

Zastosowanie metod LC/MS w uwierzytelnianiu ryb i mięsa

E. Parfieniuk, E. Fornal*

Nieuczciwe praktyki stosowane przez producentów żywności stwarzają potrzebę rozwoju metod analitycznych w kierunku uwierzytelniania produktów spożywczych. Coraz powszechniejsze „afery mięsne” wskazują, że szczególnej uwagi wymaga kontrola produktów pochodzenia zwierzęcego (mięsa i ryby). Stosowane dotychczas rutynowe metody identyfikacji zafałszowań żywności dają zadowalające wyniki analiz, jednak nie są pozbawione wad, które w znaczący sposób spowalniają i ograniczają proces analityczny. Dlatego wiele nadziei pokłada się w wykorzystaniu do uwierzytelniania ryb i mięsa techniki bazującej na sprzężeniu chromatografii cieczowej ze spektrometrią mas. Zestaw taki pozwala na szybką i dokładną identyfikację wielu zafałszowań różnego typu.

Jakość żywności, która jest spożywana, w bardzo dużym stopniu rzutuje na ogólny stan zdrowia całego organizmu. Coraz powszechniej wykrywane oraz nagłaśniane przez media tak zwane „afery mięsne” skłaniają do podjęcia tematu możliwości wykorzystania zaawansowanych technik analiz chemicznych w zwalczaniu potencjalnie szkodliwych praktyk nieuczciwych producentów mięsa i ryb.

Istnieje wiele powodów, dla których ważne jest właściwe i rzetelne oznakowanie oferowanych produktów spożywczych.

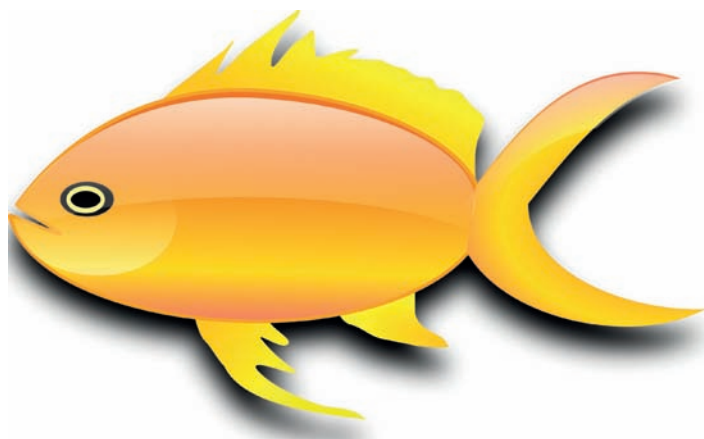
Coraz więcej osób robiąc codzienne zakupy zwraca uwagę na deklarowany skład towarów. Niestety, opis produktu na opakowaniu nie jest gwarantem jakości. Niewłaściwe oznakowanie może pociągać za sobą poważne skutki zdrowotne. Wielu ludzi ze względu na alergie pokarmowe musi bezwzględnie unikać spożywania nawet śladowych ilości konkretnych produktów. Oprócz tej grupy konsumentów, właściwie każdy narażony jest na zatrucie wywołane

produktami zawierającymi wątpliwej jakości dodatki. Kolejnym powodem, dla którego odbiorcy zwracają uwagę na skład żywności są kwestie światopoglądowe i religijne. Ogromną część światowego społeczeństwa stanowią wyznawcy religii, które w swoich dogmatach odrzucają spożywanie konkretnych rodzajów mięsa (islam, judaizm, hinduizm). Do grupy osób unikających mięsa należy również dodać wegan i wegetarian, którzy wykluczają ze swojej diety produkty pochodzenia odzwierzęcego.

Niestety, ułatwieniem w prowadzeniu procedury fałszowania żywności jest fakt, że coraz większą popularnością cieszą się gotowe produkty właściwie niewymagające dalszego przetwarzania. Uniemożliwia to właściwą, sensoryczną ocenę jakości produktu w chwili jego zakupu. Uogólniając można zauważyć, że problemy z zafałszowaną żywnością mogą

dotyczyć właściwie każdego konsumenta.

