

# „FOODOMICS“ – Bestimmung der geographischen Herkunft, Sorte und Anbauweise von Äpfeln



Jasmin Wrage

Jasmin Wrage  
GALAB Laboratories GmbH

Im Rahmen des vom Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft geförderten „FOODOMICS“-Forschungsprojektes arbeitet die Firma GALAB Laboratories GmbH in Kooperation mit der Universität Hamburg an der Entwicklung einer Methode zur Bestimmung der geographischen Herkunft, Sorte und Anbauweise von Äpfeln (Abb. 1).

## Ziel des Projektes

Infolge zahlreicher Lebensmittelskandale ist das Interesse der Verbraucher an regionalen Produkten in den letzten Jahren stetig gestiegen. Mit Produkten aus der Region verbindet der Verbraucher eine gewisse Nähe und Sicherheit. Viele Kunden sind bereit, einen vergleichsweise höheren Preis dafür zu zahlen. Doch gerade dies bietet Betrügern Anreize, durch Etikettenschwindel mehr Profit zu machen.

Das Lebensmittelrecht hat das Ziel, den Verbraucher vor Täuschung, Irreführung und Verfälschung von Lebensmitteln zu schützen. Diese Gesetze schützen außerdem die Interessen von Händlern, die die Angaben ihrer Importeure nur schwer kontrollieren können, sowie die der ehrlichen Landwirte, die vor einem unfairen Wettbewerb durch Etikettenschwindel geschützt werden müssen.

Dafür ist es notwendig Methoden für die Routineanalytik zu entwickeln!

## Lösung

Jede Pflanze hat ihren eigenen „Fingerabdruck“, den es zu identifizieren gilt! Anhand des „Fingerabdrucks“ können die geographische Herkunft, die Sorte und die Anbauweise bestimmt werden.

## Umsetzung

Eine besondere Aufmerksamkeit gilt dabei den sogenannten Metaboliten.



Abb. 1: Granny Smith-Äpfel mit unklarer Herkunft.

(Foto: Jasmin Wrage)

Metabolite sind kleine Moleküle, die für die normale Funktion und das Wachstum von Zellen unabdingbar sind (DETTMER *et al.*, 2007). Nach Schätzungen von Wissenschaftlern sind mehr als 200.000 verschiedene Metabolite in der Pflanzenwelt anzutreffen (WECKWERTH *et al.*, 2004).

Die Gesamtheit aller Metabolite eines Organismus wird als Metabolom bezeichnet (DETTMER *et al.*, 2007). Die Zusammensetzung des Metaboloms eines Individuums ist dabei nicht nur von der Erbinformation sondern auch von äußeren Umwelteinflüssen, wie beispielsweise Sonneneinstrahlung, Temperatur, Verfügbarkeit von Nährstoffen und dem Einsatz von Pflanzenschutzmitteln abhängig (ERNST *et al.*, 2014).

Es wird also angenommen, dass sich pflanzliche Lebensmittel abhängig von ihrer geographischen Herkunft, Sorte und ihrer Anbauweise im Metabolit-Muster unterscheiden.

Mit Hilfe der Massenspektrometrie werden so viele Metabolite eines Individuums wie nur möglich erfasst. Zusammen ergeben sie den Fingerabdruck des pflanzlichen Lebensmittels, anhand dessen die auf dem Etikett angegebene geographische Herkunft,

Sorte oder Anbauweise des Lebensmittels überprüft werden kann.

## Massenspektrometrie

Die Massenspektrometrie ist eine analytische Methode, bei der die zu bestimmenden Substanzen zunächst in einen Strahl gasförmiger Ionen überführt werden. Ionen sind positiv oder negativ geladene Atome oder Moleküle. Durch Anlegen magnetischer oder elektrischer Felder kann ihre Position, in Abhängigkeit ihrer Ladung und Masse, im Raum beeinflusst werden. Diese Eigenschaft wird im Massenanalysator genutzt, um die gebildeten Ionen nach ihrem Masse-zu-Ladungs-Verhältnis im Hochvakuum zu trennen und zu detektieren (DE HOFFMANN & STROOBANT, 2007).

Im Bereich Foodomics haben sich in den letzten Jahren Flugzeit-Analysatoren zur Detektion bewährt (VACLAVIK *et al.*, 2011). Hierbei erfahren Ionen größerer Masse eine kleinere Beschleunigung als Ionen kleinerer Masse. Somit durchqueren Ionen kleinerer Masse das Flugrohr des Analysators schneller und werden dementsprechend früher detektiert als Ionen größerer Masse (KRAJ *et al.*, 2008).

## Kooperation

Um eine zuverlässige Methode entwickeln zu können, ist authentisches Probenmaterial notwendig. Damit sind Äpfel gemeint, deren Herkunft, Sorte und Anbauweise sowie weiteres Standort- und Produktionsbedingungen genauestens bekannt sind. Hierbei wird das Projekt unter anderem durch den Obstbauversuchsring Jork unterstützt. Der OVR wird in den kommenden Jahren auf 32 Obstbaubetrieben in der nördlichen Hälfte Deutschlands Fruchtproben entnehmen und die für die Analyse bzw. Auswertung notwendigen Daten erheben. Seitens des OVR sind Jakob Turnsek und Joerg Hilbers für die Durchführung zuständig (**Abb. 2**).



Abb. 2: Jakob Turnsek (li.), OVR und Joerg Hilbers, OVR, arbeiten am FOODOMICS-Forschungsprojekt mit. (Foto: ESTEBURG)

## Literatur

ERNST, M., SILVA, D.B., SILVA, R.R., VENCIO, R.Z. & LOPES, N.P. (2014). Mass spectrometry in plant metabolomics strategies: from analytical platforms to data acquisition and processing. *Natural product reports* **31** (6): 784-806.

DE HOFFMANN, E. & STROOBANT, V. (2007). Mass spectrometry: principles and applications, John Wiley & Sons.

DETTMER, K., ARONOV, P.A. & HAMMOCK, B.D. (2007). Mass Spectrometry-Based

Metabolomics. *Mass Spectrom Rev* **26** (1): 51-78.

KRAJ, A., DESIDERIO, D.M. & NIBBERING, N.M. (2008). Mass spectrometry: instrumentation, interpretation, and applications, John Wiley & Sons.

VACLAVIK, L., LACINA, O., HAJŠLOVA, J. & ZWEIFGENBAUM, J. (2011). The use of high performance liquid chromatography–quadrupole time-of-flight mass spectrometry coupled to advanced data mining and chemome-

tric tools for discrimination and classification of red wines according to their variety. *Analytica chimica acta* **685** (1): 45-51.

WECKWERTH, W., WENZEL, K. & FIEHN, O. (2004). Process for the integrated extraction, identification and quantification of metabolites, proteins and RN to reveal their co regulation in biochemical networks. *Proteomics* **4** (1): 78-83. ●

**ESTEBURG**  
OBSTBAUZENTRUM JORK

**OVR**

# Pflanzenschutzzeichnungen mit [www.esteбург24.de](http://www.esteбург24.de)

- ✓ **Schnelle und einfache Dokumentation**
- ✓ **Automatische Fehlerüberprüfung**
- ✓ **Aktuell nach Sondergebietsverordnung**

**Jetzt online Anmelden und Freischalten lassen!**  
**Ihr Ansprechpartner: Uwe Geller (04162-6016-151)**