

19



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 945 649**

51 Int. Cl.:

G01N 21/31 (2006.01)
G01N 21/65 (2006.01)
G01J 3/02 (2006.01)
G01J 3/28 (2006.01)
A23K 10/00 (2006.01)
A23K 20/158 (2006.01)
A23K 20/20 (2006.01)
G01N 21/01 (2006.01)
G01N 21/359 (2014.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

- 86 Fecha de presentación y número de la solicitud internacional: **22.01.2021** **PCT/EP2021/051459**
- 87 Fecha y número de publicación internacional: **29.07.2021** **WO21148606**
- 96 Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **22.01.2021** **E 21700973 (7)**
- 97 Fecha y número de publicación de la concesión europea: **08.03.2023** **EP 3999835**

54 Título: **Método y sistema para evaluar espectros de sustancias biológicas de origen animal, origen vegetal o una mezcla de las mismas**

30 Prioridad:

22.01.2020 EP 20153031

45 Fecha de publicación y mención en BOPI de la traducción de la patente:
05.07.2023

73 Titular/es:

EVONIK OPERATIONS GMBH (100.0%)
Rellinghauser Straße 1-11
45128 Essen, DE

72 Inventor/es:

REIMANN, INGOLF;
JÄGER, ANSGAR;
REISING, JOACHIM;
STIER, ANDREA y
LOTZ, ANNE

74 Agente/Representante:

LEHMANN NOVO, María Isabel

ES 2 945 649 T3

Aviso: En el plazo de nueve meses a contar desde la fecha de publicación en el Boletín Europeo de Patentes, de la mención de concesión de la patente europea, cualquier persona podrá oponerse ante la Oficina Europea de Patentes a la patente concedida. La oposición deberá formularse por escrito y estar motivada; sólo se considerará como formulada una vez que se haya realizado el pago de la tasa de oposición (art. 99.1 del Convenio sobre Concesión de Patentes Europeas).

DESCRIPCIÓN

Método y sistema para evaluar espectros de sustancias biológicas de origen animal, origen vegetal o una mezcla de las mismas

La presente invención se refiere al campo de la espectrometría, y se refiere a un método para evaluar espectros de sustancias biológicas de origen animal, origen vegetal, o una mezcla, y a un sistema para evaluar tales espectros.

La espectrometría es una herramienta muy útil para obtener información relevante sobre materiales de muestra. En particular, la espectrometría, tal como la espectrometría infrarroja, en combinación con la quimiometría y las funciones de calibración o los gráficos de calibración, pueden proporcionar información sobre la base de predicciones y aproximaciones, que de otro modo sólo es accesible a través de análisis cuantitativos clásicos, que son muy costosos y consumen mucho tiempo. Sin embargo, el personal no entrenado y sin experiencia está luchando con la predicción quimiométrica de parámetros por medio de la espectrometría. Esto también se aplica a la realización de la predicción de parámetros mediante espectrometría y la evaluación o interpretación de la información así obtenida. Estos problemas son aún más fuertes cuando se trata de espectros de una sustancia biológica de origen animal, de origen vegetal, o una mezcla de las mismas.

El documento US 2015/021478 A1 da a conocer un aparato de medida del contenido de azúcar no destructivo que incluye una porción de sensor de medida que incluye un sensor espectral que recibe un rayo de infrarrojo cercano de la luz que es reflejada por la pulpa FB de la fruta F de la cual se mide el contenido de azúcar, una fuente de luz LED que tiene LED dispuestos circularmente, un sensor óptico que recibe la luz reflejada por la pulpa de una fruta F, y un sensor de temperatura; una carcasa que incluye una porción de sensor de medida y tiene una porción de panel que tiene una pantalla digital para mostrar un valor Brix como valor digital e interruptores operacionales, estando montada la porción de panel y los interruptores operacionales en una cara frontal de la misma; una placa de circuito principal PB que incluye una Unidad Central de Procesamiento (CPU) que está incrustada en la carcasa y procesa las señales eléctricas del sensor de luz y realiza un cálculo y una determinación. El modelo de utilidad chino CN 208420696 U da a conocer un sistema en línea para el grado de sarna de infección de trigo, específicamente la detección de micotoxina, basado en espectrometría de infrarrojo cercano. Por lo tanto, el uso práctico de este sistema es extremadamente limitado.

Por lo tanto, existía la necesidad de un método adecuado para el personal no entrenado para que hiciera predicciones de parámetros de interés a partir de espectros, y para que evaluara espectros. Según la presente invención, este problema se resuelve por cuanto los espectros de los materiales de muestra se registran en espectrómetros, al menos un valor de parámetro se predice a partir de dichos espectros por medio de al menos una función de calibración y/o un gráfico de calibración adecuado para predecir el parámetro respectivo, y el resultado así obtenido se visualiza en un dispositivo de entrada/salida.

Por lo tanto, es un objeto de la presente invención un método para evaluar espectros de una sustancia biológica de origen animal, origen vegetal, o una mezcla de las mismas, que comprende las etapas de

a) detectar un espectrómetro en una red formada por al menos un espectrómetro y un dispositivo de entrada/salida,

b) solicitar el estado individual de cada espectrómetro en la red de la etapa a), y mostrar los espectrómetros detectados y su estado en el dispositivo de entrada/salida, en el que el estado refleja si un espectrómetro está disponible para registrar un espectro o no,

c) recibir una selección de los espectrómetros disponibles para registrar un espectro en el dispositivo de entrada/salida,

d) registrar un espectro de un material de muestra de origen animal, origen vegetal, o una mezcla de las mismas en el espectrómetro seleccionado en la etapa c), en el que la etapa d) comprende además las etapas de

d1) predecir la identidad del material de muestra de la etapa d) a partir del espectro registrado en la etapa d) mediante un análisis de similitud usando una base de datos DB1 de espectros de materiales conocidos,

d2a) mostrar la identidad predicha del material de muestra obtenido en la etapa d1) en el dispositivo de entrada/salida, y

d2b) recibir i) la confirmación de la identidad predicha mostrada en la etapa d2a), o ii) la no confirmación de la identidad predicha mostrada en la etapa d2a) y la entrada de la identidad del material de muestra en el dispositivo de entrada/salida,

e) predecir un valor para al menos un parámetro del espectro de la etapa d) por medio de al menos una función de calibración y/o gráfico de calibración adecuado para predecir el valor de dicho parámetro, en el que el al menos un parámetro se selecciona del grupo que consiste en el contenido de al menos un aminoácido, el contenido de proteína bruta, el contenido de amoníaco, el contenido de aminoácidos totales con amoníaco, el contenido de aminoácidos totales sin amoníaco, el contenido de grasa bruta, el contenido de materia seca, el contenido de cenizas brutas, el contenido de energía, el contenido de al menos una amina biogénica, el contenido de al menos un factor antinutricional, en el que el al menos un factor antinutricional es un inhibidor de tripsina, un glucosinolato, un gossipol, y/o cualquier derivado y/o sales de los mismos, el contenido de al menos un azúcar, el contenido de almidón, el contenido de fibra cruda, el contenido de fibra detergente neutro, el contenido de fibra detergente ácida, el contenido de fósforo total, el contenido de fósforo en forma de fitato, el contenido de lisina reactiva, el contenido de lisina total, la relación entre el contenido de lisina reactiva y el contenido de lisina total, el índice de dispersabilidad de la proteína, la solubilidad de la proteína, la actividad inhibidora de la tripsina, la actividad de la ureasa, y el indicador de condiciones de procedimiento (PCI),

y

f) mostrar el resultado de la predicción de la etapa e) en el dispositivo de entrada/salida.

En principio, el método según la presente invención no está sujeto a ninguna limitación con respecto a un espectrómetro específico. Por lo tanto, en el método según la presente invención se puede usar cualquier tipo imaginable de espectrómetro, por ejemplo un espectrómetro infrarrojo, un espectrómetro Raman, un espectrómetro UV-Vis, o incluso una combinación de dichos espectrómetros, siempre que sea adecuado para registrar espectros del material de muestra sometido al método. También es posible usar un espectrómetro infrarrojo y un espectrómetro Raman y un espectrómetro UV-Vis en combinación, lo que brinda al usuario la más amplia gama de aplicaciones para todos los materiales de muestra posibles que son adecuados para la espectrometría en general. No obstante, se prefiere que el espectrómetro del método según la presente invención sea un espectrómetro de infrarrojos, en particular un espectrómetro de infrarrojo cercano (NIR), debido a su amplio intervalo de posibles aplicaciones. En ese caso, los espectros infrarrojos, en particular los espectros de infrarrojo cercano, se evalúan con el método según la presente invención.

Dependiendo del espectrómetro usado, el espectro de infrarrojo cercano (NIR) de la etapa d) se puede registrar en longitudes de onda entre 400 y 2.500 nm con cualquier espectrómetro infrarrojo adecuado que funcione con el principio de monocromador o con el principio de transformada de Fourier. Preferiblemente, los espectros de NIR se registran entre 1.000 y 2.500 nm. Las longitudes de onda se convierten fácilmente en los números de onda respectivos, y por lo tanto, los espectros de NIR, por supuesto, también se pueden registrar en los números de onda correspondientes. Cuando el material de muestra de la etapa d) no es translúcido, se mide la reflectancia de la luz emitida por la muestra, y la diferencia entre la luz emitida y la luz reflejada se da como absorción. Por lo tanto, el espectrómetro NIR puede funcionar tanto en modo de transmisión como en modo de reflectancia.

