

Implementación de una técnica quimiométrica rápida empleando NIRS para la predicción de propiedades bromatológicas en larva de mosca soldado negra

Julián Esteban Martínez León

Juan Diego Hernández Franco

Trabajo de Grado para Optar al Título de Ingeniero Químico

Director

Luis Javier López Giraldo

Ph.D en Química, bioquímica y ciencia de los alimentos

Codirector

Arley René Villamizar Jaimes

MSc en Ciencias y Tecnologías Ambientales

Tutor

Andrés A. Camargo Parra

Biólogo

Universidad Industrial de Santander

Facultad de Ingenierías Fisicoquímicas

Escuela de Ingeniería Química

Ingeniería Química

Bucaramanga

2025

Dedicatoria

En primer lugar, a Dios, al Espíritu Santo y a la Virgen de Guadalupe por bendecirme cada día de mi vida.

A mi papá, Gerardo, por enseñarme que un ingeniero no es solo un título, sino que es una persona llena de ingenio. A mi mamá, Janeth, por enseñarme que con esfuerzo se cumplen los sueños; como ella dice: “No es por qué, sino para qué”. A mi hermana y mi sobrino, Xiomara y Juan Martín, por enseñarme que Dios solo nos pone ante situaciones las cuales Él sabe que seremos capaces de superar.

A Melissa por enseñarme que no se puede dejar todo ante la primera dificultad, y que, con amor, esfuerzo y disposición, siempre hay solución para todo. A mis amigos y compañeros de la carrera, en especial a Juanfer, Juanma, Julest, Henry, por siempre estar dispuestos para una risa, estudio, café o receso durante este proceso.

Y por último a la Universidad Industrial de Santander, por brindarme siempre las herramientas para cada uno de mis logros.

Juan Diego Hernández Franco

A mi papá Florencio, que siempre estuvo dispuesto a darme todo lo necesario para mi educación y por siempre proveer todo lo que necesité para llegar hasta donde estoy. A mi mamá Teresa, por apoyarme siempre y estar pendiente de mí, cuidándome y dándome ánimos en todo momento, incluso en los momentos más difíciles. A mi hermana Katherine, por siempre estar presente para guiarme en mi camino, y siempre quererme ayudar en cuanto piedra en el camino encontré. A mi hermano Sergio, por ser ese ejemplo que he tenido a lo largo de mi vida, siendo siempre la persona que he admirado y que ha sido un apoyo incondicional en todo lo que me he propuesto. A mis tías Nelly y Gricelda, quienes han sido siempre mis otras madres, que nunca dudaron en cuidar de mí y enseñarme todo lo que necesitaba para mi vida.

A Fernando, quien me ayudo a cambiar mi forma de ver la carrera, y quien fue el antes y después en lo que sería mi trayectoria académica. Al profesor Arley, por ser ese guía permanente en este proyecto, y que también, me enseñó la importancia de la investigación. A los amigos que hice durante mi carrera, María Paula, Valentina M., Valentina B., Melissa, Derly, Rosa, Sofia, Leonardo, Daiana y Emmanuel; con quienes no solo compartí buenos momentos, sino que además aprendí de los tantos valores que los caracterizan y que han aportado a la persona que soy hoy.

Finalmente quiero agradecer a Henry, Juan Manuel, Juan Diego, Juanfer y Mateo; quienes fueron los mejores amigos que pude encontrarme en el camino, y también, las personas que más he admirado a lo largo de mi carrera, con quienes no solo compartí gratos momentos de felicidad, si no que fueron ese apoyo constante y los mejores compañeros de estudio, estos años no hubiesen sido lo mismo sin ustedes.

Julián Esteban Martínez León

Agradecimientos

A la Universidad Industrial de Santander, por ser nuestra casa de estudio y brindarnos todo lo necesario para nuestro desarrollo profesional, académico y personal.

A la Escuela de Ingeniería Química, por su compromiso y dedicación con nuestra formación académica y por el continuo respaldo de sus docentes y administrativos, quienes han sido un pilar fundamental en nuestra trayectoria académica.

Al grupo de investigación CICTA y al semillero AICT, por abrirnos las puertas a la investigación científica y por fortalecer nuestra pasión por la ciencia de alimentos.

Al laboratorio de servicios CICTA, especialmente a Astrid, Fabian, Jefferson, Liz y Dianita; por siempre estar dispuestos a enseñarnos, siendo así un gran apoyo en el desarrollo de este proyecto.

A los profesores Luis Javier y Arley, por ser nuestros guías en este proyecto; siempre apoyándonos y dándonos consejo en todo momento, y siendo esas personas que nos inculcaron pasión por la investigación y la ciencia.

Tabla de Contenido

	Pág.
Introducción	14
1. Objetivos	16
1.1 Objetivo General	16
1.2 Objetivo Especifico	16
2. Marco Conceptual	17
2.1 Larva de mosca soldado negra	17
2.2 Análisis bromatológico.....	18
2.3 Espectroscopia de infrarrojo cercano	19
2.4 Espectrometría NIR.....	20
2.4.1 <i>Espectrómetro NIR</i>	20
2.4.2 <i>Modos de Medición</i>	20
2.5 Análisis Multivariable	21
2.5.1 <i>PLSR y Validación Cruzada</i>	21
3. Estado del arte	22
4. Metodología	25
4.1 Desarrollo de la calibración del equipo.....	26
4.1.1 <i>Análisis bromatológico</i>	26
4.1.2 <i>Toma de espectros</i>	27
4.1.3 <i>Desarrollo modelos de calibración sin pretratamiento</i>	28
4.2 Desarrollo de los modelos de calibración con pretratamiento de espectros	29
4.2.1 <i>Pretratamiento de espectros</i>	29

4.2.2	<i>Regresión de mínimos cuadrados parciales</i>	29
4.3	Evaluación del desempeño de modelos de calibración	30
4.3.1	<i>Validación de resultados mediante figuras de mérito</i>	30
4.3.1.1	Validación Cruzada.....	31
4.3.1.2	SEC (Error Estándar de Calibración)	32
4.3.1.3	SECV (Error Estándar de Validación Cruzada).	32
4.3.1.4	SEP (error estándar de predicción).....	33
4.3.1.5	Bias (sesgo)	33
4.3.1.6	Coeficiente de determinación (R^2).	33
4.3.1.7	Razón entre el Rendimiento y la Desviación (RPD).....	34
5.	Resultados y Análisis	35
5.1	Set de calibración y predicción	35
5.2	Variables Latentes	35
5.3	Modelos de calibración sin pretratamiento.....	36
5.3.1	<i>Gráficas de estimados</i>	36
5.3.2	<i>Contribuciones</i>	37
5.4	Modelos de calibración con pretratamiento	38
5.4.1	<i>Bandas de absorción características</i>	38
5.4.2	<i>Gráfica de Estimados</i>	39
5.5	Desempeño de los modelos	40
5.5.1	<i>Predicción</i>	40
5.5.2	<i>Validación mediante figuras de mérito</i>	42
6.	Conclusiones	48

PREDICCIÓN BROMATOLÓGICA DE LARVA DE MOSCA SOLDADO POR NIRS 7

7.	Recomendaciones	49
	Referencias bibliográficas	50
	Apéndices	58

Lista de Tablas

	Pág.
Tabla 1 <i>Métodos para la realización del análisis bromatológico</i>	27
Tabla 2 <i>Estadísticos descriptivos de las propiedades bromatológicas del set de calibración y de predicción</i>	35
Tabla 3 <i>Figuras de mérito para calibración y validación cruzada</i>	43
Tabla 4 <i>Figuras de mérito para predicción</i>	44

Lista de Figuras

	Pág.
Figura 1 <i>Bandas de absorción de cada grupo funcional a lo largo de los diferentes sobretonos del espectro NIR.....</i>	19
Figura 2 <i>Metodología.....</i>	26
Figura 3 <i>Larva de mosca soldado antes y después de la trituración</i>	27
Figura 4 <i>Esquema matriz de datos para la construcción de los modelos</i>	28
Figura 5 <i>Espectros de las muestras del set de calibración</i>	29
Figura 6 <i>Método de validación cruzada K-folds.....</i>	31
Figura 7 <i>Criterio de elección número de variables latentes.</i>	36
Figura 8 <i>Gráfica de estimados de los modelos de calibración sin pretratamiento</i>	37
Figura 9 <i>Contribuciones de cada longitud de onda para el modelo de proteína sin pretratamientos</i>	38
Figura 10 <i>Espectros NIR con la asignación de las bandas características de cada propiedad bromatológica</i>	39
Figura 11 <i>Gráfica de estimados de los modelos de calibración con pretratamiento.....</i>	40
Figura 12 <i>Gráfica de residuales para modelos con y sin pretratamiento.</i>	42
Figura 13 <i>Razón entre el rendimiento y la desviación de validación cruzada para cada modelo.....</i>	43
Figura 14 <i>Razón entre el rendimiento y la desviación de predicción para cada modelo.</i>	45

Lista de Apéndices

Apéndice A. Contribuciones de cada longitud de onda para los modelos de grasa, humedad y fibra sin pretratamiento	58
Apéndice B. Bandas de absorción características de las proteínas, grasas, humedad y fibra en el espectro NIR.....	58
Apéndice C. Valores de referencia del set de calibración	59
Apéndice D. Valores del set de predicción	61
Apéndice E. Cálculo de proteína para los valores de referencia	62
Apéndice F. Cálculo de grasa para los valores de referencia.....	63
Apéndice G. Cálculo de humedad para los valores de referencia	64
Apéndice H. Cálculo de fibra para los valores de referencia	66

Glosario

BSFL: *Black Soldier Fly Larvae* (larva de mosca soldado negra)

NIRS: *Near Infrared Spectroscopy* (espectroscopia del infrarrojo cercano)

PLSR: *Partial Least Squares Regression* (regresión por mínimos cuadrados parciales)

RPD: *Ratio of Performance to Deviation* (razón entre el rendimiento y la desviación)

SD: *Standard Deviation* (desviación estándar)

SEC: *Standard Error of Calibration* (error estándar de calibración)

SECV: *Standard Error of Cross Validation* (error estándar de validación cruzada)

SEP: *Standard Error of Prediction* (error estándar de predicción)

SNVT: *Standard Normal Variate Transformation* (transformación a variable normal estándar)

VL: *Variable Latente*

Resumen

Título: Implementación de una técnica quimiométrica rápida empleando NIRS para la predicción de propiedades bromatológicas en larva de mosca soldado negra*

Autores: Julián Esteban Martínez León, Juan Diego Hernández Franco**

Palabras Clave: Larva de mosca soldado negra, NIRS, Propiedades bromatológicas,

Quimiometría, Figuras de mérito.

Descripción: La larva de mosca soldado negra (*Hermetia illucens*) es un insecto que ha despertado interés en los últimos años, debido a su alto contenido de proteína y por su increíble capacidad de bioconversión. En la industria alimentaria, esta larva tiene que pasar por control de calidad cuantificando los diferentes macronutrientes que la componen, para esto se emplea el análisis bromatológico por química húmeda, el cual trae consigo el uso de métodos de análisis demandantes de tiempo y recursos químicos nocivos para la salud y el medio ambiente. De esta forma, este trabajo tiene como objetivo desarrollar un método de predicción de macronutrientes por medio de espectroscopia de infrarrojo cercano (NIRS) en larva de mosca soldado negra, técnica que se caracteriza por ser rápida y amigable con el medio ambiente.

La metodología se divide en tres partes: calibración de modelos con y sin pretratamiento; predicción de los macronutrientes y evaluación de desempeño de los modelos. Los resultados de este estudio mostraron errores de calibración y validación cruzada (SEC y SECV) menores a 1% para todos los modelos; así mismo, mostraron coeficientes de determinación (R^2) cercanos a 0.9, indicando que la calibración de los modelos fue buena. Al estudiar la capacidad predictiva de los modelos se obtuvieron errores de predicción (SEP) menores al 3% y razón entre el rendimiento y la desviación (RPDp) para los modelos de proteína excelentes ($RPDp > 3$), con capacidad de predicción cuantitativa aproximada para humedad y grasa ($2 < RPDp < 2.5$), y modelos de predicción poco fiables para fibra ($RPDp < 1.5$).

De lo anterior se concluyó que de los diferentes modelos estudiados el único con predicción precisa es proteína. En contraste, los otros modelos calibrados de grasa, humedad y fibra presentaron deficiencia debido a la falta de información espectral importante fuera del rango de infrarrojo trabajado. Por lo que es recomendable realizar modelos que cubran la mayor parte del espectro NIR para tener mejores resultados.

* Trabajo de Grado

** Facultad de Ingenierías Físicoquímicas. Escuela de Ingeniería Química. Programa académico. Director: Luis Javier López Giraldo. Ph.D in en Química, bioquímica y ciencia de los alimentos. Codirector: Arley René Villamizar Jaimes. MSc en Ciencias y Tecnologías Ambientales Tutor: Andrés A. Camargo. Biólogo

Abstract

Title: Implementation of a rapid chemometric method using NIRS for the prediction of bromatological properties in black soldier fly larvae *

Author(s): Julián Esteban Martínez León, Juan Diego Hernández Franco **

Key Words: Black soldier fly larvae, NIRS, bromatological properties, chemometrics, figures of merit.

Description: The black soldier fly larvae (*Hermetia illucens*) has been an important insect in recent years, due to its high protein content and its amazing bioconversion capacity, being helpful in the treatment of organic waste. In food industry, this larva must have quality control, through the quantification of its different macronutrients that compose it, for this is used in bromatological analysis through wet chemistry, which uses analytical methods that demand time and harmful resources for the environment. In this way, this research has the objective of develop a predictive method of bromatological properties by near infrared spectroscopy (NIRS) in black soldier fly larvae, being a fast technique and eco-friendly.

The methodology is divided into three parts: model calibration with and without pretreatment, prediction of macronutrients and performance evaluation of models. The results of this research showed calibration and cross validation errors (SEC, SECV) less than 1% for all the models and determination coefficients (R^2) greater than 0.9, indicating that the calibration of the models was good. At the time of study, the model's predictive capability got low predictive errors (SEP) less than 3% and ratio of performance to deviation (RPD) for the protein models excellent ($RPD > 3$), with good approximate quantitative prediction for moisture and fat ($2 < RPD < 2.5$) and low reliable predictive models for fiber ($RPD < 1.5$).

From the last part, the conclusion is that, from the different models studied, only the protein ones have an accurate prediction. However, the models for fat, moisture and fiber had difficulties due to the lack of significant spectral information outside the working infrared range. Therefore, it is advisable to create models that cover most of the NIR spectrum to achieve better results.

*Bachelor thesis

** Faculty of Physicochemical Engineering, School of Chemical Engineering. Director: Luis Javier López Giraldo. PhD in Chemistry, Biochemistry, and food science. Co-Director: Arley René Villamizar Jaimes. MSc in Environmental Sciences and Technologies. Tutor: Andres A. Camargo. Biologist

Introducción

La demanda global de proteína de origen animal ha aumentado en los últimos años, hasta el punto de que se estima que para el año 2050 crezca entre un 75% y un 145% (Moran & Blair, 2021). Como solución a esta problemática se ha planteado la alimentación mediante insectos, la cual se ha venido estudiando en los últimos años. La larva de mosca soldado negra (BSFL por sus siglas en inglés) se muestra como una alternativa viable, y actualmente es objeto de estudio debido a su alto contenido en proteína, grasa y fibra (Alagappan, Dong, et al., 2025). Esto último ha hecho que la BSFL sea de interés en la industria pecuaria para emplearse como suplemento alimenticio en dieta animal; además, de plantearse como una opción en la alimentación humana; sin embargo, esta última opción aún no se implementa debido al rechazo cultural y social de la entomofagia (Lu et al., 2022).

Por otra parte, se ha presentado un crecimiento en el número de empresas que producen la BSFL como su producto principal; por ejemplo para el año 2022 se reportó un total de 65 empresas dedicadas a la producción de BSFL alrededor del mundo, la mayoría siendo fundadas apenas en el 2018; además, el mercado de la proteína de insecto se percibe como una inversión favorable, puesto que se estima que para el año 2030 este mercado tenga un valor de 8 mil millones de dólares (Bermúdez-Serrano et al., 2023).

