



universität
wien

DIPLOMARBEIT

Bestimmung der Backeigenschaften von Mehlfractionen diverser Nacktgerstengenotypen

angestrebter akademischer Grad

Magister der Naturwissenschaften (Mag. rer.nat.)

Verfasser:	Patrick Kienmeyer
Studienrichtung:	Ernährungswissenschaften
Betreuer:	Ao.Univ.Prof. Dipl.-Ing. Dr. Emmerich BERGHOFER Dipl.-Ing. Mathias KINNER

Wien, im August 2010

Danksagung

Ich möchte mich an dieser Stelle recht herzlich bei Herrn Ao.Univ.Prof. Dipl.-Ing. Dr. Emmerich Berghofer für die Übermittlung des Diplomarbeitsthemas bedanken, sowie bei Frau Dipl.-Ing. Dr. Susanne Siebenhandl-Ehn für die Möglichkeit im Rahmen des von ihr geleiteten Projektes „Nacktgerste – wiederentdeckte Quelle für funktionelle Lebensmittel“ diese Arbeit durchzuführen.

Auch würde ich gerne dem gesamten Projektteam für die freundliche Aufnahme und großartige Unterstützung danken. Mein ganz besonderer Dank gilt hier meinem Betreuer, Herrn Dipl.-Ing. Mathias Kinner, der jederzeit ein offenes Ohr für meine Fragen hatte und mich mit seiner kompetenten Beratung während des gesamten Arbeitsprozesses unterstützt hat.

Ebenso danke ich allen weiteren Mitarbeitern des Instituts für Lebensmitteltechnologie, von denen ich hier besonders Frau Viola Zahlner und Herrn Severin Humer erwähnen möchte, für ihre Unterstützung bei den praktischen Versuchsdurchführungen.

Mein ganz besonderer Dank gebührt Herrn Univ. Prof. Dr. Sándor Tömösközi und seinen Mitarbeitern am Department of Biochemistry and Food Technology der Budapest University of Technology and Economics für deren Gastfreundschaft und herzliche Aufnahme in ihr Team. Durch seine kompetente Unterstützung und Betreuung konnte ich einen wesentlichen Teil meiner Diplomarbeit an seinem Institut durchführen.

Ferner möchte ich Herrn Ao.Univ.Prof. Dipl.-Ing. Dr. Heinrich Grausgruber für die Möglichkeit einen Teil meiner praktischen Arbeiten an seinem Institut durchführen zu können danken. Mein Dank gilt auch Herrn Roman Tumpold für seine Hilfe bei den Untersuchungen.

Des Weiteren möchte ich Herrn Dipl.-Ing. Alfred Mar und Herrn VL Dipl.-Päd. Karl Lengauer für ihre tatkräftige Unterstützung bei der Vermahlung der Nacktgersten, sowie für die Möglichkeit einen Teil der rheologischen Untersuchungen an der HTL LMT Wels durchführen zu können.

Nicht zuletzt gebührt mein besonderer Dank meinen Eltern und meiner Freundin Tatjana, denen ich diese Arbeit daher auch widmen möchte.

Inhaltsverzeichnis

Inhaltsverzeichnis.....	I
Abbildungsverzeichnis.....	III
Tabellenverzeichnis.....	VI
1 Einleitung.....	1
2 Gerste.....	3
2.1 Herkunft und Ursprung der Gerste.....	3
2.2 Morphologie der Gerste.....	4
2.3 Inhaltsstoffe von Gerste.....	6
2.3.1 Kohlenhydrate.....	8
2.3.1.1 Stärke.....	8
2.3.1.2 Lösliche Zucker.....	13
2.3.1.3 Nicht-Stärke Polysaccharide/Ballaststoffe.....	14
2.3.2 Proteine.....	18
2.3.2.1 Verteilung, Gehalt und Klassifizierung der Proteine in Gerste.....	18
2.3.2.2 Aminosäuremuster.....	20
2.3.2.3 Struktur der Speicherproteine.....	22
2.3.2.4 Struktur der Cytoplasmatischen Proteine.....	25
2.3.3 Phenolische Verbindungen.....	27
2.3.3.1 Anthocyane.....	27
2.3.4 Fett.....	30
2.3.5 Mineralstoffe.....	30
2.3.6 Vitamine.....	31
2.4 Verwendung von Gerste.....	31
2.4.1 Futtergerste und Braugerste.....	31
2.4.2 Speisegerste.....	32
3 Aufgabenstellung.....	36
4 Material und Methoden.....	37
4.1 Material.....	37
4.1.1 Pflanzenmaterial.....	37
4.1.1.1 Vermahlung mit der Versuchs-Mühle der HTL LMT.....	39
4.1.1.2 Vermahlung mit dem Bühler-Mahlautomaten MLU 202.....	39
4.1.2 Versuchs-Apparaturen.....	40
4.2 Methoden.....	41
4.2.1 Analytische Methoden zur Beurteilung der Inhaltsstoffe.....	41
4.2.1.1 Bestimmung des Feuchtigkeitsgehaltes.....	41
4.2.1.2 Bestimmung des Aschegehaltes.....	42
4.2.1.3 Proteinbestimmung nach Kjeldahl.....	44

4.2.1.4 Proteinbestimmung nach Dumas.....	49
4.2.2 Rheologische Analysen und Qualitätsparameter.....	53
4.2.2.1 Brabender-Farinograph.....	53
4.2.2.2 Micro-Z-Arm.....	58
4.2.2.3 Sedimentationstest nach Zeleny.....	66
4.2.2.4 Siebversuche mit dem Laborsichter.....	67
4.2.2.5 Feuchtkleberbestimmung (Glutengehalt).....	68
4.2.3 Lab-on-a-chip (LOC) Kapillar-Elektrophorese.....	71
4.2.4 Statistische Methoden.....	75
4.2.4.1 Hauptkomponentenanalyse (Principal Component Analysis, PCA).....	75
4.2.4.2 Clusteranalyse.....	76
5 Versuchsdurchführung.....	78
5.1 Analytische Methoden.....	78
5.1.1 Proteinbestimmung nach Kjeldahl.....	78
5.1.2 Proteinbestimmung nach Dumas.....	78
5.2 Rheologische Analysen und weitere Qualitätsparameter zur Bestimmung der teigbildenden Eigenschaften.....	79
5.2.1 Ermittlung der rheologischen Eigenschaften mit dem Brabender-Farinograph.....	79
5.2.2 Ermittlung der rheologischen Eigenschaften mit dem Micro-Z-Arm.....	79
5.2.3 Ermittlung des Sedimentationswertes von Nacktgerste-Mehlfractionen nach Zeleny.....	79
5.2.4 Glutenbestimmung mit dem Glutomatic 2200 Gluten Index.....	80
5.2.5 Durchführung der Lab-on-a-chip (LOC) Kapillar Elektrophorese zur Ermittlung der Proteinprofile.....	81
6 Ergebnisse und Diskussion.....	82
6.1 Ergebnisse der analytischen Versuchsdurchführungen.....	82
6.1.1 Bestimmung des Aschegehaltes.....	82
6.1.2 Ergebnisse aus der Bestimmung der Proteingehalte nach Kjeldahl und Dumas.....	85
6.2 Ergebnisse der Untersuchungen zur Bestimmung der rheologischen Eigenschaften.....	88
6.2.1 Micro-Z-Arm.....	88
6.2.1.1 Wasserabsorption.....	88
6.2.1.2 Auswertung der Micro-Z-Arm Mixer-Farinogramme.....	92
6.2.2 Vergleich Micro-Z-Arm/Brabender-Farinograph.....	98
6.2.3 Brabender-Farinograph.....	101
6.2.4 Sedimentationstest nach Zeleny.....	105
6.2.5 Siebversuche mit dem Laborsichter.....	107
6.2.6 Ergebnisse der Glutenbestimmung mit dem Glutomatic 2200 Gluten Index.....	111
6.2.7 Ergebnisse der Lab-on-a-Chip (LOC) Kapillar-Elektrophorese.....	112
7 Schlussfolgerungen.....	114
8 Zusammenfassung.....	116
9 Literaturverzeichnis.....	118

Abbildungsverzeichnis

- Abb. 1: Gerste (*Hordeum vulgare*). a) Teilblütenstand eines Spindelabsatzes mit drei einblütigen Ährchen. Die anderen Teilabbildungen sind schematische Querschnitte einer zweizeiligen (b), vierzeiligen (c) und sechszeiligen (d) Gerstensorten. Die jeweils um eine Spindelstufe tiefer liegenden Ährchen sind in gepunkteter Form dargestellt. (Quelle: Lieberei und Reisdorff, 2007).....5
- Abb. 2: Stärke ist aufgebaut aus $\alpha(1,4)$ -glycosidisch verknüpfter Amylose, die in unverzweigter Form vorliegt und aus Amylopectin mit $\alpha(1,4)$ - und $\alpha(1,6)$ -glycosidischer Bindung, in verzweigter Form. (Quelle: Elmadfa, 2004).....8
- Abb. 3: Aufnahme mit dem Transmissions Elektronen Mikroskop ultradünner Abschnitte von Stärkekörnern einer (A) und (B), „high amylose“, (C) und (D), normaler und (E) und (F) „Waxy“-Nacktgerste, die mit PATAg (periodeic acid-thiosemicarbazide-silver protenate) behandelt wurden. (Quelle: Li et al., 2003).....10
- Abb. 4: Extraktion und Molekulargewicht von β -Glucan diverser Gerstensorten nach verschiedenen Behandlungsmethoden.
^a Mittelwert von 3 +/- Standardabweichungen. Der Gehalt von β -Glucan war 8,9 % bei Azhul, 3,4 % bei Baronesse und 4,8 % bei Westbred.
^b Durchschnittsmolekulargewicht. Mittelwert von 2 Wiederholungen mit <8 % Unterschied zwischen den Wiederholungen.
^c Hier wurde kein β -Glucan und Calcofluor Komplex gefunden. (Quelle: Knuckles et al., 1999).....16
- Abb. 5: Vergleich der Aminosäurezusammensetzung zweier Gersten ohne erhöhte Gehalte und zweier Gersten mit erhöhtem Lysinanteil. (Quelle: Lásztity, 1986).....21
- Abb. 6: Vergleich der Aminosäurezusammensetzung von ω -Gliadin, Hordein einer Gerste ohne erhöhte Gehalte, Hordein einer Gerste mit erhöhtem Lysinanteil und von C-Hordein. (Quelle: Lásztity, 1986).....23
- Abb. 7: Grundstruktur geläufiger Anthocyane. An einen Flavonoid-Ring sind eine Zuckereinheit, entweder Glucose oder Rutinose, und die beiden Reste R_1 und R_2 , aus welchen die unterschiedlichen Anthocyane resultieren, angehängt. (Quelle: Abdel-Aal et al., 2006).....28
- Abb. 8: Das Aufschlusssystem K-437 (links), Scrubber B-414 (rechts) (Quelle: BÜCHI Labortechnik GmbH, 2010).....46

Abb. 9: Destillationsgerät Kjelflex K-360 (Quelle: BÜCHI Labortechnik GmbH, 2010).....	48
Abb. 10: Apparatur LECO FP-528 (Quelle: LECO Instrumente GmbH, 2010).....	50
Abb. 11: Aluschälchen zum Einwiegen der Mehlproben (links), Karussell mit 35 Positionen zur Analyse (rechts).....	51
Abb. 12: Fließdiagramm der Proteinbestimmung der LECO FP-528-Apparatur (Quelle: LECO Corporation, 1997).....	52
Abb. 13: Vergleich zweier Farinogramme eines Brabender-Farinographen mit den Parametern Teigentwicklungszeit, Stabilität, Farinogramm-Qualitätszahl (FQZA) und der Teigerweichung. Das linke Farinogramm stellt dabei ein starkes Mehl dar, weil es eine längere Stabilität und Farinogramm-Qualitätszahl aufweist, verglichen mit der rechten Abbildung, die das Farinogramm eines schwachen Mehls darstellt (Quelle: Erling, 2008).....	54
Abb. 14: Titrierkurve, erstellt mit dem Brabender-Farinographen.....	56
Abb. 15: Micro-Z-Arm-Mixer	59
Abb. 16: Farinogramm-Kurve, die mit dem Micro-Z-Arm erstellt und in MS-Excel übertragen wurde.	61
Abb. 17: Kurenmaximum VU _{max} der mit dem Micro-Z-Arm erstellten Farinogramm-Kurve, gemessen in Valorigram-Units (VU).....	62
Abb. 18: Die Teigentwicklungszeit (TEWI) ist die Zeit in Minuten vom Anstieg der Mittellinie der Kurve, bis zum Erreichen des Kurvenmaximums VU _{max}	62
Abb. 19: Teigstabilität (TSTA): Zeit in Minuten, gemessen von dem Punkt an dem die Oberkante der Amplitude der Kurve zum ersten Mal die VU _{max} Linie erreicht, bis zu dem Punkt, an dem sie diese wieder unterschreitet.....	63
Abb. 20: Farinogramm-Qualitätszahl (FQZA): Anstieg der Kurvenmittellinie bis zu dem Zeitpunkt, an dem die Mittellinie um 50 VU gegenüber dem Kurvenmaximum VU _{max} wieder abfällt.	63
Abb. 21: Bandbreite der Farinogramm-Kurve gemessen bei VU _{max} , QZA, sowie 10 Minuten nach Beginn der Knetung, angegeben in VU.....	64
Abb. 22: Winkel zwischen der Mittellinie der Kurve und der horizontalen Linie durch das Kurvenmaximum VU _{max} , gemessen in Winkelgraden.....	64

Abb. 23: Agilent 2100 Bioanalyzer (Quelle: Institut de Génétique et de Biologie Moléculaire et Cellulaire, 2010).....	72
Abb. 24: Box-and-Whisker Plot der Fraktionen Hell, Mittel und Dunkel.....	84
Abb. 25: Die erhaltenen Proteinwerte der 21 Mehlfraktionen gefärbter Nacktgerstengenotypen im Vergleich nach ihrer Ermittlungsmethode.....	86
Abb. 26: Die durchschnittliche Wasserabsorption [%] der verschiedenen Nacktgersten-Genotypen unterteilt nach Farbgruppen.....	90
Abb. 27: Biplot der beiden Hauptkomponenten PC1 (Axis 1) und PC2 (Axis 2) der Hauptkomponentenanalyse 45 gefärbter Nacktgerstenvarietäten.....	95
Abb. 28: Dendrogramm der Clusteranalyse, welches auf den ersten beiden Hauptkomponenten der Hauptkomponentenanalyse beruht. Die farbigen Klammern teilen die Nacktgerstensorten den jeweiligen Gruppen aus der Hauptkomponentenanalyse zu.....	97
Abb. 29: Biplot der beiden Hauptkomponenten PC1 (Axis 1) und PC2 (Axis 2) der Hauptkomponentenanalyse der 21 gefärbten Nacktgersten.....	103
Abb. 30: Dendrogramm der Clusteranalyse, welches auf den ersten beiden Hauptkomponenten der Hauptkomponentenanalyse beruht. Die farbigen Klammern teilen die Nacktgerstensorten den jeweiligen Gruppen aus der Hauptkomponentenanalyse zu.....	104
Abb. 31: Verteilung der Mittelwerte nach Farbgruppen der Nacktgerstegenotypen.....	106
Abb. 32: Prozentuelle Verteilung der bei der Vermahlung von 7 gefärbten Nacktgerste-Genotypen mit der Versuchs-Mühle erhaltenen sieben Aus-siebfraktionen mit dem Laborsichter (> 600 µm, > 500 µm, > 400 µm, > 275 µm, > 180 µm, > 90 µm und < 90 µm).....	108
Abb. 33: Vergleich der Verteilung der Mittelwerte der prozentuellen Anteile der Mehlfraktionen < 180 µm nach Farbgruppen.....	110
Abb. 34: Vergleich der Verteilung der Mittelwerte [%] der Mehlfraktionen < 180 µm nach den Fraktionen H, M und D, unabhängig von ihrer Nacktgerstensorte.....	111
Abb. 35: Die Peak-Banden der blauen Sorte N308, der gelben Nacktgerste LAWINA und der schwarzen Sorte BVAL358163, der jeweils Dunklen Fraktion, im Vergleich.....	112

Tabellenverzeichnis

Tab. 1: Klassifizierung und Gehalte der Proteine in Gerste.....	19
Tab. 2: Beschreibung der untersuchten Nacktgersten-Mehle.....	38
Tab. 3: Verwendete Geräte mit Typenbezeichnung und Hersteller.....	40
Tab. 4: Richtwerte eines optimalen Farinogramms für ein Weizenmehl Type 550 (Quelle: Seibel, 2005).....	55
Tab. 5: Überblick über die angewendeten Vorversuche zur Bestimmung des Glutengehaltes mit den unterschiedlichen Enzymmischungen und Inku- bationszeiten.....	81
Tab. 6: Aschegehalt [%] von 21 gefärbten Nacktgerstegenotypen, die mit der Versuchs-Mühle der HTL LMT vermahlen wurden.....	83
Tab. 7: Mittelwertvergleich des Aschegehaltes nach Farbgruppen nach Fisher´s LSD (least significant difference).....	84
Tab. 8: Vergleich der Proteinwerte 21 gefärbter Nacktgerstengenotypen mit der Methode nach Kjeldahl und der Methode nach Dumas.	85
Tab. 9: Proteingehalte der drei Sorten Hell, Mittel und Dunkel (links), Gehalte an Protein einer Farbgruppe der Nacktgersten (rechts).....	87
Tab. 10: Mittelwertvergleich der Proteingehalte der Farbgruppen gelb, blau und schwarz unterteilt nach der Hellen, Mittleren und Dunklen Fraktion.....	87
Tab. 11: Feuchtegehalte [%] der 45 Nacktgersten-Mehlproben, sowie deren Wasserabsorption [%] bei der rheologischen Untersuchung mit dem Micro-Z-Arm.....	89
Tab. 12: Mittelwertvergleich der Wasserabsorption nach Nacktgerste- Farbgruppen.....	91
Tab. 13: Mittelwertvergleich der Wasserabsorption der Farbgruppen gelb, blau und schwarz unterteilt nach der Hellen, Mittleren und Dunklen Fraktion.....	91
Tab. 14: Hauptkomponentenanalyse (PCA) 45 gefärbter Nacktgerstenvarie- täten.....	92
Tab. 15: Vergleich der prozentuellen Wasserabsorption der Nacktgersten- genotypen und der daraus gewonnenen Mehlfraktionen mit dem Micro-Z- Arm und dem Brabender-Farinographen	98

Tab. 16: Vergleich der Wasserabsorption der mit dem Micro-Z-Arm ermittelten Werte und der korrigierten Werte des Brabender-Farinographen.....	99
Tab. 17: Vergleich der ausgewerteten Daten, die durch Analyse mit dem Micro-Z-Arm erhalten wurden, mit jenen durch den Brabender-Farinographen.....	100
Tab. 18: Hauptkomponentenanalyse (PCA) der 21 gefärbten Nacktgerstenvarietäten aus der Vermahlung der Versuchs-Mühle der HTL LMT.....	101
Tab. 19: Sedimentationswerte nach Zeleny der 21 Mehlfraktionen gefärbter Nacktgerstengenotypen.....	105
Tab. 20: Mittelwertvergleich nach Nacktgerste-Farbgruppen der Zeleny Sedimentationswerte.....	106
Tab. 21: Mittelwertvergleich der Farbgruppen gelb, blau und schwarz der Sedimentationswerte nach Zeleny, unterteilt nach der Hellen, Mittleren und Dunklen Fraktion.....	107
Tab. 22: Mittelwertvergleich der Anteile der Mahlfraktionen < 180 µm (> 90 µm + < 90 µm) der 21 unterschiedlichen Nacktgerste-Mehlfraktionen.....	109
Tab. 23: Größe [kDa], Relative Konzentration [ng/µl] der Proteine und die Prozenz der Totalkonzentration der drei zum Vergleich herangezogenen Nacktgerstensorten.....	113

1 Einleitung

Einen Großteil der täglichen Energieaufnahme stellen Lebensmittel dar, die aus verschiedenen Getreidearten wie Weizen, Roggen, Gerste aber auch Reis und Mais hergestellt werden. Diese Lebensmittel, bei welchen es sich zu einem großen Anteil um Back- und Teigwaren handelt, können einen wesentlichen Einfluss auf die menschliche Gesundheit haben. Verantwortlich für dieses Konzept der „funktionellen Lebensmittel“ sind Inhaltsstoffe, die als nicht essentiell betrachtet werden, aber im Körper eine wichtige physiologische Wirkung erfüllen.

Ein Getreide, das in diesem Zusammenhang als Bestandteil funktioneller Lebensmittel als viel versprechend angesehen werden kann, ist die Nacktgerste, die Hauptgegenstand dieser Diplomarbeit ist. Sie verfügt über interessante technologische Eigenschaften und wird aufgrund des hohen Gehalts an Ballaststoffen, wie β -Glucan, sowie sekundären Pflanzenstoffen, Polyphenole und Carotinoide, als ernährungsphysiologisch wertvoll betrachtet. Phenolische Verbindungen, zu denen die Anthocyane zählen, sowie auch Carotinoide zeichnen sich durch sehr gute Radikalfängereigenschaften aus, β -Glucan soll eine signifikant positive Wirkung bei Personen mit kardiovaskulären Erkrankungen zeigen.

Die Getreidewissenschaft beschäftigt sich erst seit wenigen Jahren mit dem Thema sekundäre Pflanzenstoffe und deren antioxidativem Potential, daher sind Daten über Gehalt und Eigenschaften in technologischen Prozessen mangelhaft. Außerdem wurden die meisten Daten von außer-europäischen Varietäten erhoben und sind somit nicht jenen Gehaltsmengen entsprechend, die unter europäischen Anbaubedingungen erzielt werden können.

Nacktgerste zeigt jedoch hinsichtlich ihrer Backeigenschaften ein deutlich schlechteres Verhalten als Weizen, welcher heute das wichtigste Brotgetreide darstellt. Gerste besitzt im Gegensatz zu Weizen sehr wenig Gluten und kann daher auch kein so genanntes „Klebereiweiß“ zur Krumbildung produzieren.

Das Ziel dieser Arbeit war es daher, das „Nichtbrotgetreide“ Nacktgerste hinsichtlich ihrer Backeigenschaften zu charakterisieren. Dafür sollten die ver-

schiedenen Nacktgerste-Genotypen und vor allem die daraus gewonnenen Mahlfraktionen in Bezug auf ihre Teig bildenden Inhaltsstoffe sowohl qualitativ, als auch quantitativ untersucht werden. Aufgrund dieser Informationen sollten wiederum neue Kombinationen von Mahlfraktionen entstehen, welche verbesserte rheologische Eigenschaften gegenüber herkömmlichem Nacktgerstenmehl haben.

2 Gerste

2.1 Herkunft und Ursprung der Gerste

Gerste, *Hordeum vulgare*, scheint unter allen Getreidearten am frühesten kultiviert worden zu sein. Sie kommt aus dem vorderasiatischen Raum und leitet sich von der Wildart *H. spontaneum* KOCH ab. Sie dürfte schon vor 5000 v. Chr. angebaut worden sein, anderen Untersuchungen zufolge bereits schon 10500 v. Chr., und hat sich unter starker Formenaufspaltung und Einkreuzung mindestens einer weiteren Wildart, *H. agriocrithon* ÅBERG, vorerst im Nahen Osten, in Mitteleuropa und auch im Fernen Osten verbreitet (**Becker und John**, 2000; **Lieberei und Reisdorff**, 2007).

Schon bald darauf wird nicht mehr die Wildform der Gerste gefunden, sondern bereits die zweizeilige Kulturform *Hordeum distichon* und in späteren Schichten der Jungsteinzeit die mehrzeilige Form *Hordeum vulgare*. In Mitteleuropa gab es schon in der ältesten Periode des Neolithikums vierzeilige Gerste (**Bickel-Sandkötter**, 2003).

Gerste war das am häufigsten vorkommende und auch billigste Getreide des antiken Nahen Osten. Ägyptische Schriften belegen, dass Gerste zu dieser Zeit eine größere Bedeutung für die menschliche Ernährung beigemessen wurde als Weizen. Die Sumerer hatten sogar einen Gott für Gerste, aber keinen für Weizen. Im Römischen Reich und antiken Griechenland war Gerste die Kost der Armen, der Sklaven, aber auch der Soldaten und sie hatte das Ansehen als „starkes“ Nahrungsmittel. Auch Gladiatoren diente Gerste als Nahrung, worauf hin sie als *Hordearii* oder *Gerstenmänner* bezeichnet wurden. Christoph Kolumbus brachte die Gerste auf seiner zweiten Reise in die Neue Welt, aber mit wenig Erfolg. Dafür wurde im 16. Jahrhundert n. Chr. Gerste in den Hochländern Mexikos domestiziert, wo sie heute aber als eher unbedeutende Feldfrucht angesehen wird. Aus derzeitiger Sicht gehören die USA und Kanada zu den wenigen Ländern mit hoher Gerstenproduktion (**Smartt und Simmonds**, 1995).

Aus Gerste und Roggen hergestelltes Brot stellte das Hauptnahrungsmittel der Bauern und armen Bevölkerung im England des 15. Jahrhunderts dar, während die Reichen Weizenbrot aßen. Als Weizen und Hafer schließlich immer mehr zur Verfügung standen, wurde Gerste nicht mehr zur Broterzeugung genutzt (**Kent, 1983**).

Botanisch gesehen gehört Gerste zur Gattung *Hordeum* der Familie der Süßgräser, *Poaceae* (**Lieberei und Reisdorff, 2007**). Sie ist diploid ($2n = 2x = 14$) mit einer kleinen Anzahl an Chromosomen, die mit 6 - 8 μm relativ groß sind (**Lorenz und Kulp, 1991**). Gerste ist eine kurzjährige, früh reifende Pflanze mit einem hohen Feldertrag und kann auch in landwirtschaftlichen Randzonen gefunden werden, weil sie an Orten gedeihen kann, an denen anderes Getreide nicht wachsen kann. Ihre Anbauzonen reichen von der Arktis, über hohe Anbaugrenzen im Gebirge, bis hin zu Wüstenoasen, wo Gerste eine höhere Toleranzgrenze gegenüber salzhaltigen Böden aufweist, als andere Getreidearten. Gerste ist eine Kulturpflanze, die hohe Temperaturen verträgt, sofern die Feuchtigkeit niedrig ist, und ist daher für warme und feuchte Gebiete eher ungeeignet. Vereinzelt wächst sie auch in tropischen Zonen und in kühlen Hochländern, wie in Mexiko, den Anden und in Ost-Afrika. Die Hauptanbaugebiete der Gerste befinden sich im Großraum Europas, den mediterranen Randzonen Nord-Afrikas, Äthiopien, dem Nahen Osten, China, Indien, Kanada und den USA (**Smartt und Simmonds, 1995**).

2.2 Morphologie der Gerste

Der Blütenstand der Gerste ist eine Ähre, deren Ährchen bei allen Gerstenarten an der Ährenachse alternierend auf zwei Seiten stehen. An jedem Spindelabsatz befinden sich drei einblütige Ährchen, jeweils mit zwei schmalen und grannig zugespitzten Hüllspelzen. Auf Grund der Tatsache, dass bei der zweizeiligen Gerste nur die Mittelblüte fertil ist, sind von oben gesehen bei dieser nur zwei Reihen von Körnern sichtbar (**Lieberei und Reisdorff, 2007**).

Die verschiedenen Varietäten der Gerste sind durch ihren unterschiedlichen Ährenaufbau gekennzeichnet. Grundsätzlich wird pro Ährchen nur jeweils ein Korn gebildet. Bei zweizeiligen Gersten finden sich an jedem Nodium drei Ährchen, wobei die beiden äußeren steril sind, und somit nur ein Korn je Nodium ausgebildet werden kann (**Diepenbrock et al., 2005**). Nur das zentrale Ährchen ist somit in der Lage ein Korn zu erzeugen, die beiden äußeren produzieren nur Staubblätter (**Watson et al., 2005**).

Mehrzeilige Gersten, also vier- bis sechszeilige Sorten, besitzen je Spindelstufe drei fruchtbare Ährchen, und somit können alle drei vorhandenen Ährchen Körner produzieren (**Diepenbrock et al., 2005**).

Der Unterschied zwischen vier- und sechszeiligen Gersten, bei denen, wie oben erwähnt, auch die beiden seitlichen Blüten Früchte hervorbringen, liegt vor allem an der Dichtheit bzw. Lockerheit der Ähren. Bei sechszeiligen Sorten lassen sich deutlich sechs Zeilen von Körnern erkennen, da die Ähre sehr dicht vorliegt. Bei lockeren Ähren hingegen ist der Abstand der Spindelstufen genügend groß, dass sich die Außenährchen jedes Spindelabsatzes soweit nach außen schieben, dass nur vier Zeilen zu erkennen sind (Abb. 1) (**Lieberei und Reisdorff, 2007**).

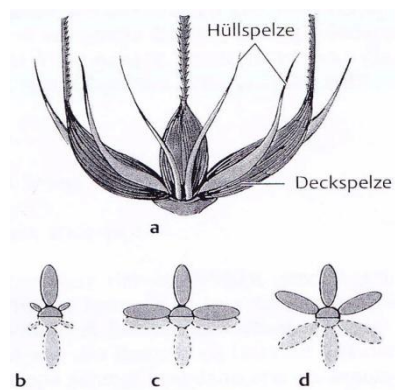


Abb. 1: Gerste (*Hordeum vulgare*). a) Teilblütenstand eines Spindelabsatzes mit drei einblütigen Ährchen. Die anderen Teilabbildungen sind schematische Querschnitte einer zweizeiligen (b), vierzeiligen (c) und sechszeiligen (d) Gerstensorten. Die jeweils um eine Spindelstufe tiefer liegenden Ährchen sind in gepunkteter Form dargestellt. (Quelle: Lieberei und Reisdorff, 2007)

Weiters lässt sich Gerste in (*umhüllte*) Gerste bzw. *Spelzgerste* und in *Nacktgerste* unterteilen. Während in den umhüllten Sorten die Früchte fest mit der Deck- und Vorspelze verwachsen sind und sich beim Vorgang des Dreschens daher nicht herauslösen, sitzt bei der Nacktgerste die Hülle bzw. Hülse relativ locker und kann beim Dreschen leichter entfernt werden.

Nacktgerste wird vor allem in Süd-Ost Asien kultiviert. Der Ertrag ist hierbei geringer als bei normaler Gerste, da die Ährchen eine Tendenz haben die Körner beim Dreschen oder im Reifezustand abzustößen, was zu einem geringeren Ernteertrag führt. Das Fehlen einer Hülle macht sie eher ungeeignet für die Mälzerei, da erhöhte Gefahr einer Schimmelbildung während des Brauprozesses besteht. Andererseits ist Nacktgerste sehr nützlich für die menschliche Ernährung auf Grund ihrer hohen Verdaulichkeit (94 %), im Gegensatz zu Gerste (83 %) (**Kent**, 1983).

Die An- bzw. Abwesenheit einer Hülle und die Eigenschaften der Stärke zählen zu den genetischen Faktoren, die die Zusammensetzung, Funktionalität und den ernährungsphysiologischen Wert der Gerste am meisten beeinflussen. Traditionellerweise wird umhüllte Gerste in der Brauerei zur Malzherstellung verwendet, während Nacktgerste vor allem für die Erzeugung von Lebensmitteln verwendet wird (**Hatcher et al.**, 2005).

2.3 Inhaltsstoffe von Gerste

Gerstenkörner sind reich an Stärke und Zuckern, relativ arm an Proteinen und haben einen sehr geringen Fettanteil. Die Hülle setzt sich vor allem aus Lignin, Pentosanen, Mannan, Uronsäure, Hemicellulosen und Zellulosefasern zusammen. Siliziumdioxid findet sich meist in den äußeren Schichten der Hülle und zu hohen Anteilen in den Grannen. Der Fruchtschale (Perikarp) fehlt es zwar an Lignin, ansonsten ähnelt die chemische Zusammensetzung aber jener der Hülle. In der Aleuronschicht und im Perikarp finden sich zudem Polyphenole, die mit Proteinen Komplexe bilden können. Die Aleuronschicht hat außerdem dicke Zellwände und beinhaltet Arabinoxylane, Aleuronkörner mit

Protein und Phytinsäure, und reichlich Minerale. Die Subaleuronschicht des Mehlkörpers (Endosperm) hat relativ geringe Stärkeanteile, ist aber reich an Proteinen und β -Amylase. Der Anteil an β -Glucanen in den Zellwänden des Endosperms beträgt ungefähr 75 %, der Rest sind Arabinoxylane. Der Keimling besteht aus ungefähr 7 % Zellulose, 14-17 % Fett, 14-15 % Saccharose, 5-10 % Raffinose, 5-10 % Asche und 34 % Protein. Die Zellwände des Keimlings beinhalten Uronsäuren, Pectin und Hemicellulosen (**Lorenz und Kulp**, 1991).

Elfverson et al. (1999) versuchten in einer Studie die chemische Zusammensetzung verschiedener Gerstensorten zu erforschen. Dafür wurden fünf unterschiedliche Sorten, sowohl Gersten als auch Nacktgersten die wenig, normal oder viel Amylose enthielten, nach Gewicht und pneumatischen Eigenschaften gesiebt und sortiert und die Gehalte an Stärke, Protein, Asche und β -Glucan analysiert. Ein repräsentativer Anteil jeder Sorte wurde in fünf Fraktionen zu jeweils etwa 20 % getrennt.

Der Trockengehalt jeder Fraktion wurde durch Trocknung im Ofen bei 105 °C für fünf Stunden bestimmt. Stärke und β -Glucan wurden enzymatisch bestimmt, Asche und Rohprotein nach standardisierten Analysemethoden.

Der Gehalt an Stärke schwankte zwischen 50,1 und 61,8 % und der von Protein zwischen 9,3 und 14,1 %. Die höchsten Mengen an Stärke und auch an Proteinen konnten in den verschiedenen Nacktgerste-Typen gefunden werden. Der Ascheanteil variierte zwischen 2,0 und 2,5 %, wobei die höchsten Mengen in normalen Gerstensorten beobachtet wurden. Der Gehalt an β -Glucan war in „Waxy“-Gerste und bei Sorten die reich an Amylose sind mit 5,6 - 6,9 % höher als in Sorten mit normalem Stärkeanteil (4,6 - 4,7 %).

Zusammenfassend waren beim Aschegehalt nur kleine Schwankungen innerhalb aller Fraktionen zu verzeichnen. **Elfverson et al.** (1999) erklären, dass der ähnliche Ascheanteil in allen untersuchten Fraktionen darauf hinweist, dass der Gehalt der aschereichen Außenschicht, einschließlich Hülle relativ unabhängig von der Korngröße ist. **Kent und Evers** (1994) sind zu dem Schluss

gekommen, dass große und schwere Gerstenkörner weniger Hülle besitzen als kleinere, leichtere Körner.

Sowohl bei Proteinen, als auch bei Stärke zeigten sich nur geringe Unterschiede zwischen den untersuchten Fraktionen. Der größte Trend war bei β -Glucan zu beobachten. In nahezu allen Fraktionen stieg der Gehalt an β -Glucan mit zunehmender Korngröße an (Elfverson et al., 1999).

2.3.1 Kohlenhydrate

2.3.1.1 Stärke

Stärke ist die Hauptkomponente des Gerstenkorns und auch der dominante Bestandteil von Gerstenmehl (Tang et al., 1999). Sie ist ein Polysaccharid und besteht zu 70-90 % aus Amylopectin und zu 10-30 % aus Amylose, welche beide aus D-Glucose-Einheiten zusammengesetzt und α -glycosidisch verknüpft sind (Abb. 2). Amylose besteht aus $\alpha(1,4)$ -verknüpften Glucose-Einheiten, wobei die Glucose-Ketten kaum verzweigt sind. Amylopectin ist im Gegensatz zur Amylose stark verzweigt, es besteht aus $\alpha(1,4)$ - und $\alpha(1,6)$ -glycosidisch verknüpften Glucose-Einheiten (Latscha et al., 2002).

