TECHNISCHE UNIVERSITÄT MÜNCHEN

Milchwissenschaftliche Forschung Weihenstephan

TUM School of Life Sciences

Jahresbericht 2021

der milchwissenschaftlichen Forschungseinheiten an der TUM School of Life Sciences

Milchwissenschaftliche Forschung Weihenstephan

Jahresbericht 2021
über die milchwissenschaftliche Forschung an der
TUM School of Life Sciences
(ehemals Wissenschaftszentrum Weihenstephan)
in der Zeit vom
1. Januar 2021 bis 31. Dezember 2021

64. Band 2021
Weihenstephan, Juni 2022

IMPRESSUM

Herausgeber:

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

Tel: 08161-71 -2507
Fax: 08161-71 -4384
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

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

Verantwortlich für den Inhalt:

Univ.-Prof. Dr.-Ing. U. Kulozik, Univ.-Prof. Dr. H.C. Langowski, Prof. Dr. M. Pfaffl

Der Jahresbericht über die Milchwissenschaftliche Forschung an der TUM School of Life Sciences (ehemaliges 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, 2022

ISBN 978-3-947492-27-5

© 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 diesesVerbot fällt insbesondere die Aufnahme in elektronische Datenbanken und die Vervielfältigung.

Inhaltsverzeichnis

Seite

Vorwort ... 1

Lehrstuhl für Tierphysiologie und Immunologie ... 2

Forschung ... 4
- I. Laktations- und Reproduktionsphysiologie ... 4
- II. Doping und Leistungsförderer ... 6
- III. Bioanalytik ... 7
- IV. Biomarker ... 9
- V. Immunologie ... 12
- VI. Sonstige Publikationen ... 13

Auszeichnungen und Ehrungen ... 15

Vorträge ... 16

Kurzfassungen (Abstracts & Proceedings) ... 17

Habilitationen, Master- und Bachelorarbeiten ... 20

Lehrstuhl für Lebensmittel- und Bio-Prozesstechnik ... 22

Vorwort ... 24

Auszeichnungen 2021 ... 25

Forschungskurzberichte ... 25
- I. Forschungsgebiet Bioprozesstechnik ... 25
- II. Forschungsgebiet mikrowellen- und schaumunterstützte Trocknungstechnik ... 27
- III. Forschungsgebiet Strukturbildung und- charakterisierung ... 34
- IV. Forschungsgebiet Membran- und zentrifugale Trenntechnik ... 47

Dissertationen, Master- und Bachelorarbeiten ... 71

Vorträge ... 72

Posterpräsentationen ... 73

Veröffentlichungen ... 73

Technologietransfer ... 79

Verband Weihenstephaner Milchwirtschaftler,Bio- und Lebensmitteltechnologen e.V. ... 81

Struktur des Verbandes ... 81

Zielsetzungen des Verbandes ... 82

Bericht aus Weihenstephan und dem Verbandsleben ... 83

Versammlungen und geförderte Exkursionen ... 86

Verleihungsrichtlinien zum Preis des Verbands Weihenstephaner Milchwirtschaftler, Bio- und Lebensmitteltechnologen e.V. für Bachelorarbeiten, Masterarbeiten sowie Doktorarbeiten ... 87

Vereinigung zur Förderung der MilchwissenschaftlichenForschung an der TUM in Freising-Weihenstephan e.V. ... 89

Vorstand ... 89

Zweck und Ziele der Fördervereinigung ... 89

Beitragsordnung ... 90

Informationstransfer – Mitgliederinformation ... 91

BEITRITTSERKLÄRUNG ... 93

Technischer Teil ... 94

Verzeichnis der Fachfirmen ... 94

Vorwort

Der Jahresbericht der milchwissenschaftlichen Forschungseinheiten an der TUM School of Life Science 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 Publi-kation 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.

Dies muss auch das Ziel der kommenden Jahre bleiben. Gerade vor dem Hintergrund der personellen und möglicherweise strukturellen Änderungen der beteiligten Gruppen, bitten wir dieMitglieder und Unternehmen weiterhin an der Unterstützung der milchwirtschaftlichen Ausrichtung mitzuwirken.

Mit den Ergebnissen der Forschungstätigkeit 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
Internet: http://physio.wzw.tum.de
e-Mail: physio@ls.tum.de

Personal

Leitung:	Univ.-Prof. Dr. med. Dietmar Zehn	-3508
Sekretariat:	Sabine Saul-Hubrich (Teilzeit)	-3556
	Eva de Carné (Teilzeit, seit 01.09.2021)	-3508
Wissenschaftler:	Prof. Dr. Michael W. Pfaffl	-3511
	Dr. Talyn Chu	-3314
	Dr. Hayley McNamara (AvH-Stipendiatin)	-3867
	Dr. Gustavo Pereira de Almeida	-3867
	Dr. Anna Schulz	-3510
	Dr. Christine Wurmser (seit 01.06.2021	-2009
Doktoranden:	M.Sc. Jacqueline Berner	-5503
	M. Sc. Maria Bui	-5550
	M. Sc. Lara Donhauser	-3314
	M. Sc. Markus Flosbach (bis 31.08.2021	-3867
	M. Sc. Ann-Katrin Gerullis	-3314
	M. Sc. Christian Grätz	-5520
	M. Sc. Stefanie Hermann (bis 31.03.2021)	-5550
	M. Sc. Alex Hildebrandt(bis 31.07.2021)	-5520
	M. Sc. Madlaina von Hößlin	-5503
	M. Sc. Kristiyan Kanev (bis 31.08.2021)	-3867
	M. Sc. Benedikt Kirchner	-4429
	M. Sc. Miriam Kuhlmann	-5503
	M. Sc. Wenzel Manlik (seit 15.08.2021	3314
	M. Sc. Veronika Mussack (bis 28.02.2021)	-5550
	M. Sc. Ming Wu (bis 30.09.2021)	-3314
Tierärzte:	Ronja Binder	-5520

	Sabine Farschtschi	-5550
	Granit Thaqi	-5520
Lehrbeauftragter:	Prof. Dr. Bajram Berisha, Universität Prishtina	-3510
Technische Mitarbeiter:	Charline Amette	-3510
	Inge Celler, TA (seit 01.06.2021)	-3510
	Brigitte Dötterböck (Teilzeit)	-5556
	Waltraud Schmid	-5544
Gäste:	Dapi Meng-Lin Chiang, Biovesicle Inc., Taiwan	-5550

Forschung

I. Laktations- und Reproduktionsphysiologie

Entwicklung einer hochauflösenden Immunphänotypisierungsmethode zur Detektion von frühen Immunreaktionen in Milchkühen basierend auf Durchflusszytometrie

Development of an advanced flow cytometry based high-resolution immunophenotyping method to benchmark early immune response in dairy cows.

Farschtschi S, Mattes M, Hildebrandt A, Chiang D, Kirchner B, Kliem H, Pfaffl MW
Sci Rep. 2021 11(1): 22896

Die Bestimmung der Gesamtzellzahl (Somatic Cell Count, SCC) einer Milchprobe ist eine der gängigsten Methoden, um die Eutergesundheit einer Milchkuh zu überwachen. Dieses Vorgehen lässt allerdings außer Acht, dass es viele verschiedene Arten von Milchzellen gibt. Ziel unserer Studie war es, ein hochauflösendes Zelldifferentialbild (high-resolution differential cell count, HRDCC) aus Blut und Milch auf Basis der Durchflusszytometrie zu etablieren. Mit unserer Methode ist es uns möglich, neben den drei Hauptpopulationen der Immunzellen noch zehn Sub-populationen zu detektieren und deren Lebensfähigkeit zu bestimmen. Zusätzlich zu unserer Analyse werden Blutproben von einem externen Labor auf Standard-Biomarker, wie z.B. den Haptoglobinwert und diverse Stoffwechselparameter, untersucht und ein großes Blutbild angefertigt. In einer ersten Machbarkeitsstudie haben wir drei verschiedene Impfstoffe verwendet, um das Immunsystem von jeweils fünf gesunden Kühen zu stimulieren. Die Kühe wurden engmaschig vor, während und nach den Impfungen beprobt. Mit multivariaten statistischen Methoden konnte ein diagnostischer Mehrwert belegt werden, wenn das HRDCC zusätzlich zu den Standard-Laborparametern ausgewertet wurde. Der Stimulation des Immunsystems war nach allen drei Impfungen sowohl im Blut-HRDCC als auch im Milch-HRDCC zu erkennen. CD8+ T-Zellen, B-Zellen und die Monozyten- bzw. Makrophagen-Subpopulationen gehörten in allen Versuchsgruppen zu den statistisch einflussreichsten Zellarten. Des Weiteren zeigten intermediäre Monozyten in einer Gruppe einen signifikanten Anstieg nach beiden Impfungen. Obwohl sich die Bestimmung eines HRDCC sowohl im Blut als auch in der Milch als sehr vielversprechend herausgestellt hat, sollten die interessanten Subpopulationen in weiteren Versuchen mit sowohl gesunden als auch erkrankten Kühen in unterschiedlichen Laktationsphasen untersucht werden.

Veränderung des Darmmikrobioms in mit Clostridium difficile infizierten Hamstern während einer Behandlung mit spezifisch isolierten Antikörpern aus Kuhmilch

Alteration of Intestinal Microbiome of Clostridioides difficile Infected Hamsters during the Treatment with Specific Cow Antibodies. ***Tabea Brick[1], Kasper Hettinga[2], Benedikt Kirchner[3], Michael W. Pfaffl[3] and***

Heidebrecht HJ, Lagkouvardos I, Reitmeier S, Hengst C, Kulozik U, Pfaffl MW.;
Antibiotics (Basel) 2021 10(6): 724. doi: 10.3390/antibiotics10060724.

(eine detaillierte Projektbeschreibung finden sie unter dem Lehrstuhl für Lebensmittel- und Bio-Prozesstechnik)

Molekulare Mechanismen während der Ovulation, die spezielle Rolle der Prostaglandine

Molecular mechanisms of ovulation: the role of local prostaglandins

Bajram Berisha
European Biotechnology Congress, 23-25.09. 2021. Sofia, Bulgaria.
The EuroBiotech Journal 2021, 48 (Volume 5, Special issue 2), 47.

Der Eisprung (Ovulation) bei Säugetieren erfolgt als Ergebnis der Wechselwirkung zwischen dem LH-Anstieg und lokalen follikulären Faktoren, insbesondere Prostaglandinen. Daher war das Ziel dieser Studie, das Regulationsmuster von lokal produziertem Prostaglandin F2alpha (PGF), Prostaglandin E2 (PGE), deren Rezeptoren (PGFR, PGER2, PGER4), COX-2 und PGF-Synthasen (PGFS, PGES) im Rinderfollikel während der präovulatorischen Periode und des frühen Corpus luteum (CL) zu untersuchen. Eierstöcke von weiblichen Rindern, die präovulatorische Follikel oder CL enthielten, wurden durch transvaginale Ovarektomie vor und nach der hormonellen GnRH Behandlung gesammelt. Die COX-2-mRNA stieg 4h und erneut 20h nach GnRH signifikant an, gefolgt von einer signifikanten Abnahme nach der Ovulation. Die mRNA von PGFS in Follikeln war vor GnRH hoch, gefolgt von einer kontinuierlichen und signifikanten Herunterregulierung danach. Im Gegensatz dazu stieg die PGES-mRNA in den Follikeln 20h nach GnRH signifikant an und blieb danach hoch. Die mRNA von PGFR, PGER2 und PGER4 war vor GnRH hoch, gefolgt von einer Herunterregulierung danach und einem signifikanten Anstieg nur nach der Ovulation. Die niedrige Konzentration von PGF und PGE in der Follikelflüssigkeit vor GnRH stieg insbesondere um den Eisprung herum kontinuierlich und signifikant an. Zusammenfassend weisen unsere Ergebnisse darauf hin, dass die untersuchten Prostaglandin-Varianten an den lokalen Mechanismen beteiligt sind, die die endgültige Follikelreifung und den Eisprung bei der Kuh regulieren.

Nanopartikel und die Eierstockfunktion -- der negative Einfluss von Nanopartikeln auf die Entwicklung des Follikels und die gesamte Ovulation

Nanoparticles and the ovary function: the negative effects on the follicular development and ovulation.

Bajram Berisha
Trends in Nanotechnology International Conference (TNT2021), 4-8 .10.2021, Tirana, Albania.
https://phantomsfoundation.com/TNTCONF/2021/Abstracts/TNT2021_Berisha.pdf

Die anhaltende Zunahme der Anwendung von Nanopartikeln (NP) in vielen Lebensbereichen wirft derzeit erhebliche gesundheitliche Bedenken auf. Heutzutage findet man Nanopartikel, einerseits aus Plastik und andererseits mineralischen Ursprungs, nicht nur in der klinischen Therapie, sondern auch in verschiedenen Produkten des täglichen Gebrauchs wie Kosmetika, Kleidung und Lebensmitteln. Daher gelten, neben der beabsichtigten Anwendung in der Medizin, die dermale, pulmonale und gastrointestinale Exposition als die drei Hauptexpositionswege. Es ist bekannt, dass viele Arten von NPs bestimmte biologische Barrieren überwinden können und toxische Wirkungen auf verschiedene Organe wie Gehirn, Leber, Niere und auch Eierstöcke ausüben. Die jüngsten Studienergebnisse zeigen, dass die NP-Akkumulation die Physiologie und Funktionsweise des Eierstocks schädigt, indem sie die Follikelentwicklung und den Ovulationsprozess

stören. Zu den möglichen molekularen Mechanismen der Zytotoxizität von NP im Eierstockgewebe gehören unter anderemEntzündungen, oxidativer Stress und Apoptose. Es gibt Hinweise darauf, dass NPs in beide Follikelzelltypen (Theka- und Granulosazellen) eindringen und ihre normale Funktion (Steroidhormonproduktion) beeinträchtigen können. Darüber hinaus gibt es klare Beweise dafür, dass die Exposition gegenüber bestimmten NP die Spiegel von Gonadotropinen (LH, FSH) und Steroidhormonen (Progesteron, Testosteron, Estradiol) signifikant beeinflussen kann, was zu Follikelatresie und Anovulation führen kann. Darüber hinaus hat ein verbessertes Verständnis der molekularen Mechanismen der Toxizität von NP während der Follikelentwicklung und des Eisprungs eine offensichtlich wichtige Auswirkung auf die reproduktive Gesundheit und die Regulierung der Fruchtbarkeit.

II. Doping und Leistungsförderer

Dem Blutdoping auf der Spur – microRNA-Fingerabdrücke zum Nachweis von Eigenblutdoping *in vivo*

On the trail of blood doping - microRNA fingerprints to detect autologous blood transfusions in vivo.

Veronika Mussack[1], Georg Wittmann[2], Michael W. Pfaffl[1] (2020)
[1]Lehrstuhl für Tierphysiologie und Immunologie, TUM School of Life Sciences Weihenstephan, Technische Universität München, Freising, Deutschland; [2]Abteilung für Transfusionsmedizin, Zelltherapeutika und Hämostaseologie, Universitätsklinikum der Ludwig-Maximilians-Universität, München, Deutschland;
American Journal of Hematology 2020 Dec 16. doi: 10.1002/ajh.26078

Eigenblutdoping ist ein Verfahren, welches im Spitzensport missbraucht wird, um die Sauerstoffkapazität zu erhöhen und damit einen kompetitiven Vorteil zu gewinnen. Dabei spendet ein Sportler ein- oder mehrfach Blut und die darin enthaltene Erythrozyten werden zuerst separiert und dann eingelagert. Nach einer Regenerationsphase des Sportlers und kurz vor einem Wettkampf erhält der Sportler Transfusionen seiner eigenen Erythrozyten. Bisher gibt es keine Methode, um diesen Missbrauch eindeutig festzustellen. Aufgrund von Langzeitmesswerten verschiedener Blutparameter können lediglich Mutmaßungen angestellt werden, welche auf unphysiologische Über- oder Unterschreitungen des individuellen Schwankungsbereichs hinweisen. Um das Potential von zirkulierenden microRNAs zum Nachweis von Eigenblutdoping festzustellen, wurden innerhalb einer Humanstudie Vollblutproben entnommen, mittels RNA-Sequenzierung prozessiert und mit umfassenden multivariaten Methoden analysiert. Zwar konnte bereits festgestellt werden, dass die Lagerung von Erythrozyten zu einem signifikanten Unterschied im microRNA-Profil führt, jedoch konnte sich keine der Lagerungs-spezifischen microRNAs bei der Detektion von Eigenblutdoping *in vivo* durchsetzen. Allerdings haben sich zwei andere microRNAs, die bereits in hämatologischen Zusammenhang gebracht wurden, als vielversprechende Biomarker herauskristallisiert. Wenn auch mit geringerer Sensitivität, war mittels dieser beiden microRNAs eine Identifizierung von gedopten Studienteilnehmern möglich. Da jedoch der tatsächliche Umfang, Prozess und Kombination mit anderen verbotenen Dopingsubstanzen und -methoden in einer nicht-experimentellen Umgebung nicht bekannt ist, bleibt die Robustheit des Doping-spezifischen microRNA-Profils in offiziellen Dopingtests noch zu klären.

III. Bioanalytik

Modellierung und differenzielle Quantifizierung von Zellwachstumskurven mittels ECIS (elektrische Impedanzmessung von Zellwachstum in Zellkultur)

Modelling and Differential Quantification of Electric Cell-Substrate Impedance Sensing Growth Curves

Binder ARD, Spiess AN, Pfaffl MW.
Sensors (Basel) 2021 21(16):5286. doi: 10.3390/s21165286.

Die Messung von Oberflächenbedeckung durch Zellen hat sich zu einer üblichen Methode etabliert, um das Wachstumsverhalten von Zellen zu bewerten. Als indirekte Messmethode ist es hierfür beispielsweise möglich Änderungen des Widerstandes einer Elektrode zu messen. Dies stellt die Basis für das Prinzip der Impedanz-Zell-Substrat-Messung (impedance cell-substrate sensing, ECIS) dar. Durch ECIS erzeugte Wachstumskurven bilden üblicherweise die Impedanz, aufgetragen gegen die Zeit ab. Änderungen im Einzelzellwachstumsverhalten oder auch in der Zellverbundausbreitung können so, ohne Störung der Zellen, beobachtet werden. Um ECIS Kurven, im Rahmen verschiedener Experimente, besser vergleichbar zu machen haben wir ein großes Toolset (R-Script) bereitgestellt, um zum einen Transformierungen der Kurven und zum anderen eine Quantifizierung zu ermöglichen. Durch das Toolset können ECIS Kurven aus einer Exceldatei nach R problemlos importiert werden. Hier können sie schließlich editiert, transformiert, graphisch dargestellt und analysiert werden, wobei die Analyse anhand von Referenzpunkten der Kurven eine Quantifizierung der Daten erlaubt. Dies wird über die Anpassung dreier verschiedener Modelle, an die ursprüngliche Kurve, ermöglicht (Modelle: „smoothing spline“, „logarithmisches Modell“, „segmented regression“), wobei das jeweils passende Modell ausgewählt werden kann. Daraufhin ist schließlich eine Extraktion von Referenzpunkten möglich (beispielsweise das Maximum der ersten Ableitung oder die „area under the curve“). Die Skripte wurden schließlich anhand von Versuchen mit verschiedenen Zellkulturmodellen getestet, wobei ein Teil der Versuche vor Ort durchgeführt wurde und ein Teil Daten teilanonymisiert von einem externen Labor überlassen wurde. Zusätzlich wurde ein Kalibrierungssetup mit Zellverdünnungsreihen sowie eine Beispielbehandlung mit Ethanol (1%, 5%) an IPEC-J2 Zellen durchgeführt.

miREV: Eine Online-Datenbank und ein Softwaretool zum Identifizieren von stabilen Referenz microRNAs und Biomarkern in Next Generation Sequenzierungsdatensätzen aus Proben angereichert mit extrazellulären Vesikeln

miREV: An Online Database and Tool to Uncover Potential Reference RNAs and Biomarkers in Small-RNA Sequencing Data Sets from Extracellular Vesicles Enriched Samples

Hildebrandt A, Kirchner B, Nolte-'t Hoen ENM, Pfaffl MW.
J Mol Biol. 2021 433(15): 167070. doi: 10.1016/j.jmb.2021.167070.

Extrazelluläre Vesikel (EVs) sind Membran umhüllte Vesikel im Nanometer-Bereich, die von Zellen zur interzellulären Kommunikation freigesetzt werden. Durch die Beteiligung von EVs an pathologischen Prozessen, haben miRNAs in EVs besonderes Interesse in der

Diagnostik geweckt als einfach zugängliche Biomoleküle in "Liquid Biopsies". Voraussetzung zur Validierung potentieller microRNA Biomarker sind stabil exprimierte Referenz microRNAs, detektiert in aufwendigen Transkriptom-Analysen. miREV ist eine interaktive Datenbank bestehend aus über 400 microRNA NGS Datensätzen und unterstützt Wissenschaftler darin geeignete Referenz microRNAs kompatibel zu ihrem individuellem, experimentellen Setup zu finden. Durch die Verwendung frei zugänglicher Datensätze können kostenintensive Transkriptom-Analysen vermieden werden und die bereit gestellten Readcount-Listen ermöglichen weiterführende Analysen. Die miREV Datenbank und Software ist frei verfügbar unter https://www.physio.wzw.tum.de/mirev/

Die digitale-PCR kann die Interpretation von RT-qPCR Cq-Werten für die SARS-CoV-2-Diagnostik vervollständigen.

Digital PCR can augment the interpretation of RT-qPCR Cq values for SARS-CoV-2 diagnostics.

Alexandra S. Whale[1], Eva K von der Heide[2], Max Kohlenberg[2], Anja Brinckmann[2], Silke Baedker[3], Oezlem Karalay[3], Ana Fernandez-Gonzalez[1], Eloise J. Busby[1], Stephen A. Bustin[4], Heiko Hauser[2], Andreas Missel[3], Denise M. O'Sullivan[1], Jim F. Huggett[1,4], Michael W. Pfaffl[5], Tania Nolan[2,4] (2021)
1. National Measurement Laboratory, LGC, Queens Road, Teddington, Middlesex TW11 0LY, UK; 2.LGC Genomics GmbH, Research and Development, TGS Haus 8, Ostendstraße 25, 12459 Berlin, Germany; 3.QIAGEN GmbH, Research and Development, QIAGEN Strasse 1, 40724 Hilden, Germany; 4. Molecular Diagnostics Unit, Medical Technology Research Centre, Anglia Ruskin University, UK; 5. Division of Animal Physiology and Immunology, School of Life Sciences Weihenstephan, Technical University of Munich, Germany
Methods Special Issue *"Digital PCR: Applications in Infectious Diseases"* edited by Samuel Long (2021) S1046

Die Coronavirus-Erkrankung (Covid-19) ist eine ansteckende, akute Atemwegserkrankung, die hauptsächlich durch die Übertragung des Coronavirus SARS-CoV-2 von Mensch zu Mensch verursacht wird. Das Auftreten hat eine weltweite und akute Gesundheits- und Diagnostikkrise verursacht. Eine besondere Herausforderung ist es, erkrankte Personen sicher zu identifizieren, die die Krankheit mit hoher Wahrscheinlichkeit übertragen können. Diese sichere Diagnose der infektiösen Viruslast wird durch viele unbekannte Faktoren, die im Zusammenhang mit dieser Krankheit auftreten, erschwert. Diese Ungewissheit wird durch die nicht begründete Uneinigkeit über die klinische Relevanz molekularer Tests mit quantitativer Reverse-Transkriptions-PCR (RT-qPCR) auf das Vorhandensein viraler RNA verschärft. Die Quantifizierung basiert meist auf der Angabe von Quantifizierungszyklen (Cq) in der RT-qPCR. Es ist im Allgemeinen bekannt, dass Cq Werte sog. „relative Werte" sind und keine „absoluten quantitativen Messwerte". Teils gab es in der Wissenschaft Bemühungen, die Cq Werte so zu verwenden, als ob sie „absolute Einheiten" wären, wobei zu bemerken ist, dass Cq Werte unter einem willkürlich festgelegten Wert als ein positives Ergebnis angesehen werden können. Unsere Ergebnisse untersuchten die Auswirkungen einer Reihe von beeinflussenden Variablen auf die RT-qPCR und somit auf die Cq-Werte. Diese Daten umfassen eine detaillierte Analyse der Wirkung verschiedener Trägermoleküle während der RNA-Extraktion. Der Einfluss der Probenmatrix von Wangenabstrichen und Speichel auf die Effizienz der RNA-Extraktion wurde in RT-qPCR gezeigt und der Einfluss potenziell hemmender Verbindungen im Urin zusammen mit Gallensalzen wurden mittels RT-digitaler PCR (RT-dPCR) untersucht. Die letztgenannten Studien wurden so durchgeführt, dass die Auswirkungen auf den RT-Schritt vom PCR-Schritt getrennt werden konnten. Auf diese Weise wurde gezeigt, dass die RT gegenüber Inhibitoren anfälliger ist als die PCR selbst. Zusammen zeigen diese Studien, dass die daraus resultierende Variabilität der Testergebnisse subjektive Cq

Grenzwerte für die Identifizierung infektiöser Personen ungeeignet macht. Wir diskutieren auch die Bedeutung der Verwendung zuverlässiger Kontroll- und Referenzmaterialien für eine genaue Quantifizierung und heben die wesentliche Rolle hervor, die digitale-PCR als Methode für ihre Entwicklung und Validierung für die RT-qPCR spielt.

IV. Biomarker

Multi-Omics Liquid Biopsy in der personalisierten Onkologie -- Next Generation Tumor-Diagnostik.

Robert P. Loewe[1], Benedikt Kirchner[1,2], Christian Grätz[1,2], Maria L.U. Bui[1,2], Michael W. Pfaffl[2] (2021)
1 Genesurge GmbH, Ottostr. 3, 80333 München; 2 Lehrstuhl für Tierphysiologie & Immunologie, TUM School of Life Sciences, Weihenstephaner Berg 3, 85354 Freising
Trillium Diagnostik 2021; 19(3): 230-232

Krebs ist nicht eine Erkrankung, sondern eher ein Konglomerat von unzähligen, teilweise stark unterschiedlichen Varianten von Gewebeentartungen. Zumeist werden Tumorerkrankungen nach dem Ursprungsort eingeteilt, wie zum Beispiel in Brust-, Darm-, Lungen- oder Prostatatumor. Diese Kategorisierung ist jedoch eine starke Vereinfachung und führte in den letzten Jahrzehnten immer stärker dazu, zusätzlich molekulare Parameter zur Subklassifizierung der Krebsarten heranzuziehen. Dies ist besonders sinnvoll, da Teile dieser molekularen Biomarker in direktem Zusammenhang zu spezifischen organ- oder tumorabhängigen Therapien stehen. Regelhaft wird dafür ein Teil des Tumors operativ entnommen (als komplette Resektion oder als Gewebebiopsie) und auf seine molekularen und morphologischen Charakteristika hin analysiert. Dieses Verfahren ist gängiger Usus und stellt die standardmäßige Untersuchung von Tumorbiopsien dar. Jedoch gibt es viele Fragestellungen, bei denen ein solches Vorgehen nicht adäquat den medizinischen oder diagnostischen Ansprüchen entspricht. Ist unter Umständen ein Tumor inoperabel oder bereits komplett entfernt kann keine Gewebebiopsie entnommen werden. Im Weiteren kann die Entnahme einer Tumorbiopsie aus medizinischer Sicht eine zu hohe Gefährdung für den Patienten darstellen.

Aus diesem Grund ist die sogenannte Liquid Biopsy ein Verfahren, das immer mehr Einsatz in der Diagnostik findet, sei es in der Früherkennung, Patientenstratifizierung, Resistenzerfassung, Monitoring oder Patient Surveillance. Liquid Biopsy bezieht sich dabei primär auf die minimal invasive Analyse von Blut und dessen Bestandteilen. Hierfür werden tumor-assoziierte molekulare Biomarker untersucht, die wie eine Art „Echo“ in Teilen die biologischen Eigenschaften des Tumors wiedergeben. Klassisch wurden in der Vergangenheit Tumormarker auf Protein-Basis herangezogen wie zum Beispiel PSA (Prostata-spezifische Antigen) und CEA (Carcino-embryonales Antigen). Um jedoch zu einer differenzierteren und spezifischeren Aussage zu kommen, bedarf es zusätzlicher Analyten, die direkt mit dem Tumor zusammenhängen und nicht durch andere krankheitsbedingte Faktoren beeinflusst werden. Zellen und Zellbestandteile des Tumors werden im Zuge des Tumorwachstums ins Blut abgegeben. Diese führen nicht notwendiger Weise zu Metastasen, sind jedoch in Teilen ein Spiegelbild des im Patienten vorliegenden Krebses. Sogenannte zirkulierende Tumorzellen (CTC) unterscheiden sich durch ihre Oberflächenmarker signifikant von normalen Zellen und gesunden Blutzellen. Die CTC Bestandteile divergieren ebenfalls stark von nicht-entarteten Zellen. Neben der Proteinanalyse ist die Untersuchung der enthaltenen und CTC assoziierten DNA bzw. RNA hochinteressant. Auf der DNA-Ebene können eventuelle Mutationen direkt analysiert werden aber auch

epigenetische Veränderungen, die im Tumor auf zum Beispiel Methylierungsebene vorliegen. DNA wird im Weiteren während des Zellsterbens (Nekrose und Apoptose) ins Blut abgegeben und kommt dort als sogenannte zellfreie DNA (cfDNA) in Fragmenten vor. Freie zirkulierende RNA existiert im Blut nur bedingt, da RNasen diese schnell und effektiv abbauen. Hiervon sind nur sehr kleine RNA Stücke, die sogenannte miRNA, nicht bzw. kaum betroffen. Verschiedene RNA Klassen kommen jedoch geschützt in oder gebunden an extrazellulären Vesikeln (EV) vor, oder alternativ auch assoziiert an zirkulierenden RNA bindende Proteine. Bei den EVs handelt sich einerseits um Zellabschnürungen von Zellen, die vom Tumor vermehrt produziert werden, oder durch Sekretion von Exosomen aus intra-luminal gebildeten in multivesikulären Endosomen (MVE). Die für die Diagnostik interessanten EVs sind ca. 70-250 nm groß und enthalten primär miRNA, aber auch längere mRNAs und long-non coding RNAs. Somit stellen Nukleinsäureuntersuchungen mittels RT-qPCR oder Next Generation Sequencing (NGS) im Blut aus Liquid Biopsien einen erheblichen Erkenntnisgewinn über den Tumor selbst und die Erkrankungen dar und liefern wichtige, ergänzende Informationen für Diagnose, Monitoring und Therapie.

Direkter Nachweis von Atherosklerose durch im Blut zirkulierende microRNAs welche an extrazellulären Vesikel gebunden sind

Detection of atherosclerosis by small RNA-Sequencing analysis of extracellular vesicle enriched serum samples

Alex Hildebrandt[1], Benedikt Kirchner[1], Agnes S. Meidert[2], Florian Brandes[2], Anja Lindemann[3], Gero Doose[5], Alexander Doege[2], Rolf Weidenhagen[4], Marlene Reithmair[3], Gustav Schelling[2], Michael W. Pfaffl[1] (2021)
1Division of Animal Physiology and Immunology, School of Life Sciences Weihenstephan, Technical University of Munich, Freising, Germany, 2Department of Anesthesiology, University Hospital, Ludwig-Maximilians-University Munich, Munich, Germany, 3Institute of Human Genetics, University Hospital, Ludwig-Maximilians-University Munich, Munich, Germany, 4Department of Vascular Surgey, Klinikum Neuperlach, Muenchen-Kliniken, Munich, Germany, 5ecSeq Bioinformatics GmbH, Leipzig, Germany,
Frontiers in Cell and Developmental Biology, 2021 (9): 729061
Special Issue “Extracellular Vesicles -- From Characterization to Treatment”

Arteriosklerose kann im gesamten arteriellen Gefäßsystem auftreten und zu verschiedensten Erkrankungsbildern führen. Eine frühzeitige Diagnose der atherosklerotischen Prozesse dieser individuellen Krankheitsbilder wäre erfolgreicher, wenn dazu zielgerichtete Therapien zur Verfügung stünden. Dazu ist es wichtig, verlässliche Biomarker zu finden, die leicht zugänglich sind, minimal invasiv entnommen werden können und für Patienten wenig Unannehmlichkeiten bereiten. Es gibt viele Zellkultur-, Tiermodell- oder Gewebestudien, die Biomarker auf microRNA- und mRNA-Ebene gefunden haben, die atherosklerotische Prozesse beschreiben. Über ihr Potenzial als zirkulierende Biomarker in Flüssigbiopsien bei Patienten ist jedoch wenig bekannt. In dieser Studie untersuchten wir aus Serum gewonnene microRNA Profile von 129 Patienten und 28 gesunden Freiwilligen, um potenzielle Biomarker zu identifizieren. Die Patienten hatten vier verschiedene atherosklerotische Manifestationen: (1) abdominales Aneurysma (n = 35), (2) koronare Herzkrankheit (n = 34), (3) Halsschlagaderstenose (n = 24) und (4) periphere, arterielle Verschlusskrankheit (n = 36). Die extrazellulären Vesikel wurden mit einem speziell entwickelten Protokoll aus dem Blut isoliert, eine Gesamt-RNA Extraktion durchgeführt sowie eine RNA-Sequenzierung für kurze RNAs. Eine differenzielle Expressionsanalyse wurde bioinformatisch durchgeführt, um potenziell regulierte microRNA Biomarker zu identifizieren. Die resultierenden microRNA Kandidaten dienten als Ausgangspunkt für eine Überrepräsentationsanalyse, in der relevante Ziel-mRNAs identifiziert wurden. Die Gene

Ontologie Datenbank deckte relevante biologische Funktionen in Bezug auf atherosklerotische Prozesse auf. Bei Patienten veränderte sich die Expression spezifischer microRNAs signifikant im Vergleich zu den gesunden Probanden und es konnten 27 differentiell exprimierte microRNAs identifiziert werden. Aus diesen Kandidaten konnten spezifische Biomarker Signaturen abgeleitet werden: (1) miR-122-5p, miR-2110 und miR-483-5p für Bauchaortenaneurysma; (2) miR-370-3p und miR-409-3p für koronare Herzkrankheit; (3) miR- 335-3p, miR-381-3p, miR493-5p und miR654-3p für Halsschlagaderstenose; (4) miR-199a-5p, miR-215-5p, miR-3168, miR-582-3p und miR-769-5p für periphere, arterielle Verschlusskrankheit. Die Ergebnisse der Studie zeigen, dass einige der identifizierten microRNAs bereits in früheren molekularen Studien mit Arteriosklerose in Verbindung gebracht wurden. Eine Überrepräsentationsanalyse dieser Daten detektierte biologische Prozesse, die eindeutig für Atherosklerose relevant sind. Diese Studie zeigt eindeutig das enorme Potenzial der microRNAs als Biomarkersignatur. In einem nächsten Schritt soll die Relevanz dieser Erkenntnisse auf der mRNA Ebene untersucht und belegt werden.

Die microRNAs miR-122-5p und miR-191-5p sind in zirkulierenden extrazellulären Vesikeln im Plasma von Patienten mit Asthma erhöht und können als zuverlässiger Biomarker fungieren

miR-122-5p and miR-191-5p are increased in circulating small extracellular vesicles in plasma of patients with asthma

Thomas Bahmer[1,2*], Susanne Krauss-Etschmann[2,3*], Dominik Buschmann[4], Henrik Watz[1], Anne-Marie Kirsten[5], Frauke Pedersen[1,5], Benjamin Waschki[1], Oliver Fuchs[6], Michael W. Pfaffl[4], Erika von Mutius[7], Klaus F. Rabe[1], Gesine Hansen[8], Matthias V. Kopp[9], Inke R. König[10], Sabine Bartel[3,11], and the ALLICANCE study group as part of the German Center for Lung Research (DZL) (2021)

[1] LungenClinic Grosshansdorf, Pneumology; [2]Chistians-zu-Albrecht Universität zu Kiel, Kiel, Germany; [3]Research Center Borstel, Leibniz Lung Center, Member of the German Center for Lung Research (DZL), Airway Research Center North (ARCN), Borstel, Germany; [3] LungenClinic Grosshansdorf, Pneumology; [4] Division of Animal Physiology and Immunology, School of Life Sciences Weihenstephan, TUM, Germany; [5] Pulmonary Research Institute at LungenClinic Grosshansdorf; [6] Inselspital Bern, University Children's Hospital, Bern, Switzerland; [7] Dr. von Hauner Children's Hospital, Helmholtz Center Munich, Munich, Germany; [8] Hannover Medical School, Department of Pediatric Pulmonology, Allergology and Neonatology; [9]Children's Hospital at the University of Luebeck, Department of Pediatric Pulmonology and Allergology; [10] Institute of Medical Biometry and Statistics, University of Luebeck; [11] University of Groningen, University Medical Center Groningen, Department of Pathology and Medical Biology, GRIAC Research Institute, Groningen, The Netherlands.
Allergy (2021) 76 (1): 366-371

Asthma ist eine sehr heterogene Erkrankung, die mehrere unterschiedliche Sub-Phänotypen umfasst und die mit unterschiedlichen Ursachen und auslösenden Faktoren einhergeht. Heute fehlen uns immer noch zuverlässige Biomarker, um Patientenuntergruppen schnell zu identifizieren und exakt zu differenzieren. Die funktionelle Relevanz von zirkulierenden microRNAs in der Krankheitsentstehung bei Asthma wird diskutiert. Weiterhin können die microRNAs in der Zukunft auch als Biomarker zur Früherkennung fungieren. Aufgrund der hohen Stabilität von microRNAs in Körperflüssigkeiten (Liquid Biopsies), meist an extrazelluläre Vesikel gebunden, sind sie relativ leicht im Blut mittels Next Generation Sequencing zu identifizieren und mittels RT-qPCR quantitativ zu bestimmen. In dieser Pilotstudie haben wir die EV assoziierten miRNA Signatur im Plasma von Patienten mit leichtem bis mittelschwerem (AM) oder schwerem eosinophiles Asthma (AS) und gesunden Kontrollpersonen (HC) verglichen und interessante Biomarker Signaturen für Asthma Patienten identifizieren können.