W celu uzyskania skutecznego i wiarygodnego narzędzia umożliwiającego wykrywanie nawet subtelnych fałszerstw konieczna stała się współpraca wielu technik badawczych. Dopiero przy wzajemnym ich wsparciu i uzupełnieniu się dają one rzetelne wyniki oraz pełny obraz badanej próbki. Bardzo często techniki te są charakterystyczne dla różnych specjalności naukowych. Dlatego w odpowiedzi na potrzeby rynku powstała kompilacja tych specjalności tworząc w efekcie nową dyscyplinę naukową, która w języku angielskim nosi nazwę *foodomics* [1]. Można ją określić, jako dyscyplinę, której głównym zainteresowaniem są żywność i odżywianie, wykorzystującą zaawansowane technologie w celu poprawy jakości życia konsumentów, ich zdrowia oraz podniesienia poziomu zaufania do





producentów żywności [2]. W jej skład weszły takie specjalności naukowe jak: genomika, transkryptomika, proteomika, metabolomika, czy bioinformatyka [3].

Uwierzytelnianie zarówno mięsa, jak i ryb sprowadza się zwykle do detekcji poszczególnych markerów pod postacią konkretnych białek lub peptydów. Dlatego zagadnienie to trzeba również rozpatrywać poprzez pryzmat badań proteomicznych. To one są punktem wyjściowym w analizach. Zasady proteomiki określają metody wydzielenia białek i peptydów z materiału biologicznego i ich wstępnego rozdzielania. Z racji tego, że tkanki, w głównej mierze składają się z białek, konieczna jest ich separacja,

aby uwierzytelnianie zawęzić do analizy konkretnych markerów. Do tego celu z powodzeniem jest wykorzystywana elektroforeza [4]. Bardzo często końcowym etapem po rozdzieleniu elektroforetycznym jest dalsza instrumentalna analiza uzyskanej w ten sposób mapy białek [5]. Obecnie w rutynowych badaniach najczęściej wykorzystuje się dwie techniki: testy immunoenzymatyczne (ang. Enzyme-Linked Immunosorbent Assay – ELISA) i łańcuchową reakcją polimerazy (ang. Polymerase Chain Reaction – PCR). ELISA umożliwia szybką jakościową i ilościową analizę. Niestety zawodzi w sytuacji, gdy badany materiał jest przetworzony. Innym jej ograniczeniem jest fakt, że przy wyko-

rzystaniu tej techniki możliwa jest identyfikacja (detekcja i oznaczenie ilościowe) tylko jednego gatunku w trakcie pojedynczego eksperymentu. Technika PCR z kolei przezwycięża ten problem, umożliwiając jednoczesną identyfikację wielu gatunków. Niestety PCR zupełnie zawodzi przy materiale badawczym poddanym różnym przetworzeniom. Już nawet przy delikatnie podgrzanej próbce metoda ta przestaje się sprawdzać [6-8]. Inną wadą metody PCR, która ujawnia się podczas uwierzytelniania produktów pochodzenia zwierzęcego jest konieczność wydzielenia konkretnych białek z materiału biologicznego. To dość czasochłonny proces, przez co, jest on głównym etapem

ograniczającym całą metodę. Chcąc pokonać wady związane z tymi dwiema technikami analitycznymi poszukuje się nowych, bardziej uniwersalnych rozwiązań. A ponieważ metody analityczne oparte na spektroskopii masowej umożliwiają badanie związków w bardzo szerokim zakresie mas, to właśnie one wydają się posiadać duży potencjał w tym zagadnieniu oraz stają się obiecującą alternatywą. Spektrometry mas w analizie żywności wykorzystywane są w różnorodnych zestawach. Ważne jest, aby w trakcie pomiaru cząsteczki oznaczanych związków nie ulegały zbyt silnej fragmentacji, dlatego uzasadnione jest wykorzystywanie takich źródeł jonów, które umożliwiają łagodną