Se prefiere además que los espectrómetros en el método según la presente invención sean espectrómetros portátiles, por ejemplo un espectrómetro infrarrojo portátil, tal como un espectrómetro NIR portátil, por ejemplo un espectrómetro infrarrojo portátil, que da al usuario la opción de realizar el método según la presente invención en cualquier lugar de interés imaginable.

En principio, el dispositivo de entrada/salida del método según la presente invención no está sujeto a ninguna limitación, y por lo tanto puede ser cualquier dispositivo de entrada/salida concebible que pueda recibir entrada de un usuario, un espectrómetro, o un dispositivo en la periferia del sistema, y mostrar cualquier resultado concebible como salida. Por ejemplo, el dispositivo de entrada/salida puede ser una computadora, tal como una computadora de mesa, una computadora en red, un cliente ligero, o una computadora portátil, por ejemplo una computadora portátil o portátil, una tableta, o un teléfono inteligente. No obstante, se prefiere que el dispositivo de entrada/salida sea un dispositivo portátil de entrada/salida, por ejemplo una computadora portátil, una tableta o un teléfono inteligente, preferiblemente una tableta o un teléfono inteligente, que brinde al usuario la opción de llevar a cabo el método según la presente invención en cualquier lugar de interés imaginable.

Por lo tanto, el método según la presente invención es preferiblemente un método implementado por computadora.

Por lo tanto, también se prefiere que el espectrómetro sea un espectrómetro portátil, y que el dispositivo de entrada/salida sea un dispositivo portátil. Se prefiere además que cada espectrómetro en la etapa a) sea un espectrómetro portátil, y el dispositivo de entrada/salida sea un dispositivo portátil.

El método según la presente invención no está sujeto a ninguna limitación en cuanto al número de espectrómetros en la red formada con un dispositivo de entrada/salida de la etapa a). Por lo tanto, el número de espectrómetros queda a discreción del usuario, y puede oscilar de 1 a cualquier número imaginable de espectrómetros, por ejemplo de 1 a 100, de 1 a 90, de 1 a 80, de 1 a 70, de 1 a 60, de 1 a 50, de 1 a 40, de 1 a 30, de 1 a 20, o de 1 a 10. Desde el punto de

vista administrativo y logístico, el número de espectrómetros se mantiene en un número razonable, preferiblemente entre 1 y 10.

- Según la presente invención, el al menos un parámetro determinado en la etapa e) del método se selecciona del grupo que consiste en el contenido de al menos un aminoácido, es decir, uno o más aminoácidos, el contenido de proteína cruda, el contenido de amoníaco, el contenido de los aminoácidos totales con amoníaco, el contenido de los aminoácidos totales sin amoníaco, el contenido de grasa bruta, el contenido de materia seca, el contenido de ceniza bruta, el contenido de energía, el contenido de al menos una amina biogénica, es decir, una o más aminas biogénicas, el contenido de al menos un factor antinutricional, el contenido de al menos un azúcar, el contenido de almidón, el contenido de fibra bruta, el contenido de fibra detergente neutra, el contenido de fibra detergente ácida, el contenido de fósforo total, el contenido de fósforo en forma de fitato, el contenido de lisina reactiva, el contenido de lisina total, la relación entre el contenido de lisina reactiva y el contenido de lisina total, el índice de dispersabilidad de la proteína, la solubilidad de la proteína, la actividad inhibidora de la tripsina, la actividad de la ureasa, y el indicador de condiciones de procedimiento (PCI).
- El al menos un aminoácido, es decir, uno o más aminoácidos, es preferiblemente al menos un aminoácido esencial y/o al menos un aminoácido no esencial. El al menos un aminoácido esencial se selecciona del grupo formado por metionina, cisteína, cistina, la suma de metionina y cistina, lisina, arginina, isoleucina, treonina, triptófano, leucina, valina, histidina, fenilalanina, y/o cualquier derivado y/o sal de los mismos. La suma de metionina y cistina es sinónimo de la suma del contenido de metionina y el contenido de cistina en la muestra. El al menos un aminoácido no esencial se selecciona del grupo que consiste en glicina, serina, alanina, ácido aspártico, ácido glutámico, prolina, y/o cualquier derivado y/o sal de los mismos. Preferiblemente, el al menos un aminoácido comprende todos los aminoácidos esenciales mencionados y/o todos los aminoácidos no esenciales mencionados.
- En el contexto de la presente invención, la expresión contenido de amoníaco se refiere en particular al contenido de amoníaco libre, es decir, amoníaco que no está unido ni coordinado, que se encuentra en las muestras después de su preparación. La presencia de dicho amoníaco puede tener diferentes motivos. Por ejemplo, puede resultar de la hidrólisis de la urea, o puede resultar de la adición de un compuesto de amonio al material que se somete al método.
- En el contexto de la presente invención, la expresión el contenido de los aminoácidos totales con amoníaco se usa para indicar la suma del contenido de todos los aminoácidos en la muestra de material menos el contenido de amoníaco en la muestra de material, es decir, la diferencia entre el contenido de todos los aminoácidos y el contenido de amoníaco en la muestra de material.
- En el contexto de la presente invención, la expresión el contenido de los aminoácidos totales con amoníaco se usa para indicar la suma del contenido de todos los aminoácidos en la muestra de material más el contenido de amoníaco en la muestra de material, es decir, la suma del contenido de todos los aminoácidos en la muestra de material y el contenido de amoníaco en la muestra de material.
- Por lo tanto, la determinación y predicción del contenido de los aminoácidos totales con o sin amoníaco implica siempre la determinación o predicción del contenido de aminoácidos totales en la muestra de material y la determinación o predicción del contenido de amoníaco en dicha muestra de material. Dependiendo de los materiales individuales que se sometan al método según la presente invención, un alto contenido de amoníaco puede ser indicativo de un producto falsificado. Por ejemplo, si se mezclara un pienso o una materia prima de pienso con urea, aumentaría el valor del contenido de proteína bruta, cuya determinación se basa en la determinación del nitrógeno. Por ejemplo, las sojas o los productos de soja suelen tener un bajo contenido de amoníaco, y por tanto, un valor alto para el contenido de amoníaco indicaría un producto manipulado o falsificado. Por otro lado, el trigo típicamente tiene un alto contenido de glutamina, que durante los procedimientos típicos para su determinación se transforma en ácido glutámico con liberación de amoníaco al mismo tiempo. Aquí, un alto contenido de amoníaco no es motivo de preocupación.
- En el contexto de la presente invención, la expresión proteína bruta se usa como es conocido por la persona experta en la técnica de alimentación animal. Por lo general, considera todas las fuentes de nitrógeno.
- En el contexto de la presente invención, la expresión grasa bruta se usa como es conocido por la persona experta en la técnica de alimentación animal, y se refiere a la mezcla bruta de material liposoluble presente en una muestra. La grasa bruta, también conocida como extracto de éter o contenido de lípidos libres, es la medida tradicional de grasa en piensos o productos de piensos.
- En el contexto de la presente invención, la expresión materia seca, a menudo también denominada peso seco, se usa como es conocido por la persona experta en la técnica de alimentación animal, y denota una medida de la masa de algo cuando está completamente seco. La materia seca del material vegetal y animal consiste en todos sus constituyentes excepto el agua.
- En el contexto de la presente invención, la expresión ceniza bruta se usa como es conocido por la persona experta en la técnica de alimentación animal, y denota el contenido de materiales inorgánicos, tales como minerales, en los piensos.

El contenido energético es preferentemente la energía bruta (GE), la energía metabolizable aparente (AME), en particular la energía metabolizable aparente corregida a cero retención de nitrógeno (AMEn), la energía digerible (DE), en particular la energía digerible para cerdas (DE_S) y/o cerdos en crecimiento (DE_GP), la energía metabolizable (ME), en particular la energía metabolizable para cerdas (ME_S) y/o cerdos en crecimiento (ME_GP), y/o la energía neta (NE), en particular la energía neta para cerdas (NE_S) y/o cerdos en crecimiento (NE_GP).

En el contexto de la presente invención, la expresión energía bruta (GE), a menudo también denominada calor de combustión, se usa como se conoce por el experto en la técnica de alimentación animal, y denota la energía liberada al quemar una muestra de pienso en exceso de oxígeno en un calorímetro de bomba adiabática. En el contexto de la presente invención, la energía bruta de un pienso y/o un pienso procesado se mide por lo tanto preferiblemente en un calorímetro de bomba adiabática. La cantidad de energía bruta depende exclusivamente de la composición química del pienso, pero la composición química no puede predecir la eficiencia de transformación energética. La energía bruta como tal no tiene en cuenta ninguna pérdida de energía durante la ingestión, digestión y metabolismo del pienso. De hecho, 1 kg de almidón tiene alrededor del mismo valor energético bruto que 1 kg de paja, aunque la mayor parte de la energía de la paja no puede ser usada por cerdos o aves debido a la falta de enzimas digestivas. La energía bruta (GE) se puede determinar de la siguiente manera:

$$GE \text{ [MJ/kg DM]} = (4143 + 56 \times EE \text{ [\%]}) + (15 \times CP \text{ [\%]}) - (44 \times CENIZA \text{ [\%]}) \times 0,0041868,$$

con

DM = materia seca,

EE = extracto de éter,

CP = proteína bruta,

ASH = ceniza bruta.

En el contexto de la presente invención, la expresión energía digerible (DE) se usa como se conoce por el experto en la técnica de alimentación animal, y denota la energía bruta del pienso menos la energía bruta de las heces, es decir, la diferencia entre la energía bruta del pienso y la energía bruta de las heces. Este sistema de energía tiene en cuenta la digestibilidad del pienso, y proporciona una medida útil de la energía que el animal puede usar. La ventaja de la energía digerible es que es fácil de determinar. Sin embargo, la desventaja es que no tiene en cuenta las pérdidas de energía en la orina, y como gases combustibles y durante el metabolismo. Estas pérdidas varían entre los piensos.

