TECHNISCHE UNIVERSITÄT MÜNCHEN

Milchwissenschaftliche Forschung am Zentralinstitut für Ernährungs- und Lebensmittelforschung Weihenstephan (ZIEL)

Wissenschaftszentrum Weihenstephan
für Ernährung, Landnutzung und Umwelt
Technische Universität München

Jahresbericht 2012

der milchwissenschaftlichen Forschungseinheiten
am ZIEL

Milchwissenschaftliche Forschung am ZIEL Weihenstephan

Jahresbericht 2012
über die milchwissenschaftliche Forschung
am Zentralinstitut für Ernährungs- und
Lebensmittelforschung Weihenstephan (ZIEL)
am Wissenschaftszentrum Weihenstephan
der Technischen Universität München
in der Zeit vom
1. Januar 2012 bis 31. Dezember 2012

55. Band 2012
Weihenstephan, März 2013

IMPRESSUM

Herausgeber:

Verband Weihenstephaner Milchwirtschaftler, Bio- und Lebensmitteltechnologen e.V.
Geschäftsführung, Weihenstephaner Berg 1, 85354 Freising

Fax: 08161-71 -4384
Tel: 08161-71 -2507
wmbl@wzw.tum.de
www.verband-weihenstephan.de

Verantwortlich für den Inhalt:

Univ.-Prof. Dr.-Ing. U. Kulozik, Univ.-Prof. Dr. S. Scherer, Univ.-Prof. Dr. Jutta Roosen, Univ.-Prof. Dr. Klaus Salhofer, Univ.-Prof. Dr. H.C. Langowski

Der Jahresbericht über die Milchwissenschaftliche Forschung am „Zentralinstitut für Ernährungs- und Lebensmittelforschung Weihenstephan (ZIEL)“ und am „Wissenschafts-zentrum Weihenstephan (WZW)“ erscheint jährlich im Selbstverlag. Dieser steht den einschlägigen Instituten und Bibliotheken des In- und Auslandes – besonders aber im Austausch gegen andere Veröffentlichungen – zur Verfügung.

Bestellungen und Tauschsendungen werden ausschließlich zu Händen der Geschäftsführung erbeten.

Printed in Germany, 2013

ISBN 978-3-939182-52-8

© Alle Rechte dieses urheberrechtlich geschützten Werkes, insbesondere das der Übersetzung in fremde Sprachen, bleiben vorbehalten. Es ist ohne ausdrückliche Genehmigung des Herausgebers nicht gestattet, dieses Buch oder Teile daraus in irgendeiner Form zu vervielfältigen. Unter dieses Verbot fällt insbesondere die Aufnahme in elektronische Datenbanken und die Vervielfältigung auf CD-ROM.

Inhaltsverzeichnis

Seite

Vorwort 1

ZIEL - Abteilung Physiologie
Lehrstuhl für Physiologie 2
Personal 2
Ernennungen, Ehrungen 5
Forschung 6
I. Laktationsphysiologie 6
II. Reproduktionsbiologie 8
III. Lebensmittel, Ernährung und Umwelt 14
IV. Wachstumsphysiologie und Anabolika 16
V. Bioanalytik 18
Habilitationen, Dissertationen, Master- und Bachelorarbeiten 20
Vorträge 21
Tagungen des Lehrstuhls 24
Veröffentlichungen 25

Versuchsstation Veitshof 27
Personal 27
Lehre 28
Forschung 28

Lehrstuhl für BWL – Marketing und Konsumforschung 29
Personal 29
Dissertationen, Master- und Bachelorarbeiten 30
Veröffentlichungen 32
Vorträge 33

ZIEL - Abteilung Mikrobiologie
Lehrstuhl für Mikrobielle Ökologie 35
Personal 35
Einführung 36
Forschung 37

Seite

Arbeitsgruppe: Biodiversität mikrobieller Lebensgemeinschaften in industriellen Habitaten 37
Arbeitsgruppe: Anpassung pathogener Bakterien an Stress 43
Arbeitsgruppe: Regulation überlappender Gene von pathogenen *Escherichia coli* durch Umweltsignale 46
Arbeitsgruppe: Infektionsstrategien pathogener Darmbakterien 47
Arbeitsgruppe: Emetische *Bacillus cereus* 53
Arbeitsgruppe: Enteropathogene *Bacillus cereus* 54
Dissertationen, Master- und Bachelorarbeiten 57
Veröffentlichungen 58

Lehrstuhl für VWL – Umweltökonomie und Agrarpolitik 59
Personal 59
Forschung 59

Lehrstuhl für Lebensmittelverpackungstechnik
Fraunhofer Institut für Verfahrenstechnik
und Verpackung – IVV 65
Personal 65
Forschung 65

ZIEL - Abteilung Technologie
Lehrstuhl für Lebensmittelverfahrenstechnik und Molkereitechnologie 73
Personal 73
Vorwort 74
Auszeichnungen 75
Forschung 75
Arbeitsgruppe: Forschungsgebiet Bioprozess-, Aseptik- und Steril-Verfahrenstechnik 75
Arbeitsgruppe: Forschungsgebiet Proteintechnologie und Mikrostruktur-Verfahrenstechnik 86
Arbeitsgruppe: Forschungsgebiet Membran- und Chromatographie-Trenntechnik 97
Arbeitsgruppe: Forschungsgebiet Molekulare Strukturen und Biogrenzflächen 115
Dissertationen, Diplom-, Master- und Bachelorarbeiten 117
Vorträge 120
Posterpräsentationen 125
Veröffentlichungen 126
Technologietransfer / Organisation von wissenschaftlichen Veranstaltungen 129
Partnerschaft Technische Universität München in den bayerischen Gymnasien 131
Zusammenarbeit mit wissenschaftlichen Expertengremien und Organisationen 131

Seite

Verband Weihenstephaner Milchwirtschaftler, Bio- und Lebensmitteltechnologen e.V. 132
Struktur des Verbandes 132
Zielsetzungen des Verbandes 133
Versammlungen und geförderte Exkursionen 134
Ehrungen 135
Verleihungsrichtlinien 136

Vereinigung zur Förderung der Milchwissenschaftlichen Forschung an der TUM in Freising-Weihenstephan e.V. 137
Vorstand 137
Zweck und Ziele der Fördervereinigung 137
Beitragsordnung 139
Informationstransfer – Mitgliederinformation 139
Beitrittserklärung 140

Technischer Teil 141

d | m | z
druckmedienzentrum

Druckmedienzentrum Gotha GmbH
Verkaufsbüro Süd – Jürgen Eitner
Am Mühlbachbogen 4 a · 85368 Moosburg · Tel. (0 87 61) 7 29 78 78
www.dmz-online.de · E-Mail j.eitner@dmz-online.de

Vorwort

Der Jahresbericht der milchwissenschaftlichen Forschungseinheiten am Zentralinstitut für Ernährungs- und Lebensmittelforschung Weihenstephan (ZIEL) verfolgt das Ziel, über Forschungsarbeiten auf dem für die gesamte Lebensmittelwirtschaft so wichtigen Bereich Milch zu berichten. Der Bericht schließt aber auch Themen aus angrenzenden Bereichen der Lebensmittelforschung mit ein.

Die milchwissenschaftlichen Forschungseinheiten in Weihenstephan wollen mit dieser Publikation gegenüber der Öffentlichkeit Rechenschaft über ihre Aktivitäten geben und vor allem der Milch- und Molkereiwirtschaft einen Überblick über abgeschlossene und laufende Forschungsarbeiten bieten. Darüber hinaus sollen mit dem Jahresbericht Wege erschlossen werden, die Zusammenarbeit mit den Unternehmen der Milchindustrie weiter zu verbessern. Dadurch soll die Forschung mit Schwerpunkt Milchwissenschaft an der TU München in Freising-Weihenstephan im Sinne der milchwirtschaftlichen Praxis intensiviert werden. Die milchwissenschaftliche Arbeit an den Instituten wird von der „Vereinigung zur Förderung der Milchwissenschaft an der TU München“ sehr engagiert unterstützt. Es ist das Ziel, sowohl der milchwissenschaftlichen Forschungseinheiten als auch der „Vereinigung zur Förderung der Milchwissenschaft an der TU München“, eine für die Milchwirtschaft essentielle, praxisrelevante Forschung am und um das Substrat Milch nicht nur zu erhalten, sondern über alle beteiligten Disziplinen hinweg auszubauen.

Vor diesem Hintergrund sollen innovative Lösungen für neue Produkte und Verfahren, Produktsicherheit, Kosten- und Qualitätsoptimierung sowie für das Marketing erarbeitet werden. Die interdisziplinären Ansätze der Weihenstephaner Milchforschung bieten dafür eine gute Basis. Deshalb sind ein möglichst hoher Informationsstand über die aktuellen Forschungsansätze und die vorhandene Infrastruktur sowie ein enger Kontakt zwischen den Produktions- sowie Forschungs- und Entwicklungsabteilungen der Unternehmen und den milchwissenschaftlich forschenden Einrichtungen überaus wichtig. Der Jahresbericht über die milchwissenschaftliche Forschung Weihenstephan soll dazu einen Beitrag leisten.

ZIEL - Abteilung Physiologie
Lehrstuhl für Physiologie

Adresse

Weihenstephaner Berg 3
D-85354 Freising-Weihenstephan
Telefon: 08161-71-3508
Telefax: 08161-71-4204
Internet: http://www.weihenstephan.de/fml/physio
e-mail: physio@wzw.tum.de

Personal

Leitung:	o. Univ.-Prof. Dr. rer. nat. Heinrich H.D. Meyer † 13.04.12	
komm. Leitung:	Univ.-Prof. Dr. agr. Michael W. Pfaffl (seit 01.05.12)	71-3511
Wissenschaftler:	Dr. rer. nat. Rainer Fürst (seit 20.09.12)	71-3867
	Dr. med. vet. Katharina Gellrich (seit 21.07.12)	986 8398
	Dr. med. vet. Heike Kliem	986 8442
	Prof. Dr. agr. Michael W. Pfaffl	-3511
	Dr. rer. nat. Irmgard Riedmaier-Sprenzel	-5520
	Prof. Dr. med. vet. Dieter Schams, a.D.	-3509
	Dr. rer. nat. Ales Tichopad	-3508
	Dr. rer. nat. Susanne E. Ulbrich	-4429
	Dr. med. Enrique Viturro del Rio	-3510
Sekretariat:	Gertraud Mayer	-3508
	Daniela Königsdorf	-5549
Mitarbeiter:	Elisabeth Aberl, TA	-5549
	Inge Celler, TA	-5559
	Brigitte Dötterböck, TA	-5544
	Stefanie Dommel, TA	986 8398
	Christine Fochtmann, Veterinärtechnikerin	986 8398
	Angela Sachsenhauser, TA	-5559
	Waltraud Schmid, TA	-5544

Gäste: Dr. Tsuyoshi **Abe**, Molecular Genetics Division, Department of Technology, National Livestock Breeding Center (NLBC), Fukushima, Japan: 12.08. – 12.10.12

Sithyphone **Khounsaknalath** Kyushu National University Corp., Faculty of Agriculture, Graduate School Kuju Agricultural Research Center, Oita, JAPAN: seit 03.12.12

Im Berichtsjahr waren folgende Doktoranden am Institut tätig:

Diplom-Agrar-Ingenieure: Katrin Danowski (bis 29.02.12)

M.Sc. Agrarwissenschaft: Christiane Schmautz (ab 01.10.12); Diana Sorg (bis 31.12.12)

Tierärzte: Christian Altenhofer (seit 01.12.2010); Ines Ballweg (seit 01.04.2011); Katharina Gellrich, geb. Dolle (bis 20.07.12); Margarita Köpf (seit 01.02.2011)

Diplom-Biologen: Christine Kaufmann (seit 02.05.2011); Jakob Müller (bis 31.03.12); Katharina Stöcker (ab 23.07.12)

M.Sc. Biologie: Benedikt Kirchner (seit 01.06.2011); Melanie Spornraft (seit 14.11.2011)

Ernährungswissenschaft: Veronika Pistek (seit 01.03.2010)

M.Sc. Molekular-Biotechnologie: Rainer Fürst (bis 19.09.12); Swanhild Meyer (seit 01.02.2008): Corina Zörgiebel (ab 01.12.12)

Nachruf

Heinrich HD Meyer

*13.07.1950 - † 13.04.2012

Am 13. April 2012 verstarb im Alter von 61 Jahren Herr Prof. Dr. Dr. Heinrich H.D. Meyer, Ordinarius für Physiologie der Fakultät Wissenschaftszentrum Weihenstephan der Technischen Universität München. Seit 1996 leitete Herr Meyer den Lehrstuhl für Physiologie und die Abteilung des ZIEL in Weihenstephan und hat das Verständnis der molekularen Physiologie von Nutz- und Wildtieren wesentlich geprägt.

Heinrich Meyer studierte Biochemie an der Universität Tübingen. 1980 promovierte er am Max-Planck-Institut für Zellbiologie Wilhelmshaven über den Östrogen-Rezeptor. Anschließend wechselte zum Max-Planck-Institut für Experimentelle Endokrinologie nach Hannover, wo er für ein Jahr als wissenschaftlicher Mitarbeiter tätig war. Zur Habilitation, die er 1988 zum Thema "Analyse und Biochemie von Steroidhormonen" verfasste, kam er 1982 an die Technische Universität München an den Lehrstuhl für Physiologie unter der damaligen Leitung von Herrn Prof. Heinrich Karg. 1982 erhielt Heinrich Meyer den Schoeller-Junkmann-Preis der Deutschen Gesellschaft für Endokrinologie für seine Arbeiten zur Entwicklung von sensitiven Nachweisverfahren mittels Enzymimmunoassays. Die Enzymimmunoassays bildeten die analytische Grundlage um ein Nachweisverfahren des Missbrauchs von Anabolika bei Kälbern zu etablieren. Diese Methode findet sich aufgrund der Präzision und Sensitivität weltweit heute noch als Standardanwendung in vielen Laboren im Rahmen der Rückstandsanalytik.

Im Jahr 1993 wurde er zum stellvertretenden Direktor des neugegründeten Leibniz-Institut für Zoo- und Wildtierforschung Berlin berufen und leitete dort das Department Reproduktionsbiologie. Seit dieser Zeit war die vergleichende Wildtierphysiologie steter Bestandteil seiner wissenschaftlichen Tätigkeit und Lehre. Sein Interesse für vergleichende Untersuchungen zu Ernährung, Reproduktion und Verhalten der Wildtiere prägte seine Tätigkeiten auch im Bereich der Nutztierfragestellungen. Herr Meyer war Vorsitzender des wissenschaftlichen Beirates des Leibniz-Institut für Zoo- und Wildtierforschung, Berlin (2000-2006) und Mitglied des Kuratoriums des Forschungsverbundes Berlin (2000-2006) / Ombudsmann des Leibniz-Institut für Molekulare Pharmakologie sowie des Leibniz- Institut für Zoo- und Wildtierforschung im Forschungsverbund Berlin seit 2007.

1996 folgte er einem Ruf an die TUM und damit auch seinem ehemaligen Institutsleiter und Lehrer Herrn Prof. Heinrich Karg als neuer Inhaber des Lehrstuhls für Physiologie. Verbunden mit einer großen Aufgabe an Reformen war er von 2000 bis 2003 Gründungsdekan des Wissenschaftszentrums Weihenstephan.

Herr Meyer war ein Physiologe, dessen Hauptinteresse der Synthese und Pharmakologie von Steroidhormonen blieb. Sein biochemisch-analytischer Hintergrund hat ihn stets dazu veranlasst, Fragen bestmöglich in quantifizierbare Einheiten zu zerlegen. Das ging nur unter der Voraussetzung, dass sensitive analytische Nachweisinstrumente dafür vorhanden waren. Falls nicht, setzte er sich dafür ein, diese zu entwickeln.

Dies galt nicht nur im Rahmen des Nachweises von Leistungsförderern wie Clenbuterol und Steroiden in Lebensmitteln. Es war notwendige Grundlage für die erfolgreiche Durchführung kontrazeptiver Maßnahmen bei Wildtieren im Krüger Nationalpark, und es diente der Ermittlung der Abbauraten des Bt-Toxins Cry1ab in der Pflanze, im Tier und im Boden. Damit war er in besonderer Weise um eine Versachlichung von emotional geführten Diskussionen bemüht, in denen er mit großer Vehemenz eine seriöse wissenschaftliche Position bezog.

Analytik, Pharmakokinetik und Pharmakologie von Hormonen, deren Agonisten und sowie endokrinen Disruptoren, Mykotoxinen und Xenobiotika waren in Bezug auf Lebensmittelsicherheit und -qualität ein Thema, zu dem er nicht nur forschte, sondern auch in vielen Gremien und internationalen Behörden wie der EU, des Bundes und der Länder sowie für WHO, FAO, IAEA und WTO beratend tätig war.

Die Physiologie aus molekularer Perspektive zu betrachten ermöglichte es Herrn Meyer, bei der Arbeit mit den Nutz- und Wildtieren gleichzeitig in kleinsten Dimensionen einzelner Moleküle pro Zelle zu denken und dabei die Komplexität vom Gesamtorganismus nicht aus dem Auge zu verlieren. Die Grundlagen zu verstehen für die Milchproteinsynthese, für Leistungen des Stoffwechsels während der Laktation der Kuh, für die Funktion von Neurogestagenen, für epigenetische Effekte von Östrogenen, all das war für ihn eine notwendige Voraussetzung für Lösungsansätze zu aktuellen und praxisrelevanten Fragestellungen. Vor dem Hintergrund der sich wandelnden globalen Agrar- und Ernährungswissenschaften war die molekularphysiologische Forschung an landwirtschaftlichen Großtieren sein besonderes Anliegen, welches er mit Naturwissenschaftlern, Veterinärmedizinern, Medizinern, Agrar- und Ernährungswissenschaftlern selbstverständlich gemeinsam in interdisziplinärer Komplementarität untersuchte.

Herr Meyer war ein exzellenter Zuhörer, der sich nie die Ruhe für ein Gespräch nehmen ließ. Er folgte oftmals nicht einer äußeren Konformität, sondern setzte die Wichtigkeit in das, was er sagte und in welcher Weise er sich einbrachte. Neben seiner international vielbeachteten eigenen Tätigkeiten ermöglichte er seinen Mitarbeitern ein besonders großes Maß an Selbstständigkeit. Die Sicherheit zu haben, mit der er mit großer Geduld vertraute, ausprobieren und forschen hat lassen, hat zu Eigeninitiative, Eigenverantwortung und Erfolg geführt. Sie hat Platz geschaffen für Vereinbarkeit von Familie und Beruf, für Förderung von Frauen in der Wissenschaft. Über ´Work-Life Balance´ wurde nicht viel gesprochen hat, sondern man hat sie selbstverständlich realisiert. Während seiner Zeit als Institutsleiter habilitierten sich fünf seiner Mitarbeiter, sieben ehemalige Mitarbeiter haben heute Professuren realisiert.

Die offene Art mit seiner Erkrankung umzugehen und den Lehrstuhl trotz der ungewohnten körperlichen Einschränkungen bis zuletzt aktiv und erfolgreich zu leiten verdient größten Respekt. Wir verlieren einen besonderen Physiologen mit klugem Rat und sicherer Urteilsfähigkeit.

Ehrungen, Ernennungen

Rainer Fürst erhielt den Posterpreis auf dem 55. Symposion der Deutschen Gesellschaft für Endokrinologie:
Fürst RW, Pistek VL, Kliem H, Skurk T, Hauner H, Meyer HHD, Ulbrich SE (2012): „Distinct doses of estradiol-17b orally applied during pregnancy impact on gonads, weight and body composition in pig progeny“. In: Abstractband 55. Symposium der Deutschen Gesellschaft für Endokrinologie, Congress Center Mannheim, 07.-10.03.2012, No. P2 6-6

Herr Prof. Dr. Michael W. Pfaffl wurde ausgezeichnet mit dem Scopus Paper Award „Most cited single author“ durch das Verlagshaus Elsevier im Rahmen einer Editorenkonferenz am 30.03.2012 in Berlin.

Die EuroResidue Foundation hat postum die Leistungen von Prof. Dr. Dr. Heinrich H.D. Meyer anerkannt mit der Auszeichnung des „EuroResidue Lifetime Achievement Award in Residue Analysis“.

16. Mai 2012, Egmond aan Zee, The Netherlands

Endokrinologisch-Molekularbiologisches Kolloquium

Folgende Vorträge wurden von Gastreferenten übernommen:

19.11.2012: “DNA methylation markers in cancer”
Referent: Dr. Marc Tänzer, Klinikum rechts der Isar, Medizinische Klinik und Poliklinik (Gastroenterologie)

Forschung

I. Laktationsphysiologie

Beeinflussung des innaten Immunsystems von primären bovinen Euterepithelzellen durch eine induzierte negative Energiebilanz *in vivo*

Innate defense capability of challenged primary bovine mammary epithelial cells after an induced negative energy balance in vivo

Danowski, K.; Sorg, D.; Gross, J[1].; Meyer H.H.D.; Kliem, H.: Czech J. Anim. Sci. 57 (2012) 207-219

Die negative Energiebilanz (NEB) ist ein häufig auftretendes Problem bei hochlaktierenden Milchkühen. Sie geht meist mit metabolischen Imbalanzen einher und wird häufig mit Euterentzündungen assoziiert. Pathogene, die durch den Zitzenkanal in das Euter eindringen, treffen auf das Euterepithel, das als erste Abwehrlinie dient. Zur Untersuchung des Einflusses einer NEB auf die Abwehrleistung des Euterepithels wurden primäre bovine Euterepithelzellen (pbMEC) aus Milch von Kühen extrahiert, die entweder eine energierestriktive oder eine Kontrollfütterung erhalten haben. Die restriktive Fütterung mit einer Reduktion um 51 ± 2% des totalen Energiebedarfs wurde in der Midlaktation durchgeführt. Es konnten pbMEC von 8 Kühen mit einer induzierten NEB (Restriktionsgruppe) und von 7 Kontrollkühen (Kontrollgruppe) kultiviert werden. Die Zellen wurden mit hitze-inaktivierten *Escherichia coli (E. coli)* und *Staphylococcus aureus (S. aureus)* für 24 und 72 h stimuliert, um den Einfluss der NEB auf Genexpressionsprofile des innaten Immunsystems nachzuweisen. Es wurden folgende Genexpressionen bestimmt: Zytokine, Chemokine, Apoptose
assoziierte Gene und Gene, die für antimikrobielle Peptide und deren Rezeptoren (AMPR) codieren. Es wurde ein Einfluss der NEB auf die Expression von 15 verschiedenen Genen nach der Stimulierung mit den Pathogenen festgestellt. Die NEB bewirkte einen starken Aufregulierungstrend bei den mit *E. coli* stimulierten Zellen und eine Abregulierung bei den mit *S. aureus* stimulierten Zellen in der Restriktionsgruppe. Unsere Untersuchung hat gezeigt, dass die fütterungsbedingte NEB *in vivo* einen Einfluss auf die Immunantwort von pbMEC *in vitro* hat und die Expression von immunologisch relevanten Genen verändert. Außerdem zeigen diese Ergebnisse, dass sich pbMEC als Modell für die Erforschung von Mastitiden eignen, bei dem sich sogar Einflüsse der Fütterung wiederspiegeln.

---

[1] Lehrstuhl für Tierernährung, Technische Universität München

Effekte von Zellkulturtechniken auf die Genexpression und die Cholesterin-Ausscheidung von primären bovinen Euterepithelzellen aus Milch und Gewebe
Effects of cell culture techniques on gene expression and cholesterol efflux in primary bovine mammary epithelial cells derived from milk and tissue
Sorg, D.; Potzel, A.; Beck, M.; Meyer, H.H.D.; Viturro, E.; Kliem, H.: In vitro Cell Dev Biol Anim. 48 (2012) 550-553

Kulturen von primären bovinen Euterepithelzellen (pbMEC) werden oft verwendet, um Stoffwechsel- und Entzündungsvorgänge im Euter von Milchkühen zu untersuchen. Die gebräuchlichste Quelle dafür ist Eutergewebe aus einer Biopsie oder nach der Schlachtung. Es ist jedoch auch möglich, sie aus Milch zu kultivieren. Dies ist nicht-invasiv, wiederholbar und führt zu weniger Kontaminationen mit Fibroblasten. Im Allgemeinen ist nicht viel bekannt über den Einfluss der Herkunft der Zellen und von Zellkulturtechniken wie Kryokonservierung auf die Zellfunktionalität. Aus Milch und Eutergewebe wurden Zellen extrahiert, um zu untersuchen, ob aus Milch gewonnene pbMEC eine zulässige Alternative zu aus Gewebe gewonnenen pbMEC sind, und um den Einfluss der Kryokonservierung zu überprüfen. Die Zellen wurden über drei Passagen hinweg kultiviert und in Flüssigstickstoff gelagert. Die relative Expression der fünf Zielgene für Kappa-Kasein, Lingual Antimicrobial Peptide (LAP), Laktoferrin, Lysozym (LYZ1) und den Prolaktinrezeptor, normalisiert auf die Expression von Keratin 8, zeigte im Verlauf der drei Passagen eine tendenzielle Abnahme in den Gewebekulturen, aber nicht in den aus Milch gewonnenen Kulturen. Dies lässt vermuten, dass der Kultivierungsprozess einen größeren Einfluss auf die Gewebezellen hatte als auf die Milchzellen. Das Einfrieren verringerte die Genexpression in Kulturen beider Herkunft. LAP und LYZ1 waren tendenziell in den Milchzellen höher exprimiert. Die Cholesterin-ausscheidung wurde in aus Milch gewonnenen Zellen über Passage eins bis sieben hinweg gemessen. Die Passage beeinflusste die Ausscheidungsrate nicht ($p \leq 0.05$). Zum ersten Mal konnten wir zeigen, dass die Extraktion von pbMEC aus Milch eine mögliche Alternative zur Gewinnung aus Gewebe sein kann.

Mikrofluidische Hochdurchsatz-RT-qPCR-Messungen der Immunantwort von aus Milch kultivierten primären bovinen Euterepithelzellen auf Mastitispathogene
Microfluidic high-throughput RT-qPCR measurements of the immune response of primary bovine mammary epithelial cells cultured from milk to mastitis pathogens
Sorg, D.; Danowski, K.; Korenkova, V.[2]; Rusnakova, V.[2]; Küffner, R.[3]; Zimmer, R.[3]; Meyer, H.H.D.; Kliem, H.: Animal 11 (2012) 1-7

Bovine Mastitis, die Entzündung des Euters, ist ein großes Problem für die Milchindustrie und das Tierwohl. Um diese Krankheit besser zu verstehen, und um zwei spezielle Verfahren für die Untersuchung des Milchdrüsen-Immunsystems anzuwenden, haben wir die Immunantwort von primären bovinen Euterepithelzellen (pbMEC) von sechs Braunviehkühen nach einer Stimulation mit den hitzeinaktivierten Mastitiserregern Escherichia coli 1303 und Staphylococcus aureus 1027 gemessen. Extrahiert und kultiviert wurden die Zellen aus Milch anstatt aus Eutergewebe, welches üblicherweise dafür verwendet wird.

---

[2] ZIEL – Research Center for Life and Food Sciences, Freising, Germany
[3] Institute for Bioinformatics, LMU, Munich, Germany

Die Vorteile dieser Methode sind, dass sie nicht-invasiv ist und zu weniger Kontamination mit Fibroblasten führt. Zum ersten Mal wurde die Genexpression von pbMEC mit einem mikrofluidischen Hochdurchsatzsystem für Real-time Reverse Transkription quantitative PCR gemessen, dem BioMark HD™ von Fluidigm. Zusätzlich zur physiologischen Auswertung wurde die Präzision und die Eignung dieser Methode mit einem großen Datensatz ermittelt. Der mittlere Variationskoeffizient (± Standardfehler) zwischen wiederholten Chips war 4,3 ± 0,4 % für hoch und 3,3 ± 0,4 % für niedrig exprimierte Gene. Die Abweichungen zwischen den quantitative PCR (qPCR)-Replikaten waren geringer als die zwischen Zellkultur-replikaten. Dies weist darauf hin, dass biologische und Zellkulturunterschiede vom Hintergrundrauschen der Messungenauigkeit unterschieden werden konnten. 22 Gene (Komplementsystem, Chemokine, inflammatorische Zytokine, antimikrobielle Peptide, Akutphaseproteine und Toll-like-Rezeptor-Signalweg) waren durch die Behandlung mit E. coli reguliert ($p<0,05$). Das am meisten regulierte Gen war jenes für das Akutphaseprotein Serum Amyloid A3 mit 618-facher Aufregulation. S. aureus induzierte eine leicht erhöhte Expression von CCL5, IL10, TLR4 und S100A12, ansonsten folgte aber keine deutliche Antwort des Immunsystems. Wir haben gezeigt, dass mit der aus Milch gewonnenen pbMEC-Kultur und mit der Hochdurchsatz-qPCR-Technik ähnliche Ergebnisse in der pbMEC-Expression wie mit konventioneller qPCR gemessen werden können, und das mit einer zufriedenstellenden Präzision. So könnte dieses Verfahren in Zukunft bei weiteren Genexpressionsuntersuchungen an pbMEC-Kulturen angewendet werden.

II. Reproduktionsbiologie

Vergleich der Effekte der Frühträchtigkeit mit humanem Interferon alpha 2 (IFNA2) auf die Genexpression im bovinen Endometrium

Comparison of the effects of early pregnancy with human interferon, alpha 2 (IFNA2), on gene expression in bovine Endometrium

Bauersachs, S.[4,5,6]; Ulbrich, S.E.; Reichenbach, H.-D.[7]; Reichenbach, M.[5,8]; Büttner, M.[9]; Meyer, H.H.D.; Spencer, T.E.[10]; Minten, M.[10]; Sax, G.[11]; Winter, G.[11]; Wolf, E.[5,6]**:** Biology of Reproduction 86 (2012) 1-15

Interferon tau (IFNT), ein Typ I IFN, welches dem IFN alpha (IFNA) ähnlich ist, wird vom bovinen Embryo sezerniert und übernimmt die Funktion der Trächtigkeitserkennung beim Wiederkäuer. Um spezifische Effekte von IFNT gegenüber weiteren embryonalen Signalen zu untersuchen, wurden in dieser Studie die Änderungen der Transkription der Uterus-schleimhaut während der frühen Trächtigkeit verglichen mit dem Transkriptom nach intrauteriner Applikation von humanem IFNA2.

---

4 Laboratory for Functional Genome Analysis (LAFUGA), Gene Center, LMU Munich, Germany
5 Chair for Molecular Animal Breeding and Biotechnology, Gene Center, LMU Munich, Germany
6 Laboratory for Functional Genome Analysis (LAFUGA), Gene Center, LMU Munich, Germany
7 Institute for Animal Breeding, Bavarian State Research Center for Agriculture, Poing, Germany
8 Bavarian Research Center for Biology of Reproduction, Oberschleißheim, Germany
9 Bavarian Health and Food Safety Authority, Oberschleißheim, Germany
10 Department of Animal Sciences, Center for Reproductive Biology, Washington State University, Pullman, Washington
11 Chair for Pharmaceutical Technology and Biopharmaceutics, Department of Pharmacy, LMU Munich, Germany

Die Analyse erfolgte mittels cDNA Hybridisierungsarrays (Affymetrix Bovine Genome Array). Durch den Vergleich der beiden Datensätze konnten solche Gene identifiziert werden, deren Abundanz nur in Anwesenheit vom Embryo bzw. nur in Anwesenheit von IFNA2 verändert waren. Dies deutet darauf hin, dass IFN im Zusammenhang mit der Frühträchtigkeit eine wesentliche Rolle spielt, dass aber der Embryo eine Reihe weiterer spezifischer Signale aussendet, die auf die Funktion der Gebärmutterschleimhaut einen Einfluss haben.

Eine einzelne differentiell methylierte CpG-Stelle korreliert mit der Transkription des Östrogen Rezeptors alpha

A differentially methylated single CpG-site is correlated with estrogen receptor alpha transcription

Fürst, R.W.; Kliem, H.; Meyer, H.H.D.; Ulbrich, S.E.: Journal of Steroid Biochemistry & Molecular Biology 130 (2012) 96-104

DNS-Methylierungen am Promoter des Östrogen Rezeptors alpha (ESR1) sind als epigenetischer Mechanismus bekannt, der dessen Transkriptionshäufigkeit reguliert. Wir fragten, ob die DNS-Methylierung in Geweben männlicher heranwachsender Ferkel durch die spezifisch auftretenden Plasma Östradiol-17β (E2) Konzentrationen während der Entwicklung beeinflusst wird. Zusätzlich war es unser Ziel, das aktuell limitierte Wissen um die epigenetische Regulation des ESR1 in physiologischen Zusammenhängen zu erweitern. Drei spezifische genetische Regionen des ESR1 wurden mittels einer Kombination methylierungs-sensitiver hochauflösender Schmelzkurvenanalyse (MS-HRM) und Pyrosequencing untersucht. Erstaunlicherweise fanden wir große Unterschiede in der E2 Konzentration kaum assoziiert mit den minimalen Variation der DNS Methylierung oder der Genexpresssion. Bei der Untersuchung zweier Gewebe mit der größten Differenz an transkriptioneller Häufigkeit konnten wir aber eine einzelne CpG-Stelle in der +1kb intragenen Region des ESR1 finden, welche auffällig unterschiedlich methyliert zwischen Herz und Epididymis war. Hervorzuheben ist, dass diese einzelne CpG Stelle als eine mögliche Bindungsstelle des transkriptionellen Repressors TGIF identifiziert werden konnte, welche die Histon-Deacetylase 1 (HDAC1) rekrutieren könnte und damit zur Chromatin Kondensation führen würde. Tatsächlich konnte mittels Immunopräzipitation ein geringeres Auftreten von Histon H3 an der spezifischen ESR1 Stelle nachgewiesen werden, falls dort erhöhte DNS Methylierung vorlag. Hieraus hypothetisieren wir, dass die *ESR1* Expression durch einen Methylierungsunterschied an einer einzigen CpG-Stelle bewirkt wird, welcher das Anbinden eines Trankriptionsfaktors behindert.

Leistet DNS Methylierung einen epigenetischen Beitrag zur transkriptionellen Regulation des bovinen Endometriums während des Zyklus und der frühen Trächtigkeit?

Is DNA methylation an epigenetic contribution to transcriptional regulation of the bovine Endometrium during the estrous cycle and early pregnancy?

Fürst, R.W.; Meyer, H.H.D.; Schweizer, G.[12]; Ulbrich, S.E.: Molecular and Cellular Endocrinology 348 (2012) 67-77

[12] Institute for Plant Production and Plant Breeding, Bavarian State Research Center for Agriculture, Freising-Weihenstephan, Germany

Inwieweit epigenetische Ereignisse zur transkriptionellen Regulation von Genen endometrialer Funktionen während des Zyklus und der frühen Trächtigkeit beitragen, wurde bisher kaum untersucht. Wir erforschten die Expression von DNS Methyltransferasen sowie des wichtigsten endokrinen transkriptionellen Mediators Östrogen Rezeptor Alpha (ESR1) im Endometrium von Kalbinnen an den Tagen 0, 12 und 18 des Zyklus und am Tag 18 nach der Besamung. Zur methodischen Anwendung kamen der Luminometrische Methylierungs-Assay bei der Bestimmung globaler Methylierungslevel sowie eine elegante Kombination von methylierungs-sensitiver hochauflösender Schmelzkurvenanalyse und Pyrosequencing zur Untersuchung lokaler Methylierungsgrade des ESR1. Während für ESR1 eine differentielle Genexpression zwischen den Probengruppen festgehalten werden konnte, zeigten sich keine Unterschiede in der ESR1 DNS-Methylierung der Endometrien während der einzelnen Zyklustage oder in der frühen Trächtigkeit. Auch die globale DNS-Methylierung trat in Endometrien in ähnlichen Leveln auf, vermutlich kontrolliert durch die beobachtete moderate DNMT3b Expression. Insofern erscheint der epigentische Beitrag zur endometrialen Funktion durch DNS-Methylierung eher limitiert. Da ein weiterer Gewebetyp niedrigster ESR1 Expression jedoch lokal signifikant höhere DNS-Methylierungslevel aufwies, könnte die DNS-Methylierung durchaus eine wichtige Rolle bei der gewebsspezifischen transkriptionellen Regulation spielen, welche dann durch weitere Kontrollmechanismen weiter geregelt wird.

Mütterliche Exposition gegenüber niedrigen Dosen von Östradiol-17β während der Trächtigkeit beeinflusst die nachgeburtliche Gewichtsentwicklung und Körperzusammensetzung der Nachkommen

Maternal low-dose estradiol-17β exposure during pregnancy impairs postnatal progeny weight development and body composition

Fürst, R.W.; Pistek, V.L.; Kliem, H.; Skurk, T.[13,14]; Hauner, H.[13,14]; Meyer, H.H.D.; Ulbrich, S.E.: Toxicology and Applied Pharmacology 263 (2012) 338-344

Östrogene Chemikalien mit dem Potential zur endokrinen Störung spielen eine wichtige Rolle als Auslöser von Fettleibigkeit. Untersuchungen zum potentesten natürlich vorkommenden Östrogen, dem Östradiol-17β (E2), fehlen aber bisher. Wir untersuchten deshalb endokrine und physiologische Parameter in Sauen, denen während der Trächtigkeit spezifische Mengen an E2 verabreicht wurden. Im Anschluss wurden die Nachkommen auf mögliche schädliche Einflüsse aufgrund der endokrinen Störung hin untersucht. Das E2 wurde über den gesamten Zeitraum der Trächtigkeit oral verabreicht. Die verabreichten Mengen standen stellvertretend für den täglichen Konsum von E2 im definierten Bereich des acceptable daily intake levels (ADI) (0.05µg/kg Körpergewicht/Tag), des NOEL (10µg/kg Körpergewicht/Tag) und einer hohen Dosierung (1000µg/kg Körpergewicht/Tag). Plasma Hormonkonzentrationen wurden mittels eines Enzym-Immunoassays bestimmt. Das Körperfett der Nachkommen wurde mittels Dual-Energie Röntgenabsorbtiometrie-Untersuchung erfasst. Signifikant erhöhte Plasma E2 Spiegel wurden während der gesamten Trächtigkeit in Sauen gefunden, welche 1000µg/kg Körpergewicht/Tag erhielten. Gleichzeitig wiesen diese Sauen eine erhöhte Gewichtszunahme auf. Während die Nachkommen bei der Geburt keine Gewichtsunterschiede zeigten, konnte beim Absetzten selbst bei den Ferkeln, deren Mütter

[13] ZIEL Dep. Nutritional Medicine, TUM, Freising-Weihenstephan, Germany
[14] Klinikum rechts der Isar, TUM, München, Germany

lediglich 0,05 µg/kg Körpergewicht/Tag erhielten, ein signifikant geringeres Gewicht festgestellt werden. Im Alter von 8 Wochen wiesen lediglich die männlichen Tiere eine signifikante Zunahme des Körperfettanteils auf.

Zusammenfassend lässt sich festhalten, dass eine pränatale Exposition gegenüber niedrigen Dosen von E2 die Nachkommenentwicklung in Schweinen in puncto Körpergewicht und Körperzusammensetzung beeinflusst. Ähnlich den Erfahrungen mit anderen Chemikalien, die Fettleibigkeit auslösen, deuten auch unsere Daten auf eine programmierende Wirkung des E2 während der Trächtigkeit hin, die zu den beobachteten Phänotypen führt. Aus diesem Grund könnte E2 auch einen möglichen Beitrag zur Kinder-Adipositas darstellen.

Einfluss von E. coli Lipopolysacchariden auf das Corpus luteum bei Rindern im Diöstrus

Escherichia coli lipopolysaccharide administration transiently suppresses luteal structure and function in diestrous cows

Herzog, K.[15]; Strüve, K.[15]; Kastelic, J.P.[15]; Piechotta, M.[15]; Ulbrich, S.E.; Pfarrer, C.[16]; Shirasuna, K.[17]; Shimizu, T.[17]; Miyamoto, A.[17]; Bollwein, H.[18]: Reproduction 144 (2012) 467-476

Es war das Ziel dieser Studie, die Effekte von intravenös verabreichtem E. coli Endotoxin (LPS) auf die Größe (LS) und Durchblutung (LBF) des Gelbkörpers, die Plasma-konzentrationen von Progesteron (P4), 13,14-dihydro-15-keto-PGF2α (PGFM) und Prostaglandin E2 (PGE) sowie die Genexpression des Gelbkörpergewebes bei Milchkühen näher zu charakterisieren. Dazu wurde Kühen an Tag 9 post ovulationem intravenös 10 ml Kochsalzlösung (0,9%) mit 0,5 µg/kg LPS intravenös verabreicht und der Gelbkörper transrektal Farbdoppler-sonographisch untersucht. Nach Injektion von LPS nahm die LS innerhalb von 24 Stunden deutlich ab (von 5,2 auf 3,8 cm²: $p < 0,05$) und blieb bis zum Ende des Untersuchungszeitraums kleiner als nach der Injektion von Kochsalzlösung. Der LBF verringerte sich innerhalb von drei Stunden nach Injektion der LPS-Lösung um 34% ($p < 0,05$) und blieb bis zum Ende des Untersuchungszeitraums niedriger als nach Injektion der Kochsalzlösung ($p < 0,05$). Die Plasma P4-Konzentration war während der ersten drei Stunden nach der LPS-Injektion zunächst höher ($p < 0,05$); neun Stunden post injectionem war P4 nach LPS-Injektion bis zum Ende des Untersuchungszeitraums niedriger als nach Verabreichung von Kochsalzlösung ($p < 0,05$). Die PGFM-Konzentration im Plasma stieg nach LPS-Injektion innerhalb von 30 min um das 12-fache (9.2 vs. 0.8 ng/ml; $p < 0,05$) und blieb über weitere 6 Stunden erhöht ($p < 0,05$). Die Ergebnisse dieser Studie zeigten, dass erhöhte LPS-Konzentrationen im Diöstrus zu einer transienten Beeinflussung des Gelbkörpers führten, aber keine Auswirkung auf den Gelbkörper des folgenden Zyklus hatten.

---

15 Clinic for Cattle, University of Veterinary Medicine Hannover, Hannover, Germany
16 Institute of Anatomy, University of Veterinary Medicine Hannover, Hannover, Germany
17 Graduate School of Animal and Food Hygiene, Obihiro University of Agriculture and Veterinary Medicine, Obihiro, Japan
18 Clinic of Reproductive Medicine, University of Zurich, Zurich, Switzerland

Das LPS-Modell wird derzeit bei frühträchtigen Kühen zwischen dem 33. und 38. Trächtigkeitstag mit dem Ziel angewandt, die Verbindung zwischen der temporären morphologischen und funktionellen Gelbkörper-Depression und der embryonalen Mortalität zu prüfen. Vorläufige Ergebnisse zeigen, dass trotz der Beeinträchtigung kein Fruchttod ausgelöst wird. Offensichtlich ist in diesem Stadium der Gelbkörper nicht entscheidend für das Absterben des Embryos.

Genomweite Analyse epigenetischer Mechanismen
Genomewide analysis of epigenetic mechanisms
Ulbrich, S.E.: Nova Acta Leopoldina NF 113, Nr. 388, 47-60 (2012)

Die Fähigkeit des Genoms, ausgehend von einer einzigen potenten fertilisierten Keimzelle einen multizellulären differenzierten Organismus zu steuern, stellt eine komplexe Herausforderung an die internen Regelzentren dar. Während der Zelldifferenzierung werden spezifische Netzwerke an Genen qualitativ, quantitativ, zeitlich und räumlich differenziell exprimiert, um einen spezifischen Phänotyp zu generieren. Die differenzielle Expression wird dabei auf epigenetischer Ebene durch Strukturveränderungen der DNA bzw. Chromatinmodifikationen gesteuert, die zur Genaktivierung oder zum Gensilencing führen können. Der der Steuerung zugrundeliegende Mechanismus, das Epigenom, kann als Brücke zwischen Genotyp und Phänotyp verstanden werden.

Eine Besonderheit des Epigenoms ist seine Flexibilität, die es erlaubt, ohne zugrundeliegende DNA-Modifikation auf interne und äußere Umwelteinflüsse zu reagieren. Neben Histonmodifikationen, RNA-Interferenz und Chromatin-Regulationselementen stellt die DNA-Methylierung an Cytosinbasen eine der wichtigsten epigenetischen Modifikationen dar. De- und Remethylierungen werden besonders durch exogene Einflüsse gesteuert und spielen in der Ätiologie humaner Erkrankungen als Verbindung zwischen Genetik, Erkrankung und Umwelt eine große Rolle. Epigenetische Mechanismen der Genregulation haben aber auch im Rahmen der physiologischen Anpassung eine besondere Bedeutung. Die möglichst präzise analytische Erfassung des Epigenoms ist daher Grundlage für das der phänotypischen Varianz zugrundeliegende Verständnis von Regulationsprozessen sowie der Implementierung des genetischen Kodes.

In den letzten Jahren wurden bemerkenswerte Fortschritte darin erzielt, die Gesamtheit der epigenetischen Modifikationen zu erfassen. Während zunächst die Analyse von genomweitem Methylierungsgrad und spezifischer Methylierung an spezifischen CpG-Dinukleotiden und einzelnen Loci im Mittelpunkt von Methylierungsanalysen stand, hat sich im Zuge der rasant entwickelnden Möglichkeit von globalen Genom-weiten Sequenzierungen die Konstellation ergeben, dass gleichfalls quantitative holistische Methylierungsanalysen, basierend auf der Information der Vielzahl einzelner Basen, durchgeführt werden können – die Entschlüsselung des Methyloms. Verschiedene technische Methoden zur Erfassung von DNA-Methylierungsmustern und analytische Ansätze zur Erfassung der Gesamtheit von regulatorischen RNAs und komplexen Histonmodifikationen sind wegen ihrer Vor- und Nachteile bezüglich der Sensitivität, Spezifität, Quantifizierung, des Probendurchsatzes und der Kosten für spezifische Fragestellungen unterschiedlich gut geeignet.

Wegen der besonders grundlegenden Bedeutung der epigenetischen Regulationsmechanismen ist in der „post-genomischen Epoche“ die Entschlüsselung des Epigenoms eine zentrale Herausforderung, durch deren Kenntnis neue Forschungsansätze in der physiologischen und pathologischen Grundlagenforschung ermöglicht werden.

Ein Glycin-Alanin Austausch beeinflusst die Ligandenspezifität des Progestin Rezeptors des Elefanten
Schwangerschaft ohne Progesteron? Eine molekulare Besonderheit des Elefanten
A single glycine-alanine exchange directs ligand specificity of the elephant progestin receptor
Wierer, M.; Schrey, A.K.[19]; Kühne, R.[19]; Ulbrich, S.E.; Meyer, H.H.D.:. Plos One 7 (2012): e50350

Elefanten haben mit 22 Monaten nicht nur die längste Tragzeit aller Landsäugetiere, sondern kontrollieren diese zudem mit einem anderen Schwangerschaftshormon als alle anderen Säugetiere. Wie verwenden sie dieses?

Das Sexualhormon Progesteron erfüllt eine Schlüsselrolle in der Regulation des ovariellen Zyklus und ist verantwortlich für die Aufrechterhaltung der Schwangerschaft in den meisten Säugetierarten. Elefanten bilden die derzeit einzig bekannte Ausnahme. Anstelle von Progesteron regulieren sie ovariellen Zyklus und Schwangerschaft mit Dihydroprogesteron (DHP). Während die Progestinrezeptoren anderer Säugetierarten eine reduzierte Affinität zu DHP aufweisen, ist bekannt, dass der Elefantenrezeptor eine vergleichbare Affinität für Progesteron und DHP besitzt.

Obwohl die besondere Bindungsspezifität des Elefantenrezeptors von der Gruppe um Professor Meyer am Institut für Zoo- und Wildtierforschung in Berlin bereits vor 15 Jahren entdeckt worden ist, waren deren molekulare Grundlage und ihr evolutionärer Hintergrund nach wie vor unbekannt. Das Ziel der aktuellen Studie war es daher, elefantenspezifische Mutationen im Progestinrezeptor zu identifizieren, welche dessen Spezifitätsänderung bewirken, sowie deren Kontext in der Säugetierevolution aufzuklären.

Durch *in vitro* Bindungsstudien mit mutierten rekombinanten Ligandenbindungsdomänen des Progestinrezeptors wurde eine Glycin zu Alanin Mutation in der Sequenz des Elefantenrezeptors identifiziert, welche unabhängig von anderen Mutationen dessen veränderte Bindungsspezifität verursacht. Um die strukturelle Grundlage zu verstehen, wurden die Strukturen des humanen und des Elefantenrezeptors am Computer simuliert. Die Struktur des DHP ist im Vergleich zum Progesteron an einem Ende verdreht. Im humanen Rezeptor nimmt sie dadurch eine nichtoptimale Position in dessen Ligandenbindungstasche ein. Die längere Seitenkette des Alanins im Elefantenrezeptor drängt DHP dagegen in eine ähnliche Position wie Progesteron, was die vergleichbare Affinität für beide Liganden bedingt.

Die Evolution der Spezifität von Steroidrezeptoren ist nach wie vor unvollständig untersucht. Die Studie ist die erste vergleichende Studie der Progestinrezeptorspezifität auf molekularer Ebene innerhalb der Evolution von Säugetieren. Neben dem Elefanten wurde die Mutation auch in Pferden entdeckt, von denen bekannt ist, dass sie in späteren Schwangerschafts-abschnitten ebenfalls DHP zur Aufrechterhaltung der Schwangerschaft verwenden.

[19] Leibniz-Institute for Molecular Pharmacology (FMP), Berlin, Germany

Überraschenderweise war die Mutation auch in drei weiteren Säugetierordnungen vorhanden. Da diese Form der parallelen Evolution extrem selten ist, wird eine besondere Bedeutung dieser Position in der Entwicklung unterschiedlicher Schwangerschaftshormonsysteme vorgeschlagen.

Die Entwicklung spezifischer Liganden oder Inhibitoren von Steroidrezeptoren ist von großer klinischer Bedeutung. Eine genaue Kenntnis der Ligandenbindungstasche und deren intramolekularen Wechselwirkungen ist Voraussetzung für das Design solcher chemischen Verbindungen. Die Studie liefert einen Beitrag zum Verständnis der Bedeutung einzelner Aminosäuren der Ligandenbindungsdomäne auf die Affinität von endogenen und synthetischen Liganden.

III. Lebensmittel, Ernährung, Umwelt

Nachweis des insektiziden Cry1Ab Proteins in Bodenproben aus den letzten Anbaujahren eines 9-jährigen Feldversuchs mit Bt-Mais (MON810)

Determination of insecticidal Cry1Ab protein in soil collected in the final growing seasons of a nine-year field trial of Bt-maize MON810

Gruber, H.[20]; Paul, V.[21]; Meyer, H.H.D.; Müller, M.[20]: Transgenic Research 21 (2012) 77-88

Beim Anbau von gentechnisch verändertem Mais (Bt-Mais, Event MON810), der in seinen Pflanzenteilen das rekombinante δ-Endotoxin Cry1Ab produziert, wird das insektizide Protein über Wurzelexsudate und Ernterückstände in den Boden eingetragen. In der vorliegenden Studie wurde der potentielle Verbleib von Cry1Ab im Boden unter Langzeitanbau von Bt-Mais untersucht. Dies erfolgte anhand eines über neun Jahre andauernden Feldversuchs auf vier süddeutschen Versuchsflächen, die mit MON810 Mais und einer nah isogenen Nicht-Bt-Maissorte bestellt wurden. Cry1Ab Protein wurde mittels eines in–house validierten ELISA im Boden (< 2 mm Korngrösse) quantifiziert. Der Assay ermöglicht den Nachweis und die Quantifizierung von Cry1Ab mit einer Entscheidungsgrenze (CCα) von 2,0 ng Cry1Ab Protein g-1 Boden. Die analytischen Wiederfindungsraten liegen im Bereich von 49,1 bis zu 88,9 % und korrelieren deutlich mit den Tongehalten der Böden. Cry1Ab Protein wurde nur auf einer Versuchsfläche in Konzentrationen oberhalb CCα nachgewiesen. Auf der Fläche wurde in Proben, die sechs Wochen nach der Ernte gezogen worden waren, 2,91 ng und 2,57 ng Cry1Ab Protein g-1 Boden im Ober- und Unterboden quantifiziert. In Bodenproben vom Frühjahr vor dem nächsten Maisanbau wurde auf keinem der vier Versuchsstandorte Cry1Ab Protein nachgewiesen. Die Ergebnisse weisen auf einen schnellen und effizienten Abbau des Cry1Ab Proteins aus Wurzelexsudaten und Bt-Mais Ernteresten in Boden hin. In der gesamten Feldstudie zeigten sich keine Hinweise auf eine Akkumulation oder Überdauerung des Cry1Ab Protein in verschiedenen Böden unter Langzeitanbau von Bt-Mais.

---

[20] Bavarian State Research Center for Agriculture, Institute for Crop Science and Plant Breeding, Freising, Germany

[21] National Research Centre on Yak, (ICAR), Dirang, West Kameng District, Arunachal Pradesh 790101, India

Fütterung von gentechnisch verändertem Mais (MON810) an Milchkühe – Vergleich der Genexpressionsmuster von Markern für Apoptose, Entzündungsgeschehen und Zellzyklus

Feeding genetically modified maize (MON810) to dairy cows: comparison of gene expression pattern of markers for apoptosis, inflammation and cell cycle

Gürtler, P.[22]; Brandl, C.; Meyer, H.H.D.; Tichopad, A.: J Verbr Lebensm 7 (2012) 195-202

Der Einsatz von gentechnisch verändertem Mais MON810 in der Tierfütterung und zur menschlichen Ernährung hat in der Bevölkerung Bedenken ausgelöst. Viele wissenschaftliche Studien haben sich bereits mit den potentiellen Effekten einer Fütterung von MON810 auf die Leistung und die Tiergesundheit von Nutztieren, sowie mit dem Verbleib der rekombinanten DNA und des Proteins beschäftigt. Allerdings gibt es bisher keine Informationen über Effekte einer Fütterung von gentechnisch verändertem Mais auf der Ebene der Genexpression.

Von 2005 bis 2007 wurde eine Studie mit 36 laktierenden Milchkühen durchgeführt, von denen eine Gruppe mit gentechnisch verändertem Mais (MON810) und die andere Gruppe mit nicht gentechnisch verändertem Mais gefüttert wurde, um den Verbleib der rekombinanten DNA und des Proteins zu untersuchen. Nach 25 Monaten wurden zehn Kühe der mit transgenem Mais gefütterten Gruppe und sieben Kühe der mit nicht gentechnisch verändertem Mais gefütterten Gruppe geschlachtet. Gewebeproben des Gastrointestinaltrakts und der Leber wurden entnommen und für die Analyse der Genexpression zentraler Gene des Entzündungsgeschehens, des Zellzyklus und der Apoptose verwendet.

Die statistische Analyse der Ergebnisse ergab keine signifikanten Unterschiede im Genexpressionsmuster der beiden Gruppen. Dies deutet darauf hin, dass die Fütterung von gentechnisch verändertem Mais MON810 keinen Einfluss auf die Apoptose, das Entzündungsgeschehen und den Zellzyklus im Gastrointestinaltrakt oder der Leber von Milchkühen hat.

Zucht auf die Produktionsmerkmale – Lebensmittelbiogenese in einer sich ändernden Welt

Bredding for production traits - Food biogenesis in a changing world

Meyer, H.H.D.: Nova Acta Leopoldina NF 113, Nr. 388, 243-258 (2012)

In der Fleischproduktion ist die Tierzucht den Vorgaben des Verbrauchers bereits vor Jahrzehnten gefolgt, und die Tierkörper moderner Rassen enthalten deutlich weniger Fett. Demgegenüber ist die Milchzusammensetzung nahezu unverändert geblieben, und eine klare Marktorientierung bzw. ein Paradigmenwechsel ist überfällig. Die Analyse des gesamten Produktionsnetzwerkes in Hinblick auf weitere Möglichkeiten der Optimierung erlaubt nicht nur die Anpassung an die Bedürfnisse der Verbraucher, sondern ist auch der effizienteste Weg zur Umweltentlastung. Die enge Kooperation aller Disziplinen von der Tier- und Pflanzenzucht bis zur Technologie und Ökonomie ist dazu unerlässlich. Die Herausforderungen der Zukunft erfordern es, den Fortschritt des Wissens verantwortungsvoll in Diagnostik und Tierzucht zu nutzen. Die allseitige Verfügbarmachung leistungsfähiger Technologien ist dabei ein vordringliches Anliegen.

---

[22] Bayerisches Landesamt für Gesundheit und Lebensmittelsicherheit (LGL), Oberschleißheim, Germany

Untersuchung der Verstoffwechselung von 1,8-Cineol in einem intestinalen Zellkulturmodell und Erfassung seiner immunomodulatorischen Effekte via Genexpressionsanalyse

Investigation into the metabolism of 1,8-cineole in an intestinal cell culture model and acquisition of its immune-modulatory effect via gene expression analysis

Müller, J.; Gruner, N.[23]; Almstätter, I.; Kirsch, F.[23]; Buettner, A.[23,24]; Pfaffl, M.W.: Flavour Fragr J 27 (2012) 405-413

1,8-Cineol, ein weit verbreiteter und angewendeter volatiler Stoff mit antiphlogistischen und antiinflammatorischen Eigenschaften, wurde hinsichtlich seines physiologischen Impacts untersucht, im Wesentlichen bezogen auf den intestinalen Bereich. Das Ziel der Studie war es, durch ein multi-methodisches Setting sowohl potentielle Biotransformationen von Chemo-Analyten sowie physiologische und immunologische Einflüsse zu erfassen, um weitergreifende Effekte im Zuge eines vermittelten Biofeedbacks zu untersuchen. Reverse transkriptase quantitative Echtzeit Polymerase Kettenreaktion (RTqPCR) diente zur Erfassung von Änderungen der Genexpression von einschlägigen Marker Genen nach 1,8-Cineol Behandlung. Einflüsse von 1,8-Cineol auf die Zellteilung und Fitness von intestinalen Zellen wurden mittels Elektrischer Zell-Substrat Impedanz Messung (ECIS) erfasst. Unsere Studien zeigten, dass die 1,8-Cineol Gabe weder zu nennenswerten Veränderungen des Genexpressionsmusters führte, noch konnte Verstoffwechslung durch das zugrundeliegende Zellkulturmodell nachgewiesen werden. Weiterhin konnte gezeigt werden, dass das verabreichte 1,8-Cineol weder in physiologischen noch in pharmakologischen Dosen Einfluss auf Entwicklung oder den Zustand des intestinalen Epithels hatte und dies weder während der Zellteilungsphase noch auf einen geschlossenen Zellrasen. Lediglich auf die Gabe hoher 1,8-Cineol Konzentrationen (> 1g/l) reagierte das Modell mit massivem Ablösen des Zellrasens. Zusammenfassend kann festgehalten werden, dass auch gebräuchliche und hohe Dosen von 1,8-Cineol nicht zu nennenswerten physiologischen Reaktionen führen bis hin zu einer kritischen Konzentration, welche zum Absterben der Zellen führt.

IV. Wachstumsphysiologie und Anabolika

Der physiologische Weg: Überwachung von Veränderungen in der RNA Expression als neue Herangehensweise im Kampf gegen die illegale Applikation von Wachstumsförderern

The physiological way: Monitoring RNA expression changes as new approach to combat illegal growth promoter application

Riedmaier, I.; Pfaffl, M.W.; Meyer, H.H.D.: Drug Testing and Analysis 4 (2012) 70–74

Der Gebrauch wachstumsfördernder Substanzen in lebensmittelproduzierenden Tieren ist innerhalb der EU verboten. Deshalb wurde ein striktes Kontrollprogramm entwickelt, innerhalb dessen alle bekannten Wachstumsförderer mittels Chromatographie kombiniert mit

---

[23] Department of Chemistry and Pharmacy – Emil Fischer Center, University of Erlangen-Nuremberg, Erlangen, Germany

[24] Fraunhofer Institute for Process Engineering and Packaging (IVV), Freising, Germany

Massenspektrometrie oder mit Immunoassays detektiert werden. Neue xenobiotische Substanzen oder Hormoncocktails sind mit diesen Methoden nicht nachweisbar, weshalb die Entwicklung neuer sensitiver Methoden sehr wichtig ist.

Eine vielversprechende indirekte Herangehensweise ist der Nachweis physiologischer Effekte der verabreichten Wachstumsförderer auf molekularer Ebene mit der Hilfe von "Omic" Technologien. Die Analyse des Transkriptoms auf der Ebene der mRNA und der miRNA zur Detektion von Biomarkern ist eine mögliche Strategie, um neue Screeningmethoden zu entwickeln. In diesem Artikel werden alle verfügbaren Technologien zur Analyse von Genexpressionen zusammengefasst und die bisherigen Erfolge in der Analyse des Transkriptoms zur Identifizierung potentieller Genexpressionsbiomarker für den Missbrauch anaboler Substanzen in Rindern beschrieben.

RNA-Sequencing als Screening-Methode im Kampf gegen den Missbrauch anaboler Substanzen

RNA-Sequencing as useful screening tool in the combat against the misuse of anabolic agents

Riedmaier, I.; Benes, V.[25]; Blake, J.[25]; Bretschneider, N.[26]; Zinser, C.[26]; Becker, C.[1]; Meyer, H.H.D.; Pfaffl, M.W.: Anal Chem 84 (2012) 6863-6868

Der Missbrauch anaboler Substanzen in der Tiermast ist innerhalb der EU verboten und gut kontrolliert. Die Anwendung neuer, unbekannter Substanzen oder von Substanzcocktails stellt ein großes Problem für die angewendeten Screeningmethoden dar, weswegen die Entwicklung neuer Screeningmethoden in diesem Bereich sehr wichtig ist. Die Analyse physiologischer Veränderungen auf molekularer Ebene, zum Beispiel auf der Ebene der Genexpression, verursacht durch die Gabe anaboler Substanzen, ist hierbei eine neue Herangehensweise. Eine neue Methode für die ganzheitliche Analyse des Transkriptoms stellt das RNA-Sequencing dar. In dieser Studie wurde das Potenzial dieser Methode in der Biomarkerforschung getestet.

Mittels RNA-Sequencing konnten 20 neue Biomarker-Kandidaten für den Missbrauch von Trenbolon Azetat plus Estradiol in der bovinen Leber gefunden werden. Mit Hilfe von biostatistischen Methoden zur Clusterbildung konnten behandelte Tiere von unbehandelten Tieren separiert werden. Es war außerdem möglich, diese Kandidatengene in Ebern und Kälbern, welche mit anabolen Substanzen behandelt wurden, zu bestätigen. Diese Ergebnisse zeigen das Potential der RNA-Sequencing Methode, um Biomarker Kandidaten für den Nachweis des Missbrauchs anaboler Substanzen zu detektieren.

---

[25] EMBL Heidelberg, Genomics Core Facility, Heidelberg, Germany

[26] Genomatics GmbH, Munich, Germany

V. Bioanalytik

Starke Effekte der Profiling Platform und Normalisierungsstrategie auf die Detektion von differentiell exprimierten microRNAs – Eine vergleichende Studie

Profound effect of profiling platform and normalization strategy on detection of differentially expressed micro RNAs – a comparative study

Meyer, S.U.; Kaiser, S.[27]; Wagner, C.[28]; Thirion, C.[29]; Pfaffl, M.W.: Plos One 7 (2012): e38946

Eine angemessene Normalisierung minimiert den Effekt systematischer technischer Variation und ist eine Voraussetzung, um aussagekräftige biologische Unterschiede zu erhalten. Jedoch besteht keine Einheitlichkeit bezüglich der Leistungen und Empfehlungen der miRNA-Normalisierung. Aus diesem Grund untersuchten wir den Einfluss von sieben unterschiedlichen Normalisierungsmethoden (Reference Gene Index, Global Geometric Mean, Quantile, Invariant Selection, Loess, LoessM, und Generalized Procrustes Analysis) auf die Intra- und Interplattformleistung von zwei unterschiedlichen gebräuchlichen miRNA-Profilingplattformen.

