


VERANSTALTUNG „AUTHENTIZITÄTSPRÜFUNG“
DES DEUTSCHEN KAFFEEVERBANDES
MITTWOCH, 12. FEBRUAR 2014


Food Profiling - Qualitätssicherung in der Lebensmittelproduktion

Systemweite Strategien und Lösungen zur
Authentizitätsbestimmung von Rohstoffen

www.food-profiling.org
www.hsfs.org
 Prof. Dr. Markus Fischer



Universität Hamburg
DER FORSCHUNG | DER LEHRE | DER BILDUNG



1
science for food



Beteiligte Gruppen

TP 1 Genomics
HSFS, Universität Hamburg, Markus Fischer

TP 2 Proteomics
Core Facility Proteomanalytik, UKE, Universität Hamburg, Hartmut Schlüter

TP 3 Metabolomics (flüchtig / nicht-flüchtig)
 A) NMR-Abteilung, Fachbereich Chemie, Uni. Hamburg, Thomas Hackl (NMR)
 B) HSFS, Universität Hamburg, Markus Fischer (UPLC-UHR-MSⁿ, LC/GC-MSⁿ)
 C) DFA, Freising, Peter Schieberle / Martin Steinhaus (GCxGC-TOF-MS)


TP 4 Isotopolomics
Institut für Lebensmittelchemie, Uni. Hohenheim, Walter Vetter

TP 5 Bioinformatik / Datenmanagement
Lehrstuhl für Angewandte Bioinformatik, Universität Tübingen, Oliver Kohlbacher

TP 6 Aptamere
HSFS, Universität Hamburg, Markus Fischer

TP 7 Automation / Schnelltests
Lehrstuhl für Analytische Chemie, TU München, Reinhard Nießner / Michael Seidel

2
science for food




Rohstoffqualitätssicherung

- Was bedeutet Rohstoffqualitätssicherung für Ihr Unternehmen?
 1. Rohstoffsicherheit
 - Gesundheitsschutz
 - Schutz vor Täuschung (*food fraud, food fakery*)
 2. Wahrnehmung von Verbraucherinteressen
 - Produkt- und Prozessqualitäten stellen ein bedeutendes Marktsegment dar
 3. Verbrauchervertrauen schaffen durch Forschung
 - Imageverbesserung der Lebensmittelindustrie

- Wo gibt es Lücken?
 - Einzeltechnologien sind zwar vorhanden, aber **es fehlen leistungsfähige systemweite und vernetzte Ansätze**
 - Bedarf an **Schnelltestsystemen**

3 science for food



Fokus

- Food Profiling
 - Rohstoffidentifizierung
 - Herkunftsnachweise
 - Unterscheidung von konventioneller und ökologischer/biologischer Ware

4 science for food

food profiling | Struktur | Direkter Kontakt zu KMU

Projektbegleitender Ausschuss

- Verbände der Lebensmittelindustrie
- Unternehmen der Lebensmittelindustrie unterschiedlicher Branchen
- Rohstoff-Importeure
- Dienstleistungsunternehmen
- Hardware-Hersteller

5

science for food

food profiling | Struktur | Operative Ebene

The diagram illustrates the operational structure, divided into two main phases: **Datenerfassung** (Data Capture) and **Datennutzung** (Data Utilization).

Datenerfassung is further divided into *horizontal* and *vertikal* components.

Horizontal Data Capture: This phase involves four Technology Platforms (TP 1-4):

- TP 1 Genomics**
- TP 2 Proteomics**
- TP 3 Metabolomics**
- TP 4 Isotopomics**

Vertical Data Capture: This phase involves three analytical technologies:

- A: NMR**
- B: LC-MSⁿ**
- C: GCxGC-MS**

Datennutzung: This phase involves two Technology Platforms (TP 6-7):

