



La spectroscopie proche infrarouge : un outil de différentiation des porcs selon leur alimentation et de prédiction de la composition en acides gras de leurs produits

Benoît-Pierre MOUROT (1), Bénédicte LEBRET (2), Isabelle LOUVEAU (2), Mathieu GUILLEVIC (1)

(1) VALOREX, La Messayais, 35210 Combourtillé, France

(2) PEGASE, INRAE, Institut Agro, 35590 Saint-Gilles, France

m.guillevic@valorex.com

Near-infrared spectrometry: a tool to differentiate pigs according to their diet and predict the fatty-acid composition of pork

The growing consumer demand for high-quality pork produced with high-quality products must be accompanied by monitoring to ensure their traceability. In a study to evaluate effects of genetic and nutritional factors on meat quality, we measured backfat and muscle tissue by near infrared spectroscopy (NIRS). This work aimed to develop (i) a model to differentiate pigs according to their feed composition and (ii) a model to predict the fatty-acid (FA) composition of pig meat from NIRS spectra. Spectra (n=160/tissue) of backfat and *longissimus thoracis* muscle were acquired from pigs of different genetic types ([LW×LD] x Piétrain; [LW×LD] x Duroc; Danbred x Duroc). In parallel, tissue FA composition was determined by gas chromatography. Intra-genotype, half of the animals received a control diet based on oilseed meal, and the other half a diet including faba bean and linseed selected and specifically treated, as the main sources of protein and n-3 polyunsaturated FA (PUFA), respectively. NIRS technology was able to differentiate pork samples according to the pig diet, as 100% of the backfat samples were correctly ranked during the validation step. The muscle matrix differentiated less well than the backfat (accuracy = 75%). In backfat, FA composition was predicted well for C18:3n-3, n-3 PUFA, n-6 PUFA and saturated FA (R^2 of cross-validation= 0.84, 0.83, 0.78 and 0.85, respectively, and an associated ratio of performance deviation greater than 2). In conclusion, NIRS is a rapid tool to differentiate pig tissue samples according to a specific diet and predict their FA composition, especially for backfat.

INTRODUCTION

Le porc constitue la première viande consommée en France comme en Europe. Malgré une consommation individuelle moyenne qui diminue depuis 2000, la consommation de produits sous signe officiel de qualité ou marque collective privée valorisant des qualités intrinsèques (sensorielle, nutritionnelle...) ou extrinsèques (liées au mode de production), augmente en part et en volume (IFIP, 2021). Mieux répondre à la diversité des demandes des consommateurs en termes de façons de produire comme de traçabilité, constitue une des priorités du plan de la filière porcine (Inaporc, 2018). Toutefois, pour accélérer l'essor et la pérennité de telles démarches, il faut pouvoir mettre en place un suivi et un contrôle de ces filières de façon rapide, fiable et à moindre coût. Un des outils répondant à tous ces critères est la spectroscopie proche infrarouge (SPIR). La présente étude réalisée dans le cadre du projet multi partenarial ROC+ s'inscrit dans ces objectifs. Outre l'évaluation de leviers génétiques et alimentaires pour améliorer les propriétés sensorielles et nutritionnelles des viandes de porc tout en valorisant des ressources protéiques métropolitaines (Lhuisset *et al.*, 2021), ce projet visait à proposer une méthode pour discriminer des carcasses de porcs selon leur conduite alimentaire et prédire un indicateur de valeur nutritionnelle (composition en acides gras, AG) des produits. Les objectifs de ce travail sont donc de déterminer si la SPIR est un outil adapté pour (i) discriminer des animaux selon la composition de leur alimentation, et (ii) prédire la composition en AG des tissus.

