

XXVII Convegno Nazionale

AIVI

*Le sinergie tra grande distribuzione organizzata,
industria, piccole produzioni locali e controllo ufficiale:
tutela del consumatore, difficoltà e prospettive*



A.I.V.I.
Associazione Italiana
Veterinari Igienisti



Università degli
Studi di Perugia
Dipartimento di
Medicina Veterinaria

Perugia

13-14-15 settembre
2017

Università degli Studi di Perugia
Dipartimento di Medicina Veterinaria
Aula Magna

ralmente presenti in filetoni di Bacalà. Sono stati analizzati n. 19 filetti appartenenti allo stesso lotto, di differenti categorie di peso, sottoposti ad un duplice processo di salagione per immersione in salamoia (24 h) e salagione a secco. Ogni 15 giorni dall'inizio della salagione a secco e per 3 mesi, n. 3 filetti hanno subito un controllo visivo come da reg. CE 2074/05 e successivamente una digestione cloro-peptica (Llarena-Reino *et al.*, 2013). Delle larve rinvenute è stata valutata la vitalità (CODEX, 2004; Hirasa e Takemasa, 1998) e sono stati inoltre determinati parametri quali % NaCl, umidità, WPS ed a_w . Su 19 campioni ne sono risultati parassitati 17 (89,47%) con una intensità media di $7,23 \pm 4,78$ e abbondanza media di $6,47 \pm 5,05$. L'esame visivo ha permesso di svelare 109 parassiti (88,61%). Campioni di peso maggiore hanno presentato una maggiore infestazione; campioni di peso minore presentavano larve incistate più in profondità. Il 61,8 % delle larve è stato rinvenuto nelle porzioni ventrali. Le larve sono risultate non vitali a partire dal 15° giorno di salagione quando il filetto presentava valori di a_w di 0.7514, 18.6% NaCl e 24.15% WPS. Il processo di salagione potrebbe rappresentare un metodo alternativo per l'inattivazione delle larve anisakidi presenti nel prodotto.

Questo lavoro è stato svolto nell'ambito del progetto CRISaP Monitoraggio della presenza e vitalità di larve anisakidi in prodotti della pesca sottoposti a salagione.

Bibliografia

- CODEX, 2004. Standard for salted Atlantic herring and salted sprat. CODEX STAN 244e2004.
- EFSA, 2010. Scientific opinion on risk assessment of parasites in fishery products. EFSA J 8:1543.
- Hirasa K, Takemasa M, 1998. Spice sciences and technology. Dekker, New York, NY, USA.
- Llarena-Reino M, Piñeiro C, Antonio J, Outeirino L, Vello C, González ÁF, Pascual S, 2013. Optimization of the pepsin digestion method for anisakids inspection in the fishing industry. Vet Parasitol 191:276-83.

Parole chiave: Anisakis; EFSA; Bacalà.

C005 - 81

DNA barcoding per la verifica di conformità dei prodotti nella filiera ittica: il laboratorio a supporto della tracciabilità aziendale

Lara Tinacci,* Alessandra Guidi, Andrea Toto, Lisa Guardone, Alice Giusti, Priscilla D'Amico, Andrea Armani

FishLab, Dipartimento Scienze Veterinarie, Università di Pisa, Pisa, Italia
*lara.tinacci@for.unipi.it

Data la pluralità di Operatori del Settore Alimentare (OSA) e la complessità della filiera ittica, promuovere sistemi di tracciabilità integrati da analisi di laboratorio per il controllo dell'identità dei prodotti risulta essenziale per tutelare sia i consumatori che gli interessi aziendali. Nell'identificazione di specie la tecnica DNA *Barcoding* e l'analisi delle distanze filogenetiche (FINS) costituiscono un supporto per la qualifica dei fornitori e la certificazione delle informazioni destinate al mercato. Nel presente studio, un protocollo sviluppato presso il FishLab del Dipartimento di Scienze Veterinarie (Università di Pisa), è stato applicato per l'identificazione di specie in prodotti ittici. Il protocollo, funzionando come strumento decisionale, (albero delle decisioni), permette di individuare il percorso analitico più appropriato in funzione delle caratteristiche dei campioni da analizzare. In particolare, prevede l'analisi di un frammento standard del gene *COI* seguita

