

einer ballaststoffarmen, fettreichen und überkalorischen sowie einer ballaststoffreichen, fettarmen und unterkalorischen Ernährung auf die Zusammensetzung der Kolonflora zu untersuchen.

**Methode:** Sieben gesunde Probanden (27–57 J., 3 w, 4 m) erhielten jeweils über zwei Wochen eine der folgenden Diäten (Mittelwerte):

	Diät 1	Diät 2
Energie (kcal)	3191	1875
Fett (g)	168	39
Ballaststoffe (g)	12	54

Die Menge der Nahrung wurde individuell auf die Versuchspersonen (Körpergewicht und -größe) abgestimmt und jeweils abgewogen. Am Ende der jeweiligen Versuchsperiode wurde mit einer 0,9 %igen Kochsalzlösung komplett abgeführt und der „gesamte Stuhl“ gesammelt. Folgende Keimgruppen wurden bestimmt: *Enterobacteriaceae* (EBC), Streptokokken, Staphylokokken, *Bacterioides* und die Gesamtkeimzahlen der aerob bzw. anaerob wachsenden Keime. Die Ergebnisse wurden auf das Stuhltrockengewicht bezogen.

**Ergebnisse:** Sowohl für die EBC als auch für die Gesamtkeimzahl der aerob wachsenden Keime konnte eine signifikante Abnahme der Keimzahlen/g Stuhl nach der ballaststoffreichen Ernährung im Gegensatz zur fettreichen bestimmt werden. Dies zeigte sich auch in einer Abnahme der absoluten Keimzahlen signifikant für die EBC und tendenziell für die Gesamtkeimzahl der aerob wachsenden Keime.

**Schlußfolgerung:** Die ballaststoffreiche Diät hat einen eindeutigen „Verdünnungseffekt“ auf die Zusammensetzung der aerob wachsenden Keime.

## P12 Nachweis von D-Aminosäuren in physiologischen Proben mittels Gaschromatographie/Massenspektrometrie

Prof. Dr. Hans Brückner (✉), Andreas Schieber, Judith Hagios  
Institut für Lebensmitteltechnologie, Universität Hohenheim,  
Garbenstraße 25, D-70599 Stuttgart

**Problemstellung:** Im Hinblick auf das Vorkommen von D-Aminosäuren (D-AS) in fermentierten und nichtfermentierten Lebens- und Futtermitteln sowie in Mikroorganismen des Gastrointestinaltraktes ist es von großem Interesse, ob die D-AS ganz oder teilweise metabolisiert oder in unveränderter Form renal ausgeschieden werden. Mittels einer Kombination von Chiralphasen-Kapillargaschromatographie und Selected Ion Monitoring-Massenspektrometrie (GC/SIM-MS) ist der empfindliche und selektive Nachweis von D-AS möglich.

**Material und Methoden:** Freie AS wurden aus physiologischen Proben durch Behandlung mit Dowex 50 WX 8 Kationenaustauscher isoliert und nach Überführung in ihre Pentafluorpropionyl-2-propylester mittels GC/SIM-MS anhand ihrer charakteristischen Fragmentierung bestimmt. Die Absolutquantifizierung erfolgte durch konventionelle Aminosäureanalyse. Zur Untersuchung kamen Urinproben von Monogastriern (Mensch, Hund, Schwein), Ruminanten (Kuh, Schaf, Ziege) und Nagetieren (Ratte, Maus, Meerschweinchen, Goldhamster).

**Ergebnisse:** Die absoluten und relativen Mengen typischer Vertreter der o.g. Gruppen sind in Tabelle 1 dargestellt (Majorbestandteile neben nicht aufgeführten Minorbestandteilen).

**Tabelle 1** Absolute ( $\mu\text{mol/l}$ ) und relative ( $\%D = 100 \cdot D/(D+L)$ ) Mengen von D-AS in Urinproben von Mensch (24-h-Urin), Kuh und Ratte

