



HAL
open science

Modèle d'évolution de la protéolyse dans des échantillons de viande de porc en fonction de la température et des teneurs en eau et en sel : Intégration dans un modèle simulant le séchage d'un jambon

Rami Harkouss, Hassan Safa, Cyril Chevarin, Philippe P. Gatellier, André Lebert, Jean-Dominique Daudin, Pierre-Sylvain Mirade

► To cite this version:

Rami Harkouss, Hassan Safa, Cyril Chevarin, Philippe P. Gatellier, André Lebert, et al.. Modèle d'évolution de la protéolyse dans des échantillons de viande de porc en fonction de la température et des teneurs en eau et en sel : Intégration dans un modèle simulant le séchage d'un jambon. 14. Congrès de la Société Française de Génie des Procédés / Congrès de la Société Française de Génie des Procédés, Oct 2013, Lyon, France. 7 p. hal-02749688

HAL Id: hal-02749688

<https://hal.inrae.fr/hal-02749688>

Submitted on 3 Jun 2020

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

Modèle d'évolution de la protéolyse dans des échantillons de viande de porc en fonction de la température et des teneurs en eau et en sel : Intégration dans un modèle simulant le séchage d'un jambon

Harkouss Rami^a, Safa Hassan^a, Chevarin Cyril^a, Gatellier Philippe^a, Lebert André^b, Daudin Jean-Dominique^a et Mirade Pierre-Sylvain^a

^aINRA, UR370 Qualité des Produits Animaux
F-63122 Saint-Genès-Champanelle, France

^bInstitut Pascal, UMR6602 UBP/CNRS/IFMA
24 Avenue des Landais, BP80026, 63171 Aubière Cedex, France

Résumé

Une réduction du taux de sel lors de la fabrication d'un jambon sec affecte la texture et le développement de la flaveur de ce produit transformé. L'objectif de ce travail est d'obtenir un simulateur en 3D qui prédit l'évolution biochimique (protéolyse) ainsi que la distribution des teneurs en sel et en eau, lors des différentes étapes de fabrication d'un jambon sec. Les mesures biochimiques et les traitements statistiques obtenus montrent que la température accélère l'activité des enzymes à l'origine de la protéolyse, alors que le salage et le séchage la freinent ; l'emplacement des muscles dans le volume du jambon a aussi un rôle important sur la dynamique d'évolution de la protéolyse durant le procédé de fabrication. Les premiers résultats du modèle « jambon numérique » montrent une bonne prédiction de la pénétration du sel vers l'intérieur du jambon, de la migration de l'eau vers l'extérieur et de l'indice de protéolyse, dont les valeurs simulées à la fin de l'étape de salage et de repos correspondent à celles mesurées sur des échantillons extraits de jambons de Bayonne.

Mots-clés : jambon sec, modélisation, réduction du sel, transferts, protéolyse

1. Introduction

Du fait de problèmes de santé publique (hypertension, maladies cardiovasculaires...), l'une des problématiques actuelles de l'industrie alimentaire, et notamment des industriels de la charcuterie, est de réduire la quantité du sel, sans altérer la qualité finale du produit transformé.

