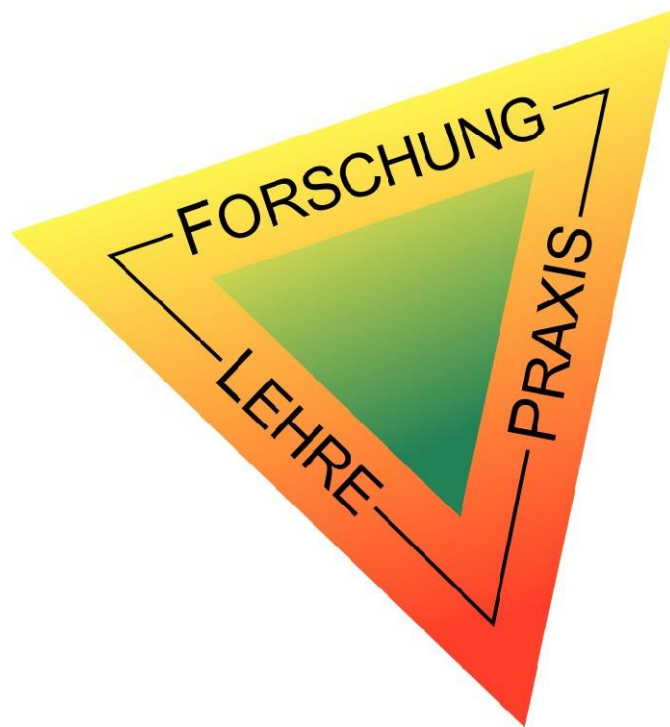


Milch- und Lebensmittel- wissenschaftliche Forschung Weihenstephan

TUM School of Life Sciences



Jahresbericht 2024

der milch- und lebensmittelwissenschaftlichen
Forschung an der TUM School of Life Sciences

Milch- und Lebensmittelwissenschaftliche Forschung Weihenstephan

Jahresbericht 2024

über die milch- und lebensmittelwissenschaftliche
Forschung an der TUM School of Life Sciences

1. Januar 2024 bis 31. Dezember 2024

67. Band 2024

Weihenstephan, März 2025

IMPRESSUM

Herausgeber:

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

Der Jahresbericht über die milch- und lebensmittelwissenschaftliche Forschung an der TUM School of Life Sciences 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, 2025

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

Inhaltsverzeichnis

Vorwort	1
Professorship of Biothermodynamics	2
Research interests	3
Selected ongoing projects	3
I. Chromatographic technologies	3
Professur für Cellular Agriculture	6
Jahresrückblick 2024	7
Forschung	8
I. Forschungsbereich Precision Fermentation	8
II. Forschungsbereich Process Engineering for Cellular Biosystems -Cultured Meat	11
Bachelor- und Masterarbeiten.....	15
Professur für Complex Soft Matter	16
Wissenschaftliche Laufbahn und Forschungsgebiete der neuen Professur	17
Wichtigste Auszeichnungen	17
Schlüsselpublikationen	18
Professur für Food Biopolymer Systems	20
Wissenschaftliche Laufbahn und Forschungsgebiete der neuen Professur	21
Wichtigste Auszeichnungen	21
Schlüsselpublikationen	21
Professur für Food Process Engineering	23
Vorwort.....	24
Auszeichnungen.....	25
Forschung	26
I. Forschungsgebiet Trocknung und Pulvertechnik.....	26
II. Forschungsgebiet In-situ Messtechnik und Bildanalyse	32
III. Forschungsgebiet Trenntechnik	38
IV. Forschungsgebiet Lebensmittelstruktur- und -textur	45
Dissertationen, Bachelor-, Diplom- und Masterarbeiten	47
Vorträge	49
Posterpräsentationen.....	49
Veröffentlichungen.....	50
Im Berichtszeitraum aktive, geförderte Forschungsvorhaben	51
Professur Functional Materials for Food Packaging	54
Forschung	55
I. Polymerwissenschaften.....	55
II. Nachhaltige Wasseraufbereitung durch innovative Polymertechnologie	58
Professur für Funktionelle Phytometabolomik	60
Forschung	61
I. Phytometabolomics.....	61
II. Sensomics und Sensoproteomics	62
III. Einfluss von Pflanzenstress auf den Geschmack von Lebensmitteln	63

Professur für Plant Proteins and Nutrition	65
Forschung	66
I. Forschungsschwerpunkt: Gewinnung und Charakterisierung von Pflanzenproteinen.....	66
II. Forschungsschwerpunkt: Modifikation von Pflanzenproteinen durch thermische und nicht-thermische Verfahren.....	75
Publikationen der Professur seit Start an der Technischen Universität München	81
Vorträge und weitere Aktivitäten der Professur	82
Zusammenarbeit mit wissenschaftlichen Expertengremien und Organisationen – Ute Weisz.....	82
Lehrstuhl für Systemverfahrenstechnik	84
Forschung	85
I. Strömungsmechanik.....	85
II. Transportprozesse in porösen Medien	86
III. Kristallisation.....	88
Lehrstuhl für Tierphysiologie & Immunologie	90
Forschung	92
I. Laktations- und Reproduktionsphysiologie	92
II. Tiergesundheit.....	95
III. Bioanalytik.....	97
IV. Biomarker	101
V. Immunologie	106
Exkursionen	107
Dissertationen, Master- und Bachelorarbeiten.....	108
Vorträge	110
Kurzfassungen (Abstracts & Proceedings)	112
Verband Weihenstephaner Milchwirtschaftler, Bio- und Lebensmitteltechnologe n e.V.....	116
Struktur des Verbandes.....	116
Zielsetzungen des Verbandes.....	117
Bericht aus Weihenstephan und dem Verbandsleben.....	118
I. Herbsttagung 2023	118
II. Preisverleihungen für herausragende Abschlussarbeiten.....	118
III. Ehrungen	118
IV. Preisstiftung für Innovationswettbewerb Lebensmittel (IGL Food).....	119
V. Deutschlandstipendium - Der Verband als Förderer.....	119
Versammlungen	120
Verleihungsrichtlinien	121
Vereinigung zur Förderung der Milchwissenschaftlichen Forschung an der TUM in	
Freising-Weihenstephan e.V.	124
Vorstand.....	124
Zweck und Ziele der Fördervereinigung	124
Beitragsordnung.....	126
Informationstransfer Mitgliederinformation.....	126

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, schließt aber auch Themen aus angrenzenden Bereichen der Lebensmittelforschung und weiteren für den Bereich Lebensmittel relevanten Gebieten mit ein.

Dieser Jahresbericht steht als Kommunikations-Format den Professuren zur Verfügung, die sich in Zukunft im Rahmen ihrer Forschungsarbeiten auch mit dem Substrat Milch beschäftigen werden. Arbeiten von Frau Prof. Dr. Petra Först, Frau Prof. Dr. Mirjana Minceva, Herrn Prof. Dr. Marius Henkel und Herrn Prof. Dr. Stephan Schrettl wurden schon durch die Fördervereinigung finanziell unterstützt. Neu begrüßen dürfen wir Frau Prof. Dr. Ute Weisz – Professur für Plant Proteins and Nutrition, Frau Prof. Dr. Corinna Dawid – Professur für Funktionelle Phytometabolomik, Frau Prof. Dr. Livia Cabernard - Professur für Sustainability Assessment of Food and Agricultural Systems, Frau Prof. Dr. Katharina Scherf – Professur für Food Biopolymer Systems, Herrn Prof. Ph.D. Stefan Guldin – Lehrstuhl für Complex Soft Matter sowie Herrn Prof. Dr. Hristo Svilenov – Professur für Biopharmaceutical Technology.

Die Forschungseinheiten in Weihenstephan wollen mit dieser Publikation gegenüber der Öffentlichkeit Rechenschaft über ihre Aktivitäten geben und vor allem der Milch- und Molkereiwirtschaft, die schwerpunktmäßig die Mitgliedschaft unserer Fördervereinigung darstellt, einen Überblick über abgeschlossene und laufende Forschungsarbeiten bieten. Darüber hinaus sollen mit dem Jahresbericht Wege erschlossen werden, die Zusammenarbeit der TUM School of Life Sciences mit den Unternehmen der Milchindustrie weiter zu verbessern. Wenn auch die Ausrichtung der einzelnen Professuren oft einen geringeren Bezug zu Milchprodukten und verwandten Lebensmitteln zu haben scheint, ergeben sich aus den speziellen Themenstellungen breitere Anwendungsmöglichkeiten und praxisorientierte Lösungsansätze für die Lebensmittelwirtschaft. Die Arbeit an den Instituten wird von der „Vereinigung zur Förderung der Milchwissenschaft an der TU München“ dabei sehr engagiert unterstützt. Es ist das Ziel, sowohl der neuen und bestehenden Forschungseinheiten als auch der Fördervereinigung, eine für die Lebensmittelwirtschaft essentielle, praxisrelevante Forschung am und um das Substrat Milch und angrenzender Gebiete über alle beteiligten Disziplinen hinweg auszubauen.

Vor diesem Hintergrund sollen innovative Lösungen für neue Produkte und Verfahren, Produktsicherheit sowie Kosten- und Qualitätsoptimierung erarbeitet werden. Die interdisziplinären Ansätze der Weihenstephaner Lebensmittelforschung 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 lebensmittelwissenschaftlich forschenden Einrichtungen überaus wichtig. Dieser Jahresbericht über die Milch- und Lebensmittelwissenschaftliche Forschung Weihenstephan soll dazu einen Beitrag leisten.

Prof. Dr. Horst-Christian Langowski

1. Vorsitzender

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

Dr. Johannes Schraml

1. Vorsitzender

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

Professorship of Biothermodynamics

Adresse

Maximus-von-Imhof Forum 2
D-85354 Freising-Weißenstephan
Telefon: 08161-71-6168/6170
Internet: <https://www.lse.ls.tum.de/btd/home/>
E-Mail: mirjana.minceva@tum.de

Personal

Head	Prof. Dr. Mirjana Minceva	-6170
Office manager	Janine Neumaier	-6168
Lecturer	Dr. Caren Sönnichsen	-3471
Scientific coworkers	Dr. Simon Vlad Luca	-6227
	Dr. Cennet Yildiz	-6171
	Dr. Daili Peng	-6204
	M.Sc. Simone Stivala	-6171
	M.Sc. Stepan Sibirtsev	-6204
PhD students:	M.Sc. Vanessa Buchweitz	-6167
	M.Sc. Melanie Gerigk	-6171
	M.Sc. Sahar Nasrallah	-6173
	M.Sc. Jian Yin	-6173
	M.Sc. Zubin Kunhi Mahin	-6166
	M.Sc. Tanja Traini	-6166
	M.Sc. Kai Wang	-6166
	M.Sc. Joaquín Otárola-Sepúlveda	-6166
	M.Sc. Mariangela Falconieri	-6227
	M.Sc. Fabian Schmitz	
	M.Sc. Ann-Christin Volk	
Lab technician:	Heinrich Böckmann	-6172
Lab technician trainee:	Dominik Mairiedl	-6172

Research interests

The research focus of the Professorship of Biothermodynamics is the development of efficient separation processes in the downstream processing of biomolecules and their integration with the upstream processing steps, particularly bioreactors. This is realized by the use of thermodynamic models for the prediction of phase equilibria, designer and green solvents (supercritical CO₂ and deep eutectic solvents), and novel stationary phases (liquid stationary phases and membrane adsorbents) together with continuous separation and integrated process concepts. The processes currently in focus are low-energy separation processes, in particular chromatography, extraction, adsorption and membranes, suitable for recovering and separating biomolecules from complex liquid mixtures.

The research methodology involves model-based process design in the course “From biomolecule to process” and bridges the gap between molecular understanding and process implementation. The concept is general and applicable to diverse bioproducts of industrial relevance, including small molecules and macromolecules (such as proteins, polysaccharides, lipids, and nucleic acids).

Selected ongoing projects

I. Chromatographic technologies

Comparative evaluation of axial and radial flow chromatography for the separation of lactoferrin from milk

Radial flow chromatography (RFC) has been recognized as an advanced and efficient chromatographic technique for separating biomolecules, such as proteins, antibodies, and nucleic acids, since its development in the 1970s. Unlike axial flow chromatography (AFC), where the mobile phase flows through the column along its central axis, RFC employs a radial flow from the inner to the outer radius (or vice versa). This distinctive design confers significant advantages over AFC, including enhanced spatial efficiency and greater operational flexibility.

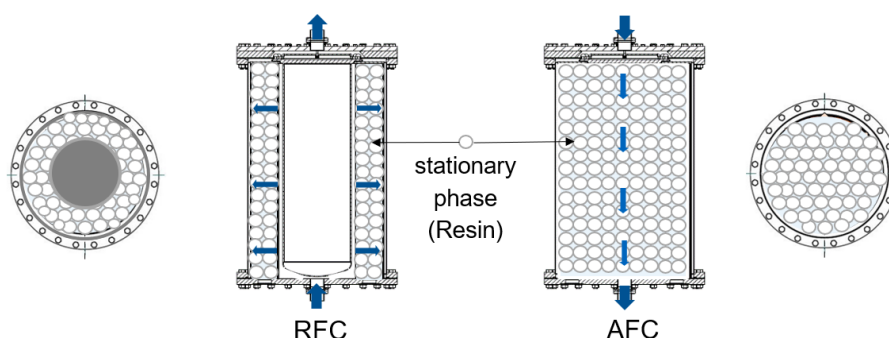


Figure 1: RFC and AFC geometry and mobile phase flow direction

One of the key advantages of RFC is its compact geometry, which enables the system to occupy only one-third of the space required by AFC while maintaining equivalent bed heights and flow rates. Furthermore, RFC operates at lower pressures, which makes higher flow rates possible and consequently results in lower operational costs. The consistent separation path length across the column simplifies scaling up processes, as only the column height needs to be adjusted, ensuring a high degree of process consistency.



Figure 2: RFC column scales of the company Handtmann

This project compared the separation performance of AFC and RFC, utilizing columns of identical bed height packed with the same stationary phase. The study focuses on the method transfer from AFC to RFC, using the separation of lactoferrin from milk as a model application. Critical process parameters such as lactoferrin yield and concentration were systematically analyzed under varying flow rates for both configurations. The research identifies key operational similarities and differences between AFC and RFC, highlighting their strengths and limitations. Additionally, it explores the scalability of RFC to industrial applications, addressing strategies for efficient process transferability across different RFC scales. The findings aim to enhance the optimization of chromatographic separation processes, demonstrating the potential of RFC as a versatile, efficient, and scalable technology for high-throughput biomolecule isolation in industrial settings.

Linked references:

- [1] Volk, A.-C., Minceva, M. (2024). *Unerforschtes Potenzial der Radialflusschromatographie in der Lebensmittelindustrie* Vortrag auf der Weißenstephaner Milchwirtschaftlichen Herbsttagung, 10.-11. Oktober 2024, Freising, Verband Weißenstephaner Milchwirtschaftler, Bio- und Lebensmitteltechnologien e.V.
- [2] Volk, A.-C., Frühwirth, H., Minceva, M. (2024). *Comparative evaluation of axial and radial flow chromatography for the separation of lactoferrin from milk* Poster at the SPICA, 2024, Milan, LDO Conferences.

Continuous capture of monoclonal antibodies using multi-membrane adsorber chromatography

Monoclonal antibodies (mAbs) can be used in modern healthcare for various therapeutic and diagnostics applications, e.g., treating cancer and autoimmune disorders, by offering high specificity and limited side effects. In recent years, mAbs emerged as the best-selling class of pharmaceuticals, with a predicted worldwide annual revenue of US\$ 445 billion in 2028. However, the growing demand for mAbs and increasing competition from lower-cost biosimilars are raising the pressure on mAb manufacturers to improve the mAb manufacturing throughput and reduce production costs. Although ongoing improvements in upstream processing increased the productivity of the upstream process, they shifted the bottleneck in mAb manufacturing to the downstream processing. In particular, the chromatography steps of the conventional mAb downstream process, i.e., the protein A capture and the two polishing steps, limit the mAb throughput. In this case, porous beads in packed-bed columns are used, which have to be operated at low flow rates due to a mainly diffusive mass transfer, resulting in low productivity and, hence, low mAb throughput.

To overcome the limitations of the existing mAb manufacturing bottlenecks, this research project addressed the application of alternative technologies and process strategies for mAb capture steps based

on packed-bed columns. Therefore, the potential of membrane chromatography combined with continuous multi-column chromatography (MCC) operation was investigated to identify potential challenges and appropriate solutions. The mass transfer in membrane adsorbers (MAs) is mainly convective and, thus, independent of the flow rate. Hence, MAs can be operated at higher flow rates than packed-bed columns, resulting in higher productivity. Further productivity improvements and buffer consumption reductions can be achieved by operating MAs in MCC modes. To this end, two different continuous processes with a novel convective diffusive protein A (MA) were developed: the rapid cycling parallel multi-column chromatography (RC-PMCC) process and the rapid cycling simulated moving bed (RC-BioSMB) process. Comprehensive studies were carried out using these processes to investigate and compare the long-term performance of mAb yield, removal of process-related impurities, productivity, and buffer consumption. In addition, customized control software was developed to ensure continuous and uninterrupted operation of the MAs through the automatic exchange of MAs in the event of membrane blocking and, in a further study, to harmonize the RC-BioSMB process with a fluidized bed centrifuge and depth filters in a streamlined clarification and capture process to harvest fed-batch bioreactors.