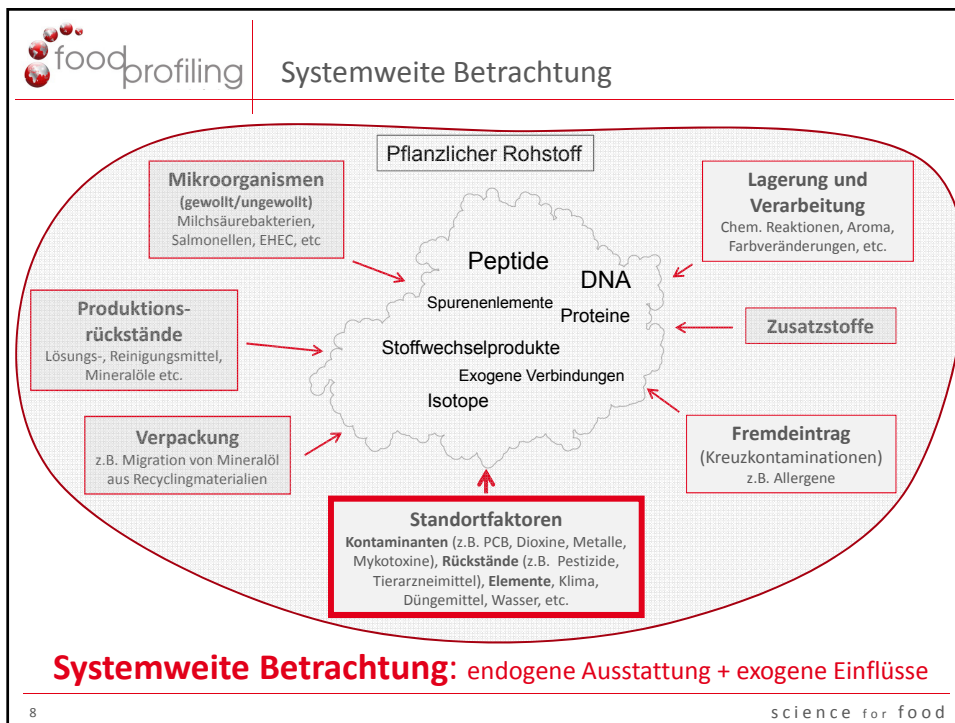
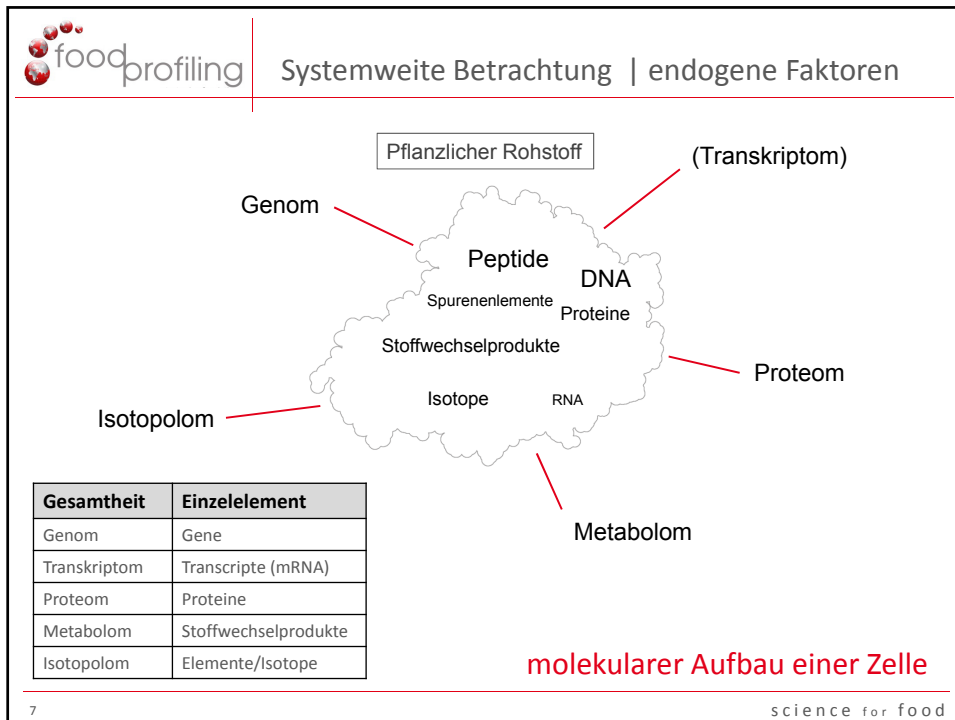
- TP 6 Aptamere**
- TP 7 Arrays/Schnelltest**

TP 5 Bioinformatik acts as a central hub, receiving data from all other platforms and facilitating the development of **Applikationen für KMU** (Applications for SMEs).

systemweite Abdeckung | best-mögliche Technologien
 sehr hohe Auflösung | feinstrukturiertes Bild

6

science for food



food profiling | Datenerfassung | **Blickwinkel**

FOOD PROFILE
Definiert durch endogene und exogene Abläufe

Analyt	Technologie
Genom	Genomics
Proteom	Proteomics
Metabolom	Metabolomics
Isotopolom	Isotopolomics

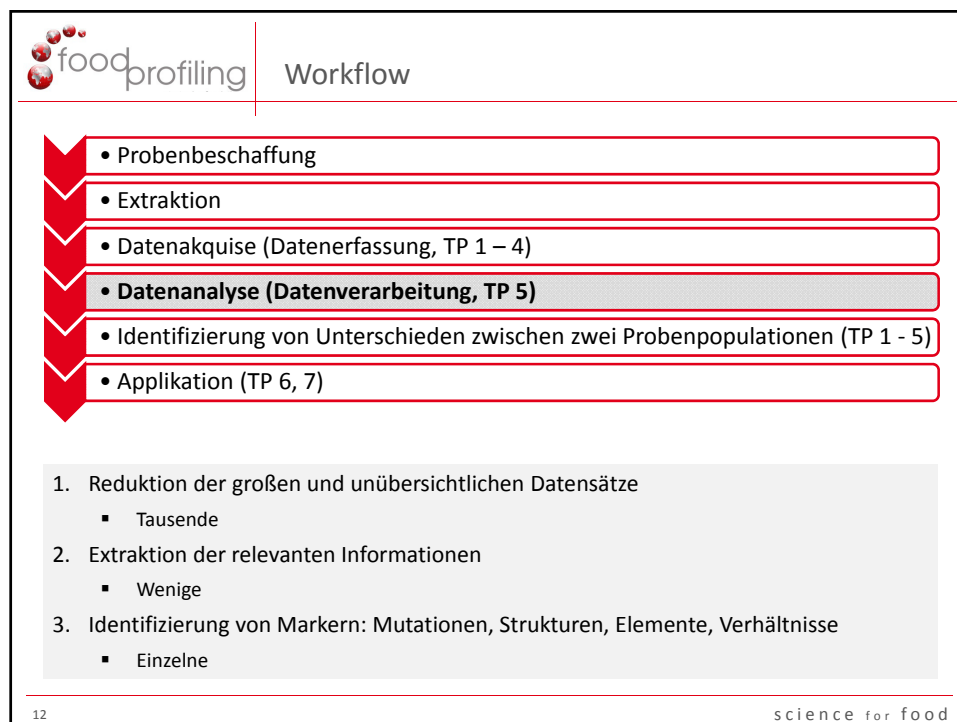
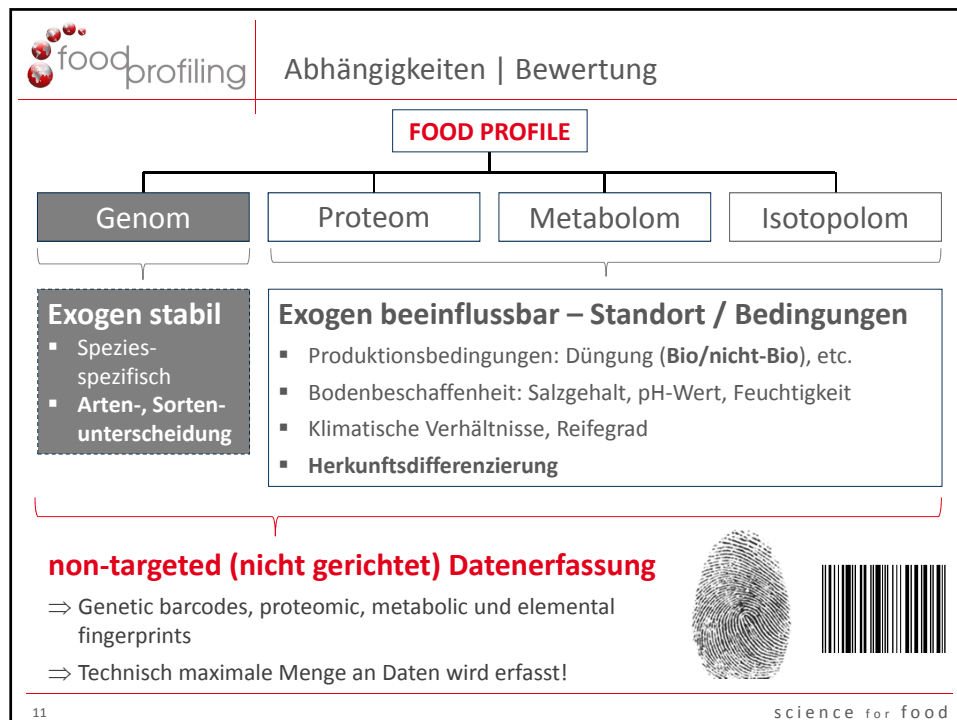
9 science for food

