

---

## **Effet des traitements thermiques sur les propriétés physico-chimiques, texturales et organoleptiques du fromage lactique affiné obtenu à partir de lait de chèvre**

**Auteur :** Penasse, Loïs

**Promoteur(s) :** Ayadi, Mohamed

**Faculté :** Gembloux Agro-Bio Tech (GxABT)

**Diplôme :** Master en bioingénieur : sciences agronomiques, à finalité spécialisée

**Année académique :** 2023-2024

**URI/URL :** <http://hdl.handle.net/2268.2/19435>

---

*Avertissement à l'attention des usagers :*

*Tous les documents placés en accès ouvert sur le site le site MatheO sont protégés par le droit d'auteur. Conformément aux principes énoncés par la "Budapest Open Access Initiative"(BOAI, 2002), l'utilisateur du site peut lire, télécharger, copier, transmettre, imprimer, chercher ou faire un lien vers le texte intégral de ces documents, les disséquer pour les indexer, s'en servir de données pour un logiciel, ou s'en servir à toute autre fin légale (ou prévue par la réglementation relative au droit d'auteur). Toute utilisation du document à des fins commerciales est strictement interdite.*

*Par ailleurs, l'utilisateur s'engage à respecter les droits moraux de l'auteur, principalement le droit à l'intégrité de l'oeuvre et le droit de paternité et ce dans toute utilisation que l'utilisateur entreprend. Ainsi, à titre d'exemple, lorsqu'il reproduira un document par extrait ou dans son intégralité, l'utilisateur citera de manière complète les sources telles que mentionnées ci-dessus. Toute utilisation non explicitement autorisée ci-avant (telle que par exemple, la modification du document ou son résumé) nécessite l'autorisation préalable et expresse des auteurs ou de leurs ayants droit.*

