

UTILIZAÇÃO DE RESULTADOS FORNECIDOS POR MODERNOS ANALISADORES DE AMINOÁCIDOS PARA A AVALIAÇÃO DA QUALIDADE NUTRICIONAL DE UMA PROTEÍNA PELO CÔMPUTO QUÍMICO *

PATRÍCIA MARIA PONTES THÉ **
RAIMUNDO DE PONTES NUNES ***
GERALDO ARRAES MAIA ****
HUMBERTO FERREIRA ORIÁ *****
ZULEICA BRAGA DE LIMA GUEDES *****

RESUMO

Os modernos analisadores de aminoácidos mais comumente utilizados (BECKMAN 6.300 e 7.300) fornecem cromatogramas cujas áreas são relacionadas com a concentração de aminoácidos presentes na amostra. A conversão desses resultados para mg de aminoácido/g de proteína (ou N) é um processo muito laborioso. No presente trabalho propõe-se uma metodologia para conversão dos resultados fornecidos pelos referidos analisadores de aminoácidos, bem como de valores expressos em mg de aminoácido/g de proteína em percentagens, de forma a permitir uma avaliação da qualidade nutricional de uma proteína através do cômputo químico (modificado).

PALAVRAS-CHAVE: Cômputo Químico, Análise de Aminoácidos.

SUMMARY

ESTIMATION OF FAO/WHO RECOMMEND AMINO ACID SCORE BASED ON RESULTS OF MODERN AMINO ACID ANALYSERS

The modern amino acid analysers most commonly used (BECKMAN 6.300 and 7.300) give chromatograms which areas are related with sample's amino acid concentration. The conversion of these results to mg of amino acid/gram of protein or nitrogen (N) is a laboured task. This paper proposes a methodology for the conversion of the results obtained from BECKMAN 6.300 and 7.300 ANALYSERS, as well as the values in mg of amino acid/gram of protein in percentage in order to permit an evaluation of the nutritional quality of a protein by using the amino acid score (modified).

INTRODUÇÃO

A qualidade de uma proteína, segundo WILSON et alii³, pode ser estimada a partir da sua composição em aminoácidos (a.a.), utilizando-se, para isso, o cômputo químico, conforme recomendação do Comitê para Requerimento em Energia e Proteína da FAO/WHO.

O método baseia-se, essencialmente, na análise dos aminoácidos da proteína em estudo e na comparação do perfil dos aminoácidos essenciais (a.a.e.), assim obtidos, com os de uma proteína de referência (OLIVEIRA et alii¹ e SGARBIERI²).

- * Extraído da Dissertação apresentada ao Departamento de Tecnologia de Alimentos da Universidade Federal do Ceará, pelo primeiro autor, como parte dos requisitos para obtenção do grau de Mestre em Tecnologia de Alimentos.
- ** Mestre em Tecnologia de Alimentos, Bolsista do CNPq.
- *** Professor do Departamento de Fitotecnia, CCA/UFC, Bolsista do CNPq.
- **** Professor Titular do Departamento de Tecnologia de Alimentos, CCA/UFC, Bolsista do CNPq.
- ***** Professores do Departamento de Farmácia da UFC/CCS

Cômputo Químico =

$$= \frac{\text{mg aminoácido/g da proteína teste (ou N)} \times 100}{\text{mg aminoácido/g da proteína de referência (ou N)}}$$

Os modernos analisadores de aminoácidos mais comumente utilizados (BECKMAN 6.300 e 7.300) fornecem cromatogramas cujas áreas são relacionadas com a concentração de aminoácidos presentes na amostra. A conversão desses resultados para mg de aminoácido/g de proteína (ou N) é um processo muito laborioso.

No presente trabalho propõe-se uma metodologia para conversão dos resultados fornecidos pelos referidos analisadores de aminoácidos, bem como de valores expressos em mg de aminoácido/g de proteína em percentagens, de forma a permitir uma avaliação da qualidade nutricional de uma proteína através do cômputo químico (modificado).

MATERIAL E MÉTODO

A determinação dos aminoácidos foi feita em ANALISADOR DE AMINOÁCIDOS BECKMAN, SYSTEM 6.300, HIGH PERFORMANCE ANALYSER.

A partir das áreas dos cromatogramas (histogramas) fornecidos pelo aparelho, calculam-se os resíduos de cada aminoácido, utilizando-se a seguinte relação:

Área do padrão correspondente a cada aminoácido:

1.250 picos moles

Área do aminoácido na amostra analisada:
x pico moles.

