TECHNISCHE UNIVERSITÄT MÜNCHEN

Milchwissenschaftliche Forschung Weihenstephan

Wissenschaftszentrum Weihenstephan für Ernährung, Landnutzung und Umwelt Technische Universität München

Jahresbericht 2017

der milchwissenschaftlichen Forschungseinheiten am Wissenschaftszentrum Weihenstephan

Milchwissenschaftliche Forschung Weihenstephan

Jahresbericht 2017
über die milchwissenschaftliche Forschung
am Wissenschaftszentrum Weihenstephan
der Technischen Universität München
in der Zeit vom
1. Januar 2017 bis 31. Dezember 2017

60. Band 2017
Weihenstephan, März 2018

IMPRESSUM

Herausgeber:

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

Fax: 08161-71 -4384
Tel: 08161-71 -2507
info@verband-weihenstephan.de
www.verband-weihenstephan.de

Vereinigung zur Förderung der Milchwissenschaftlichen Forschung an der TUM in Freising-Weihenstephan e.V.
Geschäftsführung, Weihenstephaner Berg 1, 85354 Freising

Fax: 08161-71 -4384
Tel: 08161-71 -4205
foerderverein.weihenstephan@t-online.de

Verantwortlich für den Inhalt:

Univ.-Prof. Dr.-Ing. U. Kulozik, Univ.-Prof. Dr. H.C. Langowski, Univ.-Prof. Dr. S. Scherer, Univ.-Prof. Dr. med. D. Zehn

Der Jahresbericht über die Milchwissenschaftliche Forschung am Wissenschaftszentrum 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, 2018

ISBN 978-3-947492-00-8

© 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

Lehrstuhl für Tierphysiologie und Immunologie 2
Personal 2
Forschung 3
I. Laktationsphysiologie 3
II. Reproduktionsbiologie 7
III. Wachstumsphysiologie 9
IV. Biomarker & Bioanalytik 10
Dissertationen, Master- und Bachelorarbeiten 13
Vorträge 14
Veröffentlichungen 17

Lehrstuhl für Mikrobielle Ökologie
ZIEL Institute for Food & Health (Abt. Mikrobiologie) 22
Personal 22
Forschung 23
Arbeitsgruppe: Biodiversität mikrobieller Lebensgemeinschaften in industriellen Habitaten 23
Arbeitsgruppe: Neue und überlappende Gene, ihre Regulation und Funktion in pathogenen *Escherichia coli* 33
Arbeitsgruppe: Infektionsstrategien pathogener Darmbakterien 34
Dissertationen, Master- und Bachelorarbeiten 40
Veröffentlichungen 41

Lehrstuhl für Betriebswirtschaftslehre –
Produktion und Supply Chain 42
Personal 42
Forschung 42

Seite

Lehrstuhl für Lebensmittel- und Bioprozesstechnik
ZIEL Institute for Food & Health (Abt. Technologie) 46
Personal 46
Vorwort 47
Auszeichnungen 48
Forschung 49
Forschungsgebiet Bioprozesstechnik 49
Forschungsgebiet Strukturbildung und -charakterisierung 56
Forschungsgebiet Trenntechnik 81
Dissertationen, Master- und Bachelorarbeiten 99
Vorträge 101
Posterpräsentationen 103
Veröffentlichungen 104
Technologietransfer / Organisation von wissenschaftlichen Veranstaltungen 106
Zusammenarbeit mit wissenschaftlichen Expertengremien und Organisationen 107

Verband Weihenstephaner Milchwirtschaftler,
Bio- und Lebensmitteltechnologen e.V. 109
Struktur des Verbandes 109
Zielsetzungen des Verbandes 110
Bericht aus Weihenstephan und dem Verbandsleben 111
Versammlungen und geförderte Exkursionen 116
Verleihungsrichtlinien 117

Vereinigung zur Förderung der Milchwissenschaftlichen
Forschung an der TUM in Freising-Weihenstephan e.V. 118
Vorstand 118
Zweck und Ziele der Fördervereinigung 118
Beitragsordnung 120
Informationstransfer – Mitgliederinformation 120
Beitrittserklärung 121

Technischer Teil 122

Vorwort

Der Jahresbericht der milchwissenschaftlichen Forschungseinheiten am Wissenschaftszentrum Weihenstephan 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 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.

Prof. Dr. Horst-Christian Langowski
1. Vorsitzender
Verband Weihenstephaner Milchwirtschaftler, Bio- und Lebensmitteltechnologen e.V.

Dr. Johannes Schraml
1. Vorsitzender
Vereinigung zur Förderung der Milchwissenschaftlichen Forschung an der TUM in Freising-Weihenstephan e.V.

Lehrstuhl für Tierphysiologie und Immunologie

Adresse

Weihenstephaner Berg 3
D-85354 Freising-Weihenstephan

Telefon: 08161-71-3508
Telefax: 08161-71-4204

Internet: http://physio.wzw.tum.de
e-mail: physio@wzw.tum.de

Personal

Leitung:	Univ.-Prof. Dr. med. Dietmar Zehn	71-3508
Wissenschaftler:	Prof. Dr. agr. Michael W. Pfaffl	71-3511
	Prof. Dr. med. vet. Dieter Schams, a.D.	71-3510
	Dr. Benjamin Motsch	71-3314
	Julie Cullen (seit 15.06.2017)	71-3314
Lehrbeauftragter:	Prof. Dr. Bajram Berisha, Universität Prishtina	71-3510
Sekretariat:	Veronika Engel	71-3508
	Sabine Saul-Hubrich	71-3556
	Gertraud Mayer	71-3508
Mitarbeiter:	Judit Desztics, TA	71-3510
	Brigitte Dötterböck, TA	71-5556
	Herbinger Tobias, TA	71-5556
	Waltraud Schmid, TA	71-5544

Gäste: **Dr. Joydeep PAUL**, Infectious Diseases and Immunology Division CSIR-IICB TRUE (Translatorische Forschungseinheit der Exzellenz, CN-6, Salt Lake, Sektor - V, Kolkata, Pin: 700091) seit 01.09.2017

Tumenjargal SHARAV, PhD, Professor in Immunology and Virology, Department of Infectious Diseases and Public Health, School of Veterinary Medicine, Mongolian University of Life Sciences, Zaisan-53, Khan-Uul duureg, Ulaanbaatar, Mongolia – 01.01.2017 – 30.09.2017

Chiang Meng-Lin Dapi, Biovesicle Inc., Taiwan – 01.06.2017 – 31.07.2017 und seit 15.10.2017

Im Berichtsjahr waren folgende Doktoranden am Institut tätig:

M.Sc. Agrarwissenschaft: Christiane Schmautz (seit 01.10.12)

M.Sc. Biologie: Christine Kaufmann (seit 02.05.11); Benedikt Kirchner (seit 01.06.2011); Madlaina von Hößlin (seit 15.01.16); Stefanie Scherer (seit 01.01.2016); Stefanie Nastasja Hermann (seit 01.02.2017)

M.Sc. Biochemie: Maria Hillreiner (seit 15.04.13); Kristiyan Kanev (seit 01.09.15); Markus Flosbach (seit 01.01.2016)

M.Sc. Biomedical Sciences: Martin Mattes (bis 28.02.17)

M.Sc. Genetik: Anna Haberberger, geb. Henke (seit 01.03.13)

M.Sc. Molekulare Biotechnologie: Dominik Buschmann (seit 11.03.14); Francesca Alfei (seit 01.01.2016)

M.Sc. Molecular Life Sciences, FG Bioinformatik: Patrick Rölli (seit 01.01.2016)

M.Sc. Nutrition and Biomedicine: Veronika Mussack (seit 01.07.16)

Software Engineering: WU Ming (seit 25.11.2017)

Tierärztin: Farschtschi Sabine (seit 01.05.2017)

Forschung

I. Laktationsphysiologie

Kann eine microRNA Signatur aus Vollmilch oder Magermilch als Biomarker für eine Trächtigkeit herangezogen werden?

Can milk cell or skim milk miRNAs be used as biomarker for early pregnancy detection in cattle?

Corina Schanzenbach[1,2], Benedikt Kirchner[1], Susanne Ulbrich[2], Michael W. Pfaffl[1] (2017)
Plos One 2017 12(2): e0172220

Die kritischste Phase einer Trächtigkeit sind die ersten 3 Wochen nach der Besamung. Während dieser Periode erleiden ca. 50% der Hochleistungskühe einen Verlust des Embryos noch vor der Implantation, was eine hohe ökonomische Belastung für Milchbauern bedeutet.

[1] Animal Physiology and Immunology, Department of Animal Sciences, Wissenschaftszentrum Weihenstephan, TU München, Germany.

[2] Animal Physiology, Institute of Agricultural Science, Department of Environmental Systems Science, ETH Zürich, Switzerland.

Die frühe Diagnose der Trächtigkeit (Trächtigkeits-Früherkennung) ist daher essentiell zur Verbesserung des Züchtungserfolges und für effiziente Produktionsintervalle. Da Milch zweimal täglich und nicht-invasive für das Tier gewonnen wird, stellt es ein ideales Probenmaterial da. Regulierte microRNAs sind einfach über „Liquid Biopsie“ aus Körperflüssigkeiten (Blut und Milch) zu erreichen, und könnten als neuartige Biomarker zur Trächtigkeitsprognose dienen. Unser Ziel war es ein Testsystem für die Trächtigkeits-Früherkennung zu etablieren, basierend auf einer Signatur von microRNA Biomarkern, welche einerseits aus der bovinen zellulären Fraktion oder der Magermilch Fraktion stammt. Die Milchproben wurden an den Tagen 4, 12 und 18 von zyklischen Kühen (n=6) und nach künstlicher Besamung derselben Tiere genommen. Die microRNAs wurden mit Hilfe von small-RNA Next Generation Sequencing sequenziert und absolut quantifiziert. Die microRNAs aus Milch Zellen und Magermilch zeigten sehr ähnliche Expressionsprofile, abgesehen von solchen microRNAs in den Milchzellen, welche mit dem Immunsystem in Verbindung gebracht werden. Trends in der microRNA Regulation zwischen zyklischen und trächtigen Tieren konnten in folgenden microRNA Clustern gefunden werden: miR-Cluster 25~106b und dessen Paralog Cluster 17~92, miR-125 Familie, miR-200 Familie, miR-29 Familie, miR-15a, miR-21, miR-26b, miR-100, miR-140, 193a-5p, miR-221, miR-223, miR-320a, miR-652, miR-2898 und let-7i. Eine Separierung von zyklischen und trächtigen Tieren wurde mittels Hauptkomponentenanalyse (PCA) erreicht. Die bovinen miRs-29b, -221, -125b und -200b wurden technisch erfolgreich in einer real-time RT-qPCR validiert. Eine biologische Validierung konnte jedoch nicht gezeigt werden. Deshalb können wir den diagnostischen Nutzen von Milch enthaltenen microRNAs als Biomarker zur Diagnose der Trächtigkeit in Rindern zurzeit noch nicht empfehlen.

Etablierung eines 3D Zellkulturmodells von primären bovinen Euterepithelzellen isoliert aus frischer Milch.

Establishment of a 3D cell culture model of primary bovine mammary epithelial cells extracted out of fresh milk.

M. Hillreiner[3], NI. Müller[3], H. Koch[4], B. Kuester[4, 5], MW. Pfaffl[3], H. Kliem[3,6] (2017)
In Vitro Cellular & Developmental Biology - Animal September 2017, 53(8): 706–720

Zur Untersuchung von molekularen Prozessen, die den Erkrankungen im bovinen Euter zugrunde liegen, können primäre bovine Euterepithelzellen (pbMEC) verwendet werden. pbMEC sind dafür bekannt, dass sie Teil des angeborenen Immunsystems des Euters sind und zur aktiven Immunantwort beitragen. Die Funktionalität von pbMEC in Zellkultur hängt maßgeblich von der Aufrechterhaltung ihrer *in vivo* Eigenschaften ab. Für die Optimierung der pbMEC Kulturbedingungen wurden in den meisten bis dato durchgeführten Studien stabile Zelllinien oder Primärzellen verwendet, die aus Euterbiopsien geschlachteter Tiere gewonnen wurden. Im Gegensatz dazu wurden in unserer Studie pbMEC von gesunden

[3] Animal Physiology and Immunology, Department of Animal Sciences, Wissenschaftszentrum Weihenstephan, TU München, Germany.

[4] Chair of Proteomics and Bioanalytics, TUM, Emil-Erlenmeyer-Forum 5, 85354 Freising, Germany.

[5] Bavarian Biomolecular Mass Spectrometry Center, TUM, Gregor-Mendel-Straße 4, 85354 Freising, Germany.

[6] Wissenschaftszentrum Weihenstephan für Ernährung, Landnutzung und Umwelt, TUM, Veitsmüllerweg 4, 85354 Freising, Germany.

erstlaktierenden Brown Swiss Kühen, mittels einer nicht-invasiven Methode aus frischer Rohmilch isoliert. Die nicht-invasiv isolierten pbMEC konnten erfolgreich auf einem Gerüst aus extrazelluläre Matrix (= Matrigel) kultiviert werden. Ferner wurden diese mit verschiedenen Kombinationen von Zellkultur-Proliferationsmedien optimiert, und deren Aktivität induziert mittels einem Mix laktogener Hormone und/oder der essentiellen Aminosäure L-Lysin. Die Veränderungen in der mRNA Genexpression, die für Milchproteine und für Komponenten der JAK-STAT und mTOR-Signalwege kodieren, wurden mittels real-time RT-qPCR quantifiziert. Die in Zellkultur sezernierten Proteine wurden durch LC-MS/MS-Messungen detektiert und quantifiziert. Wir konnten erstmals zeigen, dass die Etablierung eines physiologisch funktionellen 3D-Zellkulturmodells von pbMEC aus Frischmilch, möglich ist. Das 3D Zellkulturmodell ist sehr vielversprechend, um die molekulare Mechanismen im Euter zu entschlüsseln die den physiologischen Prozessen, wie der Milchproteinproduktion, der Zelldifferenzierung, der Immunantwort sowie Stoffwechselstörungen, zugrunde liegen. Wir konnten zeigen, dass das zelluläre Verhalten primär durch das Vorhandensein des ECM-ähnlichen Gerüsts Matrigel®, als durch die 3D Struktur beeinflusst wird, und nicht nur durch laktogenen Hormone selbst. Die pbMEC konnten sich durch die netzartige Struktur des Matrigel® polarisieren, wodurch Zellen mit einer apiko-basalen Polarität entstanden, die sogenannte Mammospähren *in vitro* bildeten.

Sowohl durch RT-qPCR Experimente als auch durch die LC-MS/MS Messungen konnten wir zeigen, dass die Kultivierung der pbMEC auf Matrigel® und auch die Behandlung der pbMEC in 3D Zellkultur mit dem laktogenen Hormon Prolaktin zur Induktion der Transkription der Milchprotein-Gene (CSN1S1 und CSN2) als auch zur Sekretion von Milchproteinen in das Zellkulturmedium führte.

Genexpressions-Profiling in pbMEC - auf der Suche nach molekularen Biomarkern zur Vorhersage der Immunglobulin Produktion in Kuhmilch.

High-throughput gene expression profiling – In search of molecular biomarkers to predict the mammary immune status.

M. Hillreiner[7], C. Schmautz[7], I. Ballweg[7], V. Korenkova[8], MW. Pfaffl[7] and H. Kliem[7] (2017)
BMC Veterinary Research 2017 (13): 369

Die Optimierung und Steigerung der Immunglobulin Menge in Kuhmilch, die als therapeutische Immunmilch oder Molke zur Verhinderung von *Clostridium difficile (C. diff.)* assoziierter Diarrhoe beim Menschen verwendet wird, ist von großer Bedeutung. Die individuellen Reaktionen der Kühe nach einer Immunisierung gegen *C. diff.* führen zu einer sehr schwankenden Ausbeute von spezifischen Immunglobulinen IgG und IgA in Blut und Milch. Um die Ausbeute an *C. diff.* spezifischen Immunglobulinen zu erhöhen ist es ratsam, die Kühe bereits vor der Immunisierung entsprechend zu selektieren. Das Genexpressions-profil von primären bovinen Euterepithelzellen (pbMEC), die mit dem grampositiven Erreger *C. diff.* und deren Toxinen infiziert wurde, zeigte deutliche und signifikante Unterschiede in der Expression von Effektormolekülen des angeborenen Immunsystems. Es wurde eine Reihe

[7] Animal Physiology and Immunology, Department of Animal Sciences, Wissenschaftszentrum Weihenstephan, TU München, Germany.

[8] *Laboratory of Gene Expression, Institute of Biotechnology, Academy of Sciences of the Czech Republic, 14220 Prague, Czech Republic*

von Genen identifiziert, die möglicherweise als molekulare Biomarker zur Differenzierung von sogenannten immunologisch „high responder Kühen“ und „low responder Kühen“ dienen könnten. Diese identifizierten Gene spielen meist eine Schlüsselrolle bei der Induktion der angeborenen Immunität. Unter Verwendung eines RT-qPCR Ansatzes konnte gezeigt werden, dass insbesondere die Genexpressionen der proinflammatorischen Zytokine zwischen den „high responder Kühen“ und den „low responder Kühen“ stark unterschiedlich ausgeprägt waren. Die „high responder Kühen“ zeigten frühere und höhere Genexpressionen von Komponenten des TLR-Signalwegs, verschiedener Zytokine und antimikrobieller Peptide. Dies könnte für die Rekrutierung und Aktivierung von Immunzellen in Euter von Vorteil sein, was zu einer stärkeren und schnelleren adaptiven Immunantwort als bei den „low responder Kühen“ führen könnte. Vor allem Gene, die für Komponenten des TLR-Signalwegs (LY96, CD14, TIRAP und RELA), die Chemokine (CXCL8, CCL5 und CXCL5), die inflammatorischen Zytokine (IL6 und IL1-A), die antimikrobiellen Peptide (LYZ1 und LPO, und S100A9 und S100A12) kodieren, scheinen vielversprechende Kandidaten für molekulare Biomarker zur effektiven Klassifizierung der Kühe zu sein. Das Genexpressionsmuster der pbMEC zusammen mit dem Genexpressionsmuster der entsprechenden Rinderlymphozyten (gewonnen aus Milch oder Blut) könnte der Schlüssel zur Entdeckung neuer molekularer Biomarker sein, um Kühe mit einer effektiven Immunantwort zu identifizieren und größeren Mengen an spezifischen Immunglobulinen in der Milch zu generieren.

Bioaktive Eigenschaften minorer Bestandteile in der Kamelmilch – eine Übersicht.
Bioactive properties of minor camel milk ingredients - an overview.
Shehadeh Kaskous[9] and Michael W. Pfaffl[10] (2017)
Journal of Camel Practice and Research 24 (1): 15-26

Kamelmilch hat zahlreiche minore Bestandteile mit speziellen bioaktiven Eigenschaften. In diesem Review werden die wichtigsten Effekte dieser Inhaltsstoffe im Hinblick auf die menschliche Gesundheit beschrieben. Vorgestellt und diskutiert werden folgende Inhaltsstoffe aus Kamelmilch: Laktoferrin, Serumalbumin, Lysozyme, ein- und mehrfach ungesättigte Fettsäuern, unterschiedliche Vitamine, sowie die Elemente Mangan, Eisen, Kalzium und Kalium. Im Weiteren fokussiert sich der Review auf die positiven Wirkungen von unterschiedlichen Klassen von Immunglobulinen in Kameliden (v.a. Nano-Immunglobulinen), sowie die Hormone Insulin und IGF-1. Diese minoren Bestandteile sind in physiologisch effektiven Konzentrationen in der Kamelmilch vorhanden und sind von großer Bedeutung für die menschliche Ernährung und in Folge für die menschliche Gesundheit. In Bezug auf die Makro- und Mikronährstoffe von Kamelmilch kann festgestellt werden, dass der Nährwert von Kamelmilch im Vergleich zu Kuhmilch viel ausgewogenen ist. Kamelmilch ist reich an verschiedenen Proteinen die in Kuhmilch nicht vorkommen, z.B. Nano-Immunglobulinen und Vitaminen. Im Weiteren scheinen die Kamelmilch und die enthaltenen kameloiden Proteine keine Allergien, Diabetes und

[9] Animal Production Department, Faculty of Agriculture, Damascus University, PO Box 30621 Damascus, Syria

[10] Animal Physiology and Immunology, Department of Animal Sciences, Wissenschaftszentrum Weihenstephan, TU München, Germany.

Autismus zu induzieren. Eine zunehmende Anzahl von wissenschaftlichen Veröffentlichungen konzentriert sich auf diese ernährungsphysiologische besondere Bedeutung von Kamelmilch mit seinen speziellen bioaktiven Komponenten und deren positiven Wirkung auf den Konsumenten, insbesondere für die Erhaltung der Magen- und Darmgesundheit. Dass die Kamelmilch die gesundheitlichen Vorteile der bioaktiven Inhaltsstoffe voll entfalten kann muss diese roh, frisch und frei von Krankheitserreger konsumiert werden.

II. Reproduktionsbiologie

Expression von HIF1alpha und Vasohibin während des Follikel - und Corpus luteum Zyklus im Ovar des Rindes.

Expression pattern of HIF1alpha and vasohibins during follicle maturation and corpus luteum function in the bovine ovary.

Berisha B[11,12], Schams D[12], Rodler D[13], Sinowatz F[13], Pfaffl MW[12].

Reproduction in Domestic Animals 2017; 52(1):130-139.

Das Ziel der Studie war eine Charakterisierung des mRNA Expressionsmusters von Hypoxia Inducible Factor-1 alpha (HIF-1A) und den Mitgliedern der Vasohibin Familie (VASH-1 and VASH-2) während verschiedener Stadien des Ovarzyklus beim Rind. Es würden drei Klassifizierungen des CL vorgenommen: (1) Follikel und Corpus luteum (CL) während des Ovarzyklus; (2) Corpus luteum während der Trächtigkeit; und (3) nach induzierter Luteolyse. Im ersten Experiment wurden die antralen Follikel nach Follikelgröße und Östradiol-17-beta (E2) Konzentration in der Follikelflüssigkeit in fünf Gruppen eingeteilt (<0.5, 0.5-5, 5-40, 40-180 und >180 E2 ng/ml). Die Granulosazellen und das Gewebe der Theka interna konnten aufbereitet und separat untersucht werden. Im zweiten Experiment wurden die CL in folgende Stadien eingeteilt: Tag 1-2, 3-4, 5-7, 8-12, 13-16 und >18 (nach der Zurückbildung) des Zyklus und der Trächtigkeit (Monat 1-2, 3-4, 6-7, >8). Im dritten Experiment wurden die Luteolyse induziert, wobei am Tag 8-12 den Kühen ein Prostaglandin F2alpha (PGF) analog injiziert wurde und die CL wurden durch transvaginale Ovariektomie vor und 0.5, 2, 4, 12, 24, 48 und 64h nach einer PGF Injektion gewonnen werden konnte. Die mRNA Expression wurde per real-time RT-qPCR gemessen, die Steroidhormon-Konzentration über ELISA bestimmt und die zelluläre Lokalisation mittels Immunohistochemie ermittelt. Unsere Ergebnisse zeigen ein inverses Expressionsmuster während der antralen Follikelentwicklung. Während die Konzentrationen der beiden Vasohibin Faktoren abnahmen, wurden bei HIF-1A im Zuge der finalen Follikelreifung beachtliche Zunahmen gemessen. Die HIF-1A Expression war während der CL Bildung hoch und nahm danach ab, während Vasohibin während des Zyklus und der Trächtigkeit relativ konstant blieben. Diese Ergebnisse unterstützen die Hypothese, dass die untersuchten Faktoren eine Rolle für die lokale Regulation der

[11] Faculty of Agriculture and Veterinary, University of Prishtina, Prishtinë, Kosovo

[12] Animal Physiology and Immunology, Department of Animal Sciences, Wissenschaftszentrum Weihenstephan, TU München, Germany

[13] Department of Veterinary Sciences, Institute of Anatomy, Histology and Embryology, Ludwig Maximilian University of Munich, Munich, Germany

Angiogenese spielen. Weiter können wir annehmen, dass die Interaktion zwischen pro-angiogenen (HIF-1A) und anti-angiogenen (Vasohibin) Faktoren alle Ovarialfunktionen des Rindes wesentlich beeinflussen.

Die Dynamik des microRNA Transkriptoms im bovinen Gelbkörper während seiner Bildung, Funktion und Regression.

The dynamics of miRNA expression in the bovine corpus luteum during its entire lifespan: formation, function and regression.

Gecaj R[14], Schanzenbach C[15,16], Kirchner B[15,17] , Pfaffl MW[15], Riedmaier I[18,19]; Tweedie-Cullen R[20], Berisha B[14,15].

Frontiers in Genetics 2017, Vol. 8: 213 (1-16).

Die Bildung, Funktion und anschließende Regression des ovariellen Corpus Luteum (CL) sind dynamische Prozesse, die eine zyklische Aktivität der Eierstöcke ermöglichen. Studien im gesamten Eierstockgewebe haben gezeigt, dass die regulativen microRNAs (miRNAs) für die Funktion der Eierstöcke von entscheidender Bedeutung sind. Über die Rolle von miRNAs im bovinen CL ist jedoch bis dato sehr wenig bekannt. Unter Verwendung von small-RNA Next Generation Sequenzierung (NGS) wurde das gesamte CL miRNA Transkriptom im Rind während des gesamten physiologischen Brunstzyklus/Sexualzyklus erfasst. Dafür fand eine Probennahme der CL wie folgt über den bovinen 21-tage Zyklus statt: Tag 1-2, 3-4 und 5-7 (früher CL, eCL), 8-12 (mittleres CL, mCL), 13-16 (spätes CL, lCL) und > 18 (regressiertes CL, rCL). Wir haben das miRNA Expressionsprofil in seiner ganzen Breite und mit hoher Sensitivität sequenziert und quantifiziert. Es konnten 42 miRNAs identifiziert werden, die konsistent und signifikant unterschiedlich in der eCL, relativ zu ihrer Expression bei jeder der analysierten Stadien (mCL, lCL und rCL) exprimiert waren. Von diesen zeigten bta-miR-210-3p, -2898, -96, -7-5p, -183-5p, -182 und -202 eine drastische Hochregulierung mit einer mehr als zweifachen Änderung ($P < 0{,}01$) in der eCL gegenüber der lCL, mCL und rCL, während bta-miR-146a bei lCL und rCL im Vergleich zu der eCL herunterreguliert wurde. Weitere Gruppen von 24, 11 und 21 miRNAs waren signifikant differentiell exprimiert (DE) nur zwischen einzelnen Vergleichen, eCL vs. die mCL, lCL und rCL. Unabhängig des Zyklusstadiums konnten zwei miRNAs, bta-miR-21-5p und bta-miR-143, als die am häufigsten vorkommenden miRNA Spezies identifiziert werden. Diese zeigen eine gegensätzliche Expressionsabundanz. Während die höchste Expression für bta-miR-21-5p in den eCL erreicht wurde und weiter in mCL und lCL signifikant herunterreguliert sind, erreichte bta-miR-143 seine höchste Expression in der rCL und war in der eCL signifikant herunterreguliert. miRNAs mit signifikantem DE in mindestens einer Zyklusphase (CL-

[14] Department of Animal Husbandry and Biotechnology, Faculty of Agriculture and Veterinary, University of Prishtina, Prishtina, Albania

[15] Animal Physiology and Immunology, Department of Animal Sciences, Wissenschaftszentrum Weihenstephan, TU München, Germany

[16] Department of Environmental Systems Science, ETH Zürich, Zurich, Switzerland

[17] Dr. von Hauner Children's Hospital, Ludwig Maximilian Universität München, Germany

[18] Department of Physiology, TUM School of Life Sciences Weihenstephan, Technical University of Munich, Freising, Germany

[19] Eurofins Medigenomix Forensik GmbH, Ebersberg, Germany

[20] Department of Health Science and Technology, ETH Zürich, Zurich, Switzerland

Klasse) konnten durch SOTA Clustering in acht verschiedene Verlaufscluster gruppiert werden. Die erste Hälfte der Cluster enthält miRNAs mit geringem Expressionslevel und die andere Hälfte miRNAs mit hohem Expressionslevel während der eCL. Eine *in silico* Prediction Analyse für signifikant unterschiedliche exprimierte miRNAs führten zu den Zielgenen, die an der CL-Bildung, der Funktionalisierung, und der CL-Regression beteiligt sind. Diese Studie ist die bis dato umfassendste Profilierung des miRNA Transkriptom in bovinem CL, die den gesamten Östruszyklus über 21 Tage abdeckt. Sie bietet eine kompakte Datenbank für fortführende Studien, weitere funktionelle Validierungen oder Biomarker Identifikation, die für die Lebensfähigkeit vom CL und für die Rinderfertilität relevant sind.

III. Wachstumsphysiologie

Inhibierung der Fettzelldifferenzierung 3T3-L1 Präadipozyten durch Vitamin A - eine integrative Analyse von Transkriptom- und Phänotypdaten.

Inhibition of Fat Cell Differentiation in 3T3-L1 Preadipocytes by All-Trans-Retinoic-Acid (ATRA): An Integrative Analysis of Transcriptomic and Phenotypic Data.

Katharina Stoecker[21], Steffen Sass[22], Fabian J. Theis[22,23], Hans Hauner[24], and Michael W. Pfaffl[21] (2017)

Biomolecular Detection and Quantification 2017 (11): 31-44

Der Prozess der Adipogenese wird in einer stark orchestrierten Weise gesteuert, einschließlich transkriptioneller und post-transkriptioneller Ereignisse. Bei der Differenzierung von 3T3-L1 Präadipozyten kann dieses Programm durch all-trans-Retinsäure (ATRA – Vitamin A) unterbrochen werden. Um die RNA Regulation durch ATRA und deren inhibitorische Wirkung umfassend zu verstehen wurde neben der klassischen mRNA Expression auch die regulierende microRNA Genexpression untersucht. Für die Quantifizierung der mRNA- sowie microRNA Expressionsprofile im Hochdurchsatz wurden mRNA Hybridisierungsmikroarrays und microRNA multiplex Expressionsassays verwendet. Nach den quantitativen Messungen konnten die beiden Expressionsdatensätze zusammengeführt, deren Ergebnisse integriert und somit die molekulare Regulation der *in vitro* Adipogenese analysiert werden. Zu diesem Zweck haben wir eine lokale Anreicherungsanalyse auf das integrative microRNA-mRNA-Netzwerk angewendet, das durch einen linearen Regressionsansatz bestimmt wurde. Dieser Ansatz beinhaltet die Zielvorgaben von TargetScan Mouse 5.2 und 23 signifikant regulierten microRNAs sowie den Affymetrix Microarray mRNA Daten. Wir fanden heraus, dass der zelluläre Lipidstoffwechsel durch ATRA negativ beeinflusst wird. Darüber hinaus konnten wir zeigen, dass microRNA-27a und / oder microRNA-96 wichtige Regulatoren der Gap Junction Signaltransduktion, der Umordnung des Aktinzytoskeletts sowie des Zitronensäurekreislaufs sind, welche die am

[21] Physiology Weihenstephan, TUM, Weihenstephaner Berg 3, D-85354 Freising Germany

[22] Institute of Computational Biology, Helmholtz Center Munich, German Research Center for Environmental Health, Ingolstädter Landstraße 1, 85764 Oberschleißheim, Germany

[23] Department of Mathematics, TUM, Boltzmannstraße 3, 85747 Garching, Germany

[24] Else-Kröner-Fresenius-Centre for Nutritional Medicine, ZIEL Research Center for Nutrition and Food Sciences, TUM Gregor-Mendel-Str. 2, 85354 Freising, Germany

stärksten betroffenen Signalwege der inhibitorischen Effekte von ATRA in 3T3-L1 Präadipozyten darstellen. Zusammenfassend stellt die integrative microRNA und mRNA Datenanalyse eine Möglichkeit dar, Interaktionen in hochgradig orchestrierten biologischen Prozessen darzustellen. Darüber hinaus kann das verwendete globale microRNA-mRNA-Interaktionsnetzwerk auch für die Vorauswahl möglicher neuer Biomarker in Bezug auf Adipositas oder zur Identifizierung von neuen pharmazeutischen Targets verwendet werden.

Einfluss von Perilla frutescens Extrakten auf die Zellphysiologie in porcinen jejunalen Epithelzellen.

Effect of Perilla frutescens extracts on cell physiology in porcine jejunal epithelial cells.

Christine Kaufmann[25,26], Thomas Letzel[25], Johanna Grassmann[25] & Michael W. Pfaffl[26]* (2017)

Phytotherapy Research 2017 31(2): 303–311

Die Veränderungen von Zellproliferation und Expression zellzyklus- und krebsassoziierter Gene wurden in Gegenwart verschiedener *Perilla frutescens* Extrakte in Zellkultur untersucht, in Epithelzellen gewonnen aus dem Jejunum vom Schwein. In diesem Zusammenhang konnte festgestellt werden, dass ein Teil der Bestandteile im *Perilla frutescens* Extrakt in Zellkulturmedium über die Zeit degradieren, wohingegen andere Inhaltsstoffe über die gesamte Dauer des Experiments stabil bleiben. Aus diesem Grund wurden Kontrollexperimente durchgeführt, über welche die Entstehung von H_2O_2, verursacht durch die Oxidation von Extraktbestandteilen in Zellkulturmedium, erfasst wurde. Es konnte hierbei gezeigt werden, dass in Gegenwart niedriger Extraktkonzentrationen keine zellschädigende Menge H_2O_2 gebildet wurde. Die detektierte signifikante Inhibition der Zellproliferation und die Herabregulierung des 67kDa Lamininrezeptors und der Cyclin D1 Expression bei niedrigen physiologischen Extraktkonzentrationen konnte somit auf die Gegenwart von Perillabestandteilen zurückgeführt werden.

IV. Biomarker & Bioanalytik

EV-TRACK: Eine transparente Datenbank zur Zentralisierung von Wissen in der EV-Forschung.

EV-TRACK: Transparent Reporting and Centralizing Knowledge in EV research.

Jan Van Deun, Pieter Mestdagh, Patricia Agostinis, Geert Berx, Jan Gettemans, Bernd Giebel, Andrew Hill, Suresh Mathivanan, Esther Nolte-‘t-Hoen, Michael W. Pfaffl, Susmita Sahoo Johan Swinnen, Clotilde Théry, Guillaume Van Niel, Marca Wauben, Kenneth Witwer, Olivier De Wever, Jo Vandesompele, An Hendrix (2017)

Nature Methods 2017 14(3): 228-232

[25] Chair of Urban Water Systems Engineering, Technical University of Munich, Am Coulombwall, 85748 Garching, Germany

[26] Animal Physiology and Immunology, Department of Animal Sciences, Wissenschaftszentrum Weihenstephan, TU München, Germany

Ist dein Artikel EV-TRACKed?

Is your article EV-TRACKed?

Van Deun J, Hendrix A, and the EV-TRACK consortium (Jean van Deun, Pieter Mestdagh, Patricia Agostinis, Geert Berx, Jan Gettemans, Bernd Giebel, Andrew Hill, Suresh Mathivanan, Esther Nolte-'t-Hoen, Michael W. Pfaffl, Susmita Sahoo Johan Swinnen, Clotilde Théry, Guillaume Van Niel, Marca Wauben, Kenneth Witwer, Olivier De Wever, Jo Vandesompele, An Hendrix)

Journal of Extracellular Vesicle 2017 6(1): 1379835

Extrazelluläre Vesikel (EVs) spielen in physiologischen und pathologischen Prozessen eine zentrale Rolle; dies wurde in den vergangenen Jahren durch eine rapide wachsende Anzahl an Publikationen eindrucksvoll gezeigt. Die EV-Forschung macht zwar bedeutende Fortschritte, ist aber durch inkonsistente Methodologie, wenig stringente experimentelle Arbeiten und unvollständige Berichterstattung limitiert. EV-TRACK ist eine von internationalen Experten betreute Datenbank, die die Sorgfalt und Transparenz im EV-Feld vorantreiben, und den Austausch zwischen Forschergruppen verbessern soll. Die experimentellen Arbeiten in EV-Publikationen werden anhand diverser Gütekriterien (EV-METRIC) bewertet, und in der Datenbank hinterlegt. Eine detaillierte Sammlung an Empfehlungen für Isolation, Charakterisierung und Einordnung von EVs soll die Datenqualität in der Forschung erhöhen und Reproduzierbarkeit von EV-Publikationen erleichtern. Durch standardisierte Verfahren und Methoden werden zukünftige Arbeiten erleichtert, und neue Mitglieder der EV-Community für die Bedeutung von Stringenz in experimentellen Arbeiten und wissenschaftlichen Manuskripten sensibilisiert. Alle Wissenschaftler die mit EVs arbeiten werden aufgefordert ihre Daten und Fakten bei EV-TRACK zu hinterlegen.

Hindernisse und Möglichkeiten bei der funktionellen Analyse von extrazellulärer Vesikel RNA.

Obstacles and Opportunities in the Functional Analysis of Extracellular Vesicle RNA.

Bogdan Mateescu, Emma Kowal, Bas van Balkom, Sabine Bartel, Suvendra Bhattacharyya, Edit Buzas, Amy Buck, Paola di Candia, Franklin Chow, Saumya Das, Tom Driedonks, Lola Fernández-Messina, Franziska Haderk, Andrew Hill, Jennifer Jones, Kendall van Keuren-Jensen, Charles Lai, Cecilia Lässer, Italia di Liegro, Taral Lunavat, Magdalena Lorenowicz, Sybren Maas, Imre Mäger, Maria Mittelbrunn, Stefan Momma, Kamalika Mukherjee, Muhammed Nawaz, Dirk Pegtel, Michael W. Pfaffl, Raymond Schiffelers, Hidetoshi Tahara, Clotilde Thery, Juan Pablo Tosar, Marca Wauben, Kenneth Witwer, Esther Nolte-'t Hoen (2017)

Journal of Extracellular Vesicle 2017 (6)1: 1286095

Die Freisetzung von RNA enthaltenden extrazellulären Vesikeln (EV) in das extrazelluläre Milieu wurde in einer Vielzahl von verschiedenen in-vitro-Zellsystemen und in einer Vielzahl von Körperflüssigkeiten gezeigt. RNA haltige EV stehen im Fokus für ihre Fähigkeit mit anderen Zellen zu Kommunizieren und dabei genetisch kodierte Botschaften an andere Zellen zu übermitteln. Die enthaltene RNA kann sich als molekularer Biomarker für Krankheiten oder zur Verwendung als Therapeutika eignen. Das Interesse von Grundlagenforschern, Klinikern und der Industrie an extrazellulären RNA ist enorm. Bis dato haben wir nur ein begrenztes Wissen über welche Mechanismen die Verpackung der RNA in die EV reguliert wird, und wie die RNAs die Signalisierungsprozesse in den Zielzellen der EVs steuert.

Darüber hinaus steht die EV-RNA Forschung vor neuen technischen Herausforderungen, wie z.B. die Standardisierung von EV-Isolationsverfahren, die Optimierung von Methoden zur RNA Charakterisierung die in EVs gefunden werden. Diese Themen wurden auf dem letzten ISEV Workshop „Extrazelluläre Vesikel RNA“ thematisiert und diskutiert. Dieses Positionspapier wurde von den Teilnehmern des Workshops verfasst um den aktuellen Wissensstand der Technik in diesem Bereich wiederzugeben. Im Weiteren sollte die Veröffentlichung anhalten in Zukunft den „richtigen Weg“ zu gehen, um einen Goldstandard in der Analyse und Interpretation in der EV RNA-Forschung zu etablieren. Darüber hinaus schafft dieses Positionspapier ein Bewusstsein für die Möglichkeiten und Grenzen der zurzeit angewandten Strategien in der EV RNA Forschung und mahnt zur Vorsicht bei der Interpretation der erhaltenen Daten auf.

Zelluläre und extrazelluläre microRNAs in Sepsis sind spezifisch in den Blutkompartimenten Serum, extrazelluläre Vesikel und Blutzellen.

Cellular and extracellular miRNAs are blood-compartment-specific diagnostic targets in sepsis.

Marlene Reithmair[27*], Dominik Buschmann[27,28], Melanie Märte[29], Benedikt Kirchner[28], Ines Kaufmann[30], Martina Pfob[27], Alexander Chouker[29], Ortrud Steinlein[27], Michael W. Pfaffl[28], Gustav Schelling[29] (2017)

Journal of Cellular and Molecular Medicine 21(19): 2403-2411

Der septische Schock ist eine schwerwiegende Erkrankung mit lebensbedrohlichen Konsequenzen. Eine spezifische Diagnose und schneller Therapiebeginn sind essentiell, um die unkontrollierte Eskalation der Krankheit zu verhindern. In dieser Arbeit wurden neuartige Krankheitsindikatoren (molekulare Biomarker) für den septischen Schock untersucht. In drei Blutkompartimenten (Serum, extrazelluläre Vesikel, und Blutzellen) wurden per Hochdurchsatz-Sequenzierung (small RNA NGS) kurze, nichtkodierende Nukleinsäuren (microRNAs) in Patienten im septischen Schock sowie gesunden Kontrollen charakterisiert. Wir konnten 77 und 103 microRNAs identifizieren, die im septischen Schock signifikant auf- oder ab-reguliert waren. In den Untersuchungen ergaben sich für das jeweilige Kompartiment spezifische microRNA Muster und Signaturen, die mit Schweregrad der Erkrankung und einer Überlebensprognose korreliert werden konnten. In der Zukunft können derartige zirkulierende molekulare Biomarker dazu beitragen, den septischen Schock rascher zu diagnostizieren, und eine Prognose für Therapie und Krankheitsverlauf zu treffen.

[27] Institute of Human Genetics, University Hospital, Ludwig-Maximilians-University Munich, Germany

[28] Animal Physiology and Immunology, Department of Animal Sciences, Wissenschaftszentrum Weihenstephan, TU München, Germany

[29] Department of Anaesthesiology, University Hospital, Ludwig-Maximilians-University, Munich, Germany

[30] Department of Anaesthesiology Neuperlach Hospital, City Hospitals of Munich, Munich, Germany

ISEV Tagungsbericht -- Höhepunkte des ISEV-Satellitentreffens in São Paulo über extrazelluläre Vesikel in der Art- und Tierreich- übergreifenden Kommunikation.
ISEV Meeting Report -- Highlights of the São Paulo ISEV Satellite Meeting on extracellular vesicles in cross kingdom communication.
Rodrigo P. Soares, Patrícia Xander, Adriana Oliveira Costa, Antonio Marcilla, Armando Menezes-Neto, Hernando Del Portillog, Kenneth Witwer, Marca Wauben, Esther Nolte-`t Hoen, Martin Olivier, Miriã Ferreira Criado, Luis Lamberti P. da Silva, Munira Muhammad Abdel Baqui, Sergio Schenkman, Walter Colli, Maria Julia Manso Alves, Karen Spadari Ferreira, Rosana Pucciam, Peter Nejsumo, Kristian Riesbeck, Allan Stensballe, Eline Palm Hansen, Lorena Martin Jaular, Reidun Øvstebø, Laura de la Canal, Paolo Bergese, Vera Pereira-Chioccola, Michael W. Pfaffl, Joëelle Fritz, Yong Song Ghoa and Ana Claudia Torrecilhas (2017)
Journal of Extracellular Vesicle 2017 6 (1): 1407213

In den letzten Jahren sind extrazelluläre Vesikel (EVs) im Mikroorganismen und Pathogenen zu einem wichtigen Forschungsgebiet geworden. Sie spielen eine zentrale Rolle in einer Vielzahl von biologischen Prozessen bei Mikroorganismen, Krankheitserregern und sind in der der Wirt-Pathogen-Interaktion involviert. Es ist auch bekannt, dass EVs bei der Invasion, der Immunmodulation, sowie der Regulation der Pathologie, sowie bei der Parasiten Kommunikation eine zentrale Rolle spielen. In diesem ISEV Tagungsbericht sind die wichtigsten oben genannten Aspekte und Ergebnisse des Workshops und ISEV-Satellitentreffens in São Paulo zusammengefasst. Ein besonderer Fokus lag auf der Art- und Tierreich- übergreifenden Kommunikation der extrazellulären Vesikel aus Viren, Bakterien, Pilze, Protozoen und Helminthen, sowie deren „EV Kommunikation über alle Organismen hinweg", v.a. zwischen Mikroben/Parasiten und dem Menschen.

Dissertationen, Master- und Bachelorarbeiten

Dissertationen

Simone Silvia Weber, Dr. rer. nat., Technische Universität München, 11.07.2017
„Qualitative and quantitative analysis of molecular markers as a tool for classification, risk assessment and monitoring of acute myeloid leukemia“

Benjamin Motsch, Dr. med. vet., Ludwig-Maximilians-Universität München, 29.07.2017
„Der Einfluss des mikrovaskulären Systems auf das Überleben eines Hauttransplantats“

Christine Martina Kaufmann, Dr. rer. nat., Technische Universität München, 01.08.2017
„Effects of Perilla frutescens on enzymatic activity and cell physiology – Method development and critical assessment“

Masterarbeiten

Larissa Simone Murr, Technologie und Biotechnologie der Lebensmittel: *„Monitoring of Transgenic Rapeseed along Transportation Routes in Bavaria“*

Marie-Sophie Single, Masterstudiengang Agrarwissenschaften: *„Effekte der Tageslichtlänge auf das Zytokinprofil von T-Zellen und die antigen-spezifische humorale Immunantwort beim Schwein (Sus scrofa domestica)“*

Zeynep Esencan, Molekulare Biotechnologie: *„Die Untersuchung ausgewählter Kandidatengene für ihre Auswirkungen auf die Gedächtnis T-Zell Differenzierung“*

Ann-Katrin Thoma, Nutrition and Biomedicine: *„Functional characterization of exon 5 deficient thymocyte selection-associated high mobility group box protein TOX“*

Christoph Wolfmüller, Molekulare Biotechnologie: *„Evaluation of Candidate Genes for their putative Impact on T Cell Differentiation during viral Infection“*

WU Ming, Software Engineering**:** *„Development of an IsomiR database”*

Bachelorarbeiten

Benjamin Owen Slusarenko, Biologie: *„Charakterisierung und Erstellung eines Transkriptionsprofils boviner extrazellulärer Vesikel aus Milchproben unterschiedlicher Prozessierungsmethoden“*

Georg Heilig, Biologie: *„Qualitative und quantitative Analyse der Immunantwort auf Listeria monocytogenes in primärer und sekundärer Infektion“*

Vorträge

Buschmann, Dominik:
Liquid biopsies, biomarker signatures, and beyond - why standardization of small RNA-Seq matters.
8th international Gene Quantification Event, 04. April 2017, Freising Weihenstephan

Farschtschi, Sabine:
Die Mehrfarben-Durchflusszytometrie als Methode zur hochauflösenden Differenzierung und Quantifizierung von bovinen Immunzellen in Blut und Rohmilch.
Weihenstephaner Milchwirtschaftliche Herbsttagung; 06. Oktober 2017, Freising Weihenstephan

Kirchner, Benedikt:
Isoforms of mi RNAs – Improving Biomarker Specificity and Diagnostic Power in Extracellular Vesicles and Diseases
ISEV Workshop 2017 - Extracellular Vesicles as Biomarkers of Disease,
13. - 14. Dezember 2017, Birmingham

Mussack, Veronika:
Urinary exosomes–an evaluation of different isolation strategies;
Exosomen Mini-Symposium; 18.07.2017, Translational Research Centre, Erlangen

Pfaffl, Michael W.:
Is there a dietary plant RNA transfer in animals?
ISEV Workshop – Diet, environment, and EVs
27. – 28. January 2017, La Trobe University, Melbourne, Victoria, Australia

Detection and validation of miRNA biomarkers in microvesicles -- The role of isomiRs in mRNA target prediction.
Australasia Extracellular Vesicles Conference.
31st January - 2nd February 2017, Mantra Lorne near Melbourne, Victoria, Australia

The potentials of isomiRs -- A new dimension in biomarker research.
Benedikt Kirchner, Ming Wu, Dominik Buschmann, Michael W. Pfaffl.
8th Gene Quantification Event -- qPCR dPCR & NGS 2017: Liquid Biopsy, Integrative Big Data Analysis, Biomarker Signature and beyond. Biological Detection and Quantification 2017 Suppl. Issue 11S: 15

New surveillance concepts in food safety in meat producing animals - The use of -omic technologies.
19. September 2017, USEK (Holy Spirit University of Kaslik), Kaslik, Jounieh, Lebanon.

MIQE challenges and solutions -- The use of -omic technologies for transcriptional biomarker discovery.
21. September 2017, USEK (Holy Spirit University of Kaslik), Kaslik, Jounieh, Lebanon.

Limitations and Challenges in MicroGenomics -- What we can learn from Single-Cell and Exosome Expression Profiling.
22. September 2017, USEK (Holy Spirit University of Kaslik), Kaslik, Jounieh, Lebanon.

Comparison of Exosome Extraction Kits in Sepsis -- Exosome content, miRNA, and isomiRs Biomarkers.
EMBL Course – Liquid Biopsies.
9. - 13. October 2017; EMBL Heidelberg, Germany

Exosomal Biomarkers in Clinical Diagnostics -- Micro-vesicle Purification and microRNA Sequencing in Patient Samples.
24. Oktober 2017, Research Center Borstel – Leibniz Center for Medicine and Biosciences, Sülfeld, Germany
Exosomal Biomarkers in Clinical Diagnostics -- Micro-vesicle Purification and microRNA Sequencing in Sepsis Patients.
9th Annual Next Generation Sequencing & Clinical Diagnostics Congress; 9. - 10. November 2017, Novotel London West Hotel, London, UK

Neue Möglichkeiten für die Erfassung der Tiergesundheit und des Tierwohls aus der Milch.
16. - 18. November 2017, Innovationstagung des wissenschaftlichen Beitrats des MIV, Nürnberg, Germany.