---

## 9. Annexes

### 9.1. Code R pour l'analyse en composante principale, distance de Mahalanobis standardisée et détection des valeurs aberrantes effectuée sur les données des caractéristiques du fromage

```
#Packages

library(FactoMineR)

library(ggplot2)

library(reshape2)

library(pander)

library(pls)

library(glmnet)

library(knitr)

library(summarytools)

library(FactoMineR)

install.packages("factoextra")

library(factoextra)

#Lecture de donnees

dep <- read.table("dep.csv",header = TRUE, sep = ";")

indep <- read.table("indep.csv",header = TRUE, sep = ";")

data <- data.frame(indep, dep)

Trait <- data[,-c(1,3)]

spectreTrait <- Trait[,-1]

y <- data.frame (Trait[,1])

str(spectreTrait)

#PCA : Principal component analysis

hist(Trait$Traitement, breaks = 30, col = "red")

pca.Trait <- PCA(spectreTrait,scale = TRUE)

plot(pca.Trait$eig[,3], xlab = "Composante principale", ylab = "Pourcentage cumulatif de la variabilité expliquée", col="blue")
```

```
pander(pca.Trait$eig[(pca.Trait$eig[,3]>98.5)&(pca.Trait$eig[,3]<100),])
```

```
fviz_pca_ind(pca.Trait,  
  geom = "point",  
  col.ind = ifelse(1:nrow(spectreTrait) <= 24, "blue", "red"),  
  palette = c("blue", "red"))
```

```
# So number of principal component = 8
```

```
#-> correspond à l'endroit où la courbe commence à s'aplanir -> ici ça ne s'applatit pas tellement ?
```

```
pca.Trait <- PCA(spectreTrait,scale = TRUE,ncp = 8)
```

```
plot(pca.Trait$eig[,3], xlab = "Composante principale", ylab = "Pourcentage cumulatif de la variabilité?  
expliquée", col="blue")
```

```
#Mahalanobis Distance
```

```
meanPC <- colMeans(pca.Trait$ind$coord)
```

```
covPC <- cov(pca.Trait$ind$coord)
```

```
melted_covPC <- melt(covPC)
```

```
t <- ggplot(data = melted_covPC) + aes(x=Var1, y= Var2, fill = value) + geom_tile()
```

```
t+xlab("Cov entre PCs")+ ylab("Cov entre PCs") + theme(axis.text.x = element_text(size = 8,angle =  
90)) +theme(axis.text.y = element_text(size = 8))
```

```
#Covariance =0 since Dim.2
```

```
maha <- mahalanobis(pca.Trait$ind$coord, center = meanPC, cov = covPC)
```

```
pander(summary(maha))
```

```
hist(maha, xlab = "Distance de Mahalanobis", breaks = 30, col = "red", main = NULL)
```

```
# Mean= number of PC so OK
```

```
# Global-H distance or GH distance
```

```
# Standardization: distance divided by number of PC=8
```

```
# standardized distance is lower than 3, the samples are not considered as potential outliers.
```

```
GH <- maha/8
```

```
pander(summary(GH))
```

```

hist(GH,xlab="Standardized Mahalanobis distance",col="blue",main=NULL)

newX <- spectreTrait[GH<3,]
PLS_Trait <- y[GH<3,]
newX <- as.matrix(newX)
PLS_Trait <- as.matrix(PLS_Trait)
new.data <- data.frame(PLS_Trait,newX)

PLS <- plsr(PLS_Trait~., data = new.data, method = "oscorespls", scale = TRUE, center = TRUE,
validation = "CV", ncomp = 8)
summary(PLS)

Rsquare <- R2(PLS, "all")
melted_R2 <- melt(Rsquare$val)
t<-ggplot(data = melted_R2) + aes(x=model, y=value, col=estimate) + geom_point()
t + xlab("Models") + ylab("Coefficient of determination (R?)") + theme(axis.text.x=
element_text(size=6,angle=90))

RMSEP<-RMSEP(PLS,"all")
melted_RMSE <- melt(RMSEP$val)
t<-ggplot(data = melted_RMSE) + aes(x=model, y=value, col=estimate) + geom_point()
t + xlab("Models") + ylab("Root Mean Squared Error (RMSE)") + theme(axis.text.x=
element_text(size=6,angle=90))

difference<-Rsquare$val[1,]-Rsquare$val[2,,]
difference2<-array(0,dim=c(length(difference)))
for (i in 2:length(difference)){difference2[i]=Rsquare$val[2,,i]-Rsquare$val[2,,i-1]}
results<-
data.frame(Rsquare$val[1,]*100,Rsquare$val[2,,]*100,RMSEP$val[1,],RMSEP$val[2,,],difference,dif
ference2)
names(results)<- c("R2_calib","R2_valid","RMSEP_calib","RMSEP_valid","Robustnessdiff","Accuracy
diff")

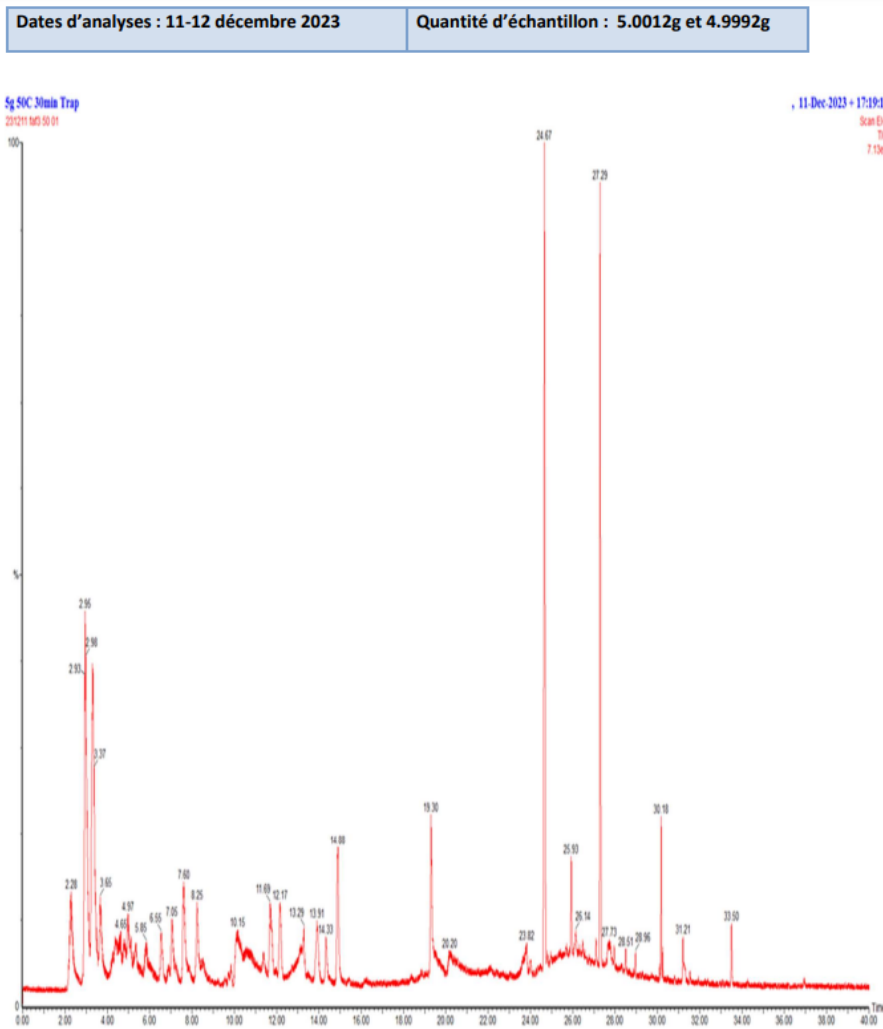
```

