

## Pflanzenbasierte Produkte –



– im Wechselspiel von Sensorik und **physikalischen** Anforderungen



Thomas A. Vilgis, Mathias Schmitt,  
soft matter food physics  
MPI-für Polymerforschung  
Mainz

## Aktuelle (politische) Fragen



neue Herausforderungen an Landwirtschaft, Lebensmittelproduktion,  
Ernährungsverhalten....

... und für die Grundlagenforschung?

## Fleischlich? Pflanzlich?



### Brühwürste (Physiker-Modellsystem)

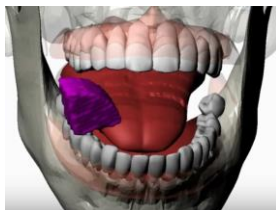


Wo ist der Unterschied?

Wie immer in den molekularen Details !

biophysikalische Aspekte

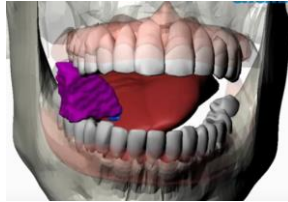
## Essen (computer modelling)



<https://www.youtube.com/watch?reload=9&v=p7Na3RgdzL0>

Harrison, S. M., Cleary, P. W., Eyres, G., Sinnott, M. D., & Lundin, L. (2014). Challenges in computational modelling of food breakdown and flavour release. *Food & function*, 5(11), 2792-2805.

## Essen (computer modelling)

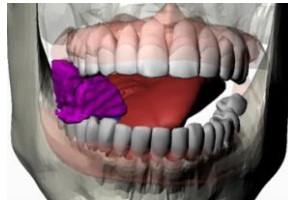


elastisches Regime

<https://www.youtube.com/watch?reload=9&v=p7Na3RgdzLD>

Harrison, S. M., Cleary, P. W., Eyres, G., Sinnott, M. D., & Lundin, L. (2014). Challenges in computational modelling of food breakdown and flavour release. *Food & function*, 5(11), 2792-2805.

## Essen (computer modelling)

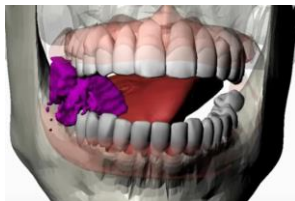


beginnende Rissausbildung

<https://www.youtube.com/watch?reload=9&v=p7Na3RgdzLD>

Harrison, S. M., Cleary, P. W., Eyres, G., Sinnott, M. D., & Lundin, L. (2014). Challenges in computational modelling of food breakdown and flavour release. *Food & function*, 5(11), 2792-2805.

## Essen (computer modelling)

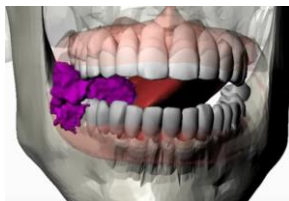


Rissfortschritt, partieller  
Bruch

<https://www.youtube.com/watch?reload=9&v=p7Na3RgdzLD>

Harrison, S. M., Cleary, P. W., Eyres, G., Sinnott, M. D., & Lundin, L. (2014). Challenges in computational modelling of food breakdown and flavour release. *Food & function*, 5(11), 2792-2805.

## Essen (computer modelling)

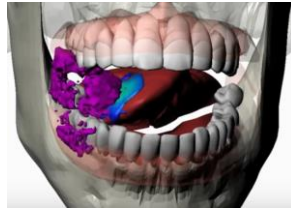


vollständiger Bruch

<https://www.youtube.com/watch?reload=9&v=p7Na3RgdzLD>

Harrison, S. M., Cleary, P. W., Eyres, G., Sinnott, M. D., & Lundin, L. (2014). Challenges in computational modelling of food breakdown and flavour release. *Food & function*, 5(11), 2792-2805.