Exosomale Biomarker in der klinischen Diagnostik – Isolation von extrazellulären Mikrovesikeln und NGS microRNA Profiling in kritisch kranken Patienten.
Biomarker Symposium -- Forschungsverbunds Leibniz Gesundheitstechnologien, Deutsches Zentrum für Lungenforschung, 21. November 2017, Kaiserin Friedrich-Haus, Berlin, Germany.

Tagung des Lehrstuhls:

Tagungsband zum qPCR, dPCR und NGS Symposium 2017
mit den Schwerpunkten- Liquid Biopsy, Integrative Hochdurchsatzdatenanalyse, und Biomarker Signaturen.

Proceedings -- qPCR dPCR NGS 2017 - Liquid Biopsy, Integrative Big Data Analysis, Biomarker Signature … and beyond

Michael W. Pfaffl –Editor (2017) 3rd – 7th April 2017 in Freising-Weihenstephan, Germany.
Biological Detection and Quantification 2017 Issue 11S (ISSN 2214-7535)

Der Lehrstuhl für Tierphysiologie & Immunologie an der Technischen Universität München (TUM) hat mit Unterstützung durch führende Biotechnologieunternehmen nun zum achten Mal die Initiative ergriffen, weltweit agierende Wissenschaftler auf dem Feld der quantitativen real-time PCR (qPCR), digital PCR (dPCR), sowie Next Generation Sequencing (NGS) im zentralen Hörsaalgebäude der TUM in Freising Weihenstephan zusammenzubringen. Während der fünf Konferenztage vom 3. bis 7. April 2017 tauschten ca. 450 internationale Wissenschaftler aus 40 Ländern ihre Ideen und Erfahrungen aus und diskutierten die faszinierende Zukunft dieser innovativen molekularen Techniken. Zu den folgenden Aspekten und Tagungsschwerpunkten wurden insgesamt 72 Vorträge sowie 78 Posterbeiträgen präsentiert:

- Liquid Biopsy & Exosomen
- Liquid Biopsy & Moleculare Diagnostik (2 Sessions)
- Next Generation Sequencing (NGS)
- NGS und Integrative Hochdurchsatzdatenanalyse
- qPCR Datenanalyse
- Digitale PCR (2 Sessions)
- Nicht-codierende RNAs — microRNA, isomiRs, small RNAs, und lange nicht-codierende RNAs
- MicroGenomics & Einzelzell-Diagnostik
- MIQE Richtlinien & qPCR Qualitätskontrolle

Die 150 Abstracts sind im Tagungsband publiziert und online erhältlich (Biological Detection and Quantification; 2017 Issue 11S). Neben dem Symposium wurden in Zusammenarbeit mit führenden Biotechnologieunternehmen auch noch einige theoretische Bioinformatik Workshops zur qPCR oder NGS Datenanalyse angeboten, sowie praktische dPCR und qPCR Workshops. Eine Industrieausstellung in der Aula des zentralen Hörsaalgebäudes am WZW mit über 40 Messeständen rundete den internationalen Event ab.

Exkursionen

Exkursion zum Bayerischen Landesamt für Gesundheit und Lebensmittelsicherheit am 15.03.2017 unter der Leitung von Herrn Prof. Dr.Michael Pfaffl und Herrn Dr. Patrick Gürtler

Exkursion zum Milchprüfring Bayern, Wolnzach, am 24.05.2017 unter der Leitung von Frau Dr. Heike Kliem

Exkursion zur Besamungsstation CRV in Wasserburg am 12.07.2017 unter der Leitung von Frau Dr. Heike Kliem

Veröffentlichungen

Jan Van Deun, Pieter Mestdagh, Patricia Agostinis, Geert Berx, Jan Gettemans, Bernd Giebel, Andrew Hill, Suresh Mathivanan, Esther Nolte-‘t-Hoen, Michael W. Pfaffl, Susmita Sahoo Johan Swinnen, Clotilde Théry, Guillaume Van Niel, Marca Wauben, Kenneth Witwer, Olivier De Wever, Jo Vandesompele, An Hendrix (2017)
EV-TRACK: Transparent Reporting and Centralizing Knowledge in EV research.
Nature Methods 2017 14(3): 228-232

Katharina Stoecker, Steffen Sass, Fabian J. Theis, Hans Hauner, and Michael W. Pfaffl[1](2017)
Inhibition of Fat Cell Differentiation in 3T3-L1 Preadipocytes by All-Trans-Retinoic-Acid: An Integrative Analysis of Transcriptomic and Phenotypic Data.
Biomolecular Detection and Quantification 2017 (11): 31-44

Corina Schanzenbach, Benedikt Kirchner, Susanne Ulbrich, Michael W. Pfaffl (2017)
Can milk cell or skim milk miRNAs be used as biomarker for early pregnancy detection in cattle?
Plos One 2017 12(2): e0172220

Bogdan Mateescu, Emma Kowal, Bas van Balkom, Sabine Bartel, Suvendra Bhattacharyya, Edit Buzas, Amy Buck, Paola di Candia, Franklin Chow, Saumya Das, Tom Driedonks, Lola Fernández-Messina, Franziska Haderk, Andrew Hill, Jennifer Jones, Kendall van Keuren-Jensen, Charles Lai, Cecilia Lässer, Italia di Liegro, Taral Lunavat, Magdalena Lorenowicz, Sybren Maas, Imre Mäger, Maria Mittelbrunn, Stefan Momma, Kamalika Mukherjee, Muhammed Nawaz, Dirk Pegtel, Michael W. Pfaffl, Raymond Schiffelers, Hidetoshi Tahara, Clotilde Thery, Juan Pablo Tosar, Marca Wauben, Kenneth Witwer, Esther Nolte-‘t Hoen (2017)
Obstacles and Opportunities in the Functional Analysis of Extracellular Vesicle RNA.
Journal of Extracellular Vesicle 2017 (6)1: 1286095

Marlene Reithmair*, Dominik Buschmann, Melanie Märte, Benedikt Kirchner, Ines Kaufmann, Martina Pfob, Alexander Chouker, Ortrud Steinlein, Michael W. Pfaffl, Gustav Schelling (2017)
Cellular and extracellular miRNAs are blood-compartment-specific diagnostic targets in sepsis.
Journal of Cellular and Molecular Medicine 21(19): 2403-2411

Shehadeh Kaskous and Michael W. Pfaffl (2017)
Bioactive properties of minor camel milk ingredients - an overview.
Journal of Camel Practice and Research 24 (1): 15-26

Van Deun J, Hendrix A, and the EV-TRACK consortium (Jean van Deun, Pieter Mestdagh, Patricia Agostinis, Geert Berx, Jan Gettemans, Bernd Giebel, Andrew Hill, Suresh Mathivanan, Esther Nolte-'t-Hoen, Michael W. Pfaffl, Susmita Sahoo Johan Swinnen, Clotilde Théry, Guillaume Van Niel, Marca Wauben, Kenneth Witwer, Olivier De Wever, Jo Vandesompele, An Hendrix)
Is your article EV-TRACKed?
Journal of Extracellular Vesicle 2017 6(1): 1379835

M. Hillreiner, C. Schmautz, I. Ballweg, V. Korenkova, MW. Pfaffl and H. Kliem (2017)
High-throughput gene expression profiling – In search of molecular biomarkers to predict the mammary immune status.
BMC Veterinary Research 2017 (13): 369

Bajram Berisha, Dieter Schams, Daniela Rodler, Fred Sinowatz, Michael W. Pfaffl (2017)
Expression pattern of HIF-1alpha and vasohibins during follicle maturation and corpus luteum function in the bovine ovary.
Reproduction in Domestic Animals 52(1): 130–139

Rodrigo P. Soares, Patrícia Xander, Adriana Oliveira Costa, Antonio Marcilla, Armando Menezes-Neto, Hernando Del Portillog, Kenneth Witwer, Marca Wauben, Esther Nolte-`t Hoen, Martin Olivier, Miriã Ferreira Criado, Luis Lamberti P. da Silva, Munira Muhammad Abdel Baqui, Sergio Schenkman, Walter Colli, Maria Julia Manso Alves, Karen Spadari Ferreira, Rosana Pucciam, Peter Nejsumo, Kristian Riesbeck, Allan Stensballe, Eline Palm Hansen, Lorena Martin Jaular, Reidun Øvstebø, Laura de la Canal, Paolo Bergese, Vera Pereira-Chioccola, Michael W. Pfaffl, Joëelle Fritz, Yong Song Ghoa and Ana Claudia Torrecilhas (2017)
ISEV Meeting Report -- Highlights of the São Paulo ISEV Satellite Meeting on extracellular vesicles in pathogens. Journal of Extracellular Vesicle 2017 6 (1): 1407213

M. Hillreiner, NI. Müller, H. Koch, B. Kuester, MW. Pfaffl, H. Kliem (2017)
Establishment of a 3D cell culture model of primary bovine mammary epithelial cells extracted out of fresh milk.
In Vitro Cellular & Developmental Biology - Animal September 2017, 53(8): 706–720

Rreze Gecaj, Corina Schanzenbach, Benedikt Kirchner, Michael W Pfaffl, Irmgard Riedmaier, Dieter Schams, Ry TC Tweedie-Cullen, Bajram Berisha (2017)
Dynamics of miRNA expression in bovine corpus luteum during its formation, function and regression.
Frontiers in Genetics 2017, Vol 8, Article 213

Michael W. Pfaffl –Editor (2017)
Proceedings -- qPCR dPCR NGS 2017 - *Liquid Biopsy, Integrative Big Data Analysis, Biomarker Signature … and beyond*
3rd – 7th April 2017 in Freising-Weihenstephan, Germany, ISSN 2214-7535
Biological Detection and Quantification 2017 11S: 1-53

Kurzfassungen (*abstracts & proceedings*):

Benedikt Kirchner, Dominik Buschmann, Michael W. Pfaffl (2017)
Detection and validation of miRNA biomarkers in microvesicles -- The role of isomiRs in mRNA target prediction.
Australasia Extracellular Vesicles Conference.
31st January - 2nd February 2017, Mantra Lorne, Melbourne, Victoria, Australia

Benedikt Kirchner, Dominik Buschmann, Stefan Kotschote, Michael Bonin, Marlene Reithmair, Gustav Schelling, Michael W. Pfaffl (2017)
Influence of commercially available, exosomal isolation kits on holistic small RNA expression profiles of serum in healthy and critically ill individuals.
ISEV Meeting Toronto -- Journal of Extracellular Vesicles 2017; p34

Jan Van Deun, Pieter Mestdagh, Patrizia Agostinis, Geert Berx, Jan Gettemans, Bernd Giebel, Andrew F. Hill, Suresh Mathivanan, Esther N.M., Nolte-'t-Hoen, LorraineO'Driscoll,MichaelPfaffl, Susmita Sahoo, Johannes Swinnen, Clotilde Théry, Guillaume Van Niel, Marca H.M. Wauben, Kenneth Witwer, Olivier De Wever, Jo Vandesompele and An Hendrix (2017)
EV-TRACK: transparent reporting and centralising knowledge in extracellular vesicle research
ISEV Meeting Toronto -- Journal of Extracellular Vesicles 2017; p89

Marlene Reithmair, Dominik Buschmann, Melanie Märte, Benedikt Kirchner, Daniel Hagl, Ines Kaufmann, Alexander Chouker, Ortrud Steinlein, Michael W. Pfaffl, Gustav Schelling (2017)
Characterization of Exosomal miRNA Profiles in Patients with Sepsis and Septic Shock.
ISEV Meeting Toronto -- Journal of Extracellular Vesicles 2017; p121-122

Melanie Maerte, Dominik Buschmann, Marlene Reithmair, Florian Brandes, Benedikt Kirchner, Alexander Chouker, Michael Pfaffl and Gustav Schelling (2017)
Exosomal miRNA profiles in patients with coronary artery disease.
ISEV Meeting Toronto -- Journal of Extracellular Vesicles 2017; p191

Dapi (Meng-Lin) Chiang, Dominik Buschmann, Benedikt Kirchner, and Michael W. Pfaffl (2017)
EXÖBead: A glycan recognition method of isolating exosomes from small sample volumes without ultracentrifugation.
ISEV Meeting Toronto -- Journal of Extracellular Vesicles 2017; p206

Melanie Märte, Marlene Reithmair, Dominik Buschmann, Benedikt Kirchner, Florian Brandes, Maximilian Suckfuell, Clarissa Gevargez Zoubalan, Alexander Chouker, Michael W. Pfaffl, Gustav Schelling (2017)
Expression levels of microRNAs derived from circulating exosomes differ between patients with coronary artery disease and healthy individuals.
ASA Meeting 2017

Reithmair, Marlene; Buschmann, Dominik; Märte, Melanie; Kirchner, Benedikt; Hagl, Daniel; Kaufmann, Ines; Pfob, Martina; Chouker, Alexander; Steinlein, Ortrud; Pfaffl, Michael W.; Schelling, Gustav; (2017)
Cellular and Extracellular miRNAs are Blood Compartment-Specific Diagnostic Targets for Detection and Survival Prediction in Sepsis.
8th Gene Quantification Event -- qPCR dPCR & NGS 2017: Liquid Biopsy, Integrative Big Data Analysis, Biomarker Signature and beyond. Biological Detection and Quantification 2017 Suppl. Issue 11S: 9

Berisha, Bajram; Schams, Dieter; Rodler, Daniela; Sinowatz, Fred; Pfaffl, Michael W.; (2017)
Expression and Localization of the Thrombospondin Family Members During Corpus Luteum Formation and Function in the Bovine Ovary.
8th Gene Quantification Event -- qPCR dPCR & NGS 2017: Liquid Biopsy, Integrative Big Data Analysis, Biomarker Signature and beyond. Biological Detection and Quantification 2017 Suppl. Issue 11S: 40

Buschmann, Dominik; Haberberger, Anna; Kirchner, Benedikt; Spornraft, Melanie; Riedmaier, Irmgard; Schelling, Gustav; Pfaffl, Michael W.; (2017)
Liquid biopsies, biomarker signatures, and beyond - why standardization of small RNA-Seq matters
8th Gene Quantification Event -- qPCR dPCR & NGS 2017: Liquid Biopsy, Integrative Big Data Analysis, Biomarker Signature and beyond. Biological Detection and Quantification 2017 Suppl. Issue 11S: 13

Haberberger, Anna; Mussack, Veronika; Kirchner, Benedikt; Riedmaier, Irmgard; Wichmann, Christian; Buhmann, Raymund; Wittmann, Georg; Henschler, Reinhard; Pfaffl, Michael W.; (2017)
Developing a potential biomarker set of miRNAs in packed RBCs to detect autologous blood doping
8th Gene Quantification Event -- qPCR dPCR & NGS 2017: Liquid Biopsy, Integrative Big Data Analysis, Biomarker Signature and beyond. Biological Detection and Quantification 2017 Suppl. Issue 11S: 27

Kirchner, Benedikt; Buschmann, Dominik; Kotschote, Stefan; Bonin, Michael; Reithmair, Marlene; Schelling, Gustav; Pfaffl, Michael W.; (2017)
Different Isolation Strategies of Exosomal Extraction Kits Have A Major Influence on Small RNA Capturing and Expression Profiles in Clinical Settings
8th Gene Quantification Event -- qPCR dPCR & NGS 2017: Liquid Biopsy, Integrative Big Data Analysis, Biomarker Signature and beyond. Biological Detection and Quantification 2017 Suppl. Issue 11S: 27

Chiang, Dapi; Buschmann, Dominik; Kirchner, Benedikt; Pfaffl, Michael W.; (2017)
EXÖBead: an efficient method of isolating exosomes from small sample volumes without ultracentrifugation
8th Gene Quantification Event -- qPCR dPCR & NGS 2017: Liquid Biopsy, Integrative Big Data Analysis, Biomarker Signature and beyond. Biological Detection and Quantification 2017 Suppl. Issue 11S: 47

Rreze Gecaj, Corina Schanzenbach, Michael W. Pfaffl, Bajram Berisha; (2017)
Expression and Localization of the Thrombospondin Family Members During Corpus Luteum Formation and Function in the Bovine Ovary.
2nd International Conference in Agriculture & Biotehnology, 18.-19. April 2017, Agricultural University Tirana, Tirana, Albania.

Ricardo González, Dominik Buschmann, Benedikt Kirchner, Michael W Pfaffl, Gustav Schelling, Ortrud Steinlein, Marlene Reithmair; (2017)
Glucocorticoid receptor regulates specific microRNAs in triple-negative breast cancer
XLI Jornadas Portuguesas de Genética 2017

Rreze Gecaj, Corina Schanzenbach, Benedikt Kirchner, Michael W. Pfaffl and Bajram Berisha (2017)
MicroRNA in Bovine Corpus Luteum during Early Pregnancy.
World Academy of Science, Engineering and Technology, International Journal of Animal and Veterinary Sciences 2017 4(9)

Lehrstuhl für Mikrobielle Ökologie
ZIEL Institute for Food & Health (Abt. Mikrobiologie)

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. Zachary Ardern	-3945
	Apl. Prof. Dr. Thilo Fuchs *(bis 30.09.2017)*	-3518
	Dr. Tanja Kern *(ab 01.03.17)*	-2258
	Dr. Genia Lücking	-5091
	Dr. Mareike Wenning	-2257
Doktoranden:	M.Sc. Anna Dettling	-3859
	M.Sc. Etienne Doll	-5570
	M.Sc. Sarah Hücker *(bis 31.07.17)*	-3945
	M.Sc. Christopher Huptas	-5570
	M.Sc. Michaela Kreitmeier *(ab 01.03.2017)*	-3945
	M.Sc. Mariana Leguizamón *(Gastwissenschaftlerin)*	-3859
	M.Sc. Christopher Maier *(ab 01.05.17)*	-3859
	M.Sc. Jakob Schardt	-3851
	M.Sc. Annemarie Siebert *(ab 30.10.17)*	-3859
	M.Sc. Katharina Springer	-5091
	M.Sc. Julia Wuttke *(bis 31.03.17)*	-3859
	M.Sc. Stefan Wichmann *(ab 01.11.17)*	-3859
	M.Sc. Sonja Vanderhaeghen	-3945
	M.Sc. Barbara Zehentner	-3945
Technische	Celler Inge	-5563
	Angela Felsl	-2191
	Charon Fuhrmann	-5098
	Angela Kempe *(Teilzeit)*	-5566

Lisa Rieder	-5098
Patrick Schiwek	-5566
Romy Wecko *(Teilzeit)*	-3504

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 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 Hefen, Bazillen, coryneforme Bakterien und Listerien (insgesamt über 10.000 Isolate), welche die Grundlage für die Entwicklung der FTIR gestützten Identifizierung von Bakterien und Hefen, sowie die Beschreibung neuer, aus Lebensmitteln isolierter Arten bildet.

Forschung

Arbeitsgruppe: Biodiversität mikrobieller Lebensgemeinschaften in industriellen Habitaten

Gruppenleiterin: Mareike Wenning

Der Fokus der Forschungsgruppe liegt auf der Analyse der Mikrobiota unterschiedlicher Habitate, mit dem Schwerpunkt auf Rohmilch und Milchprodukten. Von Interesse sind insbesondere die Erfassung und Beschreibung der Biodiversität sowie die Analyse von Populationsveränderungen oder Stabilitäten innerhalb der Mikrobiota. Hier konzentrieren wir uns nicht nur auf die Bestimmung der Speziesebene, sondern Typisieren auch unterhalb der Artgrenze. Des Weiteren stehen Organismen mit hohem Verderbspotential wie Kältetoleranz oder großem Enzymbildungsvermögen im Zentrum der Arbeiten.

Ein zweiter Schwerpunkt der Gruppe liegt auf der Beschreibung neuer, bislang unbekannter Spezies und Gattungen, die bei detaillierten Biodiversitätsanalysen regelmäßig entdeckt werden. Die neuen Isolate werden molekularbiologisch, biochemisch und chemotaxonomisch charakterisiert und in die bestehende Systematik eingegliedert. Zugleich nutzen wir seit einiger Zeit die Next-Generation-Sequencing-Technologie zur Generierung von Gesamtgenomen und darauf basierenden phylogenetischen Analysen sowie der Biodiversitätsanalyse von Mikrobiota.

Ursachen hoher Keimzahlen thermophiler Sporenbildner in Milch- und Molkepulver
Causes for high counts of thermophilic spore formers in milk and whey powder
Anna Dettling

Für den europäischen Milchexport bilden Trockenmilchprodukte einen sehr ertragreichen Sektor, mit zunehmender Nachfrage sind jedoch auch die Qualitätsanforderungen stetig gestiegen. Dies gilt insbesondere für den Gehalt an thermophilen Sporenbildnern, für die im asiatischen Markt strenge Grenzwerte von <1000 oder gar <300 KbE/g gelten und die ein Grund für Produktzurückweisung oder Zurückstufung in der Qualitätsklasse sein können. Ziel des AiF-FV 18356 N war es, den gestiegenen Qualitätsanforderungen nachzukommen, indem Hauptkontaminationskeime identifiziert und charakterisiert sowie die Ursachen erhöhter Sporengehalte in Milch- und Molkepulvern durch detaillierte Prozessanalysen ermittelt werden sollten.
Die Analyse diverser Milch- und Molkepulver und der entsprechenden Rohstoffe Rohmilch und Molke zeigte, dass der Eintrag an thermophilen Sporenbildnern aus der Rohmilch marginal ist und in Bezug auf erhöhte Sporenzahlen im Pulver vernachlässigt werden kann (Abb. 1). Im Pulver sind thermophile Sporenzahlen teilweise mit bis zu 10^5 KbE/g deutlich erhöht, sodass insgesamt nur 20 % der untersuchten Milchpulver, bzw. 30 % der Molkepulver unterhalb des Grenzwertes von 1000 Sporen/g lagen.

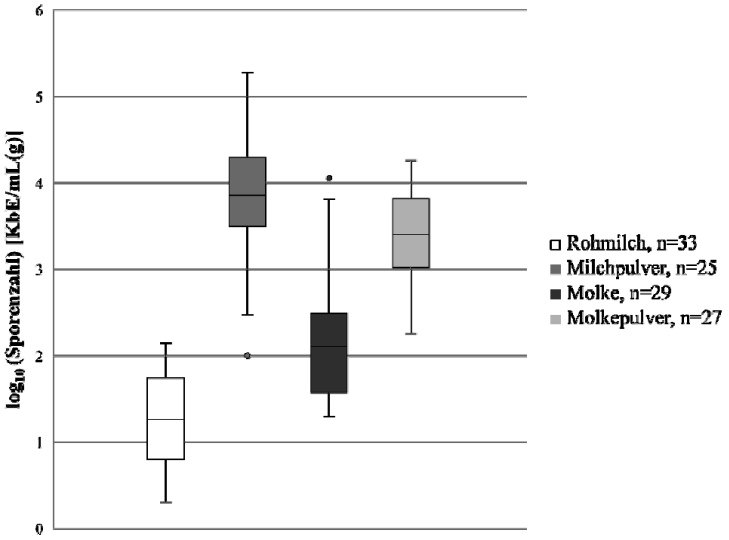


Abb. 1: Sporenzahlen thermophiler Sporenbildner in Rohmilch, Milchpulver, Molke und Molkenpulver bei 55 °C.

In der prozessbegleitenden Stufenkontrolle einer Magermilchpulverproduktion begann der Keimzahlanstieg obligat thermophiler Mikroorganismen direkt zu Beginn des Prozesses während der Rahmseparation (Abb. 2) und ging mit der Verdrängung der Rohmilchflora (v.a. *Bacillus licheniformis*) durch obligat thermophile Bakterien (v.a. *Anoxybacillus flavithermus*) einher (Abb. 3).

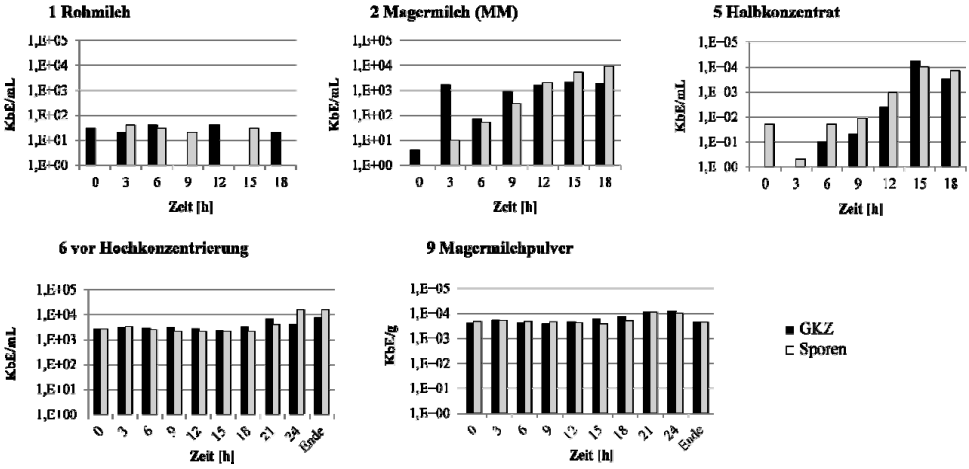


Abb. 2: Thermophile Gesamtkeimzahl (GKZ, schwarz) und Sporenzahl (grau) im Verlauf der mikrobiologischen Stufenkontrolle für Milchpulver in Unternehmen 1. Nummerierung entsprechend der Prozessstufe.

A. flavithermus ist mit Abstand die häufigste Art in sowohl Milch- als auch Molkepulvern und steht damit im Fokus der Maßnahmen zur Prozessoptimierung. Die Möglichkeit der Anpassung durch Veränderung von Prozesstemperaturen ist durch das breite Wachstumsspektrum (~32-70 °C) und die Tatsache, dass einige thermophile Sporenbildner die Pasteurisierung in ihrer vegetativen Form überleben können, allerdings stark limitiert. Lediglich das Entfernen von Sauerstoff aus dem Prozess könnte das Keimwachstum mancher Isolate hemmen. Im weiteren Prozessverlauf, dem Eindampfen auf etwa 36 % Trockenmasse, kam es zu einem weiteren, aber weniger markanten Keimzahlanstieg (Abb. 2). Durch die Zwischenlagerung des Halbkonzentrats vor der Hochkonzentrierung vermischte sich anschließend die gute Qualität zu Beginn des Prozesses (z.B. 10 KbE/g) mit der späteren schlechten Qualität (z.B. 10^4 KbE/g), wodurch sich die thermophile Keimzahl auf ein relativ hohes Niveau nivellierte (Abb. 2). Ohne Stapelung könnte man hier zumindest in der ersten Prozesshälfte Pulver mit geringer thermophiler Sporenbelastung produzieren. Für zwei Stufenkontrollen konnte im folgenden Prozessverlauf vom Halbkonzentrat zum Pulver kein weiteres Wachstum der Sporenbildner beobachtet werden, wodurch die kritischen Prozessstufen eindeutig frühen Prozessschritten und der ersten Produktionshälfte zuzuschreiben sind.

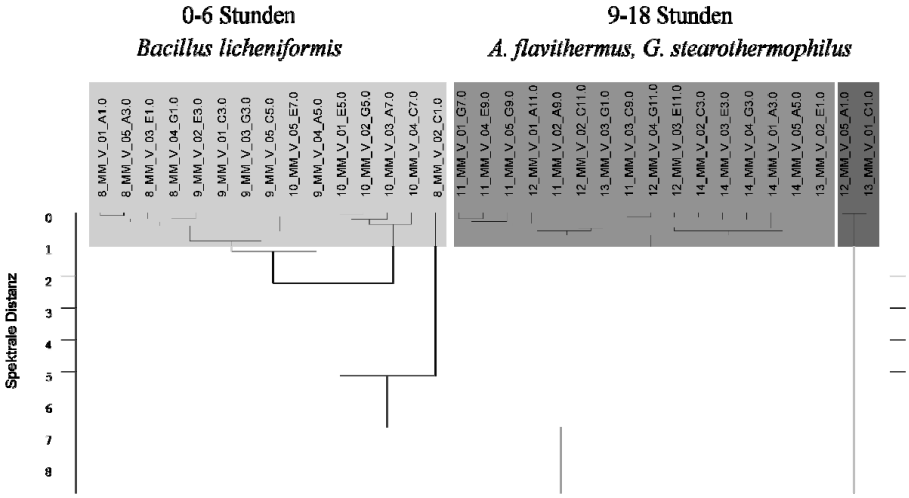


Abb. 3: Clusteranalyse von FT-IR Spektren, gemessen von Isolaten der Stufe Magermilch (2) im Prozessverlauf. Die Spektrale Distanz zeigt die Ähnlichkeit der gemessenen Isolate. Die Identifizierung erfolgt durch einen Abgleich mit Spektren der Referenzdatenbank.

Im Vergleich zur Magermilchpulverproduktion liegen die kritischen Produktionsschritte der Molkepulverproduktion nicht innerhalb der eigentlichen Pulverproduktion, sondern davor. Sowohl die Analysen des Ausgangsstoffs Molke als auch die Stufenkontrolle für Molkepulver haben gezeigt, dass die Veränderung in der Zusammensetzung der Mikrobiota hin zu einer Dominanz von *A. flavithermus* hier schon auf Stufe der Molkegewinnung stattgefunden hat. Hiermit wird schon relativ stark belastetes Ausgangsmaterial in die Pulverproduktion eingebracht. Während des gesamten Produktionsprozesses wurde weder Wachstum, noch Sporulation festgestellt und der Anstieg der Keimzahlen von Molke zu Pulver war mit nur etwa 1 Log-Stufe sehr gering und resultierte vollständig aus der Konzentrierung der Trockenmasse (Abb. 4). Bei Molkepulver ist demnach der Eintrag thermophiler Sporenbildner über die Rohware von erheblicher Bedeutung. Für eine Reduktion der Sporenzahlen müssen folglich die entsprechenden Käsereiprozesse zur Molkegewinnung näher betrachtet werden.

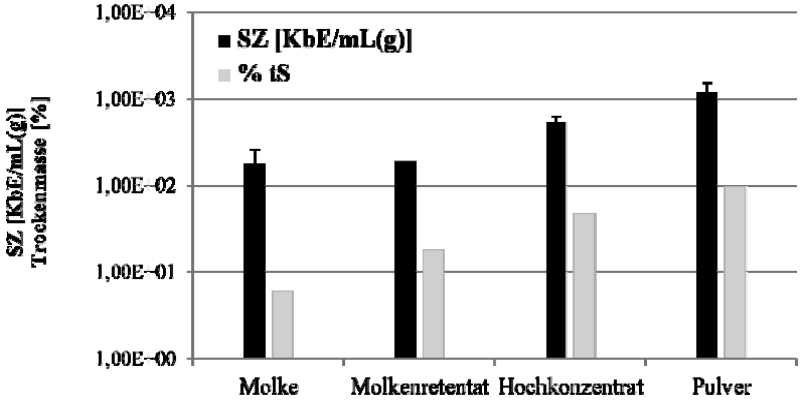


Abb. 4: Thermophile Sporenzahl (schwarz) und Trockenmasse (grau) im Verlauf der Produktion von Molkenpulver. Gemittelt wurden die Sporenzahlen je Probenahmestelle, d.h. aller Standzeiten.

Da *A. flavithermus* die eindeutig dominierende Spezies war, wurde sie im Rahmen der Stufenkontrollen detaillierter untersucht und bis auf Stammebene charakterisiert. Dabei wurde die Transmission einiger Stämme über mehrere Prozessstufen, beginnend bei der Magermilch bis ins Pulver, festgestellt. Zusätzlich wurden identische Stämme in unterschiedlichen Pulverchargen desselben Unternehmens über einen Produktionszeitraum von mehreren Monaten wiedergefunden. Dies ist nur dadurch zu erklären, dass diese in der Anlage persistieren und durch Reinigungs- und Desinfektionsmaßnahmen nur unzureichend entfernt werden. In der Folge sind die Oberflächen der Anlage mit Beginn eines neuen Produktionszyklus bereits mit Sporen der dominanten Art aus der vorhergehenden Produktion behaftet, die dann relativ schnell zu wachsen beginnen und die nachfolgende Produktion erheblich kontaminieren.

Als Fazit lässt sich festhalten, dass sich erhöhte Sporengehalte in Milch- und Molkepulvern in vielen Fällen auf unzureichende Reinigungs- und Desinfektionsmaßnahmen zurückführen lassen, die in Kombination mit langen Standzeiten zu starker Vermehrung und unter Umständen auch zu Anpassungen der persistierenden Stämme an die Produktions- und Reinigungsbedingungen führen. Für die Senkung von Sporenzahlen ist es daher unabdingbar die Prozessschritte in den Fokus zu rücken, die mit dem ersten Anstieg der Keimzahlen in Verbindung stehen (Rahmseparation bzw. Käsereiprozess), die thermophilen Sporen dort durch optimierte Reinigungs- und Desinfektionsmaßnahmen effizient aus Produktionsanlagen zu entfernen und ihre Wiederansiedelung zu vermeiden.

Das Forschungsvorhaben (AiF 18356 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.

Mikrobielle Qualität baktofugierter und pasteurisierter ESL-Milch

Microbial quality of bactofuged and pasteurized ESL milk

Etienne Doll

Seit Jahren besteht von Seiten der Verbraucher eine steigende Nachfrage nach Lebensmitteln mit verlängerter Haltbarkeit. Im Frischmilchsektor bedeutet dies einen Trend weg von der pasteurisierten hin zur ESL-Milch. Ein gängiges Herstellungsverfahren kombiniert Baktofugation und Pasteurisierung der Milch und ermöglicht so bei minimaler thermischer Belastung eine verlängerte Haltbarkeit, die von den Herstellern aktuell zwischen 17 und 21 Tagen spezifiziert wird. Entscheidend für die Aufrechterhaltung eines möglichst hohen Qualitätsniveaus während dieses Zeitraums ist die mikrobielle Florazusammensetzung im Endprodukt, die einerseits durch die Rohmilchmikrobiota und andererseits durch den Herstellungsprozess beeinflusst wird. Um Anhaltspunkte zur Verbesserung der Milchqualität zu gewinnen, ist es elementar, die verderbsrelevanten Keimgruppen zu identifizieren und ihre Eintragsrouten zu bestimmen.

Im AiF-FV 17880 N wurde dafür in vier Stufenkontrollen der Einfluss des Herstellungsprozesses auf die Milchmikrobiota untersucht. Der gesamte Prozess, der sich aus zwei Entkeimungsseparationen (Baktofugen), Rahm-Separation, Standardisierung und Pasteurisierung zusammensetzt, reduzierte die Keimlast dabei um durchschnittlich 2,9 log-Stufen. Ausgehend von etwa 10^5 KbE/mL Rohmilch finden sich im Endprodukt zu Beginn der Lagerung somit durchschnittlich 10^2 KbE/mL. Hinsichtlich der Mikrobiota trat während des Prozesses eine signifikante Verschiebung von Gram-negativen hin zu High G+C Gram-positiven Bakterien auf (Abb. 1). Während sich 76 % der Rohmilchmikrobiota aus Gram-negativen Keimen zusammensetzte, wurden diese bereits im Verlauf der Baktofugation selektiv abgetrennt, sodass wir aus standardisierten Proben vornehmlich High G+C Gram-positive und Milchsäurebakterien isolierten. Bei der Pasteurisierung wurden dann neben den verbliebenen Gram-negativen Keimen auch Milchsäurebakterien quantitativ inaktiviert. Die Mikrobiota frisch produzierter ESL-Milch enthielt somit neben psychrotoleranten Sporenbildnern (3 %) fast ausschließlich High G+C Gram-positive Keime.

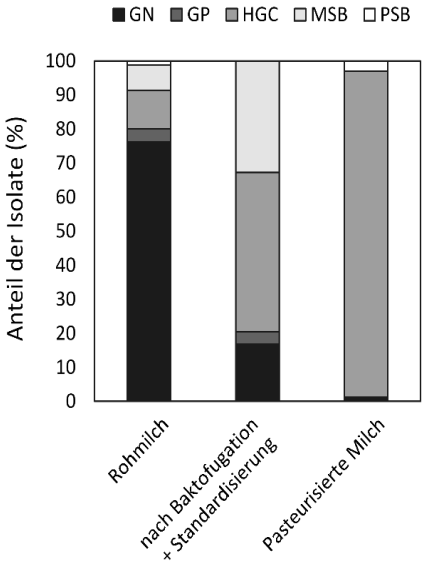


Abb. 1: Verschiebung der Milchmikrobiota bei der Herstellung baktofugierter ESL-Milch. Je Prozessschritt wurden 80 Isolate aus 4 Produktionschargen identifiziert. GN: Gram-negative, GP: Gram-posi-tive, HGC: High G+C Gram-positive, MSB: Milchsäurebakterien, PSB: psychrotolerante Sporenbildner.

Um einen Einblick in die Haltbarkeit baktofugierter ESL-Milch zu erhalten wurden 190 Packungen am Ende des MHD, nach 17-21 d auf ihre Keimzahlen und die vornehmliche Mikrobiota untersucht. Mit 43 % enthielten dabei fast die Hälfte aller Proben Keimzahlen von $\geq 10^6$ KbE/mL und waren damit verdorben. Zum frühzeitigen Produktverderb führten neben hitzesensitiven Postpasteurisierungs-Rekontaminanten, die sich aus Gram-negativen Keimen, Milchsäurebakterien und anderen Gram-positiven Bakterien zusammensetzten, vor allem psychrotolerante Sporenbildner der Gattung *Paenibacillus* und der *Bacillus cereus*-Gruppe (Abb. 2). Sie wurden aus 57 % der verdorbenen Packungen isoliert.

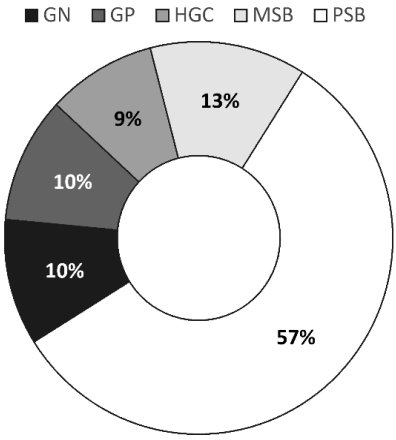


Abb. 2: Quantitative Zusammensetzung der verderbserregenden Mikroorganismen baktofugierter ESL-Milch am Ende des MHD. GN: Gram-negative, GP: Gram-positive, HGC: High G+C Gram-positive, MSB: Milchsäurebakterien, PSB: psychrotolerante Sporenbildner.

Um Ursachen für den hohen Verderbsanteil aufzudecken, wurden Lagerversuche durchgeführt und im Verlauf der Kühllagerung 167 Milchpackungen dreier Molkereien auf ihre

Keimzahlen und die vornehmliche Mikrobiota hin analysiert. Dabei wies die Milch bei 8 °C eine Lagerstabilität von 12-17 d auf (Abb. 3). Danach überschritten entweder Keimzahlen einzelner Proben oder des Packungsdurchschnitts die Verderbsgrenze von 10^6 KbE/mL. Als wichtigste Einflussfaktoren konnten hier die Ausgangskeimzahlen und die vorkommenden Spezies im Endprodukt identifiziert werden.

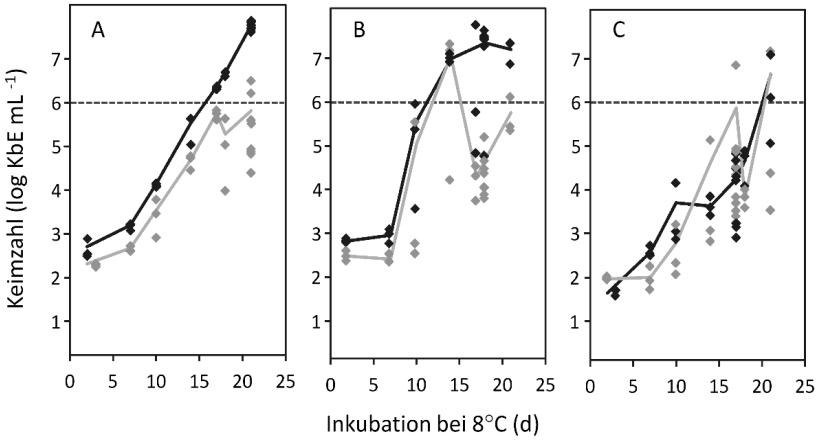


Abb. 3: Entwicklung der Keimzahlen in baktofugierter ESL-Milch dreier Molkereien (A-C) während der Kühllagerung bei 8°C. Jedes Symbol repräsentiert eine Probe, die grauen und schwarzen Linien zeigen die durchschnittlichen Keimzahlen jeweils einer Charge und die gestrichelte Linie markiert die Verderbsgrenze von 10^6 KbE/mL.

Milch von Molkerei C wies in beiden Produktionschargen die geringsten Ausgangskeimzahlen auf, die bis zu einer Log-Stufe niedriger waren als bei Molkerei A und B. Entsprechend wurde auch die Verderbsgrenze später erreicht. Bei Molkerei B waren viele Proben zudem mit Keimen der *B. cereus*-Gruppe kontaminiert. Während bei Molkerei A und C vornehmlich High G+C Gram-positive Bakterien isoliert wurden, die bei 8 °C nur langsam wachsen und nur in Ausnahmefällen innerhalb von 17 d zum Produktverderb führten, kam es in den Proben von Molkerei B schon 7 d nach Produktion zu einem sprunghaften Anstieg der Keimzahlen und bereits nach 14 d waren alle der kontaminierten Packungen verdorben. Kontaminationen mit *B. cereus sensu lato* sind damit als kritisch für die Haltbarkeit zu bewerten und ein Eintrag dieser Keimgruppe sollte unbedingt vermieden werden.

Während sich der Eintrag von Postpasteurisierungs-Rekontaminanten durch Optimierung der Anlagenhygiene vermeiden ließe, können thermodure Keime und vor allem psychrotolerante Sporenbildner aufgrund ihrer Hitzeresistenz technologisch nicht vollständig eliminiert werden. Daher wurde geprüft, ob der Eintrag dieser Organismen primär über die Rohmilch erfolgt oder ob auch hier eine Rekontamination über die Prozessanlage stattfindet. Dafür wurden 89 hitzeresistente Isolate aus mehreren Endproduktchargen dreier Molkereien molekularbiologisch typisiert und untersucht, ob identische Stämme in verschiedenen Produktionschargen gefunden werden und sie damit in der Anlage persistieren. Tatsächlich konnten in allen drei Molkereien Rekontaminanten nachgewiesen werden, die in mindestens 2 Endproduktchargen auftraten. Meist handelte es sich um *Microbacterium lacticum*, ein High G+C Gram-positives Bakterium. Auffällig war allerdings ein *B. cereus*-Stamm, der in sieben Produktionschargen von Molkerei B nachgewiesen wurde (Abb. 4) und über mehrere Wochen in der Anlage persistierte. Exakt dieser Keim war für den hohen Anteil an frühzeitig verdorbener Ware dieses Herstellers verantwortlich. Mögliche Quellen andauernder Rekontaminationen stellen Foulingschichten oder Biofilme dar, die hohe Zahlen an Sporenbildnern beherbergen

können. Ist die CIP-Reinigung nicht ausreichend effektiv, werden sie nur unvollständig eliminiert und überdauern in der Anlage. Mit Start eines neuen Produktionszyklus kontaminieren sie die nachfolgende Produktion in teils erheblichem Maß.

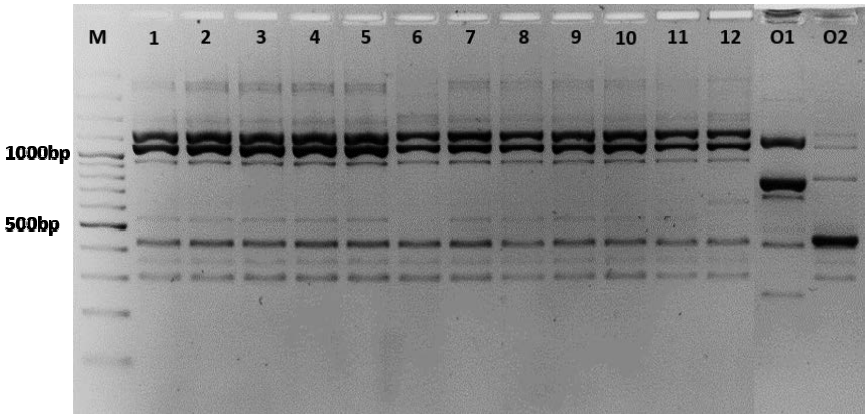


Abb. 4: Stammtypisierung von *B. cereus* Isolaten. Banden 1-12 zeigen Ergebnisse der RAPD-Analyse von *B.cereus* Stämmen aus Endprodukten von Hersteller B, wobei Isolate 1 bis 5 und 7 bis 11 identische Bandenmuster aufwiesen und es sich somit um den gleichen Stamm handelt. M: Marker, O: Outgroup, Stämme aus Endprodukten anderer Hersteller.

Für die Sicherung einer hohen mikrobiologischen Qualität am Ende der Haltbarkeit von baktofugierter und pasteurisierter ESL-Milch sind demnach zwei Parameter von besonderer Bedeutung. Zum einen stellt die sorgfältige Reinigung und Überprüfung der Reinigungswirkung sowie aller hygienischer Parameter eine wichtige Stellschraube dar. Des Weiteren hat auch die Wahl einer geeigneten Mindesthaltbarkeit erheblichen Einfluss. Wird sie zu optimistisch ausgelegt, steigt das Risiko vorzeitigen Verderbs.

Das Forschungsvorhaben (AiF 17880 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.

Peptidasebildung bei *Pseudomonas* und Entwicklung eines Multiplex-qPCR-Assays zur Vorhersage der Enzymaktivität in Rohmilch

Peptidase synthesis in Pseudomonas and development of a multiplex-qPCR-assay for prediction of enzyme activity in raw milk

Genia Lücking, Christopher Maier

Bakterielle Enzyme wie Peptidasen und Lipasen in Rohmilch sind häufig Ursache vorzeitigen Verderbs von Milchprodukten. Ihre enzymatische Aktivität verringert sich aufgrund der teilweise sehr hohen Hitzeresistenz auch nach einer Hitzebehandlung nur geringfügig, was einen Qualitätsverlust länger haltbarer Produkte wie beispielsweise H-Milch zu Folge haben kann. Bereits geringe Mengen von hitzeresistenten Enzymen können im Laufe einer längeren Lagerung Milchkomponenten verändern und zu texturellen und/ oder sensorischen Auffälligkeiten der Endprodukte führen.

Bei der Untersuchung von 20 Rohmilchproben hinsichtlich der Mikrobiota und deren Enzymaktivität wurde *Pseudomonas* als häufigste Gattung sowie stärkster Peptidaseproduzent in Rohmilch detektiert. Isolate mit hoher Peptidaseaktivität konnten vorwiegend den Arten *P. proteolytica*, *P. gessardii, P. lundensis, P. lactis*, *P. meridiana* und *P. protegens* zugeordnet werden. Genomanalysen verschiedener Isolate zeigten, dass die proteolytische Aktivität nur auf eine einzige sekretierte Protease, die alkalische Metallopeptidase (AprA), zurückzuführen ist. Das *aprA* Gen ist in einem polycistronischen Operon lokalisiert, welches außerdem Gene für einen Proteaseinhibitor (AprI) und ein Typ I Sekretionssystem (AprDEF) beinhaltet (Abb. 1). Je nach *Pseudomonas*-Spezies sind zudem Gene für putative Autotransporter (PrtAB) und Lipasen (LipA1 und LipA2) vorhanden.

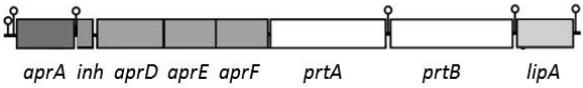


Abb. 1: Genetischer Aufbau des aprA-Operons in *Pseudomonas fluorescens*.

Zur näheren Charakterisierung der Peptidasebildung bei Pseudomonaden wurden Wachstumsversuche und Peptidasemessungen von 21 *Pseudomomas*-Isolaten (sieben verschiedener Spezies) in beimpfter H-Milch bei 6 °C durchgeführt. Die Daten zeigten, dass die Enzymaktivität über einen Inkubationszeitraum von 8 Tagen bei fast allen Stämmen stetig zunahm. Die Höhe der Enzymaktivität wies allerdings starke art- und stammspezifische Unterschiede auf und reichte von nicht-proteolytischen Isolaten bis hin zu Stämmen, die bereits nach 4-tägiger Inkubation eine hohe Peptidaseaktivität aufwiesen (Abb. 2). Interessanterweise korrelierte die unterschiedliche Peptidasebildung teilweise mit den Spezies-spezifischen *aprA*-Operonstrukturen.

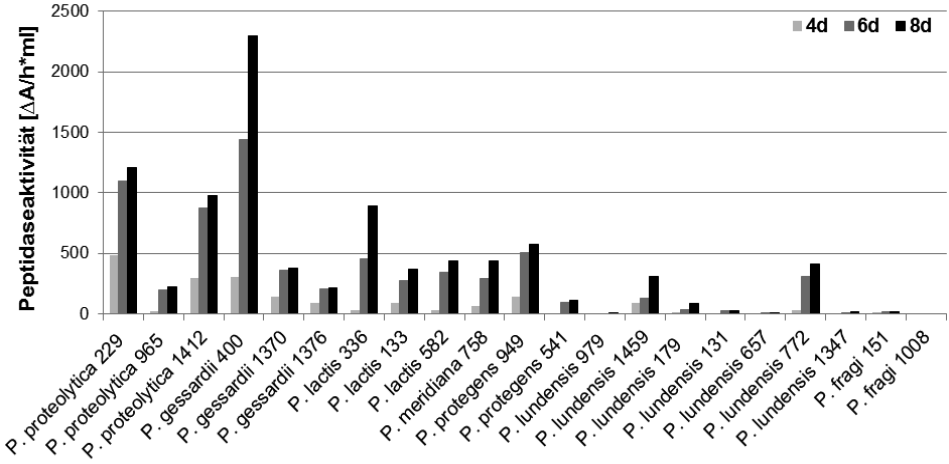


Abb. 2: Peptidaseaktivität von 21 *Pseudomonas*-Stämmen nach 4-, 6- und 8-tägiger Kultivierung in H-Milch (1,5 % Fett; Animpfmenge 10^4 Zellen/ml) bei 6 °C.

