

VALIDACIÓN DE LA TRAZABILIDAD MEDIANTE MARCADORES DE ADN DE LA CARNE DE VACUNO

Alfonso, L., Soret, B., Arana, A.

Dpto. Producción Agraria. Universidad Pública de Navarra. 31006 Pamplona

INTRODUCCIÓN

Durante los últimos años la demanda de la certificación de los productos cárnicos ha ido en aumento tanto por parte de los consumidores (por razones de seguridad alimentaria percibida) como por parte de los ganaderos (por razones de diferenciación frente a un mercado único). En el contexto actual del sector cárnico vacuno, marcado por la EEB (encefalopatía espongiforme bovina), la certificación cobra una especial relevancia. Uno de los puntos críticos es la necesidad de emplear importantes recursos económicos y humanos para asegurar la trazabilidad de la carne hasta el punto de venta mediante sistemas de etiquetado.

La utilización de técnicas basadas en el análisis de ADN se ha mostrado, en distintos trabajos, como una herramienta útil al permitir una trazabilidad individual completa con una elevadísima fiabilidad (Arana et al., 2000; Cunningham et al., 1999; San Cristobal-Gaudy et al., 2000). El método se basa en la comparación de los perfiles alélicos de dos muestras que supuestamente provienen de un mismo animal, y en su evaluación se han considerado, en esos trabajos, situaciones genéticamente "favorables" para la aplicación de las técnicas de ADN al suponer la existencia de una única raza implicada y ausencia de relación de parentesco entre los animales comercializados. El objetivo de este trabajo es analizar la robustez que presentan esas técnicas cuando se incumplen esos supuestos.

MATERIAL Y MÉTODOS

Partiendo de la estructura de la certificación "Ternera de Navarra" y las características genéticas de la raza Pirenaica, principal raza implicada en esa certificación, para un conjunto de 10 marcadores de ADN (Arana et al., 2000), se simuló varios supuestos en cuanto a número de orígenes genéticos y relaciones de parentesco entre los terneros sacrificados.

Respecto a los orígenes genéticos se asumió que la carne comercializada podía proceder de más de una raza y de sus cruces, y que además esas razas podían estar genéticamente muy separadas o próximas. Respecto a la relación de parentesco entre los animales de los que procedía la carne comercializada se asumió que en su obtención había participado distinto número de toros, de forma que variase la probabilidad de contrastar muestras de carne de animales con un mismo padre.

La simulación se basó en generar 800 animales bajo los supuestos genéticos mencionados, asumir que un 2% de esos animales se comercializaban adicionalmente de forma fraudulenta, muestrear un 10% de las canales a nivel de matadero y punto de venta, y contrastar sus perfiles alélicos tal como se haría tras el análisis molecular de ADN en laboratorio. En la Tabla 1 se resumen las situaciones consideradas. Cada situación se simuló un total de 1000 veces y tras ello se calculó

el porcentaje de animales fraudulentos que no se detectarían al utilizar distinto número de marcadores.

Tabla 1 - Situaciones consideradas en las simulaciones realizadas para validar la fiabilidad de las técnicas de ADN en la trazabilidad individual de la carne de vacuno.

<i>Variable</i>	<i>Situación (*)</i>	<i>Nº de razas</i>	<i>Nº de toros (**)</i>
<u>Origen genético</u>	go1	1	10
	go2	2 (razas próximas)	10
	go3	2 (razas separadas)	10
	go4	2 (razas próximas) + cruce	10
	go5	2 (razas separadas) + cruce	10
<u>Parentesco entre</u>	nm1	1	1
<u>Animales</u>	nm2	1	10
	nm3	1	25
	nm4	1	50

(*) go: origen genético; nm: número de machos.

(**) Se asume que cada toro deja el mismo número de hijos

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La comparación de los perfiles alélicos de muestras de distintos animales permiten trazar su origen perfectamente cuando se usa un mínimo de 8 marcadores moleculares de ADN (Figuras 1 y 2). Por debajo de este número es posible confundir muestras procedentes de distintos animales, por lo que la posibilidad de no controlar posibles fraudes en la comercialización de piezas de carne es importante. Esa confusión es relativamente baja por el hecho de existir más de una raza implicada, pero puede ser importante si se utilizan pocos marcadores y el conjunto de animales comercializados tiene una importante relación de parentesco.