Wir verwendeten Daten von miRNA-Profilinganalysen, die von einer hybridisierungsbasierten Plattform (Agilent Technologies) und einer RT-qPCR Plattform (Applied Biosystems) stammen. Weiterhin validierten wir eine Untergruppe von miRNAs mit individuellen qPCR-Assays. Unsere Analyse schließt Daten von dem Differenzierungseffekt und dem Einfluss einer Behandlung mit Tumor Necrosis Factor alpha auf primäre humane Skelettmuskelzellen und einer murinen Skelettmuskelzelllinie mit ein. Unterschiedliche Normalisierungsmethoden haben einen unterschiedlichen Einfluss auf (i) Standardabweichungen, (ii) Fläche unter der Receiver Operating Characteristic (ROC) Kurve und (iii) Ähnlichkeit der differentiellen Expression. Loess, LoessM, und Quantile Analysen waren am effizientesten bei der Minimierung der Standardabweichungen auf der Agilent und TLDA Platform. Zudem vergrößerten Loess, LoessM, Invariant Selection und die Generalized Procrustes Analyse die Fläche unter der ROC Kurve, ein Maß für die statistische Güte eines Tests. Der Jaccard Index zeigte, dass die Interplatformübereinstimmung der differentiellen Expression durch Loess, LoessM, Quantile, und GPA Normalisierung der AGL und TLDA Daten sowie RGI Normalisierung der TLDA Daten tendenziell vergrößert wurden.

Wir empfehlen die Anwendung der Loess oder LoessM und GPA Normalisierung für miRNA Agilent Arrays und qPCR Karten, weil diese Normalisierungsmethoden folgendes zeigten: (i) effektive Verminderung der Standardabweichungen, (ii) Erhöhung der Sensitivität und Genauigkeit der Detektion von differentieller miRNA Expression sowie (iii) Erhöhung der Interplatformübereinstimmung. Die Ergebnisse zeigen die erfolgreiche Übertragung der LoessM und Generalized Procrustes Analysis auf einfarbige miRNA Profiling Experimente.

---

[27] Department of Statistics, LMU Munich, München, Germany
[28] IMGM Laboratories GmbH, Martinsried, Germany
[29] SIRION Biotech, Martinsried, Germany

RNA Interference Off Target Screening mittels Principal component Analysis
RNA Interference Off-target Screening using principal component analysis
Müller, J.; Pfaffl; M.W.: J Data Mining Genomics Proteomics 2012, 3:2

Off-target Effekte stellen nach wie vor die größte Problematik in RNAi-knockdown Anwendungen dar. Während wir Zellkultur Funktionsverlustanalysen evaluierten durch Heat Map und Principal Component Analyse (PCA) durchführten, fiel uns auf, dass die PCA hervorragend dazu geeignet ist, off-target Effekte aufzuzeigen. Aufgrund der Unkenntnis von off-target Effekten in unseren Zellkulturexperimenten designten wir ein in silico Datenmodell, um zu demonstrieren, wie die PCA dazu genutzt werden kann, off-target Effekte zu filtern. Mit Hilfe des hier präsentierten Datenmodells ist es möglich, Effekte verschiedener Einflussfaktoren auf Genexpressionsmuster zu simulieren. Beabsichtigte Effekte durch Gen-Knockdown oder Behandlungen mit aktiven Substanzen können klar von begleitenden off-target Effekten getrennt werden. Mittels mehrerer randomisierter Genexpressions-Datensets können wir zeigen, dass die PCA im Vergleich zur Heat Map effektiver off-target Effekte von Target Effekten trennen kann.

Auswirkungen magnetischer Stimulation auf das Gen-Expressions-Profil *in vitro* kultivierter, neuronaler Zellen
Effect of magnetic stimulation on the gene expression profile of in vitro cultured neural cells
Stock, M.[30]; Kirchner, B.; Waibler, D.[31]; Cowley, D.E.[30]; Pfaffl, M.W.; Kuehn, R.[30,32]: Neuroscience letters 526 (2012) 122-127

Transkraniale, magnetische Stimulation ist eine nicht-invasive Methode der klinischen Diagnostik und Therapie bei physiologischen und psychologischen Krankheiten und findet verstärkt Verwendung in der experimentellen Neurophysiologie. Trotz alldem bleibt der Wirkmechanismus magnetischer Stimulation auf das zentrale Nervensystem immer noch unklar. Wir verwendeten sinus-artige, magnetische Felder mit hoher Frequenz in verschiedenen Stimulationsmustern und wiederholten Behandlungen an Zellkulturen, die aus dem frontalen Cortex muriner Embryonen (BALB/cOlaHsd Mäuse) gewonnen wurden, um auf die Effekte von repetitiver, magnetischer Stimulation auf die Gen-Expression von *in vitro* kultivierten neuronalen Zellen zu schließen. Gen-Expressions-Profile wurden anhand von qRT-PCR-Arrays und Einzel-qRT-PCR-Analysen bestimmt. Unsere methodische Herangehensweise mittels Mikroelektroden-Arrays minimiert Varianzen in der Transkriptom-Analyse, die aus dem Zell-Differentiations-Status und der Gewebekomplexität entstehen. Anhand der 10 signifikant regulierten Veränderungen in der Gen-Expression von insgesamt 171 Genen auf unterschiedlichen qRT-PCR-Arrays, die in Zusammenhang mit Alzheimer und Neurodegeneration stehen, konnten wir einen signifikanten Einfluss der repetitiven, magnetischen Stimulation auf das mRNA Transkriptom neuronaler Zellkulturen demonstrieren. 16 Kandidatengene wurden durch Einzel-qRT-PCR analysiert in einem repliziertem,

---

[30] Unit of Molecular Zoology, Chair of Zoology, Department of Animal Science, Life Science Center, TUM, Freising, Germany
[31] Therapeutic Electromagnetic Osteopathy, Munich, Germany
[32] Program in Molecular Biology,New Mexico State University, Las Cruces, NM 88003-8003, USA

statistischem Design, das genaueren Aufschluss über die Unterschiede der Expressions-Profile liefert. Wir diskutierten die Verwendbarkeit der experimentellen Methode zur Selektion der Zellkulturen sowie die Gen-Expressionen in Bezug auf ihre physiologischen Aspekte.

Habilitationen, Dissertationen, Masterarbeiten und Bachelorarbeiten

Dissertationen

Hammerle-Fickinger Andréa, Dr. rer. nat., Technische Universität München, 25.06.2012: „Differential gene expression during pre-implantation pregnancy in bos taurus"

Gellrich Katharina, geb. Dolle, Dr. med. vet. 21.07.2012, Ludwig-Maximilians Universität München, 21.07.2012: „Metabolic and productive characterisation of multiparous cows grouped for fat-corrected milk yield and milk protein concentration"

Danowski Katrin, Dr. rer. nat., Technische Universität München, 08.08.2012: „Modification of immune defense parameters in the mammary gland and of the estrous cycle by induced energy deficiency in dairy cows"

Fürst Rainer, Dr. rer. nat., Technische Universität München, 20.09.2012: „Epigenetic effects of endogenous and exogenous estradiol-17β on male pig development"

Müller Jakob, Dr. rer. nat., Technische Universität München, 15.10.2012: „Secondary plant metabolites and gut health: functional studies on porcine small intestine *in vitro* models"

Masterarbeiten

Schmautz Christiane, Agrarwissenschaften: „Etablierung einer Zellkultur boviner Euterepithelzellen aus Milch auf Matrigel™"

Müller Andrea, Molekulare Biotechnologie: „Effect of growth promoters on oxytocin expression in bovine plasma and muscle tissue"

Eymann Julia, Molekulare Biotechnologie: "Histologische Untersuchung der Expression von Interferon-induzierten Genen in der Präimplantationsperiode im bovinen Uterus"

Meier Johannes, Biochemie: „Effects of RNAi induced 67LR- and DNMT-knockdowns in combination with demethylating agents in IPEC-J2 cells"

Ochs Cornelia, Molekulare Biotechnologie: "Immunmodulation der Tumorentstehung im Darmtrakt: Chemokin-abhängige Rekrutierung von T-Lymphozyten"

Modic Miha, Biologie: „Regulation of 3‘ end Processing by TDP-43 and TIA1/L1"

Bachelorarbeiten

Thomas Sachnik, Bioprozesstechnik: „Vergleich von prädiktiven *in vitro* Screening-Modellen für Hepatotoxizität von pharmazeutischen Wirkstoffkandidaten”

Ramona Spitzer, Molekulare Biotechnologie: „Establishment of a new tissue homogenization method for the extraction of RNA from different bovine organs”

Nadine Klausner, Biochemie: „Analytischer Nachweis von Neurosteroiden und neuroaktiven Steroiden im Plasma frühträchtiger Kühe mittels LC-MS/MS”

Stefanie Berthold, Molekulare Biotechnologie: „Erfassung von Steroidhormonen in porcinen Geweben nach oraler Applikation geringer Dosen an Östradiol-17 beta”

Veronika Harant, Molekulare Biotechnologie: „qPCR Analyse von Genen des Fettmetabolismus in Milchepithelzellen (q-PCR Analysis of genes involved in fat metabolism in milk epithelial cells) ”

Katharina Hirtz, Molekulare Biotechnologie: „Einfluss verschiedener Fütterungsansätze auf die Genexpression bei spät laktierenden Kühen”

Anna Leikeim, Molekulare Biotechnologie: „Bestimmung verschiedener Interleukine im Blut von PRRSV-immunisierten Schweinen verschiedener Rassen”

Alexander Piechatzek, Bioprozesstechnik: „Optimierung von Einfrierbedingungen bei der Herstellung von Zellbanken tierischer Zellen”

Vorträge

Kliem, H.:
„Functional characterization of the intra-mammary immune system of ancient and modern cattle breeds – Final results”
Sitzung des wissenschaftlichen Beirates der Arche Warder e. V., 06.07.12

Meyer, H.H.D.:
„Darstellung der Grundlagen zum Hormontransfer von der Kuh in die Milch”
Treffen zwischen Vertretern des Lebensmittelhandels und Vertretern aus den Molkereien des Milchindustrieverbandes am 23.02.2012 im Seminarraum Wasserwerk, Veitsmüllerweg 4, 85354 Freising, Technische Universität München, Wissenschaftszentrum Weihenstephan

„Einfluss der BT-Mais-Fütterung auf Tiergesundheit und Milchqualität”
Vortrag anlässlich des Seminars „Bayern bald Gentechnik-freie Zone? – Voraussetzungen und Hintergründe zur Auslobung Gentechnik-freier Produktion”
16.03.2012 Commundo Tagungshotel, Ismaning

„Lactation – first line immune protection
Defenses systems in milk”
Vortrag anlässlich Projekttreffen mit Firma MucoVax
04.04.2012 Düsseldorf

Pfaffl, M.W.:
„Quantification strategies in real-time RT-qPCR - recent advances and new perspectives"
Graduiertenkolleg "Lung Biology und Disease", Comprehensive Pneumology Center, LMU, Asklepios Klinik Gauting und Helmholtz Zentrum München, Munich, Germany, 18.01.2012

„Quantification strategies and qPCR efficiency determination in single-cell expression profiling"
MICROGENOMICS – Single-Cell Gene Expression Analysis., EMBL, Heidelberg, Germany, 19.-23.03. 2012

„Different relative quantification methods - data analysis using REST"
MICROGENOMICS – Single-Cell Gene Expression Analysis, EMBL, Heidelberg, Germany, 19.-23.03. 2012

„A new mathematical model for relative quantification in real-time RT-PCR"
Publishing Master Class and Scopus Award Dinner hosted by Elsevier
Editors Conference, Berlin Mariott Hotel, Berlin, Germany, 30.03.2012

„MIQE Guidelines – Qualitätskontrolle in der real-time RT-qPCR"
2. Life Science Conference, Analytik Jena, Jena, Germany, 03.-04.05.2012

„Quantification strategies in real-time RT-qPCR - recent advances and new perspectives"
Doktorandenseminar "Molekulare Medizin" der II. Medizinschen Klinik, TUM Klinikum Rechts der Isar, TUM Lehrveranstaltung "Medical Live Sciences and Technologies" der Fakultät für Medizin, am Klinikum Rechts der Isar, Munich, Germany, 13.06.2012

„Assay Optimization and Efficiency Determination"
Advanced qPCR Techniques for Publication Success: Following MIQE Recommendation
EMBL, Heidelberg, Germany, 02.-06.07.2012

„Real-time RT-qPCR Quantification Strategies"
Advanced qPCR Techniques for Publication Success: Following MIQE Recommendation
EMBL, Heidelberg, Germany, 02.-06.07.2012

„Quantification Noise in Single Cell Experiments"
Single Cell Analysis Summit, San Diego, CA, USA, 25.09.2012

„Funktionen von microRNA in Rohmilch"
Milchwirtschaftliche Herbsttatgung, Freising-Weihenstephan, Germany, 11.12.10.2012

„Transcriptional Biomarkers Dopingnachweis und Rückstandsanalytik aus einem anderen Blickwinkel"
Heinrich HD Meyer Symposium Weihenstephan „Physiologie - quo vadis? Herausforderungen an eine Disziplin im Zentrum der Lebenswissenschaften"
Wissenschaftszentrum Weihenstephan, Hörsaal 17, Germany, 19.10.2012

„The use of omic technologies for biomarker development"
Real-time PCR and Next Generation Sequencing - Changing the world of molecular diagnostics and molecular research
Daejeon, South Korea, 13.-14.11.2012

Pistek, V.:
„Gene expression and DNA methylation analyses of HOXA10 in the porcine uterus of prenatally estradiol-17β exposed female offspring"
45. Jahrestagung Physiologie und Pathologie der Fortpflanzung; gleichzeitig 37. Veterinär-Humanmedizinische Gemeinschaftstagung; gleichzeitig 1. Deutsch-Polnische Gemeinschaftstagung, Berlin 29.02. – 02.03.2012

Riedmaier, I.:
„High throughput transcriptomics to screen for the misuse of anabolic agents"
EuroResidue VII, Egmond aan Zee, The Netherlands, 14.-16.05.2012

Ulbrich, S. E.:
„Molekulare Reproduktionsphysiologie landwirtschaftlicher Nutztiere – eine epigenetische Perspektive"
Seminar zu aktuellen Themen der Nutztierwissenschaften, Emil-Lang-Hörsaal der Christian-Albrechts-Universität zu Kiel in Kiel, Germany, 11.01.2012

„Reconsidering "low-dose" – an epigenetic perspective on endocrine impacts during intrauterine development"
Clinical Epigenetics International Meeting, Homburg (Saar), Germany, 10.03.2012

„Molecular Twitter? Livestock Physiology as a Key for Deciphering Biological Communication"
Special Seminar on Animal Physiology, Institute of Agricultural Sciences, Swiss Federal Institute of Technology Zurich, Zurich, Switzerland, 13.08.2012

„High Resolution Melting-Pyrosequencing for DNA-Methylation Analysis - Quantification of variance"
German Society of Neuropathology and Neuroanatomy, Erlangen, 14.09.2012

„Hormone in Milch"
Arbeitstagung der Erzeugerberater des Landesverbandes Bayrischer und Sächsischer Molkereifachleute und Milchwirtschaftler e.V., Herrsching, Germany, 19.09.2012

„Nutztierphysiologie als Schlüssel zum Verständnis biologischer Kommunikation"
Endokrinologische Kolloquien des Instituts für Anatomie und Zellbiologie der Medizinischen Fakultät der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Halle, Germany, 06.12.2012

Viturro, E.:
„Effect of continuous milking during the dry period on milk cholesterol levels and expression of key genes in dairy cows"
European Association of Animal Production (EAAP) Meeting, Bratislava (Slovakei), 27.-29.08.2012

„Auf dem Weg zur Milch"
7. Ideenbörse Forschung, Milchindustrieverband, Fulda. 14.11.2012

Tagungen des Lehrstuhls

Heinrich H.D. Meyer Symposium

Am Freitag, den 19. Oktober 2012 fand zu Ehren von Herrn Prof. Heinrich H.D. Meyer ein eintägiges wissenschaftliches Symposium statt.

Es wurden Forschungsthemen der Physiologie von Nutz- und Wildtieren aufgegriffen. Als Leitfaden für das Symposium wurde die Frage nach zukünftigen Herausforderungen an die Physiologie gestellt und an vier Interessensgebiete von Herrn Meyer angeknüpft: die Reproduktionsphysiologie, die Wildtierphysiologie, die Hormonanalytik und die Stoffwechselphysiologie.

Das Symposium gab neben interessanten Fachvorträgen viel Raum zur Diskussion für Überlegungen zu aktuellen Fragestellungen in den Forschungsgebieten, derer es sich als Physiologen zu stellen gilt.

Exkursionen

Exkursion zum Bayerischen Landesamt für Gesundheit und Lebensmittelsicherheit, Oberschleißheim am 23.04.2012

Exkursion zur Besamungsstation Landshut am 27.06.2012

Veröffentlichungen

19 Experimentelle Originalarbeiten

Bauersachs, S.; Ulbrich, S.E.; Reichenbach, H.-D.; Reichenbach, M.; Büttner, M.; Meyer, H.H.D.; Spencer, T.E.; Minten, M.; Sax, G.; Winter, G.; Wolf, E.: Comparison of the effects of early pregnancy with human interferon, alpha 2 (IFNA2), on gene expression in bovine Endometrium. Biology of Reproduction 86 (2012) 1-15

Danowski, K.; Sorg, D.; Gross, J.; Meyer, H.H.D.; Kliem, H.: Innate defense capability of challenged primary bovine mammary epithelial cells after an induced negative energy balance in vivo. Czech J. Anim. Sci. 57 (2012) 207-219

Fürst, R.W.; Kliem, H.; Meyer, H.H.D.; Ulbrich, S.E.: A differentially methylated single CpG-site is correlated with estrogen receptor alpha transcription. Journal of Steroid Biochemistry & Molecular Biology 130 (2012) 96-104

Fürst, R.W.; Meyer, H.H.D.; Schweizer, G.; Ulbrich, S.E.: Is DNA methylation an epigenetic contribution to transcriptional regulation of the bovine endometrium during the estrous cycle and early pregnancy? Molecular and Cellular Endocrinology 348 (2012) 67-77

Fürst, R.W.; Pistek, V.L.; Kliem, H.; Skurk, T.; Hauner, H.; Meyer, H.H.D.; Ulbrich, S.E.: Maternal low-dose estradiol-17β exposure during pregnancy impairs postnatal progeny weight development and body composition. Toxicology and Applied Pharmacology 263 (2012) 338-344

Gruber, H.; Paul, V.; Meyer, H.H.D.; Müller, M.: Determination of insecticidal Cry1Ab protein in soil collected in the final growing seasons of a nine-year field trial of Bt-maize MON810. Transgenic Res 21 (2012) 77-88

Guertler, P.; Brandl, C.; Meyer, H.H.D.; Tichopad, A.: Feeding genetically modified maize (MON810) to dairy cows: comparison of gene expression pattern of markers for apoptosis, inflammation and cell cycle. J. Verbr. Lebensm. 7 (2012) 195-202

Herzog, K.; Strüve, K.; Kastelic, J.P.; Piechotta, M.; Ulbrich, S.E.; Pfarrer, C.; Shirasuna, K.; Shimizu, T.; Miyamoto, A.; Bollwein, H.: Escherichia coli lipopolysaccharide administration transiently suppresses luteal structure and function in diestrous cows. Reproduction 144 (2012) 467-476

Meyer, H.H.D.: Zucht auf die Produktionsmerkmale – Lebensmittelbiogenese in einer sich ändernden Welt. Nova Acta Leopoldina NF 113, Nr. 388, 243-258 (2012)

Meyer, S.U.; Kaiser, S.; Wagner, C.; Thirion, C.; Pfaffl, M.W.: Profound effect of profiling platform and normalization strategy on detection of differentially expressed micro RNAs – a comparative study. Plos One 7 (2012): e38946

Müller, J.; Gruner, N.; Almstätter, I.; Kirsch, F.; Buettner, A.; Pfaffl, M.W.: Investigation into the metabolism of 1,8-cineole in an intestinal cell culture model and acquisition of its immune-modulatory effect via gene expression analysis. Flavour Fragr. J. 27 (2012) 405-413

Müller, J.; Pfaffl, M.W.: RNA Interference Off-target Screening using Principal Component Analysis. J Data Mining Genomics Proteomics 2012, 3:2

Riedmaier, I.; Pfaffl, M.W.; Meyer, H.H.D.: The physiological way: Monitoring RNA expression changes as new approach to combat illegal growth promoter application. Drug Test. Analysis 4 (2012) 70-74

Riedmaier, I.; Benes, V.; Blake, J.; Bretschneider, N.; Zinser, C.; Becker, C.; Meyer, H.H.D., Pfaffl, M.W.: RNA-Sequencing as useful screening tool in the combat against the misuse of anabolic agents. Anal. Chem. 84 (2012) 6863-6868

Sorg, D.; Potzel, A.; Beck, M.; Meyer, H.H.D.; Viturro, E.; Kliem, H.:Effects of cell culture techniques on gene expression and cholosterol efflux in primary bovine mammary epithelial cells derived from milk and tissue. In vitro Cell Dev Biol Anim 48 (2012) 550-553

Sorg, D.; Danowski, K.; Korenkova, V.; Rusnakova, V.; Küffner, R.; Zimmer, R.; Meyer, H.H.D.; Kliem, H.: Microfluidic high-throughput RT-qPCR measurements of the immune response of primary bovine mammary epithelial cells cultured from milk to mastitis pathogens. Animal 11 (2012) 1-7

Stock, M.; Kirchner, B.; Waibler, D.; Cowley, D.E.; Pfaffl, M.W.; Kuehn, R.: Effect of magnetic stimulation on the gene expression profile of in vitro cultured neural cells. Neuroscience letters 526 (2012) 122-127

Ulbrich, S.E.: Genomewide analysis of epigenetic mechanisms. Nova Acta Leopoldina NF 113, Nr. 388, 47-60 (2012)

Wierer, M.; Schrey, A.K; Kühne, R.; Ulbrich, S.E.; Meyer, H.H.D.: A single glycine-alanine exchange directs ligand specificity of the elephant progestin receptor. Plos One 7 (2012): e50350

Reviews, Buchkapitel

Michael W. Pfaffl (2012)
Quantification Strategies in real-time Polymerse Chain Reaction
Chapter 3 - qPCR in Applied Microbiology
Publisher: Caister Academic Press, Editor: Martin Filion, Department of Biology, Université de Moncton, Canada, ISBN: 9781908230010, May 2012

Irmgard Riedmaier, Michael W. Pfaffl, Heinrich H. D. Meyer (2012)
The physiological way: Monitoring RNA expression changes as new approach in the combat against illegal drug application.
Drug Test Anal. 2012 (4) Suppl 1: 70-74

Versuchsstation Veitshof

Adresse

Veitsmüllerweg 4
D-85354 Freising-Weihenstephan
Telefon: 08161-984 9999
Telefax: 08161-984 9999

Personal

Leitung:	o. Univ.-Prof. Dr. rer. nat. Heinrich H.D. Meyer † 13.04.12
komm. Leitung:	Univ.-Prof. Dr. agr. Michael W. Pfaffl (seit 01.05.12)
Verwaltung:	Dipl.-Ing.agr. (FH) Martin Schmölz
Sekretariat:	Dagmar Neumeier
Arbeiter:	2

Allgemeines

a) Bodennutzung

Landw. Nutzfläche:	96,3 ha	davon Ackerland:	50,3 ha
davon Pachtfläche	50,8 ha	Grünland:	46,0 ha

b) Viehbestand

Bestand am 31.12.2011		64 Kühe
		14 Kalbinnen
		33 Jungrinder
		18 Kälber
		---
		129 Rinder
	und	2 Ziegen

Die durchschnittliche Jahresmilchleistung betrug im Kontrolljahr lt. LKV:
9413 kg Milch, 347,2 kg Eiweiß, 3,69 % Eiweiß, 417,0 kg Fett, 4,43 % Fett
9623 kg Milch, 344,3 kg Eiweiß, 3,58 % Eiweiß, 415,5 kg Fett, 4,32 % Fett

Lehr- und Forschungstätigkeit an der Versuchsstation Veitshof

Lehre

Im Rahmen der Vorlesungen und Praktika zur Reproduktionsbiologie und Regulationsphysiologie wurden praxisnahe Veranstaltungen durchgeführt. Am Beispiel von Rind, Schwein und Kaninchen wurden Anatomie und Physiologie des männlichen und weiblichen Genitaltrakts ausführlich erläutert. Im Rahmen von praktischen Übungen konnten Studierende Kühe der Milchviehherde rektalisieren und erlernten die Prinzipien von Zykluskontrolle und Brunstbeobachtung. Die verschiedenen Zyklus- und Trächtigkeitsstadien wurden mittels Ultraschall am lebenden Tier demonstriert.

Während weiterer Praktika erlernten die Studenten im Milchviehstall die Beurteilung von Körperkondition und Rationsgestaltung; zusätzlich wurden die Prinzipien zur Einschätzung der Tiergerechtigkeit von Haltungssystemen und des Status der Tiergesundheit vermittelt.

Folgende Seminare wurden durchgeführt:

Biostatistik und Chemometrie in der klinischen Forschung und Diagnostik

Fragestellungen und Forschungsansätze der Molekularen Physiologie

Forschung

Bestimmung von stoffwechselphysiologischen und molekularbiologischen Einflüssen auf den Milchproteingehalt während der Laktation bei unterschiedlichem Leistungsniveau und Milchproteingehalten von Kühen

Durchführung metabolischer Challenges und intravenöser Glucosetoleranztests zur Untersuchung der metabolischen Reaktion von Rindern bei unterschiedlichem Leistungsniveau und Milchproteingehalt

Gewinnung von Leberproben zur Untersuchung der Expression von Genen des Fett-, Kohlenhydrat- und Proteinstoffwechsels und zur Bestimmung von biochemischen Parametern

Gewinnung von Muskelproben zur Untersuchung der Glucoseaufnahme im peripheren Gewebe

Etablierung einer Extraktionsmethode für miRNA aus Blut und Milch

Untersuchung zur Abwehr von Mastitiden verschiedener Rinderrassen mittels primärer Euterepithelzellkulturen aus Milch

Extraktion von Leukozyten aus der Milch während der Frühträchtigkeit

Durchführung des Milchprogesterontests als Kontrollinstrument bei Forschungsprojekten und Behandlungen im Rahmen des Herdenmanagements

Gewinnung von Antikörpern gegen Laktoferrin, Interleukine-8, Interferon-tau sowie gegen Immunglobulin-G in Ziegen zur Entwicklung von Enzymimmunoassays

Lehrstuhl für BWL – Marketing und Konsumforschung

Adresse

Alte Akademie 16
D- 85354 Freising-Weihenstephan
Telefon: 08161/71-3316
Telefax: 08161/71-4501
Internet: http://www.mcr.wi.tum.de
E-Mail: HBrandstetter@tum.de oder RFlax@tum.de mcr@tum.de

Personal

Leitung:	Prof. Dr. Jutta Roosen	-3318
Sekretariat:	Brandstetter Helga	-3316
	Flax Renate	-3316
Wissenschaftler:	Dr. oec.troph Drescher Larissa	
	Dr. oec.troph Zängler Thomas	-5086
Doktoranden:	Aue Katja M.Sc.	
	Bieberstein Andrea M.Sc.	-3974
	Hasselbach Johanna M.Sc.	-3297
	Köttl Barbara M.Sc.	-3949
	Mecking Rebecca M.Sc.	-3577
	Reitmeier Martina M.Sc.	-5087
	Seitz Carolin M.Sc.	-4215

Dissertationen, Master-, Diplom- und Bachelorarbeiten

Dissertationen

Bieberstein, Andrea (2012). An investigation of women's and men's perceptions and meanings associated with food risks.

Master- und Diplomarbeiten

Bjerre, Stine & Overby, Jacob (2012). Differentiation of organic chicken through an enhanced quality perception. An analysis of how Danish consumers' quality perception of organic chicken can be enhanced with the purpose of attaining a greater differentiation. Master Thesis.

Capruciu, Mihaela-Alina (2012). Educational video games for improving diabetes self-care. Master Thesis.

Christensen, Arne (2012). Communicating green products: An analysis of Apple and the electric car market. Master Thesis.

Colin, Delphine (2012). The impact of risk aversion on consumers' traffic light labelling acceptance on financial products. Master Thesis.

Corres, Viola (2012). Customer-Relationship-Management Strategien für den B2C-Bereich - Aufgezeigt für die Georg Plange KG für die Marke Goldpuder. Diplom-arbeit.

Cristea, Ioana-Cristina (2012). The unfolding process of the individuals' approach during the early phase of an organizational innovation. Master Thesis.

Distel, Ina (2012). Why Words Do Not Always Translate into Action? Master Thesis.
Dorokhov, Anastasia (2012). Food Safety Incidents: An Analysis of Changing Perspectives since 1980. Master Thesis.

Feiner, Alexander (2012). Strategische Herausforderungen im Mobile Business aus Sicht des BayWa Agrarhandels. Master Thesis.

Frank, Cornelia (2012). The Importance of Patients Information for Cross-Border Healthcare Demand in Europe. Master Thesis.

Graser, Anna (2012). Intrinsic motivation as a driver of sustainable food consumption: The role of self-identity for the purchase of sustainable food. Master Thesis.

Herold, Liane (2012). Consumer Behaviour and Food Waste in Private Households - Empirical Evidence in Germany. Master Thesis.

Ingenhoff, Alexander (2012). Trust in technology - an experimental comparison of elderly consumers' interpersonal trust with trust in ambient assisted living applications. Master Thesis.

Ma-Nagler, Hong (2012). Perception of German food products and eating habits abroad. Master Thesis.

Mesnaric, Franziska (2012). Der Einfluss von Preis, Produktkonfigurierbarkeit und Markenname auf die Kaufwahrscheinlichkeit für Schmuck im Electronic Commerce. Diplomarbeit.

Mester, Rabea (2012). Analyzing best practice methods of marketing agencies promoting agricultural products, emphasizing on the consumer. Master Thesis.

Mohr, Bernhard (2012). Adaption von Herstellerinformationen und Produkttestergebnissen in Printmedien am Beispiel des Neuwagenmarktes. Master Thesis.

Muhle, Katrin (2012). The impact of consumers' involvement level on traffic light labelling on food products. Master Thesis.

Neher, Felix (2012). Antecedents of Customer Retention - The Impact of Consumer Satisfaction and Conative Loyalty on Consumer Retention in the German Mobile Telecommunication Market. Master Thesis.

Pavlovich, Maria (2012). Online vs. Offline Consumer Insights: A Comparative Analysis of Netnography and In-Depth Interviews. Master Thesis.

Pint, Daniel (2012). The Rise of Socially Responsible Advertising in the Wine and Spirits Industry. Master Thesis.

Reitmeier, Martina (2012). Going beyond the niche. Analysing purchasing motives of organic consumers. A laddering study on organic yoghurts. Master Thesis.

Schleicher, Florian (2012). Conscious and unconscious consumer choice of food products. Master Thesis.

Silvester, Danielle (2012). Costs, Culture and Life Decisions: Analyzing the Factors that Influence Enrollment into Master's Level Education. Master Thesis.

Stante, Agnes (2012). Aktiv für den Klimaschutz nach Bildungseinheit zum Klimawandel? Theoretische und praktische Evaluierung der Broschüre "Klimaschutz to go - was geht an Schulen?" Master Thesis.

Tazawa, Rie (2012). Financial Analysis of Data Loss on Cloud Computing: A simulation of data holding cost. Master Thesis.

Torge, Elisabeth (2012). An Assessment of Online Tools for Consumer Information on Sustainable Consumption. Master Thesis.

Vasilev, Boran (2012). Brand Performance and Evolution of Organic Labels on the Danish Food Market. Master Thesis.

Vogt, Christine (2012). Measuring Customer Experience of Consumer Goods. Master Thesis.

Wagner, Anne (2012). The impact of media assessment on consumers' behaviour during food scandals on the example of the EHEC outbreak in Germany. Master Thesis.

Yassin, Mariam (2012). Gender Marketing & Viral Marketing: The Impact of Online Marketing Strategies on Brand Involvement. Master Thesis.

Zhao, Yeguang (2012). Attitude-Behavior gap regarding organic milk consumption in Germany. Master Thesis.

Bachelorarbeiten

Amberger, Lisa (2012). Analysing consumer behaviour during air travels.

Goeffrey, Jahn (2012). Großhändler gerichtete Marketingstrategien für die Weiki.

Dill, Frederica (2012). Konsumverhalten auf Reisen: Analyse des Verbraucherverhaltens bei Langstreckenreisen mit der Bahn.

Hiltner, Patrick (2012). Segmentaler und länderspezifischer Einfluss von Preisveränderungen auf Volumenpotentiale ausgewählter Fahrzeugmodelle in der Automobilindustrie.

Petershammer, Silke (2012). Definition des Begriffs Region - im Kontext Regionalmarketing.

Sedlmeier, Verena (2012). Perspektiven des Biofleischmarktes - Das Tierschutzlabel als Chance oder Risiko?

Wilhelm, Katharina (2012). Analyse von Nachhaltigkeitskommunikation in der Landwirtschaft am Beispiel direkt vermarkteter Bioland-Betriebe.

Wiss. Veröffentlichungen (incl. Reviews) in referierten Zeitschriften (peer reviewed abstracts)

Bieberstein, A., J. Roosen, S. Marette, S. Blanchemanche, F. Vandermoere (2012). Consumer choices for nano-food and nano-packaging in France and Germany. *European Review of Agricultural Economics.* DOI:10.1093/erae/jbr069.

Drescher, L.S., de Jonge, J., Goddard, E., Herzfeld, T. (2012). Consumer's stated trust in the food industry and meat purchases. *Agriculture and Human Values. Online First.* DOI: 10.1007/s10460-012-9375-9.

Matin, A. H., E. Goddard, F., Vandermoere, S. Blanchemanche, A. Bieberstein, S. Marette, J. Roosen (2012). Do environmental attitudes and food technology neophobia affect perceptions of the benefits of nanotechnology? *International Journal of Consumer Studies*, 36(2): 149-157.

Richter, A.; Heidemann, C.; Schulze, M.B.; Roosen, J.; Thiele, S. & Mensink, G. MB (2012). Dietary patterns of adolescents in Germany - Associations with nutrient intake and other health related lifestyle characteristics. *BMC Pediatrics*, Vol 12(35).

Weitere Veröffentlichungen

Sammelbände und Herausgeberschaften

Grebitus, C., M. Hartmann, J. Roosen (editors) 2012. Special Issue: The Economics of Food, Food Choice and Health. European Review of Agricultural Economics, 39(5).

Roosen, J., K. Zachmann, F.-M. Belz (eds.) (2012). *Der Lebensmitteleinzelhandel in der Informationsgesellschaft – Chancen für eine kooperative Verbraucherpolitik.* Göttingen: Cuvillier Verlag.

Forschungsberichte

Roosen J., T. Zängler, B. Köttl, J. Dittrich (2012). *Kosten und Nutzen verschiedener Verpflegungssysteme in Münchner Kinderkrippen.*

Buchbeiträge

Mecking, R.-A. (2012). *Informationsmitteilung als Mittel zur Einflussnahme auf den Lebensmitteleinzelhandel – die Sicht der Verbraucher.* In: Roosen, J.; Zachmann, K.; Belz, F.-M. (eds.): Der Lebensmitteleinzelhandel in der Informationsgesellschaft – Chancen für eine kooperative Verbraucherpolitik? Cuvillier Verlag, Göttingen, 69-105.

Roosen, J., K. Zachmann (2012). Der Lebensmitteleinzelhandel in der Informationsgesellschaft – Eine Einführung. In: Roosen, J., K. Zachmann, F.-M. Belz (editors), 2012. Der Lebensmitteleinzelhandel in der Informationsgesellschaft – Chancen für eine kooperative Verbraucherpolitik. Göttingen: Cuvillier Verlag, S. 1-32.

Vorträge

Drescher, L.S., J. Roosen, S. Marette (2012*). Consumers' Thoughts About and Willingness to Pay for Traffic-light Labeled Food and Financial Products.* Presented at the AAEA/EAAE Symposium on Food Environment: The Effects of Context on Food Choice May 30–31, 2012, Tufts University, Boston, USA.

Köttl B., J. Hasselbach, J. Roosen (2012). *Regionalität bei Biolebensmitteln in Bayern. Eine Verbraucherperspektive.* Workshop zum Abschluss des BÖLN-Projektes „Analyse der Preiselastizitäten der Nachfrage nach Biolebensmitteln", 27.11.2012, Gießen.

Roosen, J., B. Koettl, J. Hasselbach (2012). *Can local be the new organics.* Presented at the AAEA/EAAE Symposium on Food Environment: The Effects of Context on Food Choice May 30–31, 2012, Tufts University, Boston, USA.

Roosen, J., 2012. Was lernen wir aus (verhaltens-) ökonomischen Experimenten für die Regulierung von Lebensmittelmärkten? Mini-Symposium der DGE Fachgruppe „Ernährungsverhaltensforschung. DGE-Kongress, Weihenstephan,14. März 2012.

Roosen, J., 2012. Sinn und Unsinn einer Fettsteuer. Perspektiven der Prävention von Adipositas in Deutschland – Möglichkeiten und Grenzen. Outreachtagung des Kompetenznetz Adipositas und Netzwerk Adipositas im Nationalen Genomforschungsnetz. Berlin, 25. Oktober 2012.

Roosen, J., 2012. Produktkennzeichnung: Chancen und Grenzen der Verbraucherinformationspolitik. Vortrag im Rahmen der Fortbildung des Landesamtes für Gesundheit: Symposium Lebensmittelkennzeichnung. 22. Oktober, Erlangen.

Roosen, J., 2012. Was darf Umweltschutz kosten? Vom Einpreisen der Umwelt in die Produkte. Vortrag im Rahmen der Münchener Wissenschaftstage. 22.Oktober 2012, München.

Roosen, J. A. Bieberstein, 2012. Lebensmittelqualität aus Sicht der Verbraucher. LfL-Jahrestagung und 8. Marktforum der LfL. 17. Oktober 2012, Grub.

Roosen, J., 2012. Produktkennzeichnung: Chancen und Grenzen der Verbraucherinformationspolitik. Vortrag auf der Lehrerfortbildung des Hans-Eisenmann-Zentrums, Weihenstephan, 9. Oktober 2012.

Roosen, J., 2012. Produktkennzeichnung: Chancen und Grenzen der Verbraucherinformationspolitik. Vortrag auf der Tagung Nahrungsmittelproduktion für das 21. Jahrhundert, 28.-29. März 2012 – Weihenstephan (Hans-Eisenmann Zentrum und Zentralinstitut für Ernährung und Lebensmittel).

Roosen, J., B. Köttl, J. Hasselbach, 2012. Consumers' willingness to pay for local and organic food: A case study in Bavaria. Agrarökonomisches Kolloquium Universität Göttingen, November 20, 2012.

Zängler, T. (2012). *Save Food – Wie die Lebensmitteldose ihren Beitrag leistet.* Präsentiert auf dem Kongress Ernährung und Medizin 2012 des VDD, 20.-21. April 2012, CongressPark, Wolfsburg

ZIEL - Abteilung Mikrobiologie
Lehrstuhl für Mikrobielle Ökologie

Adresse:

Weihenstephaner Berg 3
D- 85354 Freising-Weihenstephan
Telefon: 08161-71-3516
Telefax: 08161-71-4492
Internet: http://www.weihenstephan.de/micbio
E-mail: ziel-mikrobiologie@wzw.tum.de

Personal

Leitung:	Univ. Prof. Dr. rer. nat. Siegfried Scherer	-3516
Sekretariat:	Brigitte Stable	-3516
	Maria Thole	-3516
Wissenschaftler:	Dr. Viktoria Doll	-5091
	Prof. Dr. Thilo Fuchs	-3518
	Dr. Evi Lang Halter	-2257
	Dr. Genia Lücking *(Teilzeit)*	-5091
	Dr. Stefanie Müller-Herbst	-3945
	Dr. Klaus Neuhaus	-3945
	Dr. Mareike Wenning	-2257
Doktoranden:	Dipl.Biol. Marlies Böhm *(ab 14.5.2012)*	-5091
	Dipl.Biol. Lea Fellner	-3945
	M.Sc. Elena Ferrari *(ab 16.7.2012)*	-3851
	M.Sc. Christopher Huptas *(ab 01.04.2012)*	-5570
	Dipl.Biol. Daniela Kaspar	-3851
	M.Sc. Tanja Kern	-3859
	M.Sc. Anna Krementowski	-3851
	Dipl.Biol. Richard Landstorfer	-3945
	Dipl.Biol. Mario von Neubeck	-5570
	Dipl.Biol. Johannes Rothhardt	-3859
	M.Sc. Lena Staib	-5570
	M.Sc. Mandy Starke	-3859
Technische Mitarbeiter	Scharifa Bornschier *(ab 01.09.2012)*	-5567
	Daniela Eder *(bis Mai 2012)*	-3520
	Angela Felsl *(Teilzeit)*	-5357
	Petra Hartberger *(Teilzeit)*	-5563
	Gertrud Huith *(Teilzeit)*	-3946

Sonja Kattner	-5098
Angela Kempe *(Teilzeit)*	-5566
Hildegard Maier *(Teilzeit)*	-5564
Polte Christine	-3504
Lisa Rieder	-5098
Patrick Schiwek	-3517
Katharina Sturm *(ab 15.08.2012)*	-3520
Romy Wecko *(Mutterschutz ab November 2012)*	-3520

Einführung

In der Forschung arbeiten wir am Schnittpunkt zwischen Lebensmittel und Ernährung. Einerseits stehen Biodiversität und Identifikation von lebensmittelrelevanten Mikroorganismen im Mittelpunkt. Andererseits liegt ein wesentlicher Schwerpunkt der Abteilung auf dem Studium von Krankheitserregern, welche durch Lebensmittel übertragen werden. Verschiedene Arbeitsgruppen befassen sich mit *Listeria*, *Salmonella*, *Bacillus cereus*, *Yersinia enterocolitica* und pathogenen *Escherichia coli* - Stämmen.

Die Arbeiten an Krankheitserregern reichen von der ökogenetischen Grundlagenforschung am Lehrstuhl für Mikrobielle Ökologie bis hin zu stark angewandten, lebensmitteltechnologisch relevanten Fragestellungen in der Abteilung Mikrobiologie am ZIEL. In der Mehrzahl der Projekte werden gentechnische und molekularbiologische Techniken eingesetzt. Unsere praxisbezogenen Forschungsarbeiten werden vielfach in enger Kooperation mit der Industrie durchgeführt.

Die mikrobiologische Unbedenklichkeit ist eines der maßgebenden Qualitätskriterien bei der Beurteilung von Lebensmitteln. Ein Aufgabenbereich der Abteilung erstreckt sich auf Dienstleistungen, insbesondere mikrobielle Diagnostik aller Art für die Lebensmittelindustrie, verbunden mit einer intensiven Beratung bei mikrobiologisch verursachten Produktionsstörungen. Unsere Diagnostikabteilung wird von Dr. Mareike Wenning geleitet (Tel. 71-2257).

Aus diesen Aktivitäten resultierte über die Jahre eine der größten Mikroorganismensammlungen für lebensmittelrelevante Mikroorganismen, mit Schwerpunkten auf Hefen, Bazillen, coryneforme Bakterien und Listerien (insgesamt über 10.000 Isolate), welche die Grundlage für die Entwicklung der FTIR gestützten Identifizie-rung von Bakterien und Hefen, sowie die Beschreibung neuer, aus Lebens-mitteln isolierter Arten bildet.

Forschung

Arbeitsgruppe: Biodiversität mikrobieller Lebensgemeinschaften in industriellen Habitaten

Gruppenleiterin: Mareike Wenning

Der Fokus der Forschungsgruppe liegt auf den Mikrobiota unterschiedlicher Habitate wie Rohmilch und daraus entstehender Produkte, Wein oder dem pharmazeutischen Produktionsumfeld, wobei sowohl die Erfassung und Beschreibung der Biodiversität als auch die Analyse von Populationsveränderungen oder Stabilitäten innerhalb der Floren von Interesse sind. Hier konzentrieren wir uns nicht nur auf die Bestimmung der Speziesebene, sondern Typisieren auch unterhalb der Artgrenze. Für die Analyse der Artzusammensetzungen wird hauptsächlich FTIR-Spektroskopie genutzt, die als phänotypische Fingerprinting-Methode auch zur Typisierung und aufgrund hoher Automatisierung gut zur Bewältigung hoher Probenaufkommen geeignet ist. Ergänzend kommen molekularbiologische Techniken wie die Sequenzierung unterschiedlicher house-keeping-Gene oder RAPD-Analysen hinzu.

Einfluss der Inkubationstemperatur auf die Bestimmung der mikrobiellen Biodiversität von Rohmilch

Influence of incubation temperature on the determination of microbial biodiversity in raw milk

Mareike Wenning

Über die Zusammensetzung von Rohmilch-Mikrobiota ist trotz jahrzehntelanger Forschung bis dato nur relativ wenig bekannt, obwohl die in der Rohmilch enthaltenen Mikroorganismen z. T. maßgeblich die Qualität der hergestellten Produkte beeinflussen können. So zeichnen sich z.B. psychrotolerante Bakterien durch Wachstumsvermögen bei niedrigen Temperaturen von < 6°C aus, was gerade bei verlängerter Kaltlagerung von Rohmilch problematisch sein kann. Um wirksame Strategien zur Verbesserung der Rohmilchqualität zu entwickeln, ist mehr Wissen über die Zusammensetzung der Mikrobiota nötig, jedoch muss für die Generierung aussagekräftiger Ergebnisse bei Biodiversitätsanalysen der Einfluss der Untersuchungsmethode bekannt sein. Vor allem die Wahl der Inkubationstemperatur könnte einen Einfluss auf die ermittelte Biodiversität haben. Aus diesem Grund wurden neun Milchproben von Einzelhöfen mit zwei- bis dreitägiger Milchabholung auf die vorhandene Mikrobiota untersucht, wobei mit 6, 15 und 30°C drei verschiedene Temperaturen für die Inkubation der Ansätze gewählt wurden. Alle Keimzahlen und Wachstumstests wurden auf PC-Agar mit 1% Magermilchzusatz (PCA+MM) bestimmt, wobei die Inkubationszeiten 5 Tage bei 30°C, 7 Tage bei 15°C und 10 Tage bei 6°C betrugen. Von drei Milchproben wurden pro Probe und Temperatur jeweils 150 Kolonien zufallsbedingt isoliert und mit FTIR-Spektroskopie identifiziert, insgesamt wurde so ein Pool von 1350 Isolaten bearbeitet. Die Isolate der 30°C-Ansätze wurden über hierarchische Clusteranalyse der FTIR-Spektren auf repräsentative Vertreter reduziert und diese dann auf Wachstum bei 6°C getestet, um eine Aussage über deren Psychrotoleranz machen zu können.

In den Abbildungen 1 und 2 sind die Keimzahlen sowie für drei der neun Höfe die ermittelte Biodiversität dargestellt. Die Keimzahlen bei 30°C lagen zwischen $1{,}6*10^4$ und $1{,}9*10^6$ und wiesen damit eine deutliche Schwankungsbreite auf. Da die Proben nach der Lagerung auf dem Hof noch einem Transport von ca. 24 h unterworfen waren, liegen die Keimzahlen z. T.

etwas höher als üblich. Auffällig war, dass bei vier der neun untersuchten Proben (C10, C12, C1, C6) bei 15°C höhere Keimzahlen ermittelt werden als bei 30°C oder 6°C, bei vier Proben (C4, Cx, klH3, miH1) war eine Abnahme der Keimzahlen von 30°C nach 6°C zu beobachten und bei einer Probe (miH2) gab es kaum Unterschiede.

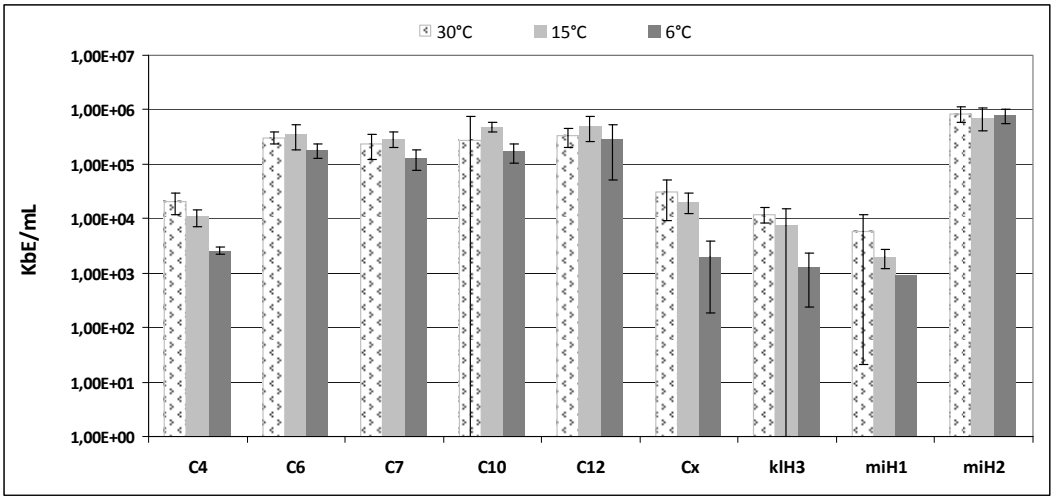


Abb. 1: Keimzahlen von neun untersuchten Einzelhofproben bestimmt bei 30°C, 15°C und 6°C auf PCA+MM. Für die Berechnung der Keimzahlen wurden je zwei Platten von zwei verschiedenen Verdünnungsstufen ausgezählt, die Fehlerbalken geben die Standardabweichung dieser vier Messpunkte an.

In Abb. 2 ist ein deutlicher Zusammenhang zwischen Keimzahlen und Florazusammensetzung erkennbar.

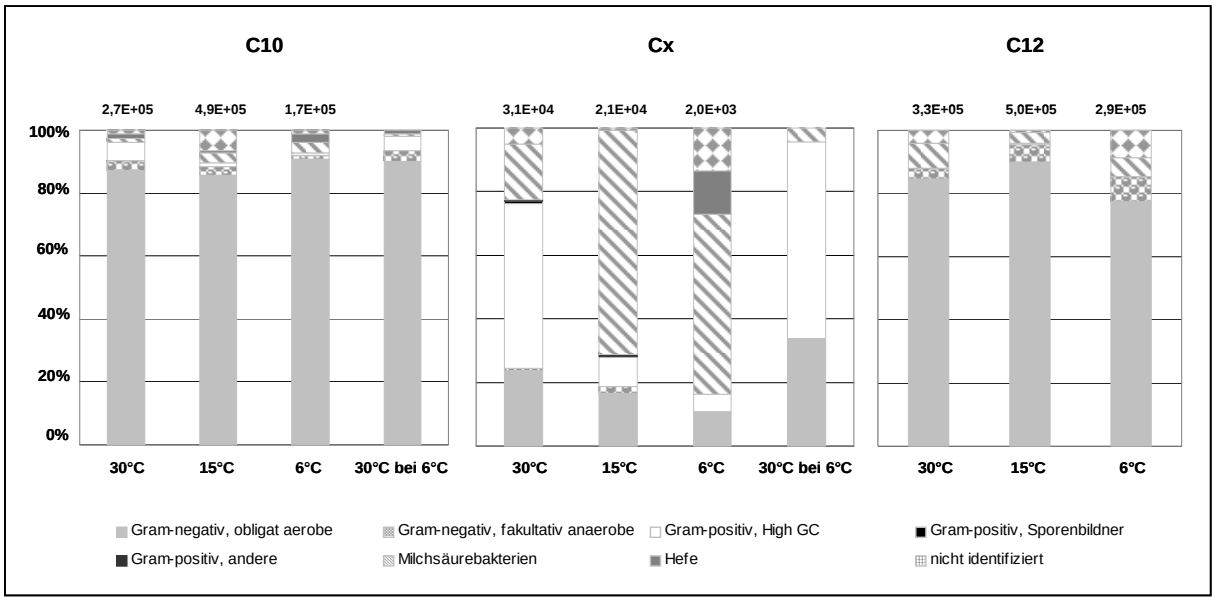


Abb. 2: Zusammensetzung der mikrobiellen Flora von 3 Einzelhofproben (C10, Cx, C12) bestimmt bei 30°C, 15°C und 6°C. Für jede Probe und Temperatur wurden 150 Einzelkolonien mit FTIR-Spektroskopie identifiziert. 30°C bei 6°C: Psychrotoleranter Anteil der Flora des 30°C-Ansatzes bestimmt über Wachstumstests auf PCA+MM bei 6°C.

Die beiden Proben C10 und C12, die bei 15°C die höchste Keimzahl aufweisen, werden von strikt oxidativen gram-negativen Keimen dominiert, zu denen auch die Gattung *Pseudomonas* gehört. Probe Cx zeigte allgemein niedrigere Keimzahlen, die sich bei 30°C und 15°C nur gering unterschieden, bei 6°C hingegen um eine ganze Log-Stufe niedriger liegen. Bezeichnenderweise hatten hier die gram-negativen Keime nur einen geringen Anteil von ca. 20% an der Mikrobiota; dominierend waren hingegen gram-positive Organismen.

Auffällig war, dass für die high GC gram-positiven Organismen in den Proben C10 und Cx ein eindeutiger Einfluss der Inkubationstemperatur nachgewiesen werden konnte. Je niedriger diese lag, desto niedriger war auch ihr Anteil an der Flora. Unterzog man diese Isolate jedoch nach ihrer Isolation aus dem 30°C-Ansatz einem Test auf Psychrotoleranz bei 6°C auf PCA+MM, so wuchs ein nicht unerheblicher Teil darauf an (Abb. 2, Säule 30°C bei 6°C). Bei C10 konnte für fast alle getesteten Isolate Wachstum verzeichnet werden und ein Großteil der Organismen wuchs sehr gut an. Bei Cx zeigte sich, dass nur weniger als die Hälfte der Isolate bei 6°C wuchsen, wobei auch bei den gram-negativen Spezies viele Ausfälle zu verzeichnen waren. Die in dieser Mikroflora enthaltenen Organismen waren also allgemein deutlich weniger psychrotolerant als in Probe C10, was gut mit den eindeutig niedrigeren Keimzahlen korreliert.

Beim Vergleich der FTIR-Spektren der detektierten Organismen aus jeweils derselben Probe, aber von allen drei unterschiedlichen Inkubationstemperaturen viel auf, dass einige Stämme bei kühleren Temperaturen deutlich häufiger nachgewiesen wurden als bei 30°C, was darauf schließen lässt, dass ihre optimale Wachstumstemperatur unter 30°C liegt. Um der Ursache dieses Effekts genauer auf den Grund zu gehen, wurden fünf Isolate einer Probe ausgewählt (2 von 30°C, 2 von 15°C und 1 von 6°C), und einer Keimzahlbestimmung bei allen drei Temperaturen unterzogen. Dazu wurde von jedem Isolat eine Vorkultur bei 30°C angezogen und mit dieser eine Verdünnungsreihe angelegt, deren Keimzahl bei 30°C, 15°C und 6°C bestimmt wurde. Von den ermittelten Keimzahlen wurden die Werte von 30°C als Referenzwert gewählt und die bei 15°C und 6°C ermittelten Werte zu diesem ins Verhältnis gesetzt. Dies wurde kurz nach der Isolation der Kolonien aus der Milchprobe (Abb. 3A) und einige Monate später nach Reaktivierung dieser aus der Cryokultur (Abb. 3B) durchgeführt.

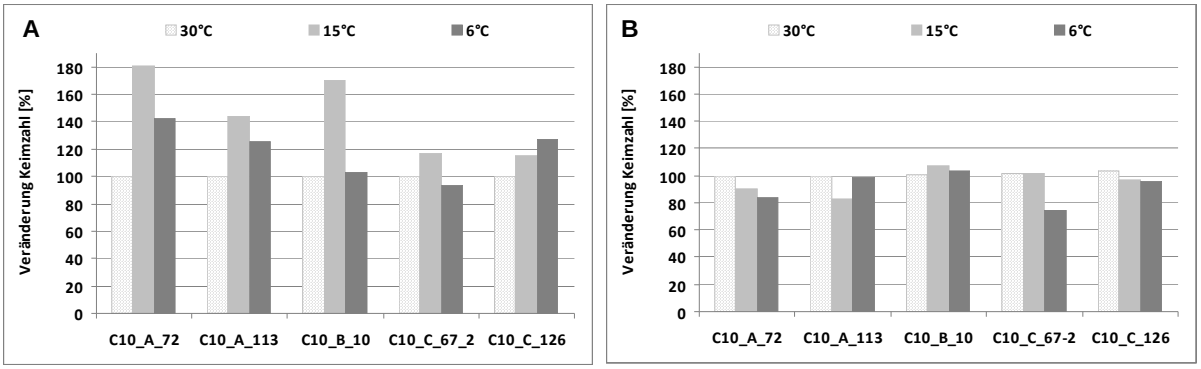


Abb. 3: Bestimmung der Keimzahl von fünf Einzelkulturen bei 30°C, 15°C und 6°C. A: kurz nach Isolation der Kolonien; B: einige Monate nach der Isolation nach Reaktivierung aus der Cryokultur. Die Zahlen sind relativ zur Koloniezahl bei 30°C angegeben.

Abb. 3A zeigt, dass für alle der fünf Isolate die Keimzahl ermittelt bei 15°C höher liegt, als bei 30°C, teilweise fast doppelt so hoch. Anders sieht das Bild hingegen in Abb. 3B aus, wo der gleiche Versuch einige Monate später wiederholt wurde. Hier gibt es keinen eindeutigen Trend mehr und im Schnitt sind die Keimzahlen bei allen drei Temperaturen ähnlich hoch. Es sieht also so aus, dass der Effekt, der sich beim Vergleich der FTIR-Spektren ergibt, darin begründet liegt, dass manche Keime der Milch-Mikrobiota so gut an die tiefen Temperaturen angepasst sind, dass sie bei der ersten Anzucht bei 30°C signifikant schlechter anwachsen und aufgrund dessen bei dieser Temperatur nicht repräsentativ erfasst werden. Dieser Effekt verliert sich jedoch mit zunehmenden Kultivierungszyklen bei 30°C, weshalb in Abb. 3B kaum noch Unterschiede zwischen den drei Temperaturen festgestellt werden können.

Die Ergebnisse zeigen, dass die Beantwortung der Frage nach der Zusammensetzung der Milch-Mikrobiota ungleich komplexer ist, als ursprünglich angenommen. Tatsächlich sieht es danach aus, als wenn bei jeder Inkubationstemperatur, die getestet wurde, nur ein Teil der Flora erfasst wurde, wobei bei 15° und 6°C überwiegend gram-negative Keime detektiert wurden und die gram-positiven durchs Raster fallen, bei 30°C hingegen nicht die volle Vielfalt der gram-negativen Keime erfasst wurde.

Mikrobielle Biodiversität von Rohmilch

Microbial biodiversity of raw milk

Mario von Neubeck

Die Biodiversität der Mikrobiota in Rohmilch unterliegt neben saisonalen auch hygienebedingten Schwankungen, die dazu führen, dass sich unterschiedliche Rohmilchproben teilweise stark unterscheiden können. Die in der Milchindustrie vorgeschriebene Kühlkette beginnend auf dem Erzeugerhof bis hin zur Produktion begünstigt das Wachstum psychrotoleranter Mikroorganismen. Schon während der Lagerung auf den Erzeugerhöfen (1-3 Tage) beginnt sich die mikrobielle Flora zu verändern, da manche Gattungen oder Arten bei Kühllagertemperaturen besser wachsen können als andere und dadurch ihren Anteil an der Mikrobiota erhöhen. Diese treten bei Vermischung verschiedener Milchen im Sammelwagen in Konkurrenz zu der dominierenden Mikrobiota anderer Erzeugerhöfe und in den Stapeltanks der Molkereien kommt es erneut zu einer Floraverschiebung und Veränderung. Im Rahmen dieser Arbeit, als Teil des AiF-Forschungsvorhabens 16588 N, wurde die mikrobielle Flora von 10 Rohmilchen direkt von den Erzeugerhöfen (H) und von 10 Rohmilchen aus Molkereistapeltanks (M) auf ihre Biodiversität untersucht. Von jeder Rohmilchprobe wurden nach 7-tägiger Inkubation bei 15 °C 150 Einzelkolonien isoliert und durch Fourier-transform Infrarot-(FT-IR)-Spektroskopie und DNA-Sequenzierung identifiziert. Die Zusammensetzung der 20 Rohmilch-Mikrobiota (Abb. 1) ist in folgenden taxonomischen Großgruppen angegeben: „Gram-negativ, obligat aerob (Pseudomonaden); Gram-negativ, fakultativ anaerob (Enterobakterien); Gram-positiv, High GC; Gram-positiv, Sporenbildner; Milchsäurebakterien; Gram-positiv, andere und Hefen“.

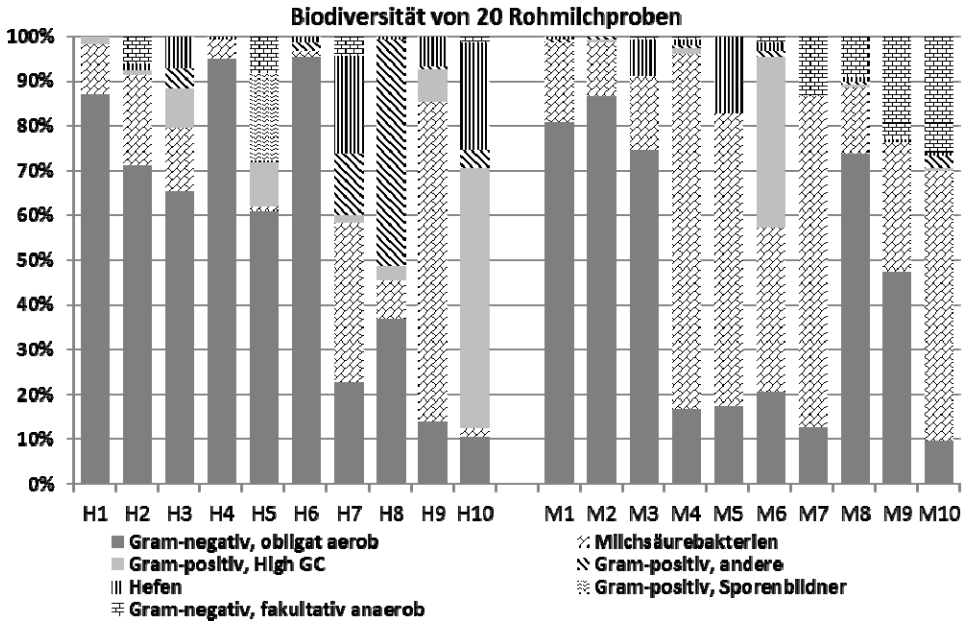


Abb. 1: Zusammensetzung 20 einzelner Rohmilchfloren aufgeschlüsselt nach taxonomischen Großgruppen.

Von den zehn untersuchten Hofmilchproben (H1 - H10) zeigen sechs (H1 - H6) einen Anteil von über 60% an Gram-negativen, obligat aeroben Mikroorganismen, jedoch weisen verschiedene Proben auch einen sehr hohen Anteil an Milchsäurebakterien (H7 < 40% + H9 > 60%), Gram-positiven High GCs (H10 > 50%) oder auch Hefen (H7 > 20% + H10 > 20%) auf. Bei den zehn untersuchten Molkereistapeltankproben (M1 - M10) ergibt sich ein anderes Bild; hier zeigen nur 4 Proben (M1 - M3 + M8) einen Anteil von über 60% an Gram-negativ, obligat aeroben Mikroorgansimen. In den anderen Proben überwiegen die Milchsäurebakterien bzw. auch die Gram-positiven High GCs oder die Enterobakterien.

Insgesamt wurden 2973 Isolate gewonnen, die zu 62 verschiedenen Gattungen und 176 Arten gehören. In Abb. 2 ist der prozentuale Anteil der einzelnen Gattungen an der ermittelten Biodiversität dargestellt. Die häufigsten 20 Gattungen umfassen 95% der gesamten isolierten Organismen, während die Isolate der restlichen 42 Gattungen lediglich 4,4% der Gesamtflora entsprechen und unter „Andere“ zusammengefasst sind.