Um das Verderbspotential der Rohmilch aufgrund von *Pseudomonas*-Peptidasen bestimmen zu können, sind spezifische und sensitive Nachweissysteme erforderlich. Neben einem direkten Enzymnachweis, der mit hohem methodischen Aufwand verbunden ist, stellen qPCR-basierte Assays eine Möglichkeit dar, proteolytische *Pseudomonas*-Spezies in Rohmilch zu detektieren und dadurch indirekt auf die Peptidasebildung schließen zu können. Zur Entwicklung eines solchen Assays wurden acht Milch-relevante *Pseudomonas*-Arten ausgewählt und diese in zwei Gruppen (eine mit hoher- und eine mit mittlerer bis geringer Peptidaseaktivität) unterteilt (Abb. 3).

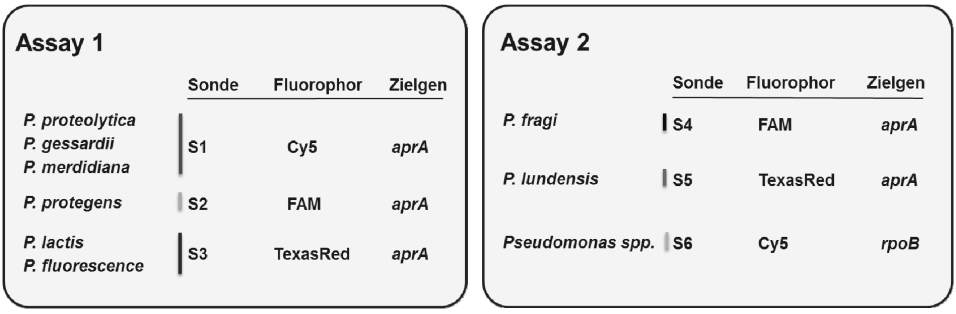


Abb. 3: Übersicht der Multiplex-qPCR-Assays zur Detektion von Pseudomonaden mit starker proteolytischer Aktivität (Assay 1) und mittlere*r* bis schwacher Enzymaktivität (Assay 2). Mit insgesamt sechs Fluoreszenz-Sonden können acht Pseudomonas-Vertreter auf Spezies-Ebene und Pseudomonaden allgemein auf Gattungsebene quantifiziert werden.

Da die Metalloprotease AprA bei allen proteolytisch aktiven Vertretern der Gattung *Pseudomonas* vorhanden ist, wurde *aprA* als Zielgen für den zu entwickelnden qPCR-Assay herangezogen. Für die Generierung der Primerpaare und Fluoreszenzsonden (TaqMan-Sonden) wurden folglich spezies-spezifische Sequenzabschnitte im *aprA* Gen der acht ausgewählten *Pseudomonas*-Arten identifiziert. Zusätzlich wurde zum Gattungsnachweis eine weitere Sonde und Primer gegen das hoch konservierte *rpoB* Gen hergestellt. In den bisherigen Tests wiesen alle Primer und Sonden im Singleplex-PCR-Ansatz eine hohe Spezifität und Sensitivität auf. Auch im Multiplex-Ansatz mit je drei Sonden pro Reaktion konnten erste positive Ergebnisse erzielt werden und keine störenden Wechselwirkungen zwischen den verschiedenen Primern, Sonden und DNA-Templates festgestellt werden. Zum Testen wurden Milchproben mit definierten Zellzahlen von *Pseudomonas*-Stämmen beimpft, anschließend die DNA der Proben isoliert und als Template im qPCR-Assay eingesetzt. Positive Fluoreszenzsignale wurden dabei zuverlässig ab einer *Pseudomonas*-Keimzahl von 10^3 KbE/mL detektiert. Die weitere Validierung des Assays mit unbeimpften Rohmilchproben von verschiedenen Molkereien wird Aufschluss darüber geben, ob sich die Methode auch in der Praxis zur Risikoabschätzung von Milchproben hinsichtlich der Peptidasebelastung eignet.

Das Forschungsvorhaben (AiF 18326 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: Neue und überlappende Gene, ihre Regulation und Funktion in pathogenen *Escherichia coli*

Gruppenleiter: Siegfried Scherer, Klaus Neuhaus

Unsere Arbeiten konzentrieren sich auf 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.

DNA kann, aufgrund des Triplett-Codes, an einem gegebenen Ort mehr als einem offenen Leseraster tragen. Diese überlappenden offenen Leseraster scheinen eine Kodierungsreserve für Bakterien darzustellen. Trotzdem sind überlappende Gene aus Bakterien vergleichsweise selten beschrieben worden. Ein Projekt widmet sich überlappenden und neuen Genen, die für EHEC und weitere Pathogene wichtig sind, um sich an verschiedene Umwelten anpassen zu können.

Nachweis einer Protein-Kodierung in neuen, nicht-annotierten Genen in EHEC

Detection of protein-coding in novel, not annotated genes in EHEC

Michaela Kreitmeier

Der experimentelle Nachweis, dass ein offener (überlappender) Leserahmen ein funktionales Protein kodiert, stellt nach wie vor eine große Herausforderung dar. Zunächst muss gezeigt werden, dass das potentielle neue Gen in RNA transkribiert wird. Allerdings könnte es sich in diesem Fall auch um eine nicht-kodierende RNA handeln, daher muss auch die Translation oder im Idealfall das Protein nachgewiesen werden. Im letzten Schritt kann die Funktion des Gens charakterisiert werden, was nur über die Detektion eines Phänotyps möglich ist.

Es wurden strang-spezifische Transkriptome (Nachweis von mRNA) und Translatome (*ribosomal footprints*, Nachweis von Translation in Protein) von EHEC erstellt. Basen-genaue *ribosomal footprints* sind in der Implementierung, um den Leserahmen für einzelne Gene bestimmen zu können. Diese Technik erlaubt es, die Protein-kodierende Natur neuer mRNAs zweifelsfrei nachweisen zu können.

Die Evolution überlappender Gene

The evolution of overlapping genes

Sonja Vanderhaeghen

Das relative Alter von überlappenden Genen des pathogenen Bakteriums *Escherichia coli* O157:H7 EDL933 lässt sich mit Hilfe der Phylostratigraphie bestimmen. Bisher gibt es nur wenige Informationen über die Funktionalität dieser vorwiegend jungen Gene, ebenso wie von bekannten Proteinen in der Datenbank, die eine Sequenzhomologie zu den überlappenden Genen in EHEC aufweisen. Beispielhaft wurde ein bisher nicht annotiertes Gen näher charakterisiert. Phänotypische Untersuchungen geben Hinweise über Umweltbedingungen und zelluläre Bereiche in denen das Gen aktiv ist. Zudem wurden Regulationselemente identifiziert und experimentell verifiziert. Die Wachstumsabhängige Regulation wurde mittels RT-qPCR näher untersucht. Es konnte nachgewiesen werden, dass das Gen speziell unter einer Stressbedingung in der exponentiellen Phase hochreguliert wird und eher in bereits adaptierten Zellen, als bei dem Adaptionsprozess eine Rolle spielt.

Die Evolution dieses Gens wird durch seine Lage im -2 Leserahmen (Muttergen: +1) durch die Evolution des Muttergens, welches hoch konserviert ist, beschränkt. Es wurde ein phylostratigraphischer Baum erstellt, der zeigt, dass das Gen deutlich jünger als das Muttergen ist. Es könnte daher durch Overprinting entstanden sein. Es außerdem konnte mRNA in homologen Sequenzen aus Bakterien der Ordnung *Enterobacteriales* mittels RT-qPCR nachgewiesen werden, was verdeutlicht, dass das Gen nicht nur in *Escherichia coli* aktiv ist.

Funktionale Charakterisierung von überlappenden Genen in EHEC

Functional characterization of overlapping genes in EHEC

Barbara Zehentner

Obwohl nur in Viren das Phänomen der überlappenden Gene akzeptiert ist, sind auch in Bakterien derartige Genpaare identifiziert worden. Die Existenz vieler überlappender offener Leserahmen in EHEC ist bioinformatisch belegt, deren Funktionalität muss allerdings noch bewiesen werden.

Experimentell konnte bereits mittels RNA-Seq und Ribo-Seq die Transkription sowie die Translation von über 200 überlappenden offenen Leserahmen nachgewiesen werden. Zusätzlich wurden diese in einem Hochdurchsatz Screening getestet und 59 Kandidaten mit Überexpressionsphänotyp gefunden, von denen 16 Phänotypen in einem weiteren Überexpressionsversuch reproduziert wurden. Für die weitere Charakterisierung der Funktionalität von neuen überlappenden Genen ist mit Cappable-Seq eine moderne Methode zur Bestimmung der Transkriptionsstarts (TSS) erfolgreich durchgeführt worden. Neben der Detektion von über 2000 TSS von annotierten Genen wurden auch TSS für über hundert überlappende Gene gefunden. Ausgewählte Kandidaten wurden näher untersucht. Neben der Erstellung von genomischen Knock-out Mutanten und der Identifizierung von KO-Phänotypen konnte bisher für einen Kandidaten ein aktiver Promoter nachgewiesen werden.

Arbeitsgruppe: Infektionsstrategien pathogener Darmbakterien

Gruppenleiter: Thilo M. Fuchs

Stoffwechsel von Enteropathogenen bei der Besiedelung von Darmnischen

Microbial metabolism relevant for gut niche occupation

Nicoletta Nolle

Enteropathogene Bakterien benötigen ausreichend Nährstoffe, um im Darm zu proliferieren, Virulenzfaktoren zu exprimieren, sich der Immunabwehr des Wirtes zu erwehren, die Epithelschicht zu kolonisieren und sich in neue Wirte auszubreiten. Bei der Nährstoffversorgung stehen sie einer starken Konkurrenz in Form der kommensalen Mikrobiota gegenüber. Über spezifische metabolische Eigenschaften gelingt es ihnen dennoch, sich ausreichend mit Kohlenstoff-, Stickstoff- und Energiequellen zu versorgen. Metabolische Fähigkeiten werden häufig durch distinkte chromosomale Regionen, sog. genomische Inseln, vermittelt und erhöhen das Potential von Bakterien, bislang unbesiedelte Nischen innerhalb eines Wirtes zu erobern. Das Verständnis des Metabolismus von pathogenen Bakterien dient somit der Prophylaxe und Bekämpfung von Infektionskrankheiten.

In kürzlich abgeschlossenen Projekten innerhalb des GRK 1482 („Interface function of the intestine between luminal factors and host signals“) und der Nachwuchsgruppe“ Microbe-host interaction“ am ZIEL beschäftigten wir uns daher mit der Fähigkeit von Salmonellen, ubiquitär im Säugetierdarm und in Lebensmitteln vorkommenden Verbindungen wie Zuckeralkohole, Ethanolamin und 1,2-Propandiol abzubauen.
Ein weiterer Fokus der Analysen war das Diät-abhängige Transkriptom von Salmonellen während einer Infektion. In den entsprechenden Mausversuchen wurden eine protein- und fetthaltige Diät und eine ballaststoffreiche vegetarische Diät verabreicht, und beide Mausgruppen wurden mit Salmonellen infiziert. Bei beiden Diäten erwies sich die Darmmikrobiota als relativ ähnlich in Bezug auf die bakterielle Zusammenfassung (Abb. 1).

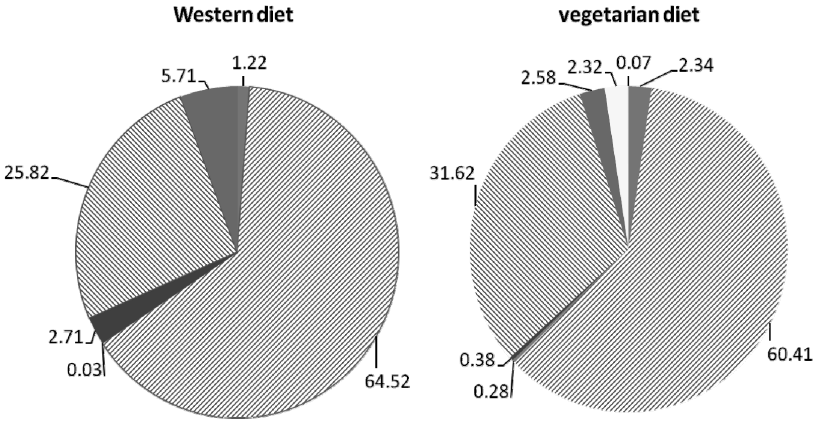


Abb. 1: Die Zusammensetzung der Maus-Mikrobiota in Abhängigkeit von der Diät. Links: Protein- und fettreiche Western-Diät, rechts ballststoffreiche vegetarische Diät. (Nolle *et al.*, unpublished).

Kolonisierende Bakterien wurden dann mit Antikörpern aus dem Darmlumen isoliert, um schließlich ihre RNA zu gewinnen. Auf die beiden Diäten reagierten die Salmonellen sehr unterschiedliche, wobei Differenzen in metabolischen Funktionen am häufigsten waren. Ein prominentes Beispiel hierfür war eine genomische Insel, die für den Abbau von Galaktitol verantwortlich ist. Das Besondere an dieser Determinante ist die Tatsache, dass der Knockout einzelner Gene der Genominsel zu einer Attenuation der Salmonellen in verschiedenen Tierarten führte. Die Galaktitol-Insel kodiert für ein spezifisches Phosphotransferase-System (PTS), für einen Regulator sowie eine Reihe von Enzymen, die zur Verstoffwechslung von Galaktitol und D-Tagatose beitragen. Anschließend wurden Mäuse mit *Salmonella*-Mutanten infiziert, die zum Abbau von Galaktitol nicht mehr fähig waren; hierbei zeigte sich eine Tendenz zur Proliferationsabschwächung dieser Mutanten im Vergleich zum nicht-mutierten Parentalstamm.

Der *myo*-Inositol-Metabolismus von *Salmonella enterica* serovar Typhimurium

Myo-*inositol metabolism of* Salmonella enterica *serovar Typhimurium*

Jessica Hellinckx/Angela Felsl

Die Enteritis-Salmonellosen des Menschen gehören zu den bedeutendsten Infektionskrankheiten des Gastrointestinaltrakts. Erfreulicherweise hat sich die Zahl der dem Robert Koch-Institut gemeldeten Fälle seit 2006 etwa halbiert. Im Jahr 2013 wurden aber immer noch mehr als 20.000 Fälle bekannt, wobei die Anzahl der nicht registrierten Erkrankungen vermutlich deutlich höher liegt. Die durch eine Vielzahl verschiedener Salmonellen induzierten Infektionen werden häufig durch die Aufnahme kontaminierter Nahrungsmittel ausgelöst. Die meisten Salmonellen überdauern subklinisch bzw. symptomfrei in verschiedenen landwirtschaftlich genutzten Tierarten und lösen erst beim Menschen typischerweise eine Gastroenteritis oder, in sehr wenigen Fällen, eine systemische Infektion aus. Obwohl Salmonellen zu den sehr gut untersuchten Modellpathogenen zählen, ist es noch weitgehend ungeklärt, welche Nährstoffe ihnen während der Infektion zum Wachstum zur Verfügung stehen, und welche spezifischen, zu ihren Virulenzeigenschaften beitragenden Stoffwechselwege sie dabei für ihre Proliferation aktivieren.

Ein Beispiel hierfür ist die Nutzung von *myo*-Inositol als Kohlenstoff- und Energiequelle durch *Salmonella enterica* serovar Typhimurium (*S.* Typhimurium). Die „metabolische Insel" GEI4417/4436 trägt die für den Abbau benötigten *iol*-Gene. In den letzten Jahren konnten wir die komplexe Regulation der *iol*-Gene entschlüsseln, indem wir die Transkriptionsaktivität einzelner Promotoren mittels des Luziferase-Reporters charakterisierten. Über Protein-DNA-Bindungsexperimente konnten der zentrale Repressor dieses Abbauweges, IolR, sowie ein neuer Aktivator, ReiD, charakterisiert werden (Kröger & Fuchs, J. Bacteriol. 2009, 191:545-554; Rothhardt *et al*., Mol. Microbiol. 2014, 94: 700-712). Außerdem gelang in Zusammenarbeit mit Jürgen Stolz (ZIEL, Abteilung Biochemie) die Charakterisierung des hauptsächlichen Transporters von *myo*-Inositol (Kröger *et al*., Microbiology 2010, 156:128-138).

Ein auffälliges Charakteristikum des Wachstums von *S.* Typhimurium auf *myo*-Inositol ist die außergewöhnlich lange Verzögerungsphase von etwa zwei Tagen bis zum Beginn des exponentiellen Wachstums. Diese Verzögerungsphase kann jedoch durch Deletion des Repressors IolR oder die Zugabe von Hydrogenkarbonat, wodurch ein Darmmilieu simuliert wird, wieder aufgehoben wird. Hintergrund dieser Eigenschaft ist der bistabile Phänotyp von *S.* Typhimurium beim Wachstum mit *myo*-Inositol als alleiniger Kohlenstoff- und Energiequelle beobachtet (Kröger *et al*., J. Bacteriol. 2011, 193:1427-1435). Diese bakterielle Heterogenität konnte durch FACS-gestützte Analyse kausal mit der bistabilen Expression desjenigen Promoters, der die Expression der initialen *myo*-Inositol-abbauenden Enzyme steuert, korreliert werden. Außerdem konnten wir zeigen, dass die Fähigkeit zum Inositolabbau der Hysterese unterliegt. Der Schwerpunkt unserer Arbeiten lag zuletzt auf der detaillierten Analyse der starken Repression des *myo*-Inositol-Abbauweges durch den Repressor IolR. Dessen Interaktion mit den meisten Promotoren der *iol*-Gene wurde durch sog. Bandshift-Assays nachgewiesen. In Zusammenarbeit mit Ralf Heermann von der Ludwig-Maximilians-Universität München konnte mittels Biacore-Analytik die unterschiedlich starke Affinität des Repressors zu einzelnen Promoterbindestellen quantifiziert werden. Aus diesen Daten konnte ein Regulationsmodell entwickelt werden, bei dem durch IolR-Oligomerisierung zwei DNA-Stellen so verbunden werden, dass eine Transkription der *iol*-Gene unmöglich wird. Schließlich wiesen wir unter Verwendung einer *iolR*-Mutante nach, dass eine unzeitige Expression

der *iol*-Gene in LB-Medium zu einem erheblichen Fitnessnachteil gegenüber dem nicht-mutierten Parentalstamm führt, was die ungewöhnlich starke Repression in Abwesenheit von *myo*-Inositol ausreichend erklärt (Abb. 2).

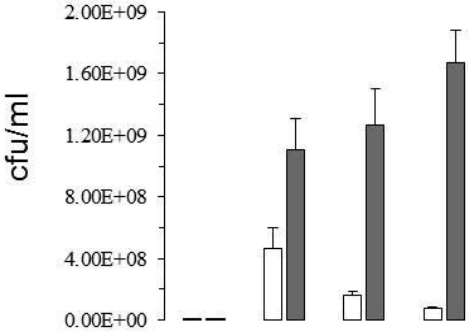


Abb. 2: Fitnessnachteil einer *iolR*-Mutante (weiß) von *Salmonella* im Vergleich zum Parentalstamm (grau). Beide Stämme wurden im Verhältnis 1:1 gemischt und in LB-Medium in drei aufeinanderfolgenden Kulturen inkubiert. Am Ende der 3. Passage wurde ein Verhältnis Parentalstamm/Mutante von etwa 441:1 beobachtet (Hellinckx and Fuchs, 2017).

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**

Jakob Schardt

Die meisten bekannten *Listeria*-Arten sind harmlos, jedoch können *Listeria monocytogenes* und *Listeria ivanovii* bei Mensch und Tier gastrointestinale Beschwerden hervorrufen. In seltenen Fällen, insbesondere bei immunsupprimierten und älteren Menschen, kann es aber auch zu schweren invasiven Verläufen mit eitrigen Entzündungen von Hirnhaut und Gehirn (Enzephalomeningitis) oder Totgeburten bei Schwangeren kommen. *L. monocytogenes* ist vor allem in der Lebensmittelindustrie gefürchtet, weil es sich in Obst, Gemüse, Fisch und vor allem Milch- und Fleischprodukten auch bei niedrigen Temperaturen vermehren kann und damit die Schutzfunktion der Kühlung umgeht. 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 phagozytische Zellen wie Makrophagen, aber auch nicht professionell phagozytische Zellen wie z.B. Epithelzellen, Hepatocyten, Fibroplasten oder Endothelzellen fungieren. Die Fähigkeit, die Vakuolen zu verlassen und frei im Zytoplasma der Wirtszelle zu replizieren, unterscheidet *L. monocytogenes* von dem Großteil der intrazellulären Pathogene. Eine erfolgreiche intrazytoplasmatische Lebensweise ist die Folge von einer Reihe metabolischer Anpassungen des Pathogens, die von uns charakterisiert wurden (Schauer *et al*., BMC Genomics 2010, 11:573; Fuchs *et al*., FEMS Microbiol. Rev. 2012, 36:435-462). Insbesondere wurden hierbei Gene identifiziert, die für die intrazelluläre Lebensphase von *L. monocytogenes* von entscheidender Bedeutung sind. Ein Beispiel ist die Verwertung des im Zytosol durch den Abbau von Phospholipiden oder Triglyceriden freigesetzten Glycerins, das während des intrazellulären Wachstums alternativ zu Glukose als C-Quelle dient (Joseph *et al*., J. Bacteriol. 2006, 188:556-568; Schauer *et al*., J. Bacteriol. 2009, 191:2218-2227).

In Zusammenarbeit mit Wolfgang Eisenreich (Lehrstuhl für Biochemie der Technischen Universität München, Garching) wurden desweiteren umfangreiche Untersuchungen zum Stickstoff-Metabolismus von *L. monocytogenes* durchgeführt. Hierbei wurde ein metabolischer Stickstofffluss vom Wirt zum Pathogen während der Infektion von Nematoden mittels der ^{15}N-Isotopologen-Analyse beobachtet (Kern *et al.*, 2016; Kutzner *et al.*, 2016). Außerdem wurde erstmals das Repertoire der listeriellen Stickstoffquellen systematisch erschlossen; es konnte erstmals gezeigt werden, dass der Stickstoffpool von Listerien außer durch Ammonium und Glutamin durch Methionin und die verzweigtkettigen Aminosäuren, aber auch durch den Abbau von Glucosamin oder Ethanolamin aufgefüllt werden kann.

Außerdem beschäftigten wir uns mit dem Verhalten pathogener und nicht-pathogener Listerien während der Replikation im Darmlumen. Es zeigte sich, dass als apathogen bekannte Arten zumindest vorübergehen den Mausdarm kolonisieren können. Ein speziesübergreifender Genomvergleich identifizierte dann eine Reihe von neuen, am listeriellen Infektionsgeschehen beteiligten Determinanten. Von diesen erwiesen sich zwei, nämlich ein ABC-Transporter und die Fähigkeit zum Abbau von Propandiol, im Mausversuch als relevant für die Proliferation und das Überleben von Listerien im Darm (Abb. 3)

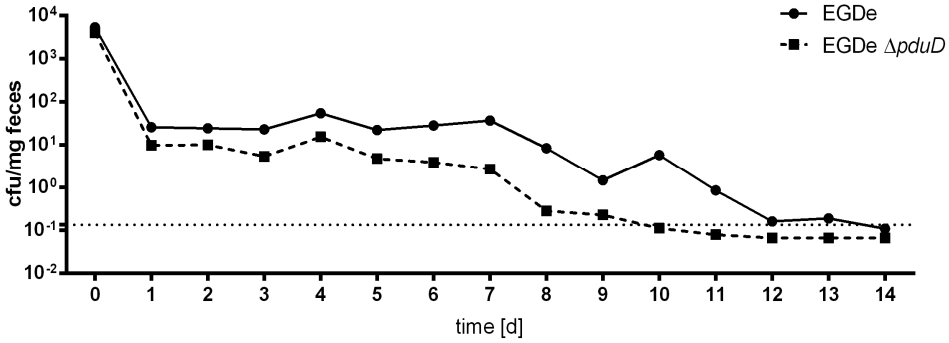


Abb. 3: Reduzierte Proliferation einer Mutante von *L. monocytogenes*, die nicht mehr zur Verwertung von Propandiol in der Lage ist. Im Vergleich zum Wildtyp zeigt die Mutante eine verringerte Proliferationsfähigkeit (Schardt *et al.*, 2017).

Insektizide Aktivität von *Yersinia enterocolitica*

***Insecticidal activity of* Yersinia enterocolitica**

Katharina Springer

Die Gruppe der Yersinien umfasst mindestens 15 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. Während die für den Menschen krankheitsauslösenden Faktoren des Pathogens mittlerweile gut untersucht sind, ist über die Molekularbiologie der Vermehrung von Yersinien außerhalb des Menschen noch vergleichsweise wenig bekannt.

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 (Abb. 4). Diese werden nur bei Umwelttemperaturen produziert, während ihre Transkription bei 37°C vollständig reprimiert ist. Die Tc-Proteine kommen auch in dem mit Nematoden assoziierten, gegenüber Insektenlarven hochpathogenen Bakterium *Photorhabdus luminescens* vor. 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.

Es unserer Arbeitsgruppe erstmals, am Beispiel von *Y. enterocolitica*, das Vorkommen der *tc*-Gene in Yersinien mit der Aktivität gegenüber Insekten und Nematoden in einen kausalen Zusammenhang zu bringen (Bresolin *et al*., Mol. Microbiol. 2006, 59:503-512; Spanier *et al*., Appl. Environ. Microbiol. 2010, 76:6277-6285).

Mit Hilfe des Luziferase-Reportersystems sowie durch den Knockout verschiedener globaler *Yersinia* Transkriptionsregulatoren haben wir jüngst die molekularen Mechanismen, die der kälteinduzierten Expression der *tc*-Gene sowie der Freisetzung bzw. dem Transport der Tc-Proteine aus der Zelle zugrunde liegen, aufgeklärt (Starke *et al.*, 2013; Starke & Fuchs, 2014). Hierbei wurde ein neuartiger, LysR-artiger Transkriptionsfaktor als Schlüsselfaktor für die Aktivierung der *tc*-Gene bei niedrigen Temperaturen identifiziert. TcaR2 ist autoreguliert, bindet an verschiedene Promotoren der Pathogenitätsinsel und ist bei 37°C instabil. Gleichzeitig wirkt ein Komplex aus dem DNA-bindenden Faktor H-NS und dem sog. „*Yersinia* modulator of virulence“, YmoA, repressorisch auf die Expression der *tc*-Gene. Mit abnehmender Temperatur hingegen stabilisiert sich TcaR2, dessen Produktion dadurch gesteigert wird, während der H-NS/YmoA-Komplex zunehmend an Funktionalität. Aus diesen Daten wurde ein Regulationsmodell der insektiziden Aktivität abgeleitet. Die aktuellen Arbeiten beschäftigen sich mit der Funktion Phagen-verwandter Gene, die ebenfalls auf der Insel lokalisiert sind (Abb. 4).

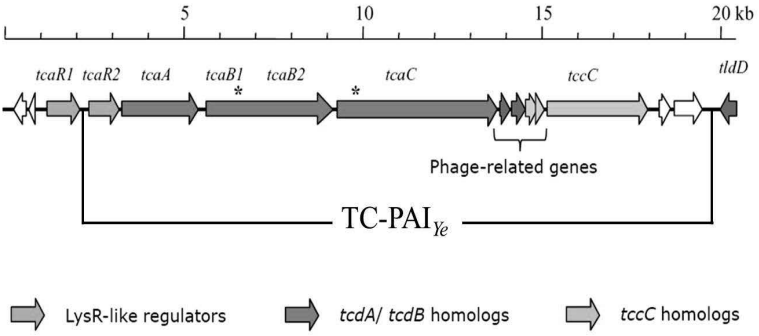


Abb. 4: Genetische Organisation der insektiziden Pathogenitätsinsel TC-PAI$_{Ye}$ von *Y. enterocolitica* W22703. Die Phagen-verwandten und in den Toxininseln aller Yersinien hochkonservierten Gene, die für eine Lyekassette kodieren, sind gezeigt.

Diese Gene kodieren eine aus einem Holin und einem Endolysin Lysekassette. In ersten Versuchen konnte die biologische Funktionalität der Kassette sowohl in *E. coli* als auch in Yersinien demonstriert werden. Derzeit beschäftigen wir uns mit der temperaturabhängigen Aktivität des Holins und des Endolysins.

Dissertationen, Master- und Bachelorarbeiten

Dissertationen

Mühlig, Anna, Dr. rer. nat., 16.03.2017, Technische Universität München
„Effect of Nitrite on *Salmonella* Typhimurium and *E. coli* O156:H7 (EHEC) under Food-Related Conditions“

Nolle, Nicoletta, Dr. rer. nat., 29.03.2017, Technische Universität München
„*Salmonella* Typhimurium-Infektion: Ernährungs-abhängiges Transkriptom und Charakterisierung eines Galaktitol-spezifischen Aufnahmesystems“

Rothardt, Johannes, Dr. rer. nat., 07.06.2017 Technische Universität München
„Regulation des *myo*-Inositol-Metabolismus von *Salmonella* Typhimurium durch den Aktivator ReiD und die sRNA RssR

Masterarbeiten

Abellan Schnyder, Isabel: „Analyse überlappender Gene in *E. coli* O157:H7 Sakai mittels RIBOseq“

Claus, Annika: „Mikrobieller Verderb von doppelt baktofugierter ESL-Milch: Analyse der Mikrobiota sowie der Eintragsrouten potentieller Verderbskeime“

Hoffard, Nils: „Untersuchung der überlappenden offenen Leserahmen im nicht annotierten Genom von *Escherichia coli* Serotyp O157:H7 Stamm EDL933 auf proteolytische Aktivität“

Sichler, Mirjam: „Thermophilic spore forming bacteria in milk and whey powder: process monitoring and characterisation

Pingel, Nele: „Quantifizierung bakterieller Peptidase-aktivität in Milch mittels Bioluminescenz-Resonanzenergietransfer (BRET)-Technologie“

Brolle, Judith: „Das Mikrobiom von *Ixodes ricinus*: Natürliche Varianz in Exemplaren aus einem bayerischen Habitat“

Jeske, Rimma: „Construction of a recombinant affinity matrix for the enrichment of Botulinum Neurotoxin from complex matrices“

Bachelorarbeiten

Steinert, Letyfee Sarah: „Zelluläre Lokalisierung von neuen Proteinen aus EHEC mittels GFP und PhoA“

Pham, Anh Mai: „Effekt der Milchlagerungsdauer (Stapeldauer) auf die AprA Peptidaseaktivität und *aprA* Transkription von verschiedenen *Pseudomonas* Isolaten“

Mignard, Claire: „Thermophilic spore forming bacteria within the production of skimmed milk powder: process monitoring and growth characterisation“

Gibisch Jessica:

Veröffentlichungen

Böhnlein C, Kabisch J, Müller-Herbst S, Fiedler G, Franz C, Pichner R (2017) Persistence and reduction of Shiga toxin-producing *Escherichia coli* serotype O26:H11 in different types of raw fermented sausages. International Journal of Food Microbiology 261:82-88

Doll EV, Scherer S, Wenning M (2017) Spoilage of microfiltered and pasteurized extended shelf life milk is mainly induced by psychrotolerant Spore-Forming Bacteria that often Originate from Recontamination. Frontiers in Microbiology 8:135 DOI 10.3389/fmicb2017.00135

Ferrari E, Walter MC, Huptas C, Scherer S, Müller-Herbst S (2017) Complete circular genome sequence and temperature independent adaptation to Anaerobiosis of *Listeria weihenstephanensis* DSM 24698. Frontiers in Microbiology Vol.8, 1672

Hellinckx J, Heermann R, Felsl A, Fuchs TM (2017) High binding affinity of repressor IoIR avoids costs of untimely induction of *myo*-inositol utilization by *Salmonella Typhimurium*. Scientific Reports 7:44362. Doi: 10.1038/srep44362

Hücker SM, Ardern Z, Goldberg T, Schafferhans A, Bernhofer M, Vestergaard G, Nelson CW, Schloter M, Rost B, Scherer S, Neuhaus K (2017) Discovery of numerous novel small genes in the intergenic regions of the *Escherichia coli* O157:H7 Sakai genome.PLoS One. 2017 Sep 13;12(9):e0184119

Neuhaus K, Landstorfer R, Simon S, Schober S, Wright PR, Smith C, Backofen R, Wecko R, Keim DA, Scherer S (2017) Differentiation of nRNAs from small mRNAs in *Escherichia coli* O157:H7 EDL933 (EHEC) by combined RNAseq and RIBOseq-*ryhB* encodes the regulatory RNA RyhB and a peptide RyhP. BMC Genomics 18(1):216

Nolle N, Felsl A, Heermann R, Fuchs TM (2017) Genetic characterization of the Galactitol utilization pathway of *Salmonella enterica* serovar Typhimurium. Journal of Bacteriology 199, 4:e00595-16. doi.org/10.1128/JB.00595-16

Schardt J, Jones G, Müller-Herbst S, Schauer K, D'Orazio SEF, Fuchs TM (2017) Comparison between *Listeria sensu stricto* and *Listeria sensu lato* strains identifies novel determinants involved in infection. Scientific Reports 7:17821 DOI: 10.1038./s41598-1017-17570-0

Lehrstuhl für Betriebswirtschaftslehre – Produktion und Supply Chain Management

Adresse

TU München
Lehrstuhl für Betriebswirtschaftslehre – Produktion und Supply Chain Management

Arcisstr. 21
D-80333 München

Telefon: 089/289 24870
Telefax: 089/289 24872

Internet: www.scm.wi.tum.de
E-Mail: scm@wi.tum.de

Personal

Leitung: Prof. Dr. Martin Grunow

Inhaber des Lehrstuhls für Produktion und Supply Chain Management
martin.grunow@tum.de

Forschung

Einfluss der Produkthaltbarkeit auf ökonomische und ökologische Ziele in der Wertschöpfungskette von Milchprodukten

Impact of shelf life on the trade-off between economic and environmental objectives: a dairy case

Bryndís Stefánsdóttir, Verena Depping, Martin Grunow, Ulrich Kulozik

Die Einführung neuer, umweltfreundlicher Prozesse zur Herstellung von Lebensmitteln geht oft mit einer Reduzierung der Produkthaltbarkeit einher. Dieser Zusammenhang kann zum Beispiel beobachtet werden, wenn die Intensität einer thermischen Behandlung reduziert wird, ein Einfrieren zur zwischenzeitlichen Stabilisierung vermieden wird oder ein Wechsel von einer thermischen Behandlung hin zu einer Verpackung unter modifizierter Atmosphäre erfolgt (s. Pardo und Zufía, 2012). In der Milchindustrie ist es beispielsweise möglich, den energieintensiven Trocknungsschritt bei der Pulverherstellung einzusparen. Milchpulver werden damit durch Milchkonzentrate ersetzt. Milchkonzentrate besitzen jedoch eine deutliche geringere Haltbarkeit (9-50 Tage) im Vergleich zu Milchpulvern (bis zu 2 Jahre). Des Weiteren benötigen die meisten Milchkonzentrate eine Kühllagerung während Milchpulver unter Raumtemperatur gelagert werden können. Neue, leicht verderbliche Produkte wie Milchkonzentrate müssen deshalb entlang der gesamten Wertschöpfungskette hinsichtlich ihrer Umwelteinflüsse bewertet werden, um zu bestimmen, ob Einsparungen in der Produktion erhöhte Umwelteinflüsse in der nachgelagerten Wertschöpfungskette (über-)kompensieren (Depping et al., 2017). Darüber hinaus wird die ökonomische Performance negativ durch eine geringere

Haltbarkeit beeinflusst. Langlebige Produkte wie Milchpulver können bei Preisfluktuationen vorteilhaft sein. Sie ermöglichen es, höhere Gewinne zu erzielen, da der Verkaufszeitpunkt bis zum Erreichen höherer Preisniveaus verzögert werden kann. Aufgrund ihrer geringeren Haltbarkeit bieten Milchkonzentrate diese Möglichkeit nur eingeschränkt. Für die strategische Auswahl neuer, umweltfreundlicher Prozesse und Produkte ist es deshalb nötig, den Einfluss von Produkthaltbarkeit auf ökonomische und ökologische Ziele umfassend zu bestimmen.

Diesen Einfluss haben wir mit Hilfe eines hierfür entwickelten konzeptionellen Rahmens untersucht (Stefánsdóttir et al., 2018). Bestandteil des konzeptionellen Rahmens ist ein mehrkriterielles Optimierungsmodell, das in der Zielfunktion ökonomische Kriterien (Kosten bzw. Profit) mit entscheidenden Umweltkriterien (kumulierter Energiebedarf, Treibhauspotenzial, Versauerungspotenzial und Eutrophierung) vereint. Da Modelle mit einer hohen Zahl an Zielen rechnerisch schwer zu lösen sind, reduzieren wir die Anzahl an Zielen mit Hilfe der δ-Fehler Methode (Englisch: δ-error method), um Zielkonflikte zu identifizieren (vgl. Brockhoff und Zitzler, 2006). Wie in der betrieblichen Praxis berücksichtigen wir Preisfluktuationen, indem wir die Preisinformationen mittels eines rollierenden Zeithorizonts aktualisieren.

Dieser konzeptionelle Rahmen wurde für den Vergleich von Milchpulvern und -konzentraten genutzt. Hierfür wurden detaillierte ökonomische und ökologische Daten entlang der Wertschöpfungskette von Magermilchpulvern und -konzentraten erhoben. Die Praktikabilität des entwickelten und in IBM ILOG CPLEX Optimization Studio 12.6 implementierten Entscheidungswerkzeugs wurde basierend auf bei Industriepartnern erhobenen Daten getestet und nachgewiesen. Der Einfluss der Preisfluktuation wurde für den Zeitraum 2013 bis 2016 bestimmt. Zum einen wurde dabei eine perfekte Preisinformation im Voraus unterstellt. Zum anderen wurden Preisvorhersagen auf der Basis der Preise für Eurex Futures für Magermilchpulver verwendet.

Die Ergebnisse zeigen, dass die Möglichkeit der Produktion von Magermilchpulvern im Vergleich zur ausschließlichen Produktion von Magermilchkonzentraten einen potenziell höheren Gewinn von bis zu 34.5% bietet (vgl. Abbildung 1). Dieser ökonomische Wert von Produkthaltbarkeit beruht allerdings auf einer perfekten Preisinformation im Vornherein. Falls – wie in der Realität – vorab keine perfekten Preisinformationen vorliegen sondern Futures als Preisprädiktor verwendet werden, beträgt der ökonomische Wert der Produkthaltbarkeit nur noch 1.1%. Grund hierfür ist unter anderem, dass Futures den starken Preisanstieg von Magermilchpulver im Frühling 2013 nicht vorhersagen konnten. Bei Preisprädiktionen mit Futures wäre somit weniger Magermilchpulver eingelagert und später verkauft worden als bei perfekten Preisinformationen. Zudem prognostizierten Futures über den betrachteten Zeitraum insgesamt eine geringere Preisvariabilität. Die Möglichkeit der Einlagerung ist somit kein starkes Argument gegen die Substitution von Pulvern durch umweltfreundlichere Konzentrate.

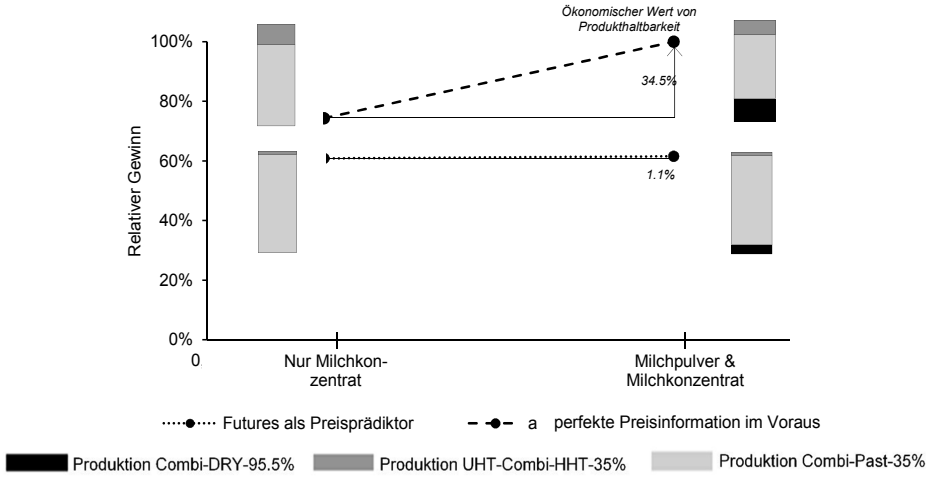


Abb. 1: Ökonomischer Wert von Produkthaltbarkeit. Die gestapelten Säulen zeigen die Anteile unterschiedlicher Produkt- und Prozessvarianten am Produktionsvolumen. Abkürzungen: Combi–Umkehrosmose mit anschließender Eindampfung, DRY–Sprühtrocknung, HHT–Hocherhitzung, Past–Pasteurisierung, UHT–Ultrahocherhitzung.

Die Ergebnisse verdeutlichen darüber hinaus, dass ökonomische und ökologische Ziele meist kongruent sind. So konnten mittels der δ-Fehler Methode die Indikatoren Gewinn, kumulierter Energiebedarf, Treibhauspotenzial und Versauerungspotenzial auf ein Ziel reduziert werden (δ-Fehler = 0). Einzig das Eutrophierungspotenzial weist in eine entgegengesetzte Richtung. Abbildung 2 zeigt den Zielkonflikt zwischen relativem Gewinn und Eutrophierungspotenzial.

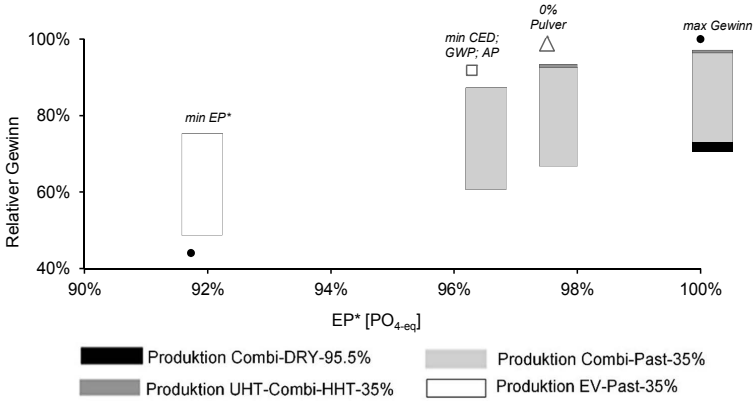


Abb. 2: Zielkonflikt zwischen relativem Gewinn und Eutrophierungspotenzial bei der Verwendung von Futures als Preisprädiktoren. Die gestapelten Säulen zeigen die Anteile unterschiedlicher Produkt- und Prozessvarianten am Produktionsvolumen. Das Quadrat stellt die optimale Lösung für die Indikatoren kumulierter Energiebedarf, Treibhauspotenzial und Versauerungspotenzial dar. Das Dreieck stellt die optimale Lösung bei einer ausschließlichen Verwendung von Konzentraten unter Preisprädiktionen mit Futures dar. Abkürzungen: AP–Versauerungspotenzial, CED–Kumulierter Energiebedarf, Combi–Umkehrosmose mit anschließender Eindampfung, DRY–Sprühtrocknung, EP*–Anteil des Eutrophierungspotenzials, welchen die Molkerei beeinflussen kann, GWP–Treibhauspotenzial, HHT–Hocherhitzung, Past–Pasteurisierung, UHT–Ultrahocherhitzung.

Während eine Gewinnmaximierung zu einer Wahl von Magermilchpulvern und -konzentraten führt, die mittels kombinierter Konzentrierung (Combi, d.h. Umkehrosmose und nachfolgender Eindampfung) hergestellt werden, führt die Minimierung des Eutrophierungspotenzials zu einer ausschließlichen Wahl von Konzentraten mit einer kurzen Haltbarkeit, die nur mittels Eindampfung (EV) konzentriert werden. Der relative Gewinn sinkt substanziell, wenn Eindampfung anstelle von kombinierter Konzentrierung verwendet wird. Eine Lösung, die auf der Minimierung des Eutrophierungspotenzials beruht, ist somit in der Praxis unrealistisch.

Die Minimierung der anderen Umweltkategorien *kumulierter Energiebedarf*, *Treibhauspotenzial* und *Versauerungspotenzial* favorisiert indes, in Übereinstimmung mit einer Maximierung des relativen Gewinns, Konzentrate, die mittels kombinierter Konzentrierung hergestellt werden. Dabei werden ausschließlich pasteurisierte Konzentrate mit einer kurzen Haltbarkeit gewählt. Diese Möglichkeit kommt einer Molkerei gleich, die von Pulvern auf Konzentrate umstellt und keine Futures als Preisprädiktoren verwendet, sondern die produzierten Konzentrate direkt verkauft. Allerdings reduziert sich der Gewinn um ca. 7%. gegenüber einer Molkerei, die zwar Pulver vollständig ersetzt, aber dennoch den Gewinn mithilfe von haltbareren Konzentraten und von Futures als Preisprädiktoren maximiert.

Im Rahmen dieser Studie konnten somit Produkte und Prozesse bestimmt werden, die sowohl hinsichtlich ökonomischer als auch ökologischer Ziele sehr gut abschneiden. Dabei wurde deutlich, dass umweltfreundliche Milchkonzentrate eine gute Alternative zu Milchpulvern darstellen.

Literatur:

Brockhoff, D., Zitzler, E., 2006. Are all objectives necessary? On dimensionality reduction in evolutionary multiobjective Optimization. In: Runarsson, T.P., Beyer, H.-G., Burke, E., Merelo-Guervós, J.J., Whitley, L.D, Yao, X. (Eds.). Parallel Problem Solving from Nature - PPSN IX (pp. 533–542). Berlin: Springer.

Depping, V., Grunow, M., Van Middelaar, C., Dumpler, J., 2017. Integrating environmental impact assessment into new product development and processing-technology selection. Milk concentrates as substitutes for milk powders. Journal of Cleaner Production, 149, 1–10.

Pardo, G., Zufía, J., 2012. Life cycle assessment of food-preservation technologies. Journal of Cleaner Production, 28, 198–207.

Stefánsdóttir, B., Depping, V., Grunow, M., Kulozik, U., 2018. Impact of shelf life on the trade-off between economic and environmental objectives: a dairy case. Working paper.

Dank: Die Förderung des Vorhabens erfolgt aus Mitteln des Bundesministeriums für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL) aufgrund eines Beschlusses des deutschen Bundestages. Die Projektträgerschaft erfolgt über die Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE) im Rahmen des Programms zur Innovationsförderung.

Lehrstuhl für Lebensmittel- und Bio-Prozesstechnik / ZIEL Institute for Food & Health (Abt. Technologie)

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(at)tum.de

Personal

Leitung:	Univ.-Prof. Dr.-Ing. habil. Ulrich Kulozik	-3535
Sekretariat:	Sabine Becker	-4205
	Friederike Schöpflin	-5851
Mitarbeiter:	Sabine Ambros, M.Sc.	-3536
	David Andlinger, M.Sc. (ab 01.11.2017)	-3856
	Agnetha Behrendt (ab 01.06.2017)	-3939
	Steffen Benteler, M.Sc. (ab 15.12.2017)	-3481
	Annette Brümmer-Rolf	-3937
	Evelyn Dachmann, Dipl.-Ing. (FH)	-5317
	Jannika Dombrowski, Dr.-Ing.	-3534
	Joseph Dumpler, Dipl.-Ing. (bis 31.03.2017)	-3939
	Rosemarie Eberhard (bis 31.05.2017)	-3942
	Christian Ederer	-3537
	Elisabeth Eschlbeck, Dipl.-Ing. (bis 31.05.2017)	-3939
	Franz Fraunhofer	-3537
	Oliver Gmach, M.Sc.	-5317
	Sabine Grabbe, Dipl.-Ing. (FH)	-3534
	Sabine Günzkofer (bis 31.03.2017)	-3939
	Eva Guyot, Dipl.-Ing. (ab 24.09.2017)	-3855
	Christine Haas (ab 01.01.2018)	-5056
	Regina Haindl, M.Sc.	-3534
	Ilona Hager (bis 31.12.2017)	-2474
	Nicole Haller, M.Sc.	-3534
	Martin Hartinger, M.Sc.	-3719
	Hans-Jürgen Heidebrecht, Dipl.-Ing./M.Sc.	-3481

Claudia Hengst	-3937
Alexander Herzum	-2474
Martin Hilz	-3937
Ingrun Kieferle, M.Sc.	-5032
Christian Kleemann, Dipl.-Ing. (bis 31.12.2017)	-2507
Peter Kubbutat, M.Sc.	-5317
Yuhong Mao, M.Sc.	-3855
Melanie Marx, M.Sc.	-3855
Mine Özçelik Kocak, M.Sc.	-5056
Michael Reitmaier, Dipl.-Ing. (FH)	-3942
Eva Rehklau (bis 28.02.2017)	-3937
Hermine Roßgoderer	-3937
Daniel Saalfeld, Dipl.-Chem.	-3856
Simon Schiffer, M.Sc. (ab 01.04.2017)	-3939
Iris Schmitz-Schug, Dr.-Ing. (bis 28.02.2017)	-3534
Erich Schneider	-3537
Roland Schopf, M.Sc. (ab 15.06.2017)	-5056
Anne-Martha Schwarz, B.Sc.	-5031
Stefanie Sedlmeier, LM-Chemikerin	-3719
Philipp Stier, M.Sc.	-5032
Mirjana Stulac	-3942
Günther Unterbuchberger	-3942
Malou Warnke, M.Sc. (ab 15.11.2017)	-2474
Maria Weinberger, M.Sc.	-3856
Heidi Wohlschläger	-3941
Magdalena Wolz, Dipl.-Ing.	-5032

Gäste

Prof. Dr. José Aguilera, Department of Chemical and Bioprocess Engineering, UniversidadCatólica de Chile, Santiago, Chile, Forschungsaufenthalt über Alexander-von-Humboldt-Stiftung, 17.05. – 10.06.2017

Vorwort

Die vorangegangenen Jahre waren sehr gut, 2017 gefühlt noch besser. Wieder hat es hochwertige Auszeichnungen gegeben. Die Preise für Dr. Jannika Dombrowski zeigen wie ähnliche Auszeichnungen in den vergangenen Jahren, dass unsere Forschungsarbeit international wettbewerbsfähig ist. Vier Dissertationen kamen zum Abschluss. 24 Publikationen, davon 14 wissenschaftliche Originalarbeiten in international hochrangigen Journalen (10 weitere sind bereits publiziert, fallen aber formell in den Berichtszeitraum 2018, und 11 befinden sich bereits im Begutachtungsprozess) und 10 nicht weniger wichtige Veröffentlichungen in deutsch- bzw. englischsprachigen Praxisjournals dokumentieren wieder einmal, dass sich die für Forschungseinrichtungen wichtige Sichtbarkeit im wissenschaftlichem Umfeld mit einer Sicht-

barkeit in von Anwendern der Ergebnisse gelesenen Zeitschriften sehr gut verträgt und mit einem Transfer von Wissen in die Praxis ohne Probleme kombinieren lässt.