La energía digerible para cerdos en crecimiento (DE_GP) se puede determinar de la siguiente manera:

$$DE_GP \text{ [MJ/kg DM]} = (4168 - (91 \times CENIZA \text{ [\% DM]}) + (19 \times CP \text{ [\% DM]}) + (39 \times EE \text{ [\% DM]}) - (36 \times NDF \text{ [\% DM]})) \times 0,0041868,$$

con

ASH = ceniza bruta,

CP = proteína bruta,

DM = materia seca,

EE = extracto de éter,

NDF = fibra detergente neutra.

La energía digerible para cerdas (DE_S) se puede determinar de la siguiente manera:

$$DE_S \text{ [MJ/kg DM]} = 1,041 \times DE_GP \text{ [MJ/kg DM]} + 0,0066 \times CF \text{ [g/kg DM]},$$

or

$$DE_S \text{ [MJ/kg DM]} = 1,041 \times ((4168 - (91 \times CENIZA \text{ [\% DM]}) + (19 \times CP \text{ [\% DM]}) + (39 \times EE \text{ [\% DM]}) - (36 \times NDF \text{ [\% DM]})) \times 0,0041868) + 0,066 \times CF \text{ [\% DM]}$$

con

DE_GP = energía digerible de cerdos en crecimiento,

5 ASH = ceniza bruta,

CP = proteína bruta,

DM = materia seca,

10 EE = extracto de éter,

NDF = fibra detergente neutra,

15 CF = fibra bruta.

En el contexto de la presente invención, la expresión energía metabolizable (ME) se usa como se conoce por el experto en la técnica de alimentación animal, y denota la energía digerible menos la energía excretada en la orina y como gases combustibles, es decir, la diferencia entre la energía digerible y la energía excretada en la orina y como gases combustibles. Teniendo en cuenta estas pérdidas, la energía metabolizable da una mejor estimación de la energía disponible para el animal. La energía metabolizable corrige la energía digerible por algunos de los efectos de calidad y cantidad de proteína.

La energía metabolizable para cerdos en crecimiento (ME_GP) se puede determinar de la siguiente manera:

25
$$ME_GP [MJ/kg DM] = (4194 - (92 \times CENIZA [\% DM]) + (10 \times CP [\% DM]) + (41 \times EE [\% DM]) - (35 \times NDF [\% DM])) \times 0,0041868$$

con

30 ASH = ceniza bruta,

CP = proteína bruta,

35 DM = materia seca,

EE = extracto de éter,

40 NDF = fibra detergente neutra.

La energía metabolizable para cerdas (ME_S) se puede determinar de la siguiente manera:

$$ME_S [MJ/kg DM] = - 3,96 + (1,17 \times ME_GP [MJ/kg DM] + (0,132 \times NDF [\% DM]))$$

45 or

$$ME_S [MJ/kg DM] = - 3,96 + (1,17 \times ((4194 - (92 \times CENIZA [\% DM]) + (10 \times CP [\% DM]) + (41 \times EE [\% DM]) - (35 \times NDF [\% DM])) \times 0,0041868) + (0,132 \times NDF [\% DM]))$$

50 con

ME_GP = energía metabolizable para cerdos en crecimiento,

55 ASH = ceniza bruta,

CP = proteína bruta,

DM = materia seca,

60 EE = extracto de éter,

NDF = fibra detergente neutra.

En el contexto de la presente invención, la expresión energía neta (EN) se usa como se conoce por el experto en la técnica de la alimentación animal, y denota la energía metabolizable menos el incremento de calor, que es el calor producido (y por lo tanto la energía usada) durante la digestión del pienso, metabolismo de los nutrientes y excreción de los desechos, es decir, la diferencia entre la energía metabolizable y el incremento de calor, que es el calor producido (y, por lo tanto, la energía usada) durante la digestión del pienso, el metabolismo de los nutrientes y la excreción de los desechos. La energía que queda después de estas pérdidas es la energía realmente usada para el mantenimiento y la producción, es decir, crecimiento, gestación, lactancia. La energía neta es el único sistema que describe la energía que realmente usa el animal. Por lo tanto, la energía neta es la forma más precisa y equitativa hasta la fecha de caracterizar el contenido energético del alimento. Sin embargo, la energía neta es mucho más difícil de determinar, y más compleja que la energía digerible y la energía metabolizable.

La energía neta para cerdos en crecimiento (NE_GP) se puede determinar de la siguiente manera:

$$\text{NE_GP [MJ/kg DM]} = (2875 + (43,8 \times \text{EE [\% DM]}) + (6,7 \times \text{ST [\% DM]}) - (55,9 \times \text{CENIZA [\% DM]}) - (20,1 \times (\text{NDF [\% DM]} - \text{ADF [\% DM]})) - (40,2 \times \text{NDF [\% DM]})) \times 0,0041868$$

con

ASH = ceniza bruta,

ADF = fibra detergente ácida,

DM = materia seca,

EE = extracto de éter,

NDF = fibra detergente neutra,

ST = almidón.

La energía neta para cerdas (NE_S) se puede determinar de la siguiente manera:

$$\text{NE_S [MJ/kg DM]} = (0,703 \times (\text{DE_S [MJ/kg DM]} \times 0,0041868 + (15,8 \times \text{EE [\% DM]}) + (4,7 \times \text{ST [\% DM]}) - (9,7 \times \text{CP [\% DM]}) + (9,8 \times \text{CF [\% DM]})) \times 0,0041868$$

or

$$\begin{aligned} \text{NE_S [MJ/kg DM]} = & (0,703 \times (((4168 - (91 \times \text{CENIZA [\% DM]}) + (19 \times \text{CP [\% DM]}) + (39 \times \text{EE [\% DM]}) \\ & - (36 \times \text{NDF [\% DM]})) \times 0,0041868 \times 1,014) + (0,066 \times \text{CF [\% DM]})) / 0,0041868 \\ & + (15,8 \times \text{EE [\% DM]}) + (4,7 \times \text{ST [\% DM]}) - (9,7 \times \text{CP [\% DM]}) \\ & - (9,8 \times \text{CF [\% DM]})) \times 0,0041868 \end{aligned}$$

con

ASH = ceniza bruta,

ADF = fibra detergente ácida,

CF = fibra bruta,

CP = proteína bruta,

DE_S = energía digerible para cerdas,

DM = materia seca,

EE = extracto de éter,

NDF = fibra detergente neutra,

ST = almidón.

En el contexto de la presente invención, la expresión energía metabolizable aparente se usa como se conoce por el experto en la técnica de la alimentación animal, y denota la energía metabolizable, que considera la cantidad de nitrógeno que se ha usado para construir la proteína corporal y que es por lo tanto tratado como si hubiera sido excretado como ácido úrico. Los valores para la energía metabolizable aparente de las aves de corral se refieren así a valores corregidos a cero retención de nitrógeno (AMEn). Dependiendo de la materia prima, se aplican diferentes ecuaciones para el cálculo de AMEn. Esta fórmula general se aplica a la materia prima dada en la siguiente fórmula:

$$\text{AMEn [MJ/kg DM]} = (\text{factor DM} \times \text{DM [\%]} + \text{factor CENIZA} \times \text{CENIZA [\% DM]} + \text{factor CP} \times \text{CP [\% DM]} + \text{factor EE} \times \text{EE [\% DM]} + \text{factor CF} \times \text{CF [\% DM]} + \text{factor NFE} \times \text{NFE [\% DM]} + \text{factor ST} \times \text{ST [\% DM]} + \text{factor SU} \times \text{SU [\% DM]}) / 100$$

con

ASH = ceniza bruta,

CF = fibra bruta,

CP = proteína bruta,

DM = materia seca,

EE = extracto de éter,

NFE = extracto libre de nitrógeno,

ST = almidón,

SU = azúcar.

DM [%] = 100, ya que todos los datos se usan según la estandarización del 100% de materia seca.

En el contexto de la presente invención, la expresión amina biogénica se usa como se conoce por el experto en la técnica de alimentación animal, y denota una sustancia biogénica con uno o más grupos amina, es decir, una base orgánica de bajo peso molecular, que se produce por metabolismo microbiano, vegetal y animal. En piensos, alimentos y bebidas, se forman por las enzimas de la materia prima, o se generan por descarboxilación microbiana de aminoácidos.

La al menos una amina biogénica es preferiblemente triptamina, 5-hidroxi-triptamina, 1,7-diaminoheptano, feniletilamina, histamina, putrescina, espermina, espermidina, agmatina, tiramina, octopamina, cadaverina y/o cualquier derivado y/o sal de las mismas. La mención de cualquier amina biogénica específica se refiere a su presencia y/o su contenido en la muestra en cuestión.

Según la presente invención, el al menos un factor antinutricional es un inhibidor de tripsina, un glucosinolato, gosipol, y/o cualquiera de sus derivados y/o sales. Los factores antinutricionales resultan del metabolismo secundario de las plantas, y están presentes sólo en especies vegetales particulares. No realizan funciones esenciales en el metabolismo primario. Más bien, su función es la defensa de alimañas y plagas, la regulación y la función como sustancias colorantes y fragancias. Los efectos negativos de los factores antinutricionales en el animal consisten en el consumo de pienso, un rendimiento reducido del animal, un cambio en la digestibilidad de los nutrientes, y trastornos metabólicos. Aunque los factores antinutricionales pueden tener efectos bastante graves en los animales, no se consideran tóxicos. Por lo tanto, la micotoxina no es un factor antinutricional en el contexto de la presente invención.