Lors de la fabrication d'un jambon sec, une réduction du taux de sel se traduit par des problèmes de texture, pouvant nuire ensuite à l'étape de tranchage, et aussi, parfois, par des problèmes de stabilité et de sécurité microbiologiques. Plusieurs études précédentes ont montré que la qualité finale d'un jambon sec était liée à l'activité protéolytique qui, elle-même, dépend fortement de plusieurs facteurs tels le pH, la température et les teneurs en eau et en sel (Arnau *et al.*, 1997 ; Arnau *et al.*, 1998 ; Benedini *et al.*, 2011 ; Gou *et al.*, 2008 ; Ruiz-Ramirez *et al.*, 2005 ; Toldra *et al.*, 2000). Dans ce contexte, le premier volet de ce travail vise à quantifier les évolutions biochimiques (protéolyse) en fonction du temps, de la température, du type de muscle et des teneurs en eau et en sel, au sein d'échantillons de viande de porc, ce qui a nécessité la mise en place de protocoles expérimentaux spécifiques relatifs à la préparation des échantillons et à la quantification de la protéolyse. Le traitement statistique de ces résultats expérimentaux a permis de bâtir des modèles phénoménologiques décrivant l'évolution de la protéolyse pour chaque type de muscle en fonction des facteurs étudiés. Le deuxième volet de ce travail a trait au développement d'un modèle numérique, destiné à coupler ces modèles phénoménologiques avec des modèles de diffusion de sel et d'eau et de transfert de chaleur. L'objectif final est d'obtenir un simulateur numérique, prédisant la dynamique d'évolution de la protéolyse et des transferts de sel et d'eau lors des différentes étapes de fabrication d'un jambon sec (salage, repos, étuvage, séchage et affinage).

2. Méthodes et matériels

2.1 Préparation des échantillons et plan d'expériences (Doehlert)

Une étude expérimentale était indispensable pour établir des lois expérimentales permettant de déterminer un indice de protéolyse en fonction de différents facteurs (température, teneurs en eau et en sel...). Pour ce faire, un protocole expérimental a été établi, permettant de conditionner rapidement en température et en teneurs en eau et en chlorure de sodium, de petits échantillons de viande de porc (Figure 1).

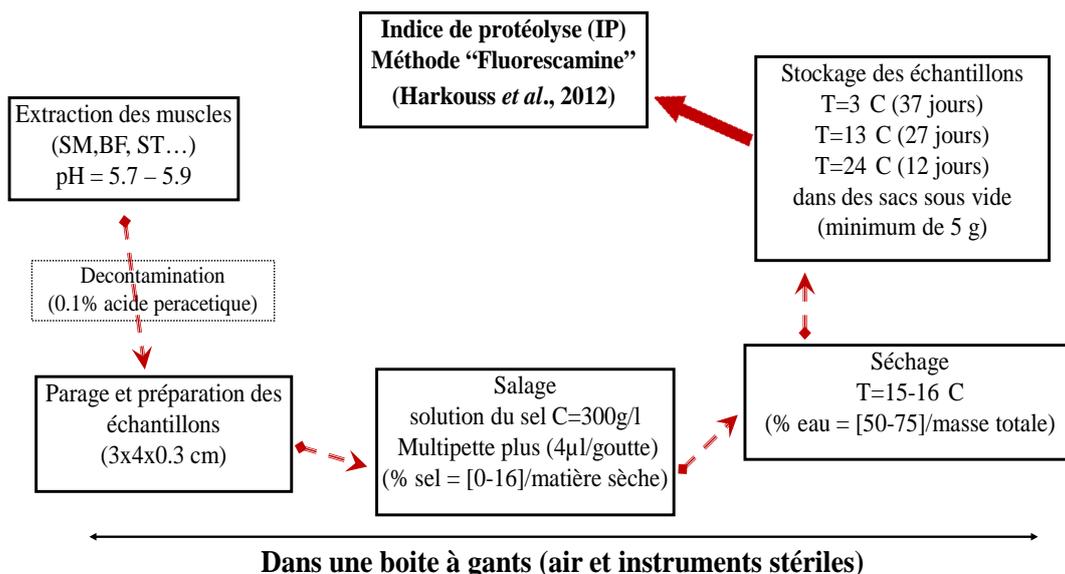


Figure 1. Protocole expérimental de préparation des petits échantillons de viande de porc mis au point au laboratoire (Harkouss et al., 2012).