Wieder wurden erfolgreich Forschungsmittel eingeworben, im Jahr 2017 auf historischem Höchststand seit Gründung des Lehrstuhls. Publikationsoutput und Mittelinput stehen demnach wieder in angemessenem Verhältnis zueinander. Der Lehrstuhl liegt damit wieder sehr weit vorne am Weihenstephaner Campus sowie mit in der Spitzengruppe der TU München. Eine Erhebung der Publikationsleistung im internationalen Vergleich ("Shanghai-Ranking") ergab, dass die TU München im Segment `Food Science and Technology´ die beste deutsche Universität ist, und die Weihenstephaner Forschung in den Lebensmittelwissenschaften darin sogar besser positioniert ist als die TU München im Durchschnitt aller Disziplinen. Wir sind froh, dazu einen Beitrag geleistet zu haben, was allen Beteiligten viel abverlangt, wenn die Kontinuität in Kompetenz und Funktionalität der Infrastruktur bei dem im Lehrstuhlbetrieb normalen häufigen Personalwechsel aufrechterhalten werden muss.

Auch wenn es eine Binsenweisheit ist und zum Glück in jedem Jahr wiederholt werden kann: Diese Ergebnisse beruhen auf Leistungen aller MitarbeiterInnen, ob in der Projektarbeit, als Doktoranden, als technische Mitarbeiter in Labor, Technikum oder Werkstatt sowie im Sekretariats- bzw. Organisationsmanagement. Unverzichtbar waren auch wieder die Beiträge unserer Studierenden, die mit 21 Bachelor- und 25 Masterarbeiten (gut betreut im Team mit unseren Wissenschaftlern und technischen Mitarbeitern), die unsere Projektarbeit maßgeblich unterstützen und dabei in der Methodik der wissenschaftlich untermauerten Problemlösung geschult und praxisgerecht ausgebildet werden.

Sehr erfreulich war auch wieder das förderliche Interesse von vielen Unternehmen, die an den projektbegleitenden Ausschüssen vieler unserer Projekte immer in hoher Zahl teilnehmen und durch ihre Diskussionsbereitschaft unsere Arbeiten sehr beleben und in konstruktiver Weise mit fördern. Vielen Dank an alle TeilnehmerInnen an den Projektsitzungen, die sich dafür die Zeit im normalen Aufgabenbereich freimachen müssen.

15 aktive Forschungsprojekte stehen zum Jahresende 2017/Anfang 2018 zu Buche, 3 neue Projekte werden im ersten Quartal 2018 hinzukommen, 3 weitere befinden sich in der Antrags- bzw. Begutachtungsphase. Darum bemühen sich 22 Doktoranden als Projektleiter zusammen mit den technischen und Verwaltungsmitarbeitern.

Auszeichnungen 2017

Dr.-Ing. Jannika Dombrowski

1. Platz beim Wettbewerb `Student of the Year Award´ - Kategorie PhD, anlässlich der 31st International Conference der European Federation of Food Science and Technology (EFFoST), Sitges/Barcelona, Spanien, 13.-16.11.2017

2. Platz Julius Maggi Research Award, anlässlich der 11th European PhD Competition on Food Engineering and Technology der European Federation of Chemical Engineering (EFCE), Singen, 27.-28.04.2017

M.Sc. Franziska Kurz

Posterpreis der DECHEMA ProcessNet-Fachgruppe Lebensmittelverfahrenstechnik, Bruchsal, 13.-15.02.2017

Forschung

Forschungsgebiet Bioprozesstechnik
Workgroup Bioprocess Engineering

Wachstumsverhalten des anaeroben Mikroorganismus *Bifidobacterium longum* Reuter 1963

Growth of the anaerobic microorganism Bifidobacterium longum ssp. longum Reuter 1963

Regina Haindl, Astrid Kremer

Das Projekt „Konservierung der humanen intestinalen Mikrobiota“ beschäftigt sich unter anderem mit der Haltbarmachung von Hauptvertretern der Bakteriengemeinschaft des humanen Mikrobioms des Darms. Diese werden, basierend auf der Zusammensetzung desselbigen und bisherigen Erkenntnissen zu verwendeten Minimalkonsortien (Becker et al., 2011; Petrof et al., 2013) ausgewählt. Dabei soll ermittelt werden, ob sich Mikroorganismen des humanen Gastrointestinalsystems, sowohl als Kollektiv als auch als Einzelkultur anzüchten und trocknen lassen. Durch die Variation verschiedener Größen während Fermentation (pH, Rührgeschwindigkeit, Temperatur) und Gefriertrocknung (Kammerdruck, Stellflächentemperatur, Schutzstoffe in verschiedenen Konzentrationen) soll eine Möglichkeit gefunden werden, sensitive Anaerober in hoher Zellzahl zu konservieren. *Bifidobacterium longum* ssp. *longum* Reuter 1963 (*B. longum*) liegt sowohl in der intestinalen Mikrobiota von gestillten Säuglingen vor, ist aber auch bei Erwachsenen ein vorherrschender Mikroorganismus der Darmflora. Das Wachstum des Bakteriums durchläuft wie bei jedem Stamm vier Stufen: Lag, exponentielle, stationäre und Absterbephase. Die beiden Kennzahlen Generationszeit und Wachstumsrate beschreiben dabei die Zellzunahme während der exponentiellen Phase, in welcher sich die Zellen uneingeschränkt vermehren. Die Generationszeit t_G beschreibt dabei die Zeitdauer, in der eine Verdoppelung der Zellzahl erfolgt (vgl. Gleichung 1).

$$t_G = \frac{\ln 2}{\mu} \qquad (1)$$

t_G Generationszeit [h]
μ Spezifische Wachstumsrate $[h^{-1}]$

Sie nimmt hier den kleinsten Wert an, da sich die Zellen mit maximaler Geschwindigkeit teilen. In dieser Phase steigt auch der Logarithmus der Zellzahl linear mit der Zeit an. Dadurch lässt sich, wie in Gleichung 2 ersichtlich, die maximale spezifische Wachstumsrate μ_{max} bestimmen.

$$X = X_0 * e^{\mu_{max}(t - t_0)} \qquad (2)$$

X Biomasse
X_0 Biomasse zum Zeitpunkt t=0
μ_{max} maximale Wachstumsrate $[h^{-1}]$
t Zeit [h]

Sie gibt an, in welchem Verhältnis der Zuwachs an Zellmasse gegenüber der Zeitzunahme voranschreitet. Der optimale Erntezeitpunkt für den weiteren Aufreinigungsprozess und ein bestmögliches Trocknungsergebnis befindet sich in der früh-stationären Wachstumsphase, also am Übergang zwischen exponentieller und stationärer Phase (Bauer, 2014).

Die vorliegende Arbeit beschäftigt sich mit dem Wachstumsverhalten von *B. longum* bei ph-kontrollierter (pH-Optimum des Stammes = 6) und unkontrollierter (freie Säuerung) Fermentation. Für beide Versuchsansätze wurden verschiedene Wachstumsfaktoren wie Biotrocken-

masse, Optische Dichte und Zellzahl gemessen. Der Verlauf der Zellzahl über den Fermentationszeitraum ist in Abb. 1 gezeigt. Hier zeigte sich, dass Populationen, welche bei konstantem pH-Wert fermentiert wurden, die höchste Zellzahl und damit den Eintritt in die stationäre Phase von $3{,}35 * 10^9 \frac{KbE}{ml}$ nach 10 h Fermentationszeit erreichen. Wird der pH-Wert nicht kontrolliert, so bilden die Bakterien unter anderem Milch- und Essigsäure, was ein Absinken des pH-Wertes erwirkt. Durch diese pH-Schwankungen ist das Wachstum verzögert, sodass erst nach 12 h das Zellmaximum von $1{,}97 * 10^9 \frac{KbE}{ml}$ erreicht wird. Die exponentielle Phase liegt im Zeitraum zwischen 2 und 8 h (vgl. Abb. 2). Die spezifische Wachstumsrate kann in einem Graphen, in dem die Zellmassenkonzentration halblogarithmisch über der Zeit aufgetragen ist, über die Steigung der Fitgeraden abgelesen werden. Davon ausgehend berechnet sich die Generationszeit nach Gleichung 1.

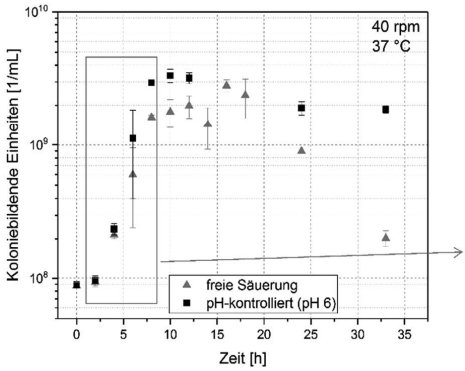


Abb. 1: Entwicklung der koloniebildenden Einheiten über die gesamte Fermentationsdauer

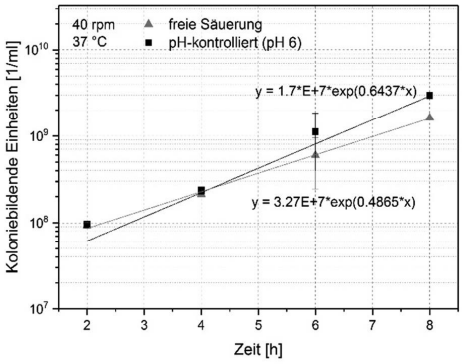


Abb. 2: Ermittlung der Wachstumsrate in der exponentiellen Phase (2-8 h)

Zusammenfassend betrachtet, erreicht man mittels pH-kontrollierter Fermentationon höhere Zellzahlen in geringerer Zeit. Folglich ist auch die Wachstumsrate mit einem Wert von 0,64 h^{-1} größer als 0,49 h^{-1} bei Fermentationen mit freier Säuerung. Die Generationszeiten betragen dann, wie Tab. 1 zeigt 65 h (pH 6) und 85 h (freie Säuerung).

	früh-stationäre Phase [h]	*maximale Wachstumsrate [h^{-1}]*	*Generationszeit [h]*
pH – kontrolliert (pH 6)	8-10	0,64	65
freie Säuerung	10-12	0,49	85

Um eine hohe Überlebensrate trotz nachfolgendem Prozesstress durch Trocknung zu erreichen, sollten die Zellen mit höchstmöglicher Zellzahl im frühstationären Zustand geerntet werden. Diese tritt bei der pH-kontrollierten Fermentation ab 8 h, bei der freien Säuerung hingegen erst nach 10 h ein. Inwiefern die Fermentationsart das Trocknungsergebnis beeinflusst, soll in weiteren Versuchen getestet werden.

Literatur:

- Bauer, S. A.W. (2015). Niedertemperatur-Vakuumtrocknung von Starter-und probiotischen Kulturen: Einfluss von Fermentationsbedingungen und Trocknungsprozessparametern und deren Wechselwirkungen. Dissertation Technische Universität München, Verlag Dr. Hut
- Becker, N., Kunath, J., Loh, G., & Blaut, M. (2011). Human intestinal microbiota: characterization of a simplified and stable gnotobiotic rat model. Gut Microbes, 2(1), 25-33
- Petrof, E. O., Gloor, G. B., Vanner, S. J., Weese, S. J., Carter, D., Daigneault, M. C., & Allen-Vercoe, E. (2013). Stool substitute transplant therapy for the eradication of Clostridium difficile infection: 'RePOOPulating' the gut. Microbiome, 1(1), 3

Dank: Das Forschungsvorhaben wurde im Rahmen des ZIEL-Projektes „Konservierung der humanen, fäkalen Mikrobiota" finanziert.

Standardisierte Herstellung von biologischen Indikatoren für die Beurteilung der Oberflächenentkeimung mit Wasserstoffperoxid und Minimierung ihrer Varianz

Standardized production of biological indicators for the evaluation of surface decontamination with hydrogen peroxide and minimization of their variance

Philipp Stier

Um den Erfolg von Inaktivierungsverfahren aufrechtzuerhalten werden aseptisch arbeitende Anlagen regelmäßig auf ihre Sterilisierbarkeit überprüft. Dies kann durch chemische Indikatoren geschehen, die die Präsenz des Sterilisationsmittels über einer bestimmten Schwellenkonzentration in der Anlage anzeigen. Wesentlich aussagekräftiger sind jedoch sogenannte Biologische Indikatoren (BI), mit denen zusätzlich Aussagen über die Entkeimungsleistung getroffen werden können. BI bestehen aus einem für den Menschen meist nicht pathogenen Surrogat der am schlimmsten zu erwartenden, mikrobiologischen Kontamination der Anlage und dem Trägermaterial oder einer Trägerflüssigkeit. Im Falle der Entkeimung mit Wasserstoffperoxid, das sowohl in der Raumentkeimung (gasförmig) und der Anlagen- bzw. Packstoffentkeimung (gasförmig/flüssig) zum Einsatz kommt, bedient man sich BI von *Bacillus atrophaeus* oder *Geobacillus stearothermophilus* Sporen. Diese Sporen weisen eine tendenziell hohe Resistenz gegen Wasserstoffperoxid auf und ermöglichen so eine genaue Bestimmung der Entkeimungsleistung. Seit einiger Zeit ist bekannt, dass die Eigenschaften kommerziell erhältlicher BI starken Schwankungen unterliegen bzw. zwischen vielen Herstellern stark variieren. Dies liegt an der Herstellung der bakteriellen Sporen, die je nach Kultivierungsbedingungen vor und während der Sporulation unterschiedliche Resistenzen (ausgedrückt als D_9-Wert) ausbilden. Das Forschungsprojekt zur „standardisierten Herstellung von biologischen Indikatoren für die Beurteilung der Oberflächenentkeimung mit Wasserstoffperoxid und Minimierung ihrer Varianz" setzt hier an. Durch die Bestimmung einflussnehmender Parameter auf die Sporenresistenz sollen kritische Lenkungspunkte in der BI-Herstellung offengelegt und zudem die Auswirkungen von Lagerung und Applikationsmethoden der Indikatoren untersucht werden.

Hierfür werden Sporenbildner in Doppelbestimmung in Bioreaktoren im 2 L Labormaßstab kultiviert und die Sporulation induziert. Die Induktion geschieht hierbei durch das Kultivierungsmedium, das neben allgemeinen Makronährstoffen zur Biomassegewinnung Spurenelemente wie Manganchlorid, Calciumnitrat oder Eisen(II)-sulfat enthält, die für eine Sporulation essentiell oder ihr stark zuträglich sind. Nach 48 h Inkubation bei definierter Temperatur, pH und pO_2 kann eine beinahe reine Sporensuspension geerntet werden. Vor der Bestimmung des D_9-Wertes und der Verwendung der Suspension für weitere Versuche muss die Sporensuspension aufgereinigt werden. Hierdurch sollen eventuell verbliebene vegetative Zellen sowie Metaboliten und Zelltrümmer lysierter Zellen entfernt werden. Diese stellen Nährstoff-

quellen dar, die, sollten sie in der Sporensuspension verbleiben, zur Wiederauskeimung der Sporen und damit zum Verlust der Resistenz des BI führen könnten.

In der gängigen Literatur bedient man sich für die Sporenaufreinigung häufig einer Kombination aus Pasteurisation (20 min bei 80 °C) zur Lyse vegetativer Zellen und mehreren Waschschritten durch Zentrifugation und Resuspension. Auch eine Kombination mehrerer Waschschritte und Verwendung von zellwandlysierenden Lysozyms erwies sich als gute Methode. Für geringere Volumina bietet sich außerdem die Filtration mit 10 µm Filtern an oder die Dichtegradientenzentrifugation mit 76 % Renografin (=Urografin, ein Amidotrizoat), einem üblicherweise in der Radiologie verwendetem Kontrastmittel. Letztere Methode erweist sich als überdurchschnittlich effizient. Die Verwendung von Lysozym hat den Nachteil, dass Nährstoffe frei werden können, die zu einer Auskeimung führen und so die Sporenausbeute signifikant absenken. Die in vielen Vorversuchen für *Bacillus subtilis* Sporen praktikable Kombination aus Pasteurisation und mehreren Waschschritten konnte nicht auf *Bacillus atrophaeus* übertragen werden. Die Pasteurisation scheint, wie in der Literatur auch für andere Sporen bekannt, zu einer hitzeinduzierten Auskeimung zu führen, wodurch hinterher nahezu keine Sporen mehr gewonnen werden können. Die ausgekeimten vegetativen Zellen werden noch während der Pasteurisation hitzeinaktiviert (Abb. 1).

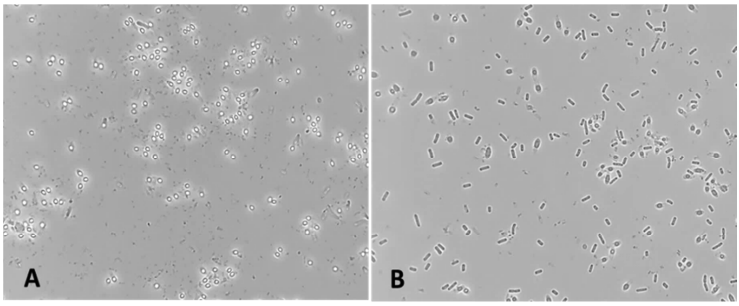


Abb. 1: Lichtmikroskopische Aufnahmen (100X) einer Sporensuspension von B. atrophaeus nach Ernte, vor Pasteurisation (A) und nach Pasteurisation bei 80 °C für 20 min (B). Nach Pasteurisation sind keine bakteriellen Sporen (helle, stark lichtbrechende Partikel) mehr aufzufinden. Der Anteil vegetativer Zellen ist stark gestiegen, diese sind jedoch hitzeinaktiviert und nicht mehr motil (dunkelgraue Stäbchen).

Als Methode der Wahl hat sich schließlich eine nach NICHOLSON & SETLOW (1990) modifizierte Kombination aus Kältebehandlung und mehreren Waschschritten mit bidest. Wasser erwiesen. Hierbei wird die Sporensuspension dreimal durch Zentrifugation/Resuspension gewaschen, wobei alle Phasen behalten werden (Abb. 2A). Anschließend wird die Suspension ü. N. bei 4 °C geschüttelt. Die Kältebehandlung verhindert das Auskeimen der Sporen, außerdem wird die Auftrennung von Agglomeraten begünstigt. Täglich wird ein Waschschritt durchgeführt, wobei nun die oberen Phasen entfernt werden, bis die Suspension die gewünschte Reinheit erreicht hat (Lagerung ü. N. bei 4 °C, stehend). Durch diese Methode können reproduzierbar hochreine Sporensuspensionen gewonnen werden (Abb. 3).

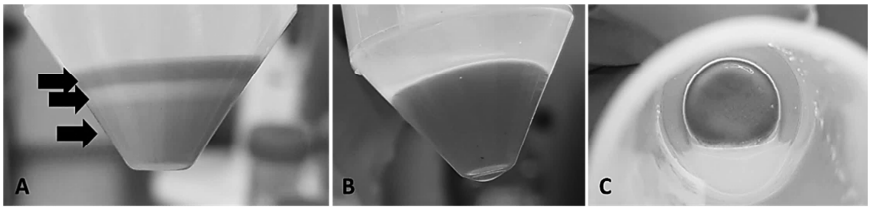


Abb. 2: Sporensuspension nach Zentrifugation. Das gebildete Pellet besteht aus drei Phasen, die unterste beinhaltet reine Sporen, darauf aufliegend befinden sich Endosporen enthaltende Zellen, gefolgt von Zelltrümmern in der obersten Phase (A). Durch die Aufreinigung werden die zwei oberen Phasen abgetrennt und so ein Pellet aus reinen Sporen gewonnen (B). Die Draufsicht zeigt ein rückstandsfreies Pellet aus Sporen von B. atrophaeus. Es sind keine Reste der vorher darauf liegenden, helleren Phase (Endosporen enthaltende Zellen) mehr sichtbar (C).

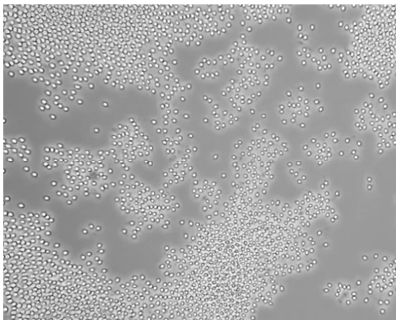


Abb. 3: Lichtmikroskopische Aufnahme (100X) einer aufkonzentrierten Sporensuspension von B. atrophaeus nach Aufreinigung mit Kältebehandlung. Abb. 1A zeigt zum Vergleich die noch unaufgereinigte Ausgangssuspension.

Die Aufreinigungsmethode von Sporensuspensionen ist entscheidend. Nicht nur der Ausbeutegrad ist stark von ihr abhängig. Falsche oder unvollständige Aufreinigung hat zudem Einfluss auf die Lagerstabilität von Sporen und ihre Verwendbarkeit für Resistenztests. Je nach Spezies bzw. je nach Sporentyp ist sie individuell anzupassen.

Literatur:

- Charney J, Fisher WP, Hegarty CP. Manganese as an essential element for Sporulation in the genus bacillus. 1951.
- Nicholson WL, Setlow P. Sporulation, germination and outgrowth. In: Harwood C R, Cutting S M, editors. Molecular biological methods for Bacillus. Chichester, U.K., John Wiley & Sons Ltd.; 1990. pp. 391–450.
- Sella SR, Vandenberghe LS, Soccol C R. Life cycle and spore resistance of spore-forming Bacillus atrophaeus. Microbiological Research 169; 2014. pp. 931-939.

Dank: Das IGF-Vorhaben 19358 N der Forschungsvereinigung Forschungskreis der Ernährungsindustrie e. V. (FEI), Godesberger Allee 142-148, 53175 Bonn, wurde über die AiF im Rahmen des Programms zur Förderung der Industriellen Gemeinschaftsforschung (IGF) vom Bundesministerium für Wirtschaft und Energie aufgrund eines Beschlusses des Deutschen Bundestages gefördert.

Selektive Hydrolyse von Molkenproteinen durch immobilisiertes Trypsin in einem kontinuerlich betriebenen monolithischen Reaktor

Selective hydrolysis of whey proteins by immobilized trypsin in a flow-through monolithic reactor

Yuhong Mao

Whey is a major co-product of cheese manufacture in the dairy industry. Its main constituents are β-lactoglobulin (β-Lg) and α-lactalbumin (α-La), representing about 53 % and 20–25 % of the whey proteins, respectively. β-Lg acts as a main allergen, especially in infant formula, since it is not present in human milk. On the contrary, the amino acid composition of bovine α-la shows a 72 % sequence identity to human α-la, which makes it an ideal protein for use in human infant nutrition [1]. In addition, α-La is considered as one of the two components of the lactose synthase system [1]. Hence, a product rich in native α-La while low in intact β-Lg is quite attractive.

Previous studies [1-3] show that β-Lg is more susceptible than α-La to trypsin or chymotrypsin, especially at some specific hydrolysis conditions, i.e. temperature, pH, ionic strength, etc. These findings provide the technical potential to selectively hydrolyze β-Lg among main whey proteins using serine protease, such as trypsin. However, the cost of large-scale use of trypsin in solution is very high, which severely limits its industrial application. Correspondingly, immobilized trypsin represents an alternative approach due to the possibility of reusing the enzyme and producing enzyme-free hydrolysates. Our previous study [4] reported the immobilized trypsin reactors based on CIM monolith columns (CIM-IMTRs, bed volume 1 mL, pore sizes 2.1 and 6 µm), which showed significant activity towards β-Lg. In that study, we compared the reusability of IMTRs with different pore sizes and concluded that the monolithic support with 6 µm pore size was more suitable than that with 2.1 µm for the production of β-Lg hydrolysates. In this study, we upscaled the bed volume of the IMTR based on monolithic support with pore size 6 µm to 8 mL, and used it in a flow-through system to hydrolyze whey protein isolate (WPI).

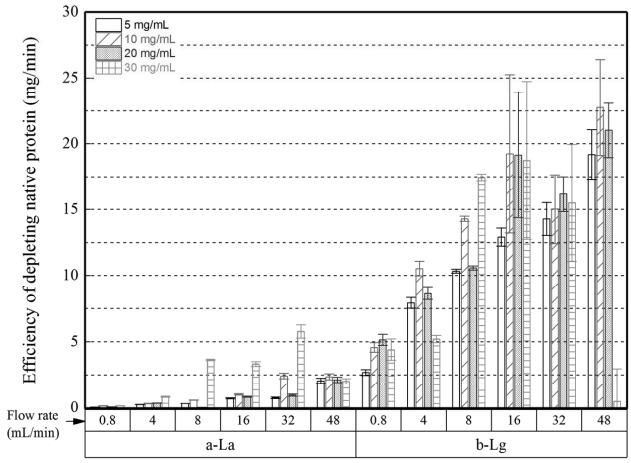


Fig. 1: Efficiency of depleting native whey proteins by IMTR at single flow-through approach

In a single flow-through approach, WPI solutions (in 0.1 M Tris-HCl buffer, pH 8.7. 25 ± 1 °C) with stepwise increased concentrations were used to avoid underestimation of IMTR's performance due to the insufficient replenishment of substrate. As shown in Figure 1, 10 mg/mL WPI was found already to be a saturating concentration for all explored flow rates, since no more β-Lg was depleted when the substrate concentration further raised to 30 mg/mL.

When the flow rates increased from 0.8 to 16 mL/min, the efficiency of depleting β-Lg showed a clear upward trend, while no significant difference was observed from flow rates 16 to 48 mL/min. In addition, this IMTR showed the clear preference towards β-Lg than α-La during the hydrolysis of WPI solution. Namely, above 95 % α-La stayed as native at all the explored flow rates and concentrations while only around 7 % residual β-Lg was detected at 0.8 mL/min and 5 mg/mL (data not show here), which can be observed from Figure 1 as well. As mentioned above, α-La is relatively resistant to tryptic hydrolysis, Cheison et al [3] optimized the conditions of WPI hydrolysis by free trypsin (25 ^{o}C and pH 8.5), where all β-La was depleted while still 67.87 % residual pure α-La was detected after 2 h, reaching hydrolysis degree 7.11 %. According to the results of hydrolyzing whey proteins by IMTR at single flow-through approach, the selectivity of trypsin between β-Lg and α-La was not only remained but even enhanced. Recirculated hydrolysis of 80 mL WPI solution (20 mg/mL) at various conditions was further performed, the results confirmed the selective hydrolysis of β-La among whey proteins (data not shown here).

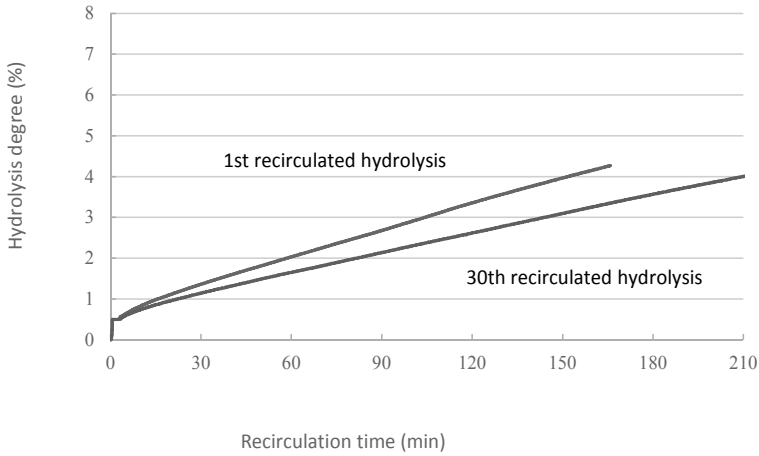


Fig. 2: The change of hydrolysis efficiency of WPI after 30 cycles at the same conditions (80 mL, 20 mg/mL whey protein solution. pH 8.7 and flowrate 32 mL/min).

Regarding the reusability, the IMTR was monitored in terms of backpressure over 30 cycles of hydrolysis processes, measured using pure water. The backpressure generated from the reactor increased slightly, namely only from 0.08 MPa to 0.13 MPa at 48 mL/min (the limit of this reactor is up to 2 MPa). In addition, the hydrolysis efficiency decreased slightly over 30 cycles of intensive hydrolysis processes (each hydrolysis time ranging from 180 min to 360 min), as shown in Fig. 2.

To sum up, IMTR showed significant activity and selectivity towards β-Lg among whey proteins. Furthermore, monolithic support with large pores 6 µm makes the long-term use of IMTR possible.

Literatur:

[1] Lisak, K., Toro-Sierra, J., Kulozik, U., Bozanic, R., Cheison, S. C. (2013). Chymotrypsin selectively digests beta-lactoglobulin in whey protein isolate away from enzyme optimal conditions: potential for native alpha-lactalbumin purification. *J. Dairy Res., 80*(1), 14-20.

[2] Konrad, G., Kleinschmidt, T. (2008). A new method for isolation of native α-lactalbumin from sweet whey. *Int. Dairy J., 18*(1), 47-54.

[3] Cheison, S. C., Leeb, E., Toro-Sierra, J., Kulozik, U. (2011). Influence of hydrolysis temperature and pH on the selective hydrolysis of whey proteins by trypsin and potential recovery of native alpha-lactalbumin. *Int. Dairy J., 21*(3), 166-171.

[4] Mao, Y., Černigoj, U., Zalokar, V., Štrancar, A., Kulozik, U. (2017). Production of β-Lactoglobulin hydrolysates by monolith based immobilized trypsin reactors. *Electrophoresis*.

Acknowledgements:

The author thanks China Scholarship Council (CSC) for the support of her personal cost, and Urh Černigoj from BIA Separations (Ajdovščina, Slovenia) for his technical help in developing the IMTR.

Forschungsgebiet Strukturbildung und -charakterisierung
Workgroup Structure formation and -characterization

Strukturelle Charakterisierung von milchproteinstabilisierten Schäumen: Ein mehrskaliger Ansatz [1]

Structural characterization of milk protein-stabilized foams: A multiscale approach [1]

Jannika Dombrowski

Geschäumte Produkte, vor allem auf Basis von Milch, spielen im Lebensmittelbereich eine bedeutende Rolle. Die Bildung und initiale Stabilisierung solcher Produkte wird stark von den enthaltenen Proteinmolekülen bestimmt, während Verdickungs- oder Geliermittel die längerfristige Aufrechterhaltung der Produkteigenschaften gewährleisten. Letztere bewirken eine Immobilisierung der flüssigen Phase in den Schaumlamellen und verlangsamen so die durch Gasdiffusion, Drainage und/oder Koaleszenz bedingte Destabilisierung der Struktur. Nichtsdestotrotz basieren das Produktvolumen und die Blasengrößenverteilung neben der Schaumherstellungsmethode und den verwendeten Prozessparametern ganz wesentlich auf der Adsorptionskinetik der zugesetzten bzw. enthaltenen Proteine. Um nun gezielt spezifische Produkteigenschaften zu erreichen, ist ein umfassendes Verständnis für die Grenzflächenaktivität sowie Schäumungseigenschaften von Einzelproteinen sowie relevanten Proteinmischungen, auch in Kombination mit extrinsischen Einflussfaktoren unverzichtbar.

Milch stellt in diesem Zusammenhang ein ideales Beispiel dar, da sie eine große Bandbreite an unterschiedlich strukturierten Proteinen enthält. Es ist allgemein bekannt, dass die verschiedenen Milchproteine aufgrund ihrer strukturellen Unterschiede ein sehr unterschiedliches Verhalten an der Luft/Wasser-Grenzfläche zeigen. Dies spiegelt sich auch in den resultierenden Schaumeigenschaften wider. Trotz langjähriger Forschung im Bereich von proteinstabilisierten Schäumen gibt es bislang allerdings keine zufriedenstellende Korrelation zwischen den strukturellen Eigenschaften von Proteinen und deren Technofunktionalität im Sinne von Struktur-Funktions-Beziehungen. Dies lässt sich zum einen auf die hohe Komplexität der beteiligten Substrate mit überlagernden Effekten zurückführen. Andererseits sind assoziierte Mechanismen, wie z. B. adsorptionsinduzierte Konformationsänderungen, schwer zu charakterisieren, da sowohl die Luft/Wasser-Grenzfläche als auch Schäume thermodynamisch instabil sind und zudem extrem empfindlich auf äußere Einflüsse reagieren.

Ziel war es daher, neue generelle Erklärungsansätze zu finden, die eine Verknüpfung zwischen den strukturellen Eigenschaften von verschiedenen Milchproteinen und deren Technofunktionalität herstellen. Dazu wurde folgende Hypothese aufgestellt: Durch Modulation der strukturellen Eigenschaften von Milchproteinen, z. B. durch Veränderung des pH-Werts oder des Ionenmilieus sowie durch eine Hitzebehandlung, können universelle Faktoren definiert

werden, die für die Grenzflächenbesetzung und Schaumbildung entscheidend sind. Es wurde dazu ein systematischer, mehrskaliger experimenteller Ansatz gewählt, welcher die Betrachtung von Lösungs-, Grenzflächen-, Blasen- und Schaumeigenschaften umfasste (Abb. 1). Des Weiteren wurde das komplexe System Magermilch in seine Einzelkomponenten zerlegt, wobei der Fokus auf den Hauptproteinfraktionen α-Lactalbumin (α-La), β-Lactoglobulin (β-Lg) und Caseinmicellen sowie den wesentlichen Milchserumbestandteilen, d. h. Wasser, Laktose und verschiedenen Milchsalzen lag.

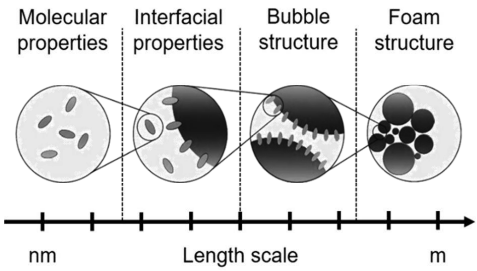


Abb. 1: Mehrskaliger Ansatz zur Ableitung von Struktur-Funktions-Beziehungen [1].

Die im Folgenden zusammengefassten Ergebnisse wurden dabei erzielt: Durch Variation des pH-Wertes von Caseinmicellen in einem Bereich von 6,0 bis 11,0 wurden erhebliche strukturelle Veränderungen bis hin zur Dissoziation der ursprünglichen Micellstruktur induziert. Die Auswirkungen der pH-Änderung spiegelten sich insbesondere im Partikeldurchmesser, der Micellhydratisierung sowie der Proteinverteilung zwischen Micellen und Serumphase wider. Ebenso wurde beobachtet, dass die genannten strukturellen Veränderungen einen direkten Einfluss auf die Grenzflächen- und Schäumungseigenschaften der Caseine haben. Insgesamt wurde geschlussfolgert, dass eine intakte Caseinmicellstruktur in Kombination mit der Fähigkeit zu ausgeprägten intermolekularen Wechselwirkungen (sterisch und/oder elektrostatisch) an der Luft/Wasser-Grenzfläche entscheidend für die Stabilisierung von Caseinschäumen ist. Dabei zeigte sich eine positive Korrelation zwischen der Schaumstabilität und den grenzflächenrheologischen Eigenschaften, insbesondere dem Grenzflächenelastizitätsmodul [2].

Der Einfluss von Ladungsreichweite sowie Lösungsviskosität auf die Grenzflächen- und Schäumungseigenschaften verschiedener Milchproteine (einzeln sowie in Form von definierten Mischungen) wurde durch Verwendung unterschiedlich zusammengesetzter wässriger Phasen untersucht. Ausgehend von den wesentlichen Komponenten von Milchserum wurden die verschiedenen Milchproteinfraktionen entweder in entionisiertem Wasser, entionisiertem Wasser mit Laktose oder proteinfreiem Milchserum gelöst. Aus dieser Studie resultierte, dass die Fähigkeit von Proteinen, an der Luft/Wasser-Grenzfläche direkt und ausgeprägt intermolekular zu wechselwirken (inhärent oder milchsalzinduziert), im Hinblick auf die Schaumbildung am entscheidendsten ist. Als Grund hierfür wurde die Verhinderung einer sofortigen Blasenkoaleszenz ermittelt. Wie bereits im Zusammenhang mit dem Einfluss einer pH-Veränderung auf die Eigenschaften von Caseinmicellen beschrieben, hatten auch hier ausgeprägte Protein-Protein-Wechselwirkungen an der Luft/Wasser-Grenzfläche eine hohe Schaumstabilität zur Folge. Die stabilisierende Wirkung der Laktose wurde auf eine Verlangsamung der Drainage aufgrund der Viskositätserhöhung und somit eine längere Aufrechterhaltung der anfänglichen Blasengrößenverteilung zurückgeführt [3].

Der Einfluss von Partikeldurchmesser, Oberflächenhydrophobie sowie Zeta-Potential wurde anhand von hitze-induzierten β-Lg Aggregaten untersucht. Um ein möglichst breites Spektrum an Partikelgrößen sowie Oberflächeneigenschaften zu erreichen, wurde die Erhitzung bei verschiedenen pH-Werten (6,8 und 8,0) sowie unter Zusatz unterschiedlicher Konzentrationen an NaCl (0-130 mM) durchgeführt. Insgesamt ergab sich eine positive Korrelation zwischen

der Partikelgröße ($d_{50,3}$: 2,5 nm-1,1 µm) und der Schaumstabilität. Entgegen allgemein verwendeter Erklärungsansätze konnte diese Beobachtung nicht auf eine Blockierung der Lamellen und somit eine Verhinderung von Drainage zurückgeführt werden. Stattdessen wurde die tatsächliche Grenzflächenadsorption der β-Lg Aggregate als Ursache angenommen. Weiterhin zeigte sowohl die mit steigendem Partikeldurchmesser zunehmende Oberflächenhydrophobie als auch das zunehmend negativere Zeta-Potential eine positive Wirkung auf die Grenzflächenstabilisierung, insbesondere die Lamellenstabilität. Auch wurde festgestellt, dass zunehmend ausgeprägte sterische und elektrostatische Wechselwirkungen einer Blasenannäherung und einer dadurch bedingten Filmzerstörung sowie einem Schaumzerfall entgegenwirken [4].

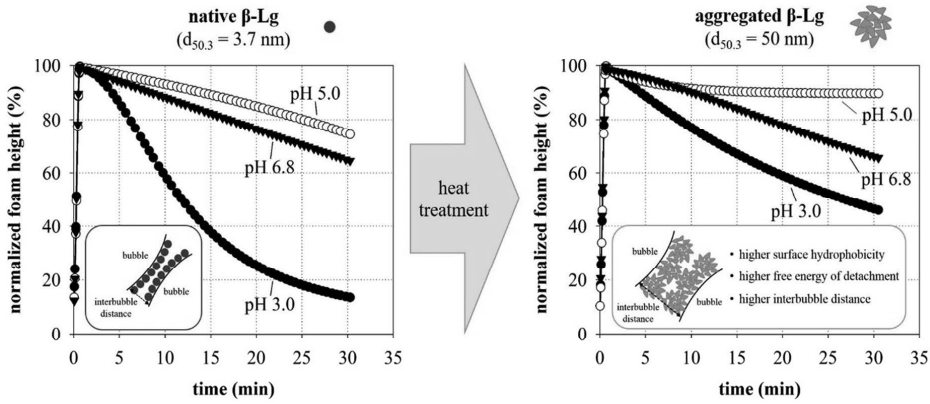


Abb. 2: Einfluss von molekularen und strukturellen Eigenschaften auf die Schäumungseigenschaften von β-Lg [5].

In einer weiteren Studie, ebenfalls am Beispiel von hitzebehandeltem β-Lg, wurde der spezifische Einfluss der Oberflächenladung untersucht. Hierfür wurden β-Lg Aggregate mit einem mittleren Durchmesser von 50 nm verwendet und der pH-Wert in einem Bereich von 3,0 bis 9,0 variiert. Vergleichende Experimente mit β-Lg in nativer Form ($d_{50,3}$ = 3,7 nm) ermöglichten zudem Aussagen zur generellen Bedeutung von Oberflächenhydrophobie und Partikelgröße (Abb. 2). Es wurde beobachtet, dass die Abschirmung der Oberflächenladung im Bereich des isoelektrischen Punktes (pI ~ pH 5,0) in einer stark beschleunigten Grenzflächenadsorption sowie einer sehr hohen Grenzflächenfilmstabilität resultierte. Dies spiegelte sich zudem in einer maximalen Schäumbarkeit sowie einer maximalen Schaumstabilität wider. Der gleiche Zusammenhang wurde auch für natives β-Lg festgestellt. Insgesamt zeigte sich auch hier, dass ausgeprägte Protein-Protein-Wechselwirkungen eine entscheidende Rolle im Hinblick auf die Bildung und Stabilisierung von Schäumen spielen. Allerdings waren in diesem Fall starke hydrophobe anstelle von elektrostatischen Wechselwirkungen für die Bildung von eher festen, dicht gepackten und gegebenenfalls mehrschichtigen Filmen an der Luft/Wasser-Grenzfläche verantwortlich. Es wurde angenommen, dass dies zusätzlich eine sterische Barriere gegen Blasenkoaleszenz darstellt [5].

Auf Basis dieser Ergebnisse sowie im Hinblick auf das übergeordnete Ziel, eine Verknüpfung zwischen den strukturellen Eigenschaften von Milchproteinen und deren Technofunktionalität herzustellen, können folgende Schlussfolgerungen gezogen werden: das erreichbare Schaumvolumen korreliert mit der Grenzflächenaktivität. Die Grenzflächenaktivität bezieht sich dabei auf die initiale Reduktion der Oberflächenspannung und umfasst somit Diffusions- sowie Adsorptionsvorgänge. Zudem wurde eine positive Korrelation zwischen der Schaumstabilität

und der Grenzflächenelastizität beobachtet. Dies lässt sich darauf zurückführen, dass die Grenzflächenelastizität einen Indikator für das Auftreten und das Ausmaß von Protein-Protein-Wechselwirkungen innerhalb eines Grenzflächenfilms darstellt. Grenzflächeneigenschaften können also wesentliche Hinweise auf die Schäumungseigenschaften von Proteinen liefern. Allerdings muss berücksichtigt werden, dass es nicht möglich ist, konkrete Schaumeigenschaften allein auf Basis von Grenzflächeneigenschaften vorherzusagen.

Literatur:

- Dombrowski, J.: Structural characterization of milk protein-stabilized foam structures: A multiscale approach. Dissertation Technische Universität München, Verlag Dr. Hut, ISBN 978-3-8439-3151-9.
- Dombrowski, J., Dechau, J., Kulozik, U.: Multiscale approach to characterize bulk, surface and foaming behavior of casein micelles as a function of alkalinisation. Food Hydrocolloids, 57, 92-102, 2016.
- Dombrowski, J., Mattejat, C., Kulozik, U.: Correlation between surface activity and foaming properties of individual milk proteins in dependence of solvent composition. International Dairy Journal, 61, 166-175, 2016.
- Dombrowski, J., Johler, F., Warncke, M., Kulozik, U.: Correlation between bulk characteristics of aggregated β-lactoglobulin and its surface and foaming properties. Food Hydrocolloids, 61, 318-328, 2016.
- Dombrowski, J., Gschwendtner, M., Kulozik, U.: Evaluation of structural characteristics determining the surface and foaming properties of β-lactoglobulin aggregates. Colloids and Surfaces A: Physicochemical and Engineering Aspects, 516, 286-295, 2017.

Dank: Das IGF-Vorhaben 17124 N der Forschungsvereinigung Forschungskreis der Ernährungsindustrie e. V. (FEI), Godesberger Allee 142-148, 53175 Bonn, wurde über die AiF im Rahmen des Programms zur Förderung der Industriellen Gemeinschaftsforschung (IGF) vom Bundesministerium für Wirtschaft und Energie aufgrund eines Beschlusses des Deutschen Bundestages gefördert.

Gas/Flüssig- versus Flüssig/Flüssig-Grenzflächen: Gemeinsamkeiten und Unterschiede

Gas/liquid versus liquid/liquid interfaces: Similarities and differences

Jannika Dombrowski, Matthias Gschwendtner, Tobias Planer

Gas-/Flüssig- bzw. Flüssig-/Flüssig-Grenzflächen, wie beispielsweise in Schäumen und Emulsionen, zählen zu den am weitesten verbreiteten Reaktionsräumen in Lebensmitteln. Die Struktur sowie die daraus resultierenden Eigenschaften der Grenzflächenfilme werden dabei von verschiedenen Faktoren beeinflusst. Dazu zählen neben den inhärenten physikochemischen Eigenschaften der beteiligten Phasen (Gas, Wasser, Öl), die Art und molekulare Struktur enthaltener grenzflächenaktiver Moleküle (z. B. Tenside, Proteine, Fette/Öle, Partikel) sowie weitere Substrate (z. B. Salze, Zucker), die in direkte Wechselwirkung mit der Grenzfläche und/oder den grenzflächenaktiven Molekülen treten. Gegenstand der wissenschaftlichen, aber auch industriellen Forschung ist nun zum einen, die Charakterisierung der Eigenschaften sowie Wechselwirkungen der verschiedenen Einflussfaktoren, um das komplexe Gesamtsystem besser zu verstehen. Zum anderen stellt sich die Frage nach einer Korrelation zwischen Grenzflächeneigenschaften und den makroskopischen Strukturcharakteristika von Schäumen und Emulsionen. Weiterhin ist von großem Interesse, inwieweit Erkenntnisse und Schlussfolgerungen zu Gas-/Flüssig-Grenzflächen auf Flüssig-/Flüssig-Grenzflächen bzw. von Flüssig-/Flüssig-Grenzflächen auf Gas-/Flüssig-Grenzflächen übertragbar sind.

Ziel der Studie ist nun, diesen Fragestellungen auf den Grund zu gehen. Der gewählte experimentelle Ansatz umfasst dabei neben der Untersuchung der Grenzflächen- sowie Schaum- und Emulsionseigenschaften auch die Charakterisierung der Lösungseigenschaften bzw. die Berücksichtigung der Eigenschaften der Gasphase. Im Fall der Gas-/Flüssig-Grenzfläche wurde zunächst das System Luft/Wasser betrachtet. Als prominente Vertreter für das Flüssig-/Flüssig-System wurden anfänglich allgemein Öl (Sonnenblumenöl) und Wasser ausgewählt

und deren Verhalten an der Grenzfläche in Relation zu Öl-in-Wasser-Emulsionen (O/W-Emulsion) gesetzt. Aufgrund seiner ausgeprägten Grenzflächenaktivität sowie strukturellen Vielseitigkeit wurde das majore Molkenprotein β-Lactoglobulin als Modellsubstrat verwendet. Wie bereits erwähnt, spielen auch weitere, niedermolekulare Inhaltsstoffe in den verschiedenen Phasen im dispersen System eine Rolle. Es wurde daher beispielhaft der Einfluss von Salzart (NaCl, $CaCl_2$) und –konzentration (0-300 mM) in der kontinuierlichen (wässrigen) Phase auf die Eigenschaften des Gesamtsystems untersucht. Die damit verknüpften Hypothesen beziehen sich (1) auf den Einfluss spezifischer Wechselwirkungen (Einsalz-/Aussalzeffekt) zwischen Proteinen und Salzen auf deren Grenzflächenaktivität und –stabilisierungspotential der Proteine, (2) auf den Beitrag von Salzen zur Ober- bzw. Grenzflächenspannung sowie (3) auf die Bedeutung elektrostatischer Wechselwirkungen für die Stabilität der dreidimensionalen Gesamtsysteme Schaum und Emulsion.

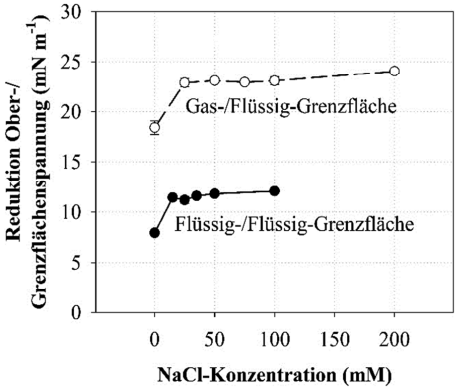


Abb. 1: Einfluss von NaCl auf die Reduktion der Oberflächen- (Gas-/Flüssig) bzw. Grenzflächenspannung (Flüssig-/Flüssig) von β-Lg.

