo é caracterizar a diversidade microbiana em amostras ambientais ou clínicas (Cao *et al.*, 2017; Didelot *et al.*, 2012; Gu, Miller e Chiu, 2019; Hilt e Ferrieri, 2022; Wensel *et al.*, 2022).

Em contrapartida a PCR permite a amplificação de pequenas quantidades de DNA, tornando possível a detecção de microrganismos específicos com sensibilidade. Esta técnica é amplamente utilizada em diagnósticos clínicos e em pesquisas, proporcionando resultados rápidos e precisos. Além disso, o desenvolvimento de técnicas como a PCR em tempo real (qPCR) permite a quantificação precisa dos níveis de DNA microbiano, oferecendo dados valiosos para estudos epidemiológicos e diagnósticos (Aggarwal *et al.*, 2020; Chun *et al.*, 2022; John., 2022; Plettig *et al.*, 2015; Sting, Eisenberg e Hrubenja, 2019).

As técnicas de biologia molecular possuem sensibilidade e especificidade, porém requer um nível elevado de especialização e infraestrutura laboratorial avançada, o que pode limitar seu uso em ambientes de recursos limitados (Aggarwal *et al.*, 2020; Myllyniemi *et al.*, 2001).

Outra técnica avançada e inovadora na identificação microbiológica é a espectrometria de massa, especificamente a espectrometria de massa por ionização/desorção a laser assistida por matriz acoplada a um analisador de tempo de voo (MALDI-TOF MS). Esta metodologia ioniza proteínas bacterianas e mede a razão massa/carga dos íons resultantes, gerando um espectro de massa característico que pode ser comparado a um banco de dados de referências para identificação da espécie microbiana. Este processo reduz o tempo de identificação de dias para apenas algumas horas, sendo eficaz na identificação de uma ampla variedade de bactérias e fungos (Bagnarino *et al.*, 2022; Cantón e García-Rodríguez, 2016; Mortier *et al.*, 2021; Singhal *et al.*, 2015; Weis, Jutzeler e Borgwardt, 2020; Xiong *et al.*, 2023)(TRAN *et al.*, 2015; TAN *et al.*, 2020).

O uso dos métodos tradicionais fornece uma base sólida para o isolamento e estudo inicial dos microrganismos, enquanto as técnicas modernas oferecem precisão e velocidade, permitindo uma caracterização detalhada e rápida das amostras. O avanço tecnológico

proporcionou técnicas cada vez mais precisas, que, em contrapartida, podem necessitar de investimento humano e tecnológico. A escolha das técnicas deve estar associada a fatores como infraestrutura, acesso à tecnologia e recursos financeiros da organização envolvida.

### 3.2 MÉTODOS TRADICIONAIS VERSUS MÉTODOS AUTOMATIZADOS: UMA COMPARAÇÃO

Os métodos tradicionais de identificação microbiológica, como o cultivo em meios de cultura e a realização de testes bioquímicos, são amplamente utilizados devido à sua simplicidade e baixo custo de implementação inicial. Estes métodos permitem a observação direta de características fenotípicas, como morfologia celular, padrões de crescimento e reações bioquímicas específicas (Franco-Duarte *et al.*, 2019).

Atualmente, é comum a utilização de métodos automatizados para testes bioquímicos em rotinas laboratoriais, destacando-se o equipamento VITEK2 (Graf *et al.*, 2000). Este equipamento foi projetado para identificar microrganismos e realizar antibiograma de maneira automatizada. O processo necessita de colônias bacterianas isoladas de meios de cultura, suspensas em uma solução salina estéril. Essa suspensão é utilizada para inocular cartões específicos de identificação ou de suscetibilidade (Berke e Tierno, 1996; Graf *et al.*, 2000).

Os cartões são, então, incubados dentro do VITEK2, que realiza leituras fotométricas periódicas para monitorar as reações bioquímicas e o crescimento bacteriano. As leituras são processadas pelo software interno, que compara os dados com um banco de dados para identificar o microrganismo presente e determinar a suscetibilidade ou resistência a diversos antimicrobianos (Berke e Tierno, 1996; Graf *et al.*, 2000).

Apesar da automatização, os métodos tradicionais podem apresentar várias limitações, incluindo o tempo prolongado necessário para obtenção dos resultados, a necessidade de múltiplas etapas de manipulação e incubação, e a possibilidade de resultados falsos gerados por contaminação devido a manipulação ou o não crescimento devido à incapacidade de algumas bactérias crescerem em meios de cultura padrão (Franco-Duarte *et al.*, 2019).

Em contraste, os métodos avançados, como a espectrometria de massa de ionização por desorção a laser assistida por matriz (MALDI-TOF MS) e a Reação em Cadeia da Polimerase (PCR), oferecem significativas vantagens em termos de rapidez e precisão. A técnica MALDI-TOF MS, por exemplo, permite a identificação de microrganismos com base no perfil proteômico das amostras (Singhal *et al.*, 2015; Xiong *et al.*, 2023). Esta metodologia ioniza proteínas bacterianas e mede a razão massa/carga dos íons resultantes, gerando um espectro de

massa característico que pode ser comparado a um banco de dados de referências para identificação da espécie microbiana. Este processo reduz o tempo de identificação de dias para apenas algumas horas, sendo eficaz na identificação de uma ampla variedade de bactérias e fungos (Bagnarino *et al.*, 2022; Cantón e García-Rodríguez, 2016; Mortier *et al.*, 2021; Singhal *et al.*, 2015; Zadka *et al.*, 2019).

Além do MALDI-TOF MS, a PCR é uma técnica molecular amplamente utilizada que amplifica sequências específicas de DNA, permitindo a detecção e identificação rápida de microrganismos em amostras clínicas. Este método é especialmente benéfico em situações em que o cultivo convencional não é possível, como quando se tenta detectar vírus ou bactérias que crescem lentamente (John., 2022; Plettig *et al.*, 2015). A PCR proporciona precisão e confiabilidade, mas requer conhecimento especializado e instalações laboratoriais avançadas, o que pode restringir sua aplicação em áreas com recursos limitados (Aggarwal *et al.*, 2020; John., 2022).

Ao comparar os métodos tradicionais e automatizados, torna-se evidente que existem variações substanciais em termos de custo. Embora o investimento inicial em equipamentos como o MALDI-TOF MS e os sistemas de PCR, seja elevado, o custo-benefício a longo prazo pode ser favorável devido à redução do tempo de trabalho e do uso de reagentes (Aggarwal *et al.*, 2020; Berke e Tierno, 1996; Tran *et al.*, 2015).

Estudos mostram que o uso do MALDI-TOF MS pode reduzir significativamente os custos operacionais em laboratórios clínicos ao diminuir a necessidade de testes bioquímicos adicionais e re-testes, além de melhorar a eficiência do fluxo de trabalho (Tran *et al.*, 2015).

Outro benefício dos métodos avançados é a capacidade de identificar microrganismos raros e difíceis de cultivar. O MALDI-TOF MS, por exemplo, tem demonstrado eficácia na identificação de patógenos raros e emergentes, como *Listeria monocytogenes* e *Aerococcus urinae*, diretamente de amostras clínicas, o que é crucial para o manejo rápido e eficaz de infecções graves (Lagier *et al.*, 2015).

Os métodos tradicionais, ainda têm seu valor, especialmente em situações em que os recursos são limitados e a infraestrutura laboratorial avançada não está disponível. No entanto, a integração de técnicas avançadas e do processo de automatização está se tornando cada vez mais comum em laboratórios clínicos modernos, proporcionando uma abordagem complementar que combina a robustez dos métodos tradicionais com a eficiência e precisão dos métodos avançados (Berke e Tierno, 1996; Franco-Duarte *et al.*, 2019; Graf *et al.*, 2000).

A comparação de custos entre os métodos tradicionais e as técnicas avançadas destaca que, apesar do alto custo inicial dos equipamentos como o MALDI-TOF MS e PCR, a longo

prazo, os métodos avançados podem ser mais econômicos devido à redução do tempo de análise e dos custos com reagentes (Aggarwal *et al.*, 2020; Tan *et al.*, 2012; Tran *et al.*, 2015). Por exemplo, o uso do MALDI-TOF MS pode reduzir os custos anuais de reagentes em até 87.8%, enquanto os sistemas PCR, proporcionam sensibilidade e especificidade para a detecção de microrganismos específicos, embora com custos variáveis dependendo da complexidade e do tipo de teste realizado (Tan *et al.*, 2012; Tran *et al.*, 2015). O gene 16S ribossomal (16S rRNA PCR), uma região conservada presente em praticamente todas as bactérias, por exemplo, tem um custo anual de aproximadamente \$40,618.83, enquanto o PCR para genes alvo tem um custo anual de cerca de \$15,416.88 (Aggarwal *et al.*, 2020). Estes sistemas podem permitir economias significativas a longo prazo, contudo esse benefício apenas se justifica com uma grande demanda de processos de identificação onde a eficiência e rapidez na identificação impactem diretamente na aplicação.

A necessidade de técnicas rápidas, precisas e econômicas levou à evolução dos métodos de identificação microbiológica. Embora os métodos tradicionais forneçam uma base sólida e acessível, a automatização e os métodos avançados estão a transformar a prática da microbiologia diagnóstica, permitindo uma resposta mais rápida e eficaz.

### 3.3 A IMPORTÂNCIA DO MONITORAMENTO MICROBIOLÓGICO PARA A GERAÇÃO DE DADOS NECESSÁRIOS À CRIAÇÃO DE UM MODELO PREDITIVO

A exatidão na identificação de microrganismos é fundamental para o desenvolvimento de modelos preditivos. A extração de características e identificação de padrões para estatísticas de previsão ou classificação foi um desafio devido a necessidade de processar volumes massivos de dados.

No entanto, a introdução de neurônios artificiais por McCulloch e Pitts revolucionou esse processo. Seu trabalho "A Logical Calculus of Ideas Immanent in Nervous Activity", foi um marco na pesquisa de redes neurais e na teoria computacional da mente. Eles usaram lógica e computação para entender a atividade neural e mental. Essa abordagem inovadora simplificou e idealizou as propriedades das redes de neurônios, permitindo mapear inferências proposicionais para eventos neurais (Piccinini, 2004).

Os neurônios artificiais de McCulloch e Pitts foram os primeiros a empregar a noção matemática de computação, introduzida por Alan Turing, para explicar como mecanismos neurais poderiam realizar funções propositivas. Eles inspiraram o design lógico, fundamental para o desenvolvimento moderno de computadores. Essa teoria foi a primeira a usar

computação para abordar o problema mente-corpo e a primeira teoria computacional moderna que tenta explicar o funcionamento da mente e cérebro. (Piccinini, 2004).

Adicionalmente, a teoria de McCulloch e Pitts foi essencial para o desenvolvimento de modelos de autômatos finitos, um princípio importante na teoria da computabilidade. Isso permitiu que sistemas neurais fossem vistos como máquinas lógicas capazes de realizar cálculos e processamentos complexos de informações, facilitando a extração de características e classificação de grandes volumes de dados (Piccinini, 2004).

Clark (1991) destaca que as redes neurais desempenham um papel crucial na modelagem e simulação de sistemas biológicos complexos. A capacidade das redes neurais de processar dados em paralelo e adaptar-se a novos padrões torna-as ferramentas ideais para analisar grandes volumes de dados biológicos. Essa adaptabilidade e capacidade de reconhecimento de padrões são fundamentais para a identificação microbiológica, onde os dados podem ser vastos e variados (Clark, 1991).

Apesar dos destaques gerados pelos modelos preditivos serem importantes, eles derivam da qualidade dos dados coletados, assim a origem dos dados. Assim, dados errados podem contaminar bancos de dados e impactar significativamente o aprendizado de máquina. Primeiramente, a presença de dados incorretos pode levar a análises errôneas e resultados superestimados, criando uma falsa impressão de sucesso do modelo. Chicco (2017) ressalta que a limpeza de dados é essencial para remover valores corruptos, imprecisos ou inconsistentes, pois dados contaminados podem desviar o processo de aprendizado e resultar em previsões incorretas (Chicco, 2017).

Além disso, a contaminação de dados pode exacerbar problemas com conjuntos de dados desbalanceados, onde uma classe está super-representada em relação a outras. Isso dificulta a capacidade do modelo de aprender a reconhecer instâncias da classe minoritária. Para lidar com isso, Chicco (2017) sugere técnicas como ponderação de classes e subamostragem para equilibrar os dados e melhorar o desempenho do modelo (Chicco, 2017)

Adicionalmente, Chong *et al.* (2019) destacam a importância do uso de plataformas como o *MicrobiomeAnalyst* para a análise abrangente de dados microbiológicos. A plataforma permite o processamento, normalização e análise funcional dos dados, facilitando a identificação de características importantes e a criação de modelos preditivos robustos. A capacidade de realizar análises comparativas com dados públicos e de visualizar os resultados em tempo real melhora significativamente a compreensão dos dados microbiológicos e contribui para a precisão dos modelos preditivos (Chong *et al.*, 2020).

Garantir a qualidade e a precisão dos dados de entrada é fundamental para o sucesso de projetos de aprendizado de máquina em biologia computacional. Chicco (2017), destaca que a forma de avaliar corretamente o desempenho de um modelo, é crucial usar métricas robustas que levem em conta todas as categorias da matriz de confusão, como o coeficiente de correlação de Matthews (MCC), em vez de métricas como acurácia ou *F1 score*, que podem ser enganosas na presença de dados contaminados (Chicco, 2017).

Agrawal, Imielinski e Swami (1993) reforçam essa perspectiva ao discutir a mineração de dados como a confluência de técnicas de aprendizado de máquina e o foco no desempenho da tecnologia de bancos de dados. Eles descrevem que problemas na qualidade dos dados podem comprometer a descoberta de regras, resultando em padrões e associações que não representam adequadamente o fenômeno estudado (Agrawal, Imielinski e Swami, 1993). A limpeza de dados é crucial para remover valores corrompidos, imprecisos ou inconsistentes.

Adicionalmente, Koh, Steinhardt e Liang (2021) enfatizam que ataques de envenenamento de dados representam uma ameaça significativa para sistemas de aprendizado de máquina. Tais ataques podem inserir pontos de dados maliciosos nos conjuntos de treinamento, degradando o desempenho dos modelos. Mesmo com defesas de sanitização de dados que filtram pontos anômalos, ataques bem coordenados podem contornar essas medidas, aumentando substancialmente o erro de teste. Por exemplo, a introdução de apenas 3% de dados envenenados nos conjuntos de dados “Enron” e “IMDB”, dados do estudo, pode elevar o erro de teste de 3% para 24% no conjunto de dados “Enron” e de 12% para 29% no conjunto de dados “IMDB” (Koh, Steinhardt e Liang, 2022).

Finalmente, McKnight *et al.* (2018) discutem a importância de normalizar os dados microbiológicos para análises precisas. Técnicas de sequenciamento de alto rendimento tornaram-se comuns para examinar comunidades microbianas, mas apresentam variações na profundidade de leitura entre amostras. Métodos de normalização são cruciais para garantir que os dados reflitam com precisão as comunidades microbianas, permitindo a geração de modelos preditivos confiáveis. A escolha adequada do método de normalização é fundamental para assegurar que os dados utilizados na construção de modelos preditivos sejam representativos e precisos, evitando correlações espúrias e detecções falsas de diferenças entre comunidades (McKnight *et al.*, 2019).

### 3.4 UTILIZAÇÃO DE IMAGENS DIGITAIS NA GERAÇÃO DE CONJUNTOS DE DADOS MICROBIOLÓGICOS: AVANÇOS E APLICAÇÕES

A tecnologia de imagem digital tem sido amplamente utilizada para capturar e analisar dados microbiológicos, facilitando a identificação de características estruturais e morfológicas dos microrganismos. Técnicas avançadas, como a microscopia óptica, a microscopia eletrônica e a espectroscopia de infravermelho, são fundamentais para obter dados de qualidade. Dessa forma, a utilização de imagens digitais na microbiologia permite uma análise detalhada, essencial para construir conjuntos de dados robustos para o treinamento de modelos de aprendizado de máquina.

As Redes Neurais Convolucionais (CNNs) são amplamente utilizadas na análise de imagens microbiológicas devido à sua capacidade de extrair características complexas e realizar classificações precisas. A utilização de CNNs na identificação microbiológica tem mostrado precisão na classificação de imagens de diferentes microrganismos, contribuindo significativamente para a modernização dos métodos de identificação microbiológica (Yu *et al.*, 2021).

Segundo Chen *et al.* (2021), as CNNs têm se destacado em tarefas de classificação de imagens devido à sua habilidade de aprender representações hierárquicas diretamente dos dados de imagem, sem a necessidade de engenharia manual de características. Em estudos recentes, as CNNs têm demonstrado precisão na identificação de microrganismos, superando métodos tradicionais e melhorando significativamente a eficiência dos processos laboratoriais (Chen *et al.*, 2021). No contexto de imagens microbiológicas, as CNNs podem ser treinadas para identificar padrões e texturas específicas de diferentes microrganismos, utilizando técnicas como normalização, aumento de dados e pré-processamento para melhorar a qualidade e a quantidade dos dados de treinamento (Chen *et al.*, 2021).

Essas redes são capazes de alcançar altas taxas de precisão, demonstrando que modelos bem treinados podem atingir acurácias superiores a 90% na classificação de diferentes tipos de tumores cerebrais, o que sugere um potencial similar para a identificação de microrganismos. O uso de métricas de desempenho, como acurácia, precisão, sensibilidade e F1 *score*, assegura a avaliação rigorosa dos modelos, garantindo sua eficácia na prática clínica (Yu *et al.*, 2021).

Um exemplo notável é o sistema YeaZ, que foi desenvolvido para segmentar imagens de microscopia de leveduras. Esse sistema utiliza um conjunto de dados de mais de 10.000 células, incluindo mutantes e células em condições de estresse, para treinar a CNN. O YeaZ demonstrou superar métodos tradicionais de segmentação, especialmente em situações

desafiadoras, como células geminando ou aglomeradas. Em termos de precisão, o YeaZ alcança uma precisão média de 94%, destacando-se na delimitação correta das bordas celulares, mesmo sem a necessidade de marcadores fluorescentes, o que facilita a aplicação em diversos cenários experimentais (Dietler *et al.*, 2020).

Conforme descrito no artigo "A biological image classification method based on improved CNN" de Jiaohua Qin *et al.* (2020), as CNNs melhoradas, conseguem reduzir o custo computacional e melhorar a precisão de classificação de imagens biológicas. Essas melhorias permitem que as CNNs extraiam informações de alto nível das imagens e transfiram conhecimentos de grandes conjuntos de dados para conjuntos menores, aumentando assim a precisão na identificação de microrganismos. Esse avanço tem contribuído significativamente para a modernização dos métodos de identificação microbiológica, tornando-os mais rápidos e precisos (Qin *et al.*, 2020).

Assim segundo Smith e Kirby (2020), a utilização de imagens digitais na microbiologia, combinada com técnicas avançadas de análise e aprendizado de máquina, proporciona uma abordagem robusta e moderna para enfrentar os desafios na identificação microbiológica, garantindo uma resposta eficaz a surtos de doenças e a manutenção da segurança alimentar e da saúde pública, quando implementados. (Smith; Kirby, 2020).

