

Jahresbericht 2001

Inhaltsverzeichnis

Struktur und Funktion niedermolekularer Lebensmittelinhaltsstoffe

- Aroma und Geschmack (Genusswert) als Qualitätsparameter
 - Wichtige Geruchsstoffe in frisch gepresstem Saft aus Valencia late und Navel Orangen
 - Charakterisierung wichtiger Geruchsstoffe in handgepresstem Grapefruitsaft durch quantitative Messungen und Aromarekombination
 - 3,4-Dihydroxy-3-hexen-2,5-dion: Die erste offenkettige Verbindung mit karamelartiger Aromanote
 - Modellstudien zur Strecker-Reaktion: Zur Rolle von Amadori-Verbindungen
 - Charakterisierung von Maillard-Produkten mit "Kühleffekt" in Biermalz
- Physiologische und techno-funktionelle Eigenschaften
 - Einfluss des Kohlenhydratmotivs auf Strukturen, Bildung und antioxidativem Potential nicht-enzymatischer Bräunungsprodukte
 - Metabolismus von S-(+)- und R-(-)-Carvon beim Menschen
 - Struktur-Wirkungsbeziehungen synthetischer Emulgatoren zur Schokoladeherstellung: Synthese von Einzelkomponenten

Entwicklung spezieller Analysenverfahren

- Exhaled Odorant Measurement (EXOM) - Eine neue Technik zur Erfassung des Umfangs der Aromafreisetzung beim Verzehr von Lebensmitteln
- Die Geschmacksverdünnungsanalyse (GVA) - Eine neuer Bioassay zur Identifizierung nicht-flüchtiger, potenter Geschmacksstoffe in erhitzten Lebensmitteln
- Studien zum massenspektrometrischen Verhalten des Trimethylsilylderivates der Pantothenensäure

Arbeiten zu Struktur/Wirkungsbeziehungen bei Biopolymeren

- Untersuchungen zum Einfluss von Kaffee-Melanoidinen auf die Bindung wichtiger Aromastoffe des Kaffeegetränkes
- Hitzeinduzierte Thiol/Disulfid-Austauschvorgänge bei Milchproteinen: Untersuchungen an β -Lactoglobulin
- Untersuchungen zur Wirkung mikrobieller Transglutaminase auf die Kleberproteine des Weizens
- Ascorbinsäure als Regulator der Redoxreaktionen bei der Teigbereitung
- Lokalisierung proteingebundener Thiolgruppen in Gliadinen
- Einfluss der Schwefeldüngung auf die quantitative Zusammensetzung der Kleberproteine in Weizenmehl

- [Zusammenhänge zwischen Kleberproteinzusammensetzung und technologischen Eigenschaften von Kreuzungen aus *Aegilops tauschii* und *Triticum durum*](#)
- [Präparation und Charakterisierung eines europäischen Gliadinstandards](#)
- [Entwicklung eines für Weizen- und Roggenmehl einheitlichen Mikrobackversuchs](#)
- [Charakterisierung der \$\gamma\$ -Secaline von Roggen](#)

Tabellenwerk zum Nährstoffgehalt von Lebensmitteln

Zusammenfassungen

1. STRUKTUR UND FUNKTION NIEDERMOLEKULARER LEBENSMITELINHALTSSTOFFE

1.1. Aroma und Geschmack (Genusswert) als Qualitätsparameter

1.1.1. Wichtige Geruchsstoffe in frisch gepresstem Saft aus Valencia late und Navel Orangen

Ausgangslage: Der größte Teil des im Handel erhältlichen Orangensaftes ist sog. Saft aus Konzentrat, der durch Rückverdünnung von Orangensaftkonzentrat unter Verwendung der sog. "Waterphase" und des "Essence oils" hergestellt wird. Das Aroma von Konzentratsaft unterscheidet sich deutlich vom Aroma handgepresster Säfte. Da die wichtigen Aromastoffe von frisch gepresstem Saft bisher noch unklar sind, können bisher keine zielgerichteten, technologischen Maßnahmen zur Optimierung des Aromaprofils von Konzentratsäften unternommen werden.

Forschungsziel: Wie im Bericht 1998 dargestellt, ist es uns gelungen, durch Anwendung der Aromaextraktverdünnungsanalyse die geruchsaktivsten Verbindungen in handgepresstem Saft aus Valencia late Orangen zu erkennen und in der Struktur aufzuklären. Ziel der Untersuchungen war es, daraus durch quantitative Messungen sowie Aromarekombinationen die "character impact" Verbindungen zu selektieren und Sortenunterschiede zu erfassen.

Ergebnis: Durch Anwendung von Stabilisotopenassays wurden 25 aroma-aktive Verbindungen in handgepressten Säften aus Valencia late und Navel Orangen quantitativ bestimmt. Basierend auf den quantitativen Daten sowie Schwellenwertbestimmungen wurden die Aromawerte (Quotient aus Konzentration und Geruchsschwelle) für alle Verbindungen berechnet. Die Daten ergaben die fruchtig riechenden Ester 2-Methyl-propansäure-ethyl-ester, Butansäure-ethyl-ester und (S)-2-Methyl-butansäure-ethyl-ester, das 3a,4,5,7a-Tetrahydro-3,6-dimethyl-2(3H)-benzofuranon, das grün-grasig riechende (Z)-3-Hexenal und das citrusartige Decanal als wichtigste Geruchsstoffe in beiden Säften. Die vergleichsweise schwächere fruchtige Note im Saft aus Navel Orangen war sehr gut mit den niedrigeren Aromawerten der fruchtig riechenden Ester korreliert. Hingegen war der Aromawert von (Z)-3-Hexenal in der Navel höher als im Saft aus Valencia late Orangen. Aromarekombinate, die in einer wässrigen Matrix aus Kohlenhydraten und Säuren unter Verwendung von Referenzaromastoffen in den "natürlichen" Konzentrationen durchgeführt wurden, zeigten eine gute Übereinstimmung mit dem Gesamtaromaprofil der Säfte.

Index

1.1.2. Charakterisierung wichtiger Geruchsstoffe in handgepresstem Grapefruitsaft durch quantitative Messungen und Aromarekombination

Ausgangslage: 1-p-Menthen-8-thiol wird seit etwa 20 Jahren als "character impact"-Verbindung im Aroma von Grapefruitsaft angesehen. Wie im Bericht 2000 dargestellt, konnten wir durch Anwendung der Aromaextraktverdünnungsanalyse zeigen, dass neben dem o.g. Thiol eine Reihe weiterer, sehr geruchsaktiver Verbindungen in handgepresstem, frischen Grapefruitsaft vorliegen.

Forschungsziel: Bewertung des Aromabeitrages der von uns identifizierten Saftaromastoffe auf der Basis quantitativer Studien und Aromarekombinationsexperimenten.

Ergebnis: Anhand von Stabilisotopenassays wurden in einem handgepressten Saft aus White Marsh Grapefruits 25 Geruchsstoffe quantifiziert, die in der vorangehenden Studie als potentielle Aromakomponenten des Saftes erkannt worden waren. Anhand der quantitativen Daten wurden dann auf der Basis von Geruchsschwellenwerten in Wasser die Aromawerte berechnet. Die Daten ergaben die fruchtig riechenden Ester 2-Methyl-propansäure-ethyl-ester, Butansäure-ethyl-ester und (S)-2-Methyl-butansäure-ethyl-ester neben (Z)-3-Hexenal (grün) und 4,5-Epoxy-(E)-2-decenal (metallisch) als wichtige Aromastoffe des Saftes. Die hohen Aromawerte sowie Aromarekombinationsexperimente zeigten, dass die typische, grapefruitartige Note vom 4-Mercapto-4-methyl-pentan-2-on und dem 1-p-Menthen-8-thiol hervorgerufen wird. Das typische Grapefruitaroma konnte erfolgreich durch eine Mischung aus 18 Geruchsstoffen in den "natürlichen" Konzentrationen simuliert werden. Nunmehr stehen Daten zur Verfügung, um z.B. den Einfluss technologischer Verfahrensschritte oder der Lagerung anhand dieser Verbindungen zu objektivieren.

