

MOCELIM; Mauricio ¹, BANA; Fernanda Carla Henrique², BENIS; Carina Moro³, JÚNIOR; Fernando César de Macedo ⁴, SPINOSA; Wilma Aparecida⁵

RESUMO

Os padrões internacionais para produção e comercialização de mel contidos no *Codex Alimentarius* abrangem apenas os padrões de identidade e qualidade (PIQ) do mel produzido por abelhas da espécie *Apis mellifera* provenientes da tribo Apini, não contemplando o mel de meliponíneos (MM), produzido por abelhas sem ferrão da tribo Meliponini. Além de possuir um maior teor de umidade, já é bem estabelecido que o MM é diferente do mel de *A. mellifera* (MA) em termos de acidez, aroma e sabor, além de possuir propriedades terapêuticas superiores, o que o torna um produto com alto valor agregado. Nesse sentido, o levantamento de dados específicos e aprofundados sobre amostras do MM torna-se um objeto de estudo relevante e é vital para a elucidação de suas características químicas gerais. Adicionalmente, a demarcação mais rigorosa de perfis metabólicos desse tipo de mel é fundamental para incentivar a criação de PIQ específicos para o MM e, em segundo plano, alavancar o consumo e/ou desenvolvimento de novos produtos a partir do MM. Diante desse contexto, este trabalho objetivou comparar o mel de duas tribos de abelhas, agrupado em MM e MA, quanto a sua composição química, além de identificar os açúcares e/ou metabólitos responsáveis pela possível diferenciação. Quinze amostras de cada grupo de mel (MM e MA) foram obtidas de diversas regiões do Brasil, totalizando 30 amostras. A técnica de Ressonância Magnética Nuclear (RMN) de hidrogênio foi empregada para obtenção do perfil de metabólitos dos méis e, a partir da análise multivariada destes dados foi possível obter uma visão geral e qualitativa das diferenças entre os méis, além da identificação dos principais compostos. A análise multivariada dos dados da RMN, demonstrou que foi possível diferenciar os grupos de acordo com os seus perfis metabólicos, através do modelo *Orthogonal Projections to Latent Structures-Discriminant Analysis* (OPLS-DA). Além disso, a identificação dos metabólitos responsáveis pelas diferenças entre os dois grupos demonstrou a presença de 28 variáveis significantes: glucose, frutose, turanose foram os principais metabólitos no MA e glucose, frutose, prolina e ácido láctico os principais metabólitos detectados no MM. Nesse sentido, foi detectado que o MM possui maiores concentrações de ácido láctico e prolina. Tais substâncias já foram reportadas no MM, mas este é o primeiro estudo comparativo em que elas são as principais responsáveis pela diferenciação entre o MM e o MA. Dessa forma, apesar do relato na literatura sobre a composição de méis ser mais dependente da origem floral, região geográfica e estação do ano, nossos dados sugerem que as diferentes tribos (agrupadas em MM e MA) influenciam a composição química dos méis de maneira diferenciada. Além disso, os resultados obtidos nesse estudo podem contribuir para a consolidação de banco de dados com informações sobre os metabólitos presentes no MM e, dessa forma, auxiliar na elaboração de um PIQ exclusivo para esse tipo de mel.

PALAVRAS-CHAVE: Abelha *Apis mellifera* L., Abelhas-sem-ferrão, perfil metabólico, RMN.

¹ Universidade Estadual de Londrina (UEL), mauriciomocelim@hotmail.com

² Universidade Estadual de Londrina (UEL), ferhenriquebana@gmail.com

³ Universidade Estadual de Londrina (UEL), karina_beni@hotmail.com

⁴ Universidade Estadual de Londrina (UEL), macedofc@gmail.com

⁵ Universidade Estadual de Londrina (UEL), wilma.spinosa@uel.br