



La spectroscopie dans le proche infrarouge (NIRS) détermine avec précision la valeur nutritive des matières premières et des aliments pour porcs

Samantha Joan NOEL (1), Henry Johs. Høgh JØRGENSEN (1), Eric ROYER (2#), Knud Erik BACH KNUDSEN (1).

(1) Department of Animal Science, AU Foulum, Aarhus University, DK 8830 Tjele, Denmark

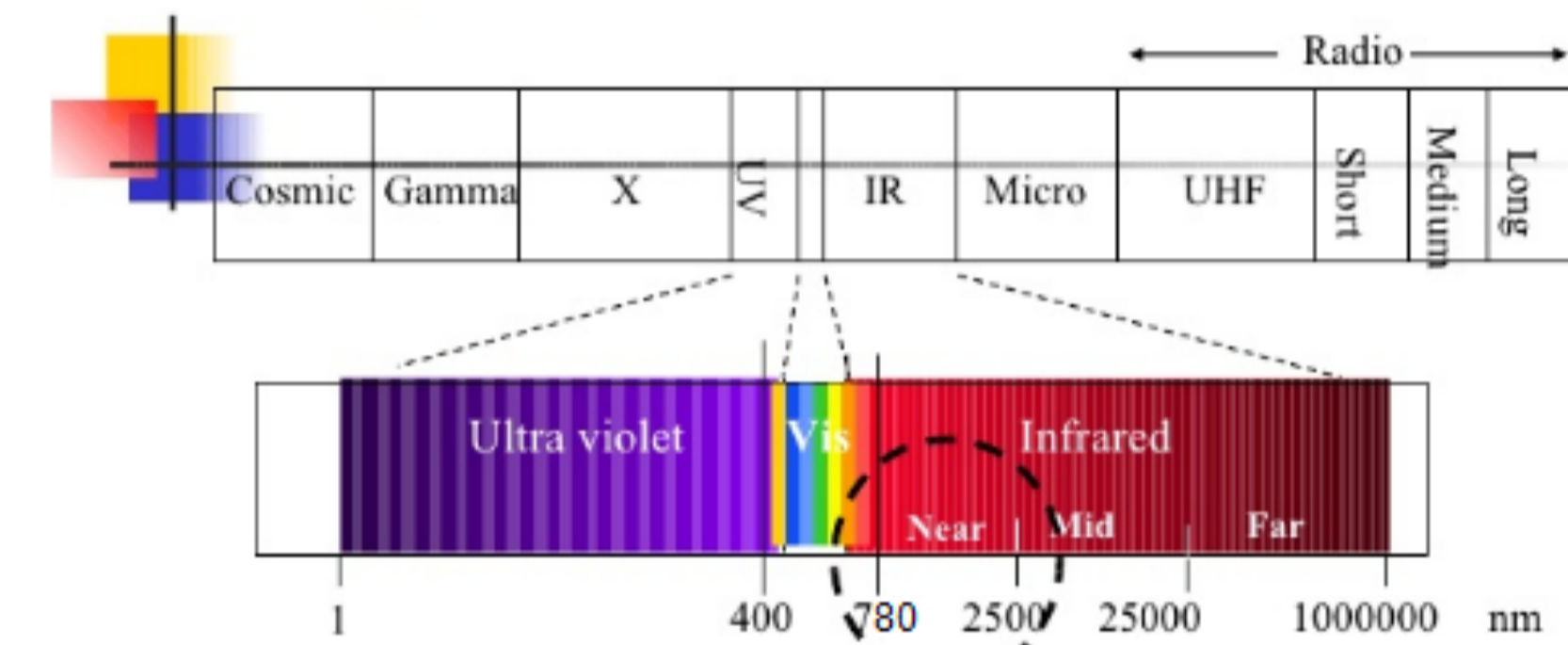
(2) Pôle Technique d'Élevage, Ifip-institut du porc, 31500 Toulouse, France #Adresse actuelle: Idele, Castanet-Tolosan, France

RESUME

Des méthodes rapides et précises de détermination de la valeur nutritive des aliments pour animaux sont nécessaires pour pouvoir utiliser ces informations en temps réel. Cette étude a utilisé la spectroscopie proche infrarouge (NIRS) des matières premières et des aliments porcins en combinaison avec la modélisation pour développer des estimations rapides, peu coûteuses et précises de la teneur en nutriments et acides aminés ainsi que de la digestibilité des nutriments et de l'énergie métabolisable (EM).