[Index](#)

1.1.3. 3,4-Dihydroxy-3-hexen-2,5-dion: Die erste offenkettige Verbindung mit karamelartiger Aromanote

Ausgangslage: Wie in den Berichten der vergangenen Jahre dargestellt, ist die Strukturaufklärung wichtiger Geruchsstoffe in Maillard-Reaktionssystemen ein Schwerpunkt unserer Arbeiten. Bei der Untersuchung eines Aromaextraktes aus der Reaktion von Fructose mit Cysteamin stießen wir kürzlich auf eine neue Verbindung mit intensiv karamelartiger Geruchsnote. Die Geruchsintensität war allerdings abhängig von der Wahl des eingesetzten Lösungsmittels.

Forschungsziel: Klärung der Struktur des unbekanntes Aromastoffes.

Ergebnis: Durch Anwendung der Aromaextraktverdünnungsanalyse auf einen Extrakt aus einer thermisch behandelten (20 min, 145 °C) wässrigen Lösung von Fructose und Cysteamin konnte mit einem Retentionsindex von 1530 (FFAP-Säule) eine intensiv karamelartig riechende Verbindung detektiert werden. Durch hochauflösende Massenspektrometrie in Kombination mit 1H-NMR-Messungen und der Synthese wurde die Struktur als 3,4-Dihydroxy-3-hexen-2,5-dion (DHHD) zugeordnet. HRGC/MS und 13C-NMR Daten zeigten, dass die Geruchsaktivität an die offenkettige Form gebunden war. Die cyclische Form, das Acetylformoin, war hingegen völlig geruchlos. Die Aromaqualität des DHHD war sehr ähnlich derjenigen von 4-Hydroxy-2,5-dimethyl-3(2H)-furanon (Furaneol), und der Schwellenwert in Sonnenblumenöl lag bei 10 g/kg. Durch NMR Experimente wurde

bewiesen, dass die offenkettige Form nur in aprotischen Lösungsmitteln existiert, in wässriger Lösung entsteht durch Ketalbildung sofort das cyclische, geruchslose Acetylformoin.

[Index](#)

1.1.4. Modellstudien zur Strecker-Reaktion: Zur Rolle von Amadori-Verbindungen

Ausgangslage: Bei der thermischen Verarbeitung von Lebensmitteln entstehen in vielen Lebensmitteln geruchsaktive Aldehyde, z.B. Methional, 3-Methyl-butanal oder Phenylacetaldehyd, deren Bildung auf eine Transaminierung/oxidative Decarboxylierung von α -Aminosäuren in Gegenwart von α -Dicarbonylverbindungen zurückgeführt wird. Wie im Bericht 2000 dargestellt, konnten wir kürzlich erstmals zeigen, dass im Zuge dieses als Strecker-Reaktion bekannten Aminosäureabbaus auch die entsprechenden Carbonsäuren entstehen. Das Verhältnis von Aldehyd zu Säure ist dabei insbesondere abhängig von der Anwesenheit von Sauerstoff bzw. Übergangsmetallionen. Basierend auf dem von uns vorgestellten, neuen Reaktionsablauf ist denkbar, dass Amadori-Verbindungen, die als wichtige Intermediate angesehen werden, direkt in den Aldehyd überführt werden ohne die entsprechende Säure zu bilden.

Forschungsziel: Vergleich des Ablaufes der Strecker-Reaktion aus binären Aminosäuren/Kohlenhydrat-Modellsystemen mit dem Zerfall der entsprechenden Amadori-Verbindungen.

Ergebnis: Durch Anwendung einer Stabilisotopenverdünnungsanalyse wurden in zwei Modellsystemen (I: Phenylalanin/Glucose; II: N-(1-desoxy-D-fructosyl-1-yl)-L-phenylalanin [ARP-Phe]) die nach Erhitzung gebildeten Mengen an Phenylacetaldehyd und Phenylelessigsäure quantitativ bestimmt. Die Ergebnisse zeigten, dass ARP-Phe der effektivste Vorläufer von Phenylacetaldehyd ist. Im Gegensatz dazu wurde aus dem binären Gemisch (Modell I) bevorzugt Phenylelessigsäure gebildet, insbesondere in Gegenwart von Sauerstoff und Übergangsmetallionen. Weitere Modellstudien zeigten, dass die metallkatalysierte Oxidation des Amadori-Produktes durch Luftsauerstoff in das 2-Hexosulose-(Phenylalanin)imin eine Schlüsselreaktion zur Bildung von Phenylacetaldehyd aus der Amadori-Verbindung ist. Der auf der Basis der Ergebnisse vorgestellte Reaktionsablauf erklärt die unterschiedlichen Ausbeuten an Strecker-Aldehyd und "Strecker-Säure" in Abhängigkeit vom vorhandenen Kohlenhydratabbauprodukt und zeigt einen neuen Weg zur Bildung der Strecker-Aldehyde ohne Katalyse durch α -Dicarbonylverbindungen auf.

[Index](#)

1.1.5. Charakterisierung von Maillard-Produkten mit "Kühleffekt" in Biermalz

Ausgangslage: Die den typischen Geschmack von dunklem Biermalz prägenden Verbindungen liegen im Produkt nicht per se vor, sondern gehen erst während des Darrens von Grünmalz u.a. aus der Maillard-Reaktion von Kohlenhydraten und Aminosäuren vor, wobei insbesondere die quantitativ dominierenden Verbindungen Glucose und L-Prolin als wichtigste Vorstufen des Rohmaterials anzusehen sind. Bislang ist jedoch weitgehend unklar welche Geschmacksstoffe aus diesen Maillard-Reaktionen hervorgehen.

Forschungsziel: Modellierung des Darrvorgang anhand eines Glucose/Prolin-Systems und Charakterisierung von Geschmacksstoffen durch Anwendung der Geschmacksverdünnungsanalyse.

Ergebnis: Die beim Rösten von Glucose und L-Prolin gebildeten Reaktionsprodukte wurden zunächst mittels Gelchromatographie nach Molekulargewicht aufgetrennt. Bei der anschließenden sensorischen Analyse konnte eine Fraktion detektiert werden, die einen deutlichen Kühleffekt auf der Zunge hinterließ. Um die den Kühleffekt ursächlich hervorrufenden Verbindungen zu identifizieren, wurde die kürzlich entwickelte Geschmacksverdünnungsanalyse auf diese Fraktion angewendet. Dabei gelang es drei intensive "kühlende" Verbindungen im komplex zusammengesetzten Gemisch an Reaktionsprodukten zu lokalisieren und in nachfolgenden ¹³C-Markierungsexperimenten, LC/MS, 1D- und 2D-NMR-Studien als 3-Methyl-2-(1-pyrrolidiny)-2-cyclopenten-1-on (3-MPC), 5-Methyl-2-(1-pyrrolidiny)-2-cyclopenten-1-on (5-MPC) und 2,5-Dimethyl-4-(1-pyrrolidiny)-3(2H)-furanon (3(2H)-DMPF) zu identifizieren. In erhitzten Mischungen von Pentosen und L-Prolin gelang es zudem das 5-Methyl-4-(1-pyrrolidiny)-3(2H)-furanon (3(2H)-MPF) als weitere Kühlverbindung zu identifizieren. Mit der Absicherung dieser Strukturen durch Synthese ist es erstmals gelungen die Existenz von Maillard-Reaktionsprodukten aufzuzeigen, die dem (-)-Menthol vergleichbare Kühleffekte aufweisen. Schließlich konnte mit der Identifizierung dieser neuen Verbindungen in dunklen Biermalzen das natürliche Vorkommen dieser "Kühlverbindungen" in thermisch verarbeiteten Lebensmitteln verifiziert werden.

