

Detection d'un additif dans des aliments volaille par SPIR



P. Dardenne

17-10-2006

Centre wallon de Recherches agronomiques

Département Qualité des Productions agricoles

Centre wallon de Recherches agronomiques
Département Qualité des Productions agricoles
Chaussée de Namur, 24
B – 5030 GEMBLOUX
Tél : ++ 32 (0) 81/62.03.50
Fax : ++ 32 (0) 81/62.03.88
dptqual@cra.wallonie.be
<http://cra.wallonie.be>



Nous avons mesuré en double, suivant une séquence aléatoire sur un NIRSystems 6500 2 séries de 20 échantillons d'aliments pour poule pondeuse : une série sans enzyme et l'autre avec incorporation d'enzyme.

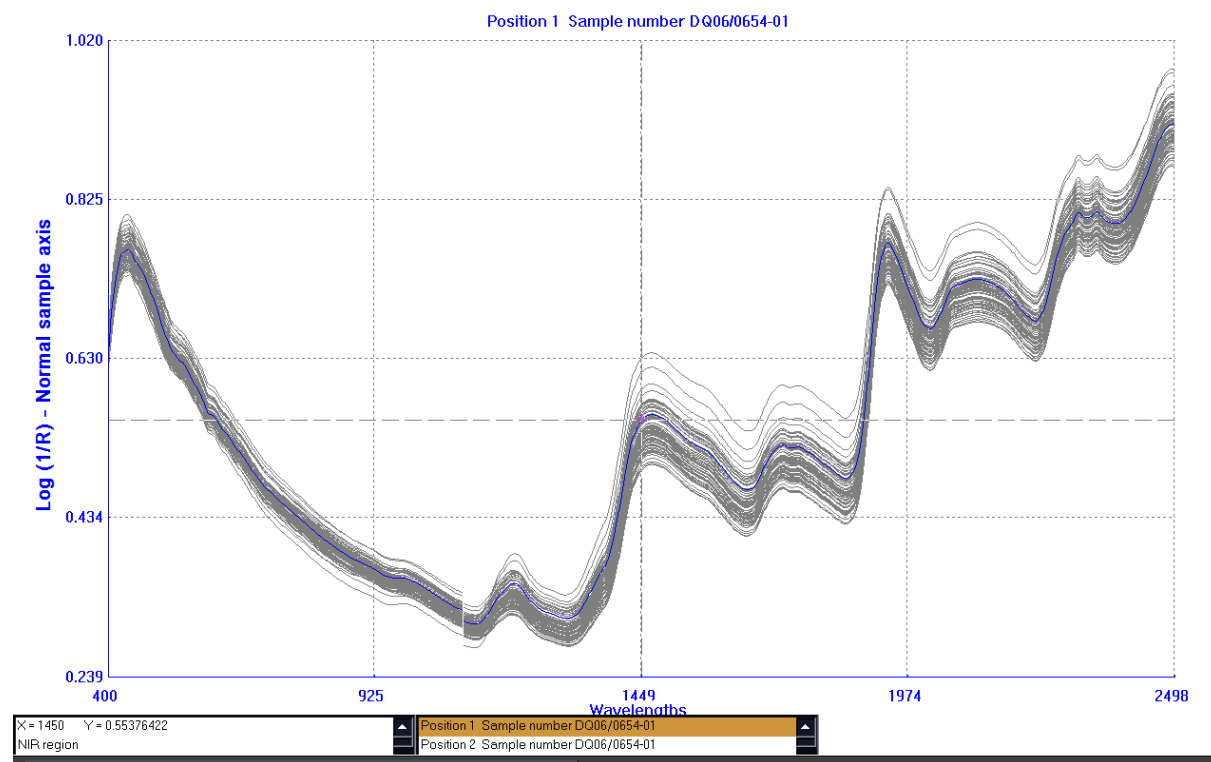


Figure 1 – Graphiques des 80 spectres d'aliment.