www.labkonsulting.pl

info@labkonsulting.pl

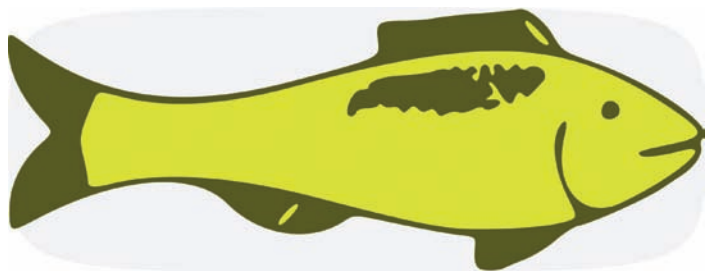
tel.: (+48) 693-415-887

Labkonsulting 

- Szkolenia specjalistyczne, e-learning
- Doradztwo i wdrożenia systemów jakości: GLP/GMP, GMP kosmetyczne, ISO17025, HACCP, ISO 9001
- Projektowanie i budowa pomieszczeń czystych
- Koordynacja projektów badawczo-rozwojowych
- Koordynacja sprzedaży produktów innowacyjnych
- Audyty



Budynek DELTA , Wrocławski Park Technologiczny, ul. Duńska 9, 54-427 Wrocław



jonizację. Dwoma głównymi metodami stosowanymi w takich analizach są: jonizacja przez desorpcję laserem próbki z matrycy (ang. Matrix Assisted Laser Desorption Ionization – MALDI) [8] i elektrorozpylanie (ang. Electrospray Ionization – ESI) [6, 7]. Oprócz tego wykorzystuje się również źródła jonów pracujące pod ciśnieniem atmosferycznym, są to: fotojonizacja pod ciśnieniem atmosferycznym (ang. Atomic Pressure Photoionization – APPI) oraz jonizacja chemiczna pod ciśnieniem atmosferycznym (ang. Atomic Pressure Chemical Ionization – APCI) [9]. Jednak dwie pierwsze metody zdecydowanie zdominowały uwierzytelnianie mięs. Drugim, bardzo istotnym dla jakości pomiaru elementem zestawu spektrometru jest analizator. Wykorzystywane są: kwadrupole (Q), pułapki jonowe (ang. Ion Trap – IT) oraz analizatory czasu przelotu (ang. Time-of-Flight – TOF). Ze względu na zdecydowanie wyższą czułość i rozdzielczość rozpatrywane są głównie ich kombinacje w zestawy tandemowe typu: potrójny kwadrupol (QqQ), kwadrupol z pułapką jonową (Q-IT), kwadrupol z analizatorem czasu przelotu (Q-TOF) czy zestawienie dwóch analizatorów czasu przelotu

(TOF-TOF) [3]. Każdy z tych układów ma swoją specyfikę działania, jednak ich wspólną zaletą jest bardzo wysoka czułość i dokładność pomiarów oraz szeroki zakres mas, jakie można dzięki nim analizować. Dlatego też zestawy takie stanowią potężne narzędzie dla badań nad markerami białkowymi w żywności.

Wcześniej opisane zestawy spektrometrów mas mogą pracować zarówno z systemem bezpośredniego wprowadzania próbki, jak i w pośrednim – w sprzężeniu z chromatografią. To drugie rozwiązanie znalazło zastosowanie przy badaniu mięsa i ryb. W uwierzytelnianiu materiału pochodzenia zwierzęcego spotyka się zarówno układy wykorzystujące chromatografię cieczową (ang. Liquid Chromatography-Mass Spectrometry – LC/MS) [6, 10-12], jak i gazową (ang. Gas Chromatography-Mass Spectrometry – GC-MS) [13-15]. W układzie takim spektrometr pełni rolę bardzo czułego detektora. A rozdzielanie białek na kolumnie jest kolejnym etapem wydzielenia konkretnych markerów białkowych charakterystycznych dla poszczególnych gatunków, umożliwiających identyfikację mięs. W połączeniu chromatografii ze spektrome-

trią mas otrzymuje się metodę oferującą szereg zalet. Pomiary takie są szybkie, co w dalszej kolejności przekłada się na dużą przepustowość analiz, jeżeli rozpatrzmy wykorzystanie w rutynowych badaniach. Szybkość analizy i zmniejszenie zużycia toksycznych rozpuszczalników pośrednio przekłada się również na zmniejszenie jej kosztów. Do najistotniejszych zalet należy dodać niepodważalnie bardzo dużą czułość tych układów i możliwość wykrywania już śladowych ilości substancji niepożądanych. Poza tym możliwa jest łatwa automatyzacja całego procesu analizy.

