

1) Questão 01:

1. Introdução:

A modelagem matemática aplicada a bioprocessos é uma abordagem essencial para o avanço da biotecnologia e da bioengenharia, permitindo a previsão, otimização e controle de processos biológicos complexos. Ao traduzir sistemas biológicos em modelos matemáticos, é possível obter uma compreensão mais detalhada dos mecanismos que regem a produção de metabólitos, a atividade enzimática e as dinâmicas microbianas em diferentes condições. Essa metodologia é fundamental para o desenvolvimento de bioprocessos eficientes e sustentáveis, contribuindo para a melhoria da produção de biocombustíveis, enzimas industriais, produtos farmacêuticos e outros bioprodutos.

O uso de bancos de dados públicos e de ferramentas de análise de dados biológicos, como o NCBI, UniProt, e EMBL-EBI, fornecem informações ricas e diversificadas sobre sequências de genes, proteínas e interações moleculares, que são fundamentais para a construção de modelos preditivos precisos. Além disso, técnicas avançadas de bioinformática e aprendizado de máquina têm sido amplamente empregadas para interpretar e explorar esses dados.

A evolução das metodologias de sequenciamento e montagem de genomas revolucionou a maneira como os dados biológicos são gerados e analisados. O advento do sequenciamento de nova geração (NGS, do inglês Next Generation Sequencing) e, mais recentemente, do sequenciamento de terceira geração, como as tecnologias de leitura longa do PacBio e Oxford Nanopore, permitiu a obtenção rápida

e precisa de sequências genômicas complexas.

Essas inovações impulsionaram o campo da modelagem matemática aplicada a bioprocessos, proporcionando dados robustos e detalhados que servem como base para a construção de modelos cada vez mais sofisticados. A integração entre esses dados com métodos computacionais avançados permite uma análise mais abrangente de como os organismos vivos funcionam em diferentes cenários industriais e ambientais.

2. Modelagem Matemática aplicada a Bioprocessos

A modelagem matemática aplicada a bioprocessos permite o desenvolvimento de modelos que descrevem, preveem e otimizam processos biológicos complexos. Esses processos incluem fermentações, biodegradação, biocatálise e outras atividades industriais baseadas em sistemas biológicos. Ela pode ser descrita como a construção de equações e algoritmos que representam as relações e interações entre componentes biológicos, químicos, e físicos de um sistema biológico. Os principais elementos envolvidos nessa abordagem incluem:

- **Equações Diferenciais e Algébricas:** a maioria dos modelos matemáticos para bioprocessos é baseada em equações diferenciais ordinárias (EDOs) ou parciais (EDPs), que descrevem as taxas de variação de concentrações de biomassa, substrato, produtos, entre outros, ao longo do tempo. Essas equações são usadas para capturar a dinâmica de crescimento microbiano, consumo de nutrientes e produção de metabólitos.

- **Modelos cinéticos:** as reações enzimáticas e metabólicas

que ocorrem em bioprocessos são frequentemente descritas usando modelos cinéticos, como a cinética de Michaelis-Menten, Monod, ou modelos derivados. Esses modelos ajudam a entender como a velocidade das reações é afetada pela concentração de substratos e produtos, assim como por fatores inibitórios.

- Modelos Estocásticos e Determinísticos: enquanto modelos determinísticos assumem que os processos ocorram de forma previsível e reprodutível, modelos estocásticos levam em conta as variações e incertezas inerentes aos sistemas biológicos. Essa abordagem é especialmente útil para descrever fenômenos em escalas microscópicas, onde a aleatoriedade desempenha um papel significativo.

- Modelos Fenomenológicos e Mecanísticos: os modelos fenomenológicos são baseados em dados experimentais e são usados para descrever comportamentos observáveis sem uma compreensão completa dos mecanismos subjacentes. Já os modelos mecanísticos se baseiam em princípios físico-químicos bem definidos, refletindo as leis que governam as reações e as interações moleculares.

A modelagem matemática é aplicada em várias etapas do desenvolvimento de bioprocessos industriais, desde o desenho inicial até a escalada de produção. Algumas das principais aplicações incluem:

- Desenvolvimento de Processos Fermentativos: na produção de etanol, ácidos orgânicos ou proteínas recombinantes, os modelos matemáticos ajudam a prever a produtividade

celular e a eficiência do processo, ajustando variáveis como temperatura, pH, taxas de alimentação e aeração, entre outras.