Otra ventaja importante que ofrecen las BSFL es su capacidad de tratar una diversidad de residuos orgánicos con una alta bioconversión (Gold et al., 2020). Esto último es de gran interés desde los puntos de vista de economía circular y reducción del impacto ambiental, puesto que en la actualidad existen una gran cantidad de residuos; por ejemplo, se tiene que anualmente se desperdicia un tercio de los alimentos destinados a consumo humano, representando 1300 millones

de toneladas anuales (Fischer & Romano, 2021), de las cuales 9.7 millones fueron generadas en el territorio colombiano (Ladino, 2023).

Para la caracterización de la composición de la BSFL es necesario realizar un análisis bromatológico, el cual consiste en la cuantificación de los macronutrientes proteínas, carbohidratos y lípidos; además del contenido de agua, fibra, entre otros (Lloyd, 2024). Por lo general, se emplean técnicas gravimétricas y volumétricas para el desarrollo de este análisis, las cuales usan sustancias químicas de naturaleza tóxica o corrosiva tales como H_2SO_4 , NaOH , C_6H_{14} y H_3BO_3 , generando residuos con un alto impacto ambiental (Sase, 2023). Además, ese tipo de análisis requiere de uno a dos días para generar resultados, siendo un tiempo extenso y que genera demoras en la entrega de resultados por parte de los laboratorios que ofrecen este tipo de servicios.

Una alternativa a las técnicas tradicionales para realizar el análisis bromatológico es emplear la espectroscopia del infrarrojo cercano (NIRS por sus siglas en inglés), la cual se caracteriza por ser una técnica no destructiva, de alta velocidad, con capacidad para calcular distintos parámetros simultáneamente y por tener una huella ambiental despreciable (Czaja & Engelsen, 2025). Sin embargo, a pesar de sus virtudes, previamente se debe construir una ecuación que emplea como variable la absorbancia obtenida en el espectro NIR para cuantificar la composición de los macronutrientes. Esta ecuación es más conocida como “modelo de calibración” y debe ser evaluada mediante distintos elementos estadísticos llamados “figuras de mérito” para conocer su desempeño.

Dado lo anterior, el presente documento busca implementar una técnica quimiométrica empleando NIR para predecir la composición bromatológica de BSFL producidas en el departamento de Santander, Colombia.

1. Objetivos

1.1 Objetivo General

Desarrollar un método de predicción de propiedades bromatológicas por medio de Espectroscopia de Infrarrojo cercano (NIRS) en larva de mosca soldado negra.

1.2 Objetivo Especifico

Realizar modelos de calibración por medio de Espectroscopia de Infrarrojo cercano (NIRS) en larva de mosca soldado negra para la determinación de proteína, grasa, humedad y fibra.

Predecir la composición bromatológica de larva de mosca soldado usando espectroscopia de infrarrojo cercano.

Evaluar el desempeño de la calibración y predicción de los modelos mediante diferentes figuras de mérito.

2. Marco Conceptual

2.1 Larva de mosca soldado negra

La larva de mosca soldado negra (*Hermetia illucens* L.; *Diptera: Stratiomyidae*) es un díptero perteneciente a la familia *Stratiomyidae*, originario de regiones tropicales, subtropicales y templadas del continente americano. Esta especie presenta un rango óptimo de desarrollo entre los 25 y 30 °C, siendo incapaz de sobrevivir a temperaturas inferiores a los 5 °C. Gracias a su capacidad de adaptación a diversas condiciones de humedad, luz y temperatura, ha logrado establecerse en diferentes países tales como Australia e India, y expandirse a los continentes de Europa y África, principalmente como resultado de su dispersión facilitada por actividades humanas (Bermúdez-Serrano et al., 2023).

Este insecto es capaz de procesar diferentes tipos de residuos orgánicos como lo son aquellos provenientes de la cocina, residuos de frutas y vegetales; y residuos agrícolas para producir biomasa larvaria (Lu et al., 2022). Este insecto es de una especie polífaga y en su proceso digestivo existen altos niveles de amilasa, lipasa y proteasa los cuales hacen que esta larva convierta estos biorresiduos en una fuente de nutrientes de alta calidad para la alimentación animal. (Barragan-Fonseca et al., 2017).

Este proceso de bioconversión tiene una duración de alrededor de 15 días durante los cuales la larva se alimenta comiendo el doble de su propio peso cada día (*Producción de larvas de mosca soldado negra*, s. f.), de esta forma la larva necesita de entre 4.5 a 10 kg de residuos orgánicos para producir 1 kg de biomasa larvaria; siendo ésta una de las mejores tasas de bioconversión de la actualidad ((Rehman et al., 2023). De este proceso se obtiene un subproducto, el cual se compone de los excrementos producidos por la larva, los exoesqueletos de éstas y materia orgánica residual

de la alimentación de las larvas. Este subproducto comúnmente recibe el nombre de “Frass” y se emplea como aditivo de los suelos de cultivo para mejorar su calidad, fertilidad y estructura.

2.2 Análisis bromatológico

Este análisis cuantifica una diversidad de macronutrientes, siendo entre los más comunes el contenido de proteína, grasa, fibra cruda, humedad y ceniza; sin embargo, también se pueden cuantificar micronutrientes como las vitaminas y minerales (Lloyd, 2024).

Las proteínas son moléculas complejas formadas por cadenas lineales de aminoácidos unidos por enlaces peptídicos compuestas de carbono, hidrógeno, oxígeno, nitrógeno y algunas veces de azufre. La proteína es empleada principalmente por los organismos para estructura, función y regulación de los tejidos y órganos del cuerpo (*Protein*, s. f.).

Por otra parte, la grasa o lípidos son compuestos orgánicos insolubles en agua que tienen diferentes funciones entre las que se encuentran almacenar energía y mejoramiento de la absorción de los nutrientes en el proceso digestivo (TECNAL, s. f.).

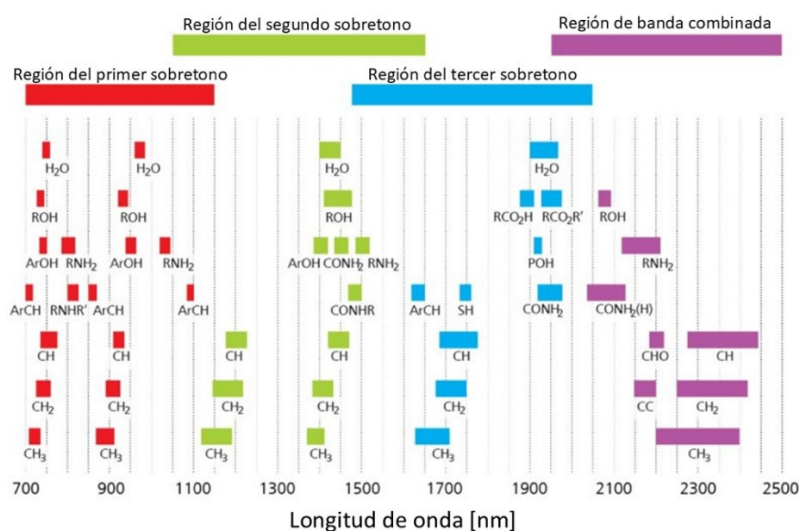
Finalmente, la fibra cruda se define como todas aquellas sustancias orgánicas no nitrogenadas que tras hidrólisis sucesivas en medios ácidos y alcalinos no se disuelven. La fibra cruda está compuesta principalmente por celulosa, siendo alrededor de un 90% de la composición ésta; hemicelulosa y lignina (García Ochoa et al., 2008).

La composición bromatológica de la larva puede variar según la alimentación que se le proporcione, sin embargo, la BSFL tiene contenidos de proteína en base seca en un rango de 30%-60%, una composición de grasa en base seca del 10%-41%, fibra cruda entre 6%-12% y finalmente, una humedad de 9%-12% (Barragan-Fonseca et al., 2017; Bessa et al., 2020; Chia et al., 2020; X. Li et al., 2021).

2.3 Espectroscopia de infrarrojo cercano

La espectroscopia del infrarrojo cercano es una técnica que utiliza la región infrarroja del espectro electromagnético, la cual generalmente se define entre los 800 y los 2500 nanómetros, para analizar la interacción entre la luz y la materia (Veselin, 2022). Los espectros de absorción, emisión y reflexión en el rango infrarrojo resultan de cambios energéticos que se producen por la transición entre estados energéticos. La espectroscopia infrarroja está vinculada con la energía vibracional de los enlaces químicos, los cuales absorben energía infrarroja porque es del mismo orden de magnitud de la brecha de energía entre los niveles de vibración. El espectro infrarrojo se divide en tres partes, el infrarrojo lejano, medio y cercano. En el infrarrojo medio ocurre la frecuencia fundamental, la cual es la frecuencia más baja de una forma de onda periódica y sirve como frecuencia base de la que se derivan los armónicos superiores. Mientras que en el infrarrojo cercano se ven los sobretonos, que son cualquier frecuencia resonante por arriba de la frecuencia fundamental del sistema (Ver figura 1).

Figura 1 Bandas de absorción de cada grupo funcional a lo largo de los diferentes sobretonos del espectro NIR



Tomado y adaptado de: <https://metrohm.scene7.com/is/image/metrohm/overtones?qlt=85&wid=800&ts=1701780284320&dpr=off>

2.4 Espectrometría NIR

La espectrometría consiste en medir cómo interactúan la luz y la materia, incluyendo las reacciones que ocurren y la medición de la intensidad y longitud de onda de la radiación. Es una técnica utilizada para analizar y estudiar un espectro determinado (ATA Scientific, 2020).

2.4.1 Espectrómetro NIR

Los espectrómetros del NIR son equipos con una complejidad baja los cuales se encargan de medir la interacción de la luz y la materia en la región del infrarrojo cercano del espectro electromagnético. Dependiendo de su estructura química y física, las moléculas de una muestra absorben y reflejan la luz de forma distinta. Al analizar la intensidad de la luz en diversas longitudes de onda, un espectrómetro NIR puede producir un perfil espectral de absorbancia el cual es como la “huella digital” característica de la muestra. De esta manera el espectrómetro tiene diferentes modos de medición tales como reflectancia difusa, transmisión y transflectancia (Metrohm, s. f.).

La absorbancia es un concepto en el campo de la espectroscopía en la química analítica, es la medida de la cantidad de luz que una sustancia absorbe cuando la luz la atraviesa, y se expresa como el logaritmo de la relación entre la intensidad saliente y entrante. La absorbancia de una sustancia está determinada por su concentración, la longitud del recorrido de la luz a través del material y de la longitud de onda específica de la luz utilizada (Stanford Advanced Materials, s. f.)

2.4.2 Modos de Medición

El modo de medición empleado para sólidos es la reflectancia difusa. En este modo de medición la luz se dispersa en varias direcciones al interactuar con la superficie de la muestra. Esta técnica es ventajosa para muestras heterogéneas, opacas o no translúcidas como lo son sólidos molidos o en polvo, y también se usa para el análisis de superficies de polímeros y recubrimientos.

Entre sus aplicaciones se encuentra el análisis de suelos y evaluación de la calidad de los alimentos (Korayem, 2024). En este modo la luz interactúa con la muestra, se refracta y se refleja de manera difusa en el sensor (BUCHI, s. f.). Por otro lado, existen otros dos modos de medición, transmitancia y transflectancia, en la cual la luz incidente atraviesa la muestra, siendo empleados en matrices líquidas que sean translúcidas u opacas.

2.5 Análisis Multivariable

Para la generación de un modelo de calibración que permita la predicción de la composición de las sustancias presentes en una muestra mediante NIRS es necesario emplear análisis multivariable; además, estos modelos deben ser validados mediante distintos estadísticos conocidos como figuras de mérito.

Sin embargo, antes de aplicar este tipo de análisis generalmente se realizan distintos pretratamientos a los datos espectrales obtenidos para mejorar la calidad de los modelos generados mediante la disminución del ruido de los espectros, el suavizado de los datos y la normalización para facilitar la comparación de espectros (*ASTM E1655-05*, 2012). La segunda derivada de Savitzky–Golay estima la curvatura de los datos, lo cual resulta especialmente útil cuando se busca preservar la forma y las características de la señal, como picos y puntos de inflexión, ayudando a reducir el ruido de la señal. Por otra parte, la transformación de variables normales estándar (SNVT) centra los espectros y los escala dividiéndolos por su desviación estándar, lo que ayuda a reducir los efectos multiplicativos de la dispersión y el tamaño de partícula, así como las diferencias en las intensidades globales de las señales (Zeaiter & Rutledge, s. f.).

2.5.1 PLSR y Validación Cruzada

La regresión de mínimos cuadrados parciales PLSR, por sus siglas en inglés, es un método para la construcción de modelos de predicción que combina el análisis por mínimos cuadrados

parciales (PLS) y la regresión lineal múltiple (MLR), formando variables latentes que capturan la mayor parte de la información en X para predecir Y (Yi et al., 2025; Alin, 2009). Una variable latente no es una variable directamente medida, estas variables son combinaciones lineales derivadas de las variables originales de predicción. Estas variables ayudan a reducir la dimensionalidad de la información, capturando la mayoría de la varianza explicada por las variables originales en un menor set de componentes (variables latentes), y maximizando la covarianza entre estas variables con las variables de respuesta (Y) (Greene, s. f.; B. Li et al., 2002).

Generalmente este método viene acompañado con una técnica de evaluación del rendimiento de modelos predictivos llamada validación cruzada o *cross validation (CV)*, el cual consiste en tratar un conjunto de muestras como un sub-bloque de validación, utilizando las demás muestras como sub-bloque de entrenamiento. Este bloque de entrenamiento genera un modelo que se emplea para predecir el sub-bloque de validación, esto se hace varias veces alternando las muestras que componen cada sub-bloque.

Parte de la evaluación de las calibraciones mediante PLSR se realiza mediante figuras de mérito. Una figura de mérito es un valor que se emplea para evaluar el desempeño de un dispositivo, sistema o método en comparación con otras opciones. En ingeniería, suele utilizarse para valorar la idoneidad de ciertos materiales o dispositivos en aplicaciones específicas. En calibración analítica, las figuras de mérito permiten comparar distintas metodologías analíticas y determinar capacidades específicas como la de detección, especialmente relevantes en química analítica (Olivieri & Escandar, 2014).

3. Estado del arte

Varios estudios han encontrado que la técnica analítica NIRS ha sido implementada con diferentes fines en diversos campos. Uno de estos es la determinación del perfil de ácidos grasos

en leche de cabra en donde se concluyó que la técnica NIRS es un método analítico rápido, fiable y eficaz para proporcionar información nutricional de muestras de leche, donde las mejores calibraciones obtuvieron coeficientes de determinación (R^2) por encima de 0.7 y una relación de rendimiento a desviación respecto al error de predicción (RPD) cercano o mayor a 2 (Núñez-Sánchez et al., 2016). También, este tipo de espectrometría ha sido usada para conocer el perfil nutricional de diferentes especies botánicas tales como el mijo perla y la hierba de elefante. En el primer estudio, se concluyó que los modelos NIR permiten evaluar de forma no destructiva la calidad nutricional del mijo perla, siendo los resultados útiles en la mejora genética y la industria alimentaria; además, este estudio presenta por primera vez modelos de regresión MPLS eficaces, obteniendo RPD mayores a 2.5 y SEP menor a 1% empleando todo el rango NIR (800 – 2500 nm) para predecir componentes como concentración de almidón, proteínas, aceites y fibras en harina de mijo perla (Tomar et al., 2021). En el caso de la hierba de elefante es importante destacar que la medición para estimar los parámetros nutricionales de esta matriz estuvo dentro del rango de 1100 nm hasta 2500 nm, a diferencia del rango trabajado por *Tomar et al.* De igual manera en este segundo estudio se concluyó que la espectroscopia NIR es capaz de predecir de forma confiable (errores menores a 1 para SEC, SECV y SEP; y RPD mayor a 2.5) la concentración de proteína cruda y ceniza; mientras que los resultados fueron razonables (errores menores a 0.5 para SEC, SECV y SEP; y RPD igual a 2.0) para proteína insoluble en detergente neutro y ácido (Fernández-Cabanás et al., 2023).