Wspomniane wcześniej rozdzielanie elektroforetyczne nie jest jedyną metodą przygotowania próbki do analizy LC/MS. Podstawowym zabiegiem, który jest nieodzowny przy analizie takiego materiału jest ekstrakcja. W przypadku mięs i ryb proces ten przeprowadzono zarówno przy pomocy poszczególnych rozpuszczalników lub ich mieszanin [16-18], jak i używając gotowych już mieszanek buforów ekstrakcyjnych [6]. Spotyka się również zastosowanie techniki SPE do wstępnego oczyszczenia próbki przed rozdzielaniem chromatograficznym i zateżenia ekstraktu [9].



Samą identyfikację białek, która stanowi istotę uwierzytelniania ryb i mięs można przeprowadzić na dwa sposoby. Zastosowana metoda jest ściśle powiązana z użytą techniką i aparaturą. Pierwszym sposobem jest tworzenie odcisku masowego peptydów (ang. Peptide Mass Fingerprinting – PMF). Precyzyjne oznaczenie masy markera jest zwykle wystarczające do identyfikacji białka [19]. Odcisk taki uzyskuje się przy użyciu zestawu MALDI-TOF do analizy białek i peptydów rozdzielonych uprzednio techniką 2DE (ang. Two-Dimensional Electrophoresis – 2DE) [5, 19]. Drugim sposobem jest zidentyfikowanie krótszych łańcuchów peptydowych składających się z 3-10 fragmentów aminokwasowych na podstawie ich mas oraz stworzenie tak zwanego odcisku fragmentów peptydowych (ang. Peptide Fragment Fingerprint – PFF) [5]. Tego typu analizy przeprowadza się w układzie ESI-MS/MS. Obie techniki w wiarygodny sposób są w stanie zidentyfikować białka obecne w badanej próbce.

Falszerstwa, jakim poddawane są produkty mięsne zostały podzielone na cztery grupy. Sklasyfikowano je względem: pochodzenia, stosowanych zamienników, procesów jakim zostały poddane oraz wykrywania dodatków pochodzenia innego niż mięsne [20]. W obrębie każdej z tych grup wydzielono również kolejne podkategorie. Przez pochodzenie mięsa można rozumieć: partię ciała zwierzęcia, z której pochodzi badany materiał, rodzaj paszy, jakim je karmiono, wykrywanie



użytych antybiotyków, rodzaj hodowli, wiek uboju, płeć zwierzęcia, pochodzenie geograficzne, rozróżnienie czy było to dzikie zwierzę czy hodowlane oraz wykazanie czy pochodziło z hodowli ekologicznej. Wśród stosowanych zamienników wyłoniono trzy podgrupy. Wyróżniono tutaj substytuty w postaci: samego mięsa (domieszka mięsa pochodzącego ze zwierząt innego gatunku lub z innych tkanek), tłuszczów (roślinnych lub zwierzęcych) oraz białek (roślinnych, zwierzęcych lub syntetycznych). Trzecią grupę zafalszowań – dotyczącą procesów, jakim poddano mięsa – również podzielono na trzy części. Wyszczególniono tutaj przetwarzanie przez działanie promieniowaniem, rozróżnienie mięsa świeżego od rozmro-

żonego oraz określenie rodzaju przetworzenia (gotowanie, pieczenie itp.). Ostatnią grupą, która ma duże znaczenie przy uwierzytelnianiu żywności jest zbiór różnego rodzaju dodatków. Wchodzą w nią takie substancje jak konserwanty, barwniki czy woda.

