

REDES NEURAIIS ARTIFICIAIS E ESPECTROSCOPIA FTIR-ATR APLICADAS EM PERFIS PEPTÍDICOS PARA IDENTIFICAÇÃO DE ORIGEM DE QUEIJO COALHO

Artificial neural networks and FTIR-ATR spectroscopy applied to peptide profiles for identification of the origin of Coalho cheese

Larissa Kauly Rosa SILVA¹, Josane Cardim de JESUS², Rebeca Rodrigues Vieira ONELLI³, Leandro Soares SANTOS⁴, Sibelli Passini Barbosa FERRÃO⁵

RESUMO

O objetivo deste estudo foi utilizar o Infravermelho com Transformada de Fourier-Reflectância Total Atenuada (FTIR-ATR) combinado com as Redes Neurais Artificiais para identificar e classificar a origem de queijos com base no perfil peptídico. Os peptídeos foram extraídos de queijos Coalho coletados de diferentes regiões da Bahia-Brasil, oriundos de sete laticínios distintos. As amostras foram analisadas no equipamento FTIR-ATR e 18 bandas principais foram observadas nos espectros obtidos. Foi aplicada a ferramenta quimiométrica RNA para análise multivariada dos dados. Foram observadas cinco principais regiões espectrais dos peptídeos referentes às amidas A, B, I, II e III, regiões que foram utilizadas para a classificação das amostras. Com a associação do FTIR-ATR ao RNA observou-se uma classificação satisfatória das amostras, principalmente dos peptídeos dos queijos oriundos do Extremo Oeste e Sul, que possuem características edafoclimáticas distintas e apresentaram maior e menor absorção espectroscópica, respectivamente, sendo obtidas taxas de classificação de até 100% na etapa de validação e RMSE=0,0048. Assim, a associação do RNA com o FTIR-ATR podem ser úteis para discriminar queijos Coalho de diferentes origens, além disso, demonstraram ser ferramentas analíticas rápidas e valiosas na diferenciação e na investigação da origem de queijos, podendo ambos serem usados como um método de triagem eficiente para autenticação destes produtos.

Palavras-chave: Quimiometria. Multivariada. Análise proteômica. Infravermelho médio

ABSTRACT: The aim of this study was to use the Infrared with Fourier Transform-Attenuated Total Reflectance (FTIR-ATR) combined with Artificial Neural Networks to identify and classify the origin of cheeses based on the peptide profile. The peptides were extracted from Coalho cheeses collected from different regions of Bahia-Brazil, from seven different dairy products. The samples were analyzed in the FTIR-ATR equipment and 18 main bands were observed in the obtained spectra. The chemometric tool RNA was applied for multivariate analysis of the data. Five main spectral regions of the peptides related to amides A, B, I, II and III were observed, regions that were used for the classification of the samples. With the association of FTIR-ATR with RNA, a satisfactory classification of the samples was observed, mainly of the peptides of cheeses from the Far West and South, which have distinct edaphoclimatic characteristics and presented higher and lower spectroscopic absorption, respectively, with classification rates being obtained up to 100% in the validation step and RMSE = 0.0048. Thus, the association of RNA with FTIR-ATR can be useful to discriminate Coalho cheeses from different origins, in addition, they have proved to be fast and valuable analytical tools in differentiating and investigating the origin of cheeses, both of which can be used as a method of efficient screening for authentication of these products.

Key words: Chemometrics. Multivariate. Proteomic analysis. Mid infrared.

*Autor para correspondência

Recebido para publicação em 20/04/2021; aprovado em 05/06/2021

¹Doutora em Engenharia e Ciência de Alimentos, Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, Itapetinga; +55 77 3261 8653, larissakauly@hotmail.com *

²Doutoranda em Engenharia e Ciência de Alimentos, Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, jo_uesb@yahoo.com.br

³Mestranda em Engenharia e Ciência de Alimentos Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, becaarodrigues@gmail.com

⁴Doutor em Ciência e Tecnologia dos Alimentos, Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, leosoaressantos@yahoo.com.br

⁵Doutora em Ciência dos Alimentos, Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, sibpass@yahoo.com.br

INTRODUÇÃO

A autenticidade e rastreabilidade dos alimentos tem surgido na área da química e ciência dos alimentos como assuntos importantes em relação à segurança, qualidade e tipicidade dos alimentos. Além disso, nos últimos anos, o interesse do consumidor em produtos tradicionais vem crescendo, assim, a identificação da origem geográfica é uma parte essencial de rastreabilidade de alimentos (SANTOS et al., 2017).