## Essen (computer modelling)

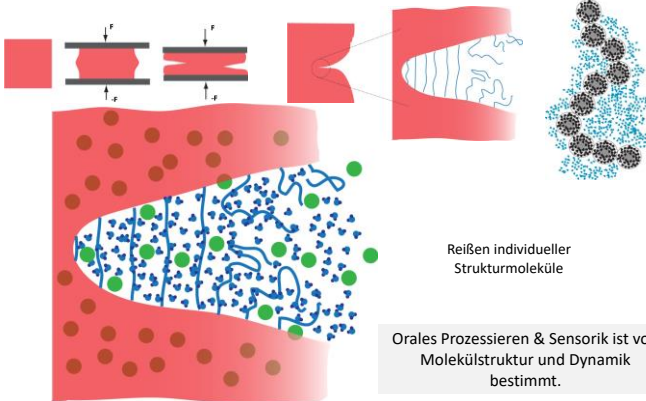


Flavour release

<https://www.youtube.com/watch?reload=9&v=p7Na3RgdzLD>

Harrison, S. M., Cleary, P. W., Eyres, G., Sinnott, M. D., & Lundin, L. (2014). Challenges in computational modelling of food breakdown and flavour release. *Food & function*, 5(11), 2792-2805.

## Bruchmechanik, Textur, Flavour Release



## Produkte: tierisch, vegetarisch, vegan



funktionelle „Polymere“ und Inhaltstoffe



**Schweinefleisch**  
(Kochsalz,  
Traubenzucker,  
Glucosesirup,  
Diphosphate)  
Schweinefett



**Eiklar** Xanthan,  
Johannisbrotkernmehl,  
Tarakernmehl  
(Inulin, Kochsalz)  
Rapsöl



Carrageen, Johannisbrotkernmehl, Konjak,  
2% **Erbseproteinisolat**,  
**Kartoffelprotein**,  
(Kochsalz, Glucosesirup,  
Branntweinessig, 0,3%  
verarbeitete Euchema-  
Algen,)  
Rapsöl

Physikalische Fragestellungen:

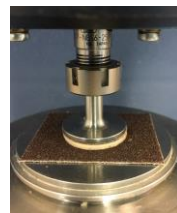
- Emulsion & Netzwerkbildung
- Elastische Eigenschaften
- Molekulare Ursachen

<https://www.ruergenwalder.de>

## Experimente: Rheologie, Zugversuche

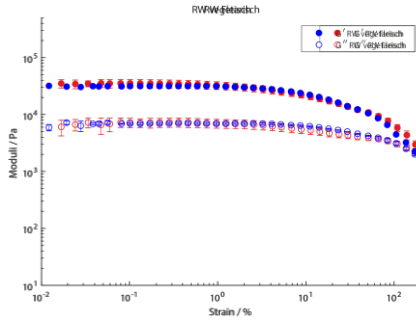


Materialgesetze?  
Molekularer Ursprung?

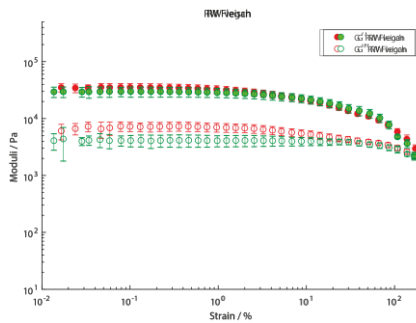


NL-Rheologie  
Amplitudensweeps

## Ergebnisse (Rheologie)

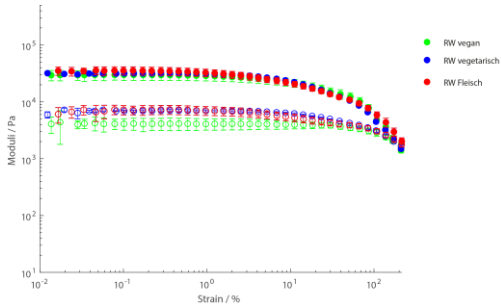


## Ergebnisse (Rheologie)



vegan

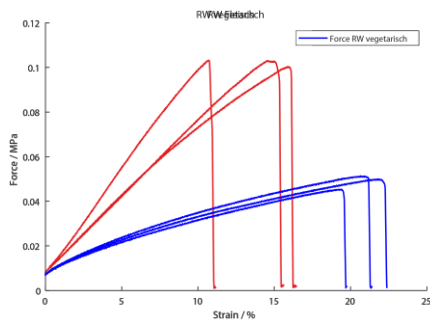
## Ergebnisse (Rheologie)



well done, Kompliment!