Respecto al uso de esta técnica en investigaciones que trabajen con insectos Mendez-Sanchez, *et al* (2025) buscaron determinar el perfil de ácidos grasos en masa de garbanzo formulada con lípidos de insectos usando tanto la espectrometría de infrarrojo cercano y medio, concluyendo que ambos rangos mostraron una sólida capacidad de predicción para la composición

de los principales ácidos grasos, esclareciendo que el espectrómetro FT-NIR portable demostró un rendimiento de predicción superior para el contenido total de lípidos de insectos en comparación con el FT-MIR portátil. Sin embargo, el espectrómetro FT-MIR superó al dispositivo FT-NIR en la predicción de ácidos grasos individuales y el contenido total de ácidos grasos insaturados (Mendez-Sanchez et al., 2025).

Además, se tiene que investigaciones recientes han realizado estudios de la espectrometría NIR en la larva de mosca soldado prediciendo la concentración de ácidos grasos, en la cual se concluyó que la espectroscopia NIR tiene el potencial de predecir los ácidos grasos en muestras sin tratar de BSFL obtenidas en diferentes condiciones comerciales, fundamentados en los valores de SECV menores a 2.15% y de SEP menores al 3%, además, de que los modelos presentados pueden ser usados para identificar concentraciones altas o bajas de estos ácidos grasos ($RPD < 2$). A pesar de esto se deben desarrollar modelos de calibración utilizando un conjunto de datos más amplio para mejorar la robustez y la precisión de predicción de los modelos de calibración NIR (Alagappan, Hoffman, et al., 2025).

Kim, *et al* (2023) estudió la predicción de la composición de BSFL secadas a diferentes temperaturas y tiempos de secado, mediante el uso de Imágenes hiperespectrales Infrarrojas en un rango de 1000-2350 nm. En este estudio se realizó modelos de calibración mediante PLSR comparando distintos pretratamientos espectrales para proteína cruda, grasa y fibra cruda, en donde los modelos de proteína obtuvieron errores de SEP alrededor del 1%, en grasa se presentaron SEP entre 1.4% y 1.8%; y finalmente fibra cruda tuvo errores SEP alrededor de 0.5%. Estos resultados permitieron concluir que los modelos mediante Imágenes hiperespectrales Infrarrojas son adecuados para la detección de los componentes nutricionales de la BSFL.

Algo semejante ocurre con un estudio realizado con el objetivo de predecir la composición nutricional tanto de BSFL y de *frass* alimentadas con dos dietas distintas, en donde el modelo de calibración mostró una precisión de predicción buena para el contenido de fibra detergente ácida (RPD de 3.6) y moderada para el carbono total (RPD de 2.1), por otro lado, los modelos de calibración de proteína cruda, fibra cruda, y azúcares dieron como resultado modelos con una precisión de predicción limitada (RPD de 1.4; 1.6 y 1.4, respectivamente) (Alagappan et al., 2024).

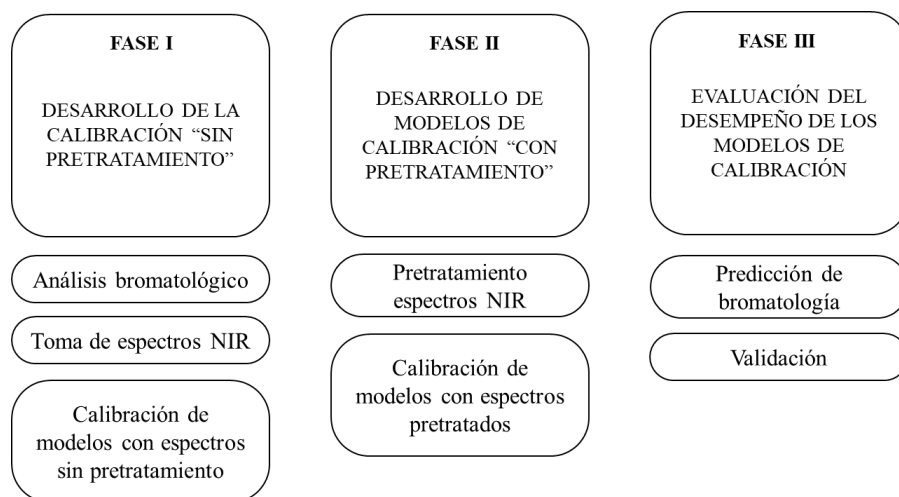
Recientes investigaciones han indicado que el perfil nutricional de la larva varía dependiendo de su alimentación: a mayor cantidad de carbohidratos consumidos, el contenido lipídico de la larva será mayor. En el caso de la fibra se reportó que es posible que esta especie no tenga enzimas para descomponerlas, así que es de gran importancia llevar un control sobre su nivel al ser un suplemento alimenticio para alimentación animal (Gold et al., 2018). Por otra parte, se registra en la literatura que las BSFL secas contienen un porcentaje de proteína de entre 37% a 63% y entre 15% a 38% de grasa. (Barragan-Fonseca et al., 2017; Alagappan et al., 2024).

4. Metodología

Este proyecto se desarrolló en tres fases metodológicas (figura 2). La primera etapa consistió en la calibración asociada a los espectros NIR sin ningún pretratamiento, empleando solamente PLSR en todo el espectro para generar los modelos de calibración. Por otra parte, en la segunda fase se desarrolló un modelo de calibración para cada propiedad con los espectros y valores de referencia obtenidos de la primera etapa, realizando un pretratamiento de los espectros y limitando los rangos de longitud de onda a bandas de grupos funcionales asociadas a cada macronutriente para posteriormente ajustar los modelos mediante regresión de mínimos cuadrados parciales (PLSR). Finalmente, la tercera fase consistió en la evaluación y comparación del

desempeño de los modelos de calibración desarrollados en las dos fases previas utilizando diferentes figuras de mérito.

Figura 2 Metodología



Nota: La figura representa el paso a paso metodológico realizado para la elaboración del proyecto agrupados en cada fase respectiva.

4.1 Desarrollo de la calibración del equipo

4.1.1 Análisis bromatológico

Las muestras de larva de mosca soldado negra fueron alimentadas con distintos residuos, entre los que se encuentran residuos de papas fritas, lácteos, desechos orgánicos de la producción de gaseosa, cisco de café, levadura, salsas, aceite y concentrado de pollo. Después de 8 a 10 días de crecimiento, las larvas se sacrificaron, se secaron en un secador de bandejas y posteriormente se enviaron al laboratorio en donde finalmente se trituraron con el fin de homogenizar la muestra, previo a realizar los análisis.

Figura 3 *Larva de mosca soldado antes y después de la trituration*

Nota: La figura 3A ilustra la muestra de larva de mosca soldado entera. La figura 3B ilustra exactamente la misma muestra 2A después de un proceso de triturado.

Para obtener los valores de referencia que se requieren para calibrar los modelos se emplea un análisis por química húmeda para determinar la composición de proteína, grasa, humedad y fibra de cada muestra. En la tabla 1 se observan los métodos y normas que se emplearon para la cuantificación de cada macronutriente.

Tabla 1 *Métodos para la realización del análisis bromatológico*

Macronutriente	Método
Proteína	Kjeldahl AOAC 981.10
Grasa	Extracción Soxhlet NTC 1662
Humedad	Gravimetría AOAC 950.46
Fibra	Gravimetría NTC 5122

4.1.2 Toma de espectros

Para el desarrollo de esta fase metodológica se usó el espectrómetro NIR Proximate de la marca BUCHI. Este espectrómetro se operó en un rango de 800 a 1700 nm, el cual es su rango de operación en el infrarrojo cercano. Por otra parte, se trabajó en el modo de medición de reflectancia difusa debido a la matriz sólida y triturada. Para obtener el espectro de cada muestra, esta se añadió

a cajas Petri, para posteriormente ser ubicada en un soporte justo encima del haz de luz del espectrómetro, en donde, el sensor del espectrómetro capturó el haz de luz reflejado por la muestra, mientras esta rotaba en el soporte, obteniendo así un espectro promedio para cada muestra. Semanalmente, se realizó una corrección de la línea base con dos referencias, una referencia negra incluida dentro del equipo y una referencia blanca de sulfato de sodio la cual debe ser posicionada por el instrumentador. Los espectros obtenidos para cada una de las muestras se observan en la figura 5.

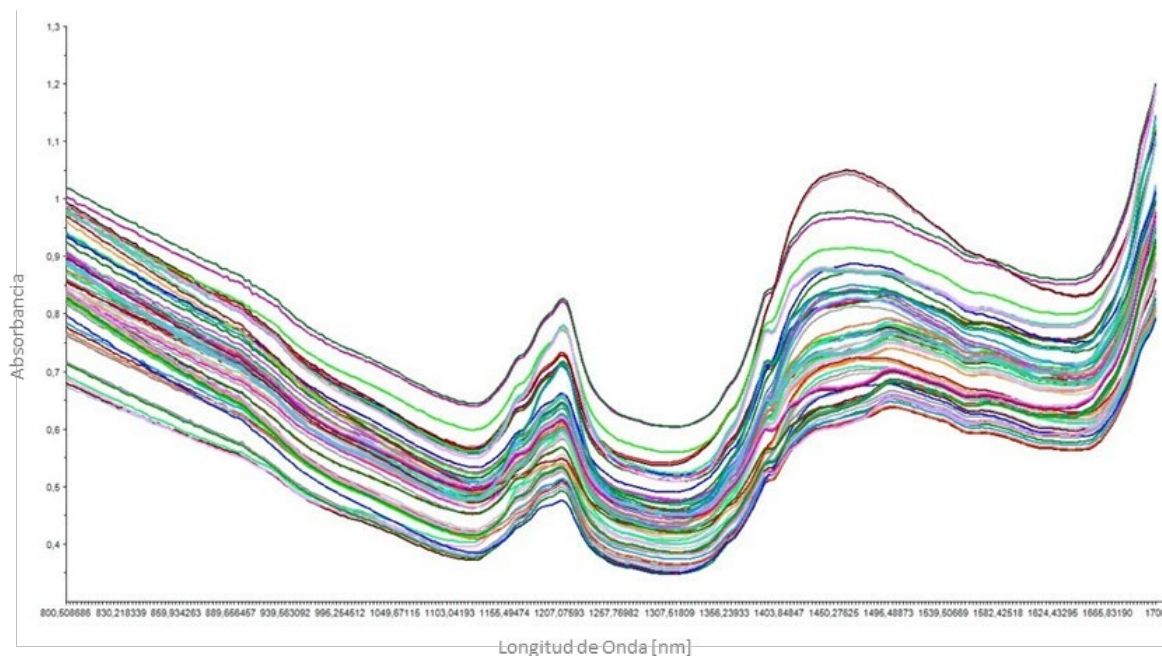
4.1.3 Desarrollo modelos de calibración sin pretratamiento

Con la ayuda del software quimiométrico The Unscrambler X se realizó una calibración asociando cada espectro sin pretratamiento mediante PLSR a los valores de referencia de cada muestra obtenidos en la segunda etapa de esta fase metodológica.

Figura 4 Esquema matriz de datos para la construcción de los modelos

Proteína	Grasa	Humedad	Fibra	α , $\lambda_1 = 800\text{nm}$	α , $\lambda_2 = 802\text{nm}$	α , $\lambda_3 = 804\text{nm}$	α , $\lambda_4 = 808\text{nm}$	α , $\lambda = \dots \text{nm}$	α , $\lambda_n = 1700\text{nm}$
y_{P1}	y_{G1}	y_{H1}	y_{F1}	α_{11}	α_{12}	α_{13}	α_{14}	...	α_{1n}
y_{P2}	y_{G2}	y_{H2}	y_{F2}	α_{21}	α_{22}	α_{23}	α_{24}	...	α_{2n}
y_{P3}	y_{G3}	y_{H3}	y_{F3}	α_{31}	α_{32}	α_{33}	α_{34}	...	α_{3n}
...	...	...	...	...	...	...	...	...	...
y_{Pn}	y_{Gn}	y_{Hn}	y_{Fn}	α_{n1}	α_{n2}	α_{n3}	α_{n4}	...	α_{nn}

Nota: y_P : valor de referencia proteína, y_G : valor de referencia grasa, y_H : valor de referencia humedad, y_F : valor de referencia fibra, α : absorbancia.

Figura 5 Espectros de las muestras del set de calibración

Nota: La figura se obtuvo gracias al software quimiométrico The Unscrambler X.

4.2 Desarrollo de los modelos de calibración con pretratamiento de espectros

4.2.1 Pretratamiento de espectros

Previo a la calibración del modelo se realizaron dos pretratamientos a los espectros. El primero fue la transformación a variables normales estándar (SNVT). Por otra parte, se realizó la segunda derivada del espectro (segunda derivada de Savitzky–Golay) para suavizar el espectro y disminuir el ruido de este.

4.2.2 Regresión de mínimos cuadrados parciales

Para calibrar el modelo se usó el software The Unscrambler X y se realizó previamente una acotación de los rangos de longitudes de onda, dentro de los cuales la absorbancia medida en el espectro infrarrojo está asociada a las vibraciones de los enlaces de cada grupo funcional que componen cada macronutriente estudiado. Posteriormente a esto, se empleó la regresión por mínimos cuadrados parciales para generar los modelos de calibración.

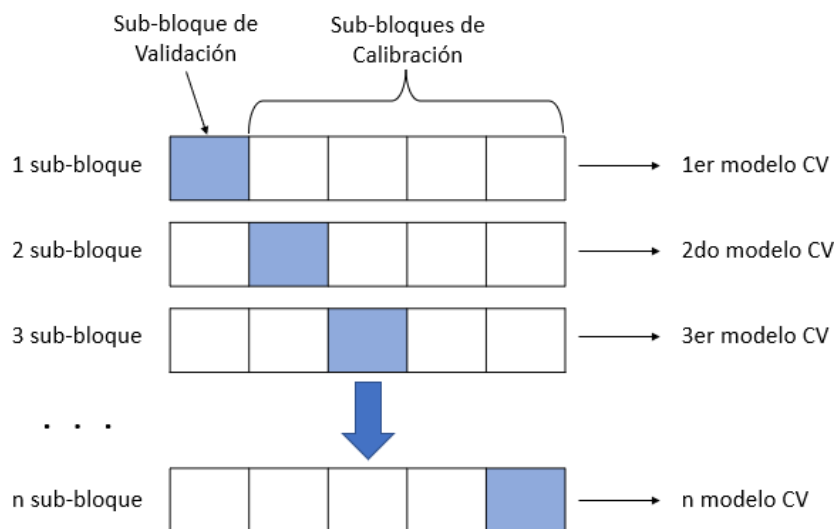
4.3 Evaluación del desempeño de modelos de calibración

4.3.1 Validación de resultados mediante figuras de mérito

Finalmente, se realizó la validación de los modelos de calibración para los modelos con y sin pretratamiento de espectros. Para ello se emplearon diferentes figuras de mérito. Las figuras de mérito se seleccionaron basado en las investigaciones de Mendez-Sanchez, *et al* (2025), Alagappan, *et al* (2024), Kim, *et al* (2023) y Núñez-Sánchez, *et al* (2016), los cuales ajustaron modelos de calibración con distintas matrices alimenticias. Para evaluar la predicción de los modelos se hizo uso de un conjunto de muestras diferentes a las empleadas para construir la calibración de los modelos, llamado “set de predicción”, del cual sus valores de referencia se obtuvieron del análisis bromatológico por química húmeda. Finalmente, se evaluó el rendimiento de estos modelos, mediante figuras de mérito tales como: SEC, R^2_c , SECV, R^2_{cv} , Bias, RPD_{cv}, SEP, R^2_p y RPD_p.

4.3.1.1 Validación Cruzada. La validación cruzada si bien no es como tal una figura de mérito, es una herramienta de validación que acompaña al PLSR. Es comúnmente empleada por su estimación estable del error; además, de no sobreestimar el mismo. Este consiste en dividir el conjunto de calibración en sub-bloques formados por grupos aleatorios de datos. Allí se genera un modelo por PLSR dejando afuera uno de los sub-bloques que conforma el modelo de calibración, para posteriormente estimar los valores de referencia de los datos que hacen parte del sub-bloque que se dejó por fuera y se calcula el error de esta estimación. Este proceso es repetido con cada uno de los sub-bloques de calibración. De esta técnica se deriva la figura de mérito el error estándar de validación cruzada (SECV) (figura 6.)