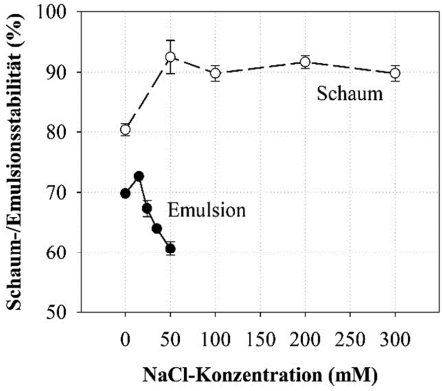


Abb. 2: Einfluss von NaCl auf die Schaum- bzw. Emulsionsstabilität von β-Lg.

Abb. 1 stellt den Einfluss einer steigenden NaCl-Konzentration auf die Reduktion der Oberflächen- (Gas-/Flüssig-Grenzfläche) bzw. Grenzflächenspannung (Flüssig-/Flüssig-Grenzfläche) dar. Aus den Daten geht hervor, dass beide Systeme einen einheitlichen Trend zeigten: eine signifikante Erhöhung der Grenzflächenaktivität des β-Lg durch den Einsatz von NaCl im Vergleich zu Proben ohne Salz. In Bezug auf die verschiedenen NaCl-Konzentrationen konnte in diesem Molaritätsbereich allerdings kein wesentlicher Einfluss festgestellt werden. Für $CaCl_2$ hingegen zeigte sich eine deutliche Abhängigkeit von der Konzentration (Daten nicht dargestellt), was mit spezifischen Wechselwirkungen zwischen β-Lg und Calcium-Ionen zusammenhängt. Zurückführen lässt sich der Anstieg der Grenzflächenaktivität in Anwesenheit von NaCl auf eine Abschirmung der Oberflächenladung der Proteinmoleküle und somit eine Reduktion repulsiver, elektrostatischer Wechselwirkungen. Daraus folgend ist die Adsorptionsbarriere verringert und es kommt zu einer schnelleren Grenzflächenbesetzung sowie dichteren Grenzflächenpackung.

Im Vergleich dazu zeigt Abb. 2 den Einfluss einer zunehmenden NaCl-Konzentration auf die makroskopische Stabilität der beiden untersuchten Systeme Schaum (Gas-/Flüssig-Grenzfläche) und Emulsion (Flüssig-/Flüssig-Grenzfläche). Die Schaumstabilität bezieht sich auf die prozentuale Reduktion des Schaumvolumens innerhalb eines definierten Zeitraums. Die Stabilität der Emulsionen wurde aus Daten zum zeitabhängigen Aufrahmungsverhalten,

welches mittels Zentrifugation untersucht wurde, extrahiert. Anders als bei den Grenzflächeneigenschaften konnte hier ein signifikanter Unterschied in Bezug auf den NaCl-Einfluss auf die Stabilität der verschiedenen Systeme festgestellt werden. Während sich die Schaumstabilität entsprechend der Reduktion der Oberflächenspannung verhielt, zeigte sich für die Emulsionsstabilität eine deutliche Verringerung mit zunehmender NaCl-Konzentration. Interessanterweise wiesen alle Proben eine vergleichbare Öltropfengrößenverteilung sowie einen konstanten mittleren Tropfendurchmesser auf (Daten nicht dargestellt), weswegen eine Veränderung der Grenzflächenfilmstabilität als Ursache für die Reduktion der Emulsionsstabilität ausgeschlossen wurde. Diese Beobachtung verdeutlicht die Bedeutung von Grenzflächen-Grenzflächen-Wechselwirkungen, welche das komplexe dreidimensionale System betreffen.

Es lässt sich zusammenfassen, dass eine Grenzflächencharakterisierung an Einzelblasen oder -tropfen viele wertvolle Informationen hinsichtlich Adsorptionskinetik sowie Grenzflächenfilmstabilität liefert und somit ganz wesentlich zum Verständnis komplexer, disperser Systeme beiträgt. Eine makroskopische Untersuchung des Gesamtsystems lässt sich dadurch jedoch nicht ersetzen. Vielmehr sollte eine ganzheitliche Betrachtung der verschiedenen Ebenen Lösung, Grenzfläche und Produkt (Schaum/Emulsion) sowie ggf. Prozess angestrebt werden, um das Verständnis bezüglich Schäumen und Emulsionen im Sinne von Struktur-Funktions-Beziehungen zu verbessern.

Änderung der Schäumungseigenschaften von Fruchtpüree durch die bei der Homogenisierung in einer Kolloidmühle einhergehende Strukturzerstörung des Fruchtgewebes

Change in foaming properties of fruit pulp due to the destruction of fruit tissue during homogenization

Evelyn Dachmann

Mittels Mikrowellentrocknung lassen sich schnell und schonend sensitive Stoffe bzw. Produkte herstellen, z.B. Fruchtriegel oder -stücke wie sie derzeit schon marktgängig sind. Überführt man die Früchte vorab in eine musartige Pulpe und schäumt diese vor der Trocknung auf, so entstehen neue Produktkonzepte mit sehr hoher Geschmacks- und Aromaintensität beim Verzehr. Um die Aromawirkung weiter zu steigern, sollen in diesem Projekt durch Homogenisierung der Pulpe von Himbeeren die Zellen gezielt zerstört und aromawirksame Stoffe freigesetzt werden. Der mit der Homogenisierung von Fruchtpüree einhergehende Gewebe- bzw. Zellaufschluss kann neben der durch enzymatische Prozesse bedingten Änderung des Aromastoffspektrums auch zu strukturellen Veränderungen und damit variierenden Schäumungseigenschaften führen. Für die Trocknung von Schaumstrukturen (foam mat drying) unter Mikrowellen- und Vakuumbehandlung ist zur Gewährleistung einer hohen Trocknungsstabilität die Stabilität des zu trocknenden Schaumes entscheidend.

Aus Vorversuchen ging hervor, dass zum Erhalt der Schaumstruktur unter Mikrowellen- und Vakuumbehandlung neben der Schaumstabilität auch der Overrun, d.h. das Aufschlagvolumen im Verhältnis zur Ausgangslösung, ein wichtiger Parameter ist, um eine hohe Trocknungsstabilität zu gewährleisten. Um einen Kollaps der Schaumstruktur, bedingt durch zu starke Ausdehnung bzw. Volumenzunahme der Blasen während der Trocknung zu vermeiden, sind eine Schaumstabilität von 100 % sowie ein geringer Overrun von < 400 % anzustreben. Durch Homogenisierung des Fruchtpürees und der damit einhergehenden Strukturveränderung, können die genannten Schaumeigenschaften variieren und werden daher in Abhängigkeit der Homogenisierdrehzahl im Hinblick auf eine mögliche Optimierung zur anschließenden Trocknung betrachtet.

Kernfreie Fruchtpürees aus Himbeeren der Sorte *Willamette* wurden in einer Kolloidmühle bei einer Spaltweite von 1 mm und variierender Drehzahl (3000, 8000, 13000 min^{-1}) homogenisiert und anschließend die Viskosität sowie Partikelgrößenverteilung bestimmt. Das nicht homogenisierte Püree diente hierbei als Referenzprobe. In Abb. 1 und 2 sind die Viskosität sowie die Partikelgrößenverteilung der Referenzprobe und der homogenisierten Pürees mit Variation der Homogenisierdrehzahl dargestellt. Die Viskosität wurde durch scherrheologische Messungen im konzentrischen Zylinder am Rheometer MCR302 (Anton Paar) bei einer Scherrate von 100 s^{-1} bestimmt, die Partikelgröße mittels Laserbeugung (Mastersizer, Malvern Instruments) gemessen.

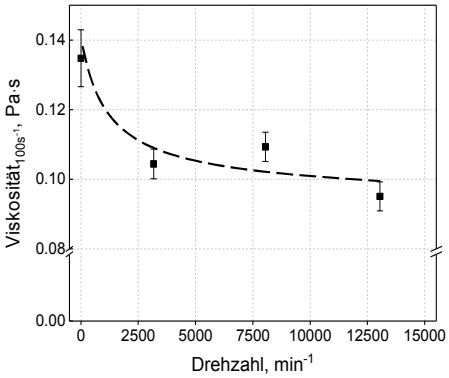


Abb. 1: Viskosität ($100s^{-1}$) in Abhängigkeit der Drehzahl der Kolloidmühle

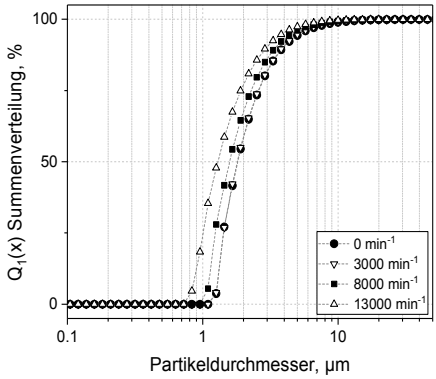


Abb. 2: Partikelgrößenverteilung von Fruchtpürees bei unterschiedlicher Homogenisierdrehzahl

Wie aus Abb. 1 hervorgeht, resultiert aus der bei der Homogenisierung bedingten Zerstörung der Struktur des Fruchtgewebes eine Abnahme der Viskosität. Die Viskosität des nicht homogenisierten Fruchtpürees ist mit 0,135 Pa·s ca. 30 % höher als die Viskosität der homogenisierten Pürees. Mit zunehmender Kolloidmühlendrehzahl wurde eine Reduktion der Viskosität beobachtet, wobei der Einfluss der Drehzahl auf die Viskosität nach dem durch die Zerstörung der zusammenhängenden Gewebestruktur hervorgerufenen initialen Viskositätsabfall gering bleibt. Wie in Abb. 2 zu sehen ist, erfolgt durch die Homogenisierung eine Verschiebung der Summenverteilungskurve nach links in Richtung kleinerer Partikel, wobei die Verteilungskurve des bei 3000 min^{-1} homogenisierten Pürees keine Unterschiede zur nicht homogenisierten Referenzprobe aufweist.

Unter Zusatz von Kartoffelprotein (KPI, 5 %) zur Schaumbildung wurden die homogenisierten sowie das nichthomogenisierte Fruchtpüree anschließend bei 20 °C mittels Rotor-Stator-System 10 min mit maximaler Drehzahl (220 rpm) aufgeschäumt und die Schaumeigenschaften (Overrun, Schaumstabilität) untersucht. Abb. 3 zeigt die hierbei ermittelten Werte in Abhängigkeit der Kolloidmühlendrehzahl.

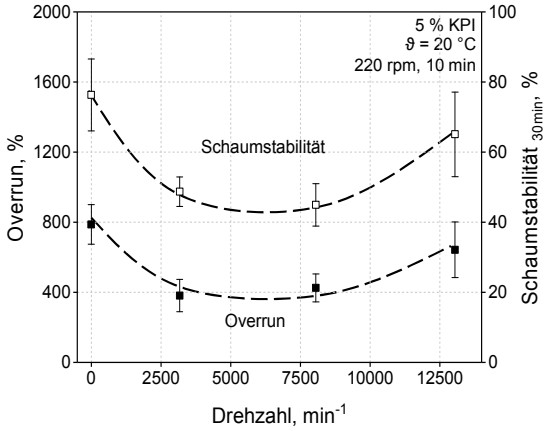


Abb. 3: Overrun und Schaumstabilität (t = 30 min) in Abhängigkeit der Drehzahl der Kolloidmühle

Die nicht homogenisierte Referenzprobe zeigt aufgrund der wie zuvor dargestellten höheren Viskosität eine höhere Schaumstabilität als die homogenisierten Pürees. Es ist davon auszugehen, dass aufgrund des zusammenhängenden Fruchtgewebes die Schaumlamellen verblocken, das Abfließen von Drainage dadurch verhindert wird und somit die Schaumstabilität erhöht ist. Durch die Zerstörung der Gewebestruktur und der damit verbundenen Viskositätserniedrigung kann Drainage leichter aus den Schaumlamellen abfließen, wodurch die Schaumstabilität abnimmt.

Der Wiederanstieg der Schaumstabilität bei 13000 min^{-1} kann durch einen möglichen verbesserten konvektiven Transport des Proteins an die Grenzfläche und die damit verbundene Stabilisierung der Grenzfläche erklärt werden. Die Schaumstabilität des bei dieser Drehzahl homogenisierten Fruchtpürees liegt im Bereich der Stabilität der nicht homogenisierten Referenzprobe. Der Verlauf des Overruns zeigt mit der anfänglichen Abnahme und dem Wiederanstieg bei 13000 min^{-1} die gleiche Tendenz wie die Schaumstabilität.

Eine Homogenisierung des Fruchtpürees bietet daher aufgrund der verringerten Viskosität und der geringeren Schaumstabilität in Bezug auf eine spätere Trocknung keinen Vorteil. Ist allerdings ein Zellaufschluss notwendig, z.B. wenn eine erhöhte Aromastofffreisetzung aus dem Schaum während des Trocknungsvorgangs gewünscht ist, so können durch die Wahl der Kolloidmühlendrehzahl dennoch für eine stabile Trocknung günstige Schaumeigenschaften erzielt werden.

Dank: Das IGF-Vorhaben 19015 N der Forschungsvereinigung Forschungskreis der Ernährungsindustrie e. V. (FEI), Godesberger Allee 142-148, 53175 Bonn, wurde über die AiF im Rahmen des Programms zur Förderung der Industriellen Gemeinschaftsforschung (IGF) vom Bundesministerium für Wirtschaft und Energie aufgrund eines Beschlusses des Deutschen Bundestages gefördert.

Application of texture analysis method to foamed fruit snacks

Anwendung von Texturanalyseverfahren auf geschäumte Fruchtsnacks

Mine Özcelik, Sabine Ambros

Due to increasing health awareness, healthy snack products have recently become more attractive to many consumers. Foams made out of fruit pulp can be dried and consumed as snack foods. Dried fruit based foams disintegrate very quickly once they contact with the saliva in the mouth, leading to a spontaneous flavor release. Quality of flavor, texture, and color of a food product are the main criteria as to whether the product will be preferred or not by the consumers. Most of the time, the texture is analyzed together with other sensory attributes such as taste and aroma for flavor (Jeltema et al., 2016).

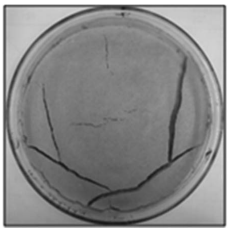


Fig. 1: Dried raspberry foam

In this respect, texture is directly related to a snack product's first bite effect on the consumers' sense and, thus, plays a definitive role whether or not the product will be favored. On the other hand, shelf life of a product is closely related to the texture of the product as well.

Raspberry, as a model fruit, was mixed with varying foaming agents and foam stabilizers such as potato protease inhibitors, maltodextrin, and pectin to obtain foamed snack products of different characteristics. After the drying process, foams were evaluated for their textural properties. So far, the texture of foam products has been measured by using instrumental analyses in many research efforts.

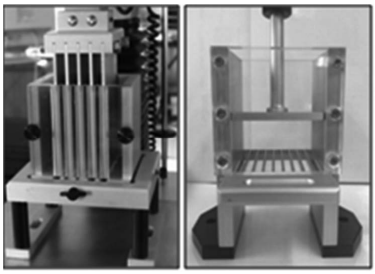


Fig. 3: a) Kramer shear cell five-blade, b) Ottawa cell probe

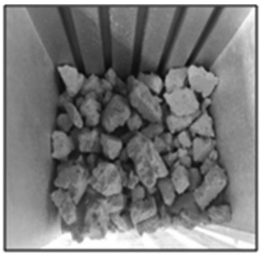


Fig 2: Randomly chosen samples

These analyses were carried out by using different test methods with different probes. For a given product, it is important to establish a testing framework which utilizes the most appropriate methodology and probe for the product (Paula and Conti-Silva, 2014). Since most snack products do not have a uniform shape, being able to obtain repeatable results from the tests is also important. It is difficult to analyze the texture of dried raspberry foams. Therefore, the aim of this study was to determine the most suitable instrumental test method for obtaining reproducible data from the foamed raspberry snacks.

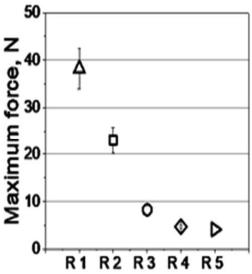


Fig. 4: Effects of different foam recipes (R1, R2, …, R5) on the maximum force

Raspberry foams were produced with varying concentrations of ingredients and dried until the residual moisture content decreased to 4 % (Fig. 1). The dried samples were chosen randomly from each batch (Fig. 2). The texture was determined using the *TA.TX* plus texture analyzer (Stable Micro Systems, Godalming, UK) using a 50-kg load cell. The texture analysis was performed such that the dried samples were subjected to a combination of compression, shearing and extrusion. The five-bladed Kramer shear cell (KSC) (Fig. 3a) and Ottawa cell (OTC) (Fig. 3b) were utilized to determine the most proper texture probe. In order to establish the minimum sample amount, samples weighing from 5 to 15 g tested by using both probes with different foam compositions. In the texture analysis tests, force versus time data were collected as the probe travels through the samples contained the cell. Then, the data is obtained from the software (*Texture Exponent 32*) of the test equipment. The maximum peak force value was expressed as 'hardness' (N) of the sample. The application of the Ottawa-cell compression test was determined to be impractical with a 50 kg load cell. Soon after the plunger reached the bottom, the test was aborted automatically due to overload.

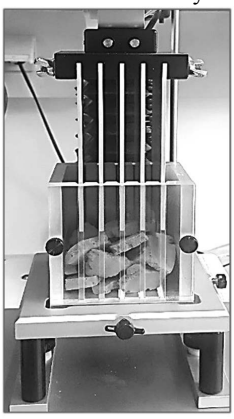


Fig. 5: Texture analysis of raspberry foam

It was found that a load cell having a higher capacity was necessary to complete the compression test for all different foams characterized in this study. Therefore, the five-bladed Kramer shear cell (KSC) was chosen since it is appropriate for analyzing the multi-particle products such as fruits and vegetables. In order to increase the repeatability of the results, it was observed that filling approximately 50 % of the cell is important, especially when testing the samples which do not have a uniform shape. In general, the samples weighing 10 and 15 g revealed similar results with a low standard deviation while the samples weighing 5 g were not sufficient to obtain repeatable results. The Kramer shear cell was found to be appropriate for the texture analysis of raspberry foamed snacks. Figure 4 shows the maximum peak force results obtained from 10 g foam samples of different compositions using the Kramer shear cell. The results showed that varying maltodextrin and potato protease inhibitors concentrations have a significant effect on the hardness. As the sample composition was changed, the mean force changed, as shown in the figure 4. The Kramer shear cell simulates biting characteristics of a food product. The five-blades advance at a constant speed through the specimen (Fig. 5). The fact that the multiple blades provide measurements at several positions simultaneously compensates for the variations in configuration or structure. As a result, we determined that the sample amount of 10 g is sufficient to obtain repeatable data by the Kramer shear cell.

Literatur:

- Jeltema, M.; Beckley, J.; Vahalik, J. (2016): Food texture assessment and preference based on mouth behavior. *Food Quality and Preference* 52, 160–171.
- Paula, A. M.; Conti-Silva, A. C. (2014): Texture profile and correlation between sensory and instrumental analyses on extruded snacks. *Journal of Food Engineering* 121, 9–14.

Dank: Das IGF-Vorhaben 19015 N der Forschungsvereinigung Forschungskreis der Ernährungsindustrie e. V. (FEI), Godesberger Allee 142-148, 53175 Bonn, wurde über die AiF im Rahmen des Programms zur Förderung der Industriellen Gemeinschaftsforschung (IGF) vom Bundesministerium für Wirtschaft und Energie aufgrund eines Beschlusses des Deutschen Bundestages gefördert.

Abhängigkeit der Grenzflächenspannung zwischen Öl und Wasser von der Zusammensetzung des Öls

Oil-dependent interfacial tension at oil-water boundarys

Oliver Gmach, Andreas Bertsch

Zur Herstellung von Lebensmitteln wie Mayonnaise, Salatdressing und anderen Saucen werden verschiedenste Öle in Öl-in-Wasser-Emulsionen eingesetzt. Oftmals werden diese durch Emulgierapparate, z.B. Hochduckhomogenisatoren und Kolloidmühlen zu kleinen Tropfen geformt und durch zugegebene Emulgatoren stabilisiert. Eine wichtige physikalische Größe in diesem Herstellungsprozess stellt dabei die Grenzflächenspannung dar, die sich zwischen wässriger und Ölphase einstellt, da diese einen maßgeblichen Einfluss auf die Tropfenzerkleinerung sowie die erreichbare Tropfengröße darstellt. Die Untersuchung der Grenzflächenspannung zwischen Öl und Wasser war schon das Thema vieler Studien, allerdings wurden dabei meist synthetisch hergestellte Triglyceride bzw. aufgereinigte Öle verwendet. Nur wenig Literatur gibt es zum Einfluss von in Lebensmitteln eingesetzten Pflanzenölen. Deren Zusammensetzung ist geprägt durch die Präsenz grenzflächenaktiver Stoffe wie z.B. freien Fettsäuren, was meistens nicht berücksichtigt oder übersehen wird, aber einen maßgeblichen Einfluss auf die Emulsionsbildung haben kann.

Ziel dieser Arbeit war es daher, die Grenzflächenspannung zwischen Wasser und Sonnenblumenöl sowie Maiskeimöl zu untersuchen.

Die Grenzflächenspannung wurde dabei mittels pendant drop Tensiometer (DSA 100 Krüss GmbH) gemessen. Dazu wird ein Öltropfen durch eine fein dosierbare Spritze am Ende einer U-förmigen Kanüle gebildet, die Wasser getaucht ist (siehe Abb. 1). Die Form des gebildeten Tropfens wird mittels Kamera für 7200 s aufgezeichnet und die zeitliche Veränderung seiner Kontur ausgewertet. Durch Anwendung der Young-Laplace-Gleichung kann die Veränderung der Grenzflächenspannung aufgrund der Änderung der beiden Tropfenradien während der Messung bestimmt werden (Karapantsios & Kostoglou, 1999). In Abb. 2 ist der Verlauf der Grenzflächenspannung für die beiden verwendeten Öle dargestellt.

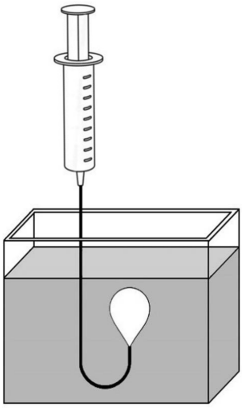


Abb.1: Aufbau der Messung

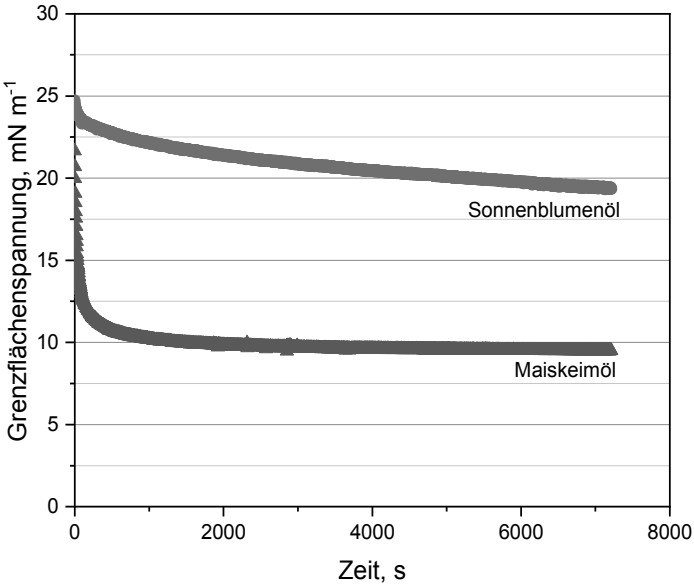


Abb. 2: Verlauf der Grenzflächenspannung zwischen Wasser und Sonnenblumen- sowie Maiskeimöl

Die untersuchten Öle weisen sowohl in den absoluten Werten als auch im Verlauf der Grenzflächenspannung deutliche Unterschiede auf. Ausgehend von einem Startwert von etwa 22-25 mN/m zeigen beide Spannungsverläufe eine deutliche initiale Absenkung der Grenzflächenspannung direkt nach der Tropfenbildung, die auf die Besetzung der neu geschaffenen Oberfläche durch grenzflächenaktive Substanzen, welche im Öl enthalten sind, zurückzuführen ist. Dabei wird deutlich, dass die Grenzflächenspannung zwischen Sonnenblumenöl und Wasser innerhalb der betrachteten 7200 s um etwa 7 mN/m fällt. Der Kurvenverlauf deutet darauf hin, dass sich die Grenzflächenspannung nach dieser Zeit noch nicht im Gleichgewicht befindet und weiter sinken wird. Bei Maiskeimöl kann ein initialer Abfall um ca. 15 mN/m beobachtet werden, wobei sich die Grenzflächenspannung hier nach etwa 3000 s nicht weiter ändert und sich bereits ein Gleichgewicht eingestellt hat. Diese unterschiedlichen Verläufe können auf unterschiedliche Zusammensetzungen der beiden untersuchten Öle zurückgeführt werden.

Dabei sind vor allem die Zusammensetzung der Triglyceride aus gesättigten und ungesättigten Fettsäuren entscheidend, da dies die Ausrichtung und Interaktion der Triglyceride an der Öl-Wasser-Grenzfläche beeinflusst. Maiskeimöl enthält einen deutlich größeren Anteil an kurzkettigen Fettsäuren wie Palmitinsäure als Sonnenblumenöl. Triglyceride mit kürzeren Fettsäureresten senken die Grenzflächenspannung stärker ab als langkettige. Des Weiteren haben enthaltene Mono- und Diglyceride großen Einfluss auf die Grenzflächenspannung, da diese aufgrund ihres amphiphilen Aufbaus die Grenzflächenspannung weiter absenken können als Triglyceride (Chumpitaz et al., 1999; Benerito et al., 1954). Neben den Triglyceriden können auch produktionsbedingte Verunreinigungen, die bei Herstellungsschritten wie z.B. dem Pressen des Öls mit herausgelöst werden, die Grenzflächenspannung beeinflussen. Die Tatsache, dass Öle aufgrund ihrer Zusammensetzung unterschiedlich hohe Grenzflächenspannungen an der Grenzfläche zu Wasser ausbilden, kann technologisch bei der Herstellung von Emulsionen genutzt werden. Dabei ist das Ziel, das thermodynamisch instabile System durch den Einsatz von Emulgatoren, welche die Grenzflächenspannung zwischen Öl und Wasser herabsetzten, zu stabilisieren. Der Effekt des Öls kann dabei unterstützend wirken. Es ist andererseits zu bedenken, dass im Wechsel zwischen Ölen unterschiedlicher Herkunft oder anderer Lieferanten eine erhebliche Variabilitätsursache liegen kann.

Literatur:

- Benerito, R.R.; Singleton, W.S.; Feuge, R.O. (1954): Surface and Interfacial Tensions of Synthetic Glycerides of Known Composition and Configuration. The Journal of Physical Chemistry. 58 (10): 831–834.
- Chumpitaz, L.D.A.; Coutinho, L.F.; Meirelles, A.J.A. (1999): Surface tension of fatty acids and triglycerides. AOCS J., 76 (3): 379–382.
- Karapantsios, T.D.; Kostoglou, M. (1999): Investigation of the oscillating bubble technique for the determination of interfacial dilatational properties. Colloids and Surfaces A: Physicochem. and Engineering Aspects. 156 (1-3): 49–64.

Dank: Das IGF-Vorhaben 18122 N der Forschungsvereinigung Forschungskreis der Ernährungsindustrie e. V. (FEI), Godesberger Allee 142-148, 53175 Bonn, wurde über die AiF im Rahmen des Programms zur Förderung der Industriellen Gemeinschaftsforschung (IGF) vom Bundesministerium für Wirtschaft und Energie aufgrund eines Beschlusses des Deutschen Bundestages gefördert.

Absenken der Oberflächenspannung zur Herstellung von geschäumten Produkten: Ein Vergleich der initialen Grenzflächenbesetzung in Tensid- und Proteinsystemen

Decrease in surface tension for the formation of aerated products: A comparison of initial surface tension decrease by means of small surfactants and protein systems

Peter Kubbutat, Thomas Bickel Haase

In der Lebensmittelindustrie als auch in der pharmazeutischen Industrie werden vermehrt Tenside und Proteine zum Emulgieren, Aufschäumen oder Reinigen eingesetzt. Dabei wirken Tenside und Proteine als oberflächenaktive Stoffe, die die Grenzflächenspannung zwischen zwei Phasen herabsenken. Daraus ergibt sich die Möglichkeit eine Schaummatrix aus Schaumbildner zu erzeugen, in welche ein von sich aus nicht schäumbares Produkt integriert werden kann. Die Eigenschaften des dabei gebildeten Schaums hängen stark vom initialen Grenzflächenspannungsabfall ab, der wiederrum spezifisch für den eingesetzten oberflächenaktiven Stoff verläuft. Zum besseren Verständnis der Schaumbildung soll daher über den initialen Grenzflächenspannungsabfall ein Vergleich zwischen Tensiden und Proteinen gezogen werden.

Der Mechanismus der Grenzflächenbesetzung von Proteinen an der Luft/Wasser-Grenzfläche lässt sich in vier verschiedene Phasen einteilen (MacRitchie 1978). Unmittelbar nach erzeugen der Grenzfläche kommt es zu einer Lag-phase (Phase I) in der sich die Oberflächenspannung nicht verändert. Anschließend diffundieren erste oberflächenaktive Reagenzien zur Grenzfläche (Phase II). Dadurch kommt es zu einer schnellen Absenkung der Oberflächenspannung. Phase III beschreibt die Adsorption an der Oberfläche wohingegen in Phase IV eine Reorientierung der Moleküle, wie eine Ausbildung von Multilayern, an der Grenzfläche beschreibt. Um einen Vergleich zweier Gesamtsysteme auf die Emulgierfähigkeit oder Schäumbarkeit zu ermöglichen, können Phase I und II zum initialen Spannungsabfall $\dot{\sigma}$ kombiniert werden (Marinova et al. 2009).

$$\dot{\sigma} = \frac{\sigma_0 - \sigma_t}{\Delta t}$$

Mit $\dot{\sigma}$ als initialen Spannungsabfall in $mN \cdot m^{-1} \cdot s^{-1}$, σ_0 als Oberflächenspannung des Lösungsmittels zu Luft und σ_t der Oberflächenspannung des Gesamtsystems zum Zeitpunkt t. Dabei wird für σ_t der erste erhobene Messwert verwendet.

Um die Unterschiede zwischen den Adsorptionsverhalten von Tensiden und Proteinen aufzuzeigen wurde mittels Pendant Drop Methode (PDM) ein Tropfen mit einer Schaumbildnerkonzentration von 1 % untersucht. Als Schaumbildner wurden das nichtionische Tensid Tween 20® und Molkenproteinisolat (WPI) verwendet. Durchgeführt wurden die Versuche an einer DFA100-Messeinheit (Krüss GmbH, Hamburg) bei 25 °C. Es werden 7200 Bilder über 2,5 h aufgenommen und die Oberflächenspannung mittels DS100 Software berechnet.

In Abb. 1 ist der Verlauf der Oberflächenspannung gegen die Versuchszeit aufgetragen. Es ist zu erkennen, dass die Lag-Phase zu vernachlässigen ist, da die Oberflächenspannung bei Beginn der Messung deutlich unter 72 $mN \cdot m^{-1} \cdot s^{-1}$ liegt. Grund für die schnelle Auswirkung auf die Grenzflächeneigenschaften sind die kleinen Proteine im Isolat. Diese können die Grenzflächenspannung zunächst schnell herabsenken, wohingegen die großen Proteine länger brauchen, um an die Grenzfläche zu diffundieren.

Des Weiteren erreicht Tween 20® schneller das Gleichgewicht erreicht als die Proteinprobe. Dies ist auf die deutlich kompaktere Molekülstruktur des Tensids im Vergleich zu den Proteinen des Isolats zurückzuführen. Der initiale Oberflächenspannungsabfall fällt mit 11,189 $mN \cdot m^{-1} \cdot s^{-1}$ etwa doppelt so stark aus, als es mit 4,977 $mN \cdot m^{-1} \cdot s^{-1}$ bei WPI der Fall ist. Da sich die Molekülgrößen deutlich unterscheiden (Tween 20® ca. 1,2 kDa, WPI ca. 18 kDa), ist im Falle von Tween 20® mit einer deutlich schnelleren Diffusion an die Grenzfläche zu rechnen, als mit WPI.

Die Oberflächenspannung konnte mit Tween 20® auf ca. 35 $mN \cdot m^{-1}$ herabgesenkt werden, wohingegen mit WPI in 7200 s ein Abfall auf nur 53 $mN \cdot m^{-1}$ möglich war. Ursache könnte die deutlich kleinere und klar definierte Struktur von Tween 20® im Vergleich zu den großen und flexiblen Proteinstrukturen sein. Des Weiteren sind repulsive Kräfte zwischen den Molekülen von Tween 20® deutlich geringer, als bei Proteinen, da es sich um ungeladene Moleküle handelt. Insgesamt kann somit im Vergleich zu Proteinen eine höhere Moleküldichte an der Grenzfläche erreicht werden, was in einem stärkeren Spannungsabfall resultiert.

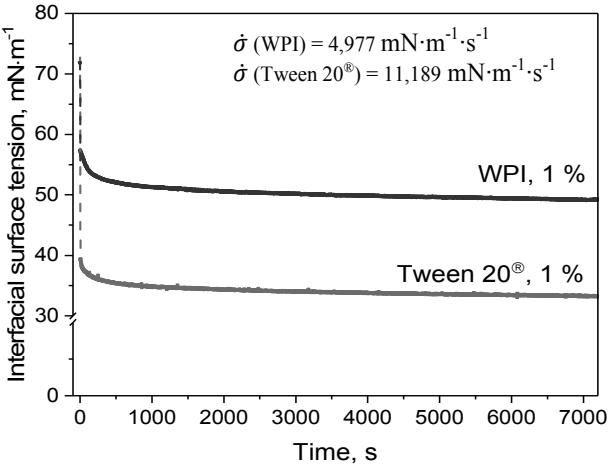


Abb. 1: Verlauf der Oberflächenspannung über eine Versuchszeit von 7200 s von 1 %wt WPI bzw. Tween 20® gegen Luft

Zusammenfassend kann gesagt werden, dass sich die Proteinabsorption an der Grenzfläche stark vom Verhalten von Tensiden unterscheidet. In Übereinstimmung mit MacRitchie (1998) brauchen sie aufgrund von Auffaltungsvorgängen deutlich länger, um ein Gleichgewicht zu erreichen. Tenside unterliegen keiner vergleichbaren Faltungskinetik, wodurch eine leichtere initiale Besetzung der Grenzfläche möglich ist. Dies resultiert beim Aufschäumen in kleineren Blasen, welche zudem enger verteilt vorliegen, als es bei Proteinschäumen der Fall ist.

Literatur:

- MacRitchie, F. (1978): Proteins at Interfaces. In: Advances in Protein Chemistry, Vol 32: Elsevier (Advances in Protein Chemistry), S. 283–326.
- MacRitchie, F. (1998): Reversibility of protein adsorption. In: Proteins at Liquid Interfaces, Bd. 7: Elsevier (Studies in Interface Science), S. 149–177.
- Marinova, K. G.; Basheva, E. S.; Nenova, B.; Temelska, M.; Mirarefi, A. Y.; Campbell, B.; Ivanov, I. B. (2009): Physico-chemical factors controlling the foamability and foam stability of milk proteins. Sodium caseinate and whey protein concentrates. Food Hydrocolloids 23 (7), S. 1864–1876

Dank: Das IGF-Vorhaben 18819 N der Forschungsvereinigung Forschungskreis der Ernährungsindustrie e. V. (FEI), Godesberger Allee 142-148, 53175 Bonn, wurde über die AiF im Rahmen des Programms zur Förderung der Industriellen Gemeinschaftsforschung (IGF) vom Bundesministerium für Wirtschaft und Energie aufgrund eines Beschlusses des Deutschen Bundestages gefördert.

Stabilisierung von Emulsionen durch proteinbasierte Partikel

Stabilization of interfaces in emulsions by protein based particles

Franziska Kurz

Emulsionen sind thermodynamisch instabile Systeme mit großer Bedeutung in der Lebensmittelindustrie. In der Regel erfolgt eine Stabilisierung von Öl/Wasser-Grenzflächen (O/W-GF) durch grenzflächenaktive Substanzen wie beispielsweise niedermolekulare Emulgatoren oder Proteine. Eine langfristige Stabilisierung der Emulsion kann dadurch allerdings nur eingeschränkt gewährleistet werden. Alternativ können O/W-GF durch feste Partikel stabilisiert werden. Hierbei entstehen sogenannte „Pickering“-Emulsionen. Entscheidend ist, dass die

verwendeten Partikel einen geeigneten Kontaktwinkel an der GF aufweisen, zudem müssen sie eine ausreichend große Oberfläche besitzen. Ist dies gegeben, adsorbieren die Partikel praktisch irreversibel an der GF, da die Desorptionsenergie pro Partikel mit zunehmendem Partikelradius stark steigt. Der Fokus im Bereich partikelstabilisierter Emulsionen lag bisher v. a. auf der Herstellung und Verwendung synthetischer Modellpartikel oder nicht lebensmitteltauglicher Materialien. Bedingt durch die eingeschränkte Einsatzmöglichkeit dieser Modellpartikel als Lebensmittelinhaltsstoff ergibt sich der Ansatz, alternativ biogene Partikel zu identifizieren und zu isolieren bzw. aus Monomeren zu erzeugen und diese zur Emulsionsstabilisierung zu verwenden [1] [2].

Das Ziel war, durch Variation der Milieubedingungen während einer thermischen Behandlung Partikel aus Protein mit unterschiedlichen Eigenschaften (Größe, Oberflächeneingeschaften) zu erzeugen und diese lebensmitteltauglichen Partikel zur Stabilisierung von Öltropfen zu verwenden. Die Molkenproteinfraktion β-Lactoglobulin (β-Lg) aus der Milch eignet sich zur thermischen Synthese von Bioagglomeraten aus Monomeren. Durch die Variation des Erhitzungsmilieus (pH-Wert, NaCl-Konzentration) der thermischen Behandlung von β-Lg (ϑ: 80 °C/ 90 min, $c_{\beta\text{-Lg}}$: 1 %) ist es möglich, Partikel unterschiedlicher Größe und Grenzflächeneigenschaften herzustellen.

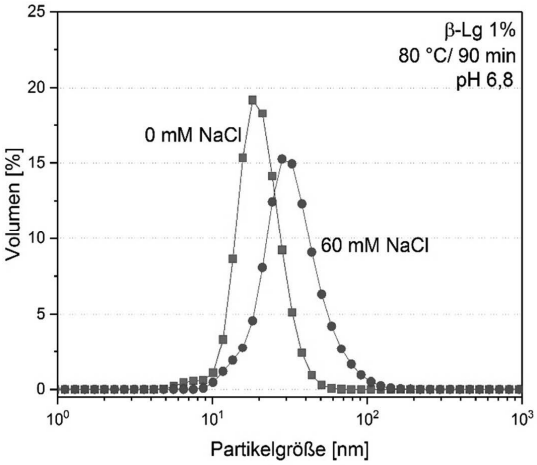


Abb. 1: Partikelgröße in Abhängigkeit der NaCl-Konzentration während der thermischen Behandlung von β-Lg (ϑ: 80 °C/ 90 min, $c_{\beta\text{-Lg}}$: 1 %).

Aus Abb. 1 geht hervor, dass eine Erhöhung der NaCl-Konzentration um 60 mM für einen pH-Wert von 6,8 mit einer Zunahme der Partikelgröße einhergeht. Durch die reine Erhitzung der Proteinlösung können somit monomodal verteilte Aggregate mit einem volumenbezogenen Medianwert ($D_{50,3}$) von 20,4 ±0,8 nm (0 mM NaCl) und 30,1 ±3,5 nm (60 mM NaCl) erzeugt werden. Im Vergleich dazu weist das native Protein einen $D_{50,3}$ von circa 3 nm (pH 6,8) auf.

Um eine spätere Beeinflussung der chemisch-physikalischen Eigenschaften sowie dem Emulgierverhalten der Partikel durch natives Restprotein oder durch Natriumchlorid zu verhindern, erfolgte im Anschluss an die Erhitzung eine Aufreinigung der Partikellösung. Hierfür fanden zwei unterschiedliche Methoden Anwendung. Wie aus Tabelle 1 hervorgeht, bedingt die Aufreinigung der bei pH 6,8 0 mM NaCl hergestellten Denaturate eine Abreicherung an nativen Restprotein. Dies erfolgte mittels isoelektrischer Fällung (pH 4,6) in Kombination mit einer Zentrifugation (500 g, 15 min, 20 °C). Anschließend wurde das im Überstand enthaltene native Protein abgetrennt und das aus Partikeln bestehende Sediment in entionisiertem Wasser resuspendiert. Dadurch konnte der Gehalt an nativem β-Lg um 14,6 % auf 4,6 % reduziert werden (vgl. Tab. 1).

Tabelle 1: NaCl-Konzentration sowie nativer Proteingehalt im Anschluss an die thermische Partikulierung bzw. Aufreinigung.

Erhitzung		Aufreinigung		
NaCl [mM]	β-Lg_{nativ} [%]	Art	NaCl [mM]	β-Lg_{nativ} [%]
0	19,1 ± 3,7	Isoelektr. Fällung	0	4,6 ± 1,3
60	0,9 ± 0,3	Nanofiltration	0	0,9 ± 0,3

Im Gegensatz dazu kann durch die reine Erhitzung bei pH 6,8 60 mM NaCl der Gehalt an nativem Protein bereits auf < 1 % reduziert werden, so dass lediglich eine Abreicherung des Natriumchlorids notwendig ist. Aufgrund der vorhandenen Größenunterschiede der β-Lg Partikel und des NaCl ist es möglich, die Ionenkonzentration mittels Nanofiltration im Diafiltrationsmodus (vgl. Tab. 1) zu reduzieren.

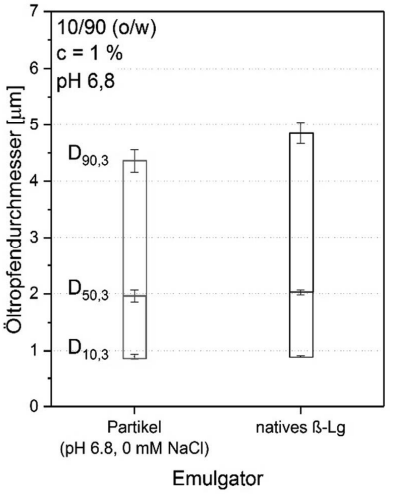


Abb. 2: Öltropfendurchmesser (10/90 (o/w), Hochdruckhomogenisator (300 bar, einstufig) in Abhängigkeit des eingesetzten Emulgators bei einer Konzentration von 1 %.

Die Ergebnisse dieser Untersuchung zeigen, dass monomodal verteilte Partikel unterschiedlicher Größe aus nativem β-Lg mittels thermischer Aggregation hergestellt und aufgereinigt werden können. Anhand von Abb. 2 ist zu erkennen, dass die aufgereinigten Proteinpartikel (pH 6,8, 0 mM NaCl) zur Stabilisierung einer Öl-in-Wasser Emulsion (10/90 (o/w), Hochdruckhomogenisierung (300 bar, einstufig)) erfolgreich eingesetzt werden können. Die Öltropfengrößenverteilung unterscheidet sich lediglich geringfügig von derjenigen des nativen Proteins. In diesem Zusammenhang werden gegenwärtig die Emulgiereigenschaften unterschiedlicher Partikel im Hinblick auf ihre Langzeitstabilisierung untersucht.

Literatur:

[1] Berton-Carabin, C.C.; Schroen, K. (2015): Pickering emulsions for food applications: background, trends, and challenges. Annual Review of Food Science and Technology. 6: 263–297.

[2] Binks, B.P. (2002): Particles as surfactants - similarities and differences. Current Opinion in Colloid & Interface Science. 7 (1-2): 21–41.

Dank: Das IGF-Vorhaben 18621 N der Forschungsvereinigung Forschungskreis der Ernährungsindustrie e. V. (FEI), Godesberger Allee 142-148, 53175 Bonn, wurde über die AiF im Rahmen des Programms zur Förderung der Industriellen Gemeinschaftsforschung (IGF) vom Bundesministerium für Wirtschaft und Energie aufgrund eines Beschlusses des Deutschen Bundestages gefördert.

Entwicklung einer Methode zur Identifizierung von adsorbierten tryptischen β-Lactoglobulin-Peptiden an einer Öl/Wasser-Grenzfläche

Development of a method for identification of adsorbed tryptic β-Lactoglobulin peptides at an oil/water Interface

Daniel Saalfeld, Marius Reiter

Auf Grund ihrer sowohl biofunktionellen als auch technofunktionellen Eigenschaften gewinnen die Milchproteine immer mehr an Bedeutung in der Lebensmittelindustrie, beispielsweise bei der Stabilisierung von Schäumen und Emulsionen. Allerdings kommt es bei einem kleinen Teil der Bevölkerung nach dem Verzehr von Milchprodukten zu allergischen Reaktionen. Vor allem ca. 3-7 % der Säuglinge/Kleinkinder aber auch ca. 1-3 % der Erwachsenen leiden unter einer sogenannten Kuhmilcheiweiß-Allergie. Um auch diesen Menschen den Verzehr von Milchprodukten zu ermöglichen wurden Prozesse wie die enzymatische Hydrolyse von Milchproteinen entwickelt, wodurch diese Allergenität entscheidend reduziert werden kann. Dabei werden zum einen die allergenen Epitope der Ausgangsproteine zerstört, zum anderen kommt es aber auch durch die Freisetzung von Peptiden zur Beeinträchtigung der technofunktionellen Eigenschaften wie der Schäumbarkeit oder Emulgierfähigkeit. Untersuchungen zu diesem Spannungsfeld zwischen der ausreichenden Reduktion der Allergenität durch eine enzymatische Hydrolyse bei gleichzeitigem Erhalt der technofunktionellen Eigenschaften beschäftigen sich auf Grund der Komplexität dieses Themas, derzeit hauptsächlich mit den phänomenologischen Aspekten und nicht der molekularen Ebene direkt an der Grenzfläche.

Vor diesem Hintergrund wurde zunächst reinstes β-Lg mit Hilfe von Trypsin hydrolysiert, um eine eindeutige Zuordnung von Peptiden zum Precursorprotein zu ermöglichen. In Zusammenhang mit dem Einsatz dieser Peptide als Emulgatoren zur Stabiliserung einer Öl/Wasser-Emulsion, erfolgten Untersuchungen zur Besetzung der Grenzfläche und deren Auswirkungen auf die Emulsionscharakteristiken in Abhängigkeit verschiedenster Prozessbedingungen. Dazu wurde eine Methode entwickelt, die es ermöglichte, die an der Emulsionsbildung beteiligten Peptide selektiv von der durch Homogenisierung neu gebildeten Öl/Wasser Grenzfläche zu desorbieren und identifizieren. Für die Herstellung der zu untersuchenden Emulsionen wurde eine 5 % (w/w) β-Lg-Lösung mit Trypsin bei 37 °C und pH 8,5 hydrolysiert. Anschließend wurde ein Proteingehalt von 1 % eingestellt und der Einfluss verschiedener Prozess-/Milieubedingungen auf die Emulsionscharakteristiken untersucht. Mit Hilfe einer neu entwickelten Methode konnten die an der Grenzfläche adsorbierten Peptide identifiziert werden. In Abbildung 1 ist ein Fließschema dieser Methode aufgezeigt.

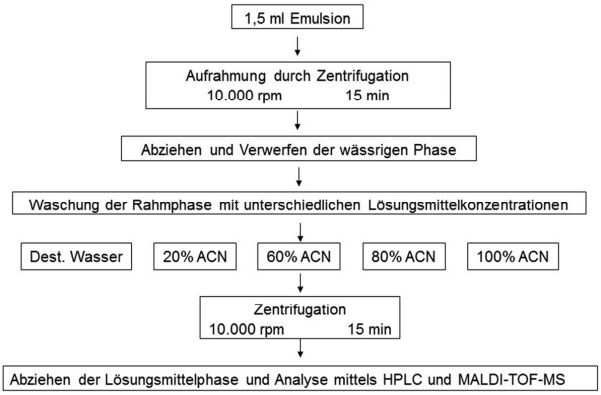


Abb. 1: Fließschema der Trennung

Die hergestellten Emulsionen wurden in fünf Mikroreaktionsgefäße aufgeteilt und mittels Zentrifugation bei 10.000 rpm für 15 min aufgerahmt. Die wässrige Phase wurde mit Hilfe einer Pasteurpipette entfernt. Im Anschluss wurden die Fettphasen mit verschiedenen Konzentrationen an Acetonitril (ACN) behandelt, um eine graduelle Desorption der Peptide auf Grund

ihrer hydrophoben Eigenschaften zu erreichen. Die Konzentrationserhöhung des ACN-Anteils bewirkt eine Steigerung der Hydrophobie des Lösungsmittels und damit auch den Wechselwirkungen zwischen Lösungsmittel und den an der Grenzfläche adsorbierten Peptiden. Nach einer Reaktionszeit von 30 min unter Schütteln bei Raumtemperatur erfolgte eine erneute Zentrifugation zur Trennung der beiden Phasen. Die HPLC-Ergebnisse des Ausgangshydrolysats und zwei Fraktionen nach der Trennung sind in Abbildung 2 gezeigt. Vergleicht man die drei Chromatogramme, so wird ersichtlich, dass ein deutlich breiteres Peptidspektrum direkt nach der Hydrolyse detektiert werden kann. Vergleicht man die beiden Fraktionen nach der Rahmwaschung zunächst mit dem Ausgangshydrolysat, kann man eine deutliche Abnahme der Peakanzahl erkennen.

