

KOKKUVÕTE

Käesoleva bakalaaurusetöö peamiseks ülesandeks oli VOC analüüsimine marineeritud kurkides HS-SPME ja GC/MS meetodite abil. Analüüsi põhieesmärk oli korrelatsiooni määramine marineeritud kurkide tekstuuri ja proovides sisalduvate lenduvate ühendite profiili vahel.

VOC ekstraheerimiseks ja kontsentreerimiseks proovi gaasifaasist kasutati HS-SPME. GC/MS meetodi abil olid identifitseeritud lenduvad ühendid, millest valiti 31 intensiivseima iooni piikide pindalatega ainet (Tabel 3). Proovide omavaheliseks võrdluseks kasutati PCA ja hierarhilist klasterdumist, et tuvastada korrelatsiooni proovide vahel. Kõik 31 ainet (Tabel 3) olid nii heades, kui ka halbades proovides. Proovid erinesid üksteisest vaid ühendite intensiivsuste põhjal (piikide keskmised pindalad ja standardhälbed). Ühtki ainet, mis oleks vaid halva tekstuuriga proovides ei tuvastatud.

Hierarhilise klasterdumise dendrogramm (Joonis 3) näitas, millised proovid olid omavahel sarnased ning moodustus 3 klastrit. Esimene klaster: KDR, RHS, KHA, PHC, PHA, PDR, KHB1-5. Teine klaster sisaldas RDR1-5 ja PHD proove, mis olid sarnasemad kolmanda klastriga, kuhu kuulusid RHS, RHB, RDL, KDL, RHA, PHB1-4. Kõik kolm saadud hierarhilist klastrit sisaldasid nii heade, kui ka halbade tekstuuridega proove. PCA klasterdumine (Joonis 4) täpsustas dendrogrammi graafiliselt, näidates kui palju erinesid proovid teineteisest GC/MS tulemuste põhjal. PCA graafik näitas, et kõik proovid olid graafikul läbisegi, millest võib järeldada, et korrelatsioon proovide vahel puudus. PCA ja hierarhilisest klasterdumisest järeldub, et kuigi teatav klasterdumine toimus, saab öelda, et lenduvate ühendite profiil ei tuvastanud erinevusi pehmete ja kõvade kurkide vahel.

Lisaks lenduvate ühendite analüüsile, tegid TalTech toidutehnoloogia osakonna dotsent Katrin Laos ja professor Toomas Paalme hapukurkide tekstuuri analüüsi tekstuurianalüsaatori TA-XT2i (Stable Micro Systems, UK) abil ning pH analüüsi pH meetriga SevenEasy (Mettler Toledo), suhkrate ja orgaaniliste hapete analüüse HPLC meetodi abil. Põhieesmärgiks oli korrelatsiooni tuvastamine hapukurkide tugevuse ja neis sisalduvate suhkrate, hapete ning pH vahel.

Saadud suhkrate tulemuste analüüsimisel (Lisa 6) selgus, et kõikides proovides oli kõige rohkem fruktoosi ($4,37 \pm 0,7$ g/kg), järgnes glükoos ($2,49 \pm 1,64$ g/kg) ja sahharoos ($1,41 \pm 0,7$ g/kg). Statistika näitas, et erinevate proovide suhkrisalduste vahel erinevusi ei esinenud. Orgaaniliste hapete analüüsimisel selgus, et tugevamad kurgid sisaldasid vähem happeid, kuid statistika näitas, et erinevust proovide vahel ei leitud. Proovides domineerisid piimhape ($5,23 \pm 0,73$ g/kg) ning vähesel määral äädikhape ($0,69 \pm 0,37$ g/kg). STDEV oli segapartiil ja halval partiil suurem kui heal partiil, mis viitab ebanormaalsele happe tootlikkusele halva partii korral. See nähtus võiks seletada hapendusprotsessi hilistumist mõningatel juhtudel, millega kaasneb kõrgem hapnikusisaldus, mis samal ajal võib soodustada pektinaase tootvate seente kasvu.

Halbadel proovidel oli pH samasugune kui heal partiil ja segapartiil, vahemikus 3,42 – 3,46, mis vastab kvaliteetsetele hapukurkidele. Kvaliteetsete kurkide tugevus oli $10,77 \pm 1,25$ N. Halbade kurkide tugevus oli kümme korda madalam ($1,35 \pm 0,58$ N).

Tugevamatel hapukurkidel olid suhkrute sisalduse ja happesuse keskmised tulemused (Lisa 6) kõrgemad ning pehmematel hapukurkidel olid need tulemused madalamad. Saadud andmete alusel oli koostatud hajuvusgraafik, kus näidati graafiliselt hapukurkide tugevuse sõltuvus pH-st (Joonis 5), suhkru sisaldusest (Joonis 6) ning happesusest (Joonis 7). Kõikidel graafikutel asusid proovid üksteisest kaugel, seetõttu võib öelda, et korrelatsioon hapukurkide tugevuse ja neis sisalduvate suhkrute, hapete ning pH vahel puudub.

TalTech toidutehnoloogia osakonna dotsent Inga Sarand vastutas bakterite analüüsi teostamise eest, et korrelatsiooni tuvastada bakterite ja kurkide pehmenemise vahel. Kurkide bakteriaalse koostise analüüsi määrati DNA alusel, kus DNA-st amplifitseeriti välja bakterite 16S rRNA geeni fragmendid (V3-V4 piirkond) ning sekveneeriti kasutades sekveneerimist (Next Generation Sequencing). Saadud järjestusi võrreldi andmebaaside abil ning saadud tulemuste põhjal selgitati, et kurkide pehmenemine ei olnud tingitud bakteriga saastumisest. Tulemused näitasid, et kõikides uuritud proovides domineerisid järgmised bakterid, *Acinetobacter* sp., *Brewundimonas vesicularis*, *Chryseobacterium* sp., *Novosphingobium ludwigii*, *Pseudomonas japonica*, *Pseudomonas* sp., *Roseomonas* sp., *Sphingobacterium* sp. (Joonis 8). *Acinetobacter* sp., *Pseudomonas* sp. ja *Sphingobacterium* sp. kuulusid värskel kurgi mikrobioomi hulka.

Antud töö tulemustest selgus, et lenduvad ühendid, mikroorganismid, suhkrute ja orgaaniliste hapete sisaldus ei mõjunud marineeritud kurkide tekstuuri pehmemdamisele ning antud analüüsid korrelatsiooni ei tuvastatud.