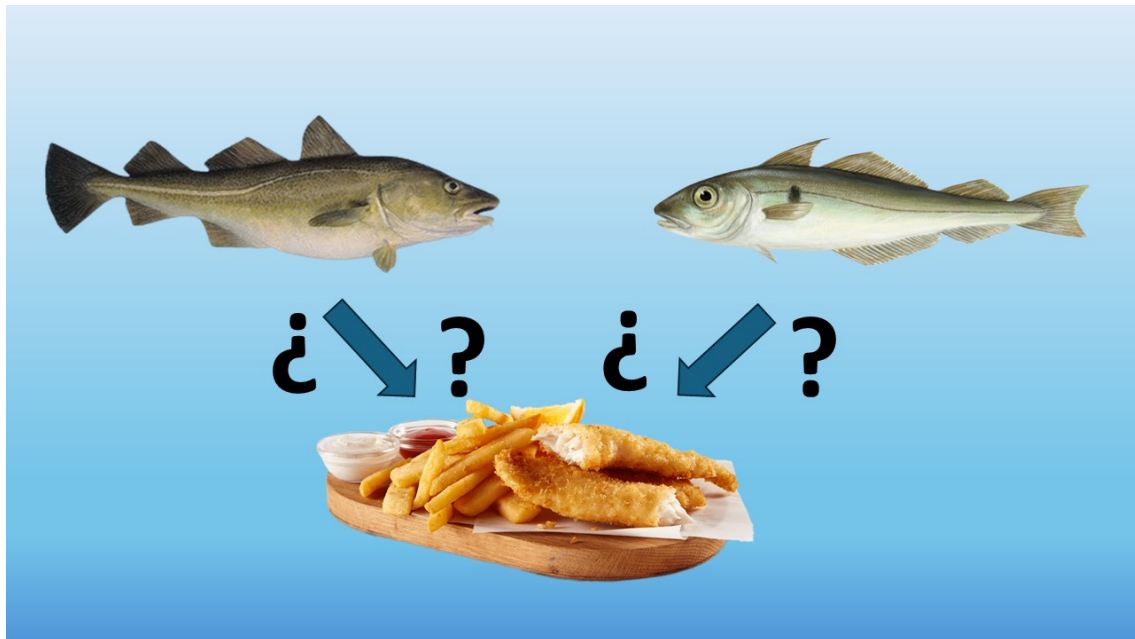


Que no te den eglefino por bacalao



El fraude en el etiquetado de pescado es un grave problema a nivel mundial, causante de grandes pérdidas económicas y problemas ambientales y de salud. La necesidad de herramientas para evitar dicho fraude es acuciante. En este trabajo se demuestra como la proteómica puede ser una de dichas herramientas, presentando ventajas frente a las técnicas usadas de manera rutinaria.



Fotomontaje sobre la dificultad de identificar si el "fish and chips" es bacalao (izquierda) o eglefino (derecha). Javier Pineda Pampliega. Imágenes de pescados de www.artsdatabanken.no.

El fraude del pescado

Solemos utilizar la expresión "dar gato por liebre" para indicar que se está produciendo un engaño, haciendo pasar un producto por otro de menor valor. Esta expresión viene de la Edad Media, cuando en posadas y tabernas se vendía carne de gato diciendo que era carne de liebre. Ese tipo de engaños parece que no tienen cabida en pleno siglo XXI, pero nada más lejos de la realidad, ocurriendo con frecuencia en la compra y venta de pescado.

Si pensamos en una pescadería, es difícil que se de este engaño, ya que es fácil identificar que especie estamos comprando, al tener al individuo completo. Sin embargo, en el mercado existen muchos productos donde el pescado ha sido procesado de distintas maneras y ha perdido su forma, por lo que la identificación visual es prácticamente imposible. Un ejemplo muy claro son los famosos "fish