Im Uhrzeigersinn: Die Gattungen *Hafnia*, *Escherichia*, *Enterobacter* und *Klebsiella* gehören zur taxonomischen Großgruppe der Enterobakterien und entsprechen insgesamt 4% der Gesamtmikrobiota. Die Gattungen *Pseudomonas*, *Acinetobacter*, *Stenotrophomonas* und *Ochrobactrum*, allesamt Gram-negativ, obligat aerobe Bakterien, entsprechen 49% der Gesamtmikrobiota. Zu den Milchsäurebakterien gehören die Gattungen *Lactococcus*, *Carnobacterium*, *Leuconostoc*, *Enterococcus*, *Streptococcus* sowie *Aerococcus*, die gemeinsam einen prozentualen Anteil von 30% bilden. Die Gattungen *Candida*, *Kluyveromyces* und *Pichia* sind Hefen und machen 5,4% der Gesamtmikrobiota aus. Die Gattungen *Staphylococcus* (Gram-positiv, andere), *Microbacterium* (Gram-positiv, High GC) und *Bacillus* (Gram-positiv, Sporenbildner) entsprechen 3,9%, 5,8% bzw. 1,3% der Gesamtmikrobiota.

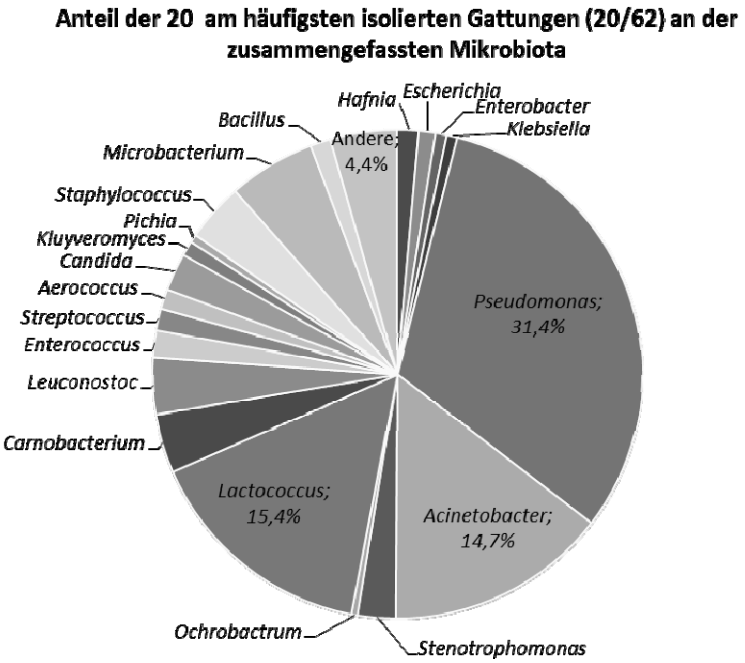


Abb. 2: Prozentualer Anteil, der 20 am häufigsten isolierten Gattungen (20/62) an der Biodiversität. Die angegebenen Werte beziehen sich immer auf die Gesamtheit der Isolate (2973) aus allen 20 untersuchten Rohmilchproben.

Zusammenfassend lässt sich aus den Ergebnissen der einzelnen Rohmilchproben ableiten, dass der Anteil an Milchsäurebakterien und Enterobakterien in den Molkereistapeltankproben höher ist als in den Hofmilchen. Zudem ist auffällig, dass rund 60 % aller Isolate den drei Gattungen *Pseudomonas*, *Lactococcus* und *Acinetobacter* zugeordnet werden können, die somit die mit Abstand größte Bedeutung in Rohmilch haben. Außerdem wird ersichtlich, dass die Gram-negativ, obligat aeroben Bakterien und die Milchsäurebakterien die vorherrschenden taxonomischen Großgruppen darstellen. Mit etwa 4-5% Anteil an der mikrobiellen Gesamtflora sind jedoch auch die Hefen und die Enterobakterien als fester Bestandteil zu betrachten. Gleiches gilt vermutlich auch für die Gattungen *Staphylococcus* und *Microbacterium*. Um dieses Bild zu erweitern, werden im weiteren Projektverlauf zusätzlich verschiedene Milch-Halbfabrikatarten auf ihre mikrobielle Biodiversität untersucht, da verschiedene in der Produktion der Molkereien angewendete Techniken wie Thermisieren oder Konzentrieren ebenfalls zu einer Verschiebung der mikrobiellen Flora hin zu bestimmten Organismengruppen führen könnten. Als weiteres Teilprojekt werden ausgehend von allen isolierten Mikroorganismen repräsentative Isolate über eine hierarchische Clusteranalyse der FTIR-Spektren ausgewählt und diese dann auf ihr Potential zur Bildung von hitzeresistenten Lipasen und Peptidasen untersucht. Aus den daraus resultierenden Ergebnissen können dann evtl. Rückschlüsse auf eine technologische Relevanz einzelner Gattungen oder Arten in Bezug auf die Endproduktstabilität gezogen werden. Bekannt ist, dass einige Lipasen und Peptidasen mikrobiellen Ursprungs die Pasteurisierung aber auch die UHT-Behandlung überstehen, somit im Endprodukt vorliegen und durch ihre Restaktivität sensorische Abweichungen hervorrufen können.

Das Forschungsvorhaben (AiF 16588 N) wurde im Programm zur Förderung der „Industriellen Gemeinschaftsforschung (IGF)" vom Bundesministerium für Wirtschaft und Technologie (via AiF) über den Forschungskreis der Ernährungsindustrie e.V. (FEI) gefördert.

Arbeitsgruppe: Anpassung pathogener Bakterien an Stress

Gruppenleiterin: Stefanie Müller-Herbst

Unter den in Deutschland meldepflichtigen bakteriellen Infektionskrankheiten spielen vor allem solche, die durch Lebensmittelinfektionserreger hervorgerufen werden, eine zentrale Rolle. Kontaminationen von Lebensmitteln mit pathogenen Bakterien und daraus resultierende Ausbruchsgeschehen bergen neben dem Gesundheitsrisiko für den Verbraucher auch wirtschaftliche Risiken für bestimmte Bereiche der Lebensmittelindustrie. Der Forschungsschwerpunkt unserer Arbeitsgruppe liegt auf der molekularen Charakterisierung der Anpassung pathogener Bakterien wie *Salmonella* enterica Serovar Typhimurium (*S.* Typhimurium), enterohämorrhagischer *E. coli* (EHEC) sowie *Listeria monocytogenes* (*L. monocytogenes*) an verschiedenste Stressbedingungen, denen der Keim im Lebensmittel oder in der Umwelt ausgesetzt sein kann. Ein tief greifendes Verständnis der Anpassung pathogener Bakterien an solche Stressbedingungen ist eine wichtige Vorraussetzung für eine sichere Produktion von Lebensmitteln. Ein Hauptaugenmerk unserer Arbeiten liegt auf der Identifizierung von Regulationsmechanismen, die den Anpassungen an verschiedene Umweltbedingungen zugrunde liegen.

Wirkung von Nitrit auf die Gram negativen Infektionserreger *Salmonella* Typhimurium und enterohämorrhagische *Escherichia coli*

Effects of nitrite on the gram negative pathogens Salmonella* Typhimurium *and enterohemorrhagic Escherichia coli

Anna Krementowski, Katharina Sturm

Zur Konservierung wird manchen Lebensmitteln, wie z.B. Rohwürsten, Nitrit zugegeben. Neben den positiven Effekten der Umrötung und der Aromabildung bei durch Starterkulturen gereifter Rohwurst wurde postuliert, dass die Zugabe von Nitrit auch einen negativen Einfluss auf das Wachstum von unerwünschten pathogenen Bakterien bei Rohwurstprodukten hat.
Im Rahmen eines FEI/AiF geförderten Projektes soll analysiert werden, auf welche Weise Nitrit in den Gram negativen Organismen *S.* Typhimurium und EHEC (AiF_16908 N) auf molekularer Ebene wirkt. Diese Daten sollen als Grundlage dienen, um in enger Zusammenarbeit mit dem Institut für Mikrobiologie und Biotechnologie des Max-Rubner-Instituts in Kulmbach die mikrobiologische Sicherheit von Rohwurstprodukten zu maximieren.
In *in vitro* Analysen wurde im Hochdurchsatzverfahren im Bioscreen C (Abb. 1) der Einfluss verschiedener im Lebensmittel relevanter Parameter wie Sauerstoffverfügbarkeit, Temperatur, Osmolarität, pH-Wert und Ab- bzw. Anwesenheit von Natriumnitrit sowie die Kombination der verschiedenen Parameter auf das Wachstum von *S. enterica* Serovar Typhimurium 14028 und *E. coli* O157:H7 EDL933 analysiert.

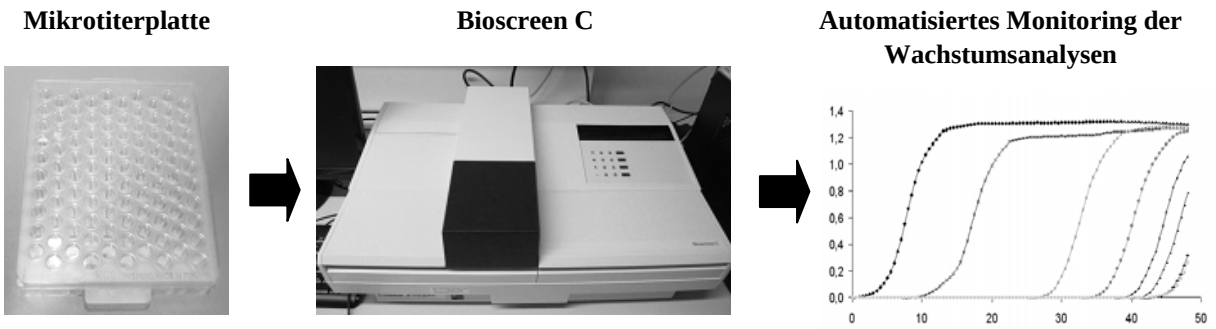


Abb. 1: Wachstumsanalysen im Hochdurchsatzverfahren im Bioscreen C. In den Mikrotiterplatten wird das Medium für verschiedenste Wachstumsbedingungen vorgelegt. Die einzelnen Wells werden dann mit den Pathogenen beimpft. Im Bioscreen C werden die Platten bei der gewünschten Temperatur inkubiert. Das Wachstum wird über die Zunahme der Absorption bei einer Wellenlänge von 600 nm indirekt gemessen. Die Messung erfolgt automatisiert, ebenso die graphische Darstellung der Wachstumskurven.

Es konnte gezeigt werden, dass die inhibitorische Wirkung von Nitrit besonders dann maximiert wird, wenn gleichzeitig der pH-Wert erniedrigt wird (Abb. 2). So hat Natriumnitrit in einer Konzentration von 200 mg/l keinen inhibitorischen Einfluss auf das Wachstum von *S.* Typhimurium bei pH7, wohingegen bei einem pH-Wert von 6 die Anwesenheit von Nitrit zu einer deutlichen Wachstumsverzögerung führt.

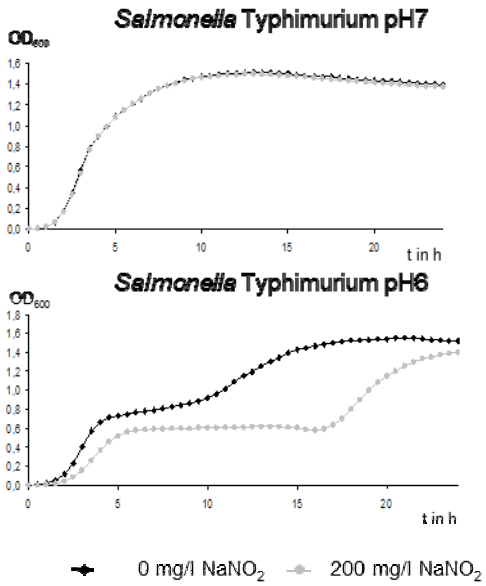


Abb. 2: Einfluss von Nitrit auf das Wachstum von Salmonella Typhimurium. Die Wachstumsanalysen wurden in BHI Medium bei 37 °C bei pH7 und pH6 in An- (200 mg/l, graue Linie) bzw. Abwesenheit (0 mg/l, schwarze Linie) von Natriumnitrit durchgeführt.

Daten aus der Literatur postulieren, dass im Rohwurstprodukt nicht Nitrit selbst das antimikrobiell wirksame Agens ist, sondern dass im Laufe des Reifungsprozesses ausgehend von Nitrit reaktive Stickstoffverbindungen wie z.B. HNO_2, N_2O_3, $OONO^-$ und NO entstehen, die

das Wachstum von pathogenen Bakterien inhibieren. Diese könnten somit auch in den *in vitro* Versuchen gebildet werden und das Wachstum der pathogenen Bakterien inhibieren. Es wurde deshalb die Veränderungen im Transkriptionsprofil von *Salmonella* Typhimurium in An- bzw. Abwesenheit des NO-Donors SNP (Sodium Nitroprussid) bei pH7 mittels RNA-Sequenzierung analysiert. Insgesamt 50 Gene waren in Anwesenheit des NO-Donors SNP herabreguliert, wohingegen 20 Gene eine erhöhte Transkription unter NO-Stress zeigten. Die in Anwesenheit von NO besonders starke Transkription der NsrR regulierten Gene *hmpA* (Flavohämoglonin) und *hcp* (Hydroxylaminreduktase) lässt eine Beteiligung der entsprechenden Genprodukte an der Detoxifizierung von NO bei einem neutralen pH-Wert vermuten. Die Analyse der Beteiligung dieser Systeme am Überleben von Nitritstress im Rohwurstprodukt ist Gegenstand der derzeitigen Forschung,

Das Forschungsvorhaben AiF_16908 N wurde im „Programm zur Förderung der Industriellen Gemeinschaftsforschung (IGF)“ vom Bundesministerium für Wirtschaft und Technologie (via AiF) über den Forschungskreis der Ernährungsindustrie e.V. (FEI) gefördert.

Anaerober Stoffwechsel in *Listeria monocytogenes*

Anaerobic metabolism in Listeria monocytogenes

Elena Ferrari

L. monocytogenes als ubiquitär vorkommender Keim besiedelt häufig ökologische Nischen, in denen ein mikroaerophiles oder anaerobes Milieu herrscht, wie z.B. sauerstoffarme Bereiche im Boden, vakuumverpackte Lebensmittel oder den Magendarmtrakt des Wirtes. Überraschenderweise ist der anaerobe Stoffwechsel von *L. monocytogenes* jedoch kaum erforscht. Das Transkriptom von *L. monocytogenes*-Kulturen, die unter aeroben bzw. anaeroben Bedingungen inkubiert wurden, wurde mittels Microarray-Studien verglichen. Diese Studien ergaben, dass die Transkription von ca. 170 Genen (entspricht ca. 6 % des kompletten Genoms) in Abhängigkeit von der Sauerstoffverfügbarkeit differentiell reguliert wird. Es konnte gezeigt werden, dass keines der anaerob hochregulierten Gene essentiell für das anaerobe Wachstum von *L. monocytogenes* ist. Jedoch wird spekuliert, dass manche dieser Genprodukte das anaerobe Wachstum unter bestimmten Bedingungen begünstigen. In weiterführenden Versuchen soll geklärt werden, ob einige der anaerob hochregulierten Gene einen Vorteil beim Überleben und der Vermehrung unter anaeroben Bedingungen im Gastrointestinal-Trakt des Wirts vermitteln und auf diese Weise zur Virulenz von *L. monocytogenes* beitragen.

Weiterhin wurde ein Hochdurchsatzscreening einer *L. monocytogenes* Insertionsmutanten-Bank durchgeführt. 1600 Mutanten wurden aerob bzw. anaerob inkubiert und das Wachstumsverhalten der Mutanten unter aeroben und anaeroben Bedingungen analysiert. Es konnten auf diese Weise Mutanten identifiziert werden, die unter aeroben Bedingungen ein normales Wachstumsverhalten zeigen, unter anaeroben Bedingungen aber nicht in der Lage sind zu wachsen. Mit Hilfe dieser Mutanten soll in Infektionsversuchen geklärt werden, ob *C. elegans* als ein alternatives Tiermodell gewählt werden kann, um die Anpassung von *L. monocytogenes* an anaerobe Bedingungen im Gastrointestinal-Trakts von Wirtstieren zu untersuchen.

Das Vorhaben wird aus Mitteln des DFG-geförderten Graduiertenkollegs 1482 finanziert.

Arbeitsgruppe: Regulation überlappender Gene von pathogenen *Escherichia coli* durch Umweltsignale

Gruppenleiter: Klaus Neuhaus

DNA kann, aufgrund des Triplett-Codes, an einem gegebenen Ort theoretisch sechs verschiedene Proteine kodieren. In der Natur sind vor allem zweifach überlappende Gene bekannt, sehr selten aus einigen Viren dreifache Überlappungen. Obwohl viele Bakteriophagen eine größere Anzahl überlappender Gene aufweisen und deren Genome mit den bakteriellen in einem Gleichgewicht stehen, sind beschriebene überlappende Gene aus Bakterien vergleichsweise rar. Das Projekt widmet sich überlappenden und neuen Genen, die für das Wachstum von pathogenen *Escherichia coli* in der Umwelt wichtig sind. Wir konzentrieren uns hierbei besonders einen enterohämorrhagischen *E. coli* (EHEC) Stamm, der blutigen Durchfall und unter Umständen Nierenversagen mit tödlichem Ausgang verursachen kann. Bei diesem Bakterium weiß man zudem wenig über die Ökologie und der in natürlichen Habitaten notwendigen Gene. Unsere Untersuchungen sind Teil des Projektes "FOG-Theory" im DFG Schwerpunkt InKoMBio SPP 1395. Hierzu kooperieren wir mit dem Lehrstuhl „Datenanalyse und Visualisierung“ von Prof. D. Keim an der Universität Konstanz und dem Lehrstuhl “Telekommunikation und Angewandte Informationstheorie“ von Prof. M. Bossert an der Universität Ulm.

Charakterisierung überlappender Gene in EHEC & Re-annotation von EHEC

Characterization of overlapping genes in EHEC & re-annotation of EHC

Lea Fellner, Klaus Neuhaus

Überlappende Genpaare sind ein bisher wenig beachtetes biologisches Phänomen, welches vermutlich in allen Bakterien häufiger Auftritt als bisher vermutet. Ein bereits bekanntes Genpaar *htgA* / Z0011 (Abb. 1) wurde mittels Promoterfusionen mit „green fluorescent protein“ näher untersucht. Des weiteren wurden von diesem Genpaar zum ersten Mal Strang-spezifische „single knockouts“ für beide Gene hergestellt und auf ihren Phänotyp überprüft. Etliche weitere Genpaare, für die mittlerweile experimentelle Daten für ihre Existenz vorliegen, wurden in derselben Weise Strang-spezifisch ausgeknockt und Phänotypen mittels Wachstumskurven unter Stressbedingungen und Metabolomanalysen charakterisiert.

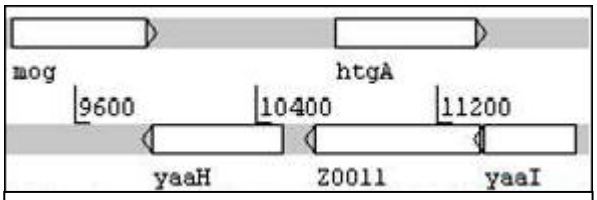


Abbildung 1 Ausschnitt aus dem Genom des Bakteriums *Escherichia coli* O157:H7 mit eingezeichneten Genen (weiße Pfeile). Hier befindet sich eines der wenigen bekannten, vollständig überlappenden Genepaare aus diesem Bakterium (*htgA* / Z0011).

Das Genom von EHEC wurde bereits vor über 10 Jahren erstellt und ist weder vollständig, noch in allen Teilen korrekt. Zudem sind einige „open reading frames“ in der Originalpublikation nicht annotiert, obwohl sie exprimiert werden. Next-Generation Sequencing und andere Techniken erlauben eine vollständigere und genauere Annotation, die zukünftige Arbeiten erleichtern wird.

Identifikation überlappender Gene und Orphan-Gene in pathogenen Bakterien.

Identification of overlapping and orphan-genes in pathogenic bacteria

Richard Landstorfer, Klaus Neuhaus

Das Transkriptom von EHEC EDL933 wurde mittels moderner *Next-Generation-Sequencing*-Technologie bei verschiedensten Wachstumsbedingungen untersucht. Für diese Sequenzierungen verwendeten wir die SOLiD bzw. Illumina Plattform. Die Analysen verschiedener Bedingungen, wie Wachstum in Labor-Standardmedien, auf Pflanzen, und unter Stress (pH9, Nitrit, Zugabe von Antibiotika) zeigten eine differentielle Regulation der annotierten Gene. Insbesondere wiesen wir auch die Aktivität vieler bislang hypothetischer Gene nach. Die weitere Auswertung der Umwelt-spezifischen Transkriptregulation wird helfen, das pathogene Potential und die Umweltpersistenz von EHEC besser verstehen zu können. Zusätzlich entdeckten wir viele Bereiche, in denen überlappend kodierende Gene transkribiert werden.

Um die Existenz eines überlappenden Genes zu belegen, muss man die Expression eines Proteins von diesen Genen nachweisen. Dazu etablierten wir in unserem Labor die *Ribosomen-Footprinting*-Methode. Bei dieser Spezialanwendung des *Next-Generation-Sequencing* werden nur diejenigen RNA-Fragmente sequenziert, welche vom Ribosomen geschützt sind. Dadurch konnten wir eine Translation vieler unbekannter Gene, und damit indirekt auch deren Proteine, zeigen. Der Vorteil dieser neu etablierten Methode liegt in einer wesentlich höheren Sensibilität im Vergleich zu bisherigen Techniken. Zusätzlich ist ein Sequenzierdurchgang ausreichend, um das komplette Genom eines Bakteriums abzudecken.

Arbeitsgruppe: Infektionsstrategien pathogener Darmbakterien

Gruppenleiter: Thilo M. Fuchs

Insektizide Aktivität von *Yersinia enterocolitica*

***Insecticidal activity of* Yersinia enterocolitica**

Mandy Starke

Die Gruppe der Yersinien umfasst 13 verschiedene Arten, darunter die drei humanpathogenen Arten *Yersinia pestis*, den Erreger der Pest, sowie *Yersinia pseudotuberculosis* und *Yersinia enterocolitica*, zwei Keime, die gastrointestinale Erkrankungen in Säugetieren hervorrufen können. Bis auf *Y. pestis*, ein Bakterium, das auf einen komplexen Lebenszyklus mit Nagetieren als Reservoir und Flöhen als Überträger angewiesen ist, sind die Vertreter der Gattung *Yersinia* in der Natur weit verbreitet. Die Übertragung dieser Bakterien, insbesondere der humanpathogenen, kann somit auch von der Umwelt auf den Menschen erfolgen. Während die für den Menschen krankheitsauslösenden Faktoren von Yersinien mittlerweile gut untersucht sind, ist über die Molekularbiologie ihrer Vermehrung außerhalb des Menschen noch wenig bekannt. Zwar wurde kürzlich gezeigt, dass *Y. pestis* sowie *Y. pseudotuberculosis* auch den Nematoden *Caenorhabditis elegans* infizieren können, die Assoziation von *Y. enterocolitica* mit Invertebraten hingegen war bislang unerforscht.

Jüngst wurde von uns das komplette Genom des Stammes *Y. enterocolitica* W22703 sequenziert, annotiert und analysiert (Fuchs *et a*l., 2011). Bemerkenswerte Ergebnisse waren die Identifikation eines neuen Typ 3-Sekretionssystems (Abb. 1) sowie die Charakterisierung einer artspezifischen Zone hoher genomischer Flexibilität.

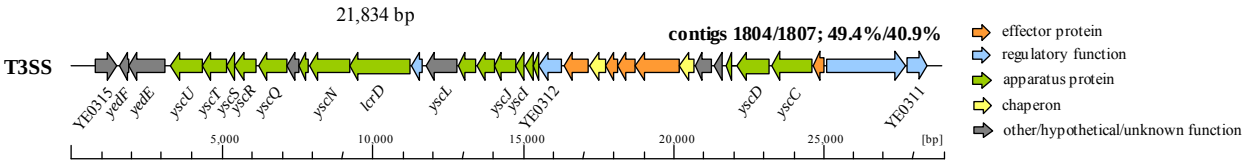


Abb. 1: Neues Typ 3-Sekretionssystem aus Y. enterocolitica W22703, dessen Funktion bislang unbekannt ist (Fuchs et al., 2011)

Der Stamm *Y. enterocolitica* Stamm W22703 trägt außerdem eine temperaturregulierte Pathogenitätsinsel, die so genannte TC-PAI$_{Ye}$ (*toxin complex pathogenicity island of Y. enterocolitica*), deren Gene für insektizide Toxinkomplexe (Tc) kodieren (siehe Abb. 2 A). Diese kommen auch in dem mit Nematoden assoziiertem, gegenüber Insektenlarven hochpathogenem Bakterium *Photorhabdus luminescens* vor. Obwohl von *Y. pestis* und *Y. pseudotuberculosis* bereits länger die *in silico* Daten vorlagen, gelang es unserer Arbeitsgruppe erstmals, am Beispiel von *Y. enterocolitica*, das Vorkommen der *tc*-Gene in Yersinien mit der Aktivität gegenüber Insekten in einen kausalen Zusammenhang zu bringen. Diese insektizide Aktivität wurde in einem Bioassay mit Larven der Wachsmotte getestet, die mit *Yersinia* spp.-Kulturen infiziert wurden. Überraschenderweise zeigen die *Yersinia*-Arten und -Stämme eine hohe Diversität in Bezug auf ihr insektizides Potential auf. Um einen tieferen Einblick in die Interaktion von *Yersinia* spp. mit Invertebraten zu gewinnen wurde zusätzlich der Nematode *C. elegans* als Modellorganismus etabliert. In Zusammenarbeit mit Britta Spanier vom ZIEL, Abteilung Biochemie, konnten die Kolonisierung und die Proliferation von *Y. enterocolitica* W22703 in *C. elegans* sowie die Expression des insektiziden Toxins *tcaA* im Nematoden nachgewiesen werden (Abb. 2 B).

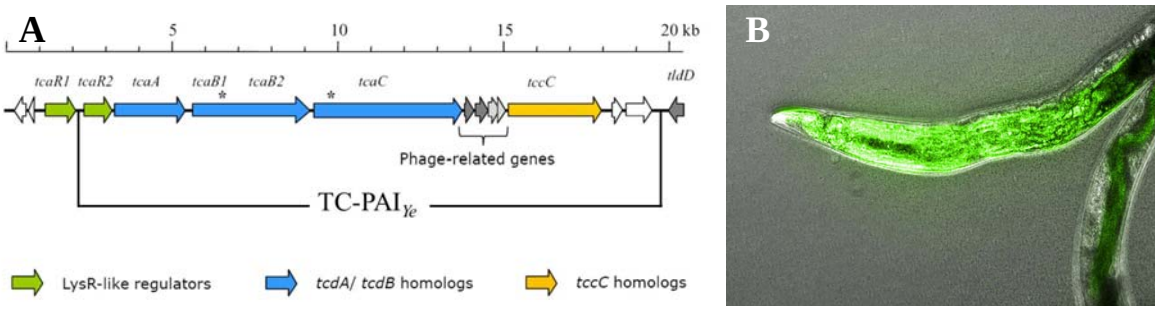


Abb. 2: (A) Genetische Organisation der insektiziden Pathogenitätsinsel TC-PAIYe von Y. enterocolitica W22703 (Bresolin et al., 2006); (B) Kolonisierung und tcaA-Expression durch Y. enterocolitica W22703 in C. elegans 4 Tage nach Infektion (Spanier et al., 2010)

Mit Hilfe des Luziferase-Reportersystems sowie durch den Knockout verschiedener globaler *Yersinia* Transkriptionsregulatoren untersuchen wir derzeit die molekularen Mechanismen, die der kälteinduzierten Expression der *tc*-Gene sowie der Freisetzung bzw. dem Transport der Tc-Proteine aus der Zelle zugrunde liegen. Ziel ist hier die Etablierung eines induzierbaren rekombinanten Expressionssystems, das bei niedrigen Temperaturen eingesetzt werden kann.

Neben der möglichen Anwendung der Toxinkomplexe in der Landwirtschaft, welche als Alternative zum *Bacillus thuringiensis* Toxin diskutiert werden, liefern die erhobenen Resultate erstaunliche neue Einblicke in den Lebenszyklus, die Persistenz, die Verbreitung und insbesondere die Evolution des Lebensmittelpathogens *Y. enterocolitica*, die in Zukunft für die präventive Bekämpfung der Yersiniosen relevant sein können.

Metabolismus und Virulenz: ein neues Pathogenitätskonzept am Beispiel von *Listeria monocytogenes* (Schwerpunktprogramm 1316 der DFG)

***Metabolism meets virulence: a novel concept of pathogenicity as exemplified by* Listeria monocytogenes**

Tanja Kern

Die meisten bekannten *Listeria*-Arten sind harmlos, *Listeria monocytogenes* und *Listeria ivanovii* jedoch können bei Mensch und Tier eitrige Entzündungen von Hirnhaut und Gehirn (Enzephalomeningitis) hervorrufen oder Totgeburten auslösen. Obwohl *Listeria*-Infektionen relativ selten vorkommen, sind die Bakterien vor allem in der Lebensmittelindustrie gefürchtet, weil sie sich in Obst, Gemüse, Fisch, vor allem aber in Milch- und Fleischprodukten auch bei niedrigen Temperaturen vermehren. Mit der verunreinigten Nahrung gelangen die Keime in den Darm und von dort aus in zahlreiche Organe des Körpers. *L. monocytogenes* ist ein fakultativ intrazelluläres Bakterium und kann sich sowohl extrazellulär als auch intrazellulär in Wirtszellen vermehren. Als Wirtszellen können entweder professionell phagocytische Zellen wie Makrophagen, aber auch nicht professionell phagocytische Zellen wie z.B. Epithelzellen, Hepatocyten, Fibroplasten oder Endothelzellen fungieren. Die Fähigkeit, die Vakuolen zu verlassen und frei im Cytoplasma der Wirtszelle zu replizieren, unterscheidet *L. monocytogenes* von dem Großteil der intrazellulären Pathogene. Eine erfolgreiche intracytoplasmatische Lebensweise ist die Folge von einer Reihe metabolischer Anpassungen des Pathogens, über die nur wenig bekannt ist.

Um Gene zu identifizieren, die für die intrazelluläre Lebensphase für *L. monocytogenes* von entscheidender Bedeutung sind, wurde eine *L. monocytogenes* EGD Insertion-Mutantenbank vollständig im Zellkultursystem auf Mutanten selektioniert, die zwar im Vollmedium wildtypisches Verhalten zeigen, intrazellulär in Caco2-Epithelzellen in ihrer Replikationsfähigkeit jedoch deutlich vermindert sind. Die anschließende Identifizierung der in den entsprechenden Insertionsmutanten inaktivierten Gene ergab interessante Aufschlüsse über die Genfunktion und ihre Bedeutung für das intrazelluläre Überleben. So konnten wir zeigen, dass die inaktivierten Gene zum größten Teil für Transport- und Bindeproteine und für am allgemeinen Metabolismus oder an spezifischen Stoffwechselwegen beteiligte Enzyme kodieren.

Zu solchen alternativen Stoffwechselwegen gehört z.B. die Verwertung des im Cytosol durch den Abbau von Phospholipiden oder Triglyceriden freigesetzten Glycerins als alternative C-Quelle während des intrazellulären Wachstums. Die Enzyme Glycerinkinase und Glycerin-3-Phosphat-Dehydrogenase wandeln das freie Glycerin zum Dihydroxyacetonphosphat um, das dann in die Glykolyse eingeschleust wird. Außerdem bevorzugen die intrazellulär lebenden Listerien den Pentose-Phosphat-Weg zur Energiegewinnung und sind von der *de novo* Biosynthese einiger Aminosäuren wie Tryptophan, Isoleucin, Leucin, Valin und Arginin abhängig. *L. monocytogenes* besitzt darüber hinaus Spezies-spezifische Transportsysteme, die offenbar für das intrazelluläre Überleben wichtig sind.

Die Ergebnisse aus dem Screening der intrazellulären Replikation sowie den biochemischen Analysen bestätigen die Hypothese, dass ein erfolgreiches Replizieren von *L. monocytogenes* im Cytosol auf die Fähigkeit des Pathogens zurückgeht, seinen Metabolismus an die Gegebenheit der Wirtszelle anzupassen. Dabei spielen insbesondere alternative Stoffwechselwege

und Aufnahmesysteme für verschiedene Substrate eine entscheidende Rolle. In Zusammenarbeit mit Wolfgang Eisenreich (TUM, Biochemie Garching) werden umfangreiche Untersuchungen zum Kohlenhydrat- und Stickstoff-Metabolismus intrazellulärer Listerien durchgeführt. Hierbei werden die metabolischen Flüsse *in vitro*, innerhalb der Wirtszellen und des Pathogens mittels der $^{13}C/^{15}N$-Isotopologen-Analyse gemessen und analysiert (Abb. 3). Des Weiteren wurde der Nematode *Caenorhabditis elegans* als Modellorganismus gewählt um Stoffflüsse zwischen Wirt und Pathogen nachzuweisen (Abb. 3). Zu diesem Zweck werden ^{15}N-markierte Nematoden mit *L. monocytogenes* infiziert, diese anschließend isoliert und ebenfalls mit der ^{15}N-Isotopologen-Analyse analysiert.

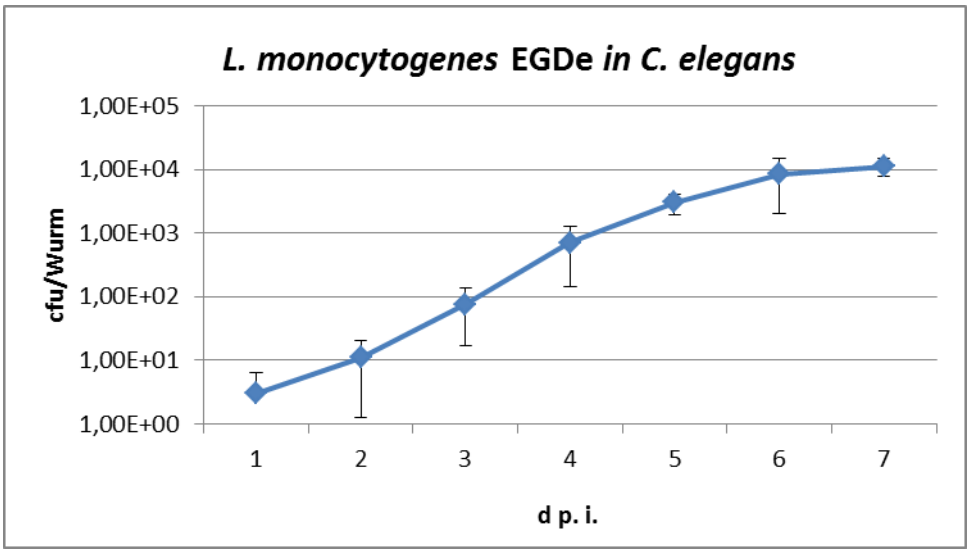


Abb. 3: Proliferation von L. monocytogenes in C. elegans. Nematoden werden für vier Stunden mit L. monocytogenes infiziert und die Proliferation der Bakterien (colony forming units) über den Zeitraum von einer Woche nach der Infektion (days post infectionem) gemessen. L. monocytogenes vermehrt sich im Darm von C. elegans und stellt somit ein geeignetes Modell für die Untersuchung von Stoffflüssen zwischen Wirt und Pathogen dar.

Abbau von *myo*-inositol durch *Salmonella enterica* serovar Typhimurium

Myo-inositol degradation by* Salmonella enterica *serovar Typhimurium

Johannes Rothhardt/Angela Felsl

Ein beträchtlicher Teil der Gene eines bakteriellen Genoms ist von unbekannter Funktion. Bei der Aufklärung dieser funktionalen Lücken rücken zunehmend metabolische Eigenschaften in den Vordergrund des Interesses. Metabolische Fähigkeiten werden häufig durch sog. genomische Inseln vermittelt und erhöhen das Potential von Bakterien, bislang unbesiedelte Nischen auch innerhalb eines Wirtes zu erobern. Das Verständnis des Metabolismus von Mikroorganismen dient auch der Prophylaxe und Bekämpfung von Infektionskrankheiten.

Die Enteritis-Salmonellosen des Menschen gehören zu den bedeutendsten Infektionskrankheiten des Gastrointestinaltraktes. Allein in Deutschland wurden im Jahr 2011 etwa 23000 Fälle gemeldet, wobei die Anzahl der nicht registrierten Erkrankungen deutlich höher geschätzt wird. Die durch eine Vielzahl verschiedener Salmonellen induzierten Infektionen werden häufig durch die Aufnahme kontaminierter Nahrungsmittel ausgelöst. Obgleich die meisten Salmonellen ihren originären Standort vorwiegend bei verschiedenen landwirtschaftlich genutzten Tierarten besitzen, überdauern sie dort oft subklinisch bzw. symptomfrei und lösen erst

beim Menschen typischerweise eine Gastroenteritis oder in sehr wenigen Fällen eine systemische Infektion aus.

Generell sind Salmonellen befähigt sich in ihrem Wirt extra-, als auch intrazellulär zu vermehren. Als Wirtszellen für das intrazelluläre Wachstum können unter anderem professionell phagozytische Zellen, wie z.B. Makrophagen fungieren. Die Salmonellen replizieren dabei in einer Vakuole innerhalb der Wirtszelle und sind somit vom Cytoplasma der infizierten Zelle räumlich abgetrennt. Welche für das Wachstum essentielle Nährstoffquellen innerhalb dieses intrazellulären *Salmonella*-spezifischen Kompartiments zur Verfügung stehen und welche Stoffwechselwege in den Salmonellen während der Infektion aktiv sind, ist weitgehend ungeklärt.

In einem genomweiten Screening-Ansatz wurden eine große Anzahl von Genen identifiziert, die bei der intrazellulären Replikation von *Salmonella enterica* serovar Typhimurium (*S.* Typhimurium) beteiligt und in genomischen Inseln lokalisiert sind. Ein Beispiel ist die „metabolische Insel“ GEI4417/4436, die die für den Abbau von *myo*-Inositol benötigten *iol*-Gene trägt. Die komplexe Regulation der *iol*-Gene wurde entschlüsselt, indem die Transkriptionsaktivität einzelner Promotoren mittels des Luziferase-Reporters charakterisiert wurde. Über Protein-DNA-Bindungsexperimente konnte der zentrale Repressor dieses Abbauweges, IolR, charakterisiert werden (Kröger *et al*. 2009). Außerdem gelang die Identifizierung des hauptsächlichen Transporters von *myo*-Inositol, dessen Regulation, Expression und Aktivität detailliert bestimmt wurden (Kröger *et al*. 2010). Zusätzlich wurde ein bistabiler Phänotyp von *S*. Typhimurium beim Wachstum mit *myo*-Inositol als alleiniger Kohlenstoff- und Energiequelle beobachtet, der nach der Deletion des Repressors jedoch wieder aufgehoben wird (Abb. 4).

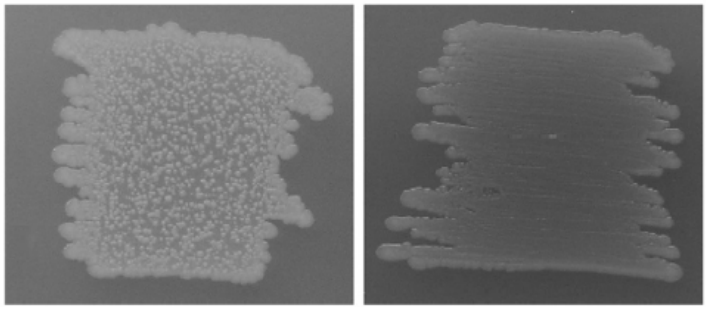


Abb. 4: Bistabilität von S. Typhimurium während des Abbaus von myo-Inositol (Kröger et al., 2011). Links: S. Typhimurium Wildtyp. Rechts: S. Typhimurium ΔiolR.

Die Charakterisierung eines neuartigen Transkriptionsfaktors, der nur bei Salmonellen vorkommt, die auch die GEI4417/4436 aufweisen, offenbarte eine noch komplexere Regulation der *iol*-Gene. So konnte gezeigt werden, dass neben den rein metabolischen Signalen auch Hauptvirulenzregulatoren eine Rolle für die Expression der GEI4417/4436-Gene spielen.

Relevante mikrobielle Stoffwechselwege zur Besiedelung von Darmnischen

Microbial metabolism relevant for gut niche occupation

Lena Staib

In einem neuen Projekt beschäftigen wir uns mit der Fähigkeit von Salmonellen, die ubiquitär im Säugetierdarm und in Lebensmitteln vorkommenden Verbindungen Ethanolamin und 1,2-Propandiol abzubauen (Srikumar&Fuchs 2011. Applied&Environmental Microbiology 77: 281-290). Ethanolamin ist ein Abbauprodukt von Phospholipiden, wie Phosphatidylcholin, welches in bakteriellen, tierischen und pflanzlichen Zellmembranen vorliegt.

Bei 1,2-Propandiol handelt es sich um ein Endprodukt aus der Fermentation von L-Fucose und L-Rhamnose. L-Fucose und L-Rhamnose sind in pflanzlichem Material zu finden. Des Weiteren liegt L-Fucose im Darm als endständiger Zucker der Glykokonjugate (stark glykosylierte Proteinkerne) der Mukusschicht vor. Die für den Metabolismus von Ethanolamin und 1,2-Propandiol benötigten Gene kommen nur in wenigen pathogenen Bakterien vor, interessanterweise auch in den Lebensmittelpathogenen *Salmonella enterica*, *Listeria monocytogenes* und *Clostridium perfringens*. Die Abbauwege von Ethanolamin und 1,2-Propandiol sind Vitamin B_{12} abhängig. Salmonellen sind in der Lage Vitamin B_{12} unter anaeroben Bedingungen selbst zu synthetisieren.

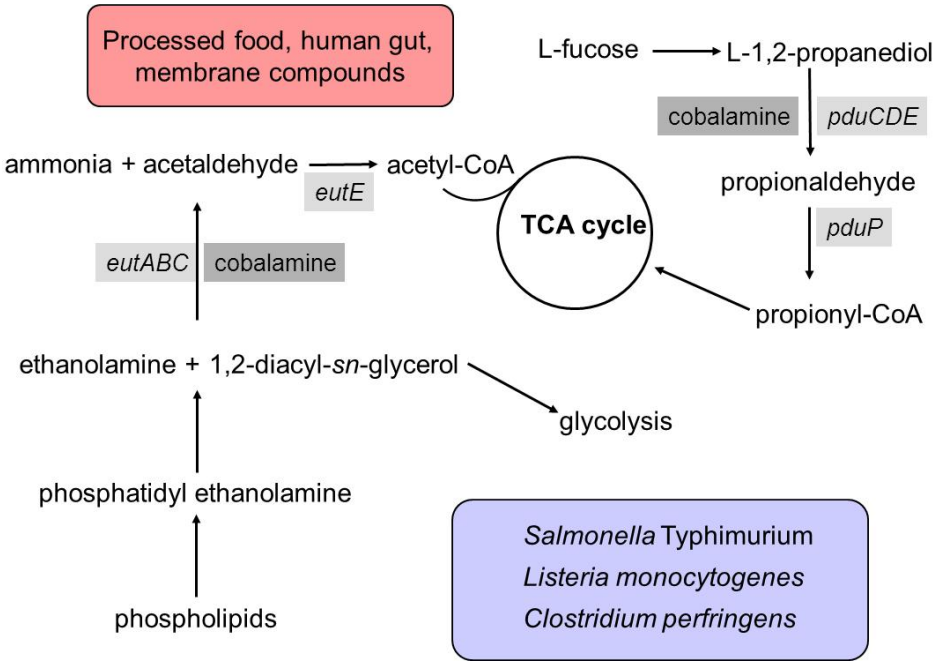


Abb. 5: Die von Vitamin B12 abhängigen Abbauwege von Phospholipiden (Ethanolabbau) bzw. von L-Fucose. Ethanolamine kann als Energie-, Stickstoff- und Kohlenstoffquelle für Bakterien dienen. Die aus dem Darmmucus gewonnene L-Fucose wird via 1,2-Propandiol verwertet. Von allen krankheitserregenden Bakterien besitzen lediglich die Lebensmittel-Pathogene Salmonella, Listeria und Clostridium beide Abbauwege (modifiziert nach Klumpp&Fuchs 2007 Microbiol. 153: 1207-1220).

Die hierfür benötigten Gene liegen benachbart zu den Genen für den 1,2-Propandiolabbau und ihre Expression wird durch 1,2-Propandiol induziert. Um einen Selektionsvorteil gegenüber der kommensalen Darmflora aus dem Metabolismus von 1,2-Propandiol und Ethanolamin zu erreichen, bedarf es des Elektronenendakzeptors Tetrathionat, welcher die anaerobe Atmung ermöglicht. Eine molekularbiologische Charakterisierung dieser Stoffwechselwege im Hinblick auf ihre Bedeutung während der Proliferation von Bakterien im Darm und in Lebensmitteln wird zurzeit durchgeführt. Neben der Charakterisierung des Abbaus von 1,2-Propandiol und Ethanolamin sollen weitere *in vivo* relevante Stoffwechselwege untersucht werden, die in der Gegenwart von Wirtszellen induziert werden. Hierzu wird eine Transposonmutantenbank von *Salmonella* Typhimurium hergestellt und in Zellkulturversuchen untersucht.

Das Projekt ist Teil des Graduiertenkollegs 1482 „Interface functions of the intestine between luminal factors and host signals".

Arbeitsgruppe: Emetische *Bacillus cereus*

Gruppenleiterin: Genia Lücking

Toxinproduktion von emetischen *Bacillus cereus*

Toxin production of emetic Bacillus cereus

Andrea Rütschle, Genia Lücking, Siegfried Scherer, Monika Ehling-Schulz[1], Elrike Frenzel[1], Timo Stark[2], Sandra Marxen[2] und Thomas Hofmann[2]

[1] Abteilung Funktionelle Lebensmittelmikrobiologie, Veterinärmedizinische Universität Wien

[2] Lehrstuhl für Lebensmittelchemie und molekulare Sensorik, WZW, TU München

Bacillus cereus spielt als Lebensmittelverderber und potentielles Pathogen in der Lebensmittelindustrie eine große Rolle. In den letzten Jahren häufen sich Berichte über Intoxikationen, welche durch das von *B. cereus* produzierte emetische Toxin (Cereulid) verursacht wurden. Die Aufnahme von Cereulid über ein kontaminiertes Lebensmittel führt typischerweise zum Erbrechen, kann jedoch vereinzelt auch schwerwiegendere Erkrankungen (z.B. Hepatitis) hervorrufen.

Schwerpunkt eines interdisziplinären Forschungsprojektes mit Prof. M. Ehling-Schulz (Abteilung Funktionelle Lebensmittelmikrobiologie, Vetmed Wien) und Prof. T. Hofmann (Lehrstuhl für Lebensmittelchemie, TUM) ist die Untersuchung der Cereulidproduktion von emetischen *B. cereus* Stämmen mit unterschiedlichem Toxinbildungspotential. Hierfür wurde ein LC/MS-MS Nachweissystem zur Quantifizierung von Cereulid und dessen Strukturvarianten entwickelt. Ein Set von 80 verschiedenen emetischen *B. cereus* Stämmen wurde zusammengestellt und für den Vergleich des Cereulidproduktionsverhaltens jeweils in LB-Medium kultiviert und anschließend mittels UPLC-ESI+-TOF-MS vermessen. Das Stammprofiling wies eine breite Varianz der Toxinproduktionsfähigkeit auf. Von elf ausgewählten Stämmen dieses Stammsets wurde die Cereulidmenge mittels einem Triple- Quadrupol-Massenspektrometers und dem Einsatz von 13C-markierten internen Cereulidstandard exakt quantifiziert. Zusätzlich zu der chemischen Cereulidquantifizierungs-methode wurden die Toxinkonzentrationen der Proben anhand eines biologischen Nachweissystems mit HEp-2-Zellen bestimmt (Abb.1).

Mittels beider Methoden konnte gezeigt werden, dass die Cereulidbildung der Stämme stark variiert und sich unter den elf Isolaten Exemplare mit einem hohen, mittleren sowie geringen Toxinbildungspotential befinden. Diese Stämme werden nun zu weiterführenden Charakterisierungen und zur Ermittlung der Ursachen für die unterschiedliche Toxinproduktion herangezogen. Darüber hinaus soll im Rahmen des Projektes analysiert werden, welche Lebensmittelzusätze bzw. Inhaltsstoffe die Toxinbildung beeinflussen und ggf. hemmen können. Auch die Aufklärung des Transports und der Verbreitung von Cereulid sowie der molekularen Regulationsmechanismen der Toxinsynthese sollen weitere Erkenntnisse diesbezüglich bringen.

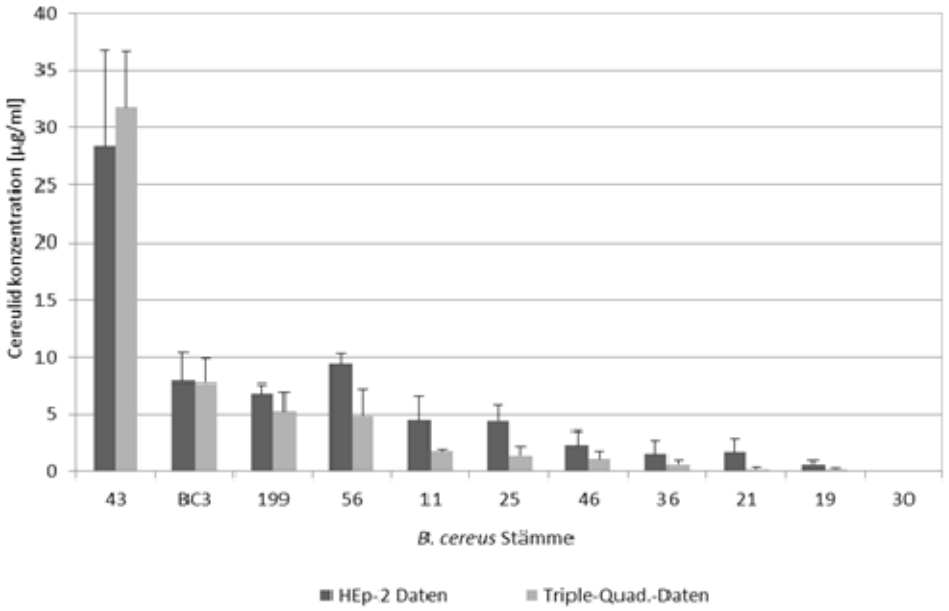


Abb. 1: Vergleich der Cereulidproduktion von 11 ausgewählten B. cereus Stämmen, die im LB-Medium für 24 h kultiviert wurden. Toxinkonzentrationen wurden mittels biologischer Messmethode (HEp-2 Zellkultur-Assay; dunkelgraue Säulen) sowie chemischer Messmethode (Triple-Quadrupol-Massenspektrometer; hellgraue Säulen) ermittelt. Gezeigt sind jeweils die Mittelwerte aus drei unabhängigen Messungen und die Standardabweichung.

Das Forschungsvorhaben (AiF 16845 N) wird im Programm zur Förderung der „Industriellen Gemeinschaftsforschung (IGF)" vom Bundesministerium für Wirtschaft und Technologie (via AiF) über den Forschungskreis der Ernährungsindustrie e.V. (FEI) gefördert.

Arbeitsgruppe: Enteropathogene *Bacillus cereus*

Gruppenleiterin: Viktoria Doll

Bacillus cereus ist ein ubiquitär vorkommender Bodenkeim und bekannter Lebensmittelvergifter. Auf Grund der Hitzeresistenz seiner Endosporen, der stark ausgeprägten proteolytischen Aktivität, aber besonders seines Toxinbildungsvermögens stellt *B. cereus* ein reales lebensmitteltechnologisches und -hygienisches Problem unter anderem in der Milch verarbeitenden Industrie dar. Das von emetischen *B. cereus* Stämmen produzierte Toxin Cereulid kann nicht durch Erhitzen inaktiviert werden und führt nach Aufnahme über die Nahrung zur Intoxikation, mit Übelkeit und Erbrechen als Folge. Häufiger kommt es allerdings zur Lebensmittelinfektion mit enteropathogenen *B. cereus* Stämmen, die im Dünndarm unterschiedliche Mengen an hitzelabilen Enterotoxinen (Nhe, Hbl, CytK) produzieren und so Durchfallerkrankungen verursachen. Da *B. cereus* in Deutschland nicht zu den meldepflichtigen Erregern zählt, wird die Prävalenz der *B. cereus*-assoziierten Erkrankungen wahrscheinlich deutlich unterschätzt. Weltweit zeigte sich in den letzten Jahren jedoch eine drastische Zunahme der durch *B. cereus* verursachten Lebensmittelinfektionen (EFSA 2009; Scallan *et al.*, 2011; Mead *et al*., 1999).

Beim Auftreten einer *B. cereus* Kontamination ist eine wissenschaftlich belastbare Risikoabschätzung hinsichtlich des Toxinbildungspotentials für die Lebensmittelindustrie unverzichtbar. Diese ist aber momentan aufgrund mangelnder Daten schwer möglich. Verschiedene *B. cereus* Stämme variieren stark in ihrem Toxizitätspotential. Das Spektrum reicht hier von Stämmen, die als Probiotika in der Tierzucht eingesetzt werden (Hong *et al.,* 2005), bis hin zu hoch toxinogenen Stämmen (Lund *et al.*, 2000), die bereits Todesfälle verursacht haben. Außerdem sind die genetischen Grundlagen der Toxinproduktion noch wenig bekannt. Im Rahmen eines FEI/AiF geförderten Projektes (AiF_17506N) sollen in Kooperation mit Prof. M. Ehling-Schulz (Institut für Funktionelle Mikrobiologie, Veterinärmedizinische Universität Wien) und Prof. E. Märtlbauer (Lehrstuhl für Hygiene und Technologie der Milch, LMU) geeignete Methoden entwickelt werden, die eine möglichst schnelle Unterscheidung zwischen enteropathogenen und apathogenen *B. cereus* Kontaminanten erlauben.

Um die praxisrelevante Unterscheidung von schwachen und starken Toxinproduzenten zu ermöglichen, analysieren wir die Präsenz, Transkription und Expression von Virulenz- und Regulatorgenen in *B. cereus* Stämmen mit unterschiedlichem Pathogenitätspotential. Im Mittelpunkt stehen hierbei die stammspezifischen Regulationsmechanismen der Enterotoxinproduktion unter variierenden Bedingungen, wie simulierten gastrointestinalen Bedingungen, im Zellkultursystem und *in vivo* Modellen.

Vergleichende Analyse der Virulenzfaktoren enteropathogener *Bacillus cereus* Stämme

Comparative analysis of virulence factors of enteropathogenic B. cereus strains

Marlies Böhm

Das opportunistische Pathogen *B. cereus* stellt besonders die Milchindustrie vor große Herausforderungen. Da sich *B. cereus* Kontaminationen in vielen Produkten technologisch kaum vermeiden lassen, ist im Kontaminationsfall eine fundierte Risikobewertung des enteropathogenen Potentials eines vorliegenden *B. cereus* Stamms unverzichtbar für die schnelle und zuverlässige Entscheidung über Freigabe oder Sperrung des Produkts. Allerdings reicht das momentan verfügbare Wissen über die An- oder Abwesenheit einzelner Virulenzfaktoren in einem Stamm nicht aus, um eine belastbare Risikoabschätzung vor zu nehmen. Die alleinige Anwesenheit eines Enterotoxingens, nachgewiesen über PCR, ermöglicht noch keine Aussage über die tatsächliche Expression des aktiven Toxins und die Konzentration, in der es im Wirt vorliegt. Zudem ist die Rolle zusätzlicher, möglicherweise noch unbekannter Virulenzfaktoren, sowie der Faktoren oder Regulationsmechanismen, welche starke von schwachen Toxinproduzenten unterscheiden nicht bekannt. Aus diesem Grund ist es Ziel unseres Projektes Stamm-spezifische Unterschiede in der Gensequenz, der Transkription und Expression bekannter Virulenzfaktoren zwischen enteropathogenen und nicht enteropathogenen *B. cereus* Stämmen zu identifizieren und zu charakterisieren.

Aus den vorhandenen Stammsammlungen soll ein repräsentatives *B. cereus* Stammset ausgewählt werden. Dieses Set soll sowohl bekannte enteropathogene als auch apathogene Stämme, sowie Stämme mit unterschiedlichen Toxinprofilen und Expressionsleveln (starke und schwache Nhe- und Hbl-Produzenten) enthalten. Die Genome ausgewählter *B. cereus* Stämme werden mittels *Next Generation Sequencing* Technologie am hauseigenen MiSeq Sequencer von Illumina sequenziert und assembliert. Die so erhaltenen Contig Daten ermöglichen in Kombination mit bereits veröffentlichen Genomsequenzen die vergleichende Genomanalyse von

diarrhöassoziierten und harmlosen *B. cereus* Stämmen. Durch den Vergleich einzelner Promotor- und Enterotoxingensequenzen auf DNS- und Aminosäureebene können phylogenetische Bäume (Abb. 1) erstellt und potentielle Markersequenzen für stark enteropathogene Stämme identifiziert werden.

Abb. 1: Phylogenetische Analyse des Enterotoxingen Clusters *nheABC* von 22 verschiedenen *Bacillus cereus* sensu lato Stämmen.

Darüber hinaus wird von den Stämmen des Stammsets die Transkriptmenge der Enterotoxingene, sowie globaler Regula-toren (z.B. *plcR*, *codY*, *fnr*) mittels quantitativer RT-PCR bestimmt und verglichen. Unterschiede in der Toxingen-transkription können zusätzlich über biolumineszente Mutanten (Luziferase-Reporter-System) nachgewiesen werden. Durch Fusion des Zielgen-Promotors an die *luxABCDE* Gene, kann die Promotoraktivität mit Hilfe einer hoch-sensitiven IVIS-Kamera direkt detektiert (Abb. 2) und am Victor[3] (multilabel plate counter) quantifiziert werden.

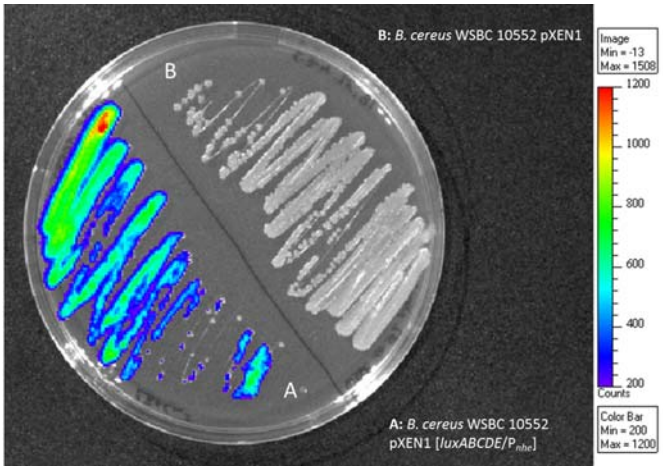


Abb. 2: Nachweis der Toxingen-Promotoraktivität in Luziferase-markierten *B. cereus*. Durch Fusion des Promotors für das Enterotoxingencluster *nheABC* (P_{nhe}) mit den Luziferase Genen *luxABCDE* in pXEN1 kann die Induktion des Promotors unter variierenden Bedingungen als Lichtsignal detektiert werden (**A**). Die Biolumineszenz wird an einer Hamamatsu 2400-32 Kamera quantifiziert. *B. cereus* mit dem Reporterplasmid pXEN1 ohne Promotor zeigt keine Aktivität (**B**).

Insbesondere Untersuchungen zur Kinetik der Toxingenexpression im Wachstumsverlauf unter verschiedenen Wachstumsbedingungen (optimale Laborbedingungen vs. simulierte intestinale Bedingungen) sollen Aufschluss geben über die individuelle Anpassungsfähigkeit einzelner *B. cereus* Stämme an die gastrointestinalen Bedingungen im Wirt. Diese Daten können wichtige Erkenntnisse liefern hinsichtlich der Ursachen des stamm-spezifischen Toxizitätspotentials enteropathogener *B. cereus*.

Das Vorhaben wird aus Mitteln des Bundesministeriums für Wirtschaft und Technologie im Rahmen der industriellen Gemeinschaftsforschung der AiF (Forschungsvorhaben 17506N) gefördert.

Dissertationen, Diplom-, Master- und Bachelorarbeiten

Dissertationen

Gutser Klaus: Dr. rer. nat., Technische Universität München, 23.04.2012: „Biodiversity and control od Staphylococcus aureus in the dairy chain“

Doll Viktoria: Dr. rer. nat., Technische Universität München, 27.06.2012: „Analysis of *Bacillus cereus* virulence factors *in vitro* and *in vivo* – Old friend back again“

Bauer Tobias: Dr. rer. nat., Technische Universität München, 02.10.2012: „The *Bacillus cereus* toxin cereulide: Quantification and its biological The Bacillus cer“

Masterarbeiten

Auer, Franziska: „Further characterization of the GlnR dependent regulation of the nitrogen metabolism in *L. monocytogenes*”

Hücker, Sarah: „Charakterisierung antiparallel überlappender nicht-annotierter Gene in E. coli O157:H7 EDL933”

Schürch, Lisa: „Weiterführende Charakterisierung der Nitrit- und Stickstoffmonoxid-Stressantwort von *Salmonella enterica* Serovar Typhimurium“

Schindele, Franziska: „Further characterization of the nitrogen metabolism in *Listeria monocytogenes*“

Bachelorarbeiten

Ospina Stella, Alberto: „Further characterization of the nitrogen metabolism in *Listeria monocytogenes*“

Gebrande, Clara Maria: „Untersuchungen zur Freisetzung der toxischen Komponente TcaA der insektiziden Pathogenitätsinsel tc-PAI in Yersinia enterocolitica W22703“

Loos, Christiana: „Promotorstudien zum Einfluss von ReiD auf Gene des myoInositolmetabolismus“

Opferkuch, Eva-Maria: „Lipolytische und proteolytische Aktivität von Rohmilch-Mikrobiota“

Veröffentlichungen

Fuchs TM, Eisenreich W, Kern T, Dandekar T (2012). Toward a systemic understanding of Listeria monocytogenes metabolism during infection Frontiers in microbiology, Vol. 3, Article 23:1-12

Fuchs TM, Eisenreich W, Heesemann J, Goebel W (2012). Metabolic adaptation of human pathogenic and related nonpathogenic bacteria to extra- and intracellular habitats FEMS Microbiol Rev 36: 435-462

Frenzel E, Doll V, Pauthner M, Lücking G, Scherer S, Ehling-Schulz M (2012). CodY orchestrates the expression of virulence determinants in emetic Bacillus cereus by impacting key regulatory circuits. Molecular Microbiology 85:67-88

Kabisch J, Pichner R, Kaspar D, Wüstner S, Müller S, Scherer S, Gareis M (2012). Infektionserreger in Rohwursterzeugnissen – Wirkung von Nitritpökelsalz auf grampositive Erreger in Rohwurst. Fleischwirtschaft 2:93 - 99

Madeo M, O´Riodan N, Fuchs TM, Utratna M, Karatzas KAG, O´Byrne C (2012). Thiamine plays a critical role in the acid tolerance of Listeria monocytogenes FEMS Microbiol Lett 326:137-143

Mir K, Neuhaus K, Scherer S, Bossert M, Schober S (2012). Predicting statistical properties of open reading frames in bacterial genomes PLOS one 7, 9,e45103:1-12

Rieser G, Scherer S, Wenning M (2012). Naumannella halotolerans gen. nov., sp. nov., a Gram-positive coccus of the family Propionibacteriaceae isolated from a pharmaceutical clean room and from food. Int J Syst Evol Microbiol. 62:3042-3048

Schmidt, VS, Kaufmann V, Kulozik U, Scherer S, Wenning M (2012). Microbial biodiversity, quality and shelf life of microfiltered and pasteurized extended shelf life (ESL) milk from Germany, Austria and Switzerland. Int. J. Food Microbiol. 154:1-9

Schmidt V, Wenning M, Scherer S (2012). Sphingobacterium lactis sp. nov. and Sphingobacterium alimentarium sp. nov., isolated from raw milk and a dairy environment. IJSM 62:1506-1511

Seiler H, Schmidt V, Wenning M, Scherer S (2012). Bacillus kochii sp.nov., isolated from foods and a pharmaceuticals manufacturing site IJSM 62:1092-1097

Seiler H, Bleicher A, Busse H-J, Hüfner J, Scherer S (2012). Psychroflexus halocasei sp. nov., isolated from a microbial consortium on a cheese. IJSM 62:1850-1856

Stark T, Marxen S, Rütschle A, Lücking G, Scherer S, Ehling-Schulz M, Hofmann T (2012). Mass spectrometric profiling of *Bacillus cereus* strains and quantitation of the emetic toxin cereulide by means of stable isotope dilution analysis and HEp-2 bioassay. Anal Bioanal Chem. 2012 Oct 19

Lehrstuhl für VWL – Umweltökonomie und Agrarpolitik

Adresse

Alte Akademie 14
85350 Freising
Telefon: +49.8161.71.3406
Telefax: +49.8161.71.3408
Internet: http://ap.wzw.tum.de/index.php?id=2

Personal

Leitung:	Prof. Dr. Klaus Salhofer	71-3407
Wiss. Mitarbeiter:	Paul Feichtinger	-3510
	Dr. Thilo Glebe	-5965
	Magnus Kellermann	-3576
	Andreas Widenhorn	-3574
Sekretariat:	Roswitha Weinbrunn	-3406
	Monika Zoulek	-3590

Forschung

Dairy farming on permanent grassland: can they keep up?
Magnus Kellermann[1], Klaus Salhofer[1] (2012): Unpublished manuscript.