kable(results[1:20,],digits=3,align="c")

Annexe 1 : Code R pour l'analyse en composante principale, distance de Mahalanobis standardisée et détection des valeurs aberrantes effectuée sur les données des caractéristiques du fromage

## 9.2. Chromatogrammes

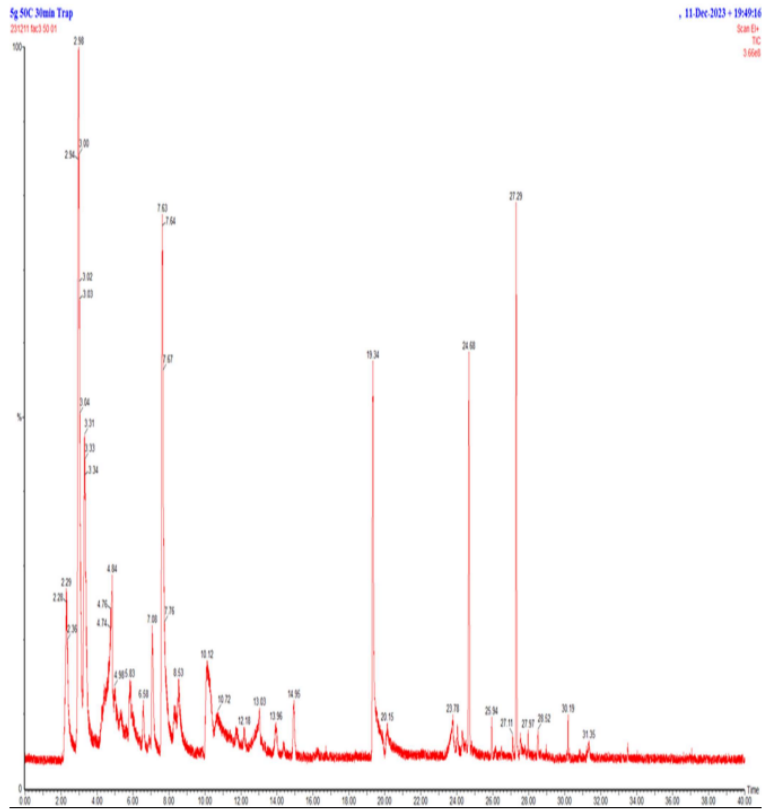
### 9.2.1. Profil chromatographique global du FAF3



Annexe 2 : Profil chromatographique global du FAF3

## 9.2.2. Profil chromatographique global du FAC3

Dates d'analyses : 11-12 décembre 2023      Quantité d'échantillon : 4.9962g et 4.9989g

