



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 Oliveira¹, Sebastião de Campos Valadares Filho², Pauliane Pucetti³, Fernando Alerrandro Andrade Cidrini⁴, Gilyard Angelo Pinheiro de Souza⁴, Julia Travassos da Silva³

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

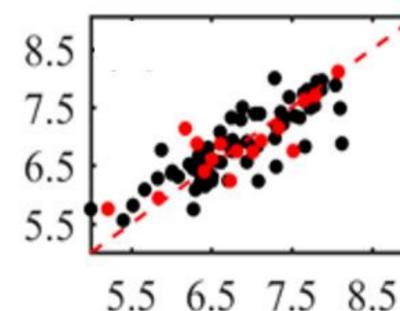


Figura 1. Valores medidos por métodos laboratoriais versus preditos pelos modelos construídos para teores proteína bruta (PB).

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