[Index](#)

1.2. Physiologische und techno-funktionelle Eigenschaften

1.2.1. Einfluss des Kohlenhydratmotivs auf Strukturen, Bildung und antioxidativem Potential nicht-enzymatischer Bräunungsprodukte

Ausgangslage: Seit langem ist bekannt, dass die bei der thermischen Verarbeitung von Lebensmitteln Pentosen, gefolgt von Hexosen, die aktivsten Precursoren der nicht-enzymatischen Bräunung darstellen. Disaccharide sind hingegen vergleichsweise ineffektiv in der Bildung von Bräunungsprodukten. Die Gründe für die starken Unterschiede in der Bräunungsaktivität der reduzierenden Kohlenhydrate sind bislang auf molekularer Ebene jedoch unklar.

Forschungsziel: Aus erhitzten Mischungen von L-Prolin mit Pentosen, Hexosen bzw. Disacchariden sollen Bräunungsprodukte isoliert werden und anhand deren Bildungswege die Gründe für die unterschiedliche Bräunungsaktivität der Zucker auf molekularer Ebene verstanden werden.

Ergebnis: In gerösteten Xylose/L-Prolin-Mischungen wurden die orange-farbenen Verbindungen (E)/(Z)-4-Hydroxy-5-methyl-2-(3-oxo-4-pyrrolidino-4-cyclopenten-1-yliden)-2H-furan-3-on und (E)/(Z)-5-Methyl-2-(3-oxo-4-pyrrolidino-4-cyclopenten-1-yliden)-4-pyrrolidino-2H-furan-3-on isoliert und mittels NMR-, LC/MS- und UV/VIS-Spektroskopie sowie Synthese in deren Struktur geklärt. Studien zu deren Bildung ergaben die Pentoseabbauprodukte 4-Hydroxy-5-methyl- bzw. 5-Methyl-4-pyrrolidino-2H-furan-3-on, 2-Hydroxy-2,4-cyclopentadien-1-on und Pyrrolidin als deren direkte Vorstufen. Substitution der Pentose mit Glucose führte zur Identifizierung des strukturverwandten Farbstoffes (Z)/(E)-2-(2-Hydroxy-2-methyl-3-oxo-4-pyrrolidino-4-cyclopenten-1-yliden)-4-hydroxy-5-methyl-2H-furan-3-on, der aus den Vorstufen 2,4,5-Trihydroxy-5-methyl-2-cyclopenten-1-on und 5-Hydroxy-5-methyl-3-cyclopentene-1,2-dion als Schlüsselintermediate in Gegenwart von Prolin gebildet wird. In vergleichenden Studien an Disacchariden konnten jedoch keine 2-(3-Oxo-4-pyrrolidino-4-cyclopentene-1-yliden)-2H-furan-3-on-Chromophore nachgewiesen

werden. Stattdessen wurden die farblosen Glucoside 4-(α -D-Glucopyranosyloxy)-2-hydroxy-2-methyl-2H,6H-pyran-3-on und 4,5-Dihydroxy-2-(α -D-glucopyranosyloxy)-5-methyl-2-cyclopenten-1-on als Hauptprodukte gebildet. Erhitzungsversuche zeigten, dass die Aglycone dieser Glucoside thermisch nicht freigesetzt werden können, damit die Bildung der Chromophore unterbleibt. Auf der Basis dieser Daten ist wahrscheinlich, dass die 1,4-glycosidische Verknüpfung der Monomeren im Disaccharid für die geringe Bräunungsaktivität verantwortlich ist, wobei das glykosidisch gebundene Monomere die Funktion einer "Schutzgruppe" übernimmt. Zudem wurde die antioxidative Kapazität dieser Chromophore mittels in vitro-Experimenten gemessen. Dabei ergab sich, dass nicht wie zunächst angenommen die quasi-phenolische Hydroxygruppe der Chromophore, sondern die freie Methylen-Gruppe im (E)/(Z)-4-Hydroxy-5-methyl-2-(3-oxo-4-pyrrolidino-4-cyclopentene-1-yliden)-2H-furan-3-on das entscheidende Strukturelement für die antioxidative Funktion der Farbstoffe ist.

[Index](#)

1.2.2. Metabolismus von S-(+)- und R-(-)-Carvon beim Menschen

Ausgangslage: Obwohl viele Terpene zur Aromatisierung von verschiedenen Lebensmitteln und Bedarfsgegenständen wie Zahnpasta verwendet werden, ist sehr wenig über ihren Metabolismus im Körper bekannt. Die einzigen hierzu vorhandenen Daten stammen von Untersuchungen an Personen, welche im Holzverarbeitenden Gewerbe tätig und dadurch einer starken Terpenbelastung ausgesetzt sind. Die hierbei aufgenommenen Mengen sind aber unvergleichbar hoch im Verhältnis zur Aufnahme von Terpenen z.B. über die Nahrung.

Forschungsziel: Aufklärung der chemischen Struktur der Metabolite von Carvon als einem der Hauptvertreter in der Terpenklasse beim Menschen unter nahrungsrelevanten Bedingungen.

Ergebnis: Für die Untersuchung wurde erstmalig die MICA (Metabolism of Ingestion-Related Amounts)-Methode angewandt, d.h. die Menge des zu metabolisierenden Stoffes wurde nicht so hoch wie möglich gewählt, sondern an einer möglichen Nahrungszusammenstellung orientiert. Hierzu wurde eine Probandengruppe drei Tage lang mit einer terpenfreien Diät ernährt. Am ersten Tag wurden Terpene soweit möglich aus dem Körper entfernt, am zweiten Tag die 24h-Urin Blindprobe und am letzten Tag die 24h-Urin Vergleichsprobe gewonnen. Beide Proben wurden enzymatisch hydrolysiert und mit Ether extrahiert. Die Lösungen wurden nach dem Aufkonzentrieren trimethylsilyliert oder ethyliert. Durch Gaschromatographie/Massenspektrometrie wurden Chromatogramme von beiden Proben erhalten und die Metabolite wurden durch Massenspektrenvergleich lokalisiert. Ausgehend von den erhaltenen Massenspektren wurden die Strukturen der Metabolite abgeleitet und durch Synthese oder Vergleich mit kommerziell erhältlichen Substanzen bewiesen. Als Hauptmetabolite wurden α ,4-Dimethyl-5-oxo-3-cyclohexen-1-essigsäure (Dihydrocarvonsäure), α -Methylen-4-methyl-5-oxo-3-cyclohexen-1-essigsäure (Carvonsäure) und 5-(1,2-Dihydroxy-1-methylethyl)-2-methyl-2-cyclohexenon (Uroterpenolon) identifiziert. In geringer Menge konnten die Reduktionsprodukte Carveol und Dihydrocarveol nachgewiesen werden. Die Verbindung 10-Hydroxycarvon welche bei Kaninchen als Hauptmetabolit identifiziert wurde, konnte nicht nachgewiesen werden. Der Metabolismus von S-(+)- und R-(-)-Carvon scheint über die gleichen Verbindungen zu verlaufen.

