



## Optimización del proceso de curación del jamón ibérico mediante el uso de la tecnología de espectroscopía de infrarrojo cercano (NIRS) para predecir el perfil de ácidos grasos

*El objetivo de este trabajo fue desarrollar y optimizar modelos quimiométricos para la predicción del perfil de ácidos grasos en grasa líquida de cerdo Ibérico.*

**J.M. Cáceres-Nevaldo\*, M. García-García,  
C. Palma-Gutiérrez, M. Hernández-García**

Centro de Investigación Agroalimentaria  
del Valle de los Pedroches (CICAP)  
Polígono Industrial Dehesa Boyal, 8, Parcela 10-13  
14400 Pozoblanco, Córdoba, España  
\*jmcaceres@cicap.es

### Introducción

---

Los productos derivados del cerdo Ibérico tienen una gran aceptación mundial debido a sus excepcionales propiedades organolépticas (Ventanas, Ruiz, García, y Ventanas, 2007). Tradicionalmente, los cerdos Ibéricos se han criado en sistemas de producción extensiva (dehesa), un sistema natural donde los animales se alimentan de recursos naturales (hierba y bellotas) en la fase final de engorde. En los últimos años ha aumentado la demanda de productos derivados del cerdo Ibérico, lo que ha provocado un aumento del censo de cerdos Ibéricos, incluidos los cruzados con Duroc (Ramírez y Cava, 2007). Debido a ello, y dado que la producción del Ibérico está muy arraigada a determinadas zonas geográficas dentro del territorio español (Guijuelo

(Salamanca), Extremadura, Jabugo (Huelva) y Los Pedroches (Córdoba)), esta actividad influye positivamente en el desarrollo del medio rural y de sus economías.

En 2014, con la finalidad de asegurar la trazabilidad en los procedimientos normativos para el etiquetado y la autenticación de productos del cerdo Ibérico, un nuevo sistema oficial de clasificación fue desarrollado considerando el genotipo y régimen alimenticio (BOE, 2014). Esta regulación contempla cuatro categorías de calidad: Negro (cerdos 100% ibéricos finalizados con bellota); Roja (cerdos, al menos, 50% ibéricos finalizados con bellota); Verde (cerdos, al menos, 50% ibéricos alimentados con recursos silvopastoriles y suplementados con pienso; sistema abierto) y Blanca (cerdos, al menos, 50% ibéricos alimentados con pienso; sistema de estabulación). Rigurosas inspecciones en granjas y mataderos son llevadas a cabo para controlar la pureza racial y los sistemas de alimentación. Sin embargo, esos métodos de control son costosos, requieren elevada mano de obra y no proporcionan información individual de cada animal.

La correcta clasificación de estos productos es de gran interés tanto para los industriales como para las autoridades y consumidores, conllevando al desarrollo de metodologías fiables que permitiesen una correcta e inequívoca clasificación (De Pedro, 2001), ya que durante más de 20 años se han utilizado diversas metodologías para clasificar los lotes en diversas categorías comerciales, incluida la predicción del perfil de ácidos grasos o las inspecciones granja (Garrido-Varo y De Pedro, 2007), limitando la información a nivel de lote y no permitiendo conocer información individual de cada uno de los animales.

El elevado coste y tiempo que conllevan las visitas a granjas y la determinación del perfil de ácidos grasos mediante cromatografía de gases, limitan la aplicación de dichas metodologías de control de calidad a todos los animales de forma individualizada. En la actualidad, se toma una muestra de tejido subcutáneo de cada uno de los animales que conforman un lote, haciendo un "pool" de todas ellas y una única determinación del perfil de ácidos grasos asociado a dicho lote. Como consecuencia de ello, es de gran interés para los industriales disponer de herramientas y metodologías que permitan obtener información individualizada de cada uno de los animales de forma rápida, precisa y con un coste reducido (Garrido-Varo y De Pedro, 2007), permitiendo de



VISÍTENOS EN  
**FOODTECH**

del 26 al 29 septiembre de 2023

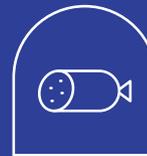
STAND D-275

TECNOLOGÍA | EXPERIENCIA  
INNOVACIÓN | CALIDAD

## SOLUCIONES PARA OPTIMIZAR SU PRODUCCIÓN

Impulsamos la innovación desde la experiencia y el conocimiento de los procesos.