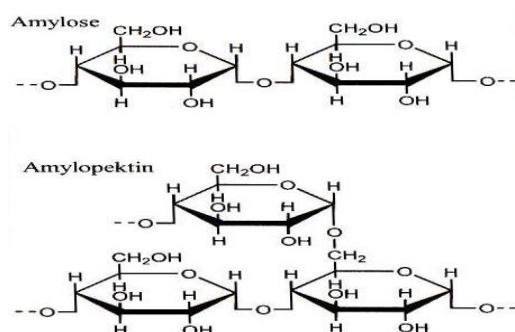


Abb. 2: Stärke-Aufbau: $\alpha(1,4)$ -glycosidisch verknüpfte Amylose, die in unverzweigter Form vorliegt und Amylopektin mit $\alpha(1,4)$ - und $\alpha(1,6)$ -glycosidischer Bindung, in verzweigter Form. (Quelle: Elmadfa, 2004)

Die Stärkekörner im Endosperm der Gerste liegen innerhalb der Amyloplasten und können nach der Größe in zwei Gruppen unterteilt werden: 1,7-2,5 μm und 22,5-47,5 μm . Die Stärkekörner enthalten Spuren von Fett, Mineralien, Proteinen und Nucleotiden. Die verantwortlichen Enzyme für den Abbau der Stärke während der Keimung sind die Phosphorylase, α -Glucosidase, α -Amylase, β -Amylase und die Transglucosylase. Im Normalfall beträgt das Verhältnis von Amylose zu Amylopectin ungefähr 1:3, in Sorten die viel Amylose enthalten („High amylose“) bis zu 1:1 und in „Waxy“-Gerste liegt der Gehalt an Amylopectin bei nahezu 100 % (**Lorenz und Kulp**, 1991).

Stärkekörner existieren eigenständig mit unterschiedlicher Form, Größe und Zusammensetzung in vielen verschiedenen Pflanzen. Wie oben beschrieben, besteht sie aus Amylose und Amylopectinmolekülen. Diese Moleküle formen teilkristalline und interkristalline amorphe Regionen in alternierenden Schichten, so genannte Granula-Wachstumsringe, die innerhalb der Stärkekörner liegen. Allerdings variieren Zusammensetzung, Kornstruktur und Kettenlänge von Amylopectin und die physiochemischen Eigenschaften der Stärke von Genotyp zu Genotyp. **Li et al.** (2003) untersuchten in einer kanadischen Studie die Ultrastruktur und Aufteilung von Granula-gebundenen Proteinen in Stärke verschiedener Nacktgersten.

Diese granula-gebundenen Proteine der Stärke bilden eine kleine Komponente in nativer Stärke, die die physiochemischen Merkmale der Stärke, wie Verdaulichkeit, Quellverhalten, Löslichkeit, Retrogradation und Granulaintegrität beeinflussen können.

Dabei wurden Stärkekörner von „Waxy“-Nacktgerste, Nacktgerste mit normalem und Nacktgerste mit hohem Gehalt an Amylose isoliert und untersucht. Mikraufnahmen zeigen zwei eindeutige Regionen mit unterschiedlicher Größe: 1) dicht gepackte Granula-Wachstumsringe, welche sich in Größe und Anzahl je nach Genotyp unterschieden, und 2) ein lockeres fadenförmiges Netzwerk, das in der zentralen Gegend des Korns lokalisiert ist. Die Breite bzw. Größe des Granularings sank mit zunehmendem Amylosegehalt. In allen drei Genotypen waren die Wachstumsringe, die näher an der Oberfläche lokalisiert waren schmaler als diejenigen, die sich mehr im Zentrum befanden. Abb. 3 zeigt die

Wachstumsringe von Stärkekörnern von „High amylose“, normaler und „Waxy“-Nacktgerste. Stärke der „Waxy“-Nacktgerste zeigte außerdem weitere interkristalline und amorphe Wachstumsringe, semikristalline Ringe und offenere kristalline Lamellen verglichen mit normaler und „High amylose“-Nacktgerste. Granula-gebundene Proteine, hauptsächlich integrale Proteine, waren in den zentralen und peripheren Regionen des Korns lokalisiert (Li et al., 2003).

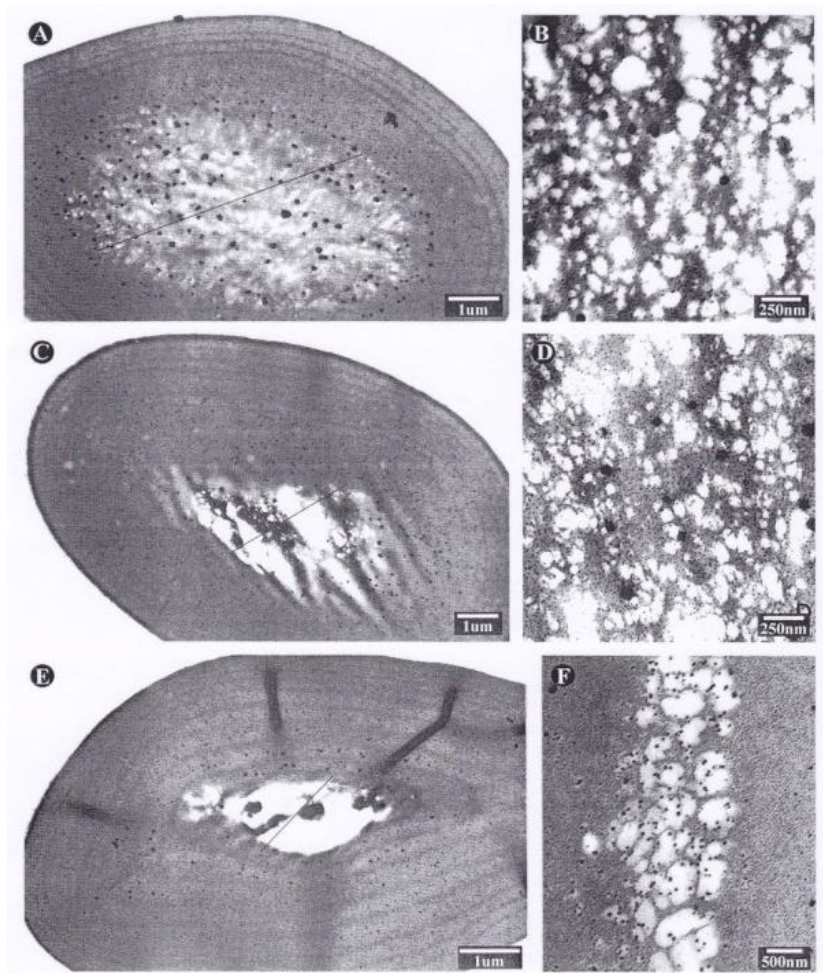


Abb. 3: Aufnahme mit dem Transmissions Elektronen Mikroskop ultradünner Abschnitte von Stärkekörnern einer (A) und (B), „high amylose“, (C) und (D), normaler und (E) und (F) „Waxy“-Nacktgerste, die mit PATAg (periodic acid-thiosemicarbazide-silver protenate) behandelt wurden. (Quelle: Li et al., 2003)

Zheng et al. (1999) versuchten diverse funktionelle Eigenschaften von „Waxy“-Nacktgerste zu erforschen. Hierfür wurde Stärke, mit 0 oder 5 % Amylosegehalt einer „Waxy“-Nacktgerste mit Phosphoroxychlorid quervernetzt und diese quervernetzte Stärke mit Propylenoxid hydroxypropyliert.

Hintergrund dieser Studie war, dass Verdickung und Stabilisierung wichtige funktionelle Merkmale von Stärke aus Lebensmitteln sind. Obwohl „Waxy“-Getreidestärke toleranter in Bezug auf Kaltlagerung verglichen mit „Non-Waxy“-Getreide ist, werden die Körner während des Kochens zerstört. Daher wird Stärke für die Lebensmittelindustrie oft verändert um ihre Funktionalität zu verbessern, Quervernetzung („cross-linking“) ist die dafür am häufigsten verwendete Technologie. Quervernetzte „Waxy“-Stärke zeigt generell eine höhere Kleberstabilität und Resistenz beim Kochen gegenüber nativer Stärke, andererseits beeinträchtigt die Quervernetzung die Kleberklarheit und Stabilität während der Kältelagerung. Diese unerwünschten Charakteristika können wiederum durch weitere Modifikationen verbessert werden. Durch Hydroxypropylierung von „Waxy“-Gerste zeigt diese zum Beispiel eine höhere Stabilität nach Einfrieren und Auftauen.

Die Studie berichtet über den Effekt der Quervernetzung von „Waxy“-Nacktgerste und versucht die Funktionalität der veränderten „Waxy“-Nacktersten mit der von ähnlich veränderter „Waxy“-Mais und Kartoffelstärke zu vergleichen. Das Ziel war außerdem die Verwendung von Stärke mit 0 % Amylosegehalt in der Lebensmittelindustrie zu fördern.

Die Untersuchungen kamen zu dem Ergebnis, dass quervernetzte Stärke aus „Waxy“-Nacktgerste toleranter gegenüber Kaltlagerung und Kochen ist als Stärke aus quervernetztem Mais. Hydroxypropylierung der quervernetzten Stärke reduziert weiters die Kristallisation des Korns und die Gelisierungstemperatur, und verbessert das Aufquellen der Körner, die Kleberklarheit und die Stabilität nach Einfrieren und Auftauen. Die durch Quervernetzung und Hydroxypropylierung zweifach modifizierte Stärke der „Waxy“-Nacktgerste zeigt eine höhere Kältestabilität im Vergleich zu ähnlich veränderter Kartoffel- oder Maisstärke und ebenso eine bessere Klarheit nach Kältelagerung. Diese Ergebnisse deuten somit auf ein großes Anwendungsgebiet von

quervernetzter und zweifach veränderter Stärke aus „Waxy“-Nacktgerste in der Lebensmittelindustrie hin (**Zheng et al.**, 1999).

Eine Studie von **Yoshimoto et al.** (2000) untersuchte die molekularen Strukturen von Stärke verschiedener Gerstensorten. Dabei wurden zwei „High amylose“-Gersten, HAG-A (High Amylose Glacier A) und HAG-N (High Amylose Glacier N), mit einer Sorte mit normalem Amylosegehalt, NG (Normal Glacier), verglichen. Zusätzlich zur molekularen Struktur wurden auch einige physiochemische Eigenschaften von Stärke untersucht.

Stärke wurde dabei mit Hilfe einer Alkalivorreife (0,2 % NaOH) aus den Gerstenkörnern isoliert und anschließend durch drei sich wiederholende Lösungsvorgänge in Dimethylsulfoxid und Ausfällung mit Ethanol entfettet. Amylose und Amylopectin wurden danach durch die Methode nach **Lansky et al.** (1949) fraktioniert.

Ermittelt wurde ein Amylosegehalt von 41,0 % bei HAG-A und 33,4 % bei HAG-N, er war um 17,8 bzw. 10,2 % höher als der Gehalt von NG, mit 23,2 %. Amylopectin zeigte bei HAG-A und HAG-N eine Kettenlänge von 18-19 C-Atomen, die Kettenlänge von NG ist mit 18 C-Atomen aber nahezu gleich. HAG-A Amylopectin wies den höchsten Anteil an organischem Phosphor mit 214 ppm auf, im Gegensatz zu HAG-N und NG, die mit 41 bzw. 45 ppm einen vergleichsweise sehr ähnlichen, aber gegenüber HAG-A deutlich geringeren Phosphorgehalt aufwiesen. Die Kettenlängen von HAG-A und HAG-N Amylose waren mit 350 bis 450 C-Atomen deutlich niedriger als bei NG Amylose mit 530 C-Atomen.

Insgesamt weist „High amylose“-Gerste eine ähnliche Stärkestruktur auf wie normale Gerste, zeigt aber nur eine geringe bis keine Viskosität. Die molekulare Struktur des Amylopectin war ähnlich der normalen Gerste, die Amylose war stärker verzweigt (**Yoshimoto et al.**, 2000).

Eine Erschwernis bei der Verwendung von Gerste als Lebensmittel stellen die Verarbeitungsmethoden dar, zu welcher vor allem Hitze und Druck zählen, bei denen es oft zu unerwünschten Veränderungen der Inhaltsstoffe kommt.

Eine weitere Studie untersuchte daher die physiochemischen Eigenschaften und strukturellen Merkmale kleiner (bis 2 μm), mittlerer (10 μm) und großer (12-19 μm) Stärkekörner von „Waxy“-Gerste. Hierfür wurden Gerstenkörner mit einer speziellen Maschine zur Reinigung von Reis, von der äußeren Schicht bis zum Kern zu Mehl vermahlen und in acht Fraktionen unterteilt.

Der Anteil an großen Stärkekörnern sank von der Oberfläche bis zum Zentrum des Kerns, während der Anteil an mittleren und kleinen Körnern anstieg. Die ungleiche Verteilung an verschiedenen großen Körnern in Gerste ist möglicherweise ein vererbbares Merkmal. Diese Feststellung könnte den Mechanismus der Anhäufung von Stärke im Endosperm der Gerste erklären.

Außerdem sank die Wasseraktivität von der äußeren Schicht zum Korninneren hin ab, die Gelierungstemperaturen der Stärkekörner waren in jeder Schicht annähernd gleich und die Enthalpie nahm in der Größenordnung Groß, Mittel und Klein ab und stieg wiederum von der Oberfläche zum Kern hin an. Weiters scheinen die Gelierungseigenschaften größtenteils durch die Struktur der Stärkekörner beeinflusst zu werden und nicht durch ihre Größe (**Tang et al.**, 1999).

2.3.1.2 Lösliche Zucker

Mindestens neun Monosaccharide und sieben eng miteinander verwandte Komponenten treten in Gerste auf. Glucose und Fructose sind sowohl als Monosaccharide, als auch in kombinierter Form vorzufinden, wo hingegen andere Monosaccharide als Oligosaccharide, Polysaccharide, Glycoside, Glycolipide und Glycoproteine polymerisiert sind. Der Gehalt an löslichen Zuckern in normaler Gerste befindet sich im Bereich von ungefähr 2-3 %, in Nacktgersten 2-4 %, Gerste mit hohem Gehalt an Lysin enthält etwa 2-6 % lösliche Zucker und Gerste mit hohem Gehalt an Kohlenhydraten 7-13 %. Der Gehalt an Gesamt-Kohlenhydraten und reduzierenden Zuckern sinkt von der Blütezeit bis zur Reife, hingegen bleibt der Anteil an nicht reduzierenden Zuckern während des Pflanzenwachstums konstant. Das Hauptkohlenhydrat des lebenden Gewebes der Gerste ist die Saccharose (**Lorenz und Kulp**, 1991).

2.3.1.3 Nicht-Stärke Polysaccharide/Ballaststoffe

Ballaststoffe sind essentielle Komponenten der menschlichen Ernährung. Eine hohe Aufnahme dieser Nicht-Stärke Polysaccharide wird mit einer Reihe positiver physiologischer und metabolischer Effekte in Verbindung gebracht. Allerdings liegt in den meisten Ländern die tägliche Aufnahme unterhalb der empfohlenen Zufuhrempfehlung. Getreideprodukte, vor allem Vollkornprodukte, zählen dabei zu den wichtigsten Aufnahmequellen. Gerste enthält relativ hohe Konzentrationen an Ballaststoffen, zu den wichtigsten zählen β -Glucan, Arabinoxylane (Pentosane) und Zellulose (**Dongowski et al.**, 2002).

β -Glucan

β -D-Glucan ist ein großes, lineares Nicht-Stärke Polysaccharid, das aus β -(1 $\rightarrow$ 3)/(1 $\rightarrow$ 4)-D-Glucose Einheiten aufgebaut ist und zu großen Anteilen in den Zellwänden des Endosperms lokalisiert ist (**Schmidt et al.**, 2009).

Die Wichtigkeit von β -Glucan in der menschlichen Ernährung spiegelt sich in vielen erwiesenen gesundheitsfördernden Produkten wider. Im Vergleich zu anderen Zerealien enthält Gerste beachtliche Mengen an β -Glucan. Nacktgerste ist hier von besonderem Interesse, weil es Verluste von gesundheitsfördernden Stoffen, verbunden mit der Entspelzung, verhindert.

Anfänglich zog β -Glucan negative Aufmerksamkeit auf sich. Es wurde als problematisch eingestuft, da es ein Sinken der Felderträge verursachte und es zu Filtrationsproblemen in der Brauerei, Wein- und Fruchtsaftindustrie kam, ebenso in der Hühnerfütterung, wo es zu auffallenden Gewichtsverlusten und hygienischen Problemen kam. Diese Problematik kann der hohen Viskosität von β -Glucan zugeordnet werden, verursacht durch das hohe Molekulargewicht und die hohe molekulare Asymmetrie (**Schmidt et al.**, 2009).

Auf der anderen Seite wurde die gesundheitsfördernde Wirkung durch β -Glucan reiche Diäten bereits durch zahlreiche Studien belegt, vor allem wegen der relativ hohen Konzentration, Löslichkeit und dem hohen molekularen Gewicht dieses Polysaccharids. Zu diesen positiven Effekten zählen unter anderem die Senkung der Cholesterin- und Lipoprotein-Konzentrationen ebenso, wie die Verringerung der postprandialen Blut-Glucose und der Insulinantwort (**Dongowski et al.**, 2002). Weiters erhöht β -Glucan die Viskosität der Verdauungsprodukte im Intestinaltrakt und verlangsamt dabei die Digestion und Absorption von Stärke, was sich als vorteilhaft und nutzbringend in Bezug auf Diabetes erwiesen hat (**Gaosong et al.**, 2000).

Aus Gerste hergestellte Lebensmittel werden schließlich aufgrund ihrer gesundheitsfördernden Wirkung immer mehr zum Thema. Um jedoch Lebensmittel aus Gerste zu erzeugen, bedarf es einer großen Anzahl an Techniken wie Vermahlung, Extraktion und Fraktionierung, Hitzebehandlungen, Extrusion, Fermentation, Kochen, Backen, Einfrieren und Lagerung, welche alle die Funktionalität von β -Glucan beeinflussen können (**Ames et al.**, 2008).

Knuckles et al. (1999) versuchte zu erforschen, in wie fern sich das Molekulargewicht von β -Glucan und die β -Glucanase-Aktivität nach verschiedenen Behandlungsmethoden verändert. Die untersuchten Sorten waren Nacktgersten, „Waxy“-Nacktgersten, umhüllte Gersten und Gerstenmalz, welches als Kontrollprobe diente. Die β -Glucanase-Aktivität des Gerstenmalzes war deutlich höher als die der verschiedenen Kultursorten. Die Herstellung von Malz verursacht möglicherweise den Verlust der Nicht-Glucanase-hältigen Feststoffe, befreit das Enzym von der Zellmatrix und erhöht dabei die Aktivität. Die Aktivität der β -Glucanase innerhalb der unterschiedlichen Sorten zeigte nur geringe Abweichungen. Die verschiedenen Gersten sowie die Kontrollprobe wurden anschließend unterschiedlichen Behandlungen ausgesetzt, wie Hitzebehandlung, Autoklavieren, Alkoholbehandlung und Gaben von Trichloressigsäure (TCA), HCl, NaOH und CaCl_2 .

Autoklavieren, HCl und TCA Behandlungen reduzierten die β -Glucanase-Aktivität in Gerstenmalz um mehr als 97 %. Innerhalb der Kultursorten war die Abnahme der β -Glucanase-Aktivität, abgesehen von kleinen Abweichungen, sehr ähnlich. Vor allem starke Säurebehandlung führte zur Aktivitätsabnahme und reduzierte Löslichkeit und Molekulargewicht der β -Glucane (Abb. 4). Hohe Temperaturen (140 °C) beeinflussten Extraktion und Molekulargewicht der β -Glucane negativ. Autoklavieren, Ethanol und CaCl_2 -Behandlungen reduzierten ebenfalls die Aktivität der β -Glucanase, was wiederum zu einem höheren Molekulargewicht führte (Knuckles et al., 1999).

Extraction and Molecular Weights of Barley Cultivar β -Glucans Under Varied Treatment and Extraction Conditions				
Cultivar and Treatment	Extraction ^a (%)		M_w^b ($\times 10^5$)	
	Water (23°C, 1 hr)	NaOH (pH 9, 100°C, 2.5 hr)	Water (23°C, 1 hr)	NaOH (pH 9, 100°C, 2.5 hr)
Azhul				
None	71.4 $\pm$ 5.3	83.9 $\pm$ 1.9	6.6 (0.6)	8.1
Autoclave, 120°C, 45 min	34.0 $\pm$ 1.9	80.8 $\pm$ 1.0	9.7 (8.6)	12.1
Calcium chloride, 0.05 M	36.0 $\pm$ 1.7	70.9 $\pm$ 4.7	7.8	11.4
Ethanol, 70%, 80°C, 4 hr	8.7 $\pm$ 1.3	76.8 $\pm$ 5.0	8.9 (8.8)	12.1
Hydrochloric acid, 0.1 N	1.5 $\pm$ 2.2	63.8 $\pm$ 2.0	ND ^c	5.4
Oven heat, 120°C, 45 min	63.5 $\pm$ 1.5	79.0 $\pm$ 1.7	4.7 (3.3)	11.8
Oven heat, 140°C, 45 min	64.4 $\pm$ 0.8	77.4 $\pm$ 5.2	3.6 (2.9)	9.7
Sodium hydroxide, pH 9.0	28.7 $\pm$ 2.0	83.1 $\pm$ 1.9	8.9	13.2
Trichloroacetic acid, 5%	50.6 $\pm$ 2.4	83.5 $\pm$ 1.9	ND	5.3
Baronesse				
None	45.7 $\pm$ 2.1	74.7 $\pm$ 2.1	3.0	10.1
Autoclave, 120°C, 45 min	29.1 $\pm$ 1.2	79.3 $\pm$ 1.0	4.0	8.4
Calcium chloride, 0.05 M	40.2 $\pm$ 1.6	74.8 $\pm$ 0.7	3.6	16.0
Ethanol, 70%, 80°C, 4 hr	13.2 $\pm$ 2.9	71.4 $\pm$ 1.4	7.0	12.9
Hydrochloric acid, 0.1 N	0.0 $\pm$ 3.0	58.1 $\pm$ 1.0	ND	6.5
Oven heat, 120°C, 45 min	30.0 $\pm$ 7.2	73.0 $\pm$ 0.8	3.6	14.8
Oven heat, 140°C, 45 min	22.1 $\pm$ 5.7	75.8 $\pm$ 1.3	3.3	9.0
Sodium hydroxide, pH 9.0	25.0 $\pm$ 0.6	74.3 $\pm$ 1.1	3.4	16.1
Trichloroacetic acid, 5%	53.3 $\pm$ 0.7	82.4 $\pm$ 0.7	ND	8.2
Westbred				
None	58.2 $\pm$ 1.4	86.2 $\pm$ 1.8	2.7	11.5
Autoclave, 120°C, 45 min	39.9 $\pm$ 2.8	82.0 $\pm$ 3.4	4.0	7.6
Calcium chloride, 0.05 M	48.1 $\pm$ 4.6	69.4 $\pm$ 5.0	4.3	12.7
Ethanol, 70%, 80°C, 4 hr	14.2 $\pm$ 4.2	75.2 $\pm$ 1.2	4.6	9.9
Hydrochloric acid, 0.1 N	16.4 $\pm$ 3.1	58.6 $\pm$ 0.5	ND	4.5
Oven heat, 120°C, 45 min	29.2 $\pm$ 3.8	67.3 $\pm$ 2.4	4.3	10.0
Oven heat, 140°C, 45 min	28.9 $\pm$ 8.1	68.2 $\pm$ 0.5	3.0	7.7
Sodium hydroxide, pH 9.0	40.9 $\pm$ 1.2	64.3 $\pm$ 1.7	4.5	18.7
Trichloroacetic acid, 5%	67.8 $\pm$ 1.0	86.3 $\pm$ 1.4	ND	5.4

Abb. 4: Extraktion und Molekulargewicht von β -Glucan diverser Gerstensorten nach verschiedenen Behandlungsmethoden.

^a Mittelwert von drei Standardabweichungen. Der Gehalt von β -Glucan war 8,9 % bei Azhul, 3,4 % bei Baronesse und 4,8 % bei Westbred.

^b Durchschnittsmolekulargewicht. Mittelwert von zwei Wiederholungen mit <8 % Unterschied zwischen den Wiederholungen.

^c Hier wurde kein β -Glucan und Calcofluor Komplex gefunden. (Quelle: Knuckles et al., 1999)

Zu ähnlichen Ergebnissen gelangten **Gaosong et al.** (2000) mit ihrer Studie. Sie untersuchten den Effekt des Extrusionskochens auf die Primärstruktur und die Wasserlöslichkeit von β -Glucan von „Waxy“-bzw. „Non-Waxy“-Gerste. Extrusionskochen ist eine häufig gebräuchliche Technologie in der Lebensmit-

telherstellung, vor allem in der Produktion ballaststoffreicher Produkte wie beispielsweise Frühstückszerealien. Für gewöhnlich inkludiert es jedoch eine hohe Reibung und hohe Temperaturen, was auch hier die Wasserlöslichkeit und Struktur des β -Glucans bei Raumtemperatur beeinflusst (**Gaosong et al.**, 2000).

Wie bereits erwähnt, kommt der Nacktgerste aufgrund ihres hohen Gehalts an β -Glucan eine sehr bedeutende Rolle zu. **Zheng et al.** (2000) haben hierzu eine Studie zur Verteilung von β -Glucan im Korn von Nacktgersten durchgeführt. Dabei wurden neun verschiedene Nacktgersten, entweder „Waxy“-Nacktgerste mit 0-7 % Amylose, Nacktgerste mit normalem (ca. 25 %) Amylosegehalt und Nacktgerste mit hohem (ca. 42 %) Amylosegehalt zur Untersuchung herangezogen.

Zheng et al. (2000) kamen zu dem Schluss, dass in Nacktgersten mit geringem β -Glucangehalt das β -Glucan vor allem in der Subaleuronschicht vorzufinden ist, bei Nacktgersten mit mittlerem bis hohem Anteil an β -Glucan findet sich dieses häufiger im Endosperm. Dieses Ergebnis könnte auch den Unterschied im Mahlverhalten zwischen Nacktgerste mit hohem und Nacktgerste mit niedrigem Gehalt an β -Glucan erklären. Verglichen mit β -Glucanreicher Nacktgerste enthält der Endosperm von β -Glucan armer Nacktgerste weniger β -Glucan und hat auch dünnere Zellwände, daher ist die Vermahlung leichter, was wiederum zu einer höheren Mehlausbeute führt (**Zheng et al.**, 2000).

Wie hoch der β -Glucananteil in Nacktgerste durchschnittlich ist, vergleichen **Schmidt et al.** (2009) in einer Studie mit Hilfe verschiedener NIR- (Nahinfrarotspektroskopie) Techniken. Nahinfrarotspektroskopie ist eine exakte, schnelle und ökonomische Methode, um Gehalte an β -Glucan in Nacktgerste zu bestimmen. Hierfür wurden vier verschiedene NIR-Instrumente verwendet, um 107 unterschiedliche Gerstenproben zu analysieren, sowohl für das ganze Korn, als auch in gemahlener Form.

Von Bedeutung bei dieser Untersuchung waren auch schwarze und violette Nacktgersten, die vor allem wegen ihrem hohen Anthocyananteil von großem ernährungswissenschaftlichen Interesse sind, und „Waxy“-Gersten, die außergewöhnlich hohe Mengen an β -Glucan zeigen. Es wird angenommen, dass Anthocyane eine wichtige Rolle bei der Immunantwort und Neutralisation von freien Radikalen spielen. All diese Proben konnten mit denselben Instrumenten analysiert werden wie normale Proben.

Die Analysen führten zu einem durchschnittlichen Gehalt an β -Glucan von 4,46 %, bezogen auf das Feuchtgewicht. Allgemein waren die Werte mit 3,33 % bis 7,41 % über einen relativ großen Bereich verteilt. Außerdem zeigten die getesteten „Waxy“-Nacktgersten höhere Mengen an β -Glucan im Vergleich zu normalen, schwarzen und violetten Sorten (**Schmidt et al.**, 2009).

2.3.2 Proteine

2.3.2.1 Verteilung, Gehalt und Klassifizierung der Proteine in Gerste

Der Proteingehalt der Gerste beträgt durchschnittlich 8-13 %, errechnet aus $N \times 5,83$, und wird erheblich von der Stickstoffdüngung beeinflusst.

Die Verteilung der Proteine in Gerste ist recht unterschiedlich, so zeigt der Keimling mit mehr als 30 % des Gesamtproteins den höchsten Gehalt und der Endosperm den Geringsten. Die Aleuronschicht der Gerste unterscheidet sich von anderen Getreidearten dadurch, dass in den meisten Getreidesorten die Aleuronschicht einwandig ist, bei der Gerste besteht sie allerdings aus mindestens zwei Schichten. Die Zellen der Aleuronschicht enthalten Körnchen, die von Proteinen beherrscht werden, und weisen deutlich höhere Gehalte an Proteinen auf als die Zellen des Endosperms.

Die Proteine der Gerste werden wie alle Getreideproteine vor allem nach ihrer Löslichkeit klassifiziert, Albumine, Globuline, Prolamine (Hordeine) und Gluteline (Hordenine) werden dabei unterschieden. Generell ist der Gehalt an Albuminen mit 3-5 % des Gesamtproteins relativ gering, hingegen kommt ein

beachtlicher Gehalt an Globulinen (10-20 % des Gesamtproteins) vor allem im Endosperm vor. Die Hauptkomponenten der Proteine sind aber Hordein und Glutelin, mit jeweils 35-45 % des Gesamtproteingehalts (**Lásztity**, 1986). Dieser Anteil ist mit jenem in Weizen vergleichbar. Hier beträgt der Gehalt an Prolaminen ca. 32 % und der Glutelingehalt macht in etwa 46 % aus (**Belitz**, 2008).

Ähnlich der Klassifizierung der Weizenproteine werden bei Gerste *Speicherproteine* und *Cytoplasmatische Proteine* unterschieden. Hordein und Glutelin zählen dabei zu den *Speicherproteinen*, Albumin und Globulin zu den *Cytoplasmatischen Proteinen* (Tab. 1). Studien zur Proteinsynthese ergaben, dass Hordein und Glutelin erst in einer späteren Phase der Kornreifung synthetisiert werden. Albumin hingegen wird bereits in einer frühen Stufe der Kornentwicklung synthetisiert, die Biosynthese der Globuline nimmt eine dazwischen liegende Position ein.

Tab. 1: Klassifizierung und Gehalte der Proteine in Gerste

	Klassifizierung der Proteine	Verteilung im Gesamtprotein [%]
Speicherproteine	Prolamin (Hordein)	35 – 45
	Glutelin (Hordenin)	35 – 45
Cytoplasmatische Proteine	Albumin	3 – 5
	Globulin	10 – 20

Auch im gesundheitlichen Aspekt unterscheiden sich diese beiden Proteingruppen. Während die Speicherproteine mit ihrem niedrigen molekularen Gewicht die schlechteste Qualität aufgrund ihres niedrigen Lysingehalts aufweisen, enthalten die Cytoplasmatischen Proteine deutlich mehr essentielle Aminosäuren als die Speicherproteine.

Der Anteil der verschiedenen Proteinfractionen ändert sich außerdem mit zunehmendem Gesamtproteingehalt der Gerstenkörner. Die Menge an Speicherproteinen, speziell die des Hordeins, steigt deutlich mit zunehmendem Gehalt an Gesamtproteinen an, andererseits sind bei den übrigen Proteinfractionen nur

geringe Anstiege zu verzeichnen. Der relative Anstieg des Hordeins hängt weiters von der Sorte ab. So ist in Gerstensorten die viel Lysin enthalten, der Anstieg an Hordein nicht proportional zu einem erhöhten Gehalt an Gesamtprotein (Làszity, 1986).

2.3.2.2 Aminosäuremuster

Das Aminosäuremuster der Gesamtproteine in Gerste ist mit dem anderer Getreidesorten vergleichbar, nämlich hohe Gehalte an Glutaminsäure und Prolin, relativ geringe Mengen an basischen Aminosäuren und ein beachtlicher Anteil an Cystin charakterisieren die Gerstenproteine (Abb. 5). Auch beim Aminosäuremuster zeigt sich eine deutliche Abhängigkeit zur Stickstoffdüngung und zum Gesamtproteingehalt. Mehrere Autoren haben darüber berichtet, dass ein Anstieg des Stickstoffgehalts, welcher durch eine erhöhte Stickstoffdüngung hervorgerufen wurde, zu einem Abfall des Lysingehalts führt. Dieser wiederum ist eine Folge der erhöhten Synthese von Hordein. Die Untersuchung der Ultrastruktur von Gerstensorten mit hohem Lysingehalt und auch der Verteilung der Proteine innerhalb verschiedener Fraktionen zeigte, dass ein erhöhter Gehalt an Lysin mit einem geringeren Gehalt an Hordein in Zusammenhang steht (Làszity, 1986).

AMINO ACID COMPOSITION OF THE BARLEY PROTEINS

Amino acid	g/16 g nitrogen			
	Normal barley ⁹	Normal barley ¹⁷	High lysine mutant KVL 468 ¹⁷	High lysine mutant 1508 ¹⁷
Lysine	3.5	3.50	3.76	5.35
Histidine	2.1	2.25	2.33	2.77
Arginine	4.4	4.82	5.13	7.05
Aspartic acid	6.1	5.28	5.56	8.29
Threonine	3.5	3.33	3.57	4.33
Serine	4.2	4.19	4.37	4.77
Glutamic acid	24.6	24.37	23.45	17.02
Proline	10.9	11.56	11.06	7.25
Glycine	4.2	3.79	4.02	5.63
Alanine	4.1	3.65	4.12	5.08
Cystine	2.5	2.12	2.20	2.07
Valine	5.4	5.27	5.05	5.77
Methionine	1.6	1.73	1.85	2.16
Isoleucine	3.8	3.68	3.53	3.57
Leucine	6.9	7.19	6.94	6.91
Tyrosine	2.5	3.47	3.59	3.70
Phenylalanine	5.1	5.27	5.28	4.38
Tryptophan	1.4	1.33	1.45	1.61

Abb. 5: Vergleich der Aminosäurezusammensetzung zweier Gersten ohne erhöhte Gehalte und zweier Gersten mit erhöhtem Lysinanteil. (Quelle: Lásztity, 1986)

Ernährungsphysiologisch ungünstig ist jedoch der allgemein niedrige Gehalt an essentiellen Aminosäuren, wie Lysin und Tryptophan. Diese Mängel sind primär auf das überhäufte Vorkommen der Speicherproteine, insbesondere der Prolamine zurück zu führen (Hansen et al., 2007).

Eine große Anzahl mutagener und genetisch technologischer Annäherungen wurden entwickelt, um das Aminosäuremuster bzw. den Aminosäuregehalt zu verbessern. Trotz des Erreichens signifikanter Anstiege des Lysingehalts wurde von Nachteilen wie einem reduzierten Ernteertrag oder geringeren Lebensdauer der Samen berichtet.

Eine viel versprechende Strategie, um den Proteinwert zu erhöhen, scheint es die relativen Anteile und Verhältnisse der Speicherproteine durch „Antisense- oder RNAi-Technologien“ zu verändern. Jüngere Studien berichten über die Schaffung neuer Linien mit geänderter Zusammensetzung der Speicherproteine durch Einbau eines „Antisense Gebildes“ von C-Hordein-Genen in das Genom der Gerste. Die entwickelten Linien hatten ein geändertes Aminosäuremuster

und Speicherproteinprofil. Generell war ein Absinken des Hordeingehalts mit einer Unterdrückung des C-Hordeins zu beobachten und einem Anstieg der B-Hordeine und Gluteline, begleitet von einem Sinken der Prolamine, Glutamine und des Phenylalanins (**Hansen et al.**, 2007).

2.3.2.3 Struktur der Speicherproteine

Hordein

Gerste gehört neben Mais, Weizen und Roggen zu den Getreidesorten, die für ihre Prolamine einen eigenen Namen besitzen, nämlich *Hordeine* (**Chiue et al.**, 1997).