INTRODUCTION

Les mesures dans le spectre proche infrarouge (NIRS) donnent des informations sur les liaisons moléculaires et donc la composition chimique complexe d'un échantillon. En utilisant une base de données d'échantillons avec des valeurs nutritionnelles connues, des équations prédictives peuvent être modélisées à partir d'analyses NIRS. Les méthodes actuelles pour déterminer la valeur nutritive des aliments sont longues et coûteuses (modèles animaux ou digestions *in vitro*) ou sont insuffisamment précises pour déterminer la variation entre aliments du même type (valeurs des tables). Les estimations NIRS peuvent fournir des prévisions rapides ou en temps réel des valeurs nutritionnelles.



Spectre électromagnétique



scanner NIRS avec un échantillon

MATERIELS ET METHODES

Des lectures NIRS ont été effectuées à l'aide d'un analyseur Foss NIRS DS2500 sur 773 échantillons broyés dont la valeur nutritive avait été évaluée lors d'essais alimentaires. Les échantillons comprenaient des céréales (n = 277), d'autres ingrédients (n = 129) correspondant à des substituts et issues de céréales, des sources de protéines, des farines d'herbe, et enfin des aliments complets (n = 367).

Les échantillons ont été tirés au sort (80:20) entre un jeu de données de calibration (n = 619) pour construire les modèles, et un jeu de données de validation indépendant (n = 154) pour tester les modèles. Les calibrations des teneurs en macronutriments et acides aminés, des coefficients de digestibilité et de l'EM ont été développées avec le logiciel WinISI. La plage spectrale comprenait les longueurs d'onde comprises entre 780 et 2500 nm, avec des points de données tous les 0,5 nm, ce qui donne 1 698 points de données par balayage. Les spectres ont été prétraités mathématiquement selon la méthode SNV-D (Barnes *et al.*, 1989) avec une dérivée de Savitzky-Golay. Les modèles de calibration ont été construits en utilisant la méthode des moindres carrés partiels modifiés (mPLS) pour l'ensemble des données, ainsi que pour les sous-groupes (non présentés) d'échantillons divisés entre céréales, autres ingrédients et aliments complets évalués avec leur jeu de données externe. De plus, une validation croisée a également été effectuée à l'aide de la méthode d'exclusion sur des groupes de 8 et utilisée pour déterminer le nombre de facteurs à inclure dans le modèle.

RESULTATS

Table 1. Prédiction de la teneur en acides aminés (g/kg de MAT)

Constituant	Calibration			Validation		
	N _{CAL}	R ² _{CAL}	SECV	N _{VAL}	R ² _{VAL}	SEP
CYS	395	0.95	0.44	94	0.94	0.44
LYS	395	0.98	1.3	94	0.96	1.05
MET	395	0.97	0.41	94	0.94	0.42
THR	395	0.99	0.71	94	0.96	0.68
TRP	163	0.93	0.45	37	0.87	0.45
Autres AA	369-395	0.91-0.99		92-94	0.92-0.97	
CP	607	0.98	15.73	150	0.95	16.87

N – Nombre d'échantillons. R² – Coefficient de régression. SECV – erreur type de validation croisée. SEP – erreur type de prédiction corrigée du biais.