V. Immunologie

Siglec-H-Deficient Mice Show Enhanced Type I IFN Responses, but Do Not Develop

Szumilas N, Corneth OBJ, Lehmann CHK, Schmitt H, Cunz S, Cullen JG, Chu T, Marosan A, Mócsai A, Benes V, Zehn D, Dudziak D, Hendriks RW, Nitschke L.
Autoimmunity After Influenza or LCMV Infections. Front Immunol. 2021 12: 698420

The role of exhaustion in CAR T cell therapy

Delgoffe GM, Xu C, Mackall CL, Green MR, Gottschalk S, Speiser DE, Zehn D, Beavis PA.
Cancer Cell. 2021 39(7): 885-888

Cervicovaginal Tissue Residence Confers a Distinct Differentiation Program upon Memory CD8 T Cells

Davé VA, Cardozo-Ojeda EF, Mair F, Erickson J, Woodward-Davis AS, Koehne A, Soerens A, Czartoski J, Teague C, Potchen N, Oberle S, Zehn D, Schiffer JT, Lund JM, Prlic M.
J Immunol. 2021 206(12): 2937-2948.

Inflammatory signals are sufficient to elicit TOX expression in mouse and human CD8+ T cells

Maurice NJ, Berner J, Taber AK, Zehn D, Prlic M.
JCI Insight. 2021 6(13): e150744

Auto-aggressive CXCR6+ CD8 T cells cause liver immune pathology in NASH

Dudek M, Pfister D, Donakonda S, Filpe P, Schneider A, Laschinger M, Hartmann D, Hüser N, Meiser P, Bayerl F, Inverso D, Wigger J, Sebode M, Öllinger R, Rad R, Hegenbarth S, Anton M, Guillot A, Bowman A, Heide D, Müller F, Ramadori P, Leone V, Garcia-Caceres C, Gruber T, Seifert G, Kabat AM, Mallm JP, Reider S, Effenberger M, Roth S, Billeter AT, Müller-Stich B, Pearce EJ, Koch-Nolte F, Käser R, Tilg H, Thimme R, Boettler T, Tacke F, Dufour JF, Haller D, Murray PJ, Heeren R, Zehn D, Böttcher JP, Heikenwälder M, Knolle PA.
Nature. 2021 592(7854): 444-449.

Loss of the orphan nuclear receptor NR2F6 enhances CD8+ T-cell memory via IFN-γ

Jakic B, Olson WJ, Siegmund K, Klepsch V, Kimpel J, Labi V, Zehn D, Baier G, Hermann-Kleiter N.
Cell Death Dis. 2021 12(2): 187.

Tailoring the resolution of single-cell RNA sequencing for primary cytotoxic T cells

Kanev K, Roelli P, Wu M, Wurmser C, Delorenzi M, Pfaffl MW, Zehn D.
Nat Commun. 2021 12(1): 569

Origin and fine-tuning of effector CD8 T cell subpopulations in chronic infection

Kanev K, Zehn D.
Curr Opin Virol. 2021 46: 27-35.

VI. Sonstige Publikationen

Impact of elevated air temperature and drought on pollen characteristics of major agricultural grass species

H. Stephan Jung[1], Nicole Estrella[1], Michael W. Pfaffl[2], Stephan Hartmann[3], Annette Menzel[1,4] (2021)
[1]Department of Ecology and Ecosystem Management, Technical University of Munich, 85354 Freising, Germany; [2]Department of Animal Physiology & Immunology, Technical University of Munich, 85354 Freising, Germany; [3]Institute for Plant Production and Plant Breeding, Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft, 85354 Freising, Germany; [4]Institute of Advanced Study, Technical University of Munich, 85748 Garching. Germany
Plos One (2021) 16(3): e0248759

Impact of DNA repair and reactive oxygen species levels on radio-resistance in pancreatic cancer

Lily Nguyen[1,2], Sophie Dobiasch[1,2,3], Günter Schneider[4,5], Roland M. Schmid[4], Omid Azimzadeh[6], Kristiyan Kanev[7], Dominik Buschmann[7], Michael W. Pfaffl[7], Stefan Bartzsch[1,2], Thomas E. Schmid[1,2], Daniela Schilling[1,2], Stephanie E. Combs[1,2,3] (2021)
1 Institute of Radiation Medicine (IRM), Department of Radiation Sciences (DRS), Helmholtz Zentrum München, Neuherberg, Germany; 2 Department of Radiation Oncology, Klinikum rechts der Isar, TUM, Munich, Germany; 3 Deutsches Konsortium für Translationale Krebsforschung (DKTK), Partner Site Munich, Munich, Germany; 4 Department of Medicine II, School of Medicine, Klinikum rechts der Isar, TUM, Munich, Germany; 5 Deutsches Krebsforschungszentrum (DKFZ) and German Cancer Consortium (DKTK), Heidelberg, Germany; 6 Institute of Radiation Biology (ISB), Department of Radiation Sciences (DRS), Helmholtz Zentrum München, Neuherberg, Germany; 7 Division of Animal Physiology and Immunology, TUM School of Life Sciences Weihenstephan, Freising, Germany;
Radiotherapy and Oncology (2021) 159: 265–276

Progranulin Signaling in Sepsis, Community Acquired Bacterial Pneumonia and COVID-19 - a Comparative, Observational Study

Florian Brandes, Melanie Borrmann, Dominik Buschmann, Agnes S. Meidert, Marlene Reithmair, Markus Langkamp, Lutz Pridzun, Benedikt Kirchner, Jean-Noël Billaud, Nirav M. Amin, Joseph C Pearson, Matthias Klein, Daniela Hauer, Clarissa Gevargez Zoubalan, Anja Lindemann, Alexander Choukér, Thomas W. Felbinger, Ortrud K. Steinlein, Michael W. Pfaffl, Ines Kaufmann, Gustav Schelling (2021)
[1]Department of Anaesthesiology, University Hospital, Ludwig-Maximilians-University of Munich, Germany; [2]Division of Animal Physiology and Immunology, TUM School of Life Sciences Weihenstephan, Technical University of Munich, Germany; [3]Institute of Human Genetics, University Hospital, Ludwig-Maximilians-University, Munich, Germany; [4]MEDIAGNOST Company, Aspenhausstr. 25, 72127 Kusterdingen, Germany; [5]Dr. von Hauner Children´s Hospital, University Hospital, Ludwig-Maximilians-University of Munich, Germany; [6]QIAGEN Bioinformatics, Redwood City, USA; [7]Department of Neurology, University Hospital, Ludwig-Maximilians-University of Munich, Germany; [8]Department of Anaesthesiology, Neuperlach Hospital, City Hospitals of Munich, Germany
Intensive Care Medicine Experimental 2021 9(1): 43

Ewing sarcoma-derived extracellular vesicles impair dendritic cell maturation and function

Hendrik Gassmann[1], Kira Schneider[1], Valentina Evdokimova[2,3], Peter Ruzanov[2], Sebastian J. Schober[1], Busheng Xue[1], Kristina von Heyking[1], Melanie Thiede[1], Guenther H.S. Richter[4], Michael W. Pfaffl[5], Elfriede Noessner[6], Lincoln D. Stein[2], Poul H. Sorensen[3,7], Stefan E. G. Burdach[1,3,7,8,9], Uwe Thiel[1] (2021)
1 Department of Pediatrics, Children's Cancer Research Center, Kinderklinik München Schwabing, School of Medicine, TUM, 80804 Munich, Germany; 2 Ontario Institute for Cancer Research, Toronto, ON M5G 0A3, Canada; 3 Department of Molecular Oncology, British Columbia Cancer Research Centre, Vancouver, BC V5Z 1L3, 4 Division of Oncology and Hematology, Department of Pediatrics, Charité—Universitätsmedizin Berlin, 13353 Berlin, Germany; 5 Division of Animal Physiology and Immunology, School of Life Sciences Weihenstephan, TUM, 85354 Freising, Germany; 6 Immunoanalytics Research Group - Tissue Control of Immunocytes, Helmholtz Center, Munich, 81377 München, Germany; 7 Department of Pathology and Laboratory Medicine, University of British Columbia, Vancouver, BC V5Z 1L3, Canada; 8 Translational Pediatric Cancer Research, Institute of Pathology, TUM, 80804 Munich, Germany; 9 German Cancer Consortium (DKTK), German Cancer

Research Center (DKFZ), partner site Munich, 80336 Munich, Germany
Cells Special Issue "Cancer Immunology: From Molecular Mechanisms to Therapeutic Opportunities"
Cells 10 (8): 2081

Molecular RNA Correlates of the SOFA Score in Patients with Sepsis

Agnes Meidert[1], Dominik Buschmann[1/2], Florian Brandes[1], Kristiyan Kanev[2], Jean-Noël Billaud[3], Melanie Borrmann[1], Matthias Witte[1], Benedikt Kirchner[2], Marlene Reithmair[4], Michael W. Pfaffl[2], Gustav Schelling[1] (2021)
1 Department of Anesthesiology, University Hospital, Ludwig-Maximilians-University Munich, Munich, Germany; 2 Division of Animal Physiology and Immunology, Technical University of Munich, Freising, Germany; 3 QIAGEN Bioinformatics, Redwood City, USA; 4 Institute of Human Genetics, University Hospital, Ludwig-Maximilians-University Munich, Munich Germany
Diagnostics 2021 (11): 1649

Extracellular vesicle associated miRNAs regulate signalling pathways involved in COVID-19 pneumonia and the progression to severe acute respiratory corona virus-2 syndrome

Gustav Schelling[1]; Agnes S. Meidert[1]; Stefanie Hermann[2]; Florian Brandes[1]; Benedikt Kirchner[2]; Dominik Buschmann[1/2]; Jean-Noël Billaud[3]; Matthias Klein[4]; Anja Lindemann[5]; Elisa Aue[1]; Michael W. Pfaffl[2], Marlene Reithmair[5] (2021)
1Department of Anesthesiology, University Hospital, Ludwig-Maximilians-University Munich, Munich, Germany ; 2Division of Animal Physiology and Immunology, School of Life Sciences Weihenstephan, Technical University of Munich, Freising, Germany; 3QIAGEN Digital Insights, Redwood City, USA; 4Department of Neurology, University Hospital, Ludwig-Maximilians-University of Munich, Munich, Germany; 5Institute of Human Genetics, University Hospital, Ludwig-Maximilians-University Munich, Munich, Germany;
Frontiers in Immunology – Section Inflammation 2021 (12): 784028

Meeting report of the 4th Autumn Meeting of the German Society of Extracellular Vesicles (GSEV): Cutting edge EV research driven by young scientists

Eva-Maria Krämer-Albers[1], Elke Pogge von Strandmann[2], Gregor Fuhrmann[3], Irina Nazarenko[4], Bernd Giebel[5], Michael W. Pfaffl[6#] (2021)
1) Institute for Developmental Biology and Neurobiology (IDN), Cellular Neurobiology, Mainz, Germany; 2) Philipps-Universität Marburg (PUM), Institute for Tumor Immunology, Marburg, Germany; 3) Friedrich-Alexander-University Erlangen-Nürnberg (FAU), Pharmaceutical Biology, Department of Biology, Erlangen, Germany; 4) Institute for Infection Prevention and Hospital Epidemiology, Medical Center University of Freiburg, Freiburg, Germany; 5) Institute for Transfusion Medicine, University Hospital Essen, University of Duisburg-Essen, Essen, Germany; 6) Animal Physiology and Immunology, TUM School of Life Sciences, Freising, Germany
EVCNA *2021 (2)*: *238-251*

Auszeichnungen und Ehrungen

Prof. Dr. habil. agrar. Bajram Berisha (TUM Visiting Professor) wurde von der Nationalen Akademie der Wissenschaften Albaniens („Academy of Science of Albania“) zum „Externen Mitglied der Akademie“ ernannt.

Prof. Bajram Berisha (links im Bild), erhält seine Urkunde „Externes Mitglied der Akademie“ von Prof. Skender Gjinushi, Präsident der Albanischen Akademie der Wissenschaften (Tirana, 27. Mai 2021).

Prof. Dr. Bajram Berisha wurde zum „Regional Expert“ aus dem Kosovo in der "European Federation of Biotechnology - Environmental Biotechnology" gewählt.

EBTNA Representative in Kosovo https://www.ebtna.eu/menu/nationalboards-203

Prof. Dr. Dr. habil. Bajram Berisha, (born in Suharekë, Republic of Kosova) is an Albanian re-searcher and international university professor of Technical University of Munich (Germany), University of Prishtina (Kosovo) and Agriculture University of Tirana (Albania). Prof. Bajram Ber-isha graduated from the University of Prishtina (UP), Kosovo (BSc., 1986), University of Ljublja-na, Slovenia (MSc., 1992) and Technical University of Munich (TUM), Germany (PhD, 2001 and Habilitation, 2007). He is a senior scientist with a long research experience in the area of animal physiology, genetics and biotechnology and author of numerous original research articles and other publications published in

the best journals with high impact factors (his current h-index >30). Professor Bajram Berisha has a special interest in the field of animal biotechnology. His research work is concentrated in the very important steps in the regulation of final follicle growth and especially of angiogenesis during follicle development, periovulation as well as cor-pus luteum formation and function. Currently, he focuses on the action of locally produced angiogenic and lymphangiogenic factors in ovary during dif-ferent physiological stages. From 1996-2008 he worked at the Technical University of Munich and since 2008 he is full Professor at the University of Prishtina in Kosovo in field of animal ge-netics and biotechnology. Currently Prof. Today Bajram Berisha is a 'Visiting Professor' at the Technical University of Munich, at the Chair of Animal Physiology and Immunology, Weihenstephan.

Vorträge

Michael W. Pfaffl:

EV associated Biomarkers in Liquid Biopsy -- Specific microRNA Biomarker Signatures in Pneumonia, ARDS, Sepis and Covid-19.

Digital Conference -- Circulating Biomarkers, Exosomes & Liquid Biopsy USA 2021, 25. – 26. February 2021

EV associated microRNA Biomarker Signatures in Liquid Biopsies: from discovery, validation, to future clinical application.18. March 2021, Web_EV_Talk, Virtual Webinar.

Diagnostic potentials of circulating and extracellular vesicle related microRNAs signatures for the discrimination of Pneumonia, Sepsis and Covid-19.

Virtual Event, Precision Diagnostics Europe 2021, May 26-28, 2021, Prague, Czech Republic.

Exosomen und microRNA – "New Kids on the Block".

5. November 2021, Onkologisches Symposium „Vom Biomarker zur Therapie", MLL Münchner Leukämielabor, München, Germany.

EV associated Biomarkers in Liquid Biopsies -- How to identify valid 'Biomarker Signatures' in circulating extracellular vesicles.

9th November 2021, Virtual Webinar Series, 3rd International Symposium on Microgenomics 2021.

Exosome-associated miRNA, mRNA and lncRNA diagnostics.

16. November 2021, MEDICA LABMED FORUM @ Medica 2021, Düsseldorf, Germany.

Diagnostic potentials of circulating EV related biomarker signatures for the discrimination of Pneumonia, Sepsis and Covid-19.

Extracellular Vesicles (EVs): Technologies & Biological Investigations, Select Biosciences, 13.-15. December 2021, Coronado Island, California, San Diego, USA.

Bajram Berisha:

Ovulation in cattle: some molecular mechanisms of regulation.

International Scientific Conference "Management of Animal and Plant Genetic Resources", 19.11.2021, Tirana, Albania.

Angiogenesis in the ovary – some molecular mechanisms during periovulation and corpus luteum formation.

1st International Scientific Conference: “Biotechnology & genetics developments and future challenges”, 21-22.05.2021, Tirana, Albania.

Kurzfassungen (Abstracts & Proceedings)

Berisha Bajram

Ovulation in cattle: some molecular mechanisms of regulation

Animal Biotechnology, Faculty of Agriculture and Veterinary, University of Prishtina, Kosovo & Animal Physiology and Immunology Weihenstephan, TU Munich, Germany.

International Conference on "Management of Animal and Plant Genetic Resources" MAPGR2021. 19.11.2021, Tirana, Albania.

Berisha Bajram

Nanoparticles and the ovary function: the negative effects on the follicular development and ovulacion

Animal Biotechnology, Faculty of Agriculture and Veterinary, University of Prishtina, Kosovo & Animal Physiology and Immunology Weihenstephan, TU Munich, Germany.

Trends in Nanotechnology International Conference (TNT2021), 4-8.10. 2021, Tirana, Albania.

Berisha Bajram

Molecular mechanisms of ovulation: the role of local prostaglandins

Animal Biotechnology, Faculty of Agriculture and Veterinary, University of Prishtina, Kosovo & Animal Physiology and Immunology Weihenstephan, TU Munich, Germany.

European Biotechnology Congress 2021. September 23-25, 2021. Sofia, Bulgaria. The EuroBiotech Journal 48, Volume 5, Special issue 2, October 2021, 47.

Berisha Bajram

Angiogenesis in the ovary – some molecular mechanisms during peri-ovulation and corpus luteum formation

Animal Biotechnology, Faculty of Agriculture and Veterinary, University of Prishtina, Kosovo & Animal Physiology and Immunology Weihenstephan, TU Munich, Germany.

1st International Scientific Conference: “Biotechnology & genetics developments and future challenges”, 22-21.05.2021. Book of Abstracts p.59. Tirana, Albania.

Agnes S. Meidert, Stefanie Hermann, Florian Brandes, Benedikt Kirchner, Dominik Buschmann, Anja Lindemann, Marlene Reithmair, Gustav Schelling, Michael W. Pfaffl (2021)

The progression of a Covid-19 pneumonia to Sars-CoV-2 acute respiratory distress syndrome (ARDS) is regulated by serum cell-free miRNAs in precipitated extracellular vesicles

Journal of Extracellular Vesicles, Vol 10, S1: p 30, Virtual Meeting ISEV 2021 Lyon, France, Abstract Book

Alex Hildebrandt, Benedikt Kirchner, Agnes S. Meidert, Florian Brandes, Dominik Buschmann, Anja Lindemann, Alexander Doege, Rolf Weidenhagen, Marlene Reithmair, Gustav Schelling, Michael W. Pfaffl (2021)

Detection of systemic arteriosclerosis by miRNA transcriptional analysis of EV enriched serum samples

Journal of Extracellular Vesicles, Vol 10, S1: p 290-291, Virtual Meeting ISEV 2021 Lyon, France, Abstract Book

Christian Grätz, A. Ronja D. Binder, Anja Lindemann, Genia Lücking, Michael W. Pfaffl, Gustav Schelling, Marlene Reithmair (2021)

Characterisation of membrane vesicles in bacterial sepsis pathogens

Journal of Extracellular Vesicles, Vol 10, S1: p 140, Virtual Meeting ISEV 2021 Lyon, France, Abstract Book

Simon Staubach, Tobias Tertel, Verena Börger, Christian Grätz, Michael W. Pfaffl, Oliver Drews, Gerhard Weber, Bernd Giebel (2021)

Free flow electrophoresis allows quick preparation of extracellular vesicles from cell culture supernatants and human plasma

Journal of Extracellular Vesicles, Vol 10, S1: p 285, Virtual Meeting ISEV 2021 Lyon, France, Abstract Book

Simon Staubach, Tobias Tertel, Verena Börger, Christian Grätz, Michael W. Pfaffl, Oliver Drews, Gerhard Weber, Bernd Giebel (2021)

Free flow electrophoresis allows quick preparation of extracellular vesicles from cell culture supernatants and human plasma

25. May 2021, ISCT 2021 New Orleans Virtual Annual Meeting, USA.

Hendrik Gassmann, Kira Schneider, Valentina Evdokimova, Peter Ruzanov, Sebastian J. Schober, Busheng Xue, Kristina von Heyking, Melanie Thiede, Guenther H.S. Richter, Michael W. Pfaffl, Elfriede Noessner, Lincoln D. Stein, Poul H. Sorensen, Stefan E. G. Burdach, Uwe Thiel (2021)

Ewing Sarkom-Extrazelluläre Vesikel hemmen die Reifung und Funktion dendritischer Zellen

95. Meeting of the GPOH, German Society for Pediatric Oncology and Hematology

Florian Brandes1, Benedikt Kirchner2, Jean-Noël Billaud3, Anja Lindemann[4], Marlene Reithmair[4], Michael W. Pfaffl[2], Gustav Schelling[1], Agnes S. Meidert[1] (2021)

Differences in molecular signaling networks underly the clinical distinction between COVID-19 ARDS and the sepsis-induced ARDS phenotypes

1Department of Anesthesiology, University Hosptal, Ludwig-Maximilians-University Munich, Munich, Germany; 2Division of Animal Physiology and Immunology, School of Life Sciences Weihenstephan, Technical Uni-versity of Munich, Freising, Germany; 3QIAGEN Digital Insights, Redwood City, USA; 4Institute of Human Genetics, University Hospital, Ludwig-Maximilians-University Munich, Munich, Germany

Kongress der deutschen interdisziplinären Vereinigung für Intensiv- und Notfallmedivin (DIVI 2021)

Agnes S. Meidert1, Florian Brandes1, Annekathrin Keiler2, Benedikt Kirchner3, Jean-Noël Billaud4, Anja Lindemann5, Marlene Reithmair5, Detlef Thieme2, Michael W. Pfaffl3, Gustav Schelling1 (2021)

Endocannabinoid Signaling in Patients with COVID-19 Pneumonia and Progression to ARDS

1Department of Anesthesiology, University Hospital, Ludwig-Maximilians-University Munich, Munich, Germany; 2Institute of Doping Analysis and Sports Biochemistry, Kreischa, Germany; 3Division of Animal Physiology and Immunology, School of Life Sciences Weihenstephan, Technical University of Munich, Freising, Germany; 4QIAGEN Digital Insights, Redwood City, USA; 5Institute of Human Genetics, University Hospital, Ludwig-Maximilians-University Munich, Munich, Germany

Kongress der deutschen interdisziplinären Vereinigung für Intensiv- und Notfallmedizin (DIVI 2021)

Hendrik Gassmann, Kira Schneider, Valentina Evdokimova, Peter Ruzanov, Sebastian J. Schober, Busheng Xue, Kristina von Heyking, Melanie Thiede, Guenther H.S. Richter, Michael W. Pfaffl, Elfriede Noessner, Lincoln D. Stein, Poul H. Sorensen, Stefan E. G. Burdach, Uwe Thiel (2021)

Ewing Sarcoma-Derived Extracellular Vesicles Impair Dendritic Cell Maturation and Function.

4th GSEV Autumn Meeting, 3. and 4. October 2021, German Society for Extracellular Vesicles, Freiburg, Germany.

Laura Benecke[1,2], Dapi Menglin Chiang[1,3,4], Michael W. Pfaffl[3], Laurent Muller[1,2] (2021)

Isolation and analysis of functional extracellular vesicles from Head and Neck Squamous Cell Carcinoma plasma by galectin-based glycan recognition particles EXÖBead®

1Department of Biomedicine, University of Basel, Switzerland; 2Department of Otorhinolaryngology, Head and Neck Surgery, University Hospital of Basel, Switzerland; 3Department of Animal Physiology and Immunology, School of Life Sciences, Technical University of Munich, Freising, Germany; 4Biovesicle Inc., Taipeh City,

Taiwan;

4th GSEV Autumn Meeting, 3. and 4. October 2021, German Society for Extracellular Vesicles, Freiburg, Germany.

Agnes S. Meidert[1], Stefanie Hermann[2], Florian Brandes[1], Benedikt Kirchner[2], Matthias Klein[3], Anja Lindemann[4], Marlene Reithmair[4], Michael W. Pfaffl[2], Gustav Schelling[1] (2021)

Cell-free miRNAs regulate signaling pathways involved in COVID-19 pneumonia and the progression to ARDS

[1]Department of Anesthesiology, University Hospital, Ludwig-Maximilians-University Munich; [2]Division of Animal Physiology and Immunology, School of Life Sciences Weihenstephan, Technical University of Munich; 3Department of Neurology, University Hospital, Ludwig-Maximilians-University of Munich; 4Institute of Human Genetics, University Hospital, Ludwig-Maximilians-University Munich;

ASA Tagung 2021

Agnes S. Meidert[1], Florian Brandes[1], Melanie Borrmann[1], Anja Lindemann[2], Marlene Reithmair[2], Benedikt Kirchner[3], Michael W. Pfaffl[3] and Gustav Schelling[1] (2021)

Propofol and sevoflurane have opposite effects on oncogenic signaling networks during colon cancer surgery

[1]Department of Anaesthesiology, University Hospital, Ludwig-Maximilians-University, Munich, Germany; [2]Institute of Human Genetics, University Hospital, Ludwig-Maximilians-University Munich, Germany; [3]Division of Animal Physiology and Immunology, TUM School of Life Sciences Weihenstephan, Technical University of Munich, Germany;

ASA Tagung 2021

M. Reithmair[1], A. Lindemann[1], F. Brandes[2], A. Meidert[2], B. Kirchner[3], O. Steinlein[1], MW. Pfaffl[3], G. Schelling[2] (2021)

lncRNA and mRNA expression changes induced by anesthetics during colorectal cancer resection influence cancer relevant cellular biofunctions

1 Institut für Humangenetik, LMU Klinikum München; 2 Klinik für Anaesthesiologie, LMU Klinikum München; 3 Lehrstuhl für Tierphysiologie und Immunologie, TUM Weihenstephan

CMMC SYMPOSIUM 2021, From Basic Research to Clinical Application, Köln, Germany.

Habilitationen, Master- und Bachelorarbeiten

Masterarbeiten

Buschinger, Vincenz: „Identifizierung und Charakterisierung von bispezifischen Antikörpern mit immunzellaktivierenden Eigenschaften“.

Lerch, Carolin: „The Cellular Uptake of Nanoplastics in IPEC-J2 Cells”.

Martin, Ina: „Charakterisierung der Tox-DNA-Bindungseigenschaften und funktionellen Konsequen-zen in CD4-T-Zellen.”

Bachelorarbeiten

Aschenbrenner, Sabrina: „Hochauflösendes Immun-Monitoring in Blut und Milch von Milchkühen, vor und nach einer Impfung mit Bovilis Rotavec Corona“.

Bongers, Lukas: „Analyse der Zusammenhänge zwischen infektionsbedingtem Gewichtsver-lust und T-Zell-Regulation“.

Engelhard, Antonia: „Etablierung von RT-qPCR Multiplex-Assays zur Analyse von Blut-proben in Brustkrebs-Patienten“.

Scherg, Sonja: „Retrovirale Manipulation der Effektorkapazität von T-Zellen bei chronischen Infek-tionen”.

Schröter, Christina: „Expressionsanalyse von Atherosklerose-assoziierten mRNAs durch re-verse transcription quantitative polymerase chain reaction“.

Lehrstuhl für Lebensmittel- und Bio-Prozesstechnik

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
Mitarbeiter:	Post-docs	
	Sabine Ambros, Dr. rer. nat.	-3536
	Technische Mitarbeiter und Doktoranden	
	Annette Brümmer-Rolf	-3937
	Christine Haas	-3855
	Regina Haindl, M.Sc.	-3534
	Isabel Kalinke, M.Sc.	-5317
	Christian Kürzl, M.Sc.	-3719
	Marius Reiter, M.Sc.	-3856
	Michael Reitmaier, Dipl.-Ing. (FH)	-3481
	Hermine Roßgoderer	-3937
	Günther Unterbuchberger	-3942
	Heidi Wohlschläger	-3941

2021 ausgeschieden:

David Andlinger M.Sc. (zum 30.09.2021)
Christian Ederer (zum 30.09.2021 neu zugeordnet
Franz Fraunhofer (zum 30.09.2021 neu zugeordnet)
Sabine Grabbe, Dipl.-Ing. (FH) (zum 30.09.2021)
Hans-Jürgen Heidebrecht (zum 30.09.2021)
Claudia Hengst (zum 30.03.2021)
Peter Kubbutat, M.Sc. (zum 30.09.2021)
Andreas Matyssek, B.Sc. (zum 30.09.2021)
Priska Pröll, M.Sc. (zum 30.09.2021)
Franziska Kurz, M.Sc. (zum 30.09.2021)
Martin Hilz (zum 30.09.2021)
Eva Scheidler, M.Sc. (zum 28.02.2021)
Simon Schiffer, M.Sc. (zum 30.09.2021)
Erich Schneider (zum 30.09.2021 neu zugeordnet)

Roland Schopf, M.Sc. (zum 30.09.2021)
Friederike Schöpflin (zum 30.09.2021 neu zugeordnet)
Caren Tanger; M.Sc. (zum 30.09.2021)
Malou Warncke, M.Sc. (zum 30.09.2021)
Maria Weinberger, M.Sc. (zum 30.09.2021)
Somayeh Taghian Dinani, PhD (zum 07.06.2021)

Vorwort

Zum 30.9.21 ist meine Dienstzeit nach 22 Jahren auf dem Lehrstuhl für Lebensmittel- und Bioprozesstechnik (vormals Lebensmittelverfahrenstechnik und Molkereitechnologie) zu Ende gegangen. Mit meinem Ausscheiden endeten auch die Verträge der meisten DoktorandInnen und zum Teil von technischen Mitarbeitern. Die Neubesetzung zum 1.10.21 hat sich aus unterschiedlichen Gründen unerwarteter Weise nicht realisieren lassen, sodass mit diesem Datum eine Interimsphase begonnen hat, die mit einigen Kompromissen und einigem Improvisieren verbunden ist (was auch zu Zeitpunkt der Drucklegung dieses Berichts im Mai 2022 noch der Fall war). Die Lehre wird weiterhin von engagierten DoktorandInnen und technischen MitarbeiterInnen sowie per Lehrauftrag an mich sichergestellt. Die Studiengänge bzw. die Studierenden haben daher keine massiven Einschnitte in der Versorgung in der Lehre zu verkraften haben. Es bleibt zu hoffen, dass sich bald wieder eine stabile Situation ergeben wird. Das liegt in den Händen der School of Life Sciences in Weihenstephan bzw. des Präsidiums der TU München.

In einem angedeuteten Rückblick hatte ich bereits im letzten Jahresbericht ein Resümee meiner Jahre am Lehrstuhl gezogen. Nun können wir abschließend zurückblicken. Mit insgesamt derzeit 385 (weitere 25-30 sind unterwegs bzw. in Planung) Publikationen in wissenschaftlichen Journalen, 20 Buchkapiteln, ca. 150 Publikationen in praktisch ausgerichteten Zeitschriften, im Endergebnis 72 Dissertationen und vier Habilitationen, 635 Diplom-, Master und Bachelorarbeiten sowie 75 abgeschlossenen Forschungsvorhaben kann sich die Bilanz m. E. sehen lassen. Bemerkenswert ist sicher auch, dass der Bereich `Food Science and Technology´ im internationalen Ranking (mit dem sog. Shanghai-Ranking als Bezugspunkt) die bestpositionierte Disziplin Weihenstephans sowie eine der besten der gesamten TU München ist. Unter den deutschen Fakultäten mit Food Science and Technology steht Weihenstephan international am weitesten oben im Ranking. Wir nehmen für uns in Anspruch, dazu einen gewissen, durchaus nennenswerten Beitrag geleistet zu haben. Hier berichten wir über die im zurückliegenden Jahr noch aktiven Arbeiten.

Zum Schluss danke ich noch einmal von ganzem Herzen allen ehemaligen und derzeitigen MitarbeiterInnen in allen Funktionen für ihre Bereitschaft und Motivation, sich in das wissenschaftliche (!) `Unternehmen´ Lebensmittel- und Bioprozesstechnik einzubringen, sich einzulassen auf viele damit verbundene Belastungen und das Schaffen und stetige Gestalten einer sehr angenehmen Arbeitsatmosphäre. Es war mir täglich eine Freude, zum Lehrstuhl zu kommen. Ich wünsche allen eine gute, erfolgreiche Zukunft. Ich verbleibe mit den besten Grüßen an alle, die uns in unserer Arbeit lange begleitet haben und uns mit ihrem förderlichen Interesse sehr motiviert haben.

Herzlichst – Ihr Ulrich Kulozik

Auszeichnungen 2021

Michaela Müller, Preis des Verbandes der Weihenstephaner Milchwirtschaftler, Bio- und Lebensmitteltechnologen e.V. (WMBL) für ihre herausragende Bachelorarbeit mit dem Titel: Influence of pH and ionic strength on the gelation behaviour of pea proteins, Freising, 07.10.2021 (Betreuerin: Caren Tanger)

Brittany Berry, Preis des Verbandes der Weihenstephaner Milchwirtschaftler, Bio- und Lebensmitteltechnologen e.V. (WMBL) für ihre herausragende Masterarbeit mit dem Titel: Impact of high shear processing on the functionalisation of the casein fraction as a function of mi-cellar hydration, Freising, 07.10.2021 (Betreuer: Marius Reiter)

Forschungskurzberichte

I. Forschungsgebiet Bioprozesstechnik

Cultivation and preservation of the human intestinal microbiota

Regina Haindl (Auszug aus dem Projektabschlussbericht)

Dieses Projekt behandelt die Entwicklung, Etablierung und Validierung eines Gesamtprozesses zur Konservierung der humanen intestinalen Mikrobiota. Es umfasst Kultivierung, Gefriertrocknung und Re-Kultivierung zur Erfassung des Trocknungserfolges und der Wiederanzüchtbarkeit. Dabei wurde die rein technische Umsetzbarkeit des entwickelten Konzepts untersucht, indem die verschiedenen Charakteristika Zellzahl, Metabolismus und das mikrobielle Profil der Systeme untersucht wurden. Weiter wird die Etablierung des Kultivierungsprozesses beschrieben. Hierbei konnte eine stabile mikrobielle Gemeinschaft mit hoher Diversität und Fülle an repräsentativen Darmbakterien etabliert werden. Zudem wurde ein Gehalt und Zusammensatzung an kurzkettigen Fettsäuren, den entscheidenden Metaboliten der Mikroben, detektiert, welcher dem Stoffwechselleistung des Mikrobioms eines normalen gesunden Erwachsenen entspricht. Die Auswahl des Stuhldonoren hat dabei nur einen kleineren Einfluss, verglichen mit dem Einfluss der Kultivierungsbedingungen. Diese kann durch die Wahl geeigneter biotechnologischer Parameter bei der Kultivierung beeinflusst werden, um bis zu einem gewissen Grad die gewünschte in vitro Mikrobiota zu erzeugen. Der Einfluss des Kultivierungs-pH-Wertes in einem physiologischen Bereich zwischen 6.0 und 7.0 auf das ausgebildete System wurde in Kapitel 4 untersucht und beschrieben. Die Auswahl des pH-Wertes beeinflusste dabei direkt das ausgebildete System in Bezug auf die Zusammensetzung des Mikrobioms. Insgesamt führen alle untersuchten Kultivierungs-pH-Werte zu stabilen Systemen, wobei die ermittelten Kenngrößen wie das Verhältnis der kurzkettigen Fettsäuren und die phylogenetische Zusammensetzung, ein System widerspiegeln, das als gesund angesehen werden kann. Während ein Wert von 7.0 in einer höheren Zellzahl resultiert, werden bei pH 6.0 höhere Konzentrationen an Butyrat gemessen.

Wird ein künstliches System gewünscht, welche die Ausgangsprobe am besten repräsentiert, so sollte ein pH-Wert von 6.0 gewählt werden. Neben der Ähnlichkeit ist auch die Zusammensetzung der Phyla, gemessen unter anderem am Verhältnis von Firmicutes und Bacteroidetes, sowie die Anwesenheit von gesundheitsförderlichen Genera wie Roseburia, Bifidobacteria und Faecalibacterium höher bei niedrigen pH-Werten. Betrachtet man den Konservierungsprozess als Ganzes, so wird klar, dass der Kultivierungsschritt den

größten Einfluss hat. Im Weiteren wurde Bifidobacterium longum ssp. longum als Testmikroorganismus zur Entwicklung eines Trocknungsprotokolls herangezogen. Während bei dieser einzelnen Zellkultur Überlebensraten von bis zu 40% erreicht werden konnten, resultierte die Trocknung der in vitro Mikrobiota nur in ein Überleben von 2-6% der fakultativ aeroben und 0.1 0.9% der strikt anaeroben Zellen. Der Trocknungsschritt verändert die Mikrobiota dabei signifikant, allerdings sind diese Veränderungen reversibel. Durch eine Wiederanzucht über 70 h konnte gezeigt werden, dass sich das System komplett erholt. Geringfügige Änderungen und Verschiebungen im Metabolismus werden dabei auf natürliche Schwankungen zurückgeführt. Auch der Einfluss des während der Kultivierung vor der Trocknung angewandte pH-Werts auf die Charakteristika des re-etablierten Systems wurde untersucht.

