

SPASS
2015

2º SIMPÓSIO NACIONAL

Promoção de uma
Alimentação Saudável e
Segura

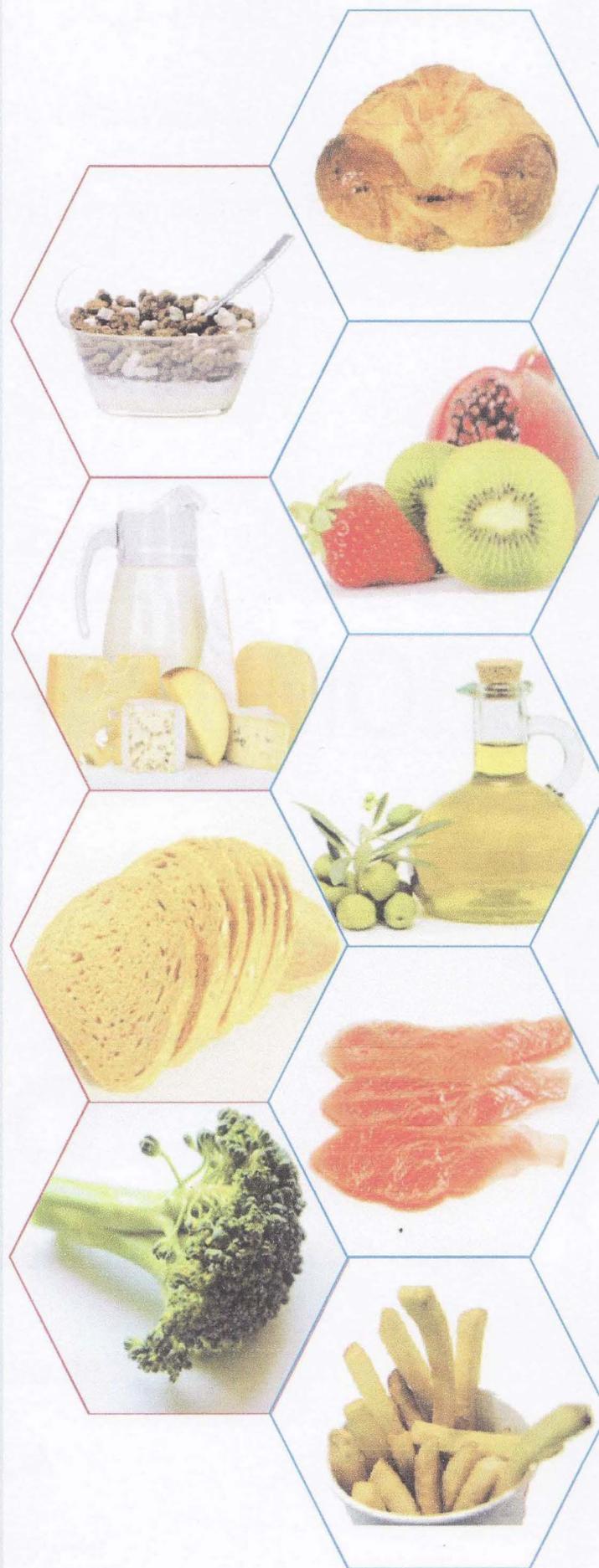
Qualidade Nutricional e
Processamento Alimentar



GOVERNO DE
PORTUGAL

MINISTÉRIO DA SAÚDE

Instituto Nacional de Saúde
Dr. Ricardo Jorge



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).