



# Pressemitteilung

## Das Ei im Röntgenstrahl

**Forschungsteam des DESY sowie der Universitäten Tübingen und Siegen untersucht Netzwerkbildung und Dynamik von Proteinen**

**Dr. Karl Guido Rijkhoek**  
Leiter

**Janna Eberhardt**  
Forschungsredakteurin

Telefon +49 7071 29-76788  
+49 7071 29-77853

Telefax +49 7071 29-5566  
karl.rijkhoek[at]uni-tuebingen.de  
janna.eberhardt[at]uni-tuebingen.de

[www.uni-tuebingen.de/aktuell](http://www.uni-tuebingen.de/aktuell)

Tübingen, den 30.03.2021

Mit DESYs Röntgenlichtquelle PETRA III hat ein Forschungsteam die Strukturänderungen in Eiern beim Kochen analysiert. Die Untersuchung zeigt, wie sich die Proteine im Hühnereiweiß beim Erhitzen entfalten und vernetzen, um eine feste Struktur zu bilden. Die innovative Untersuchungsmethode ist sowohl für die Lebensmittelindustrie interessant als auch für das große Feld der Proteinanalysen in der Forschung, wie die Kooperation der Gruppen von Professor Frank Schreiber von der Universität Tübingen und Professor Christian Gutt von der Universität Siegen gemeinsam mit Forschern von DESY und vom Europäischen Röntgenlaser European XFEL mit zwei Fachveröffentlichungen im Fachblatt *Physical Review Letters* zeigt.

Eier gehören zu den vielfältigsten Zutaten für Lebensmittel. Sie können Gel oder Schaum bilden oder vergleichsweise fest sein und dienen auch als Grundlage für Emulsionen. Bei etwa 80 Grad Celsius wird Eiweiß, auch Eiklar genannt, fest und auch optisch undurchsichtig. Das liegt daran, dass die Proteine im Eiweiß bei Erhitzen eine Netzstruktur ausbilden. Um die genaue molekulare Struktur von Eiweiß zu untersuchen, ist kurzwellige Strahlung wie Röntgenlicht nötig, die das undurchsichtige Eiweiß durchdringt und deren Wellenlänge nicht größer ist als die zu untersuchenden Strukturen.

### Kontrolliertes Erhitzen

„Um die Strukturänderung im Detail zu verstehen, muss man das Phänomen auf der Mikrometer-Skala untersuchen“, erläutert die Hauptautorin der ersten Studie, die Alexander-von-Humboldt-Stipendiatin Dr. Nafisa Begam aus Schreibers Gruppe. Die Forscherinnen und Forscher benutzen die sogenannte Röntgenphotonen-Korrelationsspektroskopie (XPCS) in einer bestimmten Geometrie, sodass sich damit Struktur und Dynamik der Proteine im Eiweiß zugleich bestimmen ließen.

Für ihre Versuche an der Messstation P10 an PETRA III verwendeten die Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler ein handelsübliches Hühnerei und füllten das Eiweiß in ein Quarzröhrchen mit 1,5 Millimetern Durchmesser. „Darin wurde das Eiweiß kontrolliert erhitzt, während wir es mit Röntgenlicht analysiert haben“, berichtet Ko-Autor Fabian Westermeier von DESY. „Der Röntgenstrahl war dabei auf 0,1 mal 0,1 Millimeter aufgeweitet, sodass die Strahlungsdosis die Proteinstrukturen nicht geschädigt hat.“

### **Exponentielle Vernetzung im Drei-Minuten-Ei**

Die Messung zeigt die Proteindynamik im Eiweiß über rund eine Viertelstunde. In den ersten knapp drei Minuten wuchs das Proteinnetzwerk demnach exponentiell und erreichte nach etwa fünf Minuten ein Plateau, auf dem sich nahezu keine weiteren Proteinverknüpfungen mehr formten. Die mittlere Maschengröße des Proteinnetzes lag nach dieser Zeit bei ungefähr 0,4 Mikrometern (tausendstel Millimetern).

In der zweiten Studie untersuchte das Team mit der XPCS-Technik die Selbstorganisation von Proteinlösungen in proteinreiche und proteinarme Domänen als Beispiel von Strukturbildung in der Zellbiologie. Dabei ließ sich die temperaturabhängige Dynamik zeitabhängig verfolgen. „Bei hoher Proteinkonzentration sinkt die Mobilität, was die Entwicklung der Phasentrennung bremst. Das ist wichtig für die besondere Dynamik des Systems“, berichtet die Hauptautorin Anita Girelli aus Schreibers Gruppe.

Die vom Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) geförderten Studien zeigen nicht nur neue Details zur Strukturänderung in Eiweiß, sondern belegen ebenso das Untersuchungskonzept, das auch bei anderen Proben Verwendung finden kann, wie die zweite Studie belegt. „Die erfolgreiche Anwendung der Röntgenphotonen-Korrelationsspektroskopie eröffnet einen neuen Weg zur Untersuchung der Dynamik von Biomolekülen, was unerlässlich ist, um sie wirklich zu verstehen“, betont Schreiber.



Beim Erhitzen bilden die Proteine im ursprünglich transparenten Hühnereiweiß ein engmaschiges, undurchsichtiges Netz.  
Foto: Gesine Born, DESY



Die Strahlführung P10 an DESYs Röntgenlichtquelle PETRA III, an der die Experimente stattgefunden haben.  
Foto: Anastasia Ragulskaya, Universität Tübingen

**Publikationen:**

Nafisa Begam, Anastasia Ragulskaya, Anita Girelli, Hendrik Rahmann, Sivasurender Chandran, Fabian Westermeier, Mario Reiser, Michael Sprung, Fajun Zhang, Christian Gutt, and Frank Schreiber: Kinetics of Network Formation and Heterogeneous Dynamics of an Egg White Gel Revealed by Coherent X-Ray Scattering. *Physical Review Letters*, 2021; DOI: [10.1103/PhysRevLett.126.098001](https://doi.org/10.1103/PhysRevLett.126.098001)

Anita Girelli, Hendrik Rahmann, Nafisa Begam, Anastasia Ragulskaya, Mario Reiser, Sivasurender Chandran, Fabian Westermeier, Michael Sprung, Fajun Zhang, Christian Gutt, and Frank Schreiber: Microscopic dynamics of liquid-liquid phase separation and domain coarsening in a protein solution revealed by XPCS. *Physical Review Letters*, 2021 ([zur Veröffentlichung akzeptiert](#); im Druck)

**Kontakt:**

Prof. Dr. Frank Schreiber  
Universität Tübingen  
Institut für Angewandte Physik  
Telefon +49 7071 29-78663  
[frank.schreiber\[at\]uni-tuebingen.de](mailto:frank.schreiber[at]uni-tuebingen.de)