Figura 6 *Método de validación cruzada K-folds*



4.3.1.2 SEC (Error Estándar de Calibración). El error estándar de calibración es calculado como la media cuadrática de las diferencias entre el valor “real” o valor obtenido por el método de referencia y el valor estimado por el modelo de calibración, como se muestra en la ecuación 1 (Kim et al., 2023).

$$SEC = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^n (y_i - \hat{y}_{ic})^2}{n}} \quad (\text{Ec. 1})$$

Donde, $\hat{y}_{ii}$ son los valores estimados por el modelo de calibración, $\hat{y}_{ic}$ son los valores obtenidos por el método de referencia y n es el número de datos de muestra.

4.3.1.3 SECV (Error Estándar de Validación Cruzada). El error estándar de validación cruzada es calculado como la media cuadrática de las diferencias entre el valor obtenido por el método de referencia y el valor estimado por la técnica de validación cruzada para cada una de las muestras empleadas (Teye et al., 2015). La ecuación para SECV se muestra a continuación.

$$SECV = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^n (y_i - \hat{y}_{icv})^2}{n}} \quad (\text{Ec. 2})$$

Donde, $\hat{y}_{ii}$ son los valores estimados por la validación cruzada, $\hat{y}_{icv}$ son los valores obtenidos por el método de referencia y n es el número de datos de muestra.

4.3.1.4 SEP (error estándar de predicción). El error estándar de predicción es calculado como la media cuadrática de las diferencias entre el valor obtenido por el método de referencia y el valor estimado por el modelo de calibración para una muestra que no se encuentra dentro de los datos empleados para crear el modelo de calibración (Ribeiro et al., 2009; Teye et al., 2015). La ecuación para SEP se observa en la ecuación 3.

$$SEP = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^n (y_i - \hat{y}_{ip})^2}{n}} \quad (\text{Ec. 3})$$

Donde, y_{ii} = son los valores estimados de las muestras por fuera del modelo, $\hat{y}_{ip}$ son los valores obtenidos por el método de referencia y n es el número de datos de muestra.

4.3.1.5 Bias (sesgo). El sesgo examina la diferencia entre la media observada y un valor real.

El sesgo indica cuál es la exactitud del sistema de medición cuando se compara con un valor de real.

4.3.1.6 Coeficiente de determinación (R^2). El coeficiente de determinación se define como la proporción de la varianza total de la variable explicada por la regresión. Este coeficiente provee información acerca de que tan bueno es el ajuste de un modelo, siendo una medida estadística de la precisión con la que la línea de regresión se aproxima a los datos reales, siendo importante para predecir resultados futuros o contrastar hipótesis. Mientras que el R^2 sea más cercano a 1 se considera que el ajuste es mejor, caso contrario, al acercarse a 0 el ajuste es deficiente. La ecuación para R^2 se describe en la ecuación 4.

$$R^2 = 1 - \frac{\sum_{i=1}^n (y_i - \hat{y}_i)^2}{\sum_{i=1}^n (y_i - \bar{y})^2} \quad (\text{Ec. 4})$$

Donde, $\hat{y}_{ii}$ son los valores predichos de la variable dependiente, y_i son los valores de la variable dependiente obtenidos por el método de referencia y $\bar{y}$ es la media de los datos de la variable dependiente.

4.3.1.7 Razón entre el Rendimiento y la Desviación (RPD). El RPD es una medida estadística que describe el cociente entre la desviación estándar (SD) de los valores del método de referencia con un error estándar, que usualmente es SEP o SECV; para el desarrollo de esta investigación se decidió asociar un subíndice en la nomenclatura de esta figura de mérito con el fin de evitar confusiones, como se muestra en la ecuación 5. Mientras más alto sea este valor se considera que, tanto la calibración como la predicción es más precisa.

$$RPD_P = \frac{SD_P}{SEP}, \quad RPD_{CV} = \frac{SD_{cv}}{SECV} \quad (\text{Ec. 5})$$

En el caso del RPD_{cv} se tomó el criterio de Alagappan et al (2024), donde un valor de RPD_{cv} mayor a 4 se consideró como un modelo de predicción precisa, entre 3 y 4 un modelo confiable, y un valor menor a 2 indica un modelo solo con fines de detección. Por otro lado, para el caso del RPD_p se tomó el criterio de Kaur *et al* (2024), donde se definió que un valor de esta figura de mérito mayor a 3 se consideraba un modelo de predicción precisa, entre 2.5 y 3 un modelo confiable, entre un rango de 2 y 2.5 se tiene un modelo con predicción cuantitativa aproximada, para de 1.5 a 2 se tiene un modelo útil solo para diferenciación básica (contenido de macronutriente alto, medio o bajo) y por último un RPD_p menor a 1.5 es poco fiable.

5. Resultados y Análisis

5.1 Set de calibración y predicción

. En los apéndices B y C se encuentran todos los valores de referencia con los cuales se realizó la calibración y predicción de cada modelo, respectivamente. Por otra parte, en la tabla 2 se detallan el número de datos utilizados para calibrar cada propiedad, junto con los valores mínimos y máximos de cada macronutriente expresados como porcentaje en peso (g/100g).

Tabla 2 Estadísticos descriptivos de las propiedades bromatológicas del set de calibración y de predicción

Parámetro	Set de Calibración				Set de Predicción			
	P	G	H	F	P	G	H	F
n	61	61	68	50	14	14	14	14
Media [g/100g]	32.06	46.76	5.25	6.36	32.75	47.56	3.86	6.33
Mínimo [g/100g]	22.14	38.15	0.06	4.42	23.77	41.62	1.6	5.07
Máximo [g/100g]	38.77	62.92	12.56	8.66	38.78	59.7	6.32	7.06
SD	4.35	6.01	3.48	0.96	5.19	5.82	1.48	0.57

Nota: n: número de datos, SD: Desviación estándar, P: Proteína, G: Grasa, H: Humedad, F: Fibra.

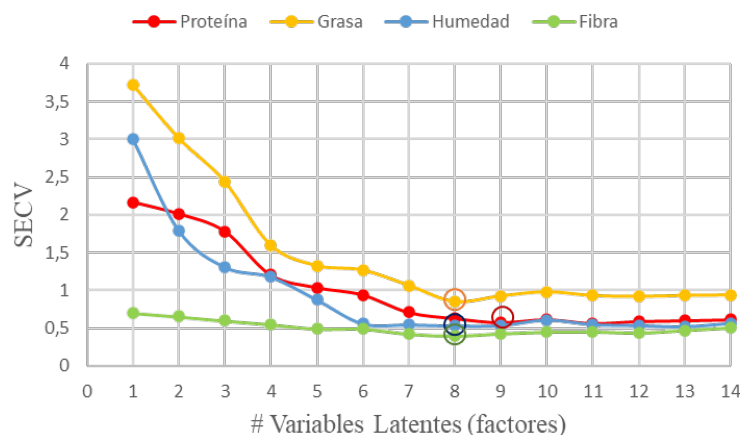
Para realizar el modelo de calibración se aplicó una regresión por mínimos cuadrados parciales, la cual tiene como variable independiente la absorbancia medida a cada longitud de onda por el NIRS entre los 800 y 1500 nm y como variables dependientes el valor de referencia de cada propiedad. Es decir, para cada propiedad bromatológica se realizó un modelo de calibración diferente.

5.2 Variables Latentes

Uno de los criterios para elegir la cantidad de variables latentes (VL) para cada modelo de predicción NIR, fue observar los valores de SECV junto con la varianza explicada a cada número de VL. De esta forma, se busca elegir un número de VL en el cual la varianza explicada sea alta (>90%) y el error sea el primer punto de inflexión donde se da el mínimo error (Flores Peñaloza, 2017). De este modo y como se puede observar en la figura 7, cada modelo calibrado sin

pretratamientos trabaja con un número independiente de variables latentes, en el caso de la proteína son 9 VL, para grasa 8 VL, humedad 8 VL y fibra 8 VL.

Figura 7 *Criterio de elección número de variables latentes.*

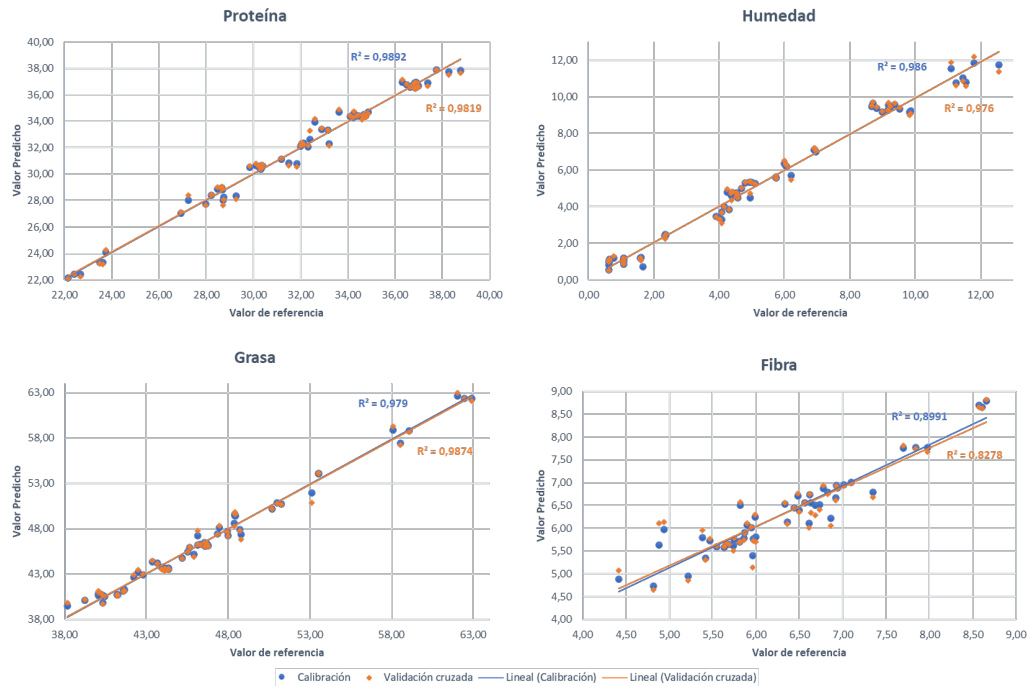


5.3 Modelos de calibración sin pretratamiento

5.3.1 Gráficas de estimados

En la figura 8 se presenta la distribución de los diferentes datos de calibración para cada modelo sin pretratamiento. Esta gráfica busca evaluar la calidad de la calibración del modelo de cada propiedad. Se observa que tanto los modelos de proteína, grasa y humedad tienen un buen ajuste ($R^2_c > 0.95$), mientras que el modelo de fibra tiene un menor desempeño del recomendado para modelos de predicción ($R^2_c < 0.9$) (Hernández-Jiménez et al., 2020). Esto se denota también a la hora de realizar la validación cruzada, debido a que, según la figura 8, las propiedades de proteína, grasa y humedad presentan errores bajos al estimar la composición de las muestras de este mismo conjunto de calibración. Sin embargo, en el caso de la fibra, esta tiene un R^2 de validación cruzada menor a 0.9, indicando así los problemas de estimación de datos del modelo de fibra.

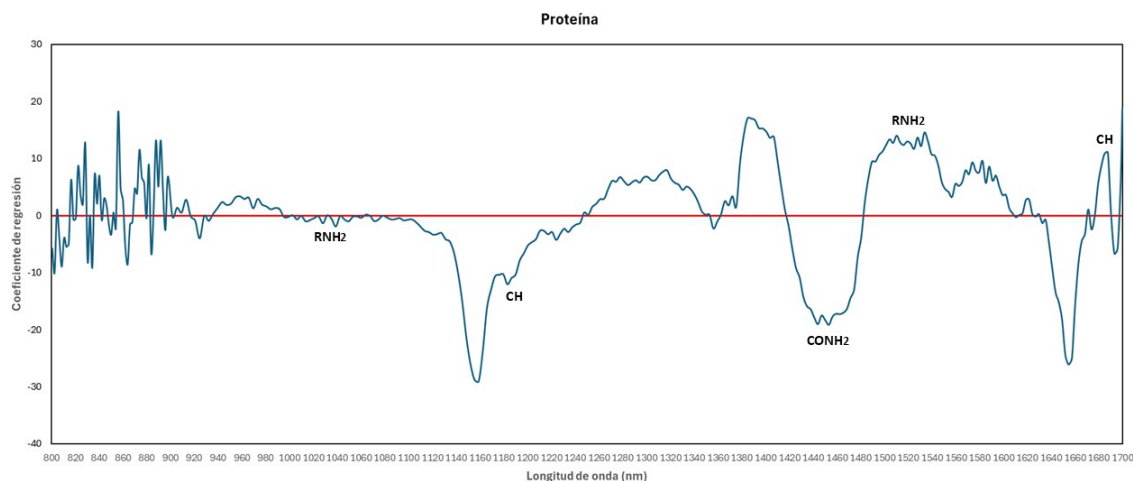
Figura 8 Gráfica de estimados de los modelos de calibración sin pretratamiento



Nota: En cada gráfica de la figura 8 se observa que el eje vertical presenta el valor predicho y el eje horizontal marca el valor de referencia para cada dato de los modelos de calibración.

5.3.2 Contribuciones

En la figura 9 se observa la contribución o peso que tiene cada longitud de onda para la regresión del modelo de predicción de proteína sin pretratamiento. En esta se puede observar cómo existen diferentes contribuciones para las diferentes longitudes de onda del espectro, siendo las de mayor peso los abarcados alrededor de 1160 nm, 1400 nm, 1460 nm y 1660 nm lo cual está relacionado con los grupos funcionales que componen las macromoléculas y a que su absorbancia del espectro NIR se da en diferentes secciones de longitud de onda como se presenta en la figura 9. Para el caso de los modelos de grasa, humedad y fibra ocurre esta misma situación, pero a diferentes longitudes de onda tal y como se evidencia en el apéndice A.

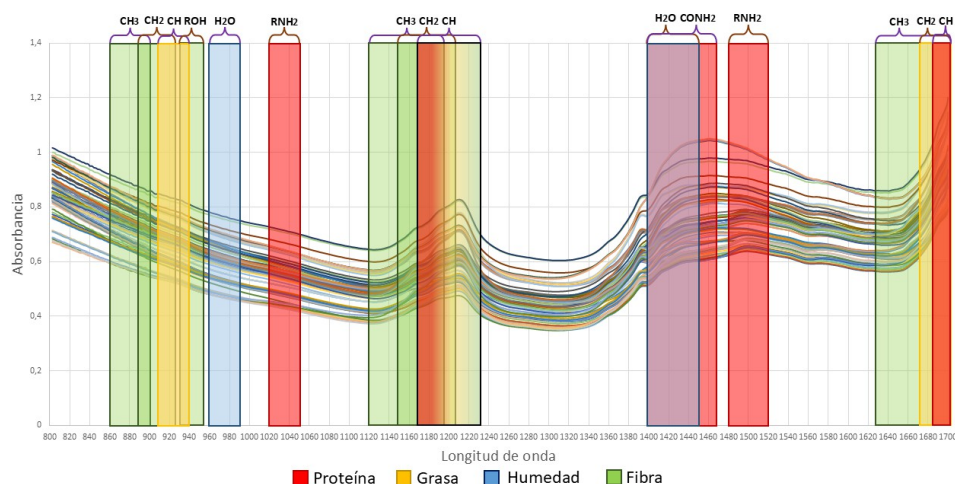
Figura 9 Contribuciones de cada longitud de onda para el modelo de proteína sin pretratamientos

5.4 Modelos de calibración con pretratamiento

5.4.1 Bandas de absorción características

Previo al desarrollo de los modelos con pretratamiento, se realizó un análisis de los grupos funcionales que componen los macronutrientes predichos por los modelos y los rangos de longitudes de onda con los que están relacionados, con el fin de acotar los rangos que componen las variables de predicción y de esta forma simplificar el modelo. Esto debido a que las transiciones vibracionales de las moléculas se relacionan con la absorción a ciertos rangos de longitud de onda (Ozaki, 2012). Para ello se tuvieron en cuenta los rangos presentados en la figura 10 en donde se presentan los distintos grupos funcionales que se tuvieron en cuenta para la calibración del modelo junto con que macronutriente se relacionan.