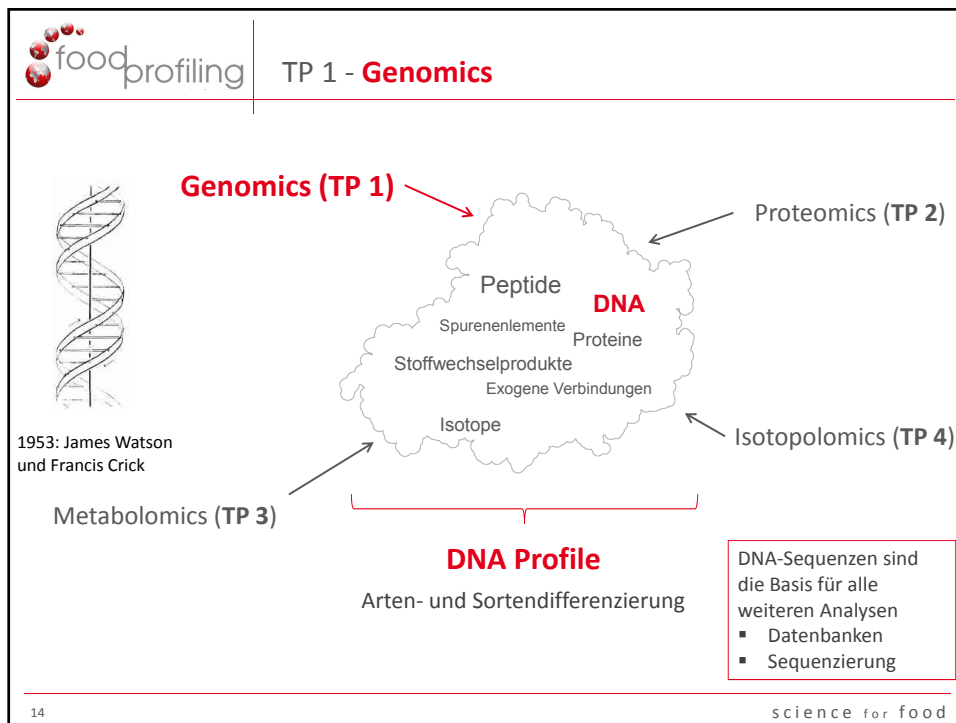
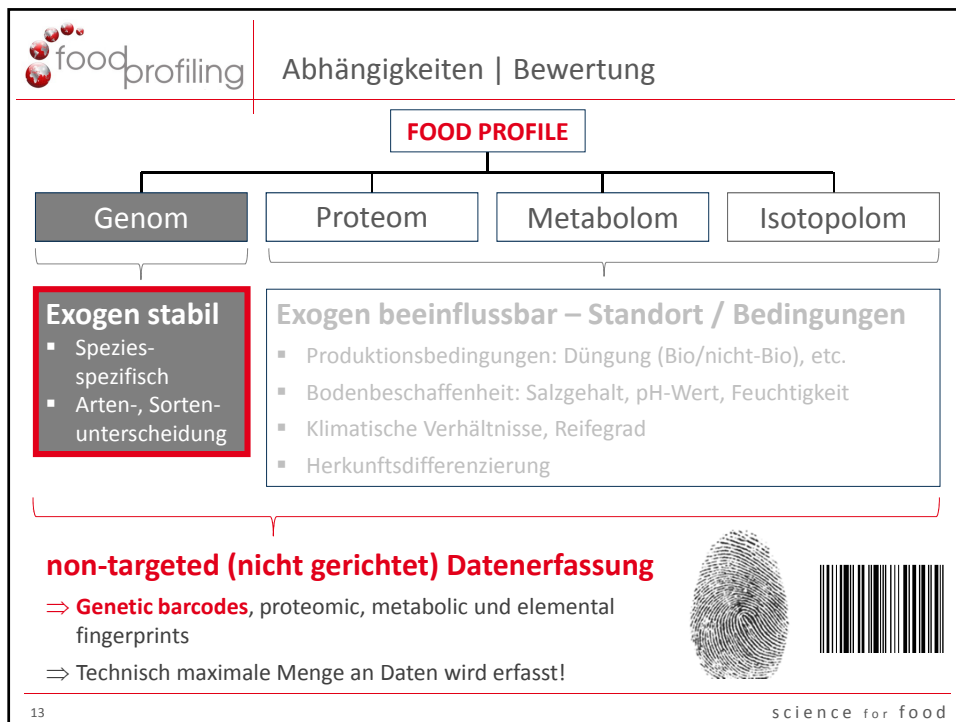
food profiling | Datenerfassung | **Auflösung**



verbesserte Auflösung = Verbesserung der Datenqualität = Steigerung der Kosten

- Je besser die Datenqualität, umso höher die Wahrscheinlichkeit Unterschiede zu finden!
- Je mehr Daten, umso verlässlicher die Unterscheidung zwischen zwei Proben

