

# 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 DO TEOR DE AMIDO DA SILAGEM DE MILHO

Carina da Silva Bittencourt<sup>1</sup>, Sebastião de Campos Valadares Filho<sup>2</sup>, Pauliane Pucetti<sup>3</sup>, Julia Travassos da Silva<sup>4</sup>, Roberta de Souza Amaral<sup>5</sup>, Lucas Germano Hollerbach<sup>6</sup>

<sup>1</sup>Estudante de graduação em Zootecnia/UFV, carina.bittencourt@ufv.br, <sup>2</sup>Professor Titular do Departamento de Zootecnia/UFV, scvfilho@ufv.br, <sup>3</sup>Doutoranda do Programa de Pós-graduação em Zootecnia/UFV, pauliane.pucetti@ufv.br, <sup>4</sup>Doutoranda do Programa de Pós-graduação em Zootecnia/UFV, julia.travassos@ufv.br, <sup>5</sup>Estudante de graduação em Zootecnia/UFV, roberta.amaral@ufv.br, <sup>6</sup>Estudante de graduação em Zootecnia/UFV, lucasgermano97@hotmail.com

Centro de Ciências Agrárias – Departamento de Zootecnia

Categoria do trabalho: Pesquisa

### Introdução

Conhecer o teor de amido da silagem de milho é essencial para a formulação de dietas para ruminantes. Porém o mesmo geralmente é estimado por métodos laboratoriais que demandam o uso de reagentes químicos, tempo e mão de obra altamente capacitada.

### Objetivos

Objetivou-se desenvolver modelos de regressão para predição do teor de amido da silagem de milho (SM) por espectroscopia NIR.

### Material e Métodos

Para construir o banco de dados foram coletadas 94 amostras de silagem de milho de diversos estados do Brasil, provenientes da Bahia, Goiás, Minas Gerais, Mato Grosso, Pernambuco, Paraná, Rio Grande do Sul e São Paulo, a fim de garantir suficiente variação da composição para construir e validar modelos. As amostras foram secas em estufa com ventilação forçada (55°C) por 72 horas, posteriormente moídas em moinho de facas (Tecnal, Piracicaba, São Paulo, Brasil) com peneiras de porosidade de 1 mm, e analisadas quanto aos teores de amido, de acordo com o método proposto por Silva et al. (2019). As amostras previamente moídas a 1 mm foram homogeneizadas e acondicionadas em placas de petri (dimensão 60x15mm) em três sub-amostras, em seguida realizou-se a coleta dos espectros. 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. Assim, três espectros por amostra foram tomados, sendo utilizada a média de cada amostra para compor a matriz X. Os teores de amido foram denominados como vetor y, contendo o mesmo número de linhas igual ao número de amostras na matriz X. Para a construção dos modelos de calibração, utilizou-se a regressão por quadrados mínimos parciais (PLS). Executou-se a remoção de outliers, após isso, o conjunto de dados foi dividido em conjunto de calibração e validação, usando o algoritmo de Kennard-Stone (Kennard & Stone, 1969), que seleciona as amostras com base em suas distâncias. O vetor y foi centrado na média, com diferentes pré-tratamentos e suas combinações estudadas para a matriz completa X, sendo escolhidos aqueles que apresentaram um menor valor da raiz quadrada do erro quadrático médio da validação cruzada (RMSECV). Os valores da raiz quadrada do erro quadrático médio da predição (RMSEP) e o coeficiente da correlação dos valores medidos e preditos pelo modelo (RP) foram utilizados para avaliar o ajuste do modelo.