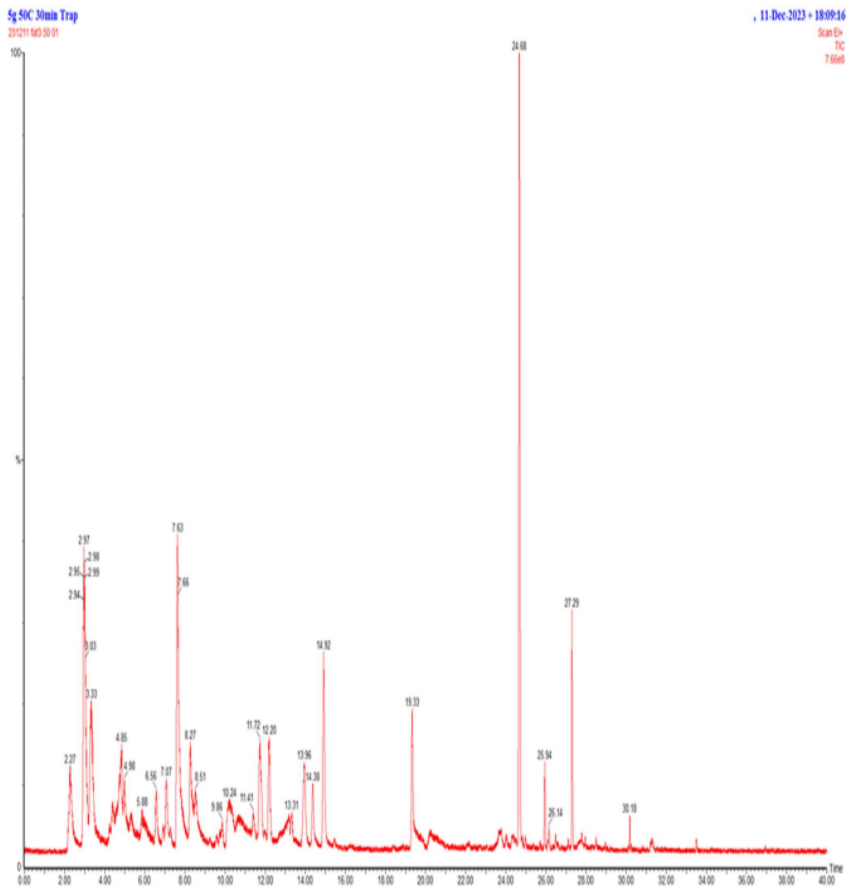


Annexe 3 : Profil chromatographique global du FAC3

### 9.2.3. Profil chromatographique global du FAT3

Dates d'analyses : 11-12 décembre 2023

Quantité d'échantillon : 5.0036g et 5.0021g

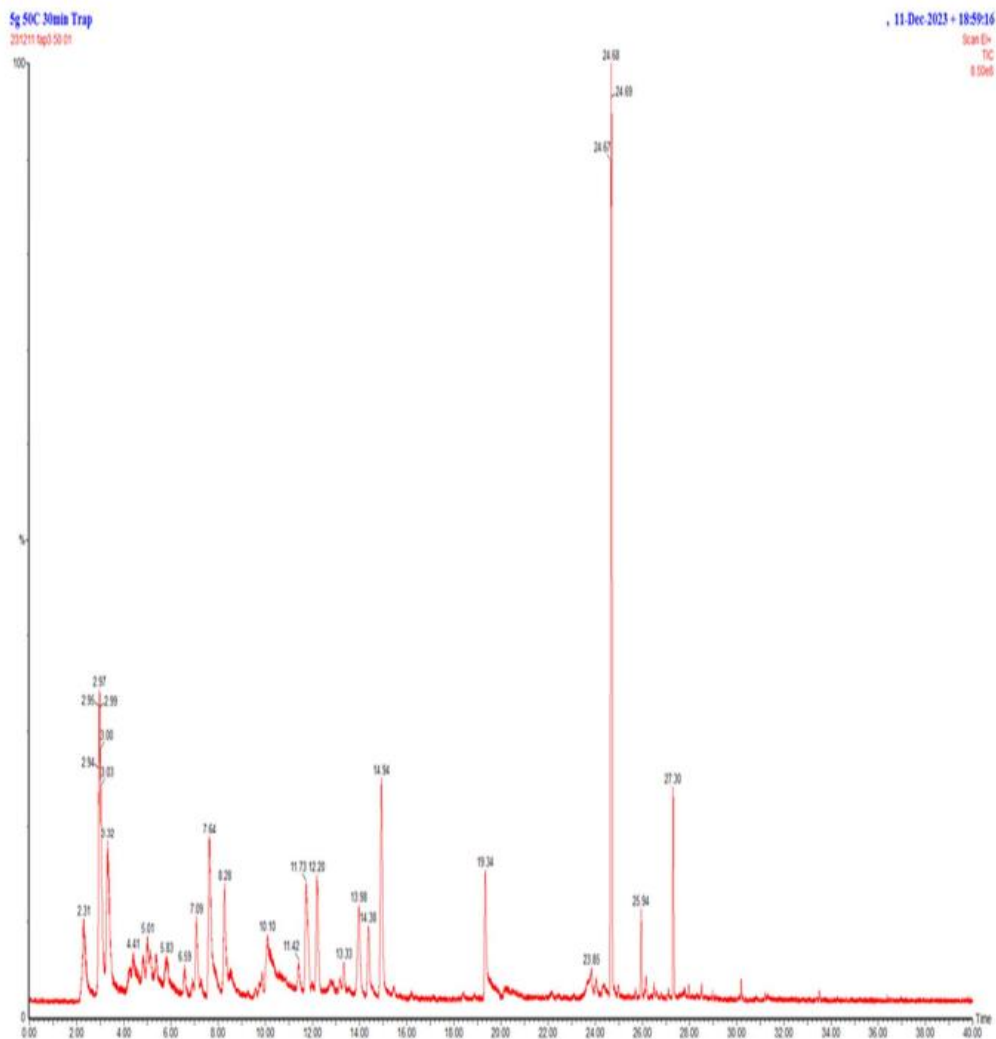


Annexe 4 : Profil chromatographique global du FAT3

### 9.2.4. Profil chromatographique global du FAP3

Dates d'analyses : 11-12 décembre 2023

Quantité d'échantillon : 4.9926g et 4.9912g



Annexe 5 : Profil chromatographique global du FAP3

### 9.3. Résultats de la dégustation en profil flash



	Tranchabilité	Molleux centre	Croute épaisseur	Adhérence croute	Présence intercroute	Couleur (0-blanc 5-jaune)	Homogénéité centre	Puissance odeur	Odeur chèvre	Odeur moisi	Palatabilité	Humidité	Intensité	Intensité gout croute	Intensité gout intérieur	Longueur ensemble	Piquant	Salinité
<b>FAF</b>	3	3	2	2	2	5	3	1	2	2	5	3	2	3	4	3	5	5
A2	4	1	2	2	2	4	0	2	1	0	5	5	4	3	3	4	4	3
A3	5	4	5	0	2	5	4	1	0	5	3	3	1	4	5	2	1	5
A4	5	1	3	5	2	4	2	3	2	4	3	4	4	4	4	4	4	1
A5	5	0	2	4	3	4	1	1	1	2	4	4	1	2	1	3	3	3
A6	4	2	3	1	2	4	1	4	4	1	1	3	3	3	3	4	1	2
A7	5	4	2	1	1	3	2	2	3	2	3	1	2	1	3	4	2	0
