



## DESENVOLVIMENTO DE MODELO MULTIVARIADO PARA PREDIÇÃO DE AMILOSE EM GENÓTIPOS DE MANDIOCA

Ingrid Figueiredo **Bittencourt**<sup>1</sup>; Teresa Losada **Valle**<sup>2</sup>; Cássia Regina Limonta **Carvalho**<sup>3</sup>

Nº 15118

**RESUMO** - Os amidos são constituídos por dois outros polímeros de glicose, a amilose (Am) e amilopectina (Ap), cuja proporção variada afeta as propriedades funcionais e define a suas aplicabilidades industriais. Uma das aplicações para os amidos está no interesse atual em usá-los para o desenvolvimento de produtos termoplásticos, por serem biodegradáveis. Desse modo, o objetivo do trabalho foi desenvolver método de dosagem de Am, por espectroscopia na região do infravermelho próximo, a ser aplicado de modo rotineiro no "screening" de acessos da cultura, visando a seleção futura de potenciais variedades e genitores para cruzamentos no programa de melhoramento da espécie. Amidos foram extraídos de raízes de genótipos oriundos do banco de germoplasma de mandioca ou de ensaios agronômicos realizados pelo IAC. Após extração, purificação e secagem a 30-40°C, medidas de reflectância difusa ( $\log 1/R$ ) dos amidos foram coletadas em espectrofotômetro FOSS NIRSystems, modelo 6500, na faixa espectral de 1100 a 2498 nm. Nos amidos purificados foram determinados os teores de Am por espectrofotometria visível derivativa, que foram usados como valores de referência para construção do modelo multivariado, aplicando o método PLS. O melhor modelo foi obtido ao usar como tratamentos matemáticos dos espectros gerados, a normalização, MSC, primeira derivada (5 pontos) e dados centrados na média, com baixos erros de validação interna (0,37%) e de calibração (0,26%). Embora o modelo tenha apresentado baixa amplitude de valores de Am (de 16,4 a 19,7 %), demonstrou boa capacidade de predição de Am em outros genótipos de mandioca.

**Palavras-chaves:** mandioca, amido, amilose, modelo multivariado, predição, seleção de genótipos.

1 Autor, Bolsista CNPq (PIBIC/IAC): Graduação em Química, PUCC, Campinas-SP; ingrid.fittencourt@gmail.com

2 Colaborador, Pesquisadora do Centro de Horticultura/Instituto Agronômico de Campinas, Campinas-SP.

3 Orientador: Pesquisadora do Centro de Recursos Genéticos Vegetais/Instituto Agronômico de Campinas, Campinas-SP; climonta@iac.sp.gov.br.



**9º Congresso Interinstitucional de Iniciação Científica – CIIC 2015  
10 a 12 de agosto de 2015 – Campinas, São Paulo**

**ABSTRACT-** *The starches are constituted by two other polymers of glucose, the amylose (Am) and amylopectin (Ap), whose the varied proportion affect the functional properties and defines its industrial applicability. One of the application for the starches is the current interest in using them for the development of thermoplastic products, because they are biodegradable. This way, the objective of the work was to develop method for the determination of Am, for near infra-red spectroscopy, to be applied on a routinely on "screening" to access the culture, to the selection of future potential varieties and generators for crosses in the breeding program for the species. Starches were extracted of genotypes roots from the Cassava Germplasm Bank or agronomic trials performed by IAC. After extraction, purification and drying at 30-40°C, measures of diffuse reflectance ( $\log 1/R$ ) of starches were collected in spectrofotometry FOSS NIRSystems, model 6500, in the spectral range 1100 to 2498 nm. In purified starches were determined the levels of Am by derivative visible spectrophotometry, that were used as reference values for the construction of the multivariate model, by applying the method PLS. The best model was obtained to use as mathematical treatments of spectra generated, normalization, MSC, first derivative (5 points) and mean-center, with low errors of internal validation (0,37%) and calibration (0,26%). Although the model has submitted low amplitude values Am (from 16,4 to 19,7 %), it showed good capacity of prediction of Am in others genotypes of cassava.*

**Key-words:** Cassava, starch, amylose, multivariate model, prediction, selection of genotypes.