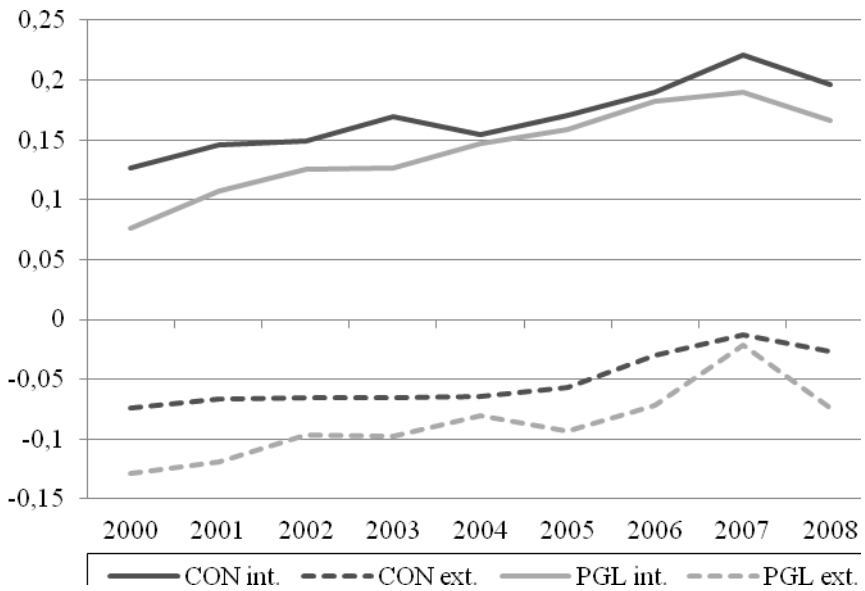
About one third of the agricultural area in the European Union is under permanent grassland. Besides being an important basis for agricultural production, grasslands provide a variety of essential environmental and social benefits. For instance grasslands act as a carbon sink (Soussana et al., 2007) and generally ensure a high level of biodiversity as they provide habitats for flora and fauna (Pflimlin and Poux, 2005). The preservation of ground and surface water quality and the provision of an attractive environment for recreational activities and tourism are additional benefits (e.g. Prochnow et al., 2009; Peeters, 2009). However, the productive potential of permanent grassland can only be exploited by ruminants and with some limitations by biogas plants. In many grassland regions dairy farming plays a key role in agricultural production. In the European heartland, the regions with agricultural production solely based on permanent grassland are generally found in elevated and mountainous areas e.g. in the surroundings of the Alps and the Massif Central. Dairy farms in these areas often face some natural disadvantages. First and foremost, the cultivation of fodder crops such as silage maize is not feasible because of comparably high precipitation, lower average annual temperature and a shorter vegetation period (Hein, 2002; Meisser and Wyss, 1998).

[1] Lehrstuhl für VWL – Umweltökonomie und Agrarpolitik, Technische Universität München

One key figure that illustrates the effect of these circumstances is the relatively low energy yield per hectare of permanent grassland compared to maize silage. Nevertheless, these dairy farmers have to compete with farmers growing fodder crops on arable land because in most cases they are acting on the same markets. For one thing, the physical distances to the more favorable areas are only minor. Referring to the zones of ruminant rearing systems in Europe identified by Pflimlin et al. (2005) we find areas labeled as “arable land and livestock regions” and “forage crops regions with temporary grassland plus maize” in close proximity to the permanent grassland regions in parts of Austria, Switzerland, southern Germany and the eastern part of France. For another, in many cases the produced milk is not especially promoted to generate higher farm prices, for example as “milk solely produced from permanent grassland”. Though, certain changes in the marketing of these products can be observed e.g. promotion of high-quality cheese in the context of a Protected Designation of Origin, given the ongoing market liberalization in the dairy sector and the latest farm-price fluctuations, serious concerns exist whether dairy farms operating solely on permanent grassland can compete with farms using arable land to produce fodder crops, specified herein as conventional farms. We examine whether grassland dairy farms in southern Germany are able to keep up with their conventional counterparts in regard to productivity. In order to compare the relative productivity levels of the different groups of farms we provide a group- and chain-linked multilateral productivity index. This index gives us the possibility to analyze the productivity variation within as well as between different groups in a sample and how this productivity variation develops over time. We separately estimate parametric translog output distance functions for each group to represent their production technology, using a stochastic frontier approach. To account for different degrees of intensification within the two separated groups, we apply a latent class model. Our farm level dataset contains 9482 observations of 1142 specialized Bavarian dairy farms observed over the years 2000 to 2008. 958 farms are identified as conventional farms, while 184 farms are permanent grassland farms. The latent class model identifies more intensive and extensive production technologies for both groups of farms. As a result we altogether compare four groups of farms. We find that the permanent grassland farms are on average smaller in terms of produced output (-57.1%). They use more labor (32.9%), land (5.7%) and capital (9.8%) but less intermediate inputs (-19.5%) per output. We also find that grassland farming is strongly connected to altitude. The grassland farms in our sample are all located in the Alps, the alpine uplands and the uplands of the Bavarian Forest. Most of them are operating in elevated areas, more than 600 meters above sea level. In contrast most of the conventional farms are located between 300 and 600 meters above sea level. Differences between the intensive and the extensive classes manifest mainly in the milk yield per cow and year and the livestock density per ha forage area. Surprisingly, despite the higher milk yields per cow in the intensive classes, we find higher costs for veterinary services per cow in the extensive classes. Likewise, costs of concentrate per cow are larger for extensive farms. Both observations may be explained by better management skills in the intensive classes. This argument is supported by observed educational differences. The highest percentage of farm managers with no agricultural education is found in the extensive grassland class (14.1%) whereas the lowest is found in the intensive conventional (6.7%) class. Contrariwise, about twice as many farmers (32%) in the intensive conventional class have received higher agricultural education compared to the extensive grassland class (16.5%). For the extensive conventional (23.2%) and the intensive grassland (20.7%) class the respective figures lie somewhere in between.

Taking the observed outputs and inputs into account, the multilateral productivity index as initially defined by Caves et al. (1982) provides a measure of the productivity level of all production units relative to one hypothetical average reference unit. As we have divided our sample in several subgroups and we have panel data available we construct a group- and chain-linked version of this multilateral index. This index then provides a measure of the level of productivity for each unit i in each group g and each time period t relative to the overall hypothetical reference unit in the base year $t = 1$. Furthermore we obtain information on the variability of TFP within and between the groups and how this variability develops over time. In this application we are mainly interested in productivity gaps between the four identified groups of dairy farms. Figure 1 summarizes the main results. It shows the percentage deviation of the four groups' hypothetic reference farm from the overall reference farm in the base year and its development over time.

Figure 1: Percentage deviation of each group's reference unit total factor productivity from the total factor productivity of the overall hypothetical reference unit in the base year 2000 - 2008



Starting in the base year 2000 we find the class of intensive conventional (CON) farms to be 12.7% more productive than the overall average. The average productivity of the intensive permanent grassland (PGL) farms also lies well above the overall average (7.6%). On the contrary, the extensive classes are consequently underperforming (-12.8% and -7.4%). The ranking of the four groups doesn't change during the observed period. Both CON classes are more productive than their PGL counterparts. However our distinction between intensive and extensive classes shows that highly productive grassland farms exist which can keep up with the conventional farms and that those farms are predominantly found in the more intensive class of farms. The more substantial productivity gap exists between the intensive and extensive classes rather than between the conventional and the grassland classes. Figure 1 also reveals that the PGL classes seem to be able to catch up with the CON classes. From the base year towards 2008 the intensive and extensive PGL classes increase their productivity by 9.1% and 5.5% respectively compared to 6.9% and 4.8% for the intensive and extensive CON classes.

Given that the extensive class of permanent grassland farms shows the lowest productivity suggests a possible shift towards more intensive production technologies in permanent grassland regions. This could either occur because extensive farms are more prone to leave the market or because farmers manage to steadily increase the intensity of their production. However, regarding the aforementioned additional benefits (biodiversity, carbon storage, landscape) of cultivated permanent grassland we have to stress that these benefits predominantly apply to a more extensive form of cultivation (Poetsch, 2007). These ambiguous results address policy makers in two ways. On the one hand stimulation of further intensification can help to improve productivity in the dairy sector, especially in permanent grassland regions. On the other hand, exactly where we identify the greatest potential for productivity gains, further intensification could be counterproductive in regard to the provision of external benefits.

REFERENCES

Caves, D. W., Christensen, L. R. and Diewert, W. E. (1982a). Multilateral comparisons of output, input, and productivity using superlative index numbers. *The Economic Journal* 92: 73–86.

Hein, W. (2002). Silomaisanbau in klimatischen Grenzlagen. In Ruescher E. (ed), *Silomais und Feldfutterbau im Alpenraum.* Proceedings of Silomaisfachtagung 2002. Agricultural Research and Education Center (AREC) Raumberg-Gumpenstein, 21–26.

Meisser, M. and Wyss, U. (1998). Wettereinfluss auf Wachstum und Reifung von Silomais. In: *Agrarforschung* 5: 317–320.

Peeters, A. (2008). Importance, evolution, environmental impact and future challenges of grasslands and grassland-based systems in Europe. *Grassland Science* 55: 113–125.

Pflimlin, A., Buczinski, B. and Perrot, C. (2005). Proposition de zonage pour préserver la diversité des systèmes d'élevage et des territoires européens. *Fourrages* 182: 311–329.

Pflimlin, A. and Poux, X. (2005). Biodiversity of grasslands and livestock systems in Europe – Redefining the political issues. In Lillak, R., Viiralt, R., Linke, A. and Geherman, V. (eds), *Integrating efficient grassland farming and biodiversity*. Proceedings of the 13th International Occasional Symposium of the European Grassland Federation, Tartu, Estonia, 221 – 226.

Poetsch, E.M. (2007). LIFS and livestock production – grassland and dairy farming in Austria. In Biala, K.; Terres, J.-M.; Pointerau, P.; Paracchini, M.L. (eds), *Low Input Farming Systems: an Opportunity to Develop Sustainable Agriculture*. Proceedings of the JRC Summer University, Ranko, 33–38.

Prochnow, A., Heiermann, M., Plöchl, M., Linke, B., Idler, C., Amon, T. and Hobbs, P.J. (2009). Bioenergy from permanent grassland – A review: 1. Biogas. *Bioresource Technology* 100: 4931-4944.

Soussana, J.F. et al. (2007). Full accounting of the greenhouse gas (CO2, N20, CH4) budget of nine European grassland sites. *Agriculture, Ecosystems and Environment* 121: 121-134

Nachfrageschätzungen für Milch und Fleisch in Österreich

Using a Generalized Differenced Demand Model to Estimate Price and Income Elasticity for Milk and Meat in Austria

Andreas Widenhorn[2]; Klaus Salhofer[1]

Die korrekte Schätzung von Nachfrageelastizitäten nimmt traditionell eine wichtige Rolle bei der Untersuchung von Märkten im Lebensmitteleinzelhandel (LEH) ein. Sowohl für Unternehmen im Rahmen der Preispolitik als auch für Regierungen, bei der Frage der Auswirkungen etwaiger Besteuerungen, sind verlässliche Schätzwerte für Nachfragereaktionen unersetzlich. Während neuere Studien für Deutschland und einige andere Gebiete Europas vorhanden sind (Thiele 2008, Bouamra-Mechemache et al. 2008), widmen wir uns dem österreichischen LEH, wo entsprechend aktuelle Informationen über die Konsumentenreaktionen auf Veränderungen in Preisen und Einkommen Mangelware sind. In unserem Falle betrachten wir eine Reihe aggregierter Produktkategorien, namentlich Milch, Butter, Fleisch, Obst und Gemüse, wobei die Kategorien Milch und Fleisch zusätzlich auf einem etwas stärker differenzierten Level analysiert werden.

Unseren Untersuchungen zugrunde liegt ein Datensatz von RollAMA Österreich, welcher Informationen über die gekauften Mengen und Ausgaben der genannten Produktgruppen für den Zeitraum zwischen 1997 und 2009 beinhaltet. Es handelt sich hierbei um Monatsdaten, sodass knapp 150 Beobachtungszeitpunkte zur Verfügung stehen. Als Ergänzung hierzu finden Jahresdaten der OECD für den Zeitraum von 1977 bis 2010 Anwendung. Als Schätzmodell herangezogen wird das Generalized Ordinary Differenced Demand Model (GODDS), welches auf Barten (1993) zurückgeht. Das GODDS deckt vier verschiedene Nachfragemodelle ab, deren Tauglichkeit für den konkreten Datensatz empirisch getestet werden kann.

Die Schätzung der Nachfrageelastizitäten erfolgt in drei Stufen, zunächst bezüglich der Reaktionen für Essen insgesamt, dann für die aggregierten Kategorien Milch, Butter, Fleisch, Obst und Gemüse, und letztlich für die Teilkategorien Trinkmilch, Käse und andere Milchprodukte sowie Schweinefleisch, Geflügel und Rind. Für die schwächeren Aggregationsstufen finden sich in der Literatur verschiedene Ansätze. Gegenüber isolierten Schätzungen argumentieren Edgerton (1997) und Bouamra-Mechemache et al. (2008), dass die Integration der allgemeineren, aggregierteren Stufen zu genaueren Werten führt. Wir prüfen in unserem Fall, inwiefern die Einbeziehung höherer Produktaggregations-Stufen bei der Schätzung bedeutsam sein kann.

Tabelle 1 fasst die drei geschätzten Stufen zusammen:

Während die Ergebnisse der ersten Stufe darlegen, dass die Nachfrage nach Essen insgesamt unelastisch ist, ergeben sich auf der zweiten Stufe ebenfalls großteils unelastische Reaktionen, mit der Ausnahme der Kategorie Butter. Auf der disaggregierteren dritten Stufe hingegen zeigen sich elastische Reaktionen für Trinkmilch und Käse, sowie auch für Schweinefleisch und Rind. Für Käse beispielsweise wird ein Wert von -1.34 geschätzt, dieser ist gleichbedeutend mit einem Rückgang der Nachfrage nach Käse um 1.34% bei einem Preisanstieg für Käse um 1%. Für Trinkmilch liegt der entsprechende Wert bei -0.93, für Schweinefleisch bei -1.24 und bei Rind bei -1.48.

[2] Lehrstuhl für VWL – Umweltökonomie und Agrarpolitik, Technische Universität München

Tabelle 1: Die drei bei der Schätzung involvierten Stufen

1. Stufe	Essen					Non-food
2. Stufe	Milch	Butter	Obst	Fleisch	Gemüse	
3. Stufe	• Trinkmilch • Käse • Andere Milchprodukte (ohne Butter)			• Rind • Schwein • Geflügel		

Bei einer Erhöhung des Einkommens hingegen liegen die österreichischen Konsumenten mit ihrer Nachfragereaktion für alle betrachteten Produkte durchweg im unelastischen Bereich. Referenzwerte für Milchprodukte finden sich sowohl in Bouamra-Mechemache et al. (2008), wo Werte für 16 verschiedene Studien für Europa genannt werden, als auch in Thiele (2008) für Fleisch im deutschen LEH. Hierbei ergeben sich zwei Erkenntnisse: 1) Die Nachfrage nach Trinkmilch und Käse ist in Österreich im europäischen Vergleich am oberen Limit der Sensibilität. Gleiches gilt auch für Schweinefleisch und Rind im Vergleich zu Deutschland. 2) Es ergeben sich Unterschiede je nachdem, ob die ersten beiden Stufen der Schätzung gemäß Edgerton (1997) einbezogen werden oder nicht. Der Einbezug verringert zwar teilweise die Differenzen zu den Werten der übrigen Länder in Europa, ändert aber nichts an dem grundsätzlichen Ergebnis vergleichsweise preissensibler Konsumenten in den Bereichen Trinkmilch, Käse, Schweinfleisch und Rind in Österreich.

Folglich muss in Österreich mit starken Nachfragereaktionen gerechnet werden, wenn beispielsweise Schweinefleisch oder Rind besteuert wird. Insbesondere gilt auch, dass auf Unternehmensebene hinsichtlich der eher homogenen Produktgruppe Trinkmilch entsprechende Preissenkungen Konsumenten stärker anlocken können als in anderen Gebieten Europas.

Literatur

Barten, A. P. (1993). Consumer Allocation Models: Choice of Functional Form. In: Empirical Economics 18: 129-158.

Bouamra-Mechemache, Z., Réquilart, V., Soregaroli, C. and Trévisiol, A. (2008). Demand

For Dairy Products in the EU. In: Food Policy 33: 644-656.

Edgerton, D.L. (1997): Weak Separability and the Estimation of Elasticities in Multistage Demand Systems. In: American Journal of Agricultural Economics 79 (1): 62-79.

Thiele, S. (2008). Elastizitäten der Nachfrage privater Haushalte nach Nahrungsmitteln – Schätzung eines AIDS auf Basis der Einkommens- und Verbrauchsstichprobe 2003. In: Agrarwirtschaft 57 (5): 258-268.

Lehrstuhl für Lebensmittelverpackungstechnik und Fraunhofer-Institut für Verfahrenstechnik und Verpackung

Adresse

Weihenstephaner Steig 22
TU München-Weihenstephan
D-85350 Freising

Fraunhofer-Institut für Verfahrenstechnik und Verpackung
Giggenhauser Str. 35
D- 85354 Freising

Telefon: 0 81 61/491-124
Telefax: 0 81 61/491-222
Internet: www.ivv.fraunhofer.de
E-Mail: info@ivv.fraunhofer.de

Personal:

Leitung: Prof. Dr. Horst-Christian Langowski
Inhaber des Lehrstuhls für Lebensmittelverpackungstechnik

Tel. 0 81 61/491-101
Fax 0 81 61/491-111
E-Mail: horst-christian.langowski@ivv.fraunhofer.de

Forschung

Einsatzmöglichkeit einer antimikrobiell ausgerüsteten Deckelplatine bei der Verpackung von Milchprodukten

Doris Gibis, Dr. Klaus Rieblinger, Sonja Mörz
Lehrstuhl für Lebensmittelverpackungstechnik TUM und Fraunhofer IVV

1 Problemstellung

An verpackte Lebensmittel werden sowohl von Seiten der Konsumenten als auch des Handels innerhalb der Mindesthaltbarkeitsdauer sehr hohe Qualitätsansprüche gestellt. Seitens der Hersteller und der Abpacker werden daher immer größere Anstrengungen unternommen, um diese hohen Qualitätsansprüche zu erreichen. Die Lebensmittelqualität basiert sowohl auf der Qualität der Rohstoffe, schonenden Produktionsverfahren sowie auch auf Verpackungsmaßnahmen zum Erhalt der Produktfrische. Dabei müssen Produktion und auch Verpackung unter hygienischen Gesichtspunkten erfolgen, um mikrobiologische Sicherheit zu gewährleisten. Der in der Umgebung des Füllgutes vorhandene Sauerstoff hat ebenfalls einen schädigenden

Einfluss auf das Lebensmittel und muss daher möglichst aus der Packung ausgeschlossen werden. Bei transparent verpackten Produkten wirken zusätzlich durch Lichteinfluss katalysierte Oxidationsreaktionen schädigend auf das Produkt ein. Um den Verpackungsaufwand möglichst gering zu halten sowie hinreichend lange Lagerzeiten zu erreichen, müssen alle diese Faktoren beachtet werden [1; 2; 3; 4; 5; 6; 7; 8].

Um kostenoptimierte Verpackungen zu produzieren, ist es notwendig zu wissen, mit wie viel Sauerstoff ein Lebensmittel reagieren darf, ohne dass daraus sensorisch erkennbare Qualitätsveränderungen eintreten [9]. Wenn diese sog. Sauerstofftoleranz bekannt ist, kann die Verpackung gezielt auf das Produkt angepasst werden. Die Sauerstofftoleranz wird in der Regel als sensorische Grenze verstanden, bei der eine Qualitätsveränderung störend wahrnehmbar ist [10; 11]. Um optimale Verpackungslösungen zu erhalten, fehlen aber häufig noch wesentliche Kenntnisse, v.a. über den zum Abfüllzeitpunkt im Füllgut gelösten Restsauerstoff sowie die spezifische Sauerstofftoleranz des Lebensmittels selbst. In der Literatur finden sich bislang nur sehr wenige quantitative Angaben über die Sauerstofftoleranzen verschiedener Lebensmittel [12; 13; 14; 15], die zudem vor Jahrzehnten auf der Basis der seinerzeit verfügbaren Messtechnik bestimmt wurden. So wird z.B. für Bier eine Sauerstofftoleranz von 1 - 4 mg/kg angegeben. Nach heute gültiger praktischer Erfahrung ist dieser Wert jedoch deutlich zu hoch angesetzt. Daher ist anzunehmen, dass ähnliche Unsicherheiten auch für alle anderen derzeit verfügbaren Literaturwerte bestehen. Auch für Milch zeigen die wenigen Quellen deutliche Differenzen bei den Angaben der Sauerstofftoleranzwerte (Tabelle 1). Für viele Lebensmittel, wie z.B. UHT-Sahne, sind überhaupt keine Werte verfügbar.

Tabelle 1: Sensorisch bestimmte Werte zur Sauerstofftoleranz einiger Lebensmittel

Lebensmittel	mg O_2 / kg [13]	mg O_2 / kg [12]
Bier	1 - 4	
Wein	3	
Milch	8	1 - 5
Milchpulver	15 (Anhaltswert)	
Emmentaler Käse	420	

2 Projektziel

Ziel des Projektes war es, für UHT-Sahne mit unterschiedlichen Fettgehalten exakte und reproduzierbare Werte zur physikalischen Sauerstoff-Aufnahme und zum Umfang von Abbaureaktionen des Sauerstoffs zu ermitteln. In Korrelation mit sensorischen Untersuchungen sollten dabei Aussagen über die Sauerstofftoleranz der UHT-Sahne getroffen werden. Aufgrund der unterschiedlichen Fettgehalte der einzelnen Proben waren dabei Unterschiede in den Sauerstofftoleranzwerten zu erwarten.

3 Lösungsweg

Auswahl der zu untersuchenden Proben

UHT-Sahne mit unterschiedlichen Fettgehalten (30 % bzw. 10 % Fett) wurde für die Untersuchungen ausgewählt, um den Einfluss unterschiedlicher Fettgehalte auf die Menge an gelöstem Sauerstoff in den Proben zu untersuchen. Dabei wurde Schlagsahne (30 % Fett) von 3

unterschiedlichen Herstellern aus dem Handel eingekauft sowie einmal direkt vom Hersteller bezogen. Kaffeesahne (10 % Fett) wurde ebenfalls sowohl aus dem Handel eingekauft als auch direkt vom Hersteller bezogen.

Bei den untersuchten Packungen handelte es sich um kopfraumfreie Kartonverpackungen aus Aluminium-Verbundkarton. Die Packungen hatten ein Fassungsvermögen von 1000 g (entspricht 977 ml bei Schlagsahne (30 % Fett) und 992 ml bei Kaffeesahne (10 % Fett)) bzw. 200 g (entspricht 195 ml Schlagsahne (30 % Fett)).

Durchführung der Untersuchungen
Zunächst wurde der zu Beginn der Untersuchungen vorhandene, im Produkt gelöste Rest-Sauerstoffgehalt durch das Messverfahren der Fluoreszenzlöschung der Firma PreSens Precision Sensing, Regensburg, in den Sahne-Packungen bestimmt. Über die gesamte Lagerdauer wurde dann die in der Sahne gelöste Rest-Sauerstoffmenge nach definierten Zeitintervallen überprüft.

In einem zweiten Versuch wurde den Sahneproben, die direkt vom Hersteller bezogen wurden, definierte Sauerstoffmengen zugegeben (Dotierungsreihe; Tabelle 2). Dadurch sollten Rückschlüsse auf die maximal vom Produkt verträgliche Sauerstoffmenge über der Lagerdauer bestimmt werden. Die Packungen wurden bei Raumtemperatur (20 °C) im Dunkeln gelagert. Zu definierten Zeitpunkten wurde in den Sahne-Packungen der Sauerstoffgehalt gemessen und die Sahne anschließend sensorisch hinsichtlich Aromafehlern untersucht (z.B. „oxidiert“; „ölig“). Die sensorischen Untersuchungen wurden dabei gemäß DLG-5-Punkte-Schema durchgeführt (Tabelle 3). Die kritische, sensorische Grenze (Akzeptanzgrenze) wurde dabei bei 2 Punkten angesetzt, da hier laut Definition deutliche Abweichungen am Produkt vorlagen.

Tabelle 2: Übersicht über die Dotierung unterschiedlicher Luft-Mengen zu den Sahne-Packungen (errechnete Sauerstoffmenge)

Proben (direkt vom Hersteller)	Dotierung bei 20°C [ml Luft/kg Sahne]	Dotierung [ml O_2/kg Sahne]*)	Dotierung [mg O_2/kg Sahne]*)	Dotierung [mg O_2/l Sahne]	
				D	F
Schlagsahne D (30 % Fett) bzw. Kaffeesahne F (10 % Fett)	0	0	0	0	0
	0,5	0,1	0,1	0,1	0,1
	5	1,0	1,3	1,4	1,3
	25	5,0	6,7	6,8	6,7
	50	10,0	13,3	13,6	13,4
	100	20,0	26,6	27,2	26,8

*) = berechnet (Sauerstoffgehalt der synth. Luft = 20 %; Dichte Sauerstoff: 1,331 g/l bei 20 °C)

Tabelle 3: DLG-5-Punkte-Schema [16]

Punkte	Qualitätsbeschreibung	Allgemeine Eigenschaften
5	Sehr gut	Keine Abweichungen von den Qualitätserwartungen
4	Gut	Geringfügige Abweichungen
3	Zufriedenstellend	Leichte Fehler
2	Weniger zufriedenstellend	Deutliche Abweichungen
1	Nicht zufriedenstellend	Starke Abweichungen
0	Ungenügend	Nicht bewertbar

4 Ergebnisse

Um die Menge an physikalisch gelöstem Sauerstoff in Sahne zu ermitteln, wurden Packungen aus dem Handel sowie Packungen, welche direkt vom Hersteller geliefert wurden, untersucht. Die Schlagsahnemuster wurden aus dem Handel von drei unterschiedlichen Herstellern (A, B, C) sowie einmal direkt vom Hersteller (D) bezogen. Kaffeesahne wurde einmal aus dem Handel (E) sowie einmal direkt vom Hersteller (F) bezogen. Die Messungen wurden nach einer Lagerung der Proben (bei 20 °C) bei Erreichen des angegebenen Mindesthaltbarkeitsdatums (MHD) wiederholt. Aus der Differenz zwischen Eingangsmessung und Messung am MHD ergab sich die Menge an Sauerstoff, die während der Lagerung durch chemische Reaktionen verbraucht wurde.

In Tabelle 4 ist eine Übersicht über die Menge an physikalisch gelöstem Sauerstoff in den Sahnepackungen zum Zeitpunkt der Eingangskontrolle bzw. des deklarierten MHD, sowie die daraus berechnete Menge an chemisch gebundenem Sauerstoff [mg O_2/l Sahne] dargestellt.

Die Untersuchungen zeigten, dass in Schlagsahne (30 % Fett) mehr Sauerstoff physikalisch gelöst war als in Kaffeesahne (10 % Fett). Bis zum Erreichen des angegebenen Mindesthaltbarkeitsdatums wurden von der Schlagsahne Sauerstoffmengen von 0 - 0,8 mg O_2/l chemisch gebunden und bei Kaffeesahne Sauerstoffmengen von 0,9 und 1,0 mg O_2/l. Demnach wurde im Laufe der Lagerung während der Restlaufzeit bis Erreichen des MHDs sowohl von Schlagsahne als auch von Kaffeesahne ein Teil des physikalisch gelösten Sauerstoffes verbraucht bzw. chemisch durch Oxidationsreaktionen gebunden.

Tabelle 4: Übersicht über die Menge an physikalisch gelöstem O_2 bzw. die von der Sahne bis zum MHD chemisch gebundene O_2-Menge [mg O_2/l Sahne] bei einer Lagerung unter 20 °C

Produkt		Restlaufzeit bis MHD	Menge an physikalisch gelöstem O_2 [mg O_2/l Sahne]		Von der Sahne dazwischen chem. gebundene O_2-Menge [mg O_2/l Sahne]
			Eingangs-kontrolle	bei Erreichen des deklarierten MHDs	
Schlagsahne (30 % Fett)	A	9 Wochen	3,1	2,8	0,3
	B	7 Wochen	3,1	3,0	0,1
	C	14 Wochen	3,2	3,2	0,0
	D	11 Wochen	4,0	3,2	0,8
Kaffeesahne (10 % Fett)	E	5 Wochen	2,3	1,4	0,9
	F	20 Wochen	1,3	0,3	1,0

Um den Einfluss von unterschiedlichen Anfangssauerstoffmengen in den Packungen auf die Qualität von Schlagsahne (30 % Fett) und Kaffeesahne (10 % Fett) zu ermitteln, wurden weitere Packungen mit einer Füllmenge von 1 Liter direkt vom Hersteller bezogen. Den Packungen wurde synthetische Luft über ein Septum mittels einer Spritze zugegeben und anschließend die Einstichstelle luftdicht mittels einer selbstklebenden Aluminiumfolie verklebt. Die daran anschließende Lagerung erfolgte bei 20 °C im Dunkeln. In Tabelle 2 ist eine Übersicht über die zugegebenen Luftmengen sowie den daraus berechneten Sauerstoffmengen dargestellt.

Zu unterschiedlichen Lagerzeitpunkten wurden dann Sahnepackungen entnommen und sowohl die Menge an physikalisch gelöstem Sauerstoff gemessen bzw. die von der Sahne durch Oxidationsreaktionen chemisch gebundene Sauerstoffmenge ermittelt, als auch eine sensorische Qualitätsbeurteilung gemäß dem DLG-5-Punkte-Schema (Tabelle 3) für die Merkmale Aussehen, Geruch und Geschmack durchgeführt. Die sensorische Prüfung zeigte, dass die Prüfer auf Veränderungen im Geschmack äußerst sensibel reagierten, wohingegen Veränderungen im Geruch oder im Aussehen erst später wahrgenommen wurden.

In Abbildung 1 ist die Bewertung des Qualitätsmerkmals „Geschmack“ über der Lagerzeit von Schlagsahne (30 % Fett) aufgetragen. Es zeigte sich, dass die Schlagsahneproben mit einer Sauerstoffdotierung mit 5 und mehr [ml O_2/kg] innerhalb von 11 Wochen Lagerdauer (MHD) vom Panel geschmacklich schlechter beurteilt wurden als die Proben, die mit 1 und weniger [ml O_2/kg] präpariert waren. Der anfangs physikalisch in der Schlagsahne gelöste Sauerstoff betrug 4,0 mg O_2/l. Die Proben mit einer Zugabe von $\leq$ 1 ml O_2/kg wurden nach 11 Wochen Lagerdauer noch mit 2 Punkten bewertet, wohingegen die Proben mit einer Zugabe von $\geq$ 5 ml O_2/kg vom Panel mit weniger als 2 Punkten als nicht mehr akzeptabel beurteilt wurden.

Daraus konnte abgeleitet werden, dass nach dem Abfüllen (in kopfraumfreie Verpackungen) maximal eine Sauerstoff-Menge von 5,4 mg O_2/l in den Packungen vorhanden sein darf, damit die Schlagsahne (30 % Fett) eine noch akzeptable Qualität hinsichtlich des Merkmals „Geschmack“ aufweist.

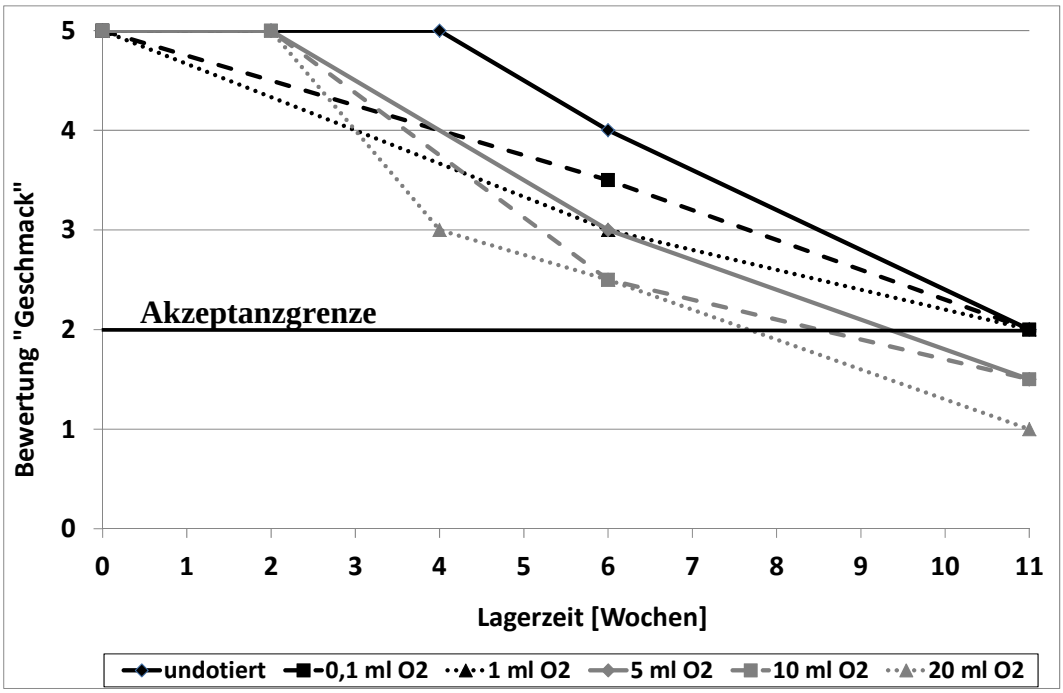


Abb. 1: Veränderung der sensorischen Geschmacksbewertung von Schlagsahne (30 % Fett) während der Lagerung bei unterschiedlicher Zugabe an Sauerstoff [0 – 20 ml O_2/kg Sahne] und einer Lagertemperatur von 20 °C

In Abbildung 2 ist die Bewertung des Qualitätsmerkmals „Geschmack“ über der Lagerzeit von Kaffeesahne (10 % Fett) aufgetragen. Es zeigte sich, dass die Kaffeesahneproben mit einer Sauerstoffdotierung mit 0,1 und mehr [ml O_2/kg] innerhalb von 21 Wochen Lagerdauer vom Panel geschmacklich schlechter beurteilt wurden als die Proben, die undotiert gelagert wurden. Der anfangs physikalisch in der Kaffeesahne gelöste Sauerstoff betrug 1,3 mg O_2/l.

Am Ende der Lagerdauer wurde lediglich die undotierte Probe vom Panel mit wenigstens 2 Punkten (gemäß DLG-5-Punkte-Schema; Tabelle 3) bewertet. Somit zeigte sich nur bei der Probe, bei der zu Beginn der Lagerdauer eine Sauerstoff-Menge von 1,3 mg O_2/l in der Kaffeesahne gelöst war, eine noch akzeptable Qualität hinsichtlich des Merkmals „Geschmack".

Daraus konnte abgeleitet werden, dass nach dem Abfüllen (in kopfraumfreie Verpackungen) maximal eine Sauerstoff-Menge von 1,3 mg O_2/l in den Packungen vorhanden sein darf, damit die Kaffeesahne (10 % Fett) eine noch akzeptable Qualität hinsichtlich des Merkmals „Geschmack" aufweist.

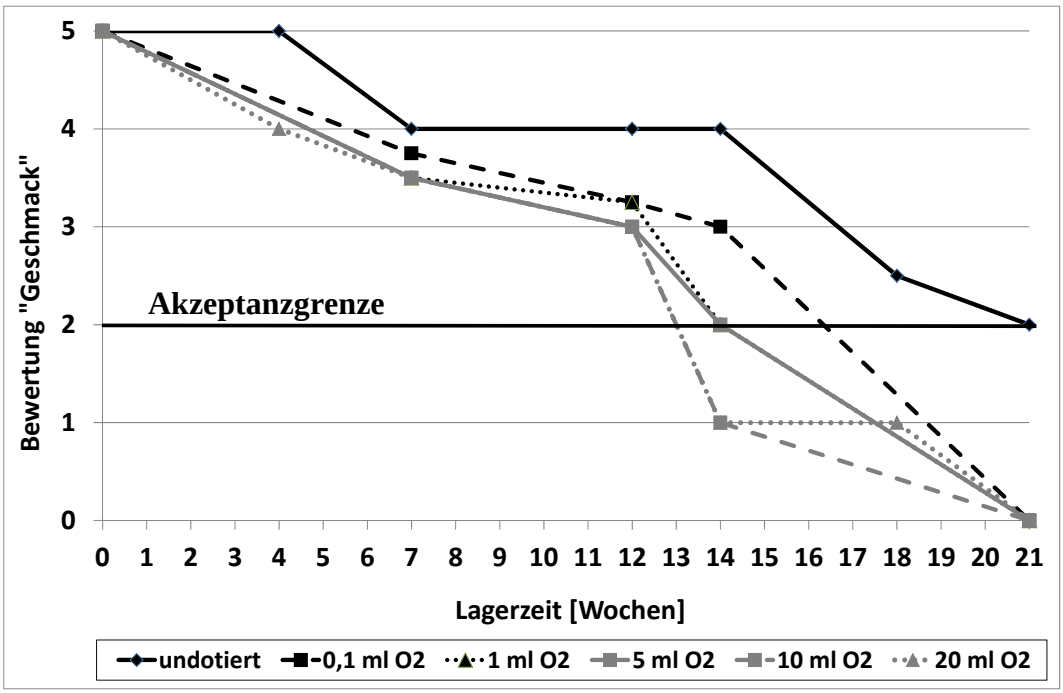


Abb. 2: Veränderung der sensorischen Geschmacksbewertung von Kaffeesahne (10 % Fett) während der Lagerung bei unterschiedlicher Zugabe an Sauerstoff [0 – 20 ml O_2/kg Sahne] und einer Lagertemperatur von 20 °C

Abbildung 3 zeigt die sensorische Beurteilung des Merkmals „Geschmack" von Schlagsahne (30 % Fett) sowie Kaffeesahne (10 % Fett) gemäß DLG-5-Punkte-Schema in Abhängigkeit von der verbrauchten bzw. chemisch durch Oxidationsreaktionen gebundenen Sauerstoff-Menge. Die sensorische Akzeptanzgrenze wurde im Falle der Schlagsahne nach einer Sauerstoff-Aufnahme von 0,8 mg O_2/l erreicht. Folglich konnte die Schlagsahne maximal 0,8 mg O_2/l aufnehmen, bis die sensorische Qualität vom Panel als nicht mehr akzeptabel hinsichtlich des Merkmals „Geschmack" beurteilt wurde.

Die Untersuchungen bei Kaffeesahne (10 % Fett) zeigten, dass die sensorische Akzeptanzgrenze bei einer vom Produkt verbrauchten bzw. chemisch durch Oxidationsreaktionen gebundenen Sauerstoff-Menge von 1,2 mg O_2/l hinsichtlich des Merkmals „Geschmack" erreicht wurde. Somit konnte von der Kaffeesahne maximal 1,2 mg O_2/l aufgenommen werden, bis die sensorische Qualität vom Panel als nicht mehr akzeptabel hinsichtlich des Merkmals „Geschmack" beurteilt wurde. Aufgrund des höheren Fettgehaltes bei Schlagsahne (30 %) ist diese offenbar sensibler gegenüber Sauerstoff als Kaffeesahne (10 % Fett), was zu einer geringeren Sauerstofftoleranz bei Schlagsahne führt.

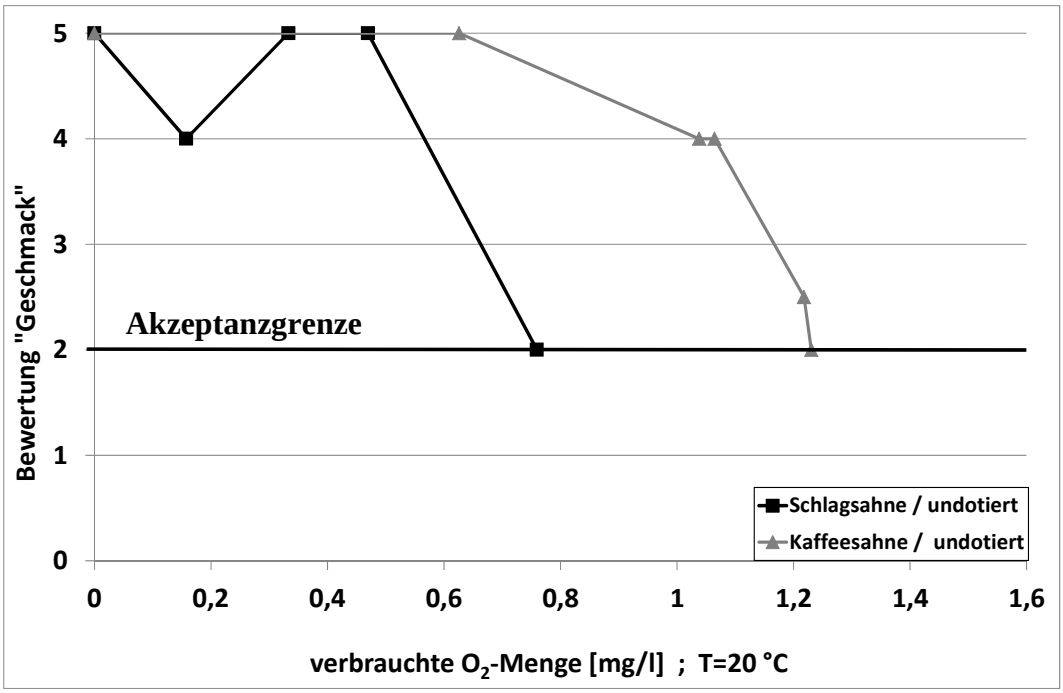


Abb. 3: Sensorische Beurteilung des Merkmals „Geschmack“ in Abhängigkeit von der verbrauchten Sauerstoff-Menge bei Schlagsahne (30 % Fett) und Kaffeesahne (10 % Fett); undotiert (0 ml O_2/kg Sahne) und einer Lagertemperatur von 20 °C

5 Schlussfolgerungen

Die Untersuchungen an Sahneproben in kopfraumfreien Verpackungen zeigten erwartungsgemäß, dass je höher der Anfangssauerstoffgehalt in den Packungen von Schlagsahne (30 % Fett) und Kaffeesahne (10 % Fett) ist, es zu einem schnelleren Erreichen der festgelegten Akzeptanzgrenze kommt. Dies entspricht bei Schlagsahne bei einem MHD von 11 Wochen einer maximalen Sauerstoffmenge von 5,4 mg O_2/l, welche nach dem Abfüllen in den Packungen vorhanden sein darf, damit die Schlagsahne eine noch akzeptable Qualität hinsichtlich des Merkmals „Geschmack“ aufweist. Bei Kaffeesahne entspricht dies einer Sauerstoffmenge von 1,3 mg O_2/l.

Die sensorischen Untersuchungen des Merkmals „Geschmack“ in Abhängigkeit von der von der Schlagsahne (30 % Fett) verbrauchten bzw. chemisch durch Oxidationsreaktionen gebundenen Sauerstoff-Menge zeigten, dass von der Schlagsahne maximal 0,8 mg O_2/l verbraucht werden dürfen, bis die gemäß Definition festgelegte Akzeptanzgrenze erreicht wurde. Bei Kaffeesahne (10 % Fett) wurde gezeigt, dass die festgelegte sensorische Akzeptanzgrenze erst bei einer Sauerstoff-Aufnahme von 1,2 mg O_2/l erreicht wurde und die Proben somit als nicht mehr akzeptabel hinsichtlich des Merkmals „Geschmack“ beurteilt wurden. Dies lässt sich darauf zurückführen, dass aufgrund des höheren Fettgehaltes die Schlagsahne (30 %) offenbar sensibler gegenüber Sauerstoff reagiert als Kaffeesahne (10 % Fett).

Im Handel finden sich neben kopfraumfreien Packungen jedoch auch Packungen mit Kopfraumvolumen. Für kopfraumhaltige Packungen stellt sich ein Gleichgewicht zwischen der Gasphase und der flüssigen Phase gemäß dem Henry´schen Gesetz ein. Aus diesem Grund müsste daher das O_2-Verhältnis zwischen Kopfraum und wässriger Phase, welches ca. 30:1 beträgt, zusätzlich noch berücksichtigt werden (bei einer gelösten O_2-Menge von 279,5 mg O_2/l Luft bzw. 9,1 mg O_2/l Wasser). Dies ist von besonderer Bedeutung, da im Gasraum be-

reits bei kleinen Volumina relativ große Mengen an Sauerstoff verglichen zur flüssigen Phase gelöst sein können. Folglich kommt es zu größeren Mengen an Sauerstoff in kopfraumhaltigen Packungen, wodurch die sensorische Akzeptanzgrenze schneller erreicht werden müsste. Dies würde sich auch auf die Haltbarkeit auswirken, was durch weitere Untersuchungen bestätigt werden könnte.

6 Literatur

1 Bekbölet, M. (1990): Light effects on food. J Food Protection 53: 430-440

2 Danzl, W. (2009): Lichteinfluss auf verpackte UHT-Milch. Jahrestagung IVV (2009) – Lebensmittel verpacken: Qualität – Convenience – Sicherheit

3 Langowski, Prof. Dr. H.C. (2006): Entwicklungen bei Kunststoffverpackungen für Molkereiprodukte – Teil I. dmz 7 / 2006

4 Langowski, Prof. Dr. H.C. (2006): Entwicklungen bei Kunststoffverpackungen für Molkereiprodukte – Teil II. dmz 8 / 2006

5 Müller, K.; Goldhan, G., Wunderlich, J.; Muranyi, P.(2007): Barrierefolien und MAP-Verpackungen für Milchprodukte – Teil I. dmz 9/2007

6 Adhikari, A.K.; Singhal, O.P. (1992): Effect of Dissolved Oxygen Content on the Flavour Profile of UHT Milk during the Storage. In: The Australian Journal of Dairy Technology 47 (1992) S.1-6

7 Alexander Saffert, Gabriele Pieper, Jan Jetten (2008): Effect of Package Light Transmittance on Vitamin Content of Milk. Part 2: UHT Whole Milk; Packag. Technol. Sci. 2008; 21:47-55

8 Veronika Kaufmann, Siegfried Scherer, Ulrich Kulozik (2010): Verfahren zur Verlängerung der Haltbarkeit von Konsummilch und ihre stofflichen Veränderungen (2010): ESL-Milch; J. Verbr. Lebensm. (2010) 5:59-64

9 Herlitze, W., Heiss, R., Becker, K. und Eichner, K.(1973): Die Sauerstoffempfindlichkeit von Lebensmitteln und die Berechnung einer verkausgerechten Kunststoff-Verpackung; Chemie Ingenieur Technik, 45.Jahrgang, Zweites April-Heft 1973, Heft 8, Seite 485-572

10 Andersson, I.; Öste, R.(1992): Sensory changes and free SH-groups in UHT-milk- In: Milchwissenschaft 47 (1992) S. 438-441

11 Schricker, G. (1982): Anforderungen an Verpackungsfolien zum Schutze des Packgutes; in: Kunststofftechnik; VDI-Verlag, Düsseldorf

12 Ahlhaus, O.E. (1997): Verpackung mit Kunststoffen; C. Hanser; München

13 Heiss, R., Eichner, K.(1997): Haltbarmachung von Lebensmitteln; Springer Verlag Berlin

14 Heiss, R., Radtke, R. (1962): Über den Einfluss von Licht, Sauerstoff und Temperatur auf die Haltbarkeitszeit verpackter Lebensmittel; Sonderdruck aus der Verpackungs-Rundschau, Technisch-wissenschaftliche Beilage; Heft 6, Seite 45-50

15 Hintze, Dr. F., Becker, Dr. K. und Heiss, Prof. Dr. R.(1965): Löslichkeit und Diffusion von Sauerstoff in Lebensmitteln; Fette Seifen Anstrichmittel (Sonderdruck), 67, 419-430 (1965)

16 MUVA, Kempten (2012): Schulungsunterlagen „Produktspezifische Sensorik: Milch, Milcherzeugnisse, Käse

Das Projekt wurde dankenswerterweise finanziell unterstützt von der Vereinigung zur Förderung der Milchwissenschaftlichen Forschung an der Technischen Universität München in Freising-Weihenstephan e.V.

ZIEL - Abteilung Technologie
Lehrstuhl für Lebensmittelverfahrenstechnik
und Molkereitechnologie

Adresse

Weihenstephaner Berg 1
85354 Freising-Weihenstephan

Telefon: 08161-71-3535 und -4205
Telefax: 08161-71-4384
Internet: http://www.lebensmittelverfahrenstechnik.de
E-Mail: Vorname.Name@tum.de

Personal

Leitung:	Univ.-Prof. Dr.-Ing. Ulrich Kulozik	-3535
Sekretariat:	Sabine Becker	-4205
	Friederike Schöpflin	-4205
Mitarbeiter:	Dipl.-Ing. Mathias Aschenbrenner (bis 31.12.2012)	-5056
	M.Sc. Sabine Ambros	-3856
	M.Sc. Simon Bauer	-5031
	M.Sc. Janina Brand	-3856
	Annette Brümmer-Rolf	-3937
	PhD Seronei Cheison	-5056
	Dipl.-Ing. (FH) Evelyn Dachmann	-5317
	Dipl.-Ing. Jannika Dombrowski	-3534
	Dipl.-Ing. Joseph Dumpler (ab 01.03.2012)	-3939
	Rosemarie Eberhard	-3942
	Christian Ederer	-3537
	Dipl.-Ing. Elisabeth Eschlbeck (ab 15.09.2012)	-3939
	Dr.-Ing. Petra Först (ab 01.04. komm. Vertretung Lehrstuhl für Verfahrenstechnik Disperser Systeme)	-3536/3289
	Franz Fraunhofer	-3537
	Dr. rer. nat. Ronald Gebhardt	-3536
	Carina Gerhard	-3937
	Cornelia Glashauser	-3856
	Christian Gottwald (ab 01.08.2012)	-2507
	Dipl.-Ing. (FH) Sabine Grabbe	-3534
	Dipl.-Ing. Christopher Guyot (bis 31.03.2012)	-5317
	Ilona Hager	-2474
	Brigitte Härter	-3941
	Dipl.-Ing. Hans-Jürgen Heidebrecht (ab 15.10.2012)	-3481
	Marianne Holzmann	-3937
	Dipl.-Ing. Wolfgang Holzmüller	-3534
	M.Sc. Sabine Husby (ab 15.06.2012)	-3719
	Dipl.-Ing. Malee Kallbach (ab 15.04.2012)	-5317
	Anne Keller (bis 31.12.2012)	-3940

Dipl.-Ing. Christian Kleemann (ab 01.07.2012)	-3719
Dipl.-Ing. (FH) Jeanette Kupfer (bis 31.12.2012)	-2474
M.Sc. Elena Leeb	-3855
M.Sc. Melanie Marx	-3855
Dipl.-Ing. Magdalena Merkl	-5032
Dipl.-Ing. Patricia Meyer	-2507
Dipl.-Ing. Katherina Pruß (bis 31.10.2012)	-3939
Dipl.-Ing. (FH) Michael Reitmaier	-3942
Dipl.-Chem. Daniel Saalfeld (ab 15.10.2012)	-3536
Dipl.-Ing. (FH) Rita Schaupp	-3481
Dipl.-Ing. Iris Schmitz (bis 30.09.2012)	-3481
Erich Schneider	-3537
Astrid Steen (ab 01.10.2013)	-3937
Dipl.-Ing. Tim Steinhauer	-2507
Dipl.-Ing. Thomas Strixner	-2507
Mirjana Stulac (ab 15.06.2012)	-5056
M.Sc. José Pablo Toro-Sierra (bis 31.12.2012)	-3481
Günther Unterbuchberger	-3942
Dipl.-Ing. Linda Voswinkel	-5032
Dipl.-Ing. (FH) Julia Wilke	-3855
Heidi Wohlschläger (ab 01.11.2012)	-3941
Dipl.-Ing. Rebecca Würth	-5317
M.Sc. Yu Zhuang (ab 01.12.2012)	-3939

Gäste:

23.06. – 19.09.2012
Prof. Dr. Attila Yetismeyen, Universität Ankara, Türkei

12.10.2012
23 Teilnehmer des Brasilianischen Verbands der kleinen und mittleren Kooperativen und Unternehmen der Milchwirtschaft (Associação Brasileira de Pequenas e Médias Cooperativas e Empresas de Latícinios)

07.11.2012
Bayern International, Delegationsreise für 15 Milchwirtschaftler aus Serbien und Mazedonien, Herbertz Dairy Food Service, Haus der Milch, Kempten

7 ausländische Studenten-/innen im Rahmen der Austauschprogramme IAESTE und ERASMUS

Vorwort

Wie im Vorjahr lag auch 2012 die Vielfalt und Intensität der Aufgaben sehr hoch. Die Anzahl von studentischen Prüfungen (1500) zeigt die starke Einbindung des Lehrstuhls und der Abt. Technologie des ZIEL in die Lehre, die trotz der hohen Intensität zudem durch studentische Evaluierung sehr gut bewertet wird. Der daraus hervorgehende Spagat zwischen zu erbringender Lehr- bzw. Forschungsleistung ist nur zu bewältigen mit Hilfe überaus leistungsbereiter und motivierter Mitarbeiter auf allen Positionen. Nahezu alle Mitarbeiter sind sowohl in Vorlesungen, Übungen und Praktika sowie bei Forschungsprojekten tätig, wodurch auch die angestrebte Integration von Lehre und Forschung erreicht wird. Studentische Praktika werden nicht routinemäßig, sondern als Teil aktiver Forschungsgebiete betrieben, so dass Studenten

nicht nur das Grundwissen, sondern innovative Ansätze mit in die Praxis nehmen und dort anbringen können.

Unterstützt durch Studienbeiträge konnte nicht nur eine neue Mikrowellen-Vakuumtrocknungsanlage installiert werden, sondern auch die Konstruktion einer neuen Anlage zur UHT-Erhitzung flüssiger Lebensmittel mit neuartiger Dampfinfusionstechnik sowie eine Erweiterung der Membrantrenntechnik in Auftrag gegeben bzw. planerisch begonnen werden. Durch Umwidmung eines Raumes konnte ein neuer Messraum für weitere analytische Messgeräte geschaffen werden, die es erlauben, prozesstechnisch ausgelöste stoffliche Veränderungen zu charakterisieren.

Eine Habilitation und drei Dissertationen sowie vier Auszeichnungen wissenschaftlicher Arbeiten konnten 2012 verzeichnet werden. 15 laufende Forschungsvorhaben (davon 3 Verbundvorhaben mit anderen Universitäten), ca. 1,5 Mio. Euro im Wettbewerb eingeworbene Forschungsmittel, 87 Vorträge und Poster bei wissenschaftlichen Tagungen sowie 31 Publikationen in wissenschaftlichen und Fachjournalen komplettieren die Ergebnisbilanz. In 27 Bachelor und 17 Diplom- und Masterarbeiten wurden Studenten mehrerer Studiengänge an die Methodik des wissenschaftlichen Problemlösens in systematischer Arbeitsweise herangeführt.

Auszeichnungen 2012

Prof. Dr.-Ing. Petra Först, ausgezeichnet mit dem Milch-Wissenschaftlichen Innovationspreis des Milchindustrie-Verbandes (MIV) anlässlich der 7. Ideenbörse Forschung in Fulda am 15.11.2012

M.Sc. Melanie Marx, Krones Preis für den besten Abschluss im Masterstudiengang Technologie und Biotechnologie der Lebensmittel an der TU München, 29.06.2012

Dr.-Ing. Martin Heinrich, Herausragende Doktorarbeit, Preis des Verbandes der Ehemaligen Weihenstephaner Milchwirtschaftler, Bio- und Lebensmitteltechnologen e.V., ausgezeichnet am 11.10.2012 in Weihenstephan

M.Sc. José Toro-Sierra, Ausgezeichnet mit dem Preis für das beste Poster der Fachgruppe Lebensmittelverfahrenstechnik anlässlich der ProcessNet Jahrestagung, 19.-21.03.2012 in Hohenheim

Forschung

Forschungsgebiet Bioprozess-, Aseptik- und Steril-Verfahrenstechnik
Workgroup Bioprocess Engineering, Aseptic- and Sterile Technology
Leitung: Dr.-Ing. Petra Först

Gepulste Mikrowellen-Vakuumtrocknung von Starter- und probiotischen Kulturen
Pulsed microwave vacuum drying of starter and probiotic cultures
Sabine Ambros

Werden mikrobielle Kulturen industriell getrocknet, kommt nach wie vor standardmäßig die Gefriertrocknung zum Einsatz. Aufgrund des hohen Energieaufwands dieses Verfahrens und immer weiter ansteigender Energiepreise wird die Suche nach alternativen Trocknungsverfahren unumgänglich. Des Weiteren wird auch die Nachfrage an Starter- und probiotischen Kulturen in Zukunft noch zunehmen, was die Notwendigkeit einer kostengünstigeren und schnelleren Methode verstärkt. In den letzten Jahren stand daher die Vakuumtrocknung im

Fokus der Forschung, da dieses Verfahren wesentlich energiesparender als die Lyophilisation ist. Vakuumgetrocknete Kulturenpräparate zeichnen sich durch eine gleichwertige, zum Teil sogar höhere Produktqualität aus. Bauer et al. (2010) konnten mittels Niedertemperatur-Vakuumtrocknung gegenüber der Gefriertrocknung eine Reduktion der thermischen und gefrierbedingten Schäden feststellen und somit eine höhere Vitalität und Aktivität der getrockneten mikrobiellen Kulturen nachweisen. Bei beiden genannten Verfahren fällt jedoch die Trocknungsrate gegen Ende des Prozesses aufgrund der für Kontakttrocknungen typischen Wärmetransportwiderstände sehr stark ab, wodurch auch die Vakuumtrocknung in der dritten Trocknungsphase ineffizient wird. Je nach Probenschichtdicke sind Trocknungszeiten von 24 h und mehr notwendig.

Durch einen zusätzlichen, volumetrischen Energieeintrag mittels elektromagnetischer Strahlung bei der Vakuumtrocknung kann dieser Limitierung entgegengewirkt werden. Die Energie wird über das ganze Produkt und bevorzugt an Stellen erhöhter Feuchte eingebracht. Für eine effiziente und schonende Trocknung ist dies von enormem Vorteil. Temperaturempfindliche Substanzen lassen sich schonend trocknen, da die Temperatur mit Einstellung des äußeren Druckes und der Höhe des Mikrowelleneintrags nach oben begrenzt werden kann. Durch die Kombination niedriger Temperaturen mit einer hohen Trocknungsgeschwindigkeit werden unerwünschte Veränderungen wie z.B. Maillard-Reaktionen vermieden, ebenso oxidative Veränderungen aufgrund des niedrigen Sauerstoff-partial-druckes. Obwohl die Mikrowellen-Vakuumtrocknung ein seit langem bekanntes Trocknungsverfahren ist, wurde die Trocknung von mikrobiellen Kulturen bisher jedoch kaum untersucht und kommt auch in der Industrie noch nicht zur Anwendung. In einem laufenden AiF/FEI-Forschungsprojekt soll daher diese Trocknungstechnologie für die Anwendung auf Mikroorganismen untersucht und ihr Potenzial im Vergleich zur Gefrier- und Vakuumtrocknung herausgearbeitet werden.

Als Modellorganismus wird zunächst das probiotische Bakterium *Lactobacillus paracasei* ssp. *paracasei* verwendet. Es konnte bereits gezeigt werden, dass der zusätzliche Mikrowelleneintrag zu einer starken Erhöhung der Trocknungsrate führt, was in einer drastischen Reduktion der Trocknungszeit der Mikroorganismen-Suspensionen resultiert. In einem ersten Schritt wurde der Einfluss der Prozessparameter Mikrowellenleistung, Heizblechtemperatur und Kammerdruck untersucht und geeignete Prozessbedingungen identifiziert. Zudem stellte sich heraus, dass ein kontinuierlicher Energieeintrag aufgrund der Temperaturerhöhung im zweiten Trocknungsabschnitt eine sehr schädigende Wirkung auf die Mikroorganismen ausübt. Aus diesem Grund wurde in den anschließenden Versuchen Mikrowellenenergie im gepulsten Modus eingetragen, sobald die Produkttemperatur einen festgelegten Wert erreicht hat. Mit Hilfe des gepulsten Energieeintrags konnte innerhalb eines bestimmten Temperaturintervalls getrocknet werden (Abb. 1).

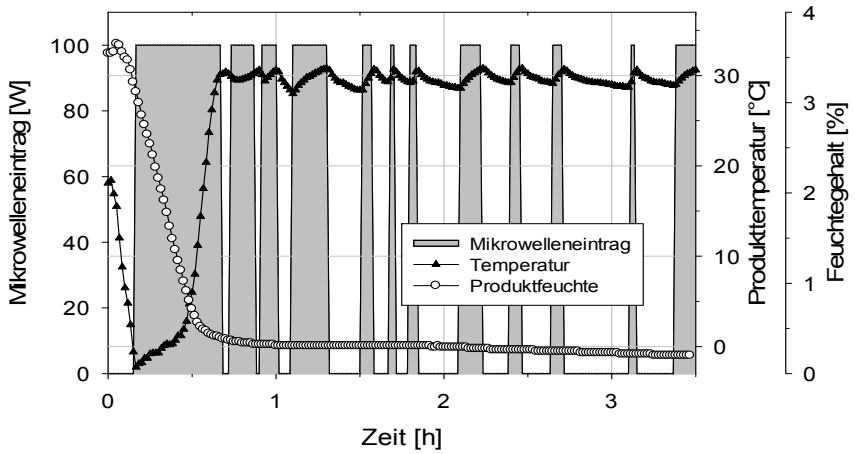


Abb. 1: Mikrowelleneintrag und Verlauf der Produkttemperatur und des Feuchtegehalts

Darüber hinaus wurde der Einfluss des Kammerdrucks und der maximalen Produkttemperatur in Hinblick auf die Trocknungsperformance und das Überleben der Kulturen untersucht (Abb. 2). Hinsichtlich der Trocknungszeit konnte festgestellt werden, dass eine Trocknungszeitverkürzung von bis zu 90 % im Vergleich zur Gefrier- und Vakuumtrocknung erzielt werden konnte. Zudem verkürzt sich die Trocknungszeit bei 5 mbar im Vergleich zu 10 mbar.