W każdej z czterech powyższych grup fałszerstw podjęto próby wykorzystania sprzężenia chromatografii cieczowej ze spektrometrią mas do demaskowania nieprawidłowości. Technika ta umożliwia identyfikację płci zwierzęcia na podstawie profilu hormonów obecnych w mięsie. Badania takie prowadzono poszukując odpowiednich hormonów w wołowinie [9]. Prowadzono również prace nad ustaleniem składu karmy,

jaka była podawana hodowlanym kurczakom. Tutaj również dobrze sprawdził się zestaw oparty na spektrometrze masowym – wykorzystano układ UHPLC z DART-TOFMS [16]. Znacznie większe możliwości, niż w przypadku określenia pochodzenia mięsa, zestaw LC/MS wykazuje przy wykrywaniu różnego rodzaju zamienników. To właśnie w tym przypadku najistotniejsza jest możliwość instrumentalnego określenia gatunku, z którego pochodzą dane tkanki. Dodatek tańszych mięs jest bardzo powszechnym procederem. W efekcie znacząco obniża on jakość oferowanego towaru. Takie fałszerstwo w zdecydowanie większym stopniu wpływa na wartość produktu niż oszustwa z grupy związanej z pochodze-

niem żywności. Konieczność weryfikacji gatunku dotyczy zarówno mięs, jak i ryb. W tym pierwszym przypadku bardzo często spotykany jest proceder dodawania tańszego mięsa jako domieszki do żywności już przetwarzanej np. do hamburgerów lub kiełbas. Z kolei identyfikacja gatunków ryb wiąże się z koniecznością weryfikacji czy oznakowanie na etykiecie jest zgodne z prawdą, ponieważ często po procesie filetowania niemożliwe jest rozróżnienie dwóch gatunków bez zastosowania zaawansowanej aparatury [21]. Dlatego też wiele prac poświęcono właśnie detekcji niepożądanych substytutów mięsnych. Dodatki koniny i wieprzowiny do wołowiny badano przy pomocy zestawów LC/MS

UNI-EXPORT Instruments Polska



Agilent Technologies



NanoMEGAS
Advanced Tools for electron diffraction

MIKROSKOPIA ELEKTRONOWA

- Skaningowe mikroskopy elektronowe: wyposażone w katodę wolframową, LaB6 lub emisję polową
- Systemy FIB, litografia elektronowa
- Systemy SEM/FIB z działem plazmowym
- Zintegrowane systemy analityczne SEM TOF-SIMS
- Stoliki specjalne
- Detektory EDS, WDS, EBSD, EBIC, CL, BSE/CL, TE
- Modernizacja starszych urządzeń SEM i EDS
- Systemy automatycznej analizy orientacji ziaren i tworzenia map fazowych metodą precesji w TEM

ANALIZA MATERIAŁÓW POROWATYCH PROSZKÓW I PIANEK

- Analizatory sorpcji gazów i par cieczy
- Pomiar powierzchni właściwej (BET) i porowatości
- Porozymetry rtęciowe do pomiaru dystrybucji wielkości porów
- Płukometry helowe do pomiaru gęstości rzeczywistej ciał stałych i proszków
- Pomiar zawartości komórek otwartych i zamkniętych w sztywnych piankach

TECHNIKA PRÓŻNIOWA

- Pompy próżniowe (rotacyjne, bezolejowe typu scroll, turbomolekularne, dyfuzyjne i jonowe)
- Detektory helowe i kompletne stanowiska do testowania szczelności
- Głowice próżniowe i próżniomierze
- Kontrolery i mierniki przepływu gazów - MFC
- Spektrometry masowe, analizatory gazów: RGA, FTIR, NDIR
- Zawory i armatura próżniowa
- Dedykowane systemy próżniowe
- Regeneracja pomp próżniowych