10 science for food





 TP 1: Barcoding 

Barcoding / Ultra-Barcoding

Probe A CCATTTGGGGTATAATAATATTTTTATCTCAAATAATATAGAGGTTTTCTC
 Probe B CCTTTGGGGTATAAATATTTTTATCTCAAATAATATAGAGGTTTTCTC

GTGTGGGAATTCATTTCCCTAATTCAGCTCTTCCTTAGGAAATCGAAATC
 GTGTGGGAATTCATTTCCCTAATTCAGCTCTTCCTTAGGAAATCGAAATC


TAAAATCTATAAATTTGATCAATTCATCCATTTCCCTTTTGAAGATAAA
 TAAAATCTATAAATTTGATCAATTCATCCATTTCCCTTTTGAAGATAAA

- **Barcoding**
 - DNA-Sequenz eines Markergens (ca. 500 – 1 000 bp)
 - Artenunterscheidung
- **Ultra-barcoding**
 - Gesamtes Plastiden-Genom (ca. 150 000 bp) wird analysiert
 - Unterartenunterscheidung

Taxonomische Methode zur Artenbestimmung

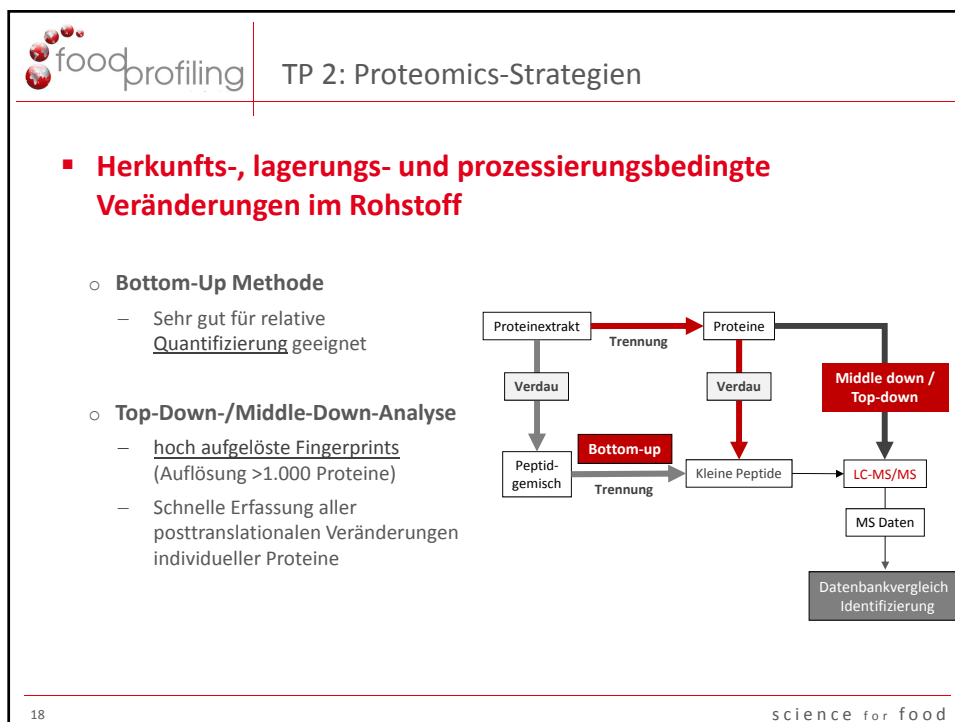
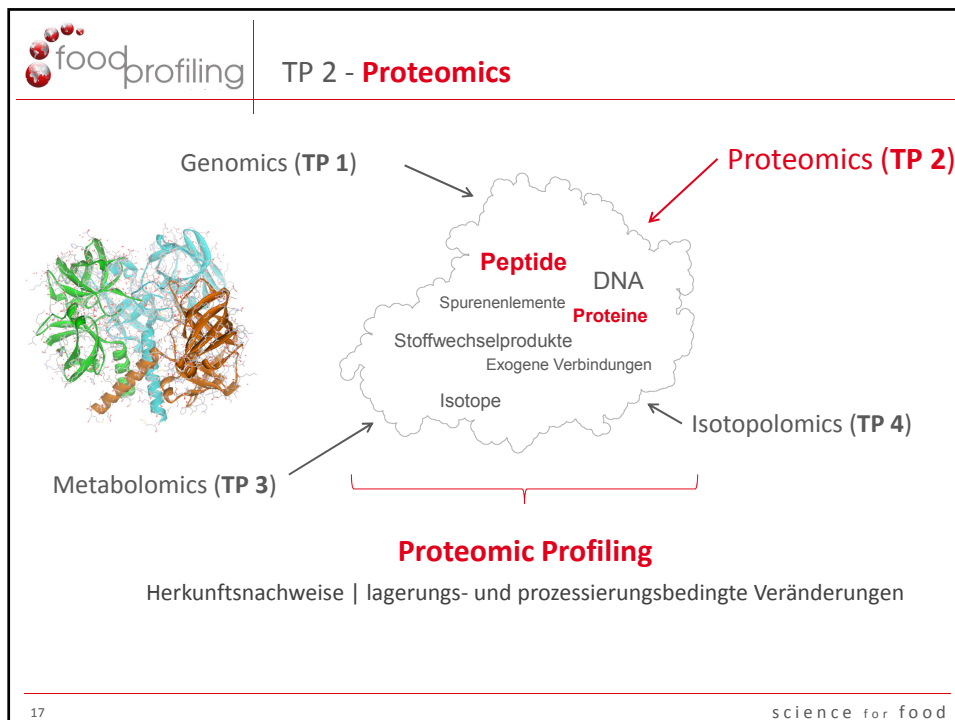
- **Basenpaar-Abfolge** wird analog, wie der **Strichcode**, als Kennzeichen für eine bestimmte Art bzw. Unterart verwendet
- Je länger die DNA-Sequenz, desto höher die Auflösung