O queijo Coalho é um dos mais tradicionais queijos brasileiros conhecidos, fabricado em todo o Nordeste e ocupa uma posição de destaque quando comparado com outros produtos regionais devido a sua aceitabilidade e grande valor comercial (FONTENELE et al., 2017).

A origem do queijo Coalho pode ter relação com as condições edafoclimáticas, com o tipo de matéria-prima utilizada, com o uso de ingredientes e processos específicos, os quais sofrem influência de questões locais e podem atribuir um conjunto de características ao produto que se referem à essência territorial, que determinam o seu *terroir* (JABRI et al., 2020) e podem afetar os teores de gordura, pH e atividade de água do queijo, aspectos que podem influenciar a sua atividade enzimática e gerar peptídeos específicos.

Durante a produção e maturação dos queijos ocorre a degradação da matriz de caseína, que produz uma variedade de peptídeos e aminoácidos livres. A proteólise é o processo bioquímico complexo que, no queijo Coalho, ocorre devido a microbiotas específicas compostas por *Lactobacilos*, *Lactococcus*, *Streptococcus* e *Enterococcus*, agentes proteolíticos endógenos ativos como enzimas (plasminas), coalho (quimosina ou pepsina) ou enzimas liberadas por microorganismos iniciadores. Este processo enzimático é responsável por características organolépticas específicas como sabor levemente ácido, alto teor de umidade, textura macia, pouco elástica, além de dureza e mastigabilidade reduzida e o não derretimento. Além disso, são responsáveis pelo desenvolvimento do sabor e gostos básicos do queijo, devido ao fenômeno de proteólise primária que envolve a formação de peptídeos de alto peso molecular (insolúveis em água) e peptídeos solúveis em água, de menor tamanho (SILVA et al., 2016).

A classificação de queijos de acordo com o perfil de peptídeos tem sido promissor para a verificar marcadores que sejam capazes de auxiliar na verificação da sua autenticidade, tanto por meio do monitoramento do tempo de maturação de queijos, pela detecção de fraudes ou também pela diferenciação dos queijos de acordo com o local de onde foi originado (ANDRADE et al., 2018; GONÇALVES et al., 2016; ROCCHETTI et al., 2018).

A espectroscopia de infravermelho médio é uma técnica experimental interessante para avaliar micropropriedades de alimentos devido a sua alta especificidade, além disso, tem se mostrado uma ferramenta valiosa para a avaliação da conformação de proteínas e com o desenvolvimento do método de infravermelho com Transformada de Fourier – Reflectância Total Atenuada (FTIR-ATR) para aquisição e processamento de dados de forma rápida e confiável, tornou-se mais viável a análise da estrutura secundária de polipeptídeos e proteínas (GLASSFORD et al., 2013).

A espectroscopia FTIR-ATR reflete a medida do comprimento de onda e a intensidade da absorção da radiação infravermelha e dados espectrais refletem as vibrações das unidades estruturais dos polipeptídeos e proteínas, que dão origem às bandas de absorção características, como as regiões das amidas. É uma técnica que apresenta vantagens em relação às técnicas convencionais devido à execução rápida e precisa na obtenção dos resultados, especialmente, quando associada à quimiometria (LEITE et al., 2019).

A quimiometria é uma ferramenta poderosa que transforma dados em informações úteis por meio da redução da complexidade e sumarização dos dados, o que no caso de dados espectrais, que possuem informações químicas complexas, a aplicação da análise multivariada é ainda mais assertiva (MEDINA et al., 2019).

As redes neurais artificiais (RNA) tem sido frequentemente utilizadas em alimentos para fins de classificação e autenticação, a exemplo de queijos Parmegiano-Regiano (CEVOLI et al., 2013), queijos italianos Ossolano (BARILE et al. 2006) e queijos Minas Tradicional (SANTOS et al. 2017) que foram discriminados de acordo com sua origem geográfica usando RNA, com mais de 90% de classificação correta. No entanto, até então, não há nenhum estudo aplicando FTIR-ATR e RNA para determinar a origem de queijo Coalho.

Assim, este estudo trata da aplicação das Redes Neurais Artificiais e da espectroscopia FTIR-ATR em perfis peptídicos para classificar os queijos Coalho para a sua identificação de origem.