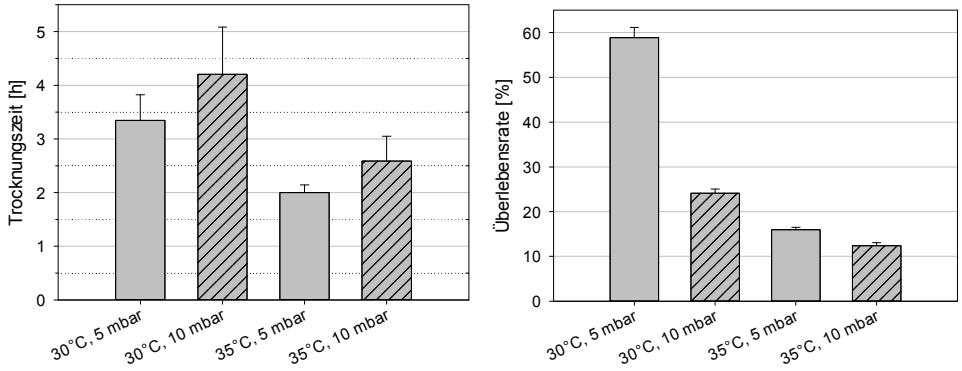


Abb. 2: Trocknungszeit und Überlebensrate in Abhängigkeit der maximalen Produkttemperatur und des Kammerdrucks

Hinsichtlich der Überlebenrate hat die maximale Produkttemperatur während der Trocknung einen größeren Einfluss auf die Überlebensrate als die Trocknungsdauer. Ein geringerer Druck führt ebenso zu einem höheren Überleben. Es stellte sich heraus, dass 5 mbar Kammerdruck und 30 °C maximale Produkttemperatur den besten Vitalitätserhalt lieferte.

Es konnte also bereits festgestellt werden, dass ein gepulster Mikrowellen-Energieeintrag zu einer erheblichen Trocknungszeitverkürzung und damit Energieeinsparung führt und andererseits Produktqualitäten erzielt werden können, die vergleichbar mit gefrier- und vakuumgetrockneten Kulturen sind. Damit ist die Basis für eine weitere Optimierung geschaffen, wodurch die Mikrowellen-Vakuumtrocknung als energetisch günstigere Alternative zu konventionellen Trocknungsverfahren im industriellen Maßstab in naher Zukunft eingesetzt werden könnte.

Literatur:
Bauer, S.A.W., Kulozik, U., Först, P.: Influence of process conditions and protectants on the survival and residual water content of starter and probiotic cultures in low-temperature vacuum drying. 17th International Drying Symposium, Magdeburg, 3.-6.10.2010

Dank: Dieses Projekt wurde aus Mitteln der industriellen Gemeinschaftsforschung (Bundesministerium für Wirtschaft und Technologie/AiF) über den Forschungskreis der Ernährungsindustrie e.V. (FEI) gefördert (Projekt-Nr. AiF-FV 17477 N).

Lyomikroskopische Untersuchungen zur Ermittlung der Relevanz des Glaszustandes für die mechanische Stabilität von Proben während der Gefriertrocknung

Determination of the relevance of the glassy state for the mechanical stability of samples during the freeze-drying process by means of a freeze-drying microscope

Mathias Aschenbrenner, Maria Springer, Ulrich Kulozik

Das Verfahren der Gefriertrocknung wird für die Konservierung hitzesensitiver Produkte wie pharmazeutisch wirksamer Proteine oder Starterkulturen im Lebensmittelbereich eingesetzt. Die Gefriertrocknung ist jedoch ein sehr zeit- und energieintensiver Prozess. Um eine effiziente Trocknung zu gewährleisten, sollten daher optimale Prozessparameter gewählt werden. Klassischerweise werden Glasübergangstemperaturen $T_{g'}$ mit Hilfe der Differential Scanning Calorimetry (DSC) ermittelt und als Orientierung für die Prozessoptimierung der Gefriertrocknung herangezogen. Somit wurden für die Gefriertrocknung, bis dato, Produkttemperaturen knapp unterhalb vom jeweiligen $T_{g'}$-Wert angewandt. Tatsächlich befindet sich eine Probe bei Temperaturen oberhalb ihres $T_{g'}$ nicht mehr im Glaszustand und die Viskosität sinkt rapide ab. Dies muss aber nicht notwendigerweise zu unmittelbaren Strukturveränderungen der Probe führen. Hier setzt die Lyomikroskopie an. Diese ermöglicht die Identifizierung genau jener produktspezifischen Temperatur, der Kollapstemperatur T_c, bei welcher die strukturellen Veränderungen eintreten. In diesem Zusammenhang gilt zu klären, ob die maximal zulässige Temperatur für die Gefriertrocknung tatsächlich das o.g. $T_{g'}$ ist, oder eventuell auch höhere Produkttemperaturen angewendet werden können.

Die Kollapstemperatur einer Lösung kann mit Hilfe eines Lyomikroskops (siehe Abb. 1) bestimmt werden.

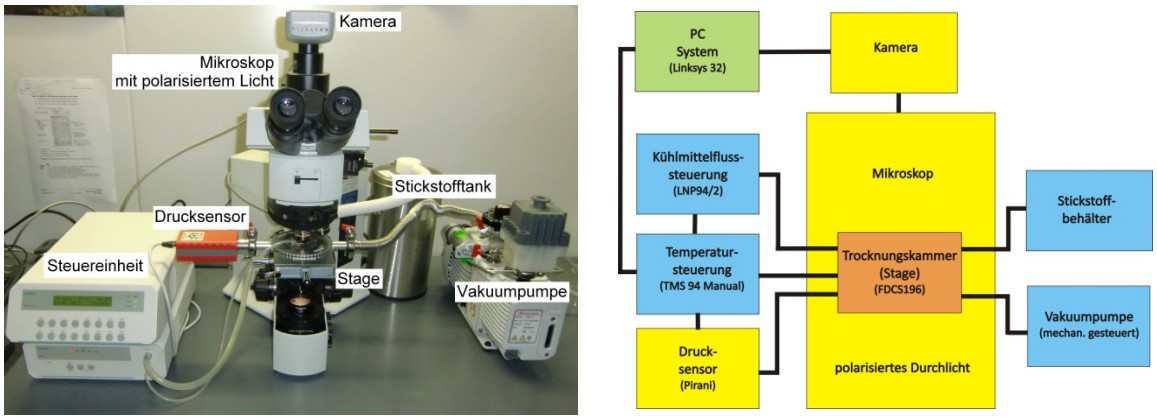


Abb. 1: Links: Zusammenstellung des Mikroskopaufbaus; Rechts: Schematische Darstellung des Gesamtsystems

Der Prozess der Gefriertrocknung wird dabei in kleinstem Maßstab nachgebildet. Die Temperatur, bei der erste winzige Strukturveränderungen (Mikrokollaps) festzustellen sind, wird mit T_{cmic} bezeichnet. Die Temperatur, bei welcher vollständiger Probenkollaps auftritt, wird als T_c bezeichnet. Zentrales Element der Apparatur ist eine kleine Vakuumkammer (Stage). Die zu untersuchende Probe wird in der Stage unter Verwendung von flüssigem Stickstoff gefroren. Zur Trocknung wird durch eine Pumpe ein Vakuum in der Kammer erzeugt. Druck und Temperatur, die das Verhalten der Probe während des Prozesses der Gefriertrocknung bestimmen, können variiert und kontinuierlich aufgezeichnet werden. Die Beobachtung der Probe erfolgt durch ein Polarisationsmikroskop.

Die Aufzeichnung der Messdaten erfolgt am PC. Der Kammerdruck wird mit Hilfe eines Pirani Drucksensors, der direkt an die Trocknungskammer anschließt, erfasst. Die Temperatur wird nahe dem Produkt mit einem Temperaturfühler bestimmt. Die Genauigkeit dieses Pt100-Temperaturfühlers beträgt ± 0,1 °C. Die Daten zu Temperatur und Druck werden über die Temperatursteuereinheit an den PC geleitet. Mit Hilfe der auf dem Mikroskop installierten Kamera können in frei wählbaren Zeitintervallen Aufnahmen der Probe gemacht werden. Die Bilddaten werden in der Software am PC aufgezeichnet und den Druck- und Temperaturdaten zugeordnet. Die Probe kann während des gesamten Versuchsablaufes im Mikroskop beobachtet werden. Dazu wird polarisiertes Durchlicht verwendet. Die Phänomene Kollaps und Mikrokollaps werden nach abgeschlossener Messung durch Analyse der aufgezeichneten Daten optisch identifiziert.

Grundsätzlich verändert sich die Erscheinung der Probe im Versuchsverlauf aufgrund der vorherrschenden Druck- und Temperaturbedingungen. Während des Kühlabschnittes wird die Probe zunächst unter ihren Gefrierpunkt gekühlt, bevor sie schlagartig ausfriert. Das Gefrieren dauert aufgrund des geringen Probenvolumens nur 1-2 Sekunden. Das Gefrieren der Probe ist im polarisierten Licht durch die Farbveränderung deutlich zu erkennen (siehe. Abb. 2).

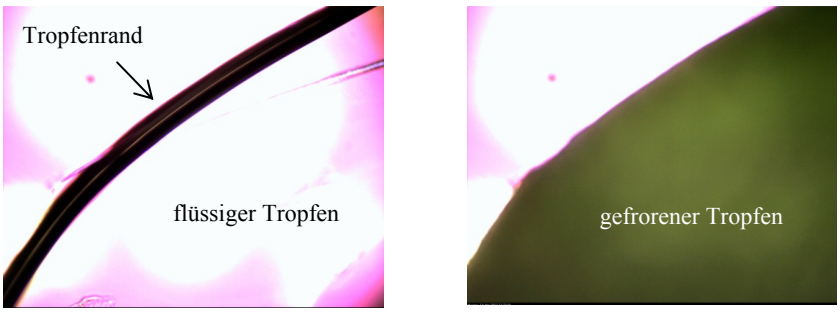


Abb. 2: Erscheinungsbild einer flüssigen (links) und einer gefrorenen Trehalose-Lösung (rechts) im Lyomikroskop unter polarisiertem Licht (im farbigen Original eindeutig erkennbar)

Die gebildeten Eiskristalle haben im Gegensatz zur flüssigen Lösung doppelbrechende Eigenschaften. Die flüssige Lösung erscheint daher im polarisierten Licht durchsichtig rötlich, die doppelbrechende Struktur hingegen deutlich gefärbt.

Nach dem Anlegen des Vakuums trocknet die Probe, die im Spalt zwischen Quarz- und Deckglas liegt, von außen nach innen (siehe Abb. 3). Bei der Beobachtung der Probe mit einem Objektiv 10-facher Vergrößerung ist nur ein kleiner Ausschnitt sichtbar. Dieser ist durch das blaue Rechteck skizziert.

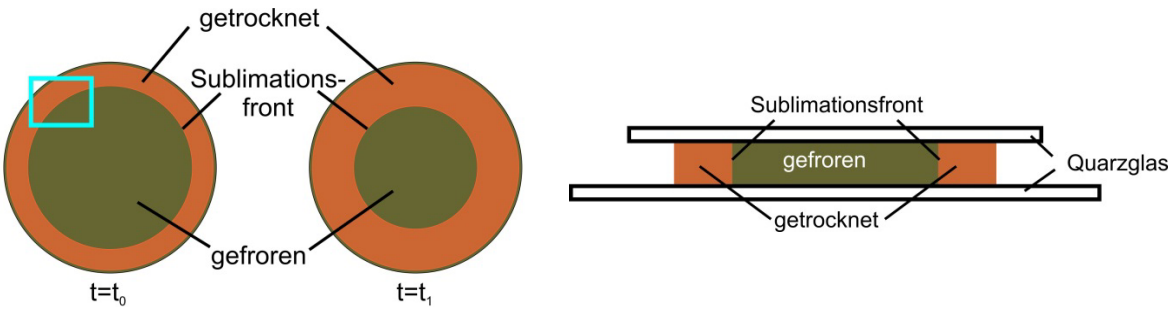


Abb. 3: Trocknungsverlauf einer Probe im Lyomikroskop; links: Draufsicht, rechts: Querschnitt; das kleine Rechteck im linken Bild zeigt den Bildausschnitt, wie er im Lyomikroskop mit einem Objektiv 10-facher Vergrößerung zu sehen ist

Mit steigender Temperatur treten nach dem Überschreiten eines bestimmten Temperaturgrenzwertes strukturelle Veränderungen auf (siehe Abb. 4). Amorphe und kristalline Strukturen sind im polarisierten Licht deutlich gefärbt. Je nach Anordnung der Strukturen zur Lichtquelle erscheinen sie in gelber, brauner, blauer oder grüner Farbe. Ändern sich diese Strukturen hin zu isotropen Systemen (z.B. Flüssigkeiten) sind sie durchsichtig oder rötlich gefärbt. Der Beginn des Kollapses (Mikrokollaps T_{cmic}) wurde dabei als die erste Farbveränderung an der Trockenfront der Probe definiert (siehe Abb. 4A). Um diese gut erkennen zu können, ist ein ausreichend breiter trockener Bereich notwendig. Erst eine Veränderung entlang der gesamten Trocknungsfront (siehe Abb. 4B) wurde als vollständiger Kollaps (T_c) gewertet.

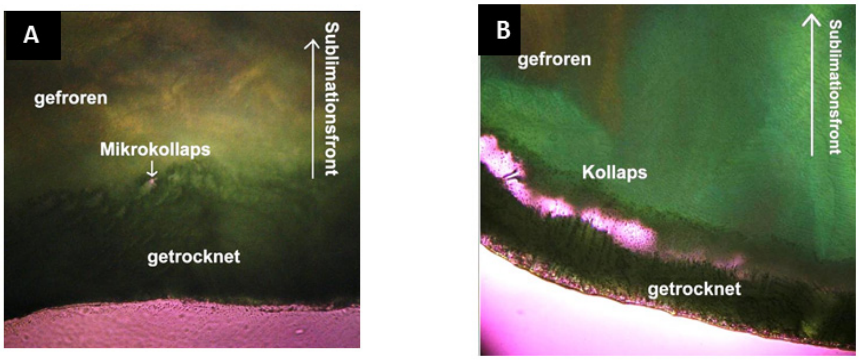


Abb. 4: Aufnahmen mit dem Lyomikroskop der Phänomene Mikrokollaps (A) und Kollaps (B); der Pfeil „Sublimationsfront“ zeigt die Richtung des Trocknungsfortschritts an

Mit Hilfe dieses Verfahrens kann die Relevanz der Glasübergangstemperatur Tg‘ für die strukturelle Stabilität beim Gefriertrocknen verschiedenster Proben beurteilt werden. In diesem Zusammenhang dienten Dextran- bzw. Trehalose-Lösungen auf Basis eines wässrigen Phosphatpuffersystems (NaCl, K_2HPO_4/KH_2PO_4) als Modellsysteme. Abb. 5 zeigt eine exemplarische Gegenüberstellung der beiden Systeme. Dabei wurde der Einfluss der Saccharidkonzentration auf $T_{g‘}$ sowie T_c und T_{cmic} untersucht.

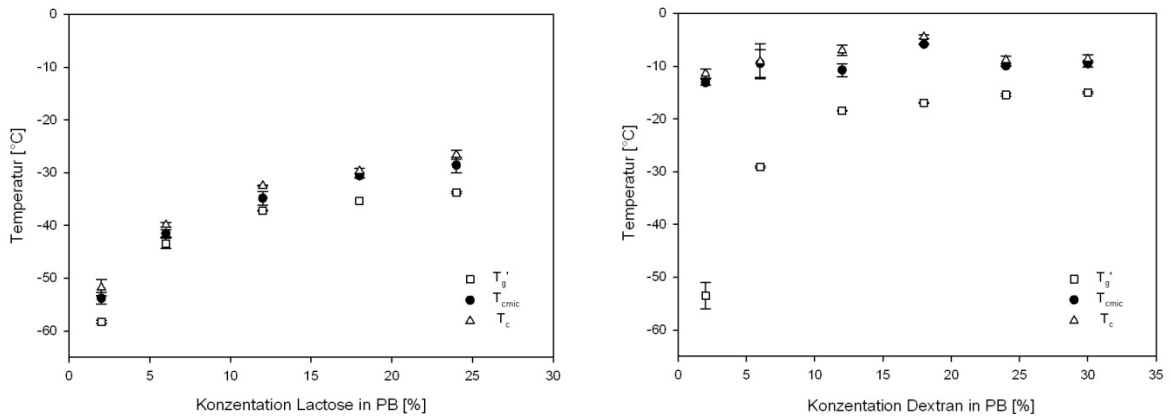


Abb. 5: Glasübergangs- und Kollapstemperaturen von Trehalose und Dextran in Phosphatpuffer-Lösungen in Abhängigkeit von der Zuckerkonzentration

Es zeigt sich, dass $T_{g'}$ in beiden Fällen mit der Zuckerkonzentration deutlich steigt. Vermutlich ist dies durch das veränderte Konzentrationsverhältnis von Puffersalzen zu Zucker in der amorphen Phase zu begründen. Je höher der Anteil des Zuckers, desto schwächer wird der Einfluss der Puffersalze. Für niedrige Zuckerkonzentrationen liegen die $T_{g'}$-Werte in beiden Fällen nah bei -60 °C. Durch Konzentrationserhöhung erreicht Trehalose $T_{g'}$-Werte oberhalb -40 °C und Dextran sogar oberhalb von -20 °C. Wie erwartet liegen alle Kollaps- und Mikrokollaps-Temperaturen oberhalb des zugehörigen $T_{g'}$. Dies bedeutet, dass strukturelle Änderung in unmittelbarer Umgebung von $T_{g'}$ nicht auftreten. Im Fall des Disaccharids Trehalose folgen T_{cmic} und T_c über alle Konzentrationen weg dem Verlauf von $T_{g'}$. Dabei liegt T_{cmic} i.d.R. etwa 3-5 °C und T_c etwa 5-10 °C oberhalb von $T_{g'}$. Im Gegensatz dazu findet bei Dextran der Kollaps du Mikrokollaps mehr oder weniger unabhängig von der Konzentration bei etwa -10 °C statt. Für niedrige Konzentrationen kann eine Temperaturdifferenz von bis zu 45 °C ausgemacht werden. Mit Zunahme der Dextrankonzentration nimmt die Temperaturdifferenz zwischen $T_{g'}$ und Kollapsphänomen kontinuierlich ab. Im Vergleich zu den Disacchariden können jedoch grundsätzlich höhere Produkttemperaturen realisiert werden.

Die Ergebnisse zeigen, dass die Relevanz der Glasübergangstemperatur $T_{g'}$ stark vom zugegebenen Schutzstoff abhängt. Im Fall des Disaccharides Trehalose treten die Kollapsphänomene konstant wenige Grad oberhalb von $T_{g'}$ auf. In diesem Fall lässt sich auch auf Basis von DSC-Messungen die maximal zulässige Produkttemperatur annähernd prognostizieren. Für das Polysaccharid Dextran hingegen treten starke, nicht-konstante Temperaturdifferenzen zwischen $T_{g'}$ und T_c/T_{cmic} auf. Insofern sind im Falle von Polysaccharid-Gemischen lyomikroskopische Untersuchungen unbedingt zu empfehlen. Die Tatsache, dass bereits einfache Modelsysteme zu signifikant unterschiedlichen Ergebnissen führen, lässt erahnen, dass mit Zunahme der Probenkomplexität die Vorhersehbarkeit der Probenstabilität deutlich abnimmt. Besonders im Falle von komplexen Systemen ist die Lyomikroskopie somit ein unerlässliches Instrument für die Prozessoptimierung.

Dank: Dieses Projekt wurde aus Mitteln der Deutschen Forschungsgemeinschaft (GZ: KU 750/2-1) gefördert und durch eine Geräteleihgabe der Fa. Chr. Hansen Inc. (Hoersholm, Dänemark) ermöglicht.

Einfluss des Fermentations-pH-Wertes auf die Membranfettsäurezusammensetzung von *Lb. paracasei* F19 und deren Bedeutung für die Stabilität in der Niedertemperatur-Vakuumtrocknung

Influence of fermentation pH on membrane fatty acid composition of Lb. paracasei F19 with respect to stability in the low temperature vacuum drying

Simon A. W. Bauer, Petra Först

Das etablierte Verfahren zur Stabilisierung von Starterkulturen ist die Gefriertrocknung. Allerdings ist dieses Verfahren sehr energie- und zeitintensiv. Zudem kann bereits durch das Gefrieren der Zellen eine Schädigung eintreten. Eine deutliche Reduktion der Energiekosten, von thermisch und gefrierbedingten Schäden und höherer Vitalität und Aktivität kann durch Niedertemperatur-Vakuumtrocknung (NTVT) knapp oberhalb des Tripelpunktes erreicht werden [1]. Diese Arbeit berichtet über die Auswirkung des während der Fermentation induzierten pH-Stresses auf die Membranfettsäurezusammensetzung und deren Effekt auf die Viabilität eines probiotischen Teststammes nach der Trocknung.

Es wurde *Lb. paracasei* F19 als Teststamm verwendet. Um den Einfluss des Fermentations-pH auf die Stabilität der Zellen während der NTVT zu untersuchen, wurde die Kultur bei drei verschiedenen pH-Situationen in 2L-Laborfermentern auf einem modifizierten MRS-Medium fermentiert. Es wurden zwei geregelte (pH-Optimum 6,3; pH-Stress 4,5) und eine ungeregelte (freie Säuerung mit pH_{Start} 5,4) Führungsbedingungen gewählt, um gezielt Unterschiede zwischen ungestressten, dauerhaft gestressten und unter sich aufbauendem Säurestress fermentierten Zellen zu untersuchen. Die Zellen wurden in der frühstationären Wachstumsphase geerntet, aufbereitet und getrocknet. Diese Trockenpräparate wurden hinsichtlich ihres Restwassergehaltes und der Überlebensrate untersucht. Darüber hinaus wurde bei den aufbereiteten Zellen vor der Trocknung die Membranfettsäurezusammensetzung bestimmt. Hierzu wurden die Zellsuspensionen durch Ultraschallbehandlungen aufgeschlossen und mittels Methanol-Chloroform-Gemischen doppelt extrahiert. Die Bestimmung der Fettsäurezusammensetzung erfolgte mittels Gaschromatographie. Für die Bewertung des pH-Einflusses wurden sowohl die Änderungen der einzelnen Fettsäuregehalte als auch das Verhältnis der ungesättigten zu den gesättigten Fettsäuren ($R_{U/S}$-Wert) betrachtet.

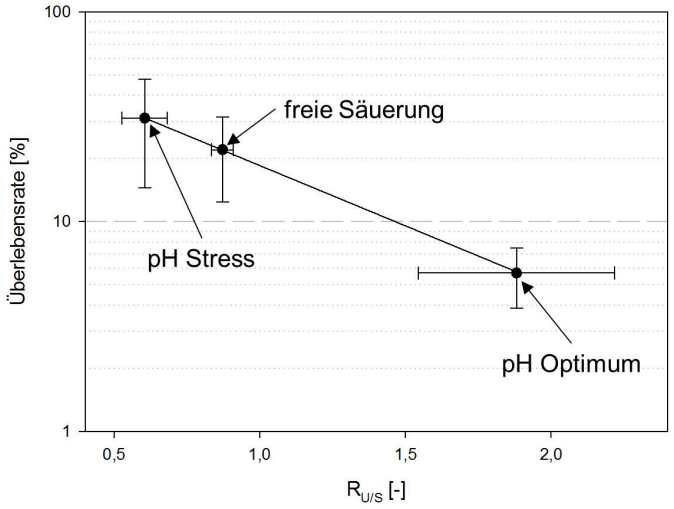


Abb. 1: Einfluss des Verhältnisses von ungesättigten zu gesättigten Fettsäuren ($R_{U/S}$) in der Membran (induziert durch verschiedene Fermentations-pH-Werte) auf das Überleben von *Lb. paracasei* F19 in der NTVT (35 °C Stellflächentemperatur / 15 mbar Kammerdruck)

Aus Abb. 1 wird deutlich, dass das Verhältnis der ungesättigten zu den gesättigten Fettsäuren der Membran durch den Fermentations-pH-Wert beeinflusst werden kann. Darüber hinaus lässt sich erkennen, dass die Überlebensrate mit zunehmendem Gehalt an gesättigten Fettsäuren steigt. Die Erklärung ist, dass eine fluide Membran besser in der Lage ist mechanischen Stress, wie er z.B. durch die Bildung von Eiskristallen entsteht, unversehrt zu überstehen. Im Falle der NTVT treten solche Stressfaktoren nicht auf, allerdings weisen die Zellen im ungefrorenen System eine Restaktivität auf.

Das bedeutet, dass degenerative Prozesse innerhalb der Zelle ablaufen können. Solche zellulären Effekte werden unterbunden, sobald die Membran in den Gel-Zustand übergeht.

Eine Membranzusammenset-zung, die bereits am Anfang des Trocknungsprozesses in die starre Gelphase übergeht, führt dazu, dass ab diesem Zeitpunkt degenerative Prozesse minimiert werden. Je niedriger der $R_{U/S}$ –Wert ist, umso mehr gesättigte Fettsäuren sind in der Membran enthalten. Demzufolge wird der Membranphasenübergang (Liquid/-kristalline Phase zu Gelphase) bereits bei einer höheren Temperatur und somit früher im Trocknungsprozess vonstattengehen und somit degenerative Prozesse in der Zelle inhibieren, was die Steigerung der Überlebensrate erklären kann.

Literatur:
[1] Bauer, S.A.W.; Schneider, S.; Behr, J.; Kulozik, U.; Först, P.: Combined influence of fermentation and drying conditions on survival and metabolic activity of starter and probiotic cultures after low-temperature vacuum drying. J. Biotechnology, 159, 351-357, 2012

Dank: Dieses Projekt wurde aus Mitteln der industriellen Gemeinschaftsforschung (Bundesministerium für Wirtschaft und Technologie/AiF) über den Forschungskreis der Ernährungsindustrie e.V. (FEI) gefördert (Projekt-Nr. AiF-FV 15616 N).

Medienoptimierung zur Effizienzsteigerung von Starterkulturen

Increasing starter cultures efficiency by media optimization

Malee Kallbach

Die Herstellung und Anwendung von Starterkulturen in der Milchwirtschaft ist in den letzten Jahren um ein Vielfaches gestiegen. Bei den als Starterkulturen und Probiotika eingesetzten Kulturen handelt es sich überwiegend um Milchsäure- und Bifidobakterien. Die Zuwachsraten im Bedarf dieser Kulturen begründen sich in der vermehrten Veredelung von fermentierten Milchprodukten durch den Probiotikazusatz. Die Kulturen werden in hoher Zellkonzentration, als Pulver oder in Form von gefrorenen Pellets, dem Fermentationsprozess bzw. den Produkten direkt zugesetzt. Der Trend geht zum getrockneten Pulver, da die Transportkosten geringer sind und die Lagerung bei höheren Temperaturen erfolgen kann. Der Trocknungsschritt geht jedoch mit einem hohen Verlust an lebenden Zellen einher. Das Überleben der Kulturen während der Trocknung kann maßgeblich durch das Kultivierungsmedium beeinflusst werden.

Ziel dieser Arbeit ist eine ressourcenschonende biotechnologische Produktion effizienter Starterkulturen. Der erste Schritt zum Erreichen dieses Ziels ist die Optimierung des Fermentationsmediums. Milchsäure- und Bifidobakterien stellen hohe Ansprüche an das Kultivierungssubstrat. Das Fermentationsmedium spielt somit einerseits eine wichtige Rolle bei der Gewinnung von hohen Ausbeuten an vitalen Zellen und ist anderseits maßgeblich für das spätere Überleben der Kultur während der Trocknung. Standardmäßig wird für industrielle Zwecke meist ein Magermilchmedium und im Labormaßstab ein MRS-Medium verwendet.

Da Starterkulturen immer häufiger in Länder exportiert werden, die ein Koscher-Zertifikat verlangen, soll in dem Medium auf den Zusatz tierischer Produkte verzichtet werden. Es wird ein auf Hefeextrakt basierendes Medium entwickelt, das ohne Zusatz von Magermilch, Fleischextrakt oder Pepton vergleichbare oder höhere Ausbeuten liefert als bisher genutzte Medien. Medien, die hohe Ausbeuten an vitalen Zellen liefern, werden im Anschluss auf das Überleben während der Trocknung validiert. Erste Versuche zeigen, dass der Stickstoffbedarf im MRS-Medium vollständig durch Hefeextrakt gedeckt werden kann.

In Abb. 1 wurde der Stamm *Lactobacillus paracasei* ssp. *paracasei* ohne signifikante Änderungen im Wachstumsverhalten in drei verschiedenen MRS-Medien kultiviert.

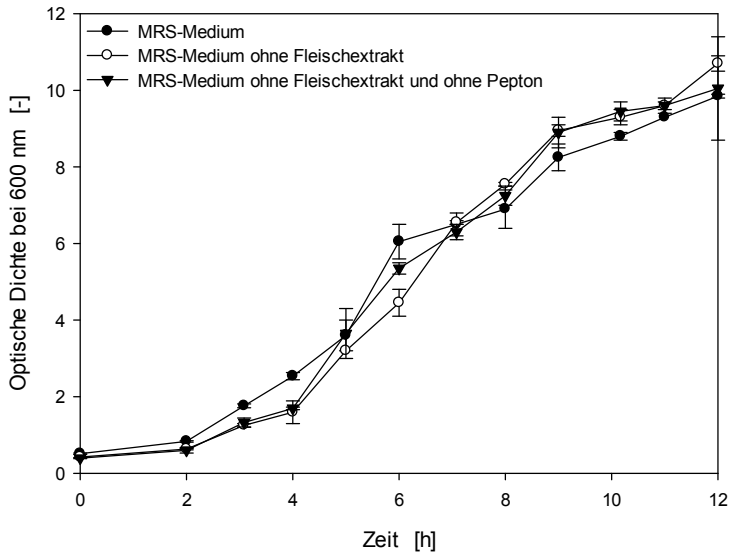


Abb. 1: Einfluss der Stickstoffquelle auf das Wachstum von *Lactobacillus paracasei* ssp. *paracasei*

Die Medien unterscheiden sich nur hinsichtlich der Stickstoffquelle. Im MRS-Medium wird der Stickstoff durch Fleischextrakt, Pepton und Hefeextrakt zur Verfügung gestellt. In dem zweiten Medium (MRS-Medium ohne Fleischextrakt) über Pepton und Hefeextrakt und im dritten Medium (MRS-Medium ohne Fleischextrakt und ohne Pepton) wird der gesamte Stickstoff über den Hefeextrakt eingetragen. In allen drei getesteten Medien weist das Wachstum von *L. paracasei* keine signifikanten Abweichungen auf.

Diese Ergebnisse sprechen dafür, dass die Herkunft des zur Verfügung gestellten Stickstoffes für das Wachstum keine entscheidende Rolle spielt. In nachfolgenden Versuchsreihen soll das Medium bezüglich der Wachstumsrate optimiert und im Anschluss für weitere Milchsäurebakterien etabliert werden.

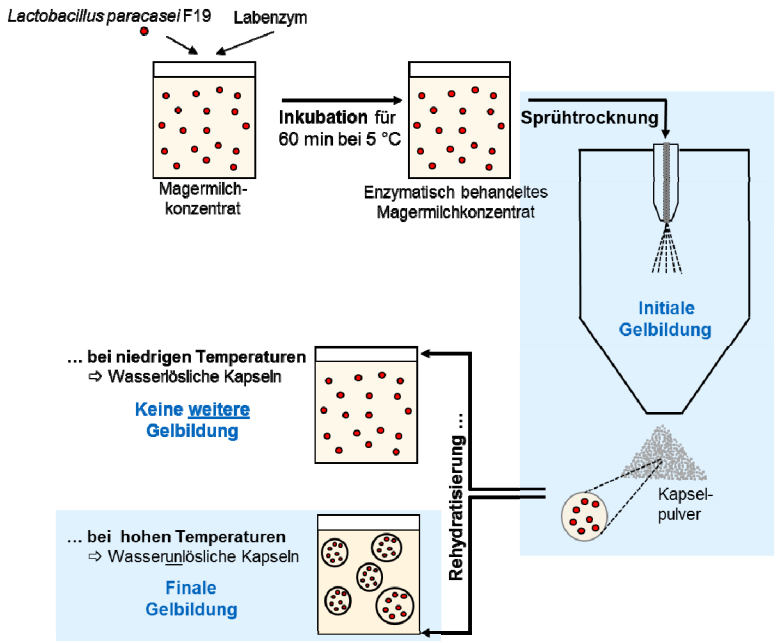
Mikroverkapselung von Probiotika mittels Sprühtrocknung

Microencapsulation of probiotics in milk protein matrices by spray drying

Rebecca Würth, Petra Först

Die Mikroverkapselung ist eine Methode zum Schutz sensitiver Inhaltsstoffe in Lebensmitteln vor adversen Prozess- und Milieubedingungen. So kann beispielsweise der Erhalt der Vitalität der Probiotika beginnend bei der Konservierung, über die Lagerung im Produkt bis hin zum Erreichen des Intestinaltrakts erzielt werden. Bisher häufig eingesetzte Verkapselungsmaterialien sind Polysaccharide, welche sich aber aufgrund ihrer Unverdaulichkeit für den Zweck der gezielten Wirkstofffreisetzung nur bedingt eignen. Eine Alternative stellen Milchproteine als Matrixmaterial dar. Der hierfür entwickelte Verkapselungsmechanismus beruht auf dem Prinzip der Labgelbildung. Das zugehörige Prozessschema ist in Abbildung 1 dargestellt.

Zur Herstellung der Kapseln wird nach der Inkubation des Magermilchkonzentrats bei kühlen Temperaturen mit Labenzym dieses sprühgetrocknet. Durch diese Temperaturführung kann die Abspaltung des Caseinmakropeptids (CMP) von den Caseinmizellen von der anschließenden Aggregation getrennt werden, ohne dass die Gelbildung einsetzt. Erst durch die Rehydratisierung bei Temperaturen über 30 °C erfolgt die Gelbildung und damit die Kapselbildung.



Der zugrundeliegende Mechanismus der Kapselherstellung lässt sich daher in zwei Abschnitte unterteilen. Während der Trocknung erfolgt eine initiale Gelbildung, bei der ein Kapselpulver entsteht, in dessen Matrix die Probiotika eingeschlossen sind. Die Bedingungen im Sprühturm bei Kühlgrenztemperatur und gleichzeitigem Wasserentzug sind nicht ausreichend für eine vollständige Gelbildung.

Abb. 1: Prozessschema zur Mikroverkapselung von Probiotika mittels Sprühtrocknung

Daher findet die finale Gelbildung erst im Rehydratisierungsschritt statt. Neben der Temperatur spielt hier die Zusammensetzung des Rehydratisierungsmediums eine entscheidende Rolle für die Kapselbildung. In diesem Zusammenhang wurde der Einfluss unterschiedlicher Salze und Salzkonzentrationen untersucht. Die Ergebnisse für das zweiwertige Salz $CaCl_2$ sind in Abb. 2 dargestellt. Als Maß für das freie Matrixmaterial in Abhängigkeit von der Rehydratisierungstemperatur wurde das freie Casein nach Sedimentation der Kapseln herangezogen.

Die Zugabe von $CaCl_2$ ermöglicht bei für die probiotische Mikroorganimen unschädlichen Temperaturen von 40 °C, dass bei 0,02 % über 80 % des Caseins an der Kapselbildung beteiligt ist, bei 0,03 % sogar 90 %. Hier ist davon auszugehen, dass ein kompaktes Gelnetzwerk ausgebildet wurde. Die Verbesserung der Kapselbildung lässt sich dadurch erklären, dass die Zugabe von $CaCl_2$ zu einer Verminderung von repulsiven Kräften zwischen den Mizellen und zusätzlich zur Ausbildung von Salzbrücken führt. Diese Effekte treten bei der höheren Temperatur von 55 °C noch verstärkt auf.

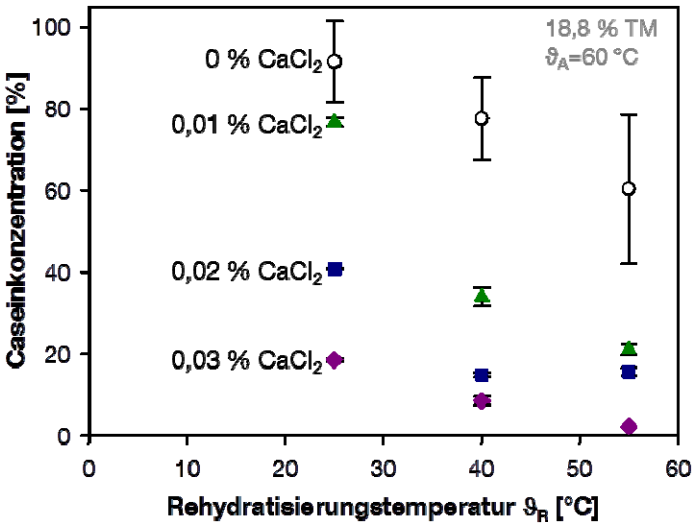


Abb. 2: Einfluss der Rehydratisierungstemperatur auf die Kapselbildung bei unterschiedlicher $CaCl_2$-Konzentration

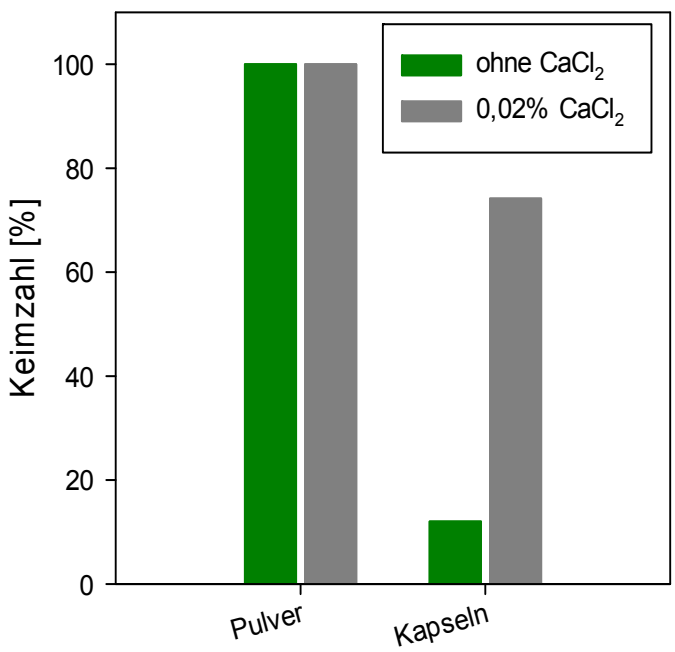


Abb. 3: Anteil verkapselter Keim nach dem Rehydratisieren

Zusätzlich wurden zur Feststellung der in der Kapsel fest gebundenen Mikroorganismen die wässrige Rehydratisierungsflüssigkeit zentrifugiert und die in den Kapseln gebundenen Mikroorganismen nach dem Kapselaufschluss erfasst. Abb. 3 zeigt den relativen Anteil der Mikroorganismen im Pulver und in den fertigen Kapseln, wobei zwischen Rehydratisierung mit und ohne $CaCl_2$ unterschieden wurde. Die Unverzichtbarkeit von $CaCl_2$ wird besonders deutlich, wenn man die geringe kapselgebundene Keimzahl von knapp 15 % betrachtet, die in Kapseln festgestellt wurde, wenn die Kapselbildung ohne $CaCl_2$-Zusatz durchgeführt wurde.

Die Verkapselungseffizienz ist bei der Kapselbildung mit $CaCl_2$ sehr hoch und liegt bei ca. 75 %. Diese Ergebnisse zeigen, dass die Sprühtrocknung eine einfache und effektive Methode zur Kapselherstellung darstellt, wenn bei der Rehydratisierung eine Temperatur > 30 °C vorliegt und die Kapselbildung in Gegenwart von $CaCl_2$ durgeführt wird.

Dank: Dieses Projekt wurde aus Mitteln der industriellen Gemeinschaftsforschung (Bundesministerium für Wirtschaft und Technologie/AiF) über den Forschungskreis der Ernährungsindustrie e.V. (FEI) gefördert. Projekt-Nr. AiF-FV 16537 N.

Forschungsgebiet Proteintechnologie und Mikrostruktur-Verfahrenstechnik
Workgroup Protein Technology and Microstructure Engineering

Casein proteins are not resistant to trypsin enzyme hydrolysis

Casein ist nicht resistent gegenüber tryptischer Hydrolyse

Dr. Seronei Chelulei Cheison

Caseins are phosphoproteins that are insoluble and precipitate following acidification of raw skim milk to their isoelectric point of pH 4.6 at 20˚C, and constitute some 80% of milk proteins. Bovine caseins are mixed proteins made up of α_{s1}-casein, α_{s2}-casein, β-casein and κ-casein in the ration 3:0.8:3:1, respectively. Caseins play as phosphorous carriers and source of bioactive peptides. In human milk it has been reported that the α_{s2}-caseins are not present. This has led to several studies claiming that these caseins, and whey protein β-lactoglobulin (β-Lg), constitute the main allergens in infant formula which contains cow's milk. A product containing milk proteins with little or no α_{s2}-caseins and β-Lg would be considered safe for cow's milk allergy (CMA) sensitive populations.

Many methods are used to separate bovine milk proteins into the caseins and whey proteins. Furthermore, caseins can be fractionated further using different methods. These include ion exchange, especially anion exchange, chromatography (Turhan et al, 2003). Unlike the whey protein fractionation, their close molecular weight sizes and lack of differences in heat sensi-

tivity make their separation rather limited to ion exchange chromatography. In whey protein fractionation, we have recently demonstrated that selective enzyme hydrolysis with trypsin (Cheison et al., 2011) and chymotrypsin (Lisak et all, 2012) removed β-Lg which was converted to peptides while α-lactalbumin (α-La) was resistant. In addition, it was demonstrated that α-La could be digested at low pH using Acid Protease A (Cheison et al., 2012) in a process which left β-Lg as the intact protein. These methods demonstrate potential for enzymatic methods to aid in the purification of whey proteins. We wanted to find out whether caseins could be selectively hydrolysed by trypsin. Before hydrolysis with trypsin, all the caseins were detected (). Hydrolysis was performed under different pH (pH 7.0, 7.8 and 8.5) and temperature (25°C, 37°C and 50°C) combinations. The experimental setup was randomised. After hydrolysis, all the caseins were depleted by the enzyme in a manner that suggests that the enzyme was not selective for any of the casein proteins. For example, the electrophoretograms of casein substrate before and 120min after hydrolysis with trypsin at 25°C and pH 8.5, 37°C and pH 7.8 as well as 50°C at pH 8.5 shows that the enzyme was not selective for any casein (Fig. 2) unlike the case of whey proteins which were shown in our previous work (Cheison et al., 2012; Cheison et al., 2011; Lisak et al., 2012) to be selectively hydrolysed by trypsin, chymotrypsin (hydrolysis of β-Lg) and Acid Protease A (hydrolysis of α-La).

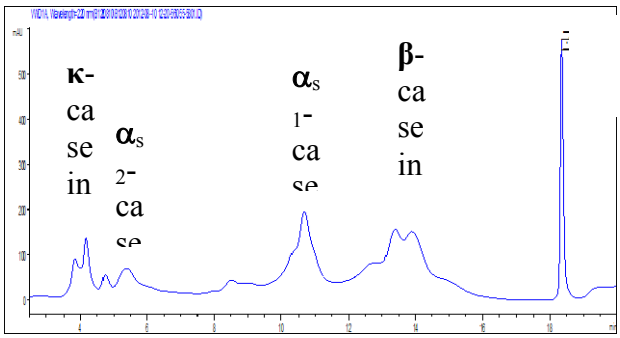


Fig. 1: RP-HPLC chromatogram showing the casein composition of substrate before hydrolysis

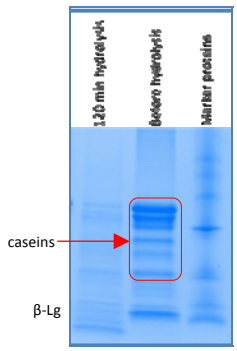


Fig. 2: SDS electrophoretogram of caseins before and after trypsin hydrolysis for 120 mins showing complete hydrolysis of caseins by trypsin

In each case, trypsin digested all the caseins simultaneously, with no evidence of resistance to the enzyme of any casein. Although this work did not evaluate the sizes of the peptides obtained from hydrolysis, it is clear that native caseins were converted to various peptides.

Enzyme selectivity would provide an important opportunity for the avoidance of casein hydrolysis or for purification of one or more caseins from a mixture. In this work, it was demonstrated that trypsin resistance is not a property possessed by the caseins, owing, probably to their molecular structures in which the globular structure is missing unlike in the case of whey proteins. Whether it is only the globular nature or both the globular conformation and the amino acid sequence that account for the resistance in α-La remains unknown.

These results provide a basis for subsequent work in which we seek to separate the caseins from the whey proteins before hydrolysis of whey proteins in order to avoid peptide bitterness associated with casein hydrolysis. Unlike the case of whey protein hydrolysis which show that some enzymes, under specific conditions, hydrolyse some proteins while some are resistant, this property was not found with casein hydrolysis. These results mean that selective hydrolysis as a purification method within the studied range of conditions and enzymes is not possible.

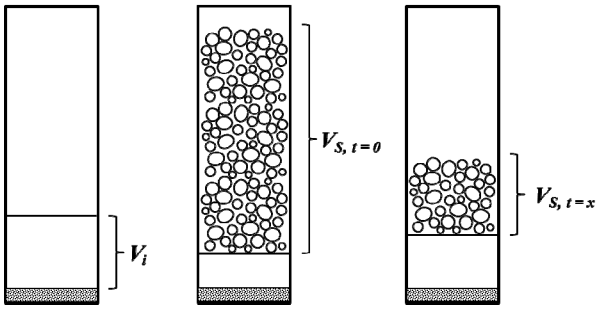
References:
Cheison, S. C., Bor, E. K., Faraj, A. K., Kulozik, U.: Selective hydrolysis of α-lactalbumin by Acid Protease A offers potential for β-lactoglobulin purification in whey proteins. LWT - Food Science and Technology, 49, 117-122, 2012.
Cheison, S. C., Leeb, E., Toro-Sierra, J., Kulozik, U.: Influence of hydrolysis temperature and pH on the selective trypsinolysis of whey proteins and potential recovery of native a-lactalbumin. International Dairy Journal, 21, 166-171, 2011
Lisak, K., Toro-Sierra, J., Kulozik, U., Božanić, R., Cheison, S. C.: Chymotrypsin selectively digests β-lactoglobulin in whey protein isolate away from enzyme optimal conditions: Potential for native α-lactalbumin purification, Journal of Dairy Research,107, 2012
Turhan, K. N., Barbano, D. M., Etzel, M. R.: Fractionation of caseins by anion-exchange chromatography using food-grade buffers. Journal of Food Science, 68, 1578-1583, 2003

Einfluss des pH-Werts und des Ionenmilieus auf die Schäumungseigenschaften von β-Lactoglobulin

Impact of pH and ionic milieu on the foaming properties of β-lactoglobulin

Jannika Dombrowski

Im Lebensmittelbereich spielen proteinstabilisierte Schäume u. a. im Bereich der milchbasierten Produkte eine bedeutende Rolle. Es ist bekannt, dass die enthaltenen Proteine aufgrund struktureller Unterschiede (z. B. globuläres β-Lactoglobulin vs. flexibles β-Casein) abhängig von den Milieubedingungen unterschiedliche Grenzflächenaktivitäten und somit auch Schäumungseigenschaften aufweisen. Für den Schäumungsprozess resultiert daraus, dass sowohl positive als auch negative Wechselwirkungen zwischen den einzelnen Proteinen sowie ggf. weiteren Rezepturbestandteilen auftreten können, welche die Eigenschaften der erzeugten Schäume wesentlich beeinflussen. Ziel dieser Arbeit ist es, das majore Molkenprotein β-Lactoglobulin hinsichtlich des Schäumungsverhaltens in Abhängigkeit der Proteinkonzentration sowie verschiedener Milieubedingungen (z. B. pH-Wert und Ionen-stärke) zu charakterisieren. Zur Schaumcharakterisierung dienen die Parameter Schaum-kapazität und Schaumstabilität. Die Schaumkapazität lässt sich über das Verhältnis des maximalen Schaumvolumens $V_{S,\ t=0}$ zum Ausgangsvolumen der Proteinlösung V_i beschreiben. Die Ermittlung der Schaumstabilität erfolgt durch den Quotienten aus dem Volumen des Schaums zum Zeitpunkt $t=x$ und dem maximalen Schaumvolumen nach Ende des Aufschäumvorgangs ($t=0$). Wie Abb. 1 zeigt, erfolgte die Schaumherstellung in einer Glassäule (d = 4 cm). Ein definiertes Gasvolumen ($\dot{V}_{Gas}$ = 0,1 L min^{-1}, 60 s) wurde durch eine Glasfritte (Porosität 9-16 µm) in der vorgelegten Proteinlösung (V = 40 mL) dispergiert und die Veränderung des Schaumvolumens in Abhängigkeit der Zeit (t_{gesamt} = 30 min) zerstörungsfrei aufgezeichnet.



$$Schaumkapazität\ [\%] = \frac{V_{S,t=0}}{V_i} \times 100$$

$$Schaumstabilität\ [\%] = \frac{V_{S,t=x}}{V_{S,t=0}} \times 100$$

Abb. 1: Prinzip der zerstörungsfreien Bestimmung von Schaumkapazität und Schaumstabilität

Neben der Proteinkonzentration und der Temperatur spielen der pH-Wert und die Ionenstärke der verwendeten Ausgangslösung eine wesentliche Rolle in Bezug auf die Grenzflächenaktivität und die Schäumungseigenschaften der enthaltenen Proteinmoleküle. Salze verändern die

Ladungsreichweite sowie die Löslichkeit von Proteinen, wogegen der pH-Wert in einer spezifischen Nettoladung der Proteinmoleküle resultiert. Zusätzlich verändert sich die Struktur des β-Lactoglobulins durch den pH-Wert. Im Sauren sowie im Neutralen liegt β-Lactoglobulin überwiegend als Dimer vor, während es am isoelektrischen Punkt (pH 5,2) zur Bildung von Oktameren kommt. Oberhalb von pH 8 verschiebt sich das Gleichgewicht in Richtung Monomere, bevor es schließlich zu einer Auffaltung und Denaturierung des Proteins kommt. Im Rahmen dieser Arbeit wurde β-Lactoglobulin zum einen in destilliertem Wasser und zum anderen in UF Permeat gelöst, um den Einfluss des Ionenmilieus in Abhängigkeit des pH-Werts zu evaluieren. Abb. 2 zeigt beispielhaft die Schaumkapazität sowie die Schaumstabilität einer 1 %-igen β-Lactoglobulin Lösung (dest. Wasser bzw. UF Permeat) in einem pH-Bereich von 2 bis 10.

Die Zunahme der Schaumkapazität mit steigendem pH-Wert in einem Bereich von pH 2 bis pH 5, sowohl für β-Lactoglobulin in Wasser als auch in UF Permeat, ist durch die Abschirmung der positiven Ladung der Proteinmoleküle erklärbar, die eine geringere Energiebarriere überwinden mussten, um an die positiv geladene Grenzfläche zu adsorbieren. Oberhalb des isoelektrischen Punktes (IEP, pH 5,2) kam es in Abhängigkeit des pH-Wertes bis pH 7 aufgrund der allgemein geringeren Energiebarriere (negative Ladung der Proteine) zu keiner weiteren signifikanten Veränderung der Schaumkapazität. Der Anstieg der Schaumkapazität von 400 % (pH 8) auf 580 % (pH 10) kann durch die Auffaltung des Proteinmoleküls und der damit verbundenen Freilegung hydrophober Bereiche aus dem Inneren der Struktur erklärt werden, wodurch es zur schnelleren Diffusion der Proteinmoleküle an die Luft/Wasser-Grenzfläche kommt.

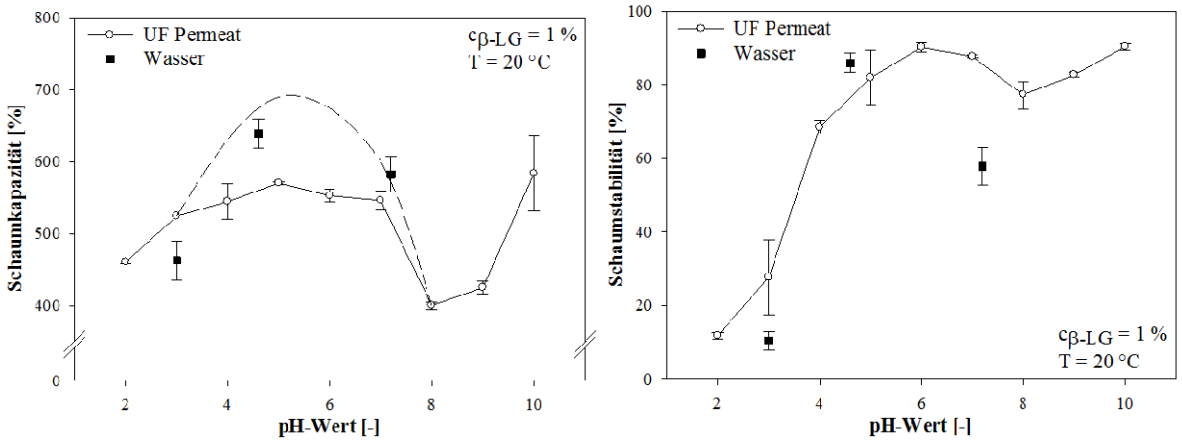


Abb. 2: Einfluss des Ionenmilieus auf die Schaumkapazität (links) und die Schaumstabilität (rechts) von β-Lactoglobulin

Um eine Vergleichbarkeit der Ergebnisse zu gewährleisten wurde bei allen Schaumversuchen mit einem konstanten Ausgangsvolumen der Proteinlösung von 40 mL gearbeitet. Im Bereich von pH 3 bis pH 8 war die Lösung aus β-Lactoglobulin in UF Permeat allerdings bereits vor Beendigung der Gaseinbringung verschäumt, weswegen die Versuche mit einem höheren Ausgangsvolumen wiederholt wurden. Die dazugehörigen Ergebnisse sind im Diagramm für die Schaum-kapazität (Abb. 2, links) durch die gestrichelte Linie dargestellt.

In Bezug auf die Schaumstabilität ließ sich für β-Lactoglobulin in UF Permeat eine Zunahme mit steigendem pH-Wert feststellen. Während sie bei pH 2 bei 10 % lag, erreichte sie im Bereich des isolelektrischen Punktes bzw. bei pH 10 ein Maximum von 90 %. Im direkten Vergleich zum destillierten Wasser konnte für die Proben mit UF Permeat bei pH 3 und pH 7 eine Erhöhung der Schaumstabilität festgestellt werden. Im Bereich des IEP hatte das Lö-

sungsmittel hingegen keinen signifikanten Einfluss auf die Schaumstabilität. Die erhöhte Stabilität der Schäume aus β-Lactoglobulin in UF Permeat gegenüber derer mit destilliertem Wasser als Lösungsmittel lässt sich auf die Abschirmung der Nettoladung durch die enthaltenen Ionen sowie die mögliche Ausbildung von Ionenbindungen zwischen benachbarten Proteinmolekülen an der Grenzfläche zurückführen. Am IEP war keine Veränderung der Schaumstabilität zu beobachten, da hier aufgrund der pH-bedingten reduzierten elektrostatischen Abstoßung der Proteinmoleküle bereits eine sehr hohe Belegungsdichte an der Grenzfläche und somit ein stabiler, hoch viskoelastischer Film erreicht wurde.

Insgesamt konnte gezeigt werden, dass die Schäumungseigenschaften von β-Lactoglobulin stark vom pH-Wert und dem verwendeten Ionenmilieu der Ausgangslösung abhängen.

Dank: Dieses Projekt wurde aus Mitteln der industriellen Gemeinschaftsforschung (Bundesministerium für Wirtschaft und Technologie/AiF) über den Forschungskreis der Ernährungsindustrie e.V. (FEI) gefördert. Projekt-Nr. AiF-FV 17124 N.

Steigerung der emulgierenden Eigenschaften von β-Lactoglobulin durch enzymatische Hydrolyse

Improving emulsifying properties of β-Lactoglobulin by enzymatic hydrolysis

Elena Leeb, Melanie Marx, Seronei Cheison

Molkenproteine werden aufgrund ihrer guten technologisch-funktionellen Eigenschaften zur Stabilisierung verschiedener Lebensmittelstrukturen eingesetzt. Die Funktionalität der Molkenproteine basiert auf deren chemisch-physikalischen Eigenschaften (z.B. Löslichkeit, Hydrophobizität, Grenzflächenadsorption), welche wiederum durch das umgebende Milieu und der daraus resultierenden Proteinkonformation beeinflusst werden. In Abhängigkeit von der räumlichen Anordnung werden grenzflächenaktive Regionen des Proteins unterschiedlich stark exponiert, so dass die funktionellen Eigenschaften nicht immer ideal genutzt werden können. Da die Konformation einen maßgeblichen Einfluss auf die funktionellen Eigenschaften besitzt, können diese durch eine enzymatische Hydrolyse des Proteins verändert werden. Neben einer Verringerung des Molekulargewichtes und einer Steigerung der Anzahl ionisierbarer Gruppen werden dabei hydrophobe Gruppen aufgedeckt. Die so erreichte zusätzliche Exposition grenzflächenaktiver Gruppen ermöglicht den gezielten Einsatz dieser Proteinfragmente in Lebensmitteln.

Ziel dieser Untersuchung war es daher, den Einfluss einer tryptischen Hydrolyse auf die emulgierenden Eigenschaften von β-Lactoglobulin (β-Lg) zu ermitteln. Um ein Hydrolysat mit definierter Peptidzusammensetzung einsetzen zu können, wurde natives β-Lg unter für das Enzym optimalen Bedingungen (38 °C, pH 8) mit Trypsin hydrolysiert (Enzym-Substrat-Verhältnis: 0.1 %). Der Einfluss der Milieubedingungen während des Emulgierprozesses wurde durch Variation des pH-Werts (5.1, 6.8, 8.0) und der Proteinkonzentration (0.25 %, 1 %, 5 %) bestimmt. Die Öl-in-Wasser-Emulsionen (10 % Ölanteil) wurden unter Zugabe von nativem sowie hydrolysiertem β-Lg stabilisiert. Die emulgierenden Eigenschaften des intakten sowie hydrolysierten β-Lg wurden schließlich anhand der Partikelgrößenverteilung der Emulsionstropfen bewertet.

In Abb. 1 sind zunächst die Partikelgrößenverteilungen der mit intaktem β-Lg stabilisierten Öltröpfchen anhand des $d_{10,3}$, $d_{50,3}$ und $d_{90,3}$ in Abhängigkeit der Proteinkonzentration und des pH-Werts der Emulsion dargestellt.

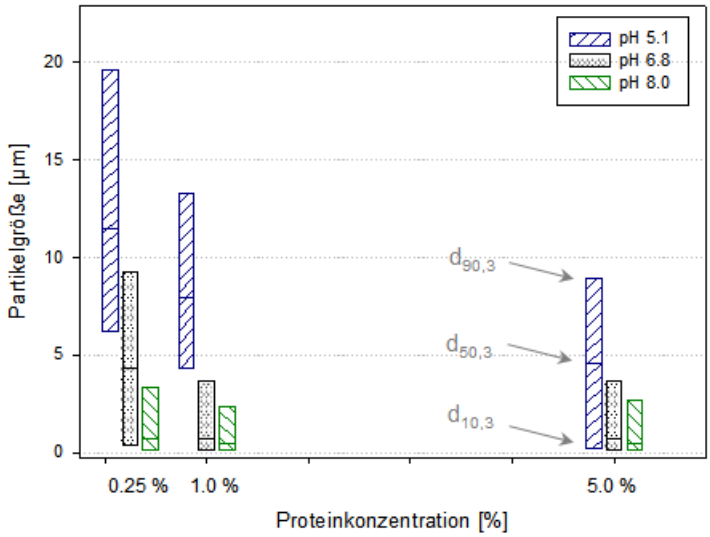


Abb. 1: Einfluss des pH-Werts auf die Partikelgrößen ($d_{10,3}$, $d_{50,3}$, $d_{90,3}$) der Emulsionstropfen in Abhängigkeit von der β-Lactoglobulin-Konzentration (ohne vorherige Hydrolyse)

Es konnte gezeigt werden, dass die Emulgiereigenschaften von nativem β-Lg stark von der Proteinkonzentration und dem pH-Wert der Emulsion abhängen. Emulsionen mit nativem β-Lg weisen hohe Tröpfchengrößen auf, wenn der pH-Wert bei niedriger Proteinkonzentration auf den isoelektrischen Punkt (IEP) von β-Lg (pH 5.1) eingestellt wurde. Durch Erhöhung des pH-Wertes von 5.1 auf 6.8 bzw. 8.0 sowie durch Steigerung der Proteinkonzentration können dennoch stabile Emulsionen erhalten werden, indem eine Aufrahmung der kleinen Tröpfchen mit Durchmessern von etwa 1 µm deutlich verringert wird. Jedoch ist unabhängig von der Proteinkonzentration ein deutlicher Einfluss des umgebenden pH-Werts auf die Stabilität der Emulsionen zu verzeichnen, der maßgeblich durch pH-bedingte Konformationsänderungen sowie elektrostatische Wechselwirkungen bedingt ist. Während bei pH-Werten der Emulsionen am IEP des β-Lg die Öltröpfchengröße als auch die Partikelgrößenverteilung deutlich am größten ist, werden bei höheren pH-Werten von 6.8 und 8.0 kleinere Tröpfchen stabilisiert.

Um den Effekt des umgebenden Milieus auf die Molekülstruktur und somit auch auf die Grenzflächenbesetzung zu vermindern, wurde ein Abbau des Proteins zu Peptiden durch enzymatische Hydrolyse durchgeführt. Es wurde hydrolysiertes β-Lg als Emulgator, im Vergleich zum nicht hydrolysierten β-Lg eingesetzt. Neben der Verringerung des Molekulargewichts und einer damit verbundenen schnelleren Adsorption der Moleküle an der Grenzfläche werden durch die enzymatische Hydrolyse grenzflächenaktive Regionen des Moleküls freigelegt.

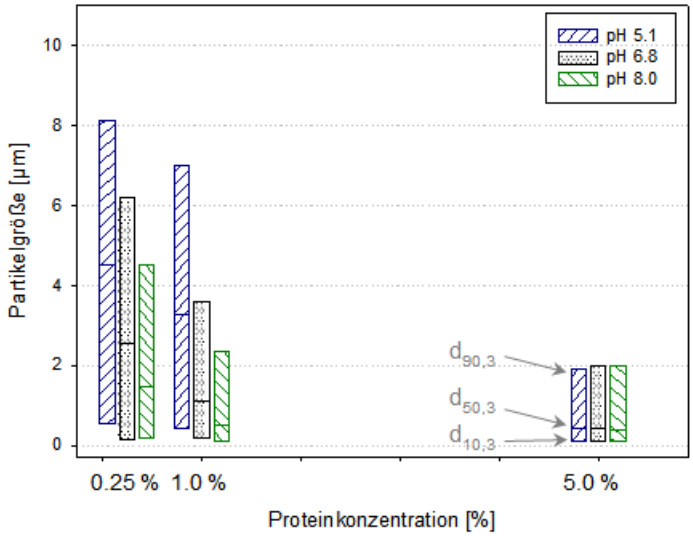


Abb. 2: Einfluss des pH-Werts auf die Partikelgrößen ($d_{10,3}$, $d_{50,3}$, $d_{90,3}$) der Emulsionstropfen in Abhängigkeit von der Konzentration an hydrolysiertem β-Lactoglobulin

Durch die tryptische Hydrolyse von β-Lg konnte der Einfluss des umgebenden pH-Werts auf die emulgierenden Eigenschaften des Proteins verringert werden. In Abb. 2 sind der $d_{10,3}$, $d_{50,3}$ und $d_{90,3}$ der mittels hydrolysiertem β-Lg stabilisierten Öltröpfchen in Abhängigkeit der eingesetzten Proteinkonzentration und des pH-Werts der Emulsion dargestellt.

Es wird deutlich, dass im Vergleich zum Einsatz von nativem β-Lg die Tröpfchengrößenverteilung der Emulsionen unter Einsatz des hydrolysierten β-Lg deutlich niedrigere Werte aufzeigen. Um die Unterschiede zwischen den verschiedenen pH-Werten deutlicher zu machen, wurde die Skala in Abb. 2 im Vergleich zu Abb. 1 gespreizt. Während durch die Steigerung der Peptidkonzentration die Tröpfchengröße merklich beeinflusst wird, besitzt der pH-Wert der Emulsion einen deutlich geringeren Einfluss. So konnten bei niedrigen Proteinkonzentrationen von 0.25 % und einem pH von 5.1 mittlere Tröpfchengrößen von 4.6 µm ermittelt werden, die durch eine Steigerung des pH-Werts bis hin zu 8.0 einen mittleren Durchmesser von 1.7 µm aufwiesen. Bei hohen Proteinkonzentrationen von 5 % konnte eine mittlere Partikelgröße von etwa 0.5 µm unabhängig vom umgebenden pH-Wert ermittelt werden.