Für die Zellzahl als auch Diversität (richness und Shannon effective Index) konnte kein Unterschied aufgrund des Kultivierung-pHs festgestellt werden. Zudem führen alle pH-Werte zur Ausbildung eines gesunden und funktionierenden Metabolismus. Nichtsdestotrotz gab es hier auch pH-bedingte Unterschiede. Verglichen mit der mikrobiellen Zusammensetzung der Stuhlprobe führte ein pH von 6.5 zu einem System, welches die meisten Gemeinsamkeiten aufwies. Bezieht man die Verteilung von Phyla und Genera in den Vergleich mit ein, so konnte durch den Kultivierungs-pH von 6.0 ein System erzeugt werden, was in der mikrobiellen Zusammensetzung am meisten der Ausgangsstuhlprobe ähnelt. Insgesamt ist für den gesamten Konservierungsprozess ein physiologischer Kultivierungs-pH-Wert zwischen 6.0 und 7.0 anwendbar. Basierend auf den obigen Ergebnissen scheinen aber niedrigere Werte eher empfehlenswert. Die klinische Anwendbarkeit und Effektivität der entstehenden getrockneten Mikrobiota sollte in weiterführenden Arbeiten validiert werden. Dafür sind Studien, welche eine Vielzahl weiterer Stuhlproben einschließen, sowie in vivo Studien im Tierversuch als auch am Menschen unabdingbar.

Aus diesem Projekt hervorgegangene Publikationen:

1. Haindl, R, Neumayr, A, Frey, A, Kulozik, U: Impact of cultivation strategy, freeze-drying process, and storage conditions on survival, membrane integrity, and inactivation kinetics of Bifidobacterium longum. Folia Microbiologica, 65, 1039–50, 2020

2. Haindl, R, Engel, J, Kulozik, U: Establishment of an in-vitro system of the human intestinal microbiota: Influence of cultivation and donor stool characteristics. Microorganisms, 9 (5) 1049, 2021

3. Haindl, R, Schick, S, Kulozik, U: Influence of cultivation pH on composition, diversity, and metabolic production in an in-vitro human intestinal microbiota. Fermentations, 7 (3) 156, 2021

4. Haindl, R, Totzauer, L, Kulozik, U: Preservation by lyophilization of an in-vitro human intestinal microbiota: Influence of the cultivation pH on the drying outcome and re-establishment ability. Microbial Biotechnology, 214007, 2022

II. Forschungsgebiet mikrowellen- und schaumunterstützte Trocknungstechnik

Neue Applikationen und Optimierung der Qualität und Produktsicherheit beim Behandeln von Lebensmitteln durch Einsatz neuer Mikrowellentechnologie

Isabel Kalinke

Die Gefriertrocknung (GT) stellt eines der wichtigsten Verfahren zur Haltbarmachung hitzesensitiver Biomoleküle, Mikroorganismen und qualitativ hochwertiger Lebensmittel dar. Aufgrund der niedrigen Prozesstemperaturen, dem geringen oxidativen Stress und der Abwesenheit von freiem Wasser während des Trocknungsprozesses werden schädigende Reaktionen im Produkt unter Erhalt von Struktur, Farbe und Aktivität von Inhaltsstoffen minimiert. In der konventionellen GT wird die im ersten Trocknungsabschnitt zur Wasserentfernung benötigte Sublimationsenthalpie u.A. durch beheizte Stellflächen in das Produkt eingebracht. Aufgrund des z.T. sehr schlechten Wärmeübergangs von der Stellfläche zum Produkt, sowie eines langsamen Wärmetransports innerhalb des Lebensmittels, ist der GT-Prozess sehr zeit- und energieaufwendig. Er kann sich über mehrere Stunden bis Tage erstrecken.

Ein Lösungsansatz zur Prozessbeschleunigung stellt der Einsatz von Mikrowellen (MW) zur Einbringung der Sublimationsenthalpie dar. In der Literatur sind Verkürzungen der Trocknungszeiten von 36 – 96 % gegenüber der konventionellen GT beschrieben [1-3]. Dies ermöglicht in Vakuum- oder GT-Prozessen eine deutliche Steigerung der Produktionskapazität, da der Trocknungsprozess i.d.R. den Bottleneck der Produktion darstellt. Allerdings kommt es aufgrund des Wellencharakters der MW auch zu einer inhomogenen Feldverteilung im Produkt, die das Auftreten von über- und unterprozessierten Produktbereichen begünstigt. Diese können zu Problemen hinsichtlich der mikrobiellen Sicherheit, Lagerfähigkeit und einer ungewollten Produktschädigung führen. Darüber hinaus besteht bei MW-unterstützten GT-Prozessen die Gefahr der Plasmabildung durch elektrische Feldspitzen in der Produktkammer. Das Auftreten von Plasma beeinflusst nicht nur die Produktqualität selbst, sondern auch die Anlagensicherheit und –Integrität und führt zum sofortigen Abschalten der MW-Anlage.

Aktuelle Produktionsanlagen verfügen über einen Magnetron zur Erzeugung von Mikrowellen. Dieser ermöglicht jedoch die Leistungsregelung nur über eine On/Off-Steuerung bei Maximalleistung, was das Auftreten von Plasma in Vakuumprozessen begünstigt. Die Anregungsfrequenz und –Phase der MW ist nur in eingeschränkter Form anpassbar, wodurch eine flexible Anpassung der MW-Eigenschaften über den MW-Prozess nicht möglich ist. Durch den Verschleiß des Magnetrons über ein Betriebsjahr verändern sich zudem die emittierten MW-Frequenzen, was die Reproduzierbarkeit des Prozesses beeinträchtigt. Sogenannte MW-Solid-State-Generatoren (SS-Technologie) stellen eine vielversprechende Alternative zu den konventionellen Magnetrons dar. Allerdings machen erst die günstigen Preis-/Leistungsentwicklungen der letzten Jahre deren Einsatz in industriellen Anwendungen denkbar. Daher ist diese MW-SS-Technologie für den industriellen Einsatz im Lebensmittel- oder Pharmabereich in verschiedenen Grundprozessen, wie Erwärmen und v. a. Trocknen, noch nicht umfassend untersucht.

Die SS-MW-Technologie ermöglicht im Vergleich zu konventionellen Magnetrons eine

gleichmäßigere Feldverteilung, da Anregungsfrequenz, Phase und Leistungseintrag direkt und ohne zusätzliche mechanische Komponenten eingestellt werden können und die SS-Technologie nur einem geringen Verschleiß unterliegt. Dadurch kann flexibel auf wechselnde Produkteigenschaften und die Ausbildung einer inhomogenen Temperaturverteilung innerhalb des Produkts reagiert werden, indem die Inhomogenität des MW-Feldes über eine elektronische Steuerung zeitlich gemittelt ausgeglichen wird. Dies ermöglicht neben einem homogeneren Prozess auch eine Vermeidung der Plasmabildung. Die MW-SS-Technologie verspricht daher neue Wege zur energieeffizienten und schnellen Prozessierung hitzesensitiver Lebensmittel und organischer Wirkstoffe im pharmazeutischen Bereich.

Auf Grundlage der im Vorgängerprojekt mit der Firma Fricke & Mallah Microwave Technology entwickelten MWGT-Anlage im Pilotmaßstab (Abb.1) kann das Potenzial der innovativen SS-Generatoren gegenüber einem konventionellen Magnetron untersucht werden. Dies soll im Rahmen eines Anschlussprojekts (AiF-Projekt 22205N) in den kommenden Jahren geschehen. Ziel des Projekts ist dabei die Untersuchung der innovativen MW-SS-Technologie in Bezug auf die Möglichkeiten der flexiblen Frequenzanpassung zum Erzielen einer homogeneren Temperaturverteilung beim Erhitzen und eines gleichmäßigen Phasenübergangs bei geringer Temperaturbelastung in der MWGT. Dabei wird u. a. die elektronische Steuerbarkeit des MW-Feldes auf Grundlage der reflektierte MW-Leistung genutzt, die vom Trocknungszustand abhängt und Steuerungskonzepten mit konstanten Anregungsfrequenzen gegenübergestellt. Neben Frequenz und MW-Leistung wird der Einfluss der Bewegung des Produkts im Verfahrensraum und der Einfluss verschiedener Energiequellen (Magnetron, SS, beheizte Stellfläche) auf die MWGT untersucht, um die Vorteile der SS-Technologie zu bewerten. Basierend auf den experimentellen Ergebnissen sollen allgemeingültige Verfahrenskonzepte abgeleitet werden, die zu einem energieeffizienten und homogenen Erhitzungs- und Trocknungsprozess führen.

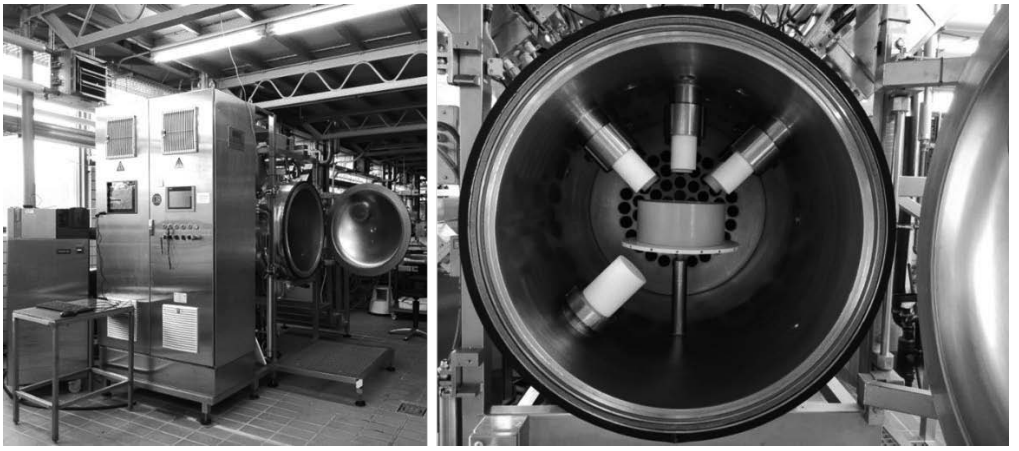


Abb. 1 Mit der Firma Fricke & Mallah Microwave Technology entwickelte MWGT-Anlage im Pilotmaßstab mit 4 SS-Generatoren (2450 MHz), 1 SS-Generator (915 MHz) und einem Magnetron-Generator im Technikum des LMVT

Literatur:

[1] Abbasi, S.; Azari, S.: Novel microwave-freeze drying of onion slices. International

Journal of Food Science & Technology 44 (2009) 5, 974–979.

[2] Wang, R.; Zhang, M.; Mujumdar, A. S.: Effects of vacuum and microwave freeze drying on micro-structure

[3] Ambros, S.; Mayer, R.; Schumann, B. et al.: Microwave-freeze drying of lactic acid bacteria: Influence of process parameters on drying behavior and viability. Innovative Food Science & Emerging Technologies 48 (2018), 90–98.

Dank:

Das IGF-Vorhaben 22205 N der Forschungsvereinigung Forschungskreis der Ernährungsindustrie e. V. (FEI), Godesberger Allee 142-148, 53175 Bonn, wird 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.

Die Förderung des Vorhabens erfolgte aus Mitteln des Bundesministeriums für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL) aufgrund eines Beschlusses des deutschen Bundestages. Die Projektträgerschaft erfolgte über die Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE) im Rahmen des Programms zur Innovationsförderung (Förderkennzeichen 281A105316).

Optimierung der Stabilität von Schäumen während der konventionellen und mikrowellenunterstützten Vakuumtrocknung

Peter Kubbutat

Für die Produktion von Pharmazeutika und komplexen Lebensmitteln werden häufig Inhaltsstoffe wie Enzyme, pharmazeutische Wirkstoffe oder Bakterienkulturen benötigt. Diese sind allerdings nur kurz haltbar, was die Verfügbarkeit verringert und die Preise erhöht. Um die Haltbarkeit zu erhöhen, werden Enzyme und Bakterienkulturen häufig getrocknet. Besonderes Augenmerk fällt dabei der Gefriertrocknung zu, da hier bei vielen Produkten die Funktionalität der Zielstoffe weitestgehend erhalten werden kann. Allerdings ist die Gefriertrocknung ein sehr kosten- und zeitintensiver Prozess, wodurch Produktionskapazitäten schnell erreicht werden und der Prozess nur für sehr hochpreisige Produkte wirtschaftlich sinnvoll und durchführbar ist. Abgesehen von ökonomischen Aspekten ist die Gefriertrocknung auch nicht für Produkte geeignet, die durch den Gefrierprozess Schaden nehmen könnten. Daher ist es notwendig, neue Verfahren zu entwickeln, die sowohl die Trocknungsgeschwindigkeit verkürzen als auch die Produktqualität erhalten.

Ein vielversprechendes Verfahren stellt dabei die mikrowellenunterstützte Vakuumtrocknung dar, da das Produkt bei niedrigen, nicht zu tiefen Temperaturen prozessiert werden kann. Gleichzeitig wird die Energie volumetrisch in das Produkt eingetragen, wodurch der Temperaturgradient im Produkt geringer ausfällt. Zusätzlich kann durch den Einsatz einer geschäumten Produktmatrix der volumetrische Energieeintrag durch Mikrowellen noch gleichmäßiger erfolgen, als dies bei der Trocknung von nicht-geschäumten Produkten der Fall ist. Außerdem weist ein geschäumtes Produkt eine größere Oberfläche auf als eine Flüssigkeit, wodurch die Trocknung weiter beschleunigt werden kann. Essenziell für eine erfolgreiche Schaumtrocknung ist es, dass der Schaum über den Trocknungsprozess stabil

bleibt und nicht kollabiert [1]

Um die Stabilität der Schäume über den Trocknungsprozess zu untersuchen und für die Entwicklung relevante Parameter zu finden, wurden Schäume mit β-lactoglobulin und Polysorbate 80 als Schaumbildner untersucht. Beide Schaumbildner werden sowohl in der Lebensmittel- als auch pharmazeutischen Industrie eingesetzt. Zur Erhöhung der Viskosität wurden verschiedene Zucker (Sorbitol, Maltose, Saccharose und Maltodextrin) eingesetzt. Diese sind typische Bestandteile von Trocknungsformulierungen und stabilisieren das Produkt sowohl während als auch nach der Trocknung. In Abb. 1 sind die Oberflächenspannung der Formulierungen bei verschiedenen Zuckerkonzentrationen aufgetragen.

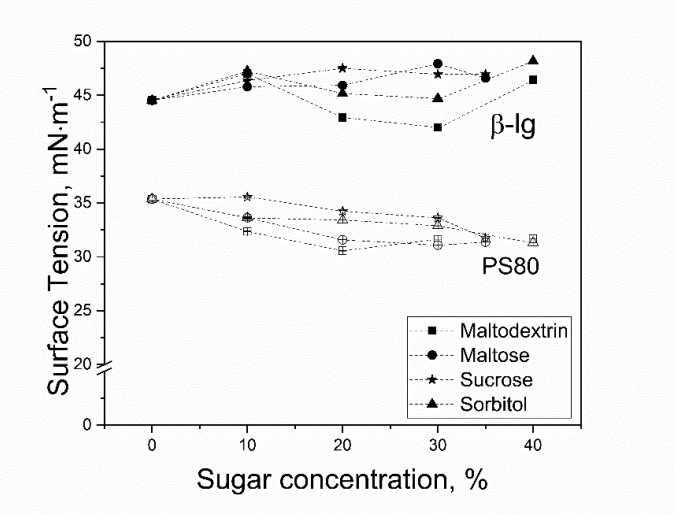


Abb. 1: Oberflächenspannung von Formulierungen mit 3 % β-lactoglobulin und 3 % Polysorbate 80 in Anwesenheit von Sorbitol, Maltose, Saccharose und Maltodextrin mit einer Konzentration zwischen 0 bis 40% bei einer Temperatur von 20 °C [2].

Die Oberflächenspannung der Formulierungen mit Polysorbate 80 ist dabei deutlich geringer als bei β-lg-haltigen Formulierungen. Zudem sinken die Oberflächenspannung von Polysorbate 80-haltigen Formulierungen leicht mit steigender Zuckerkonzentration, was auch schon in einer anderen Studie gezeigt werden konnte [3]. Ursache scheinen hier Interaktionen zwischen Zuckern und Tensidmolekülen zu sein. Deutlicher wird der Einfluss der Zucker auf die Oberflächeneigenschaften der Schaumbildner bei der Betrachtung des tan(φ). Dieser ist ein Maß für die Elastizität der Oberfläche und stellt damit die Widerstandsfähigkeit der Oberfläche gegen mechanische Belastungen dar (Abb. 2) [4]. Mit steigender Zuckerkonzentration und in Abhängigkeit des Zuckers steigt tan(φ) an, was einer Verringerung der elastischen Eigenschaften entspricht. Die Oberfläche wird also mit steigender Zuckerkonzentration spröder. Im Gegensatz hierzu verbessern sich die elastischen Eigenschaften der Oberfläche, wenn anstelle von Polysorbate 80 β-lg als Schaumbildner eingesetzt wird. Interaktionen zwischen β-lg und verschiedenen Zuckerarten stabilisieren also die Oberfläche gegen mechanischen Stress.

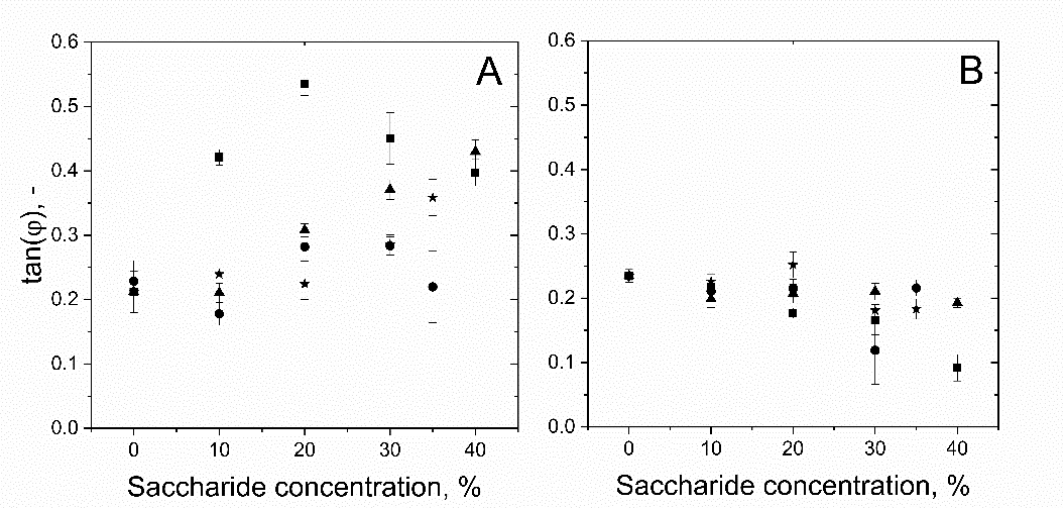


Abb. 1: Berechneter tan(φ) von Formulierungen mit 3 % Polysorbate 80 (A) und 3 % β-lactoglobulin (B) in Anwesenheit von Sorbitol, Maltose, Saccharose und Maltodextrin in verschiedenen Konzentrationen bei einer Temperatur von 20 °C [2].

Um den Einfluss der Mikrowellenerhitzung auf die Schaumbeständigkeit während der Trocknung zu untersuchen, wurden zudem die dielektrischen Eigenschaften der verschiedenen Formulierungen ermittelt. Exemplarisch für die verschiedenen Zucker sind die dargestellten Ergebnisse der beiden Schaumbildner in Anwesenheit von Maltodextrin in Abb. 3. Mit steigender Zuckerkonzentration sinkt die dielektrische Konstante, während der Verlustfaktor und die Resonanzfrequenz ansteigen. Dies hat zur Folge, dass die Formulierungen effizienter Mikrowellen in Wärme umwandeln können, was allerdings auch Auswirkung auf die Eindringtiefe (sinkt) und die Gleichmäßigkeit der Erhitzung hat (wird ungleichmäßiger). Dies müsste allerdings auf alle Formulierungen gleichermaßen zutreffen, da sich während der Trocknung der Wasseranteil der Probe verringert. Dennoch zeigen die Messungen, dass gerade bei der mikrowellenunterstützten Vakuumtrocknung das Durchschreiten eines kritischen, für das Endprodukt schädlichen Konzentrationsbereichs bis zur Vitrifikation des Produkts, essenziell für eine hohe Produktqualität ist.

Abschließend wurden die verschiedenen Formulierungen mittels Vakuumtrocknung und mikrowellen-unterstützter Vakuumtrocknung getrocknet. Da die Unterschiede bei der konventionellen Trocknung besser sichtbar sind, wurden Fotos der getrockneten Schäume nach der Vakuumtrocknung ohne Mikrowelleneinsatz verwendet (Abb. 4). Es zeigte sich, dass Polysorbate 80 stabilisierte Schäume häufig kollabierten, als es für β-lg-stabiliserte Schäume der Fall war. Einzig bei der Verwendung von Maltodextrin in hohen Konzentrationen konnte eine Schaumstruktur über den Trocknungsprozess erhalten werden. Schäume mit großen Blasen und einem hohen Overrun, wie es bei niedrigerer Viskosität bzw. Zuckerkonzentration der Fall war, kollabierten unabhängig vom eingesetzten Schaumbildner. Als Ursache wurde das Expandieren des Schaumvolumens beim Anlegen des Vakuums und der damit eintretenden, mechanischen Belastung des Schaums vermutet. Zudem zeigten Messungen mit reinem Polysorbate 80, dass die Resonanzfrequenz des Schaumbildners (2445 MHz) im unmittelbaren Arbeitsbereich der Mikrowelle liegt, wodurch der Grenzflächenfilm besonders intensiv aufgeheizt worden sein könnte.

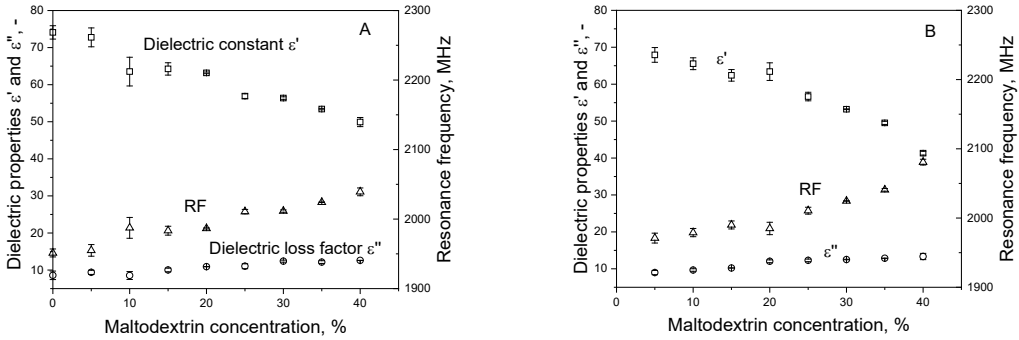


Abb 2: Dielektrische Eigenschaften von Formulierungen mit 3 % Polysorbate 80 (A) [5] und 3 % β-lactoglobulin (B) [6] und einer Maltodextrinkonzentration zwischen 0 und 40% bei einer Temperatur von 20°C.

Da die Schäume allerdings sowohl in der konventionellen als auch in der mikrowellenunterstützten Vakuumtrocknung kollabierten, können die dielektrische Eigenschaften des Schaumbildners nicht alleine für den Schaumzerfall verantwortlich sein.

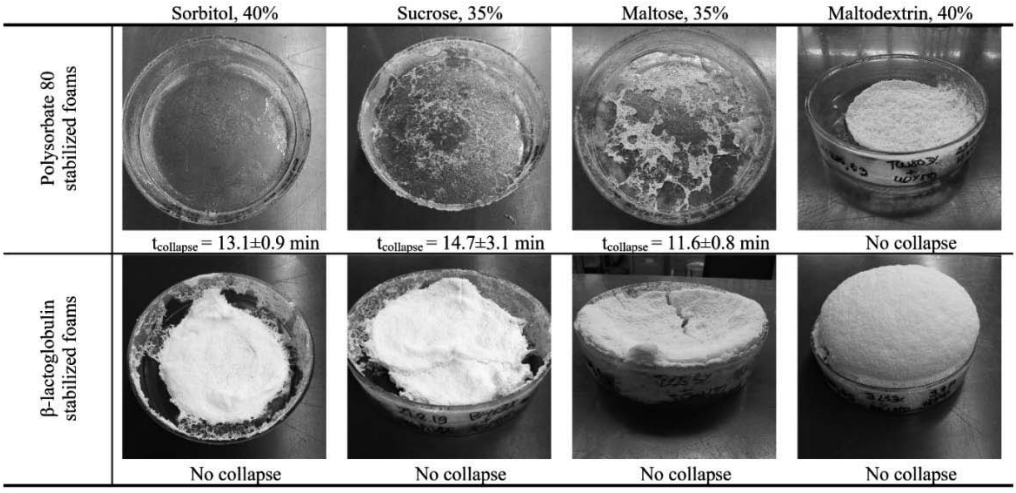


Abb. 3:Polysorbate 80 und β-lactoglobulin stabilisierte Schäume, in Anwesenheit von verschiedenen Zuckern, nach der konventionellen Vakuumtrocknung bei 15 mbar und 20°C.

Abschließend lässt sich sagen, dass unabhängig von der Art des Wärmeintrags die Elastizität der Grenzfläche, welche mittels Oberflächenrheologie ermittelt werden kann, ein hilfreicher Parameter bei der Entwicklung von Formulierungen für die konventionelle als auch die mikrowellenunterstützte Vakuumtrocknung ist. Außerdem konnten durch die Untersuchung der Oberflächenrheologie prozessrelevante Interaktionen zwischen Inhaltsstoffen und Schaumbildner identifiziert werden. Dadurch können sowohl Neuentwicklung von Formulierungen und Produkten als auch der Austausch eines Rohstoffes bspw. im Rahmen der Produktpflege profitieren. Oberflächenspannung als auch dielektrische Eigenschaften korrelierten nicht mit der Stabilität des Schaums während der Trocknung,

können aber für Prozessmodellierungen oder vorgelagerte Prozesse wie das Aufschlagen des Schaums relevant sein. Insgesamt konnte die Trocknungszeit durch den Einsatz von Mikrowellen anstelle von Heizplatten von 16 auf 1,5 h reduziert werden. Die Schäume sollten für eine erfolgreiche Trocknung mit einem oberflächenaktiven Material, welches eine möglichst elastische Wasser-Luft-Grenzfläche erzeugt, stabilisiert sein. Zudem sollten bei Trocknungsbeginn durchschnittliche Blasengröße und Overrun möglichst gering sein.

Literatur:

1. Ratti TA. Foam-mat drying: Energy and cost analyses. 2006.

2. Kubbutat P, Leitão L, Kulozik U. Stability of Foams in Vacuum Drying Processes. Effects of Interactions between Sugars, Proteins, and Surfactants on Foam Stability and Dried Foam Properties. Foods 2021, 1876.

3. Kubbutat P, Kulozik U. Interactions of sugar alcohol, di-saccharides and polysaccharides with polysorbate 80 as surfactant in the stabilization of foams. Colloids and Surfaces A: Physicochemical and Engineering Aspects. 2021; 616:126349.

4. Conde JM, Rodríguez Patino JM. Rheological Properties of Hydrolysates of Proteins from Extracted Sunflower Flour Adsorbed at the Air−Water Interface. Ind. Eng. Chem. Res. 2005;44:7761–9.

5. Kubbutat P, Kulozik U, Dombrowski J. Foam Structure Preservation during Microwave-Assisted Vacuum Drying: Significance of Interfacial and Dielectric Properties of the Bulk Phase of Foams from Polysorbate 80-Maltodextrin Dispersions. Foods 2021, 1163.

6. Kubbutat P, Kulozik U, Dombrowski J. Influence of interfacial characteristics and dielectric properties on foam structure preservation during microwave-assisted vacuum drying of whey protein isolate-maltodextrin dispersions. Journal of Food Engineering. 2021; 308:110691.

7. Kubbutat, P, Tauchnitz, A, Kulozik, U: Water vapor pathways during freeze-drying of foamed product matrices stabilized by maltodextrin at different concentrations. Processes, 8 (11) 1463, 2020

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.

III. Forschungsgebiet Strukturbildung und- charakterisierung

Einfluss von Milieubedingungen auf Protein-Gele aus Kartoffel- und Molkenproteinen

David J. Andlinger

Um mehr pflanzliches Protein in die menschliche Ernährung einzubauen müssen sowohl tierische Proteine in Lebensmittel ersetzt, als auch neuartige Lebensmittel auf Basis von pflanzlichen Proteinen erzeugt werden. Für beide Ziele ist es unabdingbar zu verstehen, wie sich Proteine pflanzlichen und tierischem Ursprungs in unterschiedlichen Milieus (Salz, pH, etc.) verhalten. Als Modellsysteme sollen im folgenden Molke- (WPI) und Kartoffelproteinisolate (PPI) miteinander verglichen werden. Es werden von beiden Proteinsystemen vor allem die wichtigsten gelierenden Proteine verglichen: β-lactoglobulin (β-lg) bei WPI und Patatin bei PPI.

Bei WPI konnten Veränderungen in den Proteininteraktionen, die das Gelnetzwerk stabilisieren, von disulfid zu elektrostatisch gelinkten Gelen beobachtet werden. Für PPI waren hydrophobe Wechselwirkungen die wichtigste stabilisierende Kraft, mehr oder weniger unabhängig von den Milieubedingungen. Wie die unterschiedlichen Milieubedingungen das Gelierverhalten beeinflussen ist in Abb. 1 schematisch dargestellt.

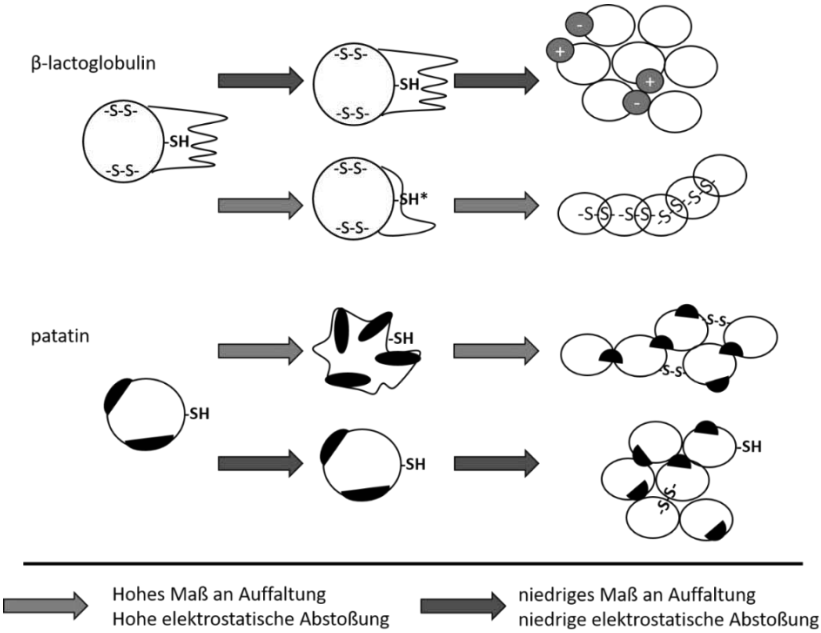


Abb. 1: Schematische Darstellung des Gelierungsmechanismus von β-lg und Patatin in Abhängigkeit von den Milieubedingungen. Blaue Pfeile beschreiben Reaktionswege unter Bedingungen mit hoher Proteinstabilität und geringer elektrostatischer Abstoßung (z. B. hoher EtOH-Gehalt oder pH-Werte nahe dem IEP). Grüne Pfeile beschreiben Reaktionswege unter Bedingungen mit geringer Proteinstabilität und höherer elektrostatischer Abstoßung (z. B. neutraler bis alkalischer pH-Wert und geringe Ionenstärke). Für β-lg ist die α-Helix schematisch dargestellt. Schwarze Punkte stellen hydrophobe Bereiche dar.

β-lg bildete unter Bedingungen hoher elektrostatischer Abstoßung und Entfaltung disul-

fid-verknüpfte, kurze, wurmförmige Aggregate (β-lg grüner Pfeil). Diese Reaktion beinhaltet die Entfaltung der α-Helix, die die 121-Cystein-Gruppe in β-lg abschirmt [1]. Solange sich die α-Helix vollständig entfalten kann, kann die 121-Cysteingruppe den Thiol-Disulfid-Austausch einleiten, und Disulfidverbindungen sind die wichtigste Proteininteraktion, die die WPI-Gele stabilisiert. Wenn die Milieubedingungen die α-Helix-Struktur stabilisieren und die Abstoßung zwischen den Proteinmonomeren verringern, werden die Proteininteraktionen verändert. Die Stabilisierung, insbesondere der α-Helix, verhindert die Freilegung der Thiolgruppe und damit die Bildung von Disulfidbindungen. Um die Proteininteraktionen von Disulfidbindungen auf elektrostatische Bindungen umzustellen, muss der Entfaltungs- und Aggregationsmechanismus von Molkenproteinen, insbesondere von β-lg, verändert werden.

In dieser Arbeit wurde die Änderung des Gelierungsmechanismus durch pH-Werte nahe dem IEP [2] sowie durch die Anwesenheit von EtOH [3] induziert. Wie schematisch dargestellt, bildete β-lg unter Bedingungen, bei denen die α-helix stabilisiert werden und die elektrostatische Abstoßung zwischen den Monomeren reduziert wird, elektrostatisch verknüpfte Gele (β-lg blauer Pfeil). Die gleichzeitige Verringerung der elektrostatischen Abstoßung ermöglicht einen engeren Kontakt zwischen den Proteinmonomeren. Dies ermöglicht es Seitenketten mit schwachen, nahen, Wechselwirkungen, schwache Brücken zwischen den Monomeren zu bilden. Elektrostatische Wechselwirkungen sind eine Art dieser schwachen, nahen Wechselwirkungen und wurden als die wichtigsten, stabilisierenden Proteinwechselwirkungen für diese Bedingungen ermittelt. Die Gele wurden als spröde und undurchsichtig beschrieben, was darauf hindeutet, dass sich eher partikuläre als feinsträngige Strukturen bilden, wie in Abb. 1 dargestellt.

Die wichtigsten Proteinwechselwirkungen, die die PPI-Gele stabilisieren, konnten nicht durch die Änderung des pH-Werts oder des EtOH-Gehalts verändert werden. Dies lässt sich durch die unterschiedlichen Molekülstrukturen und die daraus resultierenden unterschiedlichen Entfaltungs- und Aggregationsmechanismen von Patatin im Vergleich zu β-lg erklären. Während der Thiol-Disulfid-Austausch in WPI durch eine spezifische Thiolgruppe (die 121-Cys-Gruppe) initiiert wird, können die hydrophoben Verbindungen zwischen Patatinmonomeren durch sehr unterschiedliche Seitenketten erfolgen. Eine Art der Aggregation erfolgt über aufgefaltete hydrophobe Aminosäuren aus dem Proteinkern [4]. Darüber hinaus ist Patatin insgesamt sehr hydrophob, sogar in seinem nativen Zustand was die Aggregation von Patatin selbst bei einem sehr geringen Entfaltungsgrad erklärt. Obwohl sich also die an der Patatin-Aggregation und -Gelierung beteiligten Proteinstellen in Abhängigkeit vom Milieu ändern können, ist die Aggregation durch hydrophobe Wechselwirkungen immer dominant. Es konnten jedoch sehr unterschiedliche Strukturen beobachtet werden. In Abhängigkeit vom pH-Wert konnten partikuläre bis feinsträngige Gele gebildet werden [2]. Bei Gelen, die in Gegenwart von EtOH entstanden sind, konnte das dichte PPI-Netzwerk mit zunehmendem EtOH-Gehalt aufgelockert werden [3].

Aus diesen Erkenntnissen lassen sich verschiedene Methoden zur Gestaltung von proteinbasierten Matrizen für die Lebensmittel- und Bioindustrie ableiten. Abhängig von den Milieubedingungen können WPI und PPI sehr ähnliche oder völlig unterschiedliche Texturen und Mikrostrukturen erzeugen. Bei der Entwicklung einer neuen Proteinmatrix oder beim Versuch, ein Protein durch ein anderes zu ersetzen, müssen daher die unterschiedlichen Gelierungsmechanismen in Abhängigkeit vom Milieu verstanden werden. Bei einem pH-

Wert von 7 gab es beispielsweise deutliche Unterschiede, wobei WPI-Gele stark und elastisch und PPI-Gele schwächer und brüchiger waren [2]. Die Unterschiede könnten durch unterschiedliche Proteininteraktionen erklärt werden, die die Gele stabilisieren, mit starken kovalenten Disulfidbindungen in WPI und schwächeren, nicht-kovalenten hydrophoben Interaktionen in PPI.

