



ISBN: 978-65-89908-41-8

II InovaBiotec

CONGRESSO DE INOVAÇÃO
E BIOTECNOLOGIA

14 a 16 de julho de 2021



DETERMINAÇÃO DE AMINOÁCIDOS EM HIDROLISADO PROTEICO ENCAPSULADO POR CROMATOGRAFIA GASOSA ACOPLADA A ESPECTROMETRIA DE MASSAS

II InovaBiotec - Congresso de Inovação e Biotecnologia, 2ª edição, de 14/07/2021 a 17/07/2021
ISBN dos Anais: 978-65-89908-41-8

KUHN; Daniel ¹, SCHLABITZ; Cláudia ², GIROLDI; Maiara ³, HOEHNE; Lucélia ⁴, LEHN; Daniel Neutzling ⁵, SOUZA; Cláucia Fernanda Volken de ⁶

RESUMO

A determinação de aminoácidos (Aa) em matrizes alimentares é geralmente realizada por métodos rápidos, sensíveis e versáteis como, por exemplo, cromatografia gasosa acoplada a espectrometria de massas (CG/EM). Para análise por CG/EM, os Aa precisam ser derivatizados para sua detecção, utilizando, por exemplo, *N-methyl-N-(tert-butylidimethylsilyl)trifluoroacetamide* (MTBSTFA). Nesse contexto, o presente trabalho tem como objetivo determinar a concentração de Aa em hidrolisados proteicos encapsulados (HPEs) utilizando CG/EM e MTBSTFA como derivatizante. Foi utilizada uma coluna HP-5MS UI, com hélio como gás de arraste, e com temperatura do forno entre 170 °C - 325 °C e de inlet 290 °C. A ionização ocorreu a 260 °C com 70 eV. Para calibração foi utilizado padrão de Aa AAS18. Os dados foram obtidos no modo SCAN, e comparados à biblioteca NIST17. Para extração dos Aa do HPE, em um tubo foram adicionados 0,5 g de amostra e 3,5 mL de HCl 0,1 M. Após homogeneização, o tubo foi aquecido a 40 °C com agitação, por 90 min. Em seguida, foi realizada centrifugação. 100 µL do sobrenadante foram transferidos para microtubo, e desproteinizados com ácido tricloroacético. Após homogeneização e centrifugação, 100 µL do sobrenadante foram transferidos para novo microtubo e 100 µL de solução D-norleucina (padrão interno) foi adicionada. Após a secagem da amostra, 100 µL de MTBSTFA e 100 µL de acetonitrila foram adicionados para a derivatização, a 100 °C por 4 h. Posteriormente, a amostra foi conduzida para análise em CG/EM. Observaram-se a derivatização dos Aa presentes no padrão, com exceção da arginina. Os Aa presentes no HPE foram quantificados, cujos maiores valores foram para a leucina (188,2 mg/100 g), isoleucina (292,2 mg/100 g) e valina (178,1 mg/100 g). Os resultados obtidos até o momento indicam que é possível quantificar Aa livres em HPE utilizando o equipamento CG/EM e o derivatizante MTBSTFA.

¹ PPGBiotec - Univates, danielkuhn@universo.univates.br

² PPGBiotec - Univates, cschlabitz@universo.univates.br

³ PPGBiotec - Univates, mgiroldi@universo.univates.br

⁴ PPGBiotec - Univates, luceliah@univates.br

⁵ Universidade do Vale do Taquari - Univates, lehn@univates.br

⁶ PPGBiotec - Univates, claucia@univates.br

¹ PPGBiotec - Univates, danielkuhn@universo.univates.br
² PPGBiotec - Univates, cschlabitz@universo.univates.br
³ PPGBiotec - Univates, mgiroldi@universo.univates.br
⁴ PPGBiotec - Univates, luceliah@univates.br
⁵ Universidade do Vale do Taquari - Univates, lehn@univates.br
⁶ PPGBiotec - Univates, claucia@univates.br