[Index](#)

1.2.3. Struktur-Wirkungsbeziehungen synthetischer Emulgatoren zur Schokoladenherstellung: Synthese von Einzelkomponenten

Ausgangslage: Der Emulgator Polyglycerin-Polyricinoleat (PGPR) wird zur Herstellung von Schokoladenmassen eingesetzt und zeichnet sich vor allem durch die Herabsetzung der Fließgrenze von Schokoladenmassen aus. PGPR ist keine definierte Verbindung, sondern ein Gemisch aus Estern von polykondensierten Rizinusölfettsäuren mit polykondensiertem Glycerin.

Forschungsziel: Da über die Wirkung einzelner Komponenten von PGPR bisher noch nichts bekannt ist, sollen definierte PGPR-Verbindungen synthetisiert werden, um nach Einarbeitung in die Schokoladenmasse physikalische Effekte auf chemische Strukturen zurückführen zu können.

Ergebnis: Diglycerin wurde relativ einfach durch die Umsetzung von Allylether mit Perameisensäure gewonnen und steht nun als Zwischenprodukt für die Veresterung mit Ricinolsäure zur Verfügung. Weiterhin wurde eine Synthese zur Herstellung von 1-mono-Ricinolein entwickelt. Nach Einführung der Triethylsilyl-Schutzgruppe ist es möglich, aufgrund der unterschiedlichen Hydrolysestabilität des Triethylsilylethers und des Triethylsilylesters die Ricinolsäurekette von 1-mono-Ricinolein, ausgehend vom 12-Hydroxy-9-(Z)-Octadecensäure (2,2-dimethyl-1,3-dioxolan-4-yl) methyl ester, beliebig zu verlängern.

Index

2. ENTWICKLUNG SPEZIELLER ANALYSEVERFAHREN

2.1. Exhaled Odorant Measurement (EXOM) - Eine neue Technik zur Erfassung des Umfangs der Aromafreisetzung beim Verzehr von Lebensmitteln

Ausgangslage: Die an die Rezeptoren in der Nasenschleimhaut gelangenden Mengen der Aromastoffe eines Lebensmittels entsprechen bei der sog. orthonasalen Wahrnehmung, d.h. dem Riechvorgang über die Nasenlöcher, weitgehend der Konzentration im Gasraum über dem Lebensmittel selbst. Veränderungen in den relativen Konzentrationen einzelner Aromastoffe sind lediglich über bisher nicht bekannte Selektionsvorgänge an der Schleimhaut sowie den Rezeptoren zu erwarten.

Die sog. retronasale Wahrnehmung beim Verzehr kann hingegen von einer Reihe weiterer Faktoren, z.B. Adsorption von Aromastoffen an der Mundschleimhaut, Biokonversion durch Speichelenzyme, mechanische Freisetzung beim Kauprozess etc. beeinflusst werden, bevor der Aromastoff an die Rezeptoren gelangt. Insbesondere aus anwendungstechnischer Sicht ist die Frage, inwieweit solche Parameter die Kompositionen des Aromas quantitativ beeinflussen von hoher Bedeutung.

Ein weiterer wesentlicher Faktor, nämlich die Tatsache, dass der Mund beim Kauprozess mechanisch sowohl gegen die Nase als auch die Lunge abgeschlossen ist, wurde in bisherigen Studien zur Aromafreisetzung beim Verzehr nicht berücksichtigt.

Forschungsziel: Klärung der physiologisch-mechanischen Abläufe beim Verzehrsvorgang unter dem Aspekt des Transportes von Aromastoffen zum Rezeptorepithel.

Ergebnis: Die Untersuchungen konzentrierten sich zunächst auf den Einfluss physiologischer Faktoren (Schluckbewegung, Zungenbewegung) auf den Transfer von Aromastoffen aus der Mundhöhle zum Riechepithel. In einem Modellversuch, bei dem mehrere Probanden zunächst Heliumgas im Mundraum hielten und nach 5 min einen Schluckvorgang durchführten, konnte klar gezeigt werden, dass während der Atmung kein Helium an das Riechepithel gelangte. Beim Schlucken öffnete sich die Zunge/Velumgrenze, wodurch beim sog. "swallow breath" Helium an das Riechepithel gelangte, bzw. aus den Nasenlöchern austrat. In einem Modellversuch mit einer wässrigen Lösung des Fruchtesters Butansäure-ethyl-ester wurde durch quantitative Messung in der Atemluft bestätigt, dass während der Atmung nur sehr geringe Mengen über Velum und Lunge an das Riechepithel gelangen. Die entscheidende Menge (ca. 92 % der im Mund freigesetzten Menge) gelangte als "single peak event" an das Riechepithel. Mit der EXOM-Methode steht nun ein Verfahren zur Verfügung, das die direkte Bestimmung der Aromafreisetzung im Mund in Abhängigkeit von Lebensmittelmatrix und Verzehrsgewohnheit erlaubt.

Index

2.2. Die Geschmacksverdünnungsanalyse (GVA) - Eine neuer Bioassay zur Identifizierung nicht-flüchtiger, potenter Geschmacksstoffe in erhitzten Lebensmitteln

Ausgangslage: Während in der Literatur zahlreiche Erkenntnisse über die bei der Lebensmittelverarbeitung gebildeten Aromastoffe vorliegen, existieren über die Strukturen und Aktivität nicht-flüchtiger geschmacksgebender Inhaltsstoffe kaum Daten. Dies liegt nicht zuletzt im Mangel an effizienten analytischen Methoden begründet.

Forschungsziel: Anhand einer erhitzten wässrigen Pentose/L-Alanin-Lösung mit intensivem Bittergeschmack soll ein analytisches Konzept zur Lokalisierung und Identifizierung nichtflüchtiger Geschmacksstoffe erarbeitet werden.

Ergebnis: Beim Erhitzen einer wässrigen Xylose/L-Alanine-Lösung entwickelte sich ein intensiver Bittergeschmack. Um die den Bittergeschmack der Lösung ursächlich prägenden Verbindungen zu charakterisieren, wurde ein neuer Bioassay entwickelt, der auf einer Bestimmung der Geschmacksschwellenwerte in stufenweise verdünnten HPLC-Fractionen beruht. Durch Anwendung dieser sog. Geschmacksverdünnungsanalyse (GVA) auf die wässrige Maillard-Lösung wurden 21 Fraktionen erhalten. Isolierung und Strukturaufklärung des Bitterstoffes in der Fraktion, die mit dem höchsten Verdünnungsfaktor bewertet wurde, ergaben das 3-(2-Furyl)-8-[(2-furyl)methyl]-4-hydroxymethyl-1-oxo-1H,4H-chinolinium-7-olat als bittere Schlüsselkomponente der Maillard-Lösung. Diese bislang nicht beschriebene Verbindung, das sog. Quinizolat, wies einen intensiven Bittergeschmack mit einer außerordentlich niedrigen Geschmacksschwelle von 0.00025 mmol/kg (Wasser) auf. Da der Geschmacksschwellenwert dieser Verbindung 2000- bzw. 28-fach unterhalb des Schwellenwertes von Coffein bzw. Chininhydrochlorid liegt, stellt das Quinizolat einen der bittersten bislang beschriebenen Verbindungen dar.

