

APLICAÇÃO DE UMA ABORDAGEM METABOLÔMICA INTEGRADA TARGETED- UNTARGETED PARA SELEÇÃO DE MÉTODOS DE PREPARO DE AMOSTRA PARA AUTENTICAÇÃO DA ORIGEM FLORAL DE MÉIS POR UHPLC-Q-EXACTIVE ORBITRAP MS.

Alana C. O. Mafra^{1*}, Camila M. M. Santos¹, Lucas G. M. Amorim¹, Mariana C. M. Neves³, Débora C. S. De Assis², Diego G. Rocha¹

¹ Universidade Federal de Minas Gerais, Departamento de Química/Icex, Belo Horizonte, Minas Gerais, Brasil, 31270-901.

² Universidade Federal de Minas Gerais, Faculdade de Medicina Veterinária, Belo Horizonte, Minas Gerais, Brasil, 31270-901.

³ Colégio Técnico da Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, Minas Gerais, Brasil, 31270-901.

*e-mail: alanamafra@ufmg.br

Em 2023, o Brasil produziu mais de 64 mil toneladas de mel, de acordo com os dados do Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (IBGE)^[1], evidenciando a relevância do principal produto da apicultura na economia nacional. A grande variabilidade de méis se deve principalmente às diferentes floradas que os originaram, tornando essencial a adequada classificação do produto para assegurar sua procedência e qualidade. A pesquisa realizada objetiva encontrar o melhor método para extrair o máximo possível de compostos do mel, a fim de, futuramente, realizar a diferenciação entre seus tipos. As amostras de mel foram analisadas por cromatografia líquida de ultra alta performance, utilizando o UHPLC-Q-EXACTIVE ORBITRAP MS, e foram preparadas por quatro métodos distintos, utilizando em todos eles o tianfenicol como padrão interno. O **método 1**^[2] (**QuEChERS**) utilizou extração líquido-líquido e dispersão em fase sólida com acetonitrila e ácido acético. O **método 2**^[3] envolveu diluição em metanol/água com ácido fórmico para discriminação da origem floral. No **método 3**^[4], as amostras foram extraídas com solução de acetonitrila/ácido fórmico/água para identificação de compostos característicos. Já o **método 4**^[5], mais eficiente, contou com três extrações feitas com acetato de etila e reconstituição em metanol/água, permitindo caracterizar compostos fenólicos e avaliar a autenticidade do mel. Um Diagrama de Venn plotado para permitir a visualização conjunta dos dados, mostrou que cada um dos métodos obteve compostos detectados exclusivamente por eles, mas apenas o método 4 foi capaz de detectar de forma exclusiva 4.105 atributos moleculares (possíveis compostos detectados, conhecidos como “*molecular features*”), e 6.839 ao total, com similaridade de 2.734 componentes que também foram identificados pelos outros métodos testados. Ao avaliar também as quantidades de compostos fenólicos e de flavonoide detectados por cada método, o segundo teve melhor desempenho ao detectar a quercetina, contudo, para os componentes fenólicos, o método 4 manteve seu destaque devido a sua alta eficiência. Por fim, uma análise de componentes principais (PCA), que mostra maior similaridade entre os resultados do método 4 em suas triplicatas, demonstrou a eficácia do método para, numa perspectiva futura, realizar identificação dos compostos mais discriminatórios utilizando bibliotecas espectrais.

Agradecimentos: À instituição CNPq (404924/2023-9) pelo suporte financeiro, à Pró-Reitoria de Pesquisa e ao Departamento de Química da UFMG pelo apoio acadêmico.

Referências:

- [1] Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (IBGE). IBGE, [s.d.], Brasil.
- [2] Anastassiades M, Lehotay SJ, Štajnbaher D, Schenck FJ. *Journal of AOAC International*, volume 86, 2003, página 412.
- [3] Azevedo GZ. Repositório Institucional da UFSC, 1^a ed., 2021.
- [4] New Zealand. Ministry for Primary Industries. MPI, 1^a ed., 2017.
- [5] Koulis GA, et al. *Molecules*, volume 26, 2021, página 2769.