Hordeine sind die Hauptfraktion der Proteine in Gerste und haben einen ausgezeichneten Einfluss auf die technologische und ernährungsbedingte Qualität der Gerste (**Lásztity**, 1986). Sie können in vier Gruppen unterteilt werden, nämlich B, C, D und γ -Hordeine, basierend auf deren elektrophoretischen Beweglichkeiten. Die B-Fraktionen machen mit 70 - 80 % den größten Anteil der Hordeine aus, gefolgt von den C-Hordeinen mit 10 - 12 %. Die D- und γ -Fraktionen spielen mengenmäßig eine eher untergeordnetere Rolle bei Hordeinen (**Qi et al.**, 2005).

Die Aminosäurenmuster der Hordeine werden in Abb. 6 wiedergegeben.

AMINO ACID COMPOSITION OF HORDEINS (MOL %)

Amino acid	ω -gliadin (<i>Triticum monococcum</i>)	Hordein (normal barley) ^b	Hordein (high lysine barley) ^b	Hordein C ^a
Lysine	0.13	0.5	1.0	0.0
Histidine	0.56	1.0	0.8	0.60
Arginine	1.08	2.0	2.1	0.84
Aspartic acid	1.18	1.6	3.4	0.83
Threonine	1.08	2.0	2.9	0.99
Serine	4.89	4.2	5.1	2.61
Glutamic acid	45.2	34.7	31.2	41.1
Proline	26.2	23.0	19.0	31.9
Glycine	0.89	2.5	5.4	0.41
Alanine	1.57	2.4	3.8	0.69
Cysteine	Trace	1.6	0.2	Trace
Valine	0.80	4.6	4.9	1.11
Methionine	0.13	0.9	1.0	0.22
Isoleucine	2.22	3.8	3.4	3.02
Leucine	4.70	6.9	7.8	4.31
Tyrosine	1.17	2.4	2.3	2.29
Phenylalanine	8.09	5.9	5.1	9.03

^a From Shewry et al.³⁹^b From Brandt.¹⁴

Abb. 6: Vergleich der Aminosäurezusammensetzung von ω -Gliadin, Hordein einer Gerste ohne erhöhte Gehalte, Hordein einer Gerste mit erhöhtem Lysinanteil und von C-Hordein. (Quelle: Lásztity, 1986)

Die Hordeinfraktion enthält außerdem eine Vielzahl unterschiedlicher Proteine. Durch Anwendung der „Stärke Gel Elektrophorese“, „SDS-PAGE“ (Sodium DodecylSulfate PolyAcrylamide Gel Electrophoresis) und „Isoelektrischen Fokussierung“ können die alkohollöslichen Fraktionen in 15 bis 20 individuelle Polypeptide aufgetrennt werden. Diese Polypeptide können dann nach aufsteigendem Molekulargewicht in die Fraktionen A, B und C klassifiziert werden. Die Anzahl und die Verteilung der elektrophoretischen Banden sind dabei charakteristisch für die Varietät der Gerste. Die Biosynthese der Hordeinfraktionen wird von zwei miteinander verknüpften Polypeptiden, „Hor 1“ und „Hor2“, kontrolliert.

Auch die N-terminalen Sequenzen der Hordeine wurden bereits von mehreren Autoren erforscht, unter anderem von **Shewry et al.** (1980). Diese unabhängig voneinander festgelegten Sequenzen zeigen, dass die meisten Hordeinfraktionen in Gerste identisch oder sehr ähnlich sind. Vergleiche des Aminosäuremusters des C-Hordeins und dem ω -Gliadin von Weizen zeigen ebenfalls große Ähnlichkeiten. Sie unterscheiden sich lediglich an vier Positionen ihrer N-terminalen Enden.

Charakteristisch für das Aminosäuremuster des Hordeins sind der geringe Anteil an Lysin und der hohe Gehalt an Glutaminsäure, Glutamin und Prolin. Die meisten Prolamine funktionieren offensichtlich nur als Speicherproteine und können erhöhte Mutationsraten tolerieren.

Veränderungen der Struktur und Mengen von Hordein hängen auch hier mit dem Ausmaß der Stickstoffdüngung und dem Anteil an Gesamtstickstoff zusammen. Ein erhöhter Prozentsatz an Stickstoffamiden in Gerstenkörnern steht in Beziehung zu einem erhöhten Gesamtstickstoffgehalt und geändertem Prozentsatz an Hordein im Gesamtprotein. Eine negative Korrelation wurde zwischen dem Lysin-Gehalt und dem Gehalt an Amiden gefunden.

Synthetisiertes Hordein wird in membrangebundenen Vesikeln abgelagert. Der Transport dieser Proteine in die Vesikel, zusätzlich zu den Proteinen die bestimmt sind interne Komponenten von Zellorganellen zu werden oder ein Teil der Zellmembran, hat Wissenschaftler vor ein beträchtliches physiochemisches Problem gestellt. Es stellt sich die Frage, wie Proteine, die mehrere Tausend Daltons groß sind, durch eine eukaryote Zelle bewegt werden können. Hinzu kommt, dass die eukaryote Zelle durch zahlreiche Membranen in Kompartimente unterteilt ist und dass deren semipermeablen Eigenschaften die Bewegungsfähigkeit von Ionen und Moleküle mit niedrigem molekularem Gewicht einschränken. Die primären Translationsprodukte vieler mRNAs sind größere Vorläuferpeptide als die endgültigen Polypeptide. Die zusätzliche Sequenz von 15 bis 25 Aminosäurerückständen an den N-terminalen Enden spielt eine bedeutende Rolle beim Transport durch die Membran. Die Vorsequenz wird dann durch das entstehende Polypeptid während der Synthese durch eine membrangebundene Peptidase gespalten. Die *in vitro* Synthese des Hordeins resultiert generell aus Polypeptiden, die ein um etwa 2 Kilodalton höheres Molekulargewicht haben als Polypeptide, die aus dem Endosperm der Gerste isoliert sind (Lásztity, 1986).

Glutelin

Die Gluteline der Gerste bestehen aus zwei Gruppen von Proteinen: Die erste Gruppe mit einem Aminosäuremuster ähnlich dem der Albumine und Globuline, die zweite mit einem Aminosäuremuster ähnlich dem der Hordeine. Eine Unterdrückung von Hordein-Komponenten in der Glutelinfraktion könnte das veränderte Proteinmuster und das geänderte Aminosäuremuster der Gluteline erklären.

Die Glutelin-Komponenten der Speicherproteine wurden noch nicht so exzessiv erforscht wie die der Hordeine (Lásztity, 1986).

2.3.2.4 Struktur der Cytoplasmatischen Proteine

Albumine und Globuline

Zu den Cytoplasmatischen Proteinen der Gerste zählen in erster Linie Albumine und Globuline, basierend auf ihrer Löslichkeit.

Der Gehalt an Gesamt salzlöslichen Proteinen variiert enorm zwischen 10 und 35 %. Dieser Prozentsatz beruht auf der Tatsache, dass der Gehalt an salzlöslichen Proteinen bei normalen Spezies zwischen 10,8 und 18 % liegt, und bei Proteinen mit einem hohen Anteil an Lysin zwischen 17,7 und 35 %.

In Sorten ohne erhöhte Gehalte weisen Albumine einen hohen Anteil an Lysin, Threonin, Methionin und Valin auf, aber kleinere Mengen an Phenylalanin, Glutaminsäure und Prolin. Arten mit hohem Lysingehalt haben auch höhere Gehalte an Lysin in den Albuminfraktionen im Vergleich zu normalen Spezies.

Globuline haben generell höhere Mengen an Lysin, Leucin und Phenylalanin als die Albumine, aber die Gehalte an Threonin, Methionin, Glutaminsäure und Prolin sind in den Globulinfraktionen geringer. Die Variabilität des Aminosäuremusters ist bei den Globulinen geringer als bei den Albuminen.

Sowohl Albumine als auch Globulinfraktionen sind heterogen und enthalten viele Polypeptidkomponenten. Die Zusammensetzung der Polypeptide scheint in den meisten Genotypen aber sehr ähnlich zu sein, Unterschiede liegen nur bei Subkomponenten vor.

Im Gesamtproteinanteil sind Albumine mit 8-12 % etwas mehr vertreten, als Globuline mit 2-7 %. Nur einige Lysin-reiche Sorten beinhalten höhere Mengen an Globulinen mit bis zu 18 % (**Làszity, 1986**).

Enzyme und Enzyminhibitoren

Im reifen Korn sind die Enzyme, die Polysaccharide (Amylasen, Gluconasen) und Proteine (Proteasen, Peptidasen) abbauen, die wichtigsten Komponenten. Die Aktivität der Lipase ist im Vergleich zu Hafer und Reis relativ gering, einige Oxidoreductasen haben auch praktische Bedeutung.

Während der Reifung und Mälzung werden eine Reihe anderer Enzyme synthetisiert, die eine wichtige Rolle im komplexen Prozess der Mälzung spielen. Vor allem Enzyme, die Kohlenhydrate (endo- β -Glucanase, exo- β -Glucanase, Exoxylanase, Arabinoxidase, α - und β -Amylase) und Proteine (Endopeptidase, Carboxypeptidase, Aminopeptidase, Peptidhydrolase) abbauen, werden gebildet.

Besonders der β -Amylase wird große Bedeutung zugeschrieben. Das Endosperm der Gerste enthält mindestens neun β -Amylasen (**Làszity, 1986**).

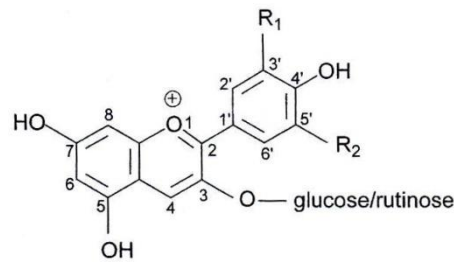
2.3.3 Phenolische Verbindungen

Die phenolischen Komponenten in Pflanzen und auch in Gerste können in Benzoessäure, Zimtsäure, Terpenoide und Flavonoide unterteilt werden. Gerste beinhaltet eine Vielzahl phenolischer Bestandteile, entweder in freier oder in kombinierter Form (**Lorenz und Kulp, 1991**).

Der am häufigsten vorkommende Vertreter ist dabei die Ferulasäure. Weiters enthalten die verschiedenen Klassen der phenolischen Bestandteile Proanthocyanidine, Anthocyanidine, Chinone, Flavone und Flavonole und Chalkone. Phenolische Verbindungen sind Antioxidantien, die sich als Fänger freier Radikale, potentieller Bildner von prooxidativen Metallen und als Fänger von Singulett-Sauerstoffverbindungen auszeichnen. Ihre chemische Struktur geht dabei auf eine Reihe von Hydroxylgruppen zurück. Aus diesem Grund fungieren Phenole entweder als Antioxidantien oder besitzen andere Mechanismen, die zur antikanzerogenen und kardioprotektiven Wirkung beitragen (**Kim et al., 2007**).

2.3.3.1 Anthocyane

Anthocyane sind eine Gruppe wasserlöslicher Flavonoide, die für die attraktive rote, violette und blaue Färbung der meisten Früchte, Gemüse und Getreidekörner verantwortlich sind. Sie sind Glycoside der Anthocyanidine, die Grundstruktur ist in Abb. 7 erkennbar (**Bellido et al., 2009**). Ihr antioxidatives Potential soll sogar größer sein als das der Vitamine C oder E und hängt mit der Anzahl an deren Struktur enthaltenen OH-Gruppen zusammen. Das Farbspektrum der Gerste reicht von gelb, über blau und violett, bis hin zu schwarz und ist auf die Anwesenheit von Melaninen und Anthocyanen zurückzuführen (**Kim et al., 2007**).



Pelargonidin-3-glucoside: $R_1=H$, $R_2=H$, **11**

Cyanidin-3-glucoside: $R_1=OH$, $R_2=H$, **6**

Delphinidin-3-glucoside: $R_1=OH$, $R_2=OH$, **1**

Peonidin-3-glucoside: $R_1=OCH_3$, $R_2=H$, **15**

Petunidin-3-glucoside: $R_1=OCH_3$, $R_2=OH$, **9**

Malvidin-3-rutinoside: $R_1=OCH_3$, $R_2=OCH_3$, **20**

Abb. 7: Grundstruktur geläufiger Anthocyane. An einen Flavonoid-Ring sind eine Zuckereinheit, entweder Glucose oder Rutinose, und die beiden Reste R_1 und R_2 , aus welchen die unterschiedlichen Anthocyane resultieren, angehängt. (Quelle: Abdel-Aal et al., 2006)

Aufgrund ihrer antioxidativen Wirkung und ihrer anti-inflammatorischen, anti-karzinogenen und hypoglykämischen Effekte haben Anthocyane große Bedeutung als gesundheitsfördernde Substanzen erlangt. Die tägliche Aufnahme ist saisonbedingt und schwankt zwischen 215 mg im Sommer und 180 mg im Winter.

Anthocyanpigmente sind in zahlreichen Schichten des Kornes verteilt und können in Anthocyanreiche Fraktionen getrennt und als funktionelle Farbstoffe bzw. Lebensmittelzutaten verwendet werden (Abdel-Aal et al., 2006).

Den Zusammenhang zwischen phenolischen Bestandteilen, Anthocyangehalt und der antioxidativen Aktivität gefärbter Gersten untersuchte Kim et al. (2007) in einer Studie. Dabei wurden 127 verschiedene blaue, violette und schwarze Gersten und Nacktgersten zur Untersuchung herangezogen.

Die Konzentration der phenolischen Verbindungen in den gefärbten Gersten schwankte zwischen 191,6 bis 403,8 $\mu\text{g/g}$, wobei der durchschnittliche Gehalt an Phenolen in Nacktgerste mit 268,6 $\mu\text{g/g}$ signifikant höher war als der in bespelzter Gerste mit nur 207,0 $\mu\text{g/g}$. Innerhalb der Farbgruppen waren bei den blauen und violetten Sorten (269,5 $\mu\text{g/g}$) höhere Gehalte zu verzeichnen als bei den schwarzen Sorten (209,1 $\mu\text{g/g}$). Bei umhüllter Gerste war außerdem der

Gehalt an phenolischen Bestandteilen jener Sorten mit Anthocyanidin signifikant höher als bei Sorten, die kein Anthocyanidin enthielten.

Die Anthocyankonzentration hatte eine enorme Schwankungsbreite zwischen 13,0 bis 1.037,8 µg/g. Wie beim Gesamtphenolgehalt war auch hier der durchschnittliche Anteil an Anthocyanen in blauen und violetten Gruppen signifikant höher (320,5 µg/g) als in der schwarzen Gruppe (49,0 µg/g). **Jende-Strid** (1978) berichtete, dass gelbe, blaue und schwarze Gerstensorten die Anthocyane Delphinidin und Cyanidin enthalten und die violetten Sorten Pelargonidin, während **Abdel-Aal et al.** (2006) nur zwei Anthocyane, nämlich Cyanidin-3-Glucosid und Petunidin-3-Glucosid in blauen Sorten fand. In der aktuellen Studie von **Kim et al.** (2007) wurden in blauen und schwarzen Sorten Delphinidin und Pelargonidin nachgewiesen, aber kein Petunidin. Das am häufigsten nachgewiesene Anthocyan in der violetten Gruppe war mit 214,8 µg/g das Cyanidin-3-Glucosid, gefolgt von Peonidin-3-Glucosid und Pelargonidin-3-Glucosid, während Delphinidin-3-Glucosid am häufigsten in blauen und schwarzen Gruppen gefunden wurde.

Die antioxidative Kapazität in Nacktgersten war höher als in den umhüllten Sorten. Allgemein kann behauptet werden, dass die antioxidative Aktivität vor allem mit der Konzentration der phenolischen Bestandteile zusammenhängt, die Radikalfängereigenschaft korreliert eng mit dem Gehalt an phenolischen Verbindungen und Proanthocyanidinen (**Kim et al.**, 2007).

Die deutlich höheren Gehalte an Phenolen und Anthocyanen und auch die höhere antioxidative Kapazität in Nacktgersten spiegelt das hohe gesundheitsfördernde Potential dieser Gerstenvarianten wider.

Der Anthocyanengehalt in einer Untersuchung von **Bellido et al.** (2009) war bei violetter Gerste 573 µg/g und bei normaler gelber Gerste 210 µg/g. Eine Entfernung von 10 % der äußeren Schichten des Korns war eine erfolgreiche Strategie um Anthocyane so weit zu konzentrieren, dass der Anthocyananteil signifikant gesteigert werden konnte. In violetten Sorten betrug er nun 3.534 und in normalen Sorten 1.587 µg/g.

Das am häufigsten enthaltene Anthocyan in den violetten Fraktionen war, wie in der Studie von **Kim et al.** (2007), Cyanidin-3-Glucosid mit 99 µg/g, gefolgt von Delphinidin-3-Glucosid mit 93 µg/g. Petunidin-3-Glucosid und neun weitere nicht identifizierte Anthocyane wurden außerdem gefunden. Nach Entfernung von 10 % der äußeren Schichten wurden weitere drei unbekannte Anthocyane und Cyanidin-Chlorid entdeckt. Umgekehrt fiel das Anthocyanmuster bei den gelben Sorten etwas einfacher aus. Insgesamt konnten fünf verschiedene Anthocyane identifiziert werden, Delphinidin-3-Glucosid davon mit der höchsten Konzentration, nach Entfernung von 10 % der Schale waren es neun Anthocyane (**Bellido et al.**, 2009).

2.3.4 Fett

Der Fettanteil in Gerste schwank zwischen 2 und 3 % und ist im Vergleich zu Mais oder Hafer relativ gering. 77,9 % der Gerstenfette sind Triglyceride, zu ihnen zählen die Palmitinsäure und die ungesättigten Fettsäuren Ölsäure, Linolsäure und Linolensäure. Das Gerstenkorn enthält zudem noch Diglyceride, freie Sterole, freie Fettsäuren, Sterolester und Hydrocarbonate. Der Großteil der Fette befindet sich im Endosperm (77 %), 18 % sind im Keimling enthalten und 5 % in der Hülse. Der Fettanteil in normaler Gerste beträgt 1,9-2,4 %, in Nacktgerste 2,7-3,9 %, in Gerste mit hohem Gehalt an Kohlenhydraten 4,4-7,3 % und in Gerste mit hohem Gehalt an Lysin macht der Fettanteil 2,9-5,8 % aus (**Lorenz und Kulp**, 1991).

2.3.5 Mineralstoffe

Der durchschnittliche Gehalt an Asche beträgt bei Gerste 2-3 %. Dieser ist vor allem von einigen Faktoren abhängig, zu welchen die Wachstumsperiode, Bodenzone, Bodentyp und die Bodenfruchtbarkeit zählen. Das Vorkommen der Minerale verteilt sich auf das Korn, die Spindel (5-14 %) und die Ährchen, die mit 17-38 % den größten Anteil ausmachen (**Lorenz und Kulp**, 1991).

2.3.6 Vitamine

Gerste ist eine ausgezeichnete Quelle für Vitamine des B-Komplexes, zu welchem Thiamin (B1), Pyridoxin (B6) und Riboflavin (B2) zählen. Weiters sind in recht hohen Konzentration Panthotensäure und Niacin vertreten. Geringe Mengen an Vitamin E, Biotin und Folsäure sind im Keimling zu finden, aber keine Carotinoide oder die Vitamine A, D und B12 sind im ungereiften Korn vorzufinden (**Lorenz und Kulp, 1991**).

2.4 Verwendung von Gerste

2.4.1 Futtergerste und Braugerste

Die Verwendung von Gerste ist sehr vielseitig. Der Hauptnutzen der Gerste besteht als Futtermittel. Sie wird vorwiegend als eiweißreiches Mastfutter für Geflügel und Schweine genutzt. Zwei- und sechszeilige Wintergersten werden fast ausschließlich als Futtermittel für Nutztiere verwendet, auch das Stroh kann direkt oder als Gärfutter (Silage) verfüttert werden.

Ein weiterer Nutzen besteht in der Bierherstellung aus Gerstenkörnern, hierfür wird meist die zweizeilige Sommergerste herangezogen, da sie relativ wenig Eiweiß (ca. 9 %), und viele Kohlenhydrate (>65 %) enthält. Außer Bier werden auch Branntwein, Whiskey und Malzkaffee aus Gerste hergestellt (**Becker und John, 2000**). Etwa 10 % der weltweiten Ernte an Gerste wird für die Bierherstellung verwendet, wobei 1 Tonne Gerste ungefähr 750 kg Malz und in weiterer Folge 40 Hektoliter Bier ergibt (**Lieberei und Reisdorff, 2007**).

2.4.2 Speisegerste

Als Nahrungsmittel hat Gerste, verglichen mit Weizen, bisher noch geringere Anwendung gefunden, aufgrund schlechterer Backqualität, Mahleigenschaften und schlechterer Verträglichkeit. Aus ernährungswissenschaftlicher Sicht weist Gerste aber gleiche oder sogar bessere Eigenschaften auf als Weizen. Zu den aus Gerste hergestellten Produkten zählen z.B. Graupen, Gries, Grütze, die zu Suppen und Breien weiterverarbeitet werden können, Gersteflocken, Süßigkeiten und Sirupe, und in einem bisher noch sehr geringem Ausmaß Brot (**Lorenz und Kulp**, 1991).

Ein möglicher Grund in der geringen Anwendung von Gerste zur Herstellung von Lebensmitteln könnte in der Verfärbung der Lebensmittel durch das Gerstenmehl liegen. Dunkle Verfärbung beeinflusst die ästhetischen Eigenschaften von Gersteprodukten negativ, was eine geringere Akzeptanz bei den Konsumenten zur Folge hat (**Quinde-Axtell et al.**, 2006). Sie kann durch nicht-enzymatische oder enzymatische Vorgänge hervorgerufen werden. Nicht-enzymatische Bräunung resultiert aus der Polymerisation endogener phenolischer Bestandteile und aus der Maillard-Reaktion. Enzymatische Bräunung hingegen beruht hauptsächlich auf der Anwesenheit der Polyphenoloxidase. Oxidationen von phenolischen Bestandteilen zu o-Chinonen, die wiederum mit anderen phenolischen Verbindungen und Aminosäuren reagieren können, produzieren diese unerwünschte Verfärbung (**Quinde et al.**, 2004). Die Substrate der Polyphenoloxidase sind Sauerstoff und Phenole. Die phenolischen Bestandteile der Gerste, zu denen auch die Proanthocyanidine zählen, sind hauptsächlich in den äußersten Schichten der Körner lokalisiert. Abrasion könnte daher die Außenschichten des Korns entfernen und dabei den Polyphenolgehalt des Kerns reduzieren, die Polyphenoloxidase-katalysierte Verfärbung kann durch Hitzeinaktivierung der Enzyme verhindert werden. Zusätzlich kann der Ausschluss von Sauerstoff, der für die Aktivität der Polyphenoloxidase benötigt wird, die enzymatische Bräunung hemmen.

Mit einer Verlangsamung dieser Verfärbung haben sich **Quinde-Axtell et al.** (2006) in einer Studie befasst. Sie haben die Effekte der Hitzebehandlung und Abnutzung der Körner, den Ausschluss von Sauerstoff und die Verwendung von Anti-Bräunungsmitteln zur Verzögerung der Verfärbung von Mehl und Teig in vier verschiedenen Typen von Gerste ermittelt. Zu diesen zählten Gersten, die Proanthocyanidin enthalten, Gersten ohne Proanthocyanidin, Nacktgerste und „Waxy“-Nacktgerste.

Abrasion führte in allen untersuchten Genotypen zu einer signifikanten Abnahme von Protein, Aschegehalt, Polyphenolen und der Polyphenoloxidase-Aktivität. Zusätzlich wurden geringere Gehalte an Kupfer und Eisen beobachtet. Auch Hitzebehandlung reduzierte effektiv die Aktivität der Polyphenoloxidase in enthüllten Kernen. Hitzebehandlung wie Dämpfen kann allerdings auch nachteilige Auswirkungen auf die funktionellen Eigenschaften von Gerstenmehl haben. Chemische Reagenzien wie Ascorbinsäure oder 4-Hexylresorcinol verzögern die Verfärbung ebenso, wie die Ausgrenzung von Sauerstoff und niedrige Temperaturen (**Quinde-Axtell et al.**, 2006). Diese Ergebnisse bestätigen, was **Quinde et al.** (2004) zwei Jahre zuvor in einer Studie herausfanden, nämlich dass ein enger Zusammenhang zwischen dem Vorhandensein und dem Gehalt an Polyphenolkomponenten und dem Grad der Verfärbung in Gerstenprodukten besteht.

Eine weitere Studie beschäftigte sich mit der Qualität verschiedener Mehle von „Waxy“-und „Nicht-Waxy“-Gersten zur Produktion von Gersteprodukten. Dabei wurden eine „Nicht-Waxy“-Gerste (mit Hülle) und zwei „Waxy“-Nacktgersten zu Bruchmehl, Reduktionsmehl und zu Kleie mit Hilfe einer Walzmühle unter optimierten Bedingungen, vermahlen. Die Mehlausbeute war 55,3-61,8 % für das ganze Korn und nahm um 9-11 % durch Abrasion vor dem Vermahlen zu.

Bruchmehle enthielten dabei den höchsten Gehalt an Stärke, unabhängig vom Gerstentyp und Abrasion. Reduktionsmehle enthielten weniger Stärke, dafür aber mehr Protein, Asche, freie Fette und β -Glucan. Die Kleiefraction hatte den höchsten Anteil an Asche, freien Fetten, Proteinen und β -Glucan, aber die

niedrigsten Mengen an Stärke. Bruchmehl beinhaltete etwa 82 - 91 % Partikel mit einer Größe $<106\ \mu\text{m}$, Reduktionsmehl ungefähr 80 %. Abrasion führte zu einem signifikanten Anstieg der Partikel mit einer Größe $<38\ \mu\text{m}$ in Bruch- und Reduktionsmehl, in beiden Typen von Gerste.

Bei den aus den Mehlen erzeugten Produkten hatten Kekse aus „Nicht-Waxy“-Gerste einen größeren Durchmesser als Kekse aus „Waxy“-Gerste, Kekse, hergestellt aus Bruchmehl, waren ebenfalls größer als Kekse, die aus Reduktionsmehl erzeugt wurden, unabhängig von der Gerstensorte.

Weizenbrot mit 20 % „Nicht-Waxy“-Gerstenmehlanteil hatte ein ähnliches Volumen, verglichen mit 100 % Weizenbrot, hingegen hatte Weizenbrot mit 20 % „Waxy“-Gerstenmehl ein geringeres Volumen. Austausch von 20 % Weizenmehl gegen „Waxy“- oder „Nicht-Waxy“-Gerstenmehl oder Kleie, veränderte das Volumen des gebackenen Brotes nicht signifikant, aber verringerte die Härte der Brotkrume (**Klamczynski et al.**, 1999).

Die Herstellung von Gerstengraupen ist ein Abschleifprozess, der stufenweise die Samenschale, Aleuron- und Subaleuronschicht entfernt, um ein poliertes, geschliffenes Korn zu erhalten. Dabei fallen in etwa 30-40 % an Nebenprodukten an, die hauptsächlich zur Tierfütterung verwendet werden. Diese Nebenprodukte enthalten jedoch interessante Gehalte an bioaktiven Komponenten wie β -Glucan, Tocopherole und Tocotrienole. **Marconi et al.** (2000) machten es sich daher zum Ziel die Miteinbeziehung solcher Graupennebenprodukte zur menschlichen Ernährung abzuschätzen. Der Ballaststoff- und β -Glucangehalt in den Nebenprodukten und in den Graupen zweier Gerstenbestände wurde während der fünf Schritte der Graupenherstellung gemessen.

Die Ergebnisse zeigten, dass die Mehlfractionen, die im vierten und fünften Schritt abgeschliffen wurden, hohe Gehalte an β -Glucan (3,9-5,1 %) hatten. Diese Fraktionen wurden danach durch eine Mahl-Sieb Technologie zusätzlich mit β -Glucan angereichert (9,1-10,5 %). „Functional Pasta“, die reich an β -Glucan und Ballaststoffen war, wurde anschließend durch Austausch von 50 % Hartweizen gegen β -Glucan angereichertes Mehl hergestellt. Trotz der dunkleren Farbe gegenüber normaler Weizenpasta zeigte diese Pasta ein gutes

Kochverhalten in Hinsicht auf Klebrigkeit, Volumen und Festigkeit. Die Gehalte an β -Glucan und Ballaststoffen waren mit 4,3-5,0 % bzw. 13,1-16,1 % in der Gerstenpasta deutlich höher als die in der Kontrollpasta.

Diese Resultate machen deutlich, dass Gerstenebenprodukte hohe Gehalte an β -Glucan und Ballaststoffen zeigen und daher als mögliche Zutaten zur Erzeugung funktioneller Lebensmittel aus Gerste genutzt werden können (**Marconi et al.**, 2000).

3 Aufgabenstellung

Ziel dieser Arbeit war es, gefärbte Nacktgerste-Genotypen hinsichtlich ihrer Backeigenschaften zu charakterisieren. Dafür sollten die verschiedenen Nacktgerste-Genotypen und insbesondere die daraus gewonnenen Mahlfractionen hinsichtlich ihrer Teig bildenden Inhaltsstoffe sowohl qualitativ, als auch quantitativ untersucht werden.

Zu diesem Zweck sollten im Anschluss an eine EDV-unterstützte Literaturstudie bezüglich der Protein- und Stärkezusammensetzung von Gerste bzw. Nacktgerste folgende Arbeiten durchgeführt werden:

- Beurteilung der rheologischen und teigbildenden Eigenschaften der verschiedenen Mahlfractionen, durch Erstellung von Farinogrammen, im Makromaßstab mit dem Brabender-Farinographen.
- Untersuchung der Mahlfractionen gefärbter Nacktgerste-Genotypen im Hinblick auf ihre Backeigenschaften durch Analysemethoden im Mikromaßstab.
- Weiterführende analytische Methoden zur Beurteilung der Inhaltsstoffe der gefärbten Nacktgerste-Mahlfractionen.

4 Material und Methoden

4.1 Material

4.1.1 Pflanzenmaterial

In dieser Arbeit wurden 45 verschiedene Mehlfraktionen von 18 unterschiedlichen Nacktgerstengenotypen zur Untersuchung herangezogen. Die Eigenschaften dieser Nacktgerstenmehle, wie Genbankcodierung, Fraktion, Ursprungsland, Erntejahr, Kornfarbe und mit welcher Mühle die Vermahlung erfolgte, werden in Tab. 2 beschrieben.

Die Vermahlung der verschiedenen Nacktgerste-Genotypen erfolgte an der HTL für Lebensmitteltechnologie und Getreidewirtschaft in Wels, sowohl mit der Versuchs-Mühle, als auch mit dem Bühler-Mahlautomaten MLU 202.

Tab. 2: Beschreibung der untersuchten Nacktgersten-Mehle

Genotyp	Vermahlung mit	Fraktion	Ursprungsland	Erntejahr	Kornfarbe
BVAL350010_HORA	Versuchs-Mühle HTL LMT	Hell	DE	2009	<i>blx</i>
	Versuchs-Mühle HTL LMT	Mittel	DE	2009	<i>blx</i>
	Versuchs-Mühle HTL LMT	Dunkel	DE	2009	<i>blx</i>
	Bühler MLU 202	B1-C3	DE	2009	<i>blx</i>
	Bühler MLU 202	B1-C3	DE	2008	<i>blx</i>
BVAL350017_TAIGA	Bühler MLU 202	B1-C3	DE	2008	<i>blx</i>
BVAL358117	Bühler MLU 202	B1-C3	ET	2008	<i>Blp</i>
BVAL358163	Versuchs-Mühle HTL LMT	Hell	ET	2009	<i>Blp</i>
	Versuchs-Mühle HTL LMT	Mittel	ET	2009	<i>Blp</i>
	Versuchs-Mühle HTL LMT	Dunkel	ET	2009	<i>Blp</i>
	Bühler MLU 202	B1-C3	ET	2009	<i>Blp</i>
	Bühler MLU 202	B1-C3	ET	2008	<i>Blp</i>
C651	Bühler MLU 202	B1-C3	CN	2009	<i>Blx</i>
C661	Versuchs-Mühle HTL LMT	Hell	CN	2009	<i>Blp</i>
	Versuchs-Mühle HTL LMT	Mittel	CN	2009	<i>Blp</i>
	Versuchs-Mühle HTL LMT	Dunkel	CN	2009	<i>Blp</i>
	Bühler MLU 202	B1-C3	CN	2009	<i>Blp</i>
DIGERSANO	Bühler MLU 202	B1-C3	IT	2008	<i>blx</i>
E360	Bühler MLU 202	B1-C3	ET	2009	<i>Blp</i>
E360	Bühler MLU 202	B1-C3	ET	2008	<i>Blp</i>
E550	Versuchs-Mühle HTL LMT	Hell	ET	2009	<i>Blx</i>
	Versuchs-Mühle HTL LMT	Mittel	ET	2009	<i>Blx</i>
	Versuchs-Mühle HTL LMT	Dunkel	ET	2009	<i>Blx</i>
	Bühler MLU 202	B1-C3	ET	2009	<i>Blx</i>
E632	Bühler MLU 202	B1-C3	ET	2008	<i>Blx</i>
HB803 (waxy)	Bühler MLU 202	B1-C3	CA	2009	<i>blx</i>
HOR2593	Bühler MLU 202	B1-C3	CA	2009	<i>Pre</i>
HOR4024	Bühler MLU 202	B1-C3	CA	2009	<i>Pre</i>
ICARDA	Versuchs-Mühle HTL LMT	Hell	SY	2009	<i>Blp</i>
	Versuchs-Mühle HTL LMT	Mittel	SY	2009	<i>Blp</i>
	Versuchs-Mühle HTL LMT	Dunkel	SY	2009	<i>Blp</i>
	Bühler MLU 202	B1-C3	SY	2009	<i>Blp</i>
	Bühler MLU 202	B1-C3	SY	2008	<i>Blp</i>
LAWINA	Versuchs-Mühle HTL LMT	Hell	DE	2009	<i>blx</i>
	Versuchs-Mühle HTL LMT	Mittel	DE	2009	<i>blx</i>
	Versuchs-Mühle HTL LMT	Dunkel	DE	2009	<i>blx</i>
	Bühler MLU 202	B1-C3	DE	2009	<i>blx</i>
	Bühler MLU 202	B1-C3	DE	2008	<i>blx</i>
N023	Bühler MLU 202	B1-C3	NP	2009	<i>Blx</i>
N308	Versuchs-Mühle HTL LMT	Hell	NP	2009	<i>Blx</i>
	Versuchs-Mühle HTL LMT	Mittel	NP	2009	<i>Blx</i>
	Versuchs-Mühle HTL LMT	Dunkel	NP	2009	<i>Blx</i>
	Bühler MLU 202	B1-C3	NP	2009	<i>Blx</i>
	Bühler MLU 202	B1-C3	NP	2008	<i>Blx</i>
WASHONUBET (waxy)	Bühler MLU 202	B1-C3	US	2008	<i>blx</i>

¹Ländercodes: CA, Canada; CN, China; DE, Deutschland; ET, Äthiopien; IT, Italien; NP, Nepal; SY, Syrien; US, Vereinigte Staaten von Amerika

² Farbcodes: *Blp*, black pericarp; *Blx*, blue aleuron; *blx*, weiß/gelb, *Pre*, purple pericarp

4.1.1.1 Vermahlung mit der Versuchs-Mühle der HTL LMT

Mit der Versuchs-Mühle der HTL für Lebensmitteltechnologie und Getreidewirtschaft (HTL LMT) wurden sieben unterschiedliche Genotypen von Nacktgersten vermahlen. Die Fraktionen, die aus dieser Vermahlung resultierten, waren helle (H), mittlere (M) und dunkle (D) Fraktionen, sowie feine und grobe Kleiefraktionen und Futtermehl (FM).

Jede dieser Fraktionen wurde wiederum in drei Fraktionen unterteilt. Die erste Fraktion (H1, M1, D1, Kleie grob1, Kleie fein1 und FM1) beinhaltete noch geringe Mehlmengen aus der Vermahlung der vorhergehenden Sorte, die zweite Fraktion (H2, M2, D2, Kleie grob2, Kleie fein2 und FM2) enthielt keine Verunreinigungen durch vorhergehende Vermahlungen, die dritte Fraktion (H3, M3, D3, Kleie grob3, Kleie fein3 und FM3) wurde gewonnen, während die Mühle am Auslaufen war und sich somit die Zusammensetzung der Fraktionen veränderte. Außerdem verblieb sie bis zur nächsten Vermahlung, enthielt also auch Mehl einer anderen Sorte.

