

**TPP 18 Tecnología NIRS para la determinación de la composición química de pechuga de pollo.**Ortiz, D.A.<sup>1\*</sup>, Camiletti, F.K.<sup>1</sup>, Pordomingo, A.B.<sup>1</sup>, Cunzolo, S.A.<sup>2,3,4</sup>, Pighin, D.G.<sup>2,3,5</sup>, Pordomingo, A.J.<sup>1,3</sup> y Juan, N.A.<sup>1</sup><sup>1</sup>EAA INTA Anguil "G. Covas", <sup>2</sup>ITA INTA Castelar, <sup>3</sup>Fac. Cs. Veterinarias, UNLPam, <sup>4</sup>Fac. Agronomía y Cs. Agroalimentarias, UM, <sup>5</sup>CONICET\*E-mail: [ortiz.daniela@inta.gob.ar](mailto:ortiz.daniela@inta.gob.ar)

Adjustment of NIRS for chemical profile assessment of chicken breast.

**Introducción**

La tecnología NIRS (espectroscopía en infrarrojo cercano) es una técnica instrumental que permite determinar la composición química de muestras orgánicas en forma rápida y a bajo costo. El objetivo del presente trabajo fue evaluar la capacidad de predicción de la tecnología NIRS de la composición química de pechuga de pollo de dos biotipos bajo dos sistemas de alimentación.

**Materiales y métodos**

Un total de 67 muestras de pechuga de pollo se generaron en un ensayo de incorporación de ácido graso n-3 por administración de semillas de chía en el alimento de pollos machos de dos grupos genéticos, Campero INTA y Parrillero Cobb 500.

Las muestras fueron analizadas por química húmeda, determinando contenido de grasa intramuscular total (GIM, en %) por Soxhlet, proteína bruta (PB, en %) por Kjeldahl, y perfil de ácidos grasos (en mg/g) por Cromatografía Gaseosa. Los espectros NIRS de las muestras liofilizadas y molidas con molino ciclónico (Cyclotec, malla 1 mm) fueron tomados en un equipo FOSS DS-2500 (Dinamarca) en un rango de longitud de onda de 400 a 2500 nm. En base a los espectros y datos de laboratorio se generaron modelos de predicción (calibraciones) usando el método MPLS (Cuadrados Medios Parciales modificado), previa aplicación de tratamientos matemáticos a los datos espectrales, los cuales incluyen promedio de espectro, suavizado y derivadas, por ejemplo en 1,4,4,1 el primer dígito indica que se trata de la primera derivada, sobre cuatro puntos del espectro con un suavizado cada cuatro puntos y sin un

segundo suavizado. El modelo más adecuado para cada parámetro fue elegido buscando el mínimo al error estándar de calibración (SEC) y de validación cruzada (SECV), y al coeficiente de determinación de la calibración ( $R^2$ ) y de la validación ( $R_{cv}^2$ ). Para evaluar la robustez de las predicciones se utilizó el estadístico desvío relativo de la predicción (RPD) ( $RPD=DE/SEC$ , siendo DE el desvío estándar de la media) considerando valores > 2,5 como aceptables.

**Resultados y Discusión**

Las calibraciones para estimar la concentración de PB, GIM, ácidos grasos saturados (AGS), ácidos grasos monoinsaturados (MUFA) y ácidos grasos poliinsaturados (PUFA) resultaron satisfactorias, con valores de  $R^2$  y RPD superiores a 0,90 y 2,70, respectivamente (Cuadro 1). Estos parámetros estadísticos fueron similares y en algunos casos mejores que los reportados por Berzaghi et al. (2005). En cuanto a la estimación del perfil de ácidos grasos de cadena larga sólo fue posible lograr calibraciones aceptables para 16-0, 18-1 n-9 y 18-2 n-6.

**Conclusiones**

Los estadísticos obtenidos para las ecuaciones de calibración mostraron el potencial de la tecnología NIRS para predecir la composición química de pechuga de pollo. No obstante, la utilización de esta tecnología en rutina requiere incrementar el número y la diversidad de las muestras incluidas en las calibraciones.

