

Food Proteomics zum massenspektrometrischen Nachweis der Authentizität von Honig

Prof. Dr. Jens Brockmeyer

Universität Stuttgart, Institut für Biochemie,
Abt. Lebensmittelchemie und Bioanalytik

Honig wird als hochwertiges Lebensmittel und als Zutat aufgrund seines natürlichen Ursprunges von Verbrauchern geschätzt. Allerdings zählt Honig auch zu den am häufigsten verfälschten Lebensmitteln in der EU, insbesondere Importhonige sind von ökonomisch motivierter Verfälschung betroffen, wie die koordinierte EU Untersuchung „*From the hives*“ 2022 erneut belegt hat¹. Verschiedene Verfälschungsstrategien, darunter der Zusatz von pflanzlichen Zuckersirupen, das Vortäuschen eines wertgebenden floralen Ursprungs und die Ernte von unreifem Honig mit anschließender industrieller Trocknung, sind bekannt. Der Nachweis entsprechender Verfälschungen wird dabei häufig durch Anpassung an die verfügbare Analytik umgangen. In dem präsentierten Forschungsprojekt wurde daher der massenspektrometrische Proteinnachweis als neues analytisches Werkzeug für verschiedene Fragestellungen der Honigauthentizität weiterentwickelt.

Um eine umfassende Analytik des Honigproteoms zu ermöglichen, wurde zunächst eine routinetaugliche Isolierungsstrategie der Proteine aus der zuckerreichen Honigmatrix etabliert. Mittels *untargeted* LC-MS/MS wurde ein honigtypisches Proteinprofil identifiziert, welches sich vorwiegend aus Proteinen der Speichel- und Hypopharynxdrüsen der Biene (*Apis mellifera*) zusammensetzt. Darüber hinaus war die Detektion pflanzlicher Proteine der Tracht am Beispiel von Raps (*Brassica napus*) möglich, welche aufgrund der geringen Abundanz bislang nur wenig erforscht sind.

Aus den erhaltenen Daten konnte eine routinetaugliche LC-MS/MS Methode entwickelt werden, die über die Analyse bienenassoziierter Markerpeptide den Nachweis für die Bearbeitung des Nektars durch die Biene liefert und den vollständigen Ersatz des Honigs durch günstige pflanzenbasierte Zuckersirupe ausschließt.

Im Folgenden wurde die Anwendung der etablierten LC-MS/MS Methode für konkrete Fragestellungen der Honigauthentizität überprüft. In einem Probensatz mit 51 authentischen Honigen unterschiedlicher Tracht wurden die Abundanzen der bienenassozierten Marker analysiert. Die differenzierte Betrachtung von Sortenhonigen eröffnet die Möglichkeit, Abundanzen bienenassoziierter Markerpeptide als trachtspezifischen Authentizitätsparameter für den Nachweis von zugesetztem Zuckersirup einzusetzen. Darüber hinaus gelang unter Einsatz der bienenassozierten Marker erstmals der Nachweis von Honig als wertgebender Zutat in verarbeiteten Lebensmitteln.

Eine weitere LC-MS/MS Methode wurde für den Nachweis des floralen Ursprungs von Honig am Beispiel der Tracht Raps etabliert. Unter Einbezug von pflanzlichem Probenmaterial, darunter Blütenpollen, Bienenpollen und Nektarien, erfolgte die Entwicklung eines Workflows zur Identifizierung trachtassoziierter Markerpeptide, welcher erstmals die Differenzierung pflanzlicher Peptide hinsichtlich ihrer Eintragsquelle (Nektar oder Pollen) ermöglichte.

Mit dieser Methode ist ein pollenunabhängiger Nachweis der Tracht möglich, was über die Analyse von gefiltertem Honig aufgezeigt werden konnte. Die Spezifität der Marker für die Spezies *Brassica napus* wurde zudem über die Analyse 13 zugelassener Rapssorten und anhand von Honigen mit variierendem Rapsanteil geprüft.

Zusammenfassend sind mit den in dem Projekt entwickelten Nachweismethoden und den erhobenen Datensätzen neue analytische Werkzeuge zur Sicherstellung der Authentizität von Honig verfügbar.

1. From the hives: https://food.ec.europa.eu/food-safety/eu-agri-food-fraud-network/eu-coordinated-actions/honey-2021-2022_en