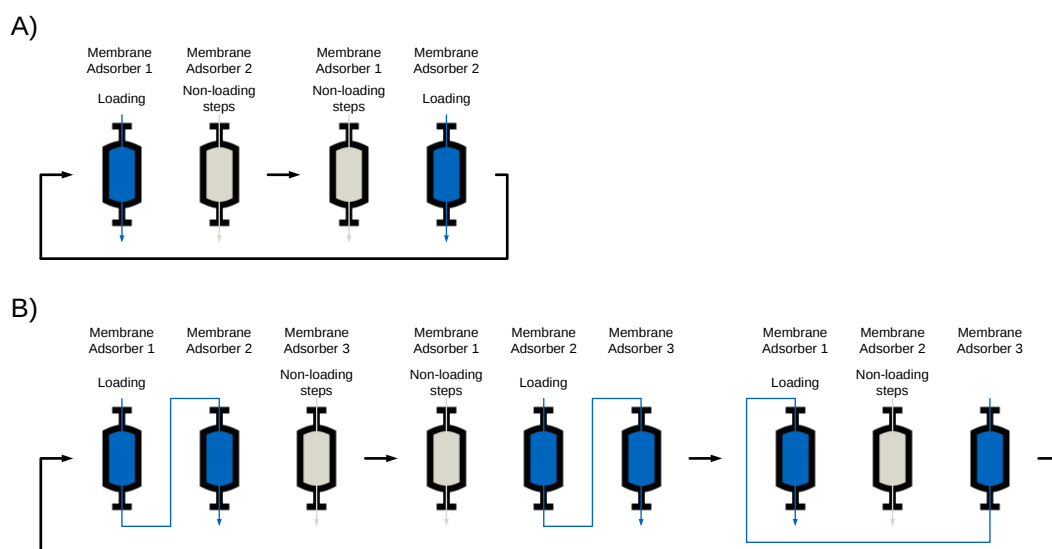


Figure 3: Schematic representation of the A) RC-PMCC process and B) RC-BioSMB process. Non-loading steps: wash, elution, regeneration, and equilibration.

Linked publication:

- [1] Schmitz, F., Knöchelmann, E., Kruse, T., Minceva, M., & Kampmann, M. (2024). Continuous multi-column capture of monoclonal antibodies with convective diffusive membrane adsorbers. *Biotechnology and Bioengineering*, 121(6), 1859–1875. <https://doi.org/10.1002/bit.28695>
- [2] Schmitz, F., Minceva, M., & Kampmann, M. (2024). Comparison of batch and continuous multi-column capture of monoclonal antibodies with convective diffusive membrane adsorbers. *Journal of Chromatography A*, 1732, 465201. <https://doi.org/10.1016/j.chroma.2024.465201>
- [3] Schmitz, F., Saballus, M., Kruse, T., Minceva, M., & Kampmann, M. (2025). Streamlined clarification and capture process for monoclonal antibodies using fluidized bed centrifugation and multi-column chromatography with membrane adsorbers. *Biotechnology and Bioengineering*, 122(2), 382–394. <https://doi.org/10.1002/bit.28884>

Professur für Cellular Agriculture

Adresse

Gregor-Mendel-Straße 4
D-85354 Freising-Weißenstephan
Telefon: 08161-71-5131
Internet: <https://www.lse.lsu.tum.de/cellag>
E-Mail: sekretariat.cellag@lsu.tum.de

Personal

Leitung	Prof. Dr.-Ing. habil. Marius Henkel	-5130
Sekretariat	Monika Vogl	-5131
Wissenschaftler	Dr. Philipp Noll	-5128
	Chantal Treinen, M.Sc.	-5133
	Fabian Buslaps, M.Sc.	
Doktoranden	Franziska Beck, M.Sc.	-5126
	Katharina Brenner, M.Sc.	-6101
	Laurenz Köhne, M.Sc.	-5126
	Frea Mehta, B. Eng., B.Sc.	-5132
	Dipl.-Ing. Christina Peternell	-5132
	Marie-Luise Schlieker, M.Sc.	-5132
Technische Mitarbeiter	Annette Brümmer-Rolf	-5129
	Christine Haas	-5127
Gäste	Cornelia Barrett, B. Sc. (Juni – Juli 2024)	
	João Leitão de Campos (April – September 2024)	
	Maria Clara Manzoki, Ing. (grad.) (November 2024 – April 2025)	

Jahresrückblick 2024

Seit etwas mehr als zwei Jahren besteht die Professur für Cellular Agriculture unter der Leitung von Prof. Dr.-Ing. Marius Henkel. Es haben sich seither zwei Forschungsschwerpunkte herausgebildet. Diese umfassen die Präzisionsfermentation (engl. *Precision Fermentation*), d.h. mikrobielle Hochleistungsprozesse zur Produktion von Lebensmittelproteinen; sowie die Verfahrenstechnik für zelluläre Biosysteme (engl. *Process Engineering for Cellular Biosystems*), in der Säugetierzelllinien verwendet werden, um in innovativen Bioprozessen tierische Produkte herzustellen mit besonderem Fokus auf der Produktion von kultiviertem Fleisch (engl. *Cultured Meat*).

Um diese Schwerpunkte zu bedienen, setzt sich das interdisziplinäre Team der Professur aus Biotechnologen, Bioprocessingenieuren, Zellbiologen, Lebensmitteltechnologen, Ernährungswissenschaftlern und Wirtschaftswissenschaftlern zusammen. Aktuell promovieren sieben Doktorandinnen und Doktoranden am Fachgebiet, davon wird eine Promotion extern durchgeführt. Des Weiteren konnten wir drei internationale Gäste an unserer Professur im Jahr 2024 begrüßen. Besonders erfreulich ist, dass im Jahr 2024 insgesamt 6 Masterarbeiten an unserem Fachgebiet angefertigt wurden, was den regen Austausch und das Engagement der Studierenden unterstreicht.

Ein wichtiger Meilenstein war die Einrichtung der Laborflächen für Mikrobiologie, Molekularbiologie und Zellbiologie. Erste experimentelle Ergebnisse konnten, ausgehend von der Konzeptualisierung der neuen Projekte bis zur Auswertung, bereits Mitte 2024 erfolgreich erzielt werden. Im Zuge dessen wurden 2024 zwei neue Geräte im Labor etabliert. Zum einen das CFX Duet Real-Time PCR System (Bio-Rad Laboratories GmbH, Feldkirchen, DE), dass im Rahmen der Förderungszuwendung 2024 von der Vereinigung zur Förderung der Milchwissenschaftlichen Forschung an der TU München in Freising-Weihenstephan e.V. bewilligt wurde. Das geförderte Projekt lautet: „Untersuchungen zur Effizienz bei der mikrobiellen Herstellung von Caseinen und anderen Lebensmittelproteinen (mRNA Transkript-Mengen-Quantifizierung mittels qPCR). Zum anderen ein Elektrosinning Gerät „Spinbox“ (BIONICA FLUIDNATEK SLU, Valencia, ES).

Im Bereich der Lehre gab es im vergangenen Jahr einige Weiterentwicklungen. Das Bachelor Modul „Bioprosesstechnik“ wurde umstrukturiert und wird nun gemeinsam mit Prof Svilenov (Professur für Biopharmaceutical Technology) durchgeführt. Außerdem gibt es eine neue Gastvorlesung im Rahmen des Moduls „Klimawandel und Landwirtschaft“ von Prof. Asseng (Lehrstuhl für Digital Agriculture).

Durch die Teilnahme an nationalen und internationalen Veranstaltungen, wie z.B. der 38th EFFoST International Conference in Brügge, Belgien; dem NewFoodSystems Day in Nürnberg, und der Weihenstephaner Herbsttagung 2024 konnte die Professur wichtige Impulse aus der Praxis aufnehmen und gleichzeitig erste eigene Ergebnisse präsentieren sowie zur fachlichen Diskussion beitragen.

Professor Henkel ist zudem seit 10/2024 Mitglied im Vorstand des Verbands Weihenstephaner Milchwissenschaftler, Bio- und Lebensmitteltechnologen (WMBL) e.V; sowie seit 11/2024 Mitglied im Ausschuss „New Feed and Food“ der Deutschen Landwirtschafts-Gesellschaft (DLG) e.V.

Für die Zukunft blicken wir optimistisch voraus: Im kommenden Jahr werden voraussichtlich zwei weitere Doktoranden ihre Forschung an unserem Fachgebiet aufnehmen. Dabei wurde zudem mit einer Stipendiatin gemeinsam erfolgreich ein 4-jähriges Promotionsstipendium im Rahmen des Hilde-Domin-Programms (DAAD) beantragt. Thematisch sollen in diesen neuen Projekten strukturbildende Proteine (insb. auch Caseine) und Prozesstechnik für die Erzeugung von Fett aus Zellkulturen im Fokus stehen.

Forschung

I. Forschungsbereich Precision Fermentation

EggSPLORE: Struktur- und Funktionsproteinbibliothek für Eiweiße & Optimierung der rekombinanten Expression

(gefördert von der Adalbert-Raps-Stiftung)

Franziska Beck, M. Sc.

Die Nachfrage nach tierfreien und hochwertigen Proteinen ist stark gestiegen, nicht zuletzt aufgrund ethischer und ökologischer Bedenken vieler Konsumenten gegenüber der traditionellen Eiherzeugung. Bereits verfügbare pflanzliche Alternativen können die speziellen Charakteristika von Eiweiß jedoch nicht vollständig nachbilden. Diese spielen eine essenzielle Rolle unter anderem bei der Bereitstellung von Nährstoffen oder bioaktiven und technofunktionellen Eigenschaften z.B. der Emulsionsbildung. In diesem Zusammenhang bietet die Entwicklung skalierbarer Verfahren zur Produktion rekombinanter Eiweiße ein Potenzial, diese Diskrepanz und künftige Marktnachfrage zu decken.

Das EggSPLORE-Projekt setzt genau an dieser Stelle an und strebt die Etablierung einer Plattform zur rekombinanten Produktion ausgewählter Eigelb- und Eiweißproteine an (Abbildung 1). Im Fokus stehen bakterielle Systeme, die hinsichtlich Effizienz und Raum-Zeit-Ausbeute vielversprechende Perspektiven für die Herstellung dieser Proteine bieten.

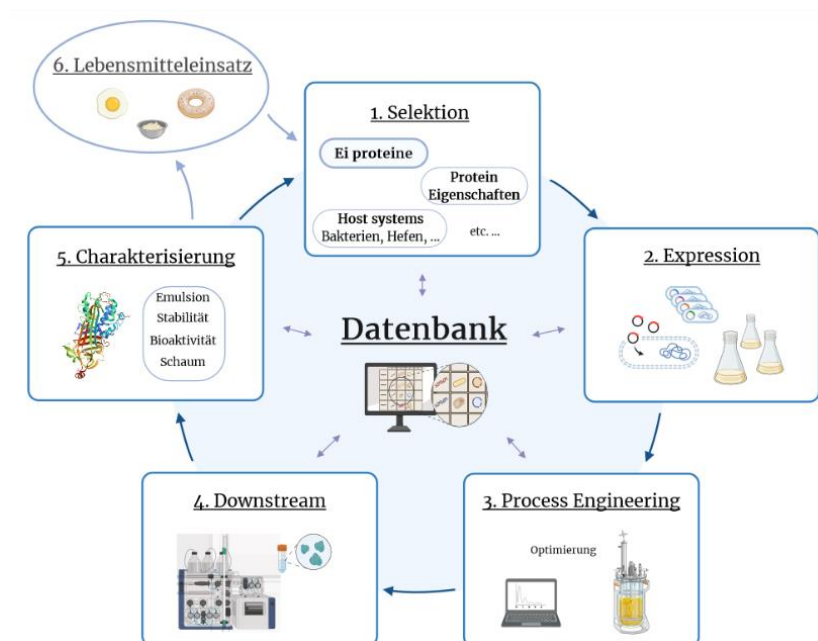


Abbildung 1: Plattform für die Produktion rekombinanter Eiweiße. (Erstellt mit Biorender.com)

Erste Erfolge wurden bereits bei der rekombinanten Produktion von Ovalbumin (rOVA) verzeichnet. Hierbei wurde *Escherichia coli* BL21 (DE3) pRSET-OVA bei 30 °C im Schüttelkolben kultiviert und die Expression von rOVA mittels 2,0 mM IPTG induziert. rOVA wurde anschließend über eine IMAC-Chromatographiesäule aufgereinigt. Anschließend erfolgten erste Analysen zu den biochemischen und technofunktionellen Eigenschaften von rOVA. In Schüttelkolbenkulturen mit 5 g/L Glucose wurden maximale Ovalbumintiter von 4,53 mg/L nach 7 h erreicht, bei einer spezifischen Produktionsrate von

$q = 0,14 \text{ mg/g}\cdot\text{h}$. Die Ovalbuminproduktion konnte mit 20 g/L Glucose auf 91,72 mg/L (10 h) und $q = 71,5 \text{ mg/g}\cdot\text{h}$ gesteigert werden (Abbildung 2). Diese Ergebnisse werden zusammen mit weiteren experimentellen und literaturbasierten Daten in einer umfassenden Datenbank dokumentiert.

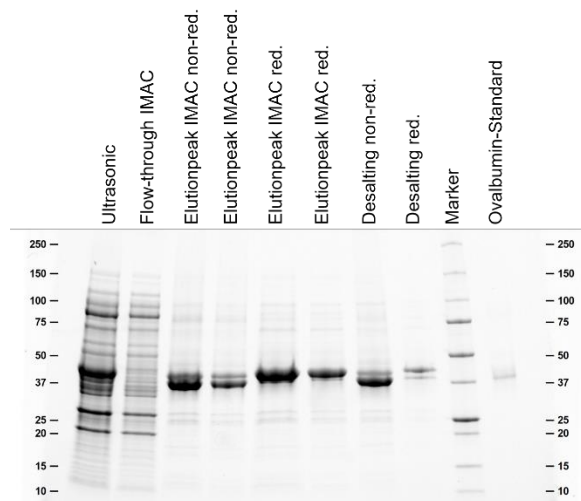


Abbildung 2: SDS-Page von rOVA (45 kDa) vor und nach der IMAC-Aufreinigung (20 g/L Glucose).

Um die Proteintiter zu erhöhen, wird der Prozess auf einen Rührkesselreaktor (1-2 L Füllvolumen) hochskaliert. Weitere Arbeiten an der Expression von Phosvitin und Ovotransferrin sind geplant, sowie die Bewältigung zahlreicher Herausforderung, u.a. mögliche notwendige post-translationale Modifikationen, Löslichkeit und Sekretion der Proteine und optimale Expressionsbedingungen.

FORTUNE: Optimierung von Fermentationsprozessen mit Hilfe von RNA-Thermometern zur Verbesserung der Nährstoffeffizienz

Dipl.-Ing. Christina Peternell

Die globale Lebensmittelversorgung steht vor großen Herausforderungen, die durch Bevölkerungswachstum, Klimawandel und Ressourcenknappheit geprägt sind. Infolgedessen hat das zunehmende Interesse an alternativer Lebensmittelproduktion zu einer Neubewertung etablierter Produktionsverfahren auf der Grundlage der Fermentation geführt. Die Präzisionsfermentation (engl. Precision Fermentation) revolutioniert den Lebensmittelsektor durch die Entwicklung optimierter Stoffwechselwege in Mikroorganismen. Dabei erweitert sie die Anwendungsmöglichkeiten und die Vielfalt der Produkte durch gezielte Auswahl und Kombination der beteiligten Gene. Zu diesem Zweck werden gentechnisch veränderte Organismen (GVO) für die heterologe Produktion von alternativen Lebensmittelproteinen eingesetzt und optimiert. Ein wichtiger Weg zur Effizienzsteigerung von Bioprozessen ist die Entkopplung von Biomasse- und Produktbildung. Dadurch wird das Problem der ineffizienten Verwertung von Biomasse, einem häufigen Nebenprodukt, behoben.

Konventionelle Strategien zur Optimierung biotechnologischer Produktionsverfahren fokussieren sich meist entweder auf eine genetische Optimierung des Produktionsorganismus oder auf eine Anpassung der Prozessführung. Eine Verknüpfung der beiden Strategien kann beispielsweise über die zielgerichtete Ausnutzung oder Einbringung regulatorischer Systeme auf molekularer Ebene erfolgen. Hierdurch wird eine zusätzliche Kontrollebene eingebracht, welche über die herkömmlichen Strategien des Bi-

oprozessdesigns, hinausgeht und somit die Prozesseffizienz positiv beeinflussen kann. Diese zusätzliche Eingriffsmöglichkeit wird als molekulare Bioprozesskontrolle bezeichnet. Ein Beispiel hierfür ist die Nutzung sogenannter RNA-Thermometer (RNAT), die als molekulare „Dimmer“ die Genexpression steuern, wie in Abbildung 1 verdeutlicht wird. In ihrer inaktiven Form („geschlossen“) bilden RNAT eine Haarnadelstruktur aus, welche die ribosomale Bindungsstelle (RBS) blockiert und somit den Start der Translation hindert. Steigende Temperaturen führen zu einer Konformationsänderung der RNAT („offen“), die die RBS freilegt und somit die Translation durch das Ribosom initiiert werden kann.