Index

2.3. Studien zum massenspektrometrischen Verhalten des Trimethylsilylderivates der Pantothersäure

Ausgangslage: Die Quantifizierung des Vitamins Pantothersäure durch Isotopenverdünnungsanalyse basiert auf der massenspektrometrischen Messung des Ions m/z

291 der Trimethylsilylpantothensäure nach Elektronenstoßionisation. Als Entstehungsweg dieses intensiven Fragments werden in der Literatur alternativ eine McLafferty-Umlagerung sowie die Abspaltung von 1,1,3,3-Tetramethyl-1,3-disilacyclobutan aus dem Molekölion diskutiert.

Forschungsziel: Klärung des Fragmentierungswegs der Trimethylsilylpantothensäure nach Elektronenstoßionisation.

Ergebnis: Durch Markierungsexperimente mit stabilen Isotopen, Ermittlung der Isotopomerenverteilung des Fragments m/z 291 sowie dessen exakter Massenbestimmung konnte die McLafferty-Umlagerung als Entstehungsmechanismus nachgewiesen werden. Untersuchungen von metastabilen Ionen sowie MS/MS-Experimente ermöglichten außerdem die Aufstellung eines umfassenden Fragmentierungsschemas der Trimethylsilylpantothensäure.

[Index](#)

3. ARBEITEN ZU STRUKTUR/WIRKUNGSBEZIEHUNGEN BEI BIOPOLYMEREN

3.1. Untersuchungen zum Einfluss von Kaffee-Melanoidinen auf die Bindung wichtiger Aromastoffe des Kaffeegetränkes

Ausgangslage: Frisch gebrühter Kaffee (Kaffeegetränk) ist durch ein charakteristisches Aroma gekennzeichnet. Bereits nach relativ kurzer Warmhaltezeit, z.B. in einer Thermoskanne, kommt es jedoch zu signifikanten Aromaveränderungen, wobei insbesondere die typische, frische Note verloren geht. Die Ursachen für diesen Aromaverlust sind weitgehend unbekannt.

Forschungsziel: Klärung der Ursachen der Aromaänderung unter Berücksichtigung der Wechselwirkung mit nichtflüchtigen Kaffeebestandteilen, insbesondere den Bräunungsstoffen (Melanoidinen).

Ergebnis: Eine Fraktion der sog. Melanoidine (Bräunungsfarbstoffe) wurde durch Heißwasserextraktion aus Röstkaffeepulver und anschließende Gefriertrocknung isoliert. Ein Zusatz dieser Fraktion zu einer Modell-Lösung, die 25 Kaffeearomastoffe in den "natürlichen", d.h. im Kaffeegetränk quantitativ ermittelten, Konzentrationen enthielt und das Aroma des frischen Getränkes nahezu simulierte, führte insbesondere zu einer Reduktion der röstig, schwefeligen Aromaqualität. Headspace-Messungen an Modell-Lösungen ergaben, dass insbesondere die Konzentrationen der drei bekannten, schwefelhaltigen Kaffeearomastoffe 2-Furfurylthiol (FFT), 3-Methyl-2-butenthiolester und Ameisensäure-3-mercapto-3-methyl-butylester bei Zusatz der Melanoidine im Gasraum drastisch abnahmen. Insbesondere eine niedermolekulare Fraktion der Melanoidine (1500-3000 Da) führte zu einem sehr deutlichen Verlust an FFT. Andere Kaffeearomastoffe, z.B. Aldehyde, wurden durch den Melanoidinzusatz hingegen nicht verändert.

[Index](#)

3.2. Hitzeinduzierte Thiol/Disulfid-Austauschvorgänge bei Milchproteinen: Untersuchungen an β -Lactoglobulin

Ausgangslage: β -Lactoglobulin ist in der Lage, unter bestimmten Bedingungen wie erhöhter Temperatur oder erhöhtem Druck Aggregate in Form von Gelen zu bilden. Frühere Untersuchungen haben gezeigt, dass diese Gele nur bei Bildung von intermolekularen Disulfidbindungen elastisch und stabil sind. Ein Thiol/Disulfid-Austausch konnte durch Identifizierung einer thermisch induzierten Thiolgruppe in Position 160 und einer thermisch induzierten Disulfidbindung von Position 121 zu 160 nachgewiesen werden.

Forschungsziel: Ziel war es, alle thermisch induzierten Thiol- und Disulfidgruppen im β -Lactoglobulin durch enzymatische Partialhydrolyse, Trennung der Peptide und Identifizierung der cystein- und cystinhaltigen Peptide mittels Sequenzanalyse und Massenspektrometrie nachzuweisen. Zusätzlich sollte über eine Gehaltsbestimmung der Thiolgruppen überprüft werden, ob diese miteinander zu Disulfidbindungen reagieren.

Ergebnis: Es konnten zwei thermisch induzierte Thiolgruppen in Position 66 und Position 160 nachgewiesen werden. Daneben waren insgesamt sechs Disulfidbindungen nachweisbar, darunter die zwei schon in nativer Form vorhandenen Disulfidbindungen von Position 66 zu 160 und 106 zu 119. Zwei der thermisch induzierten Disulfidbindungen waren eindeutig intermolekular: Position 66 zu 66 und Position 160 zu 160. Die thermisch induzierten Disulfidbindungen von Position 66 zu 121 und 121 zu 160 konnten durch Erhitzungen von β -Lactoglobulin-Mischungen mit Punktmutationen in der Nähe der entsprechenden Cysteinreste als intramolekular identifiziert werden. Es konnten keine Disulfidbrücken zwischen den Cysteinresten von Position 119 zu 119, 119 zu 121 bzw. 121 zu 121 nachgewiesen werden. Die native freie Thiolgruppe hatte also auch nach thermischer Behandlung nicht mit Disulfidgruppen anderer Proteinmoleküle reagiert. Vor einem intermolekularem Thiol/Disulfid-Austausch muss im β -Lactoglobulin ein intramolekularer Austausch stattfinden. Eine Reaktion von Thiolgruppen untereinander konnte ausgeschlossen werden, da die Thiolkonzentration nach der Erhitzung nicht abnahm.

[Index](#)

3.3. Untersuchungen zur Wirkung mikrobieller Transglutaminase auf die Kleberproteine des Weizens

Ausgangslage: Das Enzym Transglutaminase katalysiert die Bildung von Isopeptidbindungen zwischen Glutamin- und Lysinseitenketten von Proteinen. Diese cross-links können zu signifikanten Texturänderungen in den Proteinen und dadurch zu verbesserten Produkteigenschaften führen. Auch im Backbereich werden Transglutaminase-Präparate zur Optimierung von Teig- und Backeigenschaften eingesetzt, doch liegen nur wenige Informationen über Struktur- und Texturmodifikationen von Mehlproteinen vor.

Forschungsziel: Anhand von Studien an Modellpeptiden, Mehlsuspensionen und Teigen soll der Einfluss von Transglutaminase auf die Vernetzung von Kleberproteinen untersucht werden.