- Controle de Processos e Automação: permite o controle em malha fechada e sistemas adaptativos que ajustam as condições operacionais em tempo real para manter as condições ideais e otimizar a produção.
- Análise de Biocatálise e Reações Enzimáticas: é utilizada para estudar e otimizar as reações catalisadas por enzimas, considerando fatores como inibição, estabilidade térmica e efeito do pH.
- Produção de Biocombustíveis e Produtos Químicos Verdes: ajuda a prever a conversão de substratos e a eficiência energética do sistema.
- Integração de Dados Ômicos em Modelos Metabólicos: com o avanço das técnicas de sequenciamento e a geração de dados ômicos (genômica, transcriptômica, proteômica e metabolômica), esses modelos são usados para prever fluxos metabólicos, identificar gargalos e explorar a engenharia metabólica para aumentar a produtividade.

Existem várias ferramentas e softwares disponíveis para a modelagem matemática de biorreatores, que são amplamente utilizados na pesquisa e desenvolvimento. Entre eles estão:

- MATLAB e Simulink: utilizados para resolver equações diferenciais e os simular processos dinâmicos;
- COPASI: software que facilita a modelagem e simulação de redes bioquímicas;
- COBRA ToolBox: uma plataforma que funciona com MATLAB para análise de redes metabólicas e fluxos utilizando a teoria de balanço de fluxos.
- Cell Designer: editor gráfico para modelagem de redes bioquímicas.

3. Uso de Bancos de Dados Públicos:

Esses bancos de dados públicos fornecem acesso a grandes volumes de informações sobre sequências de genes, proteínas, interações moleculares, dados de expressão gênica, vias metabólicas e muito mais. A utilização desses bancos permite o compartilhamento do conhecimento, a redução de custos e tempo de pesquisa, o desenvolvimento de novos bioprocessos, a reprodutibilidade e a validação, alguns dos mais relevantes, incluem:

- NCBI (National Center for Biotechnology Information):
 - * Hospeda bancos de dados como o GenBank para sequências de DNA, PubMed para literatura científica, e Protein Data Bank (PDB) para estrutura de proteínas.
 - * Oferece ferramentas como o BLAST (Basic Local Alignment Search Tool) para comparação de sequências.
- UniProt (Universal Protein Resource):
 - * Composto por várias seções como o UniProt KB/ Swiss Prot (dados revisados e anotados manualmente) e

UniProt KB / TrEMBL (dados computacionais não revisados)
 * Base de dados de proteínas que fornece informações sobre sequências e funções.

- KEGG (Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes).
 * Oferece mapas de vias metabólicas

- EMBL-EBI (European Molecular Biology Laboratory - European Bioinformatics Institute).

* Oferece vasta coleção de dados genômicos, transcricômicos, proteômicos e metabolômicos.

* Mantém bancos com o Ensembl para anotação de genomas e ArrayExpress para dados de expressão gênica.

- BRENDA

* Banco dedicado a informações sobre enzimas.

4. Análise de Dados Biológicos:

Os dados ~~genômicos~~ biológicos são vastos e variados. Abaixo estão alguns dos principais tipos de dados e suas análises associadas:

- Dados Genômicos:

↳ Tipos de Dados: sequências de DNA que compõem o material genético;

↳ Análise: inclui montagem de genomas, anotação de genes, identificação de variantes genéticas como ~~polifos~~ ~~ismos~~ de polimorfismos de nucleotídeos únicos, tetranálise de diversidade genômica.



↳ Ferramentas: softwares como BWA, GATK, SamTools e plataformas de análise como Galaxy.

- Dados Transcritômicos:

↳ Tipos de Dados: dados de expressão gênica obtidos por meio de tecnologias como RNA-Seq.

↳ Análise: inclui quantificação de níveis de expressão de genes, análise de genes diferencialmente expressos, identificação de isoformas e estudos de redes de regulação gênica;

↳ Ferramentas: DESeq2, EdgeR, e cufflinks

- Dados Proteômicos:

↳ Tipos de dados: informações sobre a composição, estrutura e abundância de proteínas em uma amostra;

↳ Análise: inclui identificação de proteínas, quantificação relativa ou absoluta, análise de modificações pós-traducionais e estudo de interações proteína-proteína;

↳ Ferramentas: MaxQuant, Proteome Discoverer, PeptideShaker e Scaffold.

- Dados Metabolômicos:

↳ Tipos de Dados: perfis metabólicos;

↳ Análise: identificação e quantificação de metabólitos, assim como a análise de vias metabólicas e a correlação de perfis metabólicos com fenótipos biológicos;

↳ Ferramentas: MetaboAnalyst e XCMS.