Die Entwicklung eines robusten RNAT-basierten Expressionssystems eröffnet neue Möglichkeiten zur Steuerung und Optimierung von Produktionsprozessen in der Präzisionsfermentation. Durch die Kontrolle der Temperatur können die Expressionsraten von Zielproteinen präzise reguliert werden, was zu einer verbesserten Ausbeute und Ressourcennutzung führen kann. Die Kombination verschiedener RNATs mit unterschiedlichen Temperaturschwellen ermöglicht zudem die Feinabstimmung der Genexpression und die Etablierung komplexer Expressionsmuster. Hiefür wurden plasmidbasierte fourU-RNAT-Expressionssysteme in *E. coli* entwickelt und über einen Temperaturbereich von 25-40°C evaluiert. Mithilfe der Bestimmung von Biomassewachstum (optische Dichte), Substratverbrauch (enzymatische Assays) und Genexpression des Reportergen *EmGFP* (Fluoreszenzassay) ist es möglich Expressionseffizienten zu bestimmen. Im Vordergrund steht hierbei das optimale Gleichgewicht zwischen dem Substratumsatz für die Proteinexpression und dem Wachstum welches durch die Berechnung der wichtigsten Leistungsindikatoren wie z. B. Erträge (Substratumsatz (g/g)) und Raten (g/g h), ermittelt wird. Anschließend werden die für das Wachstum optimalen Temperaturen ausgewählt und Temperaturverschiebungen zwischen diesen Optima vorgenommen. In anschließenden Experimenten werden so genannte off-on-off-Schaltungen durchgeführt, um die in der Literatur beschriebene natürliche Reversibilität des Induktionssystems zu testen.

Zusammenfassend kann gesagt werden, dass die molekulare Bioprozesskontrolle mithilfe von RNAT die Herausforderungen der Herstellung rekombinanter Lebensmittelproteine adressiert und eine Plattform für die Entwicklung nachhaltiger und kosteneffizienter Bioprozesse bietet.

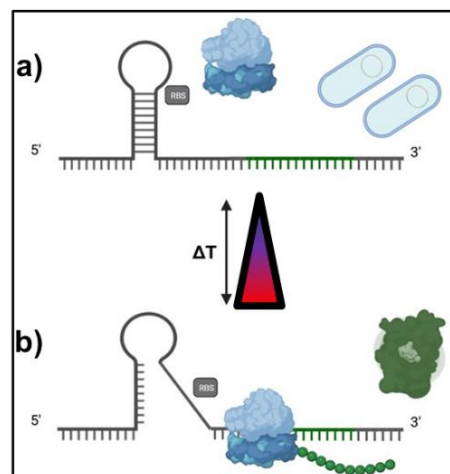


Abbildung 1: zeigt die schematische Darstellung eines RNA-Thermometers (RNAT). a) „Geschlossene“ Form: Hinderung der Translation durch Maskierung der ribosomale Bindungsstelle (RBS); b) „Offene“ Form: Temperatur-induzierte Konformationsänderung durch Schmelzen der Wasserstoffbrücken. Freilegung der RBS begünstigt die Initiierung der Translation. (Erstellt mit BioRender.com)

II. Forschungsbereich Process Engineering for Cellular Biosystems -Cultured Meat

Symmetriebrechung und Musterbildung in kultivierten Fleischgeweben

(mit finanzieller Unterstützung von NewHarvest, USA)

Freya Mehta, B. Eng., B. Sc.

Ganze Gewebestücke von kultiviertem Fleisch erfordern unterschiedliche Zelltypen, die in charakteristischen Mikroarchitekturen angeordnet sind. Während der natürlichen Entwicklung entstehen diese heterogenen, präzise strukturierten Gewebe aus zunächst symmetrischen Zellpopulationen. Symmetriebrechung, Musterbildung und Morphogenese sind zentrale Merkmale der Entwicklung, doch viele komplexe Signalprozesse, die diesen Vorgängen zugrunde liegen, gehen in vitro verloren. Inspiriert von kontaktabhängiger Signalübertragung in der Tierentwicklung wollen wir morphogenetische Phänomene in kultivierten Fleischgeweben mithilfe synthetischer Biologie nachbilden. Dazu konstruieren wir Vorläufer-Zelllinien, die auf benutzerdefinierte Umweltreize reagieren und sich gezielt in Skelettmuskel- und Fettzellen differenzieren, wodurch Symmetrie räumlich definiert aufgebrochen wird.

Im Rahmen dieses Projekts untersuchen wir molekulare Werkzeuge zur Entwicklung stabiler, phänotypisch geeigneter Zelllinien für kultiviertes Fleisch – ein zentrales Hindernis für Forschung und Entwicklung in diesem Bereich. Unser Ziel ist die Entwicklung einer Toolbox zum Design erster relevanter Zelllinien für Fleischgewebe mit induzierbarer Steuerung der Zelldifferenzierung, um die Integration in Bioprozesse zu erleichtern und die phänotypischen Herausforderungen bei der industriellen Produktion primärer tierischer Zellen zu überwinden. Zur gezielten Modulation zellulärer Verhaltensweisen entwerfen und implementieren wir neuartige synthetische Signalwege, die orthogonal zu endogenen Zellprozessen operieren. Diese Kontrollkreise werden auf genomischer Ebene mithilfe verschiedener gentechnischer Strategien mit unterschiedlichem Spezifitätsgrad realisiert, darunter transposon-, integrase- und Cas9-vermittelte genomische Integration. Mit diesem Projekt möchten wir nicht nur Forschungslücken im Bereich der Kontrolle der Zelldifferenzierung in Bioprozessen zur Erzeugung von kultiviertem Fleisch schließen, sondern auch minimalinvasive und verantwortungsbewusste Ansätze der genetischen Modifikation vorantreiben.

Entwicklung einer Evaluationsplattform für Wachstumsfaktoren für die Produktion von kultiviertem Fleisch

(gefördert im Rahmen des TUM WACKER Institute for Industrial Biotechnology)

Marie-Luise Schlieker, M. Sc.

Die herkömmliche Fleischproduktion verursacht erhebliche Umweltbelastungen wie Biodiversitätsverlust, Wasserverschmutzung und Treibhausgasemissionen. Zudem gibt es ethische Fragestellungen und eine ineffiziente Ressourcennutzung. Kultiviertes Fleisch als neuartige Proteinquelle bietet das Potenzial, diese Probleme zu reduzieren und die Transformation hin zu alternativen Proteinen voranzutreiben.

Die Skalierung der biotechnologischen Prozesse zur Produktion von kultiviertem Fleisch stellt jedoch eine zentrale Herausforderung dar. Eine Fragestellung dabei ist die Verfügbarkeit bioaktiver Wachstumsfaktoren, die zudem wirtschaftlich tragfähig sind für die großtechnische Herstellung. Diese Wachstumsfaktoren sind essenziell für die Zellproliferation und -differenzierung. Um die Bioaktivität nativer und modifizierter Wachstumsfaktoren sicherzustellen, wird ein Referenzsystem entwickelt, das unter

realitätsnahen Bedingungen eine zuverlässige Bewertung ermöglicht. Im Rahmen dieses Referenzsystems spielen modulare Perfusionsbioreaktoren eine entscheidende Rolle. Diese Bioreaktoren schaffen eine präzise kontrollierbare Umgebung, in der die Bioaktivität von Wachstumsfaktoren getestet und das Zellwachstum innerhalb von Bioscaffolds untersucht werden kann. Dabei werden unterschiedliche Bioscaffold-Eigenschaften wie Porosität, Diffusion und Polymerisationsgrad berücksichtigt. Prototypen der Perfusionsbioreaktormodule wurden mittels Fused Deposition Modeling (FDM) gefertigt und erfolgreich auf Biokompatibilität und Sterilisierbarkeit geprüft. Ergänzend dazu wurden Bioscaffolds aus Materialien wie Kollagen, Alginate und Gellangummi durch Gießverfahren und Gefriertrocknung hergestellt. Das modulare Perfusionssystem dient als standardisierte Plattform zur Untersuchung von Gewebekulturen im Zentimetermaßstab und liefert entscheidende Erkenntnisse für die zukünftige Skalierung.

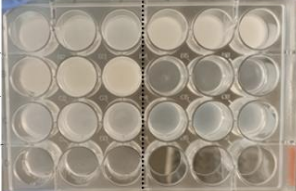
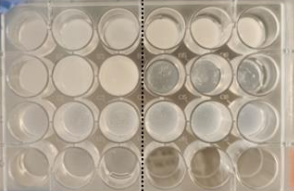
Labelling		Scaffold fabrication					
		SF1 (Hydrogel aq.)		SF2 (Hydrogel EtOH)		SF3 (Lyophilisate UV)	
GG-PPI-7-1	GG-PPI-1-1						
GG-PPI-1-7	GG-RC-7-1						
GG-RC-1-1	GG-RC-1-7						
GG-1	---						

Abbildung 1: Hergestellte Bioscaffolds aus den Materialien Gellangummi (GG), Kichererbsenprotein (PPI), Rekombinantes Kollagen (RC) in unterschiedlichen Verhältnissen. Diese wurden in drei Verfahren hergestellt: Hydrogele aus Wasser (aq.), mit Ethanol (EtOH) und als Lyophilisate, welche UV-Sterilisiert wurden.

Ein weiterer Schwerpunkt liegt auf der Entwicklung von sogenannten *Microcarrier* als Trägermaterial für Zellen in Suspensionsbioreaktoren. Diese Microcarrier bieten adhäsive Oberflächen für die Zellproliferation und -differenzierung. Im Fokus stehen die Optimierung der physikalischen und chemischen Eigenschaften der Mikrocarrier, einschließlich mechanischer Stabilität, Biokompatibilität und Interaktionen mit Zellkulturen. Die Herstellung erfolgt unter anderem mithilfe der Elektrospray-Technologie, wodurch Mikropartikel mit präzisen definierten Größen und spezifischen Oberflächenstrukturen erzeugt werden können.

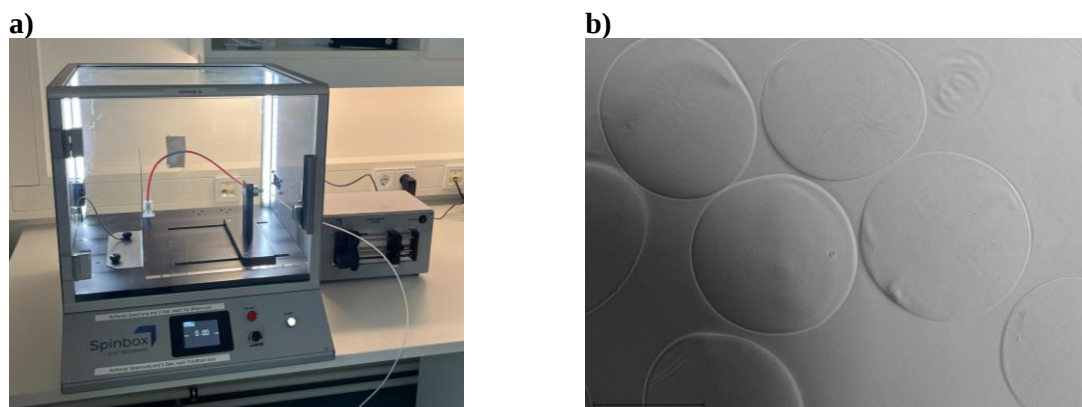


Abbildung 2: a) Elektrospraying-Gerät Spinbox (Fluidnatek) zur Herstellung von Microcarriern, b) Mikroskopische Aufnahme von produzierten Microcarrier bestehend aus 0,5 % Alginate – 23G nozzle, 20 mL/h, 29,5 kV. Die durchschnittliche Größe beträgt 200-300 µm.

Perfusion für Ressourceneffizienz in der kultivierten Fleischproduktion (PERFEG-Meat)

(gefördert vom Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) im Innovationsraum NewFood-Systems)

Laurenz Köhne, M. Sc.

Kultiviertes Fleisch könnte eine nachhaltige Alternative zur konventionellen Tierhaltung sein. Die Ausweitung des Produktionsprozesses steht jedoch vor Herausforderungen wie geringer Effizienz, hohen Kosten und begrenzter Verfügbarkeit von Wachstumsfaktoren und Sauerstoff. In diesem Projekt werden mögliche Lösungen für diese Probleme erforscht.

In einem Perfusionssystem wird eine große Menge an Medien verwendet, um optimale Wachstumsbedingungen für die Zellen zu gewährleisten. Aufgrund von Diffusionsbeschränkungen und variierenden Verbrauchsdaten einzelner Komponenten, wird jedoch nicht jeder Bestandteil des Mediums in einem Perfusionssystem verbraucht. Anstatt nicht verbrauchte Medien zu verwerfen, ermöglicht das Recycling eine anteilige Wiederverwendung der Medien. Die Verlängerung der Verweildauer im Medium kann es den Zellen ermöglichen die Nährstoffaufnahme zu maximieren und die Nutzung der verfügbaren Wachstumsfaktoren zu verbessern.

Neben einer effizienten Mediennutzung spielt eine ausreichende Sauerstoffversorgung eine entscheidende Rolle, um das Zellwachstum während der Langzeitkultivierung sicherzustellen. Aus diesem Grund wird eine modulare Begasungseinheit entwickelt, die unabhängig vom Bioreaktor arbeitet und so an dessen Bauart angepasst werden kann.

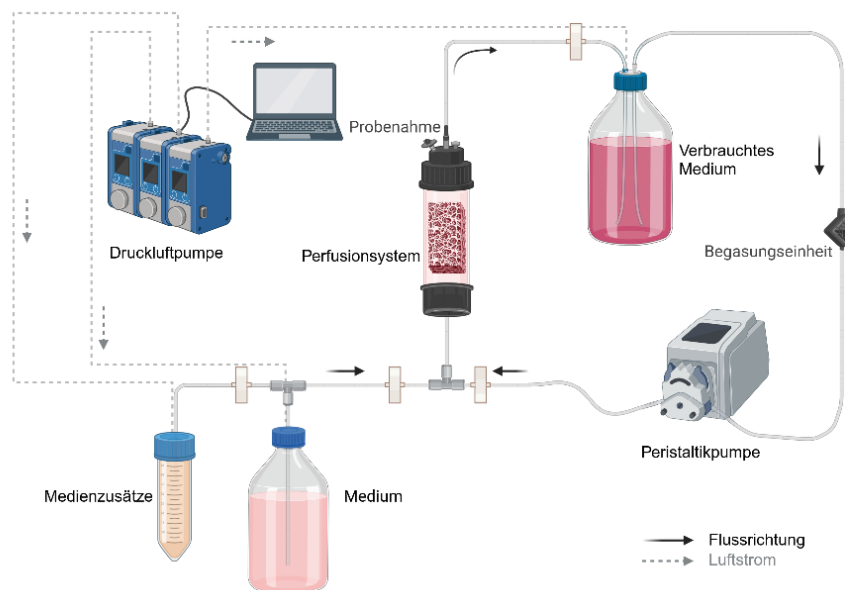


Abbildung 1: Potenzieller Aufbau eines Perfusionssystems. Erstellt mit Biorender.com.

Die aus diesen Strategien gewonnenen Einblicke werden genutzt, um den Betrieb von Perfusionssystemen sowie die dazugehörigen Prozessmodelle und Kontroll- und Überwachungsstrategien zu optimieren. Diese Erkenntnisse fließen in eine umfassende Toolbox, die als wissenschaftliche und technische Grundlage für die zukünftige Prozessgestaltung und -optimierung im Bereich des kultivierten Fleisches dient.

Prozessmodellierung für die industrielle Produktion von kultiviertem Fleisch

(gefördert von der Europäischen Union / Horizon Programm im Rahmen des FEASTS Projekts)

Katharina Julia Brenner, M. Sc.

Das Projekt konzentriert sich auf die Entwicklung und Optimierung skalierbarer Prozessmodelle für die Produktion von kultiviertem Fleisch, um den Übergang von der Laborforschung zur industriellen Anwendung zu ermöglichen. Mithilfe von Tools wie der Modeling Software SuperPro Designer (Intelligen, Inc., Scotch Plains, USA) werden Herausforderungen wie die Konfiguration von Bioreaktoren, die Integration von Prozessschritten und die Effizienzsteigerung adressiert. Diese Modelle sind entscheidend, um Produktionsszenarien zu simulieren, kritische Parameter zu optimieren und eine reibungslose Skalierung zu gewährleisten.

Die Modellierungsansätze basieren auf systematischen Workflows, die die Komplexität von Zellkulturprozessen berücksichtigen. SuperPro Designer ermöglicht die Simulation von Upstream- und Downstream-Prozessen und die Integration verschiedener Prozessschritte wie Zellvermehrung, Ernte und Medienrecycling. Kritische Parameter, darunter Sauerstofftransferaten, Nährstoffaufnahme und Zellwachstumskinetik werden im Modell definiert und optimiert, um Produktivität und Zell-Viabilität zu maximieren. Die Optimierung industrieller Prozesse in diesem Kontext bedeutet, dass mithilfe von SuperPro Designer kritische Parameter wie Sauerstofftransferaten, Nährstoffverteilung und Prozessschritte im industriellen Maßstab modelliert werden, um Engpässe, Ineffizienzen und Kostenfaktoren frühzeitig zu identifizieren und gezielt anzupassen, wodurch die Grundlage für eine skalierte Produktion von kultiviertem Fleisch geschaffen wird. Dabei werden Prozessbedingungen wie Rührgeschwindigkeit und Fütterungsstrategien angepasst, um metabolische Engpässe zu vermeiden und eine gleichbleibende Leistung sicherzustellen. Ein zentraler Aspekt der Modellierungsarbeit ist der Fokus auf die industrielle Anwendung. Die Modelle berücksichtigen beispielsweise unterschiedliche Bioreaktorkonfigurationen, wie Rührkesselsysteme, unterschiedliche Parallelisierungsgrade und verschiedene Wachstumsmöglichkeiten (z.B. in Aggregaten oder auf *Microcarriern*). Durch die detaillierte Analyse von Energie- und Materialflüssen, sowie Prozesssteuerungsstrategien unterstützen die Modelle fundierte Entscheidungen für eine effiziente industrielle Produktion von kultiviertem Fleisch.