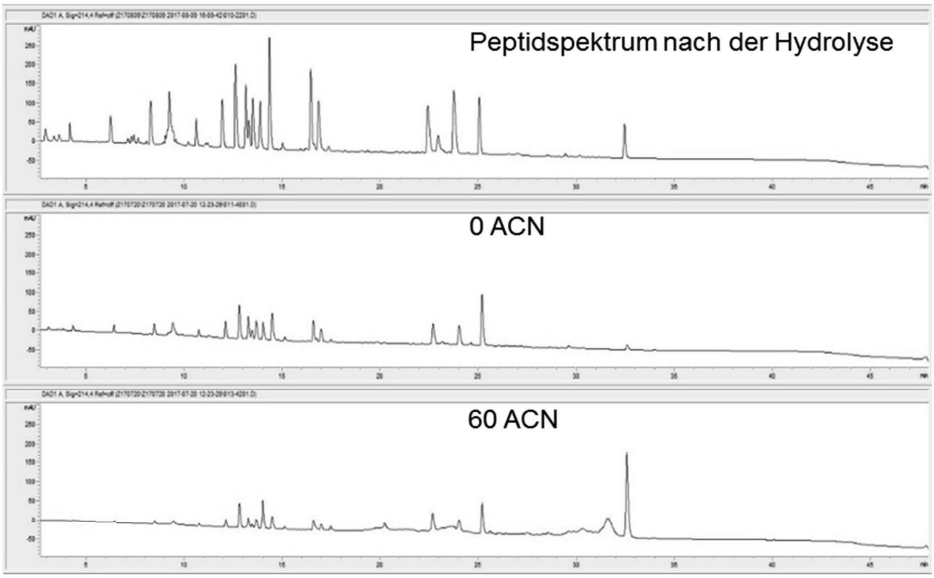


Abb. 2: HPLC Chromatogramme unterschiedlicher Fraktionen vor und nach der Desorption

Dies hängt unter anderem damit zusammen, dass nicht alle Peptide die Öl/Wasser-Grenzfläche besetzen und somit nach der Desorption detektiert werden können. Des Weiteren wird durch den Vergleich der beiden Fraktionen untereinander ersichtlich, dass eine Desorption der Peptide auf Grund ihrer Hydrophobie stattgefunden haben muss. Während in der hydrophilen Fraktion mit 0 ACN mehr hydrophile Peptide zu Beginn des Chromatogramms zu erkennen sind, verschiebt sich dieser Anteil mit steigender ACN Konzentration eher zu hydrophoberen Peptiden am Ende des Chromatogramms. Die neu entwickelte Methode erlaubt es also, eine abgestufte Desorption der adsorbierten Peptide durch verschiedene hydrophobe Wechselwirkungen vorzunehmen.

Es konnte gezeigt werden, dass eine Desorption von Peptiden an der Öl/Wasser-Grenzfläche möglich ist. Mit Hilfe von Massenspektrometrie sollen in den einzelnen Fraktionen die jeweiligen Peptide identifiziert werden. Durch Untersuchungen verschiedener Einflussparameter wie beispielsweise einer Erhitzung des Hydrolysats oder der Emulsion sowie veränderten Milieubedingungen durch Salzzugabe ist es möglich, die unterschiedliche Grenzflächenbesetzung zu analysieren. Durch einen Vergleich der Emulsionscharakteristiken mit den detektierten Peptiden an der Grenzfläche sollte es möglich sein, tiefere Erkenntnisse bezüglich der

Struktur-Funktionsbeziehung von Peptiden und deren Emulgiereigenschaften zu gewinnen. Mit diesen Erkenntnissen sollte es möglich sein, das Spannungsfeld einer Hydrolyse zwischen der Reduktion der Allergenität gegenüber der angezielten Stabilität flüssiger Emulsionen aufzulösen bzw. aufzutragen, wie weit mit der Hydrolyse gegangen werden kann, bevor die Peptide ihre Grenzflächenstabilisierungsfähigkeit verlieren.

Zusammenhang zwischen Strukturbildung und Proteinbesetzung an der O/W-Grenzfläche in mehrphasigen, hochkonzentrierten Proteinsystemen

Relation between structure build-up and protein adsorption at the oil/water interphase in multi-phased, highly concentrated protein systems

Stefanie Sedlmeier

In vielen hochkonzentrierten, mehrphasigen Lebensmittelsystemen wie Frisch- oder Schmelzkäse lassen sich thermisch induzierte, strukturbildende Reaktionen beobachten, die bisher nur ansatzweise und phänomenologisch beschrieben wurden. Dabei handelt es sich um disperse Systeme, die eine hohe Proteinkonzentration aufweisen und zudem Öl enthalten.

Bisherige Arbeiten (Röck, 2010) zeigten mittels bildgebender Verfahren einen Einfluss der Fettphase auf die Strukturbildung. Dabei wurde eine Wanderung von Proteinen an die O/W Grenzfläche vermutet, wobei Proteine neu assoziieren und so ein größeres Netzwerk und damit Strukturen ausbilden.

In diesem Projekt sollen diese Struktur- bzw. Aggregatbildungsvorgänge beschrieben und der Reaktionsmechanismus aufgeklärt werden. Die so gewonnenen Ergebnisse können für die technologische Prozessierung von Lebensmitteln oder verwandter Systeme eingesetzt werden. Zudem soll der Einfluss der Fettphase auf die Strukturbildung geklärt werden.

Es wurde ein Modellsystem, bestehend aus 15 % Casein, 20 % Fett und 3 % Salz definiert und prozessiert. Hierfür wurde ein „Mini-Prozess-Reaktor“, bestehend aus einer Rührflügelgeometrie und einem beheizbaren Probenbecher, in ein Rheometer verbaut. Dadurch konnten die Strukturbildungsvorgänge bei der Prozessierung online durch die Beobachtung der scheinbaren Viskosität aufgezeichnet werden. Es wurden charakteristische Prozesszeitpunkte bestimmt, bei welchen sich das System entweder zu stabilisieren oder umzuwandeln scheint. Das Modellsystem wurde im Batch-Verfahren bis zu diesen Prozesszeitpunkten hergestellt und analysiert. Abb. 1 zeigt einen charakteristischen Strukturbildungsverlauf und die definierten Prozesszeitpunkte.

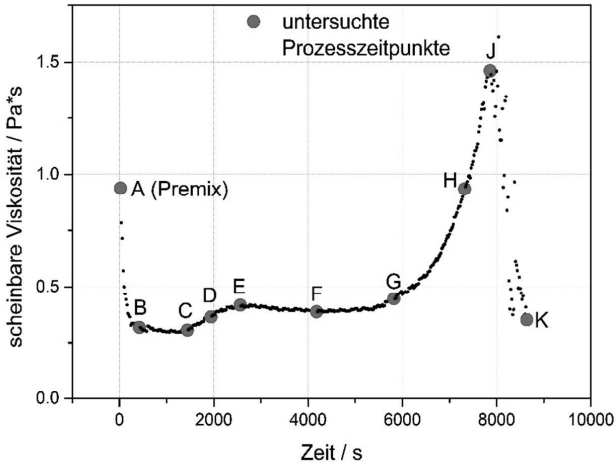


Abb.1: Stufenförmiger Strukturbildungsverlauf an Hand der scheinbaren Viskosität bei einer Prozesstemperatur von 85°C und einer Scherrate von 200 s^{-1} und untersuchte Prozesszeitpunkte (A-K) der Modellkäse Matrix

Bei der Herstellung des Schmelzkäses am Rheometer zeigte sich der charakteristische, zuvor schon beschriebene stufenförmige Viskositätsanstieg. Im Gegensatz zur Vorgängerarbeit von Röck (2010) wurde der Strukturbildungsverlauf bis zum Zusammenbruch des Systems betrachtet, also bis zur schlagartigen Abnahme der aufgezeichneten Viskosität am Rheometer. Tabelle 1 zeigt eine Beschreibung der Prozesszeitpunkte A-K.

Tabelle 1: Beschreibung der untersuchten Prozesszeitpunkte

Zeitpunkt	Beschreibung	Zeit [s]
A	Schmelzkäsepremix, unprozessiert	0
B	Eingeschmolzenes Produkt, Beginn der 1. Plateauphase	460
C	Ende der 1. Plateauphase, Beginn der 1. exponentiellen Phase	1480
D	Mitte der 1. exponentiellen Phase	1980
E	Ende der 1. exponentiellen Phase, Beginn der 2. Plateauphase	2600
F	Mitte der 2. Plateauphase	4220
G	Ende der 2. Plateauphase, Beginn der 2. exponentiellen Phase	5860
H	Mitte der 2. exponentiellen Phase	7360
J	Ende der 2. exponentiellen Phase, Viskositätsmaximum	7900
K	Überprozessiertes Produkt, starker Viskositätsabfall	8680

Der Fokus der Analytik der prozessierenden Proben lag dabei auf der Untersuchung der Proteinbesetzung an der O/W-Grenzfläche. Es wurde eine Zentrifugationsmethode entwickelt, um die adsorbierten Proteine an der O/W-Grenzfläche zu isolieren und anschließend mittels Hochleistungsflüssigchromatographie zu identifizieren. Zudem wurde die Trockenmasse der Fettphase untersucht um Rückschlüsse auf die Proteinhydratation an der O/W-Grenzfläche ziehen zu können.

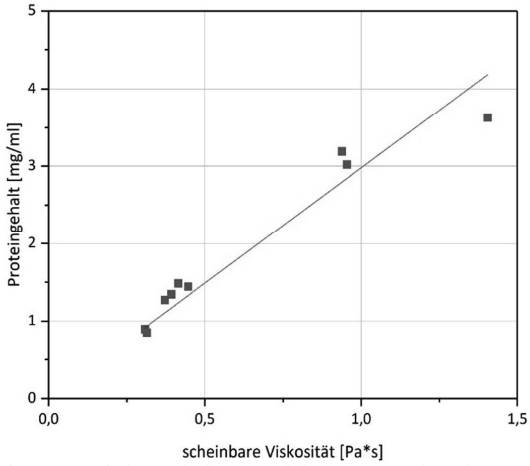


Abb.2: Korrelation zwischen Proteinbesetzung an der O/W Grenzfläche und der gemessenen, scheinbaren Viskosität

Es zeigte sich eine lineare Korrelation zwischen dem Verlauf der scheinbaren Viskosität und der Proteinbesetzung an der O/W-Grenzfläche (Abb. 2). Zudem nahm der Wassergehalt in der Fettphase des Systems, vor Allem in den exponentiellen Phasen um 15 % von ca. 30 % auf 45 % zu. Dies lässt die Hypothese zu, dass Proteine an der O/W-Grenzfläche nicht nur adsorbieren, sondern dort Netzwerke oder Cluster ausbilden, die sehr gute Wasserbindungseigenschaften zu besitzen scheinen.

Diese gleichzeitige Adsorption und Hydratation an der Fettphase des Systems könnte für den exponentiellen Viskositätsanstieg verantwortlich sein. Diese neu gewonnenen Erkenntnisse zeigen einen Zusammenhang zwischen der Proteinadsorption an der Grenzfläche und dem beobachteten Strukturaufbau, welcher genutzt werden kann, um Stabilisierungs- und Destabilisierungsmechanismen in dispersen Lebensmittelsystemen besser nachvollziehen und verstehen zu können.

Literatur:

- Röck, Sonja Martina (2010): Untersuchung von Strukturbildungsvorgängen in komplexen Milchproteinsystemen. Dargestellt am Beispiel von Schmelzkäse. Dissertation Technische Universität München, Verl. Dr. Hut

Dank: Dieses Projekt wird gefördert durch die Deutsche Forschungsgemeinschaft (DFG), Projektnummer: KU 750/8-1 / AOBJ: 630020

Optimierung des Extrusionsprozesses zur Mikropartikulierung von Molkenproteinen

Optimization of the extrusion process of microparticulation of whey proteins

Magdalena Wolz

Mittels Extrusion können Molkenproteine gezielt durch kombinierte Erhitzungs- und Schereinwirkung partikuliert werden. Die Eigenschaften der gebildeten Aggregate hängen dabei maßgeblich von den Bedingungen während der thermisch-mechanischen Behandlung ab. Im Vergleich zum bisher eingesetzten Schabewärmetauscher können dabei die Prozessbedingungen in größerem Umfang variiert werden und deutlich höhere Protein- und Trockenmassekonzentrationen eingesetzt werden. Ziel dabei ist es, aus sensorischen Gründen (Mehligkeit/Sandigkeit), Mikropartikulate im Größenbereich zwischen 0,5 und 10 µm durch Aggregation der Molkenproteine zu erzeugen und gleichzeitig einen hohen Denaturierungsgrad und damit eine hohe Ausbeute zu erreichen.

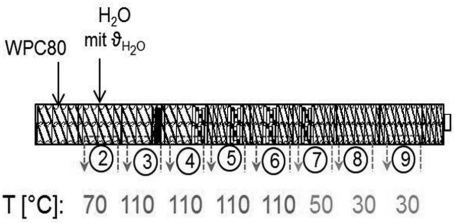


Abb. 1: Schneckenkonfiguration und optimiertes Temperaturprofil entlang des Extrudergehäuses.

Die Mikropartikulierung wurde in einem gleichsinnig drehenden Doppelschneckenextruder ZSK 25 (Coperion, Stuttgart) bei einer Drehzahl von 400 rpm und einer maximalen Temperatur von 110 °C durchgeführt. Das genaue Temperaturprofil der einzelnen Segmente des Extrudergehäuses sowie die verwendete Schneckenkonfiguration ist in Abb. 1 dargestellt. Als Ausgangsstoff wurde ein Molkenproteinkonzentrat mit einer Proteinkonzentration von 80 % (WPC80) verwendet, welches durch Wasserzugabe bei der Extrusion auf einen Proteingehalt von 30 % eingestellt wurde. Durch die Einführung von Systemparametern (spez. mechanischer Energieeintrag (SME), max. Produkttemperatur ($T_{P,max}$) können unterschiedliche Prozessvariablen zusammengefasst werden. Es konnte gezeigt werden, dass die Partikelgröße der Mikropartikulate exponentiell vom SME und der Denaturierungsgrad linear von der $T_{P,max}$ im Extruder abhängig sind [1].

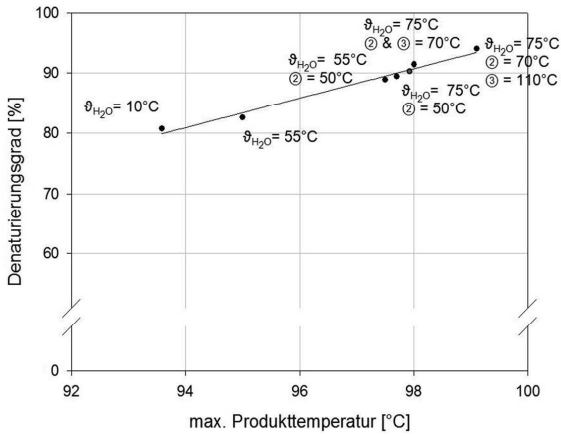


Abb. 2: Erhöhung der max. Produkttemperatur und damit Optimierung des Denaturierungsgrads durch die Zudosierung von Warmwasser und der Temperaturerhöhung von den Gehäusesegmenten 2 und 3.

Die Prozessparameter können so kombiniert werden, dass die erforderlichen Systemparameter und die gewünschten Aggregateigenschaften erreicht werden. Durch die klaren und einfachen Zusammenhänge zwischen Prozess- und Systemparametern sowie zwischen System- und Produktparametern können SME und $T_{P,max}$ zur Prozesssteuerung und -optimierung eingesetzt werden [1, 2]. Mit dem verwendeten Prozess (ϑ_{H2O} = 10 °C) konnten bisher Denaturierungsgrade von ca. 80 % erreicht werden (Abb. 2).

Um eine hohe Ausbeute zu erzielen, ist es von Interesse, den Denaturierungsgrad noch weiter zu steigern ohne jedoch die Partikelgröße ebenfalls zu erhöhen. Da der Denaturierungsgrad maßgeblich von $T_{P,max}$ bestimmt wird, kann dieser durch eine Erhöhung der thermisch eingebrachten Energie gesteigert werden. Die vermehrte Einbringung thermischer Energie kann dabei durch die Erhöhung der Ausgangstemperatur der Rohstoffe und die Erhöhung der Segmenttemperaturen des Extrudergehäuses erfolgen. In Abb. 2 ist der erzielte Denaturierungsgrad in Abhängigkeit von der erreichten max. Produkttemperatur dargestellt. Es wurden dabei sowohl die Wassertemperatur ϑ_{H2O} als auch die Gehäusetemperaturen in den Segmenten 2 und 3 variiert. Die maximale Gehäusetemperatur in den Segmenten 4 – 6 wurde nicht erhöht, um Produktanbackungen zu vermeiden.

Der lineare Zusammenhang zwischen der maximalen Produkttemperatur und dem Denaturierungsgrad der Molkenproteine, welcher für unterschiedliche Prozessbedingungen, wie Temperatur, Massenstrom und Drehzahl bereits festgestellt wurde [1], konnte damit bestätigt werden (s. Abb. 2). Solange die Produktaustrittstemperatur die Denaturierungstemperatur der Molkenproteine von 68 °C nicht überschreitet, kann auch keine Veränderung der Partikelgrößenverteilung festgestellt werden. Dies ist in Abb. 3 dargestellt. Die Zunahme des Denaturierungsgrades von 80 % auf 90 % wird dabei durch die Zugabe von Warmwasser mit 75 °C und einem veränderten Temperaturprofil entlang der Schnecke (vgl. Abb. 1) erreicht. Durch diese Veränderung des Prozesses wird ausschließlich der thermische Energieeintrag in das Produkt verändert. Der mechanische Energieeintrag wird dagegen gleich gelassen. Damit wird die Partikelgrößenverteilung nicht beeinflusst.

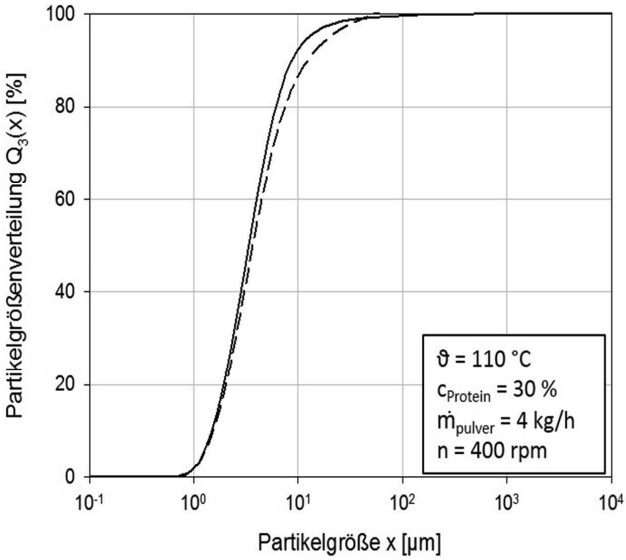


Abb. 3: Volumenbezogene Partikelgrößenverteilungen von Mikropartikulaten mit einem Denaturierungsgrad von 80 % (Standard, ─) und 90 % (optimiert, - -).

Es kann also durch Variation der thermisch eingebrachten Energie der Denaturierungsgrad gezielt eingestellt werden. Dies bietet deutliche Vorteile bei der Steuerung der Produkteigenschaften und unterstreicht den Vorteil des Systemparameter-Konzepts für die Mikropartikulierung der Molkenproteine.

Literatur:

[1] Wolz, M., Kulozik, U. (2017): System parameters in a high moisture extrusion process for microparticulation of whey proteins. In: Journal of Food Engineering, 209, S. 12-17.

[2] Wolz, M., Kastenhuber, S., Kulozik, U. (2016): High moisture extrusion for microparticulation of whey proteins –Influence of process parameters. In: Journal of Food Engineering, 185, S. 56-61.

Dank: Das IGF-Vorhaben 17140 N der Forschungsvereinigung Forschungskreis der Ernährungsindustrie e. V. (FEI), Godesberger Allee 142-148, 53175 Bonn, wurde über die AiF im Rahmen des Programms zur Förderung der Industriellen Gemeinschaftsforschung (IGF) vom Bundesministerium für Wirtschaft und Energie aufgrund eines Beschlusses des Deutschen Bundestages gefördert.

Untersuchung der Renaturierbarkeit von selektiv aggregiertem α-Lactalbumin

Investigation on renaturation of selectively precipitated α-Lactalbumin

Nicole Haller

Molke enthält die Proteine α-Lactalbumin (α-La), welches sich durch seine hervorragenden nutritiven Eigenschaften auszeichnet und das hoch techno-funktionelle β-Lactoglobulin (β-Lg), welches gute Grenzflächenaktivität zeigt [1]. Ein Trennverfahren, dass es ermöglicht, beide Proteinfraktionen in ihrer nativen Konformation zu erhalten, würde eine zielgerichtete Nutzung erlauben. Eine mögliche Methode zur Trennung basiert auf der selektiven thermischen Aggregation und der nachfolgenden Trennung mittels Mikrofiltration oder Zentrifugation [2]. Während β-Lg irreversibel aggregiert, können α-La-Aggregate nach ihrer Abschei-

dung resolubilisiert werden. Bislang ist aber nicht bekannt, ob das aggregierten α-La nach dieser Resolubilisierung wieder in seiner nativen Struktur vorliegt. Das Ziel dieser Arbeit war es deshalb, mittels verschiedener analytischer Methoden den Molekülzustand nach Resolubilisierung der α-La-Aggregate zu untersuchen.

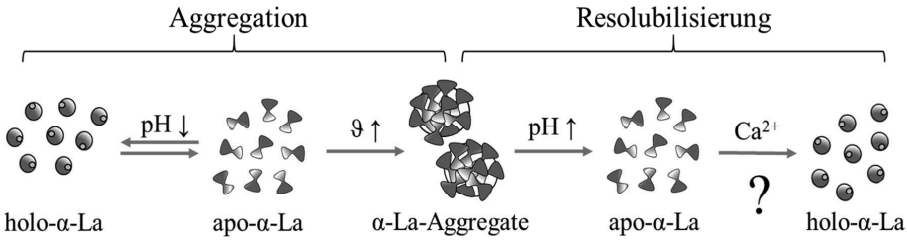


Abb. 1: Darstellung der molekularen Vorgänge bei der Aggregation und Resolubilisierung von α-La

Wie in Abb. 1 dargestellt, wird durch Absenkung des pH-Wertes das im nativen Zustand gebundene Calcium aus der Bindungsstelle des holo-α-La verdrängt, wodurch das Protein in die sog. apo-Form übergeht. Die apo-Form ist deutlich hitzesensitiver als die calcium-stabilisierte Form, wodurch bereits geringe Temperaturen ($\vartheta > 30$ °C) zu einer Exposition innerer hydrophober Bereiche führen. Es entstehen Aggregate, die über hydrophobe Wechselwirkungen stabilisiert sind. Das β-Lg geht dabei unverändert aus der Erhitzung hervor. Durch den induzierten Größenunterschied konnten die beiden Phasen mittels Zentrifugation voneinander getrennt werden. Das löslich gebliebene β-Lg wurde im Überstand erhalten, das aggregierte α-La bildete ein fließfähiges Sediment aus. Dieses Sediment wurde im Verhältnis 1:5 in VE-Wasser resuspendiert, der pH-Wert auf Werte zwischen 6,0-9,5 erhöht und die dreifach stöchiometrische Menge an Calciumionen in Form von Calciumchlorid zugegeben.

Mit zunehmenden pH-Wert war bereits optisch eine Aufklarung der Lösung zu erkennen, wie in Abb. 2 zu sehen ist. Die photometrische Messung der Transmission (T %) diente in diesem Fall der Quantifizierung der Aufklarung. Bei einer pH-Erhöhung von 7,0 auf 8,0 ist ein deutlicher Anstieg der Transmissionswerte auf über 90 % zu verzeichnen. Dies deutet auf einen pH-Wert-abhängigen Zerfall der Aggregate hin, wodurch sich keine Partikel mehr in der Lösung befinden, die das transmittierende Licht abschwächen.

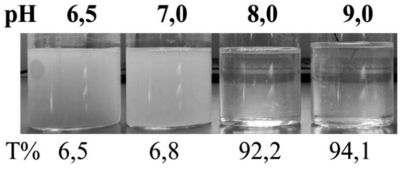


Abb. 2: Erreichte Aufklarung nach Resolubilisierung von aggregierten α-La bei verschiedenen pH-Werten

Von der erfolgreichen Resolubilisierung der Aggregate kann allerdings nicht auf eine Renaturierung, also einer vollständigen strukturellen Homologie zum nativen Zustand, geschlossen werden. Dies ist von Bedeutung, da die Biofunktionalität eines Proteins maßgeblich abhängig von dessen nativer Struktur ist. Um zu überprüfen, ob sich bei der vorgelagerten Aggregation die Struktur von α-La irreversibel verändert und welchen Einfluss der gewählte Resolubilisierungs-pH-Wert auf die Rückfaltbarkeit hat, wurden weitere proteinanalytische Untersuchungen durchgeführt. Zum einen wurden die Denaturierungstemperaturen mittels kalorimetrischer Messungen bestimmt und zum anderen eine Infrarotspektroskopische Untersuchung der Sekundärstruktur durchgeführt.

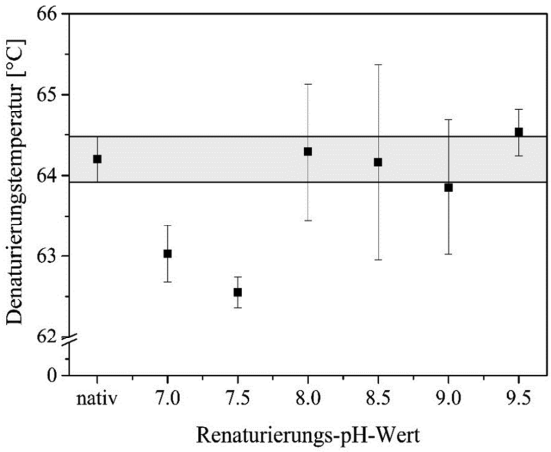


Abb. 3: Den Denaturierungstemperaturen von nativen und bei verschiedenen pH-Werten rückgefalteten α-La

In Abb. 3 sind die Denaturierungstemperaturen der rückgefalteten α-La-Proben sowie einer nativen Referenz dargestellt. Die Denaturierungstemperatur gibt an, bei welcher Temperatur ein Kollaps der Tertiärstruktur auftritt und ist demzufolge ein Maß für die thermische Stabilität eines Proteins. Das native calciumgebundene α-La zeigt eine Denaturierungstemperatur 64,2 ± 0,3 °C. Erst ab einem Resolubilisierungs-pH-Wert von 8,0 wurden signifikant ähnliche Werte der Denaturierungstemperatur des nativen α-La erreicht (grau hinterlegter Bereich). Die beste Übereinstimmung mit der nativen holo-α-La-Referenz wurde für pH-Werte von 8,0 und 8,5 gefunden.

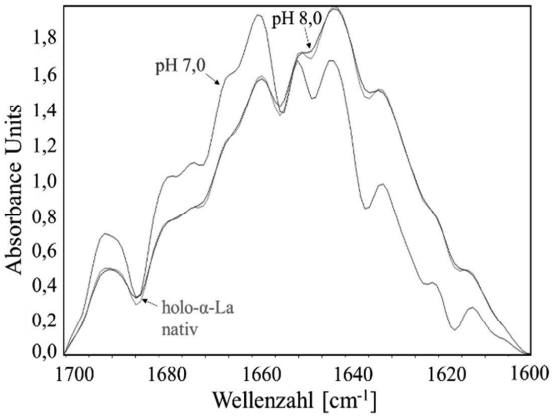


Abb. 4: Infrarot-Spektrum von nativem und bei pH 7,0 und 8,0 rückgefalteten α-La Proben

Einen tieferen Einblick in die Sekundärstruktur eines Proteins lässt sich über eine Fourier-Transform-Infrarotspektroskopie erreichen. Speziell die sog. Amid I Band, die im Wellenzahlbereich von 1600-1700 cm^{-1} aufgenommen wird, spiegelt Sekundärstrukturmotive wie α-Helix und β-Faltblattstrukturen wieder. Eine Aussage über die Homologie der Faltungszustände zweier Proteine kann qualitativ erfolgen, wenn die beiden Bandenmuster eine gute Deckung zeigen.

In Abb. 4 ist zu sehen, wie sich das Spektrum des bei pH 7,0 zurückgefalteten α-La deutlich von dem Spektrum eines nativen calciumgebundenen α-La unterscheidet. Bei einem Renaturierungs-pH von 8,0 zeigen die beiden Kurven jedoch sehr hohe Übereinstimmung, wodurch auf eine gute Übereinstimmung der Sekundärstruktur geschlossen werden kann. Durch eine weiterführende HPLC-Analyse wurde ermittelt, dass bei einem Resolubilisierungs-pH-Wert von 8,0 insgesamt 93% der α-La-Moleküle wieder renaturiert werden konnten.

Die Ergebnisse zeigen, dass das α-La unter geeigneten Renaturierungsbedingungen zu einem hohen Anteil wieder in seine native holo-Form überführt werden kann und durch den vorgelagerten Aggregationsprozess keine irreversiblen Veränderungen an dessen Tertiär- und Sekundärstruktur auftreten. Mit diesen Untersuchungen wurde bestätigt, dass durch den oben beschriebenen Separationsprozess die beiden Molkenproteinfraktionen β-Lg und α-La in ihrer nativen Konformation erhalten werden können.

Literatur:

[1] De Wit, J. N. (1998). Nutritional and functional characteristics of whey proteins in food products. *Journal of dairy science*, 81(3), 597-608.

[2] Toro-Sierra, J., Tolkach, A., Kulozik, U. (2013). Fractionation of α-lactalbumin and β-lactoglobulin from whey protein isolate using selective thermal aggregation, an optimized membrane separation procedure and resolubilization techniques at pilot plant scale. *Food and Bioprocess Technology*, *6*(4), 1032-1043.

Dank: Das IGF-Vorhaben 18126 N der Forschungsvereinigung Forschungskreis der Ernährungsindustrie e. V. (FEI), Godesberger Allee 142-148, 53175 Bonn, wurde über die AiF im Rahmen des Programms zur Förderung der Industriellen Gemeinschaftsforschung (IGF) vom Bundesministerium für Wirtschaft und Energie aufgrund eines Beschlusses des Deutschen Bundestages gefördert.

Forschungsgebiet Trenntechnik
Workgroup Separation Techniques

Semi-quantitative Analyse von Ablagerungsschichten auf polymeren Membranen

Semi qualitative analysis of deposit layers on polymeric membranes

Martin Hartinger

Membrantrennverfahren haben ein breites Anwendungsspektrum in der Lebensmittelindustrie. Es ist bekannt, dass bei allen Membrantrennprozessen zurückgehaltene Partikel auf der Oberfläche akkumulieren und eine Deckschicht bilden können. Diese Deckschichtbildung führt zu maßgeblichen Einbußen bei der Filtrationsleistung und soll möglichst verhindert werden. Sie ist dabei unter anderem durch die Strömungsverhältnisse bestimmt, die bei polymeren Membranen durch die netzartige Struktur der verwendeten Spacer lokalen Schwankungen unterliegen. Damit einhergehen kleinskalige Schwankungen in der Ablagerungsschicht, die die Filtrationsleistung wesentlich beeinflussen, jedoch bisher nicht analytisch zugänglich waren. Ziel war daher, die lokale Ablagerungsintensität auf polymeren Membranen durch Färbung semi-quantitativ zu erfassen.

Zunächst wurde die Methode in einer Rührzelle etabliert, die mit einem Ausschnitt einer konventionellen 0,1 µm PVDF-Mikrofiltrationsmembran bestückt war. Bei 20 °C und Transmembrandrücken (TMP) zwischen 0,0 und 2,0 bar, wurde Magermilch durch die Membran filtriert und diese mitsamt der anhaftenden Deckschicht getrocknet. Eine Hälfte der Membran wurde mit einer neu entwickelten Methode basierend auf der Arbeit von Reisterer et al. (1993) mit ethanolischer Coomassie Brillant Blau-Lösung (0,04 %) 10 min gefärbt, in Ethanol 3 min entfärbt und die Farbintensität durch densitometrische Grauwertanalyse erfasst. Um die Färbemethode zu kalibrieren, wurde der andere Teil mittels RP-HPLC (reversed phase high performance liquid chromatography) quantifiziert.

Abb. 1a:
Unbenutzte Membran nach der Färbung.

Abb. 1b:
Membran nach der Filtration von Magermilch

Membranen ohne Deckschicht zeigen, wie in Abb. 1a dargestellt, keine Farbreaktion und behalten ihre Ausgangsfarbe bei. Hintergrund ist, dass Coomassie Brillant Blau nicht an die Membran bindet und durch den Entfärbevorgang wieder vollständig von der Membran entfernt wird. Dem gegenüber konnte bei einer mit Deckschicht beladenen Membran nach der Filtration von Magermilch bei 2,0 bar TMP eine intensive Blaufärbung beobachtet werden (Abb. 1b). Coomassie Brillant Blau tritt in Wechselwirkung mit den Proteinen der Deckschicht und färbt diese an. Entscheidend ist hierbei neben der Bindung des Farbstoffs, dass das abgelagerte Protein auch während des Färbevorgangs auf der Membran verbleibt. Dies konnte durch die hohe Ethanolkonzentration in Färbe- und Entfärbelösung erreicht werden, die zu einer Fällung der Deckschichtproteine auf die Membran führte.

Zusätzlich ist erkennbar, dass die Deckschichtverteilung über die gesamte Membran nahezu homogen ist und damit auch bei einer Teilung der Membran in jedem Bereich die gleiche Deckschichtmenge zu erwarten ist.

Die Filtrationsversuche wurden bei variierenden TMP (0,0 – 2,0 bar) durchgeführt, die Membranen in zwei Hälften geteilt und mit RP-HPLC bzw. nach der Färbung mittels densitometrischer Messung der Grauwerte analysiert. Abb. 2 zeigt die ermittelten Grauwerte als Funktion der Proteinmenge in der Deckschicht quantifiziert mittels RP-HPLC. Dabei wurde beobachtet, dass der Grauwert mit zunehmender Proteinmenge in der Deckschicht ansteigt, bis eine Sättigung erfolgt (Bereich 3). Bis ca. 5 g/m² steigt der Grauwert nahezu linear an (Bereich 1), bevor er bei 10 g/m² mit ca. 1800 seinen Maximalwert erreicht (Übergang Bereich 2 in 3).

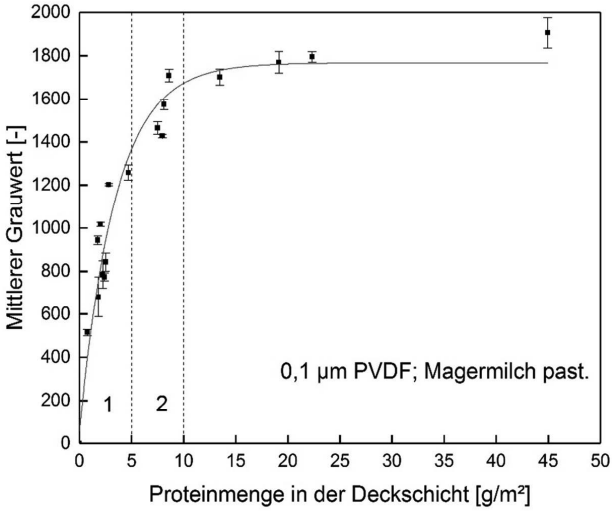


Abb. 2: Grauwert als Funktion der Proteinmenge in der Deckschicht.

Mit steigender Menge an Protein vergrößert sich die Menge an Coomassie Brillant Blau, das an die Deckschicht binden kann und damit der Grauwert. Sind 10 g/m² erreicht, kann das zusätzliche Coomassie mittels Grauwertmessung nicht mehr erfasst werden. Das bedeutet, durch Färbung lassen sich Deckschichtmengen bis ca. 5 g/m² (Bereich 1) semi-quantitativ bestimmen, bis 10 g/m² (Bereich 2) nimmt die Genauigkeit ab. In Bereich 3 (>10 g/m²) kann keine Aussage über die Deckschichtmenge getroffen werden.

Die Untersuchungen zeigen, dass die semi-quantitative Analyse der Grauwerte eine geeignete Methode zur Bestimmung der lokalen Deckschichtmenge ist. Dabei kann der Bereich zwischen 0 und 10 g/m² abgedeckt werden. Mit Hilfe der Kalibrierung lassen sich die lokalen Deckschichtmengen auf polymeren Membranen und damit unter anderem der Einfluss der Spacerform bestimmen.

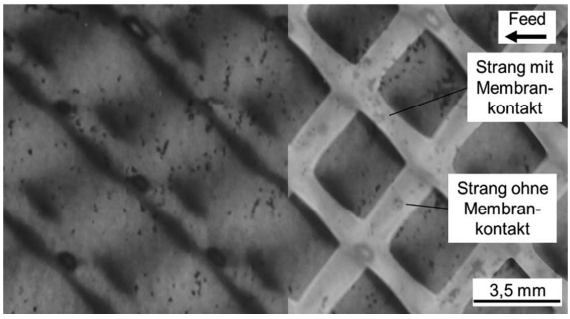


Abb. 3: Deckschichtverteilung auf einer Membran nach der Filtration von konzentrierter Magermilch.

In Abb. 3 ist beispielhaft eine gefärbte Membran (0,1 µm; PVDF) nach der Crossflow-Filtration von konzentrierter Magermilch mit 14 % Proteingehalt bei 0,5 bar TMP gezeigt. Erkennbar ist, dass die Deckschichtverteilung vom Spacer (80 mil) beeinflusst ist. Nahe der Spacerstränge mit Membrankontakt ist die Ablagerung mit >10 g/m² am höchsten. Dies wird durch die verringerte Wandschubspannung in diesen Bereichen hervorgerufen. Demgegenüber ist im Freiraum zwischen den Spacersträngen die Deckschichtmenge mit ca. 4,7 g/m² geringer. Die niedrigsten Werte sind mit ca. 2,3 g/m² im Bereich der Spacerstränge ohne Membrankontakt. Eine Verringerung des Strömungsspalts durch den Spacer führt zu höheren Wandschubspannungen und geringeren Ablagerungen in diesem Bereich. Anhand der erheblichen Unterschiede in der Deckschichtmenge lässt sich schließen, dass auch die Filtrationsleistung lokalen Schwankungen unterliegt.

Mit Hilfe der neu entwickelten Methode ist die Erfassung dieser Unterschiede nun möglich. Dadurch können ein tieferes Verständnis der Ablagerungsmechanismen geschaffen und Spacer für die Filtration mit polymeren Membranen optimiert werden.

Literatur:

- Reisterer, K.M.; Zottola, E.A.; Rulcher, R.G. (1993): Mapping protein foulants on polysulfone membranes using microspectrophotometry: measuring adsorption spectra in reflective mode provides fast and easy determination of the extent of protein fouling on ultrafiltration membranes. Food Technology (47): 104–108.

Dank: Das IGF-Vorhaben 18553 N der Forschungsvereinigung Forschungskreis der Ernährungsindustrie e. V. (FEI), Godesberger Allee 142-148, 53175 Bonn, wurde über die AiF im Rahmen des Programms zur Förderung der Industriellen Gemeinschaftsforschung (IGF) vom Bundesministerium für Wirtschaft und Energie aufgrund eines Beschlusses des Deutschen Bundestages gefördert.

Isolation von Immunglobulin G aus Milch und Kolostrum

Isolation of bovine immunoglobulin G from milk and colostrum

Hans-Jürgen Heidebrecht, Bernadette Kainz, Klaus Godl, Beatrix Förster

Kolostrum ist die Erstmilch nach der Geburt eines neugeborenen Kalbes. Da die Placenta der Mutterkuh undurchlässig für Makromoleküle wie die Immunglobuline ist, wird das Kalb ohne eigenes Immunsystem geboren und muss die Antikörper gegen natürliche Umweltfaktoren über die Muttermilch aufnehmen. Die natürliche Funktion von bovinem Immunglobulin G (IgG) ist die Opsonisierung und Agglunitation von pathogenen Keimen sowie die Aktivierung des Komplementsystems, weswegen Präparate mit hohem IgG-Gehalt auf Basis von Kolostrum zur Unterstützung des Immunsystems in der klinischen Ernährung bzw. als Nahrungser-

gänzungsmittel eingesetzt werden. Allerdings verbietet die European Food Safety Agengcy (EFSA) bisher spezifische Health Claims, da wegen der komplexen Zusammensetzung der Produkte keine eindeutige Protein-Funktion-Beziehung besteht. Dies wäre nicht der Fall, wenn IgG in isolierter Form vorliegen würde. Kolostrum ist aufgrund der hohen IgG Konzentration (20-100 g/l) ein ideales Ausgangsmaterial für die Isolation von IgG.

Das meist eingesetzte Chromatographieverfahren für die Isolation von bovinem IgG ist die Affinitätschromatographie mit verschiedenen Matrizes und Liganden wie Kupfer- oder Zinkionen, Protein G oder IgY aus Ei. Aufgrund des hohen Molekulargewichts von 140-160 kDa von IgG im Vergleich zu den anderen Molkenproteinen (α-Lactalbumin (α-La) 14 kDa, β-Lactoglobulin (β-Lg) 18 kDa, BSA 69 kDa, Lactoferrin (LF) 78 kDa, Lactoperoxidase (LPO) 79 kDa), ist die Größenausschlusschromatographie eine weitere mögliche Methode. Auch wenn diese Methoden im Allgemeinen zu einer hohen Reinheit führen, ist es sehr kostspielig, diese Methoden auf einen größeren Maßstab zu skalieren. Wegen des breiten Bereichs des isoelektrischen Punkts aufgrund der verschiedenen Subklassen von IgG im Bereich von 5.5-8.3 führt Ionenaustauschchromatographie zu einer geringen Reinheit bei einstufigem Betrieb bzw. bei Serienschaltung zu einer geringen Ausbeute. Auch wenn bereits einige Arbeiten zur Isolation von IgG existieren, besteht insbesondere noch eine Wissenslücke in Bezug auf skalierbare Methoden mit dem Ziel isoliertes IgG in therapeutischen Mengen zu gewinnen.

Abb. 1 zeigt ein SDS-Gel (angefertigt unter reduzierenden Bedingungen) mit Proben des entwickelten Isolationsprozesses.

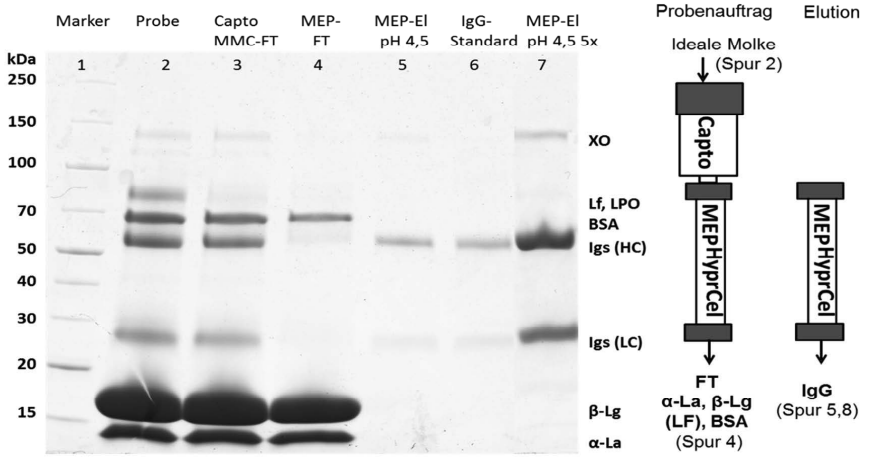


Abb. 1: reduzierendes SDS-Gel vom Isolationsprozess: Spur1 : Marker; 2: ideal Molke; 3: Durchfluss Capto MMC-Säule; 4 Durchfluss MEP-Säule 2; 5: Hauptelution; 6: IgG Standard; 7: Hauptelution 5-fach aufgetragene Menge

Auch wenn das primäre Ziel war, IgG aus Kolostrum zu isolieren, wurde für die Prozessentwicklung über Mikrofiltration hergestellte ideale Molke aus normaler Magermilch verwendet. In Kolostrum macht die IgG-Fraktion ca. 60-80 % der gesamten Molkenproteinfraktion aus, während in Milch die IgG-Fraktion nur 5-15 % beträgt. Aufgrund des unterschiedlichen Verhältnisses von IgG zur gesamten Molkenproteinfraktion können bei Verwendung von Milch-Molke als Ausgangsmaterial Verunreinigungen besser detektiert werden.

Nach einem umfangreichen Säulenscreening wurde das Mixed-Mode-Säulenmaterial Mercapto-Ethyl-Pyridine (4-MEP) als geeignet identifiziert, das IgG aber auch LPO spezifisch bindet. Der Bindemechanismus bei pH 7,5 beruht primär auf hydrophoben Wechselwirkungen, sodass die im Vergleich zu IgG hydrophileren Proteine α-La, β-Lg und BSA (Abb.1, Spur 4) im Durchfluss wiedergefunden wurden. Um die Verunreinigung durch LPO zu eliminieren, wurde vor die MEP-Säule eine weitere Säule vorgeschaltet. Bei neutralem pH-Wert ergibt sich aufgrund der Carboxylgruppe des Liganden (N-Benzoyl-Homocystein) der vorgeschalteten Capto-MMC-Säule eine negative Ladung, wodurch die bei diesem pH positiv geladenen Molkenproteine (LF und LPO) an die Säule adsorbieren. Im Durchfluss wurden daher die Proteine α-La, β-Lg, BSA und IgG (Spur 3) gefunden, die aufgrund ihrer negativen Ladung bei pH 7,5 nicht an die Säule binden. Durch Absenkung des pH auf 4,5 kommt es zur elektrostatischen Abstoßung von IgG von der MEP-Säule, sodass IgG in der Hauptelutionsfraktion wiedergefunden wurde (Spur 5, 7). Im Vergleich zum IgG-Standard (Spur 6) wurde bei Auftragung der fünffachen Menge der Elutionsfraktion (Spur 7) eine weitere Bande bei 150 kDa detektiert. Bei dieser Bande könnte es sich entweder um nicht reduziertes IgG oder um das Milchfettkugelmembranprotein Xanthinoxidase handeln. Bei der Prozessentwicklung wurde ideale Molke (Mikrofiltration von Milch) aus zuvor eingefrorener Rohmilch verwendet. Beim Einfrierprozess wird die Milchfettkugelmembran beschädigt, so dass es zu einer vermehrten Freisetzung von Xanthinoxidase kommt, die dann entsprechend in der Elutionsfraktion wiedergefunden werden könnte.

Durch die Kombination der beiden Säulen konnte IgG in einer Reinheit von >98 % und einer Ausbeute von >80 % gewonnen werden. Das Verfahren wurde im 1 ml-Maßstab entwickelt und in 2 Stufen auf ein Säulenvolumen von ca. 10 L skaliert (Abb. 2). Mit dem größten Säulenvolumen können pro Zyklus ca. 120-140 g reines IgG aus 3 Liter Kolostrum gewonnen werden.

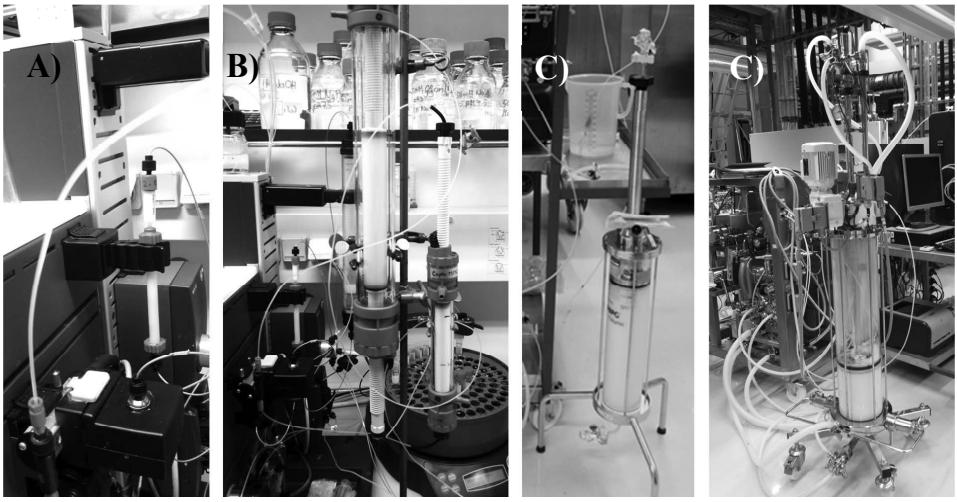


Abb. 2: Skalierung des Isolationsprozess: Säulenvolumen MMC/MEP A) 1/1 ml, B) 150/500ml, C) 3000/8800ml

Anwendung der Wirkungsflächenmethode zur Vorhersage der für das Freispülen von Spiralwickelmembranen (SWM) benötigten Zeit

Application of Response Surface Methodology for Prediction of Time Requirement for Rinsing of Spiral Wound Membranes (SWM)

Ingrun Kieferle, Eva Rehklau, Steffen Benteler, David Quitt

Besonders in der milchverarbeitenden Industrie spielt die Einsparung von Ressourcen eine große Rolle, da sie Hand in Hand mit dem Streben nach Gewinnmaximierung und Nachhaltigkeit geht. Bei der Herstellung von Milchkonzentraten allerdings, ist die Umsetzung dieses Ziels durch den Umstand erschwert, dass zur Aufrechterhaltung der mikrobiologischen Stabilität des Produktes sowie der Leistungsfähigkeit der Membrananlagen häufiges Reinigen unumgänglich ist. Diese Reinigungszyklen sind nicht nur energie-, wasser- und zeitaufwändig, sondern führen aufgrund von Mischphasenbildung stets zu großen Produktverlusten. Vor allem beim ersten Schritt der Reinigung, dem Freispülen, fallen große Mischphasen, verbunden mit hohem Wasserbedarf und Produktverlust, an.