Descubra nuestros equipos y líneas completas para la industria alimentaria.



**fac** / TECNOLOGIA ALIMENTARIA®

Industries Fac, S.L. · Crta. de Sils C-63, km. 23  
17430 Santa Coloma de Farners (Girona) · Telf: 972 842 065  
info@industriasfac.com · www.industriasfac.com

Distribuidores en España de las siguientes grandes marcas

**NIEROS**®

**VHENKOVAC**  
QUALITY VACUUM SYSTEMS

**FND**  
FRUIT PROCESSING MACHINERY

**STEEN**®  
www.steen.be

**VERINOX**  
FOOD INDUSTRY SOLUTIONS

**HAMMOULD**®

esta forma poder tomar decisiones técnicas en tiempo real a lo largo del proceso productivo, así como ofrecer al consumidor información relevante que garantice la calidad de los productos adquiridos.

Como metodología alternativa, la tecnología de espectroscopía de infrarrojo cercano (NIRS) ofrece un análisis no destructivo y rápido de diversos productos agroalimentarios, lo cual es ideal para cumplir con los requerimientos que el sector del Ibérico demanda para el control de calidad y trazabilidad de sus productos. Además, esta técnica requiere una mínima preparación de las muestras, no genera residuos, es versátil, conlleva un menor coste que los métodos convencionales de referencia y puede integrarse en la cadena de producción, permitiendo analizar un gran número de muestras y tomar decisiones en tiempo real (Garrido, 2000; Osborne, Fearn, y Hindle, 1993; Roberts, Stuth, y Flinn, 2004; Cáceres-Navado y cols., 2019, 2021a, 2021b).

Previos trabajos han demostrado el potencial de la tecnología de infrarrojo cercano (NIRS) para el análisis y caracterización de diferentes tipos de grasas, tanto animales como vegetales. En caso de grasa subcutánea de cerdo Ibérico, numerosos trabajos han resaltado la capacidad de dicha tecnología para el análisis de grasa líquida (Fernández-Cabanás y cols., 2007; García-Olmo, Garrido, y De Pedro, 2001; Pérez-Marín y cols., 2007) o tejido subcutáneo intacto (García-Olmo, Garrido, y De Pedro, 1998; González-Martín y cols., 2002) como herramienta para predecir el perfil de ácidos grasos y clasificar las piezas de los animales en base a dicho perfil.

El objetivo de este trabajo fue desarrollar y optimizar modelos quimiométricos con un analizador multipropósito FT-NIR (MPA I, Bruker Optics, Ettlingen, Germany) para la predicción del perfil de ácidos grasos en grasa líquida de cerdo Ibérico.

## Materiales y métodos

### Conjunto muestral

El conjunto muestral utilizado para desarrollar este estudio estuvo compuesto por trescientas cinco muestras (N = 305) de tejido adiposo subcutáneo de cerdos Ibéricos (cerdos 100% ibéricos y cruzados con Duroc) pertenecientes a diferentes lotes. Los animales fueron sacrificados en un mismo matadero durante cuatro campañas consecutivas (2018/2019, 2019/2020, 2020/2021 y 2021/2022).

### Análisis de referencia

Cada muestra de tejido adiposo subcutáneo fue obtenida de cada canal en la línea de sacrificio de la

inserción del rabo en la zona coxal, la misma zona que utilizan los comités de las Denominaciones de Origen. Las muestras fueron almacenadas a -20 °C hasta el momento del análisis.

Para determinar el perfil de ácidos grasos, la cromatografía de gases fue utilizada como método de referencia. Los ésteres metílicos de los ácidos grasos se extrajeron con hexano utilizando un cromatógrafo Bruker 430-GC con detector FID y sistema de inyección automática. Los valores se expresan como porcentajes (%) del total de ácidos grasos analizados (BOE, 2004).

### Análisis NIRS

La información espectral fue obtenida en reflectancia utilizando un espectrofotómetro multipropósito FT-NIR (MPA I, Bruker Optics, Ettlingen, Germany). Este equipo está completamente controlado mediante el *software* OPUS versión 7.8, proporcionado por Bruker Optics.