MATERIAL E MÉTODOS

Amostras de queijo Coalho foram obtidas de quatro regiões do Estado da Bahia, Brasil: Sul (n=10), Extremo Oeste (n=20), Nordeste (n=10) e Centro Sul (n=30), que apresentam diferentes características climáticas e distintos biomas (IBGE, 1990; Embrapa, 2014). Os queijos foram oriundos de sete laticínios produtores, registrados pela Agência de Defesa Agropecuária da Bahia (ADAB), totalizando 70 unidades experimentais.

As amostras foram coletadas individualmente, transportadas em caixas térmicas e mantidas sob refrigeração a 6 °C por 20 dias consecutivos e no vigésimo dia de refrigeração estas foram congeladas a -20 °C até o momento das análises, para padronização de reações proteolíticas.

A avaliação dos peptídeos ocorreu após a extração dos Peptídeos Solúveis em Água (PSA), a qual foi realizada segundo a metodologia adaptada de Gonçalves et al., (2016). Os peptídeos liofilizados (0,5g) foram submetidos à análise espectroscópica utilizando o espectrômetro Infravermelho com Transformada de Fourier com Reflexão Total Atenuada (FTIR-ATR) Agilent Cary® 630 (Agilent Technologies Inc., Santa Clara, CA, USA) e os espectros foram obtidos sob a faixa do infravermelho médio (4000 cm⁻¹ a 600 cm⁻¹), resolução de 4 cm⁻¹, 64 scans e leitura através do cristal de diamante (20 °C + 2 °C). A leitura foi realizada através do cristal de diamante ATR, sendo obtido o espectro após 30 segundos de análise. As máximas absorbâncias foram utilizadas como variáveis para a análise estatística (SILVA et al., 2020).

Foram desenvolvidas as Redes Neurais Artificiais para a classificação da origem dos queijos. Para a sua aplicação, os dados foram aleatorizados utilizando o algoritmo *Kenard-*

Stone, divididos em dois grupos (70% para o treinamento e 30% para validação), normalizados entre 0 e 1 e aplicadas 500 iterações até a escolha da melhor arquitetura. Foi escolhida a metodologia supervisionada, denominada *perceptrons* de multicamadas e utilizadas conexões “*feed-forward*” com parâmetros variando de -1 a 1. A função de ativação utilizada foi do tipo tangente hiperbólica e o algoritmo de treinamento utilizado foi o *Resilient Propagation*, versão aprimorada do *Backpropagation*, que tornou o processo de convergência mais eficiente e robusto (CONCEIÇÃO et al., 2019).

As redes foram formadas por 18 neurônios de entrada (18 variáveis/18 bandas) e duas camadas ocultas, que variaram de 10 a 50 neurônios. Na camada de saída continham 4 neurônios correspondentes às regiões de origem dos queijos: Sul (A), Extremo Oeste (B), Nordeste (C), Centro Sul (D). A escolha do número de neurônios em cada camada oculta e da rede que apresentou melhor arquitetura foi baseada na minimização da raiz do RMSE (Root Mean Square Errors) e maximização da taxa de classificação ou classificação correta de cada grupo, o que reflete a capacidade da rede de diferenciar e classificar

os grupos (Eq. 1) (SILVA et al., 2020). Foi utilizado o *software* Java Neural Network Simulator, JavaNNS, versão 1.1, para realização dos procedimentos matemáticos e estatísticos necessários.

$$RMSE = \sqrt{\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (x_d - x_p)^2} \quad (1)$$

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Nos espectros obtidos por FTIR-ATR (4000-600 cm^{-1}) dos peptídeos dos queijos Coalho foram observadas cinco regiões principais: amidas A e B (YE et al., 2017), I (GLASSFORD et al., 2013), II (PAX et al., 2019) e III (GOORMAGHTIGH et al., 2006), onde foram identificadas 18 bandas com intensidades distintas de acordo com a origem dos queijos (Figura 1)