Figura 10 Espectros NIR con la asignación de las bandas características de cada propiedad bromatológica



En la Apéndice B se especifica el sobretono en el cual se da la absorción de cada grupo funcional y este con que propiedad se relaciona.

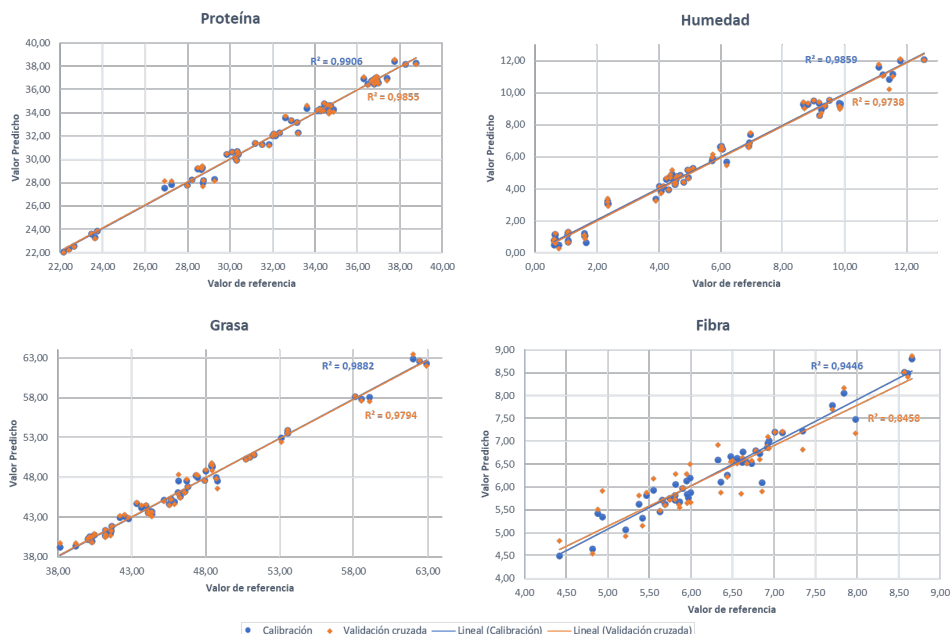
De esta forma, usando esta información y ejemplificando para el caso de la humedad, la nueva matriz con la cual se realizó este modelo de calibración tendrá como valores de X las absorbancias medidas desde 960 nm hasta 990 nm y desde 1400 nm hasta 1450 nm. Siendo estos rangos donde se identifican las vibraciones de la molécula de H₂O en el segundo y primer sobretono, respectivamente.

5.4.2 Gráfica de Estimados

Los modelos de todas las propiedades estudiadas, a los cuales se les aplicó pretratamiento (SNVT y segunda derivada de Savitzky-Golay) y acotación de rangos, indican un buen ajuste a la linealidad, con R² de calibración mayores o iguales a 0.95. Respecto al desempeño de la validación cruzada, se puede observar en la gráfica de estimados de los modelos con pretratamiento, (figura 11), que en el modelo de fibra se presentó una mayor desviación de los datos respecto a sus valores de referencia, lo cual también se ve en la diferencia de pendientes entre las dos rectas encontradas

en la gráfica del modelo de fibra, siendo así que los pretratamientos aplicados beneficiaron la calibración del modelo desarrollado, mejorando su coeficiente de determinación, pero no lo suficiente para el caso de la validación cruzada, donde la estimación de los datos se mantiene deficiente.

Figura 11 Gráfica de estimados de los modelos de calibración con pretratamiento.



5.5 Desempeño de los modelos

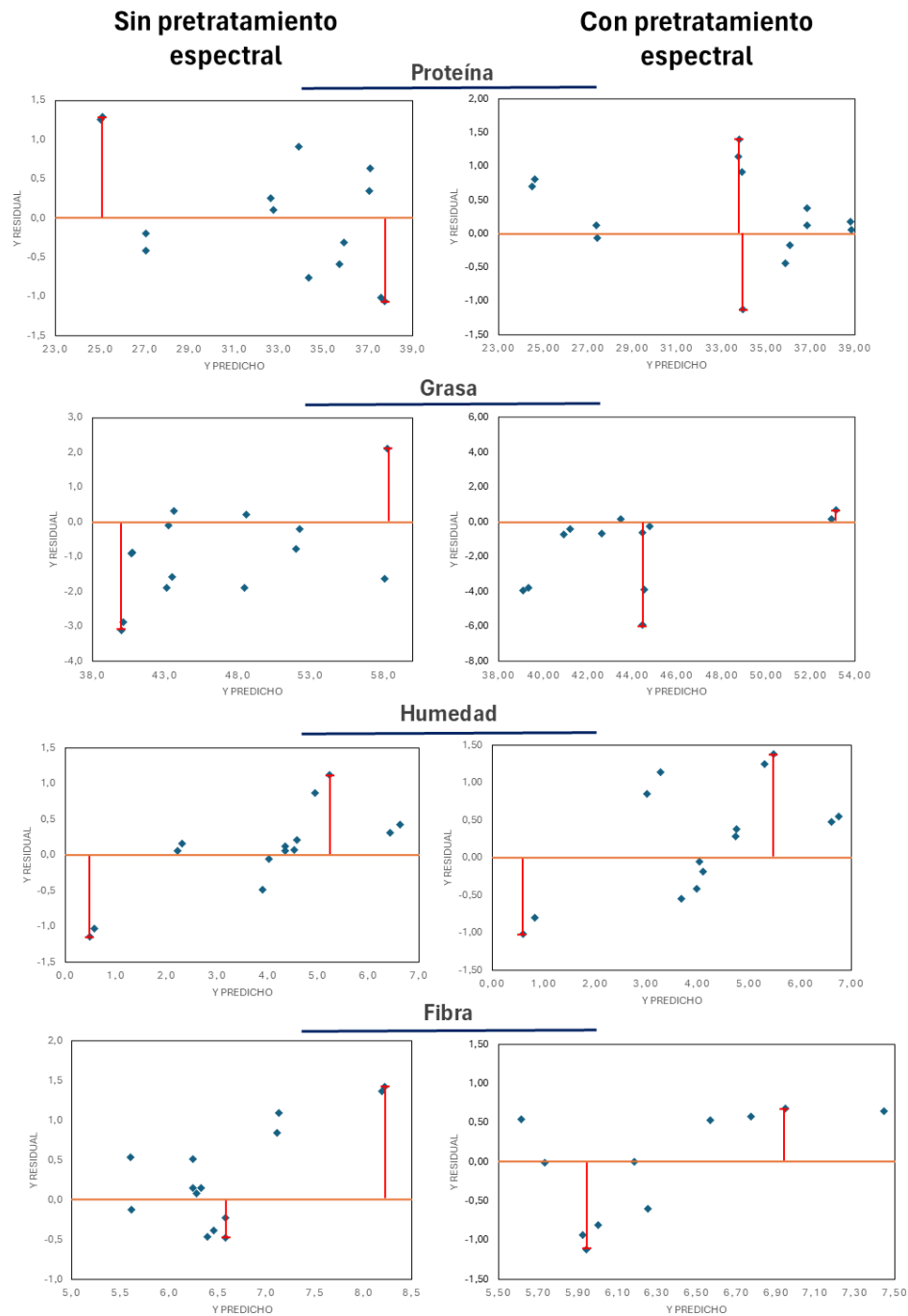
5.5.1 Predicción

En la figura 12 se presenta la gráfica de residuales de los modelos de predicción sin pretratamiento, donde se encuentra la desviación respecto del valor de referencia de cada una de las muestras del set de predicción. El macronutriente de proteína tuvo las mejores predicciones, porque las desviaciones de su set de calibración no superaron el 1.5% en ninguna muestra. En el caso de la grasa esta alcanzó desviaciones más altas, llegando a presentar desviaciones de hasta el 3%; además se presenta una tendencia a subestimar el contenido de grasa. Lo anterior puede deberse a la naturaleza del equipo, el cual, al no operar con todo el rango infrarrojo causa que se

omita información espectral en la región NIR de longitud de onda larga, alrededor de los 2300 nm perdiendo bandas en donde la absorción es mayor (Alagappan et al., 2024; Cozzolino et al., 2024). Por otra parte, a pesar de que los modelos de predicción de fibra y humedad también tienen desviaciones de máximo 1.5%, estas desviaciones son más significativas debido al rango que se manejó de valores de referencia para estas propiedades (fibra entre 4.42 % y 8.66%; humedad 0.06% y 12.56%), por lo que estas desviaciones llegan a representar alrededor de un 30% de error para fibra y un 10% para humedad en la estimación de estos macronutrientes.

En el caso de los modelos con pretratamiento (figura 12), se observa un comportamiento similar al de la predicción de los modelos sin pretratamiento, salvo en el modelo de grasa donde se aumentó la desviación hasta un 6%, lo cual puede ser indicativo de que los rangos acotados de longitudes de onda no fueron los mejores; debido a que no contienen la mayor información de los grupos funcionales asociados a esta macromolécula, como se observa en el apéndice A, donde se detallan coeficientes de regresión representativos para los modelos de grasa en picos alrededor de los 1360 nm y 1500 nm, los cuales no estuvieron presente en la delimitación del rango a razón de que no se asocian con grupos funcionales presentes en esta macromolécula en la literatura.

Figura 12 *Gráfica de residuales para modelos con y sin pretratamiento.*



5.5.2 Validación mediante figuras de mérito

En las tablas 4 y 5, y en las figuras 14 y 15 se presentan las figuras de mérito que se emplearon para evaluar los modelos generados para cada propiedad.

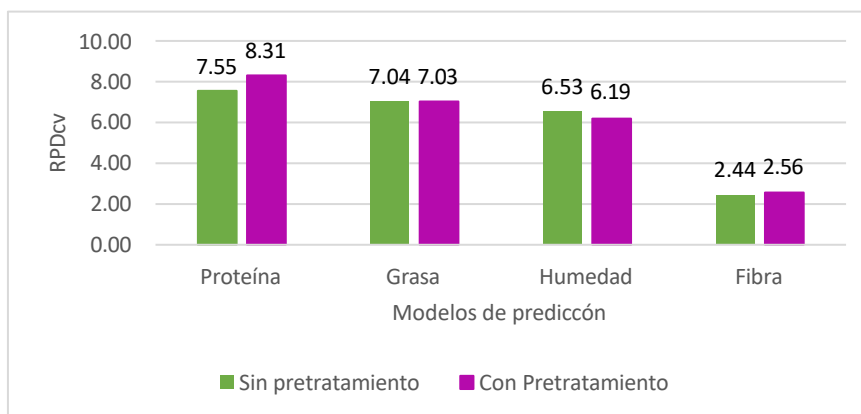
Tabla 3 Figuras de mérito para calibración y validación cruzada.

	Modelos Sin Pretratamiento				Modelos Con Pretratamiento			
Parámetros estadísticos	P	G	H	F	P	G	H	F
Variables Latentes	9	8	8	8	8	9	11	10
R ² c	0.99	0.98	0.99	0.90	0.99	0.99	0.99	0.94
SEC	0.45	0.66	0.41	0.30	0.42	0.65	0.41	0.22
R ² cv	0.98	0.99	0.98	0.83	0.99	0.98	0.97	0.85
SECV	0.58	0.85	0.53	0.39	0.52	0.85	0.56	0.38
Bias	0.001	-0.001	-0.008	-0.012	0.012	-0.008	-0.042	-0.014

Nota: P: Proteína, G: Grasa, H: Humedad, F: Fibra, SEC: Error estándar de Calibración, SECV: Error estándar de validación cruzada

Los valores de SEC y SECV se mostraron bajos en todos los casos, siendo menores al 1%, siendo lo más altos para el contenido de grasa. El porcentaje de estos errores son similares a los reportados por Mendez-Sanchez, *et al* (2025) para la determinación de lípidos de insectos. A pesar de ello, las propiedades de fibra y humedad tienen datos de composición distribuidos en rangos más pequeños, del 4% y 12% respectivamente (Tabla 2), de esta forma, estos errores a pesar de ser “bajos”, son relevantes a la hora de cuantificar mediante NIRS las propiedades de fibra y humedad (Alagappan et al., 2024). El bias de la validación cruzada fueron de aproximadamente cero en cada uno de los macronutrientes en ambos tipos de modelo, lo cual es congruente con los errores de SECV observados.

Figura 13 Razón entre el rendimiento y la desviación de validación cruzada para cada modelo



Basado en el criterio de Alagappan *et al* (2024) y como se observa en la figura 13 los resultados para la validación cruzada para los modelos de proteína, grasa y humedad indican que tienen predicción precisa, teniendo una mejora con el pretratamiento espectral en el caso de proteína, ningún cambio significativo para el modelo de grasa, y una ligera disminución de calidad en el modelo de humedad. En el caso de la fibra, ambos modelos, no se califican como modelos propicios para la estimación, a pesar de que el modelo con pretratamiento mejoró ligeramente la calibración, como se puede observar en la figura 13; los modelos de fibra fueron aquellos en los cuales existía un menor número de datos, además, en esta propiedad se presenta una peor distribución de los datos en el rango de medición, a diferencia de los demás macronutrientes, teniendo aglomeraciones entre el 5.5%-6% y 6.5%-7% (Figura 8 y 11). Esta baja variabilidad de los datos a lo largo del rango de medición dificulta la calibración del modelo.

Tabla 4 Figuras de mérito para predicción.

	Modelos Sin Pretratamiento				Modelos Con Pretratamiento			
Parámetros estadísticos	P	G	H	F	P	G	H	F
Variables Latentes	9	8	8	8	8	9	11	10
R ² p	0.98	0.96	0.93	0.33	0.98	0.88	0.83	0.20
SEP	0.76	1.63	0.60	0.71	0.71	2.99	0.77	0.97
Bias	0.03	-0.94	0.05	0.32	0.29	-1.00	0.23	-0.23

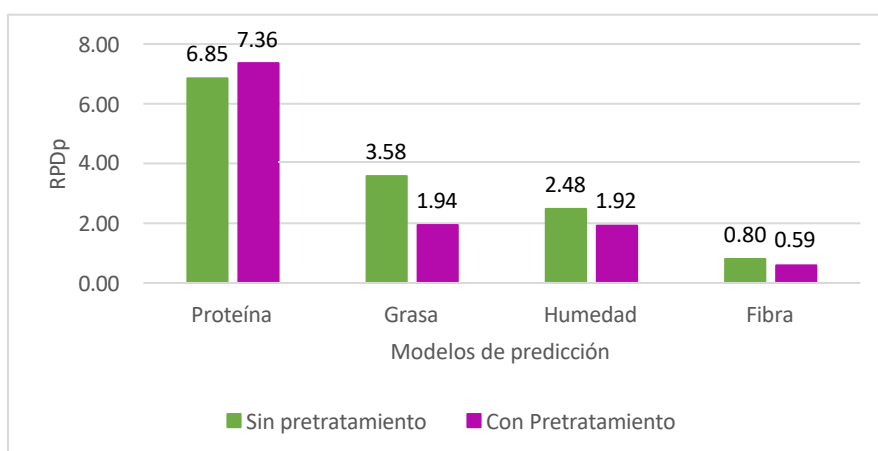
Nota: P: Proteína, G: Grasa, H: Humedad, F: Fibra, SEP: Error estándar de Predicción

Según los resultados presentados en la tabla 4, en la predicción se obtuvieron coeficientes de determinación buenos para los modelos sin pretratamiento de proteína, grasa y humedad, sin embargo, se evidenció un empeoramiento al aplicar el pretratamiento para los modelos de grasa y humedad, donde los coeficientes de determinación de predicción bajaron a alrededor del 0.8. En el caso de la fibra se obtuvieron coeficientes de determinación muy bajos para los modelos con y sin pretratamiento.

