

FOOD PROFILING - Authentizitätsbestimmung von Lebensmitteln

J. Klare^{1,2}, M. Creydt¹, C. Felbinger¹, P. Werner, T. Hackl², M. Fischer¹

¹HAMBURG SCHOOL OF FOOD SCIENCE, Institut für Lebensmittelchemie, Universität Hamburg, www.hsfs.org
²Institut für organische Chemie, Universität Hamburg, www.chemie.uni-hamburg.de/oc

Die Authentizität von Lebensmitteln, wie exakte Angaben zur Zusammensetzung, zur geographischen Herkunft oder auch zu bestimmten Produktionsverfahren (Bio/Konventionell) sind zunehmend kaufentscheidende Merkmale für den Verbraucher. Falsche Deklaration oder Streckung der Rohware mit minderwertigen Surrogaten im Erzeugerland kann darüber hinaus erheblichen wirtschaftlichen Schaden bei Importeuren und der verarbeitenden Industrie nach sich ziehen. Zusätzlich wird bei der Aufdeckung („Skandal“) das Vertrauen der Verbraucher in die Lebensmittelqualität und damit in die Lebensmittelwirtschaft nachhaltig negativ beeinflusst. Beschädigtes Verbrauchervertrauen ist nur schwer wiederherstellbar und kann dadurch nachhaltig zu ernsthaften wirtschaftlichen Einbußen bis hin zur Existenzbedrohung des involvierten Unternehmens führen.

Um dem Verbraucher, der Lebensmittelindustrie und den Überwachungsbehörden Sicherheit zu geben, bedarf es analytischer Ansätze, die eine eindeutige Charakterisierung von Rohstoffen ermöglichen. Im Rahmen von FOOD PROFILING an der HSFS wird mit Hilfe von MS, NMR und molekularbiologischen Ansätzen diese Fragestellung am Beispiel *Tomate* bearbeitet. Die Probenauswahl erfolgt im Hinblick auf die geographische Herkunft, das Erntejahr, die Sorten und Arten sowie den Anbaubedingungen.

Vorgehensweise für NMR und MS

1. Probenbeschaffung

- In drei für den Tomatenanbau relevanten Ländern
- Mithilfe von GPS-Daten zur Sicherung der Rückverfolgbarkeit
- Unter Zuhilfenahme einer Laborausstattung vor Ort



Abb. 1: Tomatensträucher

2. Polare und unpolare Extraktion

3. Non-targeted Datenerfassung

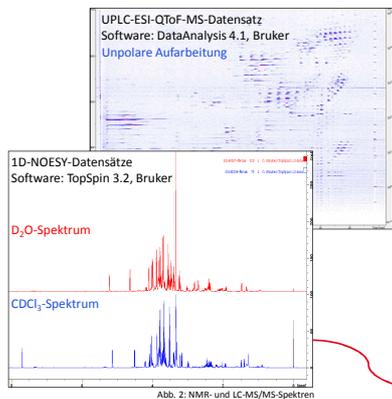


Abb. 2: NMR- und LC-MS/MS-Spektren

4. Multivariate Datenanalyse

5. Identifizierung von Schlüsselmetaboliten

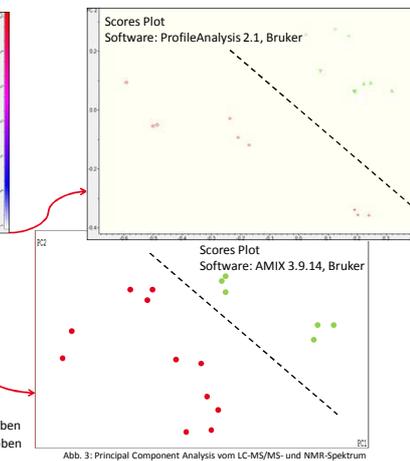


Abb. 3: Principal Component Analysis vom LC-MS/MS- und NMR-Spektrum

6. Entwicklung von targeted Schnellmethoden

- LFD-Teststreifen
- Einfache LC-MS
- Einfache NMR



Abb. 4: Schwangerschaftstest

Vorgehensweise für Genomics

Chloroplasten-DNA (cpDNA)

- Etwa 100 x höhere Kopienzahl als chromosomale DNA
- Höhere genetische Variabilität

1. Isolierung der cpDNA aus Tomatenblättern



Abb. 5: Tomatenblatt mit DNA

2. Plastidengenom-Sequenzierung



Abb. 6: Thermocycler

3. Methodenentwicklung

- Unterscheidung verschiedener Sorten aufgrund von Längen-Polymorphismus

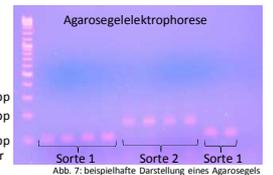
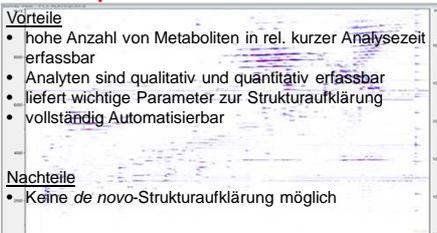
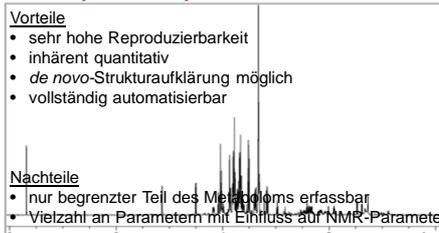


Abb. 7: beispielhafte Darstellung eines Agarosegels

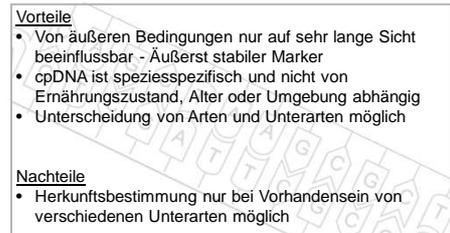
Massenspektrometrie



NMR-Spektroskopie



Genomics



- Abschließende Identifizierung durch Kombination LC-MS & NMR möglich
- Erhöhung der Anzahl insgesamt erfassbarer Metabolite
- Kreuzvalidierung identifizierter Biomarker / Quantifizierung
- Bestimmung der Sorten mittels Genomics



Abb. 1: http://www.nachhaltigleben.ch/images/gallery/65/medium/Tomaten_anbauen_Titel.jpg; Abb. 4: <http://www.google.de/imgres?sa-x&esvwd=210&es>; Abb. 5: <http://www.gartennatur.com/wp-content/uploads/2013/02/tomate-blatt.jpg>; Abb. 6: <http://openwetware.org>; Abb. 7: Agarosegelelektrophorese von Kakao, Luise Hermann 2012