Ergebnis: Anhand eines kommerziellen Transglutaminase (TG)-Präparates wurden zunächst Modellversuche mit synthetischen Peptiden durchgeführt, die ausgewählte Sequenzabschnitte von HMW-Untereinheiten des Weizens enthielten. Dabei wurden Verknüpfungen erhalten, die einer Isopeptidbindung aus Glutamin und Lysin entsprachen; Reaktionen mit N-terminalen Aminogruppen fanden dabei nicht statt. Um den Einfluss der TG auf einzelne Kleberproteintypen zu untersuchen, wurden wässrige Mehlsuspensionen mit unterschiedlichen Mengen an TG inkubiert und nach Osborne fraktioniert. Die erhaltenen

Fractionen wurden mittels SDS-PAGE, GP-HPLC und RP-HPLC charakterisiert. Die Ergebnisse zeigten, dass die TG in Abhängigkeit von der Dosierung starken Einfluss auf die Extrahierbarkeit und die Molekulargewichtsverteilung der Kleberproteine nahm, wobei insbesondere die Gliadine und die HMW-Untereinheiten von Glutenin betroffen waren. Die Teig- und Kleberrheologie sowie das Backverhalten wurden ebenfalls von einem TG-Zusatz zu Mehl beeinflusst. Mit erhöhter TG-Dosierung nahmen Teigentwicklungszeit, Teigdeformation, Kleberdehnbarkeit und Gebäckvolumen ab, die Kleberfestigkeit wurde dagegen gesteigert. Aufgrund der Ergebnisse erscheint ein TG-Zusatz vor allem bei Weizensorten mit schwachem Kleber sinnvoll.

[Index](#)

3.4. Ascorbinsäure als Regulator der Redoxreaktionen bei der Teigbereitung

Ausgangslage: Die Mehlerverbesserung durch Ascorbinsäure (Asc) ist für die Herstellung vieler Backwaren unentbehrlich. Der Mechanismus, auf dem die Wirkung der Asc beruht, ist bis auf den letzten Schritt geklärt worden. Bei den Kleberproteinen sind nur noch die Menge und Lage der SH-Gruppen unbekannt, die nach Zugabe von Asc über eine mehrstufige Reaktionssequenz blockiert werden, wobei diese Reaktionen bei ausreichendem Zusatz von Asc schon während der Knetung zum Stillstand kommen.

Forschungsziel: Ziel des Projektes war die Lokalisierung freier SH-Gruppen in Kleberproteinen, die mit oxidiertem Glutathion reagieren. Außerdem sollte die Gesamtkonzentration freier SH-Gruppen der Kleberproteine in Mehlen mit unterschiedlichen Backeigenschaften sowie in Mehlen mit unterschiedlichem Asc-Bedarf bestimmt werden.

Ergebnis: Zur Klärung der Frage, welche Abhängigkeit die Konzentration niedermolekularer Thiole von der zugesetzten Menge an Asc zeigt, wurde Mehl der Provenienz CWRS mit verschiedenen Konzentrationen an Asc angeteigt und die Gehalte an reduziertem sowie proteingebundenem Glutathion und Cystein bestimmt. Allein durch das Anteigen nahm der Gehalt an GSH bereits drastisch ab, obwohl keine Asc zugesetzt wurde. Dieser Trend setzte sich beim Zusatz von Asc fort, und die GSH-Gehalte durchliefen ein Minimum bei 125 mg Asc/kg Mehl, um bei höheren Asc-Konzentrationen wieder leicht anzusteigen. Eine Abnahme auf 0 nmol/g war jedoch nicht zu verzeichnen. Im nächsten Teil der Arbeit wurde die Konzentration freier Thiole in den Gluteninen ermittelt, da diese mit oxidiertem Glutathion reagieren können, ohne dass eine Depolymerisation des Glutenins eintritt. Die Konzentrationen freier SH-Gruppen in der Gluteninfraktion lagen im Bereich von 0,22-0,33 mol/g derivatisiertes Mehl bzw. 5,6-8,2 mol/g Protein und waren damit deutlich niedriger als im Mehl. Der Zusatz von Asc beim Anteigen führte zu einer Erhöhung der SH-Konzentration. Den letzten Teil der Untersuchungen bildeten Studien über die Bindung von oxidiertem Glutathion an die Proteine des Glutenins. Zum Nachweis dieser Reaktion wurde beim Anteigen des Mehles Asc in einer Konzentration von 125 mg/kg Mehl zugesetzt, außerdem wurde eine kleine Menge ³⁵S-markiertes, reduziertes Glutathion als Tracer zugesetzt, um die Reaktionsprodukte von oxidiertem Glutathion und freien SH-Gruppen der Proteine anhand ihrer Radioaktivität zu erkennen. Es zeigte sich, dass die Cysteinreste der Kleberproteine, die in der Lage sind, intermolekulare Disulfidbindungen mit anderen Proteinen auszubilden auch mit oxidiertem Glutathion reagieren können. Damit konnte gezeigt werden, dass zumindest ein Teil dieser Cysteinreste im Teig in freier Form vorliegt. Der postulierte Mechanismus für die Wirkung der Asc konnte damit bestätigt werden.

[Index](#)

3.5. Lokalisierung proteingebundener Thiolgruppen in Gliadinen

Ausgangslage: Mit Hilfe von Fluoreszenzmarkierung wurde in vorangegangenen Untersuchungen gezeigt, dass mehr als 60 % der proteingebundenen Thiolgruppen von Weizenmehl in der Gliadinfraktion lokalisiert sind. Die HPLC-Analyse ergab, dass je zwei α - und γ -Gliadine Thiolgruppen tragen. Über ihre Positionen in den Aminosäuresequenzen liegen jedoch noch keine Kenntnisse vor.

Forschungsziel: Lokalisierung von Thiolgruppen in α - und γ -Gliadinen, wobei der Einfluss von Sorte und Luftsauerstoff untersucht werden soll.

Ergebnis: Körner der Weizensorten "Rektor" (E-Weizen) und "Contra" (C-Weizen) wurden entweder unter Normalbedingungen oder unter N₂ vermahlen. Die Mehle, die sich im Thiol/Protein-Verhältnis nur wenig unterschieden, wurden unter N₂ nach Osborne fraktioniert. Die erhaltenen Gliadinfraktionen wurden mit dem Fluoreszenzreagenz DACM (N-(7-Dimethylamino-4-methyl-oxo-3-chromenyl)maleinimid) umgesetzt und mittels RP-HPLC präparativ getrennt. Durch Fluoreszenzmessung wurden jeweils zwei α - und γ -Gliadine identifiziert, die markierte Thiolgruppen trugen; die unter O₂ oder N₂ gewonnenen Mehle zeigten hierin keine Unterschiede. Die markierten Proteine wurden mit Thermolysin partiell hydrolysiert und die entstandenen Peptidgemische durch RP-HPLC unter Fluoreszenzdetektion aufgetrennt. Die Sequenzanalyse der in der Ausbeute dominierenden markierten Peptide ergab, dass bei allen vier Mehlen der freie Cysteinrest der α -Gliadine aus der C-terminalen Domäne (Cz) und der freie Cysteinrest der γ -Gliadine aus der N-terminalen Domäne (Cb*) stammten. Die Positionen der Thiolgruppen waren unabhängig von der Sorte und vom Luftsauerstoff.

[Index](#)

3.6. Einfluss der Schwefeldüngung auf die quantitative Zusammensetzung der Kleberproteine in Weizenmehl

Ausgangslage: Die Versorgung der Weizenpflanze mit Schwefel (S) während des Wachstums ist für die quantitative Zusammensetzung der Kleberproteine und damit für die technologischen Eigenschaften der Mehle wichtig. Es gibt zwar Hinweise darauf, dass die schwefelreicheren Kleberproteine durch S-Mangel in ihren Mengen reduziert werden, doch existieren hierfür keine detaillierten Daten.