CHARAKTERYZOWANIE WŁAŚCIWOŚCI FIZYCZNYCH ZAWIESIN, EMULSJI I PIAN

- Stabilność – wykrywanie i identyfikacja wszystkich rodzajów niestabilności: śmietankowanie, sedymentowanie, flokulacja, agregowanie, flotacja, demulgowanie
- Ocena właściwości lepko-sprężystych – płynięcie, smarowność, stabilność kształtu, żelowanie, czas relaksacji, stabilność

04-369 Warszawa, ul. Ludwika Kickiego 4A, lok. 50 www.uni-export.com.pl

wyposażonych w źródło jonów ESI oraz analizator QTRAP [7, 6]. Wyniki, jakie uzyskano w efekcie tych badań wskazują na duży potencjał metody spektroskopowej, jako alternatywy dla ELISA i PCR. Poza tymi pracami podejmowano również próby identyfikacji gatunków ryb [8, 18, 21]. W tych pracach wykorzystano do badań zestaw oparty na układzie MALDI-TOF oraz ESI-MS/MS. Oprócz tego, do grupy zafałszowań obejmującej dodatki do mięsa zaliczono również dodatek tłuszczów zwierzęcych i roślinnych. W wykrywaniu takiego oszustwa także dobrze sprawuje się technologia LC/MS. Dokładniej, zestawu APPI LC/MS/MS użyto do identyfikacji i detekcji tłuszczów roślinnych w materiale zwierzęcym [22]. Sprzężenie chromatografii cieczowej ze spektrometrią mas jest również z powodzeniem wykorzystywane podczas wykrywania dodatków do mięsa pod postacią melaminy i mocznika [23]. Kolejną dużą grupą wymagającą kontroli i analizy jest identyfikacja drogi obróbki mięsa. Jako, że zwykle ścieżka od połowu ryby do momentu, w który trafia ona na talerz konsumenta jest długa, konieczne jest odpowiednie zabezpieczenie towaru na czas transportu. Dlatego zwykle ryby i owoce morza poddaje się mrożeniu. Nie pozostaje to bez wpływu na jakość tych produktów. Niestety bardzo często nawet w rejonach nadmorskich lub w pobliżu hodowli ryb sprzedawcy i restauratorzy pomimo deklaracji świeżego towaru podają konsumentom ryby, które

wcześniej zostały zamrożone. Spektrometria masowa pozwala na skuteczne zróźnicowanie świeżego mięsa od rozmrożonego [15, 24].

Nieustająca walka między nieuczciwymi producentami żywności oraz analitykami demaskującymi fałszerstwa wymaga stosowania przez tych ostatnich coraz dokładniejszych narzędzi. Możliwości, jakie oferują metody oparte na sprzężeniu chromatografii cieczowej ze spektrometrią mas, sprawiają, że wiele nadziei pokłada się właśnie w tej technologii uwierzytelniania żywności. Metody LC/MS oferują szybkie, pomiary dokonywane z bardzo dużą czułością i selektywnością. Metody te umożliwiają również automatyzację procesu uwierzytelniania pozwalając jednocześnie ograniczyć czasochłonność pomiaru i jego koszty.

Literatura

[1] I. Martinez, D. James, H. Loreal, Application of modern analytical techniques to ensure seafood safety and authenticity, Food and agriculture organization of the united nations, Rzym, 2005.
 [2] A. Cifuentes, Foodomics: Advanced Mass Spectrometry in Modern Food Science and Nutrition, First edition, John Wiley & Sons, 2013.
 [3] M. Herrero, C. Simó, V. García-Cañas, E. Ibáñez, A. Cifuentes, Mass Spectrometry Reviews, Vol. 31 (2012) 49-69.
 [4] W.F. Skrzypczak, Proteomika- wybrane zagadnienia, Zapol, Szczecin, 2011.
 [5] E. Bendixen, Meat Science Vol. 71 (2005) 138-149.