- Dados de Interações Moleculares e Redes Biológicas:

↳ Tipos de Dados: informações sobre como moléculas

interagem em redes celulares;

↳ **Cifaliso**: construção de redes de interação proteína-proteína, regulação gênica e redes metabólicas;

↳ **Ferramentas**: Cytoscape e STRING.

Técnicas como ~~atraso~~ alinhamento de sequências (usando BLAST e Clustal Omega) e análise de cluster são aplicadas para identificar padrões e correlações nos dados. **Machine learning** e inteligência artificial também vem sendo empregados mais recentemente.

Técnicas como análise de variância (ANOVA), análise de componentes principais (PCA) e regressão linear são usadas para testar hipóteses e identificar associações.

Ferramentas como R, Python (com bibliotecas como Matplotlib e Seaborn) são utilizadas para criar gráficos, mapas de calor e dendrogramas.

5. Evolução das metodologias de sequenciamento e montagem de genomas:

Entre as primeiras técnicas de sequenciamento destaca-se o **Método de Sanger**, inventado em 1977. Ele utiliza a síntese de DNA interrompida por ddNTPs, que terminam a cadeia de DNA durante a replicação. Foi a principal técnica usada durante o **Projeto Genoma Humano**. Apesar de sua alta precisão, ele é limitado pelo custo elevado, baixa eficiência e capacidade de sequenciar apenas fragmentos relativamente curtos de DNA (em torno de 800-1000 pb).

As tecnologias de segunda geração (NGS) surgiram

no início dos anos 2000. Entre as principais tecnologias de NGS, destacam-se:

- Illumina (Solexa):

- * Nucleotídeos fluorescentes são destacados pela incorporação em tempo real;
- * Alta precisão e baixo custo

- Roche/454 Pyrosequencing:

- * Utiliza a detecção de luz liberada durante a incorporação de nucleotídeos.
- * Custos elevados

- SOLID (Sequencing by Oligonucleotide Ligation and Detection):

- * Alta precisão e qualidade de leitura;
- * Complexidade operacional.

As tecnologias de terceira geração focam em ultrapassar as limitações da NGS, entre elas estão:

- PacBio:

- * Permite o sequenciamento de moléculas de DNA em tempo real

- Oxford Nanopore:

- * Baseado no fluxo de íons através de um poro molecular à medida que o DNA passa por ele;
- * Portátil e versátil.

Já a quarta geração está em desenvolvimento e foca na manipulação direta de moléculas de DNA e RNA sem a necessidade de amplificação.

0. Conclusões:

Com a contínua evolução das tecnologias e metodologias abordadas, espera-se que a integração entre modelagem matemática, bancos de dados e análise de dados biológicos se torne ainda mais poderosa, impulsionando inovações em biotecnologia e melhorando a eficiência e a sustentabilidade de bioprocessos industriais.

2) Questão 2:

1. Introdução:

A operação de um bioprocesso pode ser realizada de diferentes modos, cada um com características próprias, adequadas às exigências da aplicação e do produto desejado. Esses modos de operação incluem batelada simples, batelada alimentada e o processo contínuo.

2. Batelada simples:

Caracteriza-se por um sistema fechado, onde todos os reagentes, nutrientes e microrganismos são introduzidos no biorreator no início do processo. Durante a operação, nenhum material é adicionado ou retirado até o final do ciclo de produção. É comumente utilizado em processos que envolvem produtos de alto valor agregado e em menor escala, como produção de enzimas, antibióticos e compostos bioativos.

Para um processo em batelada simples, podemos

- considerar os seguintes princípios básicos para o balanço de massas:
- Não há entrada ou saída de massa durante a operação;
 - As células (ou microrganismos) consomem nutrientes e produzem biomassa, produtos e subprodutos;
 - A variação da concentração de cada componente pode ser descrita por equações diferenciais que dependem da cinética de crescimento celular e das taxas de consumo e produção.

O balanço de massa para um componente genérico, como o substrato, em uma batelada simples é dado pela seguinte equação diferencial:

$$\frac{dS}{dt} = -q_s \cdot X$$

onde:

- S: concentração de substrato no meio
- q_s : taxa específica de consumo de substrato;
- X: concentração de células no meio
- dS/dt : taxa de variação da concentração de substrato ao longo do tempo.