D-AS	Mensch (43–51 J.) n=3 (2m,1f)			Kuh (Dt. Schwarzbunte) n=4			Ratte (Sprague-Dawley) n=6		
	D+L	D	%D	D+L	D	%D	D+L	D	%D
Ala	24,1–372,6	5,4–91,9	19,1–39,4	167–104,4	12,0–74,9	44,6–71,9	22,6–99,2	0,4–10,7	1,9–21,7
Ser	48,7–283,2	21,6–140,2	33,5–51,4	27,1–97,7	8,8–49,9	32,4–51,2	12,8–37,9	0,3–1,2	1,2–4,6
Asp	2,0–67,4	0,2–17,4	11,5–31,2	15,1–52,8	3,9–12,6	16,7–25,6	0,7–9,7	0,1–1,0	10,1–16,8
Glu	95,4–582,6	4,4–22,6	2,6–7,8	105,6–362,0	14,5–92,7	13,7–34,4	47,8–290,3	1,1–28,7	2,3–12,7
Orn	2,4–36,2	0,4–8,7	17,1–32,5	4,4–41,6	0,7–13,5	15,5–32,4	3,1–12,6	0,9–7,6	23,3–60,0
Lys	34,5–344,3	2,6–24,1	4,4–49,5	9,7–55,6	1,4–9,7	14,0–19,3	16,8–39,3	0,2–4,1	1,0–10,5
Met	0–66,8	0–2,0	0–3,0	n.d.	n.d.	n.d.	0–17,0	0–8,9	0–57,0

(n.d.: nicht detektierbar)

Alle untersuchten Mammalia scheiden relativ große Mengen an D-AS renal aus. In Fällen, in denen mit DL-Methionin supplementierte Zucht diät an Nager verfüttert wurde, wurden hohe Gehalte an D-Met (bis 57 %) im Urin gefunden.

**Schlußfolgerungen:** Aus obigen Daten, zusammen mit Literaturbefunden sowie eigenen Untersuchungen (1), ergibt sich, daß D-AS in allen Mammalia vorkommen und beträchtliche Mengen renal exkretiert werden.

1) Brückner H et al (1994) J Chromatogr 666:259–273

## P13 Einfluß von D-Aminosäuren in technologisch bearbeiteten Proteinen auf die wahre Verdaulichkeit. Bestimmung durch Markierung mit $^{15}\text{N}$ und Homoarginin

R. Frik, N. Roos, M. de Vrese, H. Hagemester<sup>1</sup>, T. Tupasela<sup>2</sup>,  
Kiel, <sup>1</sup>Rostock, <sup>2</sup>Jokioinen, Finnland

Technologisch behandelte Proteine können insbesondere nach Einwirkung von Hitze und Alkali durch Racemisierung erhöhte Konzentrationen an gebundenen D-Aminosäuren aufweisen. Es stellt sich die Frage, inwieweit eine *in vitro* beobachtete verminderte Verdaulichkeit racemisierter Proteine auch *in vivo* festzustellen ist. 9 adulte Göttinger Miniaturschweine mit Ileumfistel erhielten in einer cross-over-Versuchsordnung  $^{15}\text{N}$ -markiertes  $\beta$ -Lactoglobulin ( $\beta$ -LG) sowie  $^{15}\text{N}$ /Homoarginin-doppeltmarkiertes Casein bzw. Weizen als Bestandteil einer semisynthetischen Diät. Die Versuchsproteine wurden jeweils in unbehandeltem Zustand und nach teilweiser Racemisierung durch Hitze- und Alkalibehandlung eingesetzt. Nach jeweils einmaliger Fütterung der Testdiäten wurde der Chymus am Ileum gesammelt und aus dem Verschwinden von  $^{15}\text{N}$  und Homoarginin die wahre praecaecale Verdaulichkeit bestimmt.

Testprotein	% D-Asx*= D-Asx $\times$ 100/(D-Asx+L-Asx)		$^{15}\text{N}$ - Verdaulichkeit	Homoarginin- Verdaulichkeit
Casein nativ	2,04 $\pm$ 0,08		92,26 %	98,34 %
Casein rac.	14,40 $\pm$ 0,21		81,72 %	89,66 %
Weizen nativ	2,41 $\pm$ 0,52		93,47 %	95,04 %
Weizen rac.	11,32 $\pm$ 0,67		75,19 %	81,03 %
$\beta$ -LG nativ	2,45 $\pm$ 0,16		97,27 %	
$\beta$ -LG rac.	11,66 $\pm$ 0,16		82,62 %	

\* %D-Aspartat + D-Asparagin als Marker für Gehalt an D-Aminosäuren,  $\bar{x} \pm \text{SD}$

Die wahre Verdaulichkeit von racemisiertem Casein,  $\beta$ -Lactoglobulin und Weizengluten war in allen Fällen signifikant niedriger als die des entsprechenden nativen Proteins ( $p < 0,05$ ). Somit ist in racemisierten Proteinen die Verdaulichkeit herabgesetzt.