Zur Untersuchung in dieser Arbeit wurden daher nur die hellen, mittleren und dunklen Fraktionen der jeweils zweiten Fraktion (H2, M2, D2), also 21 Mehlfractionen, zur Analyse der Inhaltsstoffe und der rheologischen und teigbildenden Eigenschaften verwendet.

4.1.1.2 Vermahlung mit dem Bühler-Mahlautomaten MLU 202

Die Fraktionen, die mit dem Bühler-Mahlautomaten MLU 202 erhalten wurden, waren die Fraktionen B1 - B3 und C1 - C3, sowie eine Fraktion für Kleie und eine für Futtermehl. Bei den Fraktionen B1 - B3 handelte es sich um Schrotpassagen, bei den Fraktionen C1 - C3 um Mahlpassagen, mit jeweils unterschiedlicher Partikelgröße.

Die zur Untersuchung verwendete Fraktion einer jeden Sorte war hierbei eine Mischung aus den Fraktionen B1 - B3 und C1 - C3.

4.1.2 Versuchs-Apparaturen

Die in Tab. 3 aufgelisteten Geräte wurden für die 39 Nacktgerstenmehle zur Versuchsdurchführung verwendet.

Tab. 3: Verwendete Geräte mit Typenbezeichnung und Hersteller

Gerät	Typenbezeichnung	Hersteller
Agilent Bioanalyzer	2100	Agilent Technologies Waldbronn, Deutschland
Digestion System	K-437	BÜCHI Labortechnik AG Flawil, Schweiz
Farinograph	810104	BRABENDER GmbH & Co. KG, 47055 Duisburg, Deutschland
Glutomatic	2200	Perten Instruments AB SE-141 05, Kungens Kurva, Schweden
KjelFlex	K-360	BÜCHI Labortechnik AG Flawil, Schweiz
Laborsichter	Promylograph Typ S1	Apparatebau Max Egger A-8812, St. Blasien
Laborwaagen	Sartorius BP 210 S	Sartorius AG Göttingen, Germany
	Sartorius BP 3100 S	Sartorius AG Göttingen, Germany
LECO Nitrogen/Protein Detector	FP-528	LECO Corporation St. Joseph, MI, USA
Micro-Z-Arm mixer	Version # 2.0	METEFEM, Budapest, Ungarn
Micro Zeleny Apparat	SediCom tester	METEFEM, Szövetkezet, Ungarn
Muffelofen	CARBOLITE Typ ELF 11/68	Parsons Lane, Hope Hope Valley S33 6RB, England
Scrubber	B-414	BÜCHI Labortechnik AG Flawil, Schweiz
Trockenschrank	Typ BR 6000	Heraeus, Hanau, Deutschland

4.2 Methoden

Im folgenden Kapitel werden die in dieser Arbeit verwendeten analytischen Methoden sowie die Methoden zur Analyse der rheologischen und teigbildenden Mehleigenschaften beschrieben.

4.2.1 Analytische Methoden zur Beurteilung der Inhaltsstoffe

4.2.1.1 Bestimmung des Feuchtigkeitsgehaltes

Prinzip

Nach ICC Standard 110/1 ist der Feuchtigkeitsgehalt der Gewichtsverlust, ausgedrückt in Prozent, des ursprünglichen Gewichtes der Probe, nach Erhitzung bei einer bestimmten Temperatur und Zeit unter kontrollierten Bedingungen. Diese Methode ist sowohl für ganze Körner als auch für Mehle anwendbar, speziell für Weizen, Reis und Mais, aber auch für Mehle von Gerste, Roggen und Hafer (ICC, 2006).

Durchführung

Glastiegelchen mit passendem Deckel mit einem Durchmesser von ungefähr 55 mm und einer Höhe von weniger als 40 mm wurden über Nacht bei 105 °C getrocknet, im Exsikkator auf Raumtemperatur abgekühlt und anschließend das Leergewicht ($\pm 0,1$ mg) der Schalen auf der Analysenwaage bestimmt und notiert. Die Glastiegel dürfen dabei nur unter Verwendung einer Tiegelzange angegriffen werden, da die Fettschicht an den Fingern das Gewicht negativ beeinflussen würde. Danach wurde in jeden Glastiegel etwa 3 g genau der gemahlten Gerstenprobe zugewogen und das Gewicht der Tiegel mitsamt der feuchten Probe notiert. Für die Feuchtigkeitsbestimmung wurde von jeder Probe eine

Doppelbestimmung durchgeführt und anschließend der Mittelwert der beiden Proben zur weiteren Analyse errechnet. Die Trocknung der Proben erfolgte 1 h lang bei 135 °C im Trockenschrank. Nach der Trocknung wurden die Proben im Exsikkator auf Raumtemperatur abgekühlt und anschließend das Gewicht der Tiegel mit der getrockneten Probe auf ± 1 mg bestimmt. Das Gewicht der getrockneten Probe wurde aus der Differenz des Gewichtes der Glastiegel mit der Probe nach der Trocknung und des Gewichtes der getrockneten Glastiegel ohne Probe ermittelt und der Feuchtigkeitsgehalt in Prozent nach Gl. 1 berechnet.

Auswertung

$$\text{Feuchtigkeit [mas\%]} = \frac{(m_2 - m_3)}{(m_2 - m_1)} \times 100 \quad (\text{Gl. 1})$$

m_1	Leergewicht des Glastiegels
m_2	Gewicht des Glastiegels mit der feuchten Probe
m_3	Gewicht des Glastiegels mit der trockenen Probe

4.2.1.2 Bestimmung des Aschegehaltes

Prinzip

Asche ist definiert als der Anteil an Mineralstoffen, der nach Veraschung im Muffelofen, als unverbrennbarer Rückstand einer getesteten Substanz (Getreide- bzw. Mehlprobe) zurückbleibt (**ICC**, 2006). Da der Aschegehalt in der Kleie eines Getreidekorns rund 30-mal höher ist als der im Endosperm, kann bereits ein geringer Anteil an Kleie im Mehl den Aschegehalt deutlich beeinflussen (**AACC International**, 2000). Außerdem sind Mehle mit höherem Aschegehalt dunkler gefärbt aufgrund der unterschiedlichen Verteilung der (farbgebenden) Mineralstoffe im Korn. Dunklere Mehle weisen eine schlechtere Backfähigkeit

auf, da sie verhältnismäßig weniger Klebereiweiß enthalten, als vergleichsweise hellere Mehle (**Erling**, 2008).

Durchführung

Die für diese Methode verwendeten Porzellantiegel wurden nach der AACC Methode 08 - 01 (**AACC International**, 2000) über Nacht im Muffelofen bei 550 °C vorgeglüht, im Exsikkator auf Raumtemperatur abgekühlt und anschließend das Leergewicht ($\pm 0,1$ mg) der Porzellantiegel auf der Analysenwaage bestimmt und notiert (m_1). Die Porzellantiegel dürfen dabei nur unter Verwendung einer Tiegelzange benutzt werden. Von der Mehlsprobe wurden dann ca. 2 g genau in die Porzellantiegelchen eingewogen und das Gewicht der Tiegel samt der Probe bestimmt und notiert (m_2). Die Proben wurden danach über dem Bunsenbrenner verascht, die Veraschung der Mehlsproben erfolgte schließlich im Muffelofen bei 550 °C für 6 Stunden. Nach Abkühlung der Proben im Exsikkator auf Raumtemperatur wurden die Porzellantiegel mit der veraschten Probe erneut auf der Analysenwaage abgewogen (m_3) und deren Gewicht notiert. Der Aschegehalt, angegeben in Prozent, wurde daraufhin nach der Formel in Gl. 2 bestimmt.

Auswertung

$$\text{Asche [mas\%]} = \frac{(m_2 - m_3)}{(m_2 - m_1)} \times 100 \quad (\text{Gl. 2})$$

m_1	Leergewicht des Porzellantiegels
m_2	Gewicht des Porzellantiegels mit der feuchten Probe
m_3	Gewicht des Porzellantiegels mit der veraschten Probe

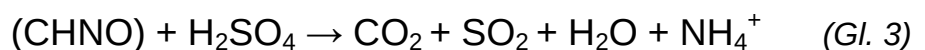
4.2.1.3 Proteinbestimmung nach Kjeldahl

Prinzip

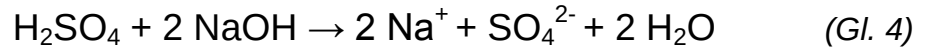
Die Kjeldahl Stickstoffbestimmung ist seit über 130 Jahren die Standardmethode zur Ermittlung des Gehaltes an Rohprotein. Sie wurde 1883 von Johan Kjeldahl als eine Möglichkeit Stickstoff in Gerste und Hefe zu bestimmen eingeführt (**Egli**, 2008). Diese Standardmethode beruht auf einer nasschemischen Verfahrensweise und ist äußerst aufwendig in Bezug auf Zeit, Fachpersonal, Apparaturen und Reagenzien (**Erling**, 2008).

Die Stickstoffbestimmung nach Kjeldahl beinhaltet drei Hauptschritte:

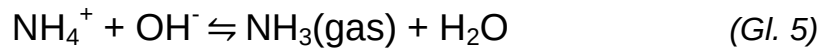
1. *Aufschluss*: Während des Aufschlusses wird der organisch gebundene Stickstoff in Ammoniumionen umgewandelt. Organischer Kohlenstoff und Wasserstoff formen Kohlendioxid und Wasser, die organischen Materialien verkohlen, was als Umwandlung der Proben in dunklen Schaum zu erkennen ist. Während des Aufschlusses zerfällt der Schaum allmählich und eine klare Flüssigkeit zeigt schließlich das Ende dieses Schrittes an. Die generalisierte nicht-stöchiometrische Gleichung des Aufschlussschrittes (Gl. 3) zeigt wie Stickstoff mit CHNO in gelöste Ammoniumionen überführt wird.



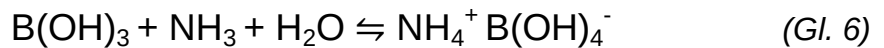
2. *Destillation*: Nach dem Aufschluss werden die Kjeldahlkolben auf Raumtemperatur gekühlt und anschließend zur Destillationseinheit transferiert. Vor der Destillation werden die mit konzentrierter Schwefelsäure (H_2SO_4) angesäuerten Proben durch konzentrierte Natronlauge (NaOH) neutralisiert (Gl. 4).



Während der Destillation werden die Ammoniumionen in Ammoniak umgewandelt. In einem chemischen Gleichgewicht produzieren Ammoniumionen (NH_4^+) Ammoniakgas (NH_3) indem sie mit Hydroxylionen (OH^-) von überschüssigem Natriumhydroxid reagieren (Gl. 5).



Ein wichtiger Schritt um Ammoniak im Kolben zu sammeln erfordert die Anwesenheit von in Wasser gelöster Borsäure $\text{B}(\text{OH})_3$, die mit Ammoniak Ionen bilden (Gl. 6).



3. *Titration*: Die entstehenden Ammoniumionen in der Borsäure werden danach durch eine säurebasierte Titration mit Salzsäure nachgewiesen (Egli, 2008).

Durchführung

- Zuerst wurden in etwa 0,8–1 g jeder Mehlprobe ($\pm 0,01$ g) in kleine Plastikbecher genau eingewogen, deren Gewicht notiert und anschließend in Kjeldahlkolben überführt. Jede Probe wurde bei dieser Analyse im Doppelansatz bestimmt.
- Zu jedem Kjeldahlkolben wurden außerdem eine Glasperle, sowie 10 g (zwei Tabletten zu je 5 g) an Kjeldahltabletten hinzugefügt.

- Anschließend wurden im Abzug, wo sich auch das Aufschlussgerät K-437 (Abb. 8) befand, 20 ml konzentrierter Schwefelsäure (H_2SO_4) in die Kjeldahlkolben pipettiert, die Kolben leicht geschwenkt, um alle Komponenten miteinander zu vermengen, und diese dann in das Gestell des Aufschlussystems gestellt. Das Kjeldahl Aufschlussgerät K-437 bietet Platz für bis zu 20 Proben. Wenn nicht alle dieser 20 Plätze belegt waren, mussten die restlichen Plätze mit kleinen Kjeldahlkolben, ohne Inhalt, besetzt werden. Danach wurde das Gestell verschlossen und mit samt den Proben, in die Heizstation des Aufschlussgerätes herunter gehoben.
- Nach dem Einschalten des Aufschlussgerätes, des Scrubbers (Abb. 8) und der Zuflusskühlung, konnte mit dem Erhitzungsprozess begonnen werden. Der Scrubber diente dazu, die Reaktionsgase und Säuredämpfe, die während des Aufschlussprozesses entstehen, zu neutralisieren.



Abb. 8: Das Aufschlussystem K-437 (links), Scrubber B-414 (rechts) (Quelle: BÜCHI Labortechnik GmbH, 2010).

- Der Erhitzungsprozess umfasste mehrere Schritte bei steigenden Temperaturen und unterschiedlich langen Laufzeiten:
 - Erhitzen auf 200 °C und 50 min halten
 - Erhitzen auf 250 °C und 20 min halten
 - Erhitzen auf 300 °C und 20 min halten
 - Erhitzen auf 350 °C und 20 min halten
 - Erhitzen auf 420 °C und 90 min halten
 - Gerät abschalten und 90 min auf Raumtemperatur abkühlen lassen
- Nach der Abkühlphase wurde das Gestell wieder von der Heizfläche nach oben gehievt, geöffnet und eventuell mit Papiertüchern Schwefelsäuretropfen an den Kjeldahlkolben bzw. am Deckel des Gestells abgewischt.
- Anschließend wurden die Kjeldahlkolben zur Destillationseinheit KjelFlex K-360 transferiert (Abb. 9). Nach dem Einschalten des Gerätes, dem Öffnen der Wasserzufuhr und einer kurzen Vorwärmphase, konnte mit der Destillation jedes einzelnen Kolben begonnen werden. Dafür wurde der Inhalt eines Kolben in einen 250 ml Erlenmeyerkolben überführt und fünf bis sechs Tropfen des Borsäure $B(OH)_3$ -Indikator-Gemisches zugegeben.



Abb. 9: Destillationsgerät Kjelflex K-360 (Quelle: BÜCHI Labortechnik GmbH, 2010).

- Nach der Destillation erfolgte die Titration jeder einzelnen Probe gegen Salzsäure (HCl) bis zum gewünschten Farbumschlag. Die Farbe der Flüssigkeit nach der Destillation war hellgrün. Unter ständigem Schwenken des Erlenmeyerkolbens wurden zuerst rasch einige Milliliter Salzsäure zugegeben, bis eine Veränderung der Farbe zu beobachten war. Danach wurde tropfenweise Salzsäure zugegeben, bis der gewünschte gelbe Farbumschlag erfolgte. Eine Veränderung der Farbe war dabei von anfangs hellgrün bis gräulich/blau und farblos, bis schließlich gelb/orange zu beobachten.
- Der Verbrauch an Milliliter HCl jeder Probe konnte am Display des Titriergerätes abgelesen werden und schließlich der Proteingehalt nach Gl. 7 (siehe Kap. 4.2.1.3.) berechnet werden.

Auswertung

Zur Berechnung des Proteingehaltes hat sich ein allgemeiner Proteinfaktor f_{protein} von 6,25 etabliert. Weitere Proteinfaktoren zur Berechnung unterschiedlicher Nahrungsmittel wurden ebenfalls entwickelt, so wird für Gerste ein Faktor von 5,83 zur Berechnung (Gl. 7) herangezogen.

$$Protein[mas\%] = \frac{V[mL] \times 14,007 [g/mol] \times 0,1 \text{ mol/L}}{EW [g] \times 10} \times 5,83 \quad (Gl. 7)$$

V [mL]	Verbrauch an Salzsäure (HCl) in ml bei der Titration
14,007 [g/mol]	Molekulargewicht von Stickstoff in g/mol
0,1 [mol/L]	Normalität des Alkali
EW [g]	Einwaage der Probe in Gramm
10	Eine Multiplikation mit 10 ist erforderlich, um gleiche Einheiten zu erhalten

4.2.1.4 Proteinbestimmung nach DUMAS

Prinzip

Die Methode nach DUMAS beruht auf dem Verbrennungsprinzip und ist eine ebenfalls 100 Jahre alte Methode um Rohprotein zu bestimmen. Obwohl dieses Verfahren weitgehend auf den Gebrauch gefährlicher Chemikalien und auf die Anwendung langer Analysenzeiten verzichtet, hat sie bisher nicht die gleiche Anerkennung gefunden wie die Bestimmung nach Kjeldahl (**Bicsak**, 1993).

Bei dieser Methode entstehen molekularer Sauerstoff und Stickoxide, welche nach katalytischer Nachoxidation in molekularen Stickstoff umgewandelt werden. Die anderen Verbrennungsprodukte werden durch selektive Absorption entfernt, der molekulare Stickstoff wird schließlich zu einem Wärmeleitfähigkeitsdetektor geleitet und gemessen (**Erling**, 2008).

Die Protein/Stickstoffbestimmung nach DUMAS mit der LECO FP-528 Apparatur (siehe Abb. 10) ist für flüssige und feste Proben bis zu 1 g anwendbar und liefert Resultate nach nur 3 min.



Abb. 10: Apparatur LECO FP-528 (Quelle: LECO Instrumente GmbH, 2010).

Bicsak (1993) bestimmte in einer Studie den Stickstoffgehalt nach Kjeldahl und verglich ihn mit dem drei verschiedener Apparaturen auf Basis der Verbrennung, unter anderem mit dem LECO FP-428. Ziel dieser Studie war es, die ermittelten Daten dieser vier Methoden miteinander zu vergleichen und die Anwendbarkeit der Verbrennungsmethoden zu erweitern und zu verbessern. Eine statistische Korrelation zwischen der Methode nach Kjeldahl und einer Verbrennungsmethode wurde bereits in einer Studie von **Sweeney** (1989) nachgewiesen.

In der aktuellen Studie wurden generell höhere Gehalte an Proteinen durch Verbrennungsmethoden erhalten als bei der Methode nach Kjeldahl. Beim Vergleich der Daten nach Kjeldahl und der Daten nach der Verbrennungsmethode wurde eine mittlere Differenz von -0,05 % Protein beobachtet, nach Entfernung der Daten von Nikotinsäure. Eine schlechte Reproduzierbarkeit der Nikotinsäure verzerrte nämlich die Ergebnisse mehrerer Untersuchungen. **Bicsak** (1993) befürwortet, dass die Methoden, die auf der Verbrennung der Proben basieren, als eine günstige Alternative zur Methode nach Kjeldahl angesehen werden sollen. (**Bicsak**, 1993).

Durchführung

- Es wurden zuerst 0,2 g ($\pm 0,01$ g) der Mehlprobe auf der Analysenwaage in kleine, aus Alufolie bestehende Wägeschiffchen eingewogen. Die Proben wurden mit Hilfe eines Stempels in einen Behälter mit einer Vertiefung, in die Alufolie hineingedrückt werden, diese konnte anschließend zuge dreht werden. Die Gewichte wurden in die für diese Untersuchung vorgesehene Software am PC eingetragen.

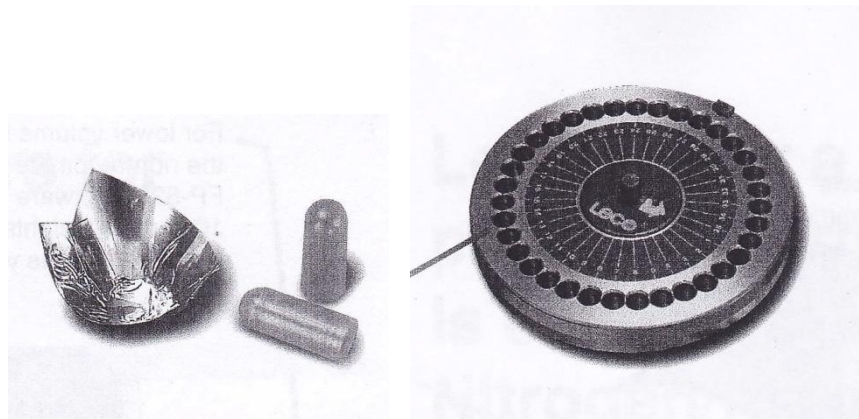


Abb. 11: Aluschälchen zum Einwiegen der Mehlproben (links), Karussell mit 35 Positionen zur Analyse (rechts) (Quelle: LECO Corporation, 1997).

- Die fertig eingewogenen und verschlossenen Alukapseln wurden danach in ein Karussell, das Platz für 35 Proben bietet, hinein gegeben (siehe Abb. 11). Zur Kalibrierung wurde an jede zehnte Stelle des Karussells ein Sojastandard platziert.
- Nachdem alle Proben in das Karussell gestellt wurden, wurde dieses auf der LECO FP-528 Apparatur platziert und mit der Analyse begonnen. Die Analyse erfolgte automatisch durch das Untersuchungsgerät, die Analysenzeit betrug je Probe in etwa 3 Minuten. Die Proben werden dabei in den heißen Ofen der LECO Apparatur befördert und mit reinem Sauerstoff für eine rasche Verbrennung erhitzt. Nebenprodukte der Verbrennung wie CO_2 , H_2O , NO_x und N_2 passieren den Ofenfilter und den thermoelektrischen Kühler, um anschließend in einem Vorratsbehälter ge-

sammelt zu werden. Diese Gase werden dann vermischt und eine Teilmenge davon für eine weitere Umwandlung verwendet. Die verbleibende Menge, die reduziert wurde, wird nun durch die thermische Leitfähigkeitszelle für Stickstoff geleitet und gemessen (Abb. 12).

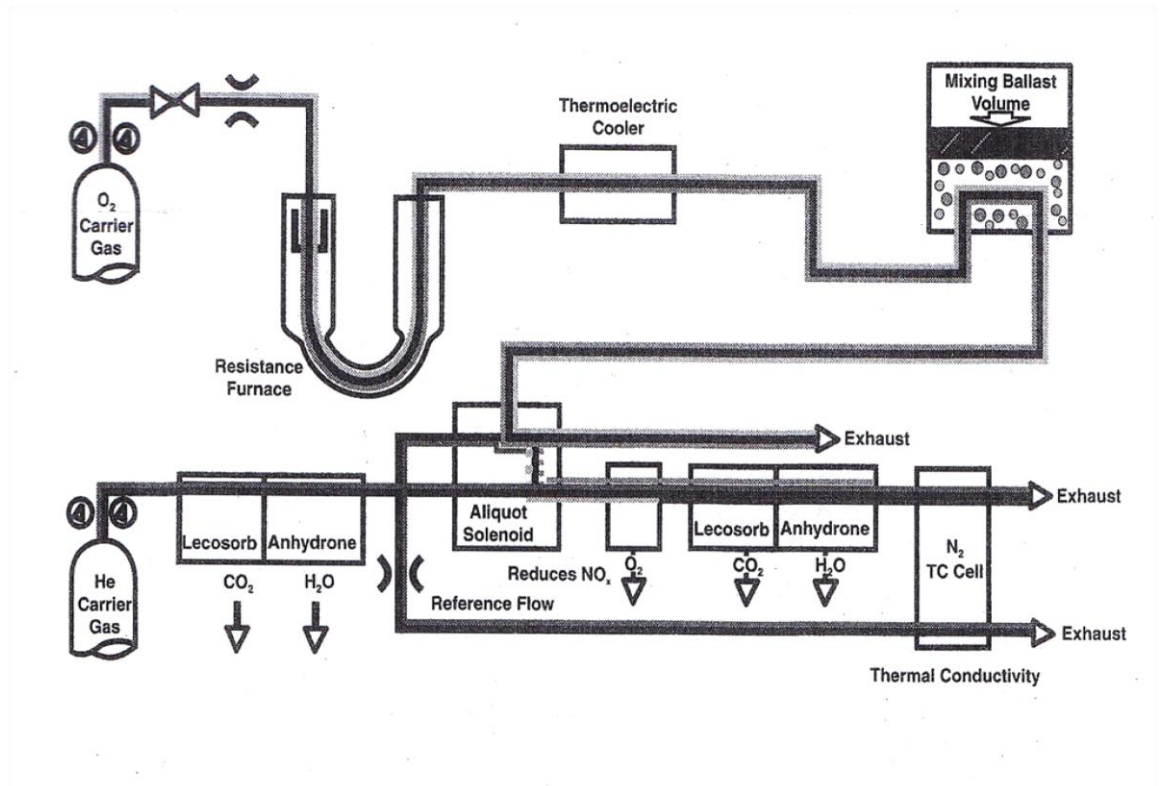


Abb. 12: Fließdiagramm der Proteinbestimmung der LECO FP-528-Apparatur (Quelle: LECO Corporation, 1997).

Auswertung

Die erhaltenen Stickstoffwerte (in %) wurden extern auf einem PC angezeigt und konnten nun mit dem Faktor 5,83 multipliziert werden, um den Proteingehalt zu erhalten.

4.2.2 Rheologische Analysen und Qualitätsparameter

Die unterschiedlichen Methoden zur Analyse der Inhaltsstoffe lassen nur eine begrenzte Aussage über die Qualität und das tatsächliche Verhalten des Mehls während der Verarbeitung zu. Eine deutlich umfassendere und genauere Charakterisierung der Eigenschaften einer Mehlsprobe bieten daher die teigphysikalischen Messmethoden der Rheologie. Mit ihnen können die während des Verarbeitungsprozesses auftretenden Bedingungen zumindest teilweise simuliert und erforscht werden (**Seibel**, 2005). Die verwendeten Apparaturen werden hier unter dem Begriff „Teigprüfgeräte“ zusammengefasst. Allgemein wird der Widerstand des Teiges gegen eine stets gleichbleibende mechanische Beanspruchung, unter immer gleichbleibenden Versuchsbedingungen gemessen und als „Kraft-Zeit-Diagramm“ aufgezeichnet (**Erling**, 2008).

Zur Analyse wurden in dieser Arbeit die Teigeigenschaften der verschiedenen Mehlsproben mittels Farinograph untersucht und als indirekter Qualitätsparameter der Sedimentationswert nach Zeleny ermittelt. Farinogramme wurden sowohl mittels „Brabender-Farinograph“ in Form einer Makro-Methode erstellt, als auch in Form einer Mikro-Methode mit dem sogenannten „Micro-Z-Arm“.

4.2.2.1 Brabender-Farinograph

Prinzip

In herkömmlichen Farinographen sind zur Beurteilung des Verhaltens von Weizenmehlen 300 g Mehl zur Teigbildung erforderlich. Der Farinograph besteht aus einem temperierten Messkneter und einem Antrieb. Die Mehlsprobe und das über eine Bürette exakt dosierte und temperierte Wasser werden in den Messkneter gegeben und anschließend der Knetwiderstand des Teiges der auf die Schaufeln wirkt, als Kraft-Zeit-Diagramm (siehe Abb. 13) aufgezeichnet (**Erling**, 2008).

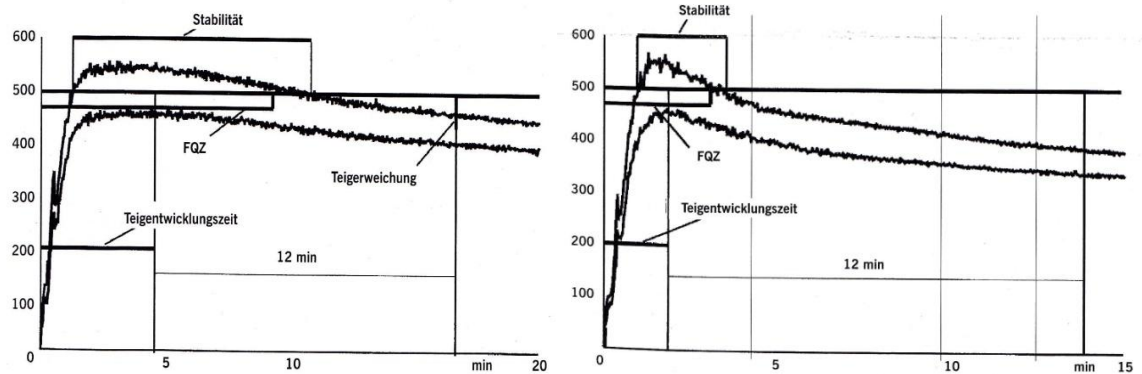


Abb. 13: Vergleich zweier Farinogramme eines Brabender-Farinographen mit den Parametern Teigentwicklungszeit, Stabilität, Farinogramm-Qualitätszahl (FQZA) und der Teigerweichung. Das linke Farinogramm stellt dabei ein starkes Mehl dar, weil es eine längere Stabilität und eine größere Farinogramm-Qualitätszahl aufweist, verglichen mit der rechten Abbildung, die das Farinogramm eines schwachen Mehls darstellt (Quelle: Erling, 2008).

Folgende Parameter werden zur rheologischen Beurteilung der Teigeigenschaften von Weizenmehlen herangezogen (**Seibel, 2005**):

- **Wasseraufnahme [ml]:** Bezeichnet die Menge an Wasser, die benötigt wird, um einen Teig mit einer maximalen Konsistenz von 500 FE (Farinogramm-Einheiten) herzustellen, angegeben auf 100 g Mehl mit einem Feuchtigkeitsgehalt von 14,0 %. Gibt die Wasseraufnahmefähigkeit des Teiges an und ermöglicht somit eine Aussage über die Teigausbeute.
- **Teigentwicklungszeit [min]:** Gibt die Zeit zwischen dem Beginn der Teigknetung und dem Punkt auf der Kurve an, an dem die ersten Anzeichen eines Konsistenzabfalls aufzutreten beginnen.
- **Teigerweichungsgrad [FE]:** Wird auch als Konsistenzabfall bezeichnet und wird 12 Minuten nach Erreichen des Kurvenmaximums ermittelt. Er ermöglicht eine Aussage darüber, wie sehr ein Teig durch die mechanische Beanspruchung erweicht.

- **Teigstabilität [min]:** Ist der Bereich vom Erreichen der 500 FE-Linie bis zum Unterschreiten derselben, gemessen in Minuten. Dieser Parameter wird als Resistenz des Teiges gegen kräftiges Kneten (Überkneten) angesehen, ohne seine Eigenschaften negativ zu beeinflussen.
- **Qualitätszahl [mm]:** Dieser Parameter ergibt sich aus der Länge, gemessen in Millimeter, entlang der Zeitachse zwischen der Wasserzugabe und dem Punkt, an dem die Mitte der Kurve um 30 FE gegenüber der Mitte der Teigentwicklungszeit abgefallen ist.

Ein Mehl mit niedrigem Kleberanteil weist eine niedrige Wasseraufnahmefähigkeit, Teigstabilität und Farinogramm-Qualitätszahl auf, die Teigerweichung ist, verglichen mit einem Mehl mit viel Kleber, deutlich höher (Tab. 4) (Seibel, 2005).

Tab. 4: Richtwerte eines optimalen Farinogramms für ein Weizenmehl Type 550 (Quelle: Seibel, 2005).

Parameter	Spannbreite	Optimum	Aussage
Wasseraufnahme (%)	53 - 66	> 58 - 61	Teigausbeute, Klebergüte, Knetzeit- und toleranz
Teigentwicklungszeit (min)	1 - 8	2 - 6	
Teigstabilität (min)	> 0,5	> 4	
Teigerweichung (FE)	< 130	80	

Durchführung

Erstellung der Titrierkurve

- Dafür wurden 300 g Mehl auf der Laborwaage eingewogen und in den Knetraum des Brabender-Farinographen überführt. Die Bürette für die Wasserzugabe wurde bis zur oberen Markierung (300 mL) mit destilliertem, auf 30 °C erwärmtem, Wasser aufgefüllt.
- Anschließend wurde das Gerät eingeschaltet und ungefähr die Hälfte des Wassers über die Bürette zu der Mehlprobe zugegeben, bis die Farinogramm-Kurve im Mittel über die 500-FE-Linie (Farinogramm-Einheiten) anstieg. Dann wurde in kurzen Stößen nach titriert, bis die Kurve wieder abzufallen begann. Die Titration war beendet, wenn das Kurvenband schließlich so weit abgefallen war, dass die Oberkante der Amplitude der Kurve konstant unter der 500-FE-Linie schrieb (Abb. 14).

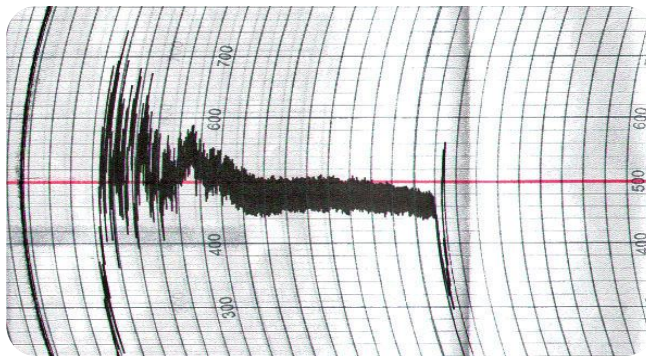


Abb. 14: Titrierkurve, erstellt mit dem Brabender-Farinographen.

Auswertung

Die Wasseraufnahmefähigkeit der Probe konnte auf der Bürette abgelesen und notiert werden.

Erstellung der Farinogramme

- Zur Erstellung der eigentlichen Farinogramme wurden wieder 300 g einer Mehlsprobe eingewogen, in den Knetraum überführt und das Gerät eingeschaltet. Das Mehl wurde zunächst eine Minute trocken gemischt, um die Basislinie einzustellen und den Knetraum vorzuwärmen, danach wurde die nun bekannte Wassermenge in einem Zug exakt zur Mehlsprobe zu dosiert.
- Der Knetraum wurde mit einem gelochten Plastikdeckel verschlossen und mit einem Plastikspatel heraustretender Teig vorsichtig wieder hineingedrückt, ohne dabei die Mixstäbe zu berühren.
- Die Teigknetung wurde 12 Minuten nach Erreichen des Kurvenmaximums durch Abschalten des Gerätes beendet. Der Farinograph musste nach Erstellung einer jeden Kurve sorgfältig gereinigt werden. Alle 21 Mehlsproben wurden im Dreifachansatz bestimmt.

Die Einwaage wurde beim Brabender-Farinographen nicht auf die Feuchte der einzelnen Mehlsproben abgestimmt, da diese nicht bekannt war. So wurde im Gegensatz zum Micro-Z-Arm-Mixer, bei dem die Einwaage auf der Basis einer Feuchte von 14 % abgestimmt wurde, eine Einwaage von 300 g bei allen 21 Mehlsfraktionen verwendet, ohne Berücksichtigung der Feuchte. Wäre diese vorher bekannt gewesen und die Einwaage entsprechend korrigiert, könnten eventuell geringere signifikante Unterschiede in Bezug auf die Wasserabsorption zu verzeichnen sein.

Auswertung

So wurde die Wasserabsorption beim Brabender-Farinographen entsprechend einer korrigierten Einwaage verändert. Dafür wurde eine einfache Schlussrechnung erstellt. Bei der Einwaage beim Micro-Z-Arm wurde der pro-

zentuelle Anteil auf der Basis von 4 g errechnet, um anschließend mit dieser die Wasserabsorption beim Brabender-Farinographen neu zu berechnen:

$$(\text{EW Z-Arm [g]}/4 \text{ [g]}) \times 100 = \% \text{ der EW auf 4 [g]} \quad (\text{Gl. 8})$$

$$(\% \text{ der EW auf 4 [g]}/100) \times 300 \text{ [g]} = \text{mas korr [g]} \quad (\text{Gl. 9})$$

$$(\text{WA [\%]}/300 \text{ [g]}) \times \text{mas korr [g]} = \text{WA korr [\%]} \quad (\text{Gl. 10})$$

EW Z-Arm [g]	tatsächliche Einwaage beim Micro-Z-Arm
4 [g]	Basis-Einwaage beim Micro-Z-Arm
300 [g]	Basis-Einwaage beim Brabender-Farinographen
mas korr [g]	korrigierte Einwaage beim Brabender-Farinographen
WA korr [%]	korrigierte Wasserabsorption beim Brabender-Farinographen

4.2.2.2 Micro-Z-Arm

Prinzip

Der in dieser Arbeit zur Untersuchung der rheologischen Eigenschaften verwendete Micro-Z-Arm-Mixer wurde basierend auf der Bauart traditioneller Instrumente entwickelt, die die Technik der Z-Arm-Knetung verwenden. Er liefert Informationen sowohl über die Kneteigenschaften als auch über die Wasserabsorption- bzw. Wasseraufnahmefähigkeit der jeweiligen Mehlprobe. Im Gegensatz zu traditionellen Farinographen und Valorigrafen werden hier nur 4 g Probe für einen Knetvorgang benötigt (**Haraszi et al., 2004**). Der Micro-Z-Arm-Mixer ahmt die Arbeitsweise des traditionellen Farinographen nach und zeigt eine gute Reproduzierbarkeit in Bezug auf die Wasseraufnahmefähigkeit.