Allerdings waren sowohl die WPI- als auch die PPI-Gele sehr schwach und brüchig, wenn sie bei pH-Werten nahe dem IEP (pH 5) hergestellt wurden. Bei WPI erklärte der Wechsel von kovalenten Disulfidbindungen bei pH 7 zu nicht-kovalenten elektrostatischen Bindungen die Veränderung der Geleigenschaften. Allerdings spielten nicht nur die Proteinwechselwirkungen, sondern auch die Struktur der Proteingele eine Rolle bei den texturellen Eigenschaften. Bei pH 5 waren die PPI-Gele im Vergleich zu pH 7 schwächer und brüchiger, obwohl PPI bei beiden pH-Werten durch hydrophobe Wechselwirkungen stabilisiert wurde. Die Bildung größerer Aggregate, die durch den Wechsel von transparenten zu undurchsichtigen Gelen sichtbar wird, könnte die schwächere, spröde Struktur erklären. In der Nähe des IEP ist die Aggregation sehr schnell und wird hauptsächlich durch die geringe elektrostatische Abstoßung zwischen den Proteinmonomeren angetrieben. Obwohl die WPI-Gele hauptsächlich durch elektrostatische Wechselwirkungen und die PPI-Gele durch hydrophobe Wechselwirkungen stabilisiert wurden, waren die texturellen Eigenschaften bei pH 5 mit schwachen und brüchigen Gelen für beide Systeme sehr ähnlich.

Bei wässrigen Systemen, die teilweise aus organischen Lösungsmitteln bestehen [3] wurden die texturellen Eigenschaften von PPI durch EtOH und die Gele kaum beeinflusst, während WPI-Gele mit höherem EtOH-Gehalt schwach und spröde wurden. Auch hier könnten Veränderungen bei den wichtigsten Proteininteraktionen diese Unterschiede erklären. Die PPI-Gele wurden hauptsächlich durch hydrophobe Wechselwirkungen stabilisiert. Bei den WPI führte der höhere EtOH-Gehalt zu einem Wechsel von Disulfid- zu elektrostatischen Wechselwirkungen, und die Geleigenschaften änderten sich von stark und elastisch zu schwach und brüchig. Wie oben beschrieben, könnten die unterschiedlichen Gelierungsmechanismen, die in Abhängigkeit vom Milieu auftreten, durch unterschiedliche Entfaltungs- und Aggregationsmechanismen der Hauptproteine, Patatin und β-lg, erklärt werden.

Daraus lässt sich schließen, dass eine detaillierte Untersuchung der Molekularstruktur von Proteinen, einschließlich der Primär-, Sekundär- und Tertiärstruktur, generell erforderlich ist, um das Aggregations- und Gelierverhalten von Proteinen zu verstehen und vorherzusagen.

Literatur:

Bei dem vorliegenden Text handelt es sich um einen leicht veränderten und übersetzten Auszug aus der am 15.12.2021 zur Begutachtung eingereichten Dissertation „Hydro-, Alco- and Aerogels from Potato and Whey Proteins: Correlation between Protein Interactions and Rheological Properties" von David J. Andlinger

[1] Qi XL, Holt C, McNulty D, Clarke DT, Brownlow S, Jones GR. Effect of temperature on the secondary structure of β-lactoglobulin at pH 6.7, as determined by CD and IR spectroscopy: A test of the molten globule hypothesis. Biochemical Journal. 1997;324:341–6. doi:10.1042/bj3240341.

[2] Andlinger DJ, Rampp L, Tanger C, Kulozik U. Viscoelasticity and Protein Interactions

of Hybrid Gels Produced from Potato and Whey Protein Isolates. ACS Food Sci. Technol. 2021;1:1304–15. doi:10.1021/ acsfoodscitech.1c00163.

[3] Andlinger DJ, Schlemmer L, Jung I, Schroeter B, Smirnova I, Kulozik U. Hydro- and aerogels from ethanolic potato and whey protein solutions: Influence of temperature and ethanol concentration on viscoelastic properties, protein interactions, and microstructure. Food Hydrocolloids. 2022;125:107424. doi:10.1016/ j.foodhyd.2021.107424.

[4] Andlinger DJ, Röscheisen P, Hengst C, Kulozik U. Influence of pH, Temperature and Protease Inhibitors on Kinetics and Mechanism of Thermally Induced Aggregation of Potato Proteins. Foods. 2021;10:796. doi:10.3390/foods10040796.

Dank:

Das IGF-Vorhaben 19712 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.

Milchproteinpulver-Redispergierbarkeit und Labgelbildungsfunktionalität in der Käseherstellung

Malou Warncke (Zusammenfassung der Dissertation, eingereicht zur Prüfung)

Die Untersuchung der Löslichkeit von Milchproteinpulvern und der Rheologie der Dispersionen ist von großem Interesse, da sie in der Forschung oder bei industriellen Anwendungen häufig als Ersatz für frische Milchkonzentrate verwendet werden. Hochkonzentrierte Proteinpulver stellen hinsichtlich ihrer Löslichkeit jedoch eine besondere Herausforderung dar. Milchproteinkonzentrat- (MPC) und micellare Caseinpulver (MC) werden häufig verwendet, um die Proteinkonzentration von Käsereimilch zu erhöhen. Der Schwerpunkt dieser Arbeit lag auf Behandlungen mit hohen Scherkräften wie in Rotor/Stator-Mischsystemen und Hochdruckhomogenisatoren und deren Auswirkungen auf die rheologischen und funktionellen Eigenschaften im Hinblick auf die Labgelbildung. Die Pulver wurden entweder in Wasser redispergiert, um ihr rheologisches Profil mit dem frischer Konzentrate zu vergleichen, oder in Milch – wie sie bei der Käseherstellung routinemäßig zur Erhöhung des Proteingehalts verwendet wird – um die Auswirkungen der verbleibenden Pulverpartikel auf das Labgelierverhalten zu bewerten.

Darüber hinaus haben wir ein Konzept für die Käseherstellung auf Pulverbasis entwickelt. Die Idee war, Pulver aus unerhitzten und erhitzten, kaltverlabten Magermilchkonzentraten herzustellen, die bei der Rekonstitution ein Gel bilden. Durch die Einbindung der Molkenproteine in die Käsematrix wird deren Drainage vermieden, was die Käseausbeute steigert. Da sich das Erhitzen nachteilig auf die Einlabungseigenschaften der Caseinmicellen auswirkt, wurde das Casein/Molkenprotein-Verhältnis variiert, um diesen Effekt zu kompensieren. Konzentrierung wirkt sich jedoch unweigerlich auf die Viskosität des Konzentrats aus – insbesondere nach der Hitzebehandlung. Eine weitere Forschungsfrage war daher, welche makroskopischen Mechanismen für die Veränderung der Viskosität bei Erhöhung der Gesamtproteinkonzentration, Variation des Casein/Molkenprotein-Verhältnisses und Erhitzung verantwortlich sind.

Magermilchpulver (SM), Milchproteinkonzentratpulver mit einem Proteingehalt von 50 % (w/w) (MPC50) und 85 % (w/w) (MPC85) sowie micellares Caseinpulver (MC) wurden auf ihre rheologischen Eigenschaften nach der Redispergierung bei niedriger Scherung (4, 20 und 50 °C) und hoher Scherung, d. h. Hochdruckhomogenisierung (HPH) (50 °C, 500 bar), untersucht. Als Bewertungskriterien wurden die rheologischen Eigenschaften und die Partikelgrößen von rekonstituierten und frischen Konzentraten derselben Zusammensetzung verglichen. Es zeigte sich, dass die Rehydratationszeit temperaturabhängig ist. Ähnliche Partikelgrößenverteilungen wurden nach Rühren bei 4 °C über Nacht und bei 50 °C nach 45 min erzielt. Proben, die über Nacht bei 20 °C gerührt wurden, enthielten noch Pulverpartikel von 10 µm und mehr. Daher ist diese Temperatur aufgrund der schlechten Reproduzierbarkeit keine gute Wahl für die Rehydrierung von Pulvern – selbst bei Pulvern mit guter Löslichkeit wie SM.

Die Größe des Pulveraggregats ist abhängig von der Zusammensetzung des Pulvers. Ein hohes Casein/Lactose-Verhältnis verringert das Lösungsvermögen des Pulvers, was zu größeren Partikeln, höheren Schubspannungen und stärkerer Scherverdünnung der Dispersion führt. Je nach Pulvertyp nahmen die Partikelgrößen und Schubspannungen wie folgt zu: SM < MPC50 < MC < MPC85. SM und MPC50 waren bereits nach 45 min bei 50 °C vollständig rehydriert. Im Gegensatz dazu benötigten Pulver mit hohem Proteingehalt wie MPC85 und MC einen HPH-Schritt bei 500 bar, um alle Pulveraggregate zu zerstören. Nach der vollständigen Rehydrierung der Pulver waren die Partikelgrößen und die Rheologie der rekonstituierten und frischen Konzentrate equivalent. Daraus schließen wir, dass die Partikelgröße der wichtigste Einflussfaktor für die rheologischen Eigenschaften ist. Unsere Ergebnisse zeigen, dass frische Konzentrate mit rekonstituierten Konzentraten hinsichtlich ihrer rheologischen Eigenschaften vollständig substituierbar sind, wenn die Rehydratationsbedingungen an den Pulvertyp angepasst werden.

Da Pulveraggregate die rheologischen Eigenschaften von rekonstituierten Konzentraten beeinflussen, wollten wir auch ihre Auswirkungen auf die Proteinfunktionalität bewerten. Zu diesem Zweck wurde das Gelierverhalten von MC88- und MPC85-angereicherter Magermilch untersucht. Wie bei der Käseherstellung üblich, wurde Magermilch für die Versuche entweder mit MC88 oder MPC85 auf eine Caseinkonzentration von 4,5 % (w/w) angereichert. Bewertungskriterien waren die Partikelgröße in Abhängigkeit von der Scherrate und die Labgeleigenschaften, d. h. Gelierzeit, Gelstärke, Strukturverlust bei Deformation und Serumverlust. Außerdem wurde die Casein-, Molkenprotein- und Caseinmakropeptid (CMP)-Rückgewinnung in der Süßmolke bestimmt, um die scher- und damit partikelgrößenabhängige Proteinverfügbarkeit zu bewerten. Da in der Molkereiindustrie zwei Hochschereinheiten weit verbreitet sind, können diese für die Redispergierung von Pulver verwendet werden: Scherpumpen wie in Pulvermischern und HPH. Daher führten wir zunächst Experimente im Labormaßstab durch, wobei wir eine Kolloidmühle als Rotor/Stator-System und einen HPH im Labormaßstab verwendeten. Für den anschließenden Scale-up wurden eine Scherpumpe und ein HPH im Pilotmaßstab verwendet.

Es stellte sich heraus, dass die Strömungsbedingungen in den Rotor/Stator-Systemen selbst bei Scherraten von bis zu $7{,}4 \times 10^4\ s^{-1}$ für eine vollständige Pulverlösung unzureichend waren; zusätzliche Kavitation, wie sie in HPH auftritt, war für eine vollständige Pulverauflösung erforderlich. Eine unzureichende Pulverrehydratation verlängert die Gelbildungszeit. Die Gelbildungszeit von MC88- und MPC85-angereicherter Magermilch war ähnlich; der Zusatz von MPC85 führte jedoch zu weicheren, schwächeren Gelen und

folglich zu einer geringeren Synärese/ einem geringeren Serumverlust. Außerdem verringerten die verbleibenden Pulverpartikel die Molkenproteinkonzentration in der Süßmolke.

Bei der Käseherstellung fallen 70 % Süßmolke an, die in der Regel aufgereinigt wird, um die isolierten Molkenproteine zu gewinnen. In einigen Teilen der Welt, in denen es keine Infrastruktur für die Molkeverarbeitung gibt, muss die Molke jedoch verworfen werden, was eine potenzielle Umweltbelastung darstellt. Ein neuartiges Konzept zur Vermeidung des Molkeverlustes, das in dieser Arbeit untersucht wird, ist die Herstellung von Käse auf Pulverbasis mit hoher Ausbeute durch ein erhöhtes Casein/Molkenprotein-Verhältnis oder die Integration der Molkenproteine in die Käsematrix.

Untersucht wurde der Einfluss des Casein/Molkenprotein-Verhältnisses (86:14 und 98:2) und der Hitzebehandlung (80 °C/30 min) auf das Gelierverhalten von rekonstituierten Labgelen (d.h. den rekonstituierten, gelierten Konzentraten) und auf die Überlebensrate des integrierten *Lactobacillus paracasei* ssp. *paracasei* F19. Die Bewertungskriterien für die Labgeleigenschaften waren die Gelbildungsrate, die Gelfestigkeit und die Molkensynärese. Darüber hinaus wurden die Menge der integrierten Molkenproteinen und die resultierende Käseausbeute bewertet. Außerdem wurde die Lebendkeimzahl nach der Sprühtrocknung und während der 103-tägigen Lagerung des Pulvers bei 4, 10 und 20 °C bestimmt.

Die Gesamtproteinkonzentration wurde durch Ultrafiltration (UF) erhöht und das Casein/Molkenprotein-Verhältnis durch Mikrofiltration (MF) im Diafiltrationsmodus (DF) eingestellt. Konzentrierung wirkt sich jedoch zwangsläufig auf die Viskosität der Milch aus – insbesondere nach der Hitzebehandlung. Daher untersuchten wir auch die Mechanismen, die für die Veränderungen der Viskosität bei Erhöhung der Gesamtproteinkonzentration (3-18%), Variation des Casein/Molkenprotein-Verhältnisses (85:15, 92:8, 98:2) und Erhitzung (80 °C/30 min) verantwortlich sind. Unsere Ergebnisse zeigen, dass sowohl Erhitzung als auch Konzentration die Viskosität nicht zwangsläufig erhöhen. Ein erhitztes Konzentrat bleibt selbst bei hohen Gesamtproteinkonzentrationen flüssig und leicht zu verarbeiten, wenn die Molkenproteine teilweise abgereichert werden (hier 37 %). Ist eine hohe Caseinkonzentration gewünscht, sollte die maximale Gesamtproteinkonzentration 9 % nicht überschreiten, um die Hydratation der Caseinmicellen und deren Abstoßungskräfte auf einem akzeptablen Niveau zu halten, bei dem die Viskosität noch niedrig und unbeeinflusst ist. Mit Hilfe eines statistischen Modells kann die scheinbare Viskosität von Milchproteinkonzentraten mit unterschiedlichen Gesamtproteinkonzentrationen und Casein/Molkenprotein-Verhältnissen berechnet und besser abgeschätzt werden, wie ausgeprägt die Unterschiede in der Viskosität nach dem Erhitzen sein werden. Dies sollte bei der Gestaltung des Instant-Käseprozesses helfen, bei dem die scheinbare Viskosität ein limitierender Faktor ist – insbesondere nach der Kaltverlabung.

Daher wurden die Gesamtproteinkonzentrationen bei der Herstellung der Instant-Käsepulver auf einem akzeptablen Niveau gehalten, um einen zu drastischen Viskositätsanstieg zu vermeiden. Hinsichtlich der Labgeleigenschaften zeigte sich, dass sich die Erhitzung positiv auf das Gelierverhalten des rekonstituierten UF-Pulvers auswirkte, da sowohl die Gelbildungsrate als auch die Gelfestigkeit bei gleicher Gesamttrockenmasse auf höhere Werte als bei den MF-Proben anstieg. Durch das höhere Serumbindevermögen des Bruchs ist dieses Pulver für Käsesorten mit höherem Feuchtigkeitsgehalt geeignet. Für Käsesorten mit geringerem Feuchtigkeitsgehalt sind die MF-Pulver aufgrund ihres engmaschigen

Gelnetzwerks und der besseren Molkedrainage zu empfehlen. Da MF-Konzentrate ohnehin ein hohes Casein/Molkenprotein-Verhältnis aufweisen, kann auf eine Erhitzung im Hinblick auf die Labgeleigenschaften verzichtet werden. Allerdings wirkt sich die Erhitzung in beiden Proben unabhängig vom Casein/Molkenprotein-Verhältnis nach der Sprühtrocknung positiv auf die Lebendkeimzahl aus. Dies macht die Erhitzung zu einem geeigneten Werkzeug für die Funktionalisierung von Konzentraten und folglich von Pulvern, was darüber hinaus die Lebendkeimzahlen integrierter Bakterien erhöht. Wir konnten zeigen, dass die Käseausbeute steigt, wenn Pulver aus erhitzten UF-Konzentraten oder Pulver aus nicht erhitzten MF-Konzentraten verwendet werden.

Alle Aspekte zusammen betrachtet, wurden die Hypothesen dieser Arbeit bestätigt. Verbleibende Pulveraggregate erhöhen die Viskosität von rekonstituierten Magermilchkonzentraten im Vergleich zu frisch hergestellten Konzentraten gleicher Zusammensetzung. Darüber hinaus beeinträchtigen sie das Labgelierverhalten von proteinangereicherter Magermilch aufgrund der unzugänglichen Proteine in den Pulveraggregaten sowie die Geleigenschaften, da die Gele durch große Pulverpartikel gestört werden können.

Für die Viskositätsabschätzung von erhitzten, frisch hergestellten Milchproteinkonzentraten müssen die Wechselwirkungen zwischen Caseinmicellen und Molkenproteinen sowie die geometrische Anordnung der Proteine und Proteinkomplexe unterschiedlicher Größe berücksichtigt werden. Kaltverlabte UF- und MF-Pulver ergeben bei der Rehydratation bei Temperaturen unter 16 °C eine homogene Gelmatrix, sofern sie homogenisiert wurden. Durch die Konzentrierung können bis zu 87,2 % der denaturierten Molkenproteine integriert werden, ohne dass die Labgeleigenschaften beeinträchtigt werden. Grund hierfür sind die ausreichenden Mengen an kolloidalem Calcium und Calciumbrücken. Außerdem war die Überlebensrate in den erhitzten Konzentraten höher als in den unerhitzten, was auf die stärkere Denaturierung der Molkenproteine und die wahrscheinlich intensiveren hydrophoben Wechselwirkungen zwischen Bakterien und denaturierten Molkenproteinen zurückzuführen ist.

Aus dieser Arbeit hervorgegangene Publikationen:

1. Warncke, M, Kulozik, U: Impact of temperature and high pressure homogenization on the solubility and rheological behavior of reconstituted dairy powders of different composition. Powder Technol, 376, 285-295, 2020

2. Warncke, M, Kulozik, U: Functionality of MC88- and MPC85-enriched skim milk: Impact of shear conditions in rotor/stator systems and high-pressure homogenizers on powder solubility and rennet gelation behavior. Foods, 10 (6) 1361, 2021

3. Warncke, M, Keienburg, S, Kulozik, U: Cold-renneted milk powders for cheese production: Impact of casein/whey protein ratio and heat on the gelling behavior of reconstituted rennet gels and on the survival rate of integrated lactic acid bacteria. Foods, 10 (7) 1606, 2021

4. Warncke, M, Kieferle, I, Nguyen, TM, Kulozik, U: Impact of heat treatment, casein/whey protein ratio and protein concentration on rheological properties of milk protein concentrates used for cheese production. J Food Eng, 312, 110745, 2022

Einfluss der Caseinkonzentration auf die Zusammensetzung und Integrität der Caseinmizellen in konzentrierten Milchproteinsystemen bei Zugabe von Trinatriumcitrat

Marius Reiter

Durch die gegenwärtig zunehmende industrielle Verwendung von Caseinkonzentraten verschiebt sich der Fokus der aktuellen Forschung in Richtung der Caseinfraktion. Insbesondere die Änderung der Eigenschaften der Caseinmizellen bei deutlich erhöhten Proteingehalt ist von Interesse. Ein Faktor, der zur Ausbildung und zum Zusammenhalt der Caseinmizelle maßgeblich beiträgt, ist die Interaktion der Caseinmonomere mit kolloidalem Calciumphosphat (CCP). Das aktuellste Modell zum Aufbau der Caseinmizelle beschreibt diese als eine schwammartige Struktur, in der die Caseinmoleküle mit CCP, anderen Salzen sowie den löslichen Caseinmonomeren in Wasserkanälen wechselwirken. Die Caseinmizellen stehen in einem dynamischen Gleichgewicht mit der Serumphase bzw. dem umgebenden Milieu (Dalgleish und Corredig, 2012). Durch die Zugabe von Salzen wie Trinatriumcitrat (TSC) wird dieses Gleichgewicht gestört, und ein neues Gleichgewicht stellt sich ein. Dies kann die Eigenschaften und Zusammensetzung der Caseinmizellfraktion maßgeblich beeinflussen. Über das Verhalten der Caseinfraktion in Milch durch TSC-Zugabe wurden bereits umfangreiche Untersuchungen angestellt (Broyard und Gaucheron 2015). Der Einfluss einer solchen Milieuänderung auf die Caseinfraktion in Caseinkonzentraten (MCC) mit deutlich erhöhtem Proteingehalt sowie verschobenen Casein-zu-Molkenproteinverhältnis (CMV) wurde jedoch nach dem aktuellen Stand des Wissens unzureichend erforscht. Die Hypothese ist, dass aufgrund der erhöhten Menge an Caseinmizellen, die mit einem erhöhten CCP-Gehalt im MCC verbunden ist, eine moderatere Reaktion des chemischen Gleichgewichts und der mizellaren Zusammensetzung auf Milieuveränderungen im Vergleich zu Milch auftreten sollte. Je nach Caseingehalt sollte dies zu unterschiedlichen Caseinmonomer- und CCP-Zusammensetzungen der Caseinmizellen führen und daher mehr Möglichkeiten zur Anpassung der in den Caseinmizellen im MCC induzierten Veränderungen bieten.Zur Untersuchung des Einflusses der Proteinkonzentration auf die Caseinfraktion in konzentrierten Milchsystemen bei Zugabe von TSC wurde sowohl ein milchähnliches Caseinkonzentrat mit einem Proteingehalt von 30 g/kg (MLC) als auch ein Caseinkonzentrat mit deutlich erhöhtem Proteingehalt von 90 g/kg (MCC) aus mizellarem Caseinpulver rehydratisiert. Anschließend wurden beide Lösungen mit unterschiedlichen Mengen TSC versetzt (0-15 mM), über Nacht bei 4 °C zur Einstellung eines Gleichgewichts gelagert und anschließend mittels Ultrazentrifuge zentrifugiert. Sowohl die Ausgangslösung als auch die durch Zentrifugation erhaltene Serumphase wurden mittels Ionenchromatographie (IC) bzw. Hochleistungsflüssigkeitschromatographie (HPLC) auf deren Calcium- und Phosphat- bzw. Caseinmonomergehalt untersucht.

Abb. 1A-B zeigen die Calcium- und Phosphatkonzentration in der Serum- und mizellaren Phase im MLC und MCC in Abhängigkeit von der durchgeführten TSC-Zugabe. Im MLC und MCC nahmen die Calcium- und Phosphatgehalte der mizellaren Phase ab ($P < 0{,}05$). Im MLC wurde eine Reduzierung von 0,84 mg mL^{-1} auf 0,62 mg mL^{-1} bzw. 0,88 mg mL^{-1} auf 0,53 mg mL^{-1} detektiert.

Im MCC sank der Calcium- und Phosphatgehalt von 2,99 mg mL^{-1} auf 2,71 mg mL^{-} bzw.

von 3,76 mg mL^{-1} auf 3,39 mg mL^{-1} über den gesamten Bereich der Milieuveränderung. Der sinkende Trend zwischen MLC und MCC unterscheidet sich nicht ($P < 0,05$).

Abb. 1 C-D zeigt die Serumcaseinkonzentration von MLC (C) und MCC (D) in Abhängigkeit der TSC-Zugabe. In beiden Systemen wurde ein signifikanter Anstieg des Gesamtserumcaseingehalts detektiert, jedoch wurde ein signifikanter Unterschied zwischen MLC und MCC festgestellt. Im MLC stieg der Gesamtgehalt an Serumcasein im Vergleich zur Referenz bei 15 mM TSC-Zugabe um das 15-fache von 1,11 mg mL^{-1} auf 15,64 mg mL^{-1}. Dagegen wurde im MCC lediglich ein Anstieg um das 2,3-fache von 2,00 mg mL^{-1} auf 4,57 mg mL^{-1} festgestellt. Dies zeigt, dass der Trend im MCC im Vergleich zum MLC weniger stark ausgeprägt ist.

Die aus der Literatur bekannten Effekte in Milch durch Calciumkomplexierung auf die Caseinmizellen wurden in dieser Studie auch für MLC und MCC festgestellt. Die Komplexierung von Calziumionen führt dazu, dass sowohl Calcium als auch Phosphat aus den Caseinmizellen in die Serumphase übertragen werden. Wie bereits für Milch beschrieben (Philippe et al., 2003), ging dies mit einem Transfer von Caseinmonomeren in die Serum-

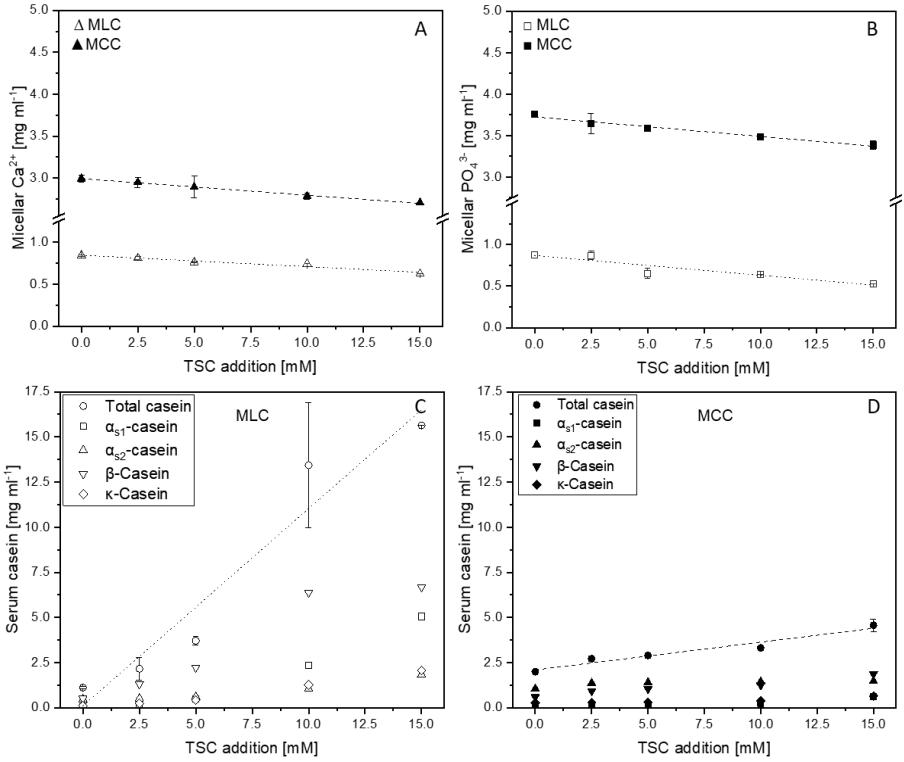


Abb. 1: Calcium und Phosphatgehalt der mizellaren Phase (A und B) und Serumcasein-Zusammensetzung (C-D) in Abhängigkeit der TSC-Zugabe. Offene Symbole zeigen den Calcium-, Phosphat- bzw. Serumcaseingehalt im MLC, gefüllte Symbole im MCC.

phase einher. Die Zugabe von TSC führte nicht zu signifikant unterschiedlichen Auswirkungen auf die absoluten Änderungen der Menge an mizellaren Calcium- und Phosphationen, jedoch führte dies zu einer moderateren Reaktion der Caseinmizellen im MCC im Vergleich zu MLC. Der deutliche Anstieg der Gesamtserumcaseine im MLC zeigt, dass

die Caseinmizellen in MLC deutlich stärker von dieser Milieuänderung betroffen sind. Der starke Anstieg aller Serumcaseine deutet auf einen erheblichen Zerfall der Caseinmizellen hin, was durch die Tatsache unterstützt wird, dass nur noch 42 % der Caseine als sedimentierbare Mizellen vorliegen. Vermutlich existieren intakte mizellare Strukturen gleichzeitig neben modifizierten, nicht sedimentierbaren Casein-Substrukturen, wie auch von Panouillé et al. (2004) und Pitkowski et al. (2008) postuliert. Mit anderen Worten, die Caseinmizellen scheinen weniger kompakt, offenporiger und bis zu einem gewissen Grad fragmentiert, aber nicht vollständig zerfallen zu sein. Ozcan-Yilsay et al. (2007) berichteten über eine vollständige Solubilisierung von CCP und der damit verbundenen vollständigen Desintegration der Caseinmizellen bei Zugabe von 20 mM TSC in Magermilch. Da das MLC in dieser Studie im selben Proteinkonzentrationsbereich liegt, aber eine Verschiebung des CWV in Richtung Casein aufweist, scheint dies mit unseren Ergebnissen übereinzustimmen. Im Gegensatz dazu zeigten die Mizellen in MCC eine wesentlich höhere Resistenz gegenüber dieser Milieuänderung. Im MCC scheinen die von Panouillé et al. (2004) und Pitkowski et al. (2008) postulierten, nicht sedimentierbaren Caseinsubstrukturen durch Calciumkomplexierung keine große Rolle zu spielen, da hier bei Zugabe von 15 mM TSC immer noch 94 % der Caseine in Form von sedimentierbarem mizellarem Casein vorliegen.

Daraus lässt sich schließen, dass der Caseingehalt der Konzentrate im Hinblick auf die Zusammensetzung und Integrität der Caseinmizellen und die daraus vermutlich resultierenden veränderten Funktionalitäten von großem Interesse ist. Der höhere Caseingehalt im MCC und die damit verbunden höhere Menge an CCP führt zu einer gewissen Widerstandsfähigkeit gegenüber Änderungen der Milieubedingungen. Dies kann nützlich sein, um Caseinsysteme mit unterschiedlichen Mengen an Caseinfraktionen mit spezifisch angepassten neuartigen Zusammensetzungen im konzentrierten Zustand eines MCC zu "designen". Inwiefern dies auch zu Änderungen der kolloidalen Eigenschaften führt, die für die technologische Funktionalität der Caseinfraktion von Bedeutung sind, bedarf weiterer Untersuchungen.

Literatur:

Broyard, Camille; Gaucheron, Frédéric (2015): Modifications of structures and functions of caseins: a scientific and technological challenge. *Dairy Sci. & Technol.* 95 (6), 831–862.

Dalgleish, Douglas G.; Corredig, Milena (2012): The structure of the casein micelle of milk and its changes during processing. *Annual Review of Food Science and Technology* 3, 449–467.

Ozcan-Yilsay, T.; Lee, W-J; Horne, D.; Lucey, J. A. (2007): Effect of trisodium citrate on rheological and physical properties and microstructure of yogurt. *Journal of Dairy Science* 90 (4), S. 1644–1652.

Panouillé, Maud; Nicolai, Taco; Durand, Dominique (2004): Heat induced aggregation and gelation of casein submicelles. *International Dairy Journal* 14 (4), 297–303.

Philippe, Marine; Gaucheron, Frdric; Le Graet, Yvon; Michel, Franoise; Garem, Anita (2003): Physicochemical characterization of calcium-supplemented skim milk. *Lait* 83 (1), S. 45–59.

Pitkowski, Anne; Nicolai, Taco; Durand, Dominique (2008): Scattering and Turbidity Study of the Dissociation of Casein by Calcium Chelation. *Biomacromolecules* 9 (1), S. 369–375.

Funktionalisierung von Erbsenprotein: Extraktion, Gelierung und Mikropartikulierung

Caren Tanger

Das Thema Nachhaltigkeit wird immer bedeutender in unserer heutigen Gesellschaft mit drohendem Klimawandel und steigender Bevölkerung. Pflanzliche Alternativen zu den tierischen Proteinquellen sind für die Lebensmittelindustrie daher von stark steigendem Interesse. Jedoch ist bis jetzt wenig bekannt über diese Proteine und wie sie einsetzbar sind in Lebensmitteln. In diesem Forschungsthema (AiF 20197 N) wurde die Funktionlisierbarkeit von Erbsenproteinen, als eine in Deutschland anbaubare, pflanzliche Alternative zu Molkenproteinen untersucht. Dabei wurde sich auf drei Möglichkeiten fokussiert: Extraktion, Gelierung und Mikropartikulierung.

Zuerst wurde der Einfluss der Extraktion auf die Funktionalität der Erbsenproteine untersucht. Dazu wurden drei gängige Extraktionsmethoden im Labormaßstab miteinander und mit einem kommerziell erhältlichen Erbsenproteinisolat hinsichtlich Ausbeute, Proteinprofil, Löslichkeit und Nativität verglichen. Wie in Abb. 1 zu sehen, haben die verschiedenen Schritte Auswirkungen auf die Funktionalität der Erbsenproteine. Vor allem der pH-Wert, bei dem die Proteine aus dem Erbsenmehl herausgelöst werden und der Fällungsschritt haben einen großen Einfluss auf Nativität und Proteinprofil. Das Proteinprofil beeinflusste die Denaturierungstemperatur und die Löslichkeit bei variablem pH und Salzkonzentration. Alle selbst extrahierten Erbsenproteine waren besser löslich und hatten eine höhere Nativität als das kommerzielle Proteinpulver die Löslichkeit bei variablem pH und Salzkonzentration.

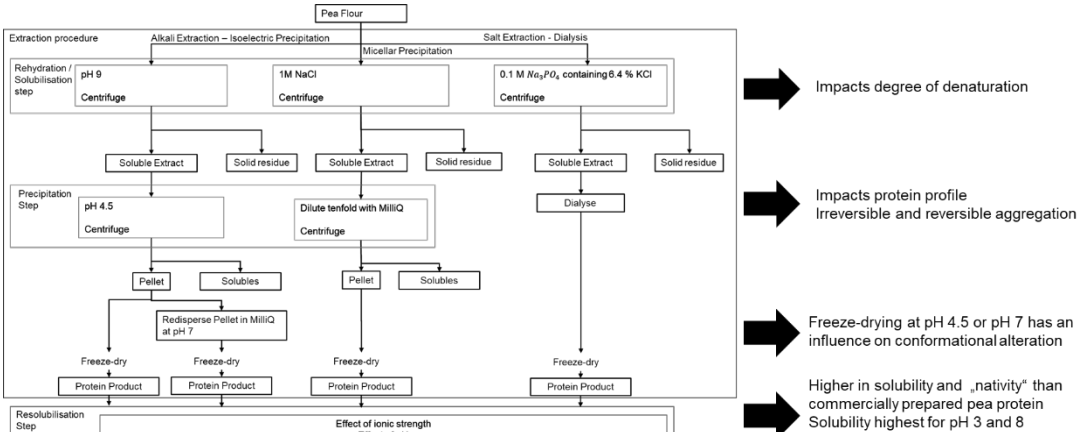
Die Gelierung von Erbsenprotein wurde mittels Oszillationsrheologie untersucht. Zusätzlich wurden die Protein-Protein Interaktionen mit einem Protein Interaktion Test bestimmt. Änderung im pH-Wert und in der Salzkonzentration hatten Einfluss auf die Gelstruktur und Protein-Protein Interaktionen. Obwohl kleinere Oligomere durch kovalente Bindung zusammengehalten wurden, bildete sich kein kontinuierliches Netzwerk kovalenter Bindung. Hydrophobe Wechselwirkungen waren am dominantesten. Thermomechanische Behandlung von Erbsenproteinen von verschiedenen Extraktionen im Rheometer zeigten zudem, dass die Extraktion die Protein-Protein Interaktion beeinflusst.

Aufgrund geringen Materials von laborextrahiertem Erbsenprotein, wurde die Mikropartikulierung von Erbsenprotein in einem Extruder nur mit handelsüblichem Erbsenprotein untersucht. Dabei wurden Temperatur des Extruder-Zylinders, die Schneckendrehzahl und der Massenstrom variiert und die Partikelgröße und Protein-Protein Wechselwirkung der resultierenden Partikel untersucht. Im Gegensatz zu dem bekannten Bottom-Up Verfahren, während der Mikropartikulierung, wurden hier die Partikel während des Prozesses zerkleinert. So konnten Partikel in der Größenordnung von 1-20 µm erzeugt werden, die hauptsächlich über hydrophobe Wechselwirkungen zusammengehalten wurden. Trocknung dieser Partikel hatte keinen Einfluss auf die Partikelgröße. Molkenproteinpartikel in dieser Größenordnung können als Fettersatz eingesetzt werden, da sie einen Kugellagereffekt im Mund erzeugen können, der die Schmiereigenschaften von Fett imitieren kann.

Um zu testen, ob die erzeugten Erbsenproteinpartikel dazu auch in der Lage sind, wurden sie in ein 50% fettreduziertes Milchdessert eingesetzt. Dieses wurde sensorisch mit der Vollfettvariante verglichen.