En general, el SEP de todas las propiedades se obtuvo por debajo del 1% salvo para el modelo de grasa. Al comparar los modelos con y sin pretratamiento se tiene que, los modelos de proteína mantuvieron un error muy cercano, mientras que los modelos de humedad y fibra aumentaron su error alrededor de un 0.2%, lo cual no es un aumento significativo, caso contrario para el modelo de grasa donde el pretratamiento generó un aumento del SEP de aproximadamente un 1.5%. Con esto y sumado a los cambios encontrados para SEC y SECV, se muestra una variabilidad en el efecto de los pretratamientos espectrales entre los macronutrientes estudiados.

El Bias fue cercano a cero para la proteína y humedad sin pretratamiento, y comparando estos con sus modelos con pretratamiento el Bias presentó un aumento. Para ambos modelos de grasa hubo un Bias alrededor de -1, siendo el más alto de todos los macronutrientes, lo que indica que tiende a subestimar el valor real de grasa en un 1%, algo que también se evidenció en la gráfica de residuales (Figura 12). El modelo de fibra sin pretratamiento presentó una tendencia a sobreestimar la composición; mientras que su contraparte con pretratamiento pasó a una subestimación de la propiedad en menor proporción, pero aun así sin ser significativa.

Figura 14 Razón entre el rendimiento y la desviación de predicción para cada modelo.



Según el criterio de Kaur *et al* (2024) y lo contemplado en la figura 14, el modelo para proteína sin pretratamiento, respecto a la predicción, se considera de predicción precisa, que incluso mejoró al añadir los pretratamientos.

En el caso del modelo de grasa sin pretratamiento se obtuvo un modelo de predicción precisa, mientras que el modelo de grasa con pretratamiento solo puede ser usado con fines de diferenciación básica. Lo anterior puede deberse a que, si bien se empleó la misma cantidad de datos de calibración al igual que en el modelo de proteína, el rango de composición de grasa de las larvas es más amplio que el de proteína, causando así que el modelo se desempeñe de mejor manera prediciendo información dentro del rango del 38% al 50%, donde existe una mayor varianza de datos en rango de medición. Siendo así, algunos valores del set de predicción se encontraban en una sección donde la variabilidad es baja, lo cual explica por qué algunas de las muestras de predicción obtuvieron desviaciones de su valor de referencia notablemente más altas que las demás (Figura 12) y de igual manera se mantenga un SEP bajo (Tabla 4). Lo anterior, sugiere que la predicción está influenciada por la variabilidad y distribución de las muestras que componen el set de calibración.

Por otra parte, el acotamiento del rango como pretratamiento puede estar afectando la predicción del modelo, ya que a diferencia de proteína, la grasa tiene menos grupos funcionales asociados en el rango NIR trabajado (figura 10), sumado a esto, como se puede observar en el apéndice A y la figura 1, si bien estos grupos funcionales son aquellos que poseen mayor importancia en el modelo, existen otras longitudes de onda que aportan información espectral en menor cantidad, evidenciando una clara importancia al momento de realizar estimaciones con NIRS, por lo cual no es bueno simplificar el modelo en este caso (Ver figura 14).

Lo anterior es congruente con lo reportado por Cruz-Tirado, *et al* (2023), donde se comparó la capacidad predictiva de dos espectrómetros que operaban a diferentes rangos de NIR (1: 900–1700 nm; 2: 1350–2562 nm) en la cuantificación de proteína y grasa en larva de mosca soldado negra. Para el caso de la proteína estos autores concluyeron, que para ambos espectrómetros se evidenció un desempeño similar teniendo errores de predicción entre los 1.19 y 1.59 y de RPDp de 2.19 a 2.66. En contraste, respecto a la predicción del contenido de lípidos, se concluyó que el espectrómetro 2 fue superior al espectrómetro 1 debido a las longitudes de onda del rango de 1700 a 2562 nm presentes únicamente en el espectrómetro 2.

El modelo de humedad sin pretratamiento presentó un modelo de cuantificación aproximada en el caso sin pretratamiento, sin embargo, al igual que en el caso de la grasa, los pretratamientos empeoraron el modelado debido a la falta de información espectral importante encontrada en otras longitudes de onda por fuera de la limitación del rango (Apéndice A).

Por último, los modelos de fibra en ningún de los dos casos, con y sin pretratamiento, se consideran fiables (Figura 14). Esto se relaciona con los grupos funcionales que componen las moléculas que forman la fibra cruda (figura 10), donde estos presentan su mayor absorción en el rango de infrarrojo cercano de longitud de onda larga, donde las bandas de absorción de CH, CH₂ y CH₃ tienen mayor información espectral que en el rango de 800 a 1700 nm (Workman & Weyer, 2007).

6. Conclusiones

La calibración de los modelos NIRS para BSFL, mostró un rendimiento excelente determinación de macronutrientes como proteína, grasa y humedad, coeficientes de determinación (R^2c) superiores a 0.95 y errores estándar de calibración (SEC) inferiores al 1%. Además, la validación cruzada se registraron valores de R^2cv y errores estándar de validación cruzada (SECV) similares a los obtenidos en la calibración, demostrando que estos modelos cumplen con los criterios fundamentales para emplearse en la predicción de propiedades bromatológicas. Sin embargo, los modelos de fibra no presentaron un ajuste adecuado, ya que el R^2cv fue menor a 0.9, por lo que no se ajustan lo suficiente para considerarlos aceptables.

Se indica que los pretratamientos aplicados al espectro no generan un impacto positivo en la predicción de estos macronutrientes. Esto se debe, a que, en la mayoría de los casos, estos pretratamientos no afectan significativamente, o aumentan el error estándar de predicción (SEP) obtenido. Por otra parte, analizando el Bias se demuestra que los modelos de proteína y humedad tiene una buena precisión (Bias < 0.05); mientras que, los modelos de grasa y fibra tienen una precisión menor que tiende a subestimar el valor real del macronutriente.

Según la razón entre el rendimiento y la desviación (RPD) tanto para la validación cruzada como para la predicción, se establece que los modelos de proteína fueron de predicción precisa ($RPDp > 3$ y $RPDcv > 4$), el modelo de grasa sin pretratamiento fue confiable respecto a la predicción ($RPDp > 2.5$ y $RPDcv > 4$), el modelo de humedad sin pretratamiento se evaluó como de predicción cuantitativa aproximada ($RPDp > 2$ y $RPDcv > 4$), y los modelos de fibra no se califican como modelos propicios para la estimación de esta propiedad, siendo solo recomendables para diferenciación básica entre muestras.

En general, la espectroscopía de infrarrojo cercano (NIRS) se identifica como una alternativa viable para implementar modelos de calibración para predecir propiedades bromatológicas en larva de mosca soldado negra, mostrando un desempeño particularmente satisfactorio en la estimación del contenido de proteína, grasa y humedad las cuales presentaron los mejores ajustes y capacidad predictiva dentro del modelo propuesto.

7. Recomendaciones

Basados en los resultados obtenidos y en las conclusiones presentadas, se sugiere que los modelos de calibración tengan un set de datos de calibración con una mayor distribución y alta variabilidad en el rango de medición definido.

Además, se sugiere evaluar el desempeño omitiendo la acotación de los espectros, con el fin de evaluar el desempeño de estos modelos de calibración con todo el rango NIR junto con la aplicación de SNVT y segunda derivada de Savitzky-Golay.

Referencias bibliográficas

- Alagappan, S., Dong, A., Hoffman, L., Cozzolino, D., Mantilla, S. O., James, P., Yarger, O., & Mikkelsen, D. (2025). Microbial safety of black soldier fly larvae (*Hermetia illucens*) reared on food waste streams. *Waste Management*, 194, 221-227. <https://doi.org/10.1016/j.wasman.2025.01.019>
- Alagappan, S., Hoffman, L., Mikkelsen, D., Mantilla, S. O., James, P., Yarger, O., & Cozzolino, D. (2024). Near-infrared spectroscopy (NIRS) for monitoring the nutritional composition of black soldier fly larvae (BSFL) and frass. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 104(3), 1487-1496. <https://doi.org/10.1002/jsfa.13044>
- Alagappan, S., Hoffman, L., Yarger, O., & Cozzolino, D. (2025). A feasibility study on the use of near infrared spectroscopy to predict fatty acid concentration in intact black soldier fly reared in different waste streams. *Spectrochimica Acta Part A: Molecular and Biomolecular Spectroscopy*, 330, 125628. <https://doi.org/10.1016/j.saa.2024.125628>
- Alin, A. (2009). Comparison of PLS algorithms when number of objects is much larger than number of variables. *Statistical Papers*, 50(4), 711-720. <https://doi.org/10.1007/s00362-009-0251-7>
- ATA Scientific. (2020, enero 16). *Understanding Spectrometry and Spectroscopy*. ATA Scientific. <https://www.atascientific.com.au/spectrometry/>
- Barragan-Fonseca, K. B., Dicke, M., & Van Loon, J. J. A. (2017). Nutritional value of the black soldier fly (*Hermetia illucens* L.) and its suitability as animal feed – a review. *Journal of Insects as Food and Feed*, 3(2), 105-120. <https://doi.org/10.3920/JIFF2016.0055>
- Beer-Lambert law—Knovel*. (s. f.). Recuperado 21 de abril de 2025, de <https://app-knovel-com.bibliotecavirtual.uis.edu.co/web/view/khtml/show.v/rcid:kpDCE00011/cid:kt008IFT>

GD/viewerType:khtml//root_slug:dictionary-chemistry/url_slug:beer-lambert-law?_q=beer-lambert%20law&b-content-type=dictionary&b-q=beer-lambert%20law&include_synonyms=no&sort_on=default&view=collapsed&zoom=1&page=7&q=beer-lambert%20law

Bermúdez-Serrano, I. M., Sánchez-Velázquez, O. A., Bermúdez-Serrano, I. M., & Sánchez-Velázquez, O. A. (2023). Aprovechamiento integral de la Mosca Soldado Negra: Bioconversión, sostenibilidad y desafíos emergentes. *Scientia Agropecuaria*, 14(4), 571-590. <https://doi.org/10.17268/sci.agropecu.2023.047>

Bessa, L. W., Pieterse, E., Marais, J., & Hoffman, L. C. (2020). Why for feed and not for human consumption? The black soldier fly larvae. *Comprehensive Reviews in Food Science and Food Safety*, 19(5), 2747-2763. <https://doi.org/10.1111/1541-4337.12609>

BUCHI. (s. f.). *ProxiMate Manual de Instrucciones*. https://www.buchi.com/es/productos/instrumentos/proximate#download_assets

Chia, S. Y., Tanga, C. M., Osuga, I. M., Cheseto, X., Ekesi, S., Dicke, M., & Van Loon, J. J. A. (2020). Nutritional composition of black soldier fly larvae feeding on agro-industrial by-products. *Entomologia Experimentalis et Applicata*, 168(6-7), 472-481. <https://doi.org/10.1111/eea.12940>

Clark, J. (2013, octubre 3). *The Beer-Lambert Law*. Chemistry LibreTexts. [https://chem.libretexts.org/Bookshelves/Physical_and_Theoretical_Chemistry_Textbook_Maps/Supplemental_Modules_\(Physical_and_Theoretical_Chemistry\)/Spectroscopy/Electronic_Spectroscopy/Electronic_Spectroscopy_Basics/The_Beer-Lambert_Law](https://chem.libretexts.org/Bookshelves/Physical_and_Theoretical_Chemistry_Textbook_Maps/Supplemental_Modules_(Physical_and_Theoretical_Chemistry)/Spectroscopy/Electronic_Spectroscopy/Electronic_Spectroscopy_Basics/The_Beer-Lambert_Law)

Cozzolino, D., Alagappan, S., Ochoa, M., Zhang, S., Yarger, O., Hoffman, L. C., & Mikkelsen, D. (2024). Monitoring compositional changes in black soldier fly larvae after processing

- (drying and blanching) using near infrared spectroscopy. *Infrared Physics & Technology*, 138, 105212. <https://doi.org/10.1016/j.infrared.2024.105212>
- Cruz-Tirado, J. P., Amigo, J. M., & Barbin, D. F. (2023). Determination of protein content in single black fly soldier (*Hermetia illucens* L.) larvae by near infrared hyperspectral imaging (NIR-HSI) and chemometrics. *Food Control*, 143, 109266. <https://doi.org/10.1016/j.foodcont.2022.109266>
- Czaja, T. P., & Engelsen, S. B. (2025). Why nothing beats NIRS technology: The green analytical choice for the future sustainable food production. *Spectrochimica Acta Part A: Molecular and Biomolecular Spectroscopy*, 325, 125028. <https://doi.org/10.1016/j.saa.2024.125028>
- Fernández-Cabanás, V. M., Pérez-Marín, D. C., Fearn, T., & Gonçalves de Abreu, J. (2023). Optimisation of the predictive ability of NIR models to estimate nutritional parameters in elephant grass through LOCAL algorithms. *Spectrochimica Acta Part A: Molecular and Biomolecular Spectroscopy*, 285, 121922. <https://doi.org/10.1016/j.saa.2022.121922>
- Fischer, H., & Romano, N. (2021). Fruit, vegetable, and starch mixtures on the nutritional quality of black soldier fly (*Hermetia illucens*) larvae and resulting frass. *Journal of Insects as Food and Feed*, 7(3), 319-328. <https://doi.org/10.3920/JIFF2020.0100>
- Flores Peñaloza, O. (2017, mayo). *ESTUDIO DE LA COMPOSICIÓN NUTRICIONAL DE UN ALIMENTO POR ESPECTROSCOPIA DE INFRARROJO CERCANO CON TRANSFORMADA DE FOURIER (FT-NIRS) Y QUIMIOMETRÍA*.
- García Ochoa, O. E., Infante, R. B., & Rivera, C. J. (2008). Hacia una definición de fibra alimentaria. *Anales Venezolanos de Nutrición*, 21(1), 25-30.
- Garcias, D. M. S., & de Bioespectroscopía, L. (s. f.). *Espectroscopía infrarroja cercana (NIRS): Una herramienta económica y no destructiva para el análisis de matrices solidas*.