Auch die Kurven sind mit denen eines konventionellen Farinographen vergleichbar (**Dang et al.**, 2003).

Der Micro-Z-Arm besteht aus einem rechteckigen, temperierbaren Knetraum mit zwei z-förmigen Mixstäben, in dem der zu prüfende Teig geknetet wird (Abb. 15). Während des Knetvorgangs wird der Knetraum mit einem Kunststoffdeckel verschlossen, um das Verdunsten von Wasser zu verhindern. Die Wasserzugabe zur Mehlprobe erfolgt entweder automatisiert über eine Bürette oder manuell mit Hilfe einer Pipette ($\pm 0,05$ mL). Die Aufzeichnung der Kurve wird extern über einen Computer angezeigt.



Abb. 15: Micro-Z-Arm-Mixer

Auswertung

Die von der Software des Micro-Z-Arm-Mixers aufgezeichneten Farinogramm-Kurven wurden anschließend in ein MS-Excel übertragen, um die Kurven am PC darstellen und auswerten zu können (Abb. 16). Wie bei **Huber** (2009) stellte sich jedoch die für Weizen entwickelte Auswertung der Kurven für die hier untersuchten Nacktgerstensorten als nicht aussagekräftig heraus. Deshalb wurden die Kurven für die statistische Auswertung wieder ausgedruckt und manuell anhand der folgenden Parameter analysiert:

- ***VUmax [VU]***: Das Kurvenmaximum der Mittellinie der Farinogramm-Kurve gemessen in Valorigram-Units [VU].
- ***TEWI [min]***: Teigentwicklungszeit in Minuten vom Anstieg der Mittellinie der Kurve bis zum Erreichen des Kurvenmaximums VUmax. Dieser Parameter entspricht der Teigentwicklungszeit des Brabender-Farinographen.
- ***TSTA [min]***: Die Teigstabilität ist die Zeit in Minuten, gemessen von dem Punkt, an dem die Oberkante der Amplitude erstmals die horizontale Linie durch das Kurvenmaximum VUmax überschreitet, bis zu dem Punkt, an dem sie die VUmax Linie wieder unterschreitet. Der Parameter entspricht der Teigstabilität des Brabender-Farinographen.
- ***FQZA [min]***: Die Farinogramm-Qualitätszahl ist die Zeit in Minuten, vom ersten Anstieg der Mittellinie der Farinogramm-Kurve bis zu dem Zeitpunkt, an dem die Kurvenmittellinie um 50 VU gegenüber dem Kurvenmaximum VUmax abfällt. Dieser Parameter ist mit der Qualitätszahl des Brabender-Farinographen vergleichbar.
- ***BBmax [VU]***: Dieser Parameter entspricht der Bandbreite der Amplitude der Kurve beim Kurvenmaximum VUmax, gemessen in VU.
- ***BBqza [VU]***: Bezeichnet die Bandbreite der Kurvenamplitude bei der Qualitätszahl FQZA, gemessen in VU.
- ***BB10 [VU]***: Dieser Parameter gibt die Amplitude der Kurve 10 Minuten nach Beginn des Knetvorgangs an, gemessen in VU.
- ***WK [°]***: Bezeichnet den Winkel zwischen der Mittellinie der Kurve und der horizontalen Linie durch das Kurvenmaximum VUmax, gemessen in Winkelgraden.

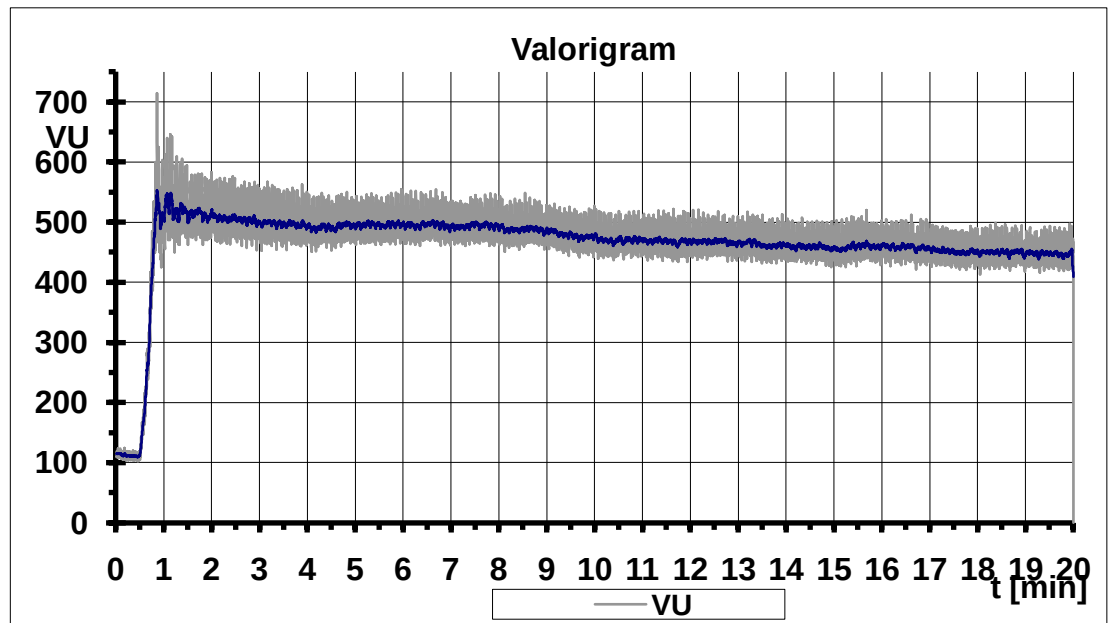


Abb. 16: Farinogramm-Kurve, die mit dem Micro-Z-Arm erstellt und in MS-Excel übertragen wurde.

Die nachfolgenden Abbildungen sollen einen Überblick über die Art und Weise der Auswertung der einzelnen Parameter geben:

Die Abb. 17 und die Abb. 18 zeigen an welchen Stellen die beiden Parameter VUmax und TEWI ermittelt wurden.

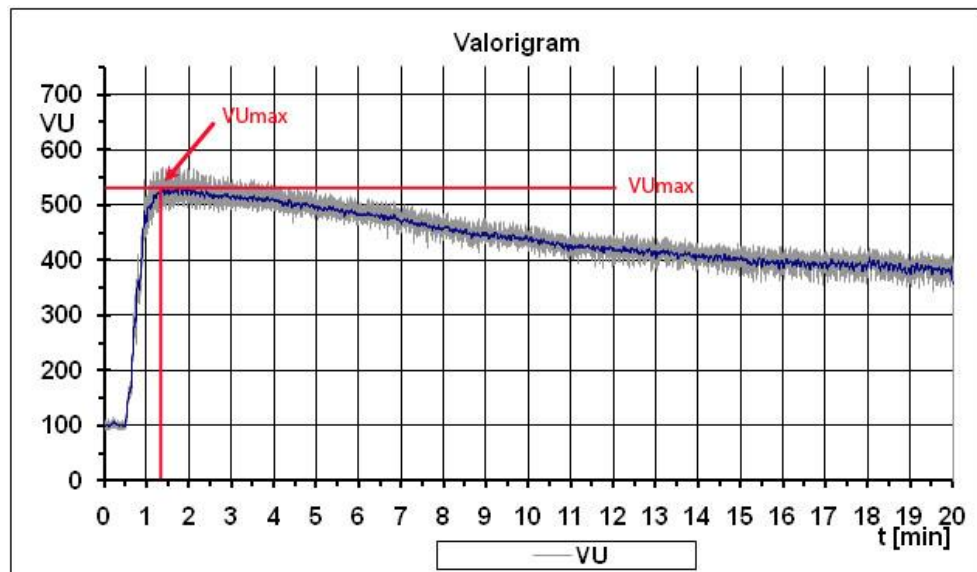


Abb. 17: Kurenmaximum VUmax der mit dem Micro-Z-Arm erstellten Farinogramm-Kurve, gemessen in Valorigramm-Units (VU).

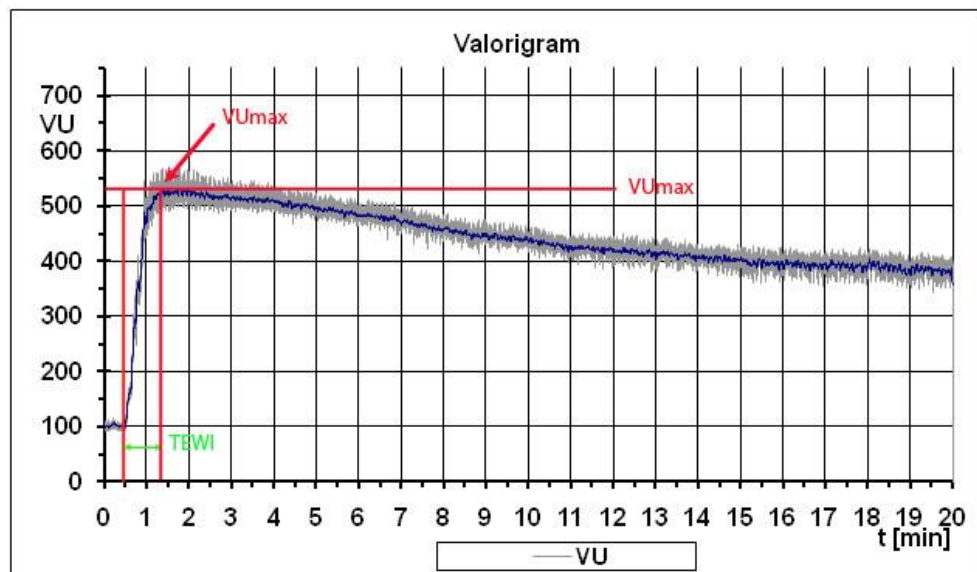


Abb. 18: Die Teigentwicklungszeit (TEWI) ist die Zeit in Minuten vom Anstieg der Mittellinie der Kurve, bis zum Erreichen des Kurvenmaximums VUmax.

Die beiden Abb. 19 und Abb. 20 erklären welchen Bereich die beiden Variablen TSTA und FQZA abdecken.

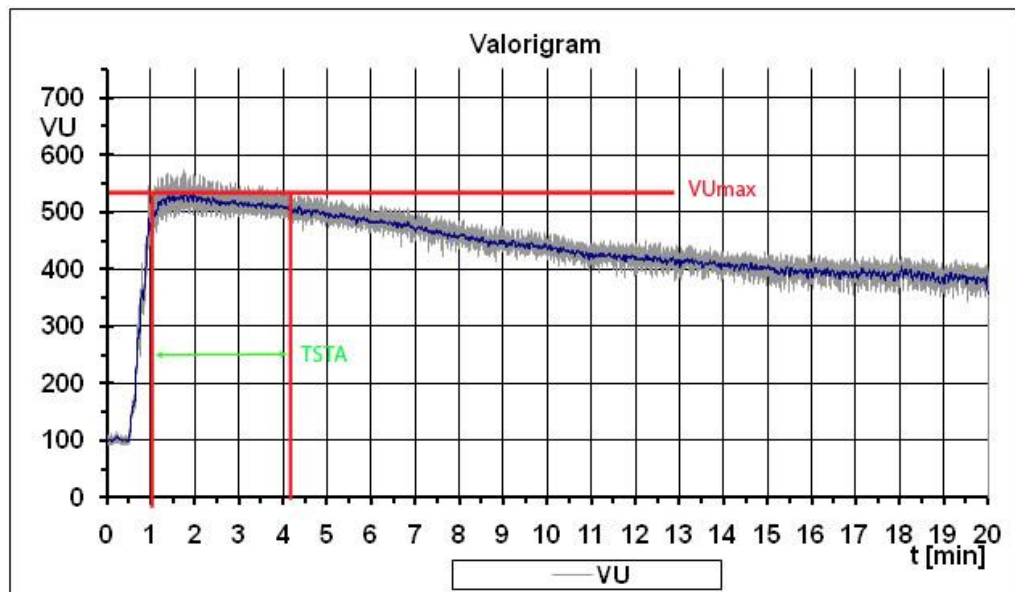


Abb. 19: Teigstabilität (TSTA): die Zeit in Minuten, gemessen von dem Punkt an dem die Oberkante der Amplitude der Kurve zum ersten Mal die VUmax Linie erreicht, bis zu dem Punkt, an dem sie diese wieder unterschreitet.

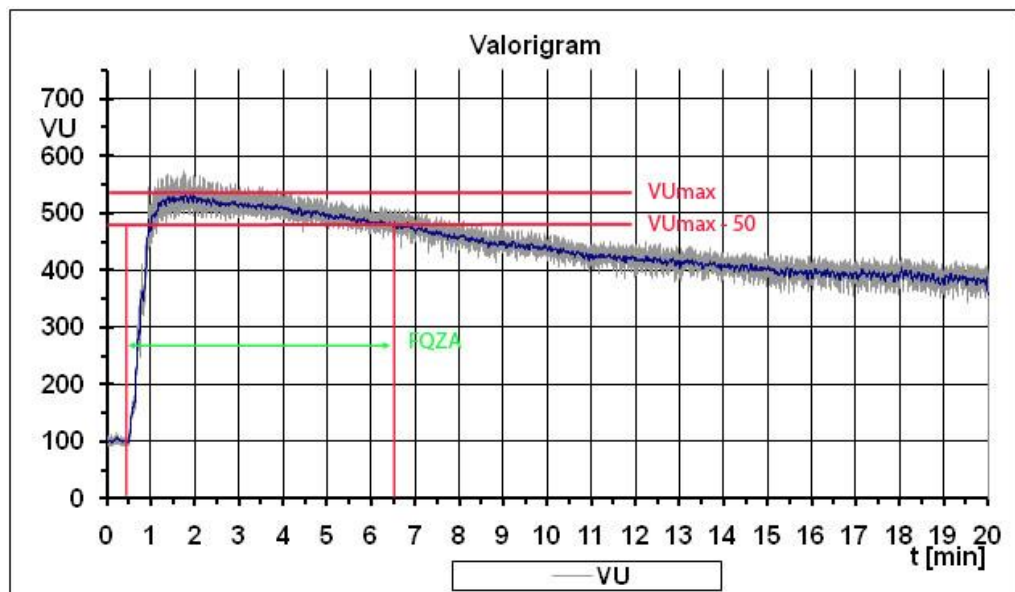


Abb. 20: Farinogramm-Qualitätszahl (FQZA): Anstieg der Kurvenmittellinie bis zu dem Zeitpunkt, an dem die Mittellinie um 50 VU gegenüber dem Kurvenmaximum VUmax wieder abfällt.

In Abb. 21 ist die Ermittlung der Parameter BBmax, BBqza und BB10 dargestellt, sowie die Darstellung des Winkels (Abb. 22).

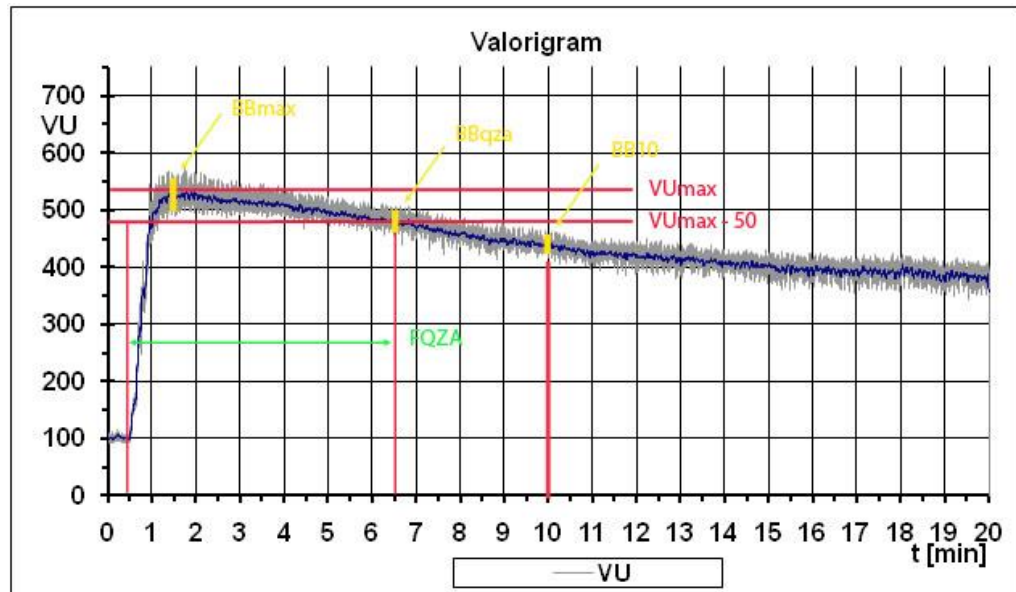


Abb. 21: Bandbreite der Farinogramm-Kurve gemessen bei VUmax, QZA, sowie 10 Minuten nach Beginn der Knetung, angegeben in VU.

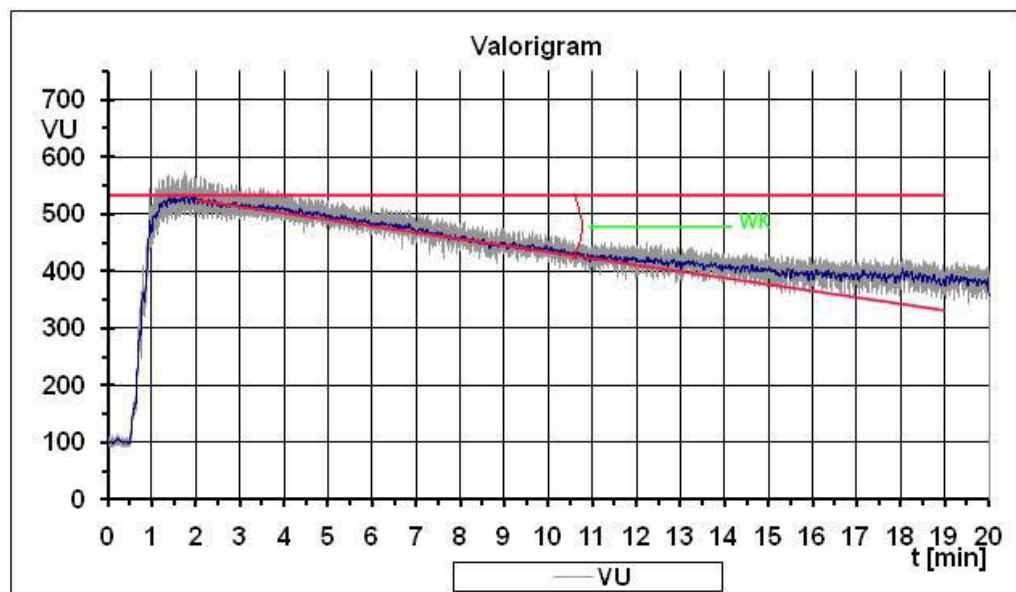


Abb. 22: Winkel zwischen der Mittellinie der Kurve und der horizontalen Linie durch das Kurvenmaximum VUmax, gemessen in Winkelgraden.

Durchführung

- Die Mehlproben zur rheologischen Untersuchung wurden auf der Analysenwaage ($\pm 0,0001$ g) auf einem Stück Papier eingewogen. Da die Analyse auf der Basis einer Mehlfuchte von 14% für eine Einwaage von 3 g basierte und jede Sorte unterschiedliche Feuchtigkeitsgehalte aufwies, musste die Einwaage entsprechend korrigiert werden. Die benötigte Einwaage konnte auf einer Tabelle abgelesen werden.
- Die eingewogenen Proben wurden dann vorsichtig in den Knetraum des Micro-Z-Arm-Mixers überführt. Am Computer musste nun die Wasserabsorption (in %) für die jeweilige Mehlprobe eingegeben werden, woraufhin die Wassermenge (in mL), die zur Probe hinzugefügt werden sollte, angezeigt wurde. Die Wasserabsorption musste so gewählt werden, dass das Maximum der Mittellinie der Farinogramm-Kurve (VUmax) auf der 500-VU-Linie (500 Valorigram-Units) ± 50 VU lag.
- Nach Eingabe der Wasserabsorption wurde das Gerät eingeschaltet und die Software zum Aufzeichnen der Farinogramme per Mausklick gestartet. Die Mehlprobe wurde zunächst für 30 s trocken gemischt, um die Basislinie einzustellen. Anschließend wurde unter Zuhilfenahme einer Pipette, auf deren Spitze zusätzlich eine kleine Injektionsnadel aufgesetzt wurde, destilliertes Wasser zum Mehl pipettiert. Der Knetraum des Micro-Z-Arms wurde daraufhin mit einem Plastikdeckel verschlossen.
- Der Thermostat des Micro-Z-Arms war bei den Untersuchungen auf eine Temperatur von 30 °C eingestellt, die Zahl der Umdrehungen der Z-förmigen Mixstäbe betrug 64 min^{-1} . Für jede der 39 Mehlproben wurde eine Doppelbestimmung durchgeführt. Die Aufzeichnung eines Farinogramms dauerte 20 Minuten. Die Software zeichnete pro Sekunde

10 Messwerte auf, wobei die Daten in Textfiles zur weiteren Untersuchung gespeichert wurden.

- Da die Wasseraufnahmemenge einer Sorte nicht bekannt war, waren meist mehrere Versuche nötig, um die 500-VU-Linie ± 50 VU zu erreichen. Der Micro-Z-Arm musste nach jedem fehlgeschlagenen Versuch gereinigt, die Probe neu eingewogen und die Analyse mit einer neuen Wasserabsorption gestartet werden.

4.2.2.3 Sedimentationstest nach Zeleny

Prinzip

Der Sedimentationstest nach Zeleny zählt zu den orientierenden Bestimmungen der Backqualität von Weizen und Weizenmehl. Es handelt sich dabei im weitesten Sinne um eine detaillierte Kleberanalyse. Sowohl ein höherer Kleberwert als auch eine bessere Kleberqualität bzw. Quellfähigkeit führen zu höheren Sedimentationswerten. Richtwerte für einen optimalen Sedimentationswert schwanken zwischen 22 und 41 mL. Im Sedimentationstest werden als erster Schritt die Eiweißstoffe durch eine Indikatorlösung sichtbar gemacht, ein Hinzufügen von verdünnter Milchsäure bewirkt ein Quellen des Klebers, der schließlich zu einem deutlich sichtbaren Bodensatz sedimentiert. Zur Durchführung des Tests werden 3,2 g Mehl benötigt (**Erling**, 2008).

Um den Sedimentationstest nach Zeleny auch mit geringeren Probenmengen durchführen zu können, wurde ein sogenannter „Micro-Scale-Zeleny-Sedimentationstest“ entwickelt, für den nur 0,4 g Probe erforderlich sind, gegenüber den standardisierten Methoden mit 3,2 g Einwaage. So konnte zur Untersuchung der Nacktgerstensorten, wie bereits bei **Huber** (2009), die Mikro-Methode des Zeleny-Sedimentationstests angewendet werden.

Durchführung

- Von jeder Mehlfraktion wurden zwei mal 0,4 g ($\pm 0,01$ g) auf der Analysenwaage in Papierschiffchen eingewogen und in zwei skalierte Glaszylinder überführt. Somit wurde für jede Probe eine Doppelbestimmung durchgeführt.
- Nach Zugabe von 6,25 mL Bromphenollösung wurden die Glaszylinder kräftig per Hand geschüttelt, um die Probe zu suspendieren, und anschließend auf der Apparatur mechanisch für weitere 5 Minuten geschüttelt.
- Danach wurden in beide Glaszylinder 3,15 mL der Sedimentationslösung pipettiert und für weitere 10 Minuten auf der Apparatur geschüttelt.

Auswertung

Nach diesem Vorgang wurden beide Glaszylinder in das digitale Imaging-System überführt, wo eine computergesteuerte Messung für 5 Minuten erfolgte. Der Sedimentationswert einer jeden Probe wurde anschließend in mL ($\pm 0,01$ mL) angegeben.

4.2.2.4 Siebversuche mit dem Laborsichter

Prinzip

Mit Hilfe der Siebversuche mit dem Laborsichter werden die unterschiedlich großen Mehlpartikel einer Mehlprobe durch die verschieden großen Maschenweiten der Siebe nach ihrer Größe hin aufgeteilt.

Durchführung

Jede Mehlprobe wurde zunächst manuell mit einem Löffel gut durchgemischt, um eine homogene Verteilung der Mehlpartikel zu gewährleisten. Anschließend wurden zweimal 25 g ($\pm 0,01$ g) Mehlprobe eingewogen und mit dem Laborsichter gesiebt. Somit wurde eine Doppelbestimmung für jede Mehlprobe durchgeführt. Die Maschenweite der Nylon-Siebe betrug 600 μm , 500 μm , 400 μm , 275 μm , 180 μm und 90 μm . Zur Unterstützung der Siebwirkung wurden auf jedem Sieb 5 Glasperlen (5 mm $\varnothing$) verteilt. Auf den Sieben 90 μm und 180 μm befand sich bereits eine Kette zur Verbesserung der Siebwirkung. Jede Probe wurde 10 Minuten lang gesiebt und anschließend die Ausbeute der einzelnen Siebfractionen ($> 600 \mu\text{m}$, $> 500 \mu\text{m}$, $> 400 \mu\text{m}$, $> 275 \mu\text{m}$, $> 180 \mu\text{m}$, $> 90 \mu\text{m}$ und $< 90 \mu\text{m}$) auf der Laborwaage ($\pm 0,01$ g) abgewogen. Die jeweiligen Fractionen einer bestimmten Partikelgröße der beiden Siebversuche jeder Sorte wurden in kleinen Plastikbeutel vereinigt und bei $+ 4^\circ\text{C}$ gelagert.

Auswertung

Die Auswertung erfolgte hierbei durch Abwiegen der einzelnen Siebfractionen auf der Laborwaage. Die erhaltenen Werte wurden in Prozent angegeben. Dabei wurde der Prozentanteil einer jeden Siebfraction jeweils aus dem Gesamtgewicht aller einer Mehlprobe zugehörigen Fractionen errechnet.

4.2.2.5 Feuchtkleberbestimmung (Glutengehalt)

Prinzip

Bei Feuchtkleber bzw. Feuchtgluten in Weizenmehl handelt es sich um eine plastisch-elastische Substanz aus den beiden quellfähigen Eiweißstoffen Gliadin und Glutenin. Erhalten wird Gluten durch Auswaschen des Mehls in Kochsalzlösung. Das Ziel dieses Auswaschvorgangs, der vorwiegend maschi-

nell, aber auch manuell durch Handauswaschung erfolgen kann, ist es, die Stärke und andere wasserlösliche Mehlbestandteile zu entfernen. Der aus dem Mehl ausgewaschene, feuchte Kleber wird anschließend gewogen und sein Gewicht in % vom Mehl angegeben (**Erling**, 2008).

Die Ausführung dieses Tests erfolgt nach ICC Standard Nr. 155 mit dem Perten-Gerät „Glutomatic“. Das Anteigen und Auswaschen erfolgt hier in einem einzigen Anrühr- und Auswaschgefäß durch einen permanenten Zulauf einer nicht gepufferten 2 %-igen Kochsalz- (NaCl) Lösung, einer Zeitsteuerung sowie unter Verwendung einer standardisierten Knetvorrichtung. Der ausgewaschene Feuchtkleber wird anschließend in einer Zentrifuge abgetrocknet und gewogen (**Erling**, 2008).

Da die Glutenbestimmung mit dem Perten Gluten Index für Weizenmehle vorgesehen ist, wurden in dieser Arbeit für die zu untersuchenden Nacktgerstenmehlproben Vorversuche zur Bestimmung des Glutengehaltes angewendet. So wurden beispielsweise unterschiedliche Einwaagen der Mehlproben angewendet. Außerdem wurde versucht mit verschiedenen Enzymen, Dosierungen und Mischungen dieser, die Stärke vorzeitig abzubauen, um ein verfrühtes Übergehen der Auswaschgefäße zu verhindern.

Durchführung

- Zunächst wurden ca. 10 Liter einer 2 %-igen Kochsalzlösung (NaCl) zu Auswaschzwecken hergestellt: Dafür wurden 9,8 L destilliertes Wasser eingewogen, 200 g NaCl zugeben und einige Minuten mit Hilfe eines Magnetrührers am Rührgerät gemischt.
- Die Anrühr- und Auswaschgefäße wurden zusammengebaut, Netzsiebe eingelegt und diese mit destilliertem Wasser befeuchtet.

- **Vorversuch 1:** Hierfür wurden zwei mal 10 g ($\pm 0,1$ mg) der Mehlprobe eingewogen und in die Auswaschgefäße gegeben. In jedes der Gefäße wurden 4,2 mL der NaCl-Lösung pipettiert, diese danach am Glutomatic angehängt und mit dem 5-minütigem Auswaschvorgang begonnen.
- **Vorversuch 2:** acht mal 10 g ($\pm 0,1$ mg) (für 4 Versuche) Mehl einwiegen und zu jeder Probe eine Spatelspitze der beiden Enzyme *PENTOPAN 500 BG*[®] und *FUNGAMYL 2500 SG*[®], sowie je 8,4 mL NaCl-Lösung zugeben und zu einem Teig verrühren. Drei der Proben wurden bei 20 °C Raumtemperatur gelagert und nach 1, 2 bzw. 3 Stunden Inkubationszeit mit der Auswaschung fortgefahren. Mit der anderen Probe wurde ohne Inkubation der Auswaschvorgang mit dem Glutomatic 2200 begonnen.
- **Vorversuch 3:** sechs mal 20 g ($\pm 0,1$ mg) (für 3 Versuche) Mehl wurden in ein Becherglas eingewogen und eine Spatelspitze der beiden Enzyme *FUNGAMYL 2500 SG*[®] und *AMG 1100 BG*[®] zugegeben. Nach Zugabe von ca. 150 mL NaCl-Lösung wurde das Gemisch zu einem Teig verrührt, in einen Erlenmeyerkolben transferiert, mit Parafilm verschlossen und bei 20 °C inkubiert und geschüttelt. Die Glutenbestimmung erfolgte nach 1, 2 oder 3 Stunden Inkubationszeit.

Vor jeder Bestimmung wurde das Mehl-Enzym-NaCl-Gemisch bei 4000 rpm (3220 g) für 15 min zentrifugiert.

- **Vorversuch 4:** Auch hier wurden acht mal 20 g ($\pm 0,1$ mg) (für vier Versuche) Mehl in ein Becherglas eingewogen und eine Spatelspitze verschiedener Enzymmischungen zugegeben.

Nach Zugabe von ca. 150 mL NaCl-Lösung wurde das Gemisch zu einem Teig verrührt, in einen Erlenmeyerkolben transferiert, mit Parafilm

verschlossen und bei 20 °C inkubiert und geschüttelt. Die Glutenbestimmung erfolgte hier jeweils nach einer Inkubationszeit von etwa 24 h. Zuvor wurden die Proben wieder bei 4000 rpm für 15 min zentrifugiert.

4.2.3 Lab-on-a-chip (LOC) Kapillar-Elektrophorese

Prinzip

Das System der Lab-on-a-chip Analyse bietet eine kostengünstigere und schnelle Alternative zu konventionellen Proteinuntersuchungen und erlaubt eine Analyse der Proteine nach ihrer Reinheit, Größe und relativen Quantifizierung der Proteine. Die Lab-on-a-chip basierte Analyse ist in Bezug auf die Empfindlichkeit, Reproduzierbarkeit und Genauigkeit bezogen auf die Größe der Proteine mit der SDS-Page-Analyse vergleichbar. Sie weist einige Vorteile gegenüber der herkömmlichen SDS-PAGE-Analyse auf, wie kürzere Analysenzeiten, weniger Arbeitsaufwand im Labor, automatische Datenaufzeichnung und eine gute Reproduzierbarkeit. Die Chips, die für diese Analysen verwendet werden, enthalten Pumpen, Ventile und Dispenser, eine Trennsäule für die elektrophoretische Trennung und ein Reaktionssystem, alles in nur einem Chip. Somit wird versucht mehrere experimentelle Arbeitsschritte zu einem einzigen zu vereinen.

Die Auswertung eines Chips erfolgt mit dem „Agilent 2100 Bioanalyzer“ (Abb. 23), der eine rasche elektrophoretische Trennung der Proteine bewirkt. Prozesse, wie die Probenverarbeitung, Färbung und Entfärbung, Erkennung und Analyse der Proteine, werden ebenfalls damit erledigt.



Abb. 23: Agilent 2100 Bioanalyzer. (Quelle: Institut de Génétique et de Biologie Moléculaire et Cellulaire, 2010).

Die Vorbereitung der Chips erfolgt mit dem „Protein 200 Plus LabChip Kit“, welches die Mikro-Chips mit den zugehörigen Reagenzien enthält, nämlich den Probenpuffer, Sieb-Matrix, Farbkonzentrat und einen Protein-Größenstandard. Jeder dieser mikrofluidischen Chips besteht aus zwei Glasschichten, die miteinander verbunden sind. Die eine Schicht enthält eingravierte Kanäle, die andere Vertiefungen (Wells), die als Puffer und Behältnis für die Proben fungieren und Zutritt zu den Kanälen verschaffen. Diese kleinen Vertiefungen der Chips müssen ferner mit einer Mischung aus Sieb-Matrix und fluoreszierender Flüssigkeit zur Detektion gefüllt werden. Bei der Sieb-Matrix handelt es sich um ein nicht quervernetztes, lineares Polymer, das Poren zur optimalen Auflösung bildet. Das Farbkonzentrat ist eine rote, fluoreszierende Flüssigkeit, das mit den SDS-Micellen interagiert. Sobald die restlichen Wells mit den Proben befüllt worden sind, wird der Chip zur Analyse auf dem Heizblock des Agilent 2100 Bioanalyzer platziert. Die Elektroden des Analysengerätes ragen dabei in die Flüssigkeit der Wells und ein Kreislauf entsteht. Die Proben gelangen aus den Wells in die Kanäle, wo schließlich die Trennung nach ihrer Größe stattfindet. Die komplette Analyse eines Chips, der Platz für zehn Proben bietet, inklusive Trennung und Quantifizierung der Proteine, benötigt 25 Minuten. Die einzelnen Proteinprofile können anschließend durch die „2100 Expert Software“ als

Elektropherogramme, virtuelle Elektrophorese-Gele sowie in Tabellenform dargestellt werden (**Kuschel et al**, 2002).

Durchführung

Die Extraktion der Proteine aus den Nacktgerstenmehlfraktionen wurde folgendermaßen durchgeführt:

- Von jeder Probe wurden 20 mg auf der Analysenwaage in kleine Eppendorf-Reaktionsgefäße eingewogen und zu jeder Probe 300 µl einer Extraktionslösung pipettiert. Die Lösung enthielt 1 % SDS (sodium dodecylsulfate polyacrylamide) und 1 % DDT (Dichlordiphenyl-trichlorethan). Die Proben wurden gut verschlossen und am Vortex gut durchgemischt.
- Um die Enzyme in den Proben zu inaktivieren, wurde sie für 10 min bei 60 °C ins Wasserbad gestellt, und anschließend für 15 min bei 12000 rpm zentrifugiert.

Für die weitere Analyse wurde der Agilent Protein 230 Kit herangezogen, der eine Auftrennung der Proteine, mit einer Größe von 14 kDa bis 230 kDa, ermöglicht.