A8	3	3	1	5	1	3	1	1	2	1	2	3	2	2	2	2	1	4
<b>FAT</b>	5	1	1	5	1	2	4	1	1	3	1	1	1	1	2	1	2	3
B2	0	4	0	5	0	1	2	0	1	0	1	1	0	1	1	1	1	3
B3	2	5	5	5	0	1	5	2	0	4	2	2	2	4	4	3	0	4
B4	2	4	1	3	2	2	2	2	2	1	2	2	2	2	2	1	2	1
B5	3	4	0	4	1	2	1	1	0	2	1	1	4	2	3	3	4	2
B6	2	3	3	2	0	1	1	2	2	0	3	1	5	1	1	1	0	0
B7	0	1	1	5	0	0	2	2	2	3	1	0	0	1	1	2	0	1
B8	1	3	1	5	1	1	1	2	1	2	4	1	3	1	1	1	2	2
<b>FAC</b>	4	2	3	1	3	4	3	2	3	1	4	4	3	2	5	4	3	3
C2	1	4	3	4	3	4	2	3	3	0	2	1	2	2	2	1	2	3
C3	3	0	0	0	4	4	0	3	5	0	2	2	2	1	2	4	4	2
C4	2	3	2	1	4	4	2	5	4	1	1	2	3	3	3	2	2	2
C5	1	3	3	3	4	2	1	3	2	3	2	3	1	2	3	3	3	2
C6	1	4	4	2	2	4	0	2	0	5	4	0	1	2	2	5	3	3
C7	2	2	2	3	3	2	0	1	0	0	1	3	1	3	3	3	2	2
C8	2	4	3	3	3	2	2	3	1	2	3	2	4	3	3	3	2	3
<b>FAP</b>	2	2	4	3	4	1	2	3	4	1	3	3	4	2	4	5	1	4
D2	2	2	4	2	3	2	3	4	4	0	3	3	5	5	5	5	5	3
D3	0	2	0	0	5	0	2	2	5	0	1	1	5	0	3	5	5	1
D4	1	4	1	1	5	2	5	3	4	1	1	2	2	3	2,5	3	3	1
D5	1	1	4	3	5	1	4	5	4	0	2	3	2	4	4	4	2	2
D6	2	1	1	4	4	1	0	4	2	1	5	2	0	4	5	5	3	3
D7	4	3	4	2	4	1	0	5	5	4	4	3	0	2	2	4	0	0
D8	2	2	2	4	2	1	3	4	3	0	3	2	2	1	1	1	3	2

Annexe 6 : Tableaux des résultats de dégustation concernant l'ensemble des descripteurs pour chaque type de fromage