Zur Reduktion der beim Freispülen aufzuwendenden Ressourcen ist ein besseres Verständnis der Vorgänge beim Hintereinanderströmen der Fluide notwendig. Gauwbergen und Baeyens (1997) führten bereits vor 20 Jahren Versuche zur Ermittlung und Nachrechnung der Verweilzeitverteilung des Newtonschen Fluids Wasser in SWM durch. Wie groß der Wasserverbrauch und damit das Mischphasenvolumen beim Ausschieben nicht-Newtonscher Fluide aus SWM ist, wurde bisher allerdings nicht ermittelt. Zur Untersuchung dieser Fragestellung wurden Freispülversuche mit nicht-Newtonschen Fluiden durchgeführt sowie der Mischphasenverlauf aufgezeichnet.

Es wurde untersucht, wie die Freispülzeit und damit der Ressourcenbedarf von der Dicke der Feedspacer und dem vorliegenden Konzentrierungsfaktor abhängen.

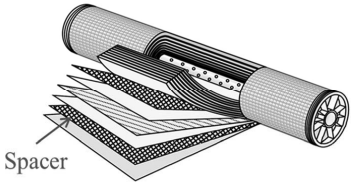


Abb. 1: Aufbau einer Spiralwickelmembran nach Wagner (2001).

Eine SWM im Industriemaßstab (6338-Modul) wurde zunächst mit Milchkonzentrat für jeweils eine Stunde bei 10 °C beladen und anschließend mit enthärtetem Wasser freigespült. Bei dem nicht-Newtonschen Modellfluid handelte es sich um Konzentrat, hergestellt aus Milchproteinpulver (MPC85, Lactoprot Deutschland GmbH) und pasteurisierter Magermilch, welches mit Konzentrierungsfaktoren zwischen 1 und 4,3 eingesetzt wurde. Die Temperatur des Freispülwassers betrug 20 ± 2 °C, der Freispülvolumenstrom betrug 13,9 ± 0,4 m^3/h. Während des Freispülens wurde keine transmembrane Druckdifferenz angelegt, da der konvektive Transport von Partikeln zur Membran verhindert werden sollte. Der Freispülverlauf wurde mit einem Inline-NIR-Trübungssensor erfasst. Mit Hilfe einer zuvor erstellten Kalibrierkurve konnte das Abbruchkriterium bei einer bestimmten Proteinbeladung definiert werden, welches das Ende des Freispülvorganges anzeigte. Für die Versuche wurden die beiden Faktoren Konzentrierungsfaktor und Spacerdicke gemäß einem statistischen Versuchsplan variiert. Die Zielgröße war die für das Freispülen bis zum Abbruchkriterium benötigte Zeit.

Die Analyse der Versuchsergebnisse erfolgte mit Hilfe der Wirkungsflächenmethode. Dabei wurden die ermittelten Datenpunkte durch eine Fläche, die Wirkungsfläche, approximiert. Die Wirkungsfläche vereinfacht die Identifikation von Effekten, Interaktionen sowie die statistische Analyse der Ergebnisse.

Die Abhängigkeit der Freispülzeit von den Faktoren Spacerdicke d_{Sp} und Konzentrierungsfaktor Φ_f ist in Abb. 2 zu sehen. Die einzelnen Datenpunkte sind durch eine Wirkungsfläche bzw. ein polynomisches Modell angenähert. Die Güte der Modellanpassung kann mit Hilfe der Auftragung beobachteter Werte gegen die durch das Modell (≈ Wirkungsfläche) vorhergesagten Freispülzeiten beurteilt werden (vgl. Abb. 3).

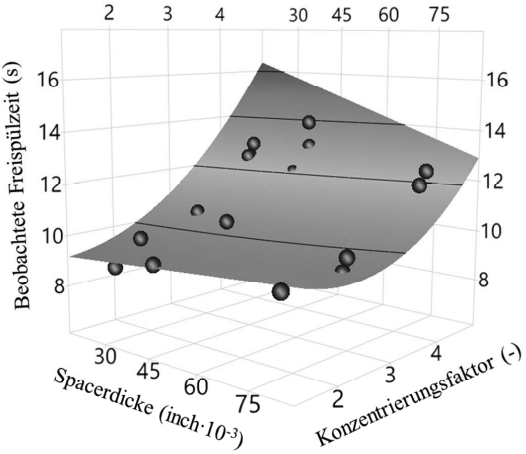


Abb. 2: Benötigte Zeit für das Freispülen von SWM als Funktion der Spacerdicke d_{Sp} und des Konzentrierungsfaktors Φ_f.

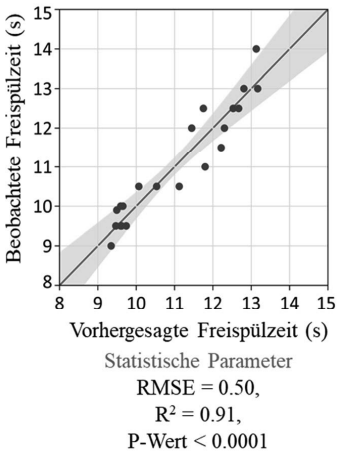


Abb. 3: Auftragung beobachteter gegen vorhergesagte Freispülzeiten mit 5 %-Signifikanzkurve (Schattierung).

Stimmen die beobachteten und die vorhergesagten Freispülzeiten exakt überein, liegen alle Punkte auf der Winkelhalbierenden, sodass das Bestimmtheitsmaß R^2 den Wert 1 annimmt. Für die vorliegende Versuchsreihe können 91 % der auftretenden Variation durch das Modell erklärt werden, wobei die Vorhersage der Freispülzeit mit einer durchschnittlichen Abweichung von 0,5 s (RMSE) möglich ist. Neben den beiden Haupteffekten d_{Sp} und Φ_f wurden im Modell die zwei Interaktionen $\Phi_f * \Phi_f$ und $d_{Sp} * \Phi_f$ berücksichtigt. Die Wahrscheinlichkeit, dass der ermittelte Zusammenhang zwischen Zielgröße und Faktoren eine rein zufällige Beobachtung ist, beträgt 0,01 % (P-Wert). Dies bedeutet, dass alle Terme des polynomischen Modells signifikant sind.

Der Konzentrierungsfaktor hat den größten Effekt auf das Freispülen von SWM. Bis zu einem Konzentrierungsfaktor von 3 (≈ 10,5 % Protein) ist der Einfluss des Konzentrierungsfaktors noch gering, nimmt bei höher werdender Konzentration aber stark zu. Dies ist damit zu erklären, dass die Fließfähigkeit der Konzentrate bis zu diesem Konzentrierungsfaktor noch sehr gut ist, ab $\Phi_f \approx 3$ aber exponentiell abnimmt. Die Spacerdicke spielt in Bezug auf das Freispülen gering konzentrierter Produkte eine untergeordnete Rolle. Für den Bereich oberhalb des Konzentrierungsfaktors von 3 deuten die Ergebnisse darauf hin, dass die Freispülzeiten mit abnehmender Spacerdicke zunehmen.

Ursache für das zügige Verdrängen des Produktes aus den Strömungskanälen ist die vorherrschende Schubspannung, welche durch das Ostwald-de-Waele-Gesetz (Gl. (1)) beschrieben werden kann.

$$\tau = K_{OW} \left(\frac{dv}{dh}\right)^n \tag{1}$$

Der Ostwaldfaktor K_{OW} sowie der Fließindex n hängen vom Konzentrierungsfaktor ab. Das Verhältnis der Strömungsgeschwindigkeit v zur Kanalhöhe h entspricht der Scherrate. Gemäß diesem Zusammenhang müsste die Schubspannung mit kleiner werdender Spacerdicke zunehmen, da das Verhältnis dv/dh für die kleinste Spacerdicke einen um den Faktor 3 größeren Wert annimmt als für die größte Spacerdicke. Die Folge wäre eine kürzere Freispülzeit für dünne Spacer, womit diese Überlegungen aber den experimentellen Beobachtungen widersprechen. Bei der Betrachtung wurde bisher allerdings nicht berücksichtigt, dass die technische Realisierung der in der Versuchsplanung vorgesehenen Freispülvolumenströme nicht exakt möglich war (siehe Tabelle 1).

Tabelle 1: Mittelwerte und Standardabweichungen der tatsächlichen Freispülvolumenströme

Spacerdicke (inch·10^{-3})	30	44	80
Mittelwert Freispülvolumenstrom (m^3/h)	13,54	14,12	14,08
Standardabweichung Freispülvolumenstrom (m^3/h)	0,32	0,41	0,22

Dies legt die Vermutung nahe, dass die geringen Abweichungen der Freispülvolumenströme bereits messbare Effekte nach sich ziehen, welche in derselben Größenordnung lagen wie die Effekte, die durch die Spacerdicken verursacht wurden.

Unabhängig von der Spacerdicke, kann für das Freispülen einer mehrstufigen SWM-Anlage aus den Versuchen abgeleitet werden, dass für die letzte Stufe ($\Phi_f \approx 4{,}5$) mit annähernd doppelt so viel Zeit zu rechnen ist, wie für das Ausschieben des Produktes aus der ersten Stufe ($\Phi_f \approx 1$). Die Versuche haben auch den deutlichen Einfluss des Freispülvolumenstroms auf das Freispülergebnis gezeigt. Aus diesem Grund ist im Anschluss an die vorliegende Versuchsreihe die Untersuchung der Abhängigkeit der Freispülzeit vom Freispülvolumenstrom geplant.

Literaturverzeichnis

- Gauwbergen, D. van; Baeyens, J. (1997): Macroscopic fluid flow conditions in spiral-wound membrane elements. In: Desalination 110 (3), S. 287–299.
- Wagner, J. (2001): Membrane Filtration Handbook. Practical Tips and Hints. 2nd Revision: Printed by Osmonics, Inc.

Dank: Das IGF-Vorhaben 18770 N der Forschungsvereinigung Forschungskreis der Ernährungsindustrie e. V. (FEI), Godesberger Allee 142-148, 53175 Bonn, wurde über die AiF im Rahmen des Programms zur Förderung der Industriellen Gemeinschaftsforschung (IGF) vom Bundesministerium für Wirtschaft und Energie aufgrund eines Beschlusses des Deutschen Bundestages gefördert.

Einsatz der Mikrofiltration zur Entkeimung von Molkenkonzentraten

Application of microfiltration to reduce the concentration of microorganisms in whey concentrate

Melanie Marx

Flüssige Molkenkonzentrate mit ausreichender Haltbarkeit und einem möglichst hohen Anteil an nativen Molkenproteinen stellen eine energieeffiziente Alternative zu sprühgetrocknetem Molkenpulver dar. Um eine ausreichende Lagerstabilität der mittels der Membrantrennverfahren Umkehrosmose (RO) und Nanofiltration (NF) gewonnenen Molkenkonzentrate zu gewährleisten, ist eine thermische Behandlung der Konzentrate unumgänglich. Durch die Unterschiede im Rückhaltevermögen von NF- und RO-Membranen ergibt sich eine veränderte Zusammensetzung an Gelöststoffen in NF-Konzentraten im Vergleich zu RO-Konzentraten. Während RO-Konzentrate in ihrer Zusammensetzung Konzentraten gleichen, die mittels Fallstromverdampfer hergestellt werden, weisen NF-Molkenkonzentrate eine geringere Konzentration einwertiger Ionen auf. Im Gegenzug sind sowohl der Laktose als auch der Proteingehalt bei gleicher Trockenmasse im NF-Konzentrat leicht erhöht.

Um die thermolabilen Molkenproteine in möglichst nativem Zustand zu erhalten, ist der Einsatz eines schonenden Verfahrens zur Haltbarmachung von großer Bedeutung. Das aus dem Bereich der Trinkmilchherstellung bekannte Extended Shelf Life (ESL)-Verfahren, eine Kombination aus Entkeimungsfiltration und Pasteurisierung, wurde daher auf die Haltbarmachung von Molkenkonzentraten übertragen. Die Mikrofiltration des RO- oder NF-Molkenkonzentrates stellt dabei einen der zentralen Prozessschritte dar, der einer Reduzierung der Keimkonzentration ohne schädigende Hitzeeinwirkung dient.

Ziel der vorliegenden Untersuchung war es, den Effekt der Mikrofiltration auf den Keimgehalt der Konzentrate sowie auf deren Konzentration an Gelöststoffen zu untersuchen. Deshalb wurde sowohl die Keimretention als auch der Durchgang (Permeation) der Milchsalze, der Laktose sowie der Molkenproteine durch die Mikrofiltrationsmembran bestimmt. Die Permeation einer Komponente i (P_i) wurde nach Gl. 1 berechnet,

$$P_i = \frac{c_{i,Permeat}}{c_{i,Retentat}} \times 100\% \qquad (1)$$

wobei $c_{i,Permeat}$ die Konzentration der Komponente i im Permeat und $c_{i,Retentat}$ die Konzentration der Komponente i im Retentat darstellt.

Mittels RO sowie NF wurden hierfür Molkenkonzentrate mit definierten Trockenmassen (12, 18, 24, 30 %) hergestellt. Im Anschluss wurde eine Entkeimungsfiltration (Mikrofiltration) der Konzentrate bei 10 °C unter Verwendung einer keramischen Röhrenmembran (Porengröße: 1,4 µm) durchgeführt. Die nachfolgende Pasteurisierung der mikrofiltrierten Konzentrate erfolgte bei 80 °C für 30 s. Die Konzentration an Natrium und Calcium im Permeat sowie im Retentat wurde mittels Flammenphotometrie bestimmt. Die Analyse der Laktosekonzentration erfolgte mit Hilfe der Hochleistungsflüssigkeitschromatographie (HPLC). Für die Bestimmung der Keimabreicherung mittels der Mikrofiltration wurde die Keimkonzentration im Retentat sowie im Permeat mit Hilfe des Oberflächenspatelverfahrens analysiert. Abb. 1 zeigt die Permeation von Natrium, Calcium und Laktose bei der Mikrofiltration von NF-Molkenkonzentrat in Abhängigkeit von der Trockenmasse.

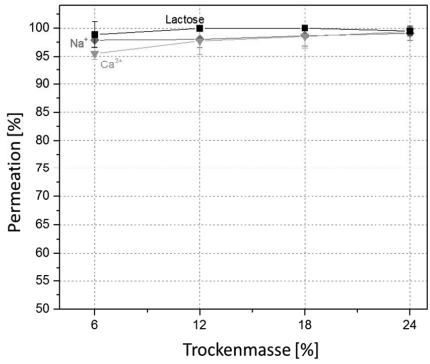


Abb. 1: Permeation von Natrium, Calcium und Laktose bei der Mikrofiltration von NF-Molkenkonzentrat in Abhängigkeit der Trockenmasse

Es wird deutlich, dass die Trockenmasse des Retentats nur einen geringen Einfluss auf die Permeation von Natrium, Calcium und Laktose ausübt. Die Permeation liegt für Natrium und Calcium stets oberhalb von 95 %. Für Laktose wird unabhängig von der Trockenmasse des NF-Konzentrates eine noch höhere Permeation von mindestens 97,5 % erreicht.

Neben der Permeation von Salzen und Laktose ist die Permeation der Molkenproteine, der hauptwertgebenden Komponente in Molke, von besonderer Bedeutung. Da β-Lactoglobulin (β-Lg) das Hauptprotein von Molke darstellt, wird die Permeation der Molkenproteine stellvertretend am Beispiel von β-Lg gezeigt. Wie Abb. 2 verdeutlicht, liegt die Permeation von β-Lg bei allen untersuchten Trockenmassen zwischen 6 und 24 % stets oberhalb von 95 %.

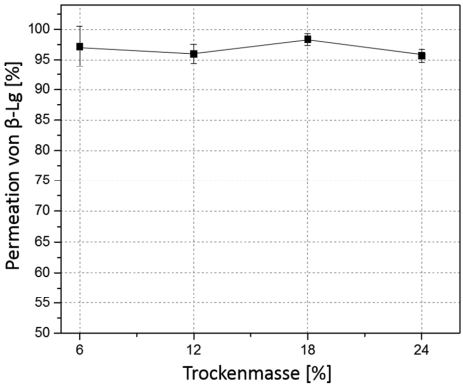


Abb. 2: Permeation von β-Lg bei der Mikrofiltration von NF-Molkenkonzentrat in Abhängigkeit der Trockenmasse

Ein erhöhter Trockenmassegehalt von Molkenkonzentrat wirkt sich folglich nicht negativ auf die Permeation der Molkenproteine während der Mikrofiltration aus. Im Gegensatz dazu fällt der Flux bei der Mikrofiltration mit zunehmender Trockenmasse des zu filtrierenden Konzentrats stark ab (Daten nicht gezeigt). Dieser Rückgang des Flux kann aufgrund der konstant hohen Permeation von Salzen, Laktose und Proteinen (Abb. 1 und 2) auf die Steigerung der Viskosität mit zunehmender Trockenmasse des Konzentrats zurückgeführt werden.

Die Keimabreicherung in NF- und RO-Molkenkonzentraten mit verschiedenen Trockenmassen (12, 18, 24 %) mit Hilfe einer Mikrofiltration ist in Abb. 3 dargestellt. Durch die Mikrofiltration kann eine hohe Keimreduktion von durchschnittlich mindestens 4,5 Zehnerpotenzen in den Molkenkonzentraten erzielt werden.

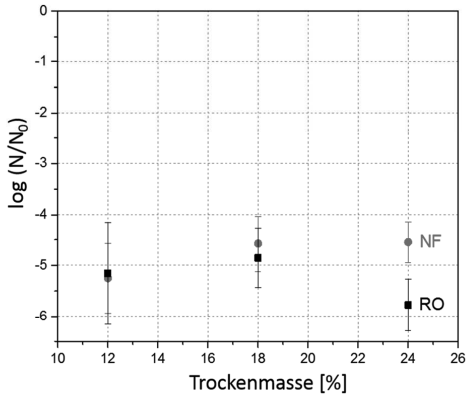


Abb. 3: Keimabreicherung in NF- und RO-Molkenkonzentraten durch die Mikrofiltration in Abhängigkeit von der Trockenmasse

Bei RO-Molkenkonzentrat mit einer Trockenmasse von 24 % wird mit 5,8 Zehnerpotenzen die höchste Keimreduktion erreicht. Es werden allerdings weder durch die unterschiedliche Zusammensetzung von RO- und NF-Molkenkonzentraten noch durch eine Steigerung der Trockenmasse signifikante Unterschiede in der Keimabreicherung hervorgerufen. Damit ist die Keimabreicherung unabhängig von der Konzentration und Viskosität des zu filtrierenden Molkenkonzentrates. Die Mikrofiltration bietet folglich bei einer hohen Ausbeute eine sehr gut geeignete Möglichkeit, Molkenkonzentrate auf schonende Weise mechanisch zu entkeimen. Um die Produktsicherheit zu gewährleisten, folgt der Entkeimungsfiltration eine Pasteurisation, die die Abtötung möglicher Pathogene im Molkenkonzentrat zur Folge hat. Dank der vorausgehenden Mikrofiltration ist eine Pasteurisation ausreichend, um bei Kühllagerung eine zufriedenstellende Haltbarkeit von Molkenkonzentraten zu erzielen.

Dank: Die Förderung des Vorhabens erfolgte aus Mitteln des Bundesministeriums für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL) aufgrund eines Beschlusses des deutschen Bundestages. Die Projektträgerschaft erfolgt über die Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE) im Rahmen des Programms zur Innovationsförderung.

Einfluss unterschiedlicher Diafiltrationsmedien auf die Säuregelbildung von Casein

Influence of different diafiltration media on the acid gelation of casein

Michael Reitmaier

Natives Phosphocaseinat, im Handel meist als mizellares Casein bezeichnet, wird vermehrt als Lebensmittelinhaltsstoff mit breitem ernährungsphysiologischem und technofunktionellem Anwendungsspektrum eingesetzt. Für die Gewinnung aus pasteurisierter Magermilch kommt im industriellen Maßstab eine Crossflow-Mikrofiltration (MF) mit anschließender Diafiltration (DF) zur sukzessiven Abtrennung von Molkenproteinen zum Einsatz. Dabei wird das Fluid, welches durch die MF-Membran permeiert, von einem Medium ersetzt, das die abzutrennenden Molkenproteine nicht enthält. Zum Auswaschen von Laktose sowie der Mineralstoffe der Serumphase zur Erzeugung von Isolaten kommt meist aufbereitetes Frischwasser zum Einsatz. Durch Verwendung anderer Molkereiprozessströme als DF-Medium könnten positive Effekte für diesen Prozessschritt sowohl bezüglich Kosten als auch Nachhaltigkeit erzielt werden. Um den Einfluss potentieller DF-Medien auf das Endprodukt zu untersuchen, wurden Caseinmizellen zunächst mittels Mikrofiltration isoliert und sprühgetrocknet. Das natürliche Ionenmilieu von Milch wurde dabei mittels Diafiltration gegen simuliertes Ultrafiltrat ohne Laktose (SMUF) nach Dumpler et al. (2017) aufrechterhalten. Nach Rekonstitution auf 4,5 % Caseingehalt wurde dieses Milieu mittels Dialyse zur Nachstellung einer Diafiltration im Batch-Modus sukzessive gegen verschiedene DF-Medien ausgetauscht. Als Medien wurden hierbei hartes Leitungswasser (18 °dH), mittels Kationentauscher enthärtetes Wasser, vollent-

salztes (VE) Wasser zur Simulation von Umkehrosmosepermeat sowie aus pasteurisierter Magermilch gewonnenes Ultrafiltrations(UF)-Permeat verwendet. Letztgenanntes Medium stellt dabei mit Laktose auch einen Vergleichspunkt bzgl. des Laktoseeinflusses gegenüber der Referenz mit natürlichem Milchsalzmilieu in SMUF dar.

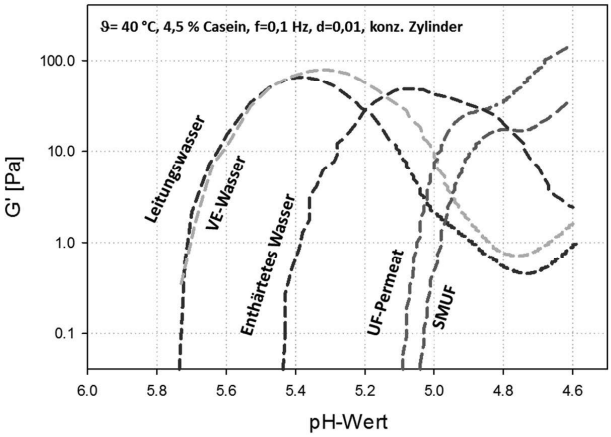


Abb. 1: Verlauf von G‘ über dem pH-Wert-Abfall bei unterschiedlichen Milieubedingungen

Anschließend wurde mittels Erfassung rheologischer Kenngrößen in Oszillations-Versuchen mit minimaler Scherbeanspruchung die Säuregelbildung der unterschiedlich behandelten Caseinmizellen charakterisiert. Die Zugabe von 1,5 % Glucono-δ-Lacton führte während den Messungen bis pH 4,6 zu einem vergleichbaren pH-Wertabfall über der Zeit.

Hierbei zeigten sich deutliche Unterschiede in der Säuregelbildungscharakteristik der untersuchten Proben. Der Verlauf des Speichermoduls G‘, welches die elastischen Eigenschaften der Probe beschreibt, ist für die untersuchten Lösungen in Abb. 1 dargestellt. Sowohl die Kurven der nicht weiter behandelten Referenzprobe (SMUF) als auch der mit UF-Permeat dialysierten Lösung zeigen den für klassische Säuregelbildung in Milchprodukten charakteristischen Verlauf. So beginnt G‘ zwischen pH 5,1 und 5,0 abrupt anzusteigen, was den Beginn der Gelbildung anzeigt. Bei pH 4,6 wird ein Maximum erreicht, welches den Punkt der höchsten Gelfestigkeit kennzeichnet. Die in UF-Permeat enthaltene Laktose führt dabei zu einem etwas früheren Beginn, sowie zu einem mit höherer Gelfestigkeit verbundenen höheren absoluten G‘ am Maximum (150 Pa gegenüber 38 Pa). Neben einer Erhöhung der Viskosität der Serumphase liegt dies nach Untersuchungen von Niki und Motoshima (2006) in einer Verstärkung der hydrophoben Wechselwirkungen zwischen Caseinmizellen begründet. Die G‘-Verlaufskurven der mit unterschiedlichem Wasser behandelten Caseinlösungen zeigen hingegen einen abrupten Anstieg und somit einen Beginn der Gelbildung bei deutlich höheren pH-Werten von 5,8 bis 5,4 auf. Ferner liegen hier Maxima im Bereich von pH 5,4-5,1 sowie ein mit einem Kollaps des gebildeten Gels verbundenen Abfall von G‘ bei weiter sinkendem pH-Wert vor. Diese deutliche Verschiebung bei allen Wassermilieus liegt dabei in der deutlich reduzierten Ionenstärke gegenüber dem Milchsalzmilieu und einer damit einhergehenden Verschiebung des isoelektrischen Punktes der Caseinmizellen begründet (Famelart et al., 1996). Die je nach Wasserzusammensetzung erkennbaren Unterschiede, sind durch Unterschiede im Ionenmilieu und dadurch hervorgerufenen Veränderungen der Caseinmizellen in den Ausgangslösungen begründet. Zur Untersuchung induzierter Effekte auf die Mizellzusammensetzung wurden zunächst mit Hilfe von Ultrazentrifugation Caseinmizellen nach Dialyse von der Serumphase getrennt. Mittels analytischer Quantifizierung wurden daraus die Gehalte an mizellar gebundenem Calcium sowie der Anteil an Caseinen in der Serumphase ermittelt (Abb. 2).

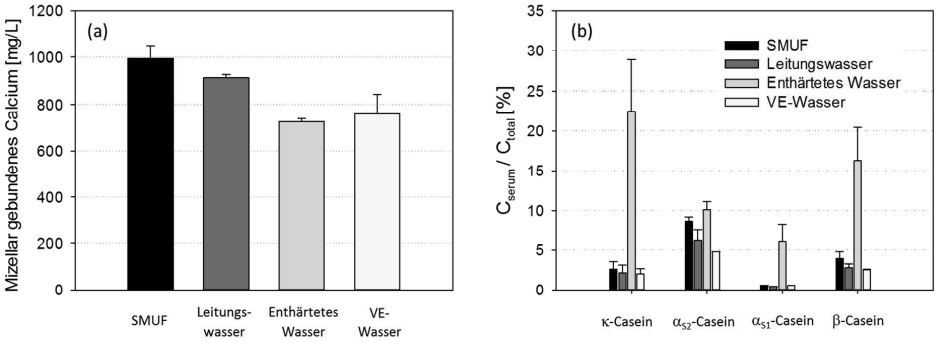


Abb. 2: Mizellar gebundener Calciumgehalt (a) und Caseinanteil in der Serumphase (b) der Caseinlösungen unter verschiedenen Milieubedingungen

Hierbei ist eine nach dem Gehalt an Calciumionen im Medium gestaffelten Reduzierung des mizellar gebundenen Calciums erkennbar. Für enthärtetes Wasser fällt ferner ein deutlicher Anstieg des Caseinanteils in der Serumphase auf. Dieser liegt in einem zusätzlich strukturschwächenden Effekt, der im Vergleich zu den anderen Medien erhöhten Natriumkonzentration in diesem Wasser begründet. Dies spiegelt sich in einem bei niedrigerem pH-Wert und somit auch später einsetzenden Gelbildungsbeginn sowie der schwächer ausgeprägten Gelstärke im Vergleich zu den mit anderen Wassertypen behandelten Proben wieder (Abb.1).

Isoliertes mizellares Casein kann also zur Erzeugung von Gelstrukturen bei höheren pH-Werten eingesetzt werden. Für eine Anwendung zur Strukturausbildung unter Säureeinwirkung ist dabei festzuhalten, dass solche Isolate durch die Abwesenheit von Laktose nur nach zusätzlicher Zuführung dieser zur fermentativen pH-Wert-Absenkung durch Mikroorganismen geeignet ist. In der Praxis wird mizellares Casein meist zur Erhöhung der Trockenmasse bzw. des Proteingehaltes in laktosehaltiger Milch vor einer Weiterverarbeitung und somit nicht in Reinform verwendet. Die Eignung unterschiedlich im Ionenmilieu veränderter Caseinpulver für diese Endanwendungen sind Teil weiterer Untersuchungen im Rahmen des AiF-Projektes 18818 N.

Literatur:

- Dumpler J, Kieferle I, Wohlschläger H, Kulozik U (2017) Milk ultrafiltrate analysis by ion chromatography and calcium activity for SMUF preparation for different scientific purposes and prediction of its supersaturation. International Dairy Journal 68, 60-69
- Niki R, Motoshima H (2006) Influence of laktose on viscoelastic properties of acid-induced casein micelle gels: The secondary roll of laktose in yogurt production. Milchwissenschaft 61(4), 411-415
- Famelart MH, Lepesant F, Gaucheron F, Le Graet Y, Schuck P (1996) pH-Induced physicochemical modifications of native phosphocaseinate in suspensions: Influence of aqueous phase. Lait 76, 445–460

Dank: Das IGF-Vorhaben 18818 N der Forschungsvereinigung Forschungskreis der Ernährungsindustrie e. V. (FEI), Godesberger Allee 142-148, 53175 Bonn, wurde über die AiF im Rahmen des Programms zur Förderung der Industriellen Gemeinschaftsforschung (IGF) vom Bundesministerium für Wirtschaft und Energie aufgrund eines Beschlusses des Deutschen Bundestages gefördert.

Optimierung der Milchproteinfraktionierung mittels Mikrofiltration bei niedrigen Temperaturen

Optimization of milk protein fractionation by means of microfiltration at low temperatures

Simon Schiffer

Die Fraktionierung von Milchproteinen mittels Mikrofiltration (MF) dient der Nutzbarmachung unterschiedlicher technologischer und ernährungsphysiologischer Eigenschaften der majoren Milchproteinfraktionen Casein und Molkenprotein. Zu bisher ungeklärten Fragestellungen wurde zum 01.01.2017 ein neues Projekt begonnen, das hier zunächst qualitativ in seiner Gesamtausrichtung vorgestellt werden soll. Bei der Mikrofiltration mit einer Trenngrenze (Porengröße) von ca. 0,1 µm wird mizellares Casein (∅ ~ 50 – 400 nm) im Retentat zurückgehalten, während die Molkenproteine (∅ ~ 4 – 8 nm) aufgrund ihrer Größe mit dem Permeat abgeführt werden können. Dieser Prozess wird industriell zumeist bei Temperaturen von ca. 50 °C durchgeführt. In diesem Temperaturbereich ist der Prozess aufgrund von Calciumphosphat-Ausfällungen ebenso wie wegen des Wachstums thermophiler Mikroorganismen (MO) auf ca. 5 – 8 Stunden begrenzt; anschließend muss ein Reinigungszyklus in der Anlage durgeführt werden. Um die Standzeit der Filtrationsanlagen zu maximieren und den Verbrauch an Reinigungswasser/-mitteln zu minimieren, kann die Prozesstemperatur gesenkt werden. Während eine Verringerung des MO-Wachstums und der Ausfällung von Calciumphosphat stattfindet, resultiert aus der geringeren Temperatur eine Erhöhung der Viskosität und somit ein niedrigerer Flux. Darüber hinaus findet eine Veränderung der Protein-Protein-Wechselwirkungen im mizellaren Caseinverbund statt. Insbesondere die Abnahme an hydrophoben Wechselwirkungen (WW) bewirkt, dass β-Caseine, welche primär über diese WW in der Mizelle gebunden sind, in die hydrophile Serumphase diffundieren. Caseinmonomere (∅ ~ 10 nm), die nicht mizellar gebunden vorliegen, sondern gelöst in der Serumphase, befinden sich in derselben Größenordnung wie Molkenproteine, so dass sie durch die Membran permeieren können. Der Gehalt an Serumcaseinen korreliert somit direkt mit der Caseinausbeute im Retentat und - noch viel entscheidender - mit der Reinheit der Molkenproteinfraktion. Teilweise werden auch industriell Filtrationstemperaturen von ca. 10 °C umgesetzt; niedrigere Temperaturen werden jedoch aufgrund des zu hohen Serumcaseingehaltes vermieden.

Bei der Veränderung der Filtrationstemperatur während einer Milchproteinfraktionierung mittels MF besteht wie in Abbildung 1 qualitativ dargestellt somit ein Optimierungsproblem, welches für das problemrelevante Temperaturspektrum von 4 – 20 °C aufgezeigt wird.

Es ist qualitativ ersichtlich, dass die Verläufe der Optimierungskriterien im Temperaturbereich von 4 bis 20 °C in zwei Gruppen mit entgegengesetztem Verlauf unterteilt werden können. Während das MO-Wachstum, die Reinheit der Molkenproteinfraktion und die Molkenproteinpermeation bei einer Temperaturerhöhung ansteigen, findet eine Absenkung der Caseinpermeation sowie der Energiekosten statt. Die Wissenslage ist in diesem Bereich jedoch lückenhaft und muss in dem Kontinuum, in welchem das Optimum vermutet wird, erweitert werden.

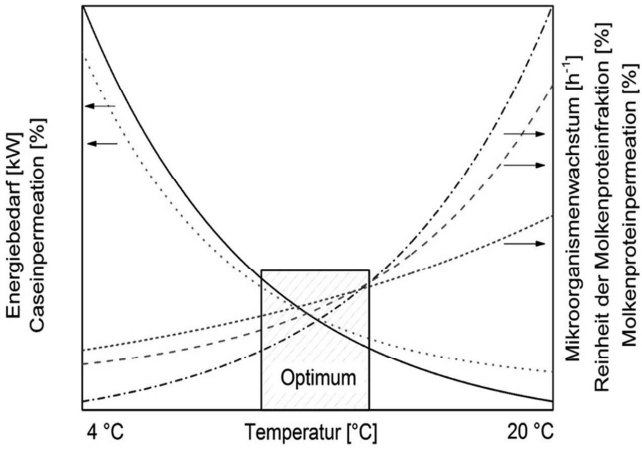


Abb. 1: Qualitative Darstellung des Optimierungsproblems der Milchproteinfraktionierung mittels MF bei Veränderung der Prozesstemperatur

Um Rückschlüsse auf die Effizienz der Mikrofiltration von Magermilch zu ziehen, soll eine Kinetik über die Diffusion von Caseinen aus der mizellaren Struktur in die Serumphase erstellt werden. Diese Kinetik kann anschließend mit mikrobiologischen Untersuchungen über das Fouling an Membranen während der Filtration sowie mit den bei der Fraktionierung generierten Energiekosten korreliert werden. Diese ganzheitliche Betrachtungsweise bietet eine Plattform zur Effizienzabschätzung von Magermilchfraktionierungen mittels MF, so dass eine Optimierungsmatrix für industrielle Anwendungsfälle erstellt werden kann.

Dank: Das IGF-Vorhaben 19254 N der Forschungsvereinigung Forschungskreis der Ernährungsindustrie e. V. (FEI), Godesberger Allee 142-148, 53175 Bonn, wurde über die AiF im Rahmen des Programms zur Förderung der Industriellen Gemeinschaftsforschung (IGF) vom Bundesministerium für Wirtschaft und Energie aufgrund eines Beschlusses des Deutschen Bundestages gefördert.

Längenabhängige Deckschichtbildung in Hohlfasermembranen bei der Milchproteinfraktionierung

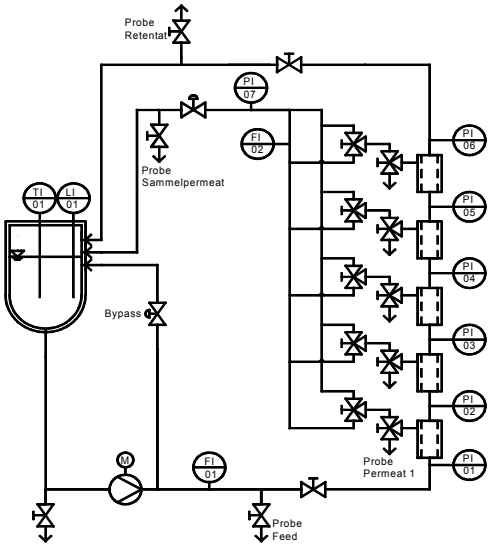
Length-dependent cake layer formation in hollow fiber membranes during milk protein fractionation

Roland Schopf

Bei der Milchfraktionierung wird die Normalmilch in ihre Proteinfraktionen, die Casein- und Molkenproteinfraktionen, getrennt. Verglichen mit der Gesamtmilch besitzen die isolierten Milchfraktionen andere technologisch und ernährungsphysiologisch nutzbare Eigenschaften. Im Vergleich zu keramischen Röhrenmembranen oder polymeren Spiralwickelmembranen bietet der Einsatz von Hohlfasermembranen eine neue und bisher in der Milchindustrie kaum verbreitete verfahrenstechnische Möglichkeit. Aufgrund der Caseinretention bei der Mikrofiltration kommt es bekannter Weise zur Deckschichtbildung auf der Membranoberfläche, die zu einer Fluxreduktion sowie zu einer Abnahme der Trennleistung führt. Darüber hinaus verändern lokale Druck- und Strömungsverhältnisse die Deckschichtstruktur entlang der Membranlänge [1]. Durch ein tieferes Verständnis dieser Deckschichtbildungsvorgänge bei der Milchproteinfraktionierung werden neue Verfahrens- und Membrankonzepte für die bessere Beherrschung der längenabhängigen Deckschichtbildung von Hohlfasermembranen entwickelt.

Dabei besitzen Hohlfasermembranmodule eine höhere spezifische Membranfläche pro Modulvolumen sowie eine homogene Modulkonfiguration und zeigen somit eine hohe Performance. Durch die Möglichkeit der Rückspülung können Standzeitverlängerungen erreicht werden. Durch stärkere Strömungseffekte in der Grenzschicht nahe der Membranoberfläche wird bei Hohlfasermembranen ein stärkerer Deckschichtabtrag als bei anderen Membrantypen erwartet. In Folge dessen soll in Hohlfasermodulen während der Mikrofiltration von Milch ein möglichst vollständiger Rückhalt der Caseine sowie eine hohe Molkenproteintransmission erreicht werden.

Zu diesem Zweck werden die Prozessparameter wie Filtrationszeit, Wandschubspannung, Transmembrandruck und Temperatur bei der Filtration mit sektionierten Hohlfasermembranen variiert. Um den Längeneffekt der Deckschichtbildung untersuchen und aufzeigen zu können, war zunächst eine geeignete Versuchsanlage für dieses noch junge Projekt (Start am 01. April 2017) zu gestalten. Durch die Reihenschaltung von fünf Hohlfasermembranmodulen kann die Sektionierung der Hohlfasermembranen verwirklicht werden. Wie in Abb. 1 zu sehen, wurde durch eine jeweils separate Permeatführung eine längenabhängige Erfassung von Flux, Druckabfall und Transmission der Caseine sowie Molkenproteine ermöglicht.



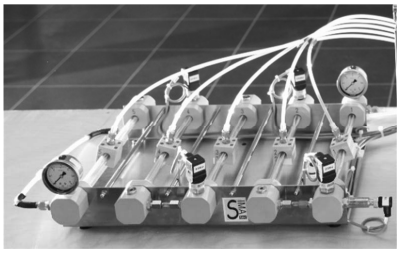


Abb. 1: Filtrationsanlage mit sektionierten Hohlfasermembranen

Um Aussagen über Deckschichtmenge und Zusammensetzung treffen zu können, ist es notwendig an die Deckschicht heranzukommen. Das Problem ist, dass die einzelnen Hohlfasern bei der Herstellung fest mit dem Modul verklebt werden und es somit nicht möglich ist, ohne Zerstörung des Moduls die Deckschicht zu erreichen. Aus diesem Grund wurde ein Verfahren entwickelt, um die Deckschicht zugänglich zu machen.

Dazu werden, wie in Abb. 2 dargestellt, zehn Hohlfasern pro Modul mit einem Rohr aus Polyvinylchlorid am Moduleingang sowie -ausgang mit einem Polyurethanharz verklebt.

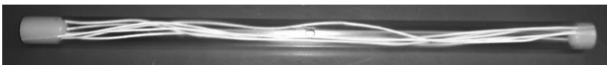


Abb. 2: Membranmodul mit polymeren Hohlfasern

Nach der Filtration werden beide Klebeflächen der PVC-Rohre abgeschnitten, die gekürzten Hohlfasern entnommen und zweimal mit proteinfreiem Milchserum gespült, um Milchreste aus der Membran zu entfernen. Anschließend wird die Deckschicht durch Einlegen der Fasern in Guanidinhydrochloridpuffer gelöst. Mittels Hochleistungsflüssigkeitschromatographie (RP-HPLC) können quantitative Aussagen über die entstandene Deckschichtmenge sowie deren Zusammensetzung gewonnen werden. Der Vergleich der hintereinandergeschalteten Filtermodule soll Rückschlüsse auf die längenabhängige Deckschichtbildung ermöglichen.

Literatur:

[1] A. Piry, A. Heino, W. Kühnl, T. Grein, S. Ripperger, U. Kulozik, *Journal of Dairy Science* 2012, *95 (4)*, 1590 – 1602.

Dank: Das IGF-Vorhaben 10 EWN der Forschungsvereinigung Forschungskreis der Ernährungsindustrie e. V. (FEI), Godesberger Allee 142-148, 53175 Bonn, wurde über die AiF im Rahmen des Programms zur Förderung der Industriellen Gemeinschaftsforschung (IGF) vom Bundesministerium für Wirtschaft und Energie aufgrund eines Beschlusses des Deutschen Bundestages gefördert.

Milchproteinfraktionierung mittels polymerer Hohlfasermembranen

Milk protein fractionation with polymeric hollow fiber membranes

Maria Weinberger, Roland Schopf, Florian Schmidt

Durch membranbasierte Fraktionierung der Milchproteine in Caseine und Molkenproteine lässt sich eine erhöhte Wertigkeit der einzelnen Fraktionen erzielen. Bisher kommen bei der Milchproteinfraktionierung hauptsächlich keramische Röhrenmembranen oder polymere Spiralwickelmodule zum Einsatz. Keramische Röhrenmodule haben einen energieintensiven Herstellungsprozess und sind daher teuer in der Anschaffung. Die preisgünstigeren Spiralwickelmodule hingegen sind aufgrund ihrer komplexen Geometrie schlecht reinigbar. Eine Alternative stellen Hohlfasermembranen dar. Aufgrund des geringen Innendurchmessers ihrer zylindrischen Fasern haben Hohlfasermembranen eine hohe Packungsdichte bei gleichzeitig hydrodynamisch klar definierter Geometrie. Bisher finden Hohlfasermembranen vor allem in der pharmazeutischen Industrie sowie in der Abwasserreinigung Anwendung.

Zur Evaluierung der Prozesseffizienz von Hohlfasermembranen in der Milchproteinfraktionierung wurde an einem Testmodul aus 15 Hohlfasern aus Polyethersulfon und einer nominellen Trenngrenze von 0,2 µm mit einem Innendurchmesser von 1,5 µm und einer aktiven Membranfläche von 0,0325 m^2 Magermilch fraktioniert. Der Verlauf des Permeatvolumenstroms sowie des Massenstroms von β-Lactoglobulin in Abhängigkeit von Transmembrandruck (TMP) und Wandschubspannung (τ_w) ist in Abbildung 1 zu sehen. Im Gegensatz zu bisherigen Erfahrungen [1] steigt der Flux mit steigendem Transmembrandruck nicht weiter an und nimmt bei hoher Wandschubspannung sogar ab. Auch der Massenstrom an β-Lactoglobulin nimmt in Folge des verringerten Flux sowie einer abnehmenden Transmission der Molkenproteine (Daten nicht dargestellt) mit steigendem Transmembrandruck ab.

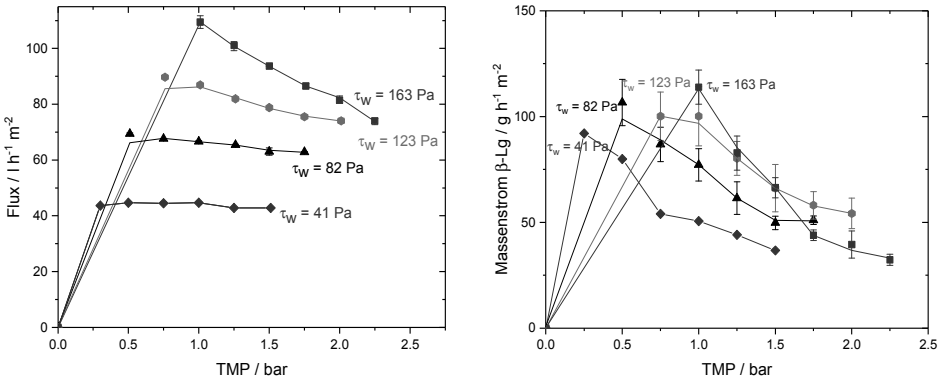


Abb.1: Verlauf von Permeatvolumenstrom (Flux) und Massenstrom von β-Lactoglobulin bei unterschiedlichen Transmembrandrücken und Wandschubspannungen bei Filtration von pasteurisierter Magermilch mit einer 0,2 µm-Hohlfasermembran aus Polyethersulfon. Die Filtration wurde bei 50 °C durchgeführt. Die Fehlerbalken geben die einfache Standardabweichung aus einer Doppelbestimmung an.

Die zugrundeliegenden Mechanismen hinter der Fluxabnahme mit steigendem Transmembrandruck sind im Fouling der Membran zu suchen. Höhere Transmembrandrücke führen auch zu größeren Schleppkräften in Richtung der Membran. Dadurch können mehr Partikel in einer Deckschicht abgelagert werden. Außerdem kann es zu einer Kompaktierung der Deckschicht kommen, wodurch diese einen erhöhten Filtrationswiderstand aufweist. Bei höherer Wandschubspannung kann es zudem dazu kommen, dass vermehrt größere Partikel aus der Deckschicht herausgelöst werden [2]. Die kleinen Partikel bleiben in der Deckschicht zurück, wodurch die Durchlässigkeit der Deckschicht abnimmt und der Filtrationswiderstand zu.

Literatur:

[1] P. Bacchin, P. Aimar, and R. W. Field, "Critical and sustainable fluxes: Theory, experiments and applications," *Journal of Membrane Science,* vol. 281, pp. 42-69, 2006/09/15/ 2006.

[2] A. Piry, "Untersuchung zur Längenabhängigkeit der Filtrationsleistung bei der Fraktionierung von Milchproteinen mittels Mikrofiltration," Lebensmittelverfahrenstechnik, Technische Universität München, 2011.

Dank: Das IGF-Vorhaben 31 EWN der Forschungsvereinigung Forschungskreis der Ernährungsindustrie e. V. (FEI), Godesberger Allee 142-148, 53175 Bonn, wurde über die AiF im Rahmen des Programms zur Förderung der Industriellen Gemeinschaftsforschung (IGF) vom Bundesministerium für Wirtschaft und Energie aufgrund eines Beschlusses des Deutschen Bundestages gefördert.