Abb. 1: Schematischer Überblick über die drei verschiedenen Extraktionsverfahren und den modifizierten Produktionsprozess. Rehydrations-/Solubilisierungsschritt, Fällungsschritt und Resolubilisierungsschritt sind im Prozess gekennzeichnet, sowie Auswirkungen auf Funktionalitäten. [1]

Hinsichtlich Cremigkeit und anderen fettrelevanten, sensorischen Eigenschaften gab es keinen signifikanten Unterschied zwischen fettreduziertem Milchdessert mit Erbsenmikropartikulat und Vollfett-Milchdessert (Abb. 2).



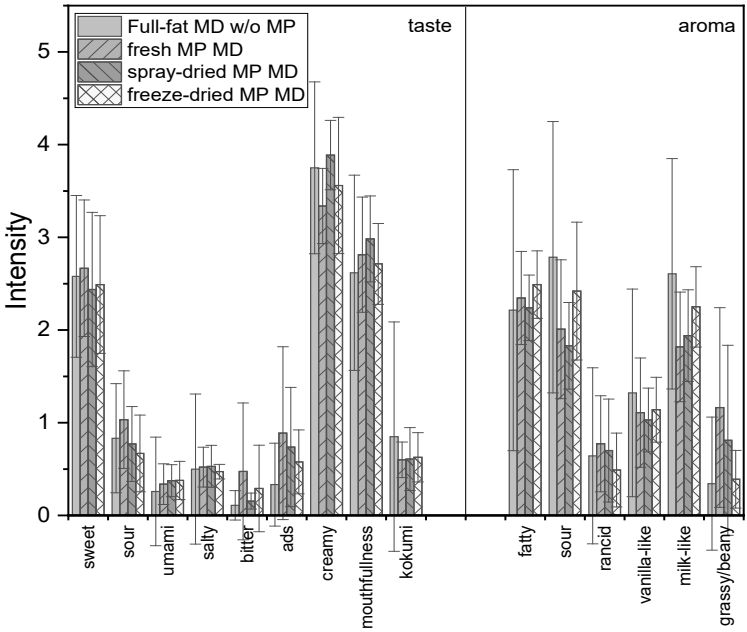


Abb. 2: Intensitätsbewertungen von Aroma und Geschmack des Vollmilchdesserts ohne

Mikropartikel und der drei fettreduzierten Milchdesserts mit Mikropartikeln. In den fettreduzierten Milchdesserts wurde das Fett zu 50 % durch frische Mikropartikel (frische MP MD), sprühgetrocknete Mikropartikel (sprühgetrocknete MP MD) und gefriergetrocknete Mikropartikel (gefriergetrocknete MP MD) ersetzt. *Zeigt einen signifikanten Unterschied zur Referenz an. [2]

Der Einsatz von Erbsenmikropartikulat führte zu einem grünen, bohnigem Off-Flavour im Milchdessert. Dieser konnte gesenkt, jedoch nicht vollständig eliminiert werden, durch die Trocknung der Mikropartikel. Die Erbsenproteinmikropartikel erhöhten auch die Festigkeit des Milchdesserts.

Zusammenfassend kann gesagt werden, dass ein tieferes Verständnis der Funktionalisierung von Erbsenproteinen und grundlegende Kenntnisse über Erbsenproteine gewonnen wurde.

Literatur:

[1] Tanger C, Engel J, Kulozik U. Influence of extraction conditions on the conformational alteration of pea protein extracted from pea flour. Food Hydrocolloids 2020;107:105949.

[2] Tanger C, Schmidt F, Utz F, Kreissl JK, Dawid C, Kulozik U. Pea protein microparticulation using extrusion cooking: Influence of extrusion parameters and drying on microparticle characteristics and sensory by application in a model milk dessert. Innovative Food Science & Emerging Technologies 2021:102851.

Dank:

Das IGF-Vorhaben AiF 20197 N der Forschungsvereinigung Forschungskreis der Ernährungsindustrie e. V. (FEI), Godesberger Allee 125, 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.

IV. Forschungsgebiet Membran- und zentrifugale Trenntechnik

Einfluss des Reinigungserfolges auf die Filtrationsperformance und mikrobielle Vorbelastung bei der Mikrofiltration von Magermilch

Christian Kürzl

Die effiziente Entfernung proteinhaltiger Deckschichten nach Magermilchfiltration stellt weiterhin eine Herausforderung dar. Aufgrund von Quervernetzungen zwischen Proteinen sowie zwischen Proteinen und der Membran bedingen diese Produktreste einen zeit-, chemikalien- und energieintensiven Reinigungsprozess. Dieser besteht meist aus einem alkalischen Reinigungsschritt, oft in Kombination mit proteolytischen Enzymen, zur Entfernung organischer Rückstände sowie einem sauren Reinigungsschritt zur Entfernung anorganischer Rückstände und Spülschritten zwischen den chemischen Reinigungsschritten zum Abtransport entfernter Produktrückstände und Reinigungsmittel. Zur Bewertung des Reinigungserfolges wird dabei meist der Flux, bzw. die Flux-Wiederherstellung (FRR) herangezogen und dabei eine vollständige Wiederherstellung des initialen Wasserflux angestrebt. Diese Methode ist jedoch nicht fehlerfrei, da sie nicht die chemische Sauberkeit widerspiegeln kann und sich Proteine zwischen den Poren oder in der Stützschicht der Membran anlagern können, wo sie den Flux nicht beeinflussen [1,2]. Diverse Arbeiten stellten weiterhin fest, dass Fluxmessungen unzuverlässig sind, wenn Reinigungsmittel (z.B. Tenside oder Chlor) mit den Rückständen oder der Membran interagieren und so die Durchlässigkeit der Membran unabhängig von ihrer tatsächlichen chemischen Reinheit verändern [2–6]. Diese Mängel sind besonders kritisch in Bezug auf die mikrobielle Belastung der Membran, da thermostabile Mikroorganismen, die die Pasteurisation überleben [7], sich in der Deckschicht anlagern und somit bei unvollständiger Reinigung auf der Membran zurückbleiben können [8]. In Abhängigkeit der Filtrationstemperatur und anderen mikrobiellen Wachstumsfaktoren bestimmt sich somit die maximale Filtrationszeit bevor mikrobielle Aktivität und Stoffwechselprodukte wie Enzyme oder Säuren die Produktqualität beeinträchtigen und der pH sinkt [8–11].

Ziel dieser Untersuchung ist es, den Einfluss unvollständiger Reinigung auf die Filtrationsperformance im Sinne von Flux, Permeatmassenstrom und mikrobieller Belastung zu untersuchen sowie die Zuverlässigkeit der Flux-Wiederherstellung (FRR) als Bewertungskriterium weiter zu evaluieren. Die Hypothese ist, dass sich Deckschichtrückstände, welche sich zwischen Poren oder in der Stützschicht der Membran anlagern, nicht auf den nachfolgenden Wasserflux oder die Filtrationsperformance auswirken, wohl aber Mikroorganismen beinhalten und sich folglich auf die mikrobielle Belastung der Membran und somit auf folgende Produktionszeiten und Produktqualität auswirken.

Für die Versuchsdurchführung wurden polymere Hohlfasermembranen mit einer nominellen Porengröße von 0.2 µm zur Mikrofiltration (50°C; 60 min; TMP = 1.8 bar) von pasteurisierter Magermilch verwendet. Anschließend wurde die Membran mit unterschiedlicher Reinigungsintensität (50°C; 20 min) gereinigt (inklusive Spülschritt und Wasserflux-Messung) und eine zweite Filtration durchgeführt. Während beider Filtrationen wurden dabei der Flux aufgezeichnet sowie Permeat- und Retentatproben gezogen und nach Dumpler et al. [12] auf den Proteingehalt analysiert, um den Proteinmassenstrom von Caseinen und Molkenproteinen zwischen beiden Filtrationen vergleichen zu können. Abb. 1.A ist der Verlauf des Molkenproteinmassenstroms während der Filtration zu ent-

nehmen. Für die saubere Membran (FRR = 100%; schwarze Quadrate) wurde zuvor jeweils ein vollständiger industrieller Reinigungszyklus aus Lauge- und Enzym- sowie Säure-Reinigung durchgeführt. Der Verlauf zeigt einen Anfangs steilen Abfall und das Erreichen eines stationären Endwerts nach etwa 30 min. Für den Caseinmassenstrom in Abb. 1.B zeigt sich ein kontinuierlicher Abfall während der 60-minütigen Filtration. Das Ersetzen des vollständigen Reinigungszyklus durch eine 0.03%-NaOH-Reinigung für 20 min (FRR = 71%; rote Dreiecke) zeigt dabei keinen Einfluss auf den Verlauf oder den Endwert weder bei Molkenproteinen noch bei Caseinen, obwohl die FRR eine unvollständige Reinigung anzeigt. Eine weitere Reduktion der Reinigungsintensität auf einen reinen Spülschritt ohne Chemikalienunterstützung (FRR = 39%; grüne Kreise) zeigt ebenfalls keinen signifikanten Einfluss auf den Verlauf des Molkenproteinmassenstroms. Die den Flux und Massenstrom beeinflussende Deckschichtbildung scheint also nicht durch Produktrückstände beeinflusst zu werden. Im Hinblick auf den Casein-Massenstrom zeigt sich jedoch ein deutlich anderes Bild: im Vergleich zur Filtration mit sauberer Membran ist hier kein kontinuierlicher Abfall zu beobachten, sondern der Verlauf scheint bereits in einem steady-state zu beginnen. Der mangelnde Reinigungserfolg macht sich hier also lediglich im Massenstrom der Caseine bemerkbar. Dies lässt sich dadurch erklären, dass Deckschichtreste zunächst den Durchgang für größere Partikel wie Caseinmizellen (50 – 400 nm) [13] erschweren, während die kleineren Molkenproteine (2 – 8 nm) [13] weiterhin die Membran ungehindert passieren können. Eine weitere Reduktion des Reinigungserfolges wurde erzielt, indem keinerlei Reinigung durchgeführt, sondern lediglich die Filtration gestoppt und mit frischer Milch erneut gestartet wurde (FRR = n.a.; lila Sterne). Für Molkenproteine zeigt sich aufgrund der mangelnden Reinigung nun eine Verkürzung der Zeit bis zum Erreichen des steady-state auf < 20 min sowie eine leichte Senkung des allgemeinen Massenstrom- Niveaus.

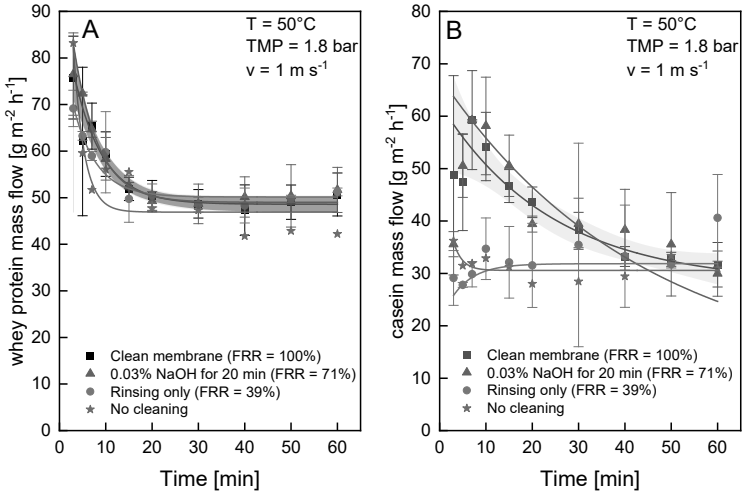


Abb. 1.: Verlauf des Molkenproteinmassenstroms (A) und Caseinmassenstroms (B) nach unterschiedlicher Reinigungsintensität: Nach vollständigem Reinigungszyklus mit industriellen Reinigern (schwarze Quadrate), nach 20 min Reinigung mit 0.03% NaOH (rote Dreiecke), nach einem Spülschritt (grüne Kreise) und nach erneutem Filtrationsstart mit frischer Milch ohne jegliche Reinigung (lila Sterne). Die grau schattierten Bereiche zeigen das 95% Konfidenz- und Prognoseintervall der sauberen Referenzfiltration.

Der Verlauf des Casein-Massenstromes verläuft analog zu dem nach Reinigung mittels Spülschritt. Insgesamt lässt sich festhalten, dass Produktrückstände nach unvollständiger Reinigung kaum Einfluss auf den Durchgang der Molkenproteine haben. Dies lässt sich damit erklären, dass ein Großteil des Foulings reversibel ist und somit von Spülschritten und teilweise auch durch ein lediglich erneutes Anfahren der Pumpen temporär entfernt werden kann. Des Weiteren zeigt sich damit, dass die reversiblen Deckschichtrückstände kaum Einfluss auf den Molkenproteindurchgang haben. Lediglich in Bezug auf Caseinmizellen scheinen die reversiblen Rückstände als Selektivschicht zu wirken und den Durchgang zu erschweren. Aus Sicht der Filtrationsleistung wäre somit ein regelmäßiges An- und Abfahren der Pumpen erstrebenswert, da dadurch der Molkenproteinmassenstrom auf den Anfangswert zurückgesetzt wird während der Casein-Massenstrom im steady-state verbleibt und somit die Trenneffizienz im Sinne der Permeatreinheit gesteigert wird.

Inwieweit eine reduzierte Reinigungsintensität jedoch sich langfristig auf die mikrobielle Belastung auswirkt, sollen die in Abb. 2. dargestellten Ergebnisse aufklären. Die Auswertung der Keimzahl in Retentat- und Permeatströmen hat sich in vorigen Arbeiten als wenig aussagekräftig herausgestellt, da die Mikroorganismen in der Membran sitzen [8]. Folglich wurde hier der

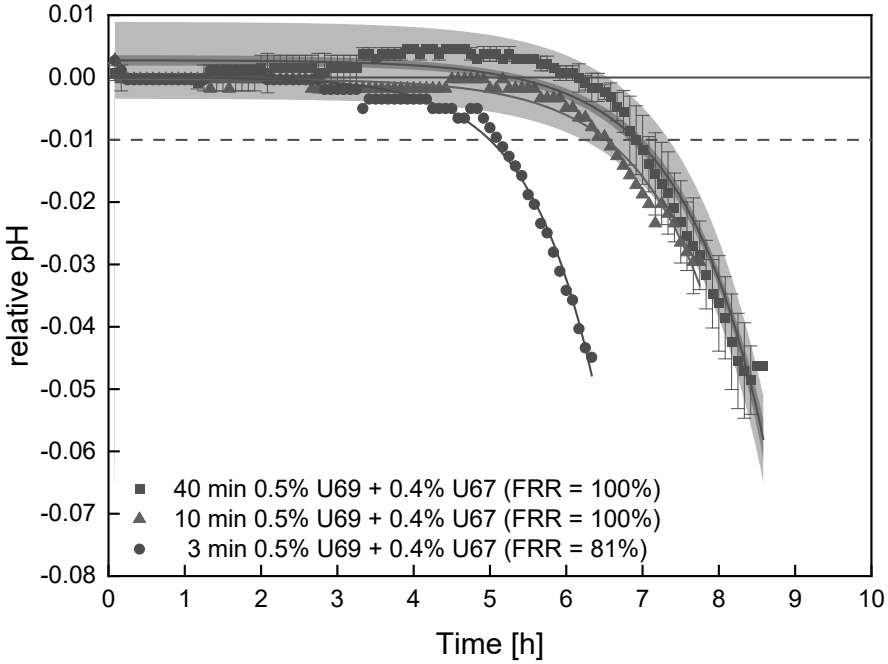


Abb. 2.: Einfluss unterschiedlicher Reinigungsintensitäten auf den pH-Abfall während der Filtration aufgrund mikrobieller Aktivität. Die grau schattierten Bereiche zeigen das 95% Konfidenz- und Prognoseintervall der sauberen Referenzfiltration an.

pH-Wert zur Beobachtung der mikrobiellen Aktivität herangezogen und jeweils auf den Startwert normiert, um den relativen Abfall, bedingt durch mikrobielle Aktivität, besser vergleichen zu können. Als Abbruchkriterium für mikrobielle Belastung wurde ein Abfall des pH um 0.01 definiert. Ein vollständiger Reinigungszyklus aus 40 min Lauge- und Enzymreinigung (FRR = 100%) resultiert damit in einer maximalen Filtrationszeit von 6.9 ±0.1 h. Eine reduzierte Reinigungsintensität auf 10 min Lauge- und Enzymreinigung

(FRR = 100%) vermindert die maximale Filtrationszeit leicht auf 6.5 h trotz vollständiger Flux-Wiederherstellung. Die sich in einem früheren pH-Abfall bemerkbar machende stärkere mikrobielle Vorbelastung ist hier also nicht über die FRR detektierbar. Eine weitere Verkürzung der Reinigungszeit auf 3 min (FRR = 81%) zeigt schließlich einen deutlichen Abfall der maximalen Filtrationszeit auf 5.0 h an, was sich auch in der FRR bemerkbar macht. Hier sei angemerkt, dass bei dieser Reinigungsintensität noch kein Effekt auf die Filtrationsleistung (Daten nicht gezeigt) zeigt, sondern nur in der mikrobiellen Belastung.

Insgesamt zeigen die Ergebnisse also, dass sich eine unvollständige Reinigung im untersuchten Rahmen kaum auf die Filtrationsleistung auswirkt. Lediglich für kurze Spülschritte oder eine vollständig fehlende Reinigung lassen sich im Casein-Massenstrom Auswirkungen auf die Folgefiltration feststellen, nicht aber in Flux oder Molkenproteinmassenstrom. Es zeigen sich wohl aber deutliche negative Auswirkungen unvollständiger Reinigung auf die mikrobielle Membranbelastung nachfolgender Filtrationen und somit die maximal möglichen Produktionszeiten, welche nur bedingt über die FRR detektiert werden können. Folglich sollten bei der Bewertung des Reinigungserfolges neben dem Flux auch chemische oder mikrobiologische Methoden verwendet und notwendige Reinigungsintensitäten sorgfältig identifiziert werden.

Literatur:

[1] P. Blanpain-Avet, J.F. Migdal, T. Bénézech, Chemical cleaning of a tubular ceramic microfiltration membrane fouled with a whey protein concentrate suspension—Characterization of hydraulic and chemical cleanliness, Journal of Membrane Science 337 (2009) 153–174.

[2] G. Trägårdh, Membrane cleaning, Desalination 71 (1989) 325–335.

[3] M. Rabiller-Baudry, P. Loulergue, J. Girard, M. El Mansour El Jastimi, A. Bouzin, M. Le Gallic, A.

[4] M. Rabiller-Baudry, M. Le Maux, B. Chaufer, L. Bégoin, Characterisation of cleaned and fouled membrane by ATR—FTIR and EDX analysis coupled with SEM: application to UF of skimmed milk with a PES membrane, Desalination 146 (2002) 123–128.

[5] G. Daufin, U. Merin, F.L. Kerherve, J.P. Labbé, A. Quémerais, C. Bousser, Efficiency of cleaning agents for an inorganic membrane after milk ultrafiltration, J Dairy Res 59 (1992) 29–38.

[6] A. Al-Amoudi, P. Williams, S. Mandale, R.W. Lovitt, Cleaning results of new and fouled nanofiltration membrane characterized by zeta potential and permeability, Separation and Purification Technology 54 (2007) 234–240.

[7] D. Porcellato, M. Aspholm, S.B. Skeie, M. Monshaugen, J. Brendehaug, H. Mellegård, Microbial diversity of consumption milk during processing and storage, International journal of food microbiology 266 (2018) 21–30.

[8] S. Schiffer, U. Kulozik, Effect of Temperature-Dependent Bacterial Growth during Milk Protein Fractionation by Means of 0.1 µM Microfiltration on the Length of Possible Production Cycle Times, Membranes 10 (2020).

[9] H.C. Deeth, T. Khusniati, N. Datta, R.B. Wallace, Spoilage patterns of skim and whole

milks, J Dairy Res 69 (2002) 227–241.

[10] S.A. Burgess, D. Lindsay, S.H. Flint, Thermophilic bacilli and their importance in dairy processing, International journal of food microbiology 144 (2010) 215–225.

[11] J. Chamberland, T. Messier, E. Dugat-Bony, M.-H. Lessard, S. Labrie, A. Doyen, Y. Pouliot, Influence of feed temperature to biofouling of ultrafiltration membrane during skim milk processing, International Dairy Journal 93 (2019) 99–105.

[12] J. Dumpler, H. Wohlschläger, U. Kulozik, Dissociation and coagulation of caseins and whey proteins in concentrated skim milk heated by direct steam injection, Dairy Sci. & Technol. 96 (2017) 807–826.

[13] H.-J. Heidebrecht, U. Kulozik, Fractionation of casein micelles and minor proteins by microfiltration in diafiltration mode. Study of the transmission and yield of the immunoglobulins IgG, IgA and IgM, International Dairy Journal 93 (2019) 1–10.

[14] Moreac, P. Rabiller, Consequences of membrane aging on real or misleading evaluation of membrane cleaning by flux measurements, Separation and Purification Technology 259 (2021) 118044.

Dank:

Dieses IGF-Vorhaben AiF 57 EWN des Forschungskreises der Ernährungsindustrie e.V. (FEI) wird über die AiF im Rahmen des Programms zur Förderung der Industriellen Gemeinschaftsforschung (IGF) vom Bundesministerium für Wirtschaft und Klimaschutz aufgrund eines Beschlusses des Deutschen Bundestages gefördert.

Einfluss der Wahl des Diafiltrationsmediums während der Milchproteinfraktionierung auf die Struktur der Caseinmizelle und der damit verknüpften Deckschichtbildung, Prozesseffizienz und Produktfunktionalität

Michael Reitmaier

Vor einigen Jahrzehnten noch als „Phosphocaseinat“ bezeichnetes, nur im Labormaßstab gewonnenes und verwendetes Casein in mizellarer Form spielt eine immer größere Rolle als unter der Bezeichnung „Mizellares Casein“ industriell erzeugtes und weltweit vermarktetes Milchderivat. Zentraler Schritt der Gewinnung dieses Produktes ist die Milchproteinfraktionierung mittels Mikrofiltration (MF). Hierbei wird im Rahmen einer sogenannten Diafiltration (DF) durch Auswaschen von Molkenproteinen mittels eines DF-Mediums die Reinheit der Caseinfraktion sukzessive erhöht. Industriell etabliert ist dabei ein zusätzliches Auswaschen von Lactose und Serummineralstoffen durch Verwendung von vollentsalztem Wasser (VE-W) als DF-Medium. Mit der dadurch erzielten Steigerung der Reinheit des Endproduktes gehen jedoch sowohl zusätzlicher Aufwand zur Bereitstellung und Nachbehandlung erheblicher Mengen an aufgereinigtem Wasser, als auch Veränderungen der mizellaren Struktur und verknüpfte Funktionalitätsverluste hinsichtlich der Rehydratisierbarkeit oder Fähigkeit zur Labgelbildung einher. Der als Alternative bekannte Einsatz von im Kreis geführtem UF-Permeat (UF-P) bietet Vorteile bzgl. dieser Faktoren, reduziert jedoch die Filtrationsleistung und Reinheit des Endproduktes [1].

Ziel der Untersuchungen innerhalb des AiF/FEI-Projektes 18818 N war es, den Einfluss der Zusammensetzung weiterer alternativer DF-Medien sowohl auf die Prozessleistung

als auch Produkteigenschaften der gewonnen Caseinfraktion zu untersuchen. Insbesondere sollten zur Steigerung der Kosteneffizienz und Prozessnachhaltigkeit in Molkereien gut zugängliche Medien wie Leitungswasser ohne weitere Aufreinigungsschritte und typische Prozessnebenströme für den Einsatz als DF-Medium qualifiziert werden.

Es ist bekannt, dass durch Milieueigenschaften wie pH-Wert, Ionenstärke, aber auch Gehalt einzelner Ionenspezies sowohl die Struktur der Caseinmizelle als auch der Deckschicht während der Filtration von Milch signifikant beeinflusst werden. Um die Zusammensetzung unterschiedlicher Molkereinebenströme hinsichtlich dieser zielrelevanten Faktoren in der industriellen Praxis zu ermitteln, wurde ein analytisches Screening von insgesamt 89 Proben von 38 unterschiedlichen industriellen Prozessnebenströmen durchgeführt. Aus den zur Zusammensetzung von diversen Umkehrosmose (UO)-, Nanofiltrations (NF)-, Ultrafiltrations (UF)-Permeaten und Brüdenkondensaten gewonnenen Daten wurden anschließend spezifische Bewertungen bzgl. der potentiellen Prozessbeeinflussung sowie mögliche Hürden hinsichtlich der Verwendung als DF-Medium abgeleitet. Während sich für die mögliche Eignung von UF-Permeaten eine starke Abhängigkeit von potentiell ungünstigen Vorbehandlungen des Ausgangssubstrates Milch oder Molke ergab (z.B. Säuerung, Calcium- oder Citratzugabe), zeigte sich für NF-Permeate eine primäre Abhängigkeit der Ionenzusammensetzung von der Trenneigenschaften der verwendeten Membran, wobei zeitliche Schwankungen durch Variabilität des Ausgangsmediums festgestellt wurden. In Mikrofiltrationsversuchen mit nachgestellten NF-Permeaten wurde sowohl für einen gegenüber Milch reduzierten pH-Wert als auch für eine im Vergleich zu Milch geringe, aber im Rahmen der ermittelten Werte von NF-Permeaten als relativ hoch anzusehende Ionenstärke, ein negativer Einfluss auf die Filtrationsleistung festgestellt. Somit sind diese Nebenströme als kritisch hinsichtlich des Einsatzes als DF-Medium zur Erzielung eines Fraktionierungsprozesses mit stabil hoher Leistung anzusehen. Eine Anwendung als Zwischenwaschmedium vor einer Endaufreinigung mit VE-Wasser könnte jedoch in Betracht gezogen werden, da in den durchgeführten Filtrationsversuchen insbesondere eine Reversibilität induzierter Deckschichteffekte festgestellt wurde. UO-Permeate und Brüdenkondensate aus milchbasierten Prozessströmen wiesen mit Ausnahme eines untersuchten Prozesses nicht oder kaum quantifizierbare Gehalte an Ionen auf, was sie, bei entsprechenden rechtlichen Voraussetzungen und olfaktorischer Eignung, zur Verwendung als Ersatz für VE-Wasser grundsätzlich qualifiziert. Die gefundene Abweichung der Zusammensetzung von Proben aus einem UO-Prozess, bei welchem ein Defekt der Membran zu einer für NF-Permeate typischen Zusammensetzung des UO-Permeates führte, zeigt jedoch auch, dass zur Erzielung eines stabilen Filtrationsprozesses eine stetige Kontrolle bei Verwendung als DF-Medium unabdingbar ist. Details zu diesen Untersuchungen wurden von kürzlich publiziert [2].

Im Rahmen von weiterführenden Untersuchungen im Labormaßstab wurde bei Variation der Zusammensetzung von DF-Medien hinsichtlich oben genannter Milieufaktoren festgestellt, dass insbesondere durch Auswaschen von Calcium die Hydratisierung von Caseinmizellen erhöht wird [3]. Eine damit verbundene Steigerung des Wassergehaltes daraus erzeugter Filtrationsdeckschichten geht dabei mit einer Erhöhung der Porosität sowie Filtrationsleistung einher [4]. Im Gegensatz zu VE-W gingen mit der Verwendung von hartem (18 °dH) Leitungswasser (LW) als alternatives DF-Medium aufgrund der enthaltenen Calciumionen keine feststellbaren Veränderungen der Caseinmizell- oder Deckschichtstruktur im Vergleich zu nativem Milchmilieu einher. Im Folgenden sind die Auswirkungen von LW bei Verwendung als DF-Medium im Rahmen einer MF-Versuchsreihe

im Pilotmaßstab mit pasteurisierter Magermilch denen von VE-W und UF-Permeat aus Magermilch gegenübergestellt. Es wurden Untersuchungen zu Flux, Permeation von Molkenproteinen und Caseinen vorgenommen.

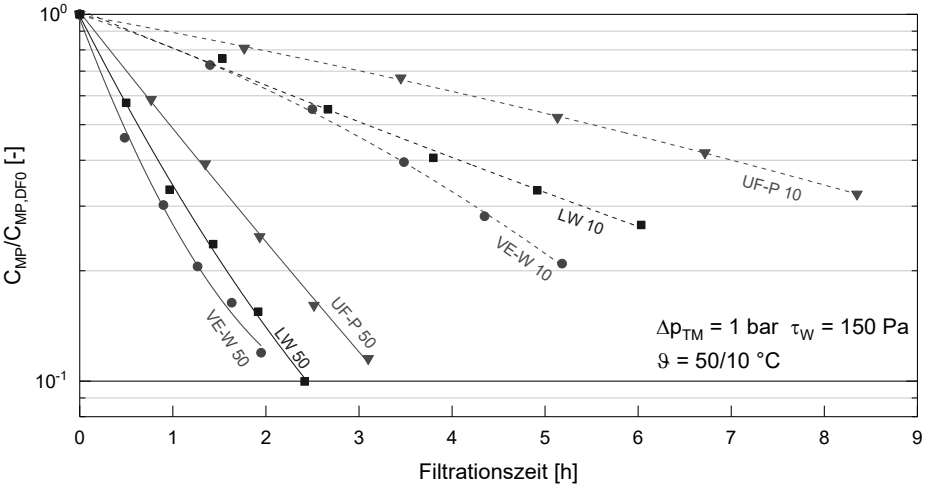


Abb. 1: Restgehalt an Molkenproteinen im Retentat über dem DF-Verlauf unter Anwendung unterschiedlicher DF-Medien bei 50 °C und 10 °C.

Abb. 1 zeigt den im MF-Retentat verbliebenen Anteil an Molkenproteinen (BSA, Lactoferrin, α-La, IgG β-Lg A und B) als Funktion der Zeit bei Verwendung der unterschiedlichen Medien. Die Messpunkte stellen dabei die Zeitpunkte dar, an welchen im Filtrationsverlauf jeweils ein DF-Schritt abgeschlossen wurde. Bei 10°C wurde durch eine geringere Permeation an Molkenproteinen als bei 50 °C eine deutlich geringere Abreicherung dieser Fraktion erzielt.

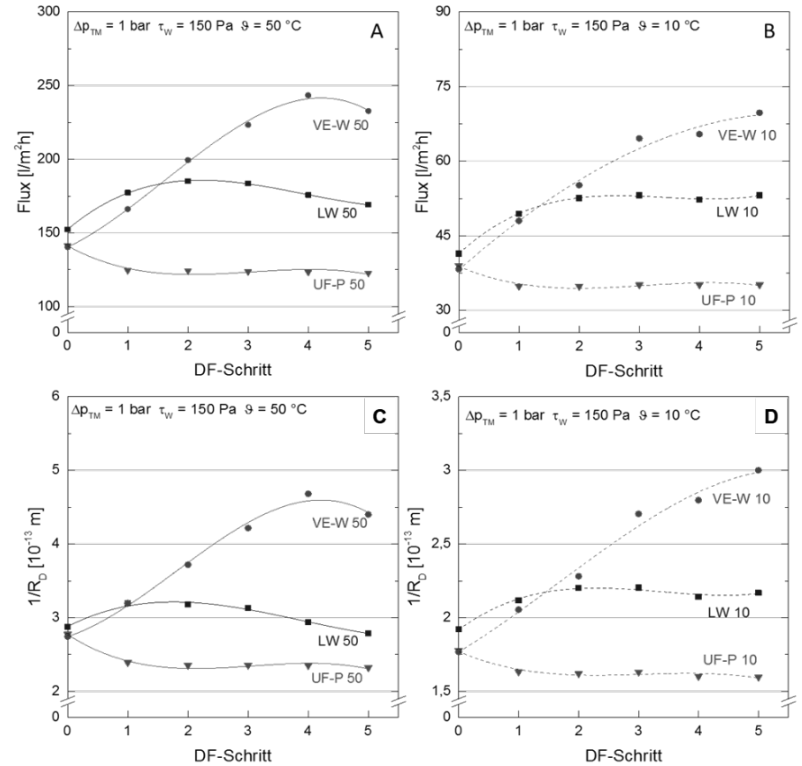


Abb. 4: Verlauf von Flux (A und B) und reziprokem Deckschichtwiderstand (C und D) über fünf DF-Schritten unter Anwendung verschiedener DF-Medien bei 50 °C bzw. 10 °C.

Hierbei erzielte eine DF mit VE-W jedoch einen niedrigeren Restgehalt an Molkenproteinen (20,9 %) als mit LW (26,6 %) und UF-P (32,3 %). Es ist ersichtlich, dass die Werte für die notwendige Zeit für das Erreichen eines DF-Schritts bzw. einer vergleichbaren Molkenproteinabreicherung bei den unterschiedlichen Medien deutlich voneinander abweichen. Gegenüber der DF mit Leitungswasser zeigt sich bei DF mit UF-Permeat bereits ab DF-Schritt 1 eine verlängerte erforderliche Prozesszeit. Bei DF mit vollentsalztem Wasser konnte im Gegensatz dazu für jeden DF-Schritt eine verkürzte Filtrationszeit erzielt werden. Die resultierende Prozesszeit für die DF über fünf Schritte ist bei 50 °C bzw. 10 °C mit UF-P gegenüber LW um 29 % bzw. 38 % erhöht, bei Verwendung von VE-W um 17 % bzw. 14 % reduziert. Der primäre Grund für die variierende Geschwindigkeit der Abreicherung ist der unterschiedliche Fluxverlauf bei Verwendung der verschiedenen DF-Medien (Abb. 2A und 2B). Durch erhöhte Viskosität der Retentat- und Permeatphasen ist die Fluxleistung während Filtrationen bei 10 °C grundsätzlich auf einem niedrigeren Niveau als bei 50 °C, was jedoch in der praktischen Anwendung mit Vorteilen hinsichtlich der mikrobiellen Qualität begleitet ist. Die Fluxverläufe über die DF-Schritte bei Verwendung unterschiedlicher Medien sind bei 50 °C und 10 °C sehr ähnlich. Bei Verwendung von UF-P als DF-Medium kommt es zunächst zu einem Fluxabfall, was auf initiale Ausbildung einer Deckschicht in den ersten Minuten der Filtration zurückzuführen ist (Piry 2011). Danach stabilisiert sich der Flux auf einem konstanten Niveau.

Im Gegensatz dazu steigt der Flux bei der Verwendung von LW und VE-W bis DF-Schritt 2 bzw. 4 an und fällt bei 50 °C anschließend leicht ab. Ein Grund für den Fluxanstieg ist die sinkende Permeatviskosität durch das Auswaschen der Lacoste, die für beide Medien

ab DF-Schritt 2 einen bei entsprechenden Temperaturen für reines Wasser dokumentierte Werte annimmt. Unterschiede sind auch bzw. bei Vergleich von VE-W und LW ausschließlich auf unterschiedliche Deckschichtwiderstände zurückzuführen. In Abb. 2C und 2D ist der reziproke Deckschichtwiderstand für die verschiedenen Filtrationen dargestellt. Infolge der temperaturbedingten Erhöhung der Retentatviskosität und verbundener reduzierter deckschichtabtragender Effekte befindet sich der Deckschichtwiderstand bei 10 °C (Abb. 2D) auf einem höheren Niveau als bei 50 °C (Abb. 2C). Es ist zu erkennen, dass die Verläufe über die DF mit unterschiedlichen Medien sehr genau mit den korrespondierenden Fluxverläufen übereinstimmen. Neben der Permeatviskosität wird auch die Retentatviskosität durch das Auswaschen von Lactose bei LW und VE-W reduziert, was eine Verringerung des Deckschichtwiderstandes gegenüber UF-P begründen kann. Allerdings kann dies nicht die voneinander abweichenden Fluxverläufe bei VE-W und LW erklären. Der Grund für diese Unterschiede ist, dass es während der Filtration wegen der Medienzusammensetzung zu individuellen Beeinflussung des pH-Wertes und des Ionenmilieus der Serumphase, aber insbesondere des Calciumgehaltes als dominanter Faktor der Mizellintegrität und Deckschichtporosität kommt.

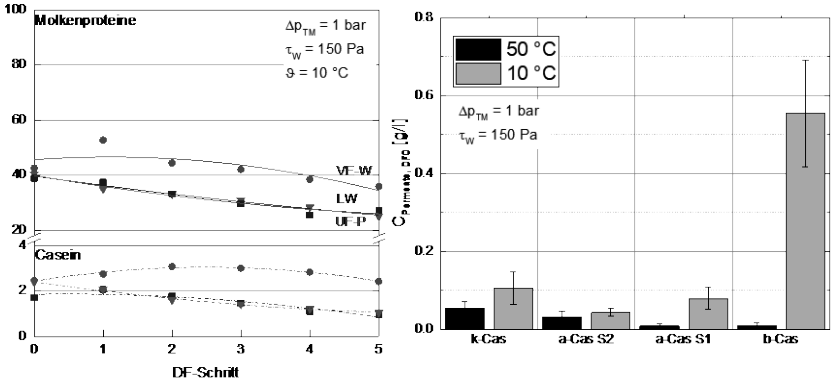


Abb. 3: Transmission für DF bei 10 °C und Gehalt einzelner Caseine in MF-Permeaten bei Filtrationsbeginn bei 50 und 10 °C.