Cinq types de muscles ont été étudiés : *Semitendinosus* ST, *Semimembranosus* SM, *Biceps femoris* BF, *Rectus femoris* RF et *Gluteus medius* GM. Afin de réduire le nombre d'échantillons à analyser, un plan d'expériences de type surface de réponse (Plan de Doehlert) a été bâti, sur la base de 3 facteurs : température [2-26°C], taux de sel [0-16% matière sèche (MS)] et teneur en eau [50-75% matière totale (MT)]. Le facteur pH n'a pas été étudié ; il a seulement été vérifié que le pH des muscles frais était compris entre 5,6 et 5,9. Le plan de Doehlert à 3 facteurs a imposé d'avoir un des facteurs à trois niveaux (la température), le deuxième à cinq niveaux (la teneur en eau) et le troisième à sept niveaux (le taux de sel). Ce plan a permis de réduire le nombre des essais, de 105 à 13, par muscle. De plus, le centre de ce plan a été répété deux fois, afin de tenir compte de l'effet animal (variabilité biologique). Au total, 15 cinétiques de 10 points répétés 4 fois ont été obtenues pour chaque muscle, sauf pour le muscle GM où seuls 5 points par cinétique, répétés 4 fois, ont pu être réalisés.

2.2 Dosage de l'indice de protéolyse par la méthode de fluorescamine

Un nouvel indice quantifiant la protéolyse au sein de ces échantillons, égal au rapport de la concentration en acides aminés et peptides libres sur la concentration en protéines totales, a été défini au laboratoire (Figure 2) et récemment publié (Harkouss et al., 2012). Cette méthode utilisant une technique de dosage par fluorescence présente l'avantage d'être rapide, peu coûteuse en quantité de viande et d'être très sensible, du fait de la détection par fluorescence.

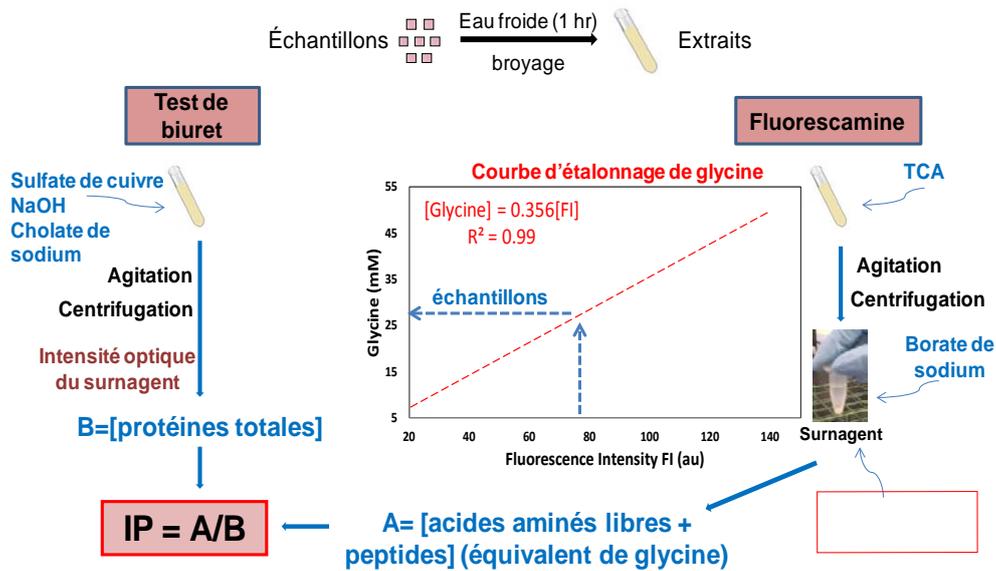


Figure 2. Nouveau protocole de détermination de l'indice de protéolyse mis au point au laboratoire (Harkouss et al., 2012).

2.3 Analyses statistiques

Les analyses statistiques ont été effectuées à l'aide de la version "2.12.11" du logiciel R. Une analyse de variance (ANOVA) et une régression linéaire multiple ont été réalisées, afin de concevoir un modèle d'évolution protéolytique en fonction de la température et des teneurs en chlorure de sodium et en eau, pour chaque muscle étudié.