Los resultados obtenidos ratifican los obtenidos previamente tanto a nivel teórico como con muestras procedentes de la certificación "Ternera de Navarra" (Arana et al., 2000). La utilización de un mínimo de 8 marcadores de ADN, suficientemente informativos como los simulados, parece necesaria para la aplicación práctica del procedimiento.

Aunque es deseable conocer la estructura genética de las poblaciones de las que proceden los animales comercializados bajo una Certificación para establecer un sistema de trazabilidad basado en marcadores de ADN, usando 10 marcadores de ADN se pueden distinguir perfectamente los animales comercializados aun cuando exista más de una raza implicada y los animales procedan de apareamientos con un número limitado de toros.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Arana, A., Alfonso, L. Soret, B., Lasa, I. Zaragoza, P. (2000) Proc. International Congress on Authenticity of Species in Meat and Seafood Products, Vigo (Spain), 18-20 Sept.
- Cunningham E.P., Meghan, C., Scott, C., Bradley, D.G., MacHugh, D.E., Loftus, R.T. (1999) Symposium "New Developments in Guaranteeing the Optimal Sensory Quality of Meat", Madrid (Spain), 5-7 Mayo
- San Cristobal-Gaudy, M., Renard, G., Amigues, Y., Boscher, M.-Y., Levéziel, H., Bibé, B. (2000). INRA Prod. Anim., 13(4):269-276

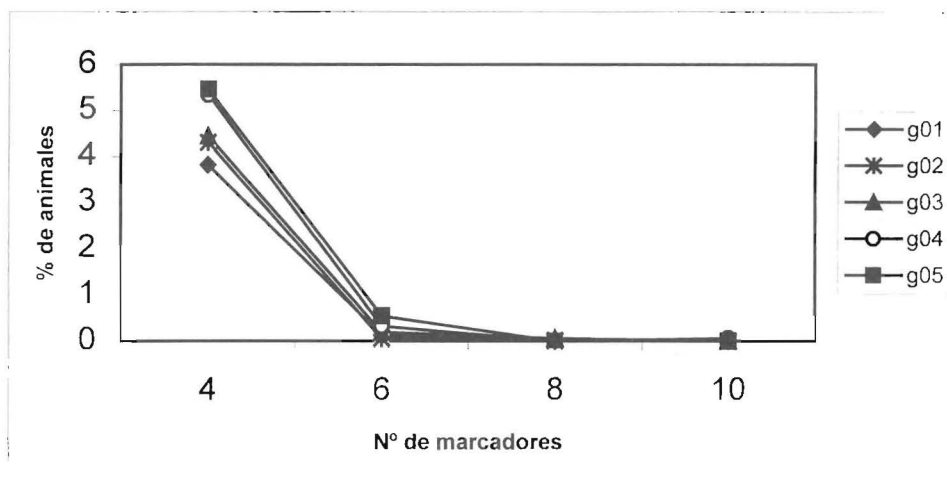


Figura 1 – Porcentaje de animales fraudulentos no detectados al considerar distintos orígenes genéticos y número de marcadores de ADN

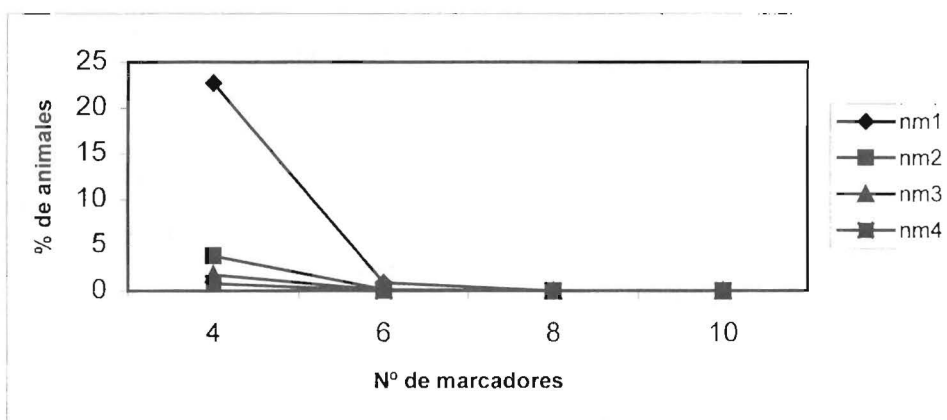


Figura 2 – Porcentaje de animales fraudulentos no detectados al considerar distintos grados de relación de parentesco entre animales y número de marcadores de ADN