

## **Bestimmung von Fremdproteinen in Fleischerzeugnissen mittels HPLC-MS/MS**

C. Stader<sup>\*</sup>, S. Münch, W. Jira

Max Rubner-Institut, Bundesforschungsinstitut für Ernährung und Lebensmittel,  
Institut für Sicherheit und Qualität bei Fleisch, Kulmbach, 95326, Deutschland

<sup>\*</sup>Autorenkontakt: Christian.Stader@mri.bund.de

Ein hoher Verarbeitungsgrad und eine komplexe Zutatenliste von Fleischerzeugnissen könnten dazu verführen, hochwertiges Fleischprotein durch preisgünstigeres Fremdprotein zu ersetzen. Dies kann insbesondere ökonomisch, jedoch auch technologisch bedingt sein. Sollte die Zugabe von Fremdprotein nicht deklariert sein, liegt eine Verbrauchertäuschung vor. Darüber hinaus können Fremdproteine, die als Allergene eingestuft sind oder Lebensmittelunverträglichkeiten auslösen, ein potenzielles Gesundheitsrisiko darstellen.

In dieser Studie werden Verfahren zum Nachweis von Fremdproteinen mittels Hochleistungsflüssigkeitschromatographie (HPLC) und gekoppelter Tandem-Massenspektrometrie (MS/MS) entwickelt, um diese in Fleischerzeugnissen erfassen zu können.

Hierfür werden zunächst die aus der potenziellen Proteinquelle erhaltenen Proteine enzymatisch verdaut und die resultierenden Peptide an einem hochauflösenden Tandem-Massenspektrometer gemessen. Die massenspektrometrischen Daten können in Peptidsequenzen konvertiert werden. Anhand von Sequenzvergleichen in Proteindatenbanken werden Peptide ausgewählt, welche charakteristisch für die Fremdproteinquelle sind. Im nächsten Schritt werden Brühwürste mit der Proteinquelle dotiert und die Probenaufarbeitung (u.a. Proteinextraktion und enzymatischer Verdau), die chromatographischen Bedingungen und die massenspektrometrische Detektion im Blick auf die ausgewählten Markerpeptide optimiert. Die Vorteile der HPLC-MS/MS-Methode gegenüber den bisherigen Analysenverfahren (insbesondere enzyme linked immunosorbent assay; ELISA) liegen unter anderem darin begründet, dass simultan mehrere Fremdproteine bestimmt werden können, eine sehr hohe Spezifität erreichbar ist und mindestens vergleichbare Nachweisgrenzen (10 ppm Fremdprotein in Wurst) erzielt werden können. Zudem sollte diese Art der Analytik nicht von der räumlichen Struktur des Proteins abhängig sein, was bei prozessierten (z. B. erhitzen) Fleischerzeugnissen von entscheidendem Vorteil sein kann. Bislang sind Nachweisverfahren für die Fremdproteinquellen Kartoffel, Lupine, Erbse, Soja, Raps, Kasein, Molke, Hafer, Reis, Mais, Roggen, Gerste und Weizen erarbeitet worden. Im weiteren Verlauf des Projektes sollen Analysenmethoden für weitere Fremdproteinquellen (z.B. Blut) entwickelt werden. Die etablierten Analysenmethoden werden exemplarisch an einer Auswahl von Proteinquellen vorgestellt.