



## Vergleich von herkömmlichen und neugezüchteten Apfelsorten mithilfe ungerichteter, GC-basierter Metabolomanalysen

M. Ehlers<sup>1\*</sup>, C. I. Mack<sup>1</sup>, C. H. Weinert<sup>1</sup>, B. Ebert<sup>1</sup>, B. Trierweiler<sup>1</sup>, G. Baab<sup>2</sup>,  
S. E. Kulling<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Institut für Sicherheit und Qualität bei Obst und Gemüse, Max Rubner-Institut Karlsruhe;

<sup>2</sup>DLR Rheinpfalz, Ahrweiler

Email\*: Ehlers.Mona@mri.bund.de

**Hintergrund:** Der Apfel (*Malus × domestica* Borkh) ist die am meisten produzierte und konsumierte Frucht Deutschlands [1]. Die Vielfalt an hochwertigen Sorten wird ständig durch Neuzüchtungen erweitert, um die Anforderungen von Produzenten und Konsumenten zu erfüllen. Ein wichtiges Züchtungskriterium ist z.B. die Pathogenresistenz [2]. Umfassende Inhaltsstoffanalysen sind erforderlich, um die Qualitätsunterschiede zwischen Sorten hinsichtlich Geschmack, Lagerfähigkeit und Resistenzen gegenüber Schaderregern zu verstehen. Bisherige Sortenvergleichsstudien betrachten jedoch meist nur einzelne Substanzklassen, z.B. Polyphenole [3]. Daher wurde im Rahmen dieser Arbeit eine umfassende Charakterisierung der Metabolitenprofile von 14 überwiegend neugezüchteten Apfelsorten mittels GC×GC-MS- und GC-MS-Analysen durchgeführt.

**Methode:** Für den Sortenvergleich wurden die Referenzsorte Elstar und 13 neugezüchtete Sorten aus pestizidreduziertem Anbau verwendet. Pro Sorte wurden zehn gemischte Proben aus fünf Äpfeln gewonnen, wobei Schale und Fruchtfleisch getrennt beprobt wurden. Die lyophilisierten, vermahlenden Proben wurden mit Methanol extrahiert, eingeeengt und derivatisiert (Methoximierung und Trimethylsilylierung). Die ungerichtete Analyse der Proben erfolgte mittels GC×GC-MS und GC-MS.

**Ergebnisse:** Mithilfe der GC×GC-MS- und GC-MS-Analysen konnte das Apfel-Metabolitenprofil umfassend beschrieben (Zucker, organische Säuren, Amino- und Fettsäuren sowie phenolische und lipophile Verbindungen) und dabei markante Unterschiede in der Zusammensetzung von Schale und Fruchtfleisch nachgewiesen werden. Während das Fruchtfleisch eine deutlich höhere Anzahl an Zuckerverbindungen und organischen Säuren enthielt, wurden in der Schale zusätzlich Wachsverbindungen und Triterpene nachgewiesen. Die Unterschiede der Metabolitenprofile der Sorten waren bei der Schale ausgeprägter. Neben den quantitativen Unterschieden im Metabolitenprofil der verschiedenen Sorten wurden z.T. auch sortenspezifische Marker nachgewiesen. Die vorliegenden Metabolitenprofildaten können nun als Grundlage für eine umfassende Bewertung der neugezüchteten Sorten dienen.

## Literatur

- [1] Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft. *Statistisches Jahrbuch*, Kapitel D V, 4040800. Letzter Zugriff am 22.12.2015. Internetadresse: <http://berichte.bmel-statistik.de/SJT-4040800-0000.pdf>.
- [2] Sansavini, S. *et al.* *Advances in apple breeding for enhanced fruit quality and resistance to biotic stresses: new varieties for the European market*. *Journal of Fruit and Ornamental Plant Research*, 2004. 12: S. 13-52.
- [3] Tsao, R. *et al.* *Polyphenolic Profiles in Eight Apple Cultivars Using High-Performance Liquid Chromatography (HPLC)*. *J. Agric. Food Chem.*, 2003. 51(21): S. 6347-6353.