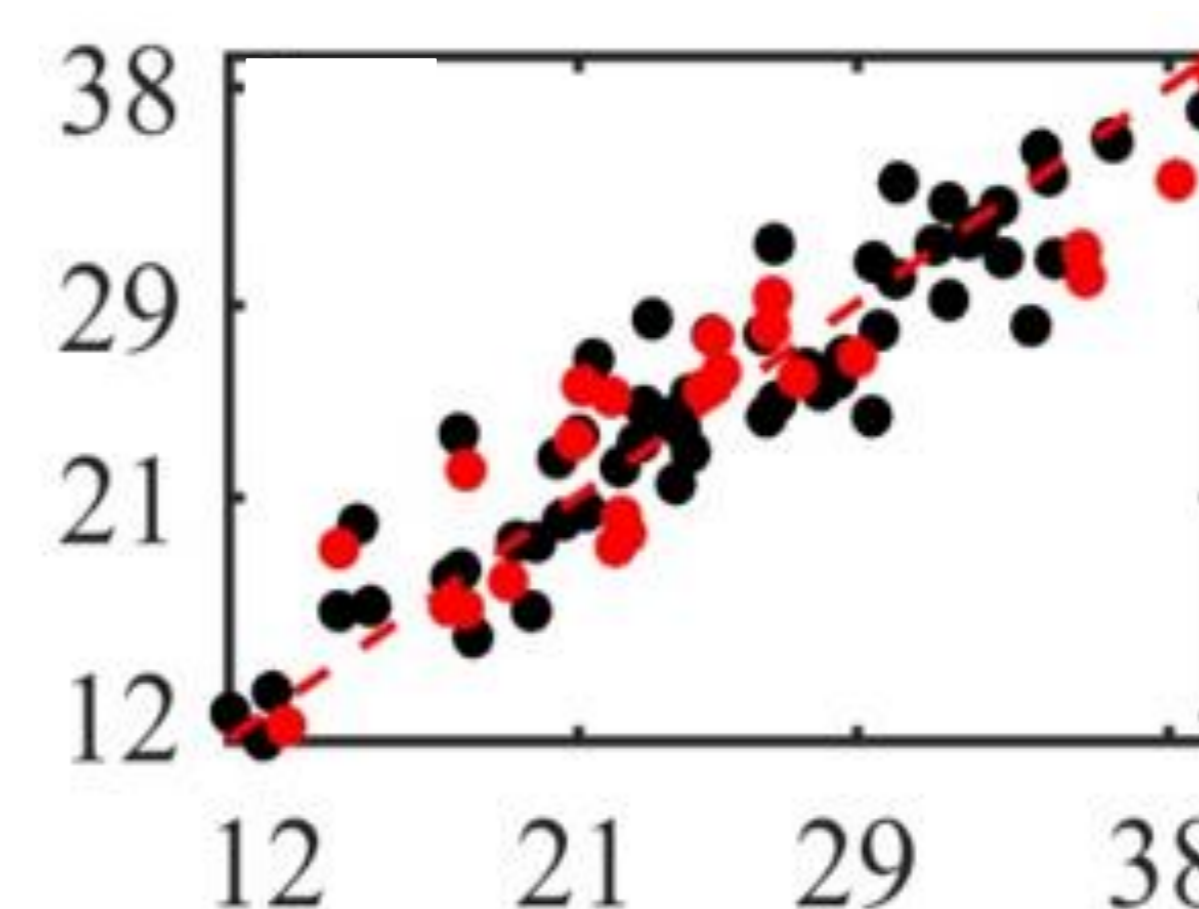
### Resultados e Discussão

**Tabela 1.** Resultados estatísticos para o modelo de predição do teor de amido da silagem de milho

	nlv	RMSEC	RC	RMSECV	RCV	RMSEP	RP
Amido	9	2,485	0,93	3,262	0,88	2,900	0,91

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;

Os pré-tratamentos aplicados a matriz X decorreram da segunda derivada e remoção de tendência. O modelo apresentou um RP com o valor de 0,91 e um RMSEP de 2,90. Este resultado indica bom ajuste do modelo.



**Figura 1.** Valores medidos por métodos laboratoriais versus preditos pelos modelos construídos para estimar o teor de amido da silagem de milho.

### Conclusões

É possível concluir que o modelo de regressão desenvolvido para predição do teor de amido da silagem de milho, estima corretamente os valores dos mesmos. Deste modo, pode substituir os métodos laboratoriais convencionais.

### Bibliografia

- KENNARD, R. W. & STONE, L. A. Computer Aided Design of Experiments, *Technometrics*, 11:1, 137-148, 1969.
- SILVA, B. C.; GODOI, L. A.; VALADARES FILHO, S. C.; ZANETTI, D.; BENEDETI, P. D. B., & DETMANN, E.. A suitable enzymatic method for starch quantification in different organic matrices. *MethodsX*. 2019.

### Apoio Financeiro



### Agradecimentos