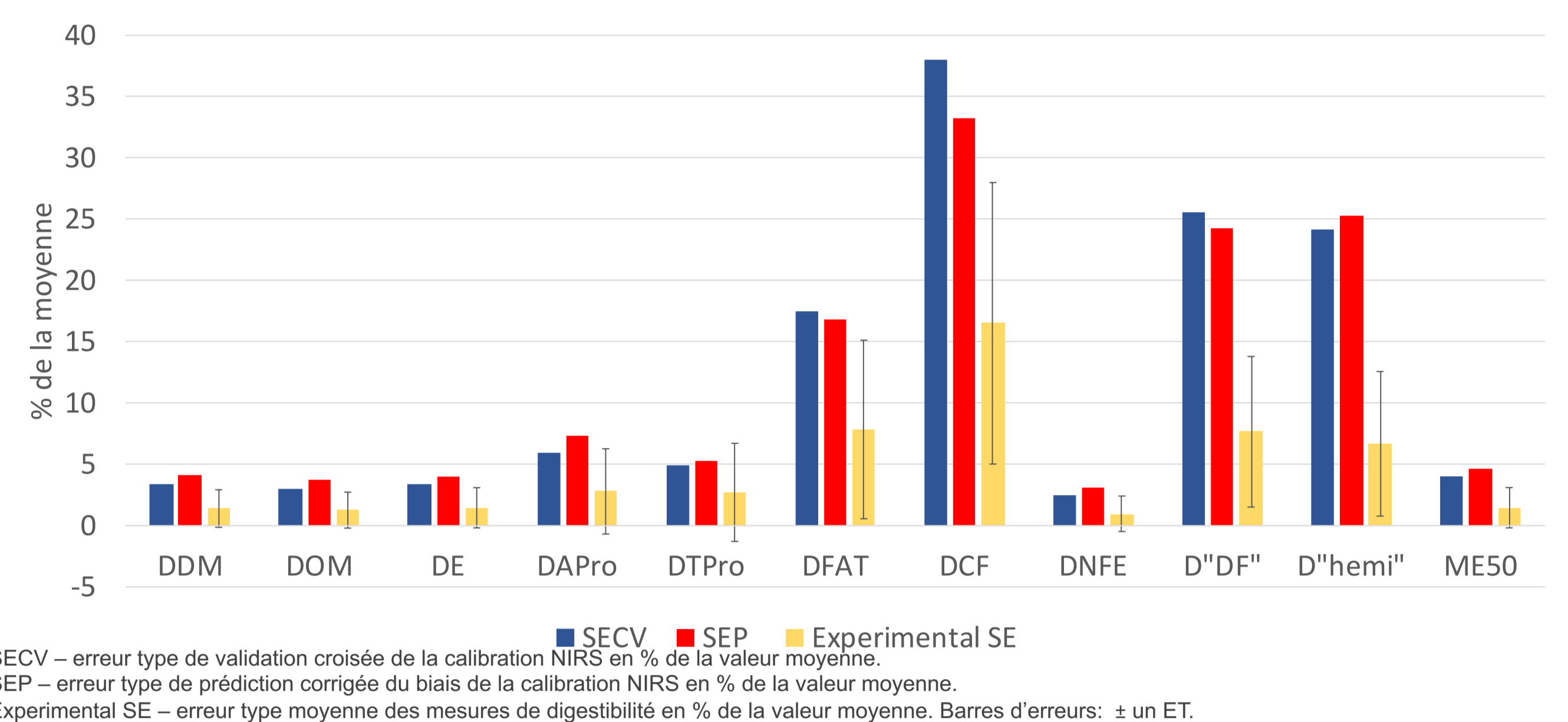
Table 2. Estimation de la composition en macronutriments

Constituant	Calibration			Validation		
	N _{CAL}	R ² _{CAL}	SECV	N _{VAL}	R ² _{VAL}	SEP
MMT	593	0.85	10.53	149	0.76	10.31
MAT	607	0.98	15.73	150	0.95	16.87
MG	573	0.92	9.47	140	0.94	8.65
CB	524	0.97	8.56	130	0.95	9.5
Glucides disp.	464	0.98	30.45	118	0.97	31.89
Amidon	489	0.95	44.66	125	0.93	48.62
NDF	427	0.95	23.16	110	0.9	23.25
ADF	430	0.97	11.87	112	0.95	12.4
ENA	525	0.98	19.22	129	0.98	21.04
EB	584	0.81	87.46	146	0.84	78.94