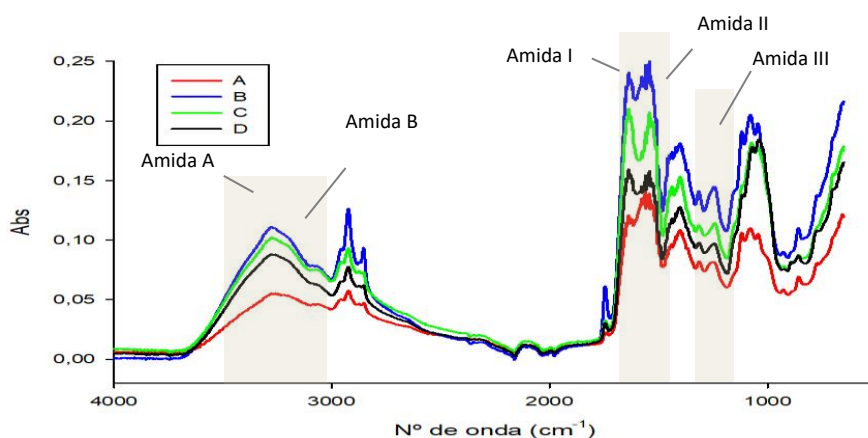


Figura 1 – Espectros brutos obtidos do FTIR-ATR dos Peptídeos Solúveis em Água (PSA) extraídos de queijos Coalho de diferentes origens da Bahia (900 a 3800 cm^{-1}).

O espectro no infravermelho médio reflete a interação da radiação eletromagnética com a matéria, gerando movimentos vibracionais únicos resultantes da absorção de energia das ligações dos grupos funcionais dos peptídeos que correspondem a uma “impressão digital”, cuja intensidade das bandas reflete a quantidade dos mesmos (GLASSFORD et al., 2013).

As proteínas dos queijos e suas frações sofrem degradações, processo denominado de proteólise, que consiste na quebra de sua estrutura tridimensional e, conseqüentemente, em mudanças conformacionais, dando origem a peptídeos de menor massa molecular e aminoácidos livres (SILVA et al., 2016).

O tipo e a quantidade dos peptídeos gerados nos queijos podem variar em decorrência das diferentes condições climáticas de cada região, do solo e da forragem ofertada aos animais que podem levar a variações relacionadas à sua microbiota e às enzimas, naturalmente presentes no leite, ou também, fermentos lácteos adicionadas para coagulação do leite na etapa de produção, o que pode afetar a umidade, acidez e atividade de água (a_w), que influenciam a atividade enzimática, e conseqüentemente, a especificidade e a natureza dos peptídeos, ocasionando diferentes perfis espectroscópicos dos queijos por origem (FONTENELE et al., 2017).

A região do Extremo Oeste apresentou maior absorção espectral (Figura 1) e possui como bioma o cerrado onde há a predominância de clima quente e seco, que influencia na qualidade da forragem ofertada aos animais bem como no leite utilizado para a produção dos queijos, podendo ter relação com maior acidez e atividade de água. Os peptídeos dos queijos do Sul, região litorânea e de mata apresentaram menor absorção espectroscópica, possivelmente, pela influência da menor a_w , e conseqüentemente, menor atividade enzimática devido à baixa disponibilidade de água livre para as reações de quebra das proteínas.

O estudo do comportamento espectral dos peptídeos do queijo implica na avaliação da sua estrutura secundária e dos seus aspectos conformacionais. Na Tabela 1 foram apresentadas as regiões espectrais de absorção dos peptídeos que evidenciaram a discriminação entre as amostras bem como as suas respectivas associações.

A região entre 3030-3500 cm^{-1} , em queijos, corresponde à vibração de hidroxilas (O-H), no entanto, os peptídeos liofilizados originaram as amidas A e B em 3290,35 cm^{-1} e 3068,12 cm^{-1} , respectivamente, relacionadas com as vibrações de estiramento simétrico e assimétrico das ligações de N-H, além disso, ambas as amidas refletem a estrutura secundária

das proteínas e estão correlacionadas com o conteúdo da estrutura α -hélice.