1. MATERIEL ET METHODES

1.1. Collecte des échantillons et mesure

Deux essais ont été menés en parallèle. Le premier s'est déroulé dans un élevage commercial (22, Le Cochon de Bretagne) où deux lots de 51 porcs (femelles et mâles castrés) de type génétique Danbred x Duroc ont reçu soit une ration alimentaire « standard » avec des tourteaux d'oléagineux (soja, colza et tournesol décortiqué) comme source protéique, soit une alimentation « expérimentale » avec de la féverole sélectionnée et spécifiquement traitée d'origine métropolitaine comme source protéique, et de graine de lin comme source d'AG n-3. Ce traitement expérimental contribuait à la relocalisation des ressources et à améliorer la qualité nutritionnelle des produits. Les animaux étaient élevés en groupe et alimentés à volonté entre 30 et 120 kg. Le second essai s'est déroulé au sein de l'unité INRAE UE3P (35, doi.org/10.15454/1.5573932732039927E12) où les deux rations précédentes ont été testées sur un total de 60 porcs femelles de type génétique [LW×LD] x Piétrain ou [LW×LD] x Duroc (15 porcs par lot) comme décrit précédemment (Lhuisset *et al.*, 2021).

Le lendemain de l'abattage, des échantillons de gras de bardière et de muscle *longissimus thoracis* (LT) ont été prélevés sur chaque animal. Les échantillons de muscle ont été broyés, puis tous les prélèvements stockés sous vide à -20°C en attente de l'analyse SPIR et de l'analyse par chromatographie en phase gazeuse pour la détermination de la composition en AG. Après décongélation, les spectres ont été acquis sur les gras de

bardière intacts et sur les muscles broyés par l'appareil de laboratoire DS2500 (FOSS, Hillerd, Denmark).

1.2. Développement des calibrations

Les calibrations ont été réalisées avec le logiciel WinISI 4 (ISI, Port Matilda, USA). Pour la discrimination des tissus selon le régime des porcs et la prédiction de leur composition en AG, les spectres ont été corrigés avec quatre prétraitements en plus du spectre brut : SNV (Standard Normal Variate) ; Detrend ; SNV+ Detrend, Multiple Scatter Correction (MSC) ; Inverse MSC. Plusieurs dérivées (0, 1 et 2) ont également été testées sur les prétraitements avec un spectre complet (400 - 2500 nm) ou partiellement tronqué.

Les modèles de discrimination ont été obtenus par la méthode de l'analyse discriminante des moindres carrés partiels. Seules les discriminations de l'alimentation basées sur les porcs croisés Duroc sont présentées. Les modèles de discrimination ont été testés par validation externe sur un sous-effectif des gras de bardière et par validation croisée sur les échantillons de muscle en raison du trop faible effectif par groupe. La qualité des discriminations a été évaluée en considérant la sensibilité (probabilité d'avoir un résultat négatif lorsque l'hypothèse n'est pas vérifiée), la spécificité (probabilité d'avoir un résultat positif lorsque l'hypothèse est vérifiée) et l'exactitude des tests.

Pour la prédiction de la composition en AG, les spectres des échantillons de gras de bardière et de muscle des essais 1 et 2, ont été utilisés. La qualité des modèles a été évaluée en considérant le coefficient de détermination de la validation croisée (R^2CV) et le rapport de performance (RPD : rapport entre l'écart-type des valeurs d'AG de référence et l'erreur quadratique moyenne de la calibration ; cette valeur devant être supérieure ou égale à 2) (Mairesse *et al*, 2012).

2. RESULTATS ET DISCUSSION

Les performances des modèles de discrimination des porcs issus de l'alimentation « expérimentale » (vrai positif) et « standard » (vrai négatif) à partir des analyses sur le LT ou la bardière sont présentées dans le tableau 1. La matrice « bardière » permet de mieux discriminer les régimes des porcs. Ce résultat peut être lié à une meilleure répartition des lipides dans le tissu et à la plus faible teneur en eau du gras comparé au muscle. En effet,

l'eau interfère avec la qualité du spectre et peut donc affecter la qualité de la discrimination. Cette exactitude de 100% peut aussi être attribuée au fait que le gras de bardière reflète plus fortement la composition en AG des régimes comparativement au tissu musculaire (Hernandez-Jimenez *et al.*, 2021).