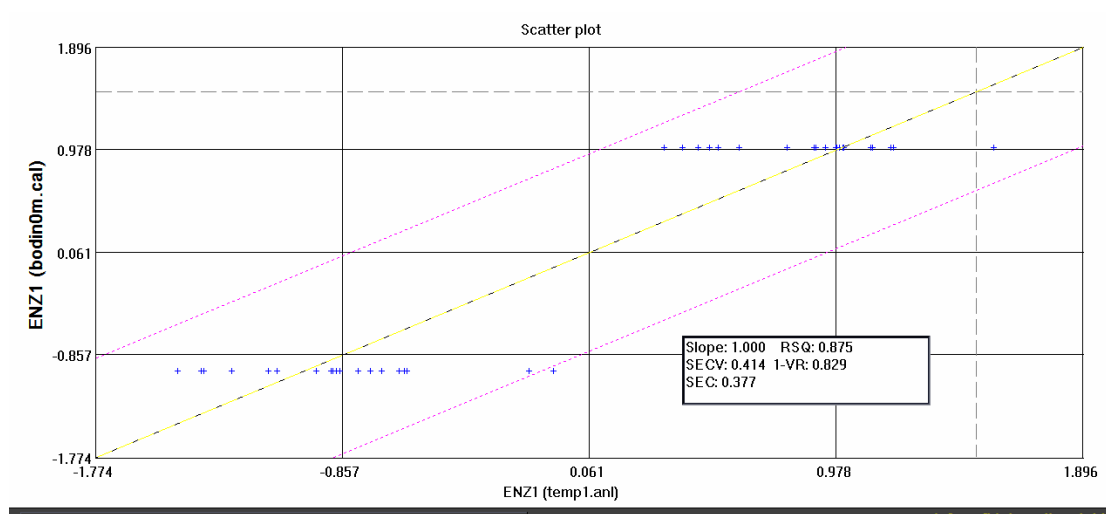
Une première observation est la grande variabilité de ces spectres étant donné qu'en principe, tous les échantillons ont la même composition. Il s'agit de différences de granulométrie : ces échantillons constitués de divers ingrédients et notamment de graines concassées sédimentent dans les coupelles et la répétabilité des mesures (les doubles) est très variable. Il aurait sans doute été judicieux de les broyer plus finement, mais si des différences sont observables dans ces conditions, à fortiori, elles le seront dans des conditions de meilleure répétabilité.

Les spectres ont été moyennés 2 par 2 pour obtenir un fichier de 40 spectres. Les échantillons 1-20 avec enzyme sont codés +1 et les échantillons sans enzyme -1. Ces valeurs attribuées comme un paramètre classique permettent d'utiliser les méthodes de régression habituelles.

Nous avons réalisé des modèles MLR uniquement pour éviter l'overfitting du PLS surtout avec des données de bases aussi similaires.

Table 1. Régression MLR entre Avec et Sans enzyme.

Step-up Regression Statistics					
Input File	bodin0m.cal		REP File	None	
Validation File	None		Equation File	mlr2.eqa	
Math Treatment	0, 0, 5, 1		Number of variables	1042	
Scatter Corrected	None		Downweight outliers	No	
Constituent	ENZ1		Number of samples	40	
Mean	0.000	Range	-1.00 - 1.00	Standard deviation	1.013
Number of terms	4	SEC	0.377	RSQ	0.861
	Coefficient	Data Point	Wavelength	F	
B(0) =	9.071				
B(1) =	491.194	842	2086	43.61	
B(2) =	-425.735	910	2222	31.14	
B(3) =	135.482	177	756	97.60	
B(4) =	-179.666	24	450	108.89	

**Figure 2. Graphique de dispersion du modèle MLR.**

La corrélation n'est pas extraordinaire, mais aucune erreur de classification n'est observée. Par contre 2 longueurs sur les 4 se trouvent dans le visible, ce qui indiquerait que l'enzyme modifie la couleur des échantillons.

Un modèle uniquement avec 4 longueurs d'onde dans le proche infrarouge donne cependant des résultats équivalents. Il est clair qu'avec une seule source de variation (un seul type d'aliment), tout mélange binaire répond facilement. C'est ce qui est observé également avec les corrélations partielles sur les 4 longueurs d'onde. En fait tout le spectre donne une différence significative entre les deux groupes.