Tabela 1 – Bandas e associações de grupos funcionais e estruturas secundárias das proteínas dos queijos

Número de onda (cm ⁻¹)	Associação	Grupo Funcional	Estrutura Secundária	Referência
3290,35 3068,12	Amida A Amida B	N-H	α -hélice	Goormaghtigh et al., 2006; Ye et al., 2017 Wang et al., 2011;
1654,86; 1647,88; 1636,29; 1629,94; 1618,99	Amida I	C=O C=H	α -hélice: 1654,86 folhas β : 1636,93; 1629,94	Glassford et al., 2013; Pax et al., 2019; Leite et al., 2019; Andrade et al., 2018
1577,99; 1570,77; 1560,99; 1541,89; 1534,90; 1527,91; 1523,95; 1517,89; 1508,81	Amida II	N-H C-N	α -hélice: 1541,89	Goormaghtigh et al., 2006; Pax et al., 2019; Leite et al., 2019;
1320,36, 1240,43	Amida III	C-N	α -hélice: 1320,36 folhas β : 1240,43	Goormaghtigh et al., 2006;

As amidas I e II são as bandas mais proeminentes da espinha dorsal dos peptídeos, consideradas mais sensíveis às variações proteicas e aos componentes estruturais secundários da proteína (YE et al., 2017). A amida I surgiu entre 1654,86-1618,99 cm⁻¹ e se deve, principalmente, às vibrações de estiramento das ligações peptídicas C=O/C=H (PAX et al., 2019). A amida III foi observada em 1320,36 cm⁻¹ e 1240,46 cm⁻¹ e estão associadas às vibrações das ligações do C-N e reflete a estrutura α -hélice dos peptídeos (GOORMAGHTIGH et al., 2006)

Queijos como Cheddar, Gouda, Pecorino e queijo Manteiga (ANDRADE et al., 2018; LEITE et al., 2019) tem

apresentado destaque na avaliação da estrutura secundária das proteínas e, no presente estudo observou-se a separação entre os queijos, sendo aqueles do Sul com estruturas menos helicoidais e com estruturas de folhas β mais reduzida que as demais.

As RNA aplicadas aos dados espectrais do PSA dos queijos permitiram a classificação da autenticidade da origem das amostras (Tabela 2). Os neurônios das camadas intermediárias foram escolhidos baseados nas configurações que apresentaram menores RMSE (treinamento e validação) e maiores percentuais de acertos de classificação, apresentando 50 e 20 neurônios na 1ª e 2ª camada oculta, respectivamente.

Tabela 2 – Arquiteturas de Redes Neurais Artificiais testadas, Root Mean Square Error (RMSE) para validação e taxas de classificação dos PSA dos queijos Coalho de diferentes origens.

NE	Camadas Ocultas		NS	RMSE	Taxas de Classificação (T/V)* (%)			
	1ª	2ª			A	B	C	D
18	30	30	4	0,0721	100 / 100	92,31 / 100	85,71 / 100	90,91 / 100
18	40	10	4	0,1326	85,71 / 100	76,92 / 100	71,43 / 66,67	86,36/88,89
18	40	20	4	0,2328	100 /66,67	92,31 / 100	85,71/ 66,67	90,91 / 88,89
18	40	30	4	0,2241	100 / 100	92,31 / 100	71,43 / 100	95,45 / 100
18	40	40	4	0,2331	85,71 / 100	92,31 / 83,33	85,71 / 66,77	81,82 / 88,89
18	50	40	4	0,0488	100 / 100	100 / 100	85,71 / 100	95,45 / 100
18	50	30	4	0,0707	100/ 100	92,31 / 100	85,71 / 100	81,82 / 100
18	50	20	4	0,0694	100 / 100	92,31 / 100	71,43 / 100	81,82 / 100
18	50	10	4	0,1485	100 / 100	92,31 / 100	85,71 / 66,67	95,45 / 88,89

NE=Neurônios de entrada; NS=Neurônios de saída; *Treinamento/Validação; Mesorregiões A: Sul; B: Extremo Oeste; C: Nordeste; D: Centro Sul

O sucesso do modelo de classificação foi avaliado de diferentes formas: (a) pela capacidade de classificação, de acordo com o percentual de acertos e pela (b) minimização do RMSE. A rede de melhor configuração apresentou um RMSET=0,1153 (treinamento), RMSEV=0,0488 (validação) e 100% de taxa de classificação na etapa de validação para os grupos analisados, com destaque para as amostras da região Sul e Extremo Oeste, as quais apresentaram melhores taxas de classificação, sendo possível observar que esta técnica

viabiliza a separação de sistemas não lineares, com grande complexidade.