Las condiciones analíticas para el instrumento de sobremesa MPA fueron las siguientes: 800-2.500 nm (12.500-4.000  $\text{cm}^{-1}$ ); resolución de 16  $\text{cm}^{-1}$ ; velocidad de escáner de 10 kHz y 32 escaneos tanto para la adquisición de muestras como de fondo.

Previo al análisis, cada muestra fue descongelada, se eliminó la piel y se troceó en pequeñas porciones (aproximadamente 0,5  $\text{cm}^3$ ). Las porciones de cada muestra se introdujeron en un recipiente de vidrio y fueron calentados en un microondas a 700 W de potencia y 2.450 MHz de frecuencia, durante un intervalo temporal de 5 minutos. Una vez finalizado este periodo, fueron obtenidas alícuotas de 5 ml, las cuales se conservaron a 35 °C y posteriormente se analizaron con el espectrofotómetro MPA I (De Pedro, Casillas, y Miranda, 1996).

### Preprocesamiento y análisis estadístico de la información espectral

Previamente al desarrollo de los modelos quimiométricos se aplicó un análisis de componentes principales (PCA) para reducir la información espectral a un conjunto de variables linealmente no correlacionadas denominadas componentes principales (PC) (Wold, Esbensen, y Geladi, 1989). Las dos primeras componentes principales se consideraron las más informativas, ya que la varianza explicada fue igual o superior al 90 %.

Una vez realizado el análisis de componente principales, se procedió a configurar los colectivos de calibración (90% y N = 274) y validación exter-

na (10% y N = 31). Para ello, se utilizó el algoritmo QUANT del que está dotado el *software* OPUS 7.8 (Bruker Optics, Ettlingen, Germany).

Los datos espectrales se preprocesaron matemáticamente para eliminar efectos tales como: dispersión de la luz, resaltar longitudes de onda influyentes en los modelos, eliminar el efecto multiplicativo o corregir efectos de desplazamiento de la línea base. Se probaron diferentes preprocesamientos, tratamientos matemáticos y combinaciones de ambos: eliminación de desnivel constante, sustracción de la línea recta, normalización vectorial (SNV), normalización de mín.-máx., corrección de dispersión multiplicativa, primera y segunda derivada Savitzky-Golay, primera derivada + sustracción de línea recta, primera derivada + normalización vectorial (SNV), primera derivada + MSC (Barnes, Dhanoa, y Lister, 1989). Además de ello, el algoritmo QUANT incluido en el *software* OPUS permite realizar una optimización automática mediante la combinación de diferentes pretratamientos y regiones espectrales. Como resultado

de dicha optimización se obtuvo el rango (número de variables latentes) y el error medio estándar de validación cruzada (RMSECV) para cada una de las combinaciones generadas, permitiendo elegir la mejor combinación para desarrollar el modelo definitivo para cada parámetro evaluado. Estos modelos se desarrollaron utilizando la regresión de mínimos cuadrados parciales (PLS) (Windham, Mertens, y Barton, 1989), algoritmo que correlaciona la información espectral y los datos de referencia.

Con el objetivo de identificar anómalos espectrales, el residuo espectral al cuadrado se compara con el valor medio de todos los demás mediante el cálculo del estadístico  $F_{\text{value}}$ . Los espectros que son poco representados por los vectores PLS tienen elevados valores de este estadístico. Por otro lado, los anómalos químicos son detectados automáticamente como aquellas muestras para las cuales la diferencia entre el valor de referencia y el valor predicho es grande y estadísticamente significativa. El estadístico  $F_{\text{prob}}$  indica la probabilidad que una muestra



Distribuidores de:

**WIEGAND**  
FLEISCHEREIMASCHINEN

**Nock**  
Know-how in food processing!



FIGURA 1

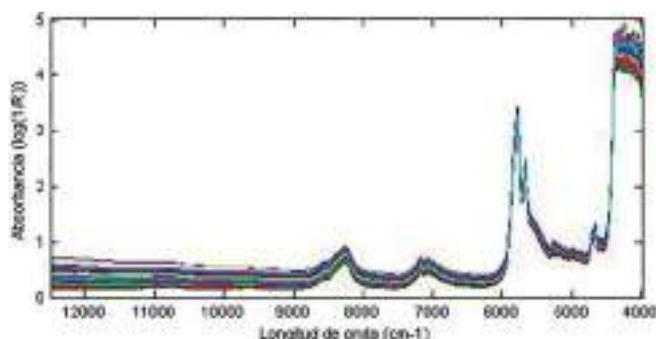
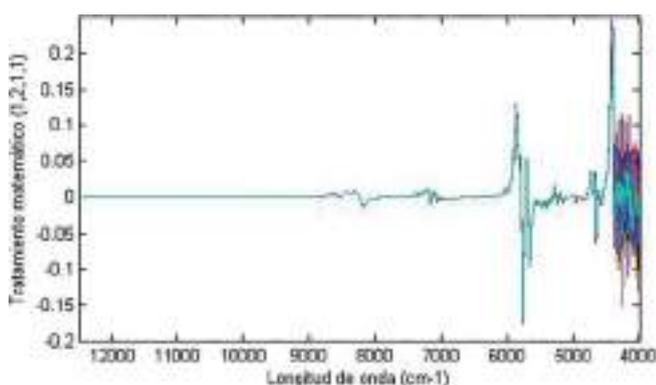
**Conjunto espectral**

FIGURA 2

**Conjunto espectral con pretratamiento matemático de primera derivada**

tiene de ser anómalo químico, considerando *outliers* aquellas muestras con un valor de  $F_{\text{prob}}$  próximo a 1.

Una vez desarrollados los modelos se utilizaron los siguientes estadísticos para elegir el mejor de ellos para cada uno de los parámetros analizados: Error cuadrático medio de la estimación (RMSEE), error cuadrático medio de la validación cruzada (RMSECV) y coeficiente de determinación de la validación cruzada ( $R^2_{\text{cv}}$ ). El otro estadístico utilizado fue la desviación predictiva residual ( $RPD_{\text{cv}}$ ) (Williams y Sobering, 1996), calculado como la relación entre la desviación estándar de los datos de referencia de las muestras utilizadas para calibración y el error cuadrático medio de la validación cruzada (RMSECV). Cuando el  $RPD > 3$ , el modelo se puede aplicar cuantitativamente, mientras que una relación entre 2 y 3 significa que el modelo es prometedor para desarrollar una ecuación de predicción, pero aún necesita mejoras (Kapper, 2012). A su vez, la relación entre el rango del colectivo de calibración y el estadístico RMSECV, conocido co-

mo índice del error del rango, se calculó, ya que es considerado, junto con el RPD, un riguroso indicador estadístico de la precisión de los modelos de calibración (Millmier y Cols., 2000).

Una vez seleccionado el mejor modelo para cada uno de los ácidos grasos, se procedió a realizar la validación externa con muestras no involucradas en el colectivo de calibración. Para ello, se utilizó el conjunto de validación externa previamente configurado y se aplicó el protocolo establecido por Windham, Martens, y Barton (1989). El procedimiento consiste, fundamentalmente, en determinar la posible existencia de un error significativo conocido, o sesgo, y un error no explicado, denominado raíz del error cuadrático medio de predicción corregido por el sesgo o RMSEP(C). Ambos valores contribuyen al valor del error cuadrático medio de la predicción (RMSEP). Para conjuntos de calibración que comprenden 100 o más muestras y conjuntos de validación compuestos por nueve o más muestras, Shenk, Workman, y Westerhaus (2001) asumen el siguiente límite de control: RMSEP no debe exceder 1,30 veces el valor del RMSEE y el sesgo no debe exceder 0,6 veces el valor de RMSEE. El coeficiente de determinación de predicción debería ser superior a 0,6 y la pendiente debería de estar comprendida entre 0,9 y 1,1. Esos estadísticos y los valores de  $RPD_p$  calculados a partir del RMSEP se utilizaron para evaluar la capacidad predictiva de los modelos generados, así como el RER fue utilizado para comparar con otros estudios similares.