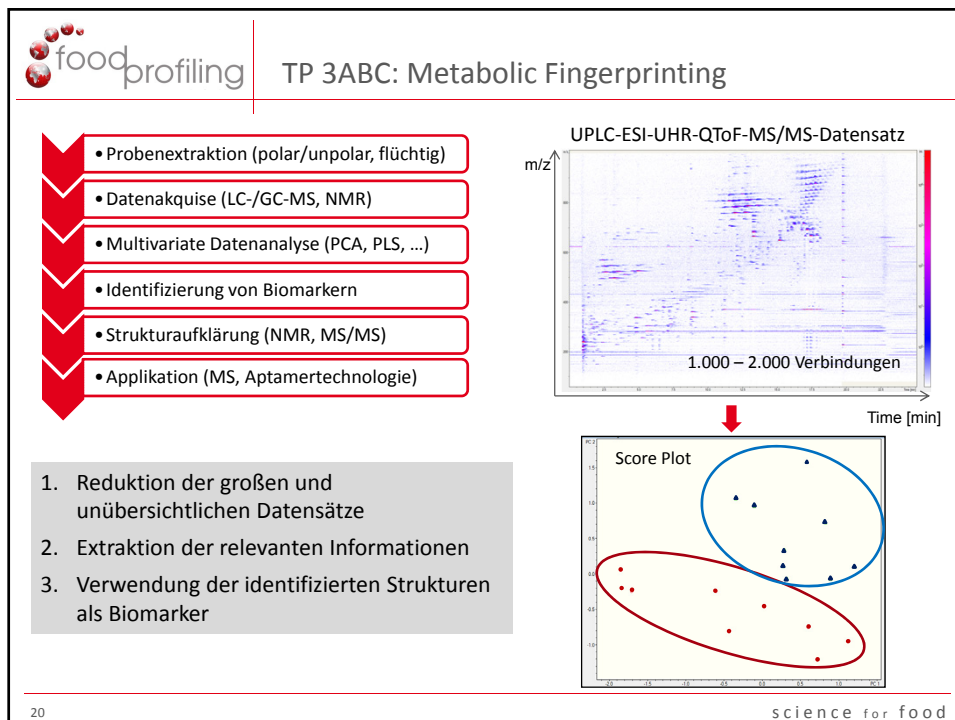
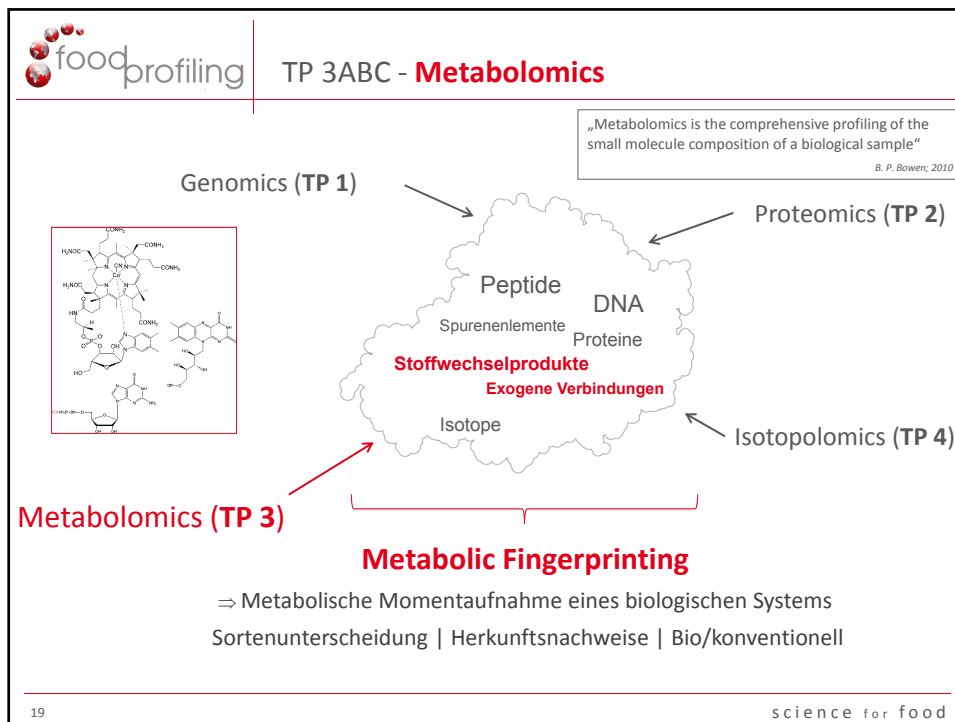
15 science for food

 TP 1: Detektion von Polymorphismen

1. Identifizierung von Sequenzunterschieden
- 2. Nachweis über molekularbiologische Standardtechniken**
 - **SSP-PCR** (*sequence specific primer polymerase chain reaction*)
 - **LPA** (*Ligation-dependent Probe Amplification*)
 - **PCR-RFLP** (PCR-Restriction Fragment Length Polymorphism)
 - **PCR-dHPLC** (denaturierende HPLC)
 - **DNA-Fingerprinting Methoden** (z.B. SLP, *Simple sequence length polymorphism*)
 - **Spezifische isothermale Amplifikationstechniken** (z.B. LAMP, *Loop-mediated Isothermal Amplification*)
 - ...