Portanto:

$$x \text{ pico moles} = x \text{ nano moles} \times 10^{-3}$$

N.^o de resíduos de cada aminoácido

$$= \frac{x \text{ n moles} \times \text{peso molecular de cada a.a.}}{\text{Resíduo Padrão (valores tabelados)}} \quad (I)$$

Os resíduos individuais de cada aminoácido são transformados em resíduos de aminoácido 100 usando-se a expressão (II) abaixo:

$$\begin{aligned} \text{Resíduo de a.a./100} &= \\ &= \frac{n^{\circ} \text{ individual de cada resíduo de aminoácidos} \times 100 \text{ (II)}}{n^{\circ} \text{ total de resíduos dos aminoácidos determinados}} \end{aligned}$$

Após o cálculo do número de resíduos de cada aminoácido determinado, selecionam-se apenas os resíduos dos aminoácidos essenciais, calculando-se a percentagem de cada um em relação ao total de a.a.e.

Os resíduos de aminoácidos essenciais/100 são, portanto, as percentagens de cada a.a. essencial em relação ao número total (soma) dos resíduos de aminoácidos essenciais determinados.

Estas percentagens de aminoácidos essenciais são então comparadas com os padrões da FAO/WHO, pelo cômputo químico, também previamente transformados em % para cada aminoácido, cuja expressão possa ser:

$$\begin{aligned} \text{Cômputo ou escore químico (\%)} &= \\ &= \frac{\% \text{ do a.a. essencial na proteína teste}}{\% \text{ do a.a. essencial na proteína de referência da FAO/WHO}} \end{aligned}$$

Os valores em percentagens de aminoácidos essenciais na proteína de referência da FAO/WHO foram obtidos a partir das quantidades expressas em mg por g de proteína como é mostrado na Tabela 1.

TABELA 1
Recomendações da FAO/WHO em mg/g de Proteína e Valores Transformados em Percentagem

Aminoácido	mg por g de proteína *	Valores em percentagem ** (valores calculados)
Isoleucina	40	11,11
Leucina	70	19,44
Lisina	55	15,28
Metionina + Cistina	35	9,72
Fenilalanina + tirosina	60	16,67
Treonina	40	11,11
Triptofano	10	2,78
Valina	50	13,89
TOTAL	360	100

(*) Recomendações da FAO/WHO

(**) Valores transformados em percentagem.

FAO/WHO recomenda uma quantidade de 40mg/g de proteína. Este valor em percentagem é calculado da seguinte forma:

$$40 \text{ mg/g de proteína} - 360 \text{ (total)}$$

$$x \quad \quad \quad - 100\%$$

$$x = \frac{4.000}{360} = 11,11\%$$

É importante ressaltar que para se obter um cômputo químico correto utilizando-se este método, os aminoácidos essenciais presentes na proteína teste devem ser os mesmos presentes na proteína de referência da FAO/WHO. Caso falte algum aminoácido essencial na proteína testada, este deve ser também retirado da tabela da FAO/WHO, o que altera o valor do total e, logicamente, os valores em percentagem de cada aminoácido, que devem ser recalculados.

No cálculo do cômputo químico, no exemplo que se segue (para a proteína de uma cultivar de milho) não foram determinados o triptofano e a cistina, o que alterou o valor do Total que passou de 360 para 350.

Deve-se observar, também, que os valores para metionina mais cistina, assim como os da fenilalanina mais tirosina são conjuntos, devendo ser somados, o que resulta em uma única percentagem para cada um destes pares de aminoácidos.

Os resultados aqui discutidos a título de exemplo se referem a estudo mais amplo do primeiro autor e correspondem ao cultivar de milho denominado Epamil Pérola.

As áreas dos cromatogramas fornecidas pelo analisador BECKMAN mencionado, o número de resíduos de cada aminoácido obtidos pela aplicação da fórmula (I), assim como os Resíduos/100 calculados pela fórmula (II), são apresentados na Tabela 2.

Selecionados apenas os resíduos correspondentes aos aminoácidos essenciais, totalizando-os e fazendo esse total igual a 100%, obteve-se o resultado apresentado na Tabela 3 em que, para os valores de resíduos de cada aminoácido essencial, corresponde um número de resíduo de aminoácido essencial/100.

Tendo sido computadas as percentagens de cada a.a.e. a partir dos valores recomendados pela FAO/WHO (em mg/g de proteína), na Tabela 1, é possível agora comparar essas percentagens com as da proteína teste. Os resultados são apresentados na Tabela 4. Referida Tabela apresenta os déficits e/ou excessos da proteína do cultivar de milho denominado Epamil Pérola com relação às recomendações da FAO/WHO.