Forschungsziel: Klärung der Einflüsse unterschiedlicher S-Düngung auf die Mengen und Mengenverhältnisse aller in Weizenmehl vorkommenden Kleberproteintypen.

Ergebnis: Sommerweizen der Sorte "Star" wurde in Gefäßversuchen auf zwei unterschiedlichen Böden angebaut, wobei die S-Düngung (CaSO₄) in vier Stufen variiert wurde (S = 0, 40, 80, 160 mg/Gefäß). Die aus den Körnern gewonnenen Vollkornmehle wurden auf N- und S-Gehalt sowie auf die Menge an Kleberprotein, Gliadin und Glutenin sowie deren Proteintypen analysiert. Der N-Gehalt der Mehle war vom S-Angebot weitgehend unabhängig, während der S-Gehalt mit steigenden S-Mengen kontinuierlich anstieg. Die Gesamtmenge an Kleberprotein wurde von einer unterschiedlichen S-Düngung kaum, die Menge einzelner Kleberproteintypen größtenteils sehr stark beeinflusst. Die Veränderungen hingen klar vom Cys- und Met-Gehalt der Proteine ab. Die Mengen der schwefelfreien ω -Gliadine nahmen bei S-Mangel drastisch und diejenigen der schwefelarmen HMW-Untereinheiten deutlich zu. Im Gegensatz dazu wurden die schwefelreichen γ -Gliadine

und auch die LMW-Untereinheiten mengenmäßig stark reduziert; die Mengen der α -Gliadine nahmen hingegen nur leicht ab. Durch S-Mangel kam es zu einer gravierenden Verschiebung der Anteile einzelner Proteingruppen und -typen. Das Gliadin/Glutenin-Verhältnis erhöhte sich deutlich, und die ω -Gliadine wurden zu Haupt- und die γ -Gliadine zu NebenkompONENTEN, während die Anteile von HMW- und LMW-Untereinheiten angeglichen wurden.

[Index](#)

3.7. Zusammenhänge zwischen Kleberproteinzusammensetzung und technologischen Eigenschaften von Kreuzungen aus *Aegilops tauschii* und *Triticum durum*

Ausgangslage: In vorangegangenen Arbeiten wurde der Beitrag der Gluteningene von *Aegilops tauschii* zu den Kleber- und Backeigenschaften von hexaploidem Weizen studiert. Dazu wurde tetraploider Durumweizen (Genome AB, HMW-Untereinheiten 7 + 8) mit drei verschiedenen *Aegilops*-Weizen (Genom D, HMW-Untereinheiten 5 + 10 oder 2 + T1 + T2) gekreuzt und vermehrt. Die Ergebnisse der rheologischen Untersuchung von Kleber und der Backversuche zeigten, dass die *Aegilops*-Weizen die Eigenschaften der synthetischen Linien weitaus stärker bestimmten als der Durumweizen.

Forschungsziel: Klärung der Zusammenhänge zwischen den technologischen Eigenschaften und der qualitativen und quantitativen Kleberproteinzusammensetzung der synthetischen Linien und deren Eltern.

Ergebnis: Die Mehle der *Aegilops*-Weizen TD12, TD26, TD190, des Durumweizens TT89 und deren Kreuzungen XX201, XX227 und XX229 wurden nach Osborne fraktioniert und die erhaltenen Gliadin- und Gluteninfraktionen an C8-Kieselgel chromatographiert. Die Chromatogramme sowohl der Eltern als auch der Kreuzungen zeigten charakteristische Unterschiede. Bei den Gliadinfraktionen wurden die HPLC-Muster der Kreuzungen weitgehend von den *Aegilops*-Weizen dominiert. Dies traf im Falle von XX201 und XX229 auch auf die Gluteninfraktionen zu, während bei XX227 Durum- und *Aegilops*-Weizen ausgewogene Beiträge lieferten. In den Mengen von Gesamtgliadin und Gliadintypen lagen die Kreuzungen in der Mehrzahl der Fälle zwischen den Eltern, während die Mengen an Gesamtglutenin, HMW- und LMW-Untereinheiten bei den Kreuzungen grundsätzlich erhöht waren. Bezüglich der Korrelationen zwischen Proteinmengen und technologischen Eigenschaften war zu beobachten, dass nur die Menge der Gluteninuntereinheiten und das Mengenverhältnis Gliadin/Glutenin, nicht aber die Menge der Gliadine von Bedeutung war. So bestanden durchweg sehr hohe Korrelationen zwischen den SDS-Sedimentationsvolumen, dem Dehnwiderstand und der Dehnungsfläche von Kleber und dem Gebäckvolumen einerseits und der Menge an Gesamtglutenin, HMW- und LMW-Untereinheiten andererseits. Die Dehnbarkeit von Kleber war nur mit den Mengenverhältnissen Gliadin/Glutenin und Gliadin/LMW-Untereinheiten korreliert.

[Index](#)

3.8. Präparation und Charakterisierung eines europäischen Gliadinstandards

Ausgangslage: Gliadinstandards verschiedener Herkunft waren in der Vergangenheit Ursache für starke Schwankungen in den Ergebnissen der immunchemischen Gliadinbestimmung, was zu gravierenden Abweichungen in der Beurteilung von glutenfreien Lebensmitteln führte.

Forschungsziel: In Zusammenarbeit mit der "Europäischen Arbeitsgruppe für Prolaminanalyse und -toxizität" soll ein Referenzgliadin in größerer Menge hergestellt und in seiner Qualität beurteilt werden.

Ergebnis: Als Ausgangsmaterial wurden 28 für Frankreich, Großbritannien und Deutschland repräsentative Weizensorten ausgewählt. Aus den Körnern wurde Mehl der Type 550 gewonnen, entfettet und vakuumgetrocknet. Etwa 18 kg entfettetes Mehl wurden nacheinander mit einer NaCl-Lösung und mit 60 % Ethanol extrahiert. Die Alkoholextrakte wurden durch Ultrafiltration konzentriert und dialysiert und dann gefriergetrocknet. Die Ausbeute an Gliadin betrug etwa 500 g; dies entsprach 58 % des im Mehl enthaltenen Gliadins. Das Produkt, das weitgehend homogen und in 60 % Ethanol gut löslich war, hatte einen Rohproteingehalt von 89,4 %. Die durch RP-HPLC bestimmten Mengenteile von ω 5- und ω 1,2-Gliadinen lagen in einem aus früheren Untersuchungen an verschiedenen Weizensorten bekannten Bereich, der Anteil der α -Gliadine war etwas erniedrigt und der Anteil der γ -Gliadine deutlich erhöht. Der Vergleich der HPLC-Muster des Mehlgliadins und des Referenzgliadins zeigte, dass während der Aufarbeitung keine Verluste an einzelnen Proteinen entstanden. Die GP-HPLC ergab, dass das Referenzprotein neben den monomeren Gliadinen etwa 29 % oligomeres HMW-Gliadin und nur 3 % Albumine und Globuline enthielt. Aufgrund seiner guten Eigenschaften kann das Präparat für eine allgemeine Verwendung empfohlen werden.

[Index](#)

3.9. Entwicklung eines für Weizen- und Roggenmehl einheitlichen Mikrobackversuchs

Ausgangslage: Die Beurteilung züchterischer oder gentechnischer Maßnahmen bei Weizen und Roggen sollte in einem möglichst frühen Stadium erfolgen, in dem jedoch zu geringe Mengen für Standardbackversuche zur Verfügung stehen. Es existieren zwar Mikrobackversuche, doch sind Zutaten und Verarbeitung stark abweichend und nur auf reinen Weizen oder Roggen zugeschnitten.

