



## Predição do teor de proteína em grãos de canola utilizando modelos quimiométricos e espectroscopia no infravermelho próximo.

Letícia Karen dos Santos<sup>1\*</sup>, Maria Lucia Ferreira Simeone<sup>2</sup> (PQ), Raquel Bombarda Campanha<sup>1</sup> (PQ), Simone Mendonça<sup>1</sup>(PQ), Bruno Galveas Laviola<sup>1</sup> (PQ), Simone Palma Favaro<sup>1</sup> (PQ). E-mail: [leticiaksantos@yahoo.com](mailto:leticiaksantos@yahoo.com)

1. Embrapa Agroenergia. Parque Estação Biológica, Asa Norte, Brasília-DF, CEP: 70770-901 BR
2. Embrapa Milho e Sorgo. Rod MG 424 Km 45, Zona Rural, Sete Lagoas- MG, CEP: 35701-970 BR

Palavras Chave: *Brassica napus* L, PLS, oleaginosa, NIR, tropicalização.

### INTRODUÇÃO

A canola (*Brassica napus* L.) é uma nova opção para a safrinha no Centro-Oeste brasileiro e vem conquistando espaço no campo em função do desenvolvimento de mecanismos para sua tropicalização. Além de óleo, o grão de canola também armazena proteína [1] a qual se constitui num insumo de grande interesse comercial. Os teores de proteína da canola em cultivos na região sul do Brasil estão entre 24 e 27% [2]. Para a expansão da canola na região de Cerrado diversos materiais genéticos vêm sendo avaliados e além do conhecimento do seu potencial produtivo a composição química também é relevante. Nesse sentido, o desenvolvimento de ferramentas rápidas para a quantificação dos teores dos componentes do grão é essencial. Para tal, o presente trabalho teve como objetivo desenvolver um método utilizando dados de espectroscopia na região do infravermelho próximo (FT-NIR) e modelos quimiométricos para prever o teor de proteína em grãos de canola.

### METODOLOGIA

Os grãos foram cultivados em dois sistemas (sequeiro e irrigado) entre fevereiro e julho de 2021 em áreas de produtores rurais associados à Cooperativa Agrícola do Rio Preto, Planaltina/DF, e na área experimental da Embrapa Cerrados, totalizando 200 amostras. O tamanho médio dos grãos maduros foi obtido após serem separados das síliques e todas as sujidades removidas. Em seguida, os grãos foram moídos (IKA, modelo A11) e analisados para teor de proteína pelo método AOCS Ba 4e-93: Método de Combustão Genérico para Proteína Bruta, como método referência.

Os espectros dos grãos inteiros e moídos foram obtidos no equipamento FT-NIR (Buchi, modelo NIR-FLEX 500) na faixa de 10000 – 4000cm<sup>-1</sup> com 32 varreduras a 4 cm<sup>-1</sup> de resolução por amostra. Utilizou-se o software Unscramber 10.2 para o pré-processamento dos dados e o desenvolvimento dos modelos. Os dados espectrais foram pré-processados por diferentes procedimentos: Os dados espectrais foram submetidos à correção multiplicativa de espalhamento (MSC), padronização normal de sinal (SNV), 1<sup>a</sup> derivada de Savitzky-Golay

(SG). O método multivariado PLS foi utilizado para o desenvolvimento de um modelo para quantificar o teor da proteína em grãos inteiros e moídos nos conjuntos de calibração (2/3) e validação externa (1/3) das amostras.

Os índices estatísticos coeficiente de determinação da calibração (R<sub>c</sub><sup>2</sup>) e validação (R<sub>v</sub><sup>2</sup>), raiz quadrada média do erro de calibração (RMSEC) e validação (RMSEP) foram usados para avaliar o desempenho do modelo [3].

### RESULTADOS E DISCUSSÃO

O tamanho médio dos grãos de canola foi de 1,7 ± 0,2 mm. Na Figura 1 podemos visualizar os grãos inteiros e os grãos moídos que foram analisados no equipamento NIR. Os resultados para os modelos obtidos encontram-se apresentados na Tabela 1.

Figura 1. Grãos de canola. (A) grãos inteiros, (B) grãos moídos.



Tabela 1 Índices estatísticos para os modelos de predição de proteína (%) em canola grão inteiro e moído.

Grãos inteiros	VL	R <sub>c</sub> <sup>2</sup>	RMSEC	R <sub>v</sub> <sup>2</sup>	RMSEP
SNV	7	0,9152	0,9185	0,8739	0,9224
MSC	7	0,9164	0,9115	0,8741	0,9233
SG 1° derivada	6	0,8974	1,0098	0,8745	0,9208
<b>SNV + SG 1° Derivada</b>	<b>8</b>	<b>0,9337</b>	<b>0,8115</b>	<b>0,8814</b>	<b>0,8962</b>
Grãos moídos					
SNV	6	0,9172	0,8703	0,9163	0,8302
MSC	6	0,9167	0,8731	0,9171	0,8260
<b>SG 1° DERIVADA</b>	<b>5</b>	<b>0,9140</b>	<b>0,8872</b>	<b>0,9204</b>	<b>0,8094</b>
SNV + SG 1° Derivada	4	0,9118	0,8986	0,9145	0,8390

### CONCLUSÕES

Com os modelos desenvolvidos foi possível determinar o teor de proteína em grãos de canola pela técnica do FT-NIR. Sendo que a melhor performance foi obtida com os grãos moídos RMSEP 0,81%, enquanto que nos grãos inteiros o erro foi de 0,89%.

### AGRADECIMENTOS

Apoio financeiro MAPA TED nº 399/2020

- [1] Tomm, G. O. et al. Embrapa Trigo, 2009, 4.
- [2] SAVITZKY, Abraham; et al. GOLAY, Marcel JE. Anal. Chem. 1964, 1627-1639.