**Resultados y discusión****Características espectrales**

La **figura 1** muestra el espectro sin pretratamiento, como  $\log(1/R)$ , de cada una de las muestras que componen el colectivo muestral global. La información espectral define una serie de bandas de absorción características de cada producto. Por ello, el enlace C-H, el cual es un constituyente fundamental de las moléculas de ácidos grasos, absorbe fuertemente en longitudes de onda cercanas a 1.200, 1.400, 1.700-1.800, 2.200 nm (8.300, 7.150, 5.880-5.550 y 4.545  $\text{cm}^{-1}$ ) (Williams y Norris, 1987). Además, la región espectral comprendida entre 1.720-1.760 nm (5.815-5.680  $\text{cm}^{-1}$ ) se corresponde con el primer sobretono de estos enlaces (Shenk, Workman, y Westerhaus, 1992). Osborne, Fearn, y Hindle (1993) atribuyeron la absorción que se da a la longitud de onda de 1.210 nm (8.300  $\text{cm}^{-1}$ ) con el segundo sobretono de los enlaces  $\text{CH}_2$ . A su vez, los picos de absorción en la

región espectral 2.150-2.190 nm (4.650-4.565  $\text{cm}^{-1}$ ) y 1.680 nm (5.950  $\text{cm}^{-1}$ ) indican la presencia de enlaces dobles *cis* relacionados con los ácidos grasos (Garrido-Varo, Carrete, y Fernández-Cabánas, 1998).

Para corroborar lo explicado anteriormente, se procedió a pretratar la información espectral con un tratamiento matemático de primera derivada (**figura 2**) y segundo orden polinomial, permitiendo de esta forma observar con mayor calidad las bandas de absorción que influirán en el desarrollo del modelo, es decir, zonas de picos y valles.

### Selección de los colectivos de calibración y validación externa

Una vez estudiada la estructura de la población espectral mediante un análisis de componentes principales, no se detectaron anomalías espectrales. Con la finalidad de desarrollar modelos cuantitativos, y una vez realizado el análisis de componentes principales, el algoritmo QUANT permite seleccionar

el porcentaje de muestras que constituirán el colectivo de validación externa. De esta forma, el colectivo global se dividió en un colectivo de calibración (N = 274) y en otro de validación externa (N = 31).

Como se puede observar en la **tabla 1**, ambos colectivos tienen medias y desviaciones estándar similares para cada uno de los parámetros evaluados. A su vez, el colectivo de validación externa está completamente representado por el colectivo de calibración, lo cual se puede observar analizado en rango de cada uno de los parámetros evaluados en ambos colectivos. Como consecuencia de ello, queda demostrado que la información espectral es fundamental para seleccionar colectivos de calibración y validación bien estructurados, lo cual se ve reflejado en un incremento de efectividad de los modelos quimiométricos desarrollados.

A su vez, y observando el CV, el parámetro con mayor variabilidad fue el ácido linolénico, mostrando el resto de los parámetros una mayor uniformidad, sobre todo el ácido oleico.

## Soluciones y procesos para la industria de la carne

Especialistas en diseño y fabricación de **equipos de alto rendimiento** desde hace 40 años

**Tecnotrip**  
VACUUM PACK TECHNOLOGY

**TSB AC 70/175**  
**TSB A 100 SK**  
Termoselladoras Semiautomáticas y automáticas continuas al vacío. MAP y/o SKIN.

**MEW 721**  
Picadoras automáticas, para el picado y mezclado de carnes y otros alimentos.

**RET A 4**  
Tanque de retráctil automático.

**TD 105**  
Cortadora múltiple para cortar dados, tiras, loncheado o rallado de toda clase de productos.

**EVD A 20**  
Envasadora de doble campana al vacío de descarga automática.

**EV 29**  
Envasadoras al vacío de campana simple.

**SAP 400**  
Bombo al vacío para masaje y salazón.

venga a conocer nuestras NOVEDADES:

Alimentaria **FOODTECH** BARCELONA  
26 - 29 SEPT, 2023  
RECINTO GRAN VÍA  
Visita nuestro stand  
Pasadizo 3 Stand C238

Conoce nuestra extensa gama de maquinaria, consumibles y servicios en:  
  