2.4 Modélisation sous COMSOL Multiphysics

Sur la base de 181 images de tomographie X, une géométrie de jambon complet, mais ne différenciant pas les muscles, a été bâtie à l'aide du logiciel Mimics, suite à une segmentation de ces images. Cette géométrie de jambon 3D a ensuite été maillée avec environ 111000 éléments tétraédriques, de taille comprise entre 5 et 10 mm, avant d'être importée dans le logiciel Comsol Multiphysics (Figure 3.a).

Dans le modèle numérique sous Comsol, ont été introduites les lois de Fourier et de Fick, pour modéliser le transfert de chaleur et la diffusion de l'eau et du sel, ainsi qu'une loi d'évolution de la protéolyse statistiquement déterminée.

Le modèle de transfert de chaleur suivait l'équation de Fourier :

$$\rho \cdot C_p \cdot \frac{\Delta T}{\Delta t} - k \cdot \Delta^2 T = 0 \quad (1)$$

où ρ : masse volumique du jambon (kg/m^3), C_p : Capacité calorifique massique ($\text{J.kg}^{-1}.\text{K}^{-1}$) et k : conductivité thermique du jambon ($\text{W.m}^{-1}.\text{K}^{-1}$) ; la température initiale du jambon était de 3°C .

Les modèles de diffusion de sel et de l'eau suivaient l'équation de Fick :

$$\frac{\Delta C}{\Delta t} - D \cdot \Delta^2 C = 0 \quad (2)$$

où C : teneur en sel (ou en eau) ; D : coefficient de diffusion du sel (ou de l'eau) dans le jambon (m^2/s) ; la teneur en sel initiale a été prise égale à 0% MT (début salage) et celle en eau, égale à 75% MT (viande fraîche).

Un premier calcul, simulant une phase à basse température (3°C) d'une durée de 70 jours, correspondant à une étape de salage par apport limité de 15 jours suivie d'une étape de repos de 55 jours, a été réalisé. Pour cela, des conditions limites ont été imposées dans le modèle « jambon numérique » (Figure 3.b).

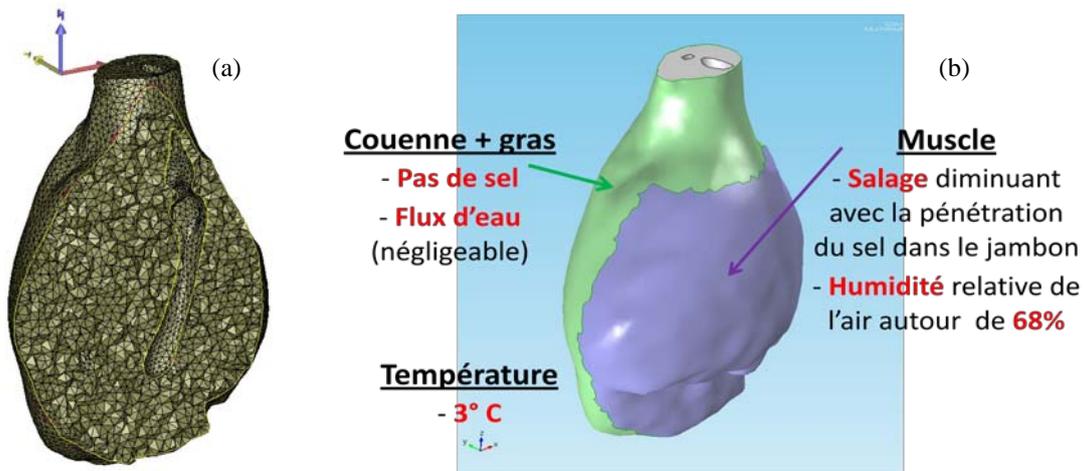


Figure 3 : (a) Maillage volumique du jambon et (b) Conditions limites correspondant à la méthode de salage par apport limité.