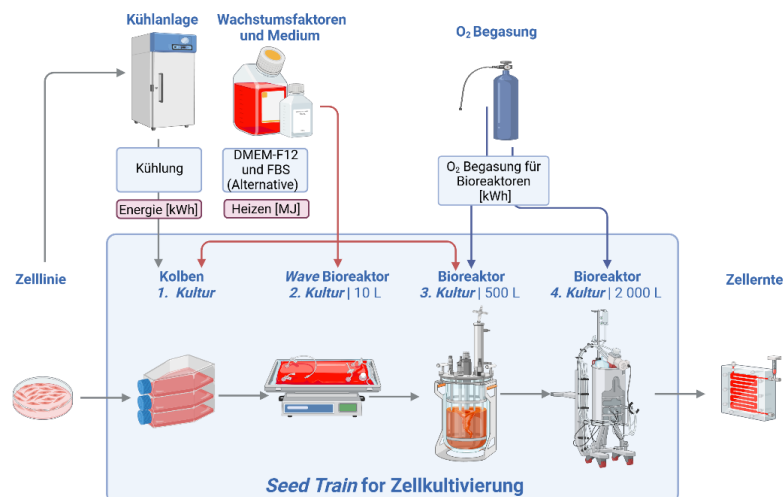


Abbildung 1: Seed Train für die Zellkultivierung in der Produktion von kultiviertem Fleisch, der die schrittweise Skalierung bis hin zu industriellen Bioreaktoren veranschaulicht und dabei die Anforderungen an Energie, Sauerstoffversorgung und Nährstoffe in jeder Phase berücksichtigt. (Erstellt mit BioRender.com).

Bachelor- und Masterarbeiten

Masterarbeiten

Nicholas Böhnlein	Establishing a recombinant ovalbumin production in <i>Escherichia coli</i> and benchmarking its biochemical and techno-functional properties
Rebecca Gerstner	Transcript and translation quantification for different promoter-RNAT expression constructs in precision fermentation
Carina Linnemann	Modulation of the fatty acid profiles in 3T3-L1 cells as a model for fat in cultivated meat
Sebastian Niedermaier	Exploring RNAT as a tool for molecular bioprocess control in precision fermentation
Evelyn Tausch	Benchmarking Cell-Compatibility and Material Composition of Scaffolds for Cultivated Meat
Patrick Wiesbeck	Recombinant Synthesis of Growth Factors for Serum-Free Cell Culture

Professur für Complex Soft Matter



Prof. Dr. Stefan Guldin, PhD FRSC FIoP CEng
FHEA

Professur seit 01.07.2024

Adresse

Gregor-Mendel-Straße 4
D-85354 Freising-Weihenstephan
Telefon: 08161-71-5120
E-Mail: guldin@tum.de

Wissenschaftliche Laufbahn und Forschungsgebiete der neuen Professur

Die Forschungsinteressen von Professor Guldin (geb. 1982) liegen in der Untersuchung von Materialbildungsprozessen im Nanomaßstab und deren Übertragung auf vielfältige Anwendungen in den Lebenswissenschaften. Durch die Verknüpfung von Konzepten der molekularen Selbstorganisation, Kolloidchemie und Bio-Nano-Grenzflächen entwickelt seine Arbeitsgruppe adaptive und responsive Materialarchitekturen für nachhaltige Lösungen in der Lebensmitteltechnologie sowie im Gesundheits- und Umweltbereich.

Die Forschungsinteressen von Professor Guldin (geb. 1982) liegen in der Untersuchung von kolloidalen Materialbildungsprozessen auf der Nanometerskala und deren Übertragung auf vielfältige Anwendungen in den Lebenswissenschaften. Seine Arbeitsgruppe befasst sich mit der Erforschung von Strukturbildungsmechanismen in weicher Materie, insbesondere durch molekulare Selbstorganisation. Durch die Entwicklung fortschrittlicher Charakterisierungsmethoden und datengetriebener Ansätze zur Analyse kolloidaler Wechselwirkungen an Bio-Nano Grenzflächen werden adaptive und responsive Materialarchitekturen für nachhaltige Lösungen in der Lebensmitteltechnologie sowie im Gesundheits- und Umweltbereich entwickelt.

Prof. Guldin studierte Physik am Karlsruher Institut für Technologie und an der Technischen Universität München mit Spezialisierung auf weiche kondensierte Materie. Seine Promotion absolvierte er am Cavendish Laboratory der Universität Cambridge und erlangte 2012 den Dokortitel (PhD) für seine Arbeit „Inorganic Nanoarchitectures by Organic Self-Assembly“. Nach seiner Postdoktorandenzeit an der École Polytechnique Fédérale de Lausanne (2012–2015) wurde er als Lecturer an das University College London berufen, 2018 zum Associate Professor und 2022 zum Full Professor befördert. Im Jahr 2024 folgte Prof. Guldin einem Ruf an die Technische Universität München. Derzeit ist er an TUMCREATE Ltd. in Singapur abgeordnet, wo er als Wissenschaftlicher Co-Direktor des Projekts 4Singapore-Projekts tätig ist.

Wichtigste Auszeichnungen

- Fellow der Royal Society of Chemistry FRSC (2023)
- Projektleiter Royal Society Summer Science Exhibition (2023)
- Horizon-Preis für Materialchemie der Royal Society of Chemistry: Stephanie L. Kwolek Award (2023)
- Fellow des Institute of Physics FInstP (2021)
- Chartered Engineer CEng (2021)
- Leopoldina-Stipendium der Deutschen Akademie der Wissenschaften (2012)

Schlüsselpublikationen

M. Jara Fornerod, A. Alvarez-Fernandez, M. Füredi, A.A. Rajendran, B. Prieto-Simon, N.H. Voelcker, S. Guldin: “Block copolymer-assembled nanopores enable ultra-sensitive label-free DNA detection”. Nanoscale Horizons 2025, DOI: 10.1039/D4NH00466C, [link](#).

K. Wong, R. Qi, Y. Ye, Z. Luo, S. Guldin, K.T. Butler: “Predicting colloidal interaction parameters from small angle X-ray scattering curves using artificial neural networks and Markov Chain Monte Carlo sampling”, JACS AU 2024, 4, 3492 – 3500, [link](#).

N. Mac Fhionnlaoich, S. Schrettl, N.B. Tito, Y. Yang, M. Nair, L.A. Serrano, K. Harkness, P.C. Silva, H. Frauenrath, F. Serra, W.C. Carter, F. Stellacci, S. Guldin: “Reversible microscale assembly of nanoparticles driven by the phase transition of a thermotropic liquid crystal”, ACS Nano 2023, 17, 9906 – 9918, [link](#).

J. Suthar, A. Alvarez-Fernandez, E. Osarfo-Mensah, S. Angioletti-Uberti, G.R. Williams, S. Guldin: “Amplified EQCM-D detection of extracellular vesicles using 2D gold nanostructure arrays fabricated by block copolymer self-assembly”, Nanoscale Horizons 2023, 8, 460 – 472, [link](#).

N. Mac Fhionnlaoich, S. Guldin: “Information entropy as a reliable measure of nanoparticle dispersity” Chemistry of Materials 2020, 32, 3701 – 3706, [link](#)

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 Prozess-technik, 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
	ALPMA
	Prozesstechnik
	Käsereitechnik
	Schneidetechnik
	Verpackungstechnik
	ALPMA
	SULBANA
	Mozzarella
	Schnittkäse
	Hartkäse

Professur für Food Biopolymer Systems



© Andreas Heddergott/TUM

Prof. Dr. Katharina Scherf

Professur seit 01.04.2024

Adresse

Lise-Meitner-Straße 34

D-85354 Freising-Weihenstephan

Telefon: 08161-71-2719

Internet: <https://www.mls.ls.tum.de/fbs>

E-Mail: k.scherf.leibniz-lsb@tum.de

Wissenschaftliche Laufbahn und Forschungsgebiete der neuen Professur

Nach ihrem Studium der Lebensmittelchemie an der TUM promovierte und habilitierte Prof. Scherf an der TUM. Sie arbeitete am Leibniz-Institut für Lebensmittel-Systembiologie an der TUM (LSB) und leitete die Forschungsgruppe Functional Biopolymer Chemistry. Im Jahr 2019 wurde sie Professorin am Karlsruher Institut für Technologie (KIT), wo sie die Abteilung für Bioaktive und Funktionelle Lebensmittelinhaltsstoffe leitete. Seit 2024 leitet sie die Forschungsgruppe Food Biopolymer Chemistry am LSB und hat außerdem die Professur für Food Biopolymer Systems an der TUM inne.

Sie erforscht die Proteinzusammensetzung von pflanzlichen Rohstoffen und Nahrungsmitteln sowie weizenbedingte Erkrankungen wie Zöliakie und Weizenallergie. Dazu entwickelt sie mit ihrem Team neue analytische Strategien, um das komplexe Zusammenspiel zwischen Struktur, Funktionalität, immunologischer und chemosensorischer Aktivität von Lebensmittelproteinen und Peptiden zu untersuchen. Diese grundlegenden Erkenntnisse tragen zur Verbesserung der Lebensmittelversorgung, der Lebensmittelqualität und der Lebensmittelsicherheit bei.

Wichtigste Auszeichnungen

- 2022 ERC Starting Grant: GLUTENOMICS
- 2022 Harald-Perten-Prize, International Association for Cereal Science and Technology (ICC)
- 2019 Wissenschaftspreis, Heinrich-Stockmeyer-Stiftung
- 2019 DZG-Forschungspreis, Deutsche Zöliakie-Gesellschaft (DZG e.V.)
- 2018 Young Scientist Research Award, American Association of Cereal Chemists (AACC) International
- 2017 Bernhard-van-Lengerich Forschungspreis, Berlin-Brandenburgische Gesellschaft für Getreideforschung e.V.
- 2014 DZG-Forschungspreis, Deutsche Zöliakie-Gesellschaft (DZG e.V.)
- 2009 Jürgen Manchot Studienpreis für einen herausragenden Hochschulabschluss in Lebensmittelchemie

Schlüsselpublikationen

Norwig M-C, Geisslitz S, Scherf KA. Comparative label-free proteomics study on celiac disease-active epitopes in common wheat, spelt, durum wheat, emmer, and einkorn. *Journal of Agricultural and Food Chemistry* 2024; 72: 15040–15052. doi: 10.1021/acs.jafc.4c02657

Geisslitz S, Pronin D, Neerukonda M, Curella V, Neufang S, Koch S, Weichert H, Weber H, Börner A, Schuppan D, Scherf KA: Breeding from 1891 to 2010 did not increase the content of amylase/trypsin-inhibitors in wheat (*Triticum aestivum*). *npj Science of Food*. 2023; 7: 43. doi: 10.1038/s41538-023-00219-w

Schirmer TM, Ludwig C, Scherf KA: Proteomic characterization of wheat protein fractions taken at different baking conditions. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*. 2023; 71: 12899-12909. doi: 10.1021/acs.jafc.3c02100

Gabler AM, Gebhard J, Norwig M-C, Eberlein B, Biedermann T, Brockow K, Scherf KA: Basophil activation to gluten and non-gluten proteins in wheat-dependent exercise-induced anaphylaxis. *Frontiers in Allergy*. 2022; 3: 822554. doi: 10.3389/falgy.2022.822554

Lexhaller B, Colgrave ML, Scherf KA: Characterization and relative quantitation of wheat, rye and barley gluten protein types by LC-MS/MS. *Frontiers in Plant Science*. 2019; 10: 1530. doi: 10.3389/fpls.2019.01530

Professur für Food Process Engineering

Adresse

Weihenstephaner Berg 1
D-85354 Freising-Weihenstephan
Telefon: 08161-71-4205
Internet: <https://www2.ls.tum.de/fp>
E-Mail: sekretariat.fpe@ls.tum.de

Personal

Leitung	Prof. Dr.-Ing. Petra Först	-3535
Sekretariat	Sabine Becker	-4205
Wissenschaftler	Dr.-Ing. Regina Bittner (bis 31.03.24)	-3942
	M.Sc. Sebastian Gruber	-3534
	M.Sc. Joshua Greiner	-3538
	M.Sc. Mathias Hilmer	-3534
	M.Sc. Isabel Kalinke	-5317
	M.Sc. Huriye Korkmazhan (ab 01.10.24)	-2507
	M.Sc. Marius Reiter	-5317
	Dipl.-Ing. (FH) Michael Reitmaier	-3481
	M.Sc. Monika Wehrli (bis 31.01.24)	-3538
Technische Mitarbeiter	M.Sc. Carolin Wolf	-3856
	Carmen Ederer	-3538
	Claudia Hengst	-3856
	Hermine Roßgoderer	-3534
	Günther Unterbuchberger	-3942
Gäste	Heidi Wohlschläger	-3941
	Dr. Ayobami Oladejo	-3856
	Jinbo Ren (ab 28.02.24)	-3481
	Schichao Xie	-2507
	Shalong Xiong (ab 01.12.2024)	-3856

Vorwort

Der Generationenwechsel am Campus Weihenstephan im Bereich der Lebensmitteltechnik sowie Bioprozesstechnik ist inzwischen weitgehend erfolgreich abgeschlossen. Die neuesten Berufungen in diesem Jahr waren Prof. Guldin (Lehrstuhl für Complex Soft Matter) sowie Prof. Hristo Svilenov (Professur für Biopharmazeutische Technologie). Prof. Guldin ist zunächst für 2 Jahre für das Projekt Proteins4Singapore von TUMCREATE verantwortlich und daher in Singapur verortet. Nach Ablauf von 2 Jahren wird er uns dann am Campus Weihenstephan verstärken.

Inhaltlich befassen wir uns an der Professur Food Process Engineering vor allem mit der Prozessierung von alternativen Proteinen, von der Extraktion über die Aufreinigung bis zur Trocknung. Von diesen Prozessschritten hängt vor allem die Strukturbildungsfähigkeit der Proteine ab. Trotz des jahrzehntelangen Fortschritts gibt es jedoch auch noch viele offene Fragestellungen im Hinblick auf die Prozessierung von tierischen Lebensmitteln wie der Milch. Spannend ist auch, wie sich rekombinant erzeugte Milchproteine bei der Weiterverarbeitung verhalten.

Bei der Extraktion liegt unser Fokus zum einen auf der trockenen, also lösungsmittelfreien Proteingewinnung, zum andern auf der nassen Gewinnung von möglichst nativen, definierten Proteinfractionen mittels Membrantrenntechniken. Ein weiterer Fokus unserer Forschung liegt in der Entwicklung neuer Trocknungsverfahren wie dem Einsatz der solid state Mikrowellentechnologie. Die Strukturbildung sowie Prozess-Struktur-Interaktionen wollen wir mittels modernster bildgebender Methoden *in-situ* untersuchen, wie z.B. der Neutronenbildgebung oder der Mikro-Computertomographie. Dazu haben wir im August 2023 einen Großgeräteantrag bei der Deutschen Forschungsgemeinschaft zusammen mit Prof. Ahmed (Root-Soil-Interactions) für die Anschaffung eines Mikro-Computertomographen mit hoher zeitlicher und räumlicher Auflösung eingereicht. Inzwischen ist das Gerät (UniTom HR, Fa. Tescan, Gent) installiert und wir starten gerade mit den ersten Testmessungen. Um vor allem die Bildauswertung zu professionalisieren, planen wir die Einrichtung eines Gerätezentrums zur Bildgebung von Lebensmitteln und Biomaterialien. Die ersten Testmessungen schauen bereits sehr vielversprechend aus.

Im Oktober 2022 ist die Professur Plant Proteins and Nutrition (Prof. Ute Weisz) bei uns im Gebäude eingezogen, mit der wir uns die Räumlichkeiten am Weihenstephaner Berg 1 teilen. Inzwischen sind beide Gruppen gewachsen und wir sind bereits räumlich an unsere Kapazitätsgrenzen angelangt. Die Neugestaltung der Lehrveranstaltungen ist inzwischen weitgehend abgeschlossen. Unsere Lehrveranstaltungen werden gut angenommen und wir haben keine Probleme, sehr gute Studierende als Bacheloranten und Masteranden zu gewinnen. Momentan entwickeln wir ein neues Lehrformat, welches ein spielerisches, selbständiges Lernen der Studierenden ermöglichen soll. Wir haben ein Projekt im Rahmen des Ideenwettbewerbs Studienbezogene Verstärkung der Exzellenzstrategie gewonnen und möchten ein Lehrformat in Form eines Exit-Games für die Lebensmittelverfahrenstechnik entwickeln.