 Distribuidores en España de **Vakona** y **Mado**



TABLA 1

Estadísticos descriptivos del colectivo muestral										
	Colectivo Calibración (N = 274)					Colectivo Validación (N = 31)				
	Mín.	Máx.	Media	SD	CV	Mín.	Máx.	Media	SD	CV
<b>C12:0</b>	0,03	0,08	0,06	0,01	16,7	0,05	0,08	0,07	0,01	14,3
<b>C14:0</b>	0,64	1,64	1,23	0,13	10,6	0,98	1,53	1,27	0,16	12,6
<b>C16:0</b>	11,97	25,69	20,80	2,17	10,4	17,35	25,14	21,60	2,59	12,0
<b>C18:0</b>	4,56	13,93	9,42	1,65	17,5	6,51	13,59	9,91	2,04	20,6
<b>C16:1</b>	1,30	3,97	2,11	0,36	17,1	1,72	2,75	2,20	0,29	13,2
<b>C18:1</b>	43,85	66,00	54,49	4,30	7,9	45,93	60,73	53,23	3,55	6,7
<b>C18:2</b>	6,91	13,94	8,99	1,38	15,4	6,97	12,45	8,87	0,93	10,5
<b>C18:3</b>	0,34	1,28	0,59	0,20	33,9	0,37	1,24	0,59	0,14	23,7

Mín.: Mínimo; Máx.: Máximo; SD: Desviación estándar; CV: (SD\*100/Media)

### Desarrollo y evaluación de los modelos quimiométricos

Una vez que los colectivos de calibración y validación fueron establecidos, los modelos de predicción fueron desarrollados aplicando el algoritmo QUANT. La optimización se realizó automáticamente probando sucesivamente diferentes combinaciones de regiones espectrales predefinidas y métodos de preprocesamiento de datos, dividiendo la región de frecuencia seleccionada en 10 subregiones iguales. Para encontrar la combinación óptima, el cálculo comienza con 10 subregiones y excluye sucesivamente una subregión. Este procedimiento continúa hasta que el valor medio del error de precisión no mejora más. Por consiguiente, el resultado de la ejecución de la optimización es una lista que muestra el rango (número de vectores PLS) y el RMSECV para cada combinación de regiones de frecuencia predefinidas y métodos de preprocesamiento de datos evaluados.

Analizando la **tabla 2**, donde se muestra el mejor modelo obtenido para cada uno de los parámetros evaluados, se puede observar que ninguno de ellos ha utilizado el rango espectral completo, sino que únicamente se han seleccionado las regiones más significativas para cada componente. A su vez, en el caso de los ácidos grasos saturados, el mejor modelo obtenido para cada uno de ellos ha sido obtenido con un tratamiento matemático de primera derivada, al igual que en el caso del ácido linoleico. Sin embargo, el mejor modelo para los ácidos grasos monoinsaturados y el ácido linoleico se obtiene con un tratamiento matemático de segunda derivada.

Estudios previamente realizados por otros autores (De Pedro y Cols., 1992; García-Olmo, Garrido, y De Pedro, 2001; Pérez-Marín y Cols., 2007) utilizando grasa fundida de cerdo ibérico, obtuvieron errores de validación cruzada y de predicción que van desde 0,43 a 0,26 para el ácido palmítico, desde 0,58 a 0,27 para el ácido esteárico, de 0,59 a

TABLA 2

Región espectral y preprocesamiento utilizado en el mejor modelo quimiométrico desarrollado para cada componente					
		Rango	Regiones (cm <sup>-1</sup> )		Preprocesamiento
<b>SFA</b>	Láurico	C12:0	9	9099,1-6545,6	Primera derivada + Sustracción de línea recta
	Mirístico	C14:0	9	9947,6-8242,8 / 7398-6545,6	Primera derivada + Normalización vectorial (SNV)
	Palmítico	C16:0	10	12493,4-9095,2 / 7398-6545,6 / 5700,9-4848,5	Primera derivada
	Esteárico	C18:0	7	9099,1-8242,8	Primera derivada + Normalización vectorial (SNV)
<b>MUFA</b>	Palmitoleico	C16:1	10	11644,8-9943,8 / 9099,1-6545,6 / 5700,9-4848,5	Segunda derivada
	Oleico	C18:1	10	11644,8-9943,8 / 7398-6545,6 / 5700,9-4848,5	Segunda derivada
<b>PUFA</b>	Linoleico	C18:2	10	5700,9-4848,5	Segunda derivada
	Linolénico	C18:3	10	9099,1-7394,2	Primera derivada + Normalización vectorial (SNV)