Als entschiedener Faktor für die Reinheit der abgetrennten Molkenproteinfraktion wurde die Caseintransmission untersucht. Zu Beginn der Filtration bei 50 °C wurde unabhängig vom Medium eine geringfüge Transmission an Casein (<1 %) festgestellt, welche in den nachfolgenden DF-Schritten nicht mehr nachweisbar war. Die bei 10 °C detektierte initiale Caseintransmission von etwa 2,5 % ist überwiegend auf bei niedrigen Temperaturen von der Caseinmizelle dissoziiertes β-Casein zurückzuführen, was jedoch auch eine Verunreinigung der Molkenproteinfraktion bei dieser Filtrationstemperatur bedeutet. Für DF bei 10 °C ergab sich im Gegensatz zu einer Absenkung der initialen Transmission sowohl von Molkenproteinen als auch Caseinen bei Verwendung von LW und UF-P eine leichte Steigerung der initialen Transmission für VE-W (Abb. 3), was mit der im Labormaßstab beobachteten Steigerung der Hydratisierung und Porosität des Caseinhaufwerks begründet werden kann. Diese Untersuchungen zeigen, dass der Einsatz von LW als DF-Medium das Potential hat, eine Steigerung des Fluxes und der Produktreinheit gegenüber UF-P zu erzielen, ohne dabei Veränderungen der Mizellstruktur- und Interaktionen zu induzieren, wie es bei Einsatz von VE-W der Fall ist. Bzgl. Prozesskosten oder -nachhaltigkeit könnten hier weitere Vorteile erzielt werden; diese Punkte wären dem Aufwand zur Bereitstel-

lung von üblicherweise verwendetem VE-Wasser gegenüberzustellen. Details zu weiterführenden Untersuchungen auch unter Verwendung weiterer DF-Medien sind publiziert [2,3,4].

Hinsichtlich der Beeinflussung einiger ausgewählter Funktionalitätsaspekten konnte im Rahmen weiterer Untersuchungen an Mizellarem Casein nach DF mit unterschiedlichen Medien insbesondere festgestellt werden, dass eine Reduzierung der Ionenstärke im Serum zu einer Säuregelbildung bei höheren pH-Werten führt [5]. Die Löslichkeit erzeugter Caseinpulver wurde primär vom Lactosegehalt beeinflusst, sodass DF mit UF-P bei nativem Lactosegehalt und entsprechend geringer Proteinreinheit im Pulver zu einer deutlich besseren Löslichkeit bei vergleichbarer Proteinkonzentration auch mit durch die Lactose erhöhtem Gesamtpulvereintrag führt. Für UF-Permeat aus Sauermolke wurde festgestellt, dass eine aufgrund des hohen Lactat- und Cacliumgehaltes bei Verwendung als DF-Medium induzierte Aggregationstendenz von Caseinmizellen durch adäquate Prozessführung gezielt nutzbar ist. Dabei konnte die vielversprechende Möglichkeit der direkten Weiterverwendung dieses tendenziell problematischen Prozessnebenstroms für eine kontrolliert-spontanen Induzierung unterschiedlicher Gelstrukturen außerhalb der Filtrationsanlage aufgezeigt werden [6].

Im Rahmen der Untersuchungen der Zusammensetzung von industriell erzeugten Nebenströmen wurde ein breites Spektrum hinsichtlich Ionenstärke, Calciumgehalt und pH-Wert dieser unterschiedlichen alternativen DF-Medien festgestellt. Die weiteren Ergebnisse verdeutlichen den signifikanten Einfluss dieser Unterschiede bei Verwendung als DF-Medium auf die Serumphase, die Struktur und Eigenschaften der Caseinmizelle und damit verknüpft der Deckschichtbildung und Produkteigenschaften der gewonnenen Caseinfraktion. Die Erkenntnisse zu einzelnen dieser Aspekte erlauben in der Folge die gezielte Auswahl eines der untersuchten Medien um gewünschte Effekte hinsichtlich Produktfunktionalität, Kostenreduzierung, Steigerung der Prozessnachhaltigkeit oder -effizienz zu erzielen bzw. gegenüber den anderen stets parallel beeinflussten Aspekten zu priorisieren.-

Literatur:

[1] M. Kersten, 2000: "Proteinfraktionierung mittels Membrantrennverfaren" *Dissertation,* Technische Universität München

[2] M. Reitmaier, U. Kulozik 2022: "Compositional analysis of dairy side streams and assessment of their applicability as diafiltration media" *International Journal of Dairy Technology,* in press

[3] M. Reitmaier, B. Barbosa, S. Sigler, H.-J. Heidebrecht, U. Kulozik 2020: "Impact of different aqueous phases on casein micelles: Kinetics of physicochemical changes under variation of water hardness and diafiltration conditions" International Dairy Journal, 109, 104776

[4] M. Reitmaier, I. Bachmann, H.-J. Heidebrecht, U. Kulozik 2021: "Effect of changes in ionic composition induced by different diafiltration media on deposited layer properties and separation efficiency in milk protein fractionation by microfiltration" *International Dairy Journal, 120,* 105089

[5] Reitmaier, M., Kulozik, U. (2018): Einfluss unterschiedlicher Diafiltrationsmedien

auf die Säuregelbildung von Casein. Jahresbericht zur Milchwissenschaftlichen Forschung am Zentralinstitut für Ernährungs- und Lebensmittelforschung (ZIEL). ISBN 978-3-947492-00-8

[6] M. Reitmaier, U. Kulozik 2022: Milk protein fractionation using acid ultrafiltration permeate as diafiltration medium and subsequent temperature-induced gel formation of the obtained micellar casein concentrate" International Dairy Journal, submitted for publication

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.

Milchproteinfraktionierung durch Mikrofiltration bei niedrigen Temperaturen

Simon Schiffer (Kurzfassung der Dissertation von Simon Schiffer)

Gegenstand dieser Arbeit war die Ermittlung optimaler Milieu- und Prozessbedingungen für die größenabhängige Milchproteinfraktionierung mittels keramischer Mehrkanalmembranen bei niedrigen Temperaturen. Als Optimierungskriterien wurden eine hohe Molkenproteinreinheit und ein hoher Molkenproteinmassenstrom definiert. Während der Filtration wird die Caseinfraktion aufgrund der Agglomeration von Monomeren zu Mizellen selektiv im Retentat zurückgehalten, während die wesentlich kleineren Molkenproteine durch die Membran permeieren können. Bei niedrigen Filtrationstemperaturen sind die hydrophoben Protein-Protein-Wechselwirkungen reduziert, was zur Dissoziation von Caseinmonomeren aus der mizellaren Struktur führt. Diese Caseinmonomere können zusammen mit den Molkenproteinen die Membran durchströmen und somit die Reinheit des Permeates vermindern. Des Weiteren sinkt der Flux und damit der Massenstrom der Molkenproteine aufgrund einer erhöhten Viskosität. Um die Milchproteinfraktionierung bei niedrigen Temperaturen zu optimieren, muss daher die Caseinpermeation reduziert werden, ohne den Molkenproteinmassenstrom negativ zu beeinflussen.

Das Ziel dieser Arbeit war es, kompositorische und prozessgesteuerte Ansätze zur Verbesserung der Filtrationseffizienz, definiert als hohe Molkenproteinreinheit und hoher Molkenproteinmassenstrom, zu ermitteln. Da das Proteingleichgewicht zwischen löslichem und mizellar gebundenem Casein dynamisch ist, kann es durch Veränderungen der ionischen und hydrophoben Protein-Protein-Wechselwirkungen beeinflusst werden. Dies kann genutzt werden, um die Caseinpermeation zu verringern, ohne den Molkenproteinmassenstrom zu beeinträchtigen. Des Weiteren kann die Bildung und Abtragung der Deckschicht auf der Membranoberfläche durch Protein-Membranmaterial-Wechselwirkungen verändert werden und somit sowohl den Mol-kenprotein- als auch den Caseinmassenstrom beeinflussen. Der Transmembrandruck und die Wandschubspannung wurden diesbezüglich als wichtigste Prozessvariablen identifiziert. Außerdem wurde die Zeit zwischen zwei Reinigungszyklen als Funktion der Filtrationstemperatur bestimmt, um den variablen Wasser- und Reinigungsmittelverbrauch zu ermitteln.

Die Ansätze zur Verbesserung der ionischen Wechselwirkungen zwischen den Caseinmonomeren und damit zum Ausgleich der zunehmenden Löslichkeit des Caseins bei niedrigen Temperaturen waren die Zugabe von Calcium sowie eine Verschiebung des pH-Wertes. β-Casein, das bei niedrigen Temperaturen das vorherrschende Casein-monomer in der Serumphase ist, kann mit anderen Caseinen sowohl über hydrophobe Brücken als auch über ionische Calciumbrücken wechselwirken. Aus diesem Grund wurde die Calciumkonzentration vor einer Mikrofiltration (MF) bei niedrigen Temperaturen erhöht. Die Zugabe von Calcium verringert jedoch nicht nur die Menge an löslichen Caseinmonomeren, sondern verengt auch die Ablagerungsstruktur während der Mikrofiltration und verringert somit die Filtrationsleistung.

Es wurden zwei Versuchssetups untersucht, um die Auswirkungen des Calcium-zusatzes auf die Verschiebung des Casein-Gleichgewichts von den Auswirkungen auf die Deckschichtbildung während der Mikrofiltration zu trennen. Eine Separierung von mizellarem Casein und Serumcasein wurde durch einen ultrazentrifugalen Ansatz realisiert, sodass die Auswirkung eines Calciumzusatzes auf das Caseingleichgewicht untersucht und die Zusammensetzung des Milchserums als Funktion von pH-Wert, Calciumkonzentration und Temperatur bestimmt werden konnte. Darüber hinaus wurde eine Mikrofiltration mit calciumangereicherter Magermilch durchgeführt, um den kombinierten Effekt eines Calciumzusatzes auf das Caseingleichgewicht und die Deckschichtbildung zu erhalten. Somit konnte eine Verschiebung der Protein-Protein-Wechselwirkungen mit den Auswirkungen eines Calciumzusatzes auf die Filtrationseffizienz zusammengeführt werden und das Optimierungspotenzial eines Calciumzusatzes auf die Mikrofiltration von Milch bei niedrigen Temperaturen ermittelt werden.

Die wichtigste Erkenntnis hinsichtlich der Optimierungsansätze basierend auf einer Veränderung der Zusammensetzung war, dass ein Calciumzusatz zur Verringerung der Caseinpermeation bei der Mikrofiltration von Milch bei niedrigen Temperaturen eingesetzt werden kann. Nach Überschreiten einer kritischen Konzentration von 1 mM zugesetztem Calcium nimmt jedoch neben der Caseinpermeation auch die Molkenproteinkonzentration im Permeat ab, und nach Überschreiten der Zugabe von 5 mM Calcium sinkt ebenso der Flux. Der Vergleich der Caseinkonzentration im Permeat mit der Zusammensetzung des Ultrazentrifugalüberstandes ermöglichte die Bestimmung der Serumcaseinpermeation als Funktion des zugesetzten Calciums. Es konnte gezeigt werden, dass die verringerte Caseinpermeation nach Calciumzugabe primär auf eine verringerte Serumcaseinkonzentration und nur zu einem geringen Prozentsatz auf eine Veränderung der Deckschicht zurückzuführen ist. Darüber hinaus konnte bei beiden Versuchsanordnungen gezeigt werden, dass die Verstärkung der ionischen Wechselwirkungen zu der verringerten Serumcaseinkonzentration führt und dass der reduzierte pH-Wert infolge einer Calciumanreicherung nur einen geringen Einfluss hatte. Eine Bestimmung der Reduktion der Serumcaseinpermeation und Caseinkonzentration im Ultrazentrifugalüberstand in Abhängigkeit von Calciumzugabe und Temperatur ergab zudem einen Grenzwert. Demzufolge konnte festgestellt werden, dass das Casein-Gleichgewicht entweder durch hydrophobe oder ionische Wechselwirkungen beeinflusst werden kann und dass eine gewisse Casein-Konzentration trotz Calcium-Zugabe in der löslichen Phase verbleibt.

Neben der Zugabe von Calcium kann das Gleichgewicht durch eine Erhöhung der Prozesstemperatur in Richtung Assoziation von Caseinmonomeren in mizellaren Strukturen

verschoben werden. So kann die erhöhte Serumkaseinkonzentration bei niedrigen Temperaturen durch eine zeitkritische Kombination eines Vorwärmschritts und einer Mikrofiltration bei niedrigen Temperaturen reduziert werden. Dies ist darauf zurückzuführen, dass die temperaturbedingte Verschiebung von β-Casein zwischen der Serum- und der mizellaren Phase ein Diffusionsprozess ist. Die Diffusion von Caseinmonomeren in die Mizellen ist bei höheren Temperaturen schneller als die Diffusion aus den Mizellen bei niedrigeren Temperaturen. Um die Effizienz der Frak-tionierung bei niedrigen Temperaturen zu verbessern, wurde dieser temperaturabhängige Diffusionsprozess mit dem Mikrofiltrationsprozess bei niedrigen Temperaturen zusammengeführt. Darüber hinaus wurde dieser Ansatz auch mit der Calciumanreicherung von Magermilch kombiniert.

Die Anwendung eines Vorwärmschritts vor der Mikrofiltration bei niedrigen Temperaturen zeigte, dass es möglich ist, die Serumkaseinkonzentration deutlich zu senken, ohne den Flux oder die Permeation von Molkenprotein zu verringern. Somit wurde neben der Zugabe von Calcium ein zweiter Ansatz ermittelt, mit dem die Reinheit des Molkenproteins bei niedrigen Temperaturen erhöht werden kann, ohne den Molkenprotein-Massenstrom zu verringern. Die Kombination einer Calciumanreicherung mit einem Vorwärmschritt führte jedoch nicht zu einer weiteren Verringerung der Caseinpermeation. Dennoch konnte nach der Zugabe von 10 mM Calcium eine weniger ausgeprägte Verringerung des Fluxes und der Molkenproteinpermeation festgestellt werden, was auf die Komplexierung von Calcium während der Vorerhitzung und damit auf den Rückgang der Wirkung des überschüssigen Calciums auf die Veränderung der Deckschicht zurückzuführen ist. Obwohl der Einfluss von überschüssigem Calcium durch einen Vorheizschritt reduziert werden kann, war die Filtrationsleistung im Vergleich zu einem Prozess mit Vorheizschritt ohne Calciumzusatz geringer.

Um die Auswirkungen der Deckschichtbildung und -abtragung auf die Leistung der Mikrofiltration von Milch bei niedrigen Temperaturen zu bestimmen, wurde zum einen der Einfluss der Wechselwirkung zwischen den abgelagerten Proteinen, hauptsächlich Casein, und dem Selektivschichtmaterial der keramischen Mehrkanalmembranen untersucht. Es konnte gezeigt werden, dass ein Selektivschichtmaterial mit einer engen Porengrößenverteilung zu einem hohen Flux führt. Bei Materialien mit einer breiteren Porengrößenverteilung hingegen wurde der Flux reduziert und nahm nach Überschreiten eines kritischen Fluxwertes in Abhängigkeit von einem steigenden Transmembrandruck ab. Dieser Rückgang des Fluxes wurde als druckbedingter Effekt und nicht als zeitabhängiger Effekt identifiziert. Selektivschichtmaterialien mit einer breiteren Porengrößenverteilung führen zu einem ausgeprägteren Fouling in der inneren Struktur des Membranmaterials, das verglichen mit einem deckschichtdominierten Fouling einen höheren Einfluss auf den Filtrationswiderstand hat. Darüber hinaus wurde die anfängliche Membranladung durch eine basische oder saure Vorbehandlung vor der MF beeinflusst. Hinsichtlich des Fluxes führte eine Laugenvorbehandlung zu einer verbesserten Filtrationsleistung aufgrund einer abstoßenden Wechselwirkung mit Proteinen, die sich zu Beginn der Filtration ablagern. Die Wirkung einer Vorbehandlung konnte über die gesamte Filtrationsdauer von 220 Minuten beobachtet werden.

Darüber hinaus wurde der Einfluss des Transmembrandrucks und der Wandschubspannung untersucht. Eine Erhöhung der angewandten Wandschubspannung erhöhte die Abtragungskräfte auf die Deckschicht und steigerte somit den Flux und den Molkenproteinmassenstrom. Des Weiteren wurde die Reversibilität der Deckschichtbildung sowie die

initiale Deckschichtbildung durch Anwendung von Trans-membrandruck- und Wandschubspannungsrampen von niedrigen zu hohen zu niedrigen sowie von hohen zu niedrigen zu hohen Werten untersucht. Auf Grundlage dessen konnten fundamentale Erkenntnisse über die Deckschichtbildung und -veränderung gewonnen und somit Prozessbedingungen ermittelt werden, die zur Verbesserung der Filtrationsleistung eingesetzt werden können.

Im Hinblick auf die Filtrationsleistung bei niedrigen Temperaturen konnte gezeigt werden, dass der höchste angelegte Transmembrandruck den Aufbau der Ablagerungsschicht irreversibel beeinflusst. Um die Deckschichtbildung zu reduzieren und damit den Flux zu erhöhen, kann die Wandschubspannung erhöht werden. Es konnte gezeigt werden, dass mit zunehmender Wandschubspannung der limitierende Flux ansteigt. Bei einer bestimmten Wandschubspannung führte eine weitere Erhöhung jedoch zu einer Verringerung des limitierenden Fluxes: dieser nahm als Funktion der Wandschubspannung ab, bis ein Flux erreicht war, der sich bei einer weiteren Erhöhung der Wandschubspannung nicht mehr veränderte. Der Fluxabfall nach Über-schreiten eines maximalen Wertes könnte auf einen Klassifizierungseffekt von abgelagerten Proteinen zurückgeführt werden und somit auf eine veränderte intrinsische Struktur der Deckschicht. Bei niedrigen Filtrationstemperaturen kann eine Erhöhung der Wandschubspannung appliziert werden, um den limitierenden Flux und damit den potenziellen Proteinmassenstrom zu erhöhen. Jedoch sollte eine spezifische Wandschubspannung von ca. 131 Pa nicht überschritten werden, um den oben genannten Fluxabfall zu vermeiden.

Abschließend konnte bestimmt werden, dass eine Absenkung der Filtrationstemperatur von 55 °C auf 10 °C die mögliche Filtrationszeit von 7 h auf 24 h erhöht. Damit ist es möglich, die Anzahl der Reinigungszyklen von 796 bei 55 °C auf 312 bei 10 °C zu reduzieren.

Resümierend kann festgestellt werden, dass die Mikrofiltration bei niedrigen Temperaturen im Vergleich zu hohen Temperaturen durch die Anwendung der oben genannten Maßnahmen deutlich wettbewerbsfähiger gemacht werden kann. Wenn jedoch die mikrobielle Qualität nicht berücksichtigt wird, ist die Fraktionierung bei hohen Temperaturen weiterhin eine konkurrenzfähige Produktionsweise.

Aus dieser Arbeit hervorgegangene Publikationen:

1. Schiffer, S, Hartinger, M, Matyssek, A, Kulozik, U: On the reversibility of structural chan¬ges in deposited milk protein layers on crossflow ceramic microfiltration membranes upon mode of adjustment of transmembrane pressure and wall shear stress at low temperature. Separation Purif Technol, 247, 16962, 2020

2. Schiffer, S, Kulozik, U: Effect of temperature-dependent bacterial growth during milk protein fractionation by means of 0.1 µM microfiltration on the length of possible production cycle times. Membranes, 10 (11) 326, 2020

3. Schiffer, S, Matyssek, A, Hartinger, M, Bolduan, P, Mund, P, Kulozik, U: Influence of selective layer properties of ceramic multi-channel microfiltration membranes on the milk protein fractionation. Separation Purif Technol, 259, 118050, 2021

4. Schiffer, S, Vannieuwenhuyse, L, Susianto, C, Hartinger, M, Kulozik, U: Influence of pH and calcium concentration on milk protein fractionation by 0.1 µm-microfiltration

at low temperatures. Int Dairy J, 105048, 2021

5. Schiffer, S, Scheidler, E, Kiefer, T, Kulozik, U: Effect of temperature, added calcium and variation of pH on the equilibrium of caseins between micellar state and milk serum between 6 – 20°C. Foods, 10 (4) 1149184, 2021

6. Schiffer, S, Adekunle, BT, Hartinger, M, Kulozik, U: Effect of pre-heating prior to low temperature 0.1 µm-microfiltration of milk on casein-whey protein fractionation. Foods, 10 (5) 1090, 2021

Optimierung der Deckschichtbildung und ihrer Struktur bei verschiedenen Prozessbedingungen und unterschiedlichen Membransystemen am Beispiel der Mikrofiltration von Biopolymeren

Roland Schopf (Zusammenfassung der Dissertation, eingereicht zur Prüfung)

Bei druckgetriebenen Trenn- und Konzentrationsprozessen wie die Filtration von Biopolymeren ist Fouling ein zentrales Problem, welche die Membranleistung in Bezug auf Durchfluss, Proteintransmission und Stofftransport über die Membran verringert. Das Phänomen des Foulings ist jedoch noch nicht vollständig verstanden. Ziel der Arbeit war, das Phänomen des Foulings durch zurückgehaltene Proteine bei der Milchproteinfraktionierung hinsichtlich der Deckschichtbildung unter variierenden Prozessbedingungen zu untersuchen sowie die Struktur der längenabhängigen Deckschicht in Korrelation zur Zusammensetzung und Menge der abgelagerten Proteine zu charakterisieren.

Zur Feststellung der Trennleistung und zur effektiven Kontrolle der Deckschicht wurden Hohlfasermembranen (HFM) als alternatives Membransystem im Vergleich zu Spiralwickelmembranen (SWM) und keramischen Mehrrohrkanalmembranen (CTM) zur Milchproteintrennung eingesetzt. HFM bieten die Vorteile einer besseren Deckschichtkontrolle durch freie Strömungsquerschnitte bei geringem Druckverlust über die Membranlänge (Δp_L), wie es bei CTM der Fall ist, und eine hohe Packungsdichte wie bei SWM. Daher lautet die Hypothese, dass die Variation der lokalen Druck- und Strömungsbedingungen in HFM einen größeren Einfluss auf den Flux und die Transmission hat, was zu einer höheren Fraktionierungseffizienz im Vergleich zu CTM und SWM führen sollte. Der Schwerpunkt dieser Arbeit lag auf der Untersuchung der Bildung und Untersuchung der Struktur der Deckschicht unter verschiedenen Prozessbedingungen, um die Milchproteinfraktionierung durch die effektive Steuerung der Deckschichtbildung zu optimieren, die dann auf alle Membransysteme angewendet werden kann.

Noch nicht vollständig kann die Bildung und die Struktur der Deckschicht unter verschiedenen Prozessbedingungen erklärt werden. Das Hauptproblem dabei ist, dass die meisten Analysetechniken *ex situ*-Messungen sind, die die Filtration stoppen und die Ablagerungsschicht zerstören, um die Deckschichtzusammensetzung zu analysieren. Dabei wird jedoch nicht berücksichtigt, dass der vorherrschende Druck einen entscheidenden Einfluss auf die Bildung und die Struktur der Deckschicht hat, welche gerade mit diesen Techniken untersucht werden soll. Zu diesem Zweck wurde die Magnetresonanztomographie (MRT) als neuartige Methode zur Beobachtung der Depotschicht eingesetzt, um erstmals die Höhe und Dichte der Depotschicht, die sich während der Filtration von Milch auf HFM bildet, *in situ*, nicht-invasiv und zerstörungsfrei sowie räumlich aufgelöst zu visualisieren (Abb. *1*1).

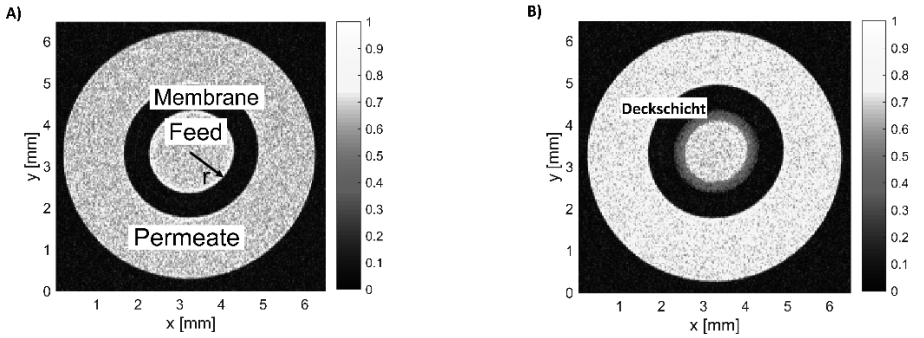


Abb. 1: MRT-Querschnittsbilder. A) HFM vor der Mikrofiltration mit Magermilch. B) HFM während der Mikrofiltration mit Magermilch (t = 150 min); Roter Kreis visualisiert die Casein-haltige Deckschicht (modifiziert nach (Schopf et al. 2020)).

Diese Methode wurde angewandt, um die strukturellen Informationen mit der Proteinmenge und der Position der Ablagerungsschicht zu korrelieren. Dabei wurde das Fouling in keramischen HFM während der Milchproteinfraktionierung mit zeitabhängiger Visualisierung und Berechnung der Ablagerungshöhe charakterisiert. Um ein besseres wissenschaftliches Verständnis der lokalen Filtration, der Deckschichtbildung und des Fouling-Mechanismus zu erlangen, wurde eine Korrelation zwischen dem zeitabhängigen Fouling und den integralen Filtrationsparametern in Bezug auf den Druck und die Filtrationstemperatur durchgeführt. Die gewonnene Ablagerungsschichthöhe wurde dann mit der Menge und Zusammensetzung der abgelagerten Proteine mittels RP-HPLC korreliert (Abb. *22*).

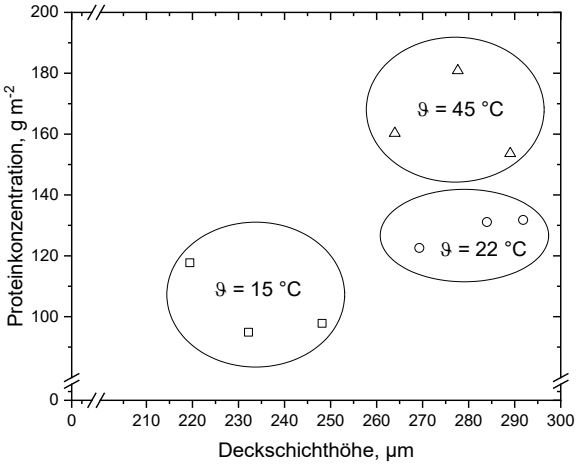


Abb. 2: Gesamtproteinkonzentration als Funktion der Deckschichthöhe für unterschiedliche Filtrationstemperaturen (modifiziert nach (Schopf et al. 2020)).

Wie sich jedoch herausstellte, war die Auflösungsfähigkeit der MRT Technik unzureichend, um die Deckschichthöhe bzw. ihrer Struktur unter Querstromfiltrationsbedingungen zu bestimmen. Nichtsdestoweniger konnten Erkenntnisse zum Potential und den Limitationen der MRT-Technik unter dead-end Filtrationsbedingungen ermittelt werden, wo die Deckschichthöhe ausreichend war.

Bei der Mikrofiltration treten räumliche Effekte entlang der Membranlänge auf, die einen

großen Einfluss auf die Filtrationsleistung sowie auf die Struktur und Bildung von Deckschichten haben. Längenabhängige Effekte auf die Filtration bei HFM sind bisher nicht untersucht worden. Obwohl die zu erwartenden räumlichen Effekte bei HFM die gleichen sind wie bei CTM und SWM, können sie aufgrund der unterschiedlichen Druck- und Strömungsverhältnisse in Hohlfasern nicht direkt übertragen werden. Da die Permeatseite von HFM wegen des Faserbündels nicht so einfach geschnitten werden kann wie bei CTM und SWM, muss eine neue Methode erforscht werden, um die längenabhängigen Effekte bei HFM zu messen und zugänglich zu machen. HFM-Module bieten jedoch den Vorteil, dass sie in Bezug auf die Modullänge flexibler hergestellt werden können als SWM und CTM. Um die längenabhängigen Effekte in HFM bestimmen zu können, wurde analog zu CTM eine Reihenschaltung von 30 cm langen Modulen entwickelt, deren Gesamtlänge einem industrieüblichen Modul von 1,2 m entspricht (vergleiche Abb. *3*3).

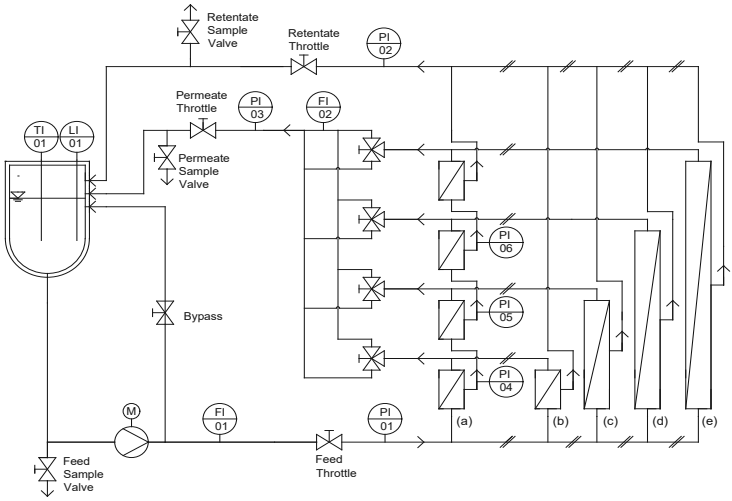


Abb. 3: Vereinfachtes Rohrleitungs- und Instrumentierungsdiagramm der Pilotanlage für verschiedene HFM-Module: (a) Reihenschaltung (4 x 0,3 m), (b) 0,3 m, (c) 0,6 m, (d) 0,9 m, und (e) 1,2 m Faserlänge (modifiziert nach (Schopf et al. 2021a)).

Die räumliche Verteilung des Fluxes und der Molkenproteintransmission entlang des Fließweges als Funktion des transmembranen Drucks (Δp_{TM}) und des Feed-Volumenstroms wurde mit HFM-Modulen unterschiedlicher Länge untersucht, um die optimalen Prozessbedingungen in Bezug auf Δp_{TM}, Δp_L, Querstromgeschwindigkeit, Flux, Molkenproteintransmission und Modullänge zu ermitteln. Es wurden Membranmodule entwickelt, um die Längeneffekte während der Milchproteinfraktionierung in HFM zu analysieren und zu kontrollieren.

Die Aufteilung der HFM-Module erfolgte durch eine Reihenschaltung von vier Modulen mit einer Länge von jeweils 30 cm, um eine HFM-Modullänge von 1,2 m zu erhalten (Abb. 3). Der hintere Teil des Moduls, die letzten beiden Abschnitte, hatte die beste Filtrationsleistung in Bezug auf den höchsten Molkenproteinmassenstrom zu niedrigem Δp_{TM} (Abb. *4*4B). Je länger die Fasern sind, desto höher ist Δp_L, was zu einem hohen Δp_{TM} und damit zu einer stärkeren Ablagerung führt (Abb. *4*4A); je kürzer die Fasern sind, desto höher ist der Flux, was die Bildung von Ablagerungsschichten reduziert, aber auch die Membranfläche verringert sich. Daher konnte ein Δp_{TM} bei 0,5 bar und einer Membranlänge von 0,6 m als das Optimum im Hinblick auf die höchste Molkenproteinübertragung identifizieren werden.

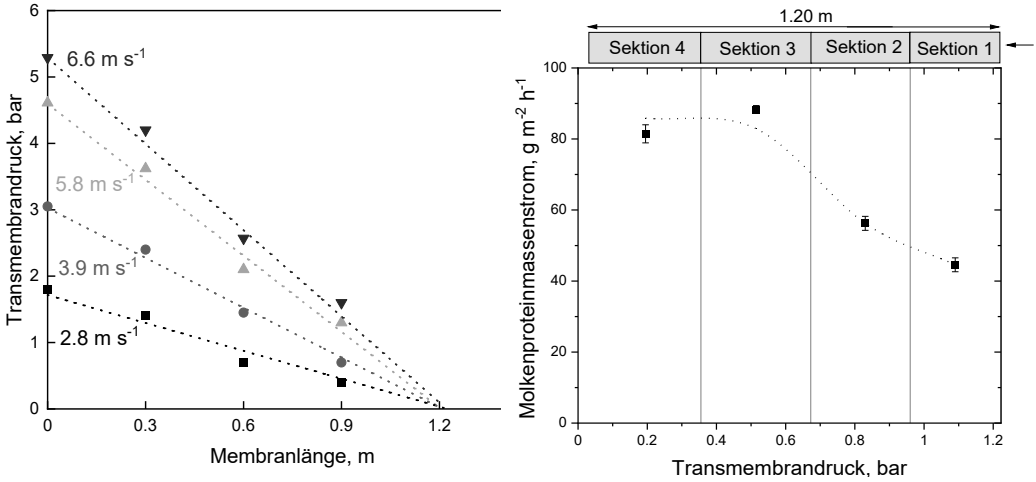


Abb. 4: A) Transmembrandruck als Funktion der HFM-Länge. B) Molkenprotein-Massenstrom pro Modul als Funktion des Transmembrandrucks für sektionierte HFM in Reihe (Schopf et al. 2021a)).

Basierend auf den Erkenntnissen der Deckschichtbildung können die gleichen Auswirkungen bei HFM sowie bei CTM und SWM erwartet werden. HFM bietet jedoch die Vorteile einer besseren Deckschichtkontrolle durch freie Querschnitte und weniger Δp_L wie CTM und einer hohe Packungsdichte bei niedrigen Herstellungskosten wie SWM. Daher lautet die Hypothese, dass die Variation der lokalen Druck- und Strömungsbedingungen einen größeren Einfluss auf den Molkenproteinmassenstrom pro Modul der HFM hat, was zu einer höheren Fraktionierungseffizienz im Vergleich zu CTM und SWM führt.

Die vergleichende Bewertung von HFM-, CTM- und SWM-Modulsystemen wurde mit Standardmodulen in Industriegröße durchgeführt, die in Bezug auf Moduldurchmesser und -länge die gleichen Abmessungen und Modulgrundflächen aufwiesen. Der Δp_{TM} wurde zum einen bei einem konstanten Feed-Volumenstrom von 20 m^3 h^{-1} und zum anderen bei einem konstanten Δp_L von 1,3 bar m^{-1} variiert. Flux, Molkenproteintransmission und Molkenproteinmassenstrom wurden analysiert (Abb. *555*) und mit der Packungsdichte der Module korreliert. Außerdem wurde das Verhältnis von Casein zu Molkenprotein berechnet, um ein Bewertungskriterium für die Effizienz der Fraktionierung zu erhalten.

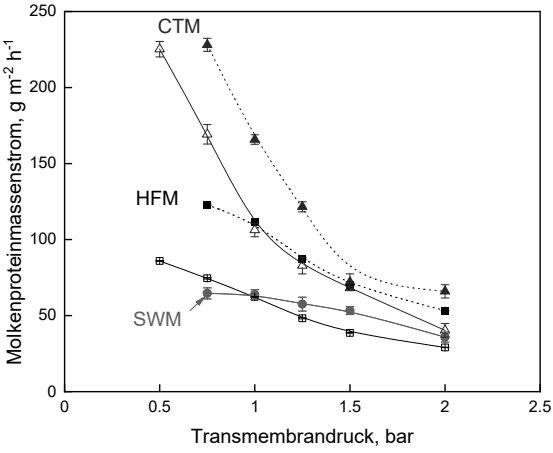


Abb. 55: Molkenproteinmassenstrom als Funktion des Transmembrandrucks für SWM (•), CTM (△ τ_w = 76 Pa; ▲ τ_w = 127 Pa) und HFM (□ τ_w = 23 Pa; ■ τ_w = 48 Pa) (Schopf et al. 2021b)).

Die Ergebnisse zeigten, dass mit zunehmender Membranfläche eine effektivere Fraktionierung pro Modul erreicht werden konnte. Je niedriger der Δp_L, desto höher die Querstromgeschwindigkeit und desto besser konnte die Bildung von Ablagerungen kontrolliert werden. Je niedriger der Δp_{TM}, desto weniger intensiv und poröser war die Ablagerungsschicht. HFM-Module bieten eine hohe Querstromgeschwindigkeit und ein niedrigen Δp_L. Daher kann die Deckschichtbildung besser kontrolliert werden, was zu einer höheren Flux-Leistung im Vergleich zu SWM führt. Darüber hinaus bietet HFM eine höhere Packungsdichte, was zu einem höheren Molkenproteinmassenstrom pro Modul im Vergleich zu CTM führt.