En el contexto de la presente invención, el término azúcar se usa como se conoce generalmente en la técnica, y denota el término genérico para hidratos de carbono solubles. El término azúcar comprende azúcares simples, también denominados monosacáridos, que incluyen glucosa, fructosa, y galactosa, y azúcares compuestos, también disacáridos o azúcares dobles, que son compuestos compuestos por dos monosacáridos unidos por un enlace glucosídico, por ejemplo sacarosa (compuesta por glucosa y fructosa), lactosa (compuesta por glucosa y galactosa), y maltosa (compuesta por dos moléculas de glucosa), y que se hidrolizan en azúcares simples en el cuerpo. Los azúcares, en particular los azúcares simples y los azúcares compuestos antes mencionados, se encuentran en frutas y verduras, en particular en las denominadas plantas azucareras tales como la caña de azúcar, la remolacha azucarera, la palma azucarera, el arce azucarero, el sorgo dulce, la palmera datilera plateada, la jubea, la palmera palma, y el ágave.

En el contexto de la presente invención, el término almidón, también denominado amyllum, se usa como se conoce generalmente en la técnica, y denota un hidrato de carbono polimérico que consiste en numerosas unidades de glucosa unidas por enlaces glucosídicos. Es producido por la mayoría de las plantas verdes como almacenamiento de energía. Se encuentran grandes cantidades en patatas, maíz (maíz), arroz, trigo y yuca (mandioca).

En el contexto de la presente invención, la expresión fibra bruta se usa como se conoce por el experto en la técnica de alimentación animal, y denota una medida del contenido de fibra. También conocida como celulosa de Weende, la fibra bruta es el residuo insoluble de una hidrólisis ácida seguida de una alcalina. Este residuo contiene celulosa verdadera y lignina insoluble. También se usa para evaluar residuos de pelo, pezuñas o plumas en subproductos animales. Aunque el análisis Van Soest más preciso lo ha sustituido desde la década de 1970, el análisis de fibra bruta sigue siendo común en los laboratorios de piensos.

En el contexto de la presente invención, la expresión fibra detergente ácida (ADF) se usa como se conoce por el experto en la técnica de alimentación animal, y denota una medida de la cantidad de sustancias estructurales, específicamente sustancias estructurales de la pared celular, tales como la celulosa, lignina y compuestos de lignina-N. La fibra detergente ácida es el residuo insoluble después del tratamiento con una disolución detergente ácida.

En el contexto de la presente invención, la expresión fibra detergente neutra (NDF) se usa como se conoce por el experto en la técnica de alimentación animal, y denota una medida de la cantidad de sustancias estructurales, específicamente sustancias estructurales de la pared celular, tales como la celulosa, hemicelulosa, lignina y compuestos de lignina-N. La fibra detergente neutra es el residuo insoluble después del tratamiento con una disolución detergente neutra.

En el contexto de la presente invención, la expresión fósforo en forma de fitato se usa como se conoce por el experto en la técnica, y se refiere al contenido de fósforo en el ácido fítico. El ácido fítico pertenece al grupo de sustancias bioactivas. Tiene un papel nutricional importante como principal forma de almacenamiento de fósforo en muchos tejidos vegetales, especialmente salvado y semillas. También está presente en muchas legumbres, cereales, y granos. El ácido fítico y el fitato tienen una fuerte afinidad de unión con los minerales dietéticos, calcio, hierro, y zinc, lo que inhibe su absorción. El ácido fítico y el fitato tienen una relevancia particular para los rumiantes debido a que son los únicos mamíferos que pueden descomponer el ácido fítico y consumir el fosfato así acumulado. Las bacterias en su estómago producen la enzima fitasa, que facilita la descomposición del fitato en azúcar y fosfato.

Típicamente, los piensos y/o las materias primas de piensos se someten a un denominado procesamiento para eliminar los factores antinutricionales o para reducir al menos su cantidad en los piensos y/o las materias primas de piensos. En dicho procesamiento, los piensos y/o las materias primas de piensos se someten a un tratamiento térmico, tal como cocción o tostado, que conduce a la eliminación, o al menos a la eliminación parcial de, entre otros, inhibidores de proteinasa y lectinas, o a un tratamiento con álcali, lo que conduce a la eliminación o al menos a la eliminación parcial de sinapina. Sin embargo, el procesamiento también puede provocar daños en los aminoácidos presentes en el alimento o en las materias primas de pienso. Por ejemplo, los compuestos con un grupo amino, tales como aminoácidos y proteínas, se someten a la reacción de Maillard en presencia de compuestos reductores, en particular azúcares reductores. Este es en particular el caso de la lisina con un grupo α -amino, que puede reaccionar con una multitud de ingredientes en piensos o materias primas de piensos.

El procesamiento de piensos y materias primas de piensos también tiene un efecto sobre las proteínas, tales como la ureasa y la tripsina, y la solubilidad de las proteínas en álcali y la solubilidad de las proteínas en agua, esta última también denominada índice de dispersabilidad de proteínas (PDI).

Un procesamiento que da lugar a daños en las materias primas de piensos y/o en los piensos, y en particular a cantidades/contenidos reducidos de un aminoácido, se denomina sobreprocesamiento. En comparación, un procesamiento, que no da una eliminación completa o al menos aceptable de los factores antinutricionales de las materias primas de piensos y/o de los piensos, se denomina subprocesamiento. Finalmente, un procesamiento que conduce a una eliminación completa o al menos aceptable de los factores antinutricionales sin daño a un aminoácido y/o proteína se denomina procesamiento adecuado o procesamiento correcto.

En el contexto de la presente invención, la expresión contenido de lisina reactiva se usa para indicar el contenido de lisina que está realmente disponible para el animal, en particular para la digestión en el animal.

En comparación, la expresión contenido de lisina total se usa en el contexto de la presente invención para indicar la suma del contenido de lisina, que está realmente disponible para el animal, en particular para la digestión en el animal, y del contenido de lisina, que no está disponible para el animal, en particular no para la digestión en el animal. Este último contenido de lisina (no disponible para el animal) generalmente se debe a reacciones de degradación de la lisina, tal como la reacción de Maillard.

El procesamiento de piensos y materias primas de piensos también tiene un efecto sobre la solubilidad de las proteínas en álcali. La solubilidad de las proteínas en álcali comprende la determinación del porcentaje de proteínas que se

solubiliza en una disolución alcalina. La solubilidad de las proteínas en álcali es una medida eficaz para distinguir el material sobreprocesado del material procesado correctamente, por ejemplo según DIN EN ISO 14244.

La determinación del índice de dispersabilidad de proteínas (PDI) mide la solubilidad de las proteínas en agua después de mezclar una muestra con agua, por ejemplo según AOCS Ba 10-65.

La determinación de la actividad del inhibidor de tripsina se basa en la capacidad de los inhibidores en cuestión para formar un complejo con la enzima tripsina, y reducir así su actividad. Este análisis se puede realizar según los métodos de ISO 14902 (2001) y AACC 22.40-01.

La enzima ureasa cataliza la degradación de la urea a amoníaco y dióxido de carbono. Dado que la ureasa se encuentra naturalmente en la soja, la actividad de la ureasa es una medida muy útil para evaluar la calidad de las sojas procesadas. El análisis cuantitativo de la actividad de la ureasa se puede realizar según los métodos de ISO 5506 (1988) o AOCS Ba 9-58.

En el contexto de la presente invención, la expresión indicador de condiciones de procesamiento (PCI) se usa como se describe en el documento EP 3361248 A1. El PCI es especialmente relevante para los piensos procesados y las materias primas de piensos, como se explicó anteriormente. El PCI de un pienso y/o de una materia prima del pienso se genera obteniendo un conjunto de parámetros que son complementarios en su significado y, de este modo, son combinables. Estos parámetros son, entre otros, la actividad del inhibidor de tripsina, la actividad de la ureasa, la solubilidad de la proteína en álcali, el índice de dispersabilidad de la proteína, y/o la relación del contenido de lisina reactiva al contenido de lisina total. Otro parámetro es al menos un aminoácido seleccionado del grupo que consiste en metionina, cisteína, cistina, treonina, leucina, arginina, isoleucina, valina, histidina, fenilalanina, tirosina, triptófano, glicina, serina, prolina, alanina, ácido aspártico y ácido glutámico. Estos parámetros se obtienen mediante el análisis cuantitativo de una serie de muestras de un material de pienso de diferentes puntos de tiempo de procesamiento del pienso específico y/o de la materia prima del pienso. Para cada uno de los parámetros determinados se determina el denominado indicador de condiciones de procesamiento (PCI), que describe todas las condiciones de procesamiento concebibles de un pienso y/o materia prima del pienso, es decir, procesamiento insuficiente, adecuado o excesivo. La expresión procesamiento adecuado es igual a procesamiento correcto. El indicador de condiciones de procesamiento obtenido de este modo se puede representar entonces en una escala, para facilitar la categorización de una materia prima del pienso y/o del pienso como subprocesados, procesados adecuadamente, o sobreprocesados.

El método según la presente invención, como se define en la reivindicación 1 adjunta, hace una predicción de la identidad del material de muestra de la etapa d) a partir del espectro registrado en la etapa d). Para realizar esta predicción, el método analiza la similitud del material de muestra de la etapa d) con una población de espectros de materiales conocidos en una base de datos DB1.

En el método según la presente invención, la etapa d) comprende además la etapa de

d1) predecir la identidad del material de muestra de la etapa d) a partir del espectro registrado en la etapa d) mediante un análisis de similitud usando una base de datos DB1 de espectros de materiales conocidos.

