



Entwicklung eines Scale-Down Modells der Variable Pathlength Spectroscopy

Mögliche Bachelorarbeit ab sofort (Juli 2026)

Hintergrund

Spektroskopische Methoden werden in der pharmazeutischen Industrie und Forschung häufig eingesetzt, um **kritische Qualitätsmerkmale (CQAs)** – wie Produktkonzentrationen und Verunreinigungen – während der Upstream- und Downstream-Prozesse zu überwachen. Mithilfe von **Variable Pathlength Spectroscopy** ist es möglich UV/VIS Spektren über weite Konzentrationsweiten zu bestimmen, indem systematisch die Pfadlänge des Messzelle verändert wird. Dadurch wird eine quantitative Konzentrationsbestimmung im Fluss möglich. Allerdings muss für jeden Messpunkt die optimale Pfadlänge zuerst erfasst werden, was die Messzeit pro Spektrum deutlich erhöht. Die SpecPlate hingegen ist eine 96-well Platte die für jedes Well Kammern für vier verschiedene Pfadlängen besitzt. In der Theorie kann die SpecPlate daher als scale-down Model der Variable Pathlength Spectroscopy genutzt werden.

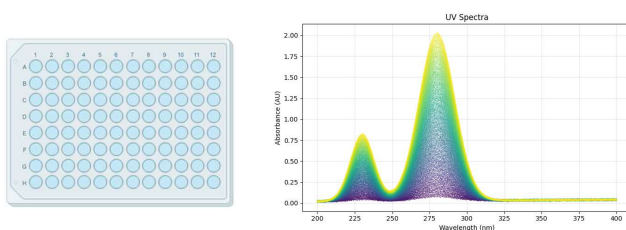
Ziel der Arbeit

Um die Robustheit von spektroskopischen Vorhersagen basierend auf **Variable Pathlength Spectroscopy** zu erhöhen, müssen große Mengen an Kalibrierdatenpunkten erfasst werden. Dafür soll die **SpecPlate** als **scale-down Model** des **FlowVPE** charakterisiert und klassifiziert werden. Zuerst sollen UV/VIS Modelle auf der SpecPlate erstellt werden, in dem Proben verschiedener Zusammensetzungen gemessen werden. Daraufhin werden Vorhersagen zur Proteinkonzentration entwickelt, die dann auf das FlowVPE transferiert werden sollen. Zuletzt werden diese Vorhersagen in einer **Prozesschromatographie** validiert.

Angewandte Methoden

- UV/Vis Spektroskopie - Tecan Spark Plate Reader / SpecPlate
- Variable Pathlength Spectroscopy - Repligen FlowVPE
- Hochdurchsatzpipettieren - Tecan Pipettierroboter
- Flüssigchromatographie - Äkta Pure
- Datenanalyse/Modellbildung - Python

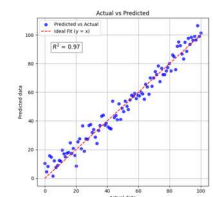
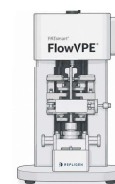
Graphische Zusammenfassung



Modellkalibrierung im Hochdurchsatzformat

Transfer und scale-up der Modelle

Validierung mittels Chromatographie



Falls wir dein Interesse geweckt haben sende uns eine kurze Nachricht an raphael.niess@kit.edu und julian.gentes@kit.edu