3. Résultats

3.1 Protéolyse

Les mesures biochimiques à 13°C ont permis, d'une part, de montrer l'effet du séchage, et d'autre part, de visualiser l'effet du salage sur les évolutions protéolytiques (Figure 4).

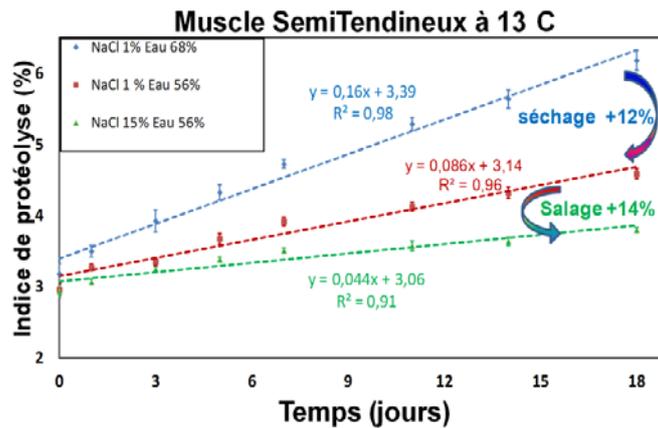


Figure 4. Cinétique de protéolyse mesurée à 13°C dans un muscle Semi-tendineux de porc

Les courbes bleue et rouge permettent de montrer l'effet du séchage (teneurs en eau de 68% et 56% MT, respectivement, et salage à 1% MS) et les courbes rouge et verte montrent l'effet du salage (teneur en sel de 1% et 15% MS, respectivement, et séchage à 56% MT) sur l'activité des enzymes protéolytiques dans le muscle ST. L'analyse de ces droites montre que le séchage exerce un effet inhibiteur sur l'activité de ces enzymes, ainsi que le salage, qui est une étape importante dans le procédé de fabrication du jambon sec, ce qui conduit à freiner la protéolyse. D'une manière générale, les résultats expérimentaux obtenus ont montré que les évolutions protéolytiques des muscles de porc étaient (1) fortement accélérées par l'augmentation de la température, (2) retardées par la réduction de la teneur en eau due au séchage, et (3) efficacement inhibées par l'ajout d'une forte quantité de chlorure de sodium.

3.2 Traitements statistiques

La figure 4 montre que les cinétiques de protéolyse peuvent être représentées par des droites et donc caractérisées par une valeur de pente. Les pentes de l'ensemble des cinétiques de protéolyse des 5 muscles correspondant au plan d'expériences de Doehlert varient entre 0,02 et 0,35. Celles des cinétiques répétées (centre du plan) sont très proches, ce qui tendrait à démontrer qu'il n'y a pas d'effet

inter-animal très marqué. Les analyses statistiques des mesures de cinétique de protéolyse ont donc été effectuées sur les valeurs de pentes obtenues. Le traitement statistique a révélé que la température avait un effet hautement significatif, que la teneur en sel avait un effet très significatif et que la teneur en eau avait un effet significatif sur l'évolution de la protéolyse. Un modèle d'évolution protéolytique (fonction $Pente\ IP=f(T, X_{sel}, X_{eau})$, permettant de tracer des surfaces de réponse, a été construit pour chacun des 5 muscles étudiés, au moyen de la régression linéaire multiple. Un comportement similaire des muscles ST, SM, BF et RF a été mis en évidence, à la différence du muscle GM qui a son propre comportement. Le modèle d'évolution protéolytique du muscle ST construit correspond à l'équation (3), dont un exemple de surface de réponse de la vitesse de la protéolyse en fonction de la température et de la teneur en eau est tracé sur la figure 5 :

$$Pente\ (IP) = 2,5 \cdot 10^{-4} - 2,198 \cdot 10^{-2} T + 1,356 \cdot 10^{-2} S + 4,2 \cdot 10^{-4} E + 5,6 \cdot 10^{-4} T^2 + 9 \cdot 10^{-5} S^2 + 1,35 \cdot 10^{-5} E^2 - 1,162 \cdot 10^{-3} T \cdot S + 3,735 \cdot 10^{-4} T \cdot E - 8,0 \cdot 10^{-5} S \cdot E \quad (3)$$