[6] C. von Bargaen, J. Brockmeyer, H.-U. Humpf, Journal of Agricultural and Food Chemistry, Vol. 62 (2014) 9428-9435.
 [7] C. von Bargaen, J. Dojahn, D. Waidelich, H.-U. Humpf, J. Brockmeyer, Journal of Agricultural and Food Chemistry, Vol. 61 (2013) 11986-11994.
 [8] M.F. Mazzeo, B. De Giulio, G. Guerriero, G. Ciarcia, A. Malorni, G.L. Russo, R.A. Siciliano, Journal of Agricultural and Food Chemistry, Vol. 56 (2008) 11071-11076.
 [9] R. Draisci, L. Palleschi, E. Ferretti, L. Lucentini, P. Cammarata, Journal of Chromatography A, Vol. 870 (2000) 511-522.
 [10] V. Di Stefano, G. Avellone, D. Bongiorno, V. Cunsolo, V. Muccilli, S. Sforza, A. Dossena, L. Drahos, K. Vékey, Journal of Chromatography A, Vol. 1259 (2012) 74-85.
 [11] D. Lopez-Ferrer, T.H. Heilbeck, K. Petritis, K.K. Hixson, W. Qian, M.E. Monroe, A. Mayampurath, R.J. Moore, M.E. Belov, D.G. Camp II, R.D. Smith, Journal of Proteome Research, Vol. 7 (2008) 3860-3867.
 [12] M.A. Sentandreu, E. Sentandreu, Food Research International, Vol. 60 (2014) 19-29.
 [13] N.N.A. Nizar, J.M.N. Marikkar, D. Mat Hashim, Journal of Oleo Science, Vol. 62 (2013) 459-464.
 [14] M. Nurjuliana, Y.B. Che Man, D. Mat Hashim, A.K.S. Mohamed, Meat Science, Vol. 88 (2011) 638-644.
 [15] F. Leduc, F. Krzewinski, B. Le Fur, A. N'Guessan, P. Malle, O. Kol, G. Duflos, Journal of the Science of Food and Agriculture, Vol. 92 (2012) 2560-2568.
 [16] T. Cajka, H. Danhelova, M. Zachariasova, K. Riddellova, J. Hajslova, Metabolomics, Vol. 9 (2013) 545-557.

[17] P.G. Dunne, F.P. O'Mara, F.J. Monahan, A.P. Moloney, Meat Science, Vol. 74 (2006) 231-241.
 [18] I. Ortea, B. Cañas, J.M. Gallardo, Journal of Chromatography A, Vol. 1218 (2011) 4445-4451.
 [19] D. López-Ferrer, B. Cañas, J. Vázquez, C. Lodeiro, R. Rial-Otero, I. Moura, J.L. Capelo, Trends in Analytical Chemistry, Vol. 25 (2006) 996-1005.
 [20] N.Z. Ballin, Meat Science, Vol. 86 (2010) 577-587.
 [21] M. Carrera, B. Cañas, J.M. Gallardo, Food Research International, Vol. 54 (2013) 972-979.
 [22] J. Lembecke, U. Ceglarek, G. M. Fiedler, S. Baumann, A. Leichtle, J. Thiery, Journal of Lipid Research, Vol. 46 (2005) 21-26.
 [23] P. Varelis, R. Jeskalis, Food Additives and Contaminants, Vol. 25 (2008) 1208-1215.
 [24] P. Ethuin, S. Marlard, M. Delosière, C. Carapito, F. Delalande, A. Van Dorsselaer, A. Dehaut, V. Lencel, G. Duflos, T. Grard, Food Chemistry, Vol. 176 (2015) 294-301.

Praca została przedstawiona na VIII Ogólnopolskim Symposium „Nauka i przemysł – metody spektroskopowe w praktyce, nowe wyzwania i możliwości” 9-11 czerwca 2015, Lublin oraz w monografii „Nauka i przemysł – metody spektroskopowe w praktyce, nowe wyzwania i możliwości”, pod redakcją Z. Hubickiego, ISBN: 978-83-939465-5-6 (całość), 978-83-939465-6-3 (tom I), UMCS, Lublin, 2015, str. 18-22.

* Pracownia Zastosowań Metod Separacji i Spektroskopii, Interdyscyplinarne Centrum Badań Naukowych, Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II, Lublin; eforنال@poczta.onet.pl