O balanço de massa para a biomassa em uma batelada simples pode ser expresso como:

$$\frac{dX}{dt} = \mu \cdot X$$

Onde:

- μ : taxa específica de crescimento das células;
- X: concentração de células no meio.
- dX/dt : taxa de variação da concentração de biomassa ao

longo do tempo.

O balanço de massa para um produto gerado durante o bioprocessamento pode ser descrito como

$$\frac{dP}{dt} = q_p \cdot X$$

onde:

P: concentração de produto

q_p : taxa específica de produção de produto

X: concentração de células no meio.

dP/dt : taxa de variação da concentração de produto ao longo do tempo

Entre as vantagens da operação em batelada simples está: fácil de operar e controlar, especialmente em pequena escala; adequado para processos que envolvem produtos sensíveis ou difíceis de manusear; e menor risco de contaminação, pois o sistema permanece fechado.

Já entre as desvantagens, destacam-se: produtividade limitada devido à ausência de alimentação contínua de nutrientes; acúmulo de subprodutos e possível inibição do crescimento celular; e menor eficiência quando comparado aos processos contínuos, especialmente em larga escala.

3. Batelada alimentada:

Neste tipo de operação o biorreator é inicialmente carregado como em uma batelada simples, mas durante o

processo, nutrientes são adicionados de forma controlada. Essa estratégia permite controlar a concentração de substrato, evitando a inibição do crescimento celular ou a formação de subprodutos indesejados. É amplamente utilizada em indústrias onde é necessário maximizar a produção de biomassa ou produtos específicos, como proteínas recombinantes e produtos farmacêuticos.

Diferente do balanço de massa para um sistema em batelada simples, no qual o sistema é fechado na alimentação, há entrada de massa devido à alimentação de nutrientes. Portanto, o balanço de massa para cada componente deve considerar essa entrada:

O balanço de massa para o substrato em uma operação fed-batch pode ser descrito pela equação:

$$\frac{d(SV)}{dt} = F \cdot S_{in} - q_s \cdot X \cdot V$$

onde:

S : concentração de substrato no meio;

V : volume do meio no reator;

F : taxa de alimentação (fluxo de entrada) do substrato no reator;

S_{in} : concentração de substrato na solução de alimentação;

q_s : taxa específica de consumo de substrato;

X : concentração de biomassa (celulas) no reator.

A equação de balanço de massa para biomassa em uma batelada alimentada é dada por:

$$\frac{d(XV)}{dt} = \mu \cdot X \cdot V$$

onde:

μ : taxa específica de crescimento celular;
 X : concentração de biomassa;
 V : volume do meio no reator;

A equação para o balanço de massa do produto gerado pode ser expressa como:

$$\frac{d(PV)}{dt} = q_p \cdot X \cdot V$$

onde:

P : concentração do produto no meio;
 q_p : taxa específica de produção de produto;
 X : concentração de biomassa no reator;
 V : volume do meio ~~de~~ π no reator.

Um aspecto importante a ser considerado no balanço de massa em fed-batch é que o volume do reator V varia ao longo do tempo devido à adição de substrato. O volume pode ser descrito pela equação:

$$\frac{dV}{dt} = F$$

onde F é a taxa de alimentação. Essa relação indica que o volume do meio aumenta continuamente e que afeta as concentrações de todos os componentes no reator.

Entre as vantagens da alimentação em fed-batch, estão: permitir ajustar a alimentação de acordo com as

necessidades do processo; possibilidade de alcançar uma maior concentração de biomassa em comparação com processos em batelada simples; e minimizar os efeitos tóxicos e a inibição causada por altas concentrações de substrato. Todavia, ela pode ser mais cara em comparação a processos em batelada simples devido à necessidade de monitoramento e controle.

4. Bioprocesso contínuo:

Neste tipo de bioprocesso, há uma alimentação constante de nutrientes e a remoção contínua de produtos e células. É ideal para processos que requerem uma produção constante e estável, como a fermentação para produção de etanol ou ácido láctico. Permite um melhor controle das condições do meio e uma produtividade mais elevada a longo prazo. Geralmente, sua produtividade é maior do que em batelada simples ou alimentada. Todavia, existe um risco aumentado de contaminação devido à operação prolongada.

Nos processos contínuos, o balanço de massa é uma ferramenta importante para manter as condições do sistema e estimular a produção. O estado estacionário ^{é a} característica chave desse tipo de operação, onde as concentrações de substrato, biomassa e produto permanecem constantes ao longo do tempo, desde que as condições de operação sejam mantidas.

