

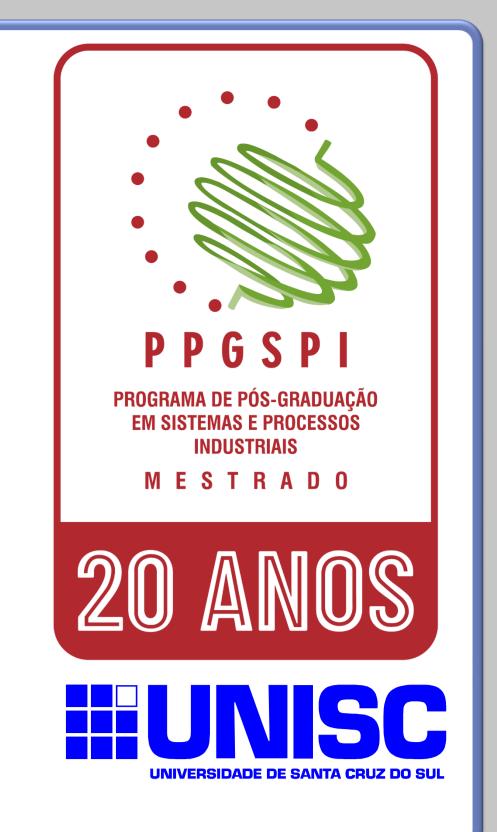
VII Escola de Inverno de Quimiometria

29/jul à 01/ago - 2025 Belo Horizonte - MG

DETECÇÃO DE ADULTERAÇÃO EM CREATINA E WHEY PROTEIN UTILIZANDO ESPECTROSCOPIA MIR COM MODELAGEM PLS, SVR e TENSORFLOW

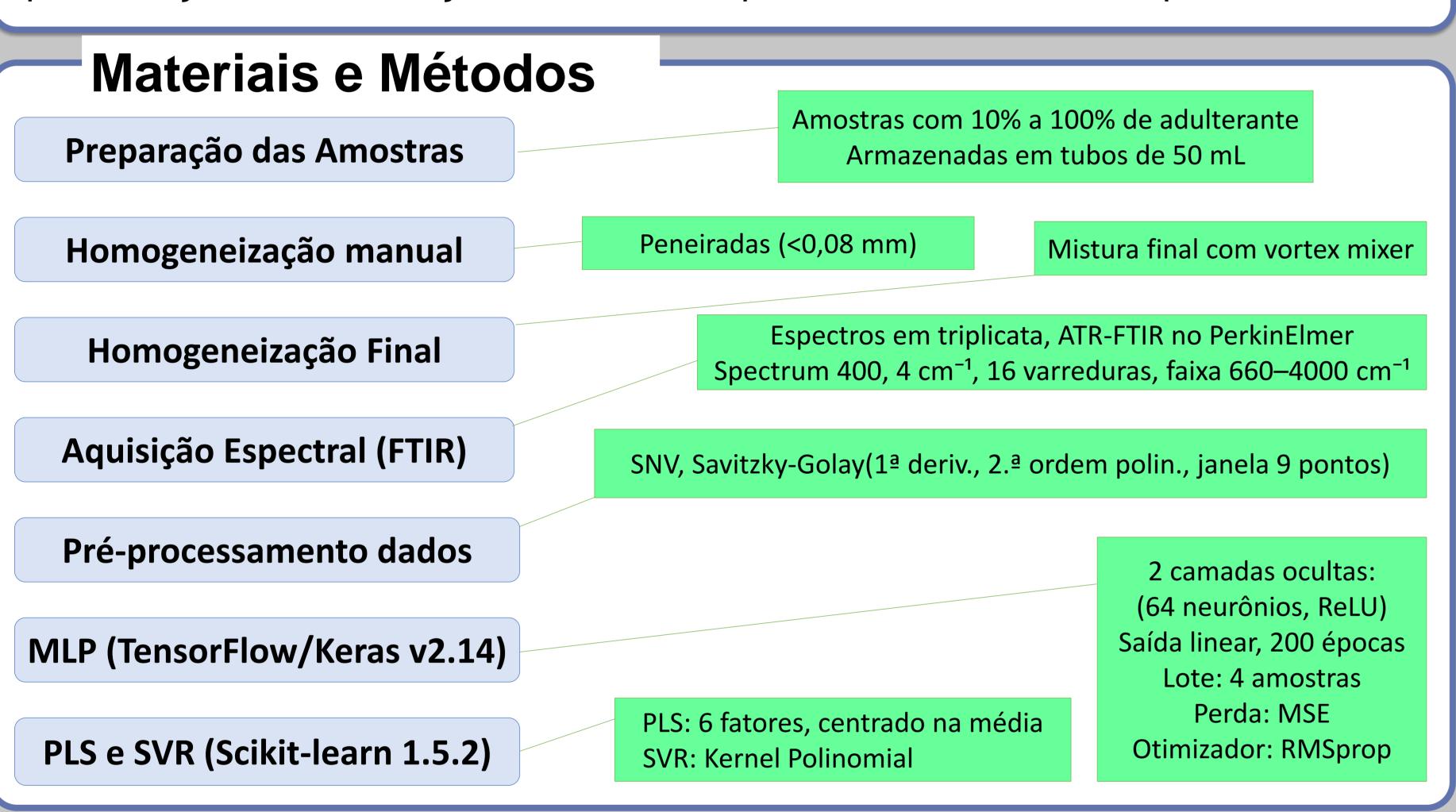
Gilson A. Helfer ^{a*} (PQ), Matheus Konrath ^a (PG), Henyo N. Santos ^a (PG), Lucas Rodrigues ^a (PG), José Abich ^b (IC), Eduarda L. Avelar ^b (IC), Cauã J. Schwin ^b (IC) Adilson Ben da Costa ^a (PQ)