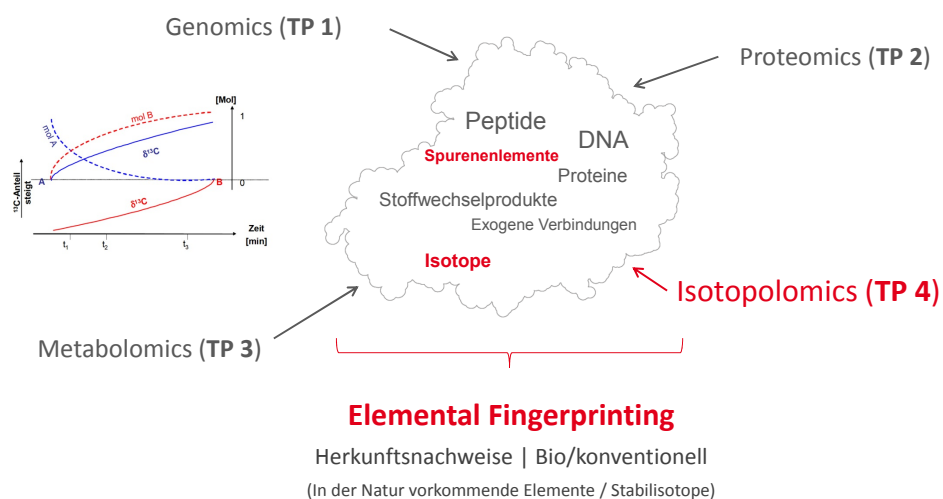
16 science for food





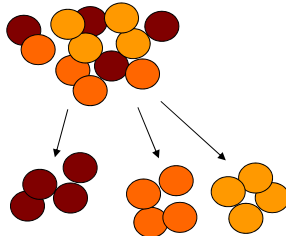
Warum benutzen wir drei unterschiedliche Technologien?

- Schnittmenge an identifizierten Molekülen: **NMR ≠ LC-MS ≠ GC-MS**
- Abdeckung des **flüchtigen und des nicht-flüchtigen Metaboloms**
- **Erhöhung der Anzahl insgesamt erfassbarer Metabolite** und dadurch ein vollständigeres Bild
- **Effiziente Identifizierung** durch Kombination LC-MS & NMR
- **Sichere Quantifizierung** anhand von Doppelbestimmungen (MS/NMR)



food profiling | TP 4: Isotope-ratio mass spectrometry (IR-MS)

- **Compound-specific isotope analysis (CSIA; GC-IRMS)**
 - vergl. Berücksichtigung der $\delta^{13}\text{C}$ -Werte mehrerer Verbindungen
 - Herkunftsnachweis
- **Erfassung der Art der Düngung**
 - Bio ↔ konventionell



Bestimmung der $\delta^{13}\text{C}$ -Werte

23 science for food

food profiling | TP 4: Bestimmung der Seltenen Erden (SEE)

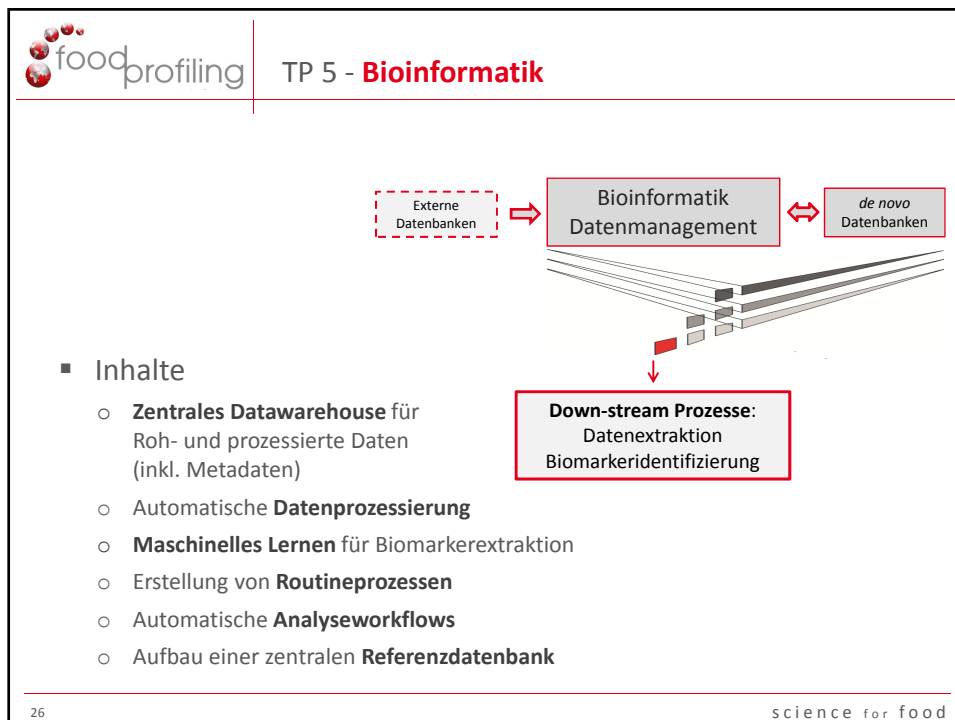
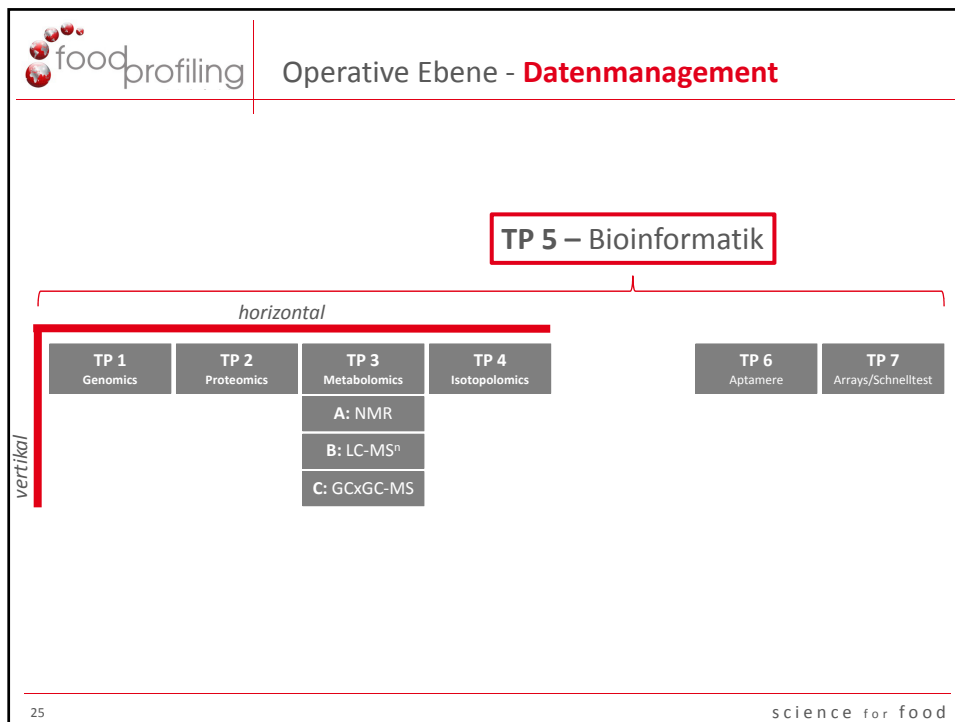
- **Bestimmung der Seltenen Erden über HR-ICP-MS**
 - Auskunft über die Herkunft des Rohstoffes durch die Beschaffenheit eines Bodens
 - gehen Metallionen in eine Pflanze über, kann auf den Boden rückgeschlossen werden