## 4 METODOLOGIA

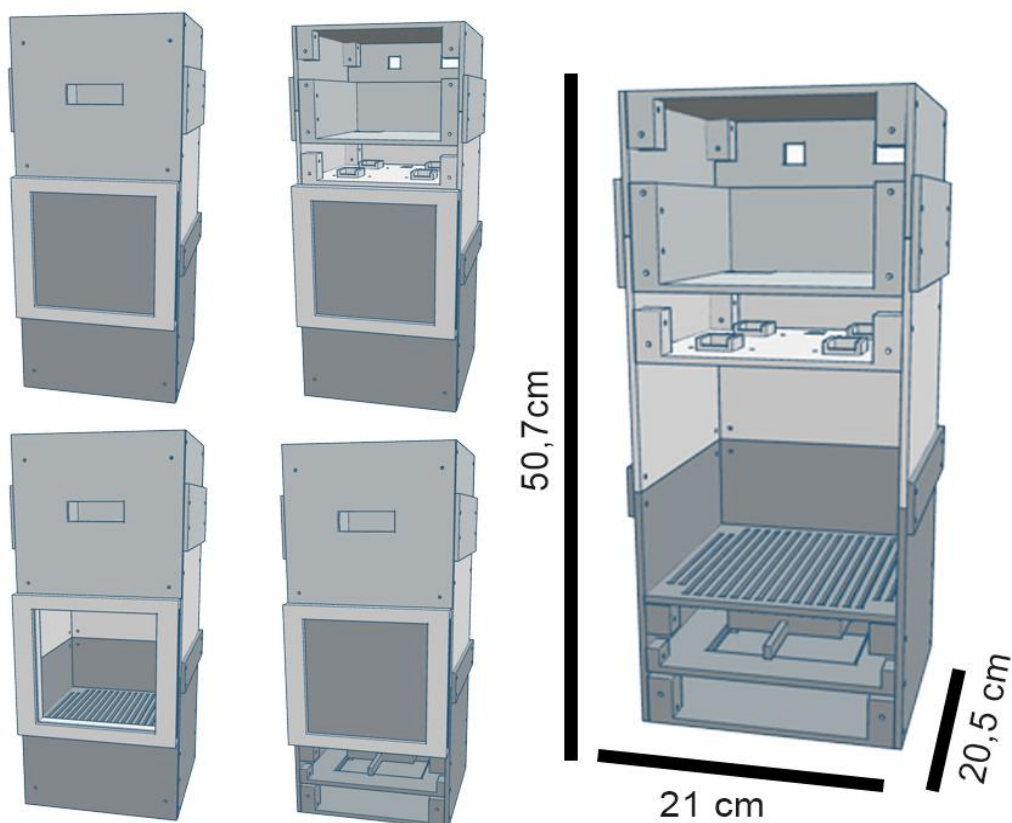
A metodologia deste trabalho foi estruturada para fornecer um guia sobre o desenvolvimento, avaliação e aplicação de uma estufa microbiológica inteligente. Esta seção descreve cada etapa do processo, desde o design inicial até a análise dos dados coletados, visando a criação de um banco de dados para aprendizado de máquina.

### 4.1 DESCRIÇÃO DA ESTRUTURA DA ESTUFA MICROBIOLÓGICA

#### 4.1.2 Projeto tridimensional

O projeto tridimensional da estufa foi realizado utilizando a plataforma Tinkercad, um ambiente de design online que permite a criação de modelos detalhados de objetos tridimensionais. Este projeto foi baseado em um paralelepípedo perpendicular, considerado a melhor opção para acomodar as estruturas principais da estufa: aquecimento, aferição, controle e captação de imagens (Figura 1).

**Figura 1** - Modelo Tridimensional da estufa microbiológica projetado no Tinkercad.

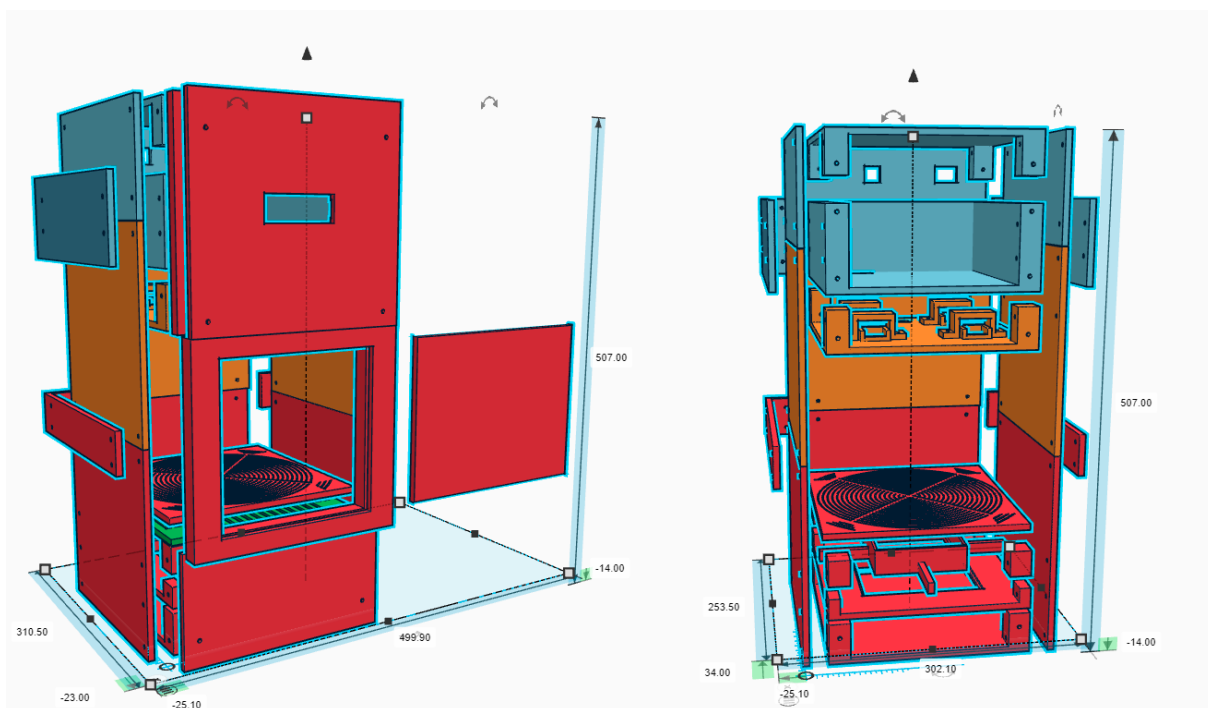


Fonte: Autor (2024).

### 4.1.3 Design modular

A estufa foi projetada de forma modular, composta por um total de 28 peças. Esta modularidade facilita a montagem, manutenção e possíveis futuras modificações na estrutura. A configuração modular permite uma montagem eficiente e organizada dos componentes principais (Figura 2).

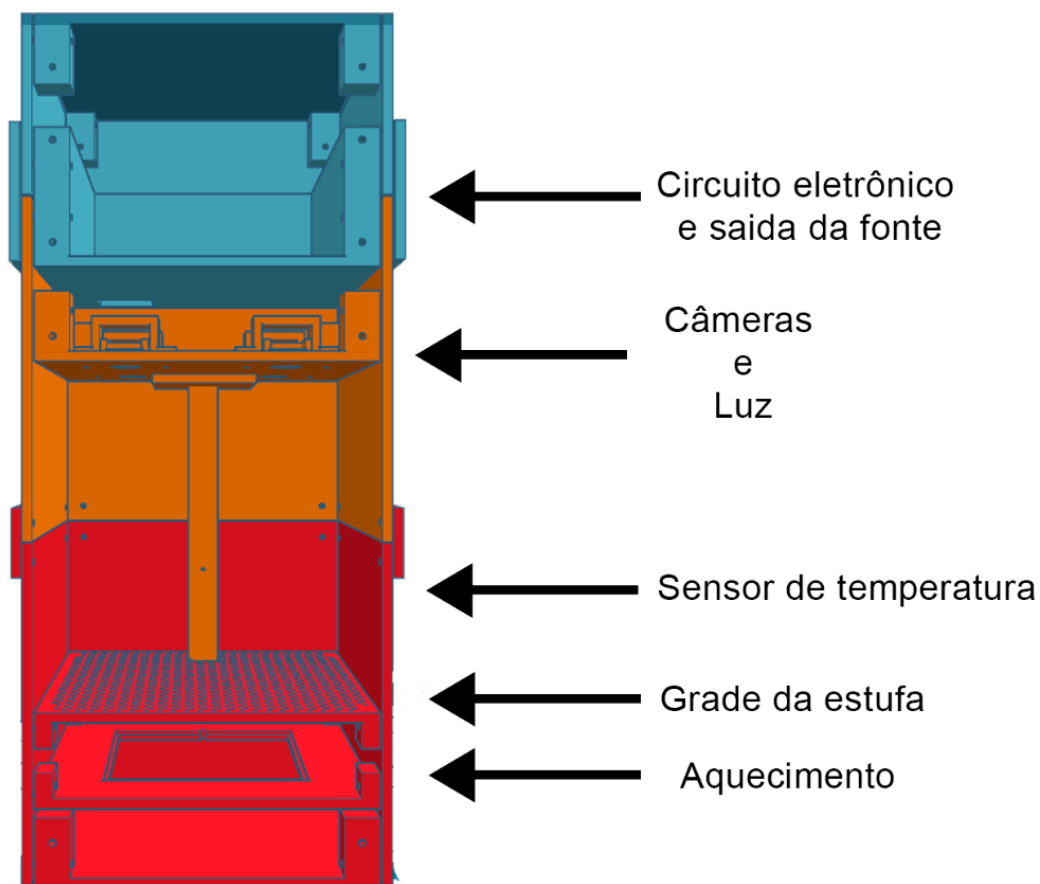
**Figura 2 - Componentes modulares da estufa microbiológica**



Fonte: Autor (2024)

### 4.1.4 Dimensões e configurações

A estrutura final da estufa possui 50.7 cm de altura, 21 cm de largura e 20.5 cm de comprimento. O design segmentado inclui três blocos principais: o bloco inferior, que abriga a manta de aquecimento e a grade de suporte para as placas de Petri; o bloco intermediário, que contém o suporte para as microcâmeras e a base para o circuito elétrico; e o bloco superior, dedicado aos módulos de controle de temperatura e fonte de alimentação, além do módulo de comunicação das câmeras com o computador (Figura 3).

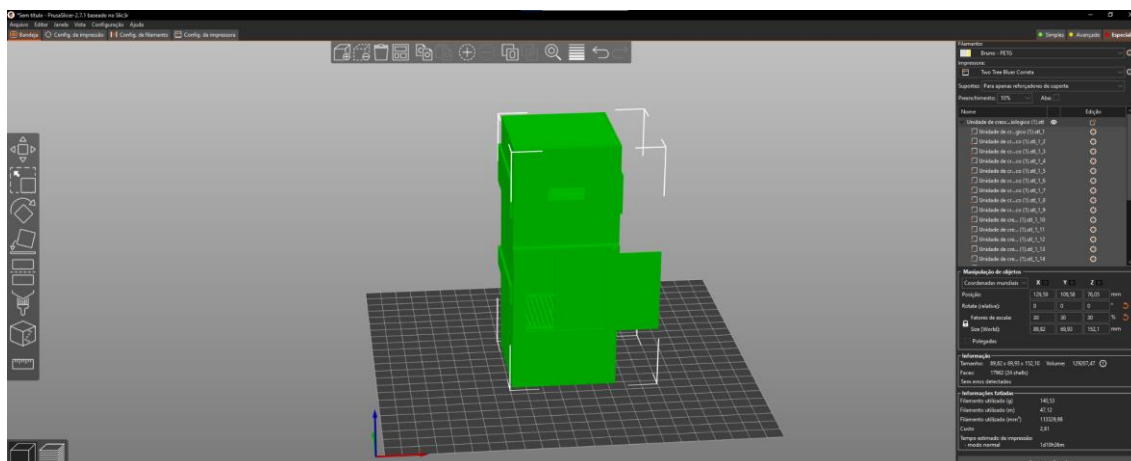
**Figura 3** - Estrutura segmentada da estufa mostrando os três blocos principais

Fonte: Autor (2024)

## 4.2 MANUFATURA DO EQUIPAMENTO

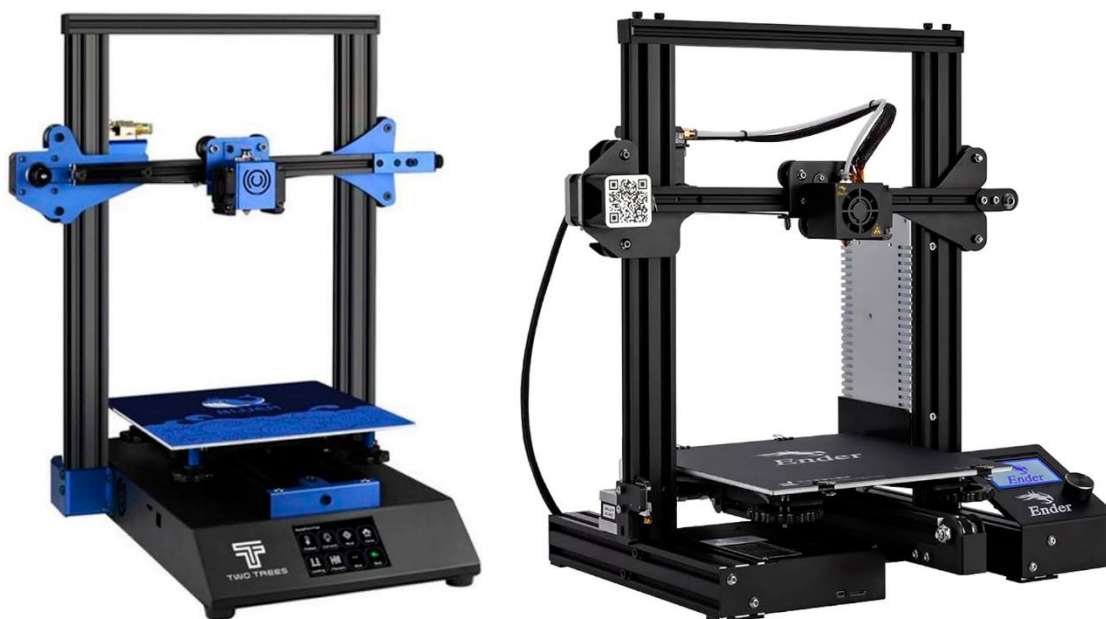
### 4.2.1 Processo de impressão 3D

A impressão 3D foi escolhida como método de manufatura devido à sua capacidade de criar peças complexas de forma econômica e precisa. O projeto da estufa foi salvo no formato STL (Stereolithography or Standard Tessellation Language) formato que contém informações sobre a geometria do modelo 3D, especificamente a descrição das superfícies dos triângulos que compõem o modelo, e fatiado utilizando o software Prusa Slicer versão 2.6 (Figura 4).

**Figura 4** - Interface do software Prusa Slicer com o projeto da estufa.

Fonte: Autor (2024)

A impressão foi realizada utilizando impressoras FDM (Fused Deposition Modeling), especificamente os modelos Two Trees Bluer V3 e Ender 3 (Figura 5).

**Figura 5** - Impressoras 3D Two Trees Bluer V3 e Ender 3

Fonte: Adaptado de Two Trees e Creality (2024)

#### 4.2.2 Materiais utilizados

O material escolhido para a impressão foi o PETG (Polietileno Tereftalato Glicol), devido à sua alta resistência a temperaturas, durabilidade e resistência química. Este material

foi preferido por garantir a segurança dos componentes eletrônicos e minimizar a substituição de peças por deformação ou quebra.

A Tabela 1 apresenta as características do filamento PETG utilizado.

**Tabela 1 - Características do Filamento PETG**

Nome do Atributo	Detalhes
<b>Fabricante</b>	Voolt3D
<b>Matéria Prima</b>	Polietileno Tereftalato Glicol
<b>Diâmetro do Filamento</b>	1,75mm +- 0,02 mm
<b>Dimensões do carretel</b>	20 x 6 cm
<b>Diâmetro do Furo do Carretel</b>	49 mm
<b>Tamanho da Embalagem</b>	210 x 210 x 80 mm
<b>Peso Bruto:</b>	+ - 1,320 Kg
<b>Temperatura de Extrusão:</b>	220° -245° C
<b>Temperatura da Mesa:</b>	70°C

---

Fonte: Adaptado de Voolt3D (2024)

#### 4.2.3 Configurações de impressão

Os parâmetros de impressão incluíram uma altura de camada de 0,2 mm, largura de extrusão de 0,4 mm, e três voltas de perímetro para as paredes internas e externas, resultando em uma espessura de 1,2 mm. O preenchimento foi ajustado para 10%, equilibrando resistência e economia de material. A impressão foi realizada a uma velocidade de 30 mm/s, com temperatura de 240°C no bico de impressão e 70°C na mesa aquecedora.

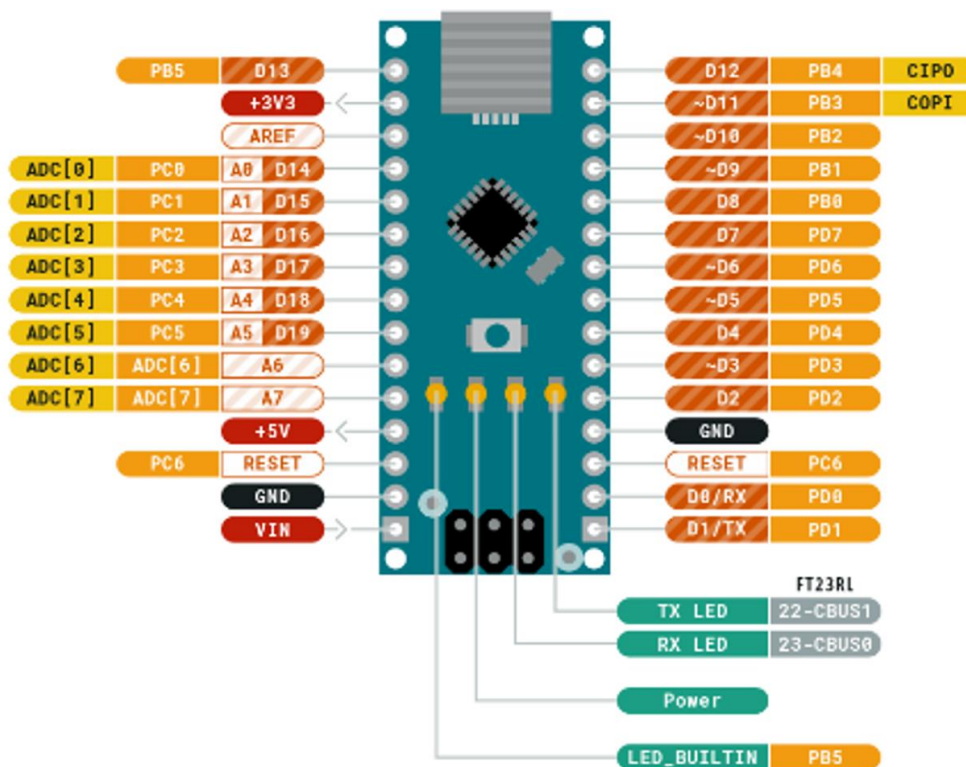
### 4.3 SISTEMA DE CONTROLE E INTERFACE COM O USUÁRIO

#### 4.3.1 Hardware utilizado

##### 4.3.1.1 placa arduino nano

A placa Arduino Nano, figura 6, foi escolhida como a unidade central de processamento e controle devido à sua versatilidade, tamanho compacto e facilidade de programação.

**Figura 6** - Placa Arduino NANO



Fonte: Arduino (2024)

Baseada no microcontrolador ATmega328, a placa Arduino Nano possui 14 pinos digitais de entrada/saída (dos quais 6 podem ser usados como saídas PWM), 8 entradas analógicas, um cristal oscilador de 16 MHz, uma conexão mini USB, um cabeçalho ICSP e um botão de reset. Essa placa permite a implementação de uma vasta gama de funções de controle, desde a regulação da temperatura até a captura de dados de sensores.

O Quadro 1 apresenta as especificações detalhadas da placa Arduino Nano, demonstrando suas capacidades e limitações.