En principio, el método según la presente invención no está sujeto a ninguna limitación con respecto a un procedimiento específico para el análisis de similitud, siempre que el respectivo análisis de similitud usado permita la predicción de la identidad del material con la mayor fiabilidad posible, o al menos con una precisión aceptable. Por ejemplo, el análisis de similitud en la etapa d1) se puede realizar según el siguiente procedimiento:

d1a) transformar intensidades de absorción de longitudes de onda o números de onda en un espectro de la etapa d) para dar un vector de consulta,

d1b) proporcionar una base de datos DB1 con un conjunto de vectores de base de datos de espectros de materiales conocidos,

d1c) analizar la similitud entre el vector de consulta de la etapa d1a) y el conjunto de vectores de base de datos de la etapa d1b) que comprende las etapas de

d1c1) calcular una medida de similitud y/o una medida de distancia entre cada vector de base de datos de la etapa d1b) y el vector de consulta de la etapa d1a) para dar un valor de similitud para cada vector de base de datos con el vector de consulta,

d1c2) clasificar los valores de similitud obtenidos en la etapa d1c1) en orden descendente, cuando se calcula la medida de similitud en la etapa d1c1), o en orden ascendente, cuando se calcula la medida de distancia en la etapa d1c1), en el que el vector de base de datos mejor clasificado tiene la mayor similitud con el vector de consulta,

d1c3) contar el número de apariciones de una clase de material entre los vectores de base de datos mejor clasificados en la clasificación obtenida en la etapa d1c2), en el que dicho número de apariciones está indicado por la variable N,

5 d1c4) ponderar los primeros N valores de similitud de una clase de material según su posición en la clasificación obtenida en la etapa d1c2) para dar posiciones de rango ponderadas de la clase de material,

10 d1c5) formar la suma de las posiciones de rango ponderadas obtenidas en la etapa d1c4) para la clase de material para dar puntajes de la clase de material, en el que el puntaje más alto indica la mayor similitud con el material de muestra de la etapa d), y

d1d) asignar la clase de material del vector de base de datos con la mayor similitud al material de muestra de la etapa d).

15 El material de muestra sometido a la etapa d) es preferiblemente pienso, materia prima de pienso, tales como soja, habas de soja, preferiblemente sojas ricas en grasas, y/o productos de soja, preferiblemente harina de soja y torta/expeler de soja, maíz, restos de harina, residuos de matadero, harina de plumas, y/o harina de huesos. Lo mismo se aplica al material conocido cuyos espectros están en la base de datos DB1 para el análisis de similitud de la etapa d1).

20 Para evitar o al menos reducir significativamente el peligro de una predicción errónea de la identidad del material de muestra, el método recibe la confirmación o no confirmación de la identidad predicha del material de muestra del usuario en el dispositivo de entrada/salida. Cuando el usuario no confirma la identidad predicha del material de muestra, el método recibe la entrada de la identidad del material de muestra del usuario en el dispositivo de entrada/salida.

25 En el método según la presente invención, como se define en la reivindicación 1 adjunta, la etapa d) comprende además las etapas de

30 d2a) mostrar la identidad predicha del material de muestra obtenido en la etapa d1) en el dispositivo de entrada/salida, y

35 d2b) recibir i) la confirmación de la identidad predicha mostrada en la etapa d2a), o ii) la no confirmación de la identidad predicha mostrada en la etapa d2a), y la entrada de la identidad del material de muestra en el dispositivo de entrada/salida.

40 Después de recibir la confirmación de la identidad predicha del material de muestra o la entrada de la identidad del material de muestra, el método según la presente invención puede proseguir adicionalmente para predecir un valor de al menos un parámetro. O bien el al menos un parámetro cuyo valor o valores se predicen se introdujo por el usuario, o el método según la presente invención extrae uno o más parámetros cuyo valor o valores se predicen en la etapa e) para el material cuyo la identidad se predijo en la etapa d1), se confirmó en la etapa d2b), o se introdujo en la etapa d2b) desde una base de datos DB2. Se prefiere la última opción, ya que ilustra de la mejor manera los beneficios del funcionamiento autónomo del método según la presente invención. En la base de datos DB2 están depositados los parámetros relevantes para cada material concebible, es decir, aquellos parámetros cuyos valores pueden predecirse en el método según la presente invención.

45 En una realización del método según la presente invención, la etapa d) comprende además la etapa de

50 d3a) extraer uno o más parámetros cuyo valor o valores se predicen en la etapa e) para el material cuya identidad se predijo en la etapa d1), se confirmó en la etapa d2b), o se introdujo en la etapa d2b) de una base de datos DB2.

En esta realización, la etapa d) del método según la presente invención comprende las siguientes etapas

55 d1) predecir la identidad del material de muestra de la etapa d) a partir del espectro registrado en la etapa d) mediante un análisis de similitud usando una base de datos DB1 de espectros de material conocido,

d2a) mostrar la identidad predicha del material de muestra obtenido en la etapa d1) en el dispositivo de entrada/salida,

60 d2b) recibir i) la confirmación de la identidad predicha mostrada en la etapa d2a), o ii) la no confirmación de la identidad predicha mostrada en la etapa d2a) y la entrada de la identidad del material de muestra en el dispositivo de entrada/salida,

y

d3a) extraer uno o más parámetros cuyo valor o valores se predicen en la etapa e) para el material cuya identidad se predijo en la etapa d1), se confirmó en la etapa d2b), o se introdujo en la etapa d2b) de una base de datos DB2.

5 Preferiblemente, la etapa d1) de esta realización comprende además las etapas d1a) a d1d) anteriores.

En una alternativa, también es posible que el método según la presente invención se salte las etapas d2a) y d2b) y continúe con la etapa d3). Esta opción se usa cuando la identidad del material de muestra se predice en la etapa d1) con un grado de probabilidad suficiente. Un grado de probabilidad suficiente es preferiblemente cuando la identidad del material de muestra de la etapa d) se predijo con una probabilidad de más del 50%, con una probabilidad de al menos 55, 60, 65, 70, 75, 80, 85, 90, 95, o incluso con una probabilidad del 100%.

En una realización preferida del método según la presente invención, la etapa d) comprende además la etapa d2') proceder con la etapa d3a), cuando la identidad del material de muestra se predice en la etapa d1) con una probabilidad de más del 50%.

En esta realización, la etapa d) del método según la presente invención comprende las siguientes etapas

20 d1) predecir la identidad del material de muestra de la etapa d) a partir del espectro registrado en la etapa d) mediante un análisis de similitud usando una base de datos DB1 de espectros de material conocido,

25 d2') proceder con la etapa d3a), cuando la identidad del material de muestra se predice en la etapa d1) con una probabilidad de más del 50%, y

d3a) extraer uno o más parámetros cuyo valor o valores se predicen en la etapa e) para el material cuya identidad se predijo en la etapa d1).

30 Preferiblemente, la etapa d1) de esta realización comprende además las etapas d1a) a d1d) anteriores.

Preferiblemente, cada material concebible se menciona en la base de datos DB2 junto con uno o más parámetros que son significativos para el material en cuestión. Por ejemplo, si el método según la presente invención debe aplicarse a piensos y/o materias primas de pienso, los materiales en cuestión son, por ejemplo, soja y maíz, y entonces los parámetros relevantes para estos materiales comprenderían el contenido de aminoácidos, preferiblemente de todos los aminoácidos de origen natural, el contenido de aminoácidos digeribles, y el contenido de proteína bruta.

En una realización preferida del método según la presente invención, la base de datos DB2 contiene información sobre qué parámetros son significativos para el material en cuestión, de modo que sólo uno o más parámetros que son significativos para el material respectivo se extraen de la base de datos DB2 en la etapa d3a).

40 Después de haber extraído uno o más parámetros de la base de datos, el método según la presente invención puede entonces pasar a mostrar dicho uno o más parámetros como una sugerencia para el usuario, quien puede seleccionar uno o más parámetros cuyo valor o valores se predicen a partir de los parámetros mostrados.

45 En otra realización preferida del método según la presente invención, la etapa d) comprende además la etapa de

d3b) mostrar en el dispositivo de entrada/salida uno o más parámetros obtenidos de la etapa d3a), y

d3c) recibir una selección de los parámetros mostrados en la etapa d3b).

50 Según la presente invención, en la etapa d) se registra un espectro de un material de muestra. Preferiblemente, en la etapa d) se registra al menos un espectro, en particular, de 1 a 10, de 3 a 10, de 3 a 9, de 3 a 8, de 3 a 7, de 3 a 6, de 3 a 5, por ejemplo 3, 4 o 5 espectros. Un registro múltiple de espectros de un material de muestra ayuda a reducir las imprecisiones de medida o los efectos de una medida errónea en la etapa d). Cuando la etapa d) es un registro múltiple de espectros, hay dos opciones de cómo manejar los espectros así obtenidos y cómo transformar la multitud de espectros en un solo espectro. La primera opción es formar un centroide de los espectros registrados en la etapa d), y someter el centroide así obtenido a la etapa e). La segunda opción es predecir el valor de al menos un parámetro en la etapa e) de cada espectro registrado en la etapa d), y formar la media de los valores predichos así obtenidos de dicho al menos un parámetro, en la que dicha media se puede mostrar entonces como resultado en la etapa f).

60 En otra realización del método según la presente invención, la etapa d) es un registro múltiple de espectros, que comprende además i) formar el centroide de todos los espectros registrados en la etapa d) y someter el centroide así obtenido a la etapa e), o ii) predecir los valores para el al menos un parámetro de cada espectro de la etapa d), y formar el valor medio para el al menos un parámetro.