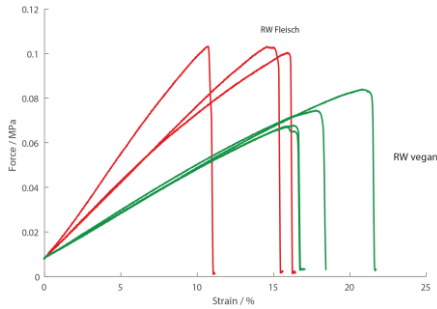
**ABER:**  
nur kleine Deformationen, kein Bruch

## Ergebnisse (Zug-Dehnung-Bruchmechanik)

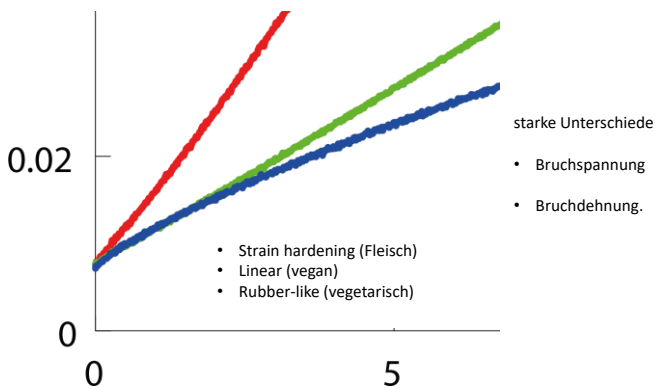




## Ergebnisse (Zug-Dehnung-Bruchmechanik)



## Ergebnisse (Zug-Dehnung-Bruchmechanik)



## Herausforderungen



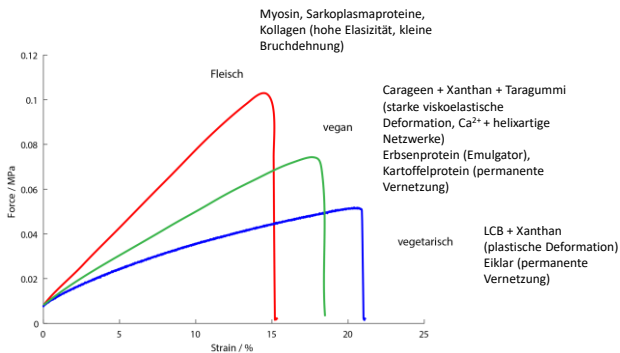
- Wie lassen sich die Unterschiede verstehen?
- Lassen sich Produkte gezielt verbessern?
- Gibt es Möglichkeiten Struktur-Eigenschafts-Prozess-Sensorik ansatzweise zu entwickeln

Physikalisch-chemische Modellbildung

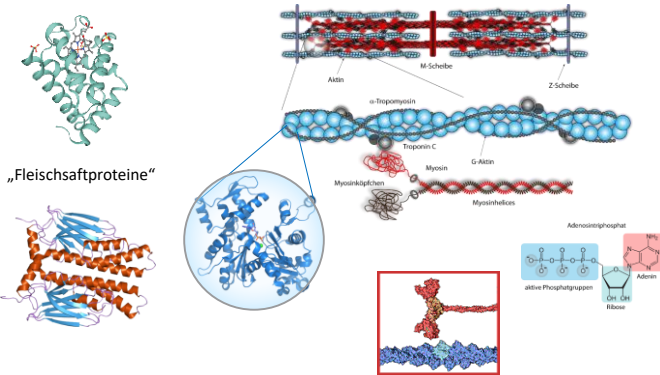
Deutliche Unterschiede in den strukturgebenden Proteinen & Polymeren

Proteine		Polysaccharide	
alle Muskelproteine		Polyelektrolyte	Nicht-ionisch, polar
Eiklarproteine		Carageen	Xanthan
Erbseproteine			LCB
Kartoffelproteine			Konjak
			Tara
		gelierend	Nicht-gelierend

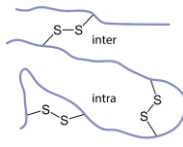
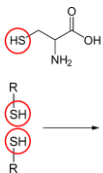
## Interpretation und Verständnis?



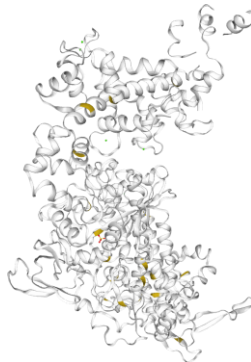
## Muskel: Netzwerkbildner, Stabilisator, Emulgator

Cystein: Disulfidbrücken: *T* und *t*

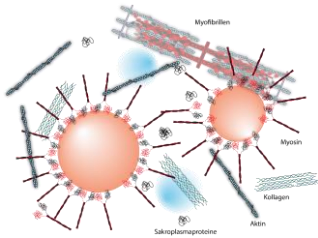
Protein“vulkanisator“



Temperatur: 65 °C – 70 °C  
 Zeit: 10 min – 5 min



## Physikers ideale Frankfurter: Modell



## Finaler Zustand



- schnittfeste Emulsion
  - charakteristische Bruchfläche
- “Erinnerung” an die muskelartige Struktur

## Wie macht man so etwas aus Pflanzen?

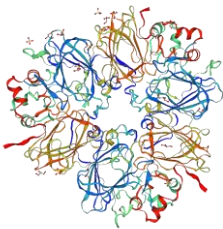


Proteinreiche Leguminosen, Wurzeln, ...