In der Senatskommission der DFG zur gesundheitlichen Bewertung von Lebensmitteln, in die ich im März 2023 berufen wurde, haben wir ein Positionspapier¹ herausgegeben, welches die große Bedeutung der Ernährungsforschung in Deutschland hervorhebt und die deutliche Stärkung dieses Forschungsbereichs fordert. An vielen Standorten ist die kritische Masse an Professuren in diesem Bereich bereits unterschritten, da wesentliche Professuren fachfremd oder nicht wiederbesetzt wurden. Zudem kämpfen wir mit Nachwuchsmangel, da sich immer weniger Schüler für ein ingenieur- oder naturwissenschaftliches Studium entscheiden und auch weniger für eine Promotion. In Zeiten des Klimawandels und globaler Krisen wird meines Erachtens die Ernährungssicherung sowie die Unabhängigkeit von Lieferketten (z.B. durch einfache Umstellung auf einen alternativen Rohstoff) ein zentrales Forschungsfeld.

[1] DFG - Deutsche Forschungsgemeinschaft - Lebensmittel- und Ernährungsforschung in Deutschland zukunftsfähig gestalten

Auszeichnungen

Posterpreis für Joshua Greiner

Verliehen im Rahmen der Dechema Jahrestagung Process Net Fachgruppe Lebensmittelverfahrenstechnik am 27. – 28.02.2024 in Quakenbrück für sein Poster „Einfluss der Vermahlung auf die Freilegung von Proteinkörpern als Vorbehandlung für die trockene Fraktionierung“.

Vortragspreis für Isabel Kalinke

Verliehen im Rahmen der Dechema Jahrestagung Process Net Fachgruppe Trocknungstechnik vom 11.-13.03.2024 in Magdeburg für ihren Vortrag: „Prozessintensivierung in der Mikrowellen-unterstützten Gefriertrocknung mittels innovativer Solid-State-Mikrowellengeneratoren“

YILI Connect to Innovate Award 2024 für Christian Kürzl

Verliehen am 18.04.2024 an Christian Kürzl für seine Promotionsarbeit. Lt. Jury ist diese Arbeit extrem gut ausgeführt ist und von hoher Relevanz für die sichere Herstellung von Lebensmitteln bei gleichzeitiger Reduzierung des Einsatzes von Chemikalien und Wasser.

Forschung

I. Forschungsgebiet Trocknung und Pulvertechnik

Selektive Vermahlung von Leguminosen: Bestimmung der mechanischen Eigenschaften von Ackerbohnenmehlen mittels dynamisch-mechanischer Analyse

Selective comminution of legumes: Determination of faba beans' mechanical properties by dynamic-mechanical analysis

Joshua Greiner, Leonie Poller

Die Ernährungsstrategie der Bundesregierung zielt genau wie auch die Ernährungsempfehlungen der Deutschen Gesellschaft für Ernährung auf einen nachhaltigeren Charakter unserer Ernährung hin [1,2]. Ein Aspekt dieser Empfehlungen ist die Reduktion des Verzehrs tierischer Lebensmittel beziehungsweise der Ersatz dieser durch pflanzliche Alternativen. Dadurch gewinnen Proteine pflanzlichen Ursprungs weiter an Aufmerksamkeit.

Die Gewinnung von pflanzlichen Proteinen erfolgt industriell aktuell durch Nassextraktionsverfahren [4]. Jedoch verlieren diese aufgrund ihres hohen Wasser- und Energieaufwandes sowie des Prozessstresses zunehmend an Bedeutung. (Abweiserad-)Windsichtung und triboelektrische Trennung stellen zwei trockene Alternativen zu den konventionellen Verfahren dar. Dabei werden die Rohmaterialien nicht mehr aufgrund chemischer, sondern lediglich aufgrund physikalischer Unterschiede der Komponenten getrennt. Die Windsichtung bedient sich dabei der Größenunterschiede zwischen Proteinkörpern (3-10 μm) und Stärkekörnern (25-40 μm); die triboelektrische Trennung bedient sich des in Abhängigkeit der Oberflächeneigenschaften unterschiedlichen Ladeverhaltens der beiden Komponenten. [5] Für beide Fraktionierungsverfahren, ist die maximale Freilegung der beiden Komponenten durch eine selektive Zerkleinerung entscheidend. [5].

Ziel der selektiven Zerkleinerung ist es, das Bruchverhalten eines Materials durch die Steuerung der mechanischen Eigenschaften seiner Einzelkomponenten zu kontrollieren. So soll die Rissbildung entlang der Grenzfläche zwischen den Komponenten forciert werden.

Die mechanischen Eigenschaften von Proteinkörpern und Stärkekörnern – als teilkristalline bis amorphe Materialien – sind eng mit deren physikalischen Zustand und damit Temperatur und Feuchte des Samens verbunden. Vor allem der Glas-Gummi-Übergang des amorphen Anteils der Komponenten spielt hierbei eine zentrale Rolle [9-11].

Dieser beschreibt einen Temperaturbereich, bei dem amorphe Feststoffe von einem starren, glasartigen in einen weichen, gummiartigen Zustand übergehen. Verbunden mit dieser Zustandsänderung ist auch eine Veränderung der mechanischen Eigenschaften sowie des Bruchverhaltens: Glasartige Stoffe verhalten sich spröde, während gummiartige Stoffe ein elastisches Verhalten aufweisen und somit erst nach einer gewissen Verformung brechen (duktils Verhalten).

Die dynamisch-mechanische Analyse (DMA) ermöglicht die Bestimmung der mechanischen Eigenschaften der beiden Komponenten als Funktion von Wassergehalt und Temperatur. Neben der direkten Bestimmung der mechanischen Eigenschaften, ist der größte Vorteil der DMA die Bestimmung der Eigenschaften beider Komponenten im originären System. Dadurch können Einflüsse durch Extraktion oder Zusammensetzung der Pulver ausgeschlossen werden.

Die DMA wird mittels Rheometer MCR 702, ausgestattet mit Konvektionsofen CTD-600, Verdampfungseinheit EVU 20 einer Dual-Cantilever-Geometrie durchgeführt. Für die Messung wird die in einem „Powder Pocket“ eingespannte Probe sinusförmig gestaucht mit einer Amplitude von $\varepsilon_0 = 0,04 \%$ und einer Kreisfrequenz $\omega = 1 \text{ rad/s}$. Die dafür nötige Normalspannung der Probe $\sigma(t)$ wird gemessen. Aus dem Verhältnis von Spannung zu Dehnung kann der komplexe Modul E^* berechnet werden. Dieser

Wert ist vergleichbar zum Elastizitätsmodul beim Zugversuch von elastischen Rohstoffen wie Metallen. Im Gegensatz zu diesen rein elastischen Werkstoffen, zeigen viskoelastische Materialien sowohl elastisches als auch viskoses Verhalten. Um diesem Verhalten Rechnung zu tragen, setzt sich das komplexe Modul aus Dehnspeicher- E' und -Verlustmodul E'' zusammen. Diese beschreiben das feststoffähnliche, elastische (E') und das flüssigkeitsähnliche, viskose Verhalten (E'') der viskoelastischen Probe; das Verhältnis von E' zu E'' wird als Dehnverlustfaktor oder $\tan(\delta)$ bezeichnet. [3]

Durchläuft eine Probe eine physikalische Veränderung, so ist diese verbunden mit einer Änderung in den mechanischen Eigenschaften der Probe, vor allem ihrer Steifigkeit. Die Probe wird steifer nach einer Rekristallisation und nachgiebig durch den Übergang in den gummiartigen Zustand oder ein Aufschmelzen [6]. Dieser Übergang ist als starker Rückgang der elastischen Eigenschaften beziehungsweise des Speichermoduls und als lokales Maximum im Verlauf des Dehnverlustfaktors zu beobachten.

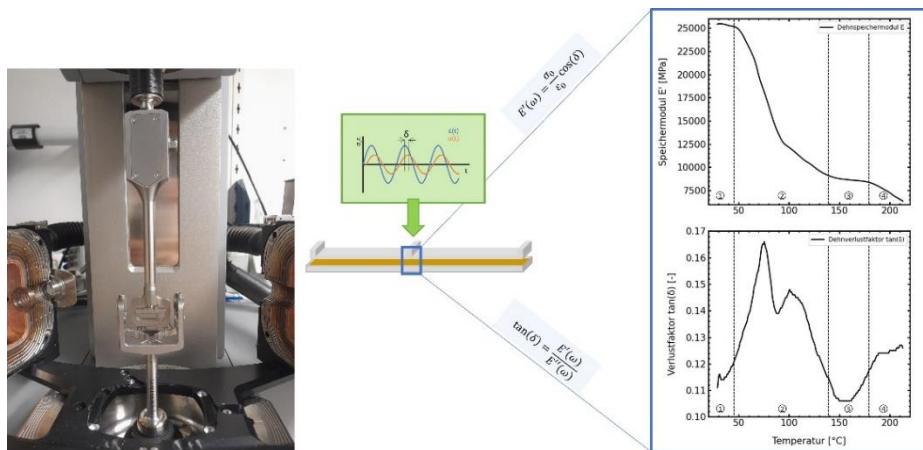


Abbildung 1: Dual-Cantilever Geometrie zur dynamisch-mechanischen Analyse von granulären Systemen (links); schematische Darstellung des zeitlichen Spannungszustandes im Pulver während der DMA (Mitte) und mittels DMA gemessenem Speichermodul E' (rechts oben) und Verlustfaktor $\tan(\delta)$ als Funktion der Probestemperatur.

Ein mittels DMA aufgenommenes Thermogramm von Ackerbohnenmehl (Abbildung 1 rechts oben; Ackerbohnenmehl, $X = 0,8926 \text{ g/gdm}$) lässt sich in vier Regionen aufteilen. Bei niedrigen Temperaturen weisen die Proben ein glasartiges Plateau auf (①). Diesem folgt ein starker Abfall des Dehnspeichermoduls bei weiterem Erwärmen der Probe (②). Dieser Bereich wird als Übergangsbereich bezeichnet, er enthält auch den Glas-Gummi-Übergangsbereich. Ein weiteres Plateau im Dehnspeichermodul nach dem Übergangsbereich charakterisiert das gummiartige Verhalten (③), bevor das weitere Erhitzen der Probe zu einem elastischen Fließen bis hin zum Aufschmelzen dieser führt (④). Beim Blick auf den Verlauf des Dehnverlustfaktors (Abbildung 1 rechts unten) fällt auf, dass diese zwei aufeinanderfolgenden lokalen Maxima aufweisen. Diese beiden Maxima bei 76°C und 101°C deuten die Glas-Gummi-Übergänge der Protein- beziehungsweise Stärkefraktion des Mehles an. Im Bereich zwischen den Übergangstemperaturen befindet sich die beiden Komponenten folglich in unterschiedlichen Zuständen, wodurch sich auch ihr Bruchverhalten voneinander unterscheidet. Durch gezielte Steuerung der Temperatur-Feuchte-Bedingungen soll dieser Zustand in den folgenden Schritten nun gezielt zur selektiven Zerkleinerung genutzt werden.

Dank:

Dieses Vorhaben der Forschungsvereinigung Forschungskreis der Ernährungsindustrie e.V. (FEI) 22876 N „Trockene Aufbereitung von Pflanzenproteinen“ wird im Rahmen des Programms zur Förderung der Industriellen Gemeinschaftsforschung (IGF) vom Bundesministerium für Wirtschaft und Klimaschutz aufgrund eines Beschlusses des Deutsche Bundestages gefördert.

Literatur:

- [1] Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL): Gutes Essen für Deutschland, 2024.
- [2] Schäfer AC, Boeing H, Conrad J, Watzl B für die DGE Arbeitsgruppe Lebensmittelbezogene Ernährungsempfehlungen: Wissenschaftliche Grundlagen der lebensmittelbezogenen Ernährungsempfehlungen für Deutschland. Methodik und Ableitungskonzepte. Ernährung Umschau 2024; 71(3): M158–66. e5–7.
- [3] Chartoff, R. P., Menczel, J. D., & Dillman, S. H. (2009). Dynamic mechanical analysis (DMA). *Thermal analysis of polymers: fundamentals and applications*, 387-495.
- [4] Schlangen, M., Taghian Dinani, S., Schutyser, M. A., & van der Goot, A. J. (2022). Dry fractionation to produce functional fractions from mung bean, yellow pea, and cow-pea flour. *Innovative Food Science & Emerging Technologies*, 78, 103018.
- [5] Schutyser, M., & van der Goot, A. J. (2011). The potential of dry fractionation processes for sustainable plant protein production. *Trends in Food Science & Technology*, 22, 154–164.
- [6] Warren, F. J., Pandolfo, R., Martin, G. P., Royall, P. G., Menard, K. P., Packer, R., & Shelton, C. T. (2012). *Dynamic Mechanical Analysis*.
- [7] Semsari Parapari, P., Parian, M., & Rosenkranz, J. (2020). Breakage process of mineral processing comminution machines – An approach to liberation. *Advanced Powder Technology*, 31, 3669– 3685.
- [8] Klimpel, R. R., & Austin, L. G. (1965). The statistical theory of primary breakage distributions for brittle materials. *AIME Trans*, 232, 88–94.
- [9] Pelgrom, P. J. M., Schutyser, M. A. I., & Boom, R. M. (2013). Thermomechanical Morphology of Peas and Its Relation to Fracture Behaviour. *Food and Bioprocess Technology*, 6, 3317–3325.
- [10] Brütsch, L., Tribolet, L., Isabettini, S., Soltermann, P., Baumann, A., & Windhab, E. J. (2018). Tailoring rice flour structure by rubbery milling for improved gluten-free baked goods. *Food & function*, 9(5), 2951-2961.
- [11] van Donkelaar, L. H., Martinez, J. T., Frijters, H., Noordman, T. R., Boom, R. M., & van der Goot, A. J. (2015). Glass transitions of barley starch and protein in the endosperm and isolated from. *Food Research International*, 72, 241-246.

Dynamische Mikrowellengefrier Trocknung von Schüttgütern

Dynamic microwave freeze drying of bulk materials

Mathias Hilmer

Die Mikrowellen-Gefrier Trocknung (MWFD) ist ein aufstrebendes Verfahren, das im Vergleich zur konventionellen Gefrier Trocknung die Prozesszeit verkürzen kann, dadurch den Energieverbrauch reduziert und gleichzeitig eine schonende Trocknung sensibler Produkte gewährleistet. Häufig werden die Produkte in Form von Schüttgütern dem Trocknungsprozess zugeführt. Allerdings steigt die Trocknungszeit mit der Schütthöhe stark an. Außerdem zeigt sich, dass die inhomogene Erhitzung aufgrund der Mikrowelle zu örtlich variierenden Trocknungsergebnissen führt. Daher wurde das Verfahren der dynamischen Mikrowellengefrier Trocknung untersucht, bei dem das Schüttgut kontinuierlich in einer rotierenden Trommel bewegt wird (Abbildung 1).

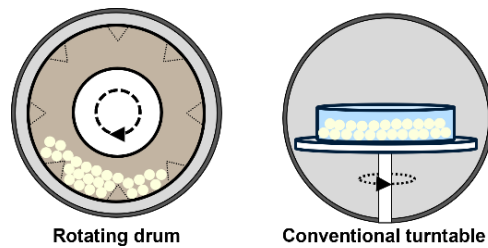


Abbildung 1: Schematische Darstellung der verschiedenen Probenumgebungen; Links: Durchmischende Schüttguttrommel; Rechts: Rotierender Drehteller mit darin befindlicher statischer Schüttung

Ziel ist es, durch die stetige Bewegung des Schüttguts den Trocknungsprozess zu homogenisieren und effizienter zu gestalten. (Hilmer et al. 2024) Versuche, die dem direkten Vergleich der konventionellen Drehteller Methode mit der rotierenden Trommel anhand von Maltodextrin Partikel dienen, zeigten, dass die Probe deutlich homogener trocknete und dies in nur 80% der Zeit (Abbildung 2).

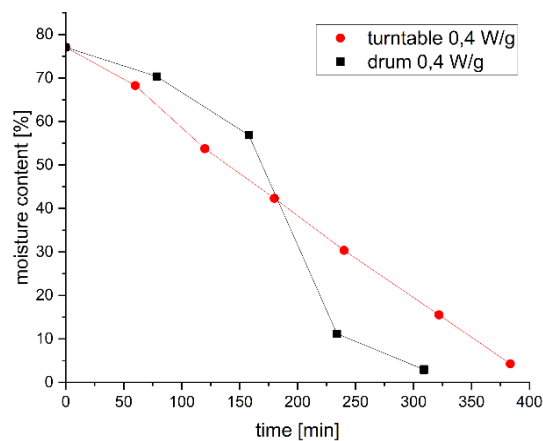


Abbildung 2: Vergleich der Drehteller und Trommel Methode anhand des Wassergehaltes über die Trocknungszeit

Weiterhin ergaben die Experimente, dass für die gleiche Probenmenge 35% weniger absorbierte Mikrowellenenergie benötigt wurde. Somit bestätigen die Versuche die Eignung der dynamischen Mikrowellengefroren-trocknung zur Trocknung von Schütt-gütern. Weiterhin wurde mit dem selben Verfahren die Trocknung von Limosilactobacillus-Pellets in einer weiteren Versuchsreihe untersucht. Die anschließende Untersuchung der Überlebensrate der Mikroorganismen dient der qualitativen Vergleichbarkeit gängigen konventionellen Gefriertrocknung.

Die Ergebnisse zeigten, dass bei gleichem Gehalt an freiem Wasser in den Proben ähnliche Überlebensraten erreicht werden konnten und demnach die Qualität des Trocknungsprozesses in Bezug auf Mikroorganismen gleichwertig ist.