Dissertationen, Master- und Bachelorarbeiten

Dissertationen

Dombrowski, Jannika: Structural characterization of milk protein-stabilized foams: A multiscale approach, 30.03.2017

Meyer, Patricia: Concentration of Dairy Fluids - An Investigation on Membrane Casades comprised of Ultrafiltration in Series with Nanofiltration or Reverse Osmosis for the energy-efficient Concentration of Skim Milk and Sweet Whey, 01.06.2017

Dumpler, Joseph: On the heat treatment of concentrated milk systems – Kinetics of the dissociation and aggregation in high heated concentrated milk systems, 01.08.2017

Würth, Rebecca: Development and characterization of a spray drying microencapsulation process for probiotics in a cold-renneted skim-milk matrix, 20.12.2017

Masterarbeiten

Baumeister, Christina: Über die hitzeinduzierte Strukturbildung in fettreichen, hochkonzentrierten Caseinsystemen in Abhängigkeit der Mizellendissoziation und Proteinbesetzung an der Öl-Wasser-Grenzfläche

Benteler, Steffen: Experimentelle Untersuchung zur Beschreibung des Mischphasenverlaufes beim Ausschieben von Magermilchkonzentrat aus Spiralwickelmembranen

Bertsch, Andreas: Einfluss verschiedener Öle und Milieubedingungen auf plasma- und granulastabilisierte Öl-in-Wasser Emulsionen

Betzenbichler, Sascha Thomas: Vergleich der Inaktivierungskinetiken von Bacillus subtilis Sporen bei Anwendung von flüssigem oder gasförmigem Wasserstoffperoxid

Boos, Constanze: Einfluss von Oberflächentemperaturen nahe der Taupunkttemperatur auf die Inaktivierung von bakteriellen Sporen mittels gasförmigem H2O2

Dang, Bich-Phuong: Study on serum holding capacity, zeta (ζ) potential and ionic calcium content of cream cheese under special consideration of creaming, cooling and storage conditions

Eber, Verena: Untersuchung der Korrelation zwischen grenzflächenrheologischen Eigenschaften und Schäumungsverhalten von Kartoffelproteinisolat

Elfenbein, Alexandra: Einfluss verschiedener Protein- und Polysaccharidkonzentrationen auf die Stabilität von Fruchtschäumen

Fu, Wen: Untersuchung des rheologischen Verhaltens von frischen und rekonstituierten Milchproteinkonzentraten

Golda, Johannes: Einfluss des Gefrier-Tau-Prozesses auf granula- und plasmastabilisierte Öl-in-Wasser Emulsionen

Göttfried, Andrea: Charakterisierung der hydrodynamischen Bedingungen und Optimierung der Prozessparameter in der alternierenden Tangentialflussfiltration (XCell TM ATF)

Gschwendtner, Matthias: Impact of salt ions on the interaction behaviour of β-lactoglobulin: implications on surface and foaming properties

Heigl, Astrid: Influence of foam composition and microwave power on drying behavior and product quality of microwave freeze-dried raspberry foams

Hermann, Jacqueline Juliane: Technofunktionelle Eigenschaften von Molkenproteinhydrolysaten am Beispiel von Emulsionen

Macenka, Patrick: Mikrowellenunterstützte Trocknung von Lysozym in disaccharidstabilisierten Schaummatrices

Muthmann, Isabel: Untersuchung der selektiven, reversiblen Aggregation von α-Lactalbumin – Einflussparameter auf die Denaturierung und die anschließende Rückfaltung

Napiwotzki, Jonas Manuel: Entwicklung einer semiquantitativen Methode zur Untersuchung des Einflusses von Feedspacern auf die Deckschichtbildung bei der Mikrofiltration von Magermilch

Neumayr, Alexandra: Einflüsse von Fermentationsart, Schutzstoffzugabe und Prozessparametern auf die Gefriertrocknung von Bifidibacterium longum ssp. longum Reuter 1963 Suspensionen

Planer, Tobias: Einfluss von NaCl auf das Interaktionsverhalten sowie die Grenzflächen- und Emulgiereigenschaften von β-Lactoglobulin

Pröll, Priska Veronika: Selektive Erzeugung von b-Lactoglobulin-Aggregaten bei variierenden Milieubedingungen und Charakterisierung ihrer Partikeleigenschaften

Quitt, David Ben: Mathematische Beschreibung des Druckverlustes in Spiralwickelmembranen bei der Filtration nicht-Newtonscher Fluide

Reiter, Marius: Einfluss von Erhitzungstemperatur, Heißhaltezeit und Milieubedingungen auf die Adsorption von tryptischen β-Lactoglobulin Peptiden in O/W Emulsionen

Schopf, Roland: Prozessstabilität von isoliertem Immunglobulin G

Schuster, Raffael: Untersuchung des pH-Einflusses während der Gelbildung auf die Beladungs- und Freisetzungseigenschaften von Molken- und Eiklaraerogelen anhand eines in vitro Verdauungsmodells

Sigler, Sebastian: Einfluss unterschiedlicher Diafiltrationsmedien auf Caseinmicelleigenschaften und -zusammensetzung

Silberbauer, Alina: Development for an accelerated Shelf Life Protocol for Flavored UHT-Milk

Bachelorarbeiten

Bickel Haase, Thomas: Characterization of Surfactants through Surface Tension, Elastic Modulus and Viscosity at Water-Air-Interfaces

Cummings, Thomas Albert: Influence of various saccharides and foaming agents on foaming properties

Dick, Fabian: Selective hydrolysis among main whey proteins via flow-through CIM-MITRs

Eilers, Amina: Übergang von diskontinuierlicher auf kontinuierliche Prozessführung bei der Herstellung von Brausetabletten

Fellenberg, Elena: Einfluss von Maltose und Sorbitol auf Drainage, Overrun und Blasengrößenverteilung von Tensid und Proteinschäumen

Friedenauer, Tina: Einfluss des Transmembrandrucks bei der Fraktionierung von minoren Molkenproteinen und Caseinen mittels Mikrofiltration im Diafiltrationsbetrieb

Imdahl, Benjamin: Medienoptimierung zur Submers-Kultivierung von Bacillus atrophaeus für die Vorbereitung zur Sporenherstellung

Kalinke, Isabel Felicia: Profile organischer Säuren in Molken verschiedener Käsetypen und ihre Veränderung im Verlauf des Lagerprozesses

Kiener, Christina: Einfluss von pH-Wert und NaCl-Konzentration auf die thermisch-induzierte Aggregation von β-Lactoglobulin

Kowollik, Marie-Louise: Vergleich dreier Methoden zur Bestimmung der metabolischen Aktivität am Beispiel von B. longum subsp. longum, L. paracasei subsp. paracasei und Lactobacillus delbrueckii subsp. bulgaricus

Kraus, Sonja: Untersuchung der Ortsabhängigkeit des Filtrationsverhaltens polymerer Membranen mittels Testzelle

Kremer, Astrid: Untersuchung verschiedener Parameter bei der Fermentation und Aufreinigung von Bifidobacterium longum ssp. longum

Meier, Can Berke: Length dependency of flux and protein permeation in crossflow microfiltration of skim milk with different diafiltration media

Schappert, Daniel Günther: Einführung eines IFS Food Systems und Auswertung chemisch-technischer und mikrobiologischer Analysen in einer mittelständischen Brauerei

Schmid, Eva-Maria: Quantitative und semi-quantitative Analyse von Membrandeckschichten

Schmidt, Florian: Performance von polymeren Hohlfasermembranen bei unterschiedlichen Prozessvariablen in der Milchproteinfraktionierung

Schulze, Clarissa Viktoria: Einfluss der Kultivierungstemperatur auf die Oberflächenhydrophobie und -energie von Bacillus subtilis Sporen

Sirbu, Sebastian: Vergleich der Filtrationsleistung polymerer und keramischer Membranen bei der Membranfiltration von Magermilch

Taffo Simo, Paule Josiane Tueam Djuidjie: Einfluss der Wasserhärte auf die Milchproteinfraktionierung mittels Mikrofiltration im Diafiltrationsmodus

Wellnhofer, Johanna: Charakterisierung von Poloxameren, Polysorbaten und WPI mittels dynamischer Schaumanalyse

Wolf, Marie-Luise: Einfluss der Milieubedingungen bei Diafiltrationen auf die Säuregelbildung der Kaseinfraktion

Vorträge

Jahrestreffen der ProcessNet-Fachgruppe Lebensmittelverfahrenstechnik, Bruchsal, 13.-15.02.2017

Hartinger, M., Kulozik, U.: Analyse von Proteindeckschichten auf polymeren Membranen

Heidebrecht, H.-J., Kainz, B., Kulozik, U.: Isolation von Immunglobulinen aus Milch und Kolostrum

Reitmaier, M., Heidebrecht, H.-J., Kulozik, U.: Fractionation of milk proteins by microfiltration: Influence of diafiltration medium on casein micelle, fouling layer formation and permeation of whey proteins

Dairy Research Day „Milk – New Knowledge and Possibilities“, Billund, Dänemark, 02.03.2017
Kulozik, U.: Concepts for Optimized and Innovative Applications of Membrane Separation in Dairy Technology

Chr. Hansen Workshop, Hoersholm, Dänemark, 03.03.2017
Kulozik, U.: Crosslinking of dairy proteins to support structure development and to create sytems for delivery and protection of bioactives

13th International PhD Seminar on Chromatographic Separation Science, Trifels, 26.-28.02. 2017
Mao, Y., Kulozik, U.: Characterization of monolith based immobilized trypsin reactors

Seminar Schaumanalytik, Krüss GmbH, Hamburg, 27.03.2017
Dombrowski, J., Kulozik, U.: Stabilization of air/water interfaces by milk proteins: New insights and concepts related to structure-function-relationships

ZIEL Wissenschaftsworkshop, Seeon-Seebruck, 31.03.-01.04.2017
Haindl, R., Kulozik, U.: Conservation of a microbial minimal consortium of the human intestinal microbiota

SDT – Spring Conference 2017, Cork, Irland, 10.-12.04.2017
Kulozik, U.: Food Concepts for specific target groups: The role of dairy components and processing technology

1st International Conference on Sustainable Energy and Resource Use in Food Chains, London, Vereinigtes Königreich, 19.-21.04.2017
Reitmaier, M., Heidebrecht, H.-J., Kulozik, U.: Towards ‘Zero liquid discharge’: Utilization of processing side streams as diafiltration media in microfiltration

11th European PhD Workshop on Food Engineering and Technology, Singen, 27.-28.04.2017
Dombrowski, J., Kulozik, U.: Structural characterization of milk protein-stabilized foams: A multiscale approach

1st Conference Innovations in Food Science and Technology, Erding, 10.-12.05.2017
Dombrowski, J., Kulozik, U.: Structural characterization of milk protein-stabilized foams: A multi-scale approach

Studienfakultätstag der Studienfakultät Brau- und Lebensmitteltechnologie, Freising, 30.06.2017
Haller, N., Kulozik, U.: Kann man aus Kuhmilch Muttermilch machen? Prozesstechnische Methoden zur Annäherung an den goldenen Standard der Säuglingsnahrung

Drinktec, München, 11.-15.09.2017
Heidebrecht, H.-J., Hartinger, M., Schopf, R., Schork, N., Kulozik, U.: Milk protein fractionation by means of microfiltration: Possibilities to improve the filtration performance with ceramic multichannel-, spiral wound- and hollow fiber membranes

8th International Whey Conference, Chicago, USA, 17.-21.09 2017
Haller, N., Kulozik, U.: Innovative process platform for fractionation of whey proteins by means of continuous centrifugal separation

Heidebrecht, H.-J., Kulozik, U.: Microfiltration in diafiltration mode to obtain a bioactive immunoglobulin rich ideal whey from immune milk

Weihenstephaner Milchwirtschaftliche Herbsttagung, Freising, 05.-06.10.2017
Haller, N., Kulozik, U.: Kontinuierliche zentrifugale Separation von aggregiertem α-Lactalbumin

Hartinger, M., Kulozik, U.: Milchproteinfraktionierung mittels Spiralwickelmembranen: Einfluss der Deckschichtbildung auf Flux und Permeation von Molkenproteinen

Kieferle, I., Kulozik, U.: Ausschieben von Konzentraten aus Spiralwickelmembranen – Eine Frage der Prozessoptimierung

Kulozik, U.: Strukturbildung durch Milchproteine - Vergleich der Methoden und der resultierenden Eigenschaften

Marx, M., Kulozik, U.: Thermische Behandlung von Molkenkonzentraten: Effekte von Konzentration, Prozessführung und thermischen Bedingungen auf Keiminaktivierung und stoffliche Veränderungen

Reitmaier, M., Kulozik, U.: Milchproteinfraktionierung durch Mikrofiltration im Diafiltrationsmodus: Einfluss des Diafiltrationsmediums auf Flux, Deckschichtbildung und Funktionalität der erhaltenen Fraktionen

Wolz, M., Kulozik, U.: Funktionalitätssteigerung von Molkenproteinen durch Partikulierung mittels Extrusion

2nd Probiotiocs Congress, San Diego, USA, 2.-3.11.2017
Kulozik, U., Ambros, S., Haindl, R.: Preservation of bacteria cultures retaining vitality during processing and protection against environmental stress by encapsulation

7th International Symposium on "Delivery of Functionality in Complex Food Systems", Auckland, Neuseeland, 05.-08.11.2017
Haller, N., Kulozik, U.: How to draw maximal benefit from the single whey proteins? On the fractionation and further treatment for creation of functional nutrition

Seminar Schaumanalytik, Krüss GmbH, Hamburg, 06.11.2017
Dombrowski, J., Kulozik, U.: Stabilisierung von Luft/Wasser-Grenzflächen durch Milchproteine: Neue Erkenntnisse und Konzepte im Hinblick auf die Ableitung von Struktur-Funktions-Beziehungen

31st EFFoST International Conference, Sitges, Spanien, 14.-16.11.2017
Dombrowski, J., Kulozik, U.: Evaluation of structural characteristics determining the surface and foaming properties of β-lactoglobulin in various molecular states

25. Oranienburger Milchforum (MLUA), Oranienburg, 16.-17.11.2017
Kulozik, U., Haller, N.: Gewinnung ß-Lactoglobulin-freier Molkenerzeugnisse mittels selektiver thermischer Aggregation und Fraktionierung der entstandenen Komponenten

Posterpräsentationen

Jahrestreffen der ProcessNet-Fachgruppe Lebensmittelverfahrenstechnik, Bruchsal, 13.-15.02.2017
Kieferle, I., Kulozik, U.: Ausschieben von Konzentraten aus Spiralwickelmembranen –Eine Frage der Prozessoptimierung

Kubbutat, P., Ambros, S., Dombrowski, J., Kulozik, U.: Einfluss der Schaumstruktur auf die Produktqualität und die Prozessdauer der Mikrowellengefriertrocknung von sensitiven Biomolekülen

Kurz, F., Kulozik, U.: Stabilisierung von Emulsionen durch proteinbasierte Partikel

Jahrestreffen der ProcessNet-Fachgruppe Membrantechnik, Köln, 08.-10.03.2017
Weinberger, M., Kulozik, U.: Concept for a study on the influence of alternating and pulsating tangential flow on fouling mitigation

1st Conference Innovations in Food Science and Technology, Erding, 10.-12.05.2017
Dombrowski, J., Ambros, S., Kulozik, U.: Milk protein-stabilized foam structures as protective carrier systems during microwave drying of probiotics

Haller, N., Kulozik, U.: Innovative fractionation process for whey proteins by means of reversible thermal aggregation and centrifugal separation

Integrated Continuous Biomanufacturing III, Cascais, Portugal, 17.-20.09.2017
Kulozik, U., Hartinger, M., Weinberger, M.: Novel Concepts for Efficient and Predictable Membrane Separation in Continuous Cell Retention and Downstream Processing

Weinberger, M., Göttfried, A., Kulozik, U.: Fouling Mitigation and Hydrodynamic Characterization of Membrane based Perfusion Systems (XCell™ ATF)

8th International Whey Conference, Chicago, USA, 17.-21.09.2017
Dombrowski, J., Kulozik, U.: Evaluation of structural characteristics determining the surface and foaming properties of β-lactoglobulin in various molecular states

Marx, M., Kulozik, U.: Development of a preservation process for fluid whey concentrates: Influence of concentration and thermal conditions on shelf-life and product quality

Saalfeld, D., Marchesini, G., Kulozik, U.: Influence of processing step sequence and milieu conditions on the emulsifying properties of a tryptic whey protein hydrolysate

DrinkTec, München, 11.-15.09.2017
Stier, P., Kulozik, U.: Standardized production of biological indicators for the evaluation of surface decontamination with hydrogen peroxide and minimization of their variance

31st EFFoST International Conference, Sitges, Spanien, 14.-16.11.2017
Dombrowski, J., Kulozik, U.: Evaluation of structural characteristics determining the surface and foaming properties of β-lactoglobulin in various molecular states

Veröffentlichungen

(die aktuelle Gesamtpublikationsliste ist unter http://www.lmvt.wzw.tum.de einsehbar)

Peer review-Verfahren

Brand, J, Kulozik, U: Impact of the substrate viscosity, potentially interfering proteins and further sample characteristics on the ion exchange efficiency of tangential flow adsorbers. Food Bioproducts Processing, 102, 90-97, 2017

Cheison, S, Kulozik, U: Impact of the environmental conditions and substrate pre-treatment on whey protein hydrolysis: A review. Crit Rev Food Sci Nutr, 57 (2) 418-453, 2017

Depping, V, Grunow, M, van Middelaar, C, Dumpler, J (group U Kulozik): Integrating environmental assessment in new product development and processing technology se-lection: milk concentrates as substitutes for milk powders. J Clean Prod, 149, 1-10, 2017

Dombrowski, J, Gschwendtner, M, Kulozik, U: Evaluation of structural characteristics determining surface and foaming properties of β-Lactoglobulin aggregates. Colloids Surface A, 516, 286-295, 2017

Dumpler, J. Kulozik, U: Dissociation and coagulation of caseins and whey proteins in concentrated skim milk heated by direct steam injection. Dairy Sci Technol, 96 (6) 807-826, 2017

Dumpler, J, Wohlschläger, H, Kulozik, U: Dissociation and coagulation of caseins and whey proteins in concentrated skim milk heated by direct steam injection. Dairy Sci Technol, 96, 807-826, 2017

Dumpler, J, Kieferle, I, Wohlschläger, H, Kulozik, U: Milk ultrafiltrate analysis by ion chromatography and calcium activity for SMUF preparation for different scientific pur-poses and prediction of its supersaturation. Int Dairy J, 68, 60-69, 2017

Eschlbeck, E, Kulozik, U: Effect of moisture equilibration time and medium on contact angles of bacterial spores. J Microbiol Methods, 135, 1-7, 2017

Mao, Y, Černigoj, U, Zalokar, Z, Strancar, A, Kulozik, U: Production of β-Lactoglobulin hydrolysates by monolith based immobilized trypsin reactors. Electrophoresis, 38 (22-23) 2947–56, 2017

Meyer, P, Petermeier, J, Hartinger, M, Kulozik, U: Concentration of skim milk by a cascade comprised of ultrafiltration and nanofiltration: Investigation of the nanofiltration of skim milk ultrafiltration permeate. Food Bioprocess Technol, 10 (3) 469-478, 2017

Meyer, P, Hartinger, M, Sigler, S, Kulozik, U: Concentration of milk and whey by membrane technologies in alternative cascade modes. Food Bioprocess Technol, 10 (4) 674-686, 2017

Voswinkel, L, Etzel, M, Kulozik, U: Adsorption of ß-lactoglobulin in anion exchange membrane chromatography versus the contacting mode and temperature. LWT Food Sci Technol, 79, 78-83, 2017

Wolz, M, Kulozik, U: System parameters in a high moisture extrusion process for microparticulation of whey proteins. J Food Eng, 209, 12-17, 2017

Würth, R, Wiesner, S, Foerst, P, Kulozik, U: Impact of the $CaCl_2$ content in the rehydration media on the capsule formation out of spray dried capsule precursors for the immobilization of probiotic bacteria. Int Dairy J, 68, 75-79, 2017

Congress Proceedings / Praxisorientierte Publikationen

Goslinska, M, Heinrich, S, Selmer, I, Smirnova, I, Kleemann, C, Kulozik, U: Coating of Protein-Based Aerogels Using Spouted-Bed Technology. Chem-Ing-Techn, 88 (9) 1370

Hartinger, M, Heidebrecht. HJ, Arndt, F, Schuhmann, S, Nirschl, H, Kulozik, U: Milchproteinfraktionierung mittels Mikrofiltration (Teil 3): Welche Aussage liefert die nominelle Porengröße zum Filtrationsverhalten einer Membran? Molkerei-Industrie, 4, Mopro-web.de, 51-53, 2017

Hartinger, M, Heidebrecht, HJ, Arndt, F, Schuhmann, S, Nirschl, H, Kulozik, U: Milchproteinfraktionierung mittels Mikrofiltration (Teil 4): Methode zur besseren anwendungsbezogenen Charakterisierung von Membranen. Molkerei-Industrie, 5, Mopro-web.de, 22-23, 2017

Hartinger, M, Heidebrecht, HJ, Arndt, F, Nirschl, H, Kulozik, U: Milk protein fractionation by means of microfiltration, How to characterize polymeric microfiltration membranes – a new approach using a stirred test cell – part 2. Int. Dairy Magazin, 9, 24-25, 2017

Heidebrecht. HJ, Arndt, F, Schork, N, Schuhmann, S, Guthausen, G, Nirschl, H, Kulozik, U: Milchproteinfraktionierung mittels Mikrofiltration (Teil 5): In-situ Untersuchung der Deckschichtbildung auf Hohlfaser- und Mehrkanalrohrmembranen. Molkerei-Industrie, 6, Mopro-web.de, 41-43, 2017

Heidebrecht, HJ, Kulozik, U: Milchproteinfraktionierung mittels Mikrofiltration (Teil 1): Möglichkeiten zur Verbesserung der Filtrationseffizienz mit keramischen Membranen. Molkerei-Industrie, 2, 30-32, 2017

Heidebrecht, HJ, Reitmaier, Meyer, P, Kulozik, U: Milchproteinfraktionierung mittels Mikrofiltration (Teil 2): Verwendung von Prozessnebenströmen als Diafiltrationsmedium. Molkerei-Industrie, 3, Mopro-web.de, 26-29, 2017

Marx, M, Dumpler, J, Kulozik, U, Depping, V, Stefánsdóttir, B, Grunow, M: Ökonomisch und ökologisch sinnvoll – Ressourcenschonende Produktion von Milch- und Molkenkonzentraten. Lebensmitteltechnik, 3, 40-41, 2017

Müller, D, Rogoll, D, Melcher, R, Kulozik, U, Schwarz, K, Richling, E: Verkapselung von anthocyanreichen Heidelbeerextrakt moduliert die Bioverfügbarkeit und die Bioaktivität – eine in vivo Studie. 45. Jahrestagung Ges für Gastroenterol Bayern, 22./23.6.17, Würzburg, 55 (5) 1-27, 2017

Reitmaier, M, Heidebrecht, HJ, Kulozik, U: Milk proteinfractionation by means of microfiltration, Influence of preconcentration and diafiltration medium – part 1. Int Dairy Magazin 8, 16.-19, 2017

Technologietransfer/Organisation von wissenschaftlichen Veranstaltungen

Weihenstephaner Milchwirtschaftliche Herbsttagung des Verbandes Weihenstephaner Milchwirtschaftler, Bio- und Lebensmitteltechnologen e.V., 05.-06.10.2017, Freising-Weihenstephan.

Im Berichtszeitraum aktive öffentlich und bilateral geförderte Forschungsvorhaben

Öffentlich geförderte Vorhaben

Konservierung der humanen, fäkalen Mikrobiota, 01.01.2016 – 31.12.2018

Aufklärung von Mechanismen bei Strukturbildungsvorgängen und von Prozess-Struktur Wechselwirkungen in mehrphasigen, hochkonzentrierten Proteinsystemen, 01.08.2016 – 31.07.2019

Polymere Spiralwickelmembranen zur Milchproteinfraktionierung, 01.01.2015 – 31.12.2017

Milchproteinfraktionierung mittels Mikrofiltration: Einfluss des Diafiltrationsmediums auf Deckschichtbildung, Transmission und Funktionalität der Proteinfraktionen, 01.09.2015 – 31.08.2018

Mikrowellenunterstützte Vakuum- und Gefriertrocknung zur schnellen Konservierung von sensitiven Biomolekülen in einer Schaummatrix, 01.10.2015 – 31.07.2018

Freispülen von Spiralwickelmembran-Modulen von Milchproteinkonzentraten: Experimentelle Untersuchung und Entwicklung eines Simulationsmodells, 01.02.2016 – 31.07.2018

Mikrowellen-Vakuumtrocknung von Fruchtschäumen und Gewinnung von natürlichen Fruchtaromen, 01.02.2016 – 31.07.2018

Stabilisierung von Emulsionen durch proteinbasierte Partikel, 01.08.2016 – 31.01.2019

Optimierung der Milchproteinfraktionierung mittels Mikrofiltration Einfluss von Temperatur, pH-Wert und Ionenstärke auf die Effizienz des Verfahrens, 01.01.2017 – 30.06.2019

Standardisierte Herstellung von biologischen Indikatoren für die Beurteilung der Oberflächenentkeimung mit Wasserstoffperoxid und Minimierung ihrer Varianz, 01.03.2017 – 31.08.2019

Untersuchung der Deckschichtbildung auf Hohlfaser- und Mehrkanalrohrmembran bei der Milchproteinfraktionierung, 01.04.2017 – 30.09.2019

Anreicherung und Fraktionierung von Protein – und Zellsuspensionen mit alternativen Verfahrensweisen in der Crossflow-Filtration, 01.11.2017 – 30.04.2020

Anderweitig finanzierte Forschungsprojekte:

Grenzflächenstabilisierung durch Peptide unterschiedlicher Struktur in Abhängigkeit von Milieu- und Prozessfaktoren

Verkapselung von Mikroorganismen durch Sprühtrocknung in Proteinmatrices

Anreicherung von spezifischen Immunoglobulinen aus Milch und Kolostrum

Exkursionen

06.06. – 09.06.2017	Fachexkursion mit 27 Studenten des Studiengangs Technologie und Biotechnologie der Lebensmittel zu Lebensmittel– und Zulieferbetrieben (Raum Leutkirch, Konstanz, Lindau).
06.06. – 09.06.2017	Fachexkursion mit 27 Studenten des Studiengangs Bioprozesstechnik/Molekulare Biotechnologie zu Lebensmittel– und Zulieferbetrieben (Raum Vilsbiburg, Bad Tölz, Kundl (AT)).

Zusammenarbeit mit wissenschaftlichen Expertengremien und Organisationen bzw. Mitarbeit in Hochschulgremien

Kulozik, U.

- Mitglied im Editorial Board der Zeitschriften Int. Dairy Journal (IDJ) und Food Science and Technology (LWT)
- Berufenes Mitglied in der International Academy of Food Science and Technology (IAFoST)
- Mitglied im Wissenschaftlichen Ausschuss des Forschungskreises der Ernährungsindustrie e.V. (FEI)
- Mitglied im Wissenschaftlichen Beirat des Milchindustrieverbandes (MIV) e.V.
- 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. zur Evaluierung von Forschungsanträgen an das Bundesministerium für Wirtschaft und Technologie (BMWi)

- Mitglied (Co-Chairman der Scientific Working Group on Sustainable Food Processing and Packaging „Food for Life“) der European Technology Platform (ETP)
- Mitglied im Standing Committee Dairy Science & Technology (SCDST) des IDF (International Dairy Federation)

Hartinger, Martin

- Prüfstelle für milchwirtschaftliche Maschinen und Anlagen

Stulac, Mirjana

- IHK München: Prüfungsmitglied der Technischen Abschlussprüfung von Fachkräften für Lebensmittel

Verband Weihenstephaner Milchwirtschaftler, Bio- und Lebensmitteltechnologen e.V.

Adresse

Geschäftsführung:
Eva Guyot, Maria Weinberger, Philipp Stier
Vorstand:
Prof. H.C. Langowski

Weihenstephaner Berg 1
D – 85354 Freising-Weihenstephan

Telefon: 08161-71-2507
Telefax: 08161-71-4384

Email: info@verband-weihenstephan.de
Internet: www.verband-weihenstephan.de

Struktur des Verbandes

Neuentwicklungen bei den Verbandsmitgliedern

Der Verband Weihenstephaner Milchwirtschaftler, Bio- und Lebensmitteltechnologen e.V. ist ein unabhängiger Berufsverband für die Lebensmittel- und Bioprozesstechnikbranche mit derzeit 1931 Mitgliedern (Stand 01.01.2018). Im Geschäftsjahr 2017 konnten wir 102 neue Mitglieder für den Verband begeistern. 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 beträgt € 20,- im Jahr.

Neuentwicklungen bei den Verbandsverantwortlichen

Im Jahr 2017 endete die Wahlperiode der Vorstandsmitglieder Frau Barbara Fiedler, Frau Prof. Dr. Jutta Roosen und Herr Dr. Hans Besner. Frau Barbara Fiedler und Herr Dr. Hans Besner wurden in der Mitgliederversammlung in ihrem Amt bestätigt. Frau Prof. Dr. Jutta Roosen, die nicht zur Wiederwahl stand, schied Ende des Jahres aus der Vorstandschaft aus, nachdem sie sich viele Jahre als Vorstandsmitglied für die Belange des Verbands verdient gemacht hat. Der Verband bedankt sich ganz herzlich für die langjährige Unterstützung und wünscht alles Gute. Neugewählt in die Vorstandschaft wurde Frau Dr. Mareike Wenning. Sie ist am Zentralinstitut für Ernährungs- und Lebensmittelforschung in der Abteilung Mikrobiologie als PostDoc tätig.

Auf eigenen Wunsch schieden im Jahr 2017 die beiden Geschäftsführer Frau Melanie Marx und Herr Christian Kleemann aus der Geschäftsführung aus. Der Verband bedankt sich sehr herzlich bei Frau Marx und Herrn Kleemann für das langjährige Engagement in der Geschäftsführung und wünscht den Beiden für die Zukunft alles Gute.

Die Vorstandschaft hat Frau Maria Weinberger und Herrn Philipp Stier zur Mitarbeit in der Geschäftsführung berufen.

Frau Weinberger hat ihren Bachelor in Biotechnologie an der Hochschule Weihenstephan-Triesdorf absolviert und im Anschluss ihren Master in pharmazeutischer Bioprozesstechnik an der Technischen Universität München abgelegt. Herr Stier hat an der Technischen Universität München Molekulare Biotechnologie im Bachelor und Master studiert. Beide promovieren und sind am Lehrstuhl für Lebensmittel- und Bioprozesstechnik angestellt.

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. Übermittlung von Stellenangeboten

3. **Preise für herausragende wissenschaftliche Arbeiten**
   a. Bachelorarbeit: € 500,-
   b. Masterarbeit: € 1000,-
   c. Doktorarbeit: € 2000,-

4. **Eine Netzwerk-Plattform**
   a. Über 1900 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

Bericht aus Weihenstephan und dem Verbandsleben

Eva Guyot, Maria Weinberger, Philipp Stier

Ehrung der besten Bachelorarbeit anlässlich des Hochschultages

Anlässlich des Studienfakultätstages Ende Juni 2017 hat der Verband Weihenstephaner Milchwirtschaftler, Bio- und Lebensmitteltechnologen e.V. wieder einen Preis für die beste Bachelorarbeit verliehen.
Der mit € 500,- dotierte Preis für die beste Bachelorarbeit wurde in diesem Jahr an Frau Katharina Hiller für ihre mit der Note 1,0 bewertete Bachelorarbeit zum Thema „Vergleich der rheologischen & absorptiven Eigenschaften von Milchproteinkonzentraten“ verliehen.

Übergabe des Preises für herausragende Bachelorarbeiten an Frau Katharina Hiller durch die Geschäftsführung des Verbands Melanie Marx und Christian Kleemann. (© TUM-SFBL)

Herbsttagung 2017

Die traditionsreiche Weihenstephaner Milchwirtschaftliche Herbsttagung fand im Jahr 2017 am 05. und 06. Oktober statt. Ein interessantes Vortragsprogramm aus Forschung und Wirtschaft hat etwa 230 Verbandsmitglieder nach Weihenstephan gelockt, die die Gelegenheit nutzten, sich untereinander fachlich auszutauschen. Im Rahmen des Ehemaligentreffens mit dem traditionellen Käsebuffet bot sich die Gelegenheit über vergangene Zeiten zu plaudern.

Preisverleihungen

Wie bereits in den Jahren zuvor wurden auch in diesem Jahr wieder Nachwuchswissenschaftler für herausragende wissenschaftliche Abschlussarbeiten geehrt.

Der mit 1.000 € dotierte Preis für die beste Masterarbeit ging in diesem Jahr an Herrn Sebastian Mainberger. Seine Masterarbeit mit dem Thema „Experimental and Molecular Dynamics Studies of Deep Eutectic Solvents“ wurde mit der Note 1,0 bewertet. Die Arbeit wurde am Institut für Biothermodynamik bei Frau Prof. Minceva angefertigt.

Den mit 2.000 € dotierten Preis für die beste Doktorarbeit erhielt in diesem Jahr Frau Dr.-Ing. Pia Meinlschmidt. Sie hat ihre Doktorarbeit mit dem Thema „Nonthermal Processing Technologies for the Mitigation of Soy Protein Isolates Immunoreactivity – with Focus on their Sensory and Physicochemical Properties“ am Fraunhofer Institut IVV Freising unter Leitung von Prof. Langowski mit Auszeichnung abgeschlossen.

Übergabe des Preises für herausragende Doktorarbeiten an Frau Pia Meinlschmidt durch den Vorstandsvorsitzenden des Verbandes Professor Langowski. (Foto: Unterbuchberger)

Ehrungen

Die langjährige Treue von Verbandsmitgliedern ist Voraussetzung für eine erfolgreiche Verbandsarbeit. Die Unterstützung der ehemaligen Weihenstephaner ermöglicht dem Verband die Förderung der Nachwuchskräfte und erlaubt die Durchführung einer Veranstaltung wie der Weihenstephaner Milchwirtschaftlichen Herbsttagung. Daher ehrt der Verband auf der Herbsttagung Mitglieder mit 40-, 50- oder 60-jähriger Mitgliedschaft.

Im Jahr 2017 wurden Herr Michael Baumeister, Herr Walter Falkuß, Herr Franz Garnreiter und Herr Johann Grünwald für 40 Jahre Mitgliedschaft gewürdigt. Der Verband konnte außerdem Herrn Sebastian Mair, Herrn Herwig Nöhammer, Herrn Walter Remiger und Herrn Peter Wagner zur 50-jährigen Mitgliedschaft gratulieren. Herr Hermann Jäger, Herr Walter Würz und Herr Fritz Ziegler können dieses Jahr bereits auf 60 Jahre Verbandsmitgliedschaft zurückblicken.

Ehrung von Herrn Walter Würz für die 60-jährige Mitgliedschaft im Verband durch die bayrische Milchkönigin Sonja Wagner, Christian Kleemann stellvertretend für die Geschäftsführung des Verbandes und Professor Langowski. (Foto: Unterbuchberger)

Ehrung von Herrn Michael Baumeister für die 40-jährige Mitgliedschaft im Verband durch die bayrische Milchkönigin Sonja Wagner und Professor Langowski. (Foto: Mao)

Deutschland Stipendium - Der Verband als Förderer

Der Verband Weihenstephaner Milchwirtschaftler, Bio- und Lebensmitteltechnologen tritt im Jahr 2017 erstmalig als Förderer im Rahmen des Deutschland Stipendiums auf. Die Vorstandschaft hat in der Versammlung im Herbst 2016 entschieden, insgesamt vier Stipendiaten über das Fördermodell Deutschland Stipendium zu unterstützen. Nach Beschluss der Vorstandschaft im März 2017 wurde die Anzahl für die folgende Förderperiode auf acht Studenten erhöht. Die Stipendien kommen jeweils zur Hälfte Studenten der Technischen Universität München und der Hochschule Weihenstephan-Triesdorf zugute, die sich durch besondere Leistungen im Studium und durch ehrenamtliches Engagement im universitären und privaten Bereich hervorgetan haben, um ihnen die Möglichkeit zu geben, ihre Aktivitäten weiterhin durchzuführen. Die Fördersumme von 3600,- € pro Jahr für jeden Stipendiaten setzt sich dabei zur Hälfte aus den Geldern des jeweiligen Förderers und zur anderen Hälfte aus Mitteln des Bundes zusammen.

Der Verband Weihenstephaner Milchwirtschaftler, Bio- und Lebensmitteltechnologen freut sich sehr, in diesem Jahr Studenten der Lebensmitteltechnologie, der Bioprozesstechnik und der Brau- und Getränketechnologie zu fördern.

Frau Imke Berg	Studentin des Bachelorstudiengangs Lebensmitteltechnologie (HSWT)
Frau Caroline Kehr	Studentin des Bachelorstudiengangs Technologie und Biotechnologie der Lebensmittel (TUM)
Frau Luisa Murer	Studentin des Bachelorstudiengangs Technologie und Biotechnologie der Lebensmittel (TUM)
Herr Philipp Dorn	Student des Masterstudiengangs Brauwesen und Getränketechnologie (TUM)
Herr Tobias Reichelt	Student des Bachelorstudiengangs Lebensmitteltechnologie (HSWT)
Herr Michael Schobesberger	Student des Masterstudiengangs Pharmazeutische Bioprozesstechnik (TUM)

Der Verband WMBL gratuliert den Stipendiaten aufs herzlichste und wünscht weiterhin viel Erfolg im Studium.

Wenn Sie sich näher über das Fördermodell Deutschland Stipendium informieren möchten, finden Sie weiterführende Informationen direkt auf der Website www.deutschlandstipendium.de oder unter www.tum.de für Informationen über die Zusammenarbeit von Deutschland Stipendium und der Technischen Universität München.

Die Erhöhung der geförderten Stipendiaten der Hochschule Weihenstephan-Triesdorf auf vier Stipendien steht noch aus.

Frau Imke Berg und Herr Tobias Reichelt zusammen mit den Geschäftsführern des Verbands bei der offiziellen Verleihung der Stipendien im Rahmen des Fördermodells Deutschland Stipendium in Weihenstephan. (© HSWT)

Frau Luisa Murer, Frau Carolina Kehr, Herr Philipp Dorn und Herr Michael Schobesberger zusammen mit den Geschäftsführern des Verbands bei der offiziellen Verleihung der Stipendien im Rahmen des Fördermodells Deutschland Stipendium in Garching. (© TUM)

Versammlungen und geförderte Exkursionen

Versammlungen:

Vorstandssitzung am	22.03.2017
Vorstandssitzung am	04.10.2017
Mitgliederversammlung am	05.10.2017

Lehrstuhlexkursionen:

25.09.-30.09.2016 unter Leitung des Sprachenzentrums der Hochschule Weihenstephan-Triesdorf mit 19 (3 WMBL) Studenten nach Andalusien.

06.06.-09.06.2017 unter Leitung des Lehrstuhls für Lebensmittel- und Bioprozesstechnik (Prof. Dr.-Ing. Ulrich Kulozik) der TUM mit 27 (19 WMBL) Studenten im Großraum München.

06.06.-09.06.2017 unter Leitung des Lehrstuhls für Lebensmittel- und Bioprozesstechnik (Prof. Dr.-Ing. Ulrich Kulozik) der TUM mit 27 (27 WMBL) Studenten im Raum Bodensee.

06.06.-09.06.2017 unter Leitung des Lehrstuhls für Systemverfahrenstechnik (Prof. Dr.-Ing. Heiko Briesen) der TUM mit 26 (7 WMBL) Studenten im Raum Köln und Frankfurt.

06.06.-09.06.2017 unter Leitung des Lehrstuhls der Studienfakultät Brau- und Lebensmitteltechnologie der TUM mit 25 (5 WMBL) Studenten.

06.06.-09.06.2017 unter Leitung des Lehrstuhls für Lebensmittelverpackungstechnik (Prof. Dr.-Ing. Horst-Christian Langowski) der TUM mit 29 (5 WMBL) Studenten im Raum Koblenz und Aschaffenburg.

19.06.-22.06.2017 unter Leitung von Prof. Dr. Özlem Özmutlu Karslioglu mit 16 WMBL Studenten des Studiengangs Lebensmitteltechnologie der Hochschule Weihenstephan-Triesdorf zu Lebensmittel- und Zulieferbetrieben in Sachen, Niederbayern und Baden-Württemberg.

Privatexkursionen:

Neben den universitär organisierten Fachexkursionen wurden im Jahr 2017 auch 21 eigeninitiativ organisierte Exkursionen studentischer Mitglieder zu Fachmessen und -tagungen bezuschusst. Informationen zur Förderung sowie der Förderantrag finden sich auf der Homepage des Verbandes.

Verleihungsrichtlinien zum Preis für Semester-, Bachelor-, Diplom-, Master- sowie Doktorarbeiten

Präambel

Der Verband Weihenstephaner Milchwirtschaftler, Bio- und Lebensmitteltechnologen e.V. ist einer der traditionsreichsten Hochschulverbände mit über 1900 Mitgliedern. Das stetige Wachstum 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

- 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. April
- 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 fünf Professoren der TUM und der Hochschule Weihenstephan Triesdorf. 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 bei der Geschäftsführung des Verbands angefordert werden.

Vereinigung zur Förderung der Milchwissenschaftlichen Forschung an der TUM in Freising-Weihenstephan e.V.

Adresse

c/o Lebensmittelverfahrenstechnik – WZW
Univ.-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:

Lehrstuhl für Produktions- und Ressourcenökonomie landwirtschaftlicher Betriebe

- *Kosten- und Produktivitätsimplikationen ausgewählter Tierwohlkriterien für die Milcherzeugung unter Berücksichtigung von Verbraucheranliegen*

Lehrstuhl für Mikrobielle Ökologie /

ZIEL Institute for Food & Health (Abt. Mikrobiologie)

- *Quantifizierung von Plasminaktivität in Roh- und UHT-Milch*

Lehrstuhl für Tierphysiologie und Immunologie (Abt. Physiologie)

- *Trächtigkeitsfrüherkennung in der Milch*

Lehrstuhl für Lebensmittel- und Bio-Prozesstechnik /

ZIEL Institute for Food & Health (Abt. Technologie)

- *Anteilsfinanzierung: Messgerät für Stoffeigenschaften für die Mikrowellenbehandlung von Starterkulturen*
- *Anreicherung und Fraktionierung von Milchproteinen und Zellsuspensionen mit alternativen Verfahrensweisen in der Crossflow-Filtration*
- *Anteilsfinanzierung: Multifunktionsphotometer*

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 Lebensmittel- und Bio-Prozesstechnik
85354 Freising, Weihenstephaner Berg 1
Telefon: 0 81 61 / 71 42 05
Telefax: 0 81 61 / 71 43 84
foerderverein.weihenstephan@t-online.de
Bankverbindung: Sparkasse Freising
IBAN: DE68 7005 1003 0000 1718 76
SWIFT-BIC: BYLADEM1FSI

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.	ALPMA Alpenland Maschinenbau GmbH, Rott am Inn	124
2.	Bayerische Milchindustrie eG, Landshut	123
3.	Privatmolkerei Bauer GmbH & Co. KG, Wasserburg/Inn	131
4.	B&L Mediengesellschaft mbH & Co. KG, Bad Breisig	125
5.	DSM Food Specialities Germany GmbH, Düsseldorf	127
6.	Goldsteig Käsereien Bayerwald GmbH, Cham	128
7.	GQM mbH, Landshut	130
8.	Milchindustrie-Verband e.V., Berlin	128
9.	Molkerei Gropper GmbH & Co., Bissingen	126
10.	Molkerei Weihenstephan GmbH & Co. KG, Freising	132
11.	Zentis GmbH & Co. KG, Aachen	129

BMi
Beste Milch Ideen
Beste Milch Ideen
aus Tradition
Beste Qualität
Verantwortungsvoll erzeugte Milch
Innovative Produktideen
www.bmi-eg.com
Frankenland
paladin
Frankenland
BMI Bio Bauern
Ihre Genossenschaftsmolkerei
BMI – Bayerische Milchindustrie eG
Klötzlmüllerstraße 140 · 84034 Landshut
Telefon: +49 (0) 871 685-0

Qualität ohne Kompromisse

Seit über 70 Jahren steht ALPMA für ausgereifte Technik, höchste Qualität und langfristige Zuverlässigkeit – durchdachte und praxisorientierte Lösungen in allen Bereichen.

Prozesstechnik

Käsereitechnik

Schneidetechnik

Verpackungstechnik

www.alpma.de

B&L MedienGesellschaft mbH & Co. KG

UNSERE FACH- UND KUNDENZEITSCHRIFTEN BEGLEITEN DEN GESAMTEN WEG DER MILCH:

VON DER VERARBEITUNG ÜBER DIE VERMARKTUNG, AN DEN POS UND DIREKT BIS ZUM VERBRAUCHER

B&L MedienGesellschaft mbH & Co. KG • Zehnerstr. 22b • 53498 Bad Breisig • Postfach 1363
T: 0 26 33/45 40-0 • F: 0 26 33/45 40 99 • info@moproweb.de • www.moproweb.de

Milch
BEI MILCH IM TREND:
Regionalität und Natürlichkeit...
... für die Molkerei Gropper seit langer Zeit eine Selbstverständlichkeit. Wir beziehen unsere Milch größtenteils aus der Region - sowohl in Bio-Qualität als auch konventionell erzeugt mit VLOG Zertifizierung. Da sich der Milchmarkt aber weiter differenziert und wir diesen Wandel aktiv mitgestalten möchten, wurden 2017 rund 80 Gropper-Milcherzeuger mit dem DTB-Label „Für mehr Tierschutz" zertifiziert. Denn unser Bestreben ist es, zukunftsfähige Produkte am Markt zu platzieren, die gut sind für die Umwelt, unsere Kunden und für uns.
Mehr über uns erfahren Sie unter www.gropper.de
Molkerei Gropper GmbH & Co. KG
Am Mühlberg 2
86657 Bissingen
www.gropper.de
/molkerei.gropper
GROPPER
QUALITÄT & IDEEN SEIT 1929

Sie wollen Textur und Geschmack verbessern, Ausbeute und Lebensmittelsicherheit erhöhen oder Ihre Prozesswirkungsgrade optimieren? Dank unseres fundierten wissenschaftlichen und anwendungstechnischen Knowhows sind wir in der Lage, eines der umfassendsten Portfolios an Zusatzstoffen für die Milch- und Molkereiindustrie, die derzeit auf dem Markt sind, anzubieten.
In Zusammenarbeit mit Ihnen trägt unser globales Expertenteam dazu bei, die vom Verbraucher gewünschten gesunden, natürlichen und verführerischen Milchprodukte bereitzustellen. Wie unsere innovativen Lösungen für Milchprodukte Ihnen den Weg ebnen können, erfahren Sie bei: **www.dsm.com/food**.

HEALTH · NUTRITION · MATERIALS

DSM
BRIGHT SCIENCE. BRIGHTER LIVING.

Der Milchindustrie-Verband e.V. (MIV) ist der Spitzenverband der deutschen Milchindustrie

- Er vertritt rund 80 Unternehmen.
- 95 % der deutschen Milchanlieferung oder rund 30 Mio. t Milch und 90 % des Exportvolumens werden von MIV-Mitgliedern erbracht.
- Mit rund 20 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

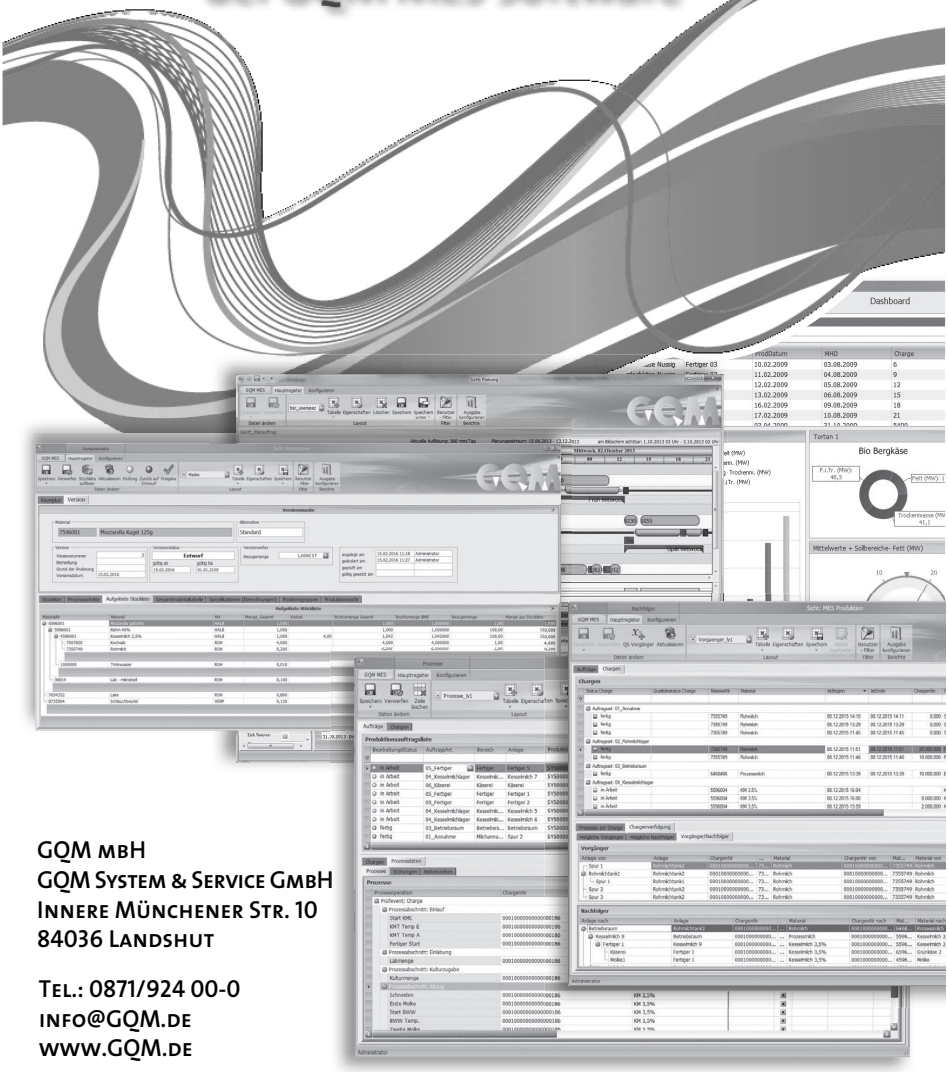
Milchindustrie-Verband e.V. | Jägerstraße 51 | 10117 Berlin
Ansprechpartnerin Wissenschaft: Dr. Gisela Runge
Tel.: +49 30 4030445-19 | Fax: +49 30 4030445-57 | E-Mail: runge@milchindustrie.de
www.milchindustrie.de & www.meine-milch.de

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
seit 1893
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

GQM

PRODUKTIONSPLANUNG ··· REZEPTUREN ··· PRODUKTION ··· QM/LIMS ··· LVS

Die neue Generation
der GQM MES Software



GQM mbH
GQM System & Service GmbH
Innere Münchener Str. 10
84036 Landshut

Tel.: 0871/924 00-0
info@GQM.de
www.GQM.de

DIE **SOFTWARE EXPERTEN** FÜR DYNAMISCHE
LÖSUNGEN IN DER **MILCH- & LEBENSMITTELINDUSTRIE**

„Und was kann der?“
Der bringt dich in Urlaubsstimmung!
Die Bauers, die können's einfach.
„Und was kann der?“
Der ist für den Bärenhunger!
Die Bauers, die können's einfach.
„Und was kann der?“
Der ist einfach gut zum Teilen!
Die Bauers, die können's einfach.
„Und was kann der?“
Der ist für besonders feine Momente!
Die Bauers, die können's einfach.

Weihenstephan
Frischer Geschmack
Jetzt noch leichter zu öffnen!
Weihenstephan
Haltbare
Milch
1,5 % Fett
1 liter
Weihenstephan
Haltbare
Milch
3,5 % Fett
www.molkerei-weihenstephan.de