Forschungsziel: Entwicklung eines einheitlichen Mikrobackversuchs, der auch Weizen/Roggen-Hybride, transgene Roggen mit Weizenproteinen und Roggen/Weizenmehl-Mischungen in ihrer Backqualität beurteilen kann.

Ergebnis: Anhand von Weizen- und Roggenhandelsmehlen und deren Mischungen wurden Untersuchungen über die Knet- und Backeigenschaften im Mikromaßstab (5 bis 10 g Mehl) durchgeführt. 5 g Mehl wurden als unterstes Mengenlimit ermittelt. Damit konnten im Mikrofarinographen Zugusmenge und Knetoptimum bestimmt werden, wobei der Teig bereits alle für das Backen notwendigen Zutaten enthielt. Die mit 7 g Teig nach zweimaliger Gare und Rundwirken durchgeführten Backversuche waren gut reproduzierbar und ließen Aussagen über Gebäckform und -volumen sowie Krumenbeschaffenheit zu. Die Ergebnisse für Weizen- und Roggenmehl sowie deren Mischungen waren sehr differenziert: Reines Weizenmehl ergab das höchste Gebäckvolumen, Gebäckform und Krumeneigenschaften waren weizentypisch. Reines Roggenmehl lieferte die kleinsten Brote mit typisch dichter Krume, während die Mischungen in ihren Teig- und Gebäckeseigenschaften eine Mittelstellung einnahmen. Transgene Roggenmehle, die verschiedene HMW-Untereinheiten des Weizens enthielten, zeigten bemerkenswerte Unterschiede.

[Index](#)

3.10. Charakterisierung der γ -Secaline von Roggen

Ausgangslage: Roggenmehl bildet beim Anteigen mit Wasser im Gegensatz zu Weizen keinen Kleber aus. Die Ursache wird in einer vom Weizen abweichenden Struktur und Zusammensetzung der Speicherproteine vermutet. Es ist zwar bekannt, dass in Roggen Glutelinuntereinheiten vom LMW-Typ des Weizens fehlen und dafür γ -75k-Secaline vorkommen, doch ist über die Struktur der γ -Secaline insgesamt nur wenig bekannt.

Forschungsziel: Isolierung und Quantifizierung von γ -Secalinen aus Roggenmehl und deren Charakterisierung durch Bestimmung von Aminosäurezusammensetzung und Molekulargewicht.

Ergebnis: Aus den Mehlen der Roggensorten "Danko" und "Halo" wurden in Anlehnung an die Osborne-Fraktionierung die Albumin/Globulin-, Prolamin- und Glutelinfraktionen extrahiert. Die Proteinquantifizierung mittels RP-HPLC ergab, dass die Albumin/Globulinfraktion ca. 26 %, die Prolaminfraktion ca. 65 % und die Glutelinfraktion ca. 9 % der extrahierbaren Mehlproteine enthielten. Im Vergleich zu Weizen war damit ein sehr viel höherer Anteil der Speicherproteine des Roggens alkohollöslich. Der durch Gelchromatographie bestimmte Oligomerenanteil in der Prolaminfraktion betrug ca. 25 %. Die Aminosäurezusammensetzung der Osborne-Fractionen entsprach den Literaturdaten. Die SDS-PAGE zeigte, dass die Prolaminfraktionen alle vier Secalintypen (HMW-, ω -, γ -75k- und γ -40k-Secaline) und die Glutelinfraktionen zwei Typen (HMW- und γ -75k-Secaline) enthielten. Mit Hilfe der RP-HPLC der nicht-reduzierten und reduzierten Prolaminfraktionen sowie der Glutelinfraktionen konnte eine Mengenzusammensetzung der in den Mehlen vorkommenden Secalintypen erstellt werden, wobei sich die beiden Roggensorten nur wenig unterschieden. Fast die Hälfte der Speicherproteine machten die γ -75k-Secaline aus, gefolgt von den γ -40k-Secalinen (ca. 25 %) und den ω -Secalinen (ca. 16 %); die HMW-Secaline wiesen die geringsten Anteile (ca. 7 %) auf. Aus den Prolamin- und Glutelinfraktionen wurden die Hauptkomponenten des γ -Typs isoliert und charakterisiert. In der Aminosäurezusammensetzung stimmten die γ -40k-Secaline mit den γ -Gliadinen überein, während die γ -75k-Secaline höhere Glx- und Pro-Gehalte aufwiesen. Die Molekulargewichte lagen in einem Bereich von ca. 32.000 (γ -40k) bzw. 52.000 (γ -75k). Die N-terminalen Sequenzen der isolierten γ -Secaline waren homolog und entsprachen weitgehend den Sequenzen der γ -Gliadine. Davon abweichend waren Asn (γ -75k) und Gly (γ -40k) an Stelle von Asp (γ -Gliadine) in Position 5 und Cys (γ -75k) an Stelle von Trp in Position 12.

[Index](#)

4. TABELLENWERK ZUM NÄHRSTOFFGEHALT VON LEBENSMITTELN

Ausgangslage: Dem jeweiligen Wissensstand entsprechende Tabellen über die Zusammensetzung von Lebensmitteln sind für die Administration, Ernährungsberatung, Wirtschaft und Wissenschaft unentbehrlich.

Forschungsziel: Das von Souci, Fachmann und Kraut begründete Tabellenwerk ist durch Erfassung der gesamten einschlägigen Literatur mit Hilfe der PC-Datenbank SFKDB ständig auf dem aktuellen wissenschaftlichen Kenntnisstand zu halten. Dies gilt auch für die davon abgeleitete kleine Lebensmitteltabelle. Das Spektrum der Inhaltsstoffe soll sich weiterhin verstärkt nach präventiv-medizinischen Gesichtspunkten ausrichten.

Ergebnis: Seit Januar 2001 ist eine Online-Version der SFK-Nährwerttabelle im Internet veröffentlicht. Mit der Online-Version steht nun dem Tabellenbenutzer eine aktuelle und dem Entwicklungsstand der Medien entsprechende Form der Nährwerttabellen zur Verfügung. Sie beinhaltet alle im Buch enthaltenen Informationen, die sich über verschiedene Suchfunktionen abrufen lassen. Die Suche nach einzelnen Lebensmitteln führt zu den entsprechenden Tabellenblättern, weitere Such-Funktionen selektieren die gewünschten Nähr- bzw. Inhaltsstoffe, welche auch in definierten Konzentrationsbereichen erfasst werden können. Ebenso ist es möglich, nach definierten Energieinhalten von Lebensmitteln zu recherchieren. Daneben existiert ein Rechner zur Ermittlung der Zusammensetzung von unverarbeiteten Lebensmittelmischungen.

Die Arbeit an der 7. Auflage wurde fortgesetzt. Eine detaillierte Bestandsaufnahme der Datenbank wurde durchgeführt und anhand der festgestellten Datenlücken Schwerpunkte für die Überarbeitung der Tabelle gesetzt. Insbesondere mit der Erneuerung der Aminosäuredaten wurde begonnen. Einhergehend mit der Diskussion um die Gruppe der Functional Foods und speziell der bioaktiven Substanzen soll der Datenbestand dieser Verbindungsklasse erweitert sowie auch ältere Daten im Zuge der fortschreitenden Methodenentwicklung, wie z. B. zur Bestimmung von Iod und Folsäure ersetzt werden.

Die 3. Auflage der kleinen Lebensmitteltabelle ist in Vorbereitung.

[Index](#)