Seltene Erden

- Kommen regelmäßig in Böden vor
- Gehen ohne Diskriminierung in Pflanzen über
- Weisen charakteristische Muster auf
- Können mittels ICP-MS gut erfasst werden

H																	He
Li	Be											B	C	N	O	F	Ne
Na	Mg											Al	Si	P	S	Cl	Ar
K	Ca	Sc	Ti	V	Cr	Mn	Fe	Co	Ni	Cu	Zn	Ga	Ge	As	Se	Br	Kr
Rb	Sr	Y	Zr	Nb	Mo	Tc	Ru	Rh	Pd	Ag	Cd	In	Sn	Sb	Te	I	Xe
Cs	Ba	La-Lu	Hf	Ta	W	Re	Os	Ir	Pt	Au	Hg	Tl	Pb	Bi	Po	At	Rn
Fr	Ra	Ac-Lr	Rf	Db	Sg	Bh	Hs	Mt									
La Ce Pr Nd Pm Sm Eu Gd Tb Dy Ho Er Tm Yb Lu																	
Ac Th Pa U Np Pu Am Cm Bk Cf Es Fm Md No Lr																	

24 science for food

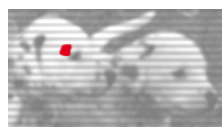


Datensammlung | Prozessierung Datenreduktion | Archivierung

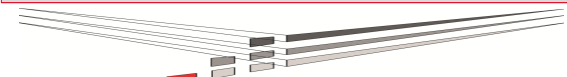
Nachhaltiger Umgang mit dem erreichten Datenportfolio

○ Memory Effekt / Daten-Recycling / Data-Sharing

- Anwendung neuer Erkenntnisse und Technologien auf alte Datensätze
- Verwendung der Daten für andere Fragestellungen
- Datenbank-basiertes Teilen von Probandaten
- Konsortiumsübergreifende Nutzung der Daten



Genomics | Proteomics | Metabolomics | Isotopolomics
ROHDATEN AUS DER HIGHTECH-FORSCHUNG