O balanço de massa para o substrato em um reator contínuo pode ser expresso como:

$$F \cdot S_{in} - F \cdot S - q_s \cdot X \cdot V = 0$$

onde:

- F : taxa de fluxo de entrada e saída do reator (volume por unidade de tempo);
 S_{in} : concentração de substrato na alimentação;
 S : concentração de substrato dentro do reator;
 q_s : taxa específica de consumo de substrato;
 X : concentração de biomassa no reator;
 V : volume do reator

O balanço de massa para biomassa em um bioprocesso contínuo é dado por:

$$F \cdot X_{in} - F \cdot X + \mu \cdot X \cdot V = 0$$

onde:

- X_{in} : concentração de biomassa na entrada (geralmente zero se não houver reciclo de células);
 X : concentração de biomassa no reator;
 μ : taxa específica de crescimento celular

Para um produto que é gerado durante o processo, o balanço de massa pode ser expresso como:

$$F \cdot P_{in} - F \cdot P + q_p \cdot X \cdot V = 0$$

onde:

- P_{in} : concentração de produto na entrada (geralmente zero);
 P : concentração de produto no reator;
 q_p : taxa específica de produção de produto.

A taxa de diluição (D) é um parâmetro crítico em bioprocessos contínuos e é definida como a razão entre a taxa de fluxo de entrada (F) e o volume

do reator (V), sendo $D = F/V$.

A taxa de diluição é essencial para determinar o tempo de residência das células no reator e influencia diretamente a taxa de crescimento celular. Em um estado estacionário, a taxa de crescimento celular (μ) é igual à taxa de diluição (D).

5. Conclusão

O sucesso de um bioprocesso depende de uma compreensão profunda das características operacionais de balanças de massa e de escolha adequada do tipo de biorreator. A integração desses elementos com abordagens modernas e tecnologias emergentes é fundamental para atender às demandas crescentes da indústria biotecnológica, oferecendo soluções eficientes, sustentáveis e economicamente viáveis.

3) Questão 3:

1. Fenômenos de transportes aplicados aos bioprocessos

Eles englobam a transferência de massa, calor e quantidade de movimento. Nos bioprocessos, esses fenômenos são especialmente críticos porque afetam o ambiente em que os microrganismos, enzimas ou células cultivadas operam, influenciando sua taxa de crescimento, metabolismo e produção de biomoléculas.

- Transferência de massa:

Está diretamente relacionada à distribuição de nutrientes, gases e produtos dentro do sistema. Em bioprocessos aeróbicos a transferência de massa envolve a movimentação de substâncias entre as fases sólida, líquida e gasosa. A transferência de massa pode ocorrer por dois mecanismos principais:

* **Transferência de massa convectiva:** ocorre quando o movimento de uma substância é impulsionado por um fluxo de fluido, como a agitação mecânica em um biorreator, que promove a mistura de nutrientes e gases no meio líquido.

* **Transferência de massa difusiva:** envolve o movimento de moléculas de uma região de maior para uma de menor concentração.

Nos bioprocessos aerobios, a transferência de massa gás-líquido é crucial, pois a difusão de oxigênio do ar para o meio de cultivo líquido precisa ser eficiente para suportar a respiração celular. A eficiência deste processo é determinada pelo coeficiente de transferência de massa ($K_L a$), dependente da área interfacial entre as fases, da solubilidade do gás no líquido e da intensidade de agitação. Um exemplo mais específico é a equação de Van't Riet para biorreatores agitados mecanicamente:

$$K_L a = K_0 \cdot (P/v)^m \cdot Q^n$$

onde:

K_0 , m , n : constantes determinadas experimentalmente. Valores típicos de m variam entre 0,4 e 0,8 e de n

entre 0,2 e 0,6

P/V : é a potência de agitação por volume;

Q : taxa de aeração

- Transferência de calor:

Podem ocorrer por três mecanismos principais:

- * Condução: transferência de calor através de um material sólido ou fluido sem movimento macroscópico da substância;
- * Convecção: associada aos movimentos de fluidos, que pode ser natural (devido à diferença de densidade) ou forçada (através de agitação ou bombeamento);
- * Radiação: transferência de calor por ondas eletromagnéticas, menos relevantes em bioprocessos devido à predominância de transferência térmica por condução e convecção.