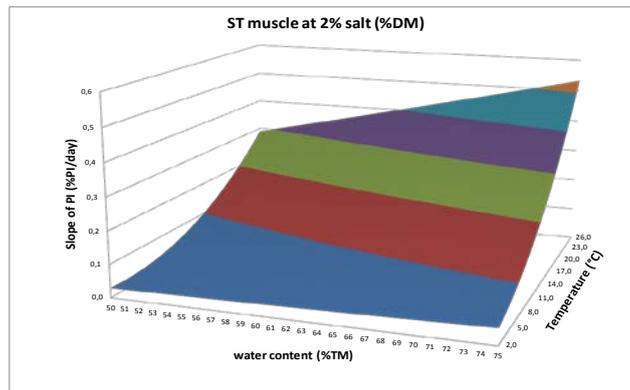


Figure 5. Surface de réponse de la vitesse de protéolyse dans un muscle ST de porc salé à 2% MS.

3.3 Modélisation sous Comsol Multiphysics

Les premiers résultats de la simulation après salage, *i.e.* au bout de 15 jours, montrent que la pénétration du sel n'a eu lieu que sur les quelques premiers centimètres où la concentration en sel atteint 16 à 18% MT, tandis que la concentration du sel au milieu et à l'intérieur du jambon est très faible, voire quasiment nulle. Après repos, au bout de 70 jours, le sel a pu diffuser vers l'intérieur, conduisant à une distribution plus homogène. La teneur en sel a diminué, de façon claire, à la surface (7-8% MT) et, par conséquent, a augmenté à l'intérieur du jambon pour atteindre 4-5% (MT) (Figure 6). La teneur en sel moyenne après les 15 jours de salage est proche de 4% (MT), soit une prise de 408 g de sel pour un jambon de 10 kg, ce qui est en accord avec la pratique industrielle.

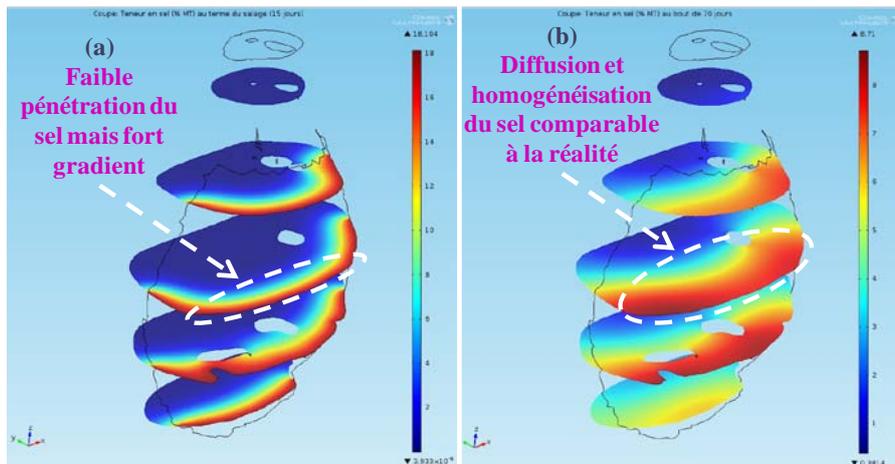


Figure 6. Pénétration du sel dans un jambon sec simulée sous Comsol après (a) 15 et (b) 70 jours de procédé.

