

Identifizierung aromapragender Substanzen im volatilen Hopfenmetabolom mittels HS-SPME-GC/MS

Jana Böttger^{1*}, Martin Waldinger², Alexander Feiner², David Riewe¹

¹Julius Kühn-Institut (JKI) – Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen, Institut für Ökologische Chemie, Pflanzenanalytik und Vorratsschutz, Berlin, Deutschland

²Plant Science and Breeding, Simon H. Steiner, Hopfen GmbH, Mainburg, Deutschland

*E-Mail: jana.boettger@julius-kuehn.de

Als eine der vier Hauptzutaten trägt Hopfen (*Humulus lupulus* L.) wesentlich zum Aroma von Bier bei. Die in den weiblichen Blüten enthaltenen Bittersäuren und flüchtige Aromastoffe machen sie zu einem wertvollen Rohstoff der Brauindustrie.

Mit einem Anteil von etwa einem Drittel der Gesamterntemenge ist Deutschland nach den USA nicht nur zweitgrößter Erzeuger des wichtigen Rohstoffs, zudem ist die Hallertau in Süddeutschland mit einer Fläche von über 17.000 ha eines der größten Anbaugelände weltweit. [1] [2]

Züchterische Bemühungen zielen auf die Entwicklung neuer Hopfensorten mit beispielsweise floralen oder fruchtigen Eigenschaften und die Verringerung markanter Fehlgerüche ab. Die Aufklärung der stofflichen Zusammensetzung des Hopfenöls insbesondere der aromapragenden Substanzen bildet die Grundlage für eine zielgerichtete Züchtung.

In einer Hopfenpopulation bestehend aus 165 genotypisierten Sorten wurden organoleptische Daten zu sechs definierten Aromakategorien erhoben. Durch die ungerichtete Analyse des volatilen Metaboloms dieser Sorten mittels Headspace-Festphasenmikroextraktion und anschließender Gaschromatographie wurden 586 Metabolite massenspektrometrisch quantifiziert. Es konnte für jede der sensorischen Kategorien eine Vielzahl an korrelierten Metaboliten ermittelt werden. Die höchsten Korrelationskoeffizienten überstiegen Werte von 0.5 und wurden für das Merkmal Zwiebel/Knoblauch-Geruch gefunden. Diese Ergebnisse liefern die Grundlage zur Identitätsklärung, der für die Aromamerkmale kausativen Substanzen in folgenden Untersuchungen. Zukünftig sollen die Metabolitgehalte mit den genetischen Daten assoziiert und züchterische Marker identifiziert werden.

Ferner soll durch die Quantifizierung polarer Metabolite mittels Flüssigchromatographie-Massenspektrometrie die genetische Regulation medizinisch wirksamer Komponenten wie Xanthohumol, 6- und 8-Prenylnaringenin und Multifidolglukosid untersucht werden.

Literatur

[1] IHGC Economic Commission November 2020 report. Prepared by HGA.

[2] Verband deutscher Hopfenpflanzer e.V. Anbauflächen Deutschland, 2021

4 6 9

Julius-Kühn-Archiv

**Qualität 2030:
Produktqualität
in Zeiten des globalen Wandels**

55. Jahrestagung der Deutschen Gesellschaft
für Qualitätsforschung (Pflanzliche Nahrungs-
mittel) e.V. (DGQ)

DGQ

22./23. März 2022
Universität Hohenheim (Online-Veranstaltung)