- 21 neue Reaktionsgefäße wurden vorbereitet, in die jeweils 2 µL des „Protein 230 Sample Buffer“ pipettiert wurden, sowie 4 µL des Überstandes nach der Zentrifugation der jeweiligen Probe.
- Eine weitere Probe wurde vorbereitet und mit 6 µL Proteinstandard (protein 230 ladder) befüllt.

- Die neuen Proben und der Proteinstandard wurden für 5 min bei 100 °C im Wasserbad erwärmt, und anschließend sofort auf Eis abgekühlt.
- Nach einer kurzen Zentrifugation (~ 30 sec. bei 3000 rpm) wurde zu jeder Probe, sowie zum Proteinstandard 84 µL bidestilliertes Wasser zugegeben und am Vortex gut durchgemischt.
- Ein Protein-Chip wurde auf der sogenannten „priming-station“ mit Hilfe einer Spritze mit der Gel-Farbstoff-Matrix befüllt.
- Danach wurden 12 µL einer Entfärbungslösung (destaining solution) in das dafür vorgesehene Well injiziert.
- Von jeder Probe und vom Proteinstandard wurden je 6 µL vorsichtig in die Wells pipettiert. Bei Entstehung von Luftblasen in den Wells, wurden diese gegebenenfalls mit einer Nadel entfernt.
- Der Protein-Chip wurde dann in den Agilent 2100 Bioanalytiker eingebracht und mit der Analyse begonnen.

Die Dauer einer Analyse betrug pro Protein-Chip 25 min. Von jeder Probe wurde von der Software des Analysengerätes ein Elutionsprofil der Proteine erstellt und konnte auch in Form eines simulierten Elektrophorese-Gels dargestellt werden.

4.2.4 Statistische Methoden

Für die statistischen Methoden wurden Mittelwertvergleiche (*Fisher's Least significant difference*) wie der *Multiple Range Test* durchgeführt, sowie multivariate Methoden, wie die Hauptkomponentenanalyse (PCA) und die Clusteranalyse. Die Analysen wurden mit Hilfe der Statistik-Software STATGRAPHICS® Centurion XV ausgeführt. Einige Graphiken wurden mit der genannten Statistik-Software erstellt, ebenso wie mit dem Microsoft® Office Programm MS Excel 2007.

4.2.4.1 Hauptkomponentenanalyse (Principal Component Analysis, PCA)

Prinzip

Die Hauptkomponenten werden definiert als ein Satz von orthogonal linearen Kombinationen von Variablen, die die größte Varianz beinhalten. Das Ziel der Hauptkomponentenanalyse ist es daher, verschiedene lineare Kombinationen von Hauptkomponenten (principal components) aus einem Satz quantitativer Variablen zu ermitteln. Eine Menge miteinander korrelierter Variablen werden in eine neue Menge unkorrelierter Variablen, den Hauptkomponenten, transformiert. Die Bestimmung solcher Hauptkomponenten wird oft verwendet, um die Dimensionalität eines Satzes von Prädiktorvariablen zu reduzieren. Wenn die Variablen großteils miteinander korrelieren, können bereits die ersten wenigen Hauptkomponenten ausreichen, um die vorhandenen Variablen zu beschreiben. Die Hauptkomponentenanalyse kann Einblick in die Struktur einer großen Datenmenge bringen, vor allem in die Korrelationsstruktur. Mit Hilfe eines Biplots, einer graphischen Darstellung der ersten beiden Hauptkomponenten, in dem sowohl die Beobachtungselemente, wie auch die Variablenvektoren zu finden sind, können verschiedene Muster und Gruppen gebildet werden. Durch die Bildung diverser Gruppen können schließlich Gemeinsamkeiten und Unterschiede zwischen den Daten festgestellt werden (**Anonym**, 2005).

Durchführung/Einstellungen

Die Erstellung der Hauptkomponentenanalyse erfolgte mit dem Statistikprogramm STATGRAPHICS® Centurion XV unter den Einstellungen *Describe* → *Multivariate Methods* → *Principal Components...* Anschließend wurden unter Verwendung der graphischen Darstellung des Biplots die weiteren Auswertungen durchgeführt.

4.2.4.2 Clusteranalyse

Prinzip

Die Clusteranalyse ist dazu bestimmt, verschiedene Beobachtungselemente oder Variablen in sogenannte Cluster zu gruppieren, basierend auf Ähnlichkeiten zwischen den jeweiligen Elementen. Eine Anzahl unterschiedlicher Algorithmen wird zur Clusterbildung bereitgestellt. Manche dieser Algorithmen sind agglomerierend und beginnen mit der Formung einzelner Cluster für jedes Beobachtungselement bzw. Variable, um dann die einzelnen Cluster, basierend auf Gemeinsamkeiten, zusammenzufassen.

Cluster sind demnach Gruppen verschiedener Beobachtungen mit ähnlichen Eigenschaften. Um Cluster zu formen, wird für jede Beobachtung eine separate Gruppe erstellt. Anschließend werden jeweils die beiden Beobachtungselemente zusammengefasst, die am nächsten beisammen sind, um eine neue Gruppe zu formen. Nachdem die Distanz zwischen zwei Gruppen errechnet wurde, werden nun die beiden Gruppen zusammengeführt, die wieder am nächsten beieinander sind. Der Vorgang wird solange wiederholt, bis schließlich nur noch ein großer Cluster verbleibt.

Die beste Möglichkeit, einen Cluster graphisch zu betrachten, stellt das Dendrogramm dar. Von links nach rechts betrachtet, zeigt das Dendrogramm die Verbindungen, die zwischen den einzelnen Beobachtungselementen gemacht wurden. Die y-Achse zeigt die Elemente, samt ihren Verbindungen, die

x-Achse gibt die durchschnittliche Distanz zwischen den Clustern an (**Anonym**, 2005).

Durchführung/Einstellungen

Die Erstellung der Cluster erfolgte ebenfalls mit der Statistik-Software STATGRAPHICS® Centurion XV unter folgenden Einstellungen: *Describe* → *Multivariate Methods* → *Cluster Analysis...* Das Dendrogramm diente schließlich als Grundlage zu weiteren Auswertungen.

5 Versuchsdurchführung

5.1 Analytische Methoden

5.1.1 Proteinbestimmung nach Kjeldahl

Zur Ermittlung des Proteingehaltes wurden die 21 Mehlfraktionen, die durch Vermahlung mit der Versuchs-Mühle der HTL LMT erhalten wurden, herangezogen. Die erhaltenen Proteinwerte wurden mit jenen aus der Proteinbestimmung nach Dumas verglichen. Weiters erfolgte ein Vergleich der einzelnen Fraktionen Hell, Mittel und Dunkel, sowie eine Vergleich nach Farbgruppen. Die Untersuchung fand am Department für Lebensmitteltechnologie der Universität für Bodenkultur statt. Jede Probe wurde im Doppelansatz bestimmt.

5.1.2 Proteinbestimmung nach Dumas

Zur Ermittlung des Proteingehaltes nach Dumas wurden zu Vergleichszwecken ebenfalls die 21 Mehlfraktionen, die durch Vermahlung mit der Versuchs-Mühle der HTL LMT erhalten wurden, herangezogen. Die Untersuchung fand am Department of Biochemistry and Food Technology an der Budapest University of Technology and Economics statt. Bei jeder Probe wurde wieder eine Doppelbestimmung durchgeführt.

5.2 Rheologische Analysen und weitere Qualitätsparameter zur Bestimmung der teigbildenden Eigenschaften

5.2.1 Ermittlung der rheologischen Eigenschaften mit dem Brabender-Farinograph

Als Untersuchungsmaterial zur Erforschung der teigbildenden und rheologischen Eigenschaften mit dem Brabender-Farinograph dienten die 21 Mehlproben aus der Vermahlung mit der Versuchs-Mühle der HTL LMT. Die Untersuchungen fanden an der HTL für Lebensmitteltechnologie und Getreidewirtschaft in Wels statt.

5.2.2 Ermittlung der rheologischen Eigenschaften mit dem Micro-Z-Arm

Zur Untersuchung der rheologischen und teigbildenden Eigenschaften mit dem Micro-Z-Arm Mixer wurden alle 39 Mehlfraktionen, die sowohl mit der Versuchs-Mühle der HTL LMT, als auch mit dem Bühler-Mahlautomaten MLU 202 vermahlen wurden, herangezogen. Für alle Nacktgerstenproben wurde eine Zweifachbestimmung durchgeführt und anschließend der Mittelwert zur weiteren Analyse verwendet.

5.2.3 Ermittlung des Sedimentationswertes von Nacktgerste-Mehlfraktionen nach Zeleny

Die Sedimentationswerte mit dem Micro-Zeleny-Tester wurden von 21 verschiedenen Mehlfraktionen, die mit der Versuchs-Mühle der HTL LMT vermahlen wurden, ermittelt. Bei jeder Probe wurde eine Doppelbestimmung durchgeführt.

5.2.4 Glutenbestimmung mit dem Glutomatic 2200 Gluten Index

Da die Glutenbestimmung mit dem Glutomatic 2200 für Weizen entwickelt wurde, und für Gerste keinerlei Daten für diese Bestimmung vorliegen, wurden Vorversuche mit einer Mehlfraction einer Nacktgerstenvarietät durchgeführt. Die Versuche erfolgten am Department für Lebensmitteltechnologie der Universität für Bodenkultur.

Das Problem bei diesen Versuchen war, dass die Anrühr- und Auswaschgefäße mit der Mehlproube während der Analyse übergingen, da vermutlich die Stärke nicht rasch genug und vollständig ausgewaschen wurde und sich dadurch die Siebeinsätze der Gefäße verklebten. Die 2 %-ige Kochsalzlösung und das restliche Mehl konnten daher nicht schnell genug durch die Siebe gedrückt werden.

Aus diesem Grund wurde mit unterschiedlichen Enzymen und Einwirkzeiten dieser versucht, die Stärke vorzeitig abzubauen und so das Übergehen der Gefäße zu verhindern.

Tab. 5 soll einen Überblick über die durchgeführten Vorversuche mit den verschiedenen Enzymmischungen Inkubationszeiten.

Tab. 5: Überblick über die durchgeführten Vorversuche zur Bestimmung des Glutengehaltes mit den unterschiedlichen Enzymmischungen und Inkubationszeiten.

	Enzymmischung	Zentrifugation	Inkubationszeit
Vorversuch 1	-	-	-
Vorversuch 2	PENTOPAN 500 BG FUNGAMYL 2500 SG	4000 rpm/15 min	-
	PENTOPAN 500 BG FUNGAMYL 2500 SG	4000 rpm/15 min	1 h
	PENTOPAN 500 BG FUNGAMYL 2500 SG	4000 rpm/15 min	2 h
	PENTOPAN 500 BG FUNGAMYL 2500 SG	4000 rpm/15 min	3 h
Vorversuch 3	FUNGAMYL 2500 SG AMG 1100 BG	4000 rpm/15 min	1 h
	FUNGAMYL 2500 SG AMG 1100 BG	4000 rpm/15 min	2 h
	FUNGAMYL 2500 SG AMG 1100 BG	4000 rpm/15 min	3 h
Vorversuch 4	FUNGAMYL 2500 SG AMG 1100 BG	4000 rpm/15 min	24 h
	FUNGAMYL 2500 SG AMG 1100 BG PENTOPAN 500 BG	4000 rpm/15 min	24 h
	FUNGAMYL 2500 SG AMG 1100 BG CELLUCLAST	4000 rpm/15 min	24 h
	FUNGAMYL 2500 SG AMG 1100 BG PENTOPAN 500 BG CELLUCLAST	4000 rpm/15 min	24 h

5.2.5 Durchführung der Lab-on-a-chip (LOC) Kapillar Elektrophorese zur Ermittlung der Proteinprofile

Die Untersuchung der Proteinprofile von 21 verschiedenen Mehlfraktion erfolgte am Department of Biochemistry and Food Technology an der Budapest University of Technology and Economics.

6 Ergebnisse und Diskussion

6.1 Ergebnisse der analytischen Versuchsdurchführungen

6.1.1 Bestimmung des Aschegehaltes

Die Ergebnisse aus der Ermittlung des Aschegehaltes von 21 gefärbten Nacktgerstegenotypen werden in Tab. 6 dargestellt. Es zeigte sich eine eindeutige Steigerung des Ascheanteils von der hellen Fraktion zur Mittleren und weiter zur Dunklen Fraktion, jeweils innerhalb einer Sorte. Die einzige Ausnahme stellte hierbei die Sorte N308 dar, bei welcher die Mittlere Fraktion einen höheren Anteil an Asche aufwies als die Dunkle Fraktion.

In Österreich gehören Mehle mit einem Aschegehalt zwischen 0,66 % und 0,79 % der Mehltypen W 700, für Weizenkoch- und backmehl, und Mehle mit einem Gehalt zwischen 1,50 % und 1,75 % der Mehltypen W 1600, für Weizenbrotmehl und Weizenvollkornmehl, sowie Weizenbackschrot, an (**Österreichisches Lebensmittelbuch, Kapitel B 20**, 2009). Vergleicht man die hier erhaltenen Aschegehalte mit jenen von Weizen, so würden die Nacktgerstenmehle diesen beiden Mehltypen entsprechen, da die Aschegehalte hier zwischen 0,77 % und 1,92 % liegen.

Tab. 6: Aschegehalt [%] von 21 gefärbten Nacktgerstegenotypen, die mit der Versuchsmühle der HTL LMT vermahlen wurden.

NG-Genotypen	Fraktion	Aschegehalt [%]
BVAL350010_HORA	H	0,97
	M	1,16
	D	1,90
LAWINA	H	0,77
	M	0,95
	D	1,73
E550	H	1,30
	M	1,61
	D	1,66
N308	H	1,21
	M	1,65
	D	1,60
BVAL358163	H	1,04
	M	1,35
	D	1,92
C661	H	1,42
	M	1,89
	D	1,92
ICARDA	H	0,95
	M	1,18
	D	1,69

Abb. 24 zeigt den Box-and-Whisker Plot der drei Fraktionen Hell, Mittel und Dunkel der gefärbten Nacktgerstensorten. Die Werte der einzelnen Nacktgerstegenotypen der jeweils zugehörigen Fraktion wurden zusammengefasst und daraus der Mittelwert berechnet. Wie vorhin schon beschrieben, wies die Helle Fraktion die niedrigsten Gehalte an Asche auf, die Mittlere Fraktion nahm die mittlere Position ein und die Dunkle Fraktion der Nacktgersten zeigte den höchsten Aschegehalt.

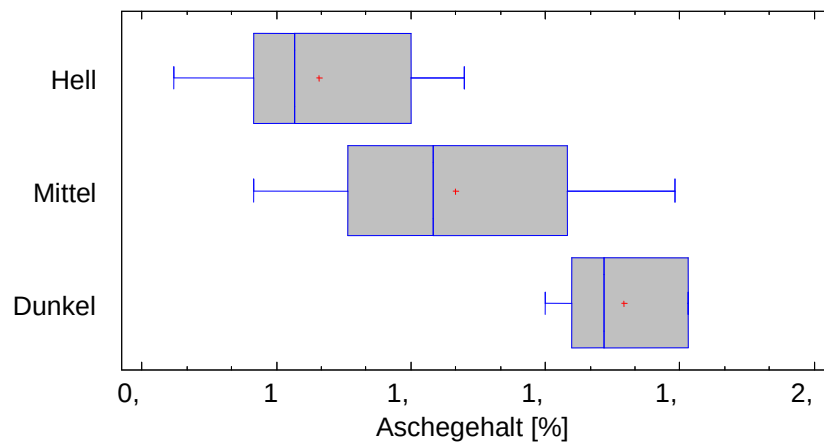


Abb. 24: Box-and-Whisker Plot der Fraktionen Hell, Mittel und Dunkel.

Ein Mittelwertvergleich (Fisher's LSD) der Aschegehalte der Nacktgersten nach Farbgruppen wird in Tab. 7 aufgezeigt und ergab keinen signifikanten Unterschied ($P=0,3604$) zwischen der gelben, blauen und schwarzen Farbgruppe, auf einem Niveau von 5 %. Eine homogene Gruppe wurde mit einem Großbuchstaben identifiziert, ebenso jede weitere homogene Gruppe. Bestand kein signifikanter Unterschied zwischen den Gruppen, waren diese mit demselben Großbuchstaben gekennzeichnet.

Tab. 7: Mittelwertvergleich des Aschegehaltes nach Farbgruppen nach Fisher's LSD (least significant difference).

Aschegehalt [%] ($p=0,05$)		
NG-Farbgruppe	MW [%]	Homogene Gruppe
NG-gelb	1,25	A
NG-blau	1,51	A
NG-schwarz	1,59	A

6.1.2 Ergebnisse aus der Bestimmung der Proteingehalte nach Kjeldahl und Dumas

Die Proteingehalte der 21 verschiedenen Mehlfraktionen gefärbter Nacktgerstengenotypen werden in Tab. 8 dargestellt. Wie bereits beim Aschegehalt ersichtlich, stieg auch hier der Proteinanteil einer jeden Sorte, unabhängig von der Farbe, von der Hellen Fraktion, über die Mittlere, bis hin zur Dunklen Fraktion an.

Tab. 8: Mittelwertvergleich [%] der Proteinwerte 21 gefärbter Nacktgerstengenotypen mit der Methode nach Kjeldahl und der Methode nach Dumas.

NG-Genotypen	Fraktion	Proteingehalt [%] nach	
		Kjeldahl	Dumas
BVAL350010_HORA	H	9,83	10,00
	M	10,13	10,55
	D	13,88	14,52
LAWINA	H	8,93	9,14
	M	10,71	10,75
	D	14,00	14,46
E550	H	10,13	10,23
	M	12,95	12,99
	D	14,87	15,36
N308	H	9,39	9,61
	M	11,07	11,18
	D	12,67	13,21
BVAL358163	H	10,59	11,03
	M	12,45	12,81
	D	15,27	15,82
C661	H	10,49	10,91
	M	12,21	12,20
	D	14,82	14,95
ICARDA	H	10,42	10,40
	M	11,57	11,43
	D	13,17	13,71

Ein Mittelwertvergleich (Fisher's LSD) der Proteingehalte der jeweiligen Fraktion einer Sorte, in Bezug auf die beiden verwendeten Bestimmungsmethoden, wurde erstellt. Dabei zeigten nur die Fraktionen M der Sorte LAWINA, die Fraktionen H und M der Sorte E550, die Fraktionen M und D der Sorte C661, sowie die beiden Fraktionen H und M der Nacktgerste ICARDA keine signifikanten

Unterschiede auf dem 5 % Niveau (Abb. 25). Alle weiteren Fraktionen wiesen deutliche Unterschiede zwischen den beiden Bestimmungsmethoden auf.

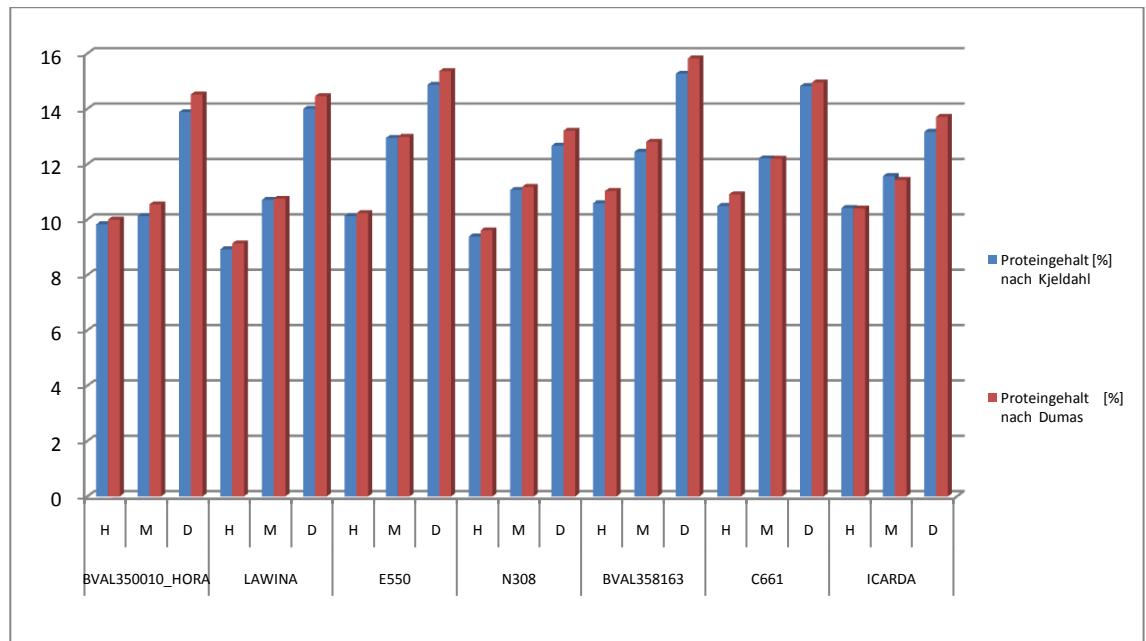


Abb. 25: Proteinwerte der 21 Mehlfraktionen gefärbter Nacktgerstengenotypen im Vergleich nach ihrer Ermittlungsmethode.

Werden die einzelnen Hellen, Mittleren und Dunklen Fraktionen einer Sorte zusammengefasst und daraus der Mittelwert berechnet, wiesen, wie zuvor beim Aschgehalt ersichtlich, die Mehle der Hellen Fraktion den niedrigsten Proteingehalt auf und die Mehle der Dunklen Fraktion zeigten den höchsten Gehalt an Proteinen. Die Mehle der Mittleren Fraktion nahmen wieder die mittlere Position ein (Tab. 9).

Ein weiterer Mittelwertvergleich (Fisher's LSD) der Proteingehalte der Nacktgersten nach Farbgruppen zeigte, dass zwischen den gelben, den blauen und den schwarzen Sorten keine signifikanten Unterschiede, auf einem Niveau von 5 %, zu verzeichnen waren (Tab. 9). Die schwarze Farbgruppe wies dabei den höchsten Gehalt an Proteinen auf, gefolgt von der blauen; die gelbe Farbgruppe hatte den geringsten Proteingehalt.

Tab. 9: Proteingehalte der drei Sorten Hell, Mittel und Dunkel (links), Gehalte an Protein einer Farbgruppe der Nacktgersten (rechts).

Fraktion		Proteingehalt [%] (p= 0,05)		
	MW [%]	NG-Farbgruppe	MW [%]	Homogene Gruppe
Hell	10,08			
Mittel	11,64			
Dunkel	14,34			
		NG-gelb	11,25	A
		NG-blau	11,85	A
		NG-schwarz	12,11	A

Der Mittelwertvergleich der gelben, blauen und schwarzen Nacktgersten nach den Fraktionen Hell, Mittel und Dunkel wird in Tab. 10 dargestellt. Wie in den vorangegangenen Vergleichen zeigten auch hier die gelben Farbgruppen der jeweiligen Fraktionen die niedrigsten Proteinwerte, die blauen Nacktgersten die zweithöchsten und die Gruppe von schwarzen Nacktgersten den höchsten Proteingehalt. Mit Ausnahme der Hellen Fraktion waren bei den gelben, blauen und schwarzen Sorten innerhalb der Fraktion keine signifikanten Unterschiede festzustellen.

Tab. 10: Mittelwertvergleich der Proteingehalte der Farbgruppen gelb, blau und schwarz unterteilt nach der Hellen, Mittleren und Dunklen Fraktion.

Proteingehalte [%] (p= 0,05)								
Helle Fraktion			Mittlere Fraktion			Dunkle Fraktion		
NG-Farbgruppe	MW [%]	Homogene Gruppe	NG-Farbgruppe	MW [%]	Homogene Gruppe	NG-Farbgruppe	MW [%]	Homogene Gruppe
NG-gelb	9,48	A	NG-gelb	10,54	A	NG-gelb	14,03	A
NG-blau	9,84	AB	NG-blau	12,05	A	NG-blau	14,22	A
NG-schwarz	10,64	B	NG-schwarz	12,11	A	NG-schwarz	14,63	A

6.2 Ergebnisse der Untersuchungen zur Bestimmung der rheologischen Eigenschaften

6.2.1 Micro-Z-Arm

Mit dem Micro-Z-Arm wurden alle 45 Mehlfraktionen der 18 unterschiedlich gefärbten Nacktgerstengenotypen zur Untersuchung herangezogen. Es konnte mit allen 45 Proben ein Teig mit dem Micro-Z-Arm gebildet, und somit ein Farinogramm aufgezeichnet werden.

6.2.1.1 Wasserabsorption

Tab. 11 zeigt den prozentuellen Feuchtegehalt der Mehlfraktionen, sowie die Wasserabsorption jeder einzelnen der 45 verschiedenen Mehlproben.

Tab. 11: Feuchtegehalte [%] der 45 Nacktgersten-Mehlproben, sowie deren Wasserabsorption [%] bei der rheologischen Untersuchung mit dem Micro-Z-Arm.

NG_Genotyp	Fraktion	Feuchte [%]	Wasserabsorption [%]
BVAL350010_HORA	H	12,63	54
	M	12,59	56
	D	12,01	72
	Bühler09	11,64	59
	Bühler08	12,69	50
BVAL350017_TAIGA	Bühler08	11,10	54
BVAL358117	Bühler08	12,33	55
BVAL358163	Bühler09	12,19	60
	Bühler08	11,32	54
	H	13,44	58
	M	13,07	67
	D	12,96	80
C651	Bühler09	12,40	63
C661	H	8,72	60
	M	9,19	69
	D	8,25	80
	Bühler09	11,21	64
	Bühler08	12,44	55
DIGERSANO	Bühler09	11,94	60
E360	Bühler08	11,90	55
E550	H	12,05	61
	M	11,84	71
	D	11,63	83
	Bühler09	11,44	60
	Bühler08	11,60	52
E632	Bühler09	11,87	58
HB803	Bühler09	11,80	62
HOR2593	Bühler09	11,96	66
HOR4024	H	9,20	57
ICARDA	M	9,13	68
	D	9,00	75
	Bühler09	11,78	64
	Bühler08	10,63	56
	H	13,48	55
LAWINA	M	13,16	55
	D	12,53	68
	Bühler09	12,34	58
	Bühler08	12,50	54
	Bühler09	12,05	63
N023	H	8,45	56
N308	M	8,84	65
	D	8,35	78
	Bühler09	12,34	60
	Bühler08	10,83	59
	Bühler08	12,22	64

Die Wasserabsorption war bei den schwarzen, blauen und violetten Sorten mit einem Durchschnittswert von rund 64% gleich, nur die gelben Sorten hatten mit einer Wasserabsorption von 58% einen etwas niedrigeren Wert. Den kleinsten zeigte dabei die Sorte BVAL350010_HORA aus dem Erntejahr 2008 mit nur 50,0 %. Mit einer Wasserabsorption von 72 % von BVAL350010_HORA D und 68 % von LAWINA D waren zwei Ausreißer bei den gelben Sorten zu verzeichnen. In der blauen Gruppe war die größte Streuung zu verzeichnen. Hier lag der niedrigste Wert bei 52,0 % und der höchste bei 83,0 % der Sorte E550 D, die zugleich die höchste Wasserabsorption aller der 45 untersuchten Nacktgerstensorten aufwies.

Der folgende Box-and-Whisker Plot (Abb. 26) zeigt die durchschnittliche prozentuelle Wasserabsorption der vier Farbgruppen von Nacktgerstensorten.

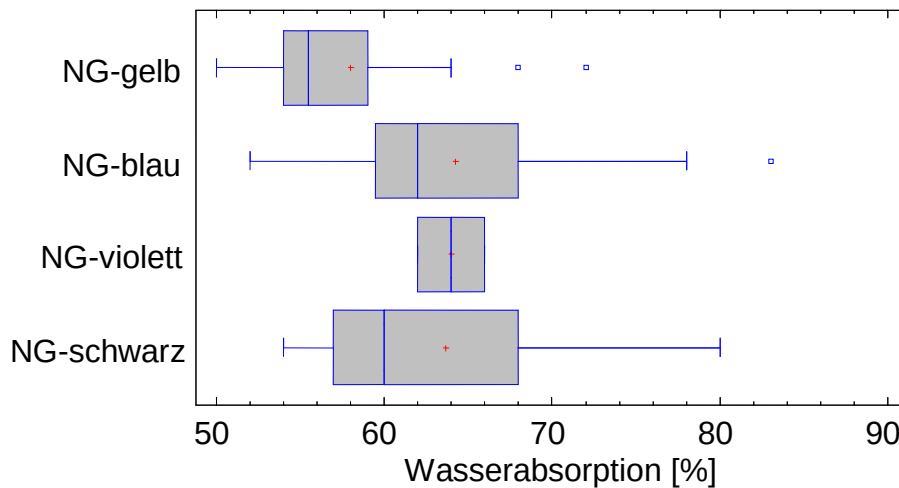


Abb. 26: Die durchschnittliche Wasserabsorption [%] der verschiedenen Nacktgersten-Genotypen unterteilt nach Farbgruppen.

Ein Mittelwertvergleich (Fisher's LSD) der Wasserabsorptionen der Nacktgersten nach Farbgruppen zeigt, dass zwischen den gelben, schwarzen und violetten Sorten, sowie zwischen den schwarzen, violetten und blauen Sorten keine signifikanten Unterschiede festzustellen waren. Nur die gelbe und blaue Gruppe von Nacktgersten unterschied sich signifikant, auf einem Niveau von 5 %, voneinander (Tab. 12).

Tab. 12: Mittelwertvergleich der Wasserabsorption nach Nacktgerste-Farbgruppen.

Wasserabsorption [%] (p= 0,05)		
NG-Farbgruppe	MW [%]	Homogene Gruppe
NG-gelb	58,00	A
NG-blau	64,25	B
NG-violett	64,00	AB
NG-schwarz	63,65	AB

Ein Mittelwertvergleich der 21 Mehle, die mit der Versuchs-Mühle der HTL LMT vermahlenen wurden, wird in Tab. 13 gezeigt. Verglichen wurden die Farbgruppen gelb, blau und schwarz nach den Fraktionen Hell, Mittel und Dunkel. Die gelben Nacktgersten zeigten die niedrigsten Wasserabsorptionen der jeweiligen Fraktionen. Nur innerhalb der Hellen Fraktion waren keine signifikanten Unterschiede zwischen den Farbgruppen zu erkennen. Bei der Mittleren und Dunklen Fraktion war jeweils zwischen der gelben und blauen, sowie zwischen der gelben und schwarzen Farbgruppe ein signifikanter Unterschied festzustellen.

Tab. 13: Mittelwertvergleich der Wasserabsorption der Farbgruppen gelb, blau und schwarz unterteilt nach der Hellen, Mittleren und Dunklen Fraktion.

Wasserabsorption [%] (p= 0,05)								
Helle Fraktion			Mittlere Fraktion			Dunkle Fraktion		
NG-Farbgruppe	MW [%]	Homogene Gruppe	NG-Farbgruppe	MW [%]	Homogene Gruppe	NG-Farbgruppe	MW [%]	Homogene Gruppe
NG-gelb	54,5	A	NG-gelb	55,5	A	NG-gelb	70,0	A
NG-blau	58,3	A	NG-blau	68,0	B	NG-blau	78,3	B
NG-schwarz	58,5	A	NG-schwarz	68,0	B	NG-schwarz	80,5	B

6.2.1.2 Auswertung der Micro-Z-Arm Mixer Farinogramme

Ergebnisse der Hauptkomponentenanalyse (PCA)

Die *Principal Component Analysis* (PCA) ergab zwei Hauptkomponenten mit einem Eigenwert > 1 (Tab. 14), welche 54,07 % und 23,45 % der Gesamtvariation erklärten. Zusammen wurden durch diese ersten beiden Hauptkomponenten bereits 77,52 % der Gesamtvariation erklärt.

Tab. 14: Hauptkomponentenanalyse (PCA) 45 gefärbter Nacktgerstenvarietäten.

Principal Component	Eigenvalue	Varianz [%]	kumulierte Varianz [%]
PC1	4,32542	54,068	54,068
PC2	1,87621	23,453	77,520
PC3	0,596466	7,456	84,976
PC4	0,446898	5,586	90,562
PC5	0,333326	4,167	94,729
PC6	0,216439	2,705	97,434
PC7	0,150428	1,880	99,315
PC8	0,0548144	0,685	100,000

PC1 und PC2 erklärten zusammen 77,52 % der Gesamtvarianz. Im Biplot (Abb. 27) wurden die acht Variablen als Vektoren und die Beobachtungselemente (hier die Nacktgerstengenotypen) durch farbige Kästchen wiedergegeben. Aus dem Winkel, den zwei Vektoren der Variablen miteinander bildeten, konnte auf die Korrelation zwischen den betreffenden Nacktgerstensorten geschlossen werden. So bildeten beispielsweise die beiden Variablen BBqza und TEWI beinahe genau einen Winkel von 90° , was bedeutete, dass die beiden Variablen unkorreliert waren. Wenn zwischen zwei Variablen ein Winkel von 180° vorlag, wie es in etwa zwischen TE und QZA der Fall war, lag eine negative Korrelation vor. Ein größerer Winkel bedeutete demnach, dass die Kurve schneller um 50 VU abfiel und daher auch die Qualitätszahl niedriger ausfiel. Eine positive Korrelation lag vor, wenn die Variablenvektoren in dieselbe Richtung wiesen und einen kleineren Winkel als 90° einschlossen. Ein Winkel von 0° würde demnach eine perfekte positive Korrelation bedeuten.

Wie man aus dem Biplot erkennen konnte, waren die Variablen Teigstabilität (TSTA), Teigentwicklung (TEWI) und Qualitätszahl (QZA) positiv miteinander korreliert. Weitere positive Korrelationen bestanden zwischen den beiden Variablen Teigerweichung (TE) und Winkel (WK), sowie zwischen den drei Variablen der Bandbreite BBmax, BBqza und BB10.

Je näher zwei Beobachtungselemente (zwei Nacktgerstengenotypen) im Biplot beieinander lagen, desto ähnlicher waren sich diese beiden Elemente in ihren Eigenschaften und Merkmalen. Wie stark die Eigenschaften eines Beobachtungselementes durch die jeweiligen Variablen geprägt wurden, konnte aus der relativen Lage des Beobachtungselementes zu den Variablenvektoren geschlossen werden. Lag ein Nacktgerstenelement in der Richtung zum Variablenvektor, dann war es hinsichtlich dieser Variable überdurchschnittlich ausgeprägt, lag es allerdings in entgegengesetzter Richtung zum Variablenvektor, so war es unterdurchschnittlich ausgeprägt.

Im folgenden Biplot (Abb. 27) konnten die untersuchten Nacktgerstensorten in vier Gruppen unterteilt werden:

- **Gruppe 1** beinhaltete die Sorten HORH, HORM, HOR09, HOR25, BVAL358117, E36008, LAWH, LAWM und N308D, welche eher eine mittlere Position zwischen den beiden Variablen TE und WK und den drei Variablen TEWI, TSTA und QZA einnahmen. Dies bedeutete, dass sie weder eine ausgezeichnet gute Teigstabilität besaßen, noch eine zu hohe Teigerweichung. Den mengenmäßig größten Anteil in dieser Gruppe bildeten jene Sorten die mit der Versuchs-Mühle der HTL LMT vermahlen wurden.
- **Gruppe 2** enthielt die Nacktgerstensorten HORD, HOR40, BVM, BVD, BV09, C661M, C661D, E550M, E550D, ICAM, ICAD, LAWD, LAW09 sowie die Sorte N308M. Diese Gruppe zeigte eine negative Korrelation bezüglich der drei Parameter der Bandbreite BBmax, BBqza und BB10. Dafür zeichnete sich der Großteil der Gruppe durch eine relativ gute Teigentwicklung, Teigstabilität und Qualitätszahl aus. Die mit Abstand

besten Eigenschaften zeigte hierbei die Sorte LAW09. 11 der 14 in dieser Gruppe enthaltenen Nacktgersten entstammten aus der Vermahlung mit der Versuchs-Mühle der HTL LMT, bei welchen außerdem nur die jeweils Mittleren und Dunklen Fraktionen vorzufinden waren. Bezogen auf die Farbe waren sowohl gelbe, blaue als auch schwarze Vertreter zu finden.