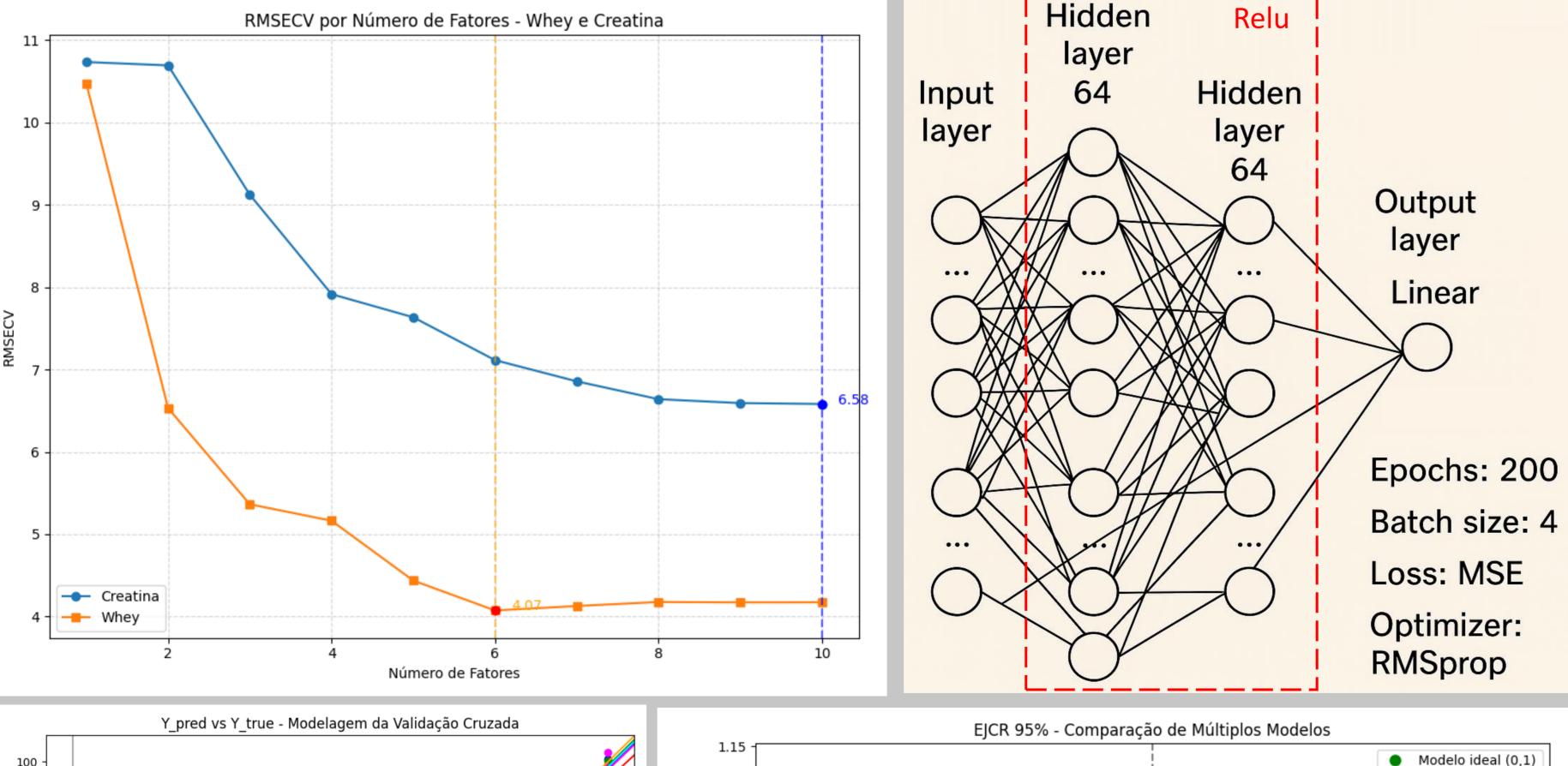
a PPG em Sistemas e Processos Industriais, Universidade de Santa Cruz do Sul, Santa Cruz do Sul – RS – Brasil
 b Depto Eng., Arq. e Computação - Curso de Agronomia, Universidade de Santa Cruz do Sul, Santa Cruz do Sul – RS – Brasil
 *e-mail: ghelfer@unisc.br