**Bibliografía**

BERZAGHI, P., DALLE ZOTTE, A., JANSSON, L.M. y ANDRIGHETTO, I. 2005. Poultry Science 84:128–136.

**Cuadro 1.** Parámetros estadísticos de calibraciones desarrolladas para predecir con tecnología NIRS la composición química en muestras de pechuga de pollo.

Parámetro	N° muestras	Laboratorio		NIRS		Pre tratamiento espectral		SEC	$R^2$	SECV	$R_{cv}^2$	RPD
		Media	DE	Media	DE	CP / LB	DS					
PB	64	88,45	2,38	88,65	2,14	MSC	1,5,5,1	0,70	0,89	0,78	0,87	<b>2,75</b>
GIM	62	5,25	1,98	5,37	2,01	SVN+D	2,5,5,1	0,22	0,99	0,27	0,98	<b>7,41</b>
AGS	65	14,62	5,71	14,66	5,76	-	2,1,1,5	1,03	0,97	1,54	0,93	<b>3,74</b>
MUFA	64	16,16	7,65	15,68	6,98	-	0,1,1,1	2,37	0,89	2,61	0,86	<b>2,68</b>
PUFA	65	15,74	6,55	15,74	6,59	-	2,1,1,5	1,19	0,97	1,66	0,94	<b>3,98</b>
n3	63	4,49	3,32	4,39	3,26	MSC	2,5,5,1	0,46	0,98	0,84	0,93	<b>3,88</b>
n6	63	11,25	4,40	11,10	4,01	SVN+D	2,5,5,1	0,50	0,98	1,04	0,93	<b>3,84</b>
Perfil de ácidos grasos de cadena larga												
14-0	59	0,23	0,10	0,21	0,08	MSC	1,5,5,1	0,04	0,78	0,04	0,72	1,88
16-0	63	10,59	4,32	10,53	4,23	-	2,1,1,5	0,72	0,97	0,89	0,96	<b>4,77</b>
16-1 n-7	62	1,67	1,20	1,52	1,06	-	0,1,1,1	0,46	0,81	0,53	0,75	1,99
18-0	67	3,80	1,43	3,80	1,43	-	2,1,1,5	0,67	0,78	0,76	0,72	1,89
18-1 t	50	0,07	0,04	0,06	0,03	-	0,1,1,1	0,02	0,58	0,02	0,49	1,40
18-1 n-9	64	14,48	6,52	14,07	5,92	-	0,1,1,1	2,03	0,88	2,24	0,86	<b>2,64</b>
18-1 n-7	64	0,90	0,54	0,90	0,53	MSC	1,5,5,1	0,27	0,74	0,31	0,67	1,72
18 2 n-6	64	9,20	4,01	9,15	3,89	MSC	2,5,5,1	0,78	0,96	1,08	0,92	<b>3,61</b>
18-3 n-6	42	0,07	0,05	0,07	0,04	MSC	2,5,5,1	0,03	0,61	0,03	0,47	1,39
18-3 n-3	63	2,83	2,61	2,60	2,31	MSC	2,5,5,1	0,49	0,96	0,90	0,85	<b>2,56</b>
C 20-22	61	3,69	1,54	3,44	1,07	SVN+D	1,5,5,1	0,99	0,14	1,05	0,03	1,01

PB: proteína bruta (%; bs); GIM: grasa intramuscular (%; bs); AGS: ácidos grasos saturados; MUFA: ácidos grasos mono insaturados; PUFA; ácidos grasos poliinsaturados; n3: ácidos grasos omega 3; n6: ácidos grasos omega 6 (todos los AG en mg/g); CP / LB: Corrección por dispersión y línea de base; DS: Derivada y suavizado; SVN+D: variable normal estándar más ajuste de línea base; MSC: corrección del efecto multiplicativo de dispersión; SEC: error estándar de calibración;  $R^2$ : coeficiente de determinación de la calibración; SECV: error estándar de validación cruzada;  $R_{cv}^2$ : coeficiente de determinación de la validación cruzada; RPD: desviación de predicción relativa (SD/SECV); DE: desvío estándar de la media. Los guiones en los pretratamientos espectrales indican que no se realizó ni MSC, ni SVN+D.