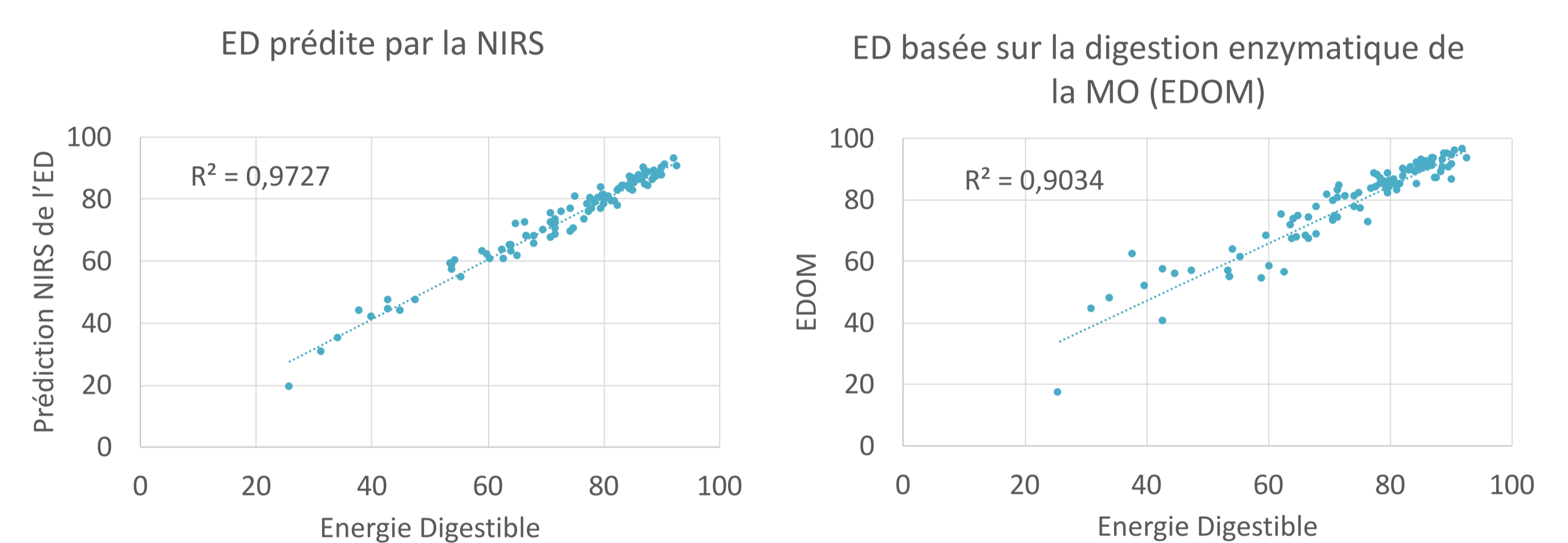
Matières Minérales Totales g/kg, Matière Azotée Totale g/kg, Matière Grasse g/kg, Cellulose Brute g/kg, Glucides disponibles (amidon + sucres) g/kg, Amidon g/kg, NDF- Neutral detergent fibre g/kg, ADF – Acid detergent fibre g/kg, ENA – Extrait non azoté g/kg, Energie brute kcal.

