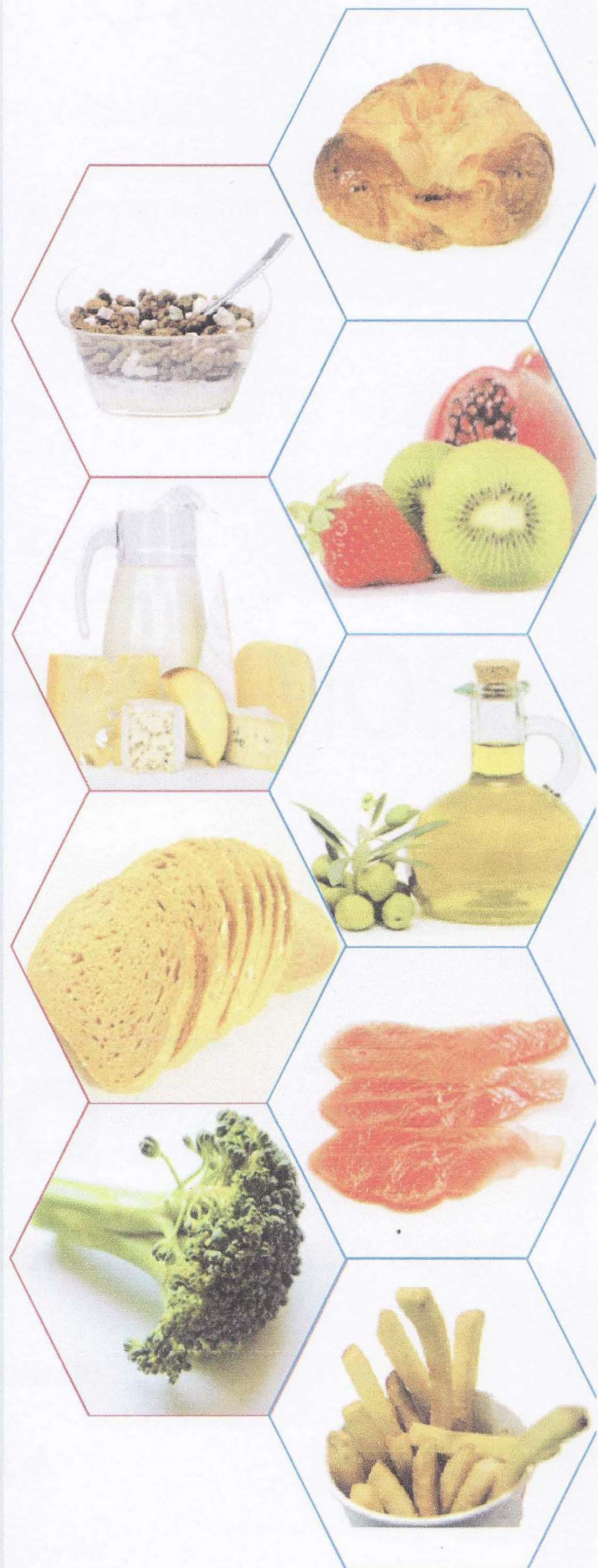


# 2º SIMPÓSIO NACIONAL

Promoção de uma  
Alimentação Saudável e  
Segura

Qualidade Nutricional e  
Processamento Alimentar



## IDENTIFICAÇÃO DA ORIGEM BOTÂNICA DO MEL POR DNA BARCODING

Sónia Soares (1), Joana Costa (1), Joana S. Amaral (1,2), M. Beatriz P.P. Oliveira (1), Isabel Mafra (1)

(1) REQUIMTE-LAQV, Faculdade de Farmácia, Universidade do Porto, Porto, Portugal

(2) Instituto Politécnico de Bragança, Bragança, Portugal

**Introdução:** O mel é um produto natural muito apreciado pelas suas propriedades sensoriais, nutricionais e medicinais. Os méis monoflorais são produtos de valor acrescentado por serem considerados de elevada qualidade e com aroma e sabor bem definidos, sendo por isso suscetíveis a adulterações. Tal facto torna importante o desenvolvimento de novas metodologias para a avaliação da autenticidade e origem botânica. O método usado atualmente para a determinação da origem botânica baseia-se na análise melissopalínológica, que é morosa e requer técnicos especializados [1]. Os métodos de ADN apresentam-se como alternativas promissoras para a identificação de espécies em matrizes complexas e processadas.

**Objetivos:** O principal objetivo deste trabalho baseou-se na diferenciação de espécies botânicas do mel usando a abordagem de DNA barcoding acoplada a análise por High Resolution Melting (HRM).

**Materiais e métodos:** Neste trabalho, utilizaram-se plantas da família Ericaceae, *Lavandula* spp. e *eucalyptus* spp. Usaram-se ainda 4 méis distintos: 3 monoflorais (urze, rosmaninho e eucalipto) e 1 multifloral. Os genes *rbcl* e *matK* e a região não codificante *trnH-psbA* foram alinhados (Bioedit v7.2.5), permitindo o desenho de primers para espécies nos grupos Ericaceae e *Lavandula* spp. O ADN foi extraído com o kit NucleoSpin Plant II [2]. A capacidade de amplificação dos extratos foi avaliada com alvo num gene eucariota universal (18S rRNA gene) [3]. A especificidade e sensibilidade dos primers desenhados foram determinadas por PCR qualitativa e PCR em tempo real acoplada a análise por HRM.

**Resultados e discussão:** Os primers desenhados para *Lavandula* spp. com alvo no gene *rbcl* mostraram ser os mais adequados para a análise por HRM, apresentando elevada especificidade e sensibilidade. A análise por HRM permitiu a discriminação ao nível do género nas plantas testadas possibilitando a sua discriminação em 4 clusters distintos com elevado nível de confiança (>98.7%), sendo os méis incluídos no cluster 1 (urze).

**Conclusão:** Neste trabalho foi proposta uma nova metodologia robusta, simples e fiável, que combina o DNA barcoding com análise por HRM. Das regiões testadas, o locus *rbcl* demonstrou ser o mais adequado para a diferenciação de urze em mel, contribuindo para a determinação da sua origem botânica.

### Referências:

[1] Laube, I. et al. (2010). *Food Chem*, 118, 979-986.

[2] Soares, S. et al. (2015). *Food Control*, 48, 130-136.

[3] Costa et al. (2013). *Food Res Int*, 54, 1722-1729.

Este trabalho foi suportado por FCT grant no. LAQV UID/QUI/50006/2013. Sónia Soares e Joana Costa agradecem às bolsas FCT SFRH/BD/75091/2010 e SFRH/BPD/102404/2014, respetivamente, financiadas por POPH-QREN (subsidiadas por FSE e MCTES). Os autores estão agradecidos pelo fornecimento de amostras do Bank of Plant Germplasm of Tucson, USA e Jardim Botânico da UTAD (JBUTAD).