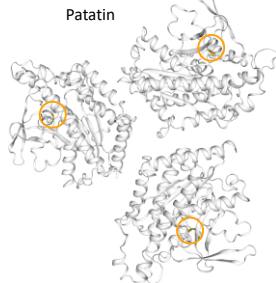
## Erbse & Kartoffel (Speicherprotein Beispiel)



Erbse



Patatin



Physikalische erforderlich:

- bindungsfähiges Cystein
- Emulgatorwirkung
- hohes Molekulargewicht

## Kartoffelprotein Patatin (Fraktion 1)



## physikalisch relevantes Muster: Primärstruktur

P07745 PATO_SOLTU	1	MATTKSFLILFVMI	1	ATTSSTFAL	60
P15477 PATB2_SOLTU	1	MATTKSFLILFVMI	1	ATTSSTFAL	60
P07745 PATO_SOLTU	61	NADARLADYFDVIG	61	STGGLTSMITTE	120
P15477 PATB2_SOLTU	61	NADARLADYFDVIG	61	STGGLTSMITTE	120
P07745 PATO_SOLTU	121	FFGPKYDQKYL	121	LVQENIGSTRVH	180
P15477 PATB2_SOLTU	121	LGPMYDQRYL	121	LVQENIGSTRVH	180
P07745 PATO_SOLTU	181	MYD	181	STAAAPTFFPHY	240
P15477 PATB2_SOLTU	181	MYD	181	STAAAPTFFPHY	240
P07745 PATO_SOLTU	241	PAPASIR	241	SNYKRMLLSL	300
P15477 PATB2_SOLTU	241	AFSSIK	241	SLDYLQ	300
P07745 PATO_SOLTU	301	DYESTV	301	QVNSQNYL	360
P15477 PATB2_SOLTU	301	DYESTV	301	QVNSQNYL	360
P07745 PATO_SOLTU	361	ETYEAL	361	KRFALL	386
P15477 PATB2_SOLTU	361	ETYEAL	361	KRFALL	386

netzwerkfähig

## Kartoffelprotein Patatin (Fraktion 2)



## physikalisch relevantes Muster: Primärstruktur

Q2MY43 PAT08_SOLTU	1	MATTKSFLILVMI	1	ATTSSTFAL	60
Q2MY38 PAT13_SOLTU	1	MATTKSVLIVLFI	1	MIATTSSTFA	60
Q2MY43 PAT08_SOLTU	61	NADARLADYFDVIG	61	STGGLTSMITTE	120
Q2MY38 PAT13_SOLTU	61	NADARLADYFDVIG	61	STGGLTSMITTE	120
Q2MY43 PAT08_SOLTU	121	FFGPKYDQKYL	121	LVQENIGSTRVH	180
Q2MY38 PAT13_SOLTU	121	FFGPKYDQKYL	121	LVQENIGSTRVH	180
Q2MY43 PAT08_SOLTU	181	MYD	181	STAAAPTFFPHY	240
Q2MY38 PAT13_SOLTU	181	MSD	181	STAAAPTFFPHY	240
Q2MY43 PAT08_SOLTU	241	PAPASIR	241	SNYKRMLLSL	300
Q2MY38 PAT13_SOLTU	241	PAPASIR	241	SNYKRMLLSL	300
Q2MY43 PAT08_SOLTU	301	DYESTV	301	QVNSQNYL	360
Q2MY38 PAT13_SOLTU	301	DYESTV	301	QVNSQNYL	360
Q2MY43 PAT08_SOLTU	361	ETYEAL	361	KRFALL	387
Q2MY38 PAT13_SOLTU	361	ETYEAL	361	KRFALL	387