Literatur:

Hilmer, Mathias; Gruber, Sebastian; Kis, Zoltán; Schulz, Michael; Foerst, Petra (2024): Design of a pilot-scale microwave freeze dryer for in situ neutron imaging. In: *The Review of scientific instruments* 95 (8). DOI: 10.1063/5.0213685.

Enhanced rehydration characterization of micellar casein concentrate: A study under thin film dryer environment

Verbesserte Rehydrationscharakterisierung von mizellarem Kaseinkonzentrat: Eine Studie unter Dünnschichttrocknerumgebung

Jinbo Ren, Michael Reitmaier

Micellar casein concentrate (MCC), typically purified and concentrated through membrane separation systems, is commonly spray-dried into powder form in industry to facilitate storage and transport. However, the crust formation due to hot air convection in the spray drying of MCC [1, 2], along with its inherently dense micelle structure [3, 4], results in poor rehydration properties, thereby limiting its applications. While chemical modification has been extensively reported as a means to improve rehydration, it may raise concerns among consumers. Moreover, convective drying in spray dryers is challenging to control at the level of individual particles.

Here, a highly dynamic thin film dryer (Figure 1A–C), previously developed in our laboratory [5], was employed to regulate the convective drying process. The following parameters were set: temperature (50/70/90 °C), relative humidity (0/20/40%), MCC concentration (9/15% w/w), and air velocity (0.3 m/s). The drying kinetics curve is shown in Fig. 1E. The resulting thin film samples (Figure 1D) were subsequently tested for rehydration behavior. This report presents partial results of the tests on wettability and dispersibility, which correspond to the early to mid-late stages of the rehydration process. It does not cover the final stage, where complete dissolution to form particles as similar as possible to native casein micelles is achieved.

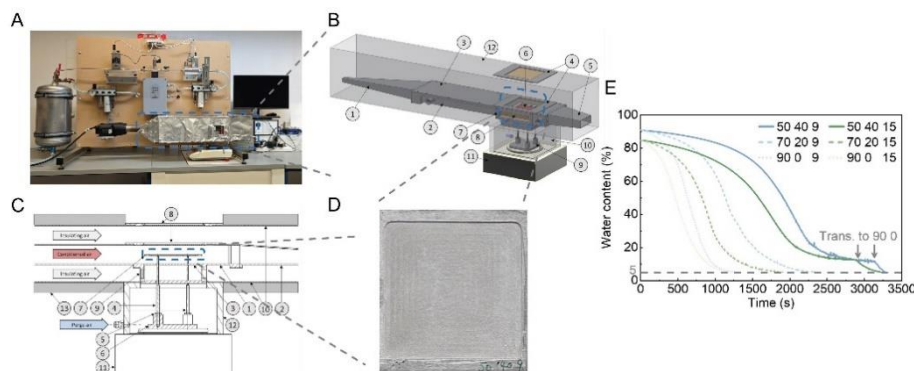


Figure 1: The appearance of the thin film dryer (A), along with a perspective view (B) and cross-sectional diagram of its wind tunnel section (C). A dried micellar casein concentrate thin film adhered to an aluminum sheet (D). Temperature (50/70/90 °C), relative humidity (0/20/40%), and concentration (9/15%) were controlled to generate kinetic curves under six different drying conditions. The drying endpoint was defined as the film reaching a moisture content of 5% (E).

A contact angle goniometer (Figure 2A) was used to record the dynamic wetting process of the thin films for the different drying conditions and weight fractions. As shown in Figure 3B & C, thin films produced under low MCC concentration and slow drying conditions (50 °C/ 40% rH/ 9% w/w) exhibited excellent hydrophilicity and the ability to promote rapid water infiltration. Regarding dispersibility, the appearance of the thin films during stirring (Figure 2E) with a dissolution tester (Figure 2D) and particle size analysis of the dissolved liquid (Figure 2F) indicate that thin films prepared under low MCC concentration and slow drying conditions (50 40 9) quickly dispersed into smaller particles.

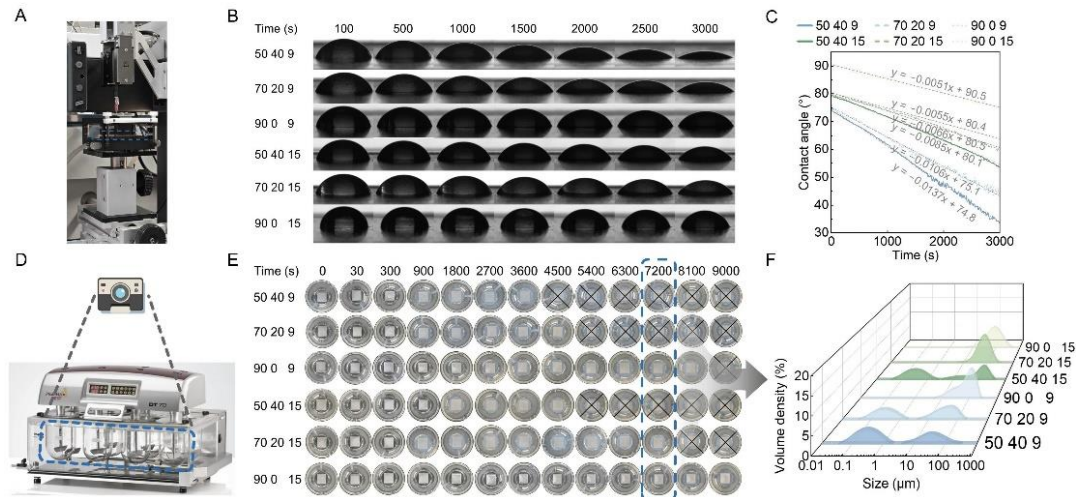


Figure 2: A contact angle goniometer was used to characterize wettability (A). High-speed camera images captured the infiltration of water droplets into the thin films during the dynamic wetting process (B). Dynamic changes in contact angle were recorded every 10 s over a 3000 s period (C). A dissolution tester was used for thin film rehydration (D). Top-down photographs of the thin films during the rehydration process were taken, where the “x” on the beaker indicates that the reduction of the thin films on the aluminum sheet compared to the previous state is hardly distinguishable by the naked eye (E). Particle size distribution of the dissolved material collected at 7200 s (F).

Other work related to this study

We completed a comprehensive review of existing physical techniques aimed at improving dairy powder rehydration (Figure 3). This article first provides a comprehensive review of the rehydration behavior of typical milk powders and their associated product properties. Subsequently, it focuses on effective strategies for improving rehydration performance and explores their potential applications across various types of milk powders.

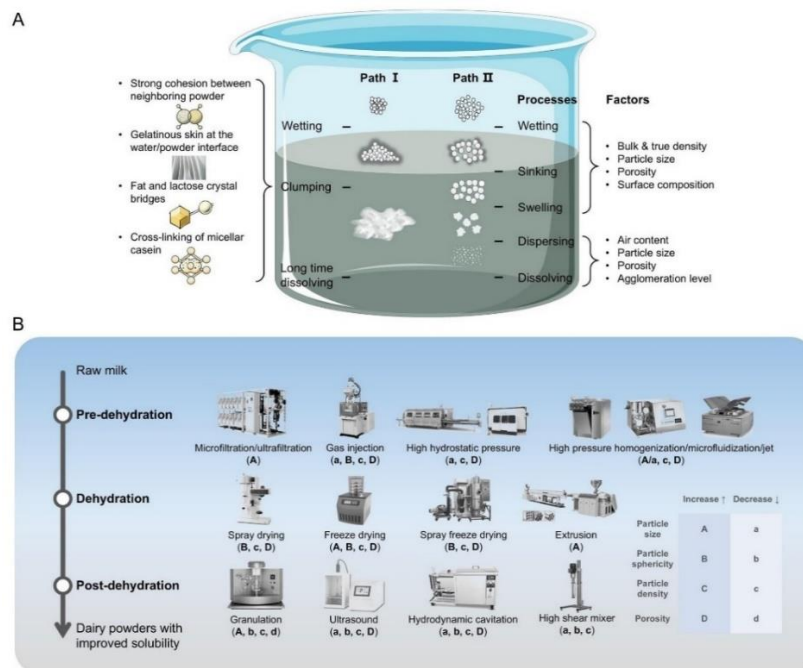


Figure 3: Two rehydration paths of dairy powders and their potential impact factors (A). Physical processing technologies and their intervention directions for dairy powder rehydration performance enhancement (B).

Additionally, the insulation material of the previous thin film dryer was replaced, switching from fire-resistant cotton to the current calcium silicate boards (Figure 4). Testing confirmed that the insulation performance achieved with the rigid boards remained at the same level as before. Aluminum foil was applied to the outermost layer, allowing for easy replacement to enhance aesthetic appeal.



Figure 4: The external insulation material of the film dryer was replaced from fire-resistant cotton to calcium silicate boards.

References:

- [1] C. Sadek, H. Li, P. Schuck, Y. Fallourd, N. Pradeau, C. Le Floch, R. Jeantet, To what extent do whey and casein micelle proteins influence the morphology and properties of the resulting powder, *Drying Technology* 32(13) (2014) 1540–1551. [https://doi.org/ 10.1080/ 07373937.2014.915554](https://doi.org/10.1080/07373937.2014.915554).
- [2] C. Sadek, L. Pauchard, P. Schuck, Y. Fallourd, N. Pradeau, C. Le Floch, R. Jeantet, Mechanical properties of milk protein skin layers after drying: Understanding the mechanisms of particle formation from whey protein isolate and native phosphocaseinate, *Food Hydrocolloids* 48 (2015) 8–16. <https://doi.org/10.1016/j.foodhyd.2015.01.014>.
- [3] D. McSweeney, J. O'Mahony, N. McCarthy, Strategies to enhance the rehydration performance of micellar casein-dominant dairy powders, *International Dairy Journal* 122 (2021) 105116. <https://doi.org/10.1016/j.idairyj.2021.105116>.
- [4] S. Wu, K. Cronin, J. Fitzpatrick, S. Miao, Updating insights into the rehydration of dairy-based powder and the achievement of functionality, *Critical Reviews in Food Science and Nutrition* 62(24) (2021) 6664–6681. [https://doi.org/10.1080/ 10408398. 2021. 1904203](https://doi.org/10.1080/10408398.2021.1904203).
- [5] M. Schugmann, P. Först, Concept, design, and measurement methodology of a highly dynamic thin film dryer for experimental in situ drying manipulation, *Review of Scientific Instruments* 93(6) (2022) 065108. <https://doi.org/10.1063/5.0083295>.

II. Forschungsgebiet In-situ Messtechnik und Bildanalyse

Aufbau der Arbeitsgruppe Bildgebung - XCT

Buildup of a new research group in the field of Imaging - XCT

Sebastian Gruber M. Sc., Carmen Ederer

Die Entscheidung des Konsumenten für ein bestimmtes Lebensmittel wird neben dem Aussehen, Geschmack und ernährungsphysiologischen Eigenschaften vor allem durch die Textur bestimmt. Die Textur eines Lebensmittels wird durch seine Mikrostruktur bestimmt [1]. Daher liegt speziell auch in der Strukturierung von Produkten ein besonderes Augenmerk in der Produktentwicklung und auch Lebensmittelforschung. Ein Beispiel ist die Strukturierung von pflanzenbasierten Fleischalternativen, die z.B. mittels Extrusion gewonnen werden. Um hier Strukturen aufzuklären, werden besonders bildgebende

Verfahren verwendet, wie z.B. die Lichtmikroskopie oder die Rasterelektronenmikroskopie. All diese Verfahren haben allerdings den Nachteil, dass eine Probenvorbereitung erfolgen muss. In dem vergangenen Jahrzehnt hat aber im Life Science Bereich die Bildgebung mittels Röntgen mikro-Computer-Tomographie (XCT) stark an Bedeutung gewonnen. Dies konnte bereits in der Vergangenheit durch unsere Forschungsgruppe dargestellt werden [2]. Der Nutzen des XCT liegt nicht nur in der zerstörungsfreien Untersuchung von starren Produkten, wie z.B. die Charakterisierung der Struktur, sondern sie kann auch genutzt werden, um Prozesse besser zu verstehen (vgl. Abbildung 1).

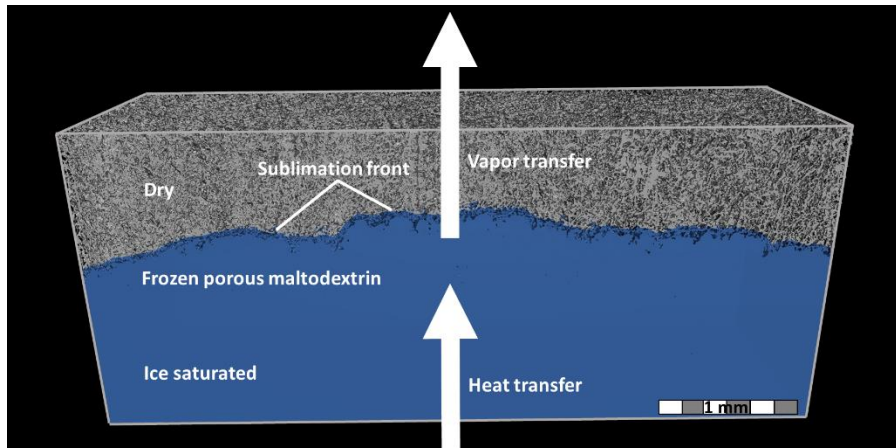


Abbildung 2: Visualisierung eines Gefriertrocknungsprozesses mittels XCT. Blau: Eis; Grau: Getrocknetes Maltodextrin

Die Professur Food Process Engineering hat zusammen mit der Professur Root-Soil-Interactions im Rahmen eines DFG Großgeräteantrags ein XCT beantragt. Nach unzähligen Stunden, die mit Anträgen und Ausschreibungen verbracht wurden, war es am 12.11.2024 dann so weit und das UniTOM HR (Tescan XRE, Gent, Belgien) wurde geliefert (vgl. Abbildung 2).



Abbildung 3: Lieferung des XCTs (links); UniTOM HR am Aufstellort

Nach weiteren zahlreichen Telefonaten mit Behörden sowie dem Einreichen weiterer Unterlagen war es dann endlich so weit, dass im Januar 2025 die erfolgreiche Inbetriebnahme erfolgte. Eine Auswahl an ersten Messergebnissen sind in Abbildungen 3 a)-d) dargestellt.

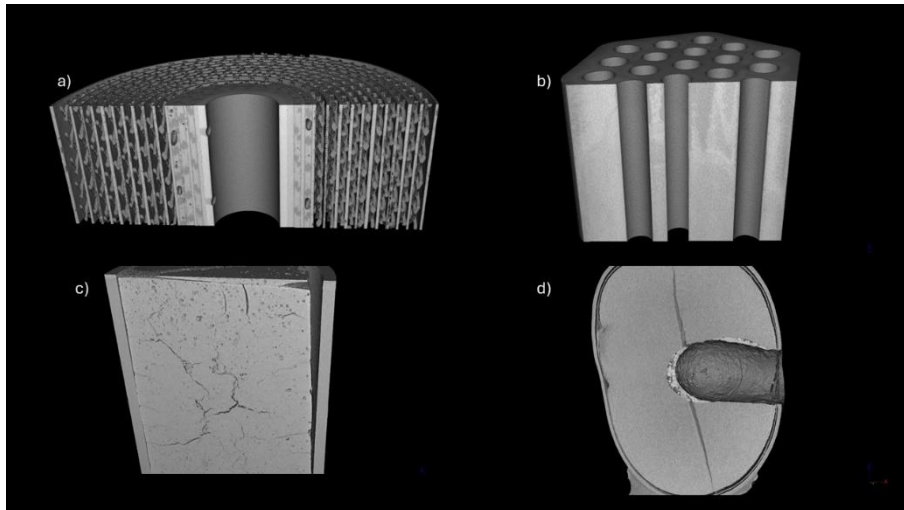


Abbildung 4: a) Spiralwickelmodul; b) Keramikmembran; c) Erhitztes und anschließend Gefriergetrocknetes Erbsenproteingel; d) Querschnitt einer Ackerbohne mit Käferbiss

In Zukunft wird das XCT speziell bei der Aufklärung der Mikrostruktur verschiedenster Produkte wie z.B. Fleischersatzprodukte, getrockneter Produkte, etc. helfen. Zudem wird auch ein Fokus auf dynamischen Prozessen liegen, wobei hier unter Anderem Trocknungsprozesse, aber auch Strukturbildungsprozesse im Vordergrund stehen.

Literatur:

- [1] Ernährungsreport 2022; Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft
- [2] Gruber, S.; Först, P.; Thomik, M.; Tsotsas, E.; Vorhauer-Huget, N. Pore scale investigation of freeze-drying, *Album of porous media* 2023. ISBN 9783031237997.

Microstructural study of plantain samples during hot air-drying using X-ray microtomography

Mikrostrukturelle Untersuchung von Kochbananenproben während der Heißlufttrocknung mittels Röntgenmikrotomographie
Ayobami Olayemi Oladejo

One of the ways to address the problem of postharvest losses is by drying. Hot air drying of foods is widely used because of its ease of operation, low cost and simplicity [1, 2]. However, hot air drying could have adverse effect on the microstructure of foods due to its long drying time and exposure to hot air [3].

In order to minimize its effect on microstructure of food and to obtain a high-quality dried product, scanning electron microscopy (SEM) has been commonly used to investigate the microstructure of hot air-dried foods [4].