**Quadro 1 - Especificações Placa Arduino NANO**

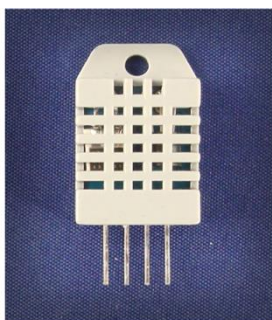
<b>Informações da Placa</b>	<b>Detalhes</b>
<b>Placa Microcontrolador</b>	ATmega328
<b>Conector USB</b>	USB Mini-B
<b>Pinos</b>	
<b>Pino de LED integrado</b>	13
<b>Pinos digitais I/O</b>	14
<b>Pinos de entrada analógica</b>	8
<b>Pinos PWM</b>	6
<b>Comunicação</b>	
<b>UART</b>	RX/TX
<b>I2C</b>	A4 (SDA), A5 (SCL)
<b>SPI</b>	D11 (COPI), D12(CIPO) D13(SCK). Use qualquer GPIO para Chip Select (CS)
<b>Poder</b>	
<b>Tensão I/O</b>	5V
<b>Tensão de entrada (nominal)</b>	7-12V
<b>Corrente DC por pino de I/O</b>	20mA
<b>Clock Speed</b>	
<b>Processador</b>	ATmega328 16 MHz
<b>Memória</b>	
<b>ATmega328p</b>	2KB SRAM, 32KB Flash, 1KB EEPROM

Fonte: Adaptado Arduino (2024)

#### 4.3.1.2 sensores de temperatura dht22

Os sensores de temperatura e umidade DHT22, figura 7, foram integrados ao sistema para fornecer medições precisas e confiáveis das condições ambientais dentro da estufa. O DHT22 é um sensor digital que utiliza um termistor para medir a temperatura e um sensor capacitivo de umidade para medir a umidade relativa do ar. É conhecido por sua precisão e estabilidade a longo prazo.

**Figura 7** - Sensor de temperatura DHT 22



Fonte: Adafruit Industries (2024).

A Tabela 2 detalha as especificações técnicas do sensor DHT22, destacando sua gama de medição e acuracidade.

**Tabela 2** - Especificações do sensor DHT22.

(Continua)

Característica	Detalhes
<b>Modelo</b>	AM2303
<b>Fonte de alimentação</b>	3,3-6V DC
<b>Sinal de saída</b>	Sinal digital via barramento único
<b>Elemento de detecção</b>	Condensador de umidade de polímero e DS18B20 para detecção de temperatura
<b>Gama de medição</b>	Umidade 0-100%RH; Temperatura-40~125 Celsius

**Tabela 2** - Especificações do sensor DHT22.

(Conclusão)

Característica	Detalhes
<b>Acuracidade</b>	+2%RH (Max +5%RH) temperatura +-0,2 Celsius
<b>Resolução ou sensibilidade humidade</b>	Umidade 0,1%RH; temperatura 0.1Celsius
<b>Repetibilidade</b>	Umidade +-1%RH; temperatura +-0.2Celsius
<b>Histerese de umidade</b>	+0,3%RH
<b>Estabilidade a longo prazo</b>	+0,5%RH/ano
<b>Período de detecção</b>	Média: 2s
<b>Intercambialidade</b>	Totalmente intercambiável

---

 Fonte: Adaptado Adafruit (2024)

#### 4.3.1.3 Manta Aquecedora De Silicone

A manta aquecedora de silicone, figura 8, foi escolhida para fornecer aquecimento uniforme e controlado à câmara da estufa. Fabricada silicone e fibra de vidro, a manta aquecedora é flexível e adapta-se facilmente à superfície de aquecimento. Sua resistência à umidade, produtos químicos e fungos a torna ideal para o ambiente controlado da estufa.

**Figura 8 - Manta aquecedora**

Fonte: Adaptado Wattcron (2024)

A Tabela 3 fornece uma visão detalhada das especificações da manta aquecedora de silicone.

**Tabela 3 - Características da Manta aquecedora**

Parâmetros Relevantes	Detalhes
<b>Modelo</b>	Flexível
<b>Dimensões</b>	100 x 100 mm
<b>Espessura</b>	2mm
<b>Potência</b>	100watts
<b>Alimentação</b>	220Vac
<b>Temperatura Máxima de Trabalho</b>	190°C – 200°C
<b>Resistência</b>	484 ohms
<b>Termistor sensor de Temperatura</b>	100k
<b>Temperatura Máxima</b>	300°C
<b>Material</b>	Silicone à prova de Alta temperatura
<b>Grau de Proteção</b>	IP68 à prova d'água e poeira

Fonte: Adaptado Wattcron (2024)

#### 4.3.1.4 microcâmeras sq11

As microcâmeras SQ11, figura 9, foram escolhidas pela sua alta resolução e tamanho compacto, facilitando a instalação e o posicionamento dentro da estufa. Com resolução de 1920x1080, essas câmeras são capazes de capturar imagens detalhadas das culturas microbiológicas, essenciais para o monitoramento e análise dos dados.

**Figura 9 - Câmera SQ11 e suas funcionalidades**



Fonte: Autor (2024)

A Tabela 4 apresenta as especificações técnicas das microcâmeras SQ11.

**Tabela 4 - Especificações da microcâmera SQ11s**

(Continua)

Parâmetros Relevantes	Detalhes
<b>Formato do vídeo</b>	AVI
<b>Codificação do vídeo</b>	M-JPEG
<b>Resolução do vídeo</b>	1280 X 720P HD 1920 X 1080P HD
<b>Taxa de quadros de vídeo</b>	30 FPS
<b>Player</b>	SISTEMA OPERACIONAL INTEGRADO OU REPRODUTOR DE TRANSMISSÃO PRINCIPAL

**Tabela 4** - Especificações da microcâmara SQ11s

(Conclusão)

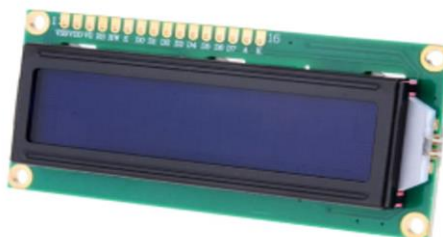
Parâmetros Relevantes	Detalhes
<b>Formato de imagem</b>	JPG
<b>Proporção da imagem 04:03</b>	
<b>Sistema suporte</b>	WINDOWS ME/2003/VISTA; MACOS; LINUX;
<b>Capacidade de bateria</b>	200MAH
<b>Tempo de trabalho</b>	100 MINUTOS
<b>Voltagem de carga</b>	DC-5V
<b>Tipo de interface</b>	MINI 8PIN USB
<b>Suporte para salvar</b>	TF CARD
<b>Tipo de bateria</b>	POLÍMERO DE LÍTIO DE ALTA CAPACIDADE

---

 Fonte: Autor (2024)

#### 4.3.1.5 Display

O display utilizado foi um Adafruit HD44780, figura 10, com interface serial, que é uma solução de Interface Homem-Máquina (HMI), que apresenta boa visibilidade devido ao fundo iluminado com ajuste de intensidade.

**Figura 10** - Display

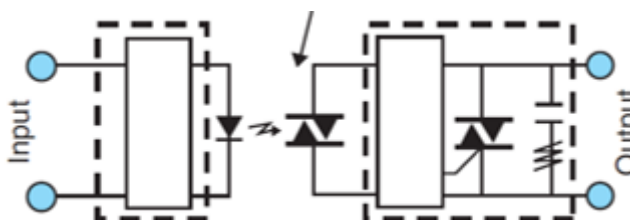
Fonte: Adafruit, 2024

O display LCD utilizado na estufa possui 16 caracteres de largura e 2 linhas, com texto branco sobre fundo azul. A porta de ligação tem um espaçamento de 0,1", facilitando a montagem e a cablagem. Os pinos estão documentados na parte de trás do LCD para ajudar na cablagem. A retroiluminação LED única incluída pode ser regulada facilmente com uma resistência ou PWM, consumindo menos energia do que os LCDs com retroiluminação EL (eletroluminescente). O conjunto de caracteres incorporado suporta texto em inglês e japonês, conforme a folha de dados do HD44780. Até 8 caracteres extras podem ser criados para glifos personalizados ou suporte de línguas estrangeiras. Além disso, o display possui um potenciômetro para ajuste de contraste.

#### 4.3.1.6 Controle de aquecimento

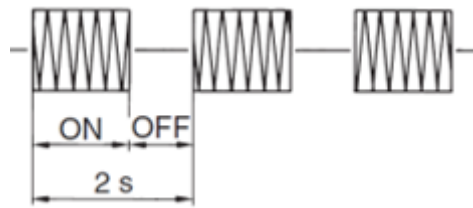
O controle de aquecimento utiliza como elemento de controle da potência entregue a manta, uma chave semicondutora acionada por acoplamento óptico, o que separa a parte de sinal da parte de potência proporcionando boa prática na segurança de controle em potência. Este dispositivo também é chamado de relé de estado sólido, porém tem características diversas do relé mecânico. A figura 11 mostra o diagrama de blocos do dispositivo (OMRON, 2024).

**Figura 11** – Diagrama em blocos do elemento chaveador de potência



Fonte: Omron (2024)

A polarização empregada foi o comando de pacotes de energia controlados por modulação de largura de pulso (PWM), como ilustrado na figura 12, com frequência de 1 ciclo por segundo, e proporcional a faixa de temperatura medida pelos sensores, estabelecendo uma curva de acionamento na qual os sensores têm o tempo para equalizar a temperatura de seu elemento sensor e o ambiente.

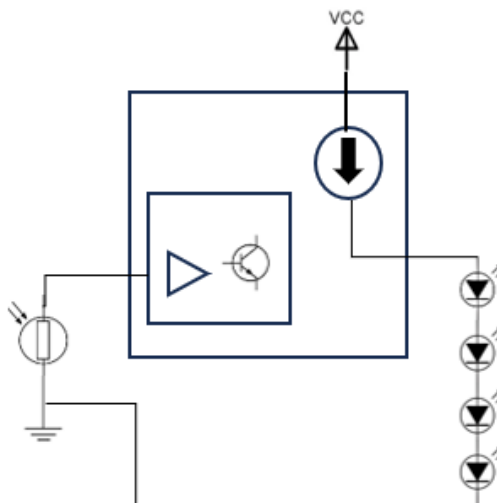
**Figura 12** - Técnica de polarização

Fonte: Adaptado OMRON (2024)

#### 4.3.1.7 controle dos leds de iluminação

O circuito de controle dos LED tem por finalidade variar a intensidade dos LED com precisão e o controle de compensação tem por finalidade manter a condição de polarização ajustada no início do ciclo. Para tanto optou-se por uma configuração de driver de corrente, controlada por tensão (PWM). O elemento sensor de luminosidade escolhido foi um resistor dependente de luz (LDR), de fácil polarização e boa sensibilidade. O componente utilizado tem variação na sua resistência de cerca de 8~20 k $\Omega$  a 10 Lux e 1 M $\Omega$  em 0 Lux.

A figura 13 mostra um diagrama de blocos do driver de controle de luminosidade dos leds.

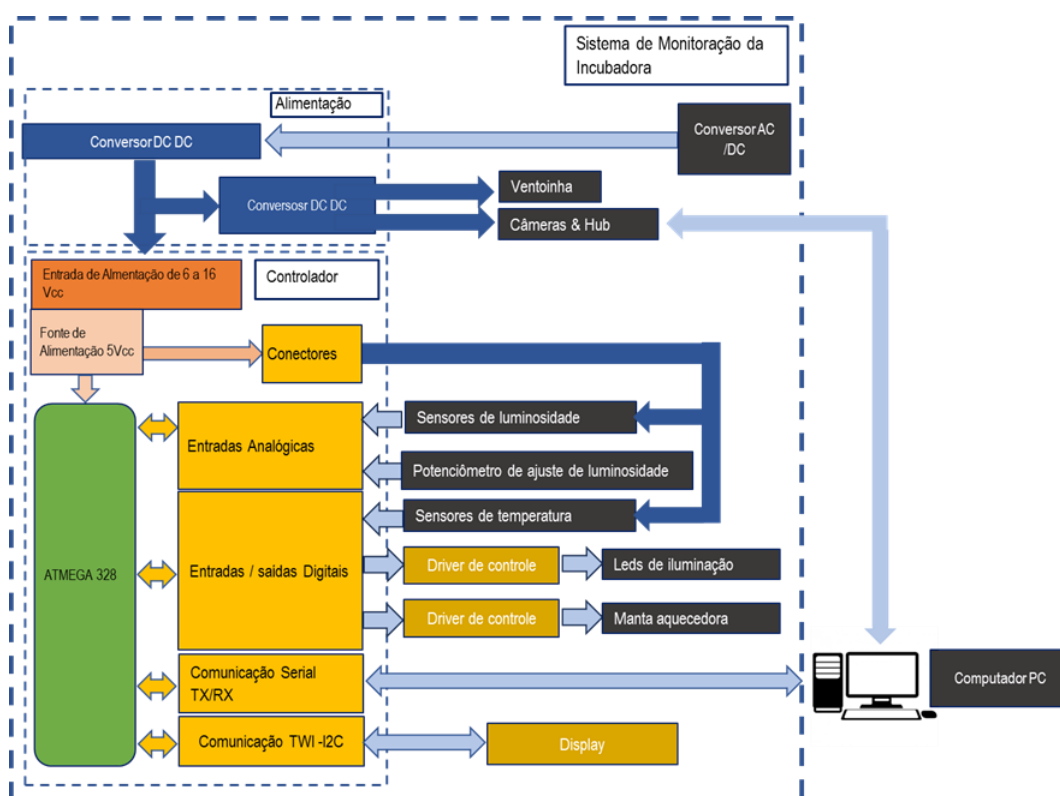
**Figura 13** - Driver de controle dos Leds

Fonte: Autor (2024)

#### 4.3.1.8 Diagrama de blocos do sistema de controle

Para garantir a integração eficiente de todos os componentes, foi desenvolvido um diagrama de blocos do sistema de controle, que ilustra as conexões e interações entre a placa Arduino Nano, os sensores, a manta aquecedora, as câmeras e o computador (Figura 14).

**Figura 14** - Diagrama de blocos do Sistema de monitoração



Fonte: Autor (2024)

Nota-se, na figura 14, as conexões da placa Arduino Nano com o display, sensores, a manta aquecedora e o PC, bem como o módulo de alimentação externa, que é um conversor AC/DC com saída de 12Vdc semelhante a um carregador de notebook, e os conversores DC/DC que se ligam aos outros circuitos

O sistema de controle é microprocessado e utiliza circuitos adicionais para as realizações das medições e controle. A instrumentação conta com interface de display e controles de ajuste para operação, bem como conectores para alimentação e transmissão de dados. Para a comunicação entre o microcontrolador e o display, é empregado o protocolo TWI-I2C (Two Wire Interface - Inter-Integrated Circuit), que permite uma comunicação eficiente utilizando dois fios, um para sinal de clock e outro para dados.

Esta instrumentação tem como interface, display e controle de ajuste para a operação, bem como conectores para alimentação e transmissão de dados para um computador.

Além disso, há também a comunicação Serial TX/RX utilizada para a transmissão de dados entre o microcontrolador Arduino Nano e um computador. O microcontrolador utilizado é um Arduino Nano (Arduino, 2024), baseado no ATmega328, um CPU de 8 bits de baixo consumo e arquitetura RISC melhorada AVR® (Microchip, 2019).

### **4.3.2 Programação**

#### *4.3.2.1 Programação sistema de controle da estufa*

Foi desenvolvida uma programação para sistema de controle da Estufa que trabalha em conjunto com a IDE Arduino, para executar as funções de ajuste e verificação de parâmetros do sistema de uma forma simples e amigável para a operação e coleta dos dados.

O sistema pode trabalhar de forma autônoma indicando as condições de luminosidade e temperaturas da câmara através do display, ou permite a conexão de um computador para o processo de ajuste de luminosidade e verificação das condições de temperatura.

No início do ciclo de funcionamento, com a conexão de um computador ao sistema, o software permite uma verificação da iluminação interna da câmara, de modo que as imagens tenham a melhor qualidade possível, e se necessário o nível de iluminação pode ser ajustado pelo potenciômetro de ajuste, sendo que os valores durante o processo são visualizados no display. Uma vez determinado o melhor nível de iluminação interna, o valor é salvo pelo programa que é utilizado no processo de compensação dinâmica durante o ciclo. Caso a luminosidade dos LED varie, tanto para mais como para menos, o sistema atuará para compensar e manter o nível ajustado inicialmente.

No modo autônomo, além do controle dinâmico da iluminação interna, o sistema possui um controle de aquecimento que somente é acionado se os sensores de temperatura não apresentarem nenhuma falha, ou seja, todos os sensores estiverem operacionais e não houver diferença de mais de 1 grau entre os sensores da câmara. Estas condições, se ocorrerem, são armazenadas pelo software e sinalizadas via display e via serial.

Uma vez que o sistema verifica que os sensores estão operacionais, sem apresentar falha, se inicia o processo de controle de aquecimento da câmara, onde o aquecimento é comandado de forma gradual, e verificado constantemente para que ao chegar a temperatura de aproximadamente 36.5°C, o mesmo se estabilize e mantenha o controle em torno deste valor.

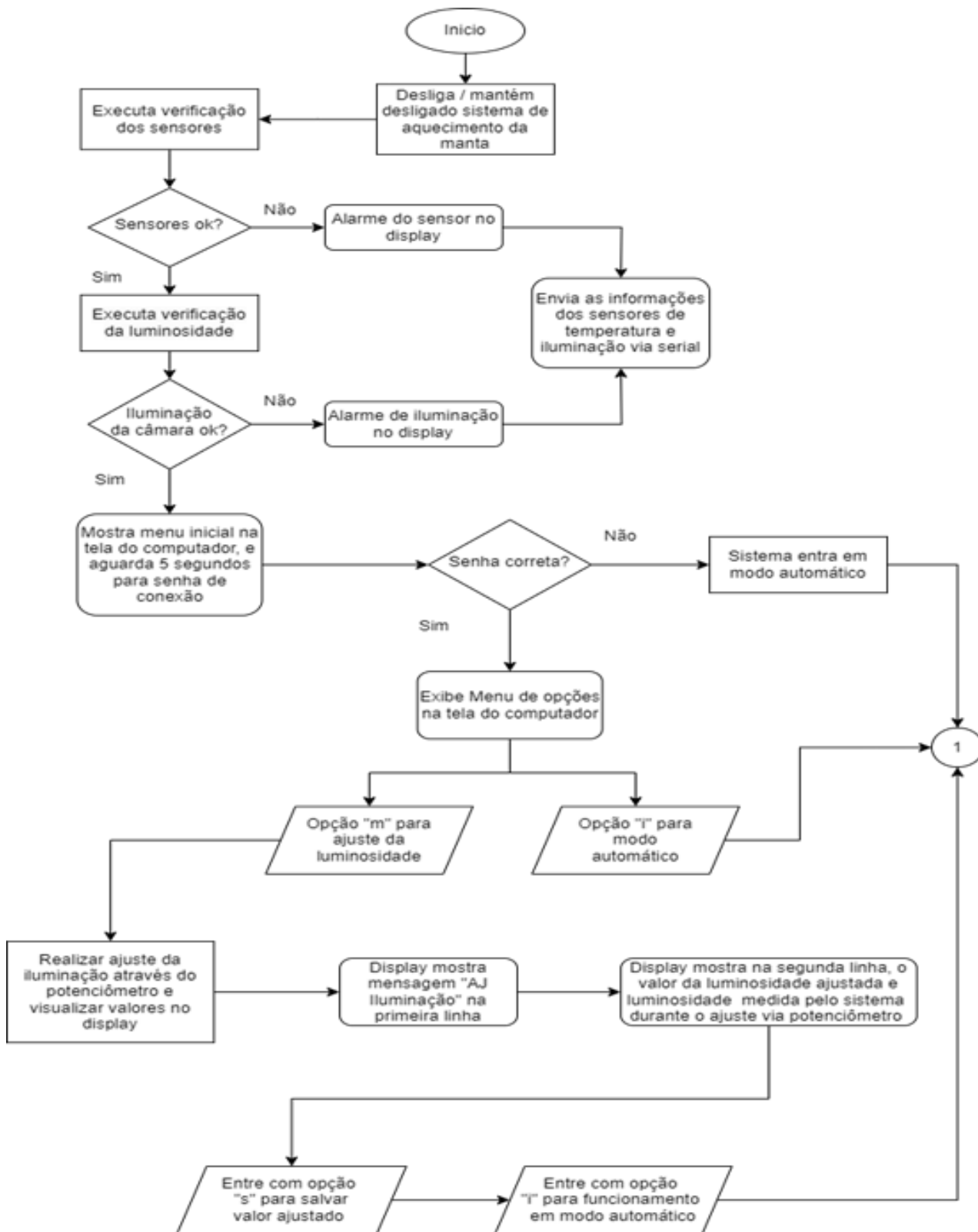
A condição programada no sistema é uma faixa de temperatura de 35 °C a 37,5°C para o funcionamento adequado.