Durch die tryptische Hydrolyse konnte eine Steigerung der emulgierenden Eigenschaften des β-Lactoglobulins erreicht werden, welche zudem den Einfluss des umgebenden pH-Werts auf die Grenzflächenstabilisierung vermindert.

Dank: Dieses Projekt wird aus den Mitteln der industriellen Gemeinschaftsforschung (Bundesministerium für Wirtschaft/AiF) über den Forschungskreis der Ernährungsindustrie e.V. (FEI) gefördert. Projekt-Nr: AiF-FV 16541 N.

Aggregation von Molkenproteinen bei Erhitzung und Scherung – Einfluss der Proteinkonzentration

Aggregation of whey proteins under heating and shearing conditions – effect of protein concentration

Magdalena Merkl

Funktionelle Eigenschaften von Proteinen können durch kontrollierte Aggregation gezielt modifiziert werden. Eine solche Partikelbildung kann durch eine kontrollierte mechanische und thermische Behandlung erreicht werden. Im industriellen Maßstab bestehen verschiedene Möglichkeiten, um einen kombinierten Erhitzungs- und Scherprozess zu realisieren. Es kann beispielsweise die Heißextrusion eingesetzt werden. Im Vergleich zum Schabewärmetauscher können im Extruder wesentlich höhere Trockenmassen eingesetzt werden, so dass weniger Volumen behandelt werden muss und der Prozess dadurch energieeffizienter wird. Da aber die Verweilzeit und die Scherrate bei der Extrusion sowohl von der Schneckenkonfiguration und der Drehzahl sowie von den rheologischen Eigenschaften der Proteinlösung abhängen, können sie im Extruder nicht unabhängig voneinander untersucht werden. Um den Einfluss einzelner Parameter zu untersuchen, wurde daher zunächst im Labormaßstab mit einem Rotationsrheometer gearbeitet. Damit können Effekte durch Scherung, Temperatur und Verweilzeit voneinander entkoppelt werden. Für die Untersuchungen wurde die Proteinkonzentration von 5 bis 30 % (w/w) variiert. Der Einfluss der Proteinkonzentration auf den Anteil an aggregiertem Protein (AaP) bei 70 °C, einer Heißhaltezeit von 30 min und einer Scherrate von 500 s^{-1} ist in Abb. 1 dargestellt. Der AaP wird hier vereinfacht als Differenz zwischen Gesamtprotein und nativem Protein definiert. Nach gleicher Behandlungszeit steigt der AaP mit der Proteinkonzentration.

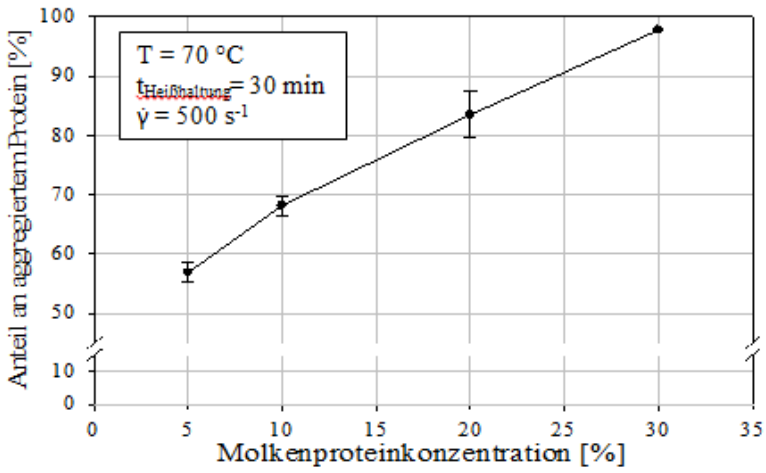


Abb. 1: Einfluss der Proteinkonzentration auf den AaP bei 70 °C, $\dot{\gamma}$ = 500 s^{-1} und einer Heißhaltezeit von 30 min

Damit wird bei höherer Proteinkonzentration schneller ein höherer AaP erreicht. Nach 30 min Heißhaltezeit sind alle Proteine aggregiert und der Konzentrationseinfluss kann unabhängig vom AaP betrachtet werden. Durch Erhöhung der Proteinkonzentration entstehen kleinere Aggregate (Abb. 2). Dies ist auf die höhere Viskosität und die damit verbundene höhere auf die Partikel wirkende Schubspannung zurückzuführen.

Allerdings nimmt mit höherer Proteinkonzentration auch der Span, ein Maß für die Breite der Partikelgrößenverteilung, zu (Abb. 2).

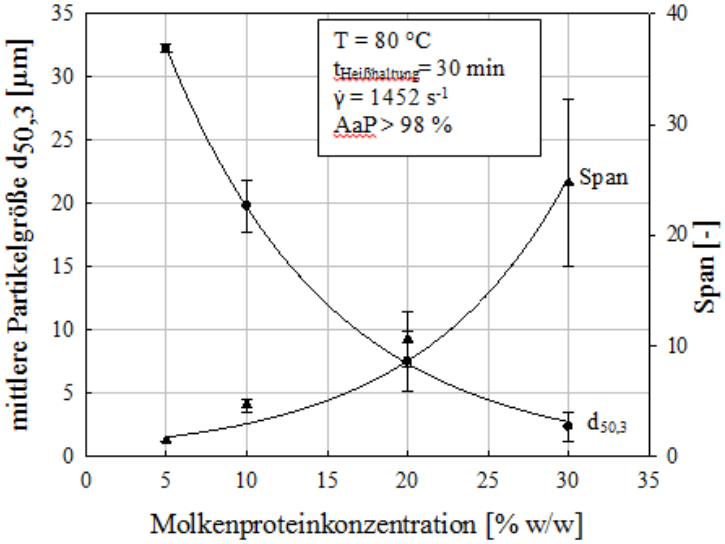


Abb.2: Einfluss der Proteinkonzentration auf die mittlere Partikelgröße und Span der Partikelgrößenverteilung bei 80 °C, $\dot{\gamma}$=1452 s^{-1} und einem AaP > 98 %

Zudem ist die Kontakthäufigkeit größer, die Partikel wachsen schneller. Der Einfluss der Molkenproteinkonzentration auf die Struktur der gebildeten Aggregate ist anhand der Lichtmikroskopaufnahmen bei 100-facher Vergrößerung in Abb. 3 dargestellt.

Die Struktur und das Aussehen der Aggregate änderten sich mit steigender Proteinkonzentration von einer verzweigten, porösen Erscheinung zu einer runden und kompakten Form.

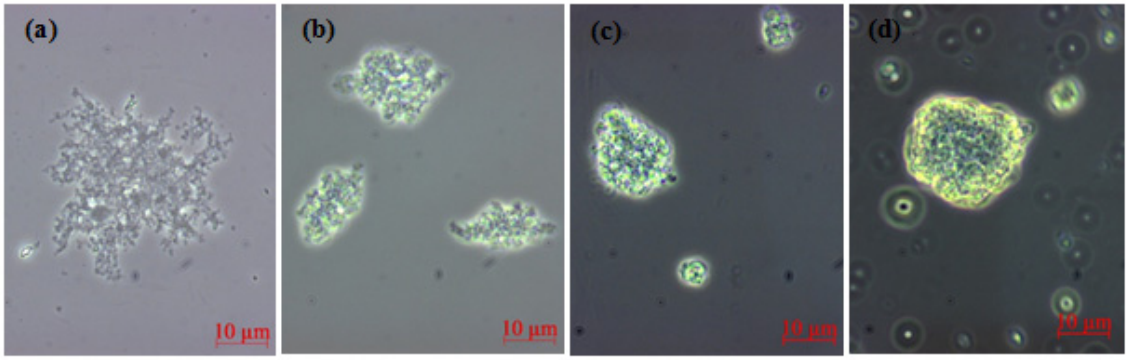


Abb. 3: Struktur der Aggregate nach 30 min Heißhaltezeit bei 80 °C und einer Scherrate von 500 s^{-1} bei verschiedenen Molkenproteinkonzentrationen (w/w) (a) 5 % (b) 10 % (c) 20 % und (d) 30 %

Dies kann durch die unterschiedliche Schubspannung, die auf die Partikel wirkt, erklärt werden. Bei einer geringen Proteinkonzentration ist die Viskosität der Suspension gering und damit auch die wirkende Schubspannung, dadurch können sich die Proteine an vielen Oberflächen-Kontaktpunkten anlagern und Verzweigungen ausbilden.

Bei höheren Konzentrationen ist dies aufgrund der höheren Schubspannung dagegen nicht möglich. Folglich erhalten die Aggregate eine sphärische Form und eine glattere Oberfläche. Die gebildeten Aggregate werden zusätzlich durch die höhere Kraft (bzw. Schubspannung), die auf die Partikel wirkt verdichtet.

Da die Struktur und Größe maßgeblich die funktionellen Eigenschaften der Proteinaggregate mitbestimmen, können diese Ergebnisse als Basis für die Auslegung von Extrusionsprozessen zur Herstellung von mikropartikulierten Molkenproteinen dienen.

Fraktionierung von Eigelb und technologisch-funktionelles Potential der Eigelbhauptfraktionen Granula und Plasma

Fractionation and separate utilisation of the techno-functional potential of egg yolk's main fractions plasma and granules

Thomas Strixner

Eigelb ist ein komplexes System zahlreicher Lipide, Proteine und Lipoproteine mit einem Trockenmassegehalt von ca. 50 %, das sich durch die gezielte Veränderung von Milieu- und Prozessbedingungen in seiner Funktionalität beeinflussen lässt. Natürliches Eigelb besteht zu 80 % aus einer Plasma-Fraktion und zu 20 % aus Eigelbpartikeln, den so genannten Granula. Plasma ist die wasserlösliche Lipid-Fraktion des Eigelbs und besteht zu 85 % aus Low-Density-Lipoproteinen (LDL). Die sedimentierbaren Granula-Bestandteile bestehen aus High-Density-Lipoproteinen (HDL) und Phosvitin, die durch Calcium-Phosphat-Brücken miteinander verbunden sind. Bei der Verwendung von Gesamt-Eigelb lassen sich zwar physikalisch stabile Emulsionen erzeugen, jedoch technologische, sensorische und organoleptische Eigenschaften nur in begrenztem Rahmen steuern. Das Forschungsvorhaben AiF/FEI 16009 N beschäftigte sich daher mit der Fraktionierung von Eigelb und der gezielten Nutzung des funktionellen Potentials der Eigelbhauptfraktionen, Granula und Plasma. Ergebnisse hierzu wurden umfassend dargestellt [1; 2], nachfolgend sollen die Kernaspekte diskutiert werden.

Bisher war es noch nicht gelungen, erwartbare Unterschiede im technologisch-funktionellen Potenzial der einzelnen Eigelbhauptfraktionen zu nutzen, da kein Prozess zur Trennung etabliert war. In der vorliegenden Arbeit wurde daher zunächst die Möglichkeit der kontinuierlichen zentrifugalen Fraktionierung von Eigelb in eine Granula- und Plasma-Fraktion evaluiert. Abb. 1 zeigt die erzielten Abscheidegrade η in Abhängigkeit von den angewandten g-Zahlen und für verschiedene Prozessparameter. Dabei ist der Abscheidegrad η definiert als Verhältnis von sedimentiertem Granula zu Gesamt-Granulabestandteilen. Wie erwartet, führt eine erhöhte TM in der Eigelblösung zu deutlich schlechteren Abscheidegraden. Bei einem TM-Gehalt von 34 % wird ab 5.000 g ein nahezu konstanter Abscheidegrad erreicht. Eine weitere Erhöhung der g-Zahl führt zu keiner verbesserten Sedimentation. Unabhängig von der g-Zahl war ein Abscheiden der Granulapartikel bei 34 % TM nur zu 50 % möglich.

Gleichzeitig zeigt Abb. 1, dass bei TM-Gehalten von 22 % erhöhte Produkttemperaturen von 50 °C zu einer wesentlich besseren Sedimentation führen, bedingt u. a. durch eine verringerte Viskosität. Mit vorangeschalteter Verdünnung, Temperierung und bei zentrifugalen Beschleunigungen bis 10.000 g in einer speziell entwickelten Dekantierzentrifuge (Sedicanter,

Flottweg AG, Vilsbiburg) konnte eine vollständige Trennung der Plasma- und Granula-Fraktionen erreicht werden.

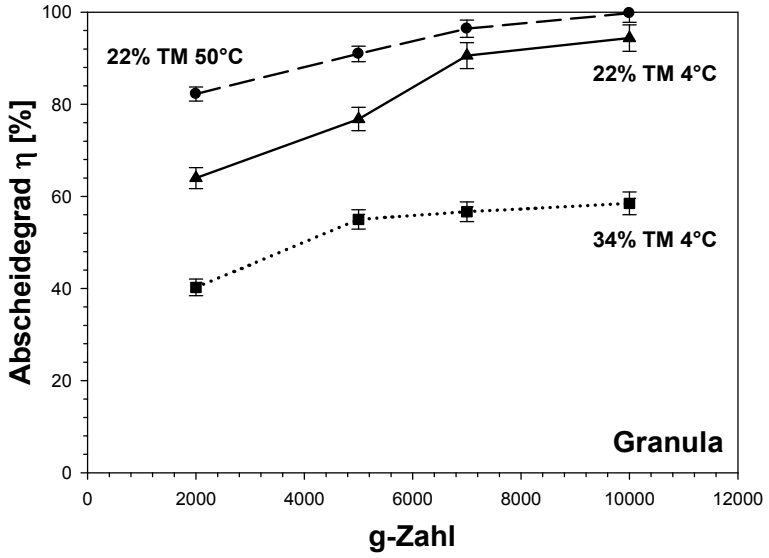


Abb. 1: Abscheidegrad η von Granula aus Eigelblösungen in Abhän - gigkeit der anliegenden g-Zahl für verschiedene Verdünnungs stufen (22% und 34% TM) und Produkttemperaturen (4°C und 50°C).

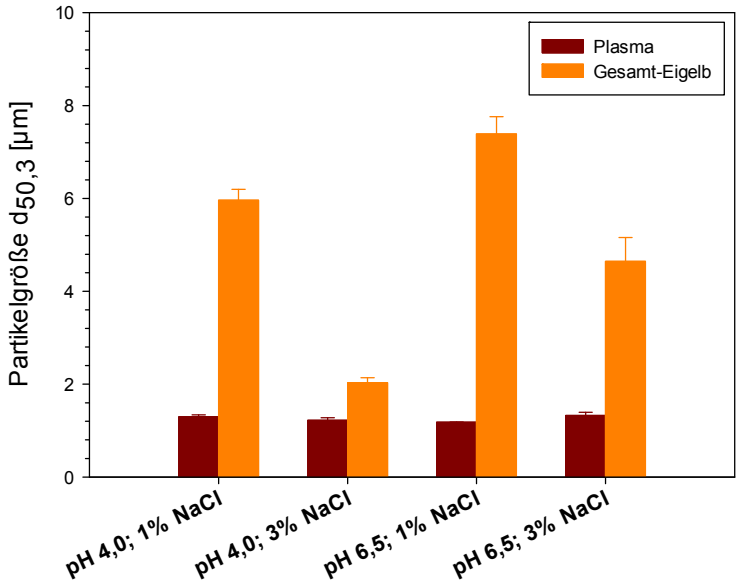


Abb 2: Mittlere Partikelgröße $d_{50,3}$ von Emulsionen (30 % Fett) hergestellt mit einer sprühgetrockneten und fakultativ enzymatisch modifizierten Plasma-Fraktion bei variablen Milieubedingun gen.

In Arbeiten zum funktionellen Potential von Gesamteigelb konnte gezeigt werden, dass veränderte Milieubedingungen bei der Produktapplikation zu sehr unterschiedlichen emulgierenden Eigenschaften führen. Diese Variabilität macht es schwierig, vorhersagbare Produkteigenschaften mit Gesamteigelb im Hinblick auf Emulsionsstabilität und Textur zu generieren. Eine Ursache dafür liegt in der Sensitivität der Granula-Bestandteile gegenüber pH-Wert-Änderungen und Salzzugaben. Vier Milieubedingungen haben sich herausgestellt, jeweils einen bestimmten Aggregat-Zustand der Granula zu bedingen: pH 6,5 und 1 % NaCl (natürliches Eigelbmilieu, Granula-Proteine zu etwa 30 % löslich); pH 6,5 und 3 % NaCl (Granula dissoziiert, 100 % löslich); pH 4 und 1 % NaCl (Granula komplett aggregiert, 0 % löslich); pH 4 und 3 % NaCl (Granula aggregiert, 0 % löslich, Aggregate aber scherinstabil). Die Löslichkeit der Plasma-Bestandteile ist hingegen unabhängig von pH-Wert und Salzgehalt.

Um diese Unterschiede beider Fraktionen bei der Emulsionsherstellung zu nutzen, wurden Modellemulsionen (30 % Fettgehalt) hergestellt und anhand von Parametern wie Partikelgrößenverteilung und Viskosität charakterisiert. Für die mikrobiologische Sicherheit wurde mit sprühgetrockneten Fraktionen gearbeitet, wobei der Einfluss einer Sprühtrocknung auf die funktionellen Eigenschaften beider Fraktionen umfassend charakterisiert wurde [3].

Abb. 2 zeigt die mittlere Partikelgröße von Öltröpfchen in Emulsionen hergestellt mit Gesamteigelb oder einer reinen Plasma-Fraktion. Wie aus Abb. 2 hervorgeht ist die Plasma-

Fraktion in der Lage initial sehr kleine Partikelgrößen mit durchschnittlich 1,3 µm zu stabilisieren. Ebenfalls ist keine signifikante Veränderung in der erzeugten Tröpfchengröße mit variierendem pH-Wert und Salzgehalt zu erkennen. Die Emulgieraktivität der Plasma-Fraktion ist somit unabhängig von den produktspezifischen Milieubedingungen. Ein variabler Einsatz bei schwankenden Produkteigenschaften ist daher möglich. Weiter konnte gezeigt werden, dass in Emulsionen mit sprühgetrockneten Plasma-Fraktionen anstelle von Gesamteigelb der Geschmack, der Ei-typische Charakter sowie die Farbintensität deutlich verbessert werden konnte. Im Gegensatz zur Verwendung einer reinen Plasma-Fraktion unterliegen die stabilisierten Öltröpfchengrößen in Emulsionen beim Einsatz von Gesamteigelb starken milieuabhängigen Schwankungen. Dies ist auf den intakten/dissoziierten Zustand der Granula-Mizellen im Gesamteigelb zurückzuführen. Im dissoziierten Zustand nach einer NaCl-Zugabe zeigen die granulären HDL-Apoproteine eine schnelle Auffaltung und hohe Flexibilität an der O/W Grenzfläche. Dieser Effekt wird durch einen sauren pH-Wert am Isoelektrischen Punkt (IEP) der Granula-Proteine noch zusätzlich verstärkt. Im intakten Zustand der Granula-Mizellen hingegen ist aufgrund der eingeschränkten diffusiven Mobilität nur eine unzureichende Grenzflächenbesetzung möglich. Zusammenfassend ist in Abb. 2 zu erkennen, dass die emulgierenden Eigenschaften von Gesamteigelb und folglich auch der Granula-Fraktion geringer ausgeprägt sind als die der Plasma-Fraktion.

Der spezifische Nutzen der Granula-Fraktion als wertgebende Komponente im Eigelb liegt vielmehr in den texturierenden und strukturierenden Eigenschaften. Die Granula-Fraktion zeigt im Vergleich zu Plasma überragende Strukturbildungseigenschaften. Besonders im sauren Milieu und bei Salzzugabe (Dissoziation der granulären Mizellstruktur) kann mit einer Granula-Fraktion die Struktur/Textur im Produkt maßgeblich gesteigert werden, die Emulsionen (30 % Fett) gelieren (Abb. 3). Geschmacklich und geruchlich sind Mayonnaisen stabilisiert mit sprühgetrocknetem Granula neutral, farblich weiß-trüb. Dies bietet ideale Voraussetzungen für den Einsatz als Stabilisator, ohne dass eine weitere Gabe von Hydrokolloiden nötig ist.

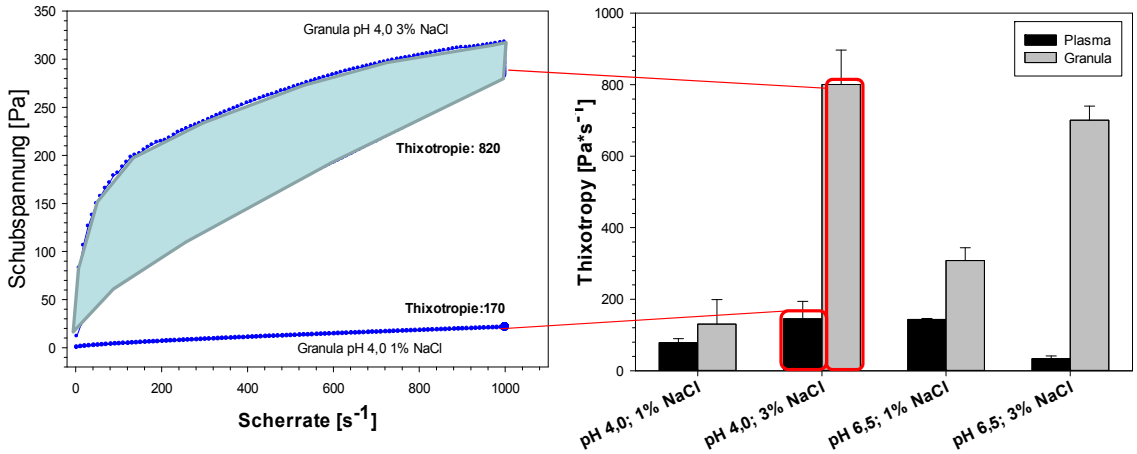


Abb. 3: Thixotropie [Pa*s-1] (Hysteresefläche) von Emulsionen (30 % Fett) in Abhängigkeit der Milieubedingungen (pH-Wert und NaCl-Konzentration) für eine sprühgetrocknete Granula- und Plasma Fraktion.

Zusammenfassend konnte gezeigt werden, dass das entwickelte Fraktionierungsverfahren und die adaptierten Modifikationen einen wesentlich effektiveren und breiteren Einsatz von Eigelbkomponenten bei der Herstellung von Emulsionen wie Dressings, Soßen, Mayonnaisen, Konserven oder Feinkostprodukten ermöglichen.
Zudem kann die Wertschöpfung von Eigelb deutlich verbessert werden. Zusätzlich bietet das Verfahren zahlreiche Ansätze zur Entwicklung neuartiger Produkte von fraktionierten Eigelbkomponenten.

Literatur:
[1] Strixner, T., Kulozik, U. (2012). Fraktionierung und getrennte Ausnutzung des technologisch funktionellen Potentials der Eigelbhauptfraktionen Granula und Plasma. Abschlussbericht zu AiF/FEI 16009 N, TU-München.
[2] Strixner, T., Kulozik, U (2010): Influence of chemical and structural characteristics of egg yolk granula and plasma fraction on the continuous centrifugal separation process of liquid egg yolk. 6th World Congress on Particle Technology, Book of Proceedings.
[3] Strixner, T., Würth, R., Kulozik, U. (2011): Sprühtrocknung in Kombination mit enzymatischer Modifikation zur Funktionalisierung der Eigelbhauptfraktionen Granula und Plasma. Jahresbericht zur Milchwissenschaftlichen Forschung am Zentralinstitut für Ernährungs- und Lebensmittelforschung Weihenstephan, ISBN 973-3-939182-43-6

Dank: Dieses Projekt wurde aus Mitteln der industriellen Gemeinschaftsforschung (Bundesministerium für Wirtschaft und Technologie/AiF) über den Forschungskreis der Ernährungsindustrie e.V. (FEI) gefördert. Projekt-Nr. AiF-FV 16009 N.

Forschungsgebiet Membran- und Chromatographie-Trenntechnik
Workgroup Membrane and Chromatography Separation Techniques

Neue mechanische Methoden zur Viskositätssenkung und Ermöglichung der Filtrierbarkeit von Eiklar

New mechanical methods for decreasing the viscosity of egg white as well as enabling its filtration

Janina Brand

Eiklar ist in mehreren Schichten aufgebaut. Direkt unterhalb der Schale und um das Eigelb herum befindet sich eine dünnflüssige Eiklarschicht, dazwischen eine hochviskose Schicht, welche fast 60 % des gesamten Eiklars ausmacht. Diese charakteristische Struktur wird durch den hohen Gehalt des strukturgebenden Glykoproteins Ovomucin verursacht, welches im hochviskosen Teil ungefähr in vierfach höherer Konzentration enthalten ist als im niedrigviskosen Teil des Eiklars. Der hochviskose und gelartige Charakter dieses Proteins resultiert aus einem hohen Molekulargewicht von 5,5 - 8,3*10^3 kDa sowie dem über Disulfidbrücken stabilisierten Fibrillennetzwerk (Abb. 1). Aufgrund der hohen Viskosität und der stark inhomogenen Struktur ist für die gute Verarbeitbarkeit des Eiklars eine gezielte Vorbehandlung erforderlich. Der Ansatz, welcher in der Literatur meist verwendet wird, ist die isoelektrische Fällung des strukturgebenden Proteins Ovomucin. Allerdings resultiert diese Fällungsmethode zum einen in einer unerwünschten Verdünnung des Eiklars mit einer Natriumchloridlösung und zum anderen in einem Verlust des Proteins Ovomucin sowie der kopräzipitierten Proteine (v.a. Lysozym, Ovalbumin). Ziel dieser Arbeit war es folglich, die Viskosität des Eiklars durch mechanische Methoden zu senken sowie eine homogene Struktur zu erzielen. Zusätzlich sollte die Filtrierbarkeit mit einer Porengröße von 0,45 µm ermöglicht werden.

Abb. 1: Lichtmikroskopische Aufnahme des Ovomucin-Fibrillennetzwerkes (Färbung: Toluidinblau) (Solomon 1983)

Dies sollte ohne eine Verdünnung der Lösung oder Proteinverluste erreicht werden. Die Hypothese war, dass es möglich ist, die fibrilläre Struktur des Ovomucins mittels Hochdruck-homogenisator (HH) zu zerkleinern ohne einen Funktionalitätsverlust der wertgebenden Eiklarproteine zu verursachen.

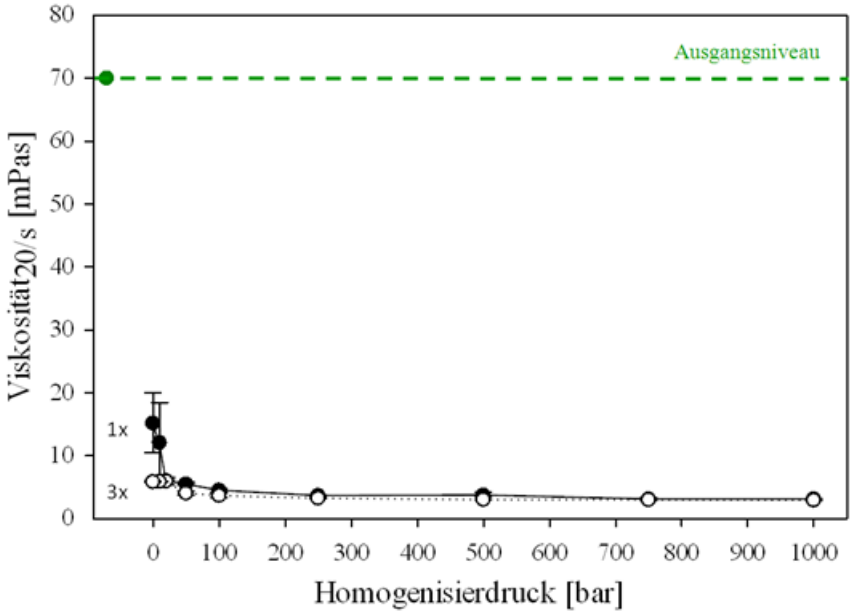


Abb. 2: Viskosität der Eiklarproben in Abhängigkeit des Homogenisierdruckes und der Behandlungshäufigkeit

Hierzu wurde die Eiklarlösung mittels verschiedener Druckstufen (0 - 1000 bar) sowie unter Variation der Anzahl an Durchläufen (einfach, dreifach) behandelt. Die unterschiedlich vorbehandelten Eiklarproben wurden anschließend physikalisch-chemisch charakterisiert (Viskosität, Partikelgrößen, Filtrierbarkeit, DSC).

Abb. 2 zeigt sowohl die Viskosität der unbehandelten Eiklarprobe (70 mPas) als auch die Viskositätswerte, welche aus der Behandlung mittels HH in Abhängigkeit des Homogenisierdruckes und der Behandlungshäufigkeit resultierten. Es wurde fest-gestellt, dass die Viskosität durch die Be-handlung deutlich sinkt.

Durch die Verwendung höherer Drücke kommt es zu einer kontinuierlichen Abnahme der Viskosität, wobei bei der einmaligen Behandlung ab 750 bar und bei der dreimaligen Behandlung ab 250 bar ein Plateau erreicht wird. Im niedrigen Druckbereich führt die dreimalige Behandlung zu deutlich geringeren Werten, wobei dieser Unterschied mit steigenden Drücken kleiner ist. Die resultierenden niedrigen Viskositäten lassen vermuten, dass die Proteinfibrillen durch die hohen Kräfte im Hochdruckhomogenisator zerkleinert wer-den können. Die mechanische Methode stellt somit eine erfolgreiche und einfache Möglichkeit zur Viskositätssenkung dar. Zur Bestätigung der Zerkleinerungswirkung wurden die Partikelgrößen mittels Laserbeugung bestimmt (Abb. 3).

Die resultierenden Partikelgrößen können in drei Bereiche eingeteilt werden. Bei der einmaligen Behandlung mit 0 - 20 bar sowie bei der dreimaligen mit 0 bar lagen die Partikel im Bereich von 5-1800 µm, was lediglich marginaleZerkleinerungseffekte im Vergleich zum unbehandelten Eiklar darstellt.

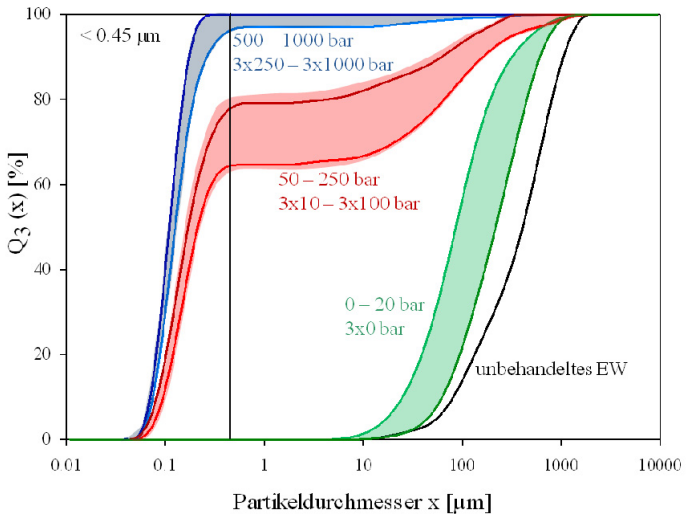


Abb. 3: Partikelgrößenbereiche der behandelten Eiklarproben im Vergleich zum unbehandelten Eiklar

Bei 1x50 - 250 bar bzw. 3x10 - 100 bar konnte bereits eine deutliche Zerkleinerungswirkung festgestellt werden. Der größte Zerkleinerungseffekt wurde bei 1x500 - 1x1000 bar bzw. 3x250 - 1000 bar erzielt. Da für weiterführende Anwendungen eine Vorfiltration des Substrates oft unabdingbar ist, war es von Interesse zu überprüfen, ob die erzielte Fibrillenzerkleinerung ausreicht, um die vorbehandelten Eiklarlösungen mittels einer Porengröße von 0,45 µm zu filtrieren. Hierfür wurde das Volumen bestimmt, welches mittels 0,45 µm-Filter filtriert werden kann, bevor dieser verblockt.

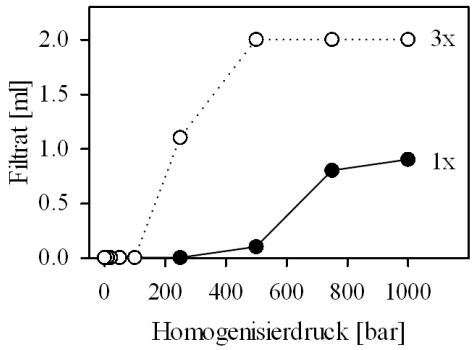


Abb. 4: Filtrierbarkeit der behandelten Eiklarproben mittels eines 0,45 µm-Filters

Abb. 4 zeigt, dass die Filtration bei der einmaligen Behandlung ab 500 bar bzw. bei der dreimaligen ab 250 bar möglich war. Die Betrachtung der Partikelgrößen zeigt, dass ab diesen Druckstufen jeweils 95 - 100 % der Partikel kleiner als 0,45 µm sind (Abb. 3) und somit der Zerkleinerungseffekt ausreicht, um die Filtrierbarkeit zu erzielen.

Es wurde gezeigt, dass das fibrilläre Netzwerk des Eiklars mittels HH gebrochen und somit die Viskosität ohne Verdünnungseffekte oder Proteinverluste gesenkt werden kann. Bei Drücken < 500 bar wurde kein Einfluss auf die Nativität der funktionellen Proteine Ovalbumin, Lysozym sowie Ovotransferrin detektiert. Die Ergebnisse sind relevant für die Weiterverarbeitung von Eiklar wie bspw. für die Fraktionierung der Proteine über Membran- bzw. chromatographische Trennverfahren, bei welcher die hohe Viskosität des Eiklars einen begrenzenden Faktor darstellen würde.

Literatur:
Solomon, S. E. (1983): Oviduct. In: Physiology and Biochemistry of the Domestic Fowl. Vol 4, pp 379-419. B.M. Freeman (ed.). Academic Press, London.

Dank:
Dieses Projekt wird aus den Mitteln der industriellen Gemeinschaftsforschung (Bundesministerium für Wirtschaft/AiF) über den Forschungskreis der Ernährungsindustrie e.V. (FEI) gefördert. Projekt-Nr: AiF-FV 17479 N.

Energieeinsparung durch haltbare Milch- und Molkekonzentrate

Energy saving by the use of stable milk and whey concentrates

Joseph Dumpler, Melanie Marx

In Deutschland werden jährlich etwa ein Drittel der gesamten Milchmenge (9 Mio. t von insgesamt 28 Mio. t) und etwa die Hälfte der produzierten Molke (8 Mio. t von ca. 15 Mio. t) zu Pulvern verarbeitet. Beim konventionellen Herstellungsprozess von Milch- und Molkepulvern, der in Abb. 1 dargestellt ist, werden Milch bzw. Molke zunächst mittels Eindampftechnik auf Trockenmassen von 45 % bzw. 60 % konzentriert und anschließend getrocknet. Um die Energieeffizienz des Konzentrierungsschrittes zu steigern, wird als zusätzlicher Verfahrensschritt vermehrt eine dem Eindampfen vorgeschaltete Umkehrosmose zur Vorkonzentrierung der Milch bzw. Molke auf Trockenmassen von bis zu 30 % angewendet. Der spezifische Energiebedarf der Umkehrosmose liegt mit 40 - 80 kJ/(kg H_2O) deutlich unterhalb des Energiebedarfs des Eindampfens, der ca. 200 kJ/(kg H_2O) beträgt. Beim Trocknen sind dagegen ca. 6000 kJ/(kg H_2O) aufzuwenden. Zwischen den einzelnen Verfahrensschritten bestehen also erhebliche Diskrepanzen in Bezug auf ihren jeweiligen Primärenergiebedarf.

So birgt eine Haltbarmachung der konzentrierten Milch bzw. Molke und der dadurch ermöglichte Verzicht auf den energieintensiven Trocknungsschritt ein sehr großes Energieeinsparpotenzial in sich.

Deshalb wird das Projekt „Neue ressourcen- und energiesparende Prozesse zur Herstellung, Vertrieb / Logistik und Einsatz von Milch- und Molkekonzentraten als Ersatz für Milch- und Molkepulver“ vom Bundesministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz (BMELV) gefördert. Konkrete Ziele dieses Projektes sind die Haltbarmachung von Milch- und Molkekonzentraten sowie die Gesamtbeurteilung der komplexen Verfahrensentwicklung entlang der Wertschöpfungskette.

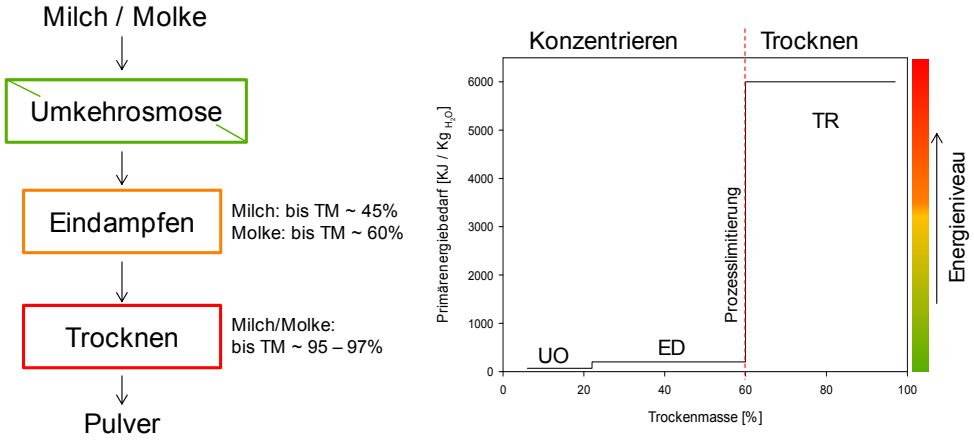


Abb. 1: Herstellungsprozess von Milch- bzw. Molkepulver und Primärenergiebedarf der einzelnen Verfahrensschritte

Durch den Einsatz und die Kombination sowohl membrantrenntechnischer als auch thermischer Verfahren sollen Prozesse zur klimaeffizienten Produktion haltbarer Milch- und Molkekonzentrate entwickelt werden. Für die Konzentrierung von Milch und Molke stehen als mögliche membrantrenntechnische Verfahrensvarianten sowohl Umkehrosmose, Nanofiltration als auch Ultrafiltration zur Verfügung. Außerdem kann eine Mikrofiltration zur Fraktionierung der Milchbestandteile sowie zur Keimabreicherung eingesetzt werden.

Da der Entkeimungseffekt der Mikrofiltration für das Erreichen der angestrebten Haltbarkeit der Konzentrate allerdings nicht ausreicht, soll diese in Analogie zur ESL-Technologie mit einer Pasteurisierung kombiniert werden. Durch diese gezielte Kombination von mechanischen und thermischen Verfahren zur Keimreduktion kann die prozessbedingte Schädigung der Konzentrate minimal gehalten werden. Weitere Verfahrensalternativen zur Entkeimung der Konzentrate stellen die indirekte UHT-Behandlung mittels Röhrenwärmeübertrager und die direkte UHT-Behandlung mittels Dampfinjektion bzw. Dampfinfusion dar. Durch die Installation einer neuen Membrananlage sowie einer UHT-Anlage, die sowohl indirekt als auch direkt mittels Dampfinjektion bzw. -infusion betrieben werden kann, wird die Umsetzung der geplanten Versuche zur Konzentraterhitzung ermöglicht. Für beide Versuchsanlagen ist die Planung bereits abgeschlossen.

Die genannten Erhitzertechnologien sollen anhand von Untersuchungen zur Keiminaktivierung, Proteindenaturierung, Lagerstabilität sowie Produktansatzbildung der Milch- und Molkekonzentrate miteinander verglichen werden.

Es wird erwartet, dass die verstärkt auftretende Ansatzbildung bei der Erhitzung von konzentrierter Milch bzw. Molke auf wärmeübertragenden Flächen durch den Einsatz direkter Erhitzungsverfahren wie Dampfinjektion und –infusion sowie durch gezielte Produktoptimierung reduziert werden kann.

Der Einsatz haltbarer Milch- und Molkekonzentrate anstelle von Pulvern bringt neben der Energieeinsparung auch eine vereinfachte Handhabung mit sich, die auf der funktionalen Überlegenheit von Konzentraten gegenüber Pulvern beruht. So entfällt bei der Verwendung von Konzentraten die mit hohem technischen Aufwand verbundene Redispergierung der Pulver. Gleichzeitig werden durch den Einsatz von Konzentraten Probleme, wie das Verklumpen von Pulver sowie das während der Lagerung von Pulvern auftretende „Caking“, umgangen.

Während der Lagerung von konzentrierter Milch sowie Molke kommt es, vor allem bei Milch, zu unerwünschter Nachverdickung, der sogenannten „Age-Gelation“. In ersten Untersuchungen zeigten mittels Umkehrosmose hergestellte und direkt erhitzte Magermilchkonzentrate einen sprunghaften Viskositätsanstieg und eine damit einhergehende Gelbildung nach fünf bis zehn wöchiger Lagerung. Einen wesentlichen Einfluss auf das Auftreten der Gelbildung zeigte hierbei die Lagertemperatur. So setzte die Gelbildung bei einer Lagertemperatur von 10 °C deutlich später ein als bei einer Lagertemperatur von 25 °C. Weiterhin soll neben dem Einfluss der Lagertemperatur auch der Einfluss der Erhitzungsart und -temperatur auf das Auftreten von Gelbildung in konzentrierter Milch bzw. Molke untersucht werden.

Die Bewertung der Klimaeffizienz gegenüber Milchpulvern mittels Life Cycle Assessment (LCA) und die erforderlichen Maßnahmen zur Integration der Konzentrattechnologie in die Milchwirtschaft mittels Supply Chain Planning (SCP) übernimmt der Lehrstuhl für Production and Supply Chain Planning der TUM unter der Leitung von Prof. Martin Grunow. In enger Zusammenarbeit mit zwei Unternehmen erfolgt anschließend das Upscaling der im Technikumsmaßstab etablierten Konzentrattechnologie in den industriellen Maßstab.

Als erster Schritt zur Realisierung des Projekts wurde eine neue UHT-Anlages wowie eine zusätzliche Membranversuchsanlage geplant, die in der ersten Jahreshälfte 2013 in Betrieb genommen werden soll.

Dank: Dieses Projekt wird aus Mitteln des Bundesministeriums für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz (BMELV) gefördert. Die Projektträgerschaft erfolgt über die Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE) im Rahmen des Programms zur Innovationsförderung, FKZ: 2817400511 BLE/GZ 313-06.01-28-1-74.005-11 UHT Milch/Molke Konzentrate

Der Einfluss des Rahm-Waschens auf die Milchfettkugelmembran-Proteine

Impact on the proteins of the milk fat globule membrane during washing of cream

Wolfgang Holzmüller, Magdalena Müller

Bei der Sekretion aus Milchdrüsenzellen werden Fettkugeln von einer 10-20 nm dicken Membran, der sogenannten Milchfettkugelmembran (MFKM) umschlossen. Während des Butterns von Rahm werden die Fettkugeln aufgebrochen, es kommt zu einer Phaseninversion und die hydrophile MFKM geht in die wässrige Buttermilch über. Die MFKM enthält neben polaren Lipiden, welche die Grundstruktur bilden, je nach Isolierungsmethode der Membran, einen Proteinanteil von bis zu 70 %. Im Vergleich zu den anderen Milchproteinen, welche bei der Butterung von Rahm ebenfalls in die Buttermilch übergehen, tragen die MFKM-Proteine geringfügig zum Gesamtproteingehalt bei. Trotz ihrem geringen Anteil in der Milch werden viele Komponenten der MFKM mit funktionellen Eigenschaften in Zusammenhänge gebracht. Um dieses Potential der MFKM-Proteine genauer untersuchen zu können, ist deren Isolierung notwendig. Als Standard-methode wird bisher das sogenannte Rahm-Waschen verwendet.

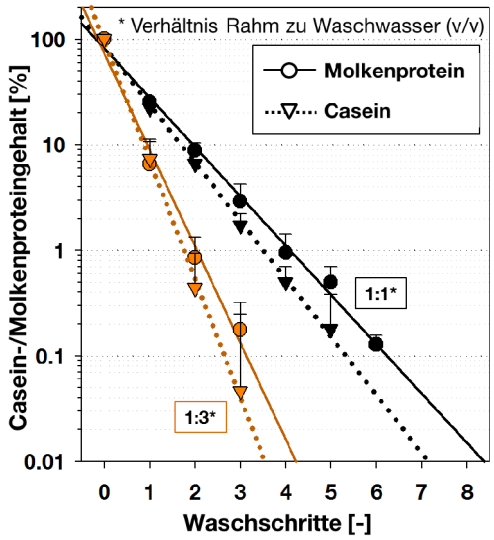


Abb.1: Einfluss der Anzahl von Waschschritten und Waschwasservolumen auf die Abtrennung von Magermilch-Proteinen

Dabei wird Rahm mit einer bestimmten Menge an Waschlösung verdünnt und anschließend erneut in Magermilch und Fettphase separiert. Durch Wiederholen dieses Prozesses können die wasserlöslichen Caseine und Molken-proteine aus dem Rahm entfernt und bei anschließendem Verbuttern ein MFKM-Isolat gewonnen werden. Je öfter Rahm gewaschen wird, desto mehr Magermilch-Proteine werden abgetrennt. Ebenfalls wirkt sich eine Erhöhung des Waschwasservolumens positiv auf die Entfernung der Caseine und Molkenproteine aus. Der Einfluss beider Parameter auf das Rahm-Waschen ist in Abb. 1 dargestellt. Nach zwei bzw. vier Waschschritten (WS) sind je nach Rahm-Waschwasser-Verhältnis ca. 99 % der Magermilchproteine abgetrennt. Diese Ergebnisse zeigen, dass die mehrmalige Separation eine geeignete Methode ist hinsichtlich der Isolierung von Fettkugeln und somit von MFKM-Material. Gleichzeitig musste allerdings festgestellt werden, dass auch erhebliche Teile der MFKM selbst mit ausgewaschen werden. Dieser Prozess der Isolierung der Fettkugeln von den Magermilchbestandteilen wird seit Jahrzehnten vielfach publiziert. Mögliche auftretende Verluste der MFKM-Bestandteile während des Waschens sind nicht unbekannt, werden aber bei der MFKM-Gewinnung zumeist vernachlässigt. Die Verluste an MFKM-Material während des Isolierungsprozesses sind bisher unzureichend quantifiziert. Im Sinne der effektiven Gewinnung von dem funktionellen Zielmaterial ist aber eine Quantifizierung des Verlustes notwendig. Um den Effekt des Rahm-Waschens besser beurteilen zu können, wurde Rohrahm

mit der gleichen Menge Wasser vermengt und separiert. Durch fünfmaliges Wiederholen dieses Vorgangs konnten somit sechs unterschiedliche Rahmproben (0 WS → 5 WS) hergestellt werden. Nach dem Buttern dieser sechs Proben im Batch-Verfahren standen Buttermilchproben aus unterschiedlich oft gewaschenem Rahm zur Verfügung. Diese Proben wurden anschließend mittels SDS-PAGE untersucht. Durch einen Vergleich der Farbintensität der jeweiligen Proteinbanden auf einer SDS-PAGE können Unterschiede in den Proteingehalten nachgewiesen werden.

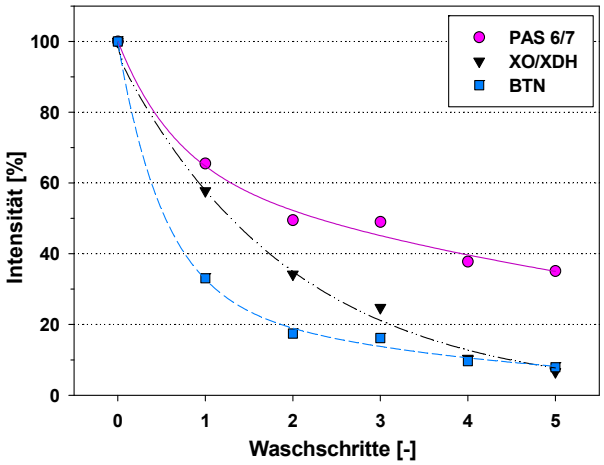


Abb. 2: Änderung der spezifischen MFKM-Protein-Gehalte in Buttermilch in Abhängigkeit des Waschprozesses (Waschwasser-Rohrahm-Ratio 1:1)

In Abb. 2 sind die Intensitäten der drei MFKM-Proteine Lactadherin (PAS 6/7), Xanthinoxidase bzw. Xanthindehydrogenase (XO/XDH) und Butyrophilin (BTN) in Abhängigkeit des jeweiligen Waschschritts dargestellt. Es zeigt sich deutlich, dass bereits nach wenigen Waschschritten ein Verlust der MFKM-Proteine auftritt, der mit zunehmender Anzahl an Waschschritten stärker wird. Nach vier Waschschritten, welche für eine nahezu vollständige Abtrennung (>99 %) der Magermilchproteine nötig sind (vgl. Abb. 1), kommt es zu einem Proteinverlust, der sich in einem Intensitätsabfall von 40 % (PAS 6/7) bis hin zu 90 % (XO und BTN) zeigt. Zu diesem Zeitpunkt ist zwar die Entfernung von Caseinen und Molkenproteinen gewährleistet, gleichzeitig wird aber auch einer effizienten Isolierung und Gewinnung der MFKM-Proteine entgegengewirkt. Ein Grund für das Auswaschen von MFKM-Bestandteilen ist, dass einige Proteine (z.B. PAS 6/7) nicht integral, sondern eher peripher oder sogar nur locker an die Membran gebunden sind und somit mit dem Waschwasser entfernt werden. Die Verwendung größerer Mengen an Waschwasser (Rahm-Waschwasser-Verhältnis 1:3) führt zwar zur verbesserten Abtrennung der Magermilch-Proteine, aber parallel auch zu erhöhtem Verlust an MFKM-Protein. Bereits nach einem Waschschritt konnte bei diesen Versuchen eine Reduktion der Intensitäten für PAS 6/7 und XO von über 70 % mittels SDS-PAGE detektiert werden (Daten nicht gezeigt). Des Weiteren wurde festgestellt, dass sich die Partikelgröße der Fettkugeln während des Waschprozesses erheblich verändern. Dieser Effekt ist eine Erklärung für den ebenfalls sehr hohen Verlust an den integral verankerten Proteinen wie XO oder BTN.

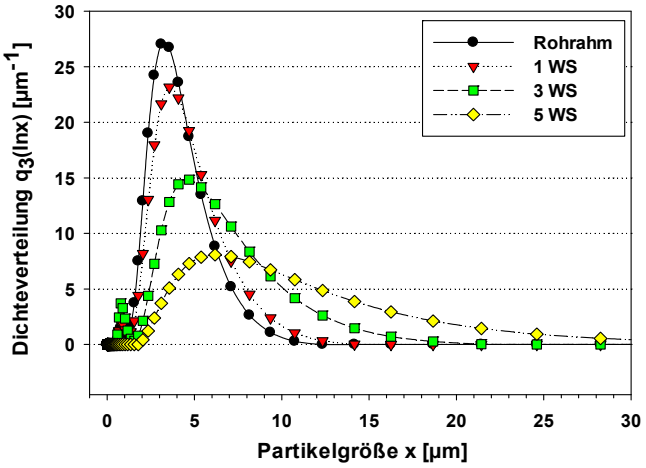


Abb. 3: Partikelgrößenverteilung der Fettkugel im Rahm nach 0, 1, 3 und 5 Waschschritten (WS)

Abb. 3 zeigt die $q_3(\ln x)$-Verteilungen der Rahmproben nach dem jeweiligen Waschschritt. Es ist unverkennbar, dass während des Waschprozesses eine Änderung in der Partikelgröße der Fettkugeln auftritt. Während nach dem 1. Waschschritt vergleichbare Partikelgrößen zum Rohrahm detek-tiert wurden, sind nach dem 3. Waschschritt eine deutliche Verbreiterung der Dichteverteilung sowie eine Verschiebung des Medians zu größeren Partikeln klar sichtbar.

Nach fünf Waschschritten sind beide Effekte zunehmend verstärkt. Diese Ergebnisse lassen darauf schließen, dass es während des Rahm-Waschens zu einer Koaleszenz der Fettkugeln kommt. Diese Entwicklung zu größeren Fettkugeln führt zwangsläufig zu einer kleineren spezifischen Oberfläche. Folglich wird weniger Membranmaterial benötigt, um die Fettkugeln zu umhüllen und der Verlust an MFKM-Material, inklusive peripherer und integraler Proteine nimmt zu. Eine Aggregation der Fettkugeln kann ausgeschlossen werden, da die gemessenen Proben zuvor mit 2 % SDS versetzt wurden, welches mögliche Aggegate vor der Partikelgrößenmessung löst. Die Scherkräfte welche zwischen den Trenntellern im Separator auf die Fettkugeln wirken, spielen ebenfalls eine nicht unbedeutende Rolle bezüglich der Fettkugelstabilität und einem Ablösen von MFKM-Material.

Zusammenfassend lässt sich sagen, dass der Prozess des Rahm-Waschens zwar für die Abtrennung von Caseinen und Molkenproteinen sehr gut geeignet ist. Nachteilig wirkt sich jedoch der in keiner früheren Arbeit in diesem Ausmaß berichtete hohe Verlust an MFKM-Material aus, welcher eine effiziente Gewinnung der Zielproteine nicht ermöglicht. Die Isolierung lediglich geringer Mengen an MFKM ist hinsichtlich weiterer Untersuchungen der funktionellen Eigenschaften unzureichend. Alternative Gewinnungsmethoden wie beispielsweise die Membrantrenntechnik sollen folglich in weiteren Arbeiten herangezogen und etabliert werden.

Dank: Das Forschungsvorhaben (AiF 16226 N) wurde im Programm zur Förderung der „Industriellen Gemeinschaftsforschung (IGF)“ vom Bundesministerium für Wirtschaft und Technologie (via AiF) über den Forschungskreis der Ernährungsindustrie e. V. (FEI) gefördert.

Reverse osmosis, a step in the cascade filtration for the production of highly concentrated whey concentrates

Umkehrosmose, ein Schritt in der Kaskadenfiltration zur Herstellung von hochkonzentriertem Molkenkonzentrat

Sabine Husby

Milk and whey powders are today produced through a series of different steps. Conventionally, the whey is concentrated through a reverse osmosis (RO) process, followed by an evaporation step and finally spray dried. The latter requires much higher energy consumption compared to the other operational steps, i.e. RO. From an energy perspective, there is therefore a need for an optimization of the filtration step in order to take advantage of the most energy saving unit operation to as great extent as possible. The aim of the filtration step is thus to increase the dry matter by extracting as much water as possible, in order to shorten the energy demanding drying operations. The RO is however limited by the formation of a thick deposit layer and concentration polarization. This reduces the transmembrane pressure to up to 50%, hence decreasing the flux significantly. The osmotic pressure of the filtered solution is a further limitation, requiring high energy demanding operational pressures. Filtration of whey by RO is therefore limited to a volume reduction factor of 3,5. An alternative cascade filtration procedure has therefore been developed to be able to reach higher concentration levels

(than with RO only). This concentration process is divided into 2 major parts. The first includes a cross-flow ultrafiltration (UF) with a resulting protein rich retentate fraction. This is followed by a RO of the UF-permeate to recover the lactose and minerals. With the application of the cascade filtration, the problem caused by the protein deposit layer formation is transferred from the RO with high pressure running conditions (40 bar) to the UF with low working pressures, 2-5 bar for UF. The RO of the solute fraction, obtained through the UF of whey, has to be optimized. The operating temperature is one of the parameters tested in this project, to find the limitations of the system. The chosen temperatures are 10°C, 30°C and 45°C. The standard conditions used are: UF-permeate of unpasteurized sweet whey (Edelpilzmolke), a transmembrane pressure of 40 bar, and a pH of 6,5.

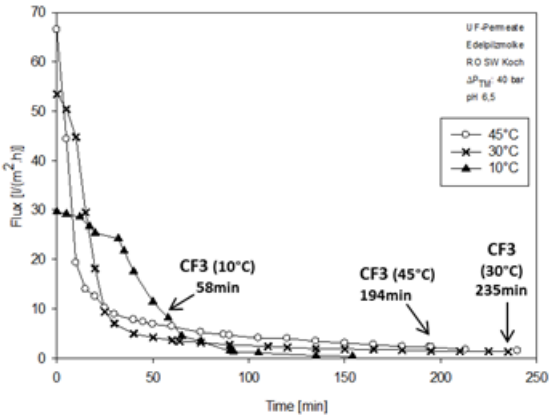


Fig.1: Flux as a function of time to reach a concentration factor of 3 (CF 3).

The influence of the temperature is shown in figure 1. As predicted, the temperature has a great impact on the filtration process. There is a notable difference in the initial flux values for the various temperatures which is explained by a difference in viscosity. The difference in dynamic viscosity of the filtered UF-permeate with 10°C and 45°C is a factor of 2. However, this deviation is not enough to maintain the flux difference during the filtration.

Particularly, it can be noticed that the deepest flux drop occurs at the highest temperature 45°C, closely followed by 30°C. According to Kessler (and references therein) [1], the solubility of calcium phosphate decreases with increased temperature, a so called inverse solubility. When the saturation limit is exceeded, the salts precipitate out, in some cases leading to crystal formation.

This precipitation is an important factor in the fouling formation during filtration. Moreover, according to Schraml [2], the loss in solubility at higher temperatures is amplified by a raise in pH. He observed reduced calcium concentrations when varying the pH from 5,1 to 6,5. Rice et al. [3] also noticed a steep decrease in flux at high temperatures (50°C) and high pH (>6) due to calcium precipitation. The drop in flux observed in figure 1 is therefore also amplified by the high pH (6,5). When heating up the UF permeate to a temperature of 45°C, an increase in turbidity, from being clear and slightly yellow, was visually noticed. This is another indication of the calcium precipitation. The decreased solubility and thus the precipitation of calcium is directly connected to an increase in the deposit layer formation. This explains the abrupt decrease in flux for the RO when run at 45°C. At fixed dry matter content, big differences in flux are observed (Fig. 2). This leads to a variation in time needed to reach a certain dry matter content, i.e. a specific concentration factor (CF). CF3 is namely reached much faster (58 min) when the filtration is run at 10°C compared to when run at 30°C (235 min) or 45°C (194 min) (Fig. 1).

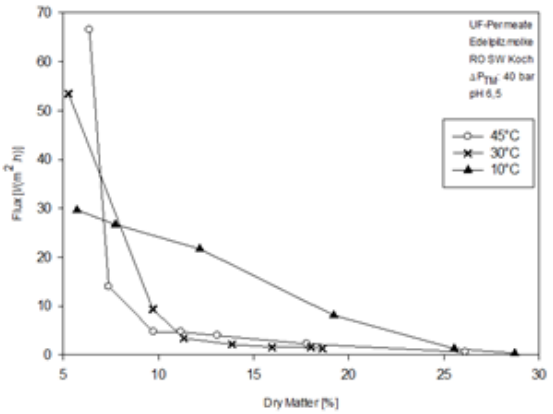


Fig. 2: Flux as a function of dry matter.

The final goal is, with minimized energy input, to achieve a whey concentrate with a higher degree of concentration, i.e. with a higher dry matter content, in comparison to the one achieved with conventional RO.

This will further be investigated for each filtration step by varying different parameters such as transmembrane pressure, wall shear stress etc.

Literature:
Kessler H.G.: Food and Bioprocess Engineering, Publishing House A. Kessler, München, 2002
Schraml J.: Zum Verhalten konzentrierter Produkte bei der Belagbildung an heißen Oberflächen, Diss. TU München-Weihenstephan, 1993
Rice G., Barber A., O'Connor A., Stevens G., Kentish S.: A theoretical and experimental analysis of calcium speciation and precipitation in dairy ultrafiltration permeate, International Dairy Journal, 20:694-706, 2011

Acknowledgement:
This research project was supported by the German Ministry of Economics and Technology (via AiF) and (Forschungskreis der Ernährungsindustrie e.V., (FEI)), Project AiF 16836 N.

Einfluss der Drehzahl beim Einsatz der dynamische Ultrafiltration von Magermilch

Impact of rotation speed on the dynamic ultrafiltration of skim milk

Patricia Meyer

Teilweise wird der Eindampfung von Milch und Molke bereits eine Konzentrierung mittels Umkehrosmose vorgelagert. Diese zeichnet sich gegenüber thermischen Verfahren dadurch aus, dass die Konzentrierung ohne Phasenwechsel des Wassers und damit auf einem deutlich niedrigeren Energieniveau stattfindet.

Aufgrund der fluxlimitierenden Phänomene Konzentrationspolarisation und Deckschichtbildung ist der dabei erreichbare Konzentrierungsfaktor jedoch auf 2,5 limitiert. Danach fällt der Flux auf ein nicht mehr wirtschaftliches Niveau und die Filtration wird abgebrochen. Ein möglicher Ansatz zum Erreichen höherer Konzentrierungsgrade bei der Vorkonzentrierung ist eine Kaskadenschaltung mehrerer Membrantrennverfahren. Hierbei wird der Umkehrosmose eine Ultrafiltration vorgeschaltet. Das Anreichern der Proteinfraktion wird damit auf ein geringeres Druckniveau verlagert und kann ohne Konzentrationspolarisation erfolgen. Im nächsten Schritt kann das Permeat der Ultrafiltration, das proteinfreie Milchserum, in der Umkehrosmose deckschichtfrei konzentriert werden. Durch Rückverschneiden der Retentate könnten so höhere Konzentrierungsgrade erreicht werden als durch alleinige Vorkonzentrierung mittels Umkehrosmose. Zur Erzeugung der hochangereicherten Proteinkonzentrate soll die klassische Cross-Flow-Ultrafiltra-tion eingesetzt werden. Dies ist ein weitverbreitetes Verfahren in der Milchindustrie und wird beispielsweise zur Erhöhung des Proteingehaltes oder zur Proteingehaltstandardisierung eingesetzt. Die Erzeugung der Proteinkonzentrate erfolgt meist unter Einsatz von Spiralwickelmodulen und ist auf Grund der steigenden Viskosität des Retentates auf einen maximalen Konzentrierungsfaktor von 6 limitiert. Eine Alterna-

tive zu diesem konventionellen Verfahren stellen dynamische Filtrationssysteme mit rotierenden Membranen dar. Durch die Rotation der Membran wird eine Differenzgeschwindigkeit zum Fluid aufgebracht und so die erforderliche Wandschubspannung, die der Bildung einer Deckschicht entgegenwirkt, erzeugt. So kann, anders als bei klassischen Cross-Flow-Anwendungen, bei denen die Wandschubspannung durch das Überströmen der Membran mit dem Filtrationsfluid hervorgerufen wird, mit deutlich geringeren Feedvolumenströmen gearbeitet werden. Damit zeichnen sich dynamische Filtrationssysteme durch einen deutlich niedrigeren spezifischen Energiebedarf aus. Des Weiteren können Retentate mit sehr hohen Viskositäten prozessiert werden. Sie weisen damit ein hohes Potenzial zur Herstellung von Milchproteinkonzentraten (mit Konzen-trierungsgraden ≥ 6) bei vergleichsweise geringem spezifischem Energiebedarf auf.