Basierend auf diesen Erkenntnissen wurden für die Vorkonzentration und den Diafiltrations (DF)-Prozess optimale Prozessbedingungen für den industriellen Maßstab ermittelt. Ziel war es, die Effizienz der Fraktionierung in Abhängigkeit von der Vorkonzentration des Einsatzmaterials vor Beginn des DF-Prozesses zu untersuchen. Δp_L und Δp_{TM} wurden variiert, um die Auswirkungen einer erhöhten Feed-Proteinkonzentration auf die Deckschichtbildung und -struktur aufzuklären. Zwei Arten von Filtrationsprotokollen für die Vorkonzentration in Bezug auf Flux, Transmission, Molkenproteinmassenstrom und Zeit, die erforderlich ist, um einen DF-Schritt zu erhalten, wurden verglichen: eine Konzentration mit konstantem Δp_L im Vergleich zu einer Konzentration mit konstantem Feed-Volumenstrom. Die optimalen Prozessbedingungen wurden bei einem Δp_{TM} von 0,5 bar, einem Δp_L von 1,0 bar m^{-1} und einem Konzentrationsfaktor (CF) von 2,5 ermittelt (Abb. 66A).

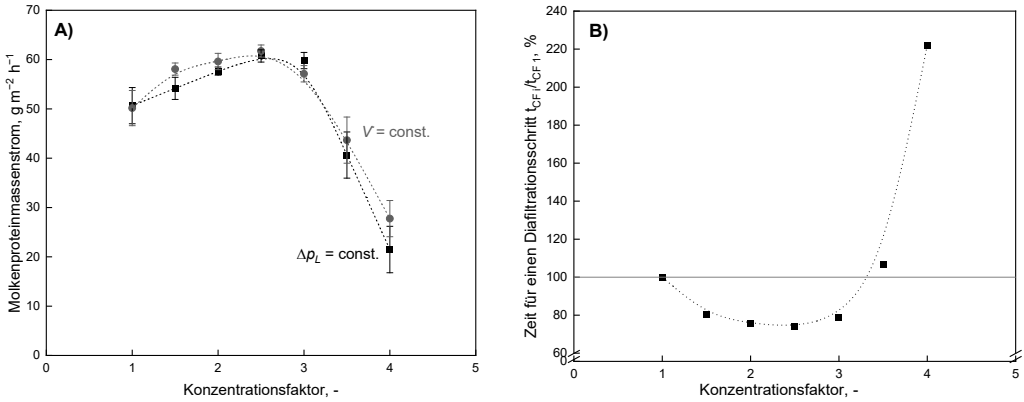


Abb. 6: A) Molkenproteinmassenstrom beim minimal einstellbaren Transmembrandruck als Funktion des Konzentrationsfaktors für (■) einen konstanten Druckabfall von 1,0 bar m^{-1} und (●) einen konstanten Zufuhrvolumenstrom von 23,8 m^3 h^{-1} B) Zeit für einen Diafiltrationsschritt in Abhängigkeit vom Konzentrationsfaktor bei 0,5 bar und einem Druckabfall von 1,0 bar m^{-1} (Schopf und Kulozik 2021)).

Bei der Verwendung von Ultrafiltrations-Permeat als DF-Medium für den Transfer der Molkenproteine in das Permeat konnte gezeigt werden, dass bereits beim Vorkonzentrieren auf CF 3 80% des Molkenproteins nach 2,5 DF-Schritten abgereichert werden konnten. Die Menge des DF-Mediums sowie die Filtrationszeit konnten bei der Durchführung eines DF-Prozesses unter Verwendung von HFM im Vergleich zu SWM und CTM reduziert werden (vergleiche Abb. *6*B). Aufgrund der wirksamen Dechschichtkontrolle können HFM-Systeme mit Konzentrationen betrieben werden, die 47 % bzw. 25 % höher sind als bei SWM- bzw. CTM-Systemen. Insbesondere würde die Verwendung von HFM-Modulen anstelle von SWM oder CTM zu einer Volumenreduzierung von 19 % bzw. 10 % führen.

CTM könnte auch mit einem kleineren Kanaldurchmesser hergestellt werden, um einen geringeren Kanaldurchmesser zu erreichen, was den Permeat-Volumenstrom und die Packungsdichte von CTM-Modulen wie bei HFM-Modulen erhöhen würde. Allerdings wird der Permeatfluss je nach Kanalposition einen unterschiedlichen Widerstand zum äußeren Rand des Elements haben. Es wird erwartet, dass dies den Flux, den advektiven Transport von Proteinen zur Membran und damit die Deckschichtbildung beeinflusst. Daher war die Hypothese, dass aufgrund der unterschiedlichen Druck- und Strömungsbedingungen zwischen den inneren und äußeren Kanälen, CTM mit höherer Kanalzahl bessere Leistungen in Bezug auf Flux und Molkenproteinübertragung erbringen würden.

Es wurden CTM mit 1-, 7-, 19- und 37-Kanälen mit demselben Außendurchmesser verglichen, um denselben Modul-Footprint als Bewertungskriterium zu erhalten. Der Flux und die Molkenproteintransmission wurden analysiert. Die Ergebnisse zeigten, dass der Permeat-Volumenstrom und die Molkenprotein-Transmission umso höher sind, je höher die Anzahl der Kanäle ist. Insbesondere bei hohem Δp_{TM} konnte bei CTM mit hoher Kanalzahl eine signifikant höhere Molkenproteintransmission festgestellt werden (Abb. *7:*7).

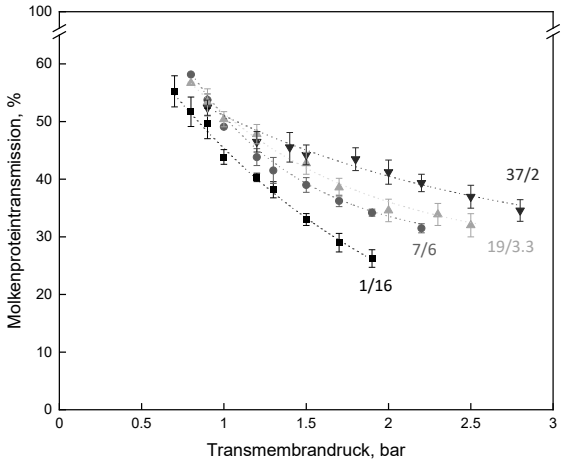


Abb. 7: Molkenproteintransmission als Funktion des Transmembrandrucks für CTM (Anzahl der Kanäle/ Innendurchmesser der Kanäle) (modifiziert nach (Schopf et al. 2022)).

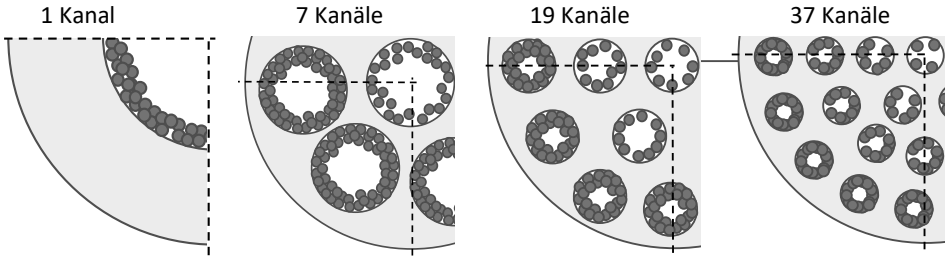


Abb. 8: Schematische Darstellung des axialen Profils von Mehrkanalmembranen und der inhomogenen Deckschichtbildung in Abhängigkeit von der Anzahl der Kanäle und ihrer Lage in Mehrkanalmembranen (modifiziert nach (Schopf et al. 2022)).

Es wird vermutet, dass der höhere Gegendruck auf der Permeatseite im Innenkanal den Flux reduziert und somit zu einer weniger ausgeprägten Deckschichtbildung führt. Dies wiederum reduziert den Retentionseffekt der Deckschicht und erhöht die Molkenproteintransmission.

Die inneren Kanäle tragen mehr zur Gesamttransmission bei als der äußere Kanal. Folglich war die 37-Kanal-Membran bei hohem Δp_{TM} in Bezug auf den spezifischen Fluss und die Molkenproteintransmission besser als Membranen mit einer geringeren Kanalzahl, da sich in den inneren Kanälen weniger Ablagerungen bildeten (Abb. *8*8). Dies verhält sich anders bei HFM Modulen. Gebündelte Fasern in großen HFM-Modulen unterscheiden sich nicht in Bezug auf den Gegendruck und Δp_{TM}. Sie können also direkt über den Permeatdruck gesteuert werden. Daher kann die Deckschichtstruktur und ihrer Bildung aufgrund der offenen Querschnitte und des homogenen Gegendrucks auf der Permeatseite wirksam entgegengesteuert werden.

Zusammenfassend lässt sich sagen, dass die Deckschichtbildung und ihre Struktur während der Mikrofiltration für alle gängige Membrantypen weiter aufgeklärt werden konnte. HFM-Module stellen eine leistungsfähige Alternative zu bisher etablierten Modultypen für die Milchproteinfraktionierung dar. Die Wahl des Membranmoduls hängt von der Leistung der Membranen sowie von den wirtschaftlichen Kosten für Anschaffung, Herstellung und Wartung, von der Modulgröße und von den Betriebskosten im Hinblick auf

die Wahl der Prozessparameter ab.

Literatur:

Schopf, Roland; Desch, Felix; Schmitz, Ramona; Arar, Dilara; Kulozik, Ulrich (2022): Effect of flow channel number in multi-channel tubular ceramic microfiltration membranes on flux and small protein transmission in milk protein fractionation. Journal of Membrane Science 644, 120153.

Schopf, Roland; Kulozik, Ulrich (2021): Impact of feed concentration on milk protein fractionation by hollow fiber microfiltration membranes in diafiltration mode. Separation and Purification Technology 276, 119278.

Schopf, Roland; Schmidt, Florian; Kulozik, Ulrich (2021a): Impact of hollow fiber membrane length on the milk protein fractionation. Journal of Membrane Science 620, 118834.

Schopf, Roland; Schmidt, Florian; Linner, Johanna; Kulozik, Ulrich (2021b): Comparative Assessment of Tubular Ceramic, Spiral Wound, and Hollow Fiber Membrane Microfiltration Module Systems for Milk Protein Fractionation. Foods 10 (4) 692.

Schopf, Roland; Schork, Nicolas; Amling, Estelle; Nirschl, Hermann; Guthausen, Gisela; Kulozik, Ulrich (2020): Structural Characterisation of Deposit Layer during Milk Protein Microfiltration by Means of In-Situ MRI and Compositional Analysis. Membranes 10 (4) 620.

Dank:

Dieses IGF-Vorhaben des Forschungskreises der Ernährungsindustrie e.V. (FEI) 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. AiF 10 EWN

Das Zusammenspiel von unsteten Strömungsmustern, Deckschichteigenschaften und Prozessbedingungen bei der Crossflow-Mikrofiltration

Maria Weinberger

Crossflow-Mikrofiltration ist eine Grundoperation, die als Verfahren in der Herstellung und Verarbeitung von flüssigen Lebensmitteln, Biopharmazeutika sowie in der Abwasserbehandlung nicht mehr wegzudenken ist. Trotz ihrer ökonomischen Bedeutung ist die Problematik der Deckschichtbildung, welche die Prozesseffizienz von Mikrofiltrationsprozessen beeinträchtigt, bisher nicht zufriedenstellend gelöst. Eine Methode zur Reduktion der Deckschichtbildung stellt die Anwendung von unsteten Strömungen, welche Turbulenzen und Strömungsinstabilitäten verursachen, dar. Für Ein-Komponenten-Modellsysteme wurde die positive Wirkung von pulsierender und alternierender Strömung bereits gezeigt. Allerdings gibt es bisher keine ausreichende Datengrundlage, um die Anwendbarkeit dieser deckschichtreduzierenden Maßnahme im konkreten Anwendungsfall beurteilen zu können. Auf Basis zweier konkreter Anwendungsfälle, die einen Feed mit komplexer Zusammensetzung beinhalten, wurde die Rolle der Deckschichteigenschaften auf die Effizienz von pulsierender und alternierender Überströmung als foulingreduzierende Maßnahme untersucht.

Der erste konkrete Anwendungsfall ist die Fraktionierung von Milchproteinen aus Magermilch, wobei die globulären Molkenproteine von den mizellar organisierten Caseinen getrennt werden. Die zurückgehaltenen Caseine bilden hier eine stark quervernetzte Deckschicht aus, welche zudem auch noch stark kompressibel ist [1]. Einzelne abgelagerte Mizellen können daher auch durch die Turbulenzen, welche eine pulsierende Überströmung verursacht, nicht aus dem Verbund der Deckschicht herausgelöst und abgetragen werden. Die Druckschwankungen, welche mit der Pulsation der Feedströmung einhergehen, führen zwar kurzzeitig zu einer Entspannung der Casein-Schicht. Langfristig führt die zyklische Entspannung und Komprimierung jedoch zu einer erhöhten Packungsdichte und somit zu einer insgesamt schlechteren Prozessperformance [2].

Im zweiten Anwendungsfall wurde die Separation von Proteinen und Zellen untersucht, welche bei der Aufreinigung eines biotechnologisch hergestellten Proteins von seiner Wirtszelle durchgeführt werden muss. Exemplarisch wurden hierbei bovines Serumalbumin als Modellprotein und *Saccharomyces cerevisiae* Zellen als Modellzellen verwendet. Es hat sich gezeigt, dass aufgrund der starken Reversibilität der Ablagerungen aus Hefezellen, unstete Überströmung im Vergleich zu stetiger Strömung einen positiven Einfluss auf die resultierende Deckschichtbildung hat. Allerdings sind diese wiederum stark von den vorherrschenden Prozessbedingungen abhängig. Bei hohen Überströmungsgeschwindigkeiten im turbulenten Strömungsregime können die Fluidinstabilitäten keinen weiteren Abtrag durch Turbulenzen erzeugen. Allerdings spielt hier der Transmembrandruck eine entscheidende Rolle. Bei hohem Transmembrandruck entsteht durch die zyklisch variierende Überströmung auch eine zyklische Schwankung des Transmembrandrucks, welche eine Lockerung und Rekompaktierung der Deckschicht zur Folge hat. Im Gegensatz zum ersten Anwendungsfall hat diese druckinduzierte Veränderung jedoch einen positiven Effekt auf die Prozesseffizienz, da in der Phase der Lockerung die reversibel abgelagerten Zellen so weit aufgelockert werden, dass sie von der turbulenten Strömung abgetragen werden können. Bei niedrigem maximalen Transmembrandruck ist die Kompaktierung der abgelagerten Zellen insgesamt niedriger, weswegen die Druckpulsationen auch einen geringeren bis vernachlässigbaren Effekt auf die Prozesseffizienz haben [3, 4]. Bei niedrigen Überströmgeschwindigkeiten hingegen trägt die laminare Grundströmung weniger zum Abtrag von abgelagerten Partikeln ab, wodurch die Turbulenzen induziert durch unstete Strömungsprofile einen maßgeblichen Effekt auf den Deckschichtabtrag haben.

Zusammenfassend lässt sich also sagen, dass vor der Anwendung pulsierender oder alternierender Strömung als foulingreduzierende Maßnahme zunächst die deckschichtbildenden Komponenten sowie die ausgebildete Deckschicht hinsichtlich ihrer Reversibilität beurteilt werden muss. Darüber hinaus ist die optimale Prozessführung bei stetiger Überströmung heranzuziehen, um abschätzen zu können in welchem Ausmaß und basierend auf welchen Mechanismen das Fouling durch pulsierende oder alternierende Überströmung reduziert werden kann.

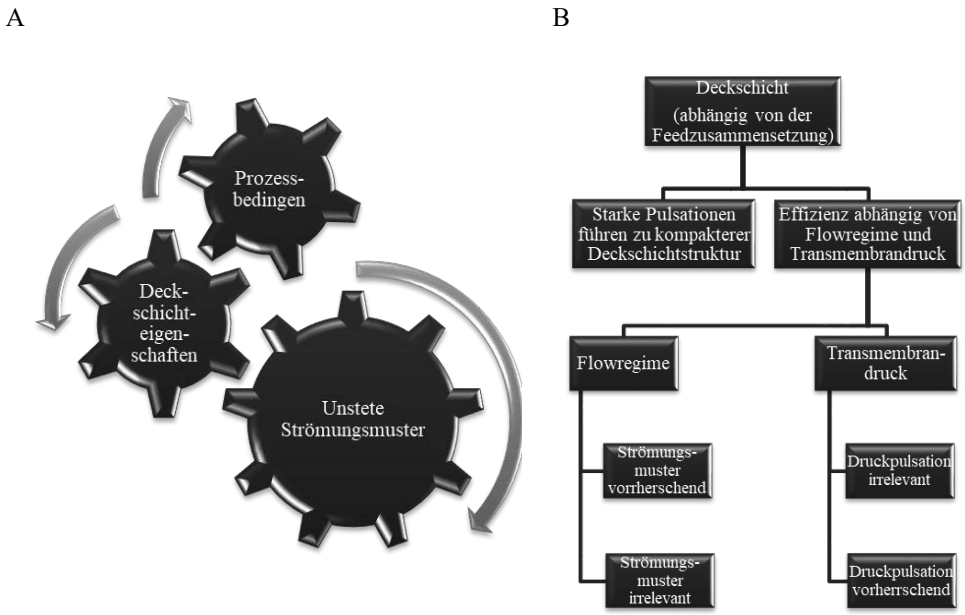


Abb. 1: (A) Schematische Darstellung des Zusammenspiels von unsteten Strömungsmustern, Deckschichteigenschaften und Prozessbedingungen bei der Crossflow-Mikrofiltration. (B) Übersicht über die gefundenen Zusammenhänge zwischen den in (A) dargestellten Komponenten.

Abb. 1: (A) Schematische Darstellung des Zusammenspiels von unsteten Strömungsmustern, Deckschichteigenschaften und Prozessbedingungen bei der Crossflow-Mikrofiltration. (B) Übersicht über die gefundenen Zusammenhänge zwischen den in (A) dargestellten Komponenten.

Literatur:

[1] M. E. Weinberger, D. J. Andlinger, and U. Kulozik, "A novel approach for characterisation of stabilising bonds in milk protein deposit layers on microfiltration membranes," International Dairy Journal, vol. 118, p. 105044, 2021/07/01/ 2021

[2] M. E. Weinberger and U. Kulozik, "Effect of low-frequency pulsatile crossflow microfiltration on flux and protein transmission in milk protein fractionation," Separation Science and Technology, vol. 56, no. 6, pp. 1112-1127, 2021/04/13 2021

[3] M. E. Weinberger and U. Kulozik, "Pulsatile crossflow improves microfiltration fractionation of cells and proteins," Journal of Membrane Science, vol. 629, p. 119295, 2021/07/01/ 2021

[4] M. E. Weinberger and U. Kulozik, "On the effect of flow reversal during crossflow microfiltration of a cell and protein mixture," *Food and Bioproducts Processing,* vol. 129, pp. 24-33, 2021/07/10/ 2021

Dank:

Dieses IGF-Vorhaben (AiF 31 EWN) des Forschungskreises der Ernährungsindustrie e.V.

(FEI) wurde über die AiF im Rahmen des Programms zur Förderung der Industriellen Gemeinschaftsforschung (IGF) vom Bundesministerium für Wirtschaft und Klimaschutz aufgrund eines Beschlusses des Deutschen Bundestages gefördert.

Dissertationen, Master- und Bachelorarbeiten

Dissertationen

Hartinger, Martin: Milk protein fractionation by spiral-wound membranes – Optimization of process and module design, 12.02.2021

Kleemann, Christian: Aerogels as a carrier system for sensitive substances – Protein based microcapsules with extreme inner adsorptive surfaces, 18.03.2021

Zhuang, Yu: A New Route for Analyzing of Casein/Hydrocolloids Interaction and Formation of Casein-based Microparticles, 15.10.2021

Masterarbeiten

Dohm, Lina: Einsatz pulsierender und alternierender Strömung beim Cleaning-in-place (CIP) von Membranen. Application of pulsating and alternating flow for cleaning-in-place (CIP) of membranes

Kirschberger, Corinna: Entwicklung eines neuen skalierbaren Chromatographie-Verfahrens zur Isolation therapeutischer Antikörper

Krishna Kumar, Sowmya: Application of transglutaminase treated casein micelles in fresh cheese production. Hochschulschrift. Technische Universität München, Freising Weihenstephan. Lehrstuhl für Lebensmittel und Bio-Prozesstechnik

Pertler, Veronika: Visualisierung der inhomogenen Temperaturverteilung in der mikrowellenunterstützten Gefriertrocknung

Picker, Sebastian: Einfluss der Formulierung, Produktform und Einfrierrate auf eine mikrowellenunterstütze Gefriertrocknung von zuckerhaltigen Schäumen zur Herstellung lagerstabiler Enzympräparate

Schmidt, Florian: Mikropartikulierung von Erbsenprotein am Extruder

Bachelorarbeiten

Al-Kayid, Khaled: Einfluss der Fraktionierung von Erbsenproteinen auf die Gelbildung und Mikropartikulierung

Bollwein, Julian: Einfluss von Prozesstemperatur und Leistung in der mikrowellenunterstützten Gefriertrocknung

Galler, Anna-Sophia: Einfluss der Salzkonzentration auf die Inhomogenität in der mikrowellenunterstützten Gefriertrocknung

Huss, Renate: Einfluss des pH-Wertes auf die Emulgiereigenschaften zentrifugal abgetrennter Eigelbfraktionen

Mertens, Johannes: Mikropartikulierung von Erbsenprotein: Einfluss von Extraktionsmethode, Scherrate, pH und Prozesstemperatur

Mitrofan, Ioan-Lucian: Charakterisierung nativer und thermisch denaturierter Eigelbfraktionen bei variierendem pH-Wert und Salzgehalt und deren Schaumbildungsverhalten

Niedermeier, Sebastian: Technologie und Biotechnologie der Lebensmittel Einfluss der Prozessparameter auf die Inhomogenität der mikrowellenunterstützten Gefriertrocknung

Picolotto, Laura Soldera: Einfluss des pH-Wertes auf die Emulgiereigenschaften rekombinierter Eigelbfraktionen

Posada, Nicolas: Compressibility analysis and filtration characterization in dead-end mode of yeast cell suspensions

Rampp, Lena: Hybrid gels from whey and potato protein isolate: characterization of viscoelasticity and protein interactions

Roppelt, Rimma: Textureigenschaften und Serumbindung säureinduzierter Gele aus Caseinkonzentrat: Einfluss des Anteils von modifiziertem Protein und Transglutaminase

Schoch, Luis: Alternierende Crossflow-Filtration - Hydrodynamische Charakterisierung und Optimierung zweier verschiedener Strömungskonzepte

Timmer, Sandrina: Einfluss von dynamischer Hochdruckbehandlung und enzymatischer Quervernetzung auf die Eigenschaften von mizellarem Casein

Tran, Thomas: Einsatz pulsierender Strömung beim Cleaning-in- place (CIP) von Membranen

Vorträge

DECHEMA Jahrestreffen der ProcessNet Fachgruppen Extraktion und Membrantechnik 04.-05-02.2021 (Online)

Kulozik, Ulrich: Fraktionieren komplexer Stoffsysteme in der Lebensmittel- und Biotechnologie mittels Membrantrenntechnik – Optionen zum Optimieren von Flux und Stoffdurchgang. Warum Fraktionieren?

Kürzl, Christian: Einsatz pulsierender Strömung für die Membranreinigung

Schopf, Roland: Vergleich von Mehrkanalrohr,- Spiralwickel- und Hohlfasermembran für die Milchproteinfraktionierung

International NDRI Webinar on Advances in Applications of Membrane Processing in Dairy and Food Industry, 17.02.2021

Kulozik, Ulrich: Advances in understanding and mitigating effects of deposit formation on membranes in dairy technology

DECHEMA Jahrestreffen der ProcessNet Fachgruppen Lebensmittelverfahrenstechnik, Mischvorgänge, Grenzflächenbestimmte Systeme und Prozesse, 11.-12.03.2021 (Online)

Smirnova, Irina; Kulozik, Ulrich: Edible aerogels: Promising materials for food industry?

Schopf, Roland: Einfluss der Geometrie von Mehrrohrkanalmembranen auf die Milchproteinfraktionierung mittels Mikrofiltration

Weihenstephaner Milchwirtschaftliche Herbsttagung, 07.-08.10.2021, Freising

Kalinke, Isabel: Einfluss der Prozessführung auf die Produktinhomogenität in der mikrowellenunterstützten Gefriertrocknung

Kulozik, Ulrich: Milchtechnologie und Lebensmittelverfahrenstechnik 1923–1974-2021: Errungenschaften und Perspektive

Kürzl, Christian: Einsatz pulsierender Strömung bei der Membranreinigung

Reiter, Marius: Technologische Optionen zur gezielten Beeinflussung kolloidaler und struktureller Eigenschaften von Caseinmizellen

Reitmaier, Michael: Strukturierung von Caseinlösungen mittels Direktsäuerung mit Sauermolkenpermeat

Schiffer, Simon: Optimierung der Milchproteinfraktionierung mittels stofflicher Ansätze

Schopf, Roland: Milchproteinfraktionierung im Diafiltrationsprozess mit Hohlfasermembranen

Posterpräsentationen

DECHEMA Jahrestreffen der ProcessNet Fachgruppen Lebensmittelverfahrenstechnik, Mischvorgänge, Grenzflächenbestimmte Systeme und Prozesse, 11.-12.03.2021 (Online)

Warncke, Malou: Einfluss von Temperatur und Hochdruckhomogenisierung auf die Löslichkeit und das rheologische Verhalten von rekonstituierten Milchproteinkonzentraten unterschiedlicher Zusammensetzung

Veröffentlichungen

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

Peer review-Verfahren

1. Andlinger, David J.; Bornkeßel, Alina C; Jung, Isabella; Schroeter, Baldur; Smirnova, Irina; Kulozik, Ulrich (2021): Microstructures of potato protein hydrogels and aerogels produced by thermal crosslinking and supercritical drying. Food Hydrocolloids 112, S. 106305.

2. Andlinger, David J.; Rampp, Lena; Tanger, Caren; Kulozik, Ulrich (2021): Viscoelasticity and Protein Interactions of Hybrid Gels Produced from Potato and Whey Protein Isolates. In: ACS Food Sci. Technol. 1 (7), 1304–1315.

3. Andlinger, David J.; Röscheisen, Pauline; Hengst, Claudia; Kulozik, Ulrich (2021): Influence of pH, Temperature and Protease Inhibitors on Kinetics and Mechanism of Thermally Induced Aggregation of Potato Proteins. Foods 10 (4), 796.

4. Fischer, Nikolas; Kieferle, Ingrun; Kulozik, Ulrich; Germann, Nathalie (2021): Three-dimensional numerical investigation of the displacement of shear-thinning milk protein concentrates in spacer-filled channel. Journal of Food Engineering 296, 110459.

5. Haindl, Regina; Engel, Julia; Kulozik, Ulrich (2021): Establishment of an In Vitro System of the Human Intestinal Microbiota: Effect of Cultivation Conditions and Influence of Three Donor Stool Samples. In: Microorganisms 9 (5), 1049.

6. Haindl, Regina; Schick, Simon; Kulozik, Ulrich (2021): Influence of Cultivation pH on Composition, Diversity, and Metabolic Production in an In Vitro Human Intestinal Microbiota. Fermentation 7 (3), S. 156.

7. Haller, Nicole; Greßlinger, Andreas Stefan; Kulozik, Ulrich (2021): Separation of aggregated β-lactoglobulin with optimised yield in a decanter centrifuge. International Dairy Journal 114, 104918.

8. Haller, Nicole; Maier, Isabel; Kulozik, Ulrich (2021): Molecular Analytical Assessment of Thermally Precipitated α-Lactalbumin after Resolubilization. Foods 10 (9), 2231.

9. Heidebrecht, Hans-Jürgen; Lagkouvardos, Ilias; Reitmeier, Sandra; Hengst, Claudia; Kulozik, Ulrich; Pfaffl, Michael W. (2021): Alteration of Intestinal Microbiome of Clostridioides difficile-Infected Hamsters during the Treatment with Specific Cow Antibodies. Antibiotics 10 (6), 724.

10. Keppler, Julia K.; Heyse, Anja; Scheidler, Eva; Uttinger, Maximilian J.; Fitzner, Laura; Jandt, Uwe et al. (2021): Towards recombinantly produced milk proteins: Physicochemical and emulsifying properties of engineered whey protein beta-lactoglobulin variants. Food Hydrocolloids 110, 106132.

11. Kieferle, I.; Kulozik, Ulrich (2021): Importance of process conditions in the displacement of protein concentrates from spiral-wound membrane modules. Food and Bioproducts Processing 126, 51–61.

12. Kubbutat, Peter; Kulozik, Ulrich (2021): Interactions of sugar alcohol, di-saccharides and polysaccharides with polysorbate 80 as surfactant in the stabilization of foams. Colloids and Surfaces A: Physicochemical and Engineering Aspects 616, 126349.

13. Kubbutat, Peter; Kulozik, Ulrich; Dombrowski, Jannika (2021): Foam Structure

Preservation during Microwave-Assisted Vacuum Drying: Significance of Interfacial and Dielectric Properties of the Bulk Phase of Foams from Polysorbate 80–Maltodextrin Dispersions. Foods 10 (6), 1163.

14. Kubbutat, Peter; Kulozik, Ulrich; Dombrowski, Jannika (2021): Influence of interfacial characteristics and dielectric properties on foam structure preservation during microwave-assisted vacuum drying of whey protein isolate-maltodextrin dispersions. Journal of Food Engineering 308, 110691.

15. Kurz, Franziska; Dombrowski, Jannika; Matyssek, Andreas; Hartinger, Martin; Kulozik, Ulrich (2021): Technofunctionality of β-Lg and β-Lg Nanosized Particles at Air/Water and Oil/Water Interfaces as a Function of Structural and Surface Characteristics. ACS Food Sci. Technol. 1 (11), 2152–2161.

16. Kurz, Franziska; Reitberger, Vera; Hengst, Claudia; Bilke-Krause, Christine; Kulozik, Ulrich; Dombrowski, Jannika (2021): Correlation between Physico-Chemical Characteristics of Particulated β-Lactoglobulin and Its Behavior at Air/Water and Oil/Water Interfaces. Foods 10 (6), 1426.

17. Mao, Yuhong; Fan, Rong; Li, Renkuan; Ye, Xiuyun; Kulozik, Ulrich (2021): Flow-through enzymatic reactors using polymer monoliths: From motivation to application. Electrophoresis, 2599–2614.

18. Muuronen, Klaus; Partanen, Riitta; Heidebrecht, Hans-Jürgen; Kulozik, Ulrich (2021): Effects of conventional processing methods on whey proteins in production of native whey powder. International Dairy Journal 116, 104959.

19. Reitmaier, Michael; Bachmann, Inez; Heidebrecht, Hans-Jürgen; Kulozik, Ulrich (2021): Effect of changes in ionic composition induced by different diafiltration media on deposited layer properties and separation efficiency in milk protein fractionation by microfiltration. International Dairy Journal 120, 105089.

20. Schiffer, Simon; Adekunle, Bello Teslim; Matyssek, Andreas; Hartinger, Martin; Kulozik, Ulrich (2021): Effect of Pre-Heating Prior to Low Temperature 0.1 µm-Microfiltration of Milk on Casein–Whey Protein Fractionation. Foods 10 (5), 1090.

21. Schiffer, Simon; Scheidler, Eva; Kiefer, Tim; Kulozik, Ulrich (2021): Effect of Temperature, Added Calcium and pH on the Equilibrium of Caseins between Micellar State and Milk Serum. Foods 10 (4), 822.

22. Schiffer, Simon; Vannieuwenhuyse, Lara; Susianto, Chrisanty; Hartinger, Martin; Kulozik, Ulrich (2021): Influence of pH and calcium concentration on milk protein fractionation by 0.1 µm microfiltration at low temperatures. International Dairy Journal 118, 105048.

23. Schopf, Roland; Kulozik, Ulrich (2021): Impact of feed concentration on milk protein fractionation by hollow fiber microfiltration membranes in diafiltration mode. Separation and Purification Technology 276, 119278.

24. Schopf, Roland; Schmidt, Florian; Kulozik, Ulrich (2021): Impact of hollow fiber membrane length on the milk protein fractionation. Journal of Membrane

Science 620, 118834.

25. Schopf, Roland; Schmidt, Florian; Linner, Johanna; Kulozik, Ulrich (2021): Comparative Assessment of Tubular Ceramic, Spiral Wound, and Hollow Fiber Membrane Microfiltration Module Systems for Milk Protein Fractionation. Foods, 10 (4).

26. Stier, Philipp; Kulozik, Ulrich (2021): Submerged Bioreactor Production of Geobacillus stearothermophilus ATCC 7953 Spores for Use as Bioindicators to Validate Hydrogen Peroxide Inactivation Processes. Methods and Proticols 4 (3), 63

27. Stier, Philipp; Maul, Sabrina; Kulozik, Ulrich (2021): Effect of sporulation conditions following solid-state cultivation on the resistance of Geobacillus stearothermophilus spores for use as bioindicators testing inactivation by H_2O_2. LWT 151, 112078.

28. Taghian Dinani, Somayeh; Feldmann, Eugen; Kulozik, Ulrich (2021): Effect of heating by solid-state microwave technology at fixed frequencies or by frequency sweep loops on heating profiles in model food samples. Food and Bioproducts Processing 127, 328–337.

29. Taghian Dinani, Somayeh; Jenn, Alina; Kulozik, Ulrich (2021): Effect of Vertical and Horizontal Sample Orientations on Uniformity of Microwave Heating Produced by Magnetron and Solid-State Generators. Foods 10 (9), 1986.

30. Tanger, Caren; Andlinger, David J.; Brümmer-Rolf, Annette; Engel, Julia; Kulozik, Ulrich (2021): Quantification of protein-protein interactions in highly denatured whey and potato protein gels. MethodsX, 8, 101243.

31. Tanger, Caren; Quintana Ramos, Paola; Kulozik, Ulrich (2021): Comparative Assessment of Thermal Aggregation of Whey, Potato, and Pea Protein under Shear Stress for Microparticulation. ACS Food Sci. Technol. 1 (5), 975–985.

32. Tanger, Caren; Schmidt, Florian; Utz, Florian; Kreissl, Johanna; Dawid, Corinna; Kulozik, Ulrich (2021): Pea protein microparticulation using extrusion cooking: Influence of extrusion parameters and drying on microparticle characteristics and sensory by application in a model milk dessert. Innovative Food Science & Emerging Technologies 74, 102851.

33. Utz, Florian; Kreissl, Johanna; Stark, Timo D.; Schmid, Christian; Tanger, Caren; Kulozik, Ulrich et al. (2021): Sensomics-Assisted Flavor Decoding of Dairy Model Systems and Flavor Reconstitution Experiments. Journal of Agricultural and Food Chemistry 69 (23), 6588–6600.

34. Vollmer, Almut H.; Kieferle, Ingrun; Pusl, Alexandra; Kulozik, Ulrich (2021): Effect of pentasodium triphosphate concentration on physicochemical properties, microstructure, and formation of casein fibrils in model processed cheese. Journal of Dairy Science 104 (11), 11442–11456.

35. Vollmer, Almut H.; Kieferle, Ingrun; Youssef, Nabil N.; Kulozik, Ulrich (2021): Mechanisms of structure formation underlying the creaming reaction in a pro-

cessed cheese model system as revealed by light and transmission electron microscopy. Journal of Dairy Science, 104 (9), 9505-9520.

36. Warncke, Malou; Keienburg, Sonja; Kulozik, Ulrich (2021): Cold-Renneted Milk Powders for Cheese Production: Impact of Casein/Whey Protein Ratio and Heat on the Gelling Behavior of Reconstituted Rennet Gels and on the Survival Rate of Integrated Lactic Acid Bacteria. Foods, 10 (7) 1606.

37. Warncke, Malou; Kulozik, Ulrich (2021): Functionality of MC88- and MPC85-Enriched Skim Milk: Impact of Shear Conditions in Rotor/Stator Systems and High-Pressure Homogenizers on Powder Solubility and Rennet Gelation Behavior. Foods 10 (6), 1361.

38. Weinberger, Maria E.; Andlinger, David J.; Kulozik, Ulrich (2021): A novel approach for characterisation of stabilising bonds in milk protein deposit layers on microfiltration membranes. International Dairy Journal 118, 105044.

39. Weinberger, Maria E.; Kulozik, Ulrich (2021): Effect of low-frequency pulsatile crossflow microfiltration on flux and protein transmission in milk protein fractionation. Separation Science and Technology 56 (6), 1112–1127.

40. Weinberger, Maria E.; Kulozik, Ulrich (2021): On the effect of flow reversal during crossflow microfiltration of a cell and protein mixture. Food and Bioproducts Processing 129, 24–33.

41. Weinberger, Maria E.; Kulozik, Ulrich (2021): Pulsatile crossflow improves microfiltration fractionation of cells and proteins. Journal of Membrane Science 629, 119295.