Table 2 – Régression MLR dans le proche infrarouge (1100-2498)nm

Step-up Regression Statistics				
Input File	bodin0m.cal		REP File	None
Validation File	None		Equation File	bodin0m.eqa
Math Treatment	0, 0, 5, 1		Number of variables	693
Scatter Corrected	None		Downweight outliers	No
Constituent	ENZ1		Number of samples	40
Mean	0.000	Range	-1.00 - 1.00	
Standard deviation	1.013			
Number of terms	4	SEC	0.372	RSQ
			0.865	
	Coefficient	Data Point	Wavelength	F
B(0) =	-6.613			
B(1) =	-635.576	991	2384	79.74
B(2) =	877.230	857	2116	71.35
B(3) =	-2245.215	676	1754	28.12
B(4) =	2015.210	656	1714	25.24

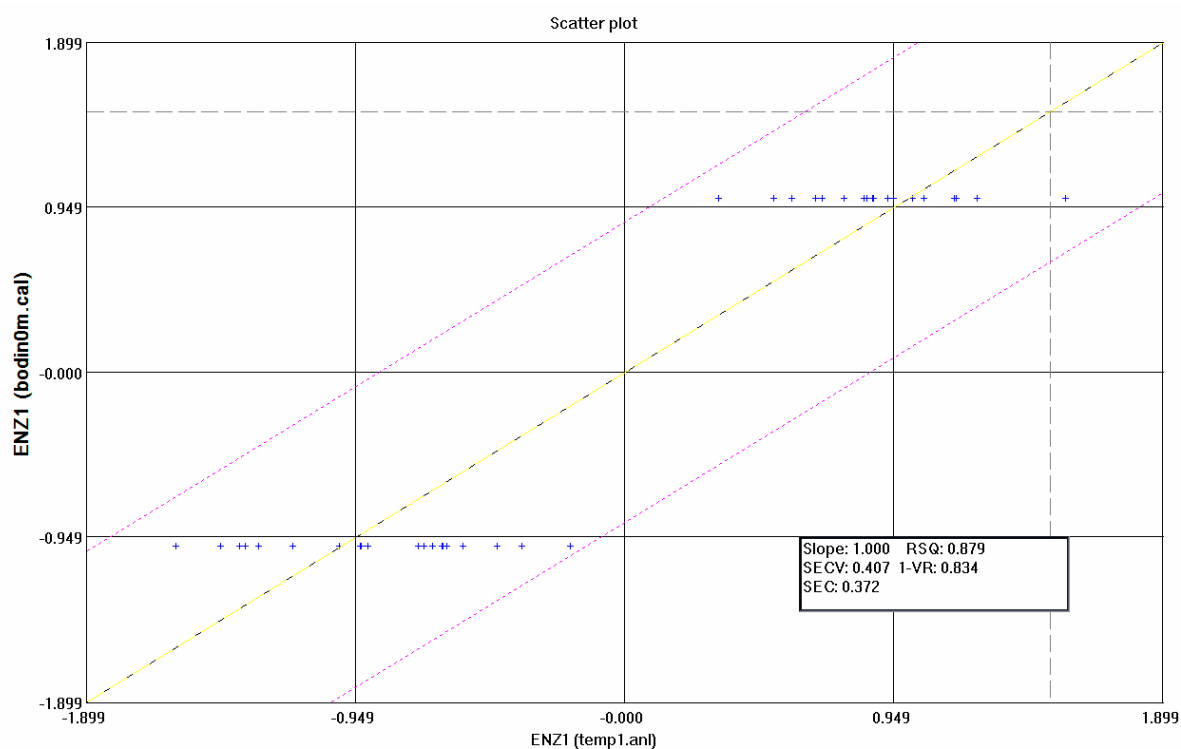


Figure 3. Graphique de dispersion pour le modèle MLR nir.