Tableau 1 – Qualité des modèles de bonne classification selon le régime alimentaire des porcs croisés Duroc

Critères	Bardière		Muscle
	Calibration	Validation externe	Validation croisée
Effectif	98	32	101
Vrais négatifs	98%	100%	78%
Faux positifs	0%	0%	22%
Faux négatifs	2%	0%	28%
Vrais positifs	100%	100%	73%
Sensibilité	98%	100%	73%
Spécificité	100%	100%	78%
Exactitude	99%	100%	75%

Les résultats de la calibration quantitative de la composition en AG de la bardière et du muscle sont présentés dans le tableau 2. Les meilleurs modèles de prédiction sont obtenus pour le C18:3 n-3, les AG polyinsaturés n-3, n-6 et totaux dans la bardière, et les AG saturés dans la bardière et le muscle. Ces résultats confirment ceux obtenus dans d'autres études (Mairesse *et al*, 2012). Tout comme pour la discrimination du régime alimentaire, la prédiction de la composition en AG par SPIR est plus performante pour le gras de bardière que le muscle.

CONCLUSION

La preuve de concept est apportée quant à la possibilité de discriminer des gras de bardière de porcs (femelles et mâles castrés) en fonction de leur régime alimentaire par SPIR. Nos résultats montrent aussi la possibilité de prédire la composition en AG du gras de bardière de manière très fiable. Une validation de ces modèles est nécessaire sur un plus grand jeu de données incluant une variabilité suffisante de composition en AG.

REMERCIEMENTS

Les auteurs remercient la Région Bretagne et Rennes Métropole pour leur soutien financier et le pôle de compétitivité Valorial pour sa contribution au montage du projet.

Tableau 2 – Performance de prédiction des acides gras par spectroscopie proche infrarouge sur le gras de bardière et le muscle¹

Constituants	n	Gras de bardière, en % des AG totaux				Muscle, en mg/100 g de tissu			
		Moyenne	Ecart-type	R^2CV	RPD	Moyenne	Ecart-type	R^2CV	RPD
C18:2 n-6	162	17,4	3,1	0,75	2,0	148,3	27,6	0,16	1,1
C18:3 n-3		2,7	1,7	0,84	2,6	13,1	8,6	0,20	1,1
AGS		37	2,3	0,85	2,6	528,4	197,6	0,86	2,7
AGPI		22,1	2,5	0,77	2,1	224,2	36,4	0,15	1,1
AGPI n-6		18	3,2	0,78	2,1	190,9	35,2	-0,02	1,0
AGPI n-3		3,4	2	0,83	2,4	28,6	15,9	0,03	1,0

¹AG = acides gras ; AGS = acides gras saturés ; AGPI = acides gras polyinsaturés ; R^2CV = coefficient de détermination de la validation croisée ; RPD = ratio de performance de la déviation

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Hernández-Jiménez M., González-Martín M. I., Martínez-Martín I., Revilla I., Vivar-Quintana A. M., 2021. Carbon stable isotopes, fatty acids and the use of NIRS to differentiate IBERIAN pigs. *Meat Sci.*, 182, 108619.
- IFIP, 2021. Le porc par les chiffres, édition 2021-2022. La filière porcine en France, dans l'UE et le monde, Ed IFIP-Institut du Porc, Paris, 38 p.
- INAPORC, 2018. Plan de la filière porcine française : INAPORC, 40 p.
- Lhuisset S., Louveau I., Labussière E., Connan A., Lebreton B., 2021. Stratégies génétiques et alimentaires pour améliorer les qualités sensorielles et nutritionnelles des viandes chez le porc. *Journées Rech. Porcine*, 53, 31-36.
- Mairesse G., Douzenel P., Mourot J., Vautier A., Le Page R., Goujon J.M., Poffo L., Sire O., Chesneau G., 2012. La spectroscopie proche infrarouge : outil d'analyse rapide sur carcasse de la teneur en acides gras polyinsaturés n-3 des gras de bardière du porc charcutier. *Journées Rech. Porcine*, 44, 211-212.