RESULTATS

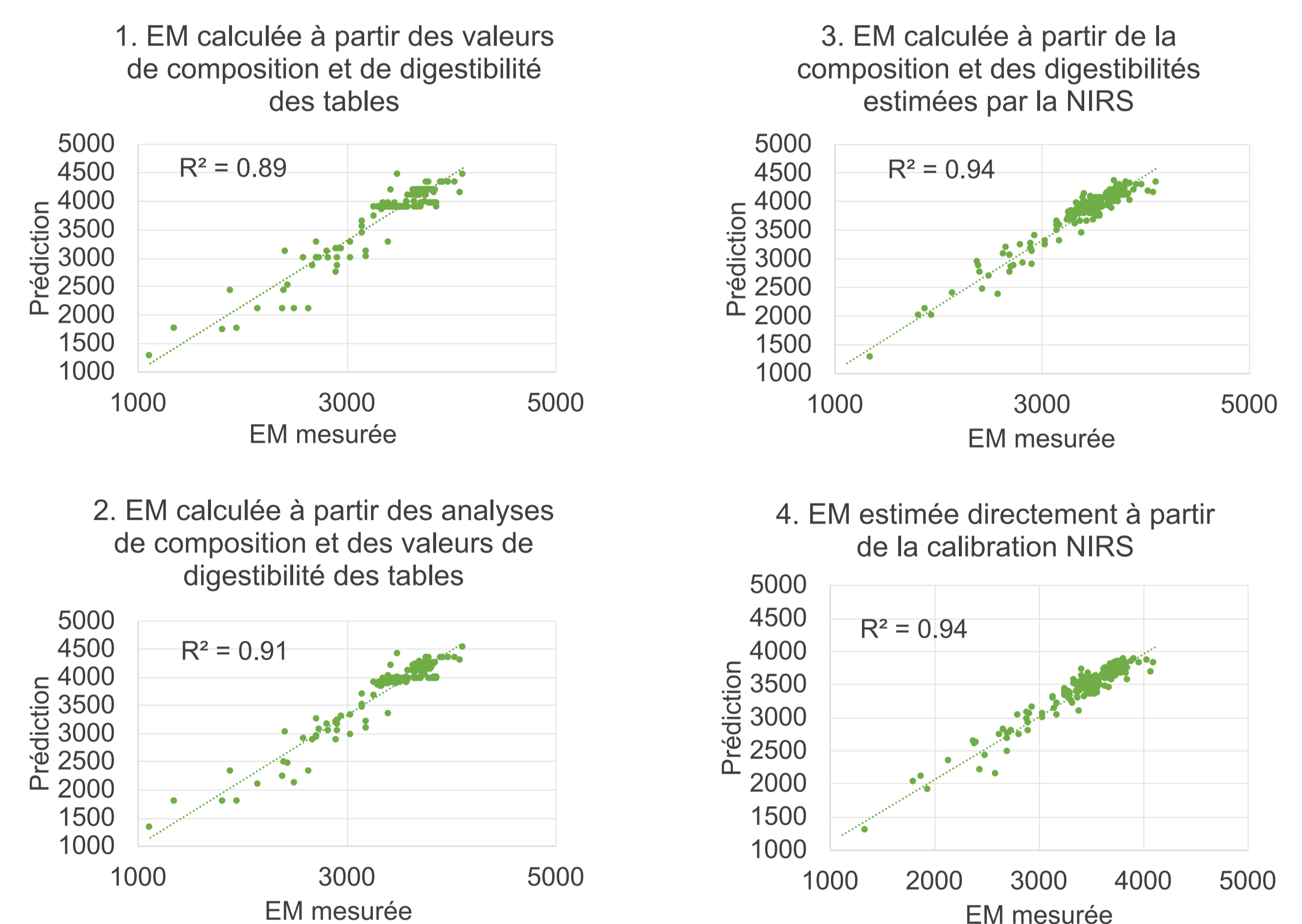
Erreur type d'estimation de la digestibilité des nutriments (NIRS) relativement à l'erreur des mesures de digestibilité



Prédictions de l'énergie digestible (ED), EDOM vs. NIRS



Prédictions de l'énergie métabolisable (EM), Valeurs des tables vs. NIRS



CONCLUSIONS

- La NIRS peut être utilisée pour estimer à la fois la composition et les valeurs nutritionnelles des matières premières et aliments porcins.
- Les modèles sont performants pour la plupart des constituants chimiques étudiés.
- Les prédictions NIRS de l'ED sont meilleures que les méthodes danoises actuelles basées sur la digestion enzymatique *in vitro* de la MO (EDOM) (R² 0.97 vs. 0.90).
- Les prédictions NIRS de l'EM sont meilleures que celles basées sur les valeurs des Tables (R² 0.94 vs. 0.89).
- Aussi, la NIR permet une estimation plus précise de la digestibilité des matières premières et aliments que les méthodes d'estimation actuelles.

CONTACT

E-mail: knuderik.bachknudsen@anis.au.dk

Feed-a-Gene



Feed-a-Gene is a European H2020 project involving 23 partners which aims to adapt feeds, animals and feeding techniques to improve the efficiency and sustainability of pig, poultry and rabbit production systems. It is coordinated by INRA (France), started in March 2015 and will last 5 years. The project aims to reduce the environmental impact of monogastric livestock production by improving and diversifying animal diets and feed technologies and by integrating new selection criteria for these animals. The Feed-a-gene project further aims to develop new management systems for precision feeding and precision farming and to evaluate the overall sustainability of the different management solutions proposed in the project.



The Feed-a-Gene Project has received funding from the European Union's H2020 Programme under grant agreement no 633531.