- Transferência de Quantidade de Movimento

Refere-se ao movimento de fluidos e à interação das forças internas dentro de um sistema, sendo importante para a mistura e a dispersão em bioprocessos. É diretamente influenciada pela viscosidade do meio de cultivo, pela geometria do biorreator e pelo tipo de agitação. Entre os tipos de escoamento que podem ser observados, estão:

- * Escoamento laminar: ocorre em baixas velocidades e é caracterizado por camadas de fluido que se movem paralelamente umas às outras.

* Escoramento turbulento: caracterizado por movimentos de fluidos desordenados e caóticos, proporcionando uma maior mistura e uma transferência de massa e calor mais eficiente.

3. Transferência de massa gás-líquido em processos aerados:

A eficiência desse processo ocorre em várias etapas, que podem ser descritas de acordo com o modelo de dois filmes, proposto por Lewis e Whitman em 1929:

- Passagem do gás através da interface gás-líquido;
- Transferência através da interface gás-líquido (influenciada pela solubilidade do gás e pelas condições de operação);
- Difusão do líquido (etapa mais lenta do processo e, portanto, é considerada a etapa limitante na transferência de massa).

A influência da transferência de massa gás-líquido em processos aerados é influenciada por diversos fatores, como:

- Coefficiente de transferência de massa ($K_L a$);
- Taxa de aerção;
- Agitação e mistura;
- Propriedades do meio de cultivo;
- Tamanho das bolhas

O $K_L a$ é expresso matematicamente como:

$$K_L a = K_L \cdot a$$

K_L = coeficiente de transferência de massa que depende de propriedades do líquido e das condições de fluxo;

a = é a área interfacial específica das bolhas, que depende diretamente do tamanho e da dispersão das bolhas no meio.

3. Sistemas de agitação em bioprocessos agitados e cálculo de potência.

A agitação nos biorreatores tem como principais objetivos:

- Promover a homogeneidade do meio;
- Aumentar a transferência de massa gás-líquido;
- Reduzir a formação dos gradientes de temperatura;
- Controlar o tamanho e a distribuição de bolhas;
- Promover a manutenção das células em suspensão.

A eficiência de um sistema de agitação é influenciada por uma série de fatores, como:

- Taxa de cisalhamento;
- Viscosidade do meio;
- Escalabilidade;
- Geometria do tanque e tipo de Impulsor.

Os tipos de impulsores utilizados na agitação mecânica podem ser:

- Radiais exemplo, Rushton;
- Axiais: exemplo, impulsores de hélices e de pás inclinadas;
- Tangenciais

A potência (P) requerida para agitação em um sistema mecânico pode ser expressa pela equação de potência de Newton:

$$P = N_p \cdot \rho \cdot N^3 \cdot D^5$$

onde:

P : potência necessária para a agitação;

N_p : número de potência, que varia com o tipo de impulsor e as condições de escoamento

ρ : densidade do meio de cultivo (kg/m^3).

N : velocidade de rotação do impulsor (rpm - rotação por segundo)

D : diâmetro do impulsor (m)

N_p é função do número de Reynolds e é calculada como:

$$Re = \frac{\rho \cdot N \cdot D^2}{\mu}$$

onde:

Re : número de Reynolds (adimensional)

μ : viscosidade dinâmica do líquido ($\text{Pa} \cdot \text{s}$).

Esse regime de fluxo pode ser:

- Regime laminar ($Re < 10$)
- Regime de transição ($10 < Re < 10^4$)
- Regime turbulento ($Re > 10^4$)

Enquanto para o sistema de agitação pneumática, a potência pode ser calculada, como:

$$P_g = Q_g \cdot \Delta P$$

onde:

P_g : potência específica da aeração;

Q_g : taxa de fluxo de gás (m^3/s);

ΔP : pressão diferencial, a qual é dada por:

$$\Delta P = \rho \cdot g \cdot h$$

onde:

ρ : densidade do líquido (Kg/m^3)

g : aceleração da gravidade ($9,81 m/s^2$)

h : altura da coluna líquida acima do ponto de injeção (m)

4. Critérios de extrapolação de escala:

Entre os critérios para extrapolação de escala estão:

- Constância da Potência por Unidade de Volume (P/V);
- Constância da Taxa de aeração (Q_g/V);
- Constância do Tempo de Mistura (t_m);
- Constância da Velocidade de agitação (N);
- Constância da Taxa de transferência de Oxigênio ($K_L a$);
- Constância do fator de cisalhamento;

- Bioreatores com agitação mecânica: utilizam normalmente P/V , $K_L a$ e t_m .

- Em resumo, ambos são fatores importantes e necessários para a extrapolação de escalas.