Caso, durante o ciclo de operação, haja alguma falha de sensor, o controle de aquecimento é desligado, e somente será possível ser ativado com as falhas reparadas.

O sistema ainda conta com uma verificação de segurança do funcionamento do microcontrolador, por temporizador independente, de modo que se houver qualquer falha e o microcontrolador interromper sua operação, ele é resetado e volta na condição inicial do ciclo em que o sistema de aquecimento se inicia desativado.

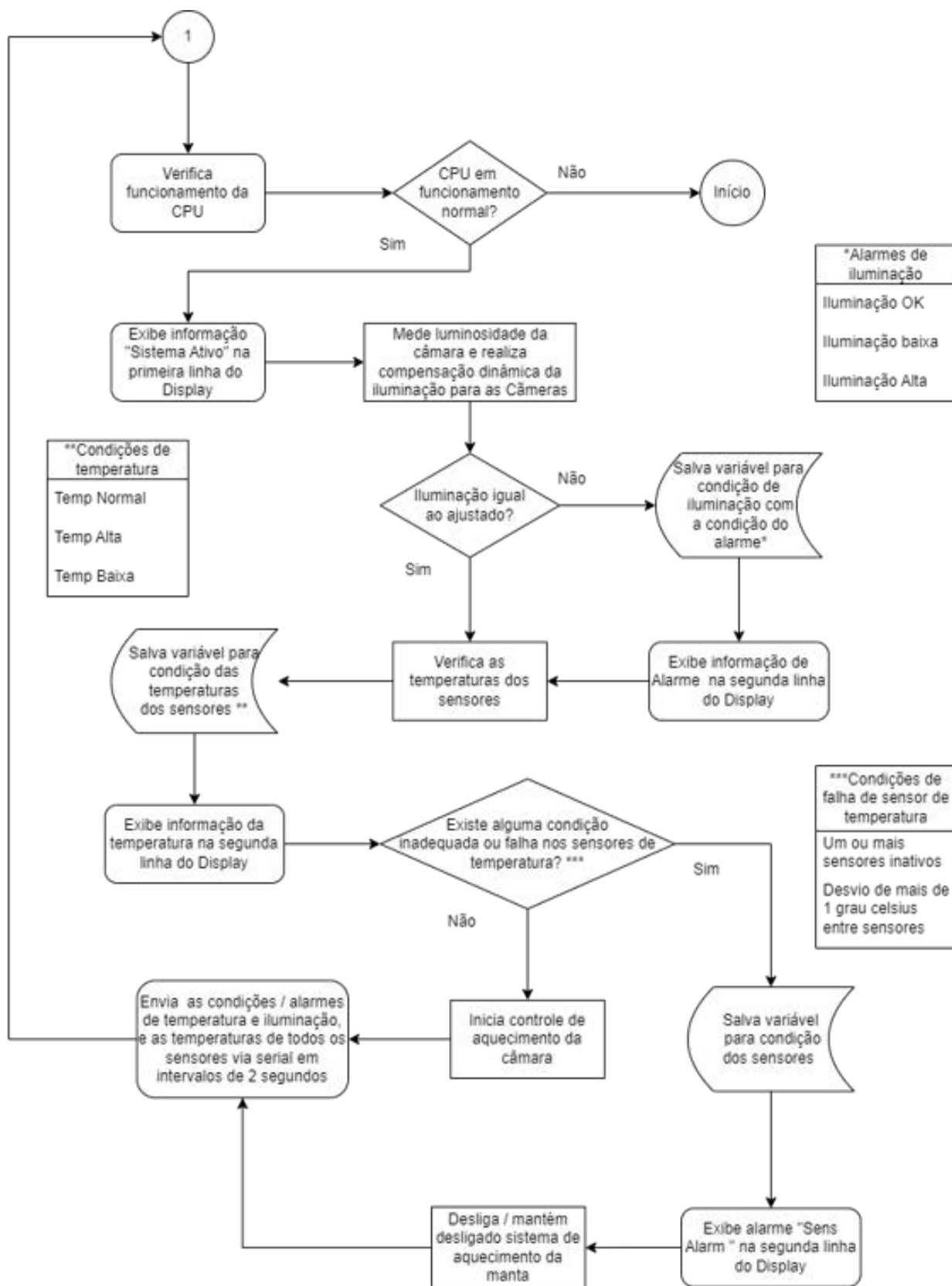
A seguir poderá ser visualizado nos fluxogramas 1 e 2, o fluxograma da programação, onde é feito um detalhamento das sequências de operação, trazendo informações sobre os sensores e a geração dos dados de medição.

Fluxograma 1 - Programação – parte 1



Fonte: Autor (2024)

Fluxograma 2 - Programação – parte 2



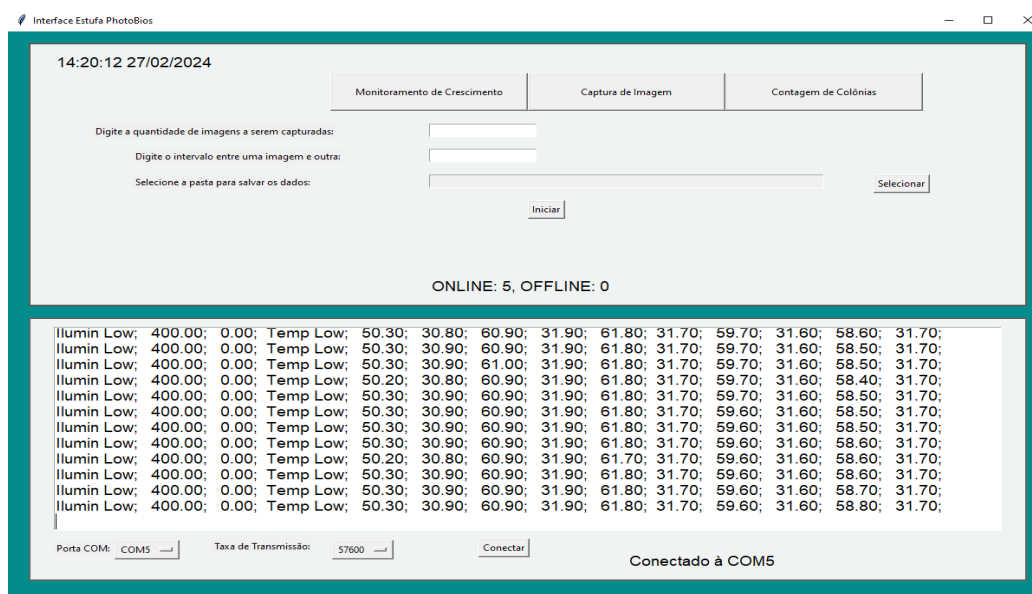
Fonte: Autor (2024)

#### 4.3.2.2 Interface gráfica do usuário (gui)

No âmbito do desenvolvimento de softwares destinados a facilitar a análise e o monitoramento de experimentos microbiológicos, a criação de uma interface gráfica de usuário (GUI) intuitiva é fundamental. Este componente permite que usuários finais, sem conhecimentos prévios em programação, interajam de forma eficaz com o programa, acionando recursos de forma interativa. O projeto em questão visou desenvolver uma aplicação GUI utilizando a biblioteca *tkinter* em *Python*, com o objetivo principal de fornecer funcionalidades específicas para a monitorização do crescimento microbiológico em experimentos ou análises laboratoriais.

Utilizando o editor de código fonte *PyCharm* e o *Python*, na versão 3.10, como base, a aplicação foi estruturada para integrar bibliotecas e módulos essenciais à sua funcionalidade. As bibliotecas *tkinter* para a construção da interface gráfica e *OpenCV* para o processamento de imagens foram fundamentais, além de módulos pré-desenvolvidos que abarcam desde a monitorização até a contagem de colônias e a captura de imagens. A escolha dessas tecnologias baseou-se em sua robustez, flexibilidade e compatibilidade com os requisitos do projeto. Seu design pode ser ilustrado pela figura 15. Esses módulos são acessados por meio dos botões com os mesmos nomes das respectivas funções, que são utilizados para operar o sistema.

**Figura 15** - Interface gráfica do usuário (tela inicial)

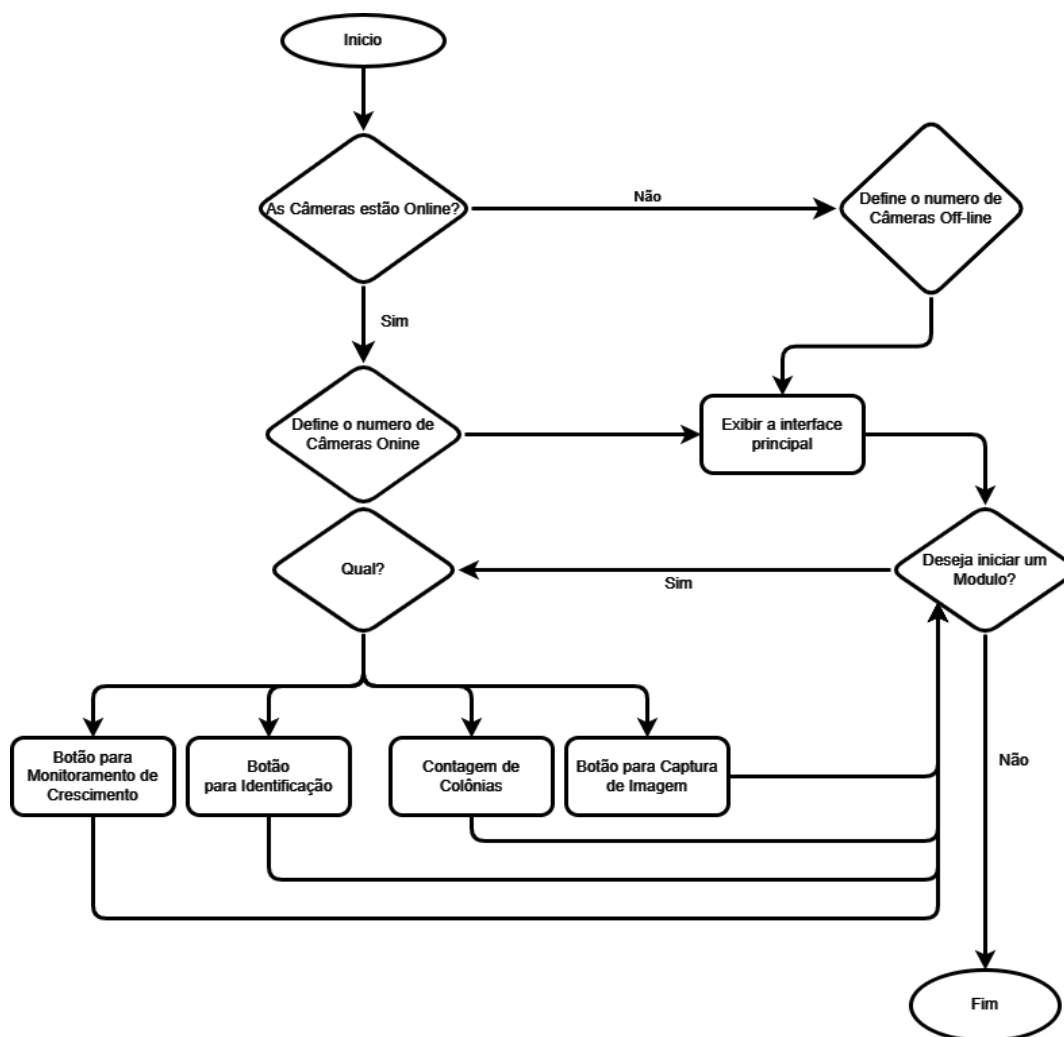


Fonte: Autor (2024)

Ao iniciar o software, duas funções são chamadas para execução simultânea: a função de verificação do status das câmeras e a função de verificação de conectividade com algum dispositivo que envia dados através de porta serial, como o Arduino. Isso resulta na indicação do número de câmeras ligadas ou desligadas e no status de conectividade com o microcontrolador.

Assim, a interface principal do programa é iniciada, permitindo ao usuário interagir com os botões e funcionalidades oferecidas pela aplicação. Os botões presentes na interface oferecem funcionalidades específicas, como "Monitoramento de Crescimento", "Contagem de Colônias" e "Captura de Imagem". Cada botão chama uma função correspondente, definida em módulos externos responsáveis por suas tarefas específicas. A fluxograma 3 descreve o funcionamento por meio do diagrama de processos e a inicialização do software.

**Fluxograma 3** - Diagrama de processos e decisões geradas para inicialização do software.



Fonte: Autor (2024)

Ao interagir com o botão "Monitoramento de Crescimento", o módulo inicia a função de monitoramento utilizando o arquivo "monitoring\_function.py". Este módulo captura

imagens das câmeras em intervalos de tempo pré-estipulados pelo usuário e salva as imagens, catalogando sua origem de acordo com a cepa, câmera e hora da foto. A função também recebe as informações impressas no monitor serial, como luminosidade e temperatura interna da câmara. Durante o intervalo de tempo estipulado pelo usuário para as fotos, os dados de tempo, temperatura e umidade são armazenados em formato de texto na mesma pasta de depósito das fotos.

Para complementar as funcionalidades do software, foi adicionado o módulo de contagem de colônias devido à sua utilidade na rotina laboratorial. A função se inicia a partir do arquivo "contagem\_de\_colonias.py", onde uma janela da aplicação se abre com as funcionalidades para selecionar imagens e exibir a imagem escolhida.

Quando o botão "Selecionar Imagens" é acionado, uma caixa de diálogo de seleção de imagens é aberta, permitindo que o usuário escolha um arquivo de imagem. Uma vez escolhida a imagem, ela é carregada na interface. O usuário pode interagir com a imagem carregada clicando com o botão esquerdo do mouse para adicionar marcadores e com o botão direito para remover marcadores. Esses marcadores são representados na imagem como pequenos círculos amarelos, como está demonstrado na figura 16.

**Figura 16** - Interface de contagem de colônias



Fonte: Autor (2024)

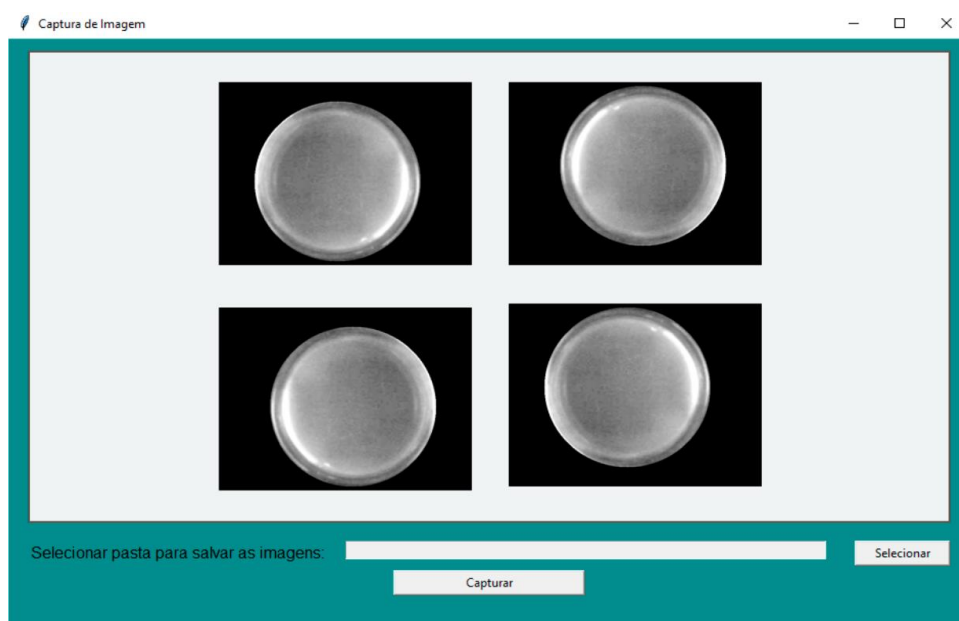
A adição de marcadores leva a uma contagem automática e, após a contagem, o usuário pode clicar no botão "Salvar" para iniciar o processo de salvamento dos resultados. Uma caixa de diálogo de seleção de local para salvar é aberta, onde o usuário pode especificar o nome e o

local do arquivo de saída. Os resultados da contagem, incluindo o número de marcadores e o nome da imagem, são salvos em um arquivo de texto no local especificado. O código é encerrado quando o usuário fecha a janela de aplicação no canto superior direito.

Acionado o botão na tela inicial, o módulo de captura de imagem é iniciado, executando o código contido no arquivo 'funcao\_foto.py', que visa criar uma aplicação de captura de imagens utilizando a biblioteca OpenCV. As imagens são atualizadas em tempo real na interface, com intervalos automáticos de 100 milissegundos, permitindo que o usuário capture as fotos de dentro da câmara (ver figura 17).

Ao iniciar a aplicação, uma janela é aberta, apresentando a interface principal. Nela, o botão 'Capturar' permite ao usuário adquirir fotos das câmeras disponíveis. O código verifica o status de cada uma para determinar se está *online* ou *offline*, exibindo essa informação na interface. Mantendo uma lista das câmeras disponíveis, o usuário pode selecionar e capturar imagens de qualquer uma delas. O programa encerra sua execução quando o usuário fecha a janela.

**Figura 17** - Interface de captura de imagens



Fonte: Autor (2024)

#### 4.4 AVALIAÇÃO E COLETA DAS IMAGENS

Após a conclusão da construção do hardware e dos softwares de controle da estufa, iniciou-se a rotina de testes de validação, incluindo a aquisição de imagens para o treinamento

de uma rede convolucional. Para isso, foi avaliada a função de monitoramento utilizando culturas das cepas bacterianas *Escherichia coli* (ATCC-25922) e *Staphylococcus aureus* (ATCC-25923). Cerca de 200 amostras em crescimento foram monitoradas, totalizando 100 amostras da cepa de *Escherichia coli* e 100 amostras da cepa de *Staphylococcus aureus*. Nesta etapa, foram adquiridas 24 imagens por amostra em intervalos de 1 hora, resultando em um banco de dados de 4800 imagens. A figura 18 apresenta exemplos de imagens capturadas das culturas de *Escherichia coli* e *Staphylococcus aureus* ao longo das 24 horas.

**Figura 18** - Captura de Imagens das Culturas



Fonte: Autor (2024)

#### 4.4.1 Cultura *in vitro*

Para o estudo em questão foram utilizadas cepas *Escherichia coli* (ATCC-25922), uma bactéria Gram-negativa e *Staphylococcus aureus* (ATCC-25923), uma bactéria Gram-positiva. A escolha das cepas se deve à sua ampla disponibilidade e facilidade de cultivo, levando a frequentemente serem usadas como organismo modelo em pesquisas biológicas. Para seu uso e manutenção, ambas as cepas foram repicadas em caldo *Brain Heart Infusion* (BHI) e incubada em estufa durante 24 horas a 37°C.

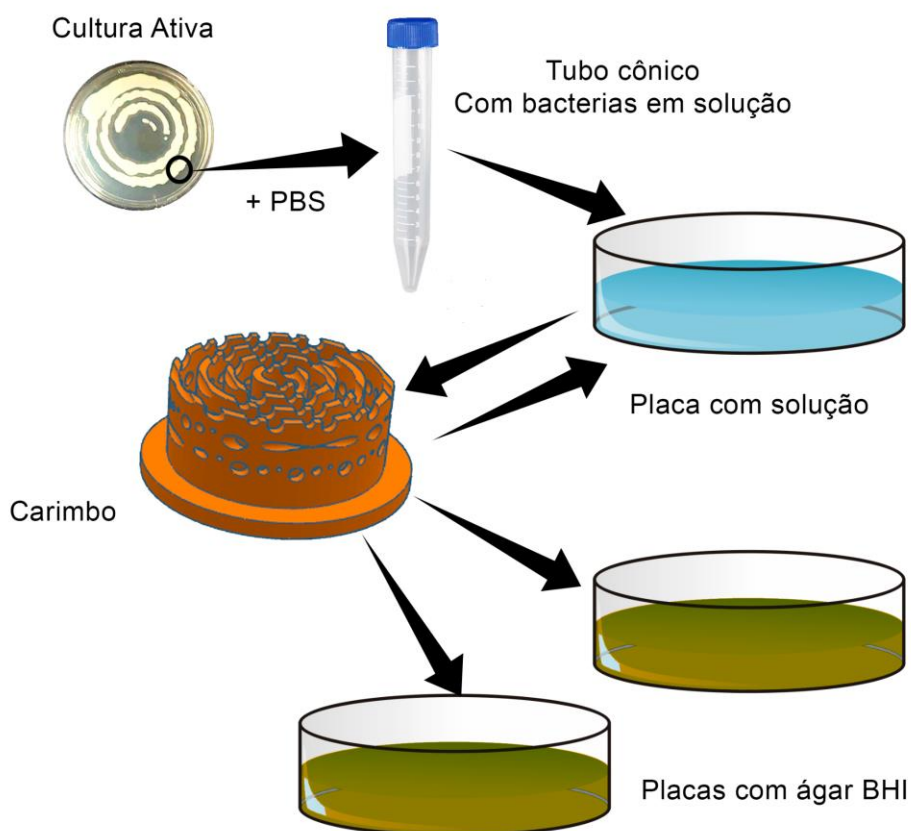
Para os ensaios de crescimento as cepas foram cultivadas em placas de Petri de 60 x 15 mm com meio BHI e incubadas em estufa a 37°C por 24 horas. Ao término do período de incubação, as amostras foram acondicionadas em freezer a -4°C em suspensão de caldo BHI contendo 5% de glicerol.