Datenprozessierung | Datenreduktion

Biomarkeridentifizierung

Biomarkernachweis

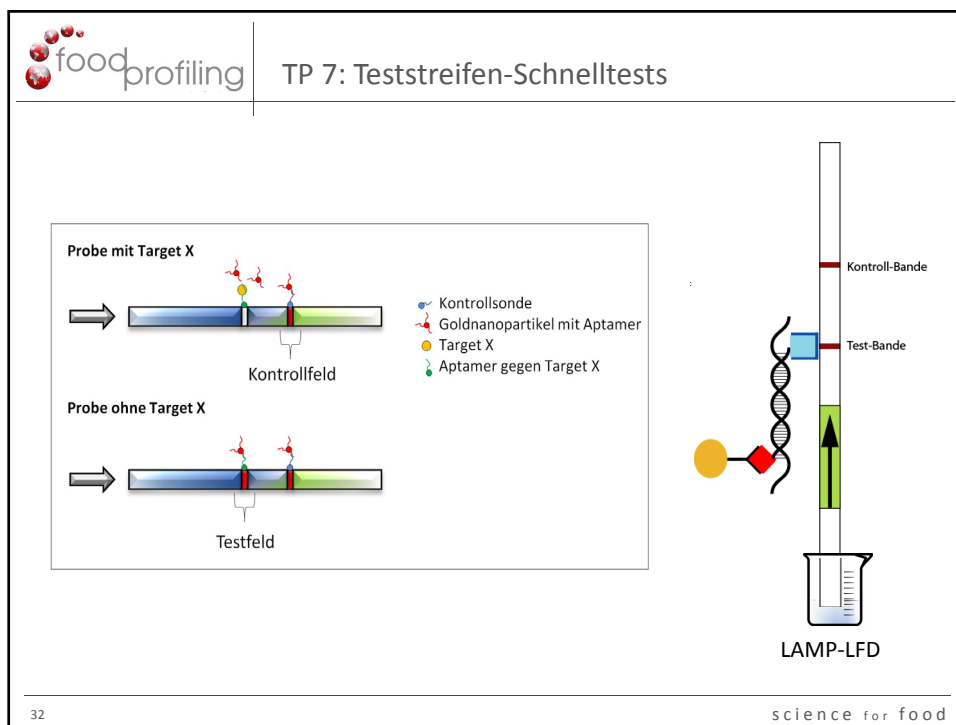
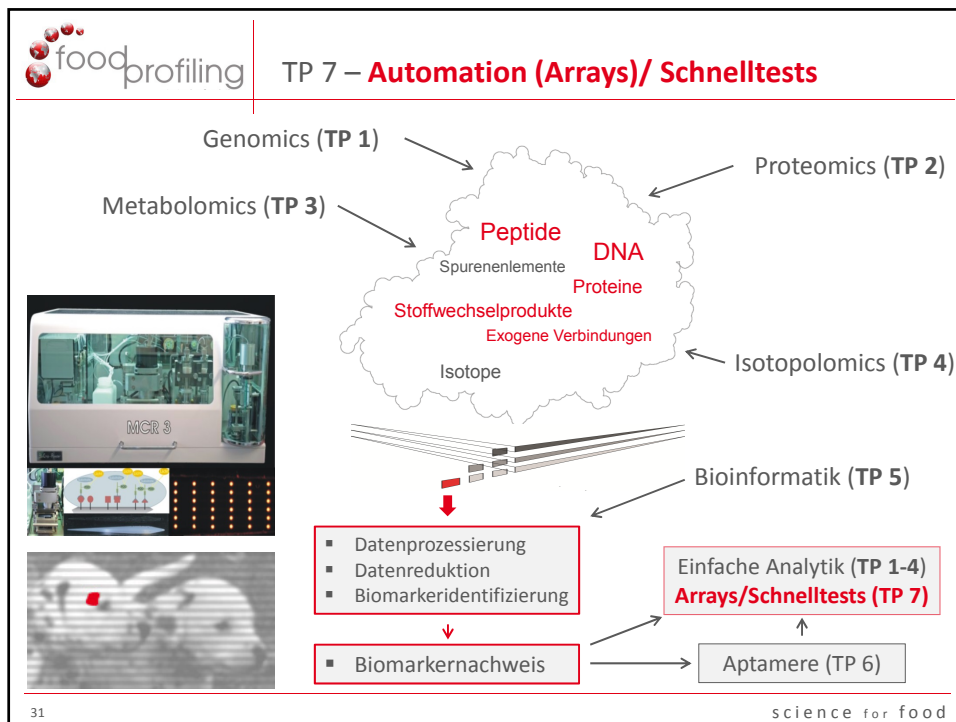
Aptamer-Technologie

Einfache Techniken

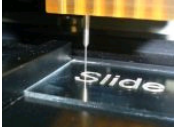



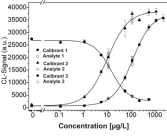
Schnellmethoden

Arrays

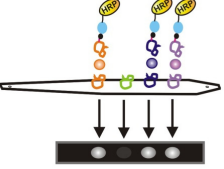
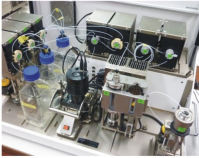
Applikationen für KMU



food profiling TP 7: Mikroarray | Multi-Analyt-Schnelltests

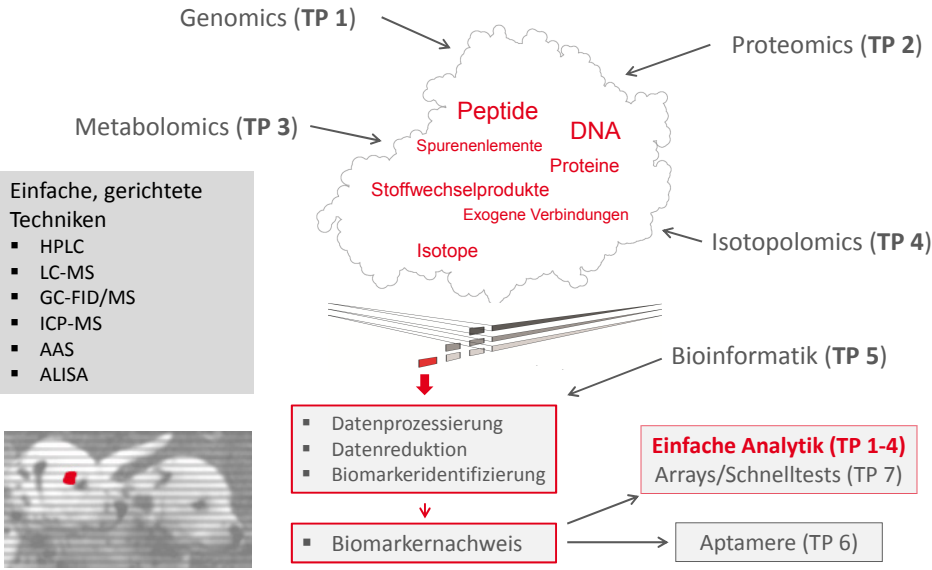
Mikroarray drucken → **Assemblierung** → **Messung** → **Analyse** → **Multiplex-Quantifizierung**

1. Sandwich Aptamer- / DNA-Mikroarray
2. Automatische Prozessierung auf dem MCR 3

33 science for food

food profiling TP 1-4 – **Einfache Analytik**



Genomics (TP 1) → **Proteomics (TP 2)** → **Metabolomics (TP 3)** → **Isotopomics (TP 4)** → **Bioinformatik (TP 5)**

Einfache, gerichtete Techniken

- HPLC
- LC-MS
- GC-FID/MS
- ICP-MS
- AAS
- ALISA

Einfache Analytik (TP 1-4)
Arrays/Schnelltests (TP 7)

Biomarkernachweis → **Aptamere (TP 6)**

34 science for food



Food Profiling - Qualitätssicherung in der Lebensmittelproduktion

www.food-profiling.org

www.hsfs.org

Prof. Dr. Markus Fischer

Wissenschaft schafft Transparenz