O processo de aprendizagem da rede ocorreu de forma efetiva, uma vez que, na fase inicial, o RMSET apresentou-se menor que o RMSEV e ambos reduziram ligeiramente após as primeiras iterações, se tornaram constantes, e ao final o RMSEV tornou-se menor que o RMSET sendo capaz de discriminar corretamente as amostras em seus verdadeiros grupos na etapa de validação

Resultados semelhantes ao presente estudo foram obtidos por Cevoli et al. (2013), que aplicaram RNA para discriminação de queijos Parmigiano-Reggiano com DOP (Denominação de Origem Protegida), em que a técnica mostrou-se eficiente para esta discriminação, obtendo classificação correta entre 95,5% e 96,7% na etapa de validação. A combinação do FTIR-ATR com a RNA também foi aplicada por Guerra et al. (2014) para diferenciar este mesmo tipo de queijo com base nas dietas animais ofertadas, com precisão superior a 93%.

Cevoli et al. (2011) ao aplicar uma rede com 19 neurônios de entrada, 2 a 10 camadas na primeira camada oculta e 3 neurônios de saída, apresentaram valores de RMSE entre 0,024 a 0,028 e 100% de taxa de classificação para os dados de treinamento e validação.

Assim, a combinação das técnicas espectroscópica FTIR-ATR associada às RNAs se mostraram eficiente quanto à classificação dos queijos Coalho. As RNAs apresentam a capacidade de aprendizagem e de melhorar, a cada iteração, o desempenho da rede formada, permitindo a criação de um modelo poderoso baseado em uma análise rápida, o que pode ser vantajoso no controle de qualidade de produtos tradicionais como o queijo Coalho.

CONCLUSÕES

O presente estudo gerou dados importantes para a identificação da origem de queijos Coalho e as RNAs obtiveram boas taxas de classificação na discriminação e classificação das amostras, obtendo baixas taxas de erro, sendo a combinação da espectroscopia no infravermelho médio com a análise quimiométrica ferramentas analíticas rápidas e valiosas na investigação da origem deste produto, podendo ser usado como um método de triagem eficiente.

AGRADECIMENTOS

Os autores agradecem à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) e à Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia (UESB) pela concessão de bolsas de estudo.

REFERÊNCIAS

ANDRADE, J.; PEREIRA, C.G.; RANQUINE, T.; AZARIAS, C.A.; BELL, M.J.V.; ANJOS, V.C. Long-Term Ripening Evaluation of Ewes' Cheeses by Fourier-Transformed Infrared Spectroscopy under Real Industrial Conditions. *Journal Spectroscopy*, v. 2018, p. 1-9, 2018.

BARILE, D.; COISSON, J. D.; ARLORIO, M.; RINALDI, M. Identification of production area of Ossolano Italian cheese with chemometric complex approach. *Food Control*, v. 17, p. 197-206, 2006.

CEVOLI, C.; CERRETANI, L.; GORI, A.; CABONI, M. F.; TOSCHI, T.G.; FABBRI, A. Classification of Pecorino cheeses using electronic nose combined with artificial neural network and comparison with GC-MS analysis of volatile compounds. *Food Chemistry*, v. 129, n. 1315-1319, 2011.

CEVOLI, C.; GORI, A.; NOCETTI, M.; CUIBUS, L.; CABONI, M. F.; FABBRI, A. FT-NIR and FT-MIR

spectroscopy to discriminate competitors, non compliance and compliance grated Parmigiano Reggiano cheese. *Food Research International*, v. 52, p. 214-220, 2013.

CONCEIÇÃO, D.G.; GONÇALVES, B.R.F.; HORA, F.F. FALEIRO, A.F.; SANTOS, L.S.; FERRÃO, S.P.B. Use of FTIR-ATR Spectroscopy Combined with Multivariate Analysis as a Screening Tool to Identify Adulterants in Raw Milk. *Journal of the Brazilian Chemical Society*. v. 30, n. 4, p. 780-785, 2019

FONTENELE, M.A.; BASTOS, M.S.R.; SANTOS, K.M.O.; BEMQUERER M.P.; EGITO, A.S. Peptide profile of Coalho cheese: A contribution for Protected Designation of Origin (PDO). *Food Chemistry*, v. 219, p. 382-39, 2017.

GLASSFORD, S.E.; BYRNE, B.; SERGEI, G.; KAZARIAN A. Recent applications of ATR FTIR spectroscopy and imaging to proteins. *Biochimica et Biophysica Acta*, v.1834, p. 2849-2858, 2013.

GONÇALVES, B.R.F.; SILVA, G.J. PONTES, S.F.O.; FONTAN, R.C.I EGITO, A.S. FERRÃO, S.P.B. Evaluation of the peptide profile with a view to authenticating buffalo mozzarella cheese. *International Journal of Food Science and Technology*, v. 51, p. 1586-1593, 2016.