La figure 7 montre la distribution spatiale des concentrations en eau et en sel, ainsi que l'état d'avancement de la protéolyse, à l'intérieur du jambon au bout de 70 jours. Cette figure met clairement en évidence des hétérogénéités dans la distribution de ces variables. Ces résultats indiquent que la faible teneur en sel (1-2% MT) et la teneur en eau élevée (70% MT) prédites à l'intérieur du jambon favorisent la protéolyse, où l'IP atteint environ 10%. Par contre, une teneur en sel plus élevée (6-8% MT) et une teneur en eau plus faible (65% MT) freinent l'évolution protéolytique, comme à la surface du jambon où les muscles exposés à l'air sèchent plus vite que ceux situés à l'intérieur, qui sont eux protégés par les muscles de surface ou par la graisse et la couenne ; dans ces zones, l'indice de protéolyse ne dépasse pas 3 à 4%, soit une valeur 2 à 3 fois plus faibles que celles prédites à l'intérieur. Toutefois, ces valeurs calculées d'indice de protéolyse sont en accord avec celles mesurées sur des échantillons de jambons de Bayonne prélevés à la fin de la phase de repos.

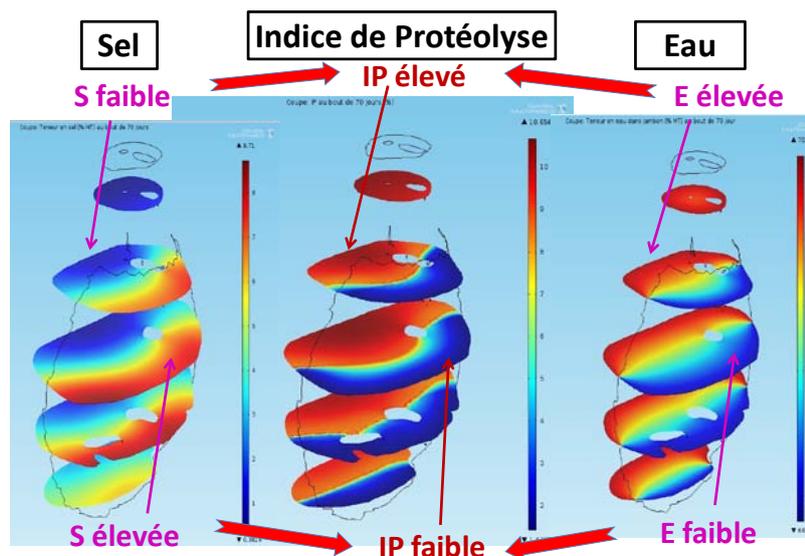


Figure 7. Distribution des teneurs en sel (à gauche), en eau (à droite) et de l'indice de protéolyse (au centre) simulée sous Comsol Multiphysics, au moyen d'un modèle de jambon « numérique » couplant lois de transferts et lois d'évolution de la protéolyse

4 Conclusions et perspectives

Les mesures biochimiques ont bien montré une forte relation entre la protéolyse et les facteurs étudiés. La température élevée favorise fortement les activités enzymatiques alors qu'un salage et un séchage élevés les freinent. A la différence de la littérature portant sur le jambon sec, les traitements statistiques ont montré un comportement proche des muscles BF et SM, dans le cas d'un traitement individuel, c'est-à-dire hors du jambon ; ceci met en évidence l'importance de la position géométrique des muscles dans le jambon (SM à la surface et BF à l'intérieur), qui a pour conséquence d'affecter leur évolution protéolytique, du fait de dynamiques de transferts de sel et d'eau différentes. Les premiers résultats du modèle « jambon numérique » ont montré une bonne prédiction de la distribution des teneurs en sel et en eau, un calcul d'indice de protéolyse comparable aux mesures expérimentales sur des jambons industriels et en accord avec les résultats biochimiques déjà obtenus.