TABELA 2

Áreas dos Cromatogramas, N.^o de Resíduos de Cada Aminoácido e Resíduos/100 do Cultivar de Milho Epamil Pérola

Aminoácido	Área do cromatograma	Número de resíduos	Resíduo/100
Ácido Aspártico	1,0591x10 ⁷	4,44	12,06
Treonina *	3737900	1,62	4,40
Serina	5642500	2,49	6,76
Ácido Glutâmico	1,5204x10 ⁷	5,27	14,32
Prolina	3120400	3,29	8,94
Glicina	1,0635x10 ⁷	3,98	10,81
Alanina	9724000	3,84	10,43
Valina *	3699000	1,48	4,02
Metionina *	825540	0,27	0,73
Isoleucina *	2279000	0,86	2,34
Leucina *	5011900	1,89	5,13
Tirosina *	1506200	0,57	1,55
Fenilalanina *	2081400	0,82	2,23
Histidina	2877100	1,04	2,83
Lisina *	6188100	1,60	4,35
Arginina	4706600	3,35	9,10
TOTAL		36,81	100

*) Aminoácidos Essenciais

Número de Resíduos de Cada Aminoácido Essencial e Resíduos de Aminoácidos Essenciais/100 do Cultivar de Milho Epamil Pérola

Aminoácido essencial (a.a.e.)	Epamil Pérola	
	N.º de Resíduos	Resíduos de a.a.e./100
Isoleucina	0,86	9,44
Leucina	1,89	20,75
Lisina	1,60	17,56
Metionina	0,27	2,96
Fenilalanina	0,82	9,00
Tirosina	0,57	6,26
Treonina	1,62	17,78
Valina	1,48	16,24
TOTAL		

CONCLUSÕES

Os modernos analisadores de aminoácidos produzem cromatogramas cujas áreas são proporcionais às concentrações de cada aminoácido presente na proteína teste.

O cômputo químico é o método recomendado pelo Comitê para Requerimento em Energia e Proteína da FAO/WHO. Para o cálculo do cômputo químico é necessário conhecer-se a relação mg de aminoácido/grama da proteína.

Desta forma, os resultados fornecidos pelos analisadores de aminoácidos modernos não podem ser diretamente usados para se estabelecer a qualidade nutricional de uma proteína em comparação com uma proteína de referência (recomendações da FAO/WHO).

O presente trabalho propõe metodologia que transforma os resultados fornecidos pelos modernos analisadores de aminoácidos e a relação mg de aminoácido/g de proteína em porcentagens permitindo, desta forma, uma direta comparação entre valores nutricionais de uma proteína teste com uma proteína de referência.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. OLIVEIRA, J.E.D. de.; SANTOS, A.C. & WILSON, E.D. *Nutrição básica*. São Paulo, Sarvier, 1982. 286p.
2. SGARBIERI, V.C. *Alimentação e nutrição: fator de saúde e desenvolvimento*. Campinas, UNICAMP, 1987. 387p.
3. WILSON, E.D.; FISHER, K.H. & FUQUA, M.E. *Principles of nutrition*. 3 ed., New York, John Wiley & Sons, 1977. p. 72-5.

TABELA 4

Percentagens de Aminoácidos Essenciais Presentes na Proteína de um Cultivar de Milho e a Comparação pelo Cômputo Químico com as Percentagens Padrões Recomendadas pela FAO/WHO

Aminoácidos essenciais (a.a.e.)	Cultivar Estudado (Proteína teste) Epamil Pérola (a)	Recomendações da FAO/WHO ¹		Relações cultivar estudado/recomendações da FAO/WHO (%) (Cômputo Químico) Epamil Pérola $\frac{a}{b} \times 100$	Déficit (-) ou excesso (+) com relação às recomendações da FAO/WHO
		Valores em mg/g de proteína	Valores em percentagem do total de a.a.e. (b)		
Isoleucina	9,44	40	11,43	82,59	-17,41
Leucina	20,75	70	20,00	103,75	+ 3,75
Lisina	17,56	55	15,71	111,77	+ 11,77
Metionina	2,96	35(2)	10,00(2)	29,60	- 70,4
Fenilalanina	9,00	60(3)	17,14(3)	89,03	- 10,97
Tirosina	6,26				
Treonina	17,78	40	11,43	155,55	+ 55,55
Valina	16,24	50	14,29	113,65	+ 13,65

(1) Fonte: WILSON et alii³ – Nota: O triptofano não está incluído.

(2) Valor conjunto para metionina e cistina.

(3) Valor conjunto para fenilalanina e tirosina.