GOORMAGHTIGH, E.; RUYSSCHAERT, J.; RAUSSENS, V. Evaluation of the Information Content in Infrared Spectra for Protein Secondary Structure Determination. *Biophysical Journal*, v. 90, p. 2946-2957, 2006.

GUERRA, E.; GORI, A.; CEVOLI, C.; LOSI, G.; CABONI, M.F. Lipid fraction of creams collected in the Parmigiano-Reggiano cheese production area in response to extruded linseed supplementation of dairy cows' diets: GC-FID and FT-MIR evaluation. *International Journal of Dairy Technology*, v. 67, n. 4, p. 510-520, 2014.

JABRI, M.; TROSSAT, P.; WOLF, V.; BEUVIER, E.; ROLET-RÉPÉCAUD, O.; GAVOYE, S.; GAÜZÈRE, Y.; BELYSHEVA, O.; GAUDILLIÈRE, N.; NOTZ, E.; GROSPERRIN, P.; LAITHIER, C.; DELACROIX-BUCHET A. Mid-infrared spectrometry prediction of the cheese-making properties of raw Montbéliarde milks from herds and cheese dairy vats used for the production of Protected Designation of Origin and Protected Geographical Indication cheeses in Franche-Comté. *Journal of Dairy Science*, v. 103, n. 7, p. 5992-6002, 2020.

LEITE, A.I.N.; PEREIRA, C.G.; ANDRADE, A.; VICENTINIC, N.M.; BELLA, M.J.V. FTIR-ATR spectroscopy as a tool for the rapid detection of adulterations in butter cheeses. *LWT - Food Science and Technology*, v. 109, p. 63-69, 2019.

MEDINA, S.; PERESTRELO, R.; SILVA, P.; PEREIRA, J.A.M.; CÂMARA, J. S. Current trends and recent advances on food authenticity technologies and chemometric approaches. *Trends in Food Science & Technology*, v. 85, p. 163-176, 2019

PAX, A.P.; ONG, L.; VONGSVIVUTC, J.; TOBINC, M.J.; KENTISHA, S.E.; GRASA, S. L. The characterisation of

- Mozzarella cheese microstructure using high resolution synchrotron transmission and ATR-FTIR microspectroscopy, *Food Chemistry* v. 291, p. 214–222, 2019
- ROCCHETTI, G.; LUCINI, L.; GALLO, A.; MASOERO, F.; TREVISAN, M.; GIUBERTI, G. Untargeted metabolomics reveals differences in chemical fingerprints between PDO and non-PDO Grana Padano cheeses. *Food Research International*, v. 113, p. 407–413, 2018.
- SANTOS, L.S.; CARDOZO, R.M.D.; NUNES, N.M.; INÁCIO, A.B.; PIRES, A.C.S.; PINTO, M.S. Easy classification of traditional Minas cheeses using artificial neural networks and discriminant analysis. *International Journal of Dairy Technology*, v. 70, p 1-7, 2017.
- SILVA, L.K.R.; GONÇALVES, B.R.F.; HORA, F.F.; SANTOS, L.S.; FERRÃO, SPB. Spectroscopy Method (FTIR-ATR) and chemometric tools to detect cow's milk addition to buffalo's milk. *Revista Mexicana de Ingeniería Química* 19:11-20 (2020).
- SILVA, R.A.; BEZERRA, V.S.; PIMENTEL, M.C.B.; PORTO, A.L.F.; CAVALCANTI, M.T.H.; FILHO, J.L.L. Proteomic and peptidomic profiling of Brazilian artisanal 'Coalho' cheese. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, v. 96, p. 4337–4344, 2016.
- WANG, C.; JIANGA, L.; WEIA, D.; LI, Y.; SUIA, X.; WANG, Z.; LIA, D. Effect of Secondary Structure determined by FTIR Spectra on Surface Hydrophobicity of Soybean Protein Isolate. *Procedia Engineering*, v. 15, p. 4819-4827, 2011
- YE, M.P.; ZHOU, R.; SHI, Y.R.; CHEN, H.C.; DU, Y. Effects of heating on the secondary structure of proteins in milk powders using mid-infrared spectroscopy. *Journal Dairy Science*, v. 100, p.89–95, 2017.