- Gold, M., Cassar, C. M., Zurbrügg, C., Kreuzer, M., Boulos, S., Diener, S., & Mathys, A. (2020). Biowaste treatment with black soldier fly larvae: Increasing performance through the formulation of biowastes based on protein and carbohydrates. *Waste Management*, 102, 319-329. <https://doi.org/10.1016/j.wasman.2019.10.036>
- Gold, M., Tomberlin, J. K., Diener, S., Zurbrügg, C., & Mathys, A. (2018). Decomposition of biowaste macronutrients, microbes, and chemicals in black soldier fly larval treatment: A review. *Waste Management*, 82, 302-318. <https://doi.org/10.1016/j.wasman.2018.10.022>
- Greene, S. (s. f.). *Partial Least Squares Regression (PLS)*. Built In. Recuperado 14 de julio de 2025, de <https://builtin.com/articles/partial-least-squares>
- Hernández-Jiménez, M., Hernández-Ramos, P., Martínez-Martín, I., Vivar-Quintana, A. M., González-Martín, I., & Revilla, I. (2020). Comparison of artificial neural networks and multiple regression tools applied to near infrared spectroscopy for predicting sensory properties of products from quality labels. *Microchemical Journal*, 159, 105459. <https://doi.org/10.1016/j.microc.2020.105459>
- JPierce. (2017, febrero 26). *What is Transmittance?* - StellarNet, Inc. <https://www.stellarnet.us/what-is-transmittance/>
- Kim, J., Kurniawan, H., Faqeerzada, M. A., Kim, G., Lee, H., Kim, M. S., Baek, I., & Cho, B.-K. (2023). Proximate Content Monitoring of Black Soldier Fly Larval (*Hermetia illucens*) Dry Matter for Feed Material using Short-Wave Infrared Hyperspectral Imaging. *Food Science of Animal Resources*, 43(6), 1150-1169. <https://doi.org/10.5851/kosfa.2023.e33>
- Korayem, A. (2024, marzo 27). *Perspectivas inclusivas: Comprender los principios de la espectroscopia NIR*. <https://www.si-ware.com/es/blogs/from-light-to-insight-grasping-the-principles-of-nir-spectroscopy>

- Krull, U. J., & Thompson, Michael. (2003). Analytical Chemistry. En R. A. Meyers (Ed.), *Encyclopedia of Physical Science and Technology (Third Edition)* (pp. 543-579). Academic Press. <https://doi.org/10.1016/B0-12-227410-5/00025-9>
- Ladino, L. M. A. (2023, septiembre 29). *La paradoja de los alimentos en Colombia: Desperdicio con hambre*. El Tiempo. <https://www.eltiempo.com/vida/medio-ambiente/la-paradoja-de-los-alimentos-en-colombia-desperdicio-con-hambre-811135>
- Li, B., Morris, J., & Martin, E. B. (2002). Model selection for partial least squares regression. *Chemometrics and Intelligent Laboratory Systems*, 64(1), 79-89. [https://doi.org/10.1016/s0169-7439\(02\)00051-5](https://doi.org/10.1016/s0169-7439(02)00051-5)
- Li, X., Zhou, Z., Zhang, J., Zhou, S., & Xiong, Q. (2021). Conversion of Mixtures of Soybean Curd Residue and Kitchen Waste by Black Soldier Fly Larvae (*Hermetia illucens* L.). *Insects*, 13(1), 23. <https://doi.org/10.3390/insects13010023>
- Lloyd, L. (2024, mayo 8). *Análisis Bromatológicos en Alimentos—Lloyd Mexicano Laboratorios*. <https://lloyd-mex.com/analisis-bromatologicos-en-alimentos-una-vision-profunda/>
- Lu, S., Taethaisong, N., Meethip, W., Surakhunthod, J., Sinpru, B., Sroichak, T., Archa, P., Thongpea, S., Paengkoum, S., Purba, R. A. P., & Paengkoum, P. (2022). Nutritional Composition of Black Soldier Fly Larvae (*Hermetia illucens* L.) and Its Potential Uses as Alternative Protein Sources in Animal Diets: A Review. *Insects*, 13(9), 831. <https://doi.org/10.3390/insects13090831>
- Mendez-Sanchez, C., Ranasinghe, M. K., Güell, C., Ferrando, M., Rodriguez-Saona, L., & de Lamo Castellvi, S. (2025). Rapid Determination of Insect Lipids and Their Fatty Acid Profile in Dough Using Handheld and Portable Infrared Spectrometers. *Food and Bioprocess Technology*. <https://doi.org/10.1007/s11947-025-03772-2>

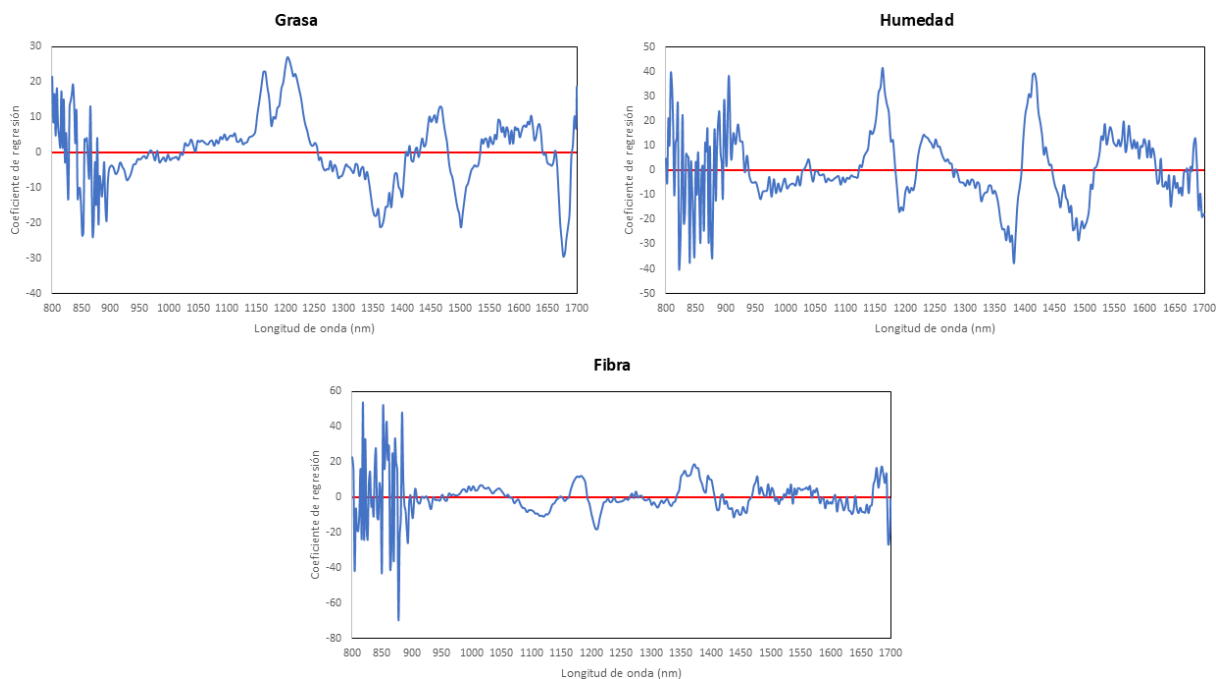
- Metrohm. (s. f.). *Espectrómetros NIRS*. Recuperado 14 de abril de 2025, de https://www.metrohm.com/es_es/products/near-infrared-spectroscopy.html
- Moran, D., & Blair, K. J. (2021). Review: Sustainable livestock systems: anticipating demand-side challenges. *Animal*, 15, 100288. <https://doi.org/10.1016/j.animal.2021.100288>
- near Infrared Spectroscopy—An overview | ScienceDirect Topics*. (s. f.). Recuperado 7 de abril de 2025, de <https://www.sciencedirect.com/topics/medicine-and-dentistry/near-infrared-spectroscopy>
- Núñez-Sánchez, N., Martínez-Marín, A. L., Polvillo, O., Fernández-Cabanás, V. M., Carrizosa, J., Urrutia, B., & Serradilla, J. M. (2016). Near Infrared Spectroscopy (NIRS) for the determination of the milk fat fatty acid profile of goats. *Food Chemistry*, 190, 244-252. <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2015.05.083>
- Olivieri, A. C., & Escandar, G. M. (2014). Analytical Figures of Merit. En *Practical Three-Way Calibration* (pp. 93-107). Elsevier. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-410408-2.00006-5>
- Ozaki, Y. (2012). Near-Infrared Spectroscopy—Its Versatility in Analytical Chemistry. *Analytical Sciences*, 28(6), 545-563. <https://doi.org/10.2116/analsci.28.545>
- Producción de larvas de mosca soldado negra*. (s. f.). ECHOcommunity. Recuperado 10 de abril de 2025, de <https://www.echocommunity.org/resources/86a8212a-a048-41c6-ab31-536c111e75ac>
- Protein*. (s. f.). Recuperado 11 de abril de 2025, de <https://www.genome.gov/genetics-glossary/Protein>
- Rehman, K. U., Hollah, C., Wiesotzki, K., Rehman, R. U., Rehman, A. U., Zhang, J., Zheng, L., Nienaber, T., Heinz, V., & Aganovic, K. (2023). Black soldier fly, *Hermetia illucens* as a potential innovative and environmentally friendly tool for organic waste management: A

- mini-review. *Waste Management & Research: The Journal for a Sustainable Circular Economy*, 41(1), 81-97. <https://doi.org/10.1177/0734242X221105441>
- Ribeiro, J. S., Augusto, F., Salva, T. J. G., Thomaziello, R. A., & Ferreira, M. M. C. (2009). Prediction of sensory properties of Brazilian Arabica roasted coffees by headspace solid phase microextraction-gas chromatography and partial least squares. *Analytica Chimica Acta*, 634(2), 172-179. <https://doi.org/10.1016/j.aca.2008.12.028>
- Sase, H. (2023). Effects of Acidic Substances on Ecosystems. En *Handbook of Air Quality and Climate Change* (pp. 893-922). Springer, Singapore. https://doi.org/10.1007/978-981-15-2760-9_26
- Silvia Grassi (Director). (2021, junio 14). *Conferencia: «Espectroscopia infrarroja NIR en el ámbito agroalimentario»* [Video recording]. <https://www.youtube.com/watch?v=YD129KGOC3U>
- Standard Practices for Infrared Multivariate Quantitative Analysis*. (2012). <https://compass.astm.org/document/?contentCode=ASTM%7CE1655-05%7Cen-US>
- Stanford Advanced Materials. (s. f.). *Absorbancia: Fundamentos y aplicaciones*. Recuperado 14 de abril de 2025, de <https://www.samaterials.es/content/absorbance-basics-and-applications.html>
- TECNAL. (s. f.). *Determinación de Grasas: Legislación, Cuantificación e Información Nutricional*. Determinación de Grasas: Legislación, Cuantificación e Información Nutricional. Recuperado 11 de abril de 2025, de https://tecnal.com.br/es/blog/408_determinacion_de_grasas_legislacion_cuantificacion_e_informacion_nutricional

- Teye, E., Huang, X., Sam-Amoah, L. K., Takrama, J., Boison, D., Botchway, F., & Kumi, F. (2015). Estimating cocoa bean parameters by FT-NIRS and chemometrics analysis. *Food Chemistry*, 176, 403-410. <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2014.12.042>
- Tomar, M., Bhardwaj, R., Kumar, M., Singh, S. P., Krishnan, V., Kansal, R., Verma, R., Yadav, V. K., dahuja, A., Ahlawat, S. P., Chand Rana, J., Satyavathi, C. T., Praveen, S., & Sachdev, A. (2021). Development of NIR spectroscopy based prediction models for nutritional profiling of pearl millet (*Pennisetum glaucum* (L.)) R.Br: A chemometrics approach. *LWT*, 149, 111813. <https://doi.org/10.1016/j.lwt.2021.111813>
- veselin. (2022, mayo 24). Near-Infrared (NIR) Spectroscopy—Detailed Explanation. *tec5USA*. <https://www.tec5usa.com/nir-spectroscopy/>
- Workman, Jr., Jerry, & Weyer, L. (2007). *Practical Guide to Interpretive Near-Infrared Spectroscopy* (0 ed.). CRC Press. <https://doi.org/10.1201/9781420018318>
- Wu, G. (2005). Chapter 1—Molecular vibration. En G. Wu (Ed.), *Nonlinearity and Chaos in Molecular Vibrations* (pp. 1-14). Elsevier. <https://doi.org/10.1016/B978-044451906-1/50001-6>
- Yi, M., Chen, W., & Liu, J. (2025). Total Partial Least Square Regression and its application in infrared spectra quantitative analysis. *Measurement*, 247, 116794. <https://doi.org/10.1016/j.measurement.2025.116794>
- Zeaiter, M., & Rutledge, D. (s. f.). *3.04 Preprocessing Methods*.

Apéndices

Apéndice A. Contribuciones de cada longitud de onda para los modelos de grasa, humedad y fibra sin pretratamiento.



Apéndice B. Bandas de absorción características de las proteínas, grasas, humedad y fibra en el espectro NIR.

Rangos de Longitudes de Onda [nm]		Tipos de Vibración	Asociadas a			
Límite Inferior	Limite Superior		P	G	H	F
860	910	3er sobretono CH ₃				X
880	920	3er sobretono CH ₂				X
910	940	3er sobretono CH		X		X
920	940	3er sobretono ROH				X
960	990	3er sobretono H ₂ O			X	
1020	1050	3er sobretono RNH ₂	X			
1120	1190	2do sobretono CH ₃				X
1150	1210	2do sobretono CH ₂				X
1170	1220	2do sobretono CH	X	X		X

1375	1410	2do sobretono CH ₃				X
1410	1450	2do sobretono ROH				X
1400	1450	2do sobretono H ₂ O			X	
1420	1470	2do sobretono CH		X		
1430	1470	2do sobretono CONH ₂	X			
1470	1490	2do sobretono CONHR	X			
1490	1525	2do sobretono RNH ₂	X			
1625	1700	1er sobretono CH ₃				X
1675	1700	1er sobretono CH ₂		X		
1685	1765	1er sobretono CH	X	X		

Nota: P: Proteína, G: Grasa, H: Humedad, F: Fibra.

Fuente: (Alagappan et al., 2024; Alagappan, Hoffman, et al., 2025; Cozzolino et al., 2024; Cruz-Tirado et al., 2023; Kim et al., 2023; Núñez-Sánchez et al., 2016; Workman & Weyer, 2007)

Apéndice C. Valores de referencia del set de calibración

NUMERO DE MUESTRA	% PROTEINA	%GRASA	%HUMEDAD	%FIBRA
Muestra 1	36.79	41.23	0.62	8.66
Muestra 2	36.50	41.22	0.63	8.57
Muestra 3	36.65	41.24	0.62	8.61
Muestra 4	36.73	40.46	1.07	-
Muestra 5	36.99	40.16	1.06	-
Muestra 6	36.86	40.31	1.08	-
Muestra 7	36.93	40.07	2.35	-
Muestra 8	36.84	40.06	2.34	-
Muestra 9	36.89	40.08	2.36	-
Muestra 10	26.92	53.11	1.66	-
Muestra 11	28.64	48.42	0.65	6.93
Muestra 12	28.70	48.43	0.64	7.10
Muestra 13	28.67	48.44	0.65	7.01
Muestra 14	28.47	48.41	0.77	-
Muestra 15	34.67	44.35	1.07	7.98
Muestra 16	34.68	44.36	1.07	7.70
Muestra 17	34.66	44.34	1.07	7.84
Muestra 18	34.38	44.13	1.60	-
Muestra 19	34.10	44.12	1.61	-
Muestra 20	34.24	44.14	1.59	-
Muestra 21	34.87	42.78	5.99	6.63
Muestra 22	33.62	42.21	6.06	6.73
Muestra 23	34.25	42.50	6.03	6.68

PREDICCIÓN BROMATOLÓGICA DE LARVA DE MOSCA SOLDADO POR NIRS 60

Muestra 24	22.66	62.92	6.20	4.88
Muestra 25	22.15	62.03	5.73	5.96
Muestra 26	22.40	62.47	5.75	5.42
Muestra 27	31.83	45.90	9.17	5.66
Muestra 28	31.18	45.17	9.52	5.97
Muestra 29	31.50	45.54	9.00	5.81
Muestra 30	29.85	46.80	8.82	5.86
Muestra 31	30.34	46.28	8.70	5.75
Muestra 32	30.10	46.54	8.66	5.81
Muestra 33	23.75	58.55	6.96	5.22
Muestra 34	23.48	59.07	6.91	4.42
Muestra 35	23.62	58.81	6.93	4.82
Muestra 36	32.13	43.95	9.83	5.47
Muestra 37	31.99	43.35	9.86	5.63
Muestra 38	32.06	43.65	9.84	5.55
Muestra 39	28.72	46.15	11.80	5.38
Muestra 40	27.25	48.78	12.56	6.00
Muestra 41	27.98	47.46	11.41	5.69
Muestra 42	37.38	41.65	4.54	6.62
Muestra 43	36.31	41.58	4.57	6.94
Muestra 44	36.85	41.62	4.95	6.78
Muestra 45	37.76	38.16	4.37	7.35
Muestra 46	38.77	40.31	4.38	6.48
Muestra 47	38.27	39.23	4.25	6.92
Muestra 48	32.61	46.71	4.07	6.83
Muestra 49	33.16	48.00	4.31	5.82
Muestra 50	32.89	47.36	4.15	6.33
Muestra 51	34.43	45.65	3.90	6.56
Muestra 52	34.75	46.61	4.08	6.44
Muestra 53	34.59	46.13	4.02	6.50
Muestra 54	30.40	50.71	4.93	5.99
Muestra 55	30.24	51.26	4.98	5.90
Muestra 56	30.32	50.99	5.11	5.95
Muestra 57	32.32	48.73	4.80	5.87
Muestra 58	33.20	47.95	4.69	4.94
Muestra 59	29.26	53.54	4.53	6.86
Muestra 60	28.21	53.55	4.56	6.36
Muestra 61	28.74	53.55	4.42	6.61
Muestra 62	-	-	9.37	-