But the use of SEM is destructive to the samples and cannot be used for fresh food samples [5]. A better alternative for the investigation of microstructure of fresh and dried foods is x-ray microtomography (XCT). XCT is a non-destructive measuring device that is capable of providing information on the internal structure of food product in reconstructed 3D volume. XCT measurement can be done in in-situ or ex-situ during food processing [6, 7].

In this work, XCT was used to analyse the microstructural changes that took place when the plantain samples were hot air dried at temperatures of 50 to 70°C. The effect of microstructural changes on

porosity, pore size distributions, shrinkage, and cracking during drying of plantain samples were investigated. Porosity strongly affects the heat and mass transfer during drying of foods. There was an increase in the porosity of the samples as the moisture content decreased during drying. But after drying for 10 min, there was a remarkable increase in the porosity compared to the fresh samples. This could be due to the fact that most water in the plantain was lost at the beginning of drying. This was observed for all drying temperatures. Shrinkage is an important parameter that influences consumer's choice of food. Temperature also had an influence on the shrinkage of plantain samples. Increase in temperature led to increase in the shrinkage of plantain samples during drying. Also, the reduction in the water content of plantain samples during drying led to increase in the shrinkage of plantain samples. This was due to inward contraction of the tissue walls as the drying progressed.

Cell rupturing and cracked areas of dried samples were visualized by XCT meaning that high temperature and reduced moisture content during drying could have significant impact on the microstructure of the plantain samples. The presence of cracks also influences the transfer of heat and mass within the internal and external surfaces of plantain tissues during drying [8].

The pore size distribution (Fig.1) also showed that the pore size increased as the moisture content decreased for all drying temperatures. But there was contraction in the pore size for samples dried at 60 and 70°C when the moisture content reduced to 0.07 and 0.025, respectively. This could be attributed to the elasticity of the food matrix during drying. Overall, this result showed that low drying temperature could lead to larger pore sizes and high drying temperature could lead to smaller pore sizes (Table 1). The information provided by μ CT in this work can be used in the modelling and design of an efficient drying system for a heterogeneous food material.

In the future, the link between the microstructural properties of plantain analysed by XCT and the nutritional qualities of plantain samples should be investigated in order to have an optimal drying system that would result in high quality dried plantain samples.

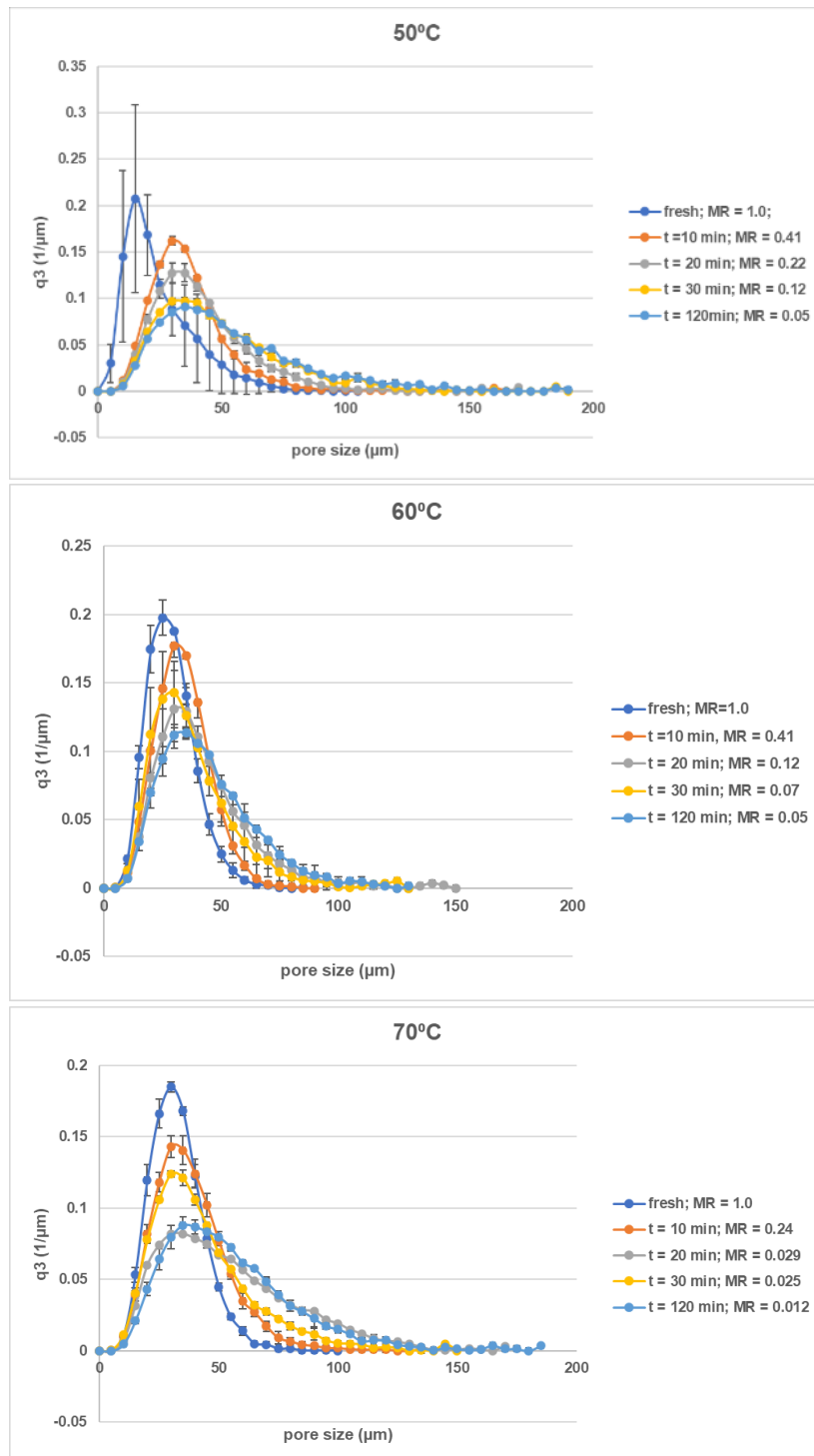


Figure 1: Pore size distributions of plantain samples dried at different temperature. *t = drying time and MR = moisture ratio

Table 1: Pore sizes of dried plantain samples at different temperature and moisture ratio (MR = moisture ratio)

Time (min)	50°C		60°C		70°C	
	MR	Pore size (μm)	MR	Pore size (μm)	MR	Pore size (μm)
0	1	85	1	85	1	85
10	0.41	136	0.41	79	0.24	112
20	0.22	135				
30	0.12	159	0.12	122	0.029	162
120	0.05	185	0.07	101	0.025	137
			0.05	122	0.012	162

Acknowledgement:

This work was supported by Alexander von Humboldt Foundation, Germany.

References:

- [1] Aprajeeta J, Gopirajah R, Anandharamakrishnan C. Shrinkage and porosity effects on heat and mass transfer during potato drying. *J Food Eng* 2015; 144: 119–128.
- [2] Oladejo AO, Nkem OM, Alonge AF, et al. Influence of ultrasound-pretreated convective drying of Roselle (*Hibiscus sabdariffa* L.) leaves on its drying kinetics and nutritional quality. *Sci Afr*; 20. Epub ahead of print 1 July 2023. DOI: 10.1016/j.sciaf.2023.e01704.
- [3] Wiktor A, Iwaniuk M, Śledź M, et al. Drying Kinetics of Apple Tissue Treated by Pulsed Electric Field. *Drying Technology* 2013; 31: 112–119.
- [4] Puig a., Perez-Munuera I, Carcel J a., et al. Moisture loss kinetics and microstructural changes in eggplant (*Solanum melongena* L.) during conventional and ultrasonically assisted convective drying. *Food and Bioprocesses Processing* 2012; 90: 624–632.
- [5] Li J, Qian Z-Q. The Application of Image Acquisition and Analysis Techniques to the Field of Drying. *Food Engineering Reviews* 2017; 9: 13–35.
- [6] Gruber S, Vorhauer N, Schulz M, et al. Estimation of the local sublimation front velocities from neutron radiography and tomography of particulate matter. *Chem Eng Sci*; 211. Epub ahead of print 16 January 2020. DOI: 10.1016/j.ces.2019.115268.
- [7] Siebert T, Becker A, Bunzel M, et al. Evaluation of the usefulness of serial combination processes for drying of apples. *Drying Technology* 2020; 38: 1274–1290.
- [8] Léonard A, Blacher S, Marchot P, et al. Measurement of shrinkage and cracks associated to convective drying of soft materials by x-ray microtomography. *Drying Technology* 2004; 22: 1695–1708.

III. Forschungsgebiet Trenntechnik

Effiziente Albumin-Rückgewinnung zur Nutzbarmachung von proteinreichen Nebenströmen der industriellen Pflanzenproteinisolat-Herstellung

PEARL – Path to Efficient Albumin Recovery for Resource Leveraging

Isabel Kalinke

Die Nachfrage nach nachhaltigen, pflanzenbasierten Proteinen wächst stetig. Dieser Trend wird durch ein zunehmendes Bewusstsein für eine gesundheitsbewusste und umweltfreundliche Ernährung angetrieben. Doch ein zentrales Problem bei der Herstellung von Pflanzenproteinen ist die unzureichende Nutzung proteinreicher Nebenströme.

Insbesondere bei der Produktion von Pflanzenproteinisolat, das häufig in alternativen Lebensmitteln verwendet wird, entsteht ein proteinreicher Nebenstrom. Für jede produzierte Tonne Pflanzenproteinisolat (Globulin) fallen bis zu 20 Tonnen des albuminreichen Nebenstroms an. Dadurch gehen 20–40 % des gesamten Pflanzenproteins in Form von Albumin verloren [1, 2]. Dieser Nebenstrom der Proteinisolat-Herstellung wird nicht weiter für die menschliche Ernährung genutzt, sondern hauptsächlich als Tierfutter verwertet.

Zur Veranschaulichung zeigt Abbildung 1 (linke Darstellung) den konventionellen Prozess der Herstellung von Pflanzenproteinisolat. Für die Weiterverarbeitung zu pflanzlichen Lebensmitteln wird die ursprüngliche Feldfrucht (z. B. Erbse, Ackerbohne, Lupine) zunächst einem Extraktions- und Fraktionierungsprozess unterzogen. Konventionell beinhaltet dieser eine ressourcenintensive alkalische Nassextraktion mit anschließender saurer Isoelektrischer-Punkt-Fällung (IEP). Die Hauptproteinfraktion, die sogenannten Globuline, aggregieren bei der IEP-Fällung. Sie können über einen Dekanter bzw. Membranverfahren abgetrennt, anschließend sprühgetrocknet und als haltbares Pflanzenproteinisolat verkauft werden. Diese Hauptproteinfraktion macht 50-80 % des gesamten Proteins der Feldfrucht aus [3, 4, 5]. Ein wesentlicher Anteil des extrahierten Proteins, die Albuminfraktion (ca. 20 % des Gesamtproteins [2]), bleibt weitgehend ungenutzt. Das Problem: Der bei der IEP-Fällung anfallende albuminreiche Nebenstrom hat einen hohen Wassergehalt (ca. 99 %). Dieser macht eine weitere Nutzung des Nebenstroms als sprühgetrocknetes Albumin-Proteinpulver wirtschaftlich unrentabel. Aktuelle Untersuchungen zeigen jedoch, dass die Albumin-Fraktion vielversprechende funktionelle Eigenschaften (z. B. Schaumstabilisierung) aufweist, die in einigen Fällen sogar die der vorherrschenden Globulin-Fraktion übertreffen [6, 7, 8].

Das IEP-Fraktionierungsverfahren der nassextrahierten Proteinlösung erhöht folglich lediglich den Trockenmassegehalt eines der beiden proteinreichen Prozessströme (die Trockenmasse des Globulin-Proteinstroms). Der Fokus dieses Prozessschrittes liegt darauf, ein geeignetes Zwischenprodukt für eine energieeffiziente Sprühtrocknung zu erzielen.

Der verbleibende Wasser- (ca. 99 % Wasser) und proteinreiche (ca. 30 % in der Trockenmasse) [9, 2] Albumin-Nebenstrom wird verworfen. Er ist aufgrund seines hohen Wassergehaltes für die Lebensmittelindustrie wegen der damit verbundenen hohen Energiekosten der Trocknung wirtschaftlich uninteressant.

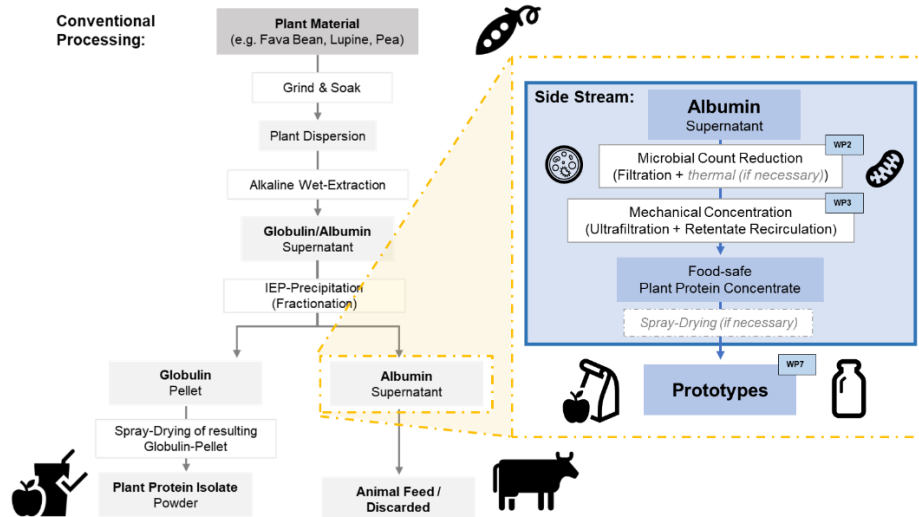


Abbildung 1 Links: Konventioneller Prozess zur Herstellung von Pflanzenproteinisolate-Pulver zum Einsatz in pflanzenbasierten Lebensmitteln. Rechts: Angestrebtes Vorgehen zur Nutzbarmachung des anfallenden Albumin-(Protein)-Nebenstroms

Ab dem Jahr 2025 werden wir uns daher im Rahmen eines anlaufenden Projekts zur Nutzbarmachung von Prozess-Nebenströmen aus der Lebensmittelindustrie dieser Herausforderung annehmen. Das Projekt wird durch das „Good Food Institute“ gefördert und hat eine Projektlaufzeit von zwei Jahren. Ein grafischer Abriss des Projektplans ist in Abbildung 1 (rechte Darstellung) gegeben. Das Projekt zielt darauf ab, den wenig genutzten proteinreichen Albumin-Nebenstrom der konventionellen Pflanzenproteinproduktion in eine wertgebende Proteinressource für die menschliche Ernährung umzuwandeln. Unser Ziel ist es, zunächst verschiedene prozesstechnische Verfahren (thermisch und mechanisch) zur Sicherstellung der mikrobiellen Sicherheit des Lebensmittels zu untersuchen. Anschließend soll der Nebenstrom durch Membranfiltrationsverfahren konzentriert werden. Die Notwendigkeit einer anschließenden Trocknung soll dem Einsatz und der Haltbarkeit des Proteinkonzentrats gegenübergestellt werden. Die generierten Albumin-Proteinkonzentrate und -Pulver sollen in Prototyp-Lebensmitteln hinsichtlich ihrer Funktionalität bewertet werden. Ein Life-Cycle-Assessment soll die als vielversprechend identifizierten Prozessansätze wirtschaftlich bewerten (über unseren Projektpartner: TU München, Production and Supply Chain Management, Prof. Grunow).

Das Projekt zielt darauf ab, eine wirtschaftliche Nutzung des albuminreichen Nebenstroms für die menschliche Ernährung zu ermöglichen, die Nachhaltigkeit der pflanzlichen Proteinproduktion zu verbessern und zur globalen Ernährungssicherheit beizutragen.

Dank:

Dieses Vorhaben (Grant No.: 24-PB-DE-FC-1-992_Först) „PEARL – Path to Efficient Albumin Recovery for Resource Leveraging“ wird durch das Good Food Institute gefördert.

Literatur:

[1] J.-Y. Chua and S.-Q. Liu. 2019. Soy whey: More than just wastewater from tofu and soy protein isolate industry. *Trends in Food Science & Technology* 91, 24–32. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.tifs.2019.06.016>.