- **Gruppe 3** umfasste nur eine einzige Nacktgerstensorte, HOR08. Sie zeigte hier die mit Abstand besten Eigenschaften bezogen auf Teigentwicklung, Teigstabilität und Qualitätszahl und hatte zugleich kaum eine Teigerweichung und einen Winkel zu verzeichnen.
- **Gruppe 4** beinhaltete die restlichen 21 Beobachtungselemente. Diese Gruppe war am weitesten von den für gute rheologische und teigbildende Eigenschaften verantwortlichen Parametern, nämlich der Teigentwicklung (TEWI), Teigstabilität (TSTA) und der Qualitätszahl (QZA), entfernt. Stattdessen zeigten sie eine hohe Teigerweichung und Winkel. Mengemäßig waren in dieser Gruppe Sorten aus beiden Erntejahren, 2008 und 2009, vertreten, im Gegensatz zu den anderen Gruppen, bei welchen die Mehle vorwiegend aus nur einem Erntejahr stammten. Bei Mehlen aus der Vermahlung mit der Versuchs-Mühle der HTL LMT waren ausschließlich Helle Fraktionen vorzufinden und hier wiederum nur blaue und schwarze Sorten.

Der Biplot (Abb. 27) enthält die Sorten HORH=BVAL350010 HORA H, HORM=HORA M, HORD=HORA D, HOR09=HORA Ernte09, HOR08=HORA Ernte08, TAI=BVAL350017 TAIGA, BVAL358117, BV09=BVAL358163 Ernte09, BV08=BVAL358163 Ernte08, BVH=BVAL358163 H, BVM=BVAL358163 M, BVD=BVAL358163 D, C651, C661H, C661M, C661D, C66109=C661 Ernte09, DIG=DIGERSANO, E36009=E360 Ernte09, E36008=E360 Ernte08, E550H, E550M, E550D, E55009=E550 Ernte09, E632, HB803, HOR25=HOR2593, HOR40=HOR4024, ICAH=ICARDA H, ICAM=ICARDA M, ICAD=ICARDA D, ICA09=ICARDA Ernte09, ICA08=ICARDA Ernte08, LAWH=LAWINA H, LAWM=LAWINA M, LAWD=LAWINA D, LAW09=LAWINA Ernte09,

LAW08=LAWINA Ernte09, N023, N308H, N308M, N308D, N30809=N308 Ernte09, N30808=N308 Ernte08, WASH=WASHONUBET). Die Schriftfarbe entspricht der jeweiligen Kornfarbe der Nacktgerstengenotypen, die acht Variablen (TEWI=Teigentwicklungszeit, TSTA=Teigstabilität, QZA=Qualitätszahl, TE=Teigerweichung, BBmax=Bandbreite beim Kurvenmaximum, BBqza=Bandbreite bei der Qualitätszahl, BB10=Bandbreite nach 10 Minuten, WK=Winkel) werden in Form von Vektoren dargestellt. Die **rot** gefärbten Kästchen bezeichnen jene Sorten aus dem Erntejahr 2008, die **orange** gefärbten Kästchen jene Sorten aus dem Erntejahr 2009, beide vermahlen mit dem Bühler-Mahlautomaten MLU 202, und die **grünen** Kästchen entsprechen jenen Sorten, die mit der Versuchs-Mühle der HTL LMT vermahlen und 2009 geerntet wurden.

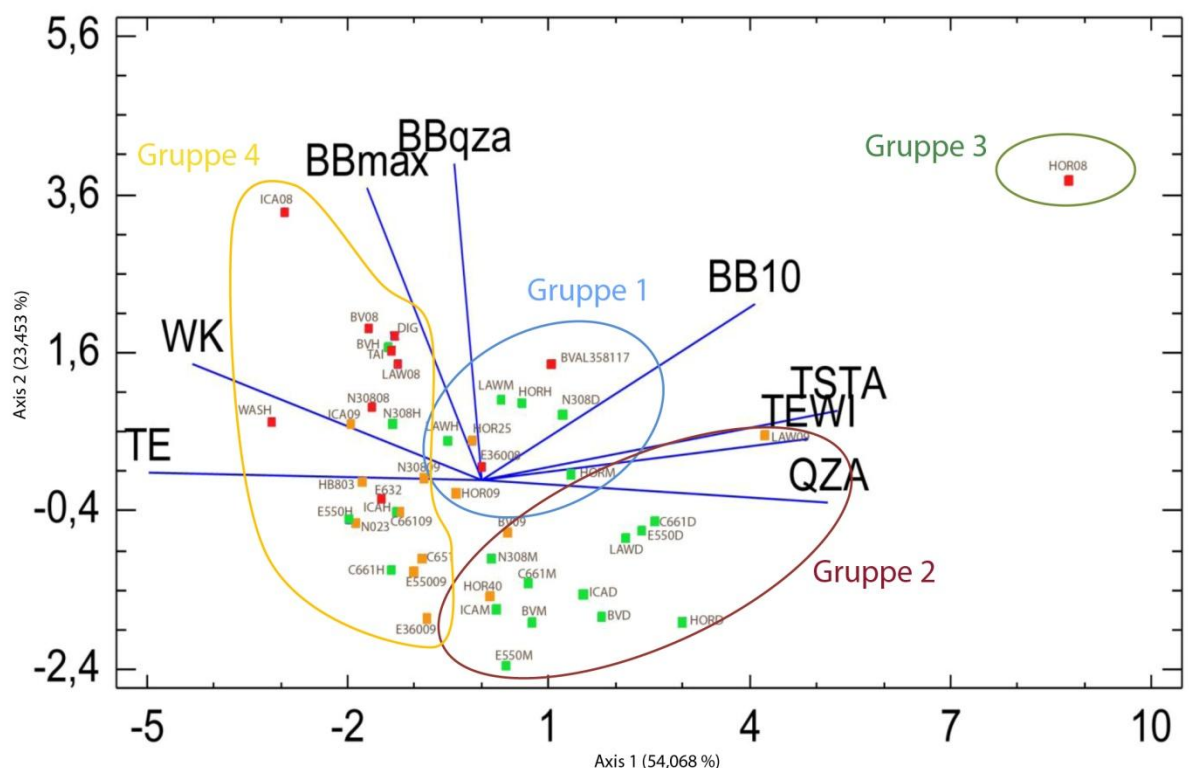


Abb. 27: Biplot der beiden Hauptkomponenten PC1 (Axis 1) und PC2 (Axis 2) der Hauptkomponentenanalyse 45 gefärbter Nacktgerstenvarietäten.

Ergebnisse der Clusteranalyse

Die Clusteranalyse wurde von 45 Mehlfraktionen gefärbter Nacktgerstengenotypen durchgeführt und beruhte auf den Ergebnissen der ersten beiden Hauptkomponenten der zuvor erstellten Hauptkomponentenanalyse. Aus dieser Clusteranalyse ließen sich vier große Gruppen von Cluster identifizieren. Abb. 28 zeigt das Dendrogramm der Clusteranalyse. Die einzelnen Gruppen wurden durch farbige Klammern angegeben.

Die einzelnen Cluster entsprachen den jeweiligen Gruppen der Hauptkomponentenanalyse. **Cluster 1** bildete mit **Cluster 2** eine gemeinsame große Gruppe. **Cluster 3** bestand aus nur einer Nacktgerstensorte und **Cluster 4** bildete alleine eine große Gruppe.

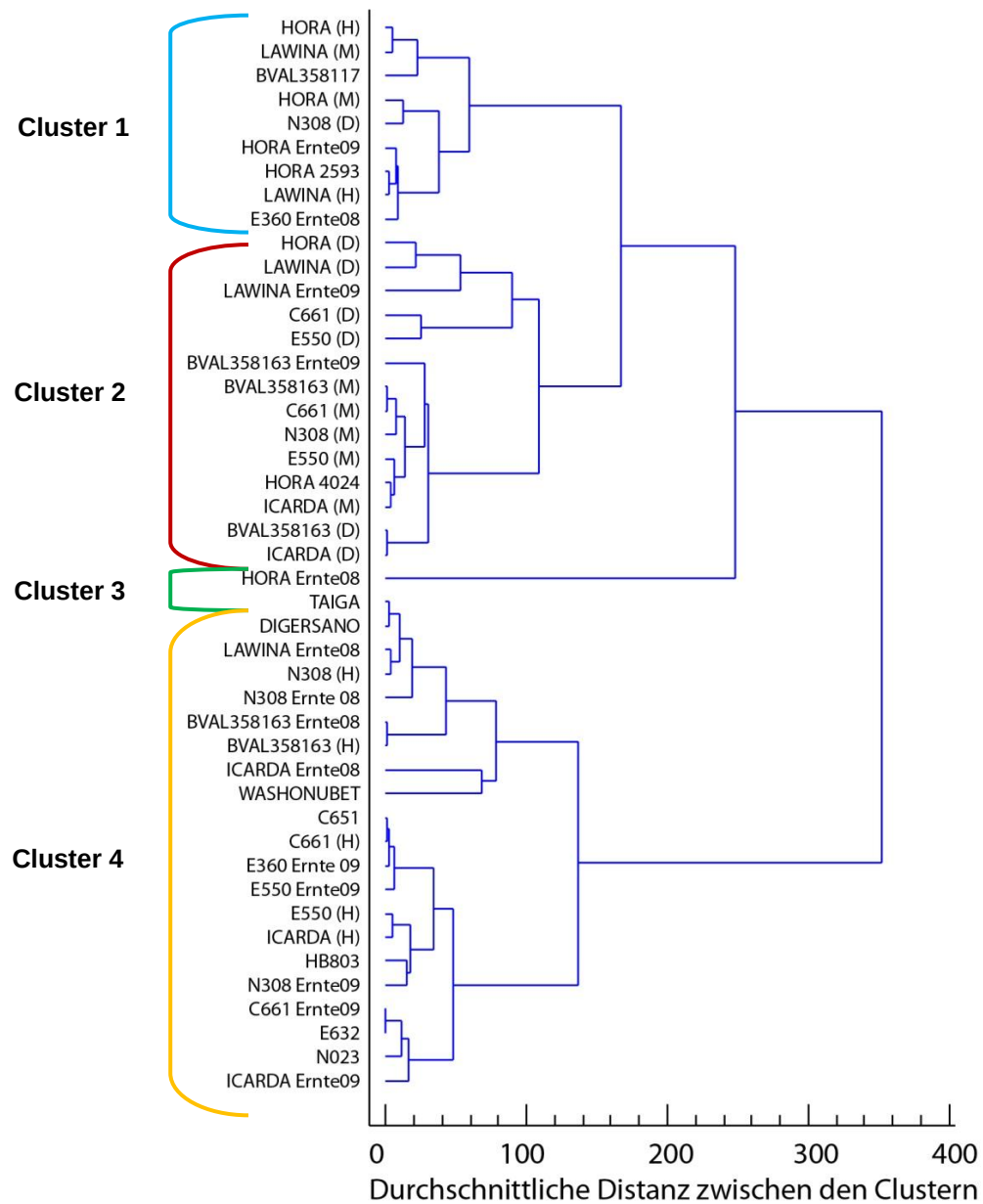


Abb. 28: Dendrogramm der Clusteranalyse, welches auf den ersten beiden Hauptkomponenten der Hauptkomponentenanalyse beruht. Die farbigen Klammern teilen die Nacktgerstensorten den jeweiligen Gruppen aus der Hauptkomponentenanalyse zu.

6.2.2 Vergleich Micro-Z-Arm/Brabender-Farinograph

Wasserabsorption

Zu diesem Vergleich wurden die 21 Mehlfraktionen verwendet, die durch Vermahlung mit der Versuchs-Mühle gewonnen wurden, da mit dem Brabender-Farinograph nur diese 21 Mehlproben analysiert wurden. Tab. 15 zeigt die Wasserabsorptionen [%] der verschiedenen Nacktgerstengenotypen und ihrer Fraktionen, die mit dem Micro-Z-Arm und dem Brabender-Farinograph gemessen wurden im Vergleich.

Tab. 15: Vergleich der prozentuellen Wasserabsorption der Nacktgerstengenotypen und der daraus gewonnenen Mehlfraktionen mit dem Micro-Z-Arm und dem Brabender-Farinograph.

NG-Genotyp	Fraktion	Wasserabsorption [%]	
		Micro-Z-Arm	Brabender Farinograph
BVAL350010_HORA	H	54	55
	M	56	57
	D	72	69
BVAL358163	H	58	61
	M	67	68
	D	80	77
C661	H	60	63
	M	69	68
	D	80	81
E550	H	61	62
	M	71	68
	D	83	79
ICARDA	H	57	61
	M	68	69
	D	75	78
LAWINA	H	55	57
	M	55	59
	D	68	65
N308	H	56	59
	M	65	64
	D	78	78

Ein Mittelwertvergleich (Fisher´s LSD) der Wasserabsorptionen erbrachte bei allen 21 Mehlfraktionen einen signifikanten Unterschied, wobei der Unterschied durch die Grenzdifferenz bei einer Risikowahrscheinlich auf einem Niveau von 5 % festgelegt wird.

Da beim Brabender-Farinographen die Einwaage allerdings nicht auf die Feuchte der einzelnen Mehlproben abgestimmt wurde, wurde die Wasserabsorption entsprechend einer korrigierten Einwaage verändert. Tab. 16 zeigt den Vergleich der Wasserabsorptionen beim Micro-Z-Arm und der korrigierten Werte der Wasserabsorption beim Brabender Farinographen. Das Ergebnis zeigte allerdings kaum eine Verbesserung. Bei lediglich vier Nacktgerstensorten waren keine signifikanten Unterschiede mehr zu erkennen. Bei allen weiteren Sorten kam es zu keiner signifikant positiven Annäherung bezüglich der Wasserabsorption, bei einigen verschlechterte sich das Verhältnis der Wasserabsorption sogar deutlich.

Tab. 16: Vergleich der Wasserabsorption der mit dem Micro-Z-Arm ermittelten Werte und der korrigierten Werte des Brabender Farinographen.

NG-Genotyp	Fraktion	Wasserabsorption [%]	
		Micro-Z-Arm	Brabender Farinograph korrigiert
BVAL350010_HORA	H	54	55
	M	56	56
	D	72	70
BVAL358163	H	58	61
	M	67	67
	D	80	76
C661	H	60	59
	M	69	64
	D	80	73
E550	H	61	61
	M	71	66
	D	83	77
ICARDA	H	57	58
	M	68	65
	D	75	74
LAWINA	H	55	57
	M	55	59
	D	68	64
N308	H	56	56
	M	65	60
	D	78	59

Qualitätsparameter

Anschließend wurde ein Mittelwertvergleich, nach Fisher's LSD, der Daten, die aus dem Micro-Z-Arm erhalten wurden, und jenen aus dem Brabender-Farinograph, durchgeführt. Dabei wurden jeweils die beiden zusammengehöri-

gen Fraktionen einer Nacktgerstensorte hinsichtlich der Parameter VUmax, Teigentwicklungszeit (TEWI), Teigerweichung (TE), Stabilität, Farinogramm-Qualitätszahl (FQZA), der Bandbreiten bei VUmax, FQZA und nach 10 min, sowie der Winkel verglichen.

Tab. 17 zeigt die Vergleiche des Micro-Z-Arms mit dem Brabender Farinographen. Die mit einem „x“ gekennzeichneten Stellen zeigen einen signifikanten Unterschied der erhaltenen Daten zwischen den beiden Analyseverfahren an, wobei die Unterschiede durch die Grenzdifferenz (GD_{5%}) bei einer Risikowahrscheinlichkeit auf einem 5 % Niveau festgelegt werden.

Tab. 17: Vergleich der ausgewerteten Daten, die durch Analyse mit dem Micro-Z-Arm erhalten wurden, mit jenen durch den Brabender Farinographen.

Vergleich Micro-Z-Arm/Brabender Farinograph												
BVAL350010_HORA				BVAL358163			C661			E550		
gemessener Parameter	H	M	D	H	M	D	H	M	D	H	M	D
Vumax		x	x					x	x		x	x
TEWI	x								x			x
TE	x			x	x		x			x	x	x
Stabiliät		x	x		x	x			x			x
FQZA		x	x	x	x	x	x		x	x	x	x
BBmax	x			x			x			x		
BBQza			x	x		x	x			x	x	
BB10			x	x	x	x				x	x	x
Winkel			x	x		x			x			x

ICARDA										LAWINA			N308		
gemessener Parameter	H	M	D	H	M	D	H	M	D	H	M	D			
Vumax	x	x	x	x		x									
TEWI		x		x	x	x									
TE				x	x				x						
Stabilität			x		x	x		x							
FQZA					x	x		x							
BBmax					x		x			x					
BBQza							x				x				
BB10		x				x					x				
Winkel						x		x							

6.2.3 Brabender-Farinograph

Ergebnisse der Hauptkomponentenanalyse (PCA)

Die Hauptkomponentenanalyse der 21 gefärbten Nacktgerstegenotypen, welche mit der Versuchs-Mühle der HTL LMT vermahlen wurden, ergab zwei Hauptkomponenten mit einem Eigenwert > 1 (Tab. 18). Diese erklärten 38,40 % und 26,69 % der Gesamtvariation. Zusammen wurden durch diese ersten beiden Hauptkomponenten bereits 65,10 % der Gesamtvariation erklärt.

Tab. 18: Hauptkomponentenanalyse (PCA) der 21 gefärbten Nacktgerstenvarietäten aus der Vermahlung der Versuchs-Mühle der HTL LMT.

Principal Component	Eigenvalue	Varianz [%]	kumulierte Varianz [%]
PC1	3,07228	38,403	38,403
PC2	2,13587	26,698	65,102
PC3	0,830043	10,376	75,477
PC4	0,665644	8,321	83,798
PC5	0,583791	7,297	91,095
PC6	0,462672	5,783	96,879
PC7	0,161516	2,019	98,898
PC8	0,0881914	1,102	100,000

Im nachfolgenden Biplot (Abb. 29) wurden die acht Variablen als Vektoren und die Beobachtungselemente, die Nacktgerstengenotypen, durch farbige Kästchen wiedergegeben.

In diesem Biplot (Abb. 29) war zu erkennen, dass, wie im vorangegangenen Biplot (Abb. 27), die beiden Variablen TE und QZA beinahe einen Winkel von 180° ausmachten und daher negativ korreliert waren. Eine positive Korrelation war hingegen zwischen den zwei Variablen QZA und TSTA zu finden, ebenso zwischen den drei Variablen der Bandbreite BBmax, BBqza und BB10. Die beiden Vektorvariablen TE und WK waren ebenfalls positiv zueinander korreliert. Die Variable TEWI nahm eine einsame Position ein.

Im nachstehenden Biplot (Abb. 29) konnten die 21 untersuchten Nacktgerstensorten in fünf Gruppen unterteilt werden.

- **Gruppe 1** beinhaltete die H und M Fraktion der gelben Sorte HORA, die M Fraktion der schwarzen Sorte C661, die M und D Fraktion der blauen Sorte E550, die D Fraktion der schwarzen Sorte BVAL358163, M und D Fraktion der schwarzen Sorte ICARDA und die H Fraktion der gelben Sorte LAWINA. Diese Sorten befanden sich im Mittelfeld, zeichneten sich also durch eine mäßige Teigstabilität (TSTA) und Qualitätszahl (QZA) aus, allerdings wiesen sie auch eine geringe Teigerweichung (TE) und Winkel (WK) auf. In dieser Gruppe befanden sich Vertreter aller Farbgruppen der vorwiegend Mittleren und Dunklen Fraktionen, nur die beiden gelben Sorten wiesen auch Helle Fraktionen auf.
- In **Gruppe 2** befanden sich die Sorten BVAL358163 H und M, C661 H, E550 H und die Sorte LAWINA M. In dieser Gruppe waren ebenfalls alle Farbgruppen vorhanden, jedoch waren hier keine Dunklen Fraktionen vorhanden. Die gelbe Sorte LAWINA M wies hierbei eine ausgesprochen gute Qualitätszahl und Teigstabilität auf, die Teigentwicklungszeit war bei allen Vertretern als sehr gering zu beurteilen.
- **Gruppe 3** enthielt die blaue Sorte N308 mit der H und M Mehlfraktion, sowie die schwarze Nacktgerstensorte ICARDA H. Diese drei Vertreter zeigten eine geringe Teigstabilität und Qualitätszahl, aber eine hohe Teigerweichung und einen großen Winkel, was jedoch in Bezug auf gute rheologische Eigenschaften als negativ zu bewerten war.
- In **Gruppe 4** waren die beiden gelben Sorten HORA D und LAWINA D und die schwarze Sorte C661 D zu finden. Somit bestand diese Gruppe ausschließlich aus Dunklen Mehlen, welche hohe Werte bei den Bandbreiten BBmax, BBqza und BB10 aufwiesen, jedoch eine sehr kurze Teigentwicklungszeit und Qualitätszahl zeigten.
- **Gruppe 5** wies mit der blauen Sorte N308 D einen einzigen Vertreter auf. Dieser zeigte, verglichen mit allen anderen gefärbten Nacktgerstensorten, die beste Teigentwicklungszeit, Qualitätszahl, sowie eine geringe Teigerweichung und einen kleinen Winkel.

Im Biplot (Abb. 29) sind die Mitglieder einer Farbgruppe durch die jeweilige Schriftfarbe gekennzeichnet, die hell-, mittel- und dunkelbraun gefärbten Kästchen entsprechen den jeweiligen Fraktionen Hell, Mittel und Dunkel aus der Vermahlung mit der Versuchs-Mühle der HTL LMT. Die acht Variablen (TEWI=Teigentwicklungszeit, TSTA=Teigstabilität, QZA=Qualitätszahl, TE=Teigerweichung, BBmax=Bandbreite beim Kurvenmaximum, BBqza=Bandbreite bei der Qualitätszahl, BB10=Bandbreite nach 10 Minuten, WK=Winkel) werden in Form von Vektoren dargestellt.

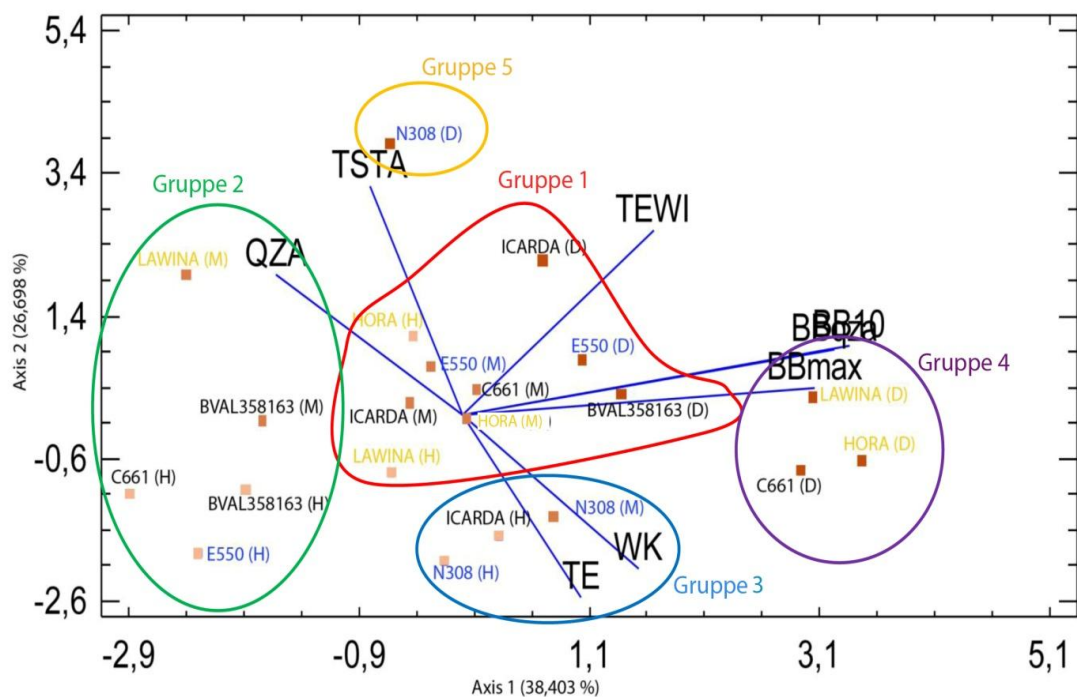


Abb. 29: Biplot der beiden Hauptkomponenten PC1 (Axis 1) und PC2 (Axis 2) der Hauptkomponentenanalyse der 21 gefärbten Nacktgersten.

Ergebnisse der Clusteranalyse

Aus der Clusteranalyse ließen sich für die 21 zur Untersuchung herangezogenen Mehlfractionen fünf große Gruppen (Cluster) identifizieren. Die Clusteranalyse beruhte auf den Ergebnissen der Hauptkomponentenanalyse. Die nachfolgende Abb. 30 zeigt das Dendrogramm der Clusteranalyse, welche auf

der zuvor durchgeführten Hauptkomponentenanalyse basiert. Die einzelnen Gruppen wurden durch farbige Klammern angegeben.

Die einzelnen Cluster entsprachen den jeweiligen Gruppen bei der Hauptkomponentenanalyse. Nur **Cluster 4** und **Cluster 5** bildeten eine eigenständige Gruppe, **Cluster 1** bildete mit **Cluster 2**, sowie **Cluster 2** mit **Cluster 3**, eine gemeinsame Gruppe.

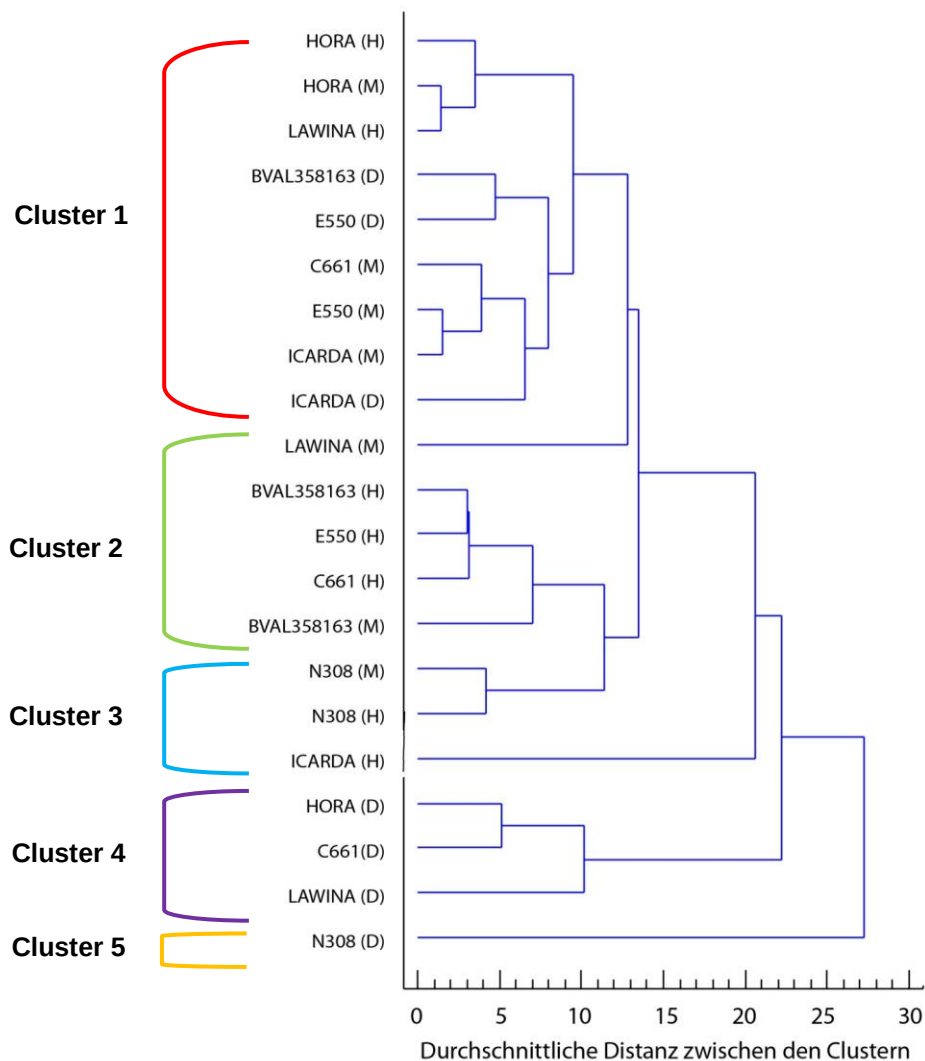


Abb. 30: Dendrogramm der Clusteranalyse, welches auf den ersten beiden Hauptkomponenten der Hauptkomponentenanalyse beruht. Die farbigen Klammern teilen die Nacktgerstensorten den jeweiligen Gruppen aus der Hauptkomponentenanalyse zu.

6.2.4 Sedimentationstest nach Zeleny

Tab. 19 zeigt die Mittelwerte der Sedimentationswerte aus den Doppelbestimmungen für jede der 21 verschiedenen Nacktgerstenmehlfraktionen.

Tab. 19: Sedimentationswerte nach Zeleny der 21 Mehlfraktionen gefärbter Nacktgerstengenotypen.

NG-Genotypen	Fraktion	Sedimentationswert [ml]
BVAL350010_HORA	H	1,18
	M	1,30
	D	2,76
LAWINA	H	1,18
	M	1,18
	D	4,75
E550	H	1,90
	M	1,85
	D	2,52
N308	H	1,92
	M	2,21
	D	2,39
BVAL358163	H	1,80
	M	2,01
	D	6,56
C661	H	2,21
	M	1,63
	D	2,57
ICARDA	H	1,82
	M	1,66
	D	2,15

Abb. 31 zeigt die Verteilung der Mittelwerte innerhalb einer Nacktgersten-Farbgruppe. Die gelben Nacktgerstenfraktionen zeigten dabei die größte Schwankungsbreite innerhalb dieser Farbgruppe.

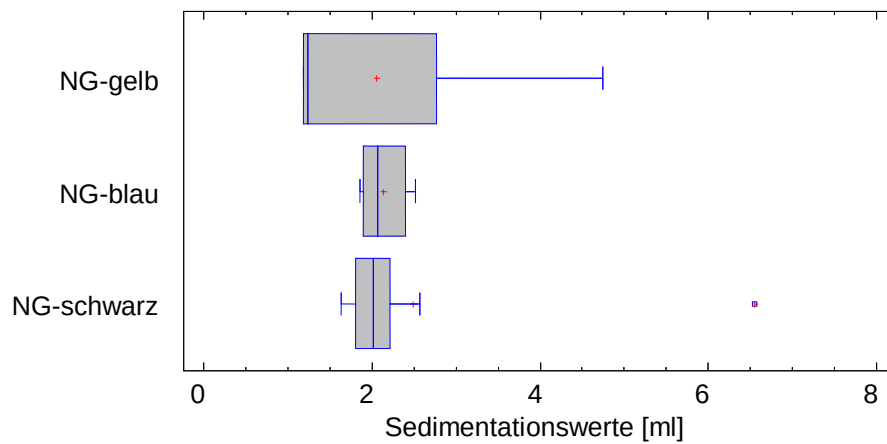


Abb. 31: Verteilung der Mittelwerte nach Farbgruppen der Nacktgerste-Genotypen.

Ein Vergleich der Gruppenmittelwerte der Sedimentationswerte nach Zeleny zeigte, dass die Mittelwerte keiner der drei Farbgruppen signifikant voneinander abweichen (Fisher's LSD, $p = 0,05$) (Tab. 20).

Tab. 20: Mittelwertvergleich nach Nacktgerste-Farbgruppen der Zeleny Sedimentationswerte.

Sedimentationswert [ml] ($p = 0,05$)		
NG-Farbgruppe	MW [ml]	Homogene Gruppe
NG-gelb	2,06	A
NG-blau	2,13	A
NG-schwarz	2,49	A

Tab. 21 zeigt den Mittelwert der Sedimentationswerte der gelben, blauen und schwarzen Farbgruppen unterteilt nach der Hellen, Mittleren und Dunklen Fraktion. Die gelben Sorten zeigten hierbei die niedrigsten Sedimentationswerte. Außerdem bestanden, sowohl innerhalb der Hellen, als auch bei der Mittleren Fraktion signifikante Unterschiede zwischen den gelben und blauen, sowie den

gelben und schwarzen Nacktgersten. Nur in der Dunklen Fraktion waren keine signifikanten Unterschiede zwischen den drei Farbgruppen zu erkennen.

Tab. 21: Mittelwertvergleich der Farbgruppen gelb, blau und schwarz der Sedimentationswerte nach Zeleny, unterteilt nach der Hellen, Mittleren und Dunklen Fraktion.

Sedimentationswert [mL] (p= 0,05)								
Helle Fraktion			Mittlere Fraktion			Dunkle Fraktion		
NG-Farbgruppe	MW [mL]	Homogene Gruppe	NG-Farbgruppe	MW [mL]	Homogene Gruppe	NG-Farbgruppe	MW [mL]	Homogene Gruppe
NG-gelb	1,18	A	NG-gelb	1,24	A	NG-gelb	2,46	A
NG-blau	1,91	B	NG-blau	1,77	B	NG-blau	3,76	A
NG-schwarz	1,94	B	NG-schwarz	2,03	B	NG-schwarz	3,76	A

6.2.5 Siebversuche mit dem Laborsichter

Die Verteilung der Partikelgröße von 21 Mehlfraktionen, die aus der Vermahlung von sieben gefärbten Nacktgerstensorten mit der Versuchs-Mühle der HTL LMT resultierten, wurde mit dem Laborsichter untersucht. Abb. 32 zeigt die prozentuelle Verteilung der sieben Mahlfraktionen der verschieden gefärbten Nacktgerste-Genotypen.

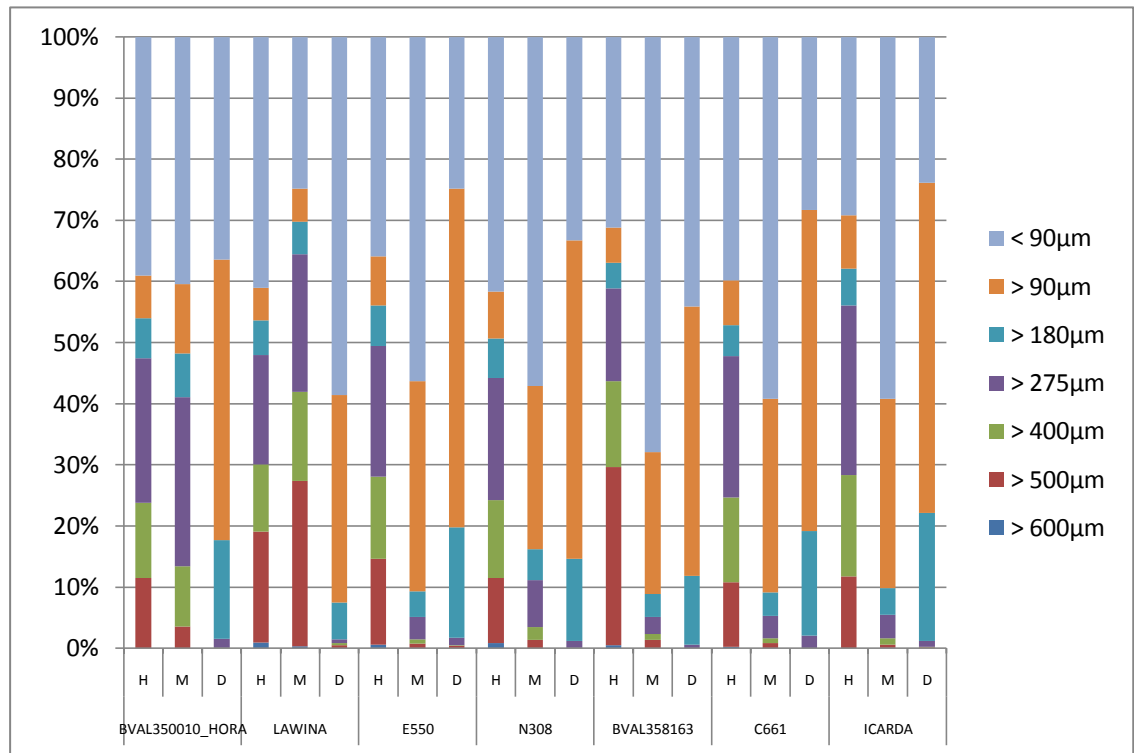


Abb. 32: Prozentuelle Verteilung der bei der Vermahlung von sieben gefärbten Nacktgerste-Genotypen mit der großen Mühle erhaltenen sieben Aussiebfraktionen mit dem Laborsichter (> 600 µm, > 500 µm, > 400 µm, > 275 µm, > 180 µm, > 90 µm und < 90 µm).