#### 4.4.2 Padronização

Para obter as imagens a partir de uma concentração padrão, realizou-se uma série de diluições com base na escala de McFarland, começando com uma amostra da cultura base. Inicialmente, a cultura foi ressuspensa em um tubo Falcon contendo 8 mL de PBS para formar uma solução estoque. Em seguida, 1 mL dessa solução foi transferido para um novo tubo contendo 7 mL de PBS, e esse processo foi repetido até atingir a diluição correspondente à 0,5 da escala McFarland.

Após a realização das diluições, conforme ilustrado na figura 19, procedeu-se à preparação das placas para o monitoramento. Em uma placa de Petri vazia, foram adicionados 2 mL da solução contendo a bactéria. Utilizando um carimbo circular, a solução foi transferida para as placas contendo meio Ágar BHI. Após o preparo, as placas foram incubadas em estufa a 37°C por 24 horas, enquanto eram monitoradas continuamente.

**Figura 19** - Processo da diluição seriada das bactérias em placas de petri para aquisição das imagens.



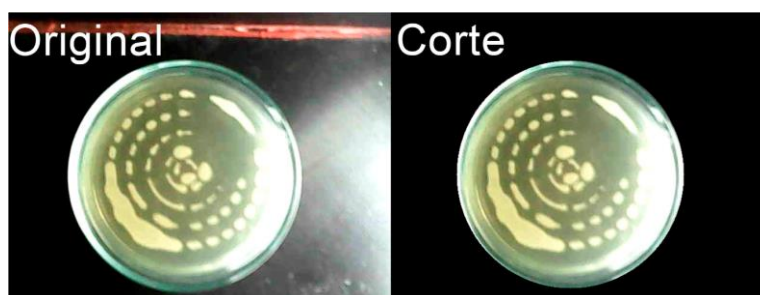
Fonte: Autor (2024)

#### 4.4.3 Processamento das imagens

O processamento das imagens após a etapa de monitoramento tem como objetivo melhorar a captação de características a partir da aplicação de máscaras e filtros. A exploração destas técnicas destaca características mais importantes a serem utilizadas pela rede neural, desta maneira o primeiro passo foi aplicar uma máscara de corte circular sobre as imagens isolando as placas do ambiente e possíveis interferências. O isolamento das características essenciais a partir da aplicação da máscara foi feita utilizando a biblioteca OpenCV que cria uma máscara circular usando a função `cv2.circle()`.

Essa máscara determina quais partes da imagem serão mantidas e quais serão descartadas, de acordo com centro e o raio da máscara especificado como mostrado na figura 20, ao fim do processo de aplicação da máscara, as imagens editadas foram salvas em pastas diferentes das imagens originais, para evitar contaminação do banco de dados.

**Figura 20** - Resultado do processamento da imagem



Fonte: Autor (2024)

#### 4.4.4 Treinamento da CNN

Para dar funcionalidade ao processo de reconhecimento das cepas, criou-se um modelo de Rede Neural Convolutacional (CNN) para classificar imagens com base em intervalos de tempo.

Para isso foi necessário a preparação dos dados para o treinamento da CNN, as imagens foram distribuídas em pastas de intervalos de tempo de 8, 16 e 24 horas e separadas de acordo com as cepas cultivadas assim totalizando 3 pastas para *Escherichia coli* (ATCC-25922) e 3 pastas para *Staphylococcus aureus* (ATCC-25923).

Assim foi criada uma função para extração de informações temporais do nome das pastas contendo as imagens. Essas informações temporais são usadas como rótulos (classes) para as imagens.

A seguir, usando a biblioteca *tensor flow*, as imagens foram carregadas e redimensionadas para 256 x 256 pixels então foram normalizados usando a escala das intensidades de pixel para um intervalo entre 0 e 1. A normalização é necessária para garantir que o modelo funcione adequadamente.

Dessa forma, após a preparação dos dados, é gerado, uma segregação de amostras para que sejam usadas para validação do treinamento chamadas de amostras teste, dessa forma 20% das imagens totais foram segregadas para serem utilizadas como amostras de validação durante o treinamento.

A arquitetura da Convolutional Neural Network (CNN) desempenha um papel fundamental no processo de análise de imagens. A escolha entre modelos previamente validados e adaptação de modelos genéricos pode ter um impacto significativo no desempenho do treinamento e na eficácia da extração de características. No presente estudo, optou-se por utilizar uma arquitetura inspirada na renomada GoogLeNet, reconhecida por sua capacidade de lidar com tarefas complexas de reconhecimento de padrões visuais. Essa arquitetura inclui múltiplos blocos de convolução, camadas de *pooling* e camadas totalmente conectadas. O diferencial está na organização dos blocos convolucionais, seguindo o formato *Inception*, no qual várias convoluções com diferentes tamanhos de filtro são aplicadas em paralelo e os resultados são concatenados. Essa abordagem permite que a CNN aprenda e represente características complexas das imagens de forma mais eficiente e precisa, contribuindo para um melhor desempenho em tarefas de classificação e reconhecimento visual.

A camada de saída da rede neural possui 6 neurônios, correspondendo a 6 classes de intervalos de tempo possíveis. A função de ativação *softmax* é usada para atribuir probabilidades a cada classe, tornando a saída interpretável.

Para o treinamento, compilamos o modelo usando o otimizador *Adam* e a função de perda "sparse\_categorical\_crossentropy", essa função recebe como entrada a distribuição de probabilidade prevista pelo modelo e os rótulos reais dos dados e ela calcula a perda, que representa o quão longe as previsões do modelo estão dos rótulos verdadeiros. Além disso, adicionou-se *callbacks* para monitorar o treinamento, incluindo a redução da taxa de aprendizado quando o desempenho estagna, a parada antecipada para interromper o treinamento quando não há melhoria e o *checkpoint* para salvar o melhor modelo.

Enfim, o treinamento é realizado com o conjunto de treinamento e validação e após o treinamento, foi avaliado o desempenho do modelo no conjunto de testes, calculando a perda e a precisão. Para o processo de avaliação do treinamento foram gerados gráficos que mostram a evolução da precisão e da perda durante o treinamento. Isso permite visualizar como o modelo se comporta ao longo das épocas de treinamento.

#### 4.5 ANÁLISE ESTATÍSTICA

Para as análises estatísticas empregue nos dados relacionados ao desempenho da estufa foi utilizado o programa Jamovi versão 2.3.21. Os dados foram normalizados pelo teste Shapiro-Wilk, foi utilizado o teste de Kruskal-Wallis para dados não normais e a correlação de Spearman. O nível de significância alfa adotado foi igual a 0,05.

## 5 RESULTADOS

### 5.1 RESULTADOS DO DESENVOLVIMENTO

Os resultados obtidos durante o desenvolvimento da estufa microbiológica foram organizados em dados quantitativos e qualitativos. Foram capturadas 4800 imagens de culturas microbiológicas, sendo 2400 de *Escherichia coli* (ATCC-25922) e 2400 de *Staphylococcus aureus* (ATCC-25923). As imagens foram capturadas em intervalos de 1 hora ao longo de 24 horas, como apresentado no quadro 2.

A precisão da Rede Neural Convolutacional (CNN) na classificação de imagens de *Staphylococcus aureus* alcançou 80% dentro de um período de 24 horas, enquanto a precisão para *Escherichia coli* foi menor, indicando a necessidade de aprimoramento do modelo. As imagens capturadas apresentaram qualidade visual, permitindo uma clara distinção entre as diferentes fases de crescimento das colônias bacterianas. A estufa manteve a estabilidade térmica dentro da faixa desejada de 35°C a 37,5°C, crucial para o crescimento microbiológico adequado.

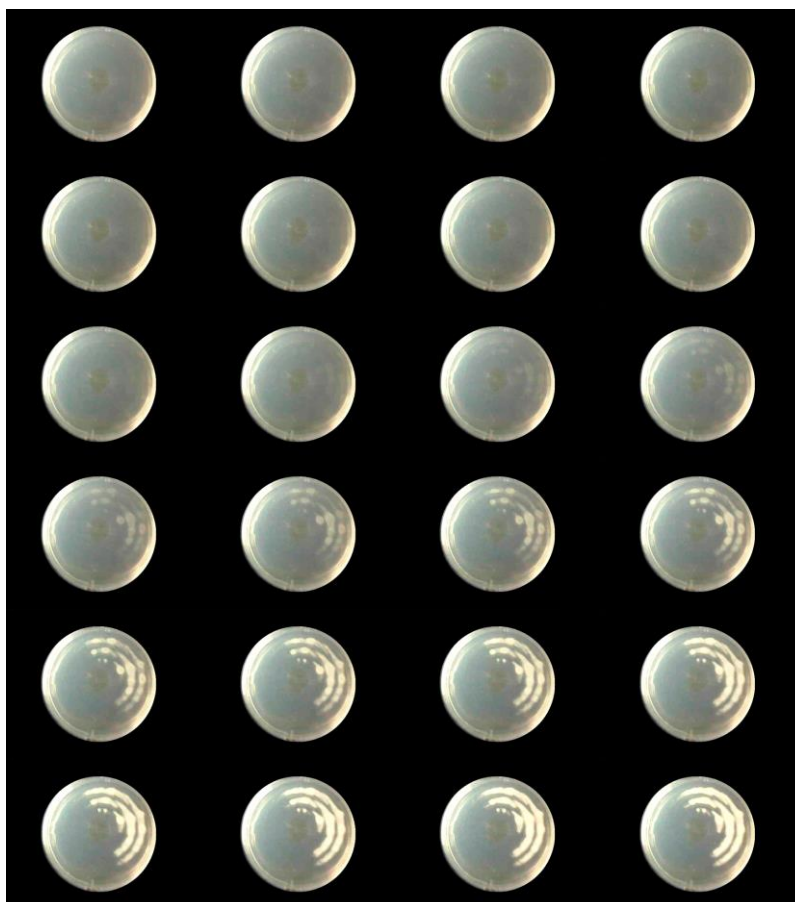
O Quadro 2 detalha os resultados da captura de imagens, incluindo as métricas de precisão da CNN para cada espécie bacteriana.

**Quadro 2 - Resultados de Captura de Imagens**

Cepa	Número de Amostras	Imagens Capturadas	Intervalo de Tempo (h)
<i>Escherichia coli</i>	100	2400	1
<i>Staphylococcus aureus</i>	100	2400	1

Fonte: Autor (2024)

A figura 21 mostra o resultado do processamento das imagens, destacando a aplicação de máscaras e filtros para isolar características importantes das colônias.

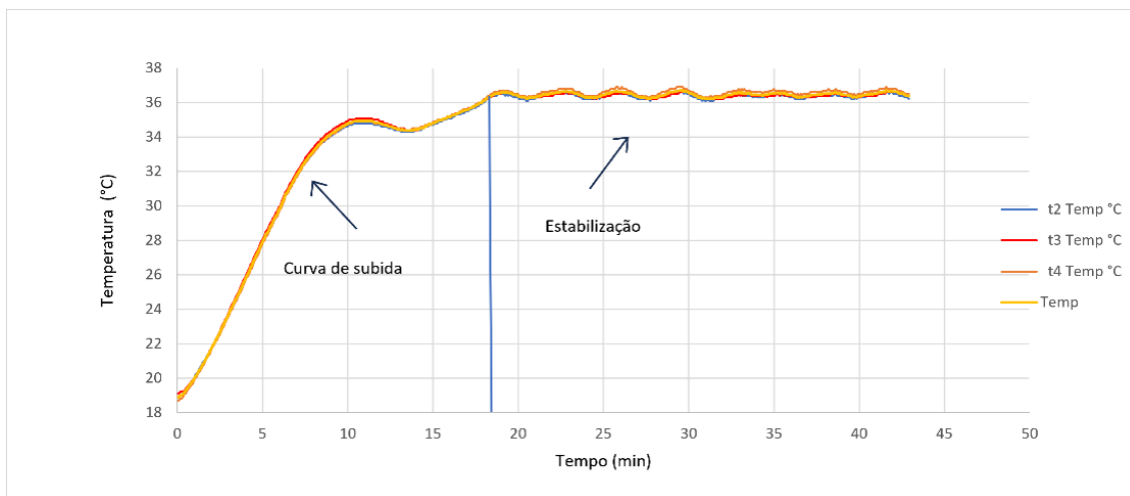
**Figura 21 - Resultado do Processamento das Imagens**

Fonte: Autor (2024)

## 5.2 RESULTADOS DO SISTEMA DE CONTROLE

O sistema de controle foi avaliado com base em sua capacidade de manter a temperatura estável e iluminar adequadamente as culturas microbiológicas. A estufa apresentou uma variação térmica mínima, com desvio padrão de  $\pm 0,5^{\circ}\text{C}$  em relação à temperatura de referência de  $37^{\circ}\text{C}$  (figura 22).

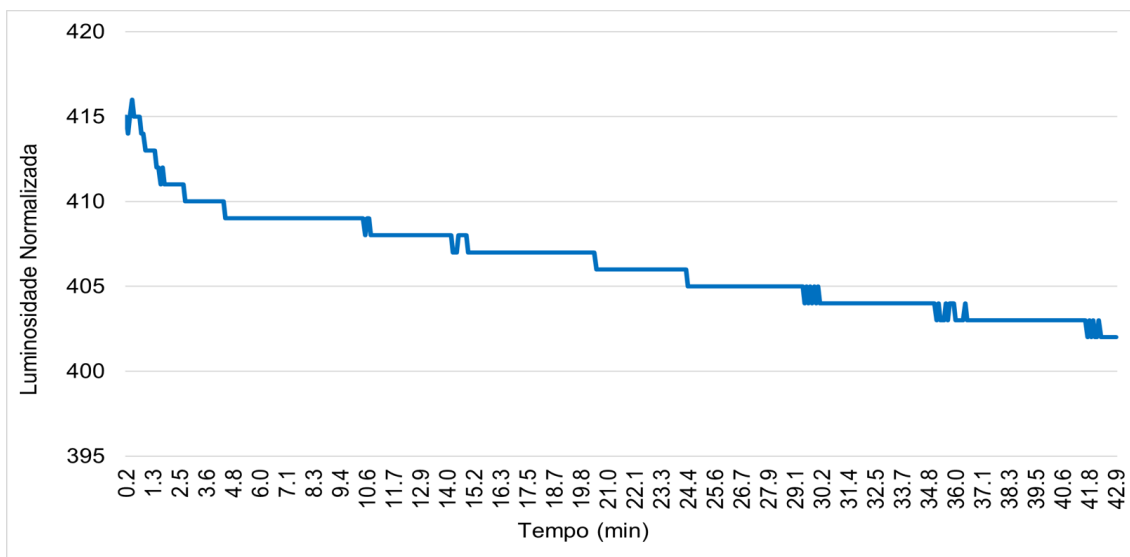
**Figura 22 - Curva de Aquecimento da Estufa**



Fonte: Autor (2024)

A iluminação interna foi ajustada dinamicamente para compensar variações, garantindo a consistência nas imagens capturadas (Figura 23).

**Figura 23 - Curva de compensação da luminosidade durante ciclo de trabalho da Estufa**



Fonte: Autor (2024)

### 5.3 CURVA DE AQUECIMENTO

#### 5.3.1 Descrição da metodologia de teste

Para avaliar a curva de aquecimento da estufa, a temperatura interna foi monitorada desde o estado inicial (ambiente) até a estabilização na temperatura de referência de 37°C. A figura 22 mostra a Curva de Aquecimento da Estufa e estabilidade da temperatura ao longo do tempo. O tempo total para atingir a estabilidade térmica foi de 20 minutos. O Quadro 3 fornece dados detalhados da curva de aquecimento, incluindo tempos de resposta e desvios térmicos.

**Quadro 3** - Dados de Aquecimento

Tempo (min)	Temperatura (°C)
0	25
10	35
20	37
30	37.2
60	37.1

Fonte: Autor (2024)

Além disso, o Quadro 4 apresenta as características da estabilização da temperatura da estufa, enquanto o Quadro 5 detalha as características do controle de temperatura da estufa, ambos essenciais para entender a eficácia do sistema de controle térmico.

**Quadro 4** - Características da estabilização da temperatura da estufa

Temperatura da câmara	VIÉS (°C)	DESV PAD (°C)	IC = 99% (°C)
36.46	-0.10	0.12	36.8 a 35.9

Fonte: Autor (2024)

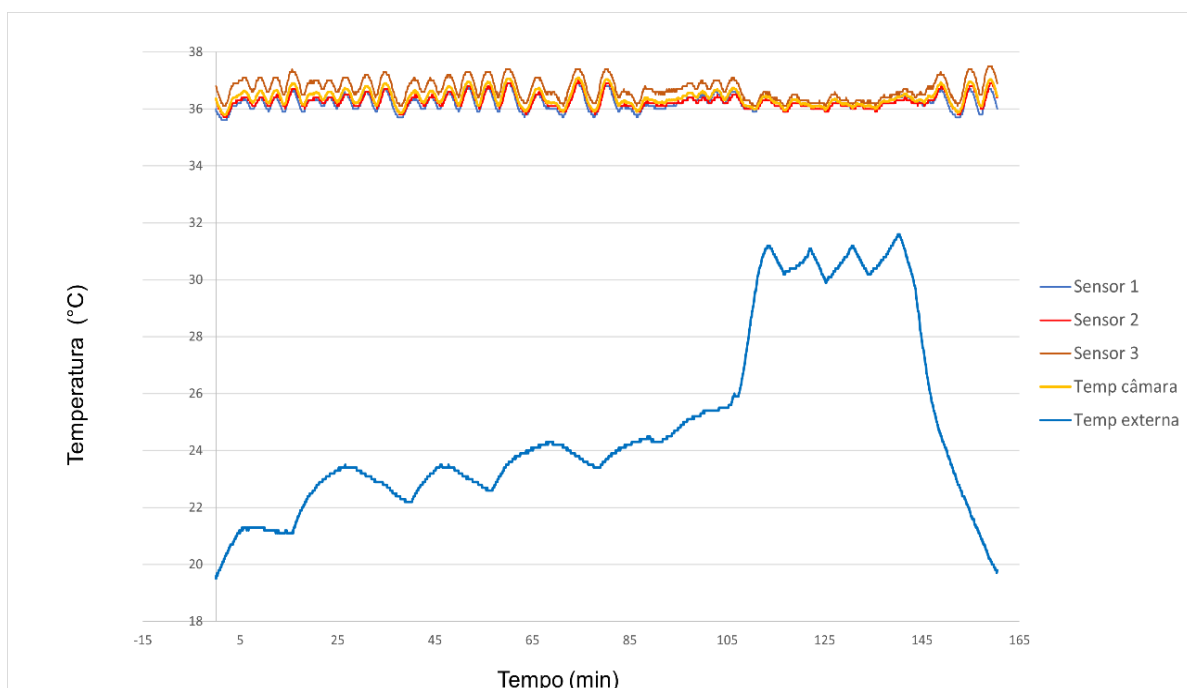
**Quadro 5** - Características do controle de temperatura da estufa

Temperatura da câmara	VIÉS (°C)	DESV PAD (°C)	IC = 99% (°C)
36.39	-0.07	0.27	35.5 a 37.2

Fonte: Autor (2024)

### 5.3.2 Análise dos dados de aquecimento

A análise revelou que a estufa atinge a temperatura desejada de maneira eficiente e mantém a estabilidade térmica necessária para o crescimento microbiológico. A Figura 24 mostra a curva de estabilidade da temperatura ao longo do tempo, destacando a eficácia do sistema de controle térmico.