dall'uso di *target* alternativi o di supporto al *target* elettivo (*cytb* e *16S rRNA*) ed include anche un protocollo di *mini-barcoding*. La procedura è stata applicata all'analisi di 182 prodotti (pesci e molluschi) raccolti in regime di autocontrollo aziendale, nel biennio 2014-2015, per valutarne l'efficienza ed i limiti rispetto alle necessità degli OSA. L'identificazione di specie è stata ottenuta nel 96,2% dei prodotti, nel 92,4% dei casi con il solo utilizzo del *target* d'elezione e nel 3,8% con l'ausilio di un *target* molecolare di supporto. La mancata identificazione di specie (3,8% dei prodotti) è stata attribuita all'assenza di sequenze di riferimento per le specie d'interesse o all'elevato grado di conservazione dei *target* considerati. I risultati molecolari ottenuti sono stati comunque sufficientemente informativi per la verifica dei dati riportati in etichetta. L'analisi ha evidenziato non conformità nel 18,1% dei prodotti, riconducibile sia a sostituzione volontaria che involontaria. Lo studio, ha confermato l'efficacia del protocollo nella verifica d'identità dei prodotti analizzati confermando la sua applicabilità per il controllo dell'identità e della tracciabilità di prodotti in regime di autocontrollo. Inoltre, ha evidenziato la persistenza di frodi per sostituzione nel settore ittico mettendo in evidenza le categorie di prodotto più soggette a falsificazione.

Parole chiave: Prodotti ittici; Identificazione di specie; DNA; Autocontrollo aziendale; Frodi.

C006 - 96

Analisi del genoma mitocondriale (mtDNA) di *Dentex gibbosus*

Celestina Mascolo,^{1*} Marina Ceruso,² Giuseppe Palma,³ Maurizio Della Rotonda,⁴ Paolo Sordino,⁵ Tiziana Pepe²

¹Stazione Zoologica Anton Dohrn, Dipartimento di Medicina Veterinaria e Produzioni Animali, Università degli Studi di Napoli Federico II, Napoli; ²Dipartimento di Medicina Veterinaria e Produzioni Animali, Università degli Studi di Napoli Federico II, Napoli; ³Assoittica Italia, Roma; ⁴Centro di riferimento regionale per la sicurezza sanitaria del pescato, Regione Campania, Napoli; ⁵Stazione Zoologica Anton Dohrn, Centro di Ricerca, Napoli, Italia
*celestine.mascolo@gmail.com

Lo studio del DNA mitocondriale (mtDNA) delle specie ittiche consente la caratterizzazione molecolare del pescato. Frammenti di mtDNA sono stati utilizzati da vari autori come marcatori di specie ittiche (Pepe *et al.*, 2007). Tuttavia, tale approccio può dare risultati incerti, perché i frammenti utilizzati sono troppo piccoli per contenere sufficienti informazioni genetiche. L'analisi della sequenza completa dell'mtDNA consente di identificare le specie in modo univoco. La famiglia Sparidae comprende 41 specie e l'mtDNA è stato sequenziato solo per n°9 di esse. Il Dentice rosa (*Dentex gibbosus*) non figura fra queste pur essendo di notevole interesse perché oggetto di frode, infatti può essere venduto come *Dentex dentex*, specie di maggior pregio commerciale. Scopo di questo studio è stato quello di sequenziare il mtDNA completo di *D. gibbosus* al fine di ottenere maggiori informazioni utili per identificare correttamente la specie. Un esemplare di *D. gibbosus*, proveniente dal mercato ittico di Pozzuoli (Na), è stato identificato in base alle caratteristiche morfologiche presso il DMVPA Federico II Napoli. L'mtDNA è stato ottenuto con duplice approccio: i) amplificazione dell'mtDNA mediante long e short PCR, seguite rispettivamente da sequenziamento Illumina MiSeq e Sanger; ii) estrazione dell'mtDNA mediante kit Qiaprep Spin Miniprep (Qiagen) (Quispe-Tintaya *et al.*, 2013) modificato dagli autori, e sequenziamento diretto mediante Illumina MiSeq. Il mtDNA completo di *D. gibbosus* contiene 13 geni codifi-