Non Peer review-Verfahren

1. Heidebrecht, Hans-Jürgen; Förster, Beatrix; Kulozik, Ulrich: Natürlicher Bioreaktor Kuh – Isolation von Kuh-Antikörpern zur Behandlung von Hautinfektionen, GIT Labor-Fachzeitschrift S. 18-20, 1-2/2021

2. Öczelik, Mine; Kulozik, Ulrich: Schaumige Versuchungen, DLG-Lebensmittel, S 28-29, 06/2021

Book chapter

Kelly, Phil; Bertsch, Rainer; Brazzale, Piercristiano; Kulozik, Ulrich; Marx, Melanie; Fenelon, Mark (2022):

Sustainable Processing: Energy Conservation in Dairy Processing. Unter Mitarbeit von U. Kulozik und M. Marx. 3. Aufl.: Elsevier (Encyclopedia of Dairy Sciences)

Peer review-Verfahren (2022, bereits akzeptiert, z.T. online verfügbar)

1. Andlinger, D, Schlemmer, L, Jung, I, Schroeter, B, Smirnova, I, Kulozik, U: Hydro- and aerogels from ethanolic potato and whey protein solutions: Influence of temperature and ethanol concentration on viscoelastic properties, protein interactions and microstructure. Food Hydrocolloids, 125 (7) 107424, 2022

2. Andlinger, DA, Schrempel, U, Hengst, C, Kulozik, U: Heat-induced aggregation kinetics of potato protein investigated by reversed phase high pressure liquid chromatography. Food Chemistry, in press, 2022

3. Gmach, O, Golda, J, Kulozik, U: Effect of freeze-thaw treatment on emulsions stabilized by native and enzymatically treated egg yolk fractions at various freezing rates, frozen storage time and milieu conditions. Food Hydrocolloids, 123, 107109, 2022

4. Haindl, R, Totzauer, L, Kulozik, U: Preservation by lyophilization of an in-vitro human intestinal microbiota: Influence of the cultivation pH on the drying outcome and re-establishment ability. Microbial Biotechnology, 214007, 2022

5. Honecker, J, Ruschke, S, Seeliger, C, Laber, S, Strobel, S, Pröll, P, Nellaker, C, Lindgren, C, Kulozik, U, Ecker, J, Karampinos, D, Claussnitzer, M, Hauner, H: Transcriptome and fatty-acid signatures of adipocyte hypertrophy and its non-invasive MR-based characterization in human adipose tissue, eBioMedicine-The Lancet, 10.1101/2021.11.20.468818, 2022

6. Kalinke, I, Kubbutat, P, Thagian Dinani, S, Ambros, S, Oczelik, M, Kulozik, U: Critical assessment of methods for measurement of temperature profiles and heat load history in microwave heating processes. Compr Rev Food Sci Technol Food Safety, CRF3-2021-0432.R4, 2022

7. Kürzl, C, Wohlschläger, H, Schiffer, S, Kulozik, U: Concentration, purification and quantification of milk protein residues using SPE and RP-HPLC in diluted aqueous solutions following cleaning processes. MethodsX, 9, 101695, 2022

8. Rafe, A, Glikman, D, García Rey, N, Haller, N, Kulozik, U, Braunschweig, B. Structure-property relations of β-lactoglobulin/κ-carrageenan mixtures in aqueous foam. Colloids Surfaces A: Physico-Chem Eng Aspects, 640, 128267, 2022

9. Rafe, A, Selahbarzin, S, Kulozik, U, Hesarinejad, M: Dilatational rheology-property relationships of β-lactoglobulin /high methoxyl pectin mixtures in aqueous foams. Food Hydrocolloids, 130, 107683, 2022

10. Reiter, M, Reitmaier, M, Kulozik, U: Effect of calcium and chelatant addition on casein micelle structure and composition in relation to casein concentration, Int Dairy J, 130, 105365, 2022

11. Reitmaier, M, Kulozik, U: Compositional analysis of dairy co-product streams and assessment of their applicability as diafiltration media. Int J Dairy Technol, im Druck, 2022

12. Schopf, R, Desch, F, Schmitz, R, Arar, D, Kulozik, U: Effect of flow channel number in multi-channel tubular ceramic microfiltration membranes on flux and small protein transmission in milk protein fractionation. J Membrane Sci, 644, 120153, 2022

13. Tanger, C, Müller, M, Andlinger, D, Kulozik, U: Influence of pH and ionic strength on the thermal gelation behaviour of pea protein. Food Hydrocolloids, 123, 106903, 2022

14. Tanger, C, Mertens, J, Kulozik, U: Influence of extraction method on aggregation of pea protein during thermo-mechanical treatment. Food Hydrocolloids, 127, 107514, 2022

15. Tanger, C, Utz, F, Spaccasassi, A, Kreissl, J, Dawid, C, Dombrowski, J, Kulozik, U: Influence pea and potato protein microparticles as fat replacer on texture and sensory properties in a model milk dessert. ACS Food Sci Technol, *2* (1) 169-179, 2022

16. Utz, F, Spaccasassi, A, Kreissl, J, Tanger, C, Kulozik, U, Hofmann, T, Dawid, C: Sensomics-assisted aroma decoding of pea protein isolates (Pisum sativum L.). Foods, 11 (3) 412, 2022

17. Warncke, M, Kieferle, I, Nguyen, TM, Kulozik, U: Impact of heat treatment, casein/whey protein ratio and protein concentration on rheological properties of milk protein concentrates used for cheese production. J Food Eng, 312, 110745, 2022

18. Weinberger, ME, Kulozik, U: Understanding the fouling mitigation mechanisms of alternating crossflow during cell-protein fractionation by microfiltration. Food Bioproducts Proc, 131, 136-143, 2022

Technologietransfer

Organisation von wissenschaftlichen Veranstaltungen

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

Projektausschusssitzungen zu den Vorhaben Nr. 1-6 in nachstehender Liste aktiver Forschungsvorhaben.

Im Berichtszeitraum aktive, geförderte Forschungsvorhaben

Öffentlich geförderte Vorhaben

1. Entwicklung neuer Konzepte zur Optimierung von Struktur und Sensorik fettreduzierter Lebensmittel durch Proteinfunktionalisierung und molekular-sensorische Methoden, 01.07. 2018–30.04.2021

2. Separate Komponentenbehandlung als innovative Prozessführungsstrategie für die Strukturierung proteinbasierter Produkte am Beispiel extrudierter Produkte auf Soja- und Milchproteinbasis, 01.09.2018–28.02.2021

3. Gewinnung cholesterin-abgereicherter Eigelbfraktionen und innovative Ansätze zur Produktgestaltung, 01.01.2019–31.07.2021

4. Energieeffiziente und produktschonende Erhitzungs- und Trocknungsverfahren für Lebensmittel durch Einsatz neuartiger Mikrowellentechnologie (NEWWAVE), 01.03.2018–31.07.2021

5. Alternierende Strömung bei der CIP-Reinigung, 01.06.2020 – 31.08.2022

6. Schnelle und produktschonende Erwärmung und Gefriertrocknung von Lebensmitteln und biogenen Wirkstoffen mittels Solid-State-Mikrowellengeneratoren. 01.12.2021– 31.05.2024

Anderweitig finanzierte Forschungsprojekte:

Technologische Optionen zur Funktionalitätssteigerung der Caseinfraktion für die Herstellung gesäuerter Milchproteingele, 01.04.2018–31.03.2021

Zusammenarbeit mit wissenschaftlichen Expertengremien und Organisationen bzw. Mitarbeit in Hochschulgremien

Prof. Ulrich Kulozik

- Subject-Editor des Journal of Food and Bioproducts Processing
- Mitglied im Editorial Board der Zeitschriften Int. Dairy Journal (IDJ) und Food Science and Technology (LWT)
- International Dairy Federation, Mitglied im Standing Committee of Dairy Science and Technology
- Berufenes Mitglied in der International Academy of Food Science and Technology (IAFoST)
- Berufenes Mitglied im Wissenschaftlichen Beirat des Forschungskreises der Ernährungsindustrie e.V. (FEI)
- Mitglied im Wissenschaftlichen Beirat des Milchindustrieverbandes (MIV) e.V.
- Berufenes Mitglied in den ProcessNet-Arbeitsausschüssen „Membrantechnik“ und „Lebensmittelverfahrenstechnik“
- Gewählter Gutachter der Allianz Industrie Forschung (AIF) "Otto von Guericke" e.V. zur Evaluierung von Forschungsanträgen an das BM für Wirtschaft und Technologie (BMWi)
- Geschäftsführer der Vereinigung zur Förderung der Milchwissenschaftlichen Forschung an der TUM in Freising-Weihenstephan e.V.

Marius Reiter, David Andlinger

Prüfstelle für milchwirtschaftliche Maschinen und Anlagen zur Eignungsfeststellung von Prozessanlagen für das sichere Herstellen von Milchprodukten, in Kooperation mit den leitenden Veterinären, Amtsingenieuren und Technischen Sachverständigen der Bundesländer

Philipp Stier

Mitglied und Fachvertreter des Lehrstuhls im Arbeitskreis "Schnittstellenproblematik bei Aseptikanlagen" des Verbandes Deutscher Maschinen- und Anlagenbauer (VDMA), Frankfurt/Main

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

Adresse

Geschäftsführung:
Eva Guyot & Verena Pannusch

Vorstand:
Prof. Dr. Horst-Christian Langowski

Weihenstephaner Berg 1
85354 Freising-Weihenstephan
Telefon: 08161-71-2507
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 1925 Mitgliedern (Stand 01.01.2022). Im Geschäftsjahr 2021 konnten wir 4 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 20,00 EUR im Jahr.

Neuentwicklungen bei den Verbandsverantwortlichen

Im Jahr 2021 endete die Wahlperiode der Vorstandsmitglieder Herr Dr.-Ing. Besner, Frau Fiedler und Frau Dr. Wenning. Alle drei Vorstandsmitglieder wurden für die nachfolgende Wahlperiode wiedergewählt. Herr Gaigl musste aus gesundheitlichen Gründen sein Amt als Kassenprüfer niederlegen. Als Nachfolgerin wurde Frau Dr. Corina Jantke gewählt. Frau Maria Weinberger hat die Geschäftsführung zum 31.10. verlassen.

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. Studienbegleitende Industriepraktika
   b. Übermittlung von Stellenangeboten über einen regelmäßigen Newsletter
3. **Preise für herausragende wissenschaftliche Arbeiten**
   a. Bachelorarbeit: 500 EUR
   b. Masterarbeit: 1.000 EUR
   c. Doktorarbeit: 2.000 EUR
4. **Preis für Innovationswettbewerb Lebensmittel (IGL Food)**
   a. Preisgeld für Gewinnerteam: 2.500 EUR
   b. Präsentationsmöglichkeit bei Weihenstephaner Herbsttagung
5. **Eine Netzwerk-Plattform**
   a. Mehr als 1.900 Mitglieder (studiengangsübergreifend)
   b. Jährlich erscheinendes Mitgliederverzeichnis
   c. Jährliches Ehemaligentreffen bei der Weihenstephaner Herbsttagung
6. **Informationsaustausch zwischen Industrie und Universität**
   a. Wissenschaftlicher Jahresbericht über aktuelle Forschungsthemen
   b. Regelmäßig erscheinender Newsletter zu Stellenanzeigen und Neuigkeiten
   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, Verena Pannusch, Maria Weinberger

Herbsttagung 2021

Die traditionsreiche Weihenstephaner Milchwirtschaftliche Herbsttagung fand im Jahr 2021 am 7. und 8. Oktober statt. In Anbetracht der COVID-19-Pandemie wurde die Tagung dieses Jahr zum ersten Mal im Hybrid-Format abgehalten. Neben der Teilnahme in Präsenz war somit diesmal auch eine online-Teilnahme über Livestream möglich. Die positive Resonanz zahlreicher Mitglieder hat die Geschäftsführung dazu bewogen, dieses Format, wenn möglich, auch für kommende Tagungen beizubehalten.

Preisverleihungen für herausragende Abschlussarbeiten

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

Der mit 500 EUR dotierte Preis für die beste Bachelorarbeit ging in diesem Jahr an Frau Michaela Müller für ihre Arbeit mit dem Thema „Influence of pH and ionic strength on the gelation behaviour of pea proteins“. Frau Müller war am Lehrstuhl für Lebensmittel- und Bio-Prozesstechnik unter der Leitung von Prof. Kulozik tätig. Ihre Arbeit wurde mit der Bestnote 1,0 bewertet.

Der mit 1.000 EUR dotierte Preis für die beste Masterarbeit ging in diesem Jahr an Frau Brittany Berry für ihre Arbeit mit dem Thema „Impact of high shear processing on the functionalisation of the casein fraction as a function of micellar hydration“. Frau Berry hat ihre mit der Bestnote 1,0 bewertete Arbeit am Lehrstuhl für Lebensmittel- und Bio-Prozesstechnik unter der Leitung von Prof. Kulozik angefertigt.

Den mit 2.000 EUR dotierten Preis für die beste Doktorarbeit erhielt in diesem Jahr Frau Solange Sanahuja. Ihre Doktorarbeit trägt den Titel „Multimodal & Spectral Characterization of Complex Food Textures: Crispiness and Friction-Related Textures Explained by Mechanical, Acoustical, Tribological and Sensory Analyses“. Diese wurde von Prof. Briesen am Lehrstuhl für Systemverfahrenstechnik betreut.

Frau Brittany Berry (links, Preis für die beste Masterarbeit) und Frau Solange Sanahuja (rechts, Preis für die beste Doktorarbeit) bei der Weihenstephaner Herbsttagung 2021 (Quelle: Verband WMBL).

Preisstiftung für Innovationswettbewerb Lebensmittel (IGL Food)

Zum ersten Mal stiftete der Verband WMBL in diesem Jahr das Preisgeld für das Gewinnerteam beim Innovationswettbewerb Getränke und Lebensmittel (IGL) in der Kategorie Lebensmittel. Das Preisgeld von 2.500 EUR ging an das Team TAENG für Ihre herausragende Entwicklung einer Nudelspezialität auf Algenbasis.

IGL Food Gewinner-Team TAENG beim finalen Pitch-Event (Quelle: Facebook-Seite „Innovationswettbewerb für Getränke und Lebensmittel der TUM-Weihenstephan“).

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. Die Ehrungen derjenigen Mitglieder, die aufgrund der Pandemie im Jahr 2020 nicht geehrt werden konnten, wurden 2021 gemeinsam mit der regulären Ehrung nachgeholt.

Im Jahr 2021 waren Herr Dr. Norbert Bauer, Herr Wolfgang Heckel, Herr Berthold Hesse, Frau Ulrike Höfer, Herr Bernd Hübner, Herr Siegfried Jakob, Herr Burkhard Krausmann, Herr Robert Künzel, Frau Gisela Langhard, Herr Heribert Möslang und Herr Axel von Wardenburg bereits 40 Jahre lang Mitglieder im Verband. Herr Johann Dankesreiter, Herr Helmut Klein und Herr Prof. Dr. Alfred Schebler blicken bereits auf 50 Jahre Mitgliedschaft im Verband zurück. Herr Herbert Schuster und Herr Hansjörg Voit können sogar bereits das 60-jährige Jubiläum im Verband feiern. Besonders efreulich ist außerdem die nunmehr 70-jährige Mitgliedschaft von den Herren Josef Koch und Hermann Krämer. Wir gratulieren und bedanken uns bei allen Jubilaren ganz herzlich für ihre Unterstützung und Treue.

Deutschlandstipendium - Der Verband als Förderer

Der Verband WMBL tritt nach Beschluss der Vorstandschaft im Herbst 2016 bereits seit 2017 als Förderer im Rahmen des Deutschlandstipendiums auf. Die Stipendien kommen jeweils zur Hälfte Studierenden 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. Das Fördergeld von jeweils 3.600 EUR jährlich soll den Stipendiat*innen helfen, ihre Aktivitäten weiterhin verfolgen zu können und ihre Ziele im Studium zu erreichen. Die Fördersumme für jede*n Stipendiaten*in 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 Studierende der Lebensmitteltechnologie, der Bioprozesstechnik und der Brau- und Getränketechnologie zu fördern.

Frau Sandra Diener	Studentin des Bachelorstudiengangs Biotechnologie (HSWT)
Herr Lukas Hans	Student des Bachelorstudiengangs Technologie und Biotechnologie der Lebensmittel (TUM)
Frau Franziska Wagner	Studentin des Bachelorstudiengangs Technologie und Biotechnologie der Lebensmittel (TUM)

Der Verband WMBL gratuliert den Stipendiat*innen herzlich und wünscht weiterhin viel Erfolg im Studium.

Wenn Sie sich näher über das Fördermodell Deutschlandstipendium informieren möchten,

finden Sie weiterführende Informationen direkt auf der Website www.deutschlandstipendium.de oder Informationen über die Zusammenarbeit von Deutschlandstipendium und der Technischen Universität München unter www.tum.de.

Versammlungen und geförderte Exkursionen

Versammlungen:

Vorstandssitzung am	03.03.2021
Vorstandssitzung am	09.06.2021
Vorstandssitzung am	06.10.2021
Mitgliederversammlung am	07.10.2021

Lehrstuhlexkursionen:

Aufgrund der Corona-Pandemie fanden im Jahr 2021 leider erneut keine universitär organisierten Exkursionen statt.

Privatexkursionen:

Im Jahr 2021 wurde eine eigeninitiativ organisierte Exkursion bezuschusst. Informationen zur Förderung sowie den Förderantrag finden Sie auf der Homepage des Verbandes.

Verleihungsrichtlinien zum Preis des Verbands Weihenstephaner Milchwirtschaftler, Bio- und Lebensmitteltechnologen e.V. für Bachelorarbeiten, Masterarbeiten sowie Doktorarbeiten

Präambel

Der Verband Weihenstephaner Milchwirtschaftler, Bio- und Lebensmitteltechnologen e.V. (WMBL) ist einer der traditionsreichsten Hochschulverbände mit nahezu 2000 Mitgliedern. Das stetige Wachsen des Verbands ist eng mit den Erfolgen der Absolvent*innen der Le-bensmittelforschung in Weihenstephan verbunden. Der Verband möchte durch die Vergabe eines Preises für herausragende Studien- und Forschungsleistungen die Verbundenheit zu den Forschungsinstituten noch stärker zum Ausdruck bringen und die Studierenden dazu ermuti-gen, sich an den Einrichtungen der Lebensmittelforschung weiter zu engagieren.

Dotierung

Die Preise werden je nach Kategorie mit folgenden Beträgen honoriert:

- Bachelorarbeit: 500,00 EUR
- Masterarbeit: 1000,00 EUR
- Doktorarbeit: 2000,00 EUR

In jeder Kategorie wird jährlich jeweils ein Preis verliehen.

Auswahlkriterien

- Bei der eingereichten wissenschaftlichen Arbeit muss es sich um eine herausragende Ar-beit im Zusammenhang mit einer überdurchschnittlichen Bewertung handeln.
- Die Arbeit muss dem Themenbereich der Lebensmittelforschung zugeordnet werden kön-nen, wobei die genaue Fachrichtung offen ist.

Bewerbungsverfahren

Die Arbeit muss vom Leiter / der Leiterin des betreuenden Instituts oder Lehrstuhls nominiert werden und ist in digitaler Form (PDF) zusammen mit dem vollständig ausgefüllten Bewer-bungsformular (auch digital ausreichend) per E-Mail oder Post bei der Geschäftsstelle des Verbandes WMBL spätestens bis zum von der Geschäftsführung mitgeteilten Datum, i.d.R. Ende April, einzureichen. Das Datum der Verteidigung muss zwischen dem 1. April des Vor-jahres und dem Termin der Einreichung liegen und darf nicht schon im Vorjahr eingereicht worden sein.

Preisverleihung

Der Preis für die beste Bachelorarbeit wird bei der Absolvent*innenverabschiedung, üblicherweise Ende Juni, verliehen. Die Preise für die beste Master- und Doktorarbeit werden vom Vorstand des Verbands jährlich bei der Weihenstephaner Milch- und Lebensmittelwis-senschaftlichen Herbsttagung, üblicherweise im Oktober, verliehen. Nur der Vorstand des Verbands ist berechtigt die Preisträger*innen öffentlich bekannt zu geben.

Jury

Die Jury besteht aus 5 Professor*innen der Technischen Universität München und der Hoch-schule Weihenstephan-Triesdorf. Die Jury kontrolliert, ob die vorgeschlagenen Kandi-dat*innen den Bedingungen dieser Verleihungsrichtlinien entsprechen, prüft die eingereichten Unterlagen und benennt die Preisträger*innen. Sie ist berechtigt Beurteilungen von dritter Seite einzuholen und Kandidat*innen zur persönlichen Beurteilung einzuladen. Die Entschei-dung der Jury ist unanfechtbar. Ein Rechtsanspruch auf Zuerkennung eines Preises besteht nicht.

Bewerbungsformulare können bei der Geschäftsführung des Verbandes angefordert werden.

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

Adresse c/o Lebensmittel- und Bio-Prozesstechnik
Univ.-Prof. Dr.-Ing. Ulrich Kulozik
Weihenstephaner Berg 1, 85354 Freising
Telefon: 08161-71-4205
Telefax: 08161-71-4384
Mail: foerderverein.weihenstephan@gmx.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 Gebiet 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 Tierphysiologie und Immunologie

- Selektierung und Sequenzierung von relevanten Immunzell-Subpopulation aus Blut und Milch von Milchkühen

Lehrstuhl für Marketing und Konsumforschung

- Forschungsprojekt zum Konsumverhalten von Milch- und Milchersatzprodukten – Erwerb von Daten der Gesellschaft für Konsumforschung

Professur für Intestinal Microbiome / ZIEL Institute for Food & Health

- · Development of a new DNA-based rapid detection and profiling pipeline for industrially important microbes in dairy environments

Lehrstuhl für Lebensmittel- und Bio-Prozesstechnik

Optimierung der Qualität und Produktsicherheit beim Auftauen, Trocknen und Erhitzen von Lebensmitteln durch Einsatz neuer Mikrowellentechnologie

Eine besondere Rolle spielen in diesem Zusammenhang die öffentlichen, durch das Bundes-ministerium für Wirtschaft und Technologie (BMWi) geförderten Forschungsprojekte im Rahmen der „Industriellen Gemeinschaftsforschung (IGF)“, die über den Arbeitskreis der 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 Be- richt 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 Techno- logie- bzw. Wissensübertragung angeboten, zu denen die Mitglieder und Interessierte geson- dert eingeladen werden. Die Institute bieten jederzeit Beratung auch für unternehmensspezi- fische Fragestellungen (Technologie- bzw. Investitionsentscheidungen, Produktions- und Ab- satzoptimierung, Krisenmanagement) an.

Ferner steht die Fördervereinigung in engem Kontakt mit Industrieverbänden wie dem Milch-industrie-Verband (MIV) und dem Verband Deutscher Maschinen- und Anlagenbau e.V. (VDMA), die als Multiplikatoren wirken und Forschungsergebnisse in ihre jeweiligen Netz- werke hineintragen.

Interessierte Neumitglieder können das nachstehend abgedruckte Beitrittsformular verwenden.

**Vereinigung zur Förderung der Milchwis-
senschaftlichen 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@gmx.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 Milchwis- senschaftlichen Forschung an der TU München in Freising-Weihenstephan e.V. ab

..... und werde(n) gemäß Satzung/Beitragsordnung einen jährlichen Förderungs- beitrag von € leisten. Die Bedingungen der Mitgliedschaft sind mir (uns) aus

den mir (uns) übermittelten Satzungen der Vereinigung bekannt.

Name: .....

bzw. Firma: .....

Anschrift: .....

....., den ....….....

(Unterschrift)

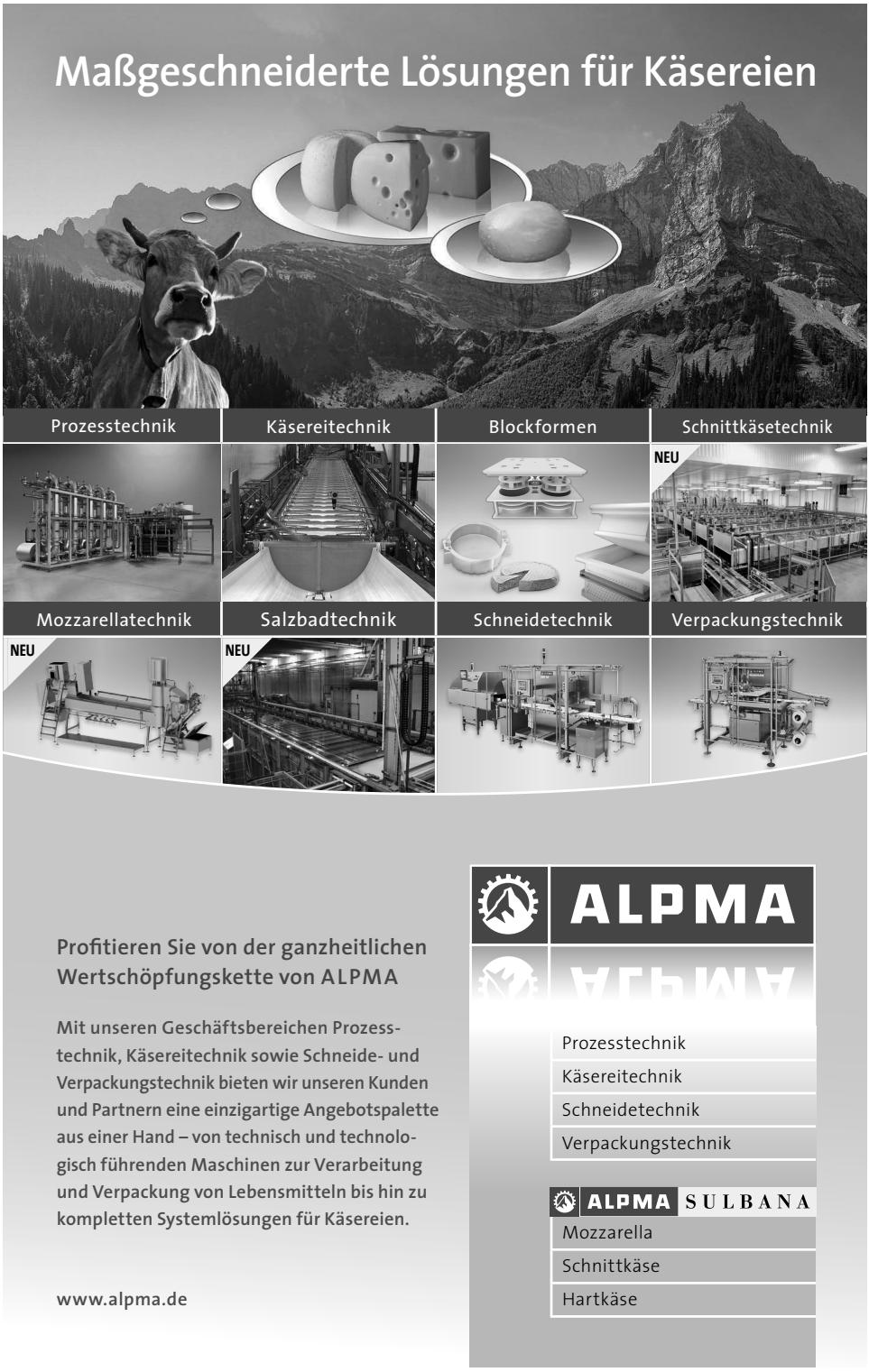
Technischer Teil

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

1. ALPMA Alpenland Maschinenbau GmbH, Rott am Inn 95
2. B&L Mediengesellschaft mbH & Co. KG, Bad Breisig 96
3. Flottweg SE 97
4. Goldsteig Käsereien Bayerwald GmbH, Cham 97
5. GQM mbH, Landshut 98
6. Handtmann 99
7. Milchindustrie-Verband e.V., Berlin 100
8. Molkerei Weihenstephan GmbH & Co. KG, Freising 101
9. Privatmolkerei Bauer GmbH & Co. KG, Wasserburg/Inn 102
10. Zentis GmbH & Co. KG, Aachen 103


Maßgeschneiderte Lösungen für Käsereien
Prozesstechnik
Käsereitechnik
Blockformen
Schnittkäsetechnik
NEU
Mozzarellatechnik
Salzbadtechnik
Schneidetechnik
Verpackungstechnik
NEU
NEU
Profitieren Sie von der ganzheitlichen Wertschöpfungskette von ALPMA
Mit unseren Geschäftsbereichen Prozesstechnik, Käsereitechnik sowie Schneide- und Verpackungstechnik bieten wir unseren Kunden und Partnern eine einzigartige Angebotspalette aus einer Hand – von technisch und technologisch führenden Maschinen zur Verarbeitung und Verpackung von Lebensmitteln bis hin zu kompletten Systemlösungen für Käsereien.
www.alpma.de
ALPMA
Prozesstechnik
Käsereitechnik
Schneidetechnik
Verpackungstechnik
ALPMA SULBANA
Mozzarella
Schnittkäse
Hartkäse

IHR MAGAZIN

FÜR UNTERNEHMERISCHEN ERFOLG

LOGISTIK VERPACKUNG UND VERPACKUNGSTECHNOLOGIE

IT & AUTOMATION

ANALYSE- UND MESSTECHNIK, QS

INGREDIENTS KÄSEREITECHNIK

ABFÜLLTECHNOLOGIE

PROZESSTECHNIK

DAS BIETET IHNEN EIN JAHRESABONNEMENT:

- Vollzugang zu allen brandaktuellen News auf moproweb.de
- E-Mail Newsletter
- Exklusiv: Marktinformationen – Spotmärkte, ZMB Marktbericht, ife Rohstoffwerte

molkerei-industrie liefert die Fakten und Informationen, die erfolgreiche Manager in der Molkereiindustrie benötigen: inhaltsreich und präzise – ohne unnötigen Ballast.

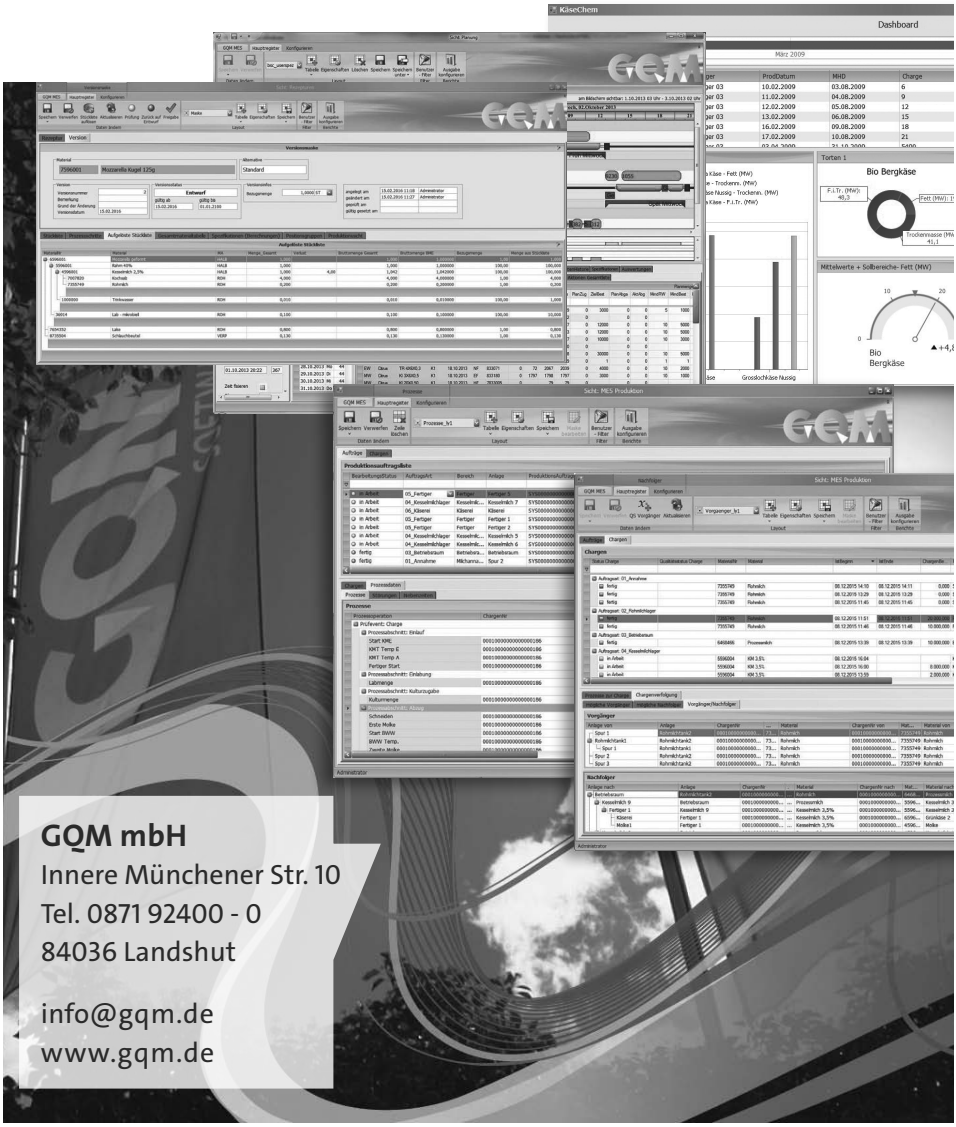
molkerei industrie

ERFOLG IST...ZUSAMMEN MEHR RAUS-ZUHOLEN.
IHRE VORTEILE MIT FLOTTWEG TRENN-TECHNIK BEI DER HERSTELLUNG VON PFLANZLICHEN MILCHALTERNATIVEN
Flottweg Zentrifugen trennen die Fasern aus dem heißen Getreidegemisch ab, um einen reinen Milchersatz zu erhalten. Die verstellbare Schälscheibe unserer Dekanterzentrifugen passt die Aufenthaltszeit und die Klärfläche des Gemischs in der Zentrifuge stetig an. Somit wird eine konstant hohe Qualität und Reinheit des Produktes erreicht.
Flottweg
Engineered For Your Success

GOLDSTEIG
KÄSESPEZIALITÄTEN
WILD UNSERE NATUR.
ECHT UNSER GESCHMACK.
Genussempfehlung
für den Frühling!
Emmentaler
Almdammer
Protinella
Mozzarella
Wilde Wälder, einzigartige Pflanzenwelt und saftige Wiesen, das ist die GOLDSTEIG Wald- & Bauernregion vom Bayerwald bis zum Böhmerwald. Das schmeckt man in allen GOLDSTEIG Käsespezialitäten – im milchigen Mozzarella, im nussig-feinen Emmentaler, im aromatisch-milden Almdammer und im Protinella mit viel Protein und wenig Kalorien. Mehr entdecken auf www.goldsteig.bayern
Ohne Anwendung von Glyphosat
Ohne Gentechnik
WALD & BAUERN REGION

GQM SOFTWARE

Digitalisierung in der Prozessindustrie
In Ihrer Branche zu Hause



GQM mbH
Innere Münchener Str. 10
Tel. 0871 92400 - 0
84036 Landshut

info@gqm.de
www.gqm.de

Produktionsplanung · Rezepturen · Produktion · QM/LIMS · LVS

Ihr Lösungspartner mit Linien- und Prozesskompetenz.

Sie haben Ideen – wir haben die passenden Lösungen. Von der Produktvorbereitung über die Füll- und Portioniertechnik bis zum Produkthandling – unsere Prozesslösungen ganz nach Ihren Bedürfnissen. Profitieren Sie dabei von unserem langjährigen Know-how, unserer prozesssicheren Technik und unserem exzellenten Service. Lassen Sie uns Ihre Ideen zu Lösungen machen.

Weitere Informationen unter: www.handtmann.de/molkerei

handtmann
Ideen mit Zukunft.

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

Seit mehr als 100 Jahren vertritt der MIV die Interessen der Milchindustrie
Der MIV repräsentiert mit rund 80 Mitgliedsunternehmen beinahe die gesamte Molkereiwirtschaft in Deutschland. Als zentraler Ansprechpartner der Branche führt der MIV einen offenen Dialog und ist Interessenvertreter und Dienstleister auf regionaler, nationaler, europäischer und internationaler Ebene. Tätigkeitsfelder sind u.a. Agrarpolitik, Marktordnung und Wirtschaft, rechtliche Fragestellungen und Qualität, auch Sozial- und Tarifpolitik sowie Außenhandel, Umwelt oder Logistik.

Milchwissenschaft und -forschung: die Chance für Milchindustrie und Wissenschaft
Die Milchindustrie ist die forschungsintensivste Lebensmittelbranche.
Der MIV fördert Forschung und Wissenschaft über verschiedene Formate:

- **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,
- Jährliche Vergabe des **Milch-Wissenschaftlichen Innovationspreises**

Milchindustrie-Verband e.V. | Jägerstraße 51 | 10117 Berlin
Ansprechpartnerin Wissenschaft: Dr. Angela Kohl
Tel.: +49 30 4030445-19 | Fax: +49 30 4030445-57 | E-Mail: kohl@milchindustrie.de
www.milchindustrie.de | www.milch-im-blut.de

Sorgfalt, die
man schmeckt.
Weihenstephan
Haltbare
Milch
3,5 % Fett
1 Liter
Weihenstephan
Haltbare
Milch
3,5 % Fett
Bei Weihenstephan entsteht höchste
Qualität aus wertvollster Milch.
Weihenstephan

Bauer
Der Große Bauer
WIE FÜR MICH GEMACHT!
Der Große Privatmolkerei Bauer Das Original
Himbeere
Heidelbeer-Cassis
Birne
Bauer Joghurt gibt's auch hier:
bauer-natur.de

Joghurt
ohne Frucht
ist wie ein Bild
ohne Farbe!
Entdecken
Sie unsere
Vielfalt!
ZENTIS
1893
... natürlich!