**Figura 24** - Curva de Estabilidade da Temperatura

Fonte: Autor (2024)

## 5.4 ILUMINAÇÃO DA CÂMARA E AQUISIÇÃO DE IMAGENS

As imagens capturadas foram analisadas para verificar sua adequação ao treinamento da CNN. As imagens apresentaram alta resolução e detalhes suficientes para a identificação microbiológica precisa. O Quadro 6 avalia a qualidade das imagens capturadas, incluindo métricas de clareza e detalhamento.

**Quadro 6 - Qualidade das Imagens Capturadas**

Parâmetro	Valor Esperado	Valor Observado
Resolução (px)	1920 x 1080	1920 x 1080
Clareza	Alta	Alta
Ruído (%)	<5	3

Fonte: Autor (2024)

## 5.5 TREINO E VALIDAÇÃO DA REDE CONVOLUCIONAL

### 5.5.1 DESCRIÇÃO DO PROCESSO DE TREINAMENTO

O modelo de CNN foi treinado utilizando as imagens capturadas ao longo dos experimentos. O processo de treinamento incluiu a aplicação de técnicas de aumento de dados e normalização para melhorar a precisão do modelo. O Quadro 7 apresenta os resultados detalhados de precisão e perda do modelo durante o treinamento.

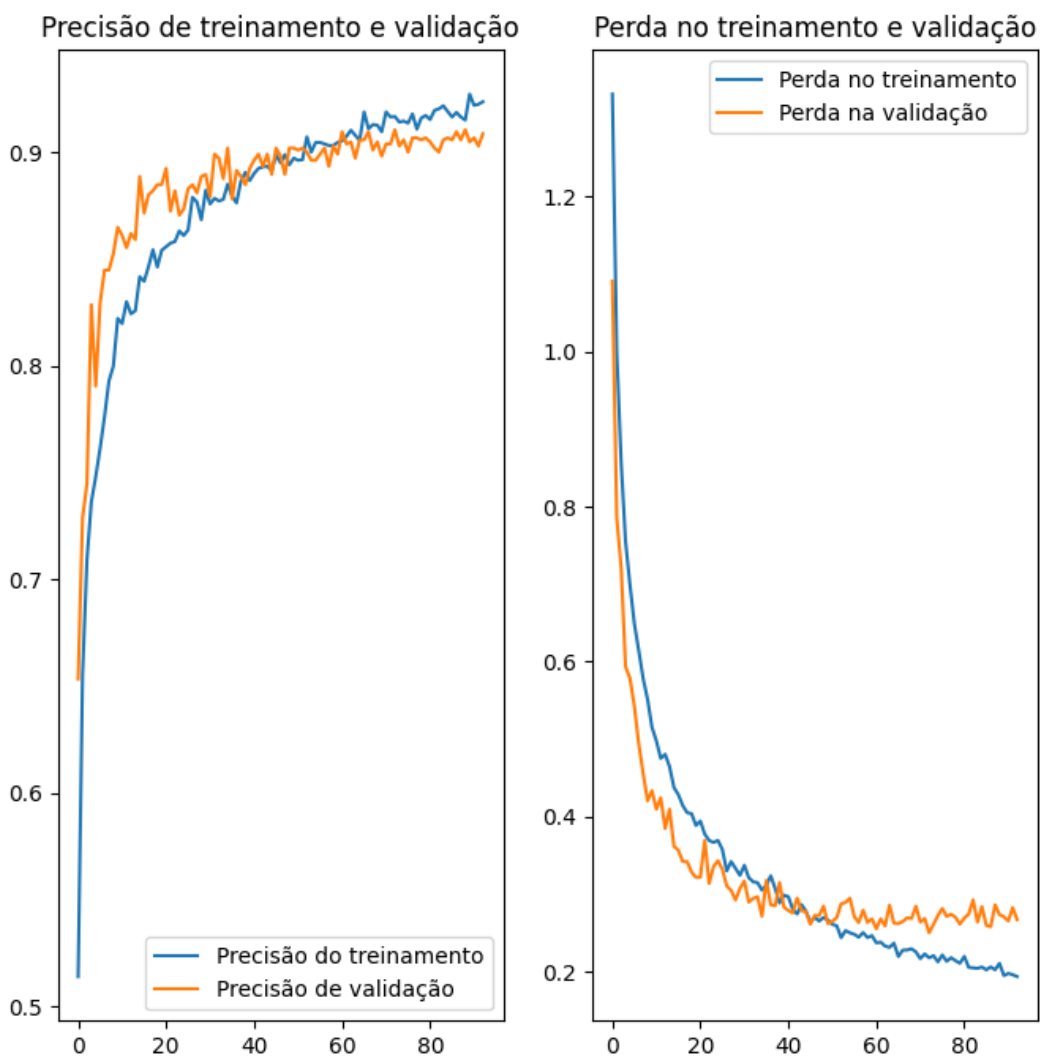
**Quadro 7 - Resultados de Precisão e Perda**

Cepa	Precisão (%)	Perda (%)
<i>Staphylococcus aureus</i>	80	20
<i>Escherichia coli</i>	65	35

Fonte: Autor (2024)

### 5.5.2 Resultados de precisão e perda

Os resultados do treinamento da CNN indicam precisão na classificação de *Staphylococcus aureus*, mas menor precisão para *Escherichia coli*. A Figura 25 mostra as curvas de precisão e perda ao longo das épocas de treinamento, destacando a evolução do modelo.

**Figura 25 -** Curvas de Precisão e Perda

*Fonte: Autor (2024)*

Para melhor ilustrar os resultados obtidos, as métricas de precisão, recall, e F1-score foram calculadas para diferentes intervalos de tempo (8, 16, e 24 horas) e estão apresentadas no Quadro 8. Esses resultados evidenciam o desempenho do modelo ao utilizar imagens com a máscara de corte.

**Quadro 8** - Métricas do ensaio utilizando apenas imagens com a máscara de corte.

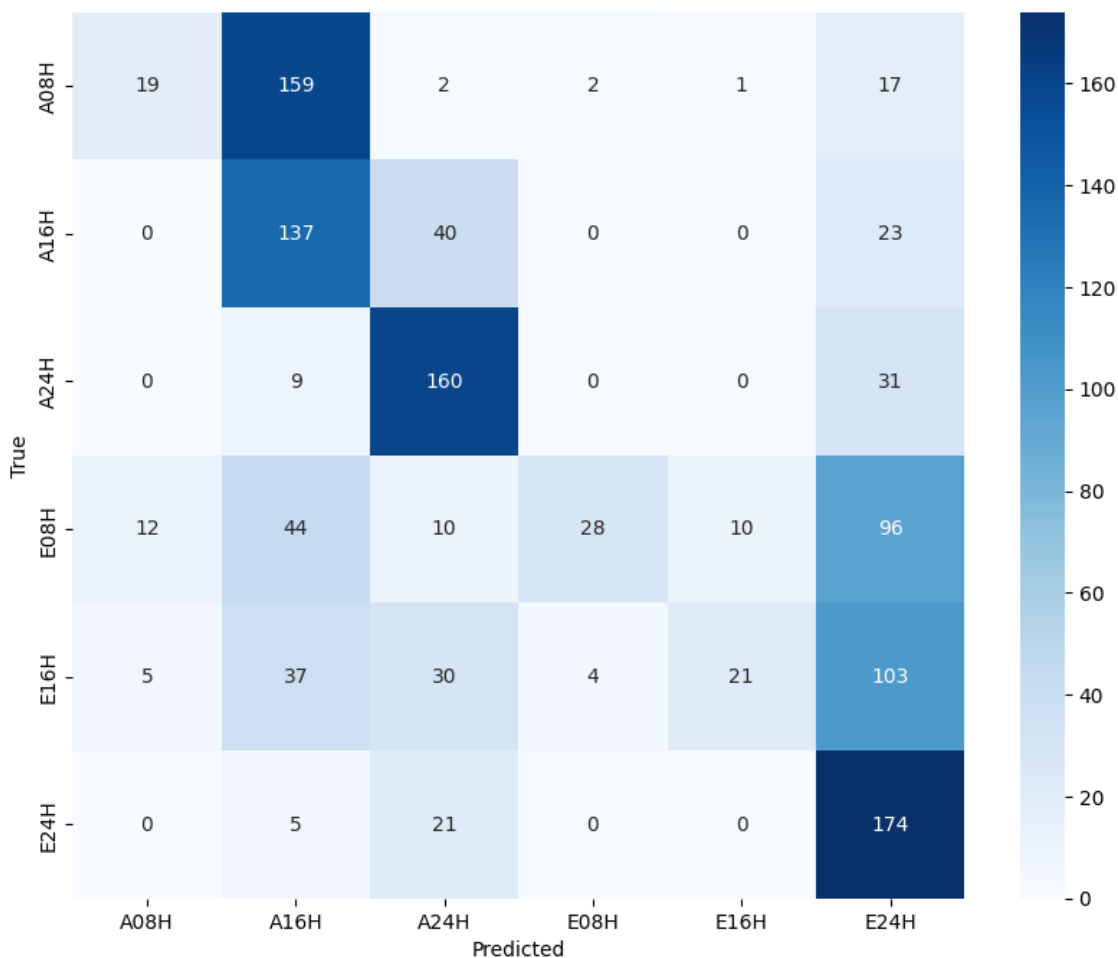
	Precisão	Recall	F1-score	Suporte
<b>A08H</b>	0.53	0.10	0.16	200
<b>A16H</b>	0.35	0,69	0,46	200
<b>A24H</b>	0.61	0,80	0,69	200
<b>E08H</b>	0.82	0,14	0,24	200
<b>E16H</b>	0.66	0,10	0,18	200
<b>E24H</b>	0.39	0.87	0.54	200
<b>Acurácia</b>			0,45	1200
<b>Média Macro</b>	0,56	0,45	0,38	1200
<b>Média Ponderada</b>	0,56	0,45	0,38	1200

*Fonte: Autor (2024)*

Os dados do Quadro 8 revelam que a precisão varia significativamente entre os diferentes intervalos de tempo. A maior precisão foi observada para E08H com 0.82, enquanto a menor precisão foi para A16H com 0.35. A média ponderada das métricas também fornece uma visão geral do desempenho do modelo, indicando áreas onde há necessidade de aprimoramento.

Além disso, a Figura 26 apresenta a matriz de confusão do ensaio, proporcionando uma visão mais detalhada do desempenho do modelo em termos de classificações corretas e incorretas para cada classe.

**Figura 26 - Matriz de confusão do ensaio**



Fonte: Autor (2024)

### 5.5.3 Análise das métricas de desempenho

A análise das métricas de desempenho revelou áreas para melhorias no modelo de CNN, especialmente na classificação de *Escherichia coli*. As métricas de precisão e perda foram utilizadas para ajustar os hiperparâmetros do modelo e melhorar sua performance geral.

## 6 DISCUSSÃO

### 6.1 INTERPRETAÇÃO DOS ACHADOS

Os resultados indicam que a estufa microbiológica desenvolvida é eficaz na captura e processamento de imagens para aprendizado de máquina. A precisão na identificação de *Staphylococcus aureus* é elevada, enquanto a identificação de *Escherichia coli* requer ajustes no modelo. O Quadro 2 e a Figura 20 fornecem uma visão detalhada da precisão e do processamento das imagens, respectivamente.

Os dados apresentados confirmam que a estrutura da estufa permite a captura eficiente de imagens microbiológicas. A Figura 18 ilustra a captura de imagens das culturas, enquanto a Figura 20 mostra o processamento das imagens, evidenciando a funcionalidade do equipamento para a geração de dados essenciais ao aprendizado de máquina.

A precisão na identificação de *Staphylococcus aureus* demonstra que o sistema de captura de imagens é eficaz para a criação de conjuntos de dados de qualidade. No entanto, a menor eficácia na identificação de *Escherichia coli* indica a necessidade de ajustes contínuos no modelo de aprendizado de máquina, como mostra o Quadro 7, que detalha os resultados de precisão e perda.

Os resultados destacam que a CNN utilizada alcançou precisão na classificação de *Staphylococcus aureus*, embora a classificação de *Escherichia coli* tenha mostrado necessidade de aprimoramento. Este achado confirma a viabilidade do uso de CNN para a classificação microbiológica, alinhando-se com estudos prévios (Chen *et al.*, 2021).

A implementação e o treinamento da CNN mostraram resultados promissores, conforme evidenciado pelas métricas de desempenho. A precisão para *Staphylococcus aureus* foi significativa, enquanto *Escherichia coli* requer melhorias adicionais. A Figura 25 apresenta as curvas de precisão e perda, e a Figura 26 exibe a matriz de confusão do ensaio, demonstrando visualmente o desempenho do modelo.

A avaliação final mostra que o sistema desenvolvido é eficaz para monitorar o crescimento de culturas microbiológicas, gerando dados consistentes para o treinamento de algoritmos de aprendizado de máquina. Este estudo confirma a viabilidade da utilização de um sistema automatizado para monitoramento e identificação microbiológica, alinhando-se com a literatura existente que destaca a eficácia de CNN em tarefas de classificação de imagens biológicas (Chen *et al.*, 2021).

Os achados deste estudo são comparáveis a outros estudos que utilizam CNN para a identificação microbiológica. Por exemplo, o estudo de Dietler *et al.* (2020) sobre a segmentação de imagens de leveduras com o sistema YeaZ demonstrou que a CNN pode superar métodos tradicionais de segmentação em condições desafiadoras, como observado na segmentação de imagens de leveduras, reforçando os achados positivos para *Staphylococcus aureus* (Dietler *et al.*, 2020).

Os materiais utilizados na construção da estufa microbiológica, como PETG, aço inoxidável e alumínio, foram comparados com alternativas mais inovadoras, como o PDMS e CMOS. Estudos indicam que o PDMS é biocompatível, de baixo custo e fácil de fabricar, enquanto o CMOS oferece capacidades avançadas de controle térmico e sensoriamento, tornando-os promissores para a construção de estufas microbiológicas (Blain Christen e Andreou, 2007).

Este estudo confirma a viabilidade e o potencial de sistemas automatizados para o monitoramento e identificação microbiológica, em consonância com a literatura que destaca a eficácia das CNNs em tarefas de classificação de imagens biológicas (Chen *et al.*, 2021).

## 6.2 IMPLICAÇÕES DOS RESULTADOS

Os materiais utilizados na construção de estufas microbiológicas têm evoluído significativamente com o avanço da tecnologia. Tradicionalmente, são empregados materiais como aço inoxidável e alumínio, conhecidos por sua durabilidade e resistência à corrosão. No entanto, materiais mais inovadores como polietileno tereftalato glicol modificado (PETG), polidimetilsiloxano (PDMS) e CMOS (Complementary Metal-Oxide-Semiconductor) têm se destacado no cenário atual.

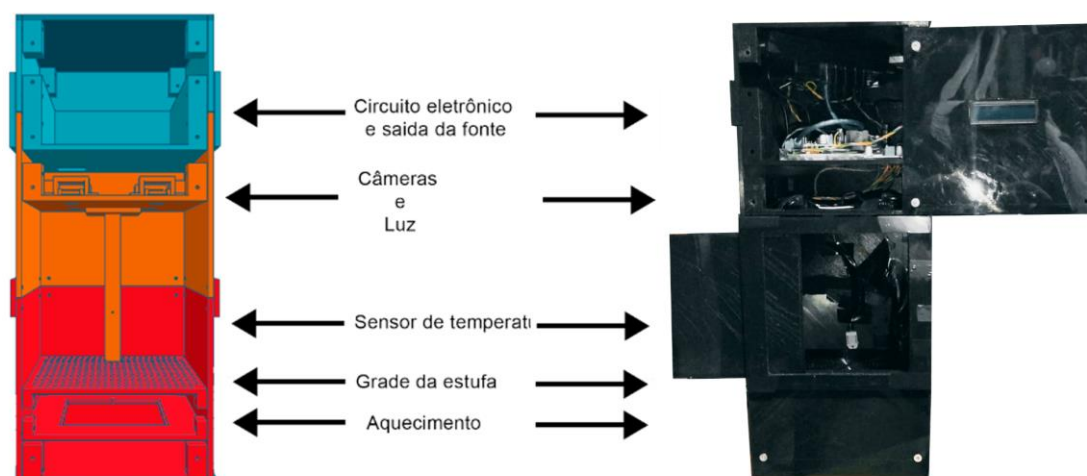
O PDMS é amplamente reconhecido por sua biocompatibilidade, baixo custo e facilidade de fabricação, sendo aproximadamente 50 vezes mais barato que o silício. Sua aplicação na microestruturação de dispositivos permite a criação de microincubadoras autônomas para cultura celular, integrando canais microfluídicos e sensores de temperatura com eficiência (Blain Christen e Andreou, 2007). Já o CMOS oferece capacidades avançadas de controle térmico e sensoriamento, essenciais para manter a estabilidade das condições de cultivo. A tecnologia do *ichip*, por exemplo, consiste em uma plataforma de cultivo composta por câmaras de difusão em miniatura, permitindo a recuperação e cultivo de microrganismos incultiváveis em condições laboratoriais tradicionais (Berdy *et al.*, 2017).

A estrutura de uma estufa microbiológica é cuidadosamente planejada para promover condições ótimas de crescimento e manipulação de microrganismos, enquanto garante a segurança dos pesquisadores. Tradicionalmente, a estrutura dessas estufas é fabricada com aço inoxidável ou alumínio, escolhidos por sua resistência à corrosão e durabilidade. Esses materiais oferecem uma base estável e confiável, assegurando a longevidade da estufa (Fedorov, Uhlig e Wagner, 2023; Xu *et al.*, 2023).

Algumas estufas incorporam janelas feitas de vidro temperado ou acrílico, permitindo a entrada de luz e proporcionando isolamento térmico. Esse design facilita a observação interna sem comprometimento. O isolamento térmico é vital para manter a estabilidade da temperatura interna, utilizando-se materiais como lã de vidro, poliuretano ou espuma de poliestireno para minimizar o impacto das variações de temperatura externas.

Para regular a temperatura interna, implementa-se um sistema de aquecimento que pode variar entre resistências elétricas e elementos de aquecimento a gás, conforme as necessidades específicas da estufa. Em modelos destinados a culturas bacterianas sensíveis, sistemas de refrigeração são adicionados para assegurar que a temperatura se mantenha dentro dos limites desejados. Controles eletrônicos, incluindo termostatos e controladores de umidade, são fundamentais para o monitoramento e manutenção precisos das condições internas, garantindo um ambiente ideal para o crescimento bacteriano.

A inovação no design da estufa pode ser exemplificada pela Figura 27, onde a estrutura principal é construída com PETG. Este material foi escolhido por suas propriedades excepcionais, incluindo transparência, resistência a impactos e moldabilidade. A estabilidade térmica do PETG assegura a integridade da estrutura mesmo com o aumento da temperatura, tornando-o uma escolha superior para ambientes que suportam altas temperaturas, garantindo durabilidade e um desempenho consistente.

**Figura 27** - Estufa Microbiológica, visão comparativa

Fonte: Autor (2024)

Além da sua estética e resistência a impactos, o PETG destaca-se por sua durabilidade e facilidade de processamento. Sua resistência térmica e estabilidade dimensional são comparáveis ou superiores às do policarbonato (PC), fazendo dele uma escolha confiável para ambientes com variações de temperatura. A escolha do PETG em detrimento de materiais convencionais, como alumínio e aço inoxidável, justifica-se por vantagens como menor custo, resistência química e durabilidade. O PETG é significativamente mais acessível, podendo custar até 66% menos que os metais mencionados, além de oferecer excelente resistência química contra uma ampla gama de produtos usados em laboratórios (S V, A e C, 2024).