nicht netzwerkfähig

## Erbse (Albumine 130 AS)



physikalisch relevantes Muster: Primärstruktur

stärker hydrophob

P62931	ALB1F_FEA	1	MASVFLASLIVLFATLGMFLTRNVGAAS	50	GVCSPPFEMPP	60	CGTSAARGLIP	60
P62929	ALB1D_FEA	1	MASVFLASLIVLFATLGMFLTRNVGAAS	50	GVCSPPFEMPP	60	CGTSAARGLIP	60
P62928	ALB1C_FEA	1	MASVFLASLIVLFATLGMFLTRNVGAAS	50	GVCSPPFEMPP	60	CGTSAARGLIP	60
P62927	ALB1B_FEA	1	MASVFLASLIVLFATLGMFLTRNVGAAS	50	GVCSPPFEMPP	60	CGTSAARGLIP	60
P62930	ALB1E_FEA	1	MASVFLASLIVLFATLGMFLTRNVGAAS	50	GVCSPPFEMPP	60	CGTSAARGLIP	60
*****:*****:*****:*****:*****:*****:*****:*****:*****								
P62931	ALB1F_FEA	61	PSGVFLRTRNDEHFN	80	ESDA	80	DRRRKSGGRK	90
P62929	ALB1D_FEA	61	PSGVFLRTRNDEHFN	80	ESDA	80	DRRRKSGGRK	90
P62928	ALB1C_FEA	61	PSGVFLRTRNDEHFN	80	ESDA	80	DRRRKSGGRK	90
P62927	ALB1B_FEA	61	PSGVFLRTRNDEHFN	80	ESDA	80	DRRRKSGGRK	90
P62930	ALB1E_FEA	61	PSGVFLRTRNDEHFN	80	ESDA	80	DRRRKSGGRK	90
*****:*****:*****:*****:*****:*****:*****:*****:*****								
P62931	ALB1F_FEA	121	KDLLKSVSTA	130				130
P62929	ALB1D_FEA	121	KDLLKSVSTA	130				130
P62928	ALB1C_FEA	121	KDLLKSVSTA	130				130
P62927	ALB1B_FEA	121	KDLLKSVSTA	130				130
P62930	ALB1E_FEA	121	KDLLKSVSTA	130				130
*****:*****:*****:*****:*****:*****:*****:*****:*****								

schwache bis mäßige Grenzflächenaktivität

## Erbse (Albumine 130 AS)



	10	20	30	40	50	
MASVFLASLI	VLFAFLGMFL	TKNVGAAS	GVCSPPFEMPP	CGTSAARGLIP		
	60	70	80	90	100	
VGLVIGYCRN	PSGVFLRTRND	EHPNL	ESDA	DRRRKSGGRK	CGHYFNPGLIE	
	110	120	130			
YGR	CFASKSE	AEDFFFSKITQ	KDLLKSVSTA			

Stark verknüpfte Region  
→ wenig Elastizität

Sehr kurz → wenig Elastizität

# Legumin(e) Erbse



P02857 LEGA_FEA	1	-MALLALSLSPCFILGSCFALRQEQVQVLESLALFENRLEESGHLINRNNFN	59
F15838 LEGA2_FEA	1	MATLLALSLSPCFILGSCFALRQEQVQVLESLALFENRLEESGHLINRNNFN	60
P02857 LEGA_FEA	60	KCFPLAGMNSRATLQGNALRFPYYSNAKQEIFIQGNGYVPGMVFEPFETFEKQESIQ	119
F15838 LEGA2_FEA	61	KCFPLAGVALSRATLQGNALRFPYYSNAKQEIFIQGNGYVPGMVFEPFETFEKQESIQ	120
P02857 LEGA_FEA	120	QVWVNDQDTFVIAVSLDIRSNNDQDMFR	179
F15838 LEGA2_FEA	120	QVWVNDQDTFVIAVSLDIRSNNDQDMFR	180
P02857 LEGA_FEA	239	RNNIFSGFKDYLEDAVNNRIVDPLQENR	239
F15838 LEGA2_FEA	240	RNNIFSGFKDYLEDAVNNRIVDPLQENR	240
P02857 LEGA_FEA	297	SRKSEDEDEEWRGSRGSRKESEDEDE	297
F15838 LEGA2_FEA	300	SRKSEDEDEEWRGSRGSRKESEDEDE	300
P02857 LEGA_FEA	357	SRQKNGLELTVTAKRLNGSSSPDYLN	357
F15838 LEGA2_FEA	360	SRQKNGLELTVTAKRLNGSSSPDYLN	360
P02857 LEGA_FEA	417	SRKAMFVPEYNNNSLYALQPARLVN	417
F15838 LEGA2_FEA	420	SRKAMFVPEYNNNSLYALQPARLVN	420
P02857 LEGA_FEA	477	SLSDRFYVAFKTRAGIARLAGTSSVNNI	477
F15838 LEGA2_FEA	480	SLSDRFYVAFKTRAGIARLAGTSSVNNI	480
P02857 LEGA_FEA	517	YFARQENRSLR	517
F15838 LEGA2_FEA	520	YFARQENRSLR	520