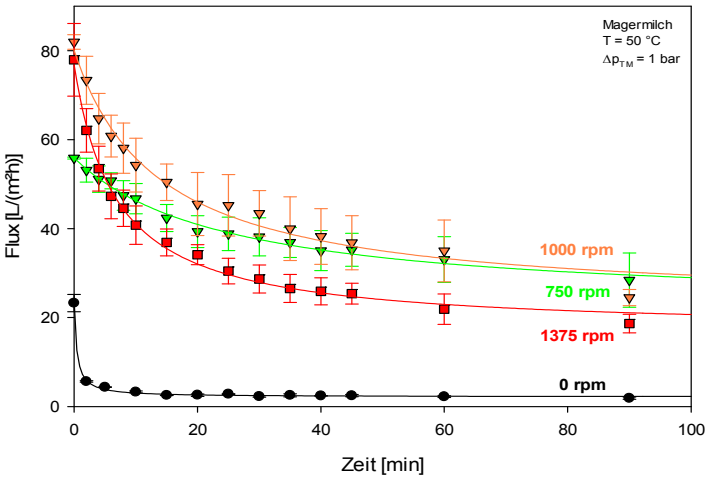


Abb. 1: Flux als Funktion der Zeit für verschiedene Drehzahlen

Abb. 1 ist der Flux als Funktion der Zeit für die untersuchten Drehzahlen zu entnehmen. Es ist zu erkennen, dass die initialen Fluxwerte für Drehzahlen zwischen 750 und 1375 rpm Werte zwischen 55 und 80 $L \cdot m^{-2} \cdot h^{-1}$ annehmen und dann im Lauf der Filtration auf stationäre Werte zwischen 20 und 30 $L \cdot m^{-2} \cdot h^{-1}$ abfallen. Der initiale Flux der Filtration ohne Rotation der Membran liegt mit 20 $L \cdot m^{-2} \cdot h^{-1}$ deutlich unter den Werten der Filtrationen mit rotierender Membran. Des Weiteren fällt der Flux bereits zu Beginn stark ab und nimmt einen sehr geringen stationären Werte von < 5 $L \cdot m^{-2} \cdot h^{-1}$ an. Dies ist auf das verstärkte Fouling bei stillstehender Membran zurückzuführen. Die für einen ausreichenden Deckschichtabtrag erforderliche Wandschubspannung kann durch die langsame Überströmung der Membran nicht aufgebracht werden.

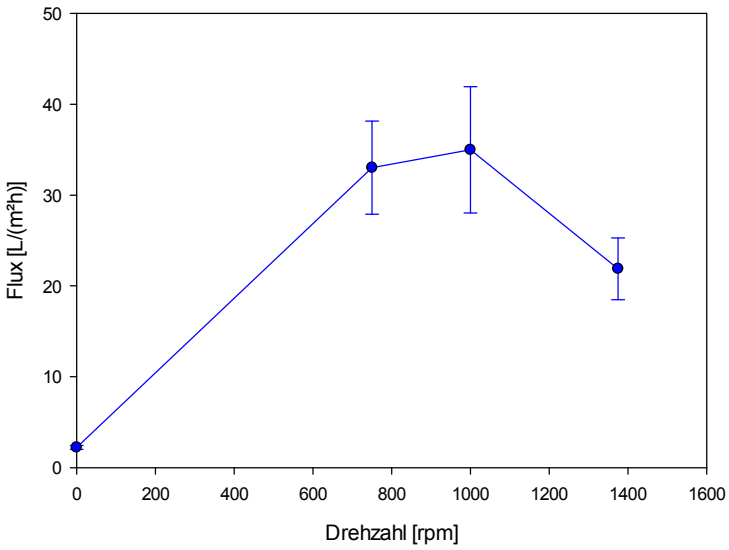


Abb. 2: Flux als Funktion der Drehzahl nach 60 Minuten

In Abb. 2 sind die Fluxwerte zu unterschiedlichen Zeitpunkten der Filtration (30, 60 und 90 Minuten) als Funktion der Drehzahl dargestellt. Es wird ersichtlich, dass alle drei Kurven ein Optimum im mittleren Drehzahlbereich aufweisen. Dies entspricht zunächst nicht der gestellten Hypothese, wonach mit zunehmender Drehzahl ein besserer Deckschichtabtrag und damit ein höherer Flux zu erwarten gewesen wäre, stimmt jedoch mit experimentellen Befnden aus der Literatur überein. So fand beispielweise auch Kersten (2001) bei der Mikrofiltration von Magermilch ein wandschubspannungsabhängiges Fluxmaximum und erklärte den Fluxrückgang ab einer bestimmten kritischen Wandschubspannung durch den verstärkten erosiven Abtrag großer Partikel. Die Liftkraft, die als Maß für den erosiven Abtrag herangezogen werden kann, ist in der dritten Potenz von der Partikelgröße abhängig. Aus diesem Grund wirken bei gleicher Wandschubspannung auf große Partikel stärkere Liftkräfte als auf kleinere Fluidbestandteile. Übersteigt die Wandschubspannung ihren kritischen Wert, kann dies in einem verstärkten Abtrag großer Partikel resultieren. Die Deckschicht setzt sich dann vor allem aus kleineren Fluidbestandteilen zusammen und kann eine kompaktere Struktur und damit einen höheren Widerstand aufweisen. Dies könnte den Fluxabfall durch Steigerung der Drehzahl auf Werte ≥ 1000 rpm erklären.

Auf Basis der vorliegenden Ergebnisse kann gefolgert werden, dass eine Erhöhung der Drehzahl nicht in jedem Fall in einer Fluxsteigerung resultiert. Vielmehr kann ein kritscher Drehzahlbereich identifiziert werden, bei dessen Überschreitung ein Fluxrückgang zu beobachten ist. Eine weitergehende Untersuchung des Einflusses einer Drehzahlvariation im Bereich zwischen 0 und 750 rpm steht noch aus.

Literatur:
Kersten M (2001), Proteinfraktionierung mittels Membrantrennverfahren, VDI-Fortschr.Bericht 3/709, VDI Düsseldorf

Dank: Dieses Projekt wird aus den Mitteln der industriellen Gemeinschaftsforschung (Bundesministerium für Wirtschaft/AiF) über den Forschungskreis der Ernährungsindustrie e.V. (FEI) gefördert. Projekt-Nr: AiF-FV 16836 N.

Dechschichtbildung bei der Ultrafiltration (UF): Wechselwirkung zwischen einzelnen Molkenproteinen

Deposit formation at ultrafiltration processes (UF): Interaction reactions between single whey protein fractions

Tim Steinhauer

Studien zum spezifischen molekularen Foulingverhalten während Filtrationsprozessen haben gezeigt, dass alle Molkenproteine infolge ihrer pH-abhängigen Proteinoberflächenladung miteinander in Wechselwirkung treten. Bei gleichsinniger Ladung ist dabei die Abstoßung umso größer, je mehr Ladungen das Protein trägt. Je weiter der pH-Wert vom isoelektrischen Punkt (IEP) der Molkenproteine (pH 5,2) entfernt ist, desto geringer ist demnach das Membranfouling.Eine Besonderheit stellen Molkenproteine wie β-Lactogrlobulin (β-Lg) und bovines Serumalbumin (BSA) dar, die eine freie Thiolgruppe besitzen. Werden diese auf einer Membran abgelagert, so kommt es zur Exposition freier Thiolgruppen infolge einer partiellen Auffaltung. Dadurch können die Proteine via Thioloxidations- und Disulfidaustauschreaktionen kovalent in den Deckschichtverband integriert werden. Diese Foulingreaktion wird stärker, je mehr freie Thiolgruppen der in Suspension befindlichen Proteine deprotoniert und folglich negativ geladen vorliegen. Bei pH-Werten oberhalb des IEP von Molkenproteinen ist diese Reaktivität gegeben. Unterhalb des isoelektrischen Punk-

tes können infolge der Protonierung der freien Thiolgruppe keine Thioldisulfidreaktionen ablaufen. Vergleichbar mit Molkenproteinen ohne freie Thiolgruppe dominieren in diesem pH-Bereich daher ladungsbedingte Abstoßungsreaktionen, das Membranfouling. Für die Herstellung von Molkenproteinkonzentraten mittels Ultrafiltration aus Süßmolke (pH~6,4) und Idealmolke (pH~6,8) ist daher mit Fouling infolge von Thioldisulfidreaktionen zu rechnen, wohingegen die Thiolgruppen von β-Lg und BSA in Sauermolke (pH 4,6) protoniert und damit unreaktiv vorliegen. Aufgrund der Diversität der molekularen Prozesse reicht die molekulare Charakterisierung des Foulingverhaltens einzelner Molkenproteinfraktionen nicht aus, um den Foulingprozess komplexer Molkenproteinmischungen wie Molke, bei der Ultrafiltration zu beschreiben. Deshalb wurde untersucht, welche Deckschichtbildungseigenschaften Mischungen des Hauptmolkenproteins β-Lg mit dem majoren Molkenprotein α-Lactalbumin (α-La) und dem reaktiven minoren Molkenprotein BSA haben. Die Molkenproteine wurden in dem natürlichen Mischungsverhältnis von Milch und Molke, in proteinfreiem Milchserum resuspendiert.

Durch Einstellung verschiedener pH-Werte wurden dabei die intermolekularen Wechselwirkungen gezielt verändert. Die Versuche wurden in einer Dead-End-Filtrationszelle durchgeführt. So konnten hydrodynamische Effekte, die den molekularen Foulingvorgang während Querstromfiltrationen überlagern, auf ein Minimum reduziert und molekulare Partikel-Partikel- bzw. Partikel-Deckschicht-Wechselwirkungen aufgezeigt werden. Als Maß für die Foulingreaktion wurde bei allen Untersuchungen der (spez.) Deckschichtwiderstand bestimmt.

Werden zunächst Zweikomponentensysteme betrachtet (Abb.1), kann festgestellt werden, dass der spez. Filtrationswiderstand von β-Lg / α-La-Mischungen (Abb. 1a) und β-Lg / BSA-Mischungen (Abb. 1b) zum IEP von Molkenproteinen (pH 5,2) hin zunimmt.

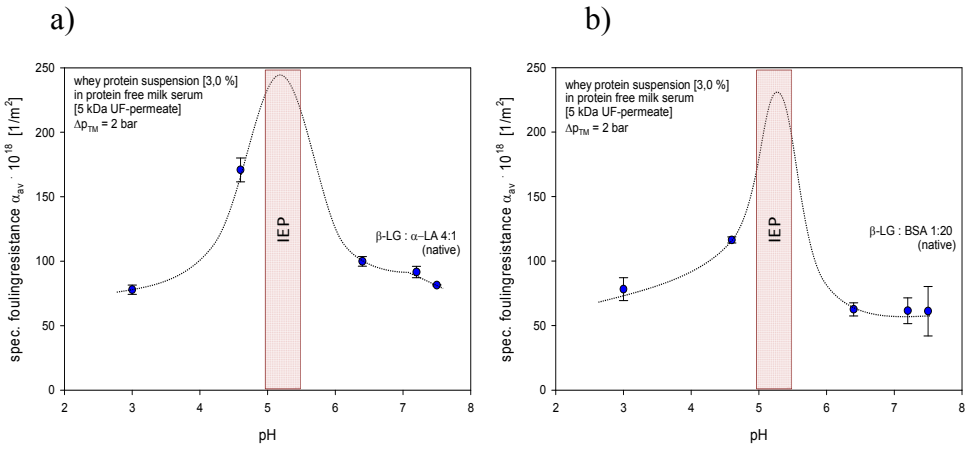


Abb. 1: Spezifischer Foulingwiderstand während der UF von Mischungen von β-Lg und α-La (a) / BSA (b) in proteinfreiem Milchserum bei verschiedenen pH-Werten

Am IEP der Molkenproteine (pH 5,2) selbst konnten aufgrund der dort auftretenden Aggregation keine Filtrationsuntersuchungen durchgeführt werden, da die Feststoffhöhe der Deckschicht für diesen Fall nicht zu ermitteln ist. Daher ist der Kurvenverlauf in den Abb.1-3 in diesem Bereich nir indikativ. Im Bereich des IEP ist jedoch zu erwarten, dass dort der maximale Foulingwiderstand erreicht wird. Bei pH 6,4 ist der spez. Foulingwiderstand auf einem ähnlichen Niveau wie bei pH 3. Tendenziell nimmt der spez. Foulingwiderstand zu basischen pH-Werten für β-Lg / α-La- Mischungen leicht ab (Abb.1a), während er in Anwesenheit von

BSA leicht zunimmt. Die Abnahme ist auf abstoßende Wechselwirkungen infolge der Zunahme der Proteinoberflächenladung zurückzuführen. Die leichte Zunahme des spez. Foulingwiderstands in Anwesenheit von BSA zu neutral/basischen pH-Werten hin ist auf die Überlagerung abstoßender Kräfte durch Thioldisulfidreaktionen zurückzuführen. BSA ist besonders reaktiv, da es neben 1 freien Thiolgruppe 17 Disulfidbrücken besitzt, die in Disulfidaustauschreaktionen involviert sein können. Aufbauend auf diese Ergebnisse wurden Dreistoffsysteme aus β-Lg, α-La und BSA in natürlichem Mischungsverhältnis (Abb. 2) untersucht. Dabei wurde festgestellt, dass sich bei komplexeren Mischungen aus verschiedenen Molkenproteinen ein komplexer Foulingmechanismus aus den verschiedenen Einzelmechanismen einstellt.

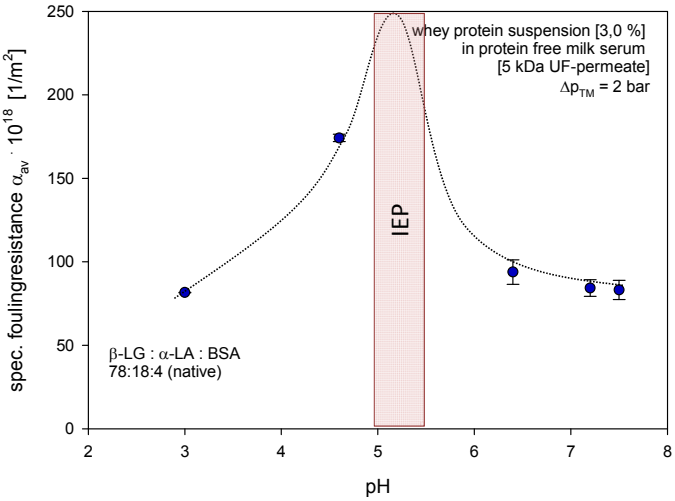


Abb. 2: Spezifischer Foulingwiderstand während der UF von Mischung von β-Lg und α-La in proteinfreiem Milchserum bei verschiedenen pH-Werten

In Richtung des IEP der Molkenproteine nimmt der Foulingwiderstand zu, während er in Richtung des neutral/basischen pH-Bereiches oberhalb des IEP abnimmt. Im sauren pH-Bereich sind demnach ladungsbedingte Abstoßungskräfte dominant, die zum IEP der Molkenproteinmischung hin abnehmen und zu einem verstärkten Fouling führen. Im neutral/basischen pH-Bereich werden ladungsbedingte Kräfte von Thioldisulfidreaktionen überlagert, jedoch nicht dominiert.

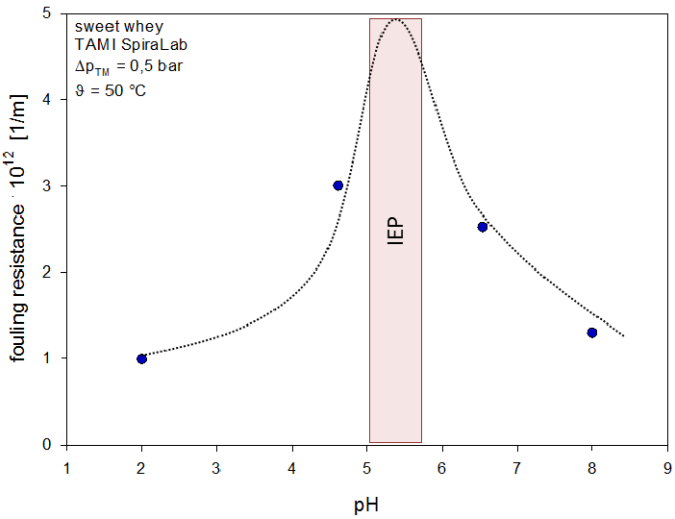


Abb. 3: Filtrationswiderstand für die Crossflowfiltration von Süßmolke bei unterschiedlichen pH-Werten

Ladungsbedingte Abstoßungskräfte führen daher zu einer Reduktion des Foulingwiderstandes für pH-Werte, die weiter vom IEP entfernt liegen. Um die Ergebnisse auf industrielle Filtrationsprozesse mit Molke im Querstrommodus übertragen zu können, wurde in einem letzten Schritt Süßmolke mit modifiziertem pH-Wert in einer Laborfiltrationseinheit untersucht. Vergleichbar zu den Ergebnissen mit komplexen Dreistoffmischungen (Abb. 2) ergab sich ein von ladungsbedingten Wechselwirkungen dominiertes pH-abhängiges Foulingprofil (Abb. 3).

Dies bestätigt die These, dass sich die unter Laborbedingungen ermittelte Hypothese zum Foulingmechanismus direkt auf industriell anfallende Süß-molken übertragen lässt.

Durch Dead-End-Filtrationsuntersuchungen mit einfachen und komplexen Molkenproteinmischungen konnte somit der Foulingmechanismus realer Molken nachgebildet, erklärt und auf Querstromanwendungen übertragen werden.

Für die Ultrafiltration von Molke in der industriellen Verarbeitung zu Molkenkonzentraten bedeutet dies, dass das starke Membranfouling neben der Ablagerung von Partikeln auch auf Thioldisulfidreaktionen zurückzuführen ist. Die damit verbundene Reduktion der Stofftransmission bei Süßmolke (pH 6,2-6,7) wird infolge der sich über die gesamte Prozesszeit fortsetzenden Foulingreaktion zusätzlich begrenzt.

Dank:
Dieses Projekt wird aus den Mitteln der industriellen Gemeinschaftsforschung (Bundesministerium für Wirtschaft/AiF) über den Forschungskreis der Ernährungsindustrie e.V. (FEI) gefördert. Projekt-Nr: AiF-FV 16300 N.

Herstellung von mikropartikuliertem Molkenprotein mittels Hochdruckhomogenisation

Production of microparticulated whey protein using a high pressure homogenizer

José Toro-Sierra, Jens Schumann, Ulrich Kulozik

Zur Mikropartikulierung von Molkenproteinen können zwei verschiedene Ansätze verwendet werden: (a) eine simultane thermisch-mechanische Behandlung im Schabewärmetauscher (SWT), oder Extruder, bzw. (b) eine sequentielle Behandlung im Röhrenwärmetauscher mit anschließender Hochdruckhomogenisation. Ziel dieser Arbeit war es, die sequentielle Mikropartikulierung von Molkenproteinkonzentrat (WPC) mit einem Hochdruckhomogenisator zu untersuchen und zu etablieren. Die Besonderheit der Mikropartikulierung mit dem Hochdruckhomogenisator liegt daran, dass die Erhitzung der Molkenproteinlösung nicht in einem Schabewärmeaustauscher vollzogen wird und somit keine intensive Scherbeanspruchung während der Erhitzung vorliegt, sondern die Mikropartikulierung der Lösungen erst nach der Erhitzung durch zweistufige Homogenisierung erfolgt. Die Homogenisierung soll in möglichst kleinen Partikelgrößen mit einer engen Verteilungsbreite resultieren.

Hiermit soll eine weitere prozesstechnologische Alternative für die Mikropartikulierung von Proteinen zur Verfügung gestellt werden.

Aus Untersuchungen für die Mikropartikulierung mit dem Schabewärmetauscher wurden die optimalen Bedingungen für das Verfahren mit dem Hochdruck-Homogenisator übernommen: pH 4,6 und eine Laktosekonzentration von 13 % bei einer Proteinkonzentration von 10 % (w/w). Unter diesen Bedingungen kann sicher ausgeschlossen werden, dass die Anlagen durch zu starke Aggregation des Proteins verstopft werden können. Die Lösungen wurden im kleinen Maßstab partikuliert, wobei ein 2 L-Batch nur unter leichtem Rühren (also bei minimalen Scherraten) erhitzt und dann mit einem Laborhomogenisator partikuliert und sofort abgekühlt wurde. Die Erhitzungsbedingungen wurden mithilfe der bekannten Linien gleichen Effektes gewählt: Für einen Denaturierungsgrad höher als 90 % für α-La sowie β-Lg in Lösungen von handelsüblichem WPC35 in Wasser, mit einer Proteinkonzentration von 10 % w/w, ergab sich die Kombination 95 °C und 6 min. als ausreichend. Es wurde ein vierstufiger faktorieller Versuchsplan aufgestellt, mit dem Druck (p_1=[150; 270; 400]) und der Thomazahl ($Th=p_2/p_1$=[0; 0,5]) als Einflussfaktoren. Die mittlere Partikelgröße ($d_{50,3}$), die maximale Partikelgröße ($d_{90,3}$) und die minimale Partikelgröße ($d1_{0,3}$) der entstandenen Aggregate wurden in Abhängigkeit der genannten Variablen evaluiert.

Einfluss der Homogenisierbedingungen bei der Behandlung von erhitztem WPC

Abb. 1 zeigt die Partikelgrößenverteilung in Abhängigkeit des Homogenisierdruckes und der Thomazahl sowie die Medianwerte nach der Homogenisierung von mikropartikuliertem WPC sowie die der erhitzten jedoch nicht homogenisierten Referenzlösung. Der jeweils untere Rand des modifizierten Box-Plots entspricht dem $d_{10,3}$-Wert. Der $d_{90,3}$-Wert wird durch den oberen Rand ausgedrückt. Die jeweiligen horizontalen Linien in der Mitte der Balken stellen die Medianwerte ($d_{50,3}$) dar. Aus Abb. 1 geht hervor, dass die Homogenisierung und die Homogenisierparameter einen untergeordneten Einfluss auf den $d_{10,3}$-Wert der Partikelgrößenverteilung haben. Der Medianwert der erhitzten, jedoch nicht homogenisierten Lösung beträgt 4,73 µm und ist damit um etwa eine Zehnerpotenz größer als die Werte der Lösungen, die einer intensiven Scherbeanspruchung im Homogenisator ausgesetzt waren. Die mittleren Partikelgrößen ($d_{50,3}$) der homogenisierten Proben unterscheiden sich nur minimal voneinander. Sie bewegen sich zwischen 0,3 µm bei hohen Scherintensitäten (Homogenisatordruck 400 bar) und einer Thomazahl von 0,5 und 0,7 µm bei niedrigen Scherintensitäten von 150 bar und einer Thomazahl von 0,3. Erhebliche Differenzen liegen jedoch in der Breite der Partikelgrößenverteilung und somit in den $d_{90,3}$-Werten vor. Generell bewirkt die Scherbeanspruchung nach der Erhitzung eine deutliche Verengung der Partikelgrößenverteilung, was darauf beruht, dass hauptsächlich Partikel mit einem volumenspezifischen Durchmesser von über 4 µm durch die Homogenisierung zerkleinert worden sind. Ein Homogenisierdruck von 150 bar in der ersten Homogenisierstufe resultiert über alle Thomazahlen in einer breiteren Partikelgrößenverteilung.

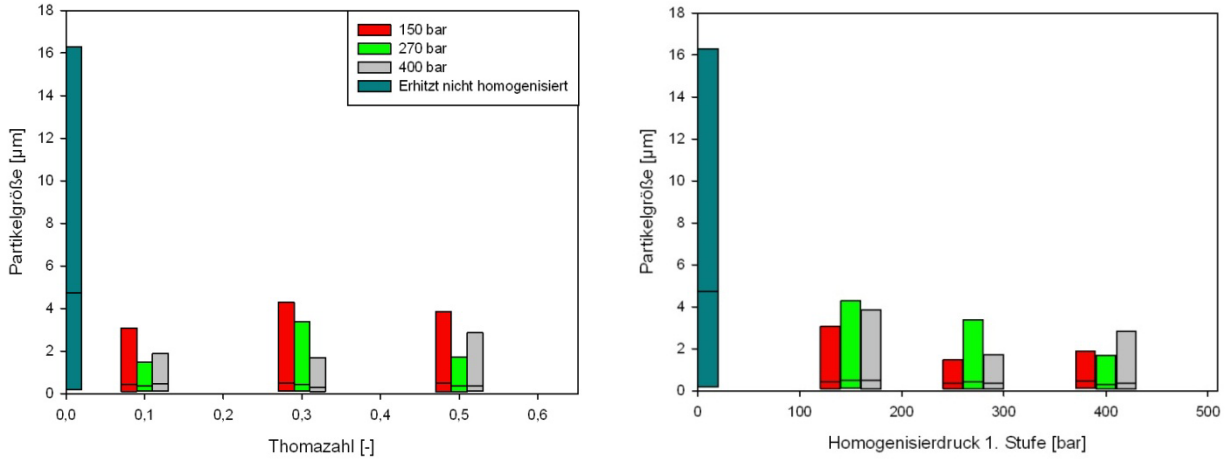


Abb. 1: Partikelgrößenverteilung von mikropartikuliertem WPC in Abhängigkeit der Thomazahl (links) und des Homogenisierdruckes (rechts). Milieubedingungen: 100 $g \cdot L^{-1}$ Protein, 130 $g \cdot L^{-1}$ Laktose, pH 4,6, Ca:Protein 1:15.

Die engsten Verteilungen wurden bei einer Thomazahl von 0,1 festgestellt. Bei diesen Thomazahlen ist mit Kavitation nach der ersten Homogenisierstufe zu rechnen, die durch das Erzeugen von Schockwellen aufgrund von implodierenden Dampfblasen entsteht und somit eine intensive mechanische Belastung der Proben. Die rechte Seite der Abb. 1, in der die Abhängigkeit der Partikelgröße vom Homogenisierdruck dargestellt ist, verdeutlicht, dass tendenziell höhere Drücke zu engeren Verteilungen führen. Eine Erhöhung der Thomazahl führt im Allgemeinen zu einer Absenkung des maximalen Durchmessers.

Die mittels sequentieller Behandlung erzeugten Aggregate können durch Wahl der Scherintensität (Homogenisierdruck) im Grunde auf beliebige Partikelgrößen eingestellt werden. Es können grundsätzlich deutlich kleinere Mikropartikel erzeugt werden als beim simultanen

Verfahren. Stellt man aber die Partikelgröße bei beiden Verfahren auf gleiche Werte ein, so ergeben sich auch ähnliche funktionelle Eigenschaften. Aus den Ergebnissen leitet sich ein weiterer Beitrag von praktischer Relevanz ab: Durch die Darstellung der relevanten Parameter zur Mikropartikulierung mittels Hochdruck-Homogenisator eröffnet sich die Möglichkeit, dieses Verfahren in Betrieben anzureichern, die keinen Schabewärmetauscher zur Verfügung haben, aber trotzdem aus betriebseigener Molke Mikropartikulate herstellen wollen.

Dank:
Dieses Projekt wird aus den Mitteln der industriellen Gemeinschaftsforschung (Bundesministerium für Wirtschaft/AiF) über den Forschungskreis der Ernährungsindustrie e.V. (FEI) gefördert. Projekt-Nr: AiF-FV 15834 N.

Abreicherung von β-Lactoglobulin aus unbehandelter Süßmolke mittels Membranadsorptionschromatographie im Pilotmaßstab

Depletion of β-Lactoglobulin in cheese whey using membrane adsorption chromatography at pilot scale

Linda Voswinkel

Die Fraktionierung von Molkenproteinen unter schonenden Prozessbedingungen wurde bereits mehrfach untersucht, z.B. [1-3]. Die Herstellung von β-Lactoglobulinarmer bzw. mit α-Lactalbumin (α-La) angereicherter Molke ist von großem Interesse für die Babynahrungsindustrie und Allergiker [4]. Ein geeignetes Verfahren für diesen Zweck ist die Ionenaustauschchromatographie, da unter milden Prozessbedingungen Proteine sehr selektiv voneinander getrennt werden können. Die Entwicklung von Ionentauschern als Membranwickelmodule ermöglicht zudem einen hohen Durchsatz, die auch eine sehr robuste Matrix darstellen. Es kann sogar mit unbehandelter Molke gearbeitet werden. Das bedeutet, dass keine Vorfiltration oder Phospholipidfällung vorgeschaltet werden muss, wie das bei etablierten Verfahren der klassischen Chromatographie mit gepackten Säulen der Fall ist.

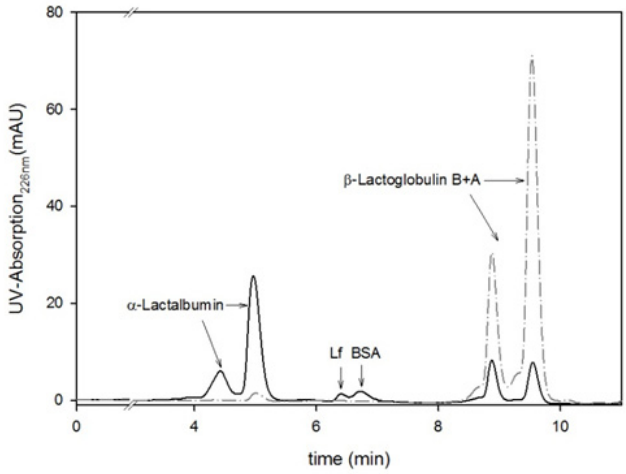


Abb. 1: RP-HPLC-Analyse von Flowthrough (FT: durchgezogene Linie) und Eluat (gestrichelte Linie) zur Quantifizierung der Molkenproteine

Als stationäre Phase wurde ein Sartobind® direct capture-Modul mit einer Membranfläche von 9000 cm² und einem Modulvolumen von 250 ml verwendet. Es handelt sich hierbei um einen starken Anionentauscher mit quaternären Ammonium-Liganden. Für die Adsorption von β-Lactoglobulin (β-Lg) wird der Anionentauscher mit 0.03 M Phosphatpuffer auf pH 7 equilibriert. Anschließend wird die Molke aufgegeben und das gebundene Protein wird mit 1 M NaCl-Lösung eluiert.

Die Molke nach der Beladung, mit allen nicht adsorbierten Bestandteilen, wird als Flowthrough (FT) bezeichnet und stellt die β-Lg-abgereicherte Molke dar.

Süßmolke aus industrieller Käseproduktion wurde mittels Molkeseparator entstaubt. Der pH-Wert lag bei pH 6.5, hier ist β-Lg negativ geladen und bindet somit an einem Anionentauscher. Die Molke wurde bei 50 °C eingesetzt, um mikrobiologisches Wachstum zu verhindern. Das Modul wurde mit 500 ml Molke in Rezirkulation beladen, bis eine Sättigung der Liganden eintrat. Anschließend wurde das gebundene Protein eluiert. Die Proteinzusammensetzung der beiden Prozessströme (FT und Eluat) wurde mit RP-HPLC quantifiziert (Abb. 1). Der Flowthrough (durchgezogene Linie) zeigt das Elutionsprofil einer Molke mit einem sehr geringen Anteil an β-Lg. Das Eluat (gestrichelte Linie) besteht überwiegend aus β-Lg und einem minimalen Anteil an α-La.

Um die Wirtschaftlichkeit des Prozesses zu erhöhen, sollte das Elutionsmittel wiederverwendet werden. Der hohe Salzgehalt von 1 M NaCl verursacht Kosten für die Entsorgung bzw. Aufbereitung des Elutionsmittels. Ein wiederholter Einsatz der Elutionslösung senkt damit die Prozesskosten und den zeitlichen Aufwand erheblich. Es soll daher untersucht werden, ob der steigende Proteingehalt mit jeder weiteren Elution einen Einfluss auf das Elutionsprofil hat. Dazu wurde der Beladungs-Elutions-Zyklus dreimal hintereinander durchgeführt und zur Elution dieselbe Lösung verwendet.

Auf eine Reinigung der Membran mit Säure und Lauge zwischen den einzelnen Zyklen wird zugunsten der Prozesseffizienz verzichtet. Die eluierte Menge an β-Lg nimmt bei Wiederverwendung des Puffers linear zu, jedoch absolut von Schritt zu Schritt etwas ab (Abb. 2). Das lässt auf eine geringere Bindungskapazität aufgrund von Deckschichtbildung durch hydrophobe Substanzen schließen. Die Zeit- und Kostenersparnis überwiegt dadurch, dass weder eine Vorbehandlung der Molke noch eine Reinigung der Membran durchgeführt wurde, um ein Vielfaches gegenüber dem Verlust an Bindungskapazität, der durch Reinigung und Vorbehandlung evtl. minimiert werden könnte.

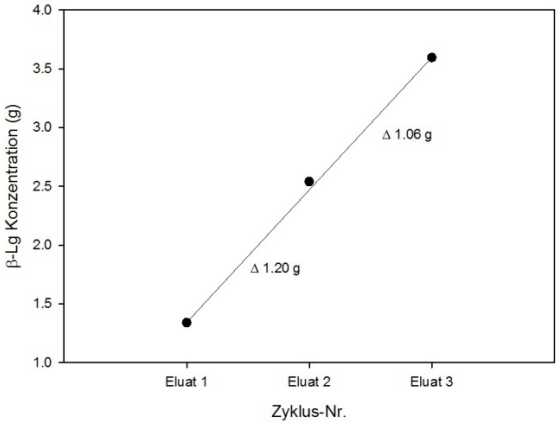


Abb. 2: Linear zunehmender Gehalt an β-Lg im Elutionspuffer bei dreifacher Wiederverwendung

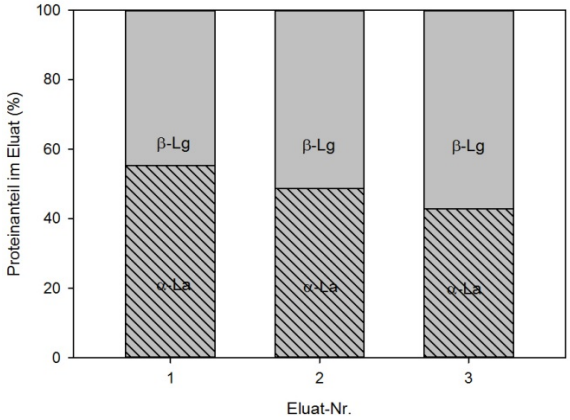


Abb. 3: Anteil an β-Lg und α-La im FT bei dreimaliger Beladung und Elution ohne Zwischenreinigung

Das Ziel, den Anteil an α-La in der nativen Molke zu erhöhen, wurde erreicht. Die Proteinanteile der drei Molken nach der Beladung sind in Abb. 3 dargestellt. Parallel zur abnehmenden β-Lg-Menge im Eluat, nimmt sie im FT etwas zu. In allen Fällen ist der Anteil an α-La mit ca. 50 % signifikant erhöht im Vergleich zur Ausgangsmolke. Hier lag α-La bei 17 %.

Die Untersuchungen haben gezeigt, dass der Gehalt an β-Lg in nativer Molke drastisch reduziert werden konnte. Die Reinheit des β-Lg im Eluat liegt bei 99.5 %, ein Verlust anderer Molkenproteine in der Molke ist demnach nicht zu verzeichnen. Zu diesem Vorhaben werden zukünftig auch andere stationäre Phasen eingesetzt, die ebenfalls einen beschleunigten Stoff-

austausch zwischen Liganden und Proteinen erlauben, im Gegensatz zu diffusionslimitierten Prozessen der klassischen Chromatographie. Es soll dabei untersucht werden, ob andere Materialien und Bauweisen Vorteile gegenüber Sartobind® direct-Modulen haben.

Literatur:
[1] Goodall, S; Grandison, A; Jauregi, P. & Price, J. (2008). Selective Separation of the Major Whey Proteins Using Ion Exchange Membranes. Journal of Dairy Science, 91 (1) 1–10.
[2] Saufi S. A., Fee C. J. (2009). Fractionation of beta-Lactoglobulin From Whey by Mixed Matrix Membrane Ion Exchange Chromatography, Biotechnology, Bioengeng.,103 (1) 138-147.
[3] Splitt, H; Mackenstedt, I. & Freitag, R. (1996). Preparative membrane adsorber chromatography for the isolation of cow milk components. Journal of Chromatography A., 729 (1-2) 87–97.
[4] Jost, R; Maire, J.-C; Maynard, F. & Secretin, M.-C. (1999). Aspects of whey protein usage in infant nutrition, a brief review. International Journal of Food Science & Technology, 34 (5-6) 533–542.

Dank: Dieses Projekt wird aus den Mitteln der industriellen Gemeinschaftsforschung (Bundesministerium für Wirtschaft/AiF) über den Forschungskreis der Ernährungsindustrie e.V. (FEI) gefördert. Projekt-Nr: AIF-FV 16540 N.

Forschungsgebiet Molekulare Strukturen und Biogrenzflächen
Workshop Molecular and Interfacial Structures
Leitung: Dr. rer. nat. Ronald Gebhard

Strukturänderungen von Kasein-Mizellen in Deckschichten induziert durch Filtrationskräfte

Structural changes of casein micelles in deposits induced by filtration forces

Ronald Gebhardt

Kaseine verändern ihre Struktur, wenn sie während eines Filtrationsprozesses auf Membranen abgelagert werden (1). In Lösung liegen die Kaseine in kugeligen Mizellen vor. Während der Filtration lagern sie sich auf der Membran in einem Haufwerk ab, in dem die Struktur sowohl sterischen wie auch hydrodynamischen Kräften ausgesetzt ist. Wie bereits in (1) beschrieben, haben wir Grazing-Incidence Small angle X-ray Scattering (GISAXS) and Atomkraftmikroskopie (AFM) eingesetzt, um die dadurch bewirkten strukturellen Veränderungen sichtbar zu machen. Im Detail nimmt die kugelige Kasein-Mizelle die Form eines prolaten Ellipsoids in einer Ablagerungsschicht an, wenn diese vorher mit einem transmembranen Druck von ΔP = 400 mbar erzeugt wurde. Für die Formänderungen sind Kompressionskräfte, die senkrecht zur Oberfläche der Kasein-Mizelle stehen und Dehnkräfte, die parallel wirken, verantwortlich (siehe Abb. 1). In Experimenten wurde der Einfluss der Kompressionskräfte näher untersucht, indem die Konzentration an Kasein-Mizellen in der Ablagerungsschicht erhöht und der transmembrane Druck konstant gelassen wurde.

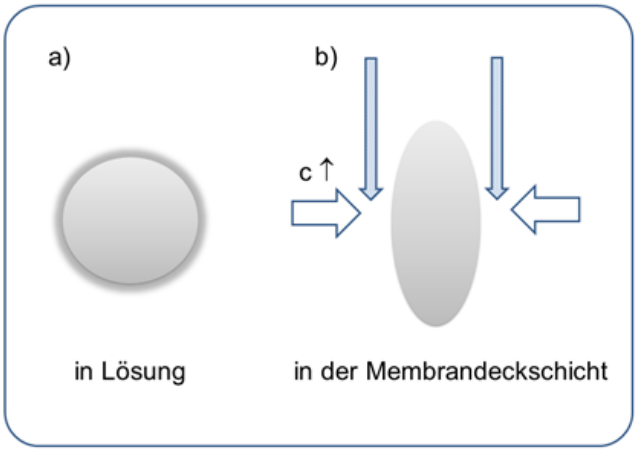


Abb. 1: Schematische Abbildung der äußeren Form von Kasein-Mizellen: a) kugelige Mizellen-Struktur in Lösung; b) Form eines prolaten Ellipsoids in Ablagerungsschichten, die durch parallele Scherkräfte (senkrechte Pfeile) bzw. normale Kompressionskräfte (waagerechte Pfeile) bewirkt wird.

Es wurde gezeigt, dass mit zunehmender Konzentration die Kasein-Mizellen stärker komprimiert wurden. Die ellipsoide Formänderung hat eine Vergrößerung der Partikeloberfläche zur Folge. Im Vergleich zur Oberfläche der kugeligen Mizellen konnten wir je nach Konzentration Oberflächenvergrößerungen zwischen 16 und 51 % abschätzen.

Daraus ergeben sich Konsequenzen für die Filtration, da mit der Partikeloberflächenvergrößerung auch eine Vergrößerung der Reibungsfläche mit dem umgebenden Fluid einhergeht. Weiterhin konnten Donev et al. zeigen, dass die Packungsdichte von Ellipsoiden größer ist als die von Kugeln (3). Beide Effekte führen zu einer zusätzlichen Vergrößerung des Filtrationswiderstands. Unsere Experimente geben Einblick in das komplexe Wechselspiel zwischen Fluidmechanik und intermolekularen Kräften beim Aufbau von Membrandeckschichten. Die getesteten strukturellen und mechanischen Eigenschaften könnten zur Überprüfung einer Reihe von Kasein-Mizellen-Modellen verwendet werden. Unsere Ergebnisse könnten weiterhin herangezogen werden, um gegenwärtige Filtrationsmodelle zu erweitern bzw. allgemein die Physisorption von kolloidalen Systemen unter fluidmechanischen Bedingungen besser zu verstehen.

Literatur:

(1) R. Gebhardt, T. Steinhauer, P. Meyer, J. Sterr (2011) Jahresbericht ZIEL - Abteilung Technologie und Lehrstuhl für Lebensmittelverfahrenstechnik und Molkereitechnologie
(2) R. Gebhardt, T. Steinhauer, P. Meyer, J. Sterr, J. Perlich, U. Kulozik (2012) Faraday Discuss., 158, 77-88.
(3) A. Donev, I. Cisse, D. Sachs, E. V. Variano, F. H. Stillinger, R. Connelly, S. Torquato, P. M. Chaikin, (2004) Science, 303, 990-993

Einfluss von hohem hydrostatischen Druck auf den oligomeren Zustand von β-Lactoglobulin

Influence of high hydrostatic pressure on the oligomeric states of β-Lactoglobulin

Ronald Gebhardt

Oligomere Proteinkomplexe dissoziieren unter Druck in ihre monomeren Bestandteile, da diese in der Summe ein kleineres Volumen einnehmen als der Ausgangszustand. Nahe des isoelektrischen Punkts bei pH 4.5, liegen β-Lactoglobuline in einem oktameren Zustand (Anzahl der Untereinheiten, n = 8) vor, der bisher wenig untersucht wurde. Eine hochauflösende Kristallstruktur existiert nicht, es konnte aber eine Struktur in Lösung aus Kleinwinkelstreumessungen abgeleitet werden (1), die in Abb. 2 dargestellt ist. Zur Erfassung des Dissoziationsverhaltens von Proteinkomplexen, zur Charakterisierung von Zwischenzuständen bzw. zur Untersuchung intermolekularer stabilisierender Wechselwirkungen ist die in-situ Lichtstreuung unter Druck die Methode der Wahl. Statische Lichtstreumessungen erlauben es Molekulargewichtsänderungen von Biomolekülen zu erfassen, während der hydrodynamische Radius aus der Lichtstreudynamik ermittelt werden kann.

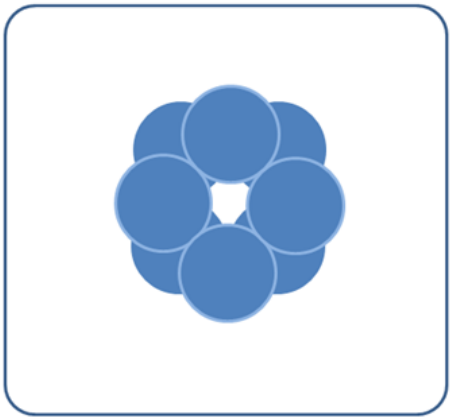


Abb. 2: Oktamere Struktur in Lösung, wie sie aus Kleinwinkelstreuexperimenten für ß-Lactoglobulin abgeleitet wurde (4)

Wir haben bereits berichtet, dass sowohl die statischen als auch die dynamischen Lichtstreumessungen einen zweistufigen Dissoziationsprozess belegen, der auf ein Oktamer-Dimer-Monomer Gleichgewicht hindeutet (2).

Im Detail hat nun eine genauere thermodynamische Analyse der druckabhängigen Dissoziationsexperimente gezeigt (3), dass

1. bei Normaldruck und Raumtemperatur 40 % Oktamere und 60 % Dimere in Lösung vorliegen,
2. das Dimer-Monomer Gleichgewicht reversibel, das Oktamer-Dimer-Gleichgewicht dagegen nur quasi-reversibel ist, da Dimere bei Normaldruck auch zu großen Aggregaten (n>>8) assoziieren,
3. die mit der Hydratisierung von Monomer-Monomer-Kontaktflächen einhergehende Volumenverkleinerung die Triebkraft für den Zerfall der Dimere unter Duck ist und dass
4. die Oktamere ein offene, flexible Struktur besitzen, die wahrscheinlich durch Carboxyl-Carboxylat-Bindungen stabilisiert wird.

Unsere Untersuchungen haben zum ersten Mal die Druckdissoziation von oktamerem β-Lactoglobulin demonstriert. Die Resultate erlauben neue Einblicke in das Assoziationsverhalten des Proteins und die Stabilität der gebildeten Oligomere. Dies könnte besonders für die Gelbildung oder Mikropartikulierung von oktamerem oder dimerem β-Lactoglobulin von Interesse sein.

Literatur:
(1) J. Witz, S.N. Timasheff, V. Luzzati (1964) J. Am. Chem. Soc., 86, 168-173
(2) R. Gebhardt, J. Toro, J. Kupfer (2010) Jahresbericht ZIEL - Abteilung Technologie und Lehrstuhl für Lebensmittelverfahrenstechnik und Molkereitechnologie
(3) R. Gebhardt, J. Toro, U. Kulozik (2012) Soft Matter, 8,11654-11660

Habilitationen, Dissertationen, Diplom-, Master- und Bachelorarbeiten

Habilitationen

Dr.-Ing. Petra Först: Stabilisierung von mikrobiellen Kulturen durch Trocknung und Mikroverkapselung – Untersuchung der Prozesseinflüsse, Inaktivierungs- und Schutzmechanismen, 08.02.2012

Dissertationen

Heinrich, Martin: Untersuchungen zum druckbedingten Caseinmizellzerfall: Enzymatische Modifikation und Einsatz keramischer Membranen zur Charakterisierung der Dissoziation und Reassoziation der Caseinmizelle, 30.04.2012

Siegert, Nadja: Stabilität von bioaktiven Glykoverbindungen in Milch bei verschiedenen Milchverarbeitungsprozessen, 10.07.2012

Kaufmann, Veronika: Einflussfaktoren auf die Produktcharakteristika von E(xtended) S(helf) L(ife)-Milch, 02.08.2012

Bachelorarbeiten

Block, Felix: Einfluss des Probenkollapses während der Gefriertrocknung auf die Lagerstabilität von *Lactobacillus paracasei* ssp. *paracasei*

Blümel, Norman: Einfluss einer thermischen Substratvorbehandlung auf die tryptische Hydrolyse von ß-Lactoglobulin

Bogendörfer, Kerstin: Einfluss der Prozess- und Milieubedingungen auf den Deckschichtbildungsprozess bei der Mikrofiltration von nativem und hitzedenaturiertem ß-Lactoglobulin

Braun, Sabrina: Einfluss der Prozessparameter Druck und Temperatur bei der Mikrowellenvakuumtrocknung auf die Produktqualität von *Lactobacillus paracasei* ssp. *paracasei*

Brunner, Vincent: Sterildesign im Entwicklungsprozess von autoklavierbaren Behältern im pharmazeutischen Umfeld: Risikoanalysen zum Hygienic Design und Untersuchungen zum Verhalten der Behälter während der Autoklavierung

Götz, Alexander: Einfluss des pH-Wertes bei der thermischen Substratvorbehandlung auf die Denaturate von ß-Lactoglobulin und deren tryptische Hydrolyse

Haas, Marina: Einfluss der Temperatur und der Konzentration der H2O2-haltigen Heißluft unter industrierelevanten Bedingungen

Hochhaus, Marco: Einfluss der Schutzstoffformulierung auf die Trocknungsresistenz und Lagerstabilität von *Lactobacillus paracasei* ssp. *paracasei*

Hoffmann, Raban: Freisetzungsverhalten von Mikrokapseln auf Milchproteinbasis im simuliertem Darmsaft

Huber, Ursula: Filtration von Buttermilch zur Isolierung der Milchfettkugelmembran

Josten, Erik: Glycation of alpha-Lactalbumin

Kelnberger, Tobias: Extrusion von Molkenproteinen - Einfluss von Temperatur und Massenstrom auf die Aggregation

Limbrunner, Sabrina: Fraktionierung der tryptischen Hydrolysate des ß-Lactoglobulins mittels Membranadsorptionschromatographie im Labormaßstab

Lukes, Alexander: Kompressibilität von Kaseindeckschichten: Untersuchung kolloidaler Partikel-Wechselwirkung in Anwesenheit von ß-Laktoglobulin

Martin, Johannes Armin: Charakterisierung eines Prozesses zur Mikroverkapselung probiotischer Bakterien in eine Labcaseinmatrix mittels Sprühtrocknung

Meiringer, Michael: Prozessentwicklung zur Desintegration der Milchfettkugelmembran

Reslerová, Jana: Untersuchung der Lagerstabilität minorer Molkenproteine unter verschiedenen Umgebungsbedingungen

Riederer, Amelie Franziska: Evaluierung der Niedertemperatur-Vakuumtrocknung als Alternativmethode zur Gefriertrocknung anhand von *Lactococcus lactis* Subspezies

Schneider, Tobias A.: Development and Application of Hydrophobic and Proteomic Assays to Differentiate Bacterial Strain

Seitz, Sonja: Etablierung eines Prozesses zur Mikrowellen-Vakuumtrocknung von Starterkulturen

Senninger, Martin: Der Einfluss des Puffersystems auf den Lyophilisationsprozess und die Lagerstabilität von *Lb. paracasei* ssp. *paracasei*

Stamm, Serge Maximilian: Verwendung von Zwischenfritten bei der Protein A Affinitäts chromatographie

Terszowski, Sonja: Einfluss der Prozessparameter und der Zerstäubungsform auf die Sprühtrocknung am Beispiel von Magermilch

Tilp, Stefan: Molkenproteinfouling im Filtrationsprozess - Milieuabhängige Interaktion von Molkenproteinfraktionen

Ußmüller, Isabel: Einfluss der Produktzusammensetzung auf den Lysinverlust bei der Vakuumtrocknung von Babymilch

Voigt, Katharina: Einfluss der Prozessparameter auf die Verweilzeitverteilung der Partikel in einem Laborsprühtrockner am Beispiel Magermilch

Wenderoth, Verena: Charakterisierung der durch die Variation des Fermentations pH-Wertes verursachten Veränderungen der Oberflächeneigenschaften und des Proteoms von *Lactobacillus paracasei* F19

Diplom- und Masterarbeiten

Bruckmaier, Simon: Untersuchung der Gelbildungseigenschaften von Molkenproteinfraktionen im gescherten und nicht gescherten System

Gaile, Ann-Kathrin: Mikropartikulierung von Molkenproteinen mittels Heißextrusion - Einflussfaktoren auf die Aggregatgröße und –struktur

Gasteiger, Kathrin: Einsatz von Proteinen als O/W Emulgator bei der Herstellung von Doppelemulsionskapseln

Gepperth, Stefan: Chromatographic separation of secretory IgA from bovine colostrum at analytical scale

Hajdu, Timo: Charakterisierung des Verweilzeitverhaltens im Extrusionsprozess und dessen Einfluss auf die Eigenschaften der mikropartikulierten Molkenproteine

Kleemann, Christian: Entwicklung eines neuartigen Prozesses zur Herstellung von gecoateten Mikrokapseln mittels Emulgiertechnik

Lukes, Alexander: Kompressibilität von Kaseindeckschichten: Untersuchung kolloidaler Partikel-Wechselwirkung in Anwesenheit von ß-Lactoglobulin

Marx, Melanie: Einfluss der Konformation und einer tryptischen Hydrolyse auf die funktionellen Eigenschaften von ß-Lactoglobulin

Mayer, Alexander: Einfluss von Prozessparametern auf die dynamische Ultrafiltration von Milch und Milchproteinkonzentraten

Mersch, Eugenia: Methodenentwicklung zur Untersuchung der thermischen Aggregation von Molkenproteinen unter Scherung in einem Rotationsrheometer

Müller, Magdalena: Einfluss verschiedener Prozessparameter bei der Isolation von Milchfettkugelmembran-Proteinen

Pichler, Manuel: Vorbehandlung von Eiklar zur Viskositätssenkung und anschließende Fraktionierung der Proteine Lysozym und Ovotransferrin mittels Membran-Adsorptions-Chroma-tographie

Schiebel, Veronika: Der Einfluss des effektiven Diffusionskoeffizienten und spezifischer Interaktionen zwischen Zucker und Mikroorganismen auf die Lagerstabilität von gefriergetrocknetem *Lactobacillus paracasei* ssp. *paracasei*

Schneider, Sybille I.: Untersuchung von Schädigungsmechanismen der Niedertemperatur-Vakuum-Gefriertrocknung an Starter- und probiotischen Bakterienkulturen

Springer, Maria: Evaluierung der Lyomikroskopie als Hilfsmittel zur Ermittlung des Einflusses der Probenformulierung auf die Kollapstemperatur und für die individuelle Anpassung von Gefriertrocknungsprozessen

Zech, Bernhard: Entwicklung und Verifizierung optischer Analysemethoden zur Charakterisierung flüssiger Proteinschäume

Zirkelbach, Steffen: Einfluss des Ionenmilieus und pH-Wertes auf die Schaumeigenschaften von ß-Casein und ß-Lactoglobulin

Vorträge

Ambros, S., Kulozik U.: Microwave vacuum drying of microbial cultures, Jahrestreffen der ProcessNet-Fachgruppen – Gruppe Trocknungstechnik, ProcessNet Jahrestreffen der Fachgruppen Lebensmittelverfahrenstechnik, Rheologie und Trocknungstechnik, Hohenheim, 19.-21.03.2012

Ambros, S., Kulozik, U.: Minimierung von Vitalitätsverlusten von Probiotika und Starterkulturen bei der Gefriertrocknung und Mikrowellen-Vakuumtrocknung, Technologieseminar Weihenstephan „Verfahrens- und Strukturoptimierung in der Lebensmittelherstellung“, Freising, 25.-26.10 2012

Ambros, S., Kulozik, U.: AIF-FV 17477 N „Entwicklung eines effizienten, mikrowellenunterstützten Vakuumtrocknungsverfahrens zur schonenden Herstellung von mikrobiellen Kulturen, Treffen des Projektbegleitenden Ausschusses, Freising-Weihenstephan, 05.11.2012

Ambros, S., Kulozik, U.: The potential of the microwave-vacuum technique in drying of probiotic and starter cultures, 18th Symposium of International Drying Symposia (IDS), Xiamen, Fujian, China, 11.-15.11.2012

Brand, J., Strixner, T., Kulozik, U.: Methods for enhancing the functionality of egg components related to emulsion and foam formation, International Symposium on Egg Industry, Beijing, China, 18.-19.06.2012

Brand, J., Kulozik, U.: Funktionelle Eigenschaften und Nutzung von Einzelproteinkomponenten aus Eiklar, Technologieseminar Weihenstephan „Verfahrens- und Strukturoptimierung in der Lebensmittelherstellung“, Freising, 25.-26.10.2012

Brand, J., Kulozik, U.: AIF-FV 17479 N „Eiklarproteinfraktionierung zur Verbesserung der Verschäumungseigenschaften und Pasteurisierbarkeit der entstandenen Fraktionen“, Sitzung des Projektbegleitenden Ausschusses, Freising-Weihenstephan, 22.11.2012

Cheison S. C., Leeb, E., Kulozik, U.: Steuerung der enzymatischen Proteinhydrolyse zur Erzeugung bestimmter Proteinfraktionen und Peptidmuster, Technologieseminar Weihenstephan „Verfahrens- und Strukturoptimierung in der Lebensmittelherstellung“, Freising, 25.-26.10.2012

Dombrowski, J., Kulozik, U.: DFG/AIF-FV Cluster 17124 N „Charakterisierung der Struktur und Dynamik von proteinstabilisierten Schäumen, Proteinschäume in der Lebensmittelproduktion: Mechanismenaufklärung, Modellierung und Simulation“, Sitzung des Projektbegleitenden Ausschusses, Erlangen, 13.03.2012

Dombrowski, J., Kulozik, U.: DFG/AIF-FV Cluster 17124 N „Charakterisierung der Struktur und Dynamik von proteinstabilisierten Schäumen, Proteinschäume in der Lebensmittelproduktion: Mechanismenaufklärung, Modellierung und Simulation“, Sitzung des Projektbegleitenden Ausschusses, Freising-Weihenstephan, 9.10.2012

Dombrowski, J., Eggert, A.; Hanke, R., Kulozik, U.: Grenzflächenverhalten von Milchproteinen und neue Möglichkeiten der in-situ Schaumcharakterisierung. Weihenstephaner milchwirtschaftliche Herbsttagung, Freising, 11.-12w.10.2012

Dombrowski, J., Kulozik, U.: Schaumbildung und –stabilität: Verhalten und Funktion unterschiedlich aufgebauter Proteine, Technologieseminar Weihenstephan „Verfahrens- und Strukturoptimierung in der Lebensmittelherstellung“, Freising, 25.-26.10.2012

Dumpler, J., Kulozik, U.: Grundlagen und Mechanismen der Strukturbildung bei der Gelbildung durch Proteine und Hydrokolloide, Technologieseminar Weihenstephan „Verfahrens- und Strukturoptimierung in der Lebensmittelherstellung“, Freising, 25.-26.10.2012

Gebhardt R.: Structure of casein micelles in membrane deposits, SAS2012, International Small-Angle Scattering Conference, Sydney, Australien, 18.-23.11.2012

Gebhardt R.: Synergien und Probleme beim Zusammenwirken von Biopolymeren bei der Strukturbildung (Kompatibilität/Inkompatibilität), Technologieseminar Weihenstephan „Verfahrens- und Strukturoptimierung in der Lebensmittelherstellung“, Freising, 25.-26.10.2012

Gebhardt R., Steinhauer T., Meyer, P., Sterr, J., Perlich, J., Kulozik, U.: Structural changes of deposited casein micelles induced by membrane filtration, 158th Faraday Discussion, Soft matter approaches to food structuring, Hof von Wageningen, Niederlande, 02.-04.07.2012

Gebhardt R.: Rennin-induced coagulation of casein micelles, 3rd Symposium on Enzymes and Biocatalysis, Xian, China, 25.-28.04.2012

Gebhardt R.: GISAXS study on filtered and deposited casein micelles, Symposium 3-2, Food Biotechnology, 5th Annual World Congress of Industrial Biotechnology, Xian, China, 25.-28.04.2012

Gebhardt R.: Milk Proteins under extreme conditions, 6th International Symposium on Food Rheology and Structure - ISFRS, Zürich, Schweiz, 10.-13.05.2012

Holzmüller, W., Kulozik, U.: AIF-FV 16226 N „Prozessentwicklung zur Fraktionierung der Milchfettkugelmembran“, Sitzung des Projektbegleitenden Ausschusses, Freising-Weihenstephan, 13.09.2012

Kleemann, C., Kulozik, U.: Aerogele und Mikrokapseln als neue Schutzsysteme sensitiver Inhaltsstoffe, Technologieseminar Weihenstephan „Verfahrens- und Strukturoptimierung in der Lebensmittelherstellung“, Freising, 25.-26.10.2012

Kulozik, U.: Separation technologies for the components in milk, Danmarks Mejeritekniske Selskab afholder Seminar, Veijle, Dänemark, 24.05.2012

Kulozik, U.: High concentration of milk and whey by means of membrane technology with reduced energy demand and UHT treatment of concentrates, 6th International Congress on the Food Factory for the Future, Laval, Frankreich, 04.-06.07.2012

Kulozik, U.: Colloid interactions in deposited layers of casein micelles and their impact on flux and transmission in cross-flow microfiltration of milk: A surface energy approach, ICREA Symposium, Nanofluids, Colloids and Membranes, Barcelona, Spanien, 15.-18.07.2012

Kulozik, U.: Funktion und Zusammenwirken von Einzelkomponenten aus komplexen Systemen bei der Strukturbildung, Technologieseminar Weihenstephan „Verfahrens- und Strukturoptimierung in der Lebensmittelherstellung“, Freising, 25.-26.10.2012

Leeb, E., Neuhofer, K., Kulozik, U., Cheison, S. C.: Fractionation of tryptic hydrolysate of beta-lactoglobulin by means of membrane adsorption chromatography. 8th International PhD Seminar on Chromatographic Separation Science, Freudenstadt-Lauterbad, 4.-6.03.2012

Leeb, E., Kulozik, U., Cheison, S. C.: Application of Membrane Adsorption Chromatography to Peptide Fractionation. 26th International Symposium on Preparative & Process Chromatography, Boston, 15.-19.072012

Leeb, E., Kulozik, U., Cheison, S. C.: Production and Identification of Functional Peptides. TUM Analytik Club, München, 04.07.2012

Leeb, E., Cheison, S. C., Kulozik, U.: Fraktionierung und Added Value durch gezielte enzymatische Hydrolyse von Proteinen zur Steigerung der Emulgier- und Schaumbildungseigenschaften, Technologieseminar Weihenstephan „Verfahrens- und Strukturoptimierung in der Lebensmittelherstellung“, Freising, 25.-26.10.2012

Leeb, E., Cheison, S. C., Kulozik, U.: AIF-FV 16541 N „Fraktionierung und Hydrolyse des nativen sowie denaturierten β-Lactoglobulins: Funktionalität der gewonnenen Hydrolysate und Fraktionen“, Sitzung des Projektbegleitenden Ausschusses Hohenheim, 07.11.2012

Merkl, M., Kulozik, U.: Heißextrusion von Molkenproteinen – Gezielte Strukturbeeinflussung und Aggregatbildung durch Extrusion, ProcessNet Jahrestreffen der Fachgruppen Lebensmittelverfahrenstechnik, Rheologie und Trocknungstechnik, Hohenheim, 19.-21.03.2012

Merkl, M., Kulozik, U.: Particle formation of whey protein by extrusion cooking, 6th International Symposium on Food Rheology and Structure - ISFRS, Zürich, Schweiz, 10.-13.05.2012

Merkl, M.. Kulozik, U.: Strukturierung von Proteinen mittels Mikropartikulierung im Extruder, Technologieseminar Weihenstephan „Verfahrens- und Strukturoptimierung in der Lebensmittelherstellung“, Freising, 25.-26.10.2012

Meyer, P., Kulozik, U.: Einfluss der Partikelgröße auf die strukturellen Eigenschaften von Kaseindeckschichten, ProcessNet Jahrestreffen der Fachgruppen Lebensmittelverfahrenstechnik, Rheologie und Trocknungstechnik, Hohenheim, 19.- 21.03.2012

Meyer, P., Kulozik, U.: AIF-FV 16836 N „Hochkonzentrieren von Milch und Molke durch Membrantrenntechnik mit reduziertem Energieverbrauch“, Sitzung des Projektbegleitenden Ausschusses, Freising, 06.06.2012

Schmitz, I., Gianfrancesco, A., Kulozik, U. Först, P.: Einfluss der Sprühtrocknungsbedingungen auf den Lysinverlust in Säuglingsnahrung, ProcessNet Jahrestreffen der Fachgruppen Lebensmittelverfahrenstechnik, Rheologie und Trocknungstechnik, Hohenheim, 19.-21.03.2012

Schmitz, I., Foerst, P., Kulozik, U.: “Drying of sensitive products to drive nutrition, health and wellness” - Research topic: Minimizing losses of nutritionally valuable ingredients during drying of infant formula, Nestlé Research Center, Lausanne, 12.06.12

Schmitz, I., Gianfrancesco, A., Kulozik, U., Först, P.: Lysine losses in infant formula as influenced by the spray drying conditions, 5th International Symposium on Spray Dried Dairy Products (SDDP), St. Maló, Frankreich, 19.-21.06.2012

Schmitz, I., Kulozik, U., Först, P.: Controlling the loss of available lysine during spray drying of dairy powders, 18th Symposium of International Drying Symposia (IDS), Xiamen, Fujian, China, 11.-15.11.2012

Schmitz, I., Kulozik, U., Först, P.: Einfluss von Dehydrierung und thermischer Belastung auf den Erhalt von sensitiven Wertstoffen bei der Sprühtrocknung. Technologieseminar Weihenstephan „Verfahrens- und Strukturoptimierung in der Lebensmittelherstellung“, Freising, 25.-26. Oktober 2012

Steinhauer T., Kulozik U.: Membrane fouling during micro- and ultrafiltrations of whey proteins: Assessment of a reaction mechanism for β-Lactoglobulin, 11th World Filtration Congress, Graz, Österreich 16.-20.04.2012

Steinhauer T., Kulozik U.: Novel processing concepts for membrane separation of milk and whey, DLG - Symposium “Innovative Products and Processes for the Dairy Industry“, ANUGA Food Tec, Köln, 28.03.2012

Steinhauer T., Kulozik U.: Impact of colloidal interactions on membrane fouling during micro- and ultrafiltrations of whey proteins, 11th International Hydrocolloids Conference, Purdue University, West Lafayette, Indiana, USA, 04.-18.05.2012

Steinhauer T., Kulozik U.: Neuartige Konzepte und Optimierung der Permeationsleistung bei der Verarbeitung von Milch und Molke mittels Membrantrennverfahren. Weihenstephaner Milchwirtschaftliche Herbsttagung, Freising, 11.-12.10.2012

Steinhauer T., Kulozik U.: Neuartige Konzepte und Optimierung der Permeationsleistung bei der Verarbeitung von Milch und Molke mittels Membrantrennverfahren, 14th Aachener Membran Kolloquium, Aachen, 07.-08.11.2012

Strixner, T., Kulozik, U.: Die Milch zum Vorbild: Neue Substratfunktionalitäten durch Fraktionierung und Modifizierung in der Eigelbtechnologie, Weihenstephaner Milchwirtschaftliche Herbsttagung, Freising, 11.-12.10.2012

Strixner, T., Kulozik, U.: Combined effects of spray drying and enzymatic treatment on the interfacial properties of dried egg yolk main fractions granules and plasma, 11th International Hydrocolloids Conference, Purdue University West Lafayette, Indiana, USA. 15.05.2012

Strixner, T., Kulozik, U.: Combined effects of spray drying and enzymatic treatment on the techno-functional properties of dried egg yolk main fractions granules and plasma, 18th Symposium of International Drying Symposia (IDS), Xiamen, Fujian, China, 11.-15.11.2012

Strixner, T., Kulozik, U.: Sprühtrocknung in Kombination mit enzymatischer Modifikation zur Funktionalisierung der Eigelbhauptfraktionen Granula und Plasma, ProcessNet Jahrestreffen der Fachgruppen Lebensmittelverfahrenstechnik, Rheologie und Trocknungstechnik, Hohenheim, 19.-21.03.2012

Strixner, T., Kulozik, U.: Optimierung der Vorbehandlung zur Steigerung der Rohstoffeffizienz bei der Strukturbildung durch Proteine in Eigelb, Technologieseminar Weihenstephan „Verfahrens- und Strukturoptimierung in der Lebensmittelherstellung“, Freising, 25.-26.10.2012

Toro-Sierra, J., Bruckmaier, S., Kulozik, U.: Characterization of the structural properties and stabilizing forces in heat induced gels of whey protein fractions in presence and absence of shearing, 6th International Symposium on Food Rheology and Structure - ISFRS, Zürich, Schweiz, 10.-13.05.2012

Toro-Sierra, J., Steinhauer, T., Kulozik, U.: Optimierung der Ultrafiltrationsleistung sowie Verbesserung der mikrobiologischen Qualität bei der Herstellung von WPC durch vorgeschaltete Mikrofiltration, Arbeitstagung der technischen Sachverständigen/Amtsingenieure, Beratungsingenieure und Architekten für das Molkereiwesen, Papenburg, 17.-20.04.2012.