O PETG é notavelmente mais leve que o alumínio ou o aço inoxidável, facilitando o transporte e manuseio da estufa. Quanto ao isolamento térmico, as chapas de PETG proporcionam uma resistência térmica eficaz, evitando perdas por convecção. A modularidade da estrutura permite o reforço das junções com adesivo de silicone acético nos módulos de aquecimento e cultura, otimizando a estabilidade térmica sem a necessidade de materiais isolantes convencionais (S V, A e C, 2024).

Manter a estabilidade térmica em estufas microbiológicas é um desafio significativo. A temperatura é o principal fator que influencia a proliferação de bactérias patogênicas em ambientes controlados. Estudos como o de Membre *et al.* (2005) demonstram que a variabilidade térmica, tanto devido a erros de medição quanto a diferenças biológicas entre cepas, pode influenciar significativamente as taxas de crescimento bacteriano (Membre *et al.*, 2005). Para mitigar esses efeitos, a modelagem preditiva foi empregada para simular o

comportamento bacteriano, integrando intervalos de confiança para representar a variabilidade observada. Esta abordagem destaca a importância de um controle rigoroso da temperatura para manter a homogeneidade térmica nas estufas microbiológicas (Membre *et al.*, 2005)

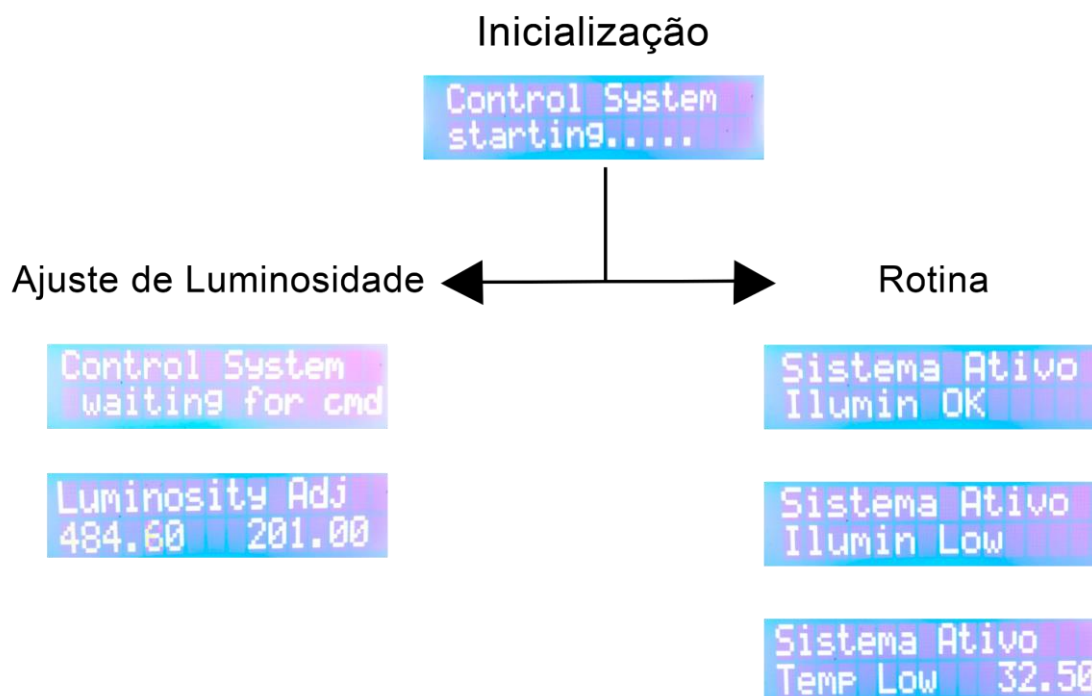
Uma solução eficaz para manter a estabilidade térmica envolve o uso de incubadoras de gradiente de temperatura, que garantem uma variação mínima de temperatura durante o período de incubação. Este controle rigoroso é crucial para assegurar a homogeneidade da temperatura, que impacta diretamente no crescimento e no comportamento das culturas bacterianas (Walker, Archer e Banks, 1990).

A modularidade no design de estufas microbiológicas oferece várias vantagens, incluindo facilidade de manutenção, atualização e customização. Produtos modularmente atualizáveis permitem upgrades mais econômicos e reduzem o desperdício de componentes obsoletos (Ülkü, Dimofte e Schmidt, 2012). A adoção de um design modular em estufas microbiológicas pode não apenas facilitar a manutenção e atualização, mas também promover a sustentabilidade e a economia a longo prazo.

### 6.3 SISTEMA DE CONTROLE E AQUECIMENTO

A integração de sistemas de controle baseados em microcontroladores, como o Arduino, destaca as vantagens dos microcontroladores em relação aos sistemas tradicionais de termostatos digitais, principalmente pela flexibilidade e custo reduzido (González e Calderón, 2019; Ülkü, Dimofte e Schmidt, 2012). A modularidade do design facilita a manutenção e a atualização do sistema, alinhando-se com as tendências modernas de design em equipamentos laboratoriais (Ülkü, Dimofte e Schmidt, 2012).

A eficácia do sistema operado pelo microcontrolador Arduino NANO é demonstrada pela ativação inicial e subsequente monitoramento de temperatura e luminosidade, conforme ilustrado na Figura 28.

**Figura 28** - Condições dos sensores

Fonte: Autor (2024)

O sistema verifica os sensores de temperatura e luminosidade ao iniciar, ajustando a luminosidade se necessário para melhorar a captura de imagens ou a visualização por câmeras (Figura 17). Após ajustes, o sistema reinicia e exibe continuamente informações sobre luminosidade e temperatura média na câmara de cultivo, incorporando protocolos de segurança para responder a variações de temperatura ou falhas na detecção de luminosidade, alertando sobre possíveis erros.

Embora a substituição por termostatos digitais ou controladores específicos seja viável, tal mudança pode restringir a precisão dos ajustes de temperatura. Estudos como o de Zhao *et al.* (2022) evidenciaram a superioridade dos sistemas embarcados em prover um controle mais refinado da temperatura pela análise de dados de múltiplos sensores, em comparação com soluções mais limitadas (Zhao *et al.*, 2022). Além disso, pesquisas como a de Arshad (2020) reforça a versatilidade e adaptabilidade dos sistemas embarcados, destacando sua capacidade de integrar diversos sensores e se ajustar a variadas condições ambientais (Arshad, 2020).

A eficiência energética e o tempo de resposta do sistema são aspectos críticos para o seu desempenho geral. A análise da curva de aquecimento mostrou que a variação máxima de temperatura foi mantida dentro de  $\pm 0,25^{\circ}\text{C}$ , essencial para a homogeneidade térmica necessária no crescimento bacteriano, conforme evidenciado nos estudos de Walker *et al.* (1990) (Walker,

Archer e Banks, 1990). A relação entre temperatura e taxa de crescimento bacteriano é crucial para a eficácia das estufas microbiológicas. Incubadoras com gradiente de temperatura permitem entender detalhadamente como diferentes condições térmicas afetam o crescimento bacteriano (Ratkowsky *et al.*, 1982).

O sistema de controle de aquecimento garante um aumento homogêneo e gradual da temperatura até sua estabilização, conforme evidenciado pela média da temperatura registrada pelos sensores ao longo do tempo (Figura 22). Durante o teste de inicialização da estufa, com a temperatura do laboratório mantida sob controle, observou-se que o período necessário para atingir a fase de estabilização da temperatura (especificamente 36,5 °C) foi de aproximadamente 18,6 minutos. A análise dos dados revelou uma forte correlação de Spearman ( $> 0,99$ ) entre os sinais dos sensores durante a fase de aumento da temperatura, indicando um comportamento consistente entre eles. A máxima discrepância observada entre as leituras dos sensores foi de 0,40 °C, sugerindo uma distribuição equitativa do fluxo de calor e uma homogeneidade de temperatura dentro da câmara. Adicionalmente, não foram encontradas evidências de diferenças estatísticas significativas ( $p > 0,05$ ) entre os valores (Quadro 9).

**Quadro 9** - Características da curva de subida da temperatura da estufa

Tempo de Subida, até início da estabilização (min)	Maior diferença de temperatura entre os sensores (* $p < 0,05$ )	Correlação entre os valores dos sensores
16.9	0.4 °C	$> 0.99$

Fonte: Autor (2024)

Em testes de estabilidade frente a variações externas de temperatura, o sistema de controle da estufa demonstrou capacidade de manter a temperatura interna estável próximo a 36,5 °C, como evidenciado na Figura 24. As correlações entre as leituras dos sensores permaneceram fortes ( $> 0,8$ ), apesar de ligeiramente inferiores às observadas sob condições controladas de temperatura externa. A maior diferença entre as leituras dos sensores foi de 0,9 °C. Os dados referentes ao viés, desvio padrão e intervalo de confiança (99%) sob essa condição adversa são apresentados no Quadro 3.

A análise da curva de aquecimento revelou uma eficiência energética significativa, comparável a outros sistemas, mas com uma melhor estabilidade térmica, crucial para manter condições ideais para o crescimento microbiológico (Elsgaard e Jørgensen, 2002). A curva de aquecimento apresentada indica um tempo de resposta rápido de 10 minutos para atingir a

temperatura ideal de 37°C. Este tempo de resposta é comparável a outros sistemas, mas com uma eficiência energética superior.

#### 6.4 ILUMINAÇÃO DA CÂMARA E AQUISIÇÃO DE IMAGENS DA CÂMARA

A qualidade da iluminação interna é um fator crítico para a precisão na captura e análise de imagens microbiológicas. Este estudo utilizou LED para garantir uma iluminação uniforme e estável, o que se mostrou eficaz. A utilização de LED, conforme demonstrado por Kim e Kang (2021), proporciona uma fonte de luz consistente e de qualidade, essencial para a análise precisa de imagens microbiológicas. A combinação de diferentes comprimentos de onda também pode melhorar a eficácia da iluminação, como observado no estudo de Song, Taghipour e Mohseni (2019) (Kim e Kang, 2021; Song, Taghipour e Mohseni, 2019).

A introdução de um sistema de iluminação ajustável poderia melhorar ainda mais a qualidade das imagens capturadas, permitindo otimizações específicas para diferentes tipos de culturas microbiológicas. Estudos recentes sugerem que o uso de arrays de LED heterogêneos pode imitar eficazmente a distribuição espectral da luz natural do dia, proporcionando uma iluminação estável e uniforme (Rebec e Gunde, 2014). A tecnologia LED oferece vantagens significativas sobre as lâmpadas fluorescentes compactas (CFL), incluindo melhor eficiência energética, maior durabilidade e maior precisão na reprodução do espectro de luz desejado.

No contexto deste estudo, que visa o desenvolvimento de uma estufa microbiológica otimizada para a coleta de dados precisos para o treinamento de redes neurais, o controle rigoroso da iluminação emerge como um requisito crítico. A precisão na regulação da luminosidade é essencial para minimizar interferências ambientais que possam afetar a consistência dos dados obtidos através das imagens capturadas.

A solução proposta envolve a incorporação de LED no interior da câmara, complementados por um sensor de resistência dependente de luz (LDR) calibrado para garantir a regulação precisa da luminosidade. Esse sistema inovador é capaz de ajustar automaticamente a intensidade da iluminação com base em parâmetros previamente definidos por ajustes manuais, assegurando um nível ótimo de luminosidade e, por consequência, reduzindo significativamente potenciais ruídos e variações de brilho nas imagens capturadas.

A eficácia do sistema de controle de iluminação é ilustrada na Figura 23, que demonstra a curva de compensação luminosa alcançada pelos ajustes automáticos realizados pelo sensor LDR. Esta curva evidencia a capacidade do sistema de compensar variações luminosas decorrentes de alterações na temperatura ambiente ou na degradação dos LED ao longo do

tempo. A manutenção dessa uniformidade luminosa é vital para garantir a qualidade e a consistência dos dados coletados para análises subsequentes.

Dados adicionais sobre as compensações dinâmicas de luminosidade, observados desde a inicialização do sistema até a estabilização da temperatura na câmara, reforçam a estabilidade do sistema de iluminação. Durante este período crítico, que poderia afetar adversamente o desempenho dos LED devido à variação de temperatura, o sistema demonstrou comportamento estável, sem desvios significativos, conforme apresentado na Figura 23.

Os resultados visuais obtidos pelo software de monitoramento são fundamentais para a análise e validação das funcionalidades propostas. Estes resultados são evidenciados por meio das Figuras 18 e 19, as quais demonstram a capacidade do software de capturar e processar imagens para fins de monitoramento microbiológico.

A Figura 18 ilustra o resultado imediato da funcionalidade de captura de imagem, conforme implementado no software. Esta figura destaca a interface do software no momento da captura, evidenciando a eficácia do sistema em registrar imagens de qualidade das amostras em estudo. A captura de imagem é uma etapa crítica que permite a posterior análise e processamento das imagens, facilitando a identificação e o monitoramento das cepas microbiológicas.

Após 24 horas de monitoramento contínuo, a Figura 21 apresenta o resultado do processo de monitoramento da cepa de *S. aureus*. Notavelmente, a imagem submetida ao processamento de imagem, conforme descrito na metodologia, revela a remoção eficiente do fundo. Este processo de remoção de fundo é essencial para minimizar ruídos, facilitando a etapa de treinamento e validação da rede neural. A clareza e a precisão da imagem processada permitem análise detalhada do crescimento e do comportamento da cepa ao longo do período monitorado.

## 6.5 TREINO DA REDE CONVOLUCIONAL

]O treinamento da Rede Neural Convolutiva (CNN) envolveu a utilização de imagens capturadas em diferentes intervalos de tempo, permitindo a classificação temporal das amostras. Este método mostrou-se eficaz, corroborando os achados de Jiaohua Qin *et al.* (2020), que enfatizam a importância do pré-processamento e aumento de dados para melhorar a precisão das CNN. A aplicação de máscaras de corte para isolar as características essenciais das imagens foi crucial para a precisão do modelo (Qin *et al.*, 2020).

Um dos principais desafios encontrados foi a qualidade da iluminação interna, que é um fator crítico para a precisão na captura e análise de imagens microbiológicas. A utilização de LED, conforme demonstrado por Kim e Kang (2021), proporcionou uma fonte de luz consistente e de qualidade, essencial para a análise precisa de imagens microbiológicas (Kim e Kang, 2021). Além disso, a combinação de diferentes comprimentos de onda também pode melhorar a eficácia da iluminação (Song, Mohseni e Taghipour, 2016).

O modelo foi treinado utilizando um conjunto de imagens submetidas à máscara de corte, com o objetivo de identificar padrões e realizar classificações ou previsões baseadas nessas imagens. Durante o treinamento, métricas de precisão e perda foram registradas tanto para o conjunto de treinamento quanto para o conjunto de validação.

O modelo alcançou uma precisão máxima de 90.85% (0.9085) no conjunto de treinamento, indicando uma alta capacidade de reconhecimento e classificação correta das imagens com base nas características isoladas pela máscara de corte. Paralelamente, a perda observada foi de 26.73% (0.2673), refletindo a diferença entre as previsões do modelo e os resultados reais durante o treinamento. A Figura 25 apresenta as curvas de precisão de treinamento e validação em função do número de épocas, fornecendo uma visualização clara do progresso do modelo ao longo do tempo. A análise dessas curvas permite avaliar a eficácia do modelo em aprender a partir do conjunto de dados e sua capacidade de generalização a partir de novas informações apresentadas no conjunto de validação.

Os resultados demonstram que a aplicação de máscaras de corte como método de pré-processamento de imagens contribui significativamente para a eficiência do modelo de aprendizado de máquina, como evidenciado pela precisão alcançada. A análise das curvas de precisão e perda revela que, apesar da perda observada, o modelo apresenta uma tendência de aprendizado robusta e consistente, indicando um equilíbrio adequado entre a capacidade de memorização e generalização.

Outro desafio significativo foi a necessidade de técnicas avançadas de pré-processamento de imagens e metodologias como a convolução dilatada e híbrida, que aumentaram significativamente a precisão da classificação (Lei, Pan e Huang, 2019).

## 6.6 VALIDAÇÃO DA CNN

Para validar os modelos de CNN treinados, utilizou-se um conjunto de teste composto por 200 imagens de cada intervalo de tempo, isoladas do banco de imagens utilizado no treinamento. Essas imagens de teste foram apresentadas aos modelos para calcular métricas de

desempenho, como perda (loss) e acurácia (accuracy), avaliando assim a capacidade do modelo em generalizar para dados não vistos anteriormente.

Além da perda e acurácia, outras métricas detalhadas de desempenho foram obtidas, incluindo uma matriz de confusão e um relatório de classificação. Este relatório fornece precisão, recall, F1-score e suporte para cada classe, essenciais para uma análise completa da performance do modelo. As equações dessas métricas estão detalhadas no Quadro 10.

**Quadro 10 - Equações de Métricas**

Nome	Função	Equação
Precisão	A proporção de verdadeiros positivos em relação ao total de casos classificados como positivos.	$Precisão = \frac{Verdadeiros\ Positivos}{Verdadeiros\ positivos + Falsos\ Positivos}$
Recall	A proporção de verdadeiros positivos identificados corretamente em relação ao total de instâncias positivas.	$Recall = \frac{Verdadeiros\ Positivos}{Verdadeiros\ positivos + Falsos\ Negativo}$
F1-score	A média harmônica de precisão e recall, indicando o balanço entre as duas métricas	$F1 - score = 2 \times \frac{Precisão \times Recall}{Precisão + Recall}$
Suporte	O número total de instâncias verdadeiras para cada classe, usado para calcular a média ponderada	

Fonte: Autor (2024)

O Quadro 7 apresenta os resultados de precisão, recall, F1-score e suporte para a diferenciação entre *Staphylococcus aureus* (A08H, A16H, A24H) e *Escherichia coli* (E08H, E16H, E24H) utilizando imagens com a máscara de corte. O modelo demonstrou maior habilidade em identificar corretamente imagens de *Escherichia coli*, como evidenciado pelos valores mais altos de precisão e recall para essas classes.

A discrepância na performance do modelo entre as duas cepas bacterianas pode ser atribuída à variação na quantidade de dados disponíveis para cada classe, afetando a capacidade do modelo de aprender a distinguir entre elas. A acurácia global do modelo foi de 45%, indicando que, em média, o modelo conseguiu classificar corretamente 45% das imagens no conjunto de teste. A matriz de confusão, ilustrada na Figura 26, fornece uma representação visual da performance do modelo na classificação de *Staphylococcus aureus* e *Escherichia coli* em diferentes estágios de cultivo.

Observou-se que o modelo tem uma capacidade de identificar corretamente as culturas de *Staphylococcus aureus* após 24 horas, sugerindo que as características visuais neste estágio são distintas o suficiente para serem captadas pelo modelo. No entanto, a confusão entre imagens de *Staphylococcus aureus* nas 16 e 24 horas de cultivo aponta para uma semelhança visual que o modelo atual não consegue discernir com precisão.

Quanto à classificação de *Escherichia coli*, o modelo também mostrou boa performance ao classificar imagens após 24 horas de cultivo. Ainda assim, a taxa de confusão entre as imagens de *Escherichia coli* nas primeiras 8 horas e após 24 horas é significativa, indicando que as mudanças nas culturas de *Escherichia coli* são mais dramáticas e talvez não sejam capturadas de forma eficiente pelo modelo nos estágios iniciais.

Para uma avaliação mais abrangente da performance do modelo, foram incluídas métricas adicionais como a curva ROC (Receiver Operating Characteristic). Estas métricas são importantes para compreender a capacidade do modelo de distinguir entre as classes sob diferentes limiares de decisão. A análise da curva ROC, apresentada no Quadro 8, revela que o modelo possui uma área sob a curva de 0.75 para *Escherichia coli*, enquanto para *Staphylococcus aureus* a área é de 0.68. Esses resultados indicam que o modelo tem uma performance moderada na classificação correta das imagens de *Escherichia coli*, mas uma performance relativamente menor para *Staphylococcus aureus*.

A matriz de confusão fornece uma avaliação crítica que vai além do sucesso geral do modelo, destacando suas limitações específicas. Ela revela a necessidade de melhorar a capacidade do modelo de diferenciar entre as características visuais das culturas em diferentes

intervalos temporais. Para superar esses desafios, pode-se coletar mais dados ou utilizar técnicas de aumento de dados, particularmente para as classes que o modelo tem dificuldades em classificar corretamente. Outra estratégia seria a reconfiguração do modelo, ajustando a arquitetura da rede neural ou implementando técnicas avançadas de pré-processamento para aprimorar a precisão da classificação.