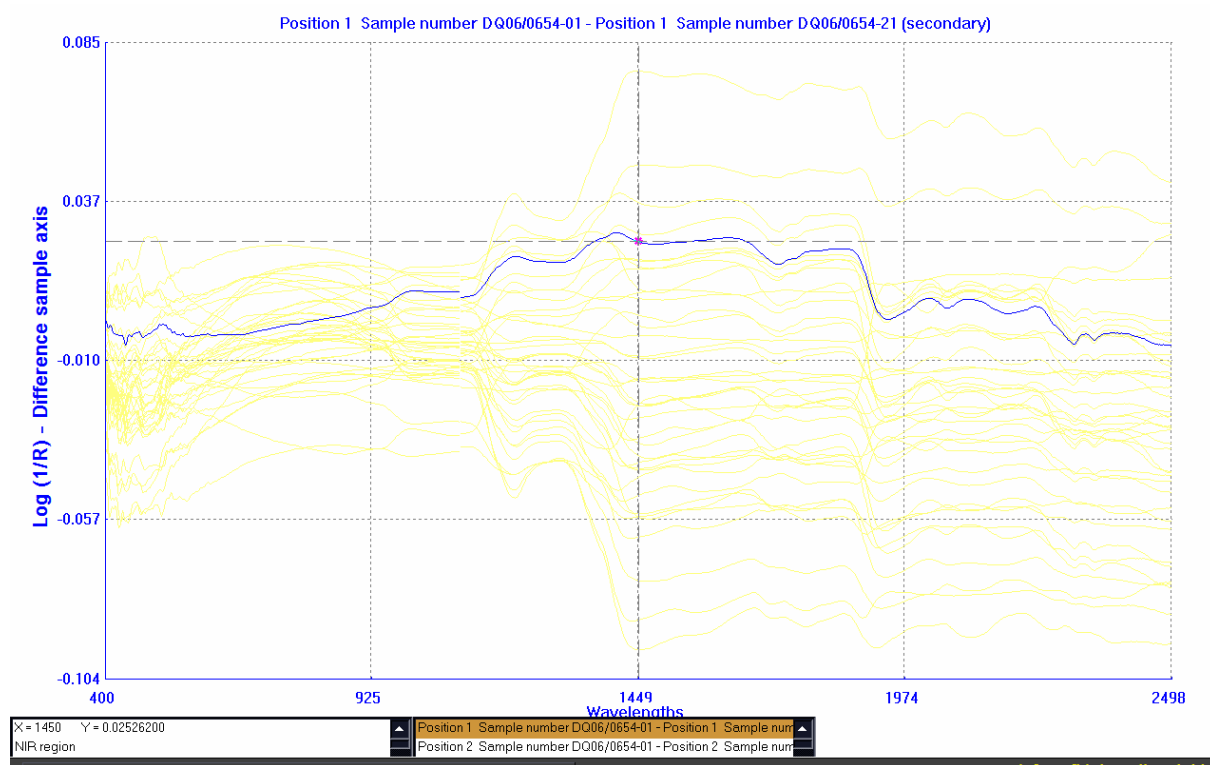


Figure 4. Differences Avec moins Sans (échantillons pris deux à deux)