TABLA 3

## Estadísticos de los modelos quimiométricos desarrollados para cada uno de los ácidos grasos evaluados

	Calibración				Validación Cruzada					Validación Externa				
	N	R <sup>2</sup> c	RMSEE	RPD	R <sup>2</sup> cv	RMSECV	RPD	RER	Bias	R <sup>2</sup> v	RMSEP	RPD	RER	Bias
<b>C12:0</b>	268	66,77	0,00423	1,73	61,17	0,00448	1,60	8,93	-0,0000423	70,18	0,00533	1,85	5,63	0,000748
<b>C14:0</b>	261	88,33	0,0411	2,93	86,77	0,0431	2,75	15,08	-0,0005	89,07	0,0496	3,05	10,69	-0,00661
<b>C16:0</b>	254	99,32	0,178	12,10	99,16	0,193	10,90	61,09	-0,00138	99,34	0,204	12,30	38,19	0,0146
<b>C18:0</b>	255	99,13	0,149	10,70	99,03	0,155	10,20	53,23	0,000067	99,02	0,192	10,70	36,88	-0,0649
<b>C16:1</b>	251	93,81	0,075	4,02	90,75	0,0896	3,29	17,86	-0,00126	82,42	0,0962	2,45	10,71	0,0277
<b>C18:1</b>	243	99,79	0,157	21,90	99,74	0,172	19,50	107,15	-0,000203	99,74	0,195	19,60	68,21	-0,0204
<b>C18:2</b>	259	98,24	0,121	7,54	97,95	0,128	6,99	43,28	-0,00016	97,86	0,156	6,92	44,68	0,0317
<b>C18:3</b>	267	92,62	0,0356	3,68	91,9	0,0383	3,35	21,41	0,0000539	95,72	0,0414	4,85	21,98	0,00334

R<sup>2</sup>c: Coeficiente de determinación para calibración; RMSEE: Error cuadrático medio de calibración; R<sup>2</sup>cv: Coeficiente de determinación para validación cruzada; RMSECV: Error cuadrático medio de validación cruzada; R<sup>2</sup>v: Coeficiente de determinación para validación externa; RMSEP: Error cuadrático medio de predicción; RPDc, RPDcv, RPDv: Desviación de predicción residual en calibración, validación cruzada y validación externa; RER: índice del error del rango.

0,20 para el ácido oleico y de 0,36 a 0,15 para el ácido linoleico, dependiendo del modo de análisis (reflectancia vs transreflectancia). Los resultados obtenidos con transreflectancia en grasa fundida son, en todos los casos, mejores que los obtenidos por reflectancia, lo cual es debido a que la grasa fundida es una matriz con mayor homogeneidad que el tejido subcutáneo intacto, permitiendo obtener unos resultados más precisos y exactos. Analizando el error de validación cruzada obtenido en nuestro estudio para cada uno de los cuatro ácidos grasos principales, y tal como se puede observar en la **tabla 3**, estos errores fueron menores que los obtenidos por estos autores para ambos modos de análisis.

Por otro lado, analizando los valores del estadístico RPD tanto para validación cruzada como para validación externa, y de acuerdo con Kapper, 2012, todos los modelos presentan valores superiores o muy próximos 3 a excepción del ácido láurico, lo cual nos permite concluir que todos los modelos son aplicables cuantitativamente, necesitando mejorar el modelo desarrollado para la predicción del ácido láurico. A su vez, todos los modelos cumplen con los límites establecidos por Shenk, Workman, y Westerhaus (2001)  $RMSEP \leq 1,30$  veces el valor del RMSEE y el sesgo inferior a 0,6 veces el valor del RMSEE. Además, el coeficiente de determinación de predicción fue en todos los casos, a excepción del ácido láurico, próximo o



- Trazabilidad
- Fabricación
- Expedición

## ESPECIALISTAS EN EL SECTOR CÁRNICO

Calle Gutenberg 75, Polígono Ind. Los Villares  
37184 Villares de la Reina, Salamanca, Spain  
Teléfono: 923.28.10.24 / Fax: 923.28.17.47

[www.protoinfo.es](http://www.protoinfo.es)

¿QUIERES QUE TE AYUDEMOS?  
LLÁMANOS

superior a 0,9, lo cual justifica una precisión excelente para todos los modelos desarrollados, así como una precisión aceptable-buena para el ácido láurico.

