

Lebensmittelanalytik 4.0: Die Macht der Daten

Prof. Dr. Markus Fischer

Universität Hamburg, Hamburg School of Food Science, Institut für Lebensmittelchemie

In Zeiten komplexer werdender Warenströme und dadurch bedingter Fragestellungen in den Kontexten Lebensmittelauthentizität und -sicherheit sind die klassischen Analyseverfahren oftmals nicht mehr ausreichend. Neben sicherheitsrelevanten Parametern (bspw. Rückstände/Kontaminanten, Allergene) und der Vorliebe für bestimmte Arten oder Sorten (biologische Identität) rücken zudem weitere Qualitätsparameter wie die Herkunft von Lebensmitteln (geografischer Ursprung) sowie Anbau- und Produktionsweisen eines Lebensmittels (vgl. Bio-Lebensmittel) in den Fokus.

Klassische mono- oder oligoparametrische lebensmittelchemische Analysenmethoden, die in der Regel nur auf dem Nachweis einzelner weniger Elemente, Moleküle oder Sequenzabschnitte beruhen, reichen für die genannten Fragestellungen häufig nicht aus. Zudem fokussieren sich diese lediglich auf zuvor ausgewählte Analyten, d.h. molekulare Veränderungen, nach denen nicht gezielt gesucht wird, werden nicht gesehen. Aus diesem Grund erfahren hypothesenfreie, sog. *non-targeted* Profiling-Methoden zunehmend mehr Aufmerksamkeit. Es werden dabei nicht-gerichtet chemische Profile möglichst einer gesamten zellulären Ebene (bspw. Genom oder Metabolom) vermessen und je nach Fragestellung sowohl der Genotyp als auch der Phänotyp erfasst. Vergleichbar ist das erhaltene Datenmuster (*Fingerprints*) mit einem menschlichen Fingerabdruck. Die erzielbare Eindeutigkeit hängt dabei von der Leistungsfähigkeit (Sensitivität, Auflösung) der angewendeten Verfahren (den sog. omics-Technologien wie *Genomics* oder *Metabolomics* etc.), als auch von der Stabilität der Datensätze ab. Hypothesenfreie Ansätze beruhen dabei generell auf dem Vergleich einer unbekanntes Probe mit einer authentischen Referenzprobe bzw. einer Referenz- mit einer anderen Referenzprobe. Nach der Datenaufnahme steht die algorithmenbasierte Datenauswertung und -interpretation sowie der nachhaltige Aufbau und die Pflege einer entsprechenden Datenbank an. Basierend auf den erstellten Datenmodellen aus Molekül- oder Elementprofilen oder Sequenzdaten kann anschließend eine Zuordnung unbekannter Proben erfolgen.

Der Vortrag gibt einen Überblick über Möglichkeiten und Limitationen modernster Lebensmittelanalytik.

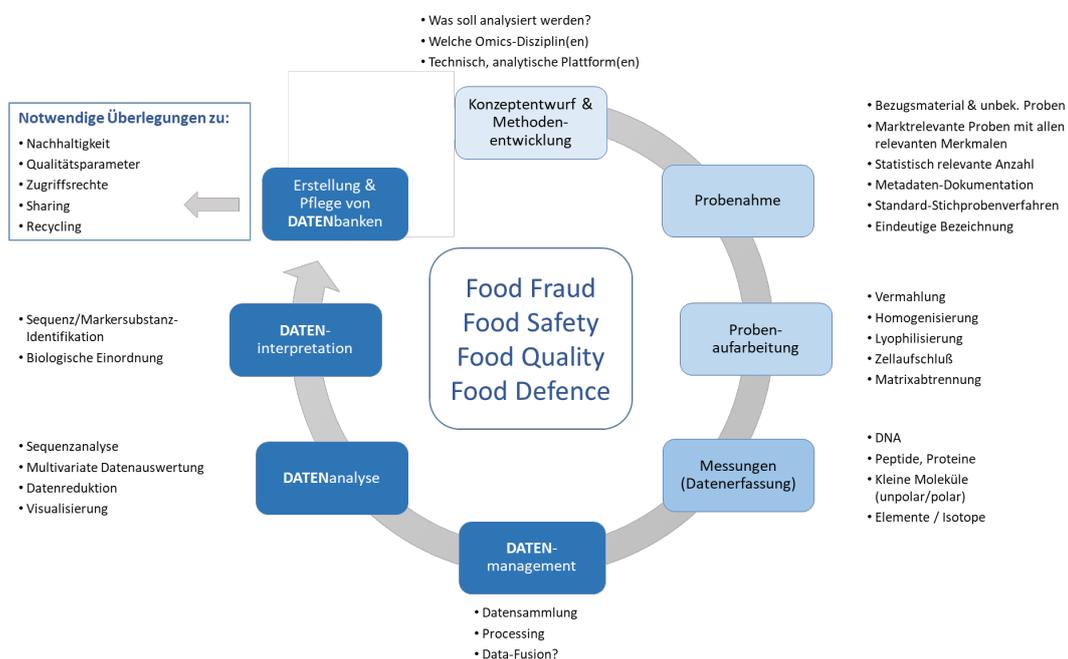


Abb. 1. Schritte und Überlegungen bei der Entwicklung hypothesenfreier, *non-targeted Profiling* Methoden.