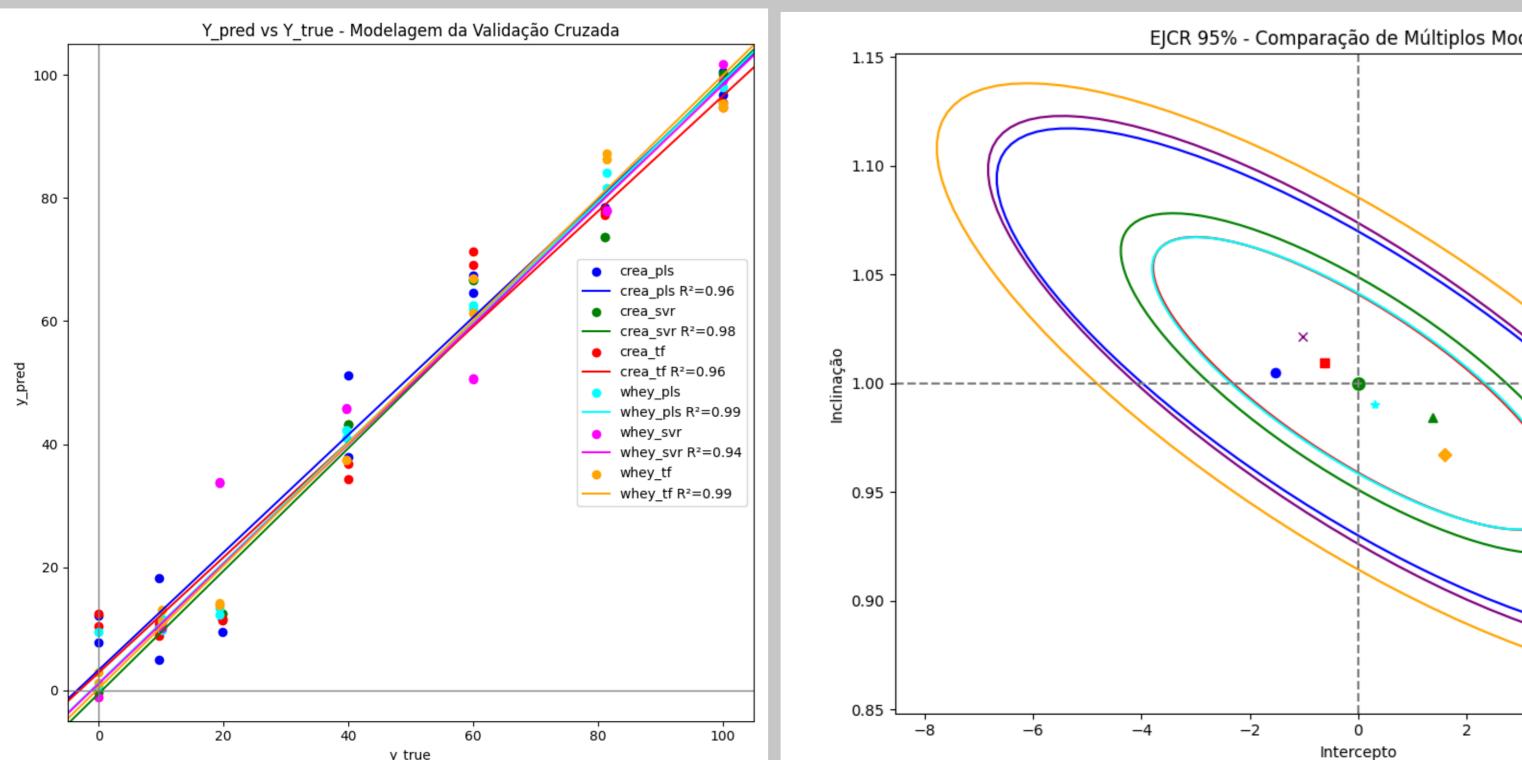


Introdução

A utilização de suplementos alimentares à base de creatina e proteína do soro do leite (*Whey Protein*) tem aumentado significativamente nos últimos anos, sendo o Brasil um dos principais mercados consumidores. Nesse contexto, o aumento expressivo no consumo reforça a importância do desenvolvimento de estratégias de controle de qualidade desses produtos, especialmente no que diz respeito à adulteração econômica, caracterizada pela substituição parcial ou total do suplemento por ingredientes de menor valor como o amido [1]. Este estudo teve como objetivo avaliar a aplicabilidade da espectroscopia no infravermelho médio (MIR), associada a métodos multivariados de calibração, para a detecção e quantificação da adulteração de creatina e proteína do soro do leito por amido.







Resultados

Os modelos de espectroscopia no infravermelho médio para detecção de adulterações em creatina e Whey Protein mostraram resultados promissores. O modelo PLS, utilizando 6 variáveis latentes, foi o mais eficaz, alcançando R² > 0,99 e os menores erros de calibração (RMSEC de 0,62% para creatina e 0,32% para Whey). Em termos de validação, o modelo SVR apresentou os menores valores de RMSECV (4,89% para creatina), mas teve um desempenho inferior para Whey Protein (8,55%). O TensorFlow, apesar de um bom ajuste $(R^2 = 0,99)$, apresentou maiores erros em calibração e validação, especialmente para creatina. A análise dos testes complementares, como REP e RPD, indicou que o modelo PLS foi o mais robusto, com melhor desempenho preditivo geral. Além disso, os testes de EJCR com 95% de confiança confirmaram a precisão dos modelos, sem diferenças significativas entre os valores reais e previstos de acordo com a Tabela 1.