65

En matemáticas y física, el término centroide, cuando se usa en contexto con una figura plana, denota la posición media aritmética de todos los puntos de la figura; y por tanto, también se le denomina centro geométrico de dicha figura. Por lo tanto, también es el punto en el que un recorte de la forma podría equilibrarse perfectamente en la punta de un alfiler. Cuando la figura se extiende a un objeto en un espacio multidimensional, el término centroide denota la posición media de todos los puntos de dicho objeto en todas las direcciones de coordenadas. En el contexto de la presente invención, el término centroide indica por lo tanto la posición media aritmética de todos los puntos de los espectros en todas las direcciones de coordenadas.

Según la presente invención, se predice al menos un parámetro a partir de un espectro en la etapa e). Para este fin, la ecuación de calibración respectiva y/o el gráfico de calibración para la predicción del parámetro en cuestión en un material específico se extrae de una base de datos DB3. A continuación, el valor del al menos un parámetro que coincida con las absorciones en el espectro/espectros o con el centroide de la etapa d) se lee del gráfico de calibración de la etapa e1.1), y/o el valor del al menos un parámetro que coincide con las absorciones en el espectro/espectros o con el centroide de la etapa d), se inserta en la ecuación de calibración de la etapa e1.1) para obtener el valor para el al menos un parámetro. El valor predicho así obtenido del al menos un parámetro se muestra entonces como resultado en la etapa f). La ecuación de calibración y/o el gráfico de calibración para cada parámetro de un material se generan en etapas anteriores al correlacionar las absorciones individuales y sus intensidades en un espectro, en particular las absorciones en el infrarrojo cercano obtenidas para un material de muestra, con los valores correspondientes del mismo parámetro del análisis cuantitativo del mismo material. La correlación así obtenida de los valores obtenidos del análisis cuantitativo con las absorciones y sus intensidades obtenidas de la medida espectroscópica, por ejemplo espectroscopía de infrarrojo cercano, se representa o traza como un gráfico de calibración, lo que facilita la coincidencia de las intensidades de absorción de la medida espectroscópica, por ejemplo espectroscopía de infrarrojo cercano, de otras muestras con los correspondientes valores exactos para los parámetros en cuestión basados en el análisis cuantitativo. La ecuación de calibración y/o el gráfico de calibración para la predicción del indicador de condiciones de procesamiento (PCI) se genera preferiblemente según la enseñanza técnica del documento EP 3361248 A1, en particular según la reivindicación 3 y/o 4 del documento EP 3361248 A1. Las ecuaciones de calibración y/o los gráficos de calibración para la predicción de la actividad inhibidora de tripsina, la actividad de la ureasa, la solubilidad de la proteína en álcali, el índice de dispersabilidad de la proteína, el contenido de lisina reactiva, el contenido de lisina total, la relación del contenido de lisina reactiva con respecto al contenido de lisina total, y el contenido de al menos un aminoácido, se generan preferiblemente según la enseñanza técnica del documento EP 3361248 A1, en particular según la reivindicación 3 del documento EP 3361248 A1. La ecuación de calibración y/o el gráfico de calibración para la predicción del contenido de energía se genera preferiblemente según la enseñanza técnica del documento WO 2019/215206 A1, en particular según la reivindicación 8 y/o 9 del documento WO 2019/215206 A1.

Cuando el parámetro cuyos valores se determinan en la etapa e) es el contenido de un ingrediente o componente específico, la calibración se realiza en porcentaje en peso (% en peso).

En otra realización del método según la presente invención, la etapa e) comprende además las etapas de

e1.1) extraer un gráfico de calibración y/o una ecuación de calibración para la predicción del valor del al menos un parámetro de una base de datos DB3,

e1.2) leer el valor del al menos un parámetro que coincida con las absorciones en el espectro/espectros o el centroide de la etapa d) del gráfico de calibración de la etapa e1.1), y/o insertar las intensidades de absorción a las respectivas longitudes de onda o números de onda en el espectro/espectros o el centroide de la etapa d) en la ecuación de calibración de la etapa e1.1.), para obtener el valor para el al menos un parámetro, y

e1.3) mostrar el valor para el al menos un parámetro obtenido en la etapa e1.2) como resultado de la etapa f).

Preferiblemente, la base de datos DB3 contiene los gráficos de calibración y/o las ecuaciones de calibración para la predicción del valor de todos los parámetros según el método según la presente invención, es decir, los mencionados en la etapa e), para todos los materiales de origen animal, origen vegetal o una mezcla de los mismos a someter a dicho método.

La predicción del indicador de condiciones (PCI) se realiza preferiblemente según la enseñanza técnica del documento EP 3361248 A1, en particular según la reivindicación 5 del documento EP 3361248 A1.

La predicción de un contenido de energía, en particular de la energía bruta (GE), la energía metabolizable aparente (AME), en particular la energía metabolizable aparente corregida a cero retención de nitrógeno (AMEn), la energía digerible (DE), en particular la energía digerible para cerdas (DE_S) y/o cerdas en crecimiento (DE_GP), la energía metabolizable (ME), en particular la energía metabolizable para cerdas (ME_S) y/o cerdas en crecimiento (ME_GP), y/o la energía neta (NE), en particular, la energía neta para cerdas (NE_S) y/o cerdas en crecimiento (NE_GP), se realiza preferiblemente según la enseñanza técnica del documento WO 2019/215206 A1, en particular según cualquiera de las reivindicaciones 10, 11, 12 y/o 13 del documento WO 2019/215206 A1.

El método según la presente invención también permite evaluar el material de muestra en cuestión comparando el valor predicho para un parámetro con el valor esperado correspondiente para dicho parámetro. La predicción de un valor de al menos un parámetro por medio de la espectroscopia brinda mucha información valiosa, que de otro modo sólo es accesible a través del análisis cuantitativo clásico, que sin embargo es bastante costoso y requiere mucho tiempo. El personal entrenado es, en principio, capaz de usar de la mejor manera posible la información proporcionada. Sin embargo, la evaluación del valor predicho de una variedad de parámetros es un reto incluso para el personal entrenado. Este reto es, por supuesto, significativamente mayor para el personal no entrenado, que ya puede tener problemas con la gran cantidad de información de las predicciones. Por lo tanto, necesitan información sobre el material de muestra, que sea fácil de entender y les dé instrucciones claras sobre qué hacer. Preferiblemente, el método según la presente invención por lo tanto también le da al usuario una evaluación cualitativa de un valor predicho para el al menos un parámetro para el material de muestra. Esta evaluación se realiza con respecto al valor esperado para el parámetro en cuestión.

En aún otra realización del método según la presente invención, la etapa e) comprende además la etapa de e2) evaluar el valor predicho para el al menos un parámetro, que comprende las etapas de

e2.1) extraer el valor esperado para el parámetro del material de muestra de la etapa d) de una base de datos DB4,

e2.2) evaluar el material de muestra de la etapa d) como malo si el valor predicho es al menos un porcentaje definido menor que el valor esperado, o como bueno si el valor predicho es al menos un porcentaje definido del valor esperado, y

e2.3) mostrar la evaluación obtenida en la etapa e2.2) como resultado en la etapa f).

Preferiblemente, en el contexto de la presente invención, la expresión al menos un porcentaje definido menor que el valor esperado significa 10, 15, 20, 25, 30, 35, 40, 45, 50, 60, 70 o 90%, preferiblemente más del 50, al menos 55, 60, 65, 70, 75, 80, 85 o 90%, menor que el valor esperado. Preferiblemente, en el contexto de la presente invención, la expresión al menos un porcentaje definido del valor esperado significa al menos 50, 55, 60, 65, 70, 75, 80, 85 o 90% del valor esperado. Preferiblemente, el dicho porcentaje definido para el umbral más bajo, es decir, evaluar el material de muestra como malo, así como el dicho porcentaje definido para el umbral más alto, es decir, evaluar el material de muestra como bueno, lo establece el usuario o el supervisor dependiendo de las condiciones individuales dadas en los entornos individuales, ubicaciones, estaciones, etc., para cada parámetro de cada material individual que se somete al método.

El valor esperado para cada parámetro de un material de muestra se proporciona preferiblemente en una base de datos DB4. Dicha base de datos DB4 puede ser diferente de la base de datos DB2, o puede ser idéntica a la base de datos DB2. La base para la base de datos DB4 es una población de espectros de todos los materiales para el campo específico en el que se aplicará el método según la presente invención. Cada uno de estos espectros se ha analizado para determinar el máximo de absorción de cada uno de los parámetros cuyos valores pueden predecirse a partir de los espectros. Preferiblemente, se consideran los parámetros que son significativos para el material en cuestión y particularmente útiles para el usuario. En el caso de que varios parámetros sean significativos para el material en cuestión, la base de datos DB4 contiene una clasificación de estos parámetros significativos y/o un tipo de criterios de eliminación, que pueden depositarse individualmente en la base de datos DB4 para cada material. Por ejemplo, un valor umbral específico para el contenido de amoníaco puede ser un criterio de eliminación para la soja, o un valor umbral específico para un factor antinutricional puede ser un criterio de eliminación.

Específicamente, la base de datos DB4 por lo tanto se actualiza preferiblemente con los valores esperados de parámetros para materiales de muestra de origen vegetal cada temporada o cada cosecha. Cuando el material de origen vegetal de todo el mundo se somete al método según la presente invención, la base de datos DB4 se actualiza preferiblemente con los valores esperados de los parámetros para muestras de materiales de origen vegetal cada temporada o cada cosecha de todas las áreas de cultivo en todo el mundo del material en cuestión.