Finalmente, los valores tan elevados del estadístico RER para todos y cada uno de los modelos desarrollados, nos muestran, en comparación con los modelos desarrollados por otros autores, el amplio rango de cada uno de los parámetros y el pequeño error obtenido en nuestros modelos, tanto en validación cruzada como en validación externa.

### Conclusiones

La evolución de la tecnología y su aplicación en el sector alimentario está permitiendo un mayor control de la seguridad alimentaria y de la calidad de los productos que llegan a los consumidores. En la actualidad, existe una amplia diversidad de tecnologías que permiten optimizar procesos en la industria jamonera y que facilitan la reducción de costes asociados al proceso.

La homogenización en la captación de sal durante la fase de salazón es uno de los principales desafíos que se plantean para el sector jamonero. Los principales factores de los que depende el tiempo de salazón son tres: peso del jamón, pH y cantidad de grasa. Además, en el jamón ibérico, cabe destacar el perfil de ácidos grasos del animal como factor determinante en el proceso de difusión de la sal, determinando mayores tiempos de salazón cuanto mayor es el contenido de ácidos grasos insaturados y viceversa, cuando los que predominan son los ácidos grasos saturados. A pesar de que esta relación ha sido investigada, este parámetro no se tiene en cuenta debido a que su determinación mayoritariamente se lleva a cabo mediante cromatografía de gases, técnica que requiere de un tiempo elevado para el procesado de la muestra y determinación de los parámetros, personal cualificado y una elevada inversión económica.

Los resultados obtenidos evidencian que la espectroscopía de infrarrojo cercano, técnica que permite realizar análisis masivos y obtener resultados en cuestión de segundos, sin uso de reactivos, con procesado mínimo de la muestra, sin necesidad de personal cualificado, siendo respetuosa con el medio ambiente al no hacer uso de reactivos químicos, y con un coste reducido, se plantea como una alternativa prometedora y viable que podría generar un impacto positivo en el sector.

El control de este parámetro persigue tiempos de salazón más ajustados a las necesidades reales de las piezas, lo que repercute a la industria en varios aspectos de carácter económico:

- Reducción de costes asociados a incidencias y/o desviaciones en el proceso productivo. Un ejemplo de ello podría ser la aparición de calas en piezas en las que el tiempo de salazón haya sido insuficiente, provocando que no se produzca una correcta penetración de la sal, barrera clave frente al desarrollo microbiológico.
- Incremento de la homogeneidad. A pesar de la heterogeneidad de la materia prima, una industria que controla todos los factores nombrados anteriormente, junto con el perfil de ácidos grasos, podrá mejorar la homogeneidad de su producto final en cuanto a los aromas adquiridos en bodega y las propiedades organolépticas desarrolladas a lo largo del proceso productivo. Ello será valorado positivamente por el consumidor final y, consecuentemente, se reflejará en unos mayores beneficios.
- Reducción de pérdidas económicas asociadas a devoluciones. En vistas de los dos puntos anteriormente mencionados, de igual forma se puede hablar de la influencia que tiene el proceso de salazón en la fase final de elaboración/expedición. Un control de sal al inicio del procesado condicionaría la presencia, al final del proceso, de jamones y paletas con deficiencia o exceso de sal, piezas que serán rechazadas por el cliente y que generarán pérdidas económicas.

Además de todo ello, cabe destacar que la elaboración de jamones y paletas implica un consumo energético asociado al uso de diferentes instalaciones: cámaras de congelación, cámaras de refrigeración y secaderos. Por ello, y en base al consumo energético requerido, las industrias jamoneras se catalogan como empresas de exposición media-alta, las cuales han sufrido un incremento de costes asociados al consumo energético de en torno a un 12 % en los últimos tres años. Como consecuencia de ello, es necesario disponer de herramientas que impliquen una mejora de la calidad final del producto, así como del proceso productivo, siendo una de estas herramientas los dispositivos basados en tecnología de reflectancia de infrarrojo cercano tal y como el que se evalúa en este trabajo.

### Bibliografía

Si desea descargar la bibliografía íntegra de este artículo puede hacerlo en la siguiente dirección web: [www.eurocarne.com/documentos/bibl31904.pdf](http://www.eurocarne.com/documentos/bibl31904.pdf). e