and chips" ingleses, los cuales normalmente están preparados con bacalao, pero que en algunas ocasiones son de eglefino, más barato, pero de textura y sabor similar. En este caso el pescado mantiene en cierta medida su forma; pero ¿qué hay de las famosas barritas de surimi, donde el pescado es disgregado y posteriormente prensado? ¿O las hamburguesas de pescado? En estos productos un posible cambio es más que plausible. De hecho, se estima que hasta un 30% de los productos derivados de pescado están incorrectamente etiquetados. Dichos etiquetados fraudulentos pueden ocurrir por error, pero se sabe que en muchos casos ocurren de manera deliberada, para obtener un beneficio económico. Un caso típico son los cambios en las distintas especies de atún, donde la diferencia de precio por kilo puede ser de cientos de euros. Sin embargo, el problema no es solo económico. Mucha gente padece alergias a distintas especies de pescado; si una de estas personas consume por un etiquetado incorrecto alguna de las especies a la que es alérgica, esto podría causar un grave problema de salud. Además, se sabe que estas prácticas han causado la entrada al mercado de especies en peligro de extinción, como es el caso de algunos tiburones, lo que está causando un grave daño medioambiental.

Cuando las herramientas que existen no son suficientes

Estos etiquetados incorrectos existen, y seguirán existiendo, por lo que se necesitan herramientas que permitan determinar si el o los pescados en un producto son los que indica su etiqueta. Por norma general, lo que se suele hacer es seleccionar unas cuantas muestras al azar de cada producto, y comprobar que especies componen dicho producto. Actualmente, la técnica de referencia (es decir, la que se usa de manera más común) es la búsqueda de marcadores de ADN. El ADN es la secuencia que codifica toda la información para que un ser vivo sea tal y como es. A pesar de la enorme variabilidad dentro de dicha secuencia, hay ciertas zonas o marcadores que son iguales para todos los individuos de una especie. Así, si el etiquetado indica que el producto es bacalao, al buscar el marcador de ADN correspondiente al bacalao, este debería encontrarse en dicho producto. Esto suena muy bien en la teoría, y hay muchos casos en los que es así, pero existe un gran problema, y es que el ADN es muy sensible a algunos de los procesos que sufren los productos alimenticios, como es el calor. En casos de temperaturas altas, la secuencia de ADN se rompe, y esta técnica no se puede utilizar. Y ahí es donde entra la proteómica.

La proteómica ha llegado para quedarse

La proteómica es una disciplina centrada en determinar todas las proteínas que hay en una muestra biológica. La gran ventaja que presenta esta técnica es que las proteínas son muy estables a altas temperaturas, por lo que podrían ser una buena alternativa al uso de marcadores de ADN en estos productos sometidos a calor.

Cuando se realiza un análisis proteómico, lo que obtenemos es un patrón de espectros de masa, con una apariencia de código de barras. Mediante el uso



de diversas herramientas bioinformáticas, a partir de dichos patrones se puede determinar que proteínas hay en una muestra. Sin embargo, no hace falta llegar tan lejos, ya que se ha observado que el patrón de espectros de masa de una especie es bastante consistente. Así, se ha observado que, en productos comerciales como las hamburguesas de pescado, normalmente compuestas por varias especies diferentes, esta técnica de comparación de espectros permite determinar que especies están formando parte de dicha hamburguesa. Incluso se ha visto que cantidades tan pequeñas como el 1% pueden detectarse con esta técnica. La gran ventaja de poder realizar esta comparación directa es un tremendo ahorro en tiempo y dinero, ya que no son necesarios laboriosos análisis posteriores.

Debido a los grandes problemas que puede causar un etiquetado fraudulento, hacen falta cada vez más sistemas que permitan advertir sobre estas situaciones. La proteómica demuestra ser una herramienta eficaz en la lucha contra el fraude alimenticio, siendo útil en aquellos casos donde la determinación de marcadores de ADN no puede llegar. Además, los diversos avances han permitido que estas técnicas sean cada vez más rápidas y baratas, permitiendo su implementación de manera sencilla. De esta manera, hay una nueva herramienta en la lucha contra el fraude alimenticio.



Referencias bibliográficas: Varunjikar, M.S.; Pineda-Pampliega, J.; Belghit, I.; Palmblad, M.; Grøsvik, B.E.; Meier, S.; Olsvik, P.A.; Lie, K.K.; Rasinger, J.D. 2024. Fish species authentication in comercial fish products using mass spectrometry and spectral library matching approach. Food Research International, 192: 114785. Doi: <https://doi.org/10.1016/j.foodres.2024.114785>.

Autor/a/es: Javier Pineda Pampliega, Profesor Ayudante Doctor del Departamento de Producción Animal de la Facultad de Veterinaria.