Preferiblemente, el método según la presente invención extrae detalles sobre la ubicación de almacenamiento y/o el procesamiento posterior de uno o más materiales de la misma o esencialmente la misma identidad que el material de muestra de la etapa d) y/o que tienen el mismo o esencialmente el mismo valor para el al menos un parámetro que el material de muestra de la etapa d) de una base de datos DB4. Esto permite dar recomendaciones específicas al usuario con respecto al almacenamiento y/o procesamiento posterior del material cuya muestra se sometió al método según la presente invención. Tales recomendaciones son particularmente útiles en la agricultura, específicamente en el campo de la nutrición animal, por ejemplo en la elaboración de piensos. En este caso, el usuario necesita conocer el lugar más adecuado para almacenar el pienso o la materia prima de pienso recién entregado u obtenido. Preferiblemente, el material recientemente entregado u obtenido y el material, al que se añade el material mencionado en primer lugar, deben tener la mayor cantidad de similitudes en común, debido a que esto da un material de características uniformes, lo que proporciona el mejor beneficio posible.

En otra realización del método según la presente invención, la etapa f) comprende además la etapa

f1) dar una recomendación sobre el almacenamiento y/o procesamiento posterior del material cuya muestra se sometió a la etapa d), que comprende las etapas de

f1.1) extraer detalles sobre la ubicación de almacenamiento y/o el procesamiento posterior de uno o más materiales de una base de datos DB4, en el que dichos materiales tienen la misma o esencialmente la misma identidad que el material de muestra de la etapa d), y/o tienen el mismo o esencialmente el mismo valor para el al menos un parámetro que el material de muestra de la etapa d),

f1.2) clasificar los detalles obtenidos en la etapa f1.1) con los materiales que tienen la mayor similitud en términos de la identidad del material y en términos del valor del al menos un parámetro en la parte superior de la clasificación, y

f1.3) mostrar en el dispositivo de entrada/salida los detalles sobre detalles de almacenamiento y/o procesamiento posterior del material en la parte superior de la clasificación obtenida en la etapa f1.2).

En principio, las etapas f1.1) y f1.2) no están sujetas a ninguna limitación con respecto a un procedimiento específico para el análisis de similitud. El análisis de similitud de estas etapas se puede realizar según la rutina de la etapa d1c), con la excepción de que el vector de consulta se basa en la identidad de los materiales, y el valor o valores del parámetro o parámetros, ambos predichos en las etapas anteriores, y los vectores de la base de datos se basan en la identidad de los materiales, y el valor o valores del parámetro o parámetros almacenados en la base de datos DB4.

Las recomendaciones/detalles sobre el procesamiento posterior dados en la etapa f1.3) dependen del material en cuestión, y por lo tanto de que los parámetros sean significativos para ese material. Por ejemplo, si el material es soja, el contenido de aminoácidos y el PCI serán importantes. En caso de que el PCI indique soja sobreprocesada, y por lo tanto el contenido de aminoácidos específicos o de todos en el material sea demasiado bajo, el método daría detalles sobre la suplementación de esos aminoácidos, cuyo contenido en el material es deficiente. Por ejemplo, si el material se sobreprocesó, la cantidad diferencial entre el valor deseado y el valor real para la cantidad de un aminoácido en la materia prima de pienso y/o en el pienso se puede predecir según la enseñanza técnica del documento EP 3361248 A1, en particular según la reivindicación 8 y/o 9 del documento EP 3361248 A1. De manera similar, se pueden dar recomendaciones sobre un procesamiento posterior para el material en cuestión, cuando el PCI previsto para el material en cuestión indique que está subprocesado, preferiblemente según la enseñanza técnica del documento EP 3361248 A1, en particular según la reivindicación 14 del documento EP 3361248 A1. Los detalles sobre el procesamiento posterior para compensar un déficit de energía en el material en cuestión se pueden dar según la enseñanza técnica del documento WO 2019/215206 A1, en particular según la reivindicación 14 del documento WO 2019/215206 A1.

En la práctica, el material después de someterse al método según la presente invención se procesa adicionalmente y/o se alimenta a un lugar de almacenamiento específico. Por lo tanto, se prefiere que los detalles obtenidos del material sometido al método según el presente también se almacenen en la base de datos DB4. Esto ayuda a mantener actualizado el estado de la base de datos DB4.

En aún otra realización, el método según la presente invención comprende además la etapa

g) depositar detalles sobre el material de la muestra de la etapa d), que comprende las etapas de

g1) recibir en el dispositivo de entrada/salida detalles sobre la ubicación de almacenamiento y/o el procesamiento posterior del material de la muestra de la etapa d),

g2) si es necesario, recibir en el dispositivo de entrada/salida la entrada de un código de identificación o la selección de códigos de identificación para el material de la muestra de la etapa d), y

g3) almacenar en el dispositivo de entrada/salida los detalles recibidos en la etapa g1), la identidad del material y el valor del al menos un parámetro predicho en la etapa e), si es necesario, junto con el código de identificación recibido en la etapa g2).

En principio, las bases de datos DB1, DB2, DB3 y/o DB4 pueden ser idénticas o diferentes entre sí. Preferiblemente, las bases de datos DB2 y DB4 son idénticas. Además, las bases de datos DB1, DB2, DB3 y/o DB4 se pueden almacenar de forma independiente entre sí en un único dispositivo, por ejemplo el dispositivo de entrada/salida usado en el método según la presente invención, o un servidor o una nube. Alternativamente, también es posible que cada uno o todos ellos se almacenen en un dispositivo separado, que puede ser también un servidor o una nube. En este caso, la información o los datos relevantes recibidos en el dispositivo de entrada/salida o proporcionados/generados por cualquier otro dispositivo, preferiblemente un espectrómetro, en la red del método según la presente invención, se transfieren a un servidor o nube, donde se procesan posteriormente, por ejemplo se usan para hacer las predicciones,

y los datos así obtenidos del procesamiento posterior, por ejemplo las predicciones, se envían después al dispositivo de entrada/salida. Por ejemplo, el espectro registrado en la etapa d) se transfiere del espectrómetro al dispositivo de entrada/salida, que luego lo transfiere a un primer servidor con una base de datos DB1, o el espectro se transfiere directamente al primer servidor, para hacer el análisis de similitud. El mismo servidor también puede albergar la base de datos DB2, de la que se extraen uno o más parámetros, cuyo valor o valores se van a predecir. El mismo servidor puede albergar la base de datos DB3, de la que se extraen los gráficos de calibración y/o las funciones de calibración para la predicción, de modo que puedan realizarse las predicciones para el material de muestra en cuestión y visualizarse como resultado en el dispositivo de entrada/salida. De otro modo, cuando las bases de datos DB2 y DB3 están alojadas en otros servidores, los datos se extraen de las respectivas bases de datos, y los datos o la información así obtenidos se envían a esos otros servidores, en los que se realizan las predicciones. Las predicciones así obtenidas se envían de vuelta al dispositivo de entrada/salida, en el que se muestran como resultados. La base de datos DB4 puede estar en el mismo servidor o en uno diferente, en el que, de nuevo, los datos se intercambian entre el dispositivo de entrada/salida y el servidor diferente. Los datos finales obtenidos en la etapa g) se almacenan entonces en la base de datos DB4.

Para obtener evaluaciones con la mayor precisión posible, conviene que los espectros, que son la base de cualquier evaluación, sean lo más fiables y representativos posible. Por lo tanto, se desea someter muestras, que sean lo más homogéneas posible, a la etapa d). Preferiblemente, la homogeneización del material de muestra se produce mediante agitación. Por ejemplo, el espectrómetro que registra los espectros en la etapa d) está provisto de un agitador, que se llena parcialmente con el material de la muestra, y después se agita durante un período de tiempo, que es suficiente para lograr una homogeneización satisfactoria del material de muestra.

En otra realización, el método según la presente invención comprende además la etapa de homogeneizar el material de muestra antes de someterlo a la etapa d).

El método según la presente invención se puede implementar en cualquier sistema que comprenda i) un dispositivo de entrada/salida, ii) al menos un espectrómetro, y iii) una unidad de procesamiento. El único requisito que debe cumplir un sistema de este tipo es que el dispositivo de entrada/salida, el al menos un espectrómetro, y la unidad de procesamiento formen una red para que puedan comunicarse y compartir, enviar e intercambiar datos entre sí, y que la unidad de procesamiento debe estar adaptada para llevar a cabo la etapa e) del método según la presente invención,

Otro objeto de la presente invención es un sistema para evaluar espectros de una sustancia biológica de origen animal, origen vegetal o una mezcla de las mismas, tal como se define en la reivindicación 12 anexa, que comprende

I) un dispositivo de entrada/salida para llevar a cabo las etapas a) a c), d2a), d2b), y la etapa f) del método según la presente invención,

II) al menos un espectrómetro para llevar a cabo la etapa d) del método según la presente invención, y

III) una unidad de procesamiento adaptada para llevar a cabo la etapa d1) y e) del método según la presente invención,

en el que el dispositivo de entrada/salida, el al menos un espectrómetro, y la unidad de procesamiento forman una red.

La unidad de procesamiento puede ser parte del dispositivo de entrada/salida o de un dispositivo separado.

Dado que la unidad de procesamiento, una parte integral de ese sistema, está adaptada para llevar a cabo el método según la presente invención, todo el sistema es por lo tanto adecuado o está adaptado para evaluar espectros.

