

Utilisation de la spectroscopie dans le proche infrarouge pour prédire la composition en acides gras du lait. Résultats préliminaires

NIR spectroscopy for the prediction of milk fatty acid composition. Preliminary results

ANDUEZA D., FERLAY A., CONSTANT I., JESTIN M., CAPITAN P., CHILLIARD Y., MARTIN B.

Unité de Recherches sur les Herbivores, INRA Theix - F 63122 Saint-Genès-Champanelle

INTRODUCTION

Compte tenu de l'intérêt croissant de la filière laitière pour mieux connaître et améliorer le profil en acides gras (AG) des produits laitiers, le développement de méthodes de dosage rapide constitue un enjeu important pour les professionnels. En effet, le profil en AG du lait est déterminé habituellement par chromatographie en phase gazeuse (CPG), mais l'utilisation de cette technique n'est pas envisageable dans le cadre de dosages sur un nombre important d'échantillons. Les méthodes de la spectroscopie proche infrarouge (SPIR) et moyen infrarouge (MIR), sont bien placées pour ce type d'analyses. Dehareng *et al.*, (2007) ont montré l'intérêt de l'utilisation de la MIR pour la détermination du profil en AG du lait.

L'objectif de ce travail est d'étudier la faisabilité de l'utilisation de la SPIR pour la prévision des AG du lait.

1. MATERIEL ET METHODES

Cinquante échantillons de lait de grand mélange collectés par les industriels du département de la Haute-Loire ont été utilisés (Ferlay *et al.*, 2008). Ces laits étaient issus de collectes de onze à trente-six exploitations situées dans des zones de production distinctes par l'altitude (450 à 1100 m) et les systèmes d'alimentation (à base d'herbe ou d'ensilage de maïs).

Leur spectre d'absorption dans le proche infra-rouge a été saisi sur un appareil monochromateur *NIRSystems 6500* (*NIRSystems, Silver Spring, MD, USA*) qui enregistre l'absorbance tous les 2 nm entre 400 et 2500 nm. Les échantillons de laits ont été analysés après avoir été partiellement déshydratés en utilisant la méthode DESIR (Thyholt et Isaksson, 1997). Par ailleurs, les profils en AG ont été déterminés sur les échantillons par CPG (Ferlay *et al.*, 2008).

Pour le développement des équations de calibration, la méthode MPLS (*Modified Partial Least Squares*) a été utilisée. Elle a été appliquée sur les données spectrales après une transformation en première dérivée et correction de la diffusion de la lumière. Les équations ont été caractérisées par les écarts-types résiduels de calibration (SEC) et de validation croisée (SECV) et par les coefficients de détermination de calibration (R²C) et de validation croisée (R²CV).

2. RESULTATS ET DISCUSSION

Les équations de prédiction des AG saturés, mono et polyinsaturés et des AG *trans* ont des R² > 0,88 (tableau 1). Pour les AG pris individuellement, des R² similaires ont été obtenus pour les C16:0, C18:1c9, C18:1t11, CLA et C18:3c9c12c15 (R²C > 0,88). En revanche, les coefficients de détermination des équations pour les acides gras à chaîne courte et moyenne (C4:0, C6:0, C8:0, C10:0, C12:0) ainsi que pour le C18:0 et le C18:2 c9c12 ne sont pas très élevés.

La faible quantité des AG de courte chaîne (Dehareng *et al.*, 2007) ainsi que leur faible variabilité dans la population des laits utilisée pourraient expliquer la faible précision des équations obtenues. La variabilité importante du C18:1 t11, bien que sa teneur moyenne soit faible, explique probablement le R² élevé de son équation de prédiction.

Des écarts importants ont été trouvés entre les statistiques de calibrations et de validation. Le petit nombre d'échantillons utilisé pour développer les équations de calibration pourrait expliquer ces écarts

Tableau 1 : composition des laits en acides gras (AG) (% AG Totaux) et paramètres statistiques des équations SPIR obtenues pour les familles d'acides gras et des acides gras individuels.

N=50	Moy	ET	SEC	R ² C	SECV	R ² CV
Σ AGS	66,79	3,76	0,94	0,94	1,40	0,86
C4:0	3,18	0,26	0,23	0,21	0,25	0,08
C6:0	2,22	0,11	0,10	0,10	0,11	0,01
C8:0	1,31	0,07	0,06	0,21	0,07	0,14
C10:0	3,00	0,23	0,19	0,36	0,19	0,31
C12:0	3,34	0,29	0,23	0,39	0,24	0,34
C14:0	11,40	0,73	0,32	0,81	0,43	0,65
C16:0	30,07	3,65	0,81	0,95	1,15	0,90
C18:0	9,68	1,04	0,57	0,70	0,72	0,51
Σ AGMI	25,80	2,74	0,63	0,95	1,06	0,85
C18:1 c9	18,74	1,68	0,59	0,88	1,03	0,61
C18:1 t11	1,79	0,94	0,28	0,91	0,41	0,81
Σ AGPI	3,68	0,83	0,27	0,89	0,40	0,77
C18:2 n-6	1,36	0,07	0,07	0,17	0,09	0,02
C18:2 c9t11	0,80	0,38	0,10	0,93	0,17	0,80
C18:3 n-3	0,68	0,17	0,06	0,89	0,10	0,66
Σ AGtrans	3,11	1,23	0,25	0,96	0,44	0,87

Moy : Moyenne ; ET : Ecart type ; SEC : écart type résiduel de calibration ; R²C : Coefficient de détermination de calibration ; SECV : écart type résiduel de la validation croisée ; R²V : Coefficient de détermination de la validation croisée ; AGS : AG Saturés ; AGMI : AG monoinsaturés ; AGPI : AG polyinsaturés.

CONCLUSION

Les résultats de cette étude montrent ainsi qu'il est possible, par la SPIR de prédire dans les laits les principales familles d'AG ainsi que certains AG individuels à chaîne moyenne ou longue. Cependant, avant d'envisager l'utilisation de la SPIR dans la pratique, nos équations de prévision doivent être validées et leur robustesse testée sur un plus grand nombre d'échantillons dont la variabilité est plus importante.

Cette étude a été réalisée avec le soutien financier du FEOGA et du Conseil Général de la Haute Loire

Dehareng F., Soyeurt H., Veselko D., Gengler N., Dardenne P. 2007. Renc. Rech. Rumin., 14, 103

Ferlay A., Agabriel C., Sibra C., Journal C., Martin B., Chilliard Y., 2008. Dairy Sci. Technol., 88, 193-215

Thyholt K., Isaksson T., 1997. J. Near Infrared Spectrosc., 5, 179-193