- [2] J. Yang, R. Kornet, C. Diedericks, Q. Yang, C. Berton-Carabin, C. Nikiforidis, P. Venema, E. van der Linden, and L. Sagis. 2022. Rethinking plant protein extraction: Albumin—From side stream to an excellent foaming ingredient. *Food Structure* 31, 100254. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.foostr.2022.100254>.
- [3] J. Gueguen and J. Barbot. 1988. Quantitative and qualitative variability of pea (*Pisum sativum* L.) protein composition. *J Sci Food Agric* 42, 3, 209–224. DOI: <https://doi.org/10.1002/jsfa.2740420304>.
- [4] H. Jeroch, A. Lipiec, H. Abel, J. Zentek, E. Grela, and G. Bellof, Eds. 2016. *Körnerleguminosen (Fabaceae) als Futter- und Nahrungsmittel*, EAN 9783769008401. DLG-Verlag.
- [5] E. Tizitzikas, J.-P. Vincken, J. de Groot, H. Gruppen, and R. Visser. 2006. Genetic Variation in Pea Seed Globulin Composition. *Journal of agricultural and food chemistry* 54, 2, 425–433.
- [6] R. Kornet, S. Sridharan, P. Venema, L. Sagis, C. Nikiforidis, A. van der Goot, M. Meinders, and E. van der Linden. 2022. Fractionation methods affect the gelling properties of pea proteins in emulsion-filled gels. *Food Hydrocolloids* 125, 107427. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.foodhyd.2021.107427>.
- [7] R. Kornet, J. Yang, P. Venema, E. van der Linden, and L. Sagis. 2022. Optimizing pea protein fractionation to yield protein fractions with a high foaming and emulsifying capacity. *Food Hydrocolloids* 126, 107456. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.foodhyd.2021.107456>.
- [8] T. Martagan, A. Krishnamurthy, and P. A. Leland. 2020. Managing trade-offs in protein manufacturing: How much to waste? *Manufacturing & Service Operations Management* 2, 22, 330–345.
- [9] T. Belwal, S. Ezzat, L. Rastrelli, I. Bhatt, M. Daglia, A. Baldi, H. Devkota, I. Orhan, J. Patra, G. Das, C. Anandharamakrishnan, L. Gomez-Gomez, S. Nabavi, S. Nabavi, and A. Atanasov. 2018. A critical analysis of extraction techniques used for botanicals: Trends, priorities, industrial uses, and optimization strategies. *TrAC Trends in Analytical Chemistry* 100, 82–102. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.trac.2017.12.018>.

Nutzbarmachung der Albuminfraktion und Etablierung einer analytischen Methode zur Quantifizierung

Studies on simplified approaches for the isolation of casein monomers from bovine milk

Marius Reiter, Heidi Wohlschläger

Der Einsatz von pflanzlichem Protein in der Lebensmittelindustrie ist in den letzten Jahren stark angestiegen. Pflanzliche Proteinprodukte auf dem derzeitigen Markt unterscheiden sich jedoch stark hinsichtlich Zusammensetzung, Nativität, Aggregationszustand und funktionellen Eigenschaften [1]. Dies erschwert einen standardisierten Einsatz der Proteine als Nahrungsmittelinheiten, da teilweise weitreichende Prozessanpassungen entsprechend der Beschaffenheit des jeweiligen Ausgangsprodukts erforderlich sind. Diese Schwankungen sind zurückzuführen auf die Verwendung unterschiedlicher Rohstoffe (Erntezeitpunkt, Umwelteinflüsse, Sorten, etc.) sowie auf verschiedene Techniken bei der Proteinisolierung und -fraktionierung (Extraktionsbedingungen). Die Proteinfraktionen werden je nach Löslichkeit in vier Hauptfraktionen nach Osborne unterteilt: Globuline (55-80%; salzlöslich), Albumine (18-25%; wasserlöslich), Prolamine (<10%; löslich in 70 % Ethanol) und Gluteline (<10%; sehr stark alkalisch extrahierbar).

Während durch herkömmliche Extraktionsmethoden vor allem die Globulinfraktion gewonnen wird, können durch die Anwendung der Membrantrenntechnik ebenso die bisher wenig beachtete minore Albuminfraktionen nicht nur separiert [9,10], sondern auch konzentriert und somit entsprechend in größerem Maßstab nutzbar gemacht werden.

Der klassische Extraktionsweg läuft wie folgt ab: Der meist als getrockneter Samen vorliegende pflanzliche Rohstoff wird überwiegend nass aufgeschlossen und das Protein über alkalische Extraktion (pH

8-10) extrahiert [1–3, 5, 6, 8]. Anschließend werden Faserstoffe, Samenreste, Stärke, etc. über zentrifugale Trenntechniken abgetrennt und die majore Globulinfraktion mittels Säurefällung gewonnen. Die minore Albuminfraktion wird verworfen. Dieser Prozessschritt soll in Zukunft vermieden werden und direkt nach der zentrifugalen Abtrennung von Faserstoffen, Samenresten und Stärke, die einzelnen Proteinfractionen mittels Membrantrenntechnik fraktioniert werden. Insbesondere die Nutzbarmachung der Albuminfraktion steht hier im Fokus und die Konzentrierung soll mittels einer Membranfiltrations-Kaskade (MF, UF, NF, UO) etabliert, skaliert und optimiert werden. Als Modellsystem soll zunächst mit Erbsenmehl als Ausgangsmaterial gearbeitet werden.

Zur Beurteilung des Fraktionierungs- und Konzentrierungserfolgs ist es notwendig, eine qualitative und quantitative analytische Methode zu etablieren.

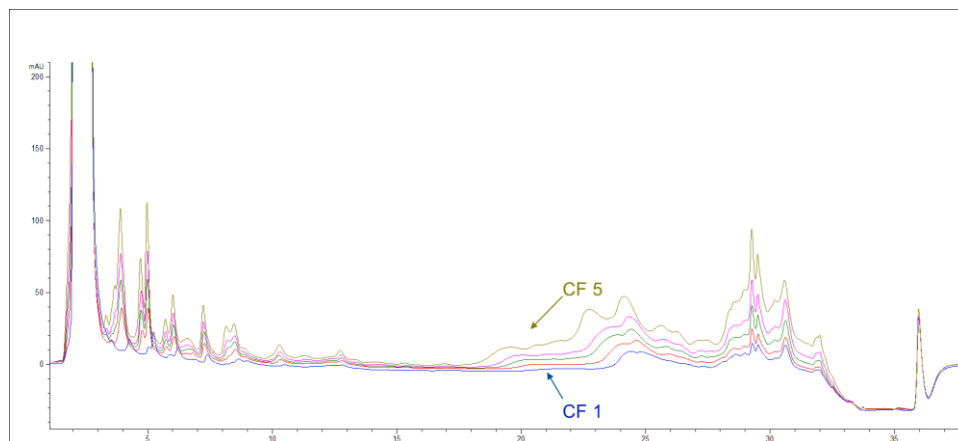


Abbildung 5: HPLC-Chromatogramme der Albuminfraktion in Abhängigkeit des Konzentrierungsfaktors

Erste Schritte hierfür wurden gemacht und erste Erfolge bezüglich der Gewinnung, Konzentrierung und dem analytischen Nachweis wurden erzielt. In ersten Ansätzen wurde zunächst die Albuminfraktion, welche nach dem Ausfällen der Globulinfraktion verbleibt, als Ausgangsmaterial für Konzentrierungsversuche verwendet.

Hierfür wurde die flüssige Albuminlösung mittels Ultrafiltration bei einer Trenngrenze von 5 kDa konzentriert. Abbildung 1 zeigt HPLC-Chromatogramme der Albuminfraktion bei unterschiedlichen Konzentrierungsfaktoren (CF1 – CF5).

Alle Fraktionen, welche in der ursprünglichen Albuminlösung (CF1) enthalten waren, konnten durch die gewählten Filtrationsbedingungen (5kDa, 10 °C) konzentriert werden. Somit konnte gezeigt werden, dass die für eine Nutzbarmachung der Albuminfraktion nötige Konzentrierung möglich ist. Weiterhin steht durch die Verwendung der HPLC-Analytik eine Quantifizierung der einzelnen Fraktionen in Aussicht.

Literatur:

- [1] C. Tanger, J. Engel, U. Kulozik, Influence of extraction conditions on the conformational alteration of pea protein extracted from pea flour, *Food Hydrocolloids* 107 (2020) 105949.
- [2] L. Chang, Y. Lan, N. Bandillo, J.-B. Ohm, B. Chen, J. Rao, Plant proteins from green pea and chickpea: Extraction, fractionation, structural characterization and functional properties, *Food Hydrocolloids* 123 (2022) 107165.
- [3] T. Belwal, S.M. Ezzat, L. Rastrelli, I.D. Bhatt, M. Daglia, A. Baldi, H.P. Devkota, I.E. Orhan, J.K. Patra, G. Das, C. Anandharamakrishnan, L. Gomez-Gomez, S.F. Nabavi, S.M. Nabavi, A.G. Atanasov, A critical analysis of extraction techniques used for botanicals: Trends, priorities, industrial uses and optimization strategies, *TrAC Trends in Analytical Chemistry* 100 (2018) 82–102.

- [4] H.-N. Liang, C.-H. Tang, pH-dependent emulsifying properties of pea [*Pisum sativum* (L.)] proteins, *Food Hydrocolloids* 33 (2013) 309–319.
- [5] A.K. Stone, A. Karalash, R.T. Tyler, T.D. Warkentin, M.T. Nickerson, Functional attributes of pea protein isolates prepared using different extraction methods and cultivars, *Food Research International* 76 (2015) 31–38.
- [6] C. Tanger, D.J. Andlinger, A. Brümmer-Rolf, J. Engel, U. Kulozik, Quantification of protein-protein interactions in highly denatured whey and potato protein gels, *MethodsX* 8 (2021) 101243.
- [7] C. Tanger, J. Mertens, U. Kulozik, Influence of extraction method on the aggregation of pea protein during thermo-mechanical treatment, *Food Hydrocolloids* 127 (2022) 107514.
- [8] R. Kornet, S. Sridharan, P. Venema, L.M. Sagis, C.V. Nikiforidis, A.J. van der Goot, M.B. Meinders, E. van der Linden, Fractionation methods affect the gelling properties of pea proteins in emulsion-filled gels, *Food Hydrocolloids* 125 (2022) 107427.
- [9] J. Yang, R. Kornet, C.F. Diedericks, Q. Yang, C.C. Berton-Carabin, C.V. Nikiforidis, P. Venema, E. van der Linden, L.M. Sagis, Rethinking plant protein extraction: Albumin—From side stream to an excellent foaming ingredient, *Food Structure* 31 (2022) 100254.
- [10] M. Fredrikson, P. Biot, M.L. Alminger, N.G. Carlsson, A.S. Sandberg, Production process for high-quality pea-protein isolate with low content of oligosaccharides and phytate, *Journal of agricultural and food chemistry* 49 (2001) 1208–1212.

Untersuchungen zu vereinfachten Ansätzen zur Isolierung von Caseinmonomeren aus boviner Milch

Studies on simplified approaches for the isolation of casein monomers from bovine milk

Michael Reitmaier, Gesa Fredehorst B.Sc.

In Kuhmilch liegt die Caseinfraction, welche 80% des enthaltenen Proteinanteils ausmacht, überwiegend in Form von Caseinmizellen vor. Diese ca. 40-400 nm großen Mizellen enthalten α_{s1} -, α_{s2} -, β - und κ -Caseinmonomere sowie Salze, v.a. Calciumphosphat, und sind durch eine offenporige Struktur relativ stark hydratisiert. Die Gewinnung von Reinfractionen der enthaltenen Einzelcaseine kann im Labormaßstab mittels chromatographischer Verfahren erfolgen. Insbesondere für die β -Caseinfraction werden funktionelle Vorteile beschrieben, weshalb für die Übertragung in den Pilot-Maßstab von mehreren Autoren unterschiedliche Prozesskaskaden beschreiben wurden. Hierbei kommen Kombinationen unterschiedlicher Maßnahmen zur gezielten Milieuveränderung sowie mehrerer Fraktionierungsschritte mittels Mikrofiltration oder Zentrifugaltrenntechnik zum Einsatz [1]. Für die Gewinnung wird dabei eine spezifische Löslichkeit von β -Casein aus der mizellaren Struktur bei Temperaturen unter 10 °C genutzt. Hauptprozessschritt der beschriebenen Fraktionierungsverfahren ist eine Mikrofiltration ($\sim 0,1 \mu\text{m}$) bei ca. 4 °C mit sukzessiver Überführung der ca. 25 kD großen β -Caseinmonomere ins Filtrat bei gleichzeitigem Verbleib der abgereicherten Caseinmizellen im Retentat. Zur Erzielung einer möglichst reinen β -Caseinfraction müssen ferner die in Milch enthaltenen Molkenproteine, welche in einem zu den Monomeren vergleichbaren Größenbereich liegen, abgereichert werden. Diese selektive Abtrennung kann entweder vorgelagert mittels Mikrofiltration bei Temperaturen deutlich über 10 °C (Warm-Then-Cold) oder nachgelagert mit gezielter Aggregation der β -Caseinfraction zu größeren Partikeln vor einer 2. Mikrofiltration (Cold-Then-Warm) erfolgen [1]. Die Anwendung dieser mehrstufigen Verfahrensvarianten ist mit erheblichem Aufwand und prozesstechnischem Know-How verbunden. Die Ansätze führen bei angegebenen Reinheiten von >70%, bezogen allerdings meist nur auf die Caseinfraction, aufgrund der relativ geringen Transmission von β -Casein ins Permeat zu überschaubaren Ausbeuten von etwa 20%. Diese Methoden basieren auf der Verwendung von pasteurisierter Magermilch aus Ausgangsmaterial.

In einer ersten Versuchsreihe zur Vereinfachung der Prozessführung wurde die Verwendung von Magermilch, in der Molkenproteine durch Erhitzung gezielt denaturiert wurden, als alternatives Ausgangsmaterial für eine Mikrofiltration zur Gewinnung von β -Casein untersucht. Für denaturierte Molkenproteine wird ein spezifischer Rückhalt bei Mikrofiltration beschrieben, so dass hierdurch eventuell die Transmission von β -Casein hoher Reinheit ins Filtrat in einer einstufigen Fraktionierung ermöglicht werden könnte [2]. Magermilch wurde mit zwei unterschiedlichen für die Joghurtproduktion nutzbaren Temperatur-Zeit-Kombinationen (A: 80 °C, 5 Minuten; B: 90 °C, 20 Minuten) erhitzt, welche zu einem hohen Grad der Molkenproteindenaturierung führen. Hierbei kommt es zu einer Anlagerung vor allem von β -Lactoglobulin an die Caseinmizelloberfläche sowie Aggregation von Molkenproteinen untereinander, was ihre Transmission ins Filtrat reduzieren sollte [3]. Filtrationsversuche wurden anschließend bei 5 °C an eine Querstrom-Mikrofiltrationsanlage (Flat-sheet 0,1 μ m, Centramate, Pall Corporation, New York, USA) unter Variation des auf die Membran wirkenden Drucks durchgeführt. Der Transmembrandruck wurde manuell schrittweise erhöht, um den Einfluss auf die Trenncharakteristik zu ermitteln. Sowohl Retentat als auch Permeat wurden im Kreis geführt, das Permeat wurde bei jeder eingestellten Druckstufe mittels RP-HPLC auf den Gehalt einzelner Milchproteine analysiert. Die Transmission der Zielkomponente β -Casein bei diesen Versuchen ist in Abbildung 1 den enthaltenen Molkenproteinen und anderen Caseinmonomeren gegenübergestellt.

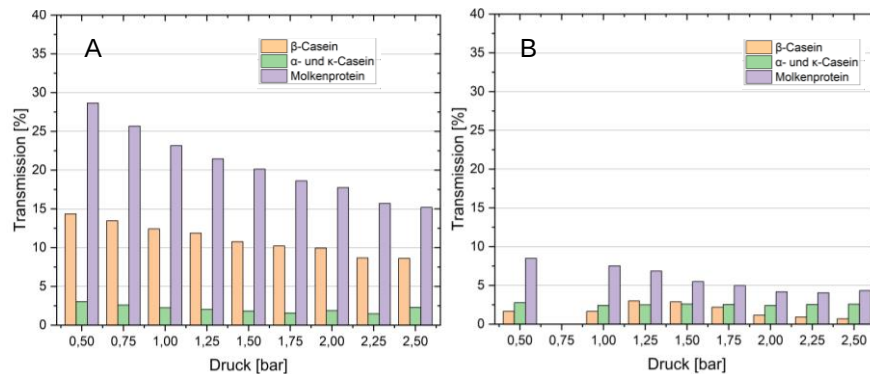


Abbildung 6: Transmission von Milchproteinen bei Mikrofiltration der bei 80 °C für 5 min (A) oder 90 °C für 20 min (B) erhitzten Milch in Abhängigkeit des Transmembrandrucks

Für beide Filtrationsversuche ist zunächst eine Abnahme der Transmission der Milchproteine mit steigendem Transmembrandruck zu erkennen. Dies ist auf zunehmende Kompaktierung der gebildeten Deckschicht zurückzuführen. Bei der Erhitzung für 80 °C für 5 min (Abbildung 1A) wurde zwar ein relativ hoher Durchgang an β -Casein erzielt. Dies ist jedoch von deutlichen Mengen an Molkenproteinen begleitet, was der Erzielung einer hohen Reinheit in einem einstufigen Prozess klar entgegensteht, was auch die erzielten Reinheitswerte von unter 50 % (Abbildung 2) widerspiegeln. Es ist ferner erkennbar, dass die Transmission aller Milchproteine bei der für 90 °C für 20 min erhitzten Milch im Vergleich deutlich reduziert ist, was vermutlich durch veränderte Deckschichteigenschaften hervorgerufen wurde. Für diese Erhitzung wird neben einem leicht höheren Grad der Denaturierung auch verstärkte Besetzung der Oberfläche der Caseinmizellen mit Molkenproteinen berichtet [3] (Abbildung 1B). Durch die vermutlich veränderte Einbindung dieser modifizierten Mizellen in die Deckschicht war auch hier eine selektive Abtrennung von β -Casein bei Kaltfiltration nicht möglich, die Reinheit sogar noch einmal deutlich reduziert (Abbildung 2).