En principio, el dispositivo de entrada/salida del sistema según la presente invención no está sujeto a ninguna limitación, siempre que sea adecuado para llevar a cabo las etapas a) a c), d2a), d2b), y la etapa f) del método según la invención como se define en la reivindicación 1 adjunta, y por lo tanto puede ser cualquier dispositivo de entrada/salida concebible que pueda recibir información de un usuario o un dispositivo, tal como un espectrómetro, mostrar información o datos al usuario, y transferir información o datos a un dispositivo. Dicho dispositivo de entrada/salida puede ser un ordenador, por ejemplo una computadora de escritorio, una computadora en red o una computadora portátil, tal como una computadora portátil o un portátil, una tableta o un teléfono inteligente. En el contexto de la presente invención y, en particular, en vista del intervalo de aplicaciones del método según la presente invención, se prefiere que el dispositivo de entrada/salida sea portátil.

En principio, el al menos un espectrómetro del sistema según la presente invención tampoco está sujeto a ninguna limitación, siempre que sea adecuado para llevar a cabo la etapa d) del método según la invención como se define en la reivindicación 1 adjunta, y por lo tanto puede ser cualquier espectrómetro concebible, tal como un espectrómetro de infrarrojos, un espectrómetro de infrarrojo cercano, independientemente de si se hace funcionar en modo de transmisión o reflectancia, un espectrómetro Raman, un espectrómetro UV-Vis, o una combinación de los mismos. Además, el método según la presente invención es, en principio, también aplicable a espectrómetros portátiles o

estacionarios. No obstante, en vista del intervalo de aplicaciones del método según la presente invención, se prefiere que el espectrómetro sea portátil.

5 En una realización del sistema según la presente invención, el dispositivo de entrada/salida y/o el al menos un espectrómetro es/son portátil.

REIVINDICACIONES

1. Un método para evaluar espectros de una sustancia biológica de origen animal, origen vegetal o una mezcla de las mismas, que comprende las etapas de

a) detectar un espectrómetro en una red formada por al menos un espectrómetro y un dispositivo de entrada/salida, b) solicitar el estado individual de cada espectrómetro en la red de la etapa a), y mostrar los espectrómetros detectados y su estado en el dispositivo de entrada/salida, en el que el estado refleja si un espectrómetro está disponible para registrar un espectro o no,

c) recibir una selección de los espectrómetros disponibles para registrar un espectro en el dispositivo de entrada/salida, d) registrar un espectro de un material de muestra de origen animal, origen vegetal, o una mezcla de las mismas en el espectrómetro seleccionado en la etapa c), en el que la etapa d) comprende además las etapas de

d1) predecir la identidad del material de muestra de la etapa d) a partir del espectro registrado en la etapa d) mediante un análisis de similitud usando una base de datos DB1 de espectros de materiales conocidos,

d2a) mostrar la identidad predicha del material de muestra obtenido en la etapa d1) en el dispositivo de entrada/salida, y

d2b) recibir i) la confirmación de la identidad predicha mostrada en la etapa d2a), o ii) la no confirmación de la identidad predicha mostrada en la etapa d2a) y la entrada de la identidad del material de muestra en el dispositivo de entrada/salida,

e) predecir un valor para al menos un parámetro del espectro de la etapa d) por medio de al menos una función de calibración y/o gráfico de calibración adecuado para predecir el valor de dicho parámetro, en el que el al menos un parámetro se selecciona del grupo que consiste en el contenido de al menos un aminoácido, el contenido de proteína bruta, el contenido de amoníaco, el contenido de aminoácidos totales con amoníaco, el contenido de aminoácidos totales sin amoníaco, el contenido de grasa bruta, el contenido de materia seca, el contenido de cenizas brutas, el contenido de energía, el contenido de al menos una amina biogénica, el contenido de al menos un factor antinutricional, en el que el al menos un factor antinutricional es un inhibidor de tripsina, un glucosinolato, un gósipol, y/o cualquier derivado y/o sales de los mismos, el contenido de al menos un azúcar, el contenido de almidón, el contenido de fibra cruda, el contenido de fibra detergente neutro, el contenido de fibra detergente ácida, el contenido de fósforo total, el contenido de fósforo en forma de fitato, el contenido de lisina reactiva, el contenido de lisina total, la relación entre el contenido de lisina reactiva y el contenido de lisina total, el índice de dispersabilidad de la proteína, la solubilidad de la proteína, la actividad inhibidora de la tripsina, la actividad de la ureasa, y el indicador de condiciones de procedimiento (PCI), y

f) mostrar el resultado de la predicción de la etapa e) en el dispositivo de entrada/salida.

2. El método según la reivindicación 1, en el que la etapa d) comprende además la etapa de

d3a) extraer uno o más parámetros cuyo valor o valores se predicen en la etapa e) para el material cuya identidad se predijo en la etapa d1), se confirmó en la etapa d2b), o se introdujo en la etapa d2b) de una base de datos DB2.

3. El método según la reivindicación 2, en el que la etapa d) comprende además la etapa

d2') proceder con la etapa d3a), cuando la identidad del material de muestra se predice en la etapa d1) con una probabilidad de más del 50%.

4. El método según la reivindicación 2 o 3, en el que la base de datos DB2 contiene información sobre qué parámetros son significativos para el material en cuestión, de modo que sólo el uno o más parámetros que son significativos para el material respectivo se extraen de la base de datos DB2 en la etapa d3a).

5. El método según cualquiera de las reivindicaciones 2 a 4, en el que la etapa d) comprende además la etapa de

d3b) mostrar en el dispositivo de entrada/salida uno o más parámetros obtenidos de la etapa d3a), y

d3c) recibir una selección de los parámetros mostrados en la etapa d3b).

6. El método según cualquiera de las reivindicaciones 1 a 5, en el que la etapa d) es un registro múltiple de espectros, que comprende además i) formar el centroide de todos los espectros registrados en la etapa d) y someter el centroide así obtenido a la etapa e), o ii) predecir los valores para el al menos un parámetro de cada espectro de la etapa d) y formar el valor medio para el al menos un parámetro.

7. El método según cualquiera de las reivindicaciones 1 a 6, en el que la etapa e) comprende además las etapas de

e1.1) extraer un gráfico de calibración y/o una ecuación de calibración para la predicción del valor del al menos un parámetro de una base de datos DB3,

e1.2) leer el valor del al menos un parámetro que coincida con las absorciones en el espectro/espectros o el centroide de la etapa d) del gráfico de calibración de la etapa e1.1), y/o insertar las intensidades de absorción a las respectivas longitudes de onda o números de onda en el espectro/espectros o el centroide de la etapa d) en la ecuación de calibración de la etapa e1.1.), para obtener el valor para el al menos un parámetro, y

e1.3) mostrar el valor para el al menos un parámetro obtenido en la etapa e1.2) como resultado de la etapa f).

8. El método según cualquiera de las reivindicaciones 1 a 7, en el que la etapa e) comprende además la etapa de e2) evaluar el valor predicho para el al menos un parámetro, que comprende las etapas de

e2.1) extraer el valor esperado para el parámetro del material de muestra de la etapa d) de una base de datos DB3,
e2.2) evaluar el material de muestra de la etapa d) como malo si el valor predicho es al menos un porcentaje definido menor que el valor esperado, o como bueno si el valor predicho es al menos un porcentaje definido del valor esperado, y
e2.3) mostrar la evaluación obtenida en la etapa e2.2) como resultado en la etapa f).

9. El método según cualquiera de las reivindicaciones 1 a 8, en el que la etapa f) comprende además la etapa f1) dar una recomendación sobre el almacenamiento y/o procesamiento posterior del material cuya muestra se sometió a la etapa d), que comprende las etapas de

f1.1) extraer detalles sobre la ubicación de almacenamiento y/o el procesamiento posterior de uno o más materiales de una base de datos DB4, en el que dichos materiales tienen la misma o esencialmente la misma identidad que el material de muestra de la etapa d), y/o tienen el mismo o esencialmente el mismo valor para el al menos un parámetro que el material de muestra de la etapa d),
f1.2) clasificar los detalles obtenidos en la etapa f1.1) con los materiales que tienen la mayor similitud en términos de la identidad del material y en términos del valor del al menos un parámetro en la parte superior de la clasificación, y
f1.3) mostrar en el dispositivo de entrada/salida los detalles sobre detalles de almacenamiento y/o procesamiento posterior del material en la parte superior de la clasificación obtenida en la etapa f1.2).

10. El método según cualquiera de las reivindicaciones 1 a 9, en el que la etapa g) depositar detalles sobre el material de la muestra de la etapa d), que comprende las etapas de

g1) recibir en el dispositivo de entrada/salida detalles sobre la ubicación de almacenamiento y/o el procesamiento posterior del material de la muestra de la etapa d),
g2) si es necesario, recibir en el dispositivo de entrada/salida la entrada de un código de identificación o la selección de códigos de identificación para el material de la muestra de la etapa d), y
g3) almacenar en el dispositivo de entrada/salida los detalles recibidos en la etapa g1), la identidad del material y el valor del al menos un parámetro predicho en la etapa e), si es necesario, junto con el código de identificación recibido en la etapa g2).

11. El método según cualquiera de las reivindicaciones 1 a 10, que comprende además la etapa de homogeneizar el material de muestra antes de someterlo a la etapa d).

12. Un sistema para evaluar espectros de una sustancia biológica de origen animal, origen vegetal o una mezcla de las mismas, que comprende

I) un dispositivo de entrada/salida para llevar a cabo las etapas a) a c), d2a), d2b), y f) según la reivindicación 1,
II) al menos un espectrómetro para llevar a cabo la etapa d) según la reivindicación 1, y
III) una unidad de procesamiento adaptada para llevar a cabo las etapas d1) y e) según la reivindicación 1, en el que el dispositivo de entrada/salida, el al menos un espectrómetro, y la unidad de procesamiento forman una red.

13. El sistema según la reivindicación 12, en el que el dispositivo de entrada/salida y/o el al menos un espectrómetro es/son portátil.