Le développement du modèle numérique couplant les transferts d'eau et de sel avec les modèles d'évolution de la protéolyse déterminés sera poursuivi et amélioré, de par l'introduction d'une fonction permettant aussi de prédire l'évolution de l' a_w et de par la prise en compte, si possible, de la géométrie des différentes masses musculaires constituant le jambon, ainsi que de la rétractation du produit au cours du séchage. Le modèle complet permettra de prédire l'évolution temporelle et spatiale des teneurs en eau et en sel, de l' a_w et de l'état d'avancement de la protéolyse à l'intérieur d'un jambon, tout au long des différentes étapes du procédé de fabrication (salage, repos, étuvage, séchage, affinage). Il pourra ensuite être utilisé pour tester de nombreux scénarios technologiques de réduction de la teneur en sel.

Remerciements

Ce travail a été financé par l'Agence Nationale de la Recherche dans le cadre du projet ANR-09-ALIA-013-01 « Na- ».

Références

- Arnau, J., L. Guerrero et P. Gou, 1997, Effects of temperature during the last month of ageing and of salting time on dry-cured ham aged for six months. *J. Food Sci. Agr.*, 74, 193–198.
- Arnau, J., L. Guerrero et C. Sarraga, 1998, The effect of green ham pH and NaCl concentration on cathepsin activities and sensory characteristics of dry-cured ham. *J. Food Sci. Agr.*, 77, 387–392.
- Ruiz-Ramirez, J., J. Arnau, X. Serra et P. Gou, 2006, Effect of pH24, NaCl content and proteolysis index on the relationship between water content and texture parameters in biceps femoris and semimembranosus muscles in dry-cured ham. *Meat Sci.*, 72, 185–194.
- Benedini, R., G. Parolari, T. Toscani et R. Virgili, 2012, Sensory and texture properties of Italian typical dry-cured hams as related to maturation time and salt content. *Meat Sci.*, 90, 431–437.
- Gou, P., R. Morales, X. Serra, M.D. Guardia et J. Arnau, 2008, Effect of a 10-day ageing at 30 °C on the texture of dry-cured hams processed at temperatures up to 18 °C in relation to raw meat pH and salting time. *Meat Sci.*, 80, 1333–1339.
- Toldra, F., M. Aristoy et M. Flores, 2000, Contribution of muscle aminopeptidases to flavor development in dry-cured ham. *Food Res. Int.*, 33, 181-185
- Harkouss, R., P.S. Mirade et P. Gatellier, 2012, Development of a rapid, specific and efficient procedure for the determination of proteolytic activity in dry-cured ham: Definition of a new proteolysis index. *Meat Sci.*, 92, 84–88.

Time-course evolution of proteolysis in pork meat samples as a function of temperature and salt and water contents: integration in a model simulating dry-cured ham manufacture

Harkouss Rami^a, Safa Hassan^a, Chevarin Cyril^a, Gatellier Philippe^a, Lebert André^b, Daudin Jean-Dominique^a and Mirade Pierre-Sylvain^a

^aINRA, UR370 Qualité des Produits Animaux
F-63122 Saint-Genès-Champanelle, France

^bInstitut Pascal, UMR6602 UBP/CNRS/IFMA
24 Avenue des Landais, BP80026, 63171 Aubière Cedex, France

Abstract

During dry-cured ham manufacture, salt reduction affects texture and flavor development of the final product. This work aims at obtaining a 3D numerical model which predicts the biochemical evolution (proteolysis) as well as the distribution of salt and water contents during the different stages of dry-cured ham process. Biochemical measurements and statistical analyses show that temperature accelerates proteolytic enzymes activity, while salting and drying slow it down; the position of muscles inside the entire ham also has an important role on the dynamics of proteolysis evolution during curing and drying. The first results of the "Numerical ham" show a good prediction of salt penetration in the ham, water migration from the inside and proteolysis index. The calculated values of these variables at the end of salting and post-salting stages correspond to those measured on samples extracted from Bayonne dry-cured hams.

Keywords: Dry-cured ham, simulation, salt reduction, transfer models, proteolysis