Tabela 1 – Resultados para os modelos de Creatina e Whey, respectivamente.

Modelagem	PLS	SVR	TensorFlow
R ²	0,99 0,99	0,98 0,97	0,99 0,99
RMSEC, %	0,62 0,32	3,70 5,93	3,32 1,08
RMSECV, %	7,11 4,07	4,89 8,55	8,34 3,47
REP, %	1,41 0,74	8,34 13,38	8,12 2,51
RPD	57,8 110,7	9,76 6,09	9,99 32,43

Conclusão

A espectroscopia MIR com modelagem PLS mostrou-se mais eficaz para detectar adulterações em suplementos, sendo uma alternativa rápida, limpa e viável para o controle de qualidade. Pesquisas futuras podem focar em aplicações com dispositivos portáteis para testes em campo. Futuras etapas da pesquisa poderão explorar a integração da análise espectral com dispositivos portáteis, visando a realização de testes *in loco*.

Referências

- [1] https://g1.globo.com/saude/noticia/2025/04/23/anvisa-resultados-deanalise-creatina.ghtml
- [2] Pedregosa, F et al. Journal of Machine Learning Research, 2011, 12.
- [3] Abadi, Met al. Software available from tensorflow.org, **2015**.
- [4] Rinnan, Å; Berg, F; Engelsen, SB. TrAC, **2009**, 10, 28.
- [5] Ferreira, MMC. Quimiometria Conceitos, Métodos e Aplicações. Campinas, SP: Editora da Unicamp, **2015**.



EJCR whe_svr

— EJCR crea tf

Estimado whe_svr

Estimado crea_tfEJCR whe tf

Estimado whe tf

- Agradecimentos







Participe do teste fechado da versão PhotoMetrix NEO

Escaneie o QRCode e preencha o formulário!

Lançamento 2026/1