Toro-Sierra, J., Steinhauer, T., Kulozik, U.: Energie- und ressourcenschonende Verarbeitung von Nahrungsmitteln durch geschlossene Stoffströme und moderne Verfahrenstechnik, Arbeitstagung der technischen Sachverständigen/Amtsingenieure, Beratungsingenieure und Architekten für das Molkereiwesen, Papenburg, 17.-20.04.2012

Toro-Sierra, J, Kulozik, U.: Bericht aus der Prüfstelle für milchwirtschaftliche Maschinen und Anlagen–Weihenstephan, Aktivitäten der Prüfstelle 2010-2012, Arbeitstagung der technischen Sachverständigen/Amtsingenieure, Beratungsingenieure und Architekten für das Molkereiwesen, Papenburg, 17.-20.04.2012

Toro-Sierra, J., Kulozik, U.: Neuartige Verfahren zur Fraktionierung der Molkenproteine, LBM Käsereitechnologischer Sonderlehrgang 2012, Ansbach, 17.-18.04.2012

Toro-Sierra, J., Schumann, J., Kulozik, U.: Microparticulation and spray drying of whey protein fractions and study of their functional properties, 5th International Symposium on Spray Dried Dairy Products (SDDP), St. Maló, Frankreich, 19.-21.06.2012

Toro-Sierra, J., Tolkach, A., Kulozik, U.: Neue funktionelle Eigenschaften von mikropartikulierten Proteinen, Technologieseminar Weihenstephan „Verfahrens- und Strukturoptimierung in der Lebensmittelherstellung“, Freising, 25.-26.10.2012

Voswinkel, L., Kulozik, U.: Separation of Whey Proteins with Fast Flow Ion Exchange Chromatography, 8th International PhD Seminar on Chromatographic Separation Science, Freudenstadt-Lauterbad, 4.-6.03.2012

Voswinkel, L., Kulozik, U.: Fractionation of whey proteins with chromatographic membranes at lab and pilot scale, ProcessNet Jahrestreffen der Fachgruppen Lebensmittelverfahrenstechnik, Rheologie und Trocknungstechnik, Hohenheim, 19.-21.03.2012

Voswinkel, L., Kulozik, U.: High-throughput chromatographic processes for the separation of dairy proteins and peptides, DLG-Symposium Innovative Products and Processes for the Dairy Industry, ANUGA FoodTec, Köln, 28.03.2012

Voswinkel, L., Kulozik, U.: Cascaded anion and cation exchanger monolithic columns for the fractionation of major and minor whey proteins, 5th Monolith Summer Symposium 2012, Portoroz, Slovenien, 4.-6.06.2012

Voswinkel, L., Kulozik, U.: Direct Capture Chromatography at Pilot Scale: Fractionation of Whey Proteins with Cascaded Ion Exchangers, 6th International Congress on the Food Factory for the Future, Laval, Frankreich, 04.-06.07.2012

Voswinkel, L., Kulozik, U.: Comparative study of fast flow whey protein fractionation with membrane and monolith based ion exchange chromatography, PREP, International Sympoisum on Preparative and Process Chromatography, Boston, USA, 16.-18.07.2012

Voswinkel, **L., Kulozik, U.**: Gewinnung von Einzelproteinkomponenten aus komplexen Systemen wie Milch, Molke und Ei, Technologieseminar Weihenstephan „Verfahrens- und Strukturoptimierung in der Lebensmittelherstellung“, Freising, 25.-26.10.2012

Würth, R., Kulozik, U., Först, P.: Einsatz der Sprühtrocknung zur Mikroverkapselung von Probiotika, ProcessNet Jahrestreffen der Fachgruppen Lebensmittelverfahrenstechnik, Rheologie und Trocknungstechnik, Hohenheim, Germany, 19.-21.03.2012

Würth, R., Kulozik, U., Först, P.: Microencapsulation of probiotics in milk protein matrices by spray drying, 6th International Symposium on Food Rheology and Structure - ISFRS, Zürich, Schweiz, 10.-13.05.2012

Würth, R., Kulozik, U., Först, P.: A novel spray-drying process for the microencapsulation of probiotics, 5th International Symposium on Spray Dried Dairy Products (SDDP), St. Maló, Frankreich, 19.-21.06.2012

Würth, R., Kulozik, U.: Schonende Erzeugung von mikroverkapselten mikrobiellen Kulturen durch Sprühtrocknung. Technologieseminar Weihenstephan „Verfahrens- und Strukturoptimierung in der Lebensmittelherstellung“, Freising, 25.-26.10.2012.

Würth, R., Kulozik, U., Först, P.: AIF-FV 16537 N, „In-vivo-Untersuchungen der probiotischen Effekte von in Milchproteinen mikroverkapselten probiotischen Keimen“, Sitzung des Projektbegleitenden Ausschusses, Freising, 06.12.2012.

Posterpräsentationen

Bauer, S. A. W., Kienberger, H., Kulozik, U., Först, P.: Influence of fermentation media and pH on drying resistance of *L. paracasei* F19 in low temperature vacuum drying, 15th European Congress on Biotechnology, Istanbul, Turkey, 23.–26.09.2012

Dombrowski, J., Kulozik, U.: Foaming properties of bovine caseinomacropeptide and binary mixtures of its glycosylated and non-glycosylated fractions, ProcessNet Jahrestreffen der Fachgruppen Lebensmittelverfahrenstechnik, Rheologie und Trocknungstechnik, Hohenheim, 19.-21.03.2012

Gebhardt, R., Steinhauer, T., Meyer, P., Sterr, J., Perlich, J., Kulozik, U.: Shape changes of casein micelles induced by filtration forces, HasyLab-Users` Meeting, DESY, Hamburg, 2012

Gebhardt, R., Meyer, P., Steinhauer, T., Reynolds, M., Kulozik, U.: Structure of casein deposits plugging pores of micro-sieve. ESRF Users Meeting, Grenoble, Frankreich, 2012

Gebhardt, R., Steinhauer, T., Meyer, P., Sterr, J., Perlich, J., Kulozik, U.: Shape changes of casein micelles induced by filtration forces, ICREA Symposium 2012 Nanofluidics, Colloids, and Membranes, Barcelona, Spanien, 16.-18.07.2012

Holzmüller, W. Kulozik U.: Influence of changes in washing and heating conditions of cream on the isolation of milk fat globule membrane proteins, ProcessNet Jahrestreffen der Fachgruppen Lebensmittelverfahrenstechnik, Rheologie und Trocknungstechnik, Hohenheim, 19.-21.03.2012

Leeb, E., Kulozik, U., Cheison, S. C.: Fraktionierung komplexer Peptidgemische mittels Membranadsorptionschromatographie am Beispiel des tryptischen ß-Lactoglobulin Hydrolysats, ProcessNet Jahrestreffen der Fachgruppen Lebensmittelverfahrenstechnik, Rheologie und Trocknungstechnik, Hohenheim, 19.-21.03.2012

Leeb, E., Kulozik, U., Cheison, S. C.: Innovative approaches to realize the production of dairy based, pharmaceutical active peptides, 2nd Kiel Food Science Symposium, Kiel, 22.-23.05 2012

Merkl, M., Mersch, M., Kulozik, U.: Thermal aggregation of whey protein under defined shearing conditions, Annual General Meeting des International Fine Particle Research Institutes (IFPRI), Ludwigsburg, 27.06.2012

Meyer, P., Kulozik, U.: Structure of casein deposit layers as influenced by particle size, ICREA Symposium Nanofluidics, Colloids and Membranes, Barcelona, Spanien, 16.-18.07.2012

Steinhauer T., Kulozik U.: Einfluss kolloidaler Interaktionen von Molkenproteinen auf das Membranfouling während Mikro- und Ultrafiltrationen von Molke, ProcessNet Jahrestreffen der Fachgruppen Lebensmittelverfahrenstechnik, Rheologie und Trocknungstechnik, Hohenheim, Deutschland, 19.- 21.03.2012

Steinhauer T., Kulozik U.: Upstream microfiltration of whey: Optimization of ultrafiltration-performance and improvement of hygienic quality of whey protein concentrates, Food Factory, 6th International Congress on the food factory for the future, Laval, Frankreich, 04.-06.07.2012

Steinhauer T., Kulozik U.: Sequential dead-end filtrations: A tool for the determination of the impact of colloidal protein interactions on deposit formation and physical cake properties at the filtration of different model proteins. ICREA Symposium Nanofluidics, Colloids and Membranes, Barcelona, Spanien, 16.-18.07.2012

Strixner, T., Kulozik, U.: Combined effects of spray drying and enzymatic treatment on the techno-functional properties of the dried egg yolk main fractions granules and plasma, Food Colloids 2012, Copenhagen, Dänemark, 17.-19.04.2012

Strixner, T., Kulozik, U.: Neue Substratfunktionalitäten durch Vorbehandlung und neue Prozesse in der Emulgiertechnologie, ANUGA FoodTec 2012, Köln, 10.-13.03.2012

Toro-Sierra, J., Kulozik, U: Anwendung der selektiven thermischen Aggregation und Optimierung eines Membrantrennverfahrens für die Fraktionierung von α-Lactalbumin und β-Lactoglobulin aus Molkenproteinisolat im Pilotmaßstab, ProcessNet Jahrestreffen der Fachgruppen Lebensmittelverfahrenstechnik, Rheologie und Trocknungstechnik, Hohenheim. 19.-21.03.2012

Veröffentlichungen

Peer reviewed

Aschenbrenner, M., Kulozik, U., Först, P.: Evaluation of the relevance of the glassy state as stability criterion for freeze-dried bacteria by application of the Arrhenius and WLF model, Cryobiology 65 (3), 308–318, 2012

Bauer, S. A. W., Schneider, S., Behr, J., Kulozik, U., Först, P.: Combined influence of fermentation and drying conditions on survival and metabolic activity of starter and probiotic cultures after low-temperature vacuum drying, Journal of Biotechnology 159, 351–357, 2012

Betz, M., García-González, C. A., Subrahmanyam, R. P., Smirnova, I., Kulozik, U.: Preparation of novel whey protein-based aerogels as drug carriers for life science applications, The Journal of Supercritical Fluids 72, 111–119, 2012

Betz, M., Hörmansperger, J., Fuchs, T., Kulozik, U.: Swelling behaviour, charge and mesh size of thermal protein hydrogels as influenced by pH during gelation, Soft Matter 8 (8) 2477–2485, 2012

Betz, M., Steiner, B., Schantz, M., Oidtmann, J., Mäder, K., Richling, E., Kulozik, U.: Antioxidant capacity of bilberry extract microencapsulated in whey protein hydrogels, Food Research International 47 (1) 51–57, 2012

Cheison, S. C.: Selective hydrolysis of a-lactalbumin by Acid Protease A offers potential for ß-latoglobulin purification in whey proteins, LWT - Food Science and Technology 49 (1) 117–122, 2012

Engelhardt, K., Rumpel, A., Walter, J., Dombrowski, J., Kulozik, U., Braunschweig, J.: Protein Adsorption at the Electrified Air–Water Interface: Implications on Foam Stability, Langmuir 28 (20) 7780-7787, 2012

Först, P., Kulozik, U.: Modelling the Dynamic Inactivation of the Probiotic Bacterium *L. paracasei* ssp. *paracasei* During a Low-Temperature Drying Process Based on Stationary Data in Concentrated Systems, Food Bioprocess Technology 5 (6) 2419–2427, 2012

Först, P., Kulozik, U., Schmitt, M., Bauer, S.A.W., Santivarangkna, C.: Storage stability of vacuum-dried probiotic bacterium *Lactobacillus paracasei* F19, Food and Bioproducts Processing 90 (2) 295–300, 2012

Gebhardt, R., Toro, J., Kulozik, U.: Pressure Dissociation of ß-Lactoglobulin Oligomers near its Isoelectric Point, Soft Matter 8, 11654-11660, 2012

Gebhardt, R., Steinhauer, T., Meyer, P., Sterr, J., Perlich, J., Kulozik, U.: Structural changes of deposited casein micelles induced by membrane filtration, Faraday Discussions, 158, 77-88, 2012

Heidebach, T., Först, P., Kulozik, U.: Microencapsulation of Probiotic Cells for Food Applications, Critical Reviews in Food Science and Nutrition 52 (4) 291–311, 2012

Lisak, K., Toro, J., Kulozik, U., Bozanic, R., Cheison, S. C.: Chymotrypsin selectively digests ß-lactoglobulin in whey protein isolate away from enyzme optimal conditions: Potential for native a-lactalbumin purification, Journal of Dairy Research, 80 (1) 14-20, 2012

Oidtmann, J, Schantz, M, Mäder, K, Baum, M, Berg, S, Betz, M, Kulozik, U, Leick, S, Rehage, H, Schwarz, K, Richling, E.: Preparation and comparative release characteristics of three anthocyanin encapsulation. J. Agric. Food Chemistry, 60, 844-851, 2012

Özer, B., Guyot, C., Kulozik, U.: Simultaneous use of transglutaminase and rennet in milk coagulation: Effect of initial milk pH and renneting temperature, International Dairy Journal 24 (1) 1–7, 2012

Piry, A., Heino, A., Kühnl, W., Grein, T., Ripperger, S., Kulozik, U.: Effect of membrane length, membrane resistance, and filtration conditions on the fractionation of milk proteins by microfiltration, Journal of Dairy Science 95 (4) 1590–1602, 2012

Schmidt, V. S. J., Kaufmann, V., Kulozik, U., Scherer, S., Wenning, M.: Microbial biodiversity, quality and shelf life of microfiltered and pasteurized extended shelf life (ESL) milk from Germany, Austria and Switzerland, International Journal of Food Microbiology 154 (1-2) 1–9, 2012

Siegert, N., Tolkach, A., Kulozik, U.: The pH-dependent thermal and storage stability of glycosylated caseinomacropeptide, LWT - Food Science and Technology 47 (2) 407–412, 2012

Congress Proceedings/Praxisorientierte Publikationen

Ambros, S., Kulozik, U.: The potential of the microwave-vacuum technique in drying of probiotic and starter cultures, 18th Symposium of International Drying Symposia (IDS), Xiamen, Fujian, China, Proceedings (CD), 2012

Först, P, Kulozik, U.: Modeling the microbial inactivation during vacuum drying, 18th Symposium of International Drying Symposia (IDS), Xiamen, Fujian, China, Proceedings (CD), 2012

Först, P., Würth, R., Kulozik, U.: Mikroverkapselung und Trocknung von Probiotika und Starterkulturen, Biospektrum 18 (6) 676–678, 2012

Gebhardt, R., Kulozik, U.: Structure of casein micelles in membrane deposits, International Small-Angle Scattering Conference (SAS), ISBN 1 921268 15 8, 2012

Gebhardt, R., Steinhauer, T., Meyer, P., Kulozik, U.: Structure of protein deposits plugging pores of micro-sieve, ESRF-Experimental report 1- 3, 2012

Gebhardt R., Steinhauer T., Meyer P., Perlich J., Kulozik U.: Structure of casein micelles in filtered deposits investigated directly above the membrane. Annual Report - Photon Science, DESY, 1-2, 2012

Schmitz, I., Kulozik, U., Först, P.: Controlling the loss of available lysine during spray drying of model dairy powder, 18th Symposium of International Drying Symposia (IDS), Xiamen, Fujian, China, Proceedings (CD), 2012

Steinhauer, T., Meyer, P., Husby, S., Kulozik, U.; Hochkonzentrieren und dabei weniger Energie verbrauchen, DMZ - Deutsche Molkerei Zeitung 133 (24) 31–33, 2012

Steinhauer T., Kulozik U.: Membrane fouling during micro- and ultrafiltrations of whey proteins: Assessment of a reaction mechanism for β-Lactoglobulin. 11th World Filtration Congress Graz, ISBN 978-3-941655-04-1, 2012

Steinhauer T., Kulozik U.: Membrane fouling during micro- and ultrafiltration of whey proteins: Assessment of a reaction mechanism for β-Lactoglobulin, 11th World Filtration Congress Graz, Proceedings, ISBN 978-3-941655-05-8 (CD), 2012

Strixner, T., Kulozik, U.: Für das Gelbe im Ei ideal! Neues Fraktionierungsverfahren ermöglicht optimale Nutzung der natürlichen Funktionen von Eigelb, Best-Practice-Projekt des Forschungskreis der Ernährungsindustrie e.V. (FEI) zum Vorhaben AiF/FEI 16009 N, 2012

Strixner, T., Kulozik, U.: Combined effects of spray drying and enzymatic treatment on the techno-functional properties of dried egg yolk main fractions granules and plasma, 18th Symposium of International Drying Symposia (IDS), Xiamen, Fujian, China, Proceedings (CD), 2012

Toro, J., Tolkach, A., Kulozik, U.: Methode zur Isolierung von a-Lactalbumin und ß-Lactoglobulin, Deutsche Milchwirtschaft (5) 32–35, 2012

Buchkapitel / Sonstige Publikationen

Woonton, BW; Kulozik, U, De Silva, K, Smithers, GW.: Modern Chromatographic Separation Technologies for Isolation of Dairy Ingredients, Ch. 5 in: Advances in Dairy Ingredients, MA Augustin, GW Smithers (eds), IFT Press, Wiley-Blackwell, 1. Auflage, 137-159, 2012

Technologietransfer / Organisation von wissenschaftlichen Veranstaltungen

Weihenstephaner Milchwirtschaftliche Herbsttagung des Verbandes Weihenstephaner Milchwirtschaftler, Bio- und Lebensmitteltechnologen e.V. 11/12. Oktober 2012 in Weihenstephan

Technologie-Seminar „Verfahrens- und Strukturoptimierung in der Lebensmittelindustrie“ 25./26.Oktober 2012 in Freising-Weihenstephan

AIF-FV 15611 N „Clustervorhaben: Bioaktive Inhaltsstoffe aus mikrostrukturierten Multikapselsystemen“, Sitzung des Projektbegleitenden Ausschusses am 9. Oktober 2012 in Freising-Weihenstephan

AIF-FV 16009 N „Fraktionierung und getrennte Ausnutzung des technologisch-funktionellen Potentials der Eigelbhauptfraktionen Plasma und Granula“, Sitzung des Projektbegleitenden Ausschusses am 5. November 2012 in Neuenkirchen-Vörden

AIF-FV 16226 N „Prozessentwicklung zur Fraktionierung der Milchfettkugelmembran“, Sitzung des Projektbegleitenden Ausschusses am 13. September 2012 in Freising-Weihenstephan

AIF-FV 16300 N „Optimierung der Ultrafiltrationsleistung sowie Verbesserung der hygienischen Qualität bei der Herstellung von Molkekonzentraten durch vorgeschaltete Mikrofiltration (MF)“, Sitzung des Projektausschusses am 5. Juni 2012 in Freising-Weihenstephan

AIF-FV 16537 N „In-Vivo Untersuchungen der probiotischen Effekte von in Milchproteinen mikroverkapselter probiotischer Keime“, Sitzung des Projektbegleitenden Ausschusses am 6. Dezember 2012 in Freising-Weihenstephan

AIF-FV 16540 N „Fraktionierung von Proteinen aus Molke mit adsorptiven Membranen“, Sitzung des Projektbegleitenden Ausschusses am 12. Dezember 2012 in Freising-Weihenstephan

AIF-FV 16541 N „Technologische Potenziale zur Fraktionierung von Milchproteinhydrolysaten“, Sitzung des Projektbegleitenden Ausschusses am 7. November 2012 in Hohenheim

AIF-FV 16836 N „Integrierte Kaskadenschaltung von dynamischen und Cross.flow-Membranverfahren zum Hochkonzentrieren von Magermilch und Molke“, Sitzung des Projektbegleitenden Ausschusses am 5. Juni 2012 in Freising-Weihenstephan

AIF-FV 17037 N Clustervorhaben: „Präparative Proteinfraktionierung zur Analyse und Technologieoptimierung bezüglich der Vollmundigkeit und Trübungsstabilität in Bier“, Sitzung des Projektbegleitenden Ausschusses am 3. Dezember 2012 in Freising-Weihenstephan

AIF-FV 17479 N „Eiklarproteinfraktionierung zur Verbesserung der Verschäumungseigenschaften und Pasteurisierbarkeit der entstandenen Fraktionen“, Sitzung des Projektbegleitenden Ausschusses am 22. November 2012 in Freising-Weihenstephan

AIF-FV 17477 N: Entwicklung eines mirowellenunterstützten Vakuumtrocknungsverfahren zur schonenden und effizienten Herstellung von mikrobiellen Kulturen, Sitzung des Projektbegleitenden Ausschusses am 5. November 2012

Im Berichtszeitraum aktive Forschungsvorhaben

AIF-FV 16009 N „Fraktionierung und getrennte Ausnutzung des technologisch-funktionellen Potentials der Eigelbhauptfraktionen Plasma und Granula, Laufzeit 01.04.2011 – 30.09.2012 (beendet)

AIF-FV 16300 N Optimierung der Ultrafiltrationsleistung sowie Verbesserung der hygienischen Qualität bei der Herstellung von Molkekonzentraten durch vorgeschaltete Mikrofiltration (MF), Laufzeit 01.01.2011 – 30.09.2012 (beendet)

AIF-FV 16540 N Fraktionierung von Proteinen aus Molke mit adsorptiven Membranen, Laufzeit 01.05.2011 – 31.12.2012 (beendet)

AIF-FV 15611 N Clustervorhaben: Bioaktive Inhaltsstoffe aus mikrostrukturierten Multikapselsystemen, Laufzeit 01.05.2011 – 30.04.2014

AIF-FV 16226 N Prozessentwicklung zur Fraktionierung der Milchfettkugelmembran, Laufzeit 01.03.2011 – 31.08.2013

AIF-FV 16537 N In-Vivo Untersuchungen der probiotischen Effekte von in Milchproteinen mikroverkapselter probiotischer Keime, Laufzeit 01.05.2011 – 28.02.2013

AIF-FV 16541 N Technologische Potenziale zur Fraktionierung von Milchproteinhydrolysaten, Laufzeit 01.06.2011 – 31.05.2013

AIF-FV 16836 N Integrierte Kaskadenschaltung von dynamischen und Cross-flow-Membranverfahren zum Hochkonzentrieren von Magermilch und Molke, Laufzeit 01.12.2011 – 30.06.2014

AIF-FV 17037 N Clustervorhaben: Präparative Proteinfraktionierung zur Analyse und Technologieoptimierung bezüglich der Vollmundigkeit und Trübungsstabilität in Bier, Laufzeit 01.03.2011 – 31.08.2013

AIF-FV 17479 N Eiklarproteinfraktionierung zur Verbesserung der Verschäumungseigenschaften und Pasteurisierbarkeit der entstandenen Fraktionen, Laufzeit 01.04.2012 – 30.09.2014

AIF-FV 17477 N Entwicklung eines mirowellenunterstützten Vakuumtrocknungsverfahren zur schonenden und effizienten Herstellung von mikrobiellen Kulturen, Laufzeit 01.04.2012 – 30.09.2014

AIF 17140 N Mikropartikulierung von Molkenproteinen mittels Heißextrusion.Laufzeit 01.01.2013 – 30.06.2015

BLE Vorhaben: Neues ressourcen- und energiesparende Prozesse zur Herstellung, Vertrieb/Logistik und Einsatz von Milch- und Molkekonzentraten als Ersatz für Milch und Molkepulver, Laufzeit 15.07.2012 – 14.09.2015

DFG 2375/1-1: Struktur und Bildung von Kasein-Mizellen-Ablagerungen auf porösen Oberflächen während der Mikrofiltration, Laufzeit 01.10.2012 – 30.09.2014

BLE Verbundprojekt RESOCULT: Ressourcenschonende Produktion und Anwendung mikrobieller Kulturen für Milcherzeugnisse, Beginn 01.02.2013 – 31.03.2016

AIF-FV Einflussfaktoren auf die Inaktivierung von Mikroorganismen auf Packstoffoberflächen mittels gasförmigem H_2O_2 geplanter Beginn 01.04.2013

sowie 3 weitere bilateral finanzierte Forschungsprojekte

Typprüfungen

Typprüfung Umstellventil DN 50, Fa. Südmo Components GmbH, Riesbürg, 4. Juli 2012 in Freising-Weihenstephan

Exkursionen

28.-30.03.2012	Fachexkursion zur ANUGA FoodTec 2012 mit 41 Studenten der Studiengänge Technologie und Biotechnologie der Lebensmittel und Bioprozesstechnik
28.05. – 01.06.2012	Fachexkursion mit 36 Studenten des Studiengangs Technologie und Biotechnologie der Lebensmittel zu Lebensmittel– und Zulieferbetrieben (Raum Berlin und Leipzig)
13. – 14.08.2012	Fachexkursion mit 18 Studenten im Rahmen der Vorlesung Technologie der Milch- und Milchprodukte nach Wasserburg, Salzburg und Rott am Inn

Partnerschaft Technische Universität München in bayerischen Gymnasien

Im Rahmen des TUM–Programms „Partnerschaft Schule“ werden betreut:
Dom-Gymnasium, Freising (OStD Manfred Röder)
Staatliches Gymnasium, München-Moosach (StD René Horak)
Katharinen-Gymnasium, Ingolstadt (OStD Dr. Reinhard Kammermayer)
Gnadenthal-Gymnasium, Ingolstadt (OStD Kurt Müller)

Zusammenarbeit mit wissenschaftlichen Expertengremien und Organisationen bzw. Mitarbeit in Hochschulgremien

Kulozik, U.

- Mitglied im Editorial Board von Int. Dairy Journal (IDJ) und Food Science and Technology (LWT)
- Mitglied im Wiss. Ausschuss des Forschungskreises der Ernährungsindustrie e.V. (FEI)
- Mitglied im Wissenschaftlichen Beirat des Milchindustrieverbandes (MIV) e.V.
- Mitglied im Technologieausschuss des Verbandes Deutscher Marktmolkereien (VDM)
- Gewähltes Mitglied des Studienfakultätsrates Brau- und Lebensmitteltechnologie
- Berufenes Mitglied im ProcessNet Arbeitsausschuss „Membrantechnik“ und im Arbeitsausschuss „Lebensmittelverfahrenstechnik“
- Gewählter Gutachter der Allianz Industrie Forschung (AIF) "Otto von Guericke" e.V.
- Prodekan der Fakultät des Wissenschaftszentrums Weihenstephan der TU München

Verband Weihenstephaner Milchwirtschaftler, Bio- und Lebensmitteltechnologen e.V.

Adresse

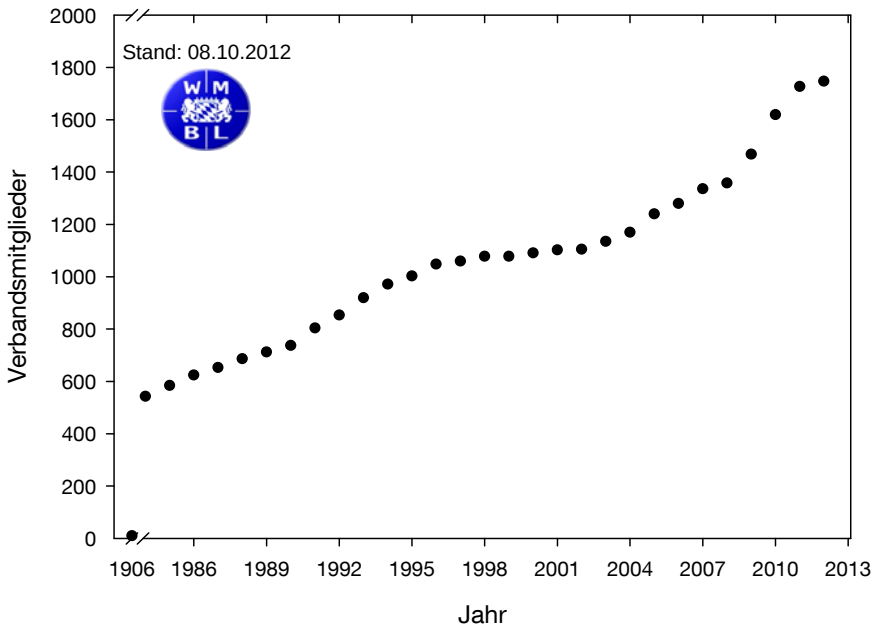
Geschäftsführung:
Thomas Strixner, Tim Steinhauer
Vorstand:
Prof. H.C. Langowski

Weihenstephaner Berg 1
D – 85354 Freising-Weihenstephan

Telefon: 08161-71-2507
Telefax: 08161-71-4384
Email: wmbl@wzw.tum.de
Internet: www.verband-weihenstephan.de

Struktur des Verbandes

Der Verband Weihenstephaner Milchwirtschaftler, Bio- und Lebensmitteltechnologen e.V. ist ein seit über 100 Jahren stetig wachsender unabhängiger Berufsverband für die Lebensmittel- und Bioprozesstechnikbranche mit derzeit 1747 Mitgliedern (Stand 31.12.2012). Im Geschäftsjahr 2012 traten 60 Neumitglieder dem Verband bei.



Entwicklung der Mitgliederzahl des Verbandes in den letzten 25 Jahren

Der Verband setzt sich im Wesentlichen zur Hälfte aus studentischen Mitgliedern verschiedener Fachrichtungen (Lebensmittel- und Biotechnologie, Bioprozesstechnik, Brauwesen, Ernährungswissenschaft, etc.) und Mitgliedern unterschiedlicher Industriezweige der Nahrungsmittel- und Pharmaindustrie zusammen. Der Mitgliedsbeitrag umfasst € 20,- pro Jahr.

Zielsetzungen des Verbandes

Der Verband Weihenstephaner Milchwirtschaftler, Bio- und Lebensmitteltechnologen e.V. dient der Förderung und Unterstützung seiner studentischen Mitglieder und versteht sich als Netzwerk- und Kontaktplattform zum Informationsaustausch zwischen Universität und Industrie.

Der Verband bietet seinen Mitgliedern:

1. Finanzielle Unterstützung bei Fachexkursionen
- a. Bezuschussung privat organisierter Exkursionen zu Messen, Tagungen o.ä.
- b. Bezuschussung universitärer Exkursionen

2. Hilfe bei der Suche nach Praktika und Arbeitsstellen
- a. z.B. studienbegleitende Industriepraktika
- b. Vermittlung von Stellenangeboten und -gesuchen

3. Preise für herausragende wissenschaftliche Arbeiten
- a. Bachelor: € 500,-
- b. Master: € 1000,-
- c. Doktorarbeiten: € 2000,-

4. Eine Netzwerk-Plattform
- a. Über 1700 Mitglieder (studiengangübergreifend)
- b. Ein jährlich erscheinendes Mitgliederverzeichnis
- c. Jährliches Ehemaligentreffen

5. Informationsaustausch zwischen Industrie und Universität
- a. Wissenschaftlicher Jahresbericht über aktuelle Forschungsthemen
- b. Regelmäßig erscheinende Email-Nachrichten zum Campus Weihenstephan
- c. Weihenstephaner Milchwirtschaftliche Herbsttagung mit Fachvorträgen, Mitgliederversammlung und Käsebuffet (Ehemaligentreffen)
- d. Einladung zu Weihenstephaner Tagungen, Veranstaltungen und Messen

Versammlungen und geförderte Exkursionen

Versammlungen:

Vorstandssitzung am	22.03.2012
Vorstandssitzung am	10.10.2012
Mitgliederversammlung am	11.10.2012

Lehrstuhlexkursionen:

29.03.-31.03. unter Leitung des Lehrstuhls für Lebensmittelverfahrenstechnik und Molkereitechnologie (Prof. Dr. Ulrich Kulozik) der TUM mit 34 (34 WMBL) Studenten zur ANUGA FoodTech.

28.05.-01.06. unter Leitung des Lehrstuhls für Lebensmittelverfahrenstechnik und Molkereitechnologie (Prof. Dr. Ulrich Kulozik) der TUM mit 37 (37 WMBL) Studenten zu Lebensmittel- und Zulieferbetrieben im Raum Berlin-Leipzig.
28.05.-01.06. unter Leitung des Lehrstuhls für Verfahrenstechnik disperser Systeme (komm. Ltg. Prof. Dr. Petra Först) der TUM mit 26 (24 WMBL) Studenten zu Lebensmittel- und Zulieferbetrieben im Raum Niederbayern.

28.05.-01.06. unter Leitung des Lehrstuhls für Lebensmittelverpackungstechnik (Prof. Dr. H.-C. Langowski) der TUM mit 40 (17 WMBL) Studenten zu Lebensmittel- und Zulieferbetrieben.

29.05.-01.06. unter Leitung des Lehrstuhls für Lebensmittelverpackungstechnik (Prof. Dr. H.-C. Langowski) der TUM mit 12 (12 WMBL) Studenten zur INTERPAC.

18.06.-21.06. unter Leitung von Prof. Dr. Dirk Rehmann mit 36 (9 WMBL) Studenten des Studienganges Lebensmitteltechnologie der Fachhochschule Weihenstephan zu Lebensmittel- und Zulieferbetrieben in Sachsen.

18.06.-21.06. unter Leitung von Prof. Dr. Dirk Rehmann mit 33 (5 WMBL) Studenten des Studienganges Lebensmitteltechnologie der Fachhochschule Weihenstephan zu Lebensmittel- und Zulieferbetrieben in Baden-Württemberg.

18.06.-21.06. unter Leitung von Prof. Dr. Dirk Rehmann mit 36 (1 WMBL) Studenten des Studienganges Lebensmitteltechnologie der Fachhochschule Weihenstephan zu Lebensmittel- und Zulieferbetrieben in Niederbayern.

19.06.-20.06. unter Leitung von Prof. Dr. Heiko Briesen mit 41 (17 WMBL) Studenten des Studienganges Bioprozesstechnik zur ACHEMA.

13.08.-14.08. unter Leitung des Lehrstuhls für Lebensmittelverfahrenstechnik und Molkereitechnologie (Prof. Dr. Ulrich Kulozik) der TUM mit 25 (14 WMBL) Studenten nach Wasserburg-Salzburg-Rott am Inn.

24.09.-28.09. unter Leitung von Prof. Dr. Dirk Rehmann mit 11 (7 WMBL) Studenten des Studienganges Lebensmitteltechnologie der Fachhochschule Weihenstephan zu Lebensmittel- und Zulieferbetrieben in Ostwestfalen-Lippe.

Privatexkursionen:
Neben den universitär organisierten Fachexkursionen wurden im Jahr 2011 auch 19 eigeninitiativ organisierte Exkursionen studentischer Mitglieder zu Fachmessen und –Tagungen bezuschusst. Informationen zur Förderung sowie der Förderantrag finden sich auf der Homepage des Verbandes.

Ehrungen anlässlich des Hochschultages und der Weihenstephaner Milchwirtschaftlichen Herbsttagung

Preise für herausragende wissenschaftliche Arbeiten
Zum fünften Mal in Folge wurden in diesem Jahr zusätzlich zum Preis für „herausragende Diplom- und Masterarbeiten“ Preise für die beste Bachelorarbeit und die beste Doktorarbeit verliehen.
Der mit € 500,- dotierte Preis für die beste Semester-/Bachelorarbeit wurde in diesem Jahr an **Frau Sandra Witzgall, B.Sc.** aus Großkarolinenfeld für ihre mit der Note 1,0 bewertete Semesterarbeit zum Thema *„Kinetik der katalytischen Umsetzung von Sauerstoff mit Wasserstoff durch Palladium für verpackungsrelevante Anwendungen“*.
Der zum 17. Mal in Folge ausgeschriebene Preis des Verbands Weihenstephaner Milchwirtschaftler Bio- und Lebensmitteltechnologen e.V. für die beste Diplom-/Masterarbeit, der mit € 1000,- dotiert ist, wurde anlässlich der Weihenstephaner Milchwirtschaftlichen Herbsttagung am 11. Oktober 2012 an **Herrn Sebastian Kraus, M.Sc.** aus Hirschau verliehen. In seiner Arbeit (Note 1,0) beschäftigte er sich mit dem *„Konzepte nachhaltiger Landwirtschaft aus Sicht einer Molkerei“*.

Den Preis für herausragende Doktorarbeiten (€ 2000,-) erhielt **Herr Dr.-Ing. Martin Heinrich** aus Schweinfurt. Er schloss seine Dissertation mit dem Titel *„Untersuchungen zum hochdruckausgelösten Zerfall der Caseinmizelle“* am Lehrstuhl für Lebensmittelverfahrenstechnik und Molkereitechnologie mit magna cum laude ab.

Der Verband gratuliert allen Preisträgern sehr herzlich und freut sich auch zukünftig über Studenten und Wissenschaftler die sich in der milchwirtschaftlichen, bio- und lebensmitteltechnologischen Forschung in Weihenstephan engagieren.

Ehrung langjähriger Verbandsmitglieder
Neben den studentischen Preisträgern werden bereits seit vielen Jahren langjährige Mitglieder des Verbandes im Rahmen der Weihenstephaner Milchwirtschaftlichen Herbsttagung geehrt.

In diesem Jahr konnte Herrn Johann Gonaus zu seiner 40-jährigen Mitgliedschaft sowie Herrn Michael Ziervogl, Günter Reuthlinger, Walter Pflaum und Erich Abler zu ihrer 50jährigen Mitgliedschaft gratuliert werden. Herrn Martin Schuster, Herrn Helmut Pröscholdt und Herrn Karl Niederle konnte zu ihrer 60jährigen Mitgliedschaft gratuliert werden.

Durch die langjährige Treue haben die Jubilare Vorbildfunktion erworben. Professor Langowski überreichte den anwesenden Jubilaren einen Milchkrug mit der Aufschrift: „Zur Erinnerung an Weihenstephan“.

Verleihungsrichtlinien zum Preis für Semester-, Bachelor- , Diplom-, Master sowie Doktorarbeiten von Verbandsmitgliedern

Präambel

Der Verband Weihenstephaner Milchwirtschaftler, Bio- und Lebensmitteltechnologen e.V. ist einer der traditionsreichsten Hochschulverbände mit über 1700 Mitgliedern. Das stetige Wachsen des Verbands ist eng mit den Erfolgen der Absolventen der Lebensmittelforschung in Weihenstephan verbunden. Der Verband möchte durch die Vergabe eines Preises für herausragende Studien-/Forschungsleistungen die Verbundenheit zu den Forschungsinstituten noch stärker zum Ausdruck bringen und die studentischen Mitglieder dazu ermutigen, sich an den Einrichtungen der Lebensmittelforschung weiter zu engagieren.

Dotierung

Die Preise werden je nach Kategorie mit folgenden Beträgen honoriert:

- Semester- oder Bachelorarbeit: 500 €
- Diplom- oder Masterarbeit: 1000 €
- Doktorarbeit: 2000 €

In jeder Kategorie wird jährlich jeweils ein Preis verliehen.

Auswahlkriterien

- Der/die Ausgezeichnete muss Mitglied beim Verband Weihenstephaner Milchwirtschaftler Bio- und Lebensmitteltechnologen e.V. sein.
- Es muss sich um eine herausragende Arbeit in Zusammenhang mit einer überdurchschnittlichen Gesamtnote handeln.
- Die Arbeit muss thematisch aus einem milchwirtschaftlichen, bio- oder lebensmitteltechnologischen Forschungsbereich kommen.

Bewerbung und Verleihungsverfahren

Die Arbeit muss vom betreuenden Institut bzw. Lehrstuhl nominiert werden. Die Arbeit wird zusammen mit einem Bewerbungsformular (erhältlich unter www.verband-weihenstephan.de) bei der Geschäftsstelle des Verbands Weihenstephaner Milchwirtschaftler Bio- und Lebensmitteltechnologen e.V. zu folgenden Daten eingereicht:

- Semester- oder Bachelorarbeit: bis 30. Mai
- Diplom- oder Masterarbeit: bis 30. Juni
- Doktorarbeit: bis 30. Juni

Die Arbeit darf als ältestes Datum (Abgabetermin beim Lehrstuhl) den 30. April/Juni des Vorjahres tragen. Der Preis für die Semester-/Bachelorarbeit wird am Weihenstephaner Hochschultag verliehen. Die Preise für Diplom-/Master- und Doktorarbeit werden vom Vorstand des Verbands jährlich bei der Weihenstephaner Milchwirtschaftlichen Herbsttagung verliehen. Nur der Verbandsvorstand ist berechtigt, die Preisträger öffentlich bekannt zu geben.

Jury

Die Jury besteht aus 5 Professoren der TUM und der Fachhochschule Weihenstephans. Die Jury kontrolliert, ob die vorgeschlagenen Kandidaten den Bedingungen dieser Verleihungsrichtlinien entsprechen, prüft die eingereichten Unterlagen und benennt die Preisträger. Sie ist berechtigt, sich Beurteilungen von dritter Seite zu beschaffen und Kandidaten zur persönlichen Beurteilung einzuladen. Die Entscheidung der Jury ist unanfechtbar. Ein Rechtsanspruch auf Zuerkennung eines Preises besteht nicht.

Antragsformulare finden sich auf der Homepage des Verbandes oder können beim Geschäftsführer des Verbands angefordert werden.

Vereinigung zur Förderung der Milchwissenschaftlichen Forschung an der TUM in Freising-Weihenstephan e.V.

Adresse

c/o Lebensmittelverfahrenstechnik – WZW
Prof. Dr.-Ing. Ulrich Kulozik
Weihenstephaner Berg 1, 85354 Freising

Telefon: 08161-71-4205
Telefax: 08161-71-4384
Mail: foerderverein.weihenstephan@t-online.de

Vorstand

1. Vorsitzender	Dr. Hans Schraml
Stellvertr. Vorsitzender	Dr. Thomas Obersojer
Stellvertr. Vorsitzender	Dr. Timo Winkelmann
Geschäftsführer	Univ. Prof. Dr.-Ing. Ulrich Kulozik

Zweck und Ziele der Fördervereinigung

Die Fördervereinigung wird getragen von ca. 70 Mitgliedsunternehmen aus der Milch- und Lebensmittelindustrie. Die Vereinigung hat die Aufgabe, insbesondere die milchwissenschaftliche Forschung an der TU München in ihrer ganzen Breite zur Fortentwicklung der gesamten Milch- und Lebensmittelwirtschaft zu fördern. Die Vereinigung verfolgt ausschließlich und unmittelbar gemeinnützige Zwecke im Sinne des Abschnitts steuerbegünstigte Zwecke der Abgabenordnung. Sie sucht dies zu erreichen durch:

- Bereitstellung von Mitteln für Forschungsaufgaben auf dem Gebiete der Milch- und Lebensmittelwirtschaft, insbesondere der milchwissenschaftlichen Forschung,
- Förderung des Nachwuchses durch Stipendien,
- ständigen Gedanken- und Erfahrungsaustausch mit der Milch- und Lebensmittelwirtschaft, den land- und milchwirtschaftlichen Organisationen, wissenschaftlichen Gesellschaften, Anstalten und Instituten des In- und Auslandes, durch Tagungen und Vorträge.

Unterstützt werden die am Campus Weihenstephan milchwissenschaftlich forschenden Einrichtungen in Form von Mitteln für neue Forschungsgebiete entweder direkt milchbezogen oder auch auf die Lebensmitteltechnologie allgemein bzw. für spezifische Ausstattungen.

Oftmals werden dadurch Vorarbeiten initiierbar, die später zu öffentlich geförderten, vorwettbewerblich durchgeführten Gemeinschaftsforschungsprojekten führen, so dass die bereit gestellten Mittel mehrfach multipliziert werden. Die Vergabe der Forschungsmittel bzw. die Auswahl der beantragten Vorhaben nimmt der Vorstand vor, wobei ein aus dem Mitgliederkreis gewähltes Kuratorium mit 12 Industrievertretern den Vorstand berät. Die Kuratoriumsmitglieder haben eine Amtszeit von 3 Jahren.

Die Mitgliedsunternehmen ermöglichen mit ihren nach der Unternehmensgröße (Umsatz) gestaffelten Beiträgen eine substratspezifische Forschung in allen relevanten Disziplinen (Physiologie, Mikrobiologie und Produktsicherheit, Analytik, Technologie und technische Innovation, Betriebswirtschaft und Biofunktionalität), die sich vorrangig mit zukunftsgerichteten Fragestellungen in der Milch- bzw. Lebensmittelwissenschaft befassen kann, die ohne diese Förderung nicht zustande kommen könnten. Insofern übernimmt die Branche ein hohes Maß an Verantwortung und Engagement in Bezug auf stetige Innovation eines Segments der Lebensmittelindustrie, das seit jeher eine Leitfunktion in der gesamten Lebensmittelbranche innehat.

Im laufenden Jahr geförderte Projekte sind nachfolgend aufgeführt:

<u>Lehrstuhl für Wirtschaftslehre des Landbaues</u>

- *Ermittlung von Methoden der Bilanzierung von Treibhausgasemissionen und ökonomischen Erfolgsgrößen unterschiedlicher Milchviehhaltungssysteme*

<u>Lehrstuhl für Lebensmittelverpackungstechnik</u>

- *Ermittlung von Sauerstoff-Toleranzwerten von UHT-Sahne mit unterschiedlichen Fettgehalten*

<u>Abteilung Mikrobiologie</u>

- *Hofspezifische Mikrobiota in Rohmilch*

<u>Abteilung Physiologie</u>

- *Charakterisierung von Exosomen in Rohmilch*

<u>Abteilung Technologie</u>

- *Teilfinanzierung eines Rheometers zur Verbesserung der analytischen Infrastruktur am Lehrstuhl für Lebensmittelverfahrenstechnik und Molkereitechnologie und Abteilung Technologie*
- *Techno-functional properties of glycosylated α-lactalbumin*

Eine besondere Rolle spielen in diesem Zusammenhang die öffentlich durch das Bundesministerium für Wirtschaft und Technologie (BMWi) geförderten Forschungsprojekte im Rahmen der „Industriellen Gemeinschaftsforschung (IGF)“, die über den Arbeitskreis für industrielle Gemeinschaftsforschung (AiF) bzw. den Forschungskreis der Ernährungsindustrie (FEI) ausgeschrieben werden. An derartigen Vorhaben beteiligen sich Mitglieder der Fördervereinigung unter Einsatz von Mitgliedsbeiträgen regelmäßig, so dass eine enge Anbindung der Wissenschaft an industrierelevante Fragestellungen gewährleistet ist.

Beitragsordnung

1. Unternehmen

Mindestbeitrag	500,00 €	bis 10 Mio. € Umsatz
	1.000,00 €	über 10 - 50 Mio. € Umsatz
	2.500,00 €	über 50 - 125 Mio. € Umsatz
	3.750,00 €	über 125 - 250 Mio. € Umsatz
	5.000,00 €	über 250 Mio. € Umsatz

2. Einzelmitglieder

Mindestbeitrag 100,00 €

Informationstransfer – Mitgliederinformation

Ein wichtiges Hilfsmittel zum Informationsaustausch ist der **"Wissenschaftliche Jahresbericht",** der mit Unterstützung der Vereinigung zusammengestellt wird. Neben diesem Bericht sind auch regelmäßige Rundschreiben ein wesentlicher Beitrag zur Informationspolitik der Vereinigung.

Ferner führt die Fördervereinigung gemeinsam mit dem Verband Weihenstephaner Milchwirtschaftler, Bio- und Lebensmitteltechnologen e.V. die „**Weihenstephaner Milchwirtschaftliche Herbsttagung“** durch, die sich als Branchentreffpunkt mit ca. 200 Teilnehmern einen festen Platz im Austausch zwischen Forschung und Industrie erarbeitet hat, jedoch Wert auf branchenübergreifende Beiträge legt.

Im Rahmen von spezifischen Aktivitäten werden regelmäßig **Transferseminare** für Technologie- bzw. Wissensübertragung angeboten, zu denen die Mitglieder und Interessierte gesondert eingeladen werden. Die Institute bieten jederzeit **Beratung** auch für unternehmensspezifische Fragestellungen (Technologie- bzw. Investitionsentscheidungen, Produktions- und Absatzoptimierung, Krisenmanagement) an.

Ferner steht die Fördervereinigung in engem Kontakt mit Industrieverbänden wie dem Milchindustrie-Verband (MIV) und dem Verband Deutscher Maschinen- und Anlagenbau e.V. (VDMA), die als Multiplikatoren wirken und Forschungsergebnisse in ihre jeweiligen Netzwerke hineintragen.

Interessierte Neumitglieder können das nachstehend abgedruckte Beitrittsformular verwenden.

Vereinigung zur Förderung der
Milchwissenschaftlichen Forschung
an der Technischen Universität München
in Freising-Weihenstephan e.V.

c/o Lebensmittelverfahrenstechnik - WZW
85354 Freising, Weihenstephaner Berg 1
Telefon: 0 81 61 / 71 42 05
Telefax: 0 81 61 / 71 43 84
Bankverbindung: Sparkasse Freising
Konto 171 876 - BLZ 700 510 03

B E I T R I T T S E R K L Ä R U N G

Ich (wir) erkläre(n) meinen (unseren) Beitritt zur Vereinigung zur Förderung der Milchwissenschaftlichen Forschung an der TU München in Freising-Weihenstephan e.V. ab ..... und werde(n) gemäß Satzung/Beitragsordnung einen jährlichen Förderungsbeitrag von € .....……..... leisten. Die Bedingungen der Mitgliedschaft sind mir (uns) aus den mir (uns) übermittelten Satzungen der Vereinigung bekannt.

Name: .....

bzw. Firma: .....

Anschrift: .....

....., den ..... …….....….....

(Unterschrift)

Technischer Teil

Hinweise auf neue Techniken und Produkte

Der technische Teil des wissenschaftlichen Jahresberichtes will den Leserkreis auch in diesem Jahr über Neuigkeiten in der milchwirtschaftlichen Technologie informieren und auf neue Produkte und Angebote von Milch verarbeitenden Unternehmen hinweisen. Die Herausgeber danken den im Folgenden aufgeführten Firmen, die zu diesem Zweck eine Anzeige zur Verfügung gestellt haben und den Druck des Jahresberichtes unterstützten.

Verzeichnis der Fachfirmen

		Seite
1.	Bauer GmbH & Co. KG, Wasserburg/Inn	142
2.	Bayerische Milchindustrie eG, Landshut	143
3.	Bücker-Fachverlag GmbH & Co. KG, Bad Breisig	148
4.	Goldsteig Käsereien Bayerwald GmbH , Cham	146
5.	Hofmeister Champignon Unternehmensgruppe / Käserei Champignon Hofmeister GmbH & Co. KG, Lauben im Allgäu	144
6.	Hochland AG, Heimenkirch	149
7.	Milchindustrie-Verband e.V., Berlin	146
8.	Molkerei Gropper GmbH & Co., Bissingen	149
9.	OMIRA, Oberland-Milchverwertung Ravensburg GmbH, Ravensburg	142
10.	GQM mbH, Landshut	145
11.	Zentis GmbH & Co. KG, Aachen	147
12.	Zott GmbH & Co. KG, Mertingen	144

OMIRA
MILCH
Beste Qualität für Ihren Geschmack
Aus dem Land mit
Sonne, See und Bergen.
Vertragen Sie keine
Milch?
Wir haben die Lösung.
JOGHURT
SCHLAGSAHNE
FRISCHE
VOLL-
MILCH
3,5% Fett
länger haltbar
MINUS L
Laktosefrei
MILCH
haltbar
3,8% Fett
Schlagsahne
JOGHURT
MILD
www.omira.de
www.minusL.de

Die Privatmolkerei
Bauer
Die Bauers,
die können's
einfach!
DER
GROSSE
BAUER
250g
Erdbeere
Die Privatmolkerei Bauer gibt es jetzt schon in der fünften Generation. Und mit der Zeit hat es sich wohl herumgesprochen, dass wir aus frischer Milch und feinen Früchten einfach einen wunderbaren Joghurt machen. Der gute Bauer, der große Geschmack.
www.bauer-milch.de

BMi
Beste Milch Ideen

Regional und innovativ

Ob Mozzarella-Kugeln
oder unser neues Frankenland-
Regionalkonzept – eines dürfen
Sie immer von uns erwarten:
Beste Milch Ideen!

Frankenland Paladin Bayolan

Bayerische Milchindustrie eG
E-Mail: bmi@bmi-eg.com · Internet: www.bmi-eg.com

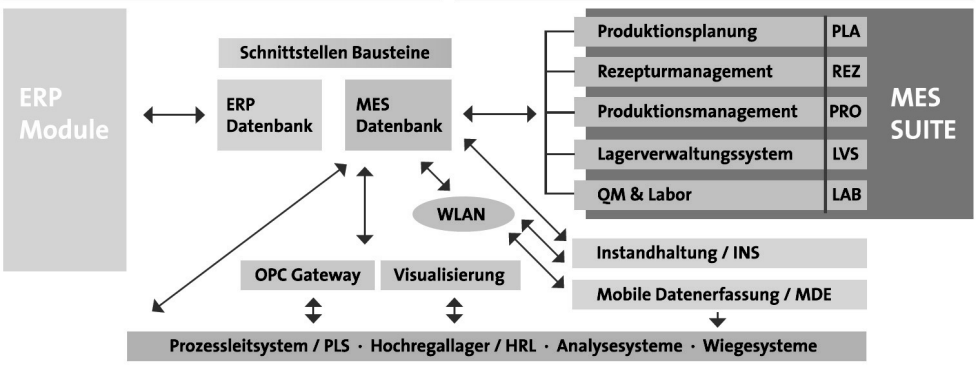
Genuss-Molkerei
Zott
seit 1926
Zott Monte
Milch-Dessert + Schoko
6er Pack
Zott Sahne Joghurt mild
Zott Jogolé
Zott Bayerntaler
ORIGINAL
nussig-mild
Zott Zottarella
Classic
OHNE GENTECHNIK
Rolle 250g
ZOTT SE & Co. KG · Dr.-Steichele-Str. 4 · 86690 Mertingen
www.zott.de · 09078 - 801 0

ROUGETTE
Grill-Käse
ROUGETTE GRILLKÄSE
Cremig-mild
ROUGETTE GRILLKÄSE
Kräuter
√ Weichkäse für den Grill
√ Klebt nicht auf dem Rost
√ Einfach und schnell zubereitet
ROUGETTE - eröffnet die Grillsaison!
NEU
ROUGETTE
Grill-Käse
Kräuter
Cremig-mild
ROUGETTE – mehr kann man aus Käse nicht machen!
KÄSEREI CHAMPIGNON
Hofmeister GmbH & Co. KG • Kemptener Straße 17-24 • D-87493 Lauben / Allgäu
Telefon: +49 / 83 74 / 92-0 • Telefax: +49 / 83 74 / 92-169 • info@champignon.de • www.champignon.de

GQM

GQM Software Organisation Managementsysteme

Moderne Softwarelösungen der
GQM SUITE



Als **Spezialist** bietet die **GQM** Know-how-basierte **MES** Software für den gesamten Bereich der Lebensmittel- und Getränkeindustrie einschließlich der entsprechenden Einführungsberatung zur flexiblen Anpassung an die Unternehmensanforderungen.

Das **Produktportfolio** der **GQM** umfasst: **Prod**uktionsplanung und **Prod**uktionsmanagement, **Tech**nisches Controlling, **Mobi**le Computing, **QM** und **LIMS**, **Doku**mentenverwaltung, **Rez**epturmanagement, Produkt**entw**icklung, **Spezi**fikationen und **Zert**ifikate, **Char**genverfolgung und Chargenorientierte **Best**ands-führung, **Lag**erverwaltungssysteme, **Kommi**ssionierung und **Dispo**management, **Wart**ung und **Insta**ndhaltung, **Rekla**mationsmanagement, **Ener**giedatenerfassung und **Ener**giecontrolling.

Beratungsleistungen in den Bereichen **QM**, **IFS**, **HAC**CP, **Aud**its, **UM** und Prozess-**opt**imierung. Neben der Konzeption und Implementierung maßgeschneiderter **MES** Lösungen, werden auch komplett um **MES** erweiterte **ERP** Systemeinführungen realisiert.

GQM mbH
GQM System und Service GmbH
Innere Münchener Str. 10
84036 Landshut

Tel.: 0871/924 00-0
Fax: 0871/ 924 00-11
info@gqm.de
www.GQM.de

Der Milchindustrie-Verband e.V. (MIV) ist der Spitzenverband der deutschen Milchindustrie

- Er vertritt über 100 Unternehmen.
- 95 % der deutschen Milchanlieferung oder 28 Mio. t Milch und 100 % des Exportvolumens werden von MIV-Mitgliedern erbracht.
- Mit rund 23 Milliarden Euro Jahresumsatz ist die Milchindustrie der größte Bereich der deutschen Ernährungsbranche.
- Er ist Interessenvertreter und Dienstleister auf regionaler, nationaler, europäischer und internationaler Ebene.

Tätigkeitsfelder sind u.a. neben Agrarpolitik, Marktordnung und Wirtschaft, rechtliche Fragestellungen, Wissenschaft, Forschung und Qualität, auch Sozial- und Tarifpolitik sowie Außenhandel, Umwelt oder Logistik.

Der MIV fördert Forschung und Wissenschaft:

- **MIV-Kompetenznetzwerk-Milch:** Milchindustrie und Wissenschaft als Partner
- **Wissenschaftlicher Beirat des MIV** mit Experten der Natur-, Rechts- und Wirtschaftswissenschaft
- **MIV-Ideenbörse Forschung:** Generierung praxisnaher Forschungsideen
- **MIV-Arbeitsgruppe Forschung:** Initiierung, Prüfung und Koordinierung von milchspezifischen Projekten der Gemeinschaftsforschung, die Milchindustrie ist die forschungsintensivste Lebensmittelbranche
- Jährliche Vergabe des **Milch-Wissenschaftlichen Innovationspreises**

Milchwissenschaft und –forschung: eine Chance für Milchindustrie und Wissenschaft

Milchindustrie-Verband e.V. | Jägerstraße 51 | 10117 Berlin
Ansprechpartnerin Wissenschaft: Dr. Gisela Runge
Tel.: +49 30 4030445-19 | Fax: +49 30 4030445-57 | E-Mail: runge@milchindustrie.de
www.milchindustrie.de & www.meine-milch.de

Köstliche Innovationen an fermentierter Milch

Setzen Sie Ihren Joghurt-, Milch- und Eiskreationen die Krone auf – mit den vielfältigen Fruchtzubereitungen von Zentis. Ob bewährte Standards oder individuelle Rezepturen: Jedes Produkt wird auf die speziellen Bedürfnisse unserer Kunden und auf die Vorlieben der Verbraucher abgestimmt. Und täglich kommen neue Innovationen hinzu. Schonende Herstellverfahren sorgen dabei für dauerhafte Qualität und Frische.

Erfolgsrezepte von Zentis – dem innovativen Partner der Milchindustrie.

ZENTIS

VIEL FRUCHT. FEEL GOOD.

Zentis GmbH & Co. KG ▪ Postfach 10 16 37 ▪ 52016 Aachen ▪ Deutschland
Tel. +49 (0) 2 41/47 60-0 ▪ Fax +49 (0) 2 41/47 60-3 69 ▪ www.zentis.de ▪ info@zentis.de

Abonnieren Sie die molkerei-industrie!

Offizielles Organ des ZDM

Das Magazin für unternehmerischen Erfolg

molkerei-industrie liefert die Fakten und Informationen, die erfolgreiche Manager in der Molkereiindustrie benötigen: inhaltsreich und präzise – ohne unnötigen Ballast.

Das bietet Ihnen ein 240-Euro-Jahresabonnement:

- 12 Ausgaben mit fundierten Hintergrundberichten, Analysen, Reportagen und Kommentaren
- Überblick zu aktuellen Entwicklungen der industriellen Milchverarbeitung
- Prozesstechnik, Automation, Ingredients, Verpackung, Abfülltechnik, Logistik und IT
- Vollzugang zu allen brandaktuellen News auf moproweb.de
- E-Mail Newsletter
- Exklusiv: Marktinformationen – Spotmärkte, ZMB Marktbericht, ife Rohstoffwerte
- Exklusive Informationen zur Arbeit des ZDM; Unterstützung bei der Aus-, Fort- und Weiterbildung Ihres Personals
- Freien Eintritt zur Fachmesse InterMopro in Düsseldorf
- Chartservice für Grafiken in Milch-Marketing und molkerei-industrie

Aboprämie*

„Kleines Büro“ bei Abschluss eines Abonnements:

Kalender I Notizblock I Visitenkartenbox I Kugelschreiber I USB-Stick 4 GB

*so lange der Vorrat reicht

Coupon bitte senden an: B&L MedienGesellschaft mbH & Co. KG, Abo-Service „molkerei-industrie“, Augustenstraße 10, D-80333 München
per Fax an: +49 (0) 89/3 70 60-111 **oder per E-Mail an:** b.aktas@blmedien.de

molkerei industrie

☐ **Ja**, ich möchte molkerei-industrie abonnieren. Der Jahresbezugspreis beträgt im Inland 240 Euro inkl. **(bei entsprechendem Nachweis Rentner-/Schüler-/Studentenpreis beträgt 92 Euro)** Vertriebsgebühren zuzügl. 7 % MwSt.; im Ausland 280 Euro inkl. Vertriebsgebühren

☐ Bitte senden Sie mir erst einmal die nächsten beiden Ausgaben kostenlos zur Ansicht

☐ **Ja**, ich abonniere zusätzlich den exklusiven Newsletter kostenlos dazu. Diesen kann ich jederzeit abbestellen.

Vorname, Name

Firma

Straße, Hausnummer

PLZ, Ort

Telefon

E-Mail

Unterschrift

DE BY 77723 EG:
Das markenübergreifende Zeichen
für beste Milchprodukte
Die Molkerei Gropper ist Full-Service-Dienstleister des
Handels und Spezialist für die Herstellung von Eigenmarken.
Erfahren Sie mehr dazu unter www.gropper.de
DE
BY 77723
EG
GROPPER
QUALITÄT & IDEEN SEIT 1929

Hochland
Kompetenz für Käse
Hochland SE · Kemptener Straße 17
88178 Heimenkirch/Allgäu · www.hochland-group.com