



## **Einfluss von Genotyp und Umwelt auf das Metaboliten-Profil der Speisezwiebel (*Allium cepa* L.)**

*Christoph Böttcher<sup>1</sup>, Andrea Krähmer<sup>1</sup>, Melanie Stürtz<sup>2</sup>, Hartwig Schulz<sup>1</sup>*

<sup>1</sup>Julius Kühn-Institut, Institut für ökologische Chemie, Pflanzenanalytik und Vorratsschutz, Königin-Luise-Strasse 19, 14195 Berlin. <sup>2</sup>Symrise AG, Mühlenfeldstrasse 1, 37603 Holzwinden.  
E-Mail: Christoph.Boettcher@julius-kuehn.de

Die Gattung *Allium* umfasst verschiedene Arten, welche als Gemüse, Aroma- und Medizinalpflanzen Verwendung finden. Mit einer weltweiten Jahresproduktion von über 80 Millionen Tonnen ist die Speisezwiebel (*Allium cepa* L.) dabei die ökonomisch bedeutendste Art in dieser Gattung. Grundlage für die zahlreichen Verwendungsmöglichkeiten der Speisezwiebel ist dabei ein breites Spektrum an wertgebenden primären und sekundären Inhaltsstoffen, wie z. B. Mono-, Di- und Fruktooligosaccharide, S-alk(en)ylierte Cysteinsulfoxide, proteinogene Aminosäuren und abgeleitete  $\gamma$ -Glutamylkonjugate, sowie Flavonoide and steroidale Saponine.

Um die Vielzahl der wertgebenden Inhaltstoffe der Zwiebel umfassend analysieren zu können, wurde in unserer Arbeitsgruppe ein analytischer Workflow für das Metaboliten-Profilierung der Zwiebel entwickelt und validiert (Böttcher et al. 2017). Der Workflow basiert auf Flüssigchromatographie-gekoppelter Elektrosprayionisation-Quadrupol-Flugzeitmassenspektrometrie (LC/ESI-QTOFMS) als analytischer Plattform und erlaubt die relative Quantifizierung von über 100 Metaboliten aller wertgebender Inhaltsstoffklassen.

Um den Einfluss von Genotyp und Umwelt auf das Metaboliten-Profil der Zwiebel exemplarisch zu untersuchen, wurden neun Speisezwiebelkultivare mit variierendem Trockenmassegehalt und unterschiedlicher Schalenfarbe in einem zweijährigen Feldexperiment angebaut und auf Basis des etablierten Metaboliten-Profilierung-Workflows untersucht. Die erhaltenen metabolischen Profile wurden sodann mittels univariater (zweifaktorielle Varianzanalyse) und multivariater statistischer Verfahren (Hauptkomponentenanalyse, hierarchische Clusteranalyse) analysiert. Die Ergebnisse dieser Analysen, sowie unterschiedliche Effektgrößen von Genotyp und Umwelt auf die metabolische Variationsbreite in Abhängigkeit der Inhaltsstoffklasse werden auf dem Poster präsentiert und diskutiert.

### **Literatur**

Böttcher, C., Krähmer, A., Stürtz, M., Widder, S. and H. Schulz 2017: Comprehensive metabolite profiling of onion bulbs (*Allium cepa*) using liquid chromatography coupled with electrospray ionization quadrupole time-of-flight mass spectrometry. *Metabolomics* 13:35.