Kein freies Cys, trotz Länge wenig Freiheitsgrade

weitgehend denaturierte Gestalt

hervorragender Emulgator, kein Vernetzer

# Ovalbumin und Patatin im Vergleich



**vegetarisch**

MGSIGASME	5	20	30	40	50
RTQIKYVYRF	60	70	85	90	100
SLASLVAKE	110	120	130	140	150
ESOTWIIIN	160	170	180	190	200
VTEQEKFPQ	210	220	230	240	250
SGLEQLSII	260	270	280	290	300
MGITDVFSS	310	320	330	340	350
DAASVSEKFR	360	370	380	390	400

hoch netzwerkfähig

**vegan**

MATKRFIL	10	20	30	40	50
LEQLQEVND	60	70	80	90	100
DIVPFTEHG	110	120	130	140	150
AISPFDIRN	160	170	180	190	200
WTWNGATE	210	220	230	240	250
RQMLLSLGT	260	270	280	290	300
YYISTVFOAR	310	320	330	340	350
KFPVSDKPE	360	370	380	390	400

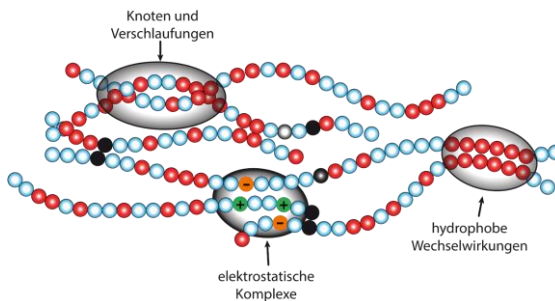
schwach netzwerkfähig



## Fazit: oft reicht einfache Physik für viele Anwendungen



### Komplexe Netzwerke, allerlei Wechselwirkung



aber, es gibt immer ein paar molekulare ABER...

## Ernährungsfragen? essentielle Aminosäuren ok



Nicht vergessen: Primärstruktur definiert Ernährungsfragen

(semi)essentielle Aminosäure	Soja (mg/100g) in Trockenmasse	Erbsenprotein (mg/100g) in Trockenmasse	Rind (mg/100g) in Trockenmasse
<u>Arginin</u>	2360	3910	3630
<u>Histidin</u>	830	2800	2380
<u>Isoleucin</u>	1780	3800	3630
<u>Leucin</u>	2840	6580	5670
<u>Lysin</u>	1900	6320	6090
<u>Methionin</u>	580	6210	1760
<u>Phenylalanin</u>	1970	1620	1880
<u>Threonin</u>	1490	2670	3080
<u>Tryptophan</u>	450	570	770
<u>Tyrosin</u>	1250	4040	2380
<u>Valin</u>	1760	7510	3980

ist doch alles in Ordnung, oder?

# Bioaktive Peptide: Signaturen der Proteine



blau: wasserlöslich, rot: wasserunlöslich, +/- : elektrische Ladungen

nur in Erbsenprotein



nur in Sojaprotein



Nur in Muskelfleisch (Myosin)



wirken als molekulare „Schalter“ an Zellrezeptorproteinen

# vegan und doch „tierisches“ Myosin?

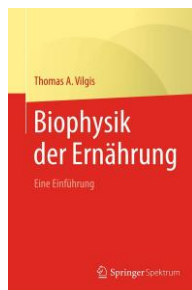


## Fazit



- Die Berücksichtigung der molekularen Strukturen bringt neue Einsichten.
- Die Primärstruktur der Proteine, die die (denaturierte) Sekundärstruktur lässt Vorhersagen über Textur zu.
- Die Wechselwirkung von Proteinen mit Hydrokolloiden (polar, amphiphil, ionisch, ...) bestimmt Strukturierung.
- Defizite im Flavour (im Vergleich zu Fleisch) sind über unterschiedliche Peptidsignaturen festgelegt.
- Analogprodukte entsprechen keiner natürlichen Foodmatrix.

Danke, dass ich hier sprechen durfte



auf die Moleküle blicken