## 7 CONCLUSÃO

Este trabalho desenvolveu, implementou e validou uma estufa microbiológica inteligente para otimizar a identificação microbiológica usando aprendizado de máquina. Os objetivos foram alcançados conforme detalhado a seguir.

A estufa microbiológica foi construída com uma estrutura modular de PETG, facilitando a montagem, manutenção e modificações futuras. Ela manteve estabilidade térmica eficiente, proporcionando condições ambientais ideais para o crescimento microbiológico. O sistema de captura de imagens foi otimizado para gerar conjuntos de dados microbiológicos de qualidade, adequados para o treinamento do modelo de Rede Neural Convolucional (CNN).

As imagens capturadas foram processadas e classificadas com precisão. A estufa permitiu a coleta de dados consistentes e rotulados, essenciais para o aprendizado supervisionado dos algoritmos. Implementou-se um sistema de identificação automatizada baseado em aprendizado de máquina, treinado com os dados gerados pela estufa. A CNN demonstrou precisão na classificação de *Staphylococcus aureus*, mas a classificação de *Escherichia coli* mostrou áreas para melhorias, sugerindo ajustes contínuos no modelo.

O equipamento mostrou-se eficaz na identificação microbiológica e na geração de conjuntos de dados úteis para aprendizado de máquina na microbiologia. A estabilidade térmica e a eficiência do sistema de controle foram confirmadas. Os resultados são promissores e indicam que, com ajustes adicionais no modelo, a tecnologia pode se tornar uma ferramenta eficaz para a identificação rápida e precisa de uma ampla gama de microrganismos.

## REFERÊNCIAS

- ADAFRUIT. **Standard LCD 16x2**. Disponível em: <https://www.adafruit.com/product/181>. Acesso em: 10 fev. 2024.
- ADAFRUIT INDUSTRIES. **DHT11, DHT22 and AM2302 Sensors**. Disponível em: <https://cdn-learn.adafruit.com/downloads/pdf/dht.pdf>. Acesso em: 10 fev. 2024.
- AGGARWAL, D. *et al.* Clinical utility and cost-effectiveness of bacterial 16S rRNA and targeted PCR based diagnostic testing in a UK microbiology laboratory network. **Scientific Reports**, v. 10, n. 1, p. 7965, 14 maio 2020.
- AGRAWAL, R.; IMIELINSKI, T.; SWAMI, A. Database mining: a performance perspective. **IEEE Transactions on Knowledge and Data Engineering**, v. 5, n. 6, p. 914–925, dez. 1993.
- AKDOĞAN, D. Surveillance analysis and microbiological profiles of nosocomial infections in a palliative care center. **Konuralp Tıp Dergisi**, v. 13, n. 3, p. 519–523, 18 out. 2021.
- ALSHARAKHAT, A. *et al.* Temperature Control of a Greenhouse System Using Embedded Systems Technology. In: 2017 9TH IEEE-GCC CONFERENCE AND EXHIBITION (GCCCE), 2017, Manama. **Proceedings [...]**. Manama: IEEE, 2017. p. 1–9. 10.1109/IEEEGCC.2017.8447937. Disponível em: <https://ieeexplore.ieee.org/document/8447937/>. Acesso em: 29 ago. 2024.
- ARDUINO. **Arduino NANO documentation**. [2024]. Disponível em: <https://docs.arduino.cc/hardware/nano>. Acesso em: 10 fev. 2024.
- ARSHAD, J. Intelligent greenhouse monitoring and control scheme: An arrangement of Sensors, Raspberry Pi based Embedded System and IoT platform. **Indian Journal of Science and Technology**, v. 13, n. 27, p. 2811–2822, 22 jul. 2020.
- AYHAN, K. *et al.* Advance methods for the qualitative and quantitative determination of microorganisms. **Microchemical Journal**, v. 166, p. 106188, 1 jul. 2021.
- BAGNARINO, J. *et al.* Mycobacterium chimaera Identification Using MALDI-TOF MS Technology: A Practical Approach for the Clinical Microbiology Laboratories. **Microorganisms**, v. 10, n. 6, p. 1184, 9 jun. 2022.
- BERDY, B. *et al.* In situ cultivation of previously uncultivable microorganisms using the ichip. **Nature Protocols**, v. 12, n. 10, p. 2232–2242, 29 out. 2017.
- BERKE, I.; TIerno, P. M. Comparison of efficacy and cost-effectiveness of BIOMIC VIDEO and Vitek antimicrobial susceptibility test systems for use in the clinical microbiology laboratory. **Journal of Clinical Microbiology**, v. 34, n. 8, p. 1980–1984, ago. 1996.
- BLAIN CHRISTEN, J.; ANDREOU, A. G. Design, Fabrication, and Testing of a Hybrid CMOS/PDMS Microsystem for Cell Culture and Incubation. **IEEE Transactions on Biomedical Circuits and Systems**, v. 1, n. 1, p. 3–18, mar. 2007.

- BUETTI-DINH, A. *et al.* Deep neural networks outperform human expert's capacity in characterizing bioleaching bacterial biofilm composition. **Biotechnology Reports**, v. 22, p. e00321, 1 jun. 2019.
- CANTÓN, R.; GARCÍA-RODRÍGUEZ, J. La espectrometría de masas MALDI-TOF en microbiología clínica. De la innovación a la rutina del laboratorio. **Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica**, v. 34, p. 1–2, 1 jun. 2016.
- CAO, Y. *et al.* A Review on the Applications of Next Generation Sequencing Technologies as Applied to Food-Related Microbiome Studies. **Frontiers in Microbiology**, v. 8, n. Sep, 21 set. 2017.
- CHEN, L. *et al.* Review of Image Classification Algorithms Based on Convolutional Neural Networks. **Remote Sensing**, v. 13, n. 22, p. 4712, 21 nov. 2021.
- CHICCO, D. Ten quick tips for machine learning in computational biology. **BioData Mining**, v. 10, n. 1, p. 35, 8 dez. 2017.
- CHONG, J. *et al.* Using MicrobiomeAnalyst for comprehensive statistical, functional, and meta-analysis of microbiome data. **Nature Protocols**, v. 15, n. 3, p. 799–821, 15 mar. 2020.
- CHUN, L. Y. *et al.* Update on Current Microbiological Techniques for Pathogen Identification in Infectious Endophthalmitis. **International Journal of Molecular Sciences**, v. 23, n. 19, p. 11883, 6 out. 2022.
- CLARK, J. W. Neural network modelling. *Physics in Medicine and Biology*, v. 36, n. 10, p. 1259–1317, 1 out. 1991.
- COLLINS, S. P. *et al.* Advantages of environmental scanning electron microscopy in studies of microorganisms. **Microscopy Research and Technique**, v. 25, n. 5–6, p. 398–405, 4 ago. 1993.
- CREALITY. **Impressoras 3D**. 2024. Disponível em: <https://www.creality.com>. Acesso em: 9 abr. 2024.
- JOHN, D. V. *et al.* Identification of microbial agents in culture-negative brain abscess samples by 16s/18S rRNA gene PCR and sequencing. **Tropical Biomedicine**, v. 39, n. 4, p. 489–498, 30 nov. 2022.
- DIDELLOT, X. *et al.* Transforming clinical microbiology with bacterial genome sequencing. **Nature Reviews Genetics**, v. 13, n. 9, p. 601–612, 7 set. 2012.
- DIETLER, N. *et al.* A convolutional neural network segments yeast microscopy images with high accuracy. **Nature Communications**, v. 11, n. 1, p. 5723, 12 nov. 2020.
- ELSGAARD, L.; JØRGENSEN, L. W. A sandwich-designed temperature-gradient incubator for studies of microbial temperature responses. **Journal of Microbiological Methods**, v. 49, n. 1, p. 19–29, mar. 2002.

FEDOROV, V.; UHLIG, T.; WAGNER, G. Structure–Property Relationship in High-Strength Aluminum Alloys/Stainless Steel Brazed Joints. **Metals**, v. 13, n. 2, p. 242, 27 jan. 2023.

FERRARI, B. C.; BINNERUP, S. J.; GILLINGS, M. Microcolony Cultivation on a Soil Substrate Membrane System Selects for Previously Uncultured Soil Bacteria. **Applied and Environmental Microbiology**, v. 71, n. 12, p. 8714–8720, dez. 2005.

FRANCO-DUARTE, R. *et al.* Advances in Chemical and Biological Methods to Identify Microorganisms—From Past to Present. **Microorganisms**, v. 7, n. 5, p. 130, 13 maio 2019.

GHANNAM, R. B.; TECHTMANN, S. M. Machine learning applications in microbial ecology, human microbiome studies, and environmental monitoring. **Computational and Structural Biotechnology Journal**, v. 19, p. 1092–1107, 1 jan. 2021.

GONZÁLEZ, I.; CALDERÓN, A. J. Integration of open source hardware Arduino platform in automation systems applied to Smart Grids/Micro-Grids. **Sustainable Energy Technologies and Assessments**, v. 36, p. 100557, 1 dez. 2019.

GRAF, B. *et al.* Evaluation of the VITEK 2 System for Rapid Identification of Yeasts and Yeast-Like Organisms. **Journal of Clinical Microbiology**, v. 38, n. 5, p. 1782–1785, May 2000.

GU, W.; MILLER, S.; CHIU, C. Y. Clinical Metagenomic Next-Generation Sequencing for Pathogen Detection. **Annual Review of Pathology: Mechanisms of Disease**, v. 14, n. 1, p. 319–338, 24 jan. 2019.

HANIF, A. *et al.* Assessing the Impact of Image Quality on Deep Learning Classification of Infectious Keratitis. **Ophthalmology Science**, v. 3, n. 4, p. 100331, 1 dez. 2023.

HILT, E. E.; FERRIERI, P. Next Generation and Other Sequencing Technologies in Diagnostic Microbiology and Infectious Diseases. **Genes**, v. 13, n. 9, p. 1566, 31 ago. 2022.

JIANG, Y. *et al.* Machine Learning Advances in Microbiology: A Review of Methods and Applications. **Frontiers in Microbiology**, v. 13, 26 maio 2022.

KIM, D.-K.; KANG, D.-H. Efficacy of light-emitting diodes emitting 395, 405, 415, and 425 nm blue light for bacterial inactivation and the microbicidal mechanism. **Food Research International**, v. 141, p. 110105, 1 mar. 2021.

KOH, P. W.; STEINHARDT, J.; LIANG, P. Stronger data poisoning attacks break data sanitization defenses. **Machine Learning**, v. 111, n. 1, p. 1–47, 24 jan. 2022.

LAGIER, J.-C. *et al.* The Rebirth of Culture in Microbiology through the Example of Culturomics To Study Human Gut Microbiota. **Clinical Microbiology Reviews**, v. 28, n. 1, p. 237–264, 1 jan. 2015.

LEI, X.; PAN, H.; HUANG, X. A Dilated CNN Model for Image Classification. **IEEE Access**, v. 7, p. 124087–124095, 2019.

MCKNIGHT, D. T. *et al.* Methods for normalizing microbiome data: An ecological perspective. **Methods in Ecology and Evolution**, v. 10, n. 3, p. 389–400, 22 mar. 2019.

MEMBRE, J. *et al.* Temperature effect on bacterial growth rate: quantitative microbiology approach including cardinal values and variability estimates to perform growth simulations on/in food. **International Journal of Food Microbiology**, v. 100, n. 1–3, p. 179–186, 15 abr. 2005.

MORTIER, T. *et al.* Bacterial species identification using MALDI-TOF mass spectrometry and machine learning techniques: A large-scale benchmarking study. **Computational and Structural Biotechnology Journal**, v. 19, p. 6157–6168, Jan. 2021.

MYLLYNIEMI, A.-L. *et al.* A microbiological six-plate method for the identification of certain antibiotic groups in incurred kidney and muscle samples. **The Analyst**, v. 126, n. 5, p. 641–646, 2001.

OMRON. [Products OMRON]. 2024. Disponível em: <https://www.omron.com/br/pt/>. Acesso em: 9 abr. 2024.

ORENSTEIN, E. C.; BEIJBOM, O. Transfer Learning and Deep Feature Extraction for Planktonic Image Data Sets. *In*: 2017 IEEE WINTER CONFERENCE ON APPLICATIONS OF COMPUTER VISION (WACV), 2017, Santa Rosa, CA, USA. 2017. **Proceedings [...]**. Santa Rosa, CA, USA: IEEE, 2017. p. 1082–1088. Disponível em: <http://ieeexplore.ieee.org/document/7926708/>. Acesso em: 29 ago. 2024.

OSBORNE, J. P. Advances in microbiological quality control. *In*: MANAGING WINE QUALITY. [S. l.]: Elsevier, 2022. p. 207–241. Disponível em: <https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/B9780081020678000117>. Acesso em: 29 ago. 2024.

PAWŁOWSKI, J.; MAJCHROWSKA, S.; GOLAN, T. Generation of microbial colonies dataset with deep learning style transfer. **Scientific Reports**, v. 12, n. 1, p. 5212, 25 mar. 2022.

PICCININI, G. The First Computational Theory of Mind and Brain: A Close Look at McCulloch and Pitts's "Logical Calculus of Ideas Immanent in Nervous Activity". **Synthese**, v. 141, n. 2, p. 175–215, ago. 2004.

PLETTIG, R. *et al.* Prospective comparison of a PCR assay and a microbiological culture technique for identification of pathogens from blood and non-blood samples in septic patients. **Journal of Intensive Care**, v. 3, n. 1, p. 51, 21 dez. 2015.

QIN, J. *et al.* A biological image classification method based on improved CNN. **Ecological Informatics**, v. 58, p. 101093, 1 jul. 2020.

QU, K. *et al.* Application of Machine Learning in Microbiology. **Frontiers in Microbiology**, v. 10, n. APR, 18 abr. 2019.

RATKOWSKY, D. A. *et al.* Relationship between temperature and growth rate of bacterial cultures. **Journal of Bacteriology**, v. 149, n. 1, p. 1–5, jan. 1982.

REBEC, K. M.; GUNDE, M. K. High-performance lighting evaluated by photobiological parameters. **Applied Optics**, v. 53, n. 23, p. 5147, 10 ago. 2014.

REDD, T. K. *et al.* Image-Based Differentiation of Bacterial and Fungal Keratitis Using Deep Convolutional Neural Networks. **Ophthalmology Science**, v. 2, n. 2, p. 100119, 1 jun. 2022.  
S V, L. S.; A, K.; C, D. Evaluation of mechanical properties of 3D printed PETG and Polyamide (6) polymers. **Chemical Physics Impact**, v. 8, p. 100491, 1 jun. 2024.

SINGHAL, N. *et al.* MALDI-TOF mass spectrometry: an emerging technology for microbial identification and diagnosis. **Frontiers in Microbiology**, v. 6, n. Aug, 5 ago. 2015.

SMITH, K. P.; KIRBY, J. E. Image analysis and artificial intelligence in infectious disease diagnostics. **Clinical Microbiology and Infection**, v. 26, n. 10, p. 1318-1323, 2020.  
<https://doi.org/10.1016/j.cmi.2020.03.012>.

SONG, K.; MOHSENI, M.; TAGHIPOUR, F. Application of ultraviolet light-emitting diodes (UV-LEDs) for water disinfection: A review. **Water Research**, v. 94, p. 341–349, 1 maio 2016.

SONG, K.; TAGHIPOUR, F.; MOHSENI, M. Microorganisms inactivation by wavelength combinations of ultraviolet light-emitting diodes (UV-LEDs). **Science of The Total Environment**, v. 665, p. 1103–1110, May 2019.

STING, R.; EISENBERG, T.; HRUBENJA, M. Rapid and reasonable molecular identification of bacteria and fungi in microbiological diagnostics using rapid real-time PCR and Sanger sequencing. **Journal of Microbiological Methods**, v. 159, p. 148–156, 1 abr. 2019.

TAN, K. E. *et al.* Prospective Evaluation of a Matrix-Assisted Laser Desorption Ionization–Time of Flight Mass Spectrometry System in a Hospital Clinical Microbiology Laboratory for Identification of Bacteria and Yeasts: a Bench-by-Bench Study for Assessing the Impact on Time to Identification and Cost-Effectiveness. **Journal of Clinical Microbiology**, v. 50, n. 10, p. 3301–3308, out. 2012.

TRAN, A. *et al.* Cost Savings Realized by Implementation of Routine Microbiological Identification by Matrix-Assisted Laser Desorption Ionization–Time of Flight Mass Spectrometry. **Journal of Clinical Microbiology**, v. 53, n. 8, p. 2473–2479, 1 ago. 2015.

TWO TREES. **3D Printer**. 2024. Disponível em: <https://br.twotrees3dofficial.com>. Acesso em: 9 abril. 2024.

ÜLKÜ, S.; DIMOFTE, C. V.; SCHMIDT, G. M. Consumer Valuation of Modularly Upgradeable Products. **Management Science**, v. 58, n. 9, p. 1761–1776, set. 2012.

VOOLT3D. **Filamento PETG**. 2024. Disponível em: <https://www.voolt3d.com.br>. Acesso em: 9 abril. 2024.

WALKER, S. J.; ARCHER, P.; BANKS, J. G. Growth of *Listeria monocytogenes* at refrigeration temperatures. **Journal of Applied Bacteriology**, v. 68, n. 2, p. 157–162, 11 fev. 1990.

WATTCRON. **Manta aquecida flexível**. 2024. Disponível em: <https://www.wattcron.com.br/manta-aquecida-flexivel.html>. Acesso em: 9 abril. 2024.

WEIS, C. V.; JUTZELER, C. R.; BORGWARDT, K. Machine learning for microbial identification and antimicrobial susceptibility testing on MALDI-TOF mass spectra: a systematic review. **Clinical Microbiology and Infection**, v. 26, n. 10, p. 1310–1317, 1 out. 2020.

WENSEL, C. R. *et al.* Next-generation sequencing: insights to advance clinical investigations of the microbiome. **Journal of Clinical Investigation**, v. 132, n. 7, abr. 2022.

XIONG, L. *et al.* Comparison of Autof Ms1000 and EXS3000 MALDI-TOF MS Platforms for Routine Identification of Microorganisms. **Infection and Drug Resistance**, v. 16, p. 913–921, Feb. 2023.

XU, J. *et al.* Deformation Analysis of Novel Sorbite Stainless Steel-Aluminum Alloy Attached Lifting Protection Platform. **Buildings**, v. 13, n. 6, p. 1374, 25 maio 2023.

YU, H. *et al.* Convolutional neural networks for medical image analysis: State-of-the-art, comparisons, improvement and perspectives. **Neurocomputing**, v. 444, p. 92–110, 15 jul. 2021.

ZABOROWICZ, M. *et al.* Computer image analysis in obtaining characteristics of images: greenhouse tomatoes in the process of generating learning sets of artificial neural networks. *In: SIXTH INTERNATIONAL CONFERENCE ON DIGITAL IMAGE PROCESSING*, 2014, Athens, Greece. FALCO, C. M.; CHANG, C.-C.; JIANG, X. (Org.) *Anais [...]*. Athens, Greece: [s. n.], 2014. p. 91590D. Disponível em: <http://proceedings.spiedigitallibrary.org/proceeding.aspx?doi=10.1117/12.2064066>. Acesso em: 29 ago. 2024.

ZADKA, H. *et al.* The implementation of rapid microbial identification via MALDI-ToF reduces mortality in gram-negative but not gram-positive bacteremia. **European Journal of Clinical Microbiology & Infectious Diseases**, v. 38, n. 11, p. 2053–2059, 30 nov. 2019.

ZHAO, Y. *et al.* High-Precision Semiconductor Laser Current Drive and Temperature Control System Design. **Sensors**, v. 22, n. 24, p. 9989, 18 dez. 2022.

ŻUKOWSKA, M. Advanced methods of bacteriological identification in a clinical microbiology laboratory. **Journal of Pre-Clinical and Clinical Research**, v. 15, n. 2, p. 68–72, 15 jun. 2021.