Um die Nacktgerstensorten nun auf signifikante Unterschiede in der Mehlausbeute ($MF < 180 \mu m$) hin zu untersuchen, wurde ein Mittelwertvergleich (Fisher's LSD) der prozentuellen Anteile der Mahlfraktionen bei den 21 gefärbten Nacktgersten durchgeführt. Die Mittelwerte aus der Siebung bei $> 90 \mu m$ und $< 90 \mu m$ wurden jeweils zusammengefasst und daraus wiederum der Mittelwert zur weiteren Analyse berechnet. Die Ergebnisse sind in Tab. 22 dargestellt.

Die Mittelwerte der prozentuellen Anteile der Mahlfraktionen $< 180 \mu m$ wurden durch danebenstehende Großbuchstaben in Gruppen unterteilt. Die Mittelwerte, die von denselben Buchstaben gefolgt wurden, unterschieden sich dabei nicht signifikant voneinander. Die Grenze für einen signifikanten Unterschied zwischen den einzelnen Mittelwerten war durch eine sogenannte Grenzdifferenz ($GD_{5\%}$), bei einer Risikowahrscheinlichkeit von 5 %, festgelegt.

Das bedeutete, dass es beispielsweise zwischen den Sorten LAWINA D, E550 M, BVAL358163 M, ICARDA M, C661 M, BVAL358163 D und der Nackt-

gerstensorte N308 D keinen signifikanten Unterschied gab, ihre Gruppezugehörigkeit war durch den Buchstaben A gekennzeichnet. Auch zwischen E550 H und ICARDA H war kein signifikanter Unterschied festzustellen, ebenso nicht zwischen ICARDA H und BVAL358163 H. Andererseits unterschieden sich die beiden Sorten E550H und BVAL358163 H signifikant voneinander. Wie aus Tab. 22 ersichtlich, gab es viele Überschneidungen zwischen den Gruppen.

Von den absteigend geordneten Mittelwerten lagen hier die D und M Fraktionen auf den ersten dreizehn Plätzen. Die höchsten Anteile an Mehlfraktionen wies dabei die Dunkle Fraktion der gelben Sorte LAWINA auf. Die nächsten vier Plätze belegten die jeweils mittleren Fraktionen schwarzer und einer blauen Sorte. Die mit Abstand niedrigsten Anteile an Mehlfraktionen wiesen die sieben H Fraktionen auf, sie nahmen sieben der letzten acht Positionen ein. Nur die Sorte LAWINA M bildete hierbei eine Ausnahme und wies den niedrigsten Mehlannteil auf.

Tab. 22: Mittelwertvergleich der Anteile der Mahlfraktionen < 180 µm (> 90 µm + < 90 µm) der 21 unterschiedlichen Nacktgerste-Mehlfraktionen.

Anteil [%] MF < 180 µm (GD _{5%})			
NG-Genotyp	Fraktion	MW [%]	Homogene Gruppen
LAWINA	D	11,21	A
E550	M	10,86	AB
BVAL358163	M	10,81	ABC
ICARDA	M	10,81	ABC
C661	M	10,75	ABC
BVAL358163	D	10,47	ABCF
N308	D	10,34	ABCFG
N308	M	10,08	BCFG
BVAL350010_HORA	D	9,92	CFG
E550	D	9,73	FG
C661	D	9,65	FG
ICARDA	D	9,43	G
BVAL350010_HORA	M	6,15	M
N308	H	5,82	MN
C661	H	5,59	MN
BVAL350010_HORA	H	5,47	MN
LAWINA	H	5,46	MN
E550	H	5,17	NR
ICARDA	H	4,45	RS
BVAL358163	H	4,17	S
LAWINA	M	3,58	S

Abb. 33 zeigt den Box-and-Whisker Plot der Verteilung der Mittelwerte der prozentuellen Anteile der Mehlfraktionen $<180\ \mu\text{m}$ nach Nacktgerste-Farbgruppen. Die gelben Sorten wiesen die größte Streuung der Mittelwerte auf. Ein Vergleich der Streuung der drei Farbgruppen ergab allerdings keine signifikanten Unterschiede.

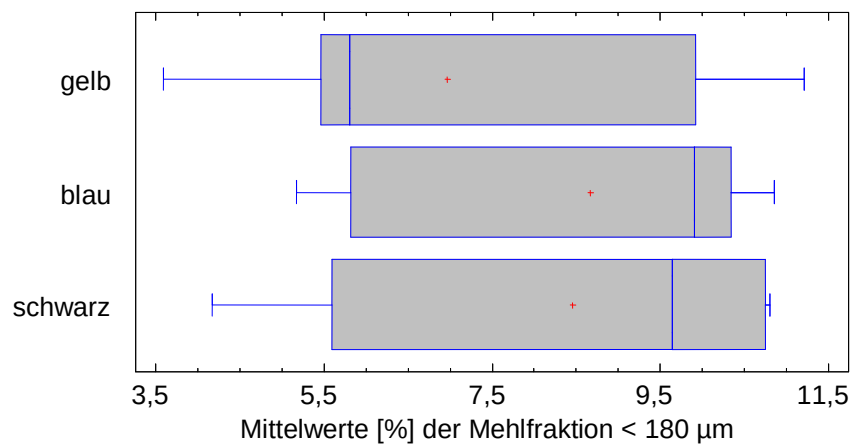


Abb. 33: Vergleich der Verteilung der Mittelwerte der prozentuellen Anteile der Mehlfraktionen $<180\ \mu\text{m}$ nach Farbgruppen.

Der nachfolgende Box-and-Whisker Plot (Abb. 34) stellt die Mittelwerte [%] der Mehlfraktionen $<180\ \mu\text{m}$, unterteilt nach den Fraktionen H, M und D, unabhängig von der Sorte, dar. Die größte Streuung war hier bei der M Fraktion zu erkennen, aufgrund der Tatsache, dass vier der sieben Fraktionen unter den ersten fünf Plätzen lagen, zwei im Mittelfeld vorzufinden waren und sich eine Fraktion an letzter Stelle der Mehlausbeute befand. Außerdem wiesen die H Fraktionen deutlich geringe Anteile an Mehlfraktionen $<180\ \mu\text{m}$ auf, im Vergleich zu den M und D Fraktionen.

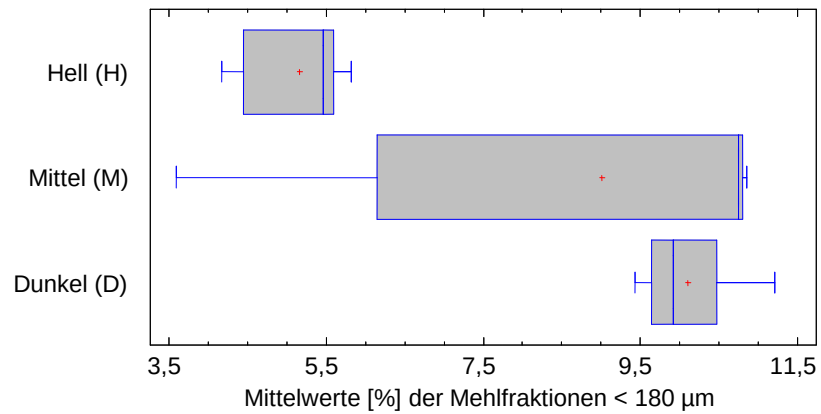


Abb. 34: Vergleich der Verteilung der Mittelwerte [%] der Mehlfraktionen < 180 µm nach den Fraktionen H, M und D, unabhängig von ihrer Nacktgerstensorte.

6.2.6 Ergebnisse der Glutenbestimmung mit dem Glutomatic 2200 Gluten Index

Alle vier durchgeführten Vorversuche in all ihren Variationen führten, auch aufgrund der in Kap. 5.2.4. erwähnten Probleme, zu keinen Ergebnissen.

6.2.7 Ergebnisse der Lab-on-a-Chip (LOC) Kapillar-Elektrophorese

Abb. 35 zeigt den Vergleich der Dunklen Fraktionen der blauen Nacktgerstensorte N308, der gelben Sorte LAWINA, sowie der schwarzen Sorte BVAL358163. Jeder Peak stellte dabei einen unterschiedlichen Typ von Protein dar. Eine Identifizierung, um welches Protein es sich bei den jeweiligen Peaks handelte, ist derzeit aber noch nicht möglich, da für diese Nacktgerstengenotypen keine Proteinstandards zur Verfügung standen. Die x-Achse gab die verstrichene Zeit in Sekunden an, die y-Achse stellte die mittlere Peakhöhe dar.

Aus der Abbildung war jedoch sehr gut ersichtlich, dass diese drei Mehlfractionen aus unterschiedlich gefärbten Nacktgerste-Farbgruppen, ein relativ ähnliches Proteinmuster zeigten. Nur die Ausprägung der einzelnen Peaks war bei jeder Farbgruppe unterschiedlich.

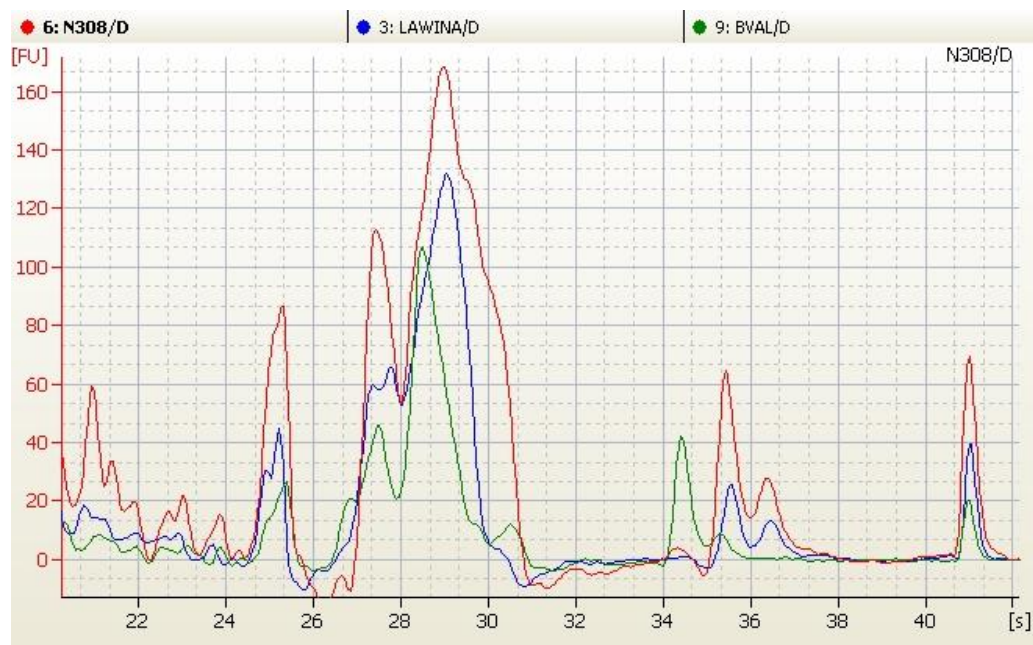


Abb. 35: Die Peak-Banden der blauen Sorte N308, der gelben Nacktgerste LAWINA und der schwarzen Sorte BVAL358163, der jeweils Dunklen Fraktion, im Vergleich.

Tab. 23 zeigt die Größe und die relative Konzentration der Proteine der gefärbten Nacktgerste-Mehlfractionen. Wie aus der Tabelle ersichtlich, enthielten

die blaue und die gelbe Sorte jeweils zwei Proteine mehr im Vergleich zur schwarzen Nacktgerstensorte BVAL358163. Das Protein mit der größten relativen Konzentration zeigte sich bei der schwarzen Sorte mit 1.358 ng/μL, gefolgt von einem Protein mit einer relativen Konzentration von 1.170,8 ng/μL der gelben Sorte LAWINA D. Diese beiden Proteine machten jeweils mehr als 50 % der Gesamtkonzentration innerhalb der jeweiligen Mehlfraktion aus.

Tab. 23: Größe [kDa], Relative Konzentration [ng/μl] der Proteine und die Prozente der Totalkonzentration der drei zum Vergleich herangezogenen Nacktgerstensorten.

LAWINA (D)			N308 (D)			BVAL358163 (D)		
Size [kDa]	Rel. Conc. [ng/μl]	% Total	Size [kDa]	Rel. Conc. [ng/μl]	% Total	Size [kDa]	Rel. Conc. [ng/μl]	% Total
14,8	63,6	3	15,6	124,5	6,6	16,3	27,5	1,1
16	55	2,6	18	52,1	2,8	17	16,9	0,7
19	10,4	0,5	20,5	35,4	1,9	20,8	4,5	0,2
20,7	36,6	1,7	24,7	26,8	1,4	23,8	5,5	0,2
23,4	15,7	0,7	26,1	28,2	1,5	26,6	8	0,3
23,9	18,6	0,9	30,2	6,2	0,3	31,7	11,3	0,4
25,5	22,8	1,1	31,5	17,5	0,9	40,1	48,3	1,9
30,4	8,9	0,4	34,6	2,2	0,1	42,2	145,9	5,7
39,1	72	3,4	40,3	84	4,5	53,3	103,7	4
41	97,8	4,6	41,7	111,2	5,9	58,5	421,8	16,4
53,2	9,4	0,4	58,1	291,5	15,5	68,9	1.358,00	52,7
57,6	199,8	9,4	74,3	590,3	31,4	82,7	51,1	2
61	245,8	11,5	80,1	177,4	9,4	91	40,2	1,6
75,4	1.170,80	54,9	85,9	190,7	10,1	92,8	75,5	2,9
88,1	6,7	0,3	136,5	6,2	0,3	137,4	214,1	8,3
150,9	58,7	2,8	149,1	87,5	4,7	147,5	46,3	1,6
165,9	36,3	1,7	164,4	48,4	2,6			
233,3	2,3	0,1	186,4	1,9	0,1			

7 Schlussfolgerungen

Nach der Vermahlung von gelb, blau, violett und schwarz gefärbten Nacktgerstengenotypen, wurden die daraus resultierenden 45 Mahlfraktionen hinsichtlich verschiedener Inhaltsstoffe, sowie nach ihren rheologischen und teigbildenden Eigenschaften hin untersucht.

Eine erste Charakterisierung der Mehle zeigte sich dabei, sowohl in Bezug auf den Aschegehalt, wie auch auf den Proteingehalt, aufgrund einer eindeutigen Steigerung von der Hellen zur Mittleren, bis hin zur Dunklen Fraktion einer jeden Sorte. Der Vergleich zur Ermittlung des Proteingehaltes nach der Methode nach Dumas, sowie der Methode nach Kjeldahl, erbrachte bei nur rund einem Drittel der zum Vergleich herangezogenen Mahlfraktionen keinen signifikanten Unterschied in der Durchführungsmethode. Die gelben Nacktgersten zeigten sowohl beim Aschegehalt, als auch beim Proteingehalt die jeweils niedrigsten Gehalte, die schwarzen Sorten die höchsten, die Gruppe von blau gefärbten Nacktgerstensorten nahm jeweils die mittlere Position ein.

Der Vergleich der Wasserabsorptionen, die sich durch die Bestimmung mit dem Micro-Z-Arm Mixer ergaben, sowie durch Bestimmung mit dem Brabender Farinograph, zeigte bei allen analysierten Mahlfraktionen einen signifikanten Unterschied zwischen den jeweiligen Fraktionen Hell, Mittel und Dunkel einer jeden Sorte. Auch anschließend durchgeführte Korrekturrechnungen, bei dem die Einwaage beim Brabender Farinograph der des Micro-Z-Arms angeglichen wurde, führten zu keiner signifikanten Angleichung bezüglich der Wasserabsorption.

Durch die Ergebnisse, die bei der Hauptkomponentenanalyse für die Mahlfraktionen aus der Analyse mit dem Micro-Z-Arm erhalten wurden, konnte nicht nur für die drei Mahlfraktionen Hell, Mittel und Dunkel, sondern auch für jedes einzelne Mehl eine Charakterisierung bezüglich ihrer teigbildenden Eigenschaften erfolgen. Hier zeigte besonders die gelbe Nacktgerstensorte HORA aus dem Erntejahr 2008 eine auffallend hohe Teigstabilität, welche als besonders wichtiger teigbildender Parameter gilt. Auch die gelbe Sorte LAWINA, geerntet

im Jahr 2009, war hier durch eine hohe Teigstabilität und Teigentwicklungszeit gekennzeichnet.

Bei jenen Mehlfractionen, die mit dem Brabender Farinograph untersucht wurden, zeichnete sich die D Fraktion der blauen Sorte N308 durch die höchste Teigstabilität, sowie die M Fraktion der gelben Nacktgerste LAWINA durch die beste Farinogramm-Qualitätszahl, aus.

Der Sedimentationstest nach Zeleny führte zu niedrigen Werten für die untersuchten Nacktgerstenmehlfractionen. Keine der analysierten Mehle erreichte den optimalen Mindestwert von 22 ml annähernd. Dies bestätigte die niedrige Kleberqualität und Quellfähigkeit der Nacktgersten, aufgrund des nur sehr geringen Anteils an Gluten.

Siebversuche mit dem Laborsichter führten zu dem überraschenden Ergebnis, dass die Dunklen und Mittleren Fraktionen der gefärbten Nacktgersten einen deutlich höheren Mehanteil aufwiesen, im Vergleich zu den Hellen Fraktionen. Dies war möglicherweise durch eine verschlechterte Siebwirkung bei den Hellen Mehlen zu erklären, da sich bereits in den höher gelegenen Sieben, mit größerer Maschenweite, Klumpen von Mehl bildeten und daher nicht der tatsächliche Mehanteil bis zum Boden durchgeseibt werden konnte.

Durch Erstellung von Farinogrammen könnten eventuell weiterführende Untersuchungen unternommen werden, die vor allem auf die Analyse der gelben und blauen Sorten, sowie auf der Kombination verschiedener Mahlfractionen, aufbaut. Jedoch konnte eine erste Beschreibung der einzelnen Mehle und Mahlfractionen, hinsichtlich ihrer Backeigenschaften, durch die angewendeten Untersuchungsmethoden erfolgen. Vor allem durch die Anwendung der Hauptkomponentenanalyse, mit den Parametern Teigstabilität, Qualitätszahl und Teigentwicklungszeit, die ein Mehl als rheologisch wertvoll einstufen, je höher ihr Wert ist, konnte eine aussagekräftige Einteilung der Mehle angewendet werden. Durch die Bestimmung der Aschegehalte konnten die Mehle wiederum unterschiedlichen Mehltypen zugeteilt werden.

8 Zusammenfassung

Es wurden gelbe, blaue, violette und schwarz gefärbte Nacktgerstenvarietäten an der HTL LMT in Wels sowohl mit der industriellen Versuchsmühle, wie auch mit dem Bühler-Mahlautomaten MLU 202, vermahlen. Die daraus resultierenden 45 Mahlfraktionen wurden anschließend hinsichtlich verschiedener Inhaltsstoffe, sowie ihrer teigbildenden und rheologischen Eigenschaften hin untersucht und die daraus erhobenen Daten analysiert.

Es wurde zunächst der Asche-, sowie der Proteinanteil dieser Mahlfraktionen untersucht, wobei es eine eindeutige Steigerung der Gehalte von der Hellen zur Mittleren, bis hin zur Dunklen Fraktion zu verzeichnen gab. Die gelben Nacktgersten wiesen die niedrigsten, die schwarzen Sorten die höchsten Asche-, bzw. Proteingehalte auf.

Anschließend wurden Farinogramme der einzelnen Mahlfraktionen mit dem Brabender-Farinograph und dem Micro-Z-Arm erstellt, durch welche eine gute Charakterisierung der einzelnen Mehle hinsichtlich ihrer rheologischen Eigenschaften erfolgen konnte.

Es wurde auch die Kleberqualität der Mahlfraktionen, durch den Sedimentationstest nach Zeleny, untersucht. Entsprechend der sehr geringen Glutenanteile der Nacktgersten waren auch die einzelnen Sedimentationswerte sehr niedrig.

Siebversuche mit dem Laborsichter zeigten bei den Hellen Fraktionen überraschenderweise den niedrigsten Mehanteil, im Vergleich zu den Mittleren und Dunklen Mehlen, möglicherweise durch die verschlechterte Siebwirkung, da sich bereits in Sieben mit höherer Maschenweite Mehklumpen bildeten und nicht der tatsächliche Mehanteil den Boden erreichte.

Zusammenfassend schien bei einigen der untersuchten gelben Nacktgerstengenotypen, wie bei den Sorten HORA und LAWINA und eventuell auch bei der blauen Sorten N308, das Potential zur Broterzeugung gegeben, da sie bezüglich ihrer rheologischen Eigenschaften vor allem durch eine hohe Teigstabilität bzw. eine hohe Qualitätszahl gekennzeichnet waren.

Summary

Yellow, blue, purple and black colored hull-less barley genotypes were milled at the HTL LMT in Wels, with the industrial mill as well as with the Bühler-Mahlaautomaten MLU 202. The 45 resulting mill fractions were then analyzed concerning to different contents and to their rheological and dough forming properties. The resulting data was analyzed and compared.

At first the ash and protein content of these hull-less barley flours were measured, whereby an explicit increase from the light to the middle up to the dark fraction could be recorded. The group of yellow hull-less barley flours contained the lowest amount of ash and protein, the black varieties contained the highest.

Subsequent farinograms from each of the mill fractions were created by using the Brabender-Farinograph and by using the Micro-Z-Arm-dough-mixer. In this way a good characterization from each of the flours concerning to their rheological properties could take place.

The gluten quality of the flour fractions of colored hull-less barleys was analyzed too, by determining the sedimentation value according to Zeleny. Respective to the very low amounts of gluten, which hull-less barley contains, the single values were accordingly low.

The Sieve experiment with the Laborsichter showed surprisingly the lowest contents of particles $< 180\ \mu\text{m}$ in the light flour fractions, compared to the middle and dark flour fractions, perhaps due to the worsened filtering action of the light flour fraction.

Summarizing, especially some of the yellow and perhaps some of the blue colored naked barley genotypes seemed to be potentially useful in bread production, particularly because of their high dough stability and high quality rate, according to their rheological properties.

9 Literaturverzeichnis

- AACC INTERNATIONAL: Approved Methods of the AACC. 10th ed. The American Association of Cereal Chemists International, St. Paul, MN, USA (2000).
- ABDEL-AAL, E.-S. M.; J. C. YOUNG and I. RABALSKI: Anthocyanin Composition in Black, Blue, Pink, Purple, and Red Cereal Grains. J. Agric. Food Chem. 54 (2006) 4696-4704.
- AMES, N. P. and C. R. RHYMER: Issues Surrounding Health Claims for Barley. The Journal of Nutrition (2008) 1237-1243.
- ANONYM: BÜCHI Labortechnik AG, CH-9230 Flawil, Switzerland (2010). Online unter: <http://www.buechigmbh.de/Aufschlusssystem-K-437.4206.0.html>, 05.07.2010.
- ANONYM: BÜCHI Labortechnik AG, CH-9230 Flawil, Switzerland (2010). Online unter: <http://www.buechigmbh.de/KjelFlex-K-360.10263.0.html>, 05.07.2010.
- ANONYM: BÜCHI Labortechnik AG, CH-9230 Flawil, Switzerland (2010). Online unter: http://www.buechigmbh.de/index.php?eID=tx_cms_showpic&file=uploads%2Fpics%2FBasic_ColdTrap_11.jpg&width=400m&height=400&bodyTag=%3CBODY%20bgColor%3D%22white%22%3E&wrap=%3CA%20href%3D%22javascript%3Aclose%28%29%3B%22%3E%20%20%3C%2FA%3E&md5=c8ce3074337ad1ad66d0bc53482e5d64, 05.07.2010.
- ANONYM: Institut de Génétique et de Biologie Moléculaire et Cellulaire, B.P. 10142, 67404 Illkirch Cedex, France. Online unter: <http://www-microarrays.u-strasbg.fr/base.php?page=equipmentsE.php>, 06.07.2010.
- ANONYM: LECO Corporation, 3000 Lakeview Avenue, St. Joseph, MI 49085 - 2396 (2010).
- ANONYM: LECO Instrumente GmbH, Marie-Bernays-Ring 31, 41199, Mönchengladbach, German (2010). Online unter: <http://www.leco.de/produkt-bilder/FP528.jpg>, 05.07.2010.
- BECKER, K. and ST. JOHN: Farbatlas Nutzpflanzen in Mitteleuropa. Verlag Eugen Ulmer, Stuttgart (2000).
- BELITZ, H.-D.; W. GROSCH and P. SCHIEBERLE: Lehrbuch der Lebensmittelchemie. Springer Verlag Berlin Heidelberg (2008).

- BELLIDO, G. G. and T. BETA: Anthocyanin Composition and Oxygen Radical Scavenging Capacity (ORAC) of Milled and Pearled Purple, Black, and Common Barley. *J. Agric. Food Chem.* 57 (2009) 1022-1028.
- BICKEL-SANDKÖTTER, S.: Nutzpflanzen und ihre Wirkstoffe. Quelle und Meyer Verlag GmbH u. Co., Wiebelsheim (2003).
- BICSAK, R. C.: Comparison of Kjeldahl Method for Determination of Crude Protein in Cereal Grains and Oilseeds with Generic Combustion Method: Collaborative Study. *Journal of AOAC International.* 76 (1993) 780-786.
- CHIUE, H., T. KUSANO and K. IWAMI: Antioxidative Activity of Barley Hordein and Its Loss by Diamidation. *J. Nutr. Sci. Vitaminol.* 43 (1997) 145-154.
- DANG, J. M. C.; M. L. BASON, R. HARASZI and F. BEKES: Dough Mixing studies on the micro Z-arm mixer. Newport Scientific Report – Studies on the micro Z-arm mixer. Newport Scientific Pty. Ltd. Unit 1, 2 Apollo Street, Warriewood NSW 2102, Australia (2003).
- DIEPENBROCK, W.; F. ELLMER and J. LÉON: Ackerbau, Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung. Verlag Eugen Ulmer, Stuttgart (2005).
- DONGOWSKI, G.; M. HUTH, E. GEBHARDT and W. FLAMME: Dietary Fiber-Rich Barley Products Beneficially Affect the Intestinal Tract of Rats. *The Journal of Nutrition* 132 (2002) 3704-3714.
- EGLI, H.: Kjeldahl Guide. Firmenschrift der Büchi Labortechnik AG, CH-9230 Flawil, Switzerland (2008).
- ELFVERSON, C.; A. A. M. ANDERSSON, P. ÅMAN and S. REGNÉR: Chemical Composition of Barley Cultivars Fractionated by Weighing, Pneumatic Classification, Sieving, and Sorting on a Specific Gravity Table. *Cereal Chem.* 76 (1999) 434-438.
- ELMADFA, I.: Ernährungslehre. Verlag Eugen Ulmer GmbH & Co, Wollgrasweg 41, 70599 Stuttgart (Hohenheim) (2004).
- ERLING, P. (Hrsg.): Handbuch Mehl- und Schälmmüllerei. Verlag AgriMedia GmbH, Lüchower Straße 13a, D-Clenze (2008).
- GAOSONG, J. and T. VASANTHAN: Effect of Extrusion Cooking on the Primary Structure and Water Solubility of β -Glucans from Regular and Waxy Barley. *Cereal Chem.* 77 (2000) 396-400.
- HANSEN, M.; M. LANGE, C. FRIIS, G. DIONISIO, P. B. HOLM and E. VINCZE: Antisense-mediated suppression of C-Hordein biosynthesis in the barley grain results in correlated changes in the transcriptome, proteome profile, and

- amino acid composition. *Journal of Experimental Botany* 58(14) (2007) 3987-3995.
- HARASZI, R.; P. W. GRAS, S. TÖMÖSKÖZI, A. SALGÓ and F. BÉKÉS: Application of a Micro-Z-Arm Mixer to Characterize Mixing Properties and Water Absorption of Wheat Flour. *Cereal Chem.* 81 (2004) 555-560.
- HATCHER, D. W.; S. LAGASSE, J. E. DEXTER, B. ROSSNAGEL and M. IZYDORCZYK: Quality Characteristics of Yellow Alkaline Noodles Enriched with Hull-less Barley Flour. *Cereal Chem.* 82 (1) (2005) 60-69.
- HUBER, K.: Herstellung von Mahlfraktionen aus gefärbten Nacktgerste-Genotypen zur Verwendung in Backwaren und Teigwaren. Diplomarbeit an der Universität für Bodenkultur, Wien (2009).
- ICC Standard Methods (Complete Edition incl. Basic Standard Collection and 1st – 7th Supplements). International Association for Cereal Science and Technology. Vienna (2006).
- JENDE-STRID, B.: Mutation affecting flavonoid synthesis in barley. *Carlsberg Res. Commun.* 43 (1978) 265-273.
- KENT, N. L.: *Technology of Cereals – An introduction for students of food science and agriculture*. Verlag Pergamon Press Ltd., Oxford, New York, Toronto, Sydney, Paris, Frankfurt (1983).
- KENT, N. L. and A. D. EVERS: *Kent's Technology of Cereals*. Elsevier Science, Oxford (1994).
- KIM, M.-J.; J.-N. HYUN, J.-A. KIM, J.-C. PARK, M.-Y. KIM, J.-G. KIM, S.-J. LEE, S.-C. CHUN and I.-M. CHUNG: Relationship between Phenolic Compounds, Anthocyanins Content and Antioxidant Activity in Colored Barley Germplasm. *J. Agric. Food Chem.* 55 (2007) 4802-4809.
- KLAMCZYNSKI, A. P. and Z. CZUCHAJOWSKA: Quality of Flours from Waxy and Nonwaxy Barley for Production of Baked Products. *Cereal Chem.* 76 (1999) 530-535.
- KNUCKLES, B. E. and M.-C. M. CHIU: β -Glucanase Activity and Molecular Weight of β -Glucans in Barley After Various Treatments. *Cereal Chem.* 76 (1999) 92-95.
- KUSCHEL, M.; T. NEUMANN, P. BARTHMAIER and M. KRATZMEIER: Use of Lab-on-a-Chip Technology for Protein Sizing and Quantitation. *Journal of Biomolecular Techniques*. 13 (2002) 172-178.
- LANSKY, S.; M. KOOL and T. J. SCHOCH: Properties of the fractions and linear subfractions from various starches. *J. Am. Chem. Soc.* 71 (1949) 4066-4075.

- LÀSZTITY, R.: The Chemistry of cereal Proteins. Verlag CRC Press, Inc. 2000 Corporate Blvd., N. W., Boca Raton, Florida, 33431 (1986).
- LATSCHA, H. P.; U. KAZMAIER und H. A. KLEIN: Chemie für Biologen. Springer Verlag, Berlin, Heidelberg, New York (2002).
- LI, J. H.; T. VASANTHAN, R. HOOVER and B. G. ROSSNAGEL: Starch from Hull-less Barley: Ultrastructure and Distribution of Granule-Bound Proteins. Cereal Chem. 80 (2003) 524-532.
- LIEBEREI, R. und C. REISDORFF: Nutzpflanzenkunde. Georg Thieme Verlag KG, Stuttgart, New York (2007).
- LORENZ, K. J. and K. KULP: Handbook of cereal science and Technology. Verlag Marcel Dekker Inc., New York, Basel, Hongkong (1991).
- MARCONI, E.; M. GRAZIANO and R. CUBADDA: Composition and Utilization of Barley Pearling By-Products for Making Functional Pastas Rich in Dietary Fiber and β -Glucans. Cereal Chem. 77 (2000) 133-139.
- ÖSTERREICHISCHES LEBENSMITTELBUCH (CODEX ALIMENTARIUS AUSTRIACUS): Codexkapitel B 20 Mahl- und Schälprodukte. Hrsg.: BUNDESMINISTERIUM FÜR GESUNDHEIT, FAMILIE und JUGEND aufgrund der Beschlüsse der Codexkommission. 4. Auflage. Wien, Hollinek (2009), 1-20.
- QI, J.; J. CHEN, J. WANG, F. WU, L. CAO and G. ZHANG: Protein and hordein fraction content in barley seeds as affected by sowing date and their relations to malting quality. Journal of Zhejiang University Science 6 (2005) 1069-1075.
- QUINDE, Z.; S. E. ULLRICH and B.-K. BAIK: Genotypic Variation in Color and Discoloration Potential of Barley-Based Food Products. Cereal Chem. 81 (2004) 752-758
- QUINDE-AXTELL, Z.; J. POWERS and B.-K. BAIK: Retardation of Discoloration in Barley Flour Gel and Dough. Cereal Chem. 83 (2006) 385-390.
- SCHMIDT, J.; S. GERGELY, R. SCHÖNLECHNER, H. GRAUSGRUBER, S. TÖMÖSKÖZI, A. SALGÓ and E. BERGHOFER: Comparison of Different Types of NIR Instruments in Ability to Measure β -Glucan Content in Naked Barley. Cereal Chem. 86 (2009) 398-404.
- SEIBEL, W.: Warenkunde Getreide. Verlag AgriMedia GmbH, Spithal 4, Bergen (2005).

- SHEWRY, P. R.; J. M. FIELD, M. A. KIRKMANN, A. J. FAULKS and B. J. MIFLIN: The extraction, solubility, and characterization of two groups of barley storage proteins, *J. Exp. Bot.*, 121 (1980) 393.
- SMARTT, J. and N. W. SIMMONDS: *Evolution of Crop Plants*. Verlag Longman Group UK Limited (1995).
- STATGRAPHICS® USER'S GUIDE: The User's Guide to STATGRAPHICS® Centurion XV. StatPoint, Inc., Printed in the United States of America (2005)
- SWEENEY, R.A.: Generic combustion method for determination of crude protein in feeds: Collaborative Study. *J. Assoc. Off. Anal. Chem.* 72 (1989) 770-774.
- TANG, H.; H. ANDO, K. WATANABE, Y. TAKEDA and T. MITSUNAGA: Some Physicochemical Properties of Small-, Medium-, and Large-Granule Starches in Fractions of Waxy Barley Grain. *Cereal Chem.* 77 (1999) 27-31
- WATSON, J. A. S.; C. V. DADD and W. J. WEST: *Crops – Varieties and Plant Breeding*. Verlag Satish Serial Publishing House, Delhi (2005).
- YOSHIMOTO, Y.; J. TASHIRO, T. TAKENOUCHI and Y. TAKEDA: Molecular Structure and Some Physicochemical Properties of High-Amylose Barley Starches. *Cereal Chem.* 77 (2000) 279-285.
- ZHENG, G. H.; H. L. HAN and R. S. BHATTY: Functional Properties of Cross-Linked and Hydroxypropylated Waxy Hull-less Barley Starches. *Cereal Chem.* 76 (1999) 182-188.
- ZHENG, G. H.; B. G. ROSSNAGEL, R. T. TYLER and R. S. BHATTY: Distribution of β -Glucan in the Grain of Hull-less Barley. *Cereal Chem.* 77 (2000) 140-144.

Lebenslauf

Persönliche Daten:

Name: Patrick Kienmeyer
Geburtsdatum: 19.08.1984, Wien
Staatsbürgerschaft: Österreich

Ausbildung:

1991 – 1995 Volksschule der
Salvatorianerinnen, 1220 Wien
1995 – 2003 Neusprachliches Gymnasium,
Franklinstraße 26, 1210 Wien
05.06.2003 Reifeprüfung
Seit 10/2003 Studium der Ernährungswissenschaften,
Universität Wien,
Schwerpunkt Lebensmitteltechnologie

Studienbezogene Praktika:

07/2008 BAXTER Innovations GmbH,
Downstream Processing II
07/2009 – 08/2009 BAXTER Innovations GmbH,
Downstream Processing II

Auslandsaufenthalt im Rahmen der Diplomarbeit:

11/2009 Budapest University of Technol-
ogy and Economics (BME), Ungarn: For-
schungsaufenthalt am Department of Bioche-
mistry and Food Technology