PREDICCIÓN BROMATOLÓGICA DE LARVA DE MOSCA SOLDADO POR NIRS 61

Muestra 63	-	-	9.24	-
Muestra 64	-	-	9.19	-
Muestra 65	-	-	11.56	-
Muestra 66	-	-	11.24	-
Muestra 67	-	-	11.45	-
Muestra 68	36.70	41.63	2.16	6.83
Muestra 69	36.46	41.62	2.14	6.80
Muestra 70	27.46	52.78	1.60	6.27
Muestra 71	27.24	52.44	1.62	6.04
Muestra 72	32.99	43.32	6.12	6.20
Muestra 73	35.10	43.31	6.32	6.19
Muestra 74	23.79	59.70	4.07	5.74
Muestra 75	23.77	56.16	4.10	6.10
Muestra 76	36.23	44.99	4.40	7.06
Muestra 77	36.31	45.08	4.08	6.85
Muestra 78	32.40	48.38	4.38	5.74
Muestra 79	32.63	50.35	4.47	5.07
Muestra 80	38.78	43.10	4.23	6.81
Muestra 81	38.60	43.03	4.30	6.86

Apéndice D. Valores del set de predicción

NUMERO DE MUESTRA	% PROTEINA	%GRASA	%HUMEDAD	%FIBRA
Muestra 68	36.70	41.63	2.16	6.83
Muestra 69	36.46	41.62	2.14	6.80
Muestra 70	27.46	52.78	1.60	6.27
Muestra 71	27.24	52.44	1.62	6.04
Muestra 72	32.99	43.32	6.12	6.20
Muestra 73	35.10	43.31	6.32	6.19
Muestra 74	23.79	59.70	4.07	5.74
Muestra 75	23.77	56.16	4.10	6.10
Muestra 76	36.23	44.99	4.40	7.06
Muestra 77	36.31	45.08	4.08	6.85
Muestra 78	32.40	48.38	4.38	5.74
Muestra 79	32.63	50.35	4.47	5.07
Muestra 80	38.78	43.10	4.23	6.81
Muestra 81	38.60	43.03	4.30	6.86

Apéndice E. Cálculo de proteína para los valores de referencia

NUMERO DE MUESTRA	PESO MUESTRA [g]	VOLUMEN HCl [ml]	% PROTEINA
Muestra 4	0.3049	12.88	36.73
Muestra 5	0.3044	12.95	36.99
Muestra 18	0.3059	12.1	34.38
Muestra 19	0.3061	12.01	34.10
Muestra 7	0.3054	12.97	36.93
Muestra 8	0.309	13.09	36.84
Muestra 10	0.3081	9.56	26.92
Muestra 14	0.3012	9.88	28.47
Muestra 21	0.3009	12.07	34.87
Muestra 22	0.3016	11.67	33.62
Muestra 72	0.3085	11.71	32.99
Muestra 73	0.3091	12.48	35.10
Muestra 74	0.3079	8.45	23.79
Muestra 24	0.302	7.9	22.66
Muestra 27	0.3016	11.05	31.83
Muestra 30	0.304	10.45	29.85
Muestra 33	0.301	8.25	23.75
Muestra 36	0.3028	11.2	32.13
Muestra 39	0.3038	10.05	28.72
Muestra 75	0.3063	8.4	23.77
Muestra 25	0.303	7.75	22.15
Muestra 34	0.3063	8.3	23.48
Muestra 37	0.3042	11.2	31.99
Muestra 28	0.3022	10.85	31.18
Muestra 31	0.3048	10.65	30.34
Muestra 40	0.3073	9.65	27.25
Muestra 76	0.305	12.71	36.23
Muestra 42	0.3017	12.97	37.38
Muestra 45	0.3031	13.16	37.76
Muestra 78	0.3033	11.31	32.40
Muestra 48	0.3045	11.43	32.61
Muestra 51	0.3022	11.97	34.43
Muestra 77	0.3053	12.58	36.31
Muestra 43	0.3027	12.64	36.31
Muestra 54	0.3022	10.58	30.40
Muestra 57	0.3057	11.37	32.32
Muestra 80	0.3066	13.67	38.78

PREDICCIÓN BROMATOLÓGICA DE LARVA DE MOSCA SOLDADO POR NIRS 63

Muestra 59	0.3011	10.15	29.26
Muestra 46	0.3033	13.52	38.77
Muestra 79	0.3033	11.39	32.63
Muestra 49	0.3045	11.62	33.16
Muestra 52	0.3024	12.09	34.75
Muestra 55	0.3021	10.52	30.24
Muestra 58	0.3049	11.65	33.20
Muestra 81	0.3024	13.42	38.60
Muestra 60	0.3071	9.98	28.21

Apéndice F. Cálculo de grasa para los valores de referencia

NUMERO DE MUESTRA	PESO MUESTRA [g]	PESO DEL BALÓN [g]	PB + GRASA [g]	% GRASA
Muestra 7	2.0523	122.8374	123.6597	40.07
Muestra 4	2.0048	123.7474	124.5586	40.46
Muestra 5	2.0104	124.4955	125.3029	40.16
Muestra 18	2.026	121.0611	121.9551	44.13
Muestra 10	2.0283	124.1954	125.2727	53.11
Muestra 14	2.0068	118.9124	119.8838	48.41
Muestra 71	2.0168	119.5639	120.4324	43.06
Muestra 23	2.0016	126.6143	127.4729	42.90
Muestra 21	2.0051	120.0532	120.9109	42.78
Muestra 22	2.0062	127.1363	127.9832	42.21
Muestra 72	2.0073	119.5943	120.4638	43.32
Muestra 74	2.0021	119.5799	120.7751	59.70
Muestra 24	2.0119	119.5537	120.8195	62.92
Muestra 75	2.0248	126.6893	127.8264	56.16
Muestra 27	2.0591	127.3568	128.302	45.90
Muestra 30	2.0094	119.5426	120.483	46.80
Muestra 33	2.0125	120.9598	122.1382	58.55
Muestra 36	2.0121	118.9049	119.7893	43.95
Muestra 39	2.0014	124.1366	125.0602	46.15
Muestra 25	2.0097	122.2744	123.5211	62.03
Muestra 28	2.0117	129.0265	129.9352	45.17
Muestra 31	2.038	127.0415	127.9846	46.28
Muestra 34	2.0143	124.0332	125.2231	59.07
Muestra 37	2.0085	127.2115	128.0822	43.35
Muestra 40	2.033	125.6178	126.6094	48.78

PREDICCIÓN BROMATOLÓGICA DE LARVA DE MOSCA SOLDADO POR NIRS 64

Muestra 76	2.0312	124.4747	125.3886	44.99
Muestra 42	2.0049	127.3496	128.1847	41.65
Muestra 45	2.0212	124.1974	124.9686	38.16
Muestra 78	2.0089	124.8047	125.7766	48.38
Muestra 48	2.012	120.0343	120.9742	46.71
Muestra 51	2.0267	126.9307	127.8559	45.65
Muestra 54	2.0048	125.8305	126.8472	50.71
Muestra 57	2.0326	123.9713	124.9617	48.73
Muestra 80	2.0107	123.9419	124.8086	43.10
Muestra 59	2.0073	123.9771	125.0518	53.54
Muestra 77	2.0383	125.4117	126.3305	45.08
Muestra 43	2.0043	124.2023	125.0357	41.58
Muestra 46	2.0049	126.6544	127.4625	40.31
Muestra 79	2.019	126.7528	127.7693	50.35
Muestra 49	2.0161	123.713	124.6807	48.00
Muestra 52	2.0194	122.8212	123.7625	46.61
Muestra 55	2.0227	126.846	127.8828	51.26
Muestra 58	2.0107	120.3491	121.3132	47.95
Muestra 81	2.0038	127.128	127.9902	43.03
Muestra 60	2.0183	128.7656	129.8465	53.55

Apéndice G. Cálculo de humedad para los valores de referencia

NUMERO DE MUESTRA	PESO CAJA INICIAL [g]	PESO CAJA Y MUESTRA [g]	PESO CAJA Y MUESTRA SECA FINAL [g]	% HUMEDAD
Muestra 4	45.1223	47.1235	47.102	1.07
Muestra 7	45.6292	47.6288	47.5818	2.35
Muestra 10	49.6122	51.6165	51.5832	1.66
Muestra 14	44.8862	46.887	46.8715	0.77
Muestra 18	42.7581	44.7595	44.7274	1.60
Muestra 21	44.1146	46.1151	45.9952	5.99
Muestra 22	43.7511	45.7516	45.6304	6.06
Muestra 72	43.3047	45.3054	45.1829	6.12
Muestra 73	42.6432	44.6442	44.5178	6.32
Muestra 74	42.5916	44.5922	44.5107	4.07
Muestra 75	47.5582	49.5596	49.4775	4.10
Muestra 24	46.4256	48.426	48.302	6.20
Muestra 25	46.6932	48.6941	48.5794	5.73
Muestra 26	41.6351	43.6374	43.5223	5.75

PREDICCIÓN BROMATOLÓGICA DE LARVA DE MOSCA SOLDADO POR NIRS 65

Muestra 62	43.3982	45.3979	45.2106	9.37
Muestra 63	44.4753	46.4758	46.2909	9.24
Muestra 64	42.8747	44.8758	44.6919	9.19
Muestra 65	43.406	45.4072	45.1759	11.56
Muestra 66	44.8679	46.8697	46.6446	11.24
Muestra 67	40.595	42.5967	42.3676	11.45
Muestra 27	47.4782	50.4795	50.2043	9.17
Muestra 28	43.9381	46.9398	46.6541	9.52
Muestra 29	43.4841	46.488	46.2176	9.00
Muestra 30	41.4501	44.454	44.189	8.82
Muestra 33	44.5542	47.5568	47.3478	6.96
Muestra 34	48.0594	51.0622	50.8548	6.91
Muestra 36	44.5185	47.5183	47.2234	9.83
Muestra 37	45.7599	48.7667	48.4703	9.86
Muestra 39	42.9574	45.9627	45.6081	11.80
Muestra 40	42.8744	45.8783	45.5011	12.56
Muestra 31	46.6842	48.6851	48.511	8.70
Muestra 32	47.5583	49.5602	49.3868	8.66
Muestra 41	50.3318	52.3351	52.1065	11.41
Muestra 76	42.7571	44.7597	44.6715	4.40
Muestra 77	43.7208	45.7224	45.6408	4.08
Muestra 42	44.5526	46.5548	46.4639	4.54
Muestra 43	45.7584	47.7606	47.669	4.57
Muestra 44	40.9891	42.9878	42.8889	4.95
Muestra 45	43.737	45.7399	45.6523	4.37
Muestra 46	39.0298	41.0319	40.9443	4.38
Muestra 47	50.3277	52.3287	52.2436	4.25
Muestra 78	44.553	46.5549	46.4672	4.38
Muestra 79	43.1412	45.141	45.0517	4.47
Muestra 48	43.9383	45.9407	45.8592	4.07
Muestra 49	45.5666	47.5682	47.482	4.31
Muestra 50	43.3976	45.3984	45.3154	4.15
Muestra 51	48.0587	50.0589	49.9808	3.90
Muestra 52	43.96	45.9603	45.8787	4.08
Muestra 53	44.8622	46.8651	46.7846	4.02
Muestra 54	42.9223	44.9257	44.8269	4.93
Muestra 55	43.065	45.068	44.9682	4.98
Muestra 56	41.9518	43.9525	43.8503	5.11
Muestra 57	45.0304	47.0357	46.9395	4.80

PREDICCIÓN BROMATOLÓGICA DE LARVA DE MOSCA SOLDADO POR NIRS 66

Muestra 58	46.4223	48.4284	48.33422	4.69
Muestra 80	45.1203	47.1263	47.0414	4.23
Muestra 81	46.4122	48.418	48.3318	4.30
Muestra 59	43.8891	45.8925	45.8017	4.53
Muestra 60	43.354	45.3533	45.2621	4.56
Muestra 61	42.1437	44.1468	44.0582	4.42

Apéndice H. Cálculo de fibra para los valores de referencia

NUMERO DE MUESTRA	PESO DE MUESTRA [g]	PESO PAPEL [g]	PESO PAPEL Y MUESTRA [g]	PESO CRISOL [g]	PESO CRISOL + CENIZA [g]	CENIZA [%]	FIBRA [%]
Muestra 73	2.0168	0.8236	0.9302	28.5721	28.5746	2.35%	6.19
Muestra 23	2.0016	0.8386	0.941	34.963	34.9662	3.12%	6.68
Muestra 21	2.0051	0.8201	0.9532	30.3793	30.3819	1.95%	6.63
Muestra 22	2.0062	0.8426	0.978	28.9668	28.9707	2.88%	6.73
Muestra 72	2.0073	0.8278	0.9527	31.2694	31.2752	4.64%	6.20
Muestra 74	2.0021	0.8463	0.9616	31.748	31.7519	3.38%	5.74
Muestra 24	2.0119	0.844	0.9428	31.3097	31.316	6.38%	4.88
Muestra 75	2.0248	0.8466	0.9706	32.6299	32.6347	3.87%	6.10
Muestra 27	2.0591	0.853	0.9697	29.4934	29.4961	2.31%	5.66
Muestra 30	2.0094	0.8855	1.0036	33.2882	33.2918	3.05%	5.86
Muestra 33	2.0125	0.8816	0.987	31.3088	31.3127	3.70%	5.22
Muestra 36	2.0121	0.835	0.9453	34.5965	34.5988	2.09%	5.47
Muestra 39	2.0014	0.8286	0.9364	31.2691	31.2715	2.23%	5.38
Muestra 25	2.0097	0.8376	0.9581	29.9594	29.9676	6.80%	5.96
Muestra 28	2.0117	0.8384	0.959	31.1909	31.1962	4.39%	5.97
Muestra 31	2.038	0.8205	0.9381	29.7902	29.7945	3.66%	5.75
Muestra 34	2.0143	0.8436	0.9331	32.4254	32.4292	4.25%	4.42
Muestra 37	2.0085	0.8343	0.9477	30.6645	30.668	3.09%	5.63
Muestra 40	2.033	0.8331	0.9555	31.2148	31.2192	3.59%	6.00
Muestra 76	2.0312	0.854	0.9978	31.2145	31.2207	4.31%	7.06
Muestra 42	2.0049	0.8683	1.0015	31.2684	31.2756	5.41%	6.62
Muestra 45	2.0212	0.8427	0.9918	30.01	30.0167	4.49%	7.35
Muestra 78	2.0089	0.824	0.9398	28.9629	28.968	4.40%	5.74
Muestra 48	2.012	0.8165	0.9545	31.2289	31.2365	5.51%	6.83
Muestra 51	2.0267	0.832	0.9654	29.6482	29.6546	4.80%	6.56
Muestra 54	2.0048	0.8435	0.964	34.9548	34.9603	4.56%	5.99
Muestra 57	2.0326	0.8194	0.9391	31.1902	31.1948	3.84%	5.87

PREDICCIÓN BROMATOLÓGICA DE LARVA DE MOSCA SOLDADO POR NIRS 67

Muestra 80	2.0107	0.8496	0.9869	30.148	30.154	4.37%	6.81
Muestra 59	2.0073	0.8468	0.985	30.3782	30.3854	5.21%	6.86
Muestra 77	2.0383	0.8436	0.984	32.9065	32.9177	7.98%	6.85
Muestra 43	2.0043	0.8521	0.9916	32.6291	32.6341	3.58%	6.94
Muestra 46	2.0049	0.869	0.9994	28.5205	28.5262	4.37%	6.48
Muestra 79	2.019	0.8922	0.9954	29.961	29.9686	7.36%	5.07
Muestra 49	2.0161	0.8473	0.9657	33.4614	33.4734	10.14%	5.82
Muestra 52	2.0194	0.8693	0.9999	32.1871	32.1951	6.13%	6.44
Muestra 55	2.0227	0.8227	0.9426	29.7196	29.7255	4.92%	5.90
Muestra 58	2.0107	1.7235	1.824	30.6626	30.6735	10.85%	4.94
Muestra 81	2.0038	0.8364	0.9743	27.7692	27.7745	3.84%	6.86
Muestra 60	2.0183	0.8754	1.0043	32.1259	32.1335	5.90%	6.36