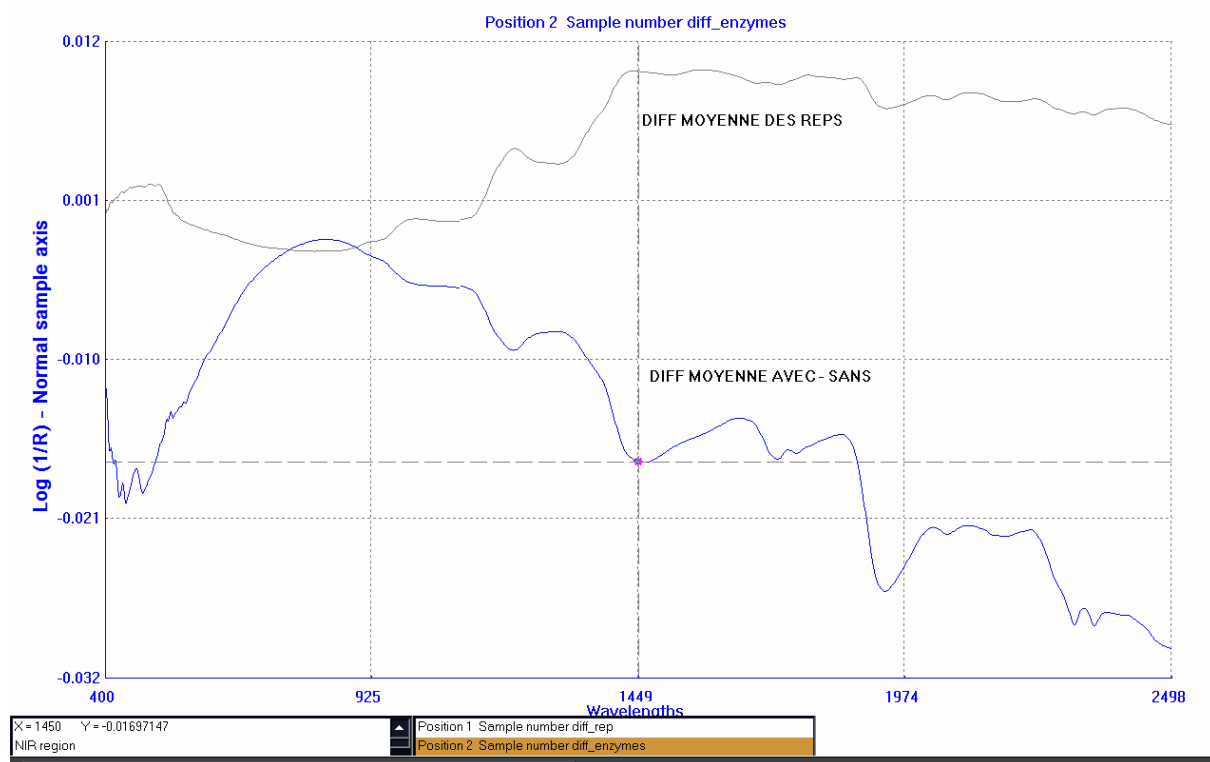


Figure 5. Moyenne des différences entre repetitions et moyenne Avec – Sans.

Ce dernier graphique illustre bien que les différences entre avec et sans enzyme sont liées à une différence générale dans la granulométrie des échantillons. Les échantillons Avec ont, pour une raison qui nous échappe, des absorbances en moyenne plus hautes que les spectres des échantillons sans enzyme. Le spectre des différences a la même forme qu'un spectre original.

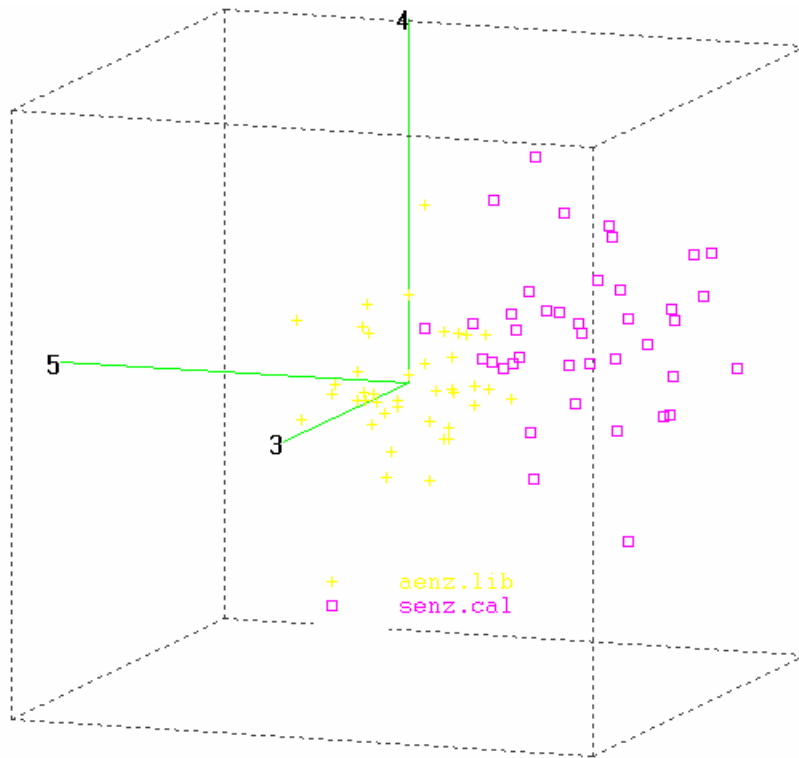


Figure 6. Dispersion 3d de la série Sans enzyme projetée sur 3 composantes de la série Avec enzyme.

Cette figure montre également une différence très significative entre les séries. En utilisant 5 composantes principales, la GH (distances) de la série Sans varie de 0.7 à 10 avec une moyenne de 4.

CONCLUSION

Nous observons des différences, mais sans être sûrs du tout que ces différences proviennent de l'enzyme. Une expérience plus large serait nécessaire en disposant de plusieurs types d'aliment (20 à 30 # de composition plus variable) présentés avec et sans enzyme.