

EMPLEO DE ESPECTROSCOPÍA NIR A PARTIR DE LA CARNE PARA LA IDENTIFICACIÓN RÁPIDA DE GENOTIPOS DE VACUNO

León-Ecay^{1*}, S., López-Maestresalas¹, A., Mendizabal¹, J.A., Beriain¹, M.J., González¹, M., Panea³, B., Beruete², M., Ripoll³, G. e Insausti¹, K.

¹IS-FOOD Research Institute, ETS de Ingeniería Agronómica y Biociencias, Universidad Pública de Navarra; ²Grupo de Antenas-TERALAB, Universidad Pública de Navarra;

³Unidad de Tecnología en Producción Animal, CITA de Aragón

*sara.leon@unavarra.es

INTRODUCCIÓN

Los hábitos de consumo de la población, ligados a una preocupación creciente a cerca de la calidad, seguridad, inocuidad y autenticidad de los alimentos, deriva en que se demanden productos con características concretas. En este sentido, el genotipo de los animales juega un papel importante ya que influye tanto en las propiedades y estructura del músculo, como en la fisiología de la carne (Sañudo *et al.*, 2004) incluyendo las propiedades bioquímicas de la misma (Gil *et al.*, 2001). Además, la raza es en muchos casos un criterio recogido en los pliegos de condiciones de las denominaciones de origen. Por ello, el objetivo del estudio se centra en la identificación rápida y no destructiva de diferentes genotipos de terneros a partir de su carne empleando espectroscopia NIR en el rango 400-2500 nm.

MATERIAL Y MÉTODOS

En este estudio se analizaron un total de 45 terneros, de los genotipos: Pirenaica (13), Conjunto Mestizo (10), Frisona (10) y Razas Rústicas (12). Los datos NIR, en modo de reflectancia, se tomaron con un equipo NIRSystems FoSS 6500, a partir de carne picada (descongelada) en los días (d) de maduración 7 y 14. Para evaluar el comportamiento espectral, generar nuevas hipótesis y detectar agrupaciones, se realizó un Análisis de Componentes Principales (PCA) en cada uno de los momentos de maduración con el software PLS_Toolbox bajo MATLAB® R2020a. De forma paralela, se estudiaron las diferencias entre los siguientes parámetros de calidad: textura (WBSF); pH a las 24 h (pHu) y a los 7 días (Crison GLP 22); y grasa intramuscular (extracción Soxhlet) con el software IBM SPSS Statistics.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

A los datos espectrales que se tomaron el día 7 se les aplicó un preprocesado de variable normalizada estándar y centrado medio. Se seleccionaron 6 Componentes Principales (PC) explicando un 98,91 % de varianza con un RMSEC de 0,003 y RMSECV de 0,005. Este modelo PCA fue capaz de discriminar entre los cuatro genotipos. Con el modelo PCA a partir de los espectros del día 14, y con el mismo preprocesado, se describió un 99,85 % de la varianza mientras que se registraron un RMSEC de 0,012 y un RMSECV de 0,003. En ambos modelos, a pesar de ser construidos con información espectral en diferentes momentos de maduración, se observó cómo el rango 1196-1820 nm tenía una mayor influencia sobre el PC 1 (60,19 % para 7 d y 60,68 % a 14 d). Sin embargo, en un estudio similar, Cheng *et al.* (2022) observaron cómo las longitudes en el rango 450-882 nm tuvieron un gran impacto en distinguir distintas razas de pollos. En cuanto a las medidas instrumentales, para la grasa intramuscular se detectaron diferencias significativas entre tres de los cuatro genotipos mientras que para WBSF, pH y pHu únicamente se vieron diferencias estadísticamente significativas entre dos de los genotipos.

CONCLUSIÓN

Los resultados del presente estudio revelan cómo la tecnología NIR ofrece una opción no destructiva útil para identificar y autenticar de forma rápida y efectiva los genotipos de los animales a lo largo del proceso de maduración de la carne. Asimismo, gracias al empleo del análisis de PCA puede afirmarse cómo el modelo creado a día 7 puede aplicarse satisfactoriamente para fines discriminantes.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Cheng, T., Li, P., Ma, J., Tian, X. & Zhong, N. 2022. Processes 10: 1484
- Gil, M., Serra, X., Gispert, M., Oliver, M.A., Sañudo, C., Panea, B., Olleta, J.L., Campo, M., Oliván, M., Osoro, K., García-Cachán, M.D., Cruz-Sagredo, R., Izquierdo, M., Espejo, M., Martín, M. & Piedrafita, J. 2001. Meat Sci. 58: 181-188
- Sañudo, C., Macie, E.S., Olleta, J.L., Villarroel, M., Panea, B. & Alberti, P. 2004. Meat Sci 66: 925-932.

Agradecimientos: Esta investigación ha sido financiada tanto por el proyecto INIA-RTA 2013-00046-C1 como por la Universidad Pública de Navarra gracias a una ayuda para la formación de personal investigador predoctoral en la convocatoria del año 2022.