



# Simpósio de Integração Acadêmica

## Inteligência Artificial: A Nova Fronteira da Ciência Brasileira

### SIA UFV Virtual 2020



#### CONSTRUÇÃO E VALIDAÇÃO DE MODELOS DE REGRESSÃO A PARTIR DE ESPECTROS NIR PARA PREDIÇÃO DA PROTEÍNA BRUTA DA SILAGEM DE MILHO

Universidade Federal de Viçosa

Kellen Ribeiro de Oliveira<sup>1</sup>, Sebastião de Campos Valadares Filho<sup>2</sup>, Pauliane Pucetti<sup>3</sup>, Fernando Alerrandro Andrade Cidrini<sup>4</sup>, Gilyard Angelo Pinheiro de Souza<sup>4</sup>, Julia Travassos da Silva<sup>3</sup>

<sup>1</sup> Estudante de graduação em Medicina Veterinária/UFV, kellenribeirooli@gmail.com; <sup>2</sup> Professor Titular do Departamento de Zootecnia/UFV, scvfilho@ufv.br; <sup>3</sup> Doutorando do Programa de Pós-graduação em Zootecnia/UFV, paulianepucetti@gmail.com; <sup>4</sup> Estudante de graduação em Zootecnia/UFV

Centro de Ciências Agrárias – Departamento de Zootecnia

Categoria do trabalho: Pesquisa

#### Introdução

A análise por espectroscopia de infravermelho próximo (NIR) associada a técnicas quimiométricas podem substituir grande parte dos métodos convencionais de análise de alimentos. Sendo que este sistema pode oferecer análise múltipla dos constituintes em menor tempo, com menor custo e labor, além de ser um método não poluente ao não utilizar reagentes químicos.

#### Objetivos

Objetivou-se neste trabalho, desenvolver modelos de regressão para predição de proteína bruta (PB) da silagem de milho.

#### Material e Métodos

Foram coletadas 94 amostras de silagem de milho provenientes de 8 estados do Brasil. As amostras foram secas em estufa com ventilação forçada (55°C) por 72 horas, moídas em moinho de facas (Tecnal, Piracicaba, São Paulo, Brasil) com peneiras de porosidade 1 mm e então analisados quanto ao teor de PB segundo método INCT - CA N-001/1 (Detmann et al., 2012).

As amostras previamente moídas a 1 mm foram homogêneas e acondicionadas em placas de petri (dimensão 60x15mm) em três sub-amostras e realizada a leitura de todas as amostras de silagem de milho utilizando espectrofotômetro NIR portátil (ITPhotonics S.r.l, modelo poliSPEC<sup>NIR</sup> 900-1700, Breganze, Itália) com auxílio do software poliDATA (ITPhotonics S.r.l, Breganze, Itália). Estes foram registrados como  $\log(1/R)$ , onde R é a reflectância da amostra, na faixa de 902 e 1680nm, medidos em intervalos de 2nm.

Foi utilizada a média de cada amostra para compor a matriz **X**. Os teores de PB foram denominados como vetor **y**, que possui número de linhas igual ao número de amostras na matriz **X**. Para construção dos modelos de calibração foi utilizada a regressão por quadrados mínimos parciais (PLS). Foi feita a remoção de *outliers* e após isso, o conjunto de dados foi dividido em conjunto de calibração e validação usando o algoritmo de Kennard-Stone (Kennard & Stone, 1969). O vetor **y** foi centrado na média e diferentes pré-tratamentos e suas combinações foram estudadas para a matriz completa **X**. Os valores da raiz quadrada do erro quadrático médio da predição (RMSEP) e da validação cruzada (RMSECV), do coeficiente da correlação dos valores medidos e preditos pelo modelo (RP) e na validação cruzada (RCV), assim como valores dos erros relativos das amostras foram usados para verificar a capacidade de predição do modelo construído

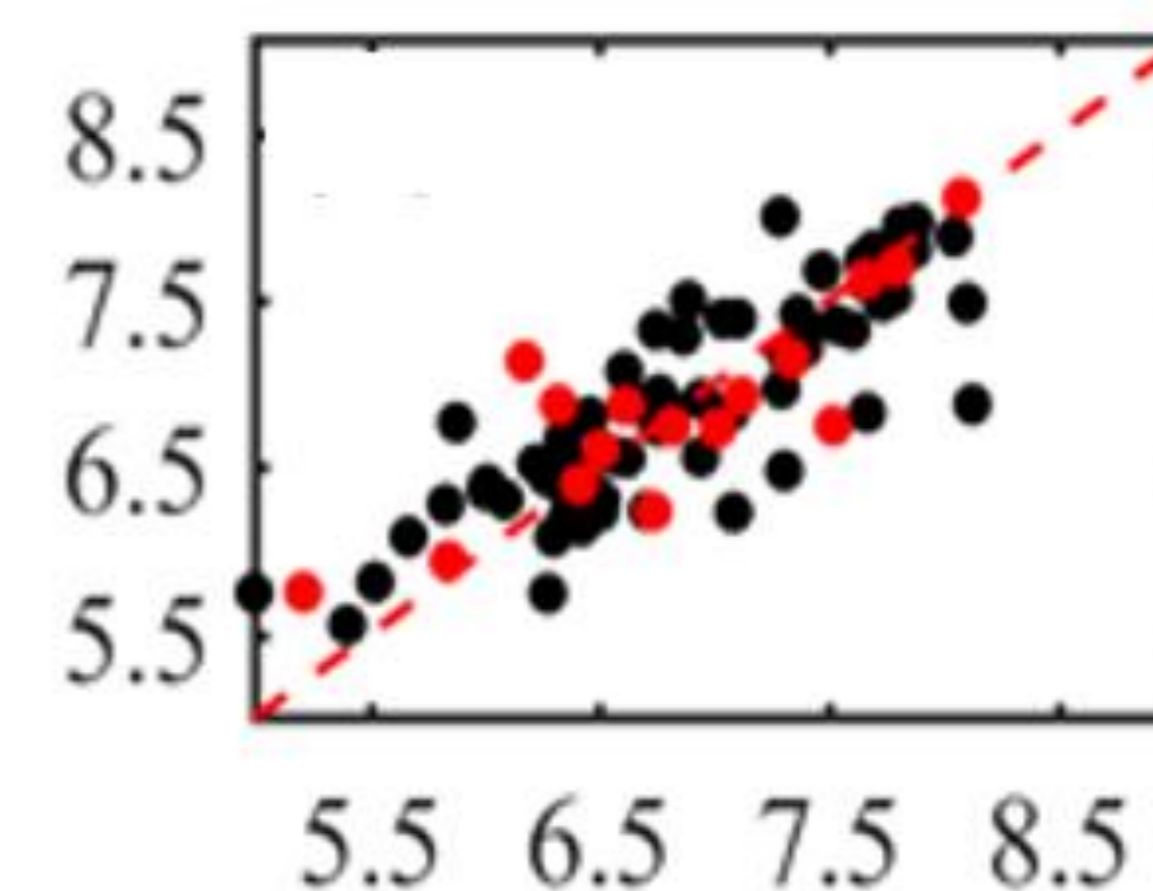
#### Resultados e Discussão

**Tabela 1.** Resultados estatísticos para modelos de predição da Proteína Bruta (PB) da silagem de milho

	nlv	RMSEC	RC	RMSECV	RCV	RMSEP	RP
PB	8	0,415	0,83	0,571	0,68	0,405	0,84

nlv = número de variáveis latentes, RMSEC = raiz quadrada do erro quadrático médio da calibração, RC = coeficiente de correlação da calibração, RMSECV = raiz quadrada do erro quadrático médio da validação cruzada, RCV = coeficiente de correlação da validação cruzada, RMSEP = raiz quadrada do erro quadrático médio da predição, RP = coeficiente de correlação da predição; PB = proteína bruta.

Os pré-tratamentos aplicados a matriz X foram segunda derivada e correção do espalhamento multiplicativo. O modelo apresentou um alto RP com o valor de 0,84 e um baixo RMSEP de 0,405. Este resultado indica boa capacidade de predição



**Figura 1.** Valores medidos por métodos laboratoriais versus preditos pelos modelos construídos para teores proteína bruta (PB).

#### Conclusões

Os modelos de regressão desenvolvidos para predição da proteína bruta da silagem de milho estimam corretamente os valores dos mesmos. Deste modo, podem substituir métodos laboratoriais convencionais.

#### Bibliografia

- DETMANN, E., SOUZA, M.A., VALADARES FILHO, S.C. Métodos para análise de alimentos. Visconde do Rio Branco: Universidade Federal de Viçosa, 2012. 214p.
- KENNARD, R. W. & STONE, L. A. Computer Aided Design of Experiments, *Technometrics*, 11:1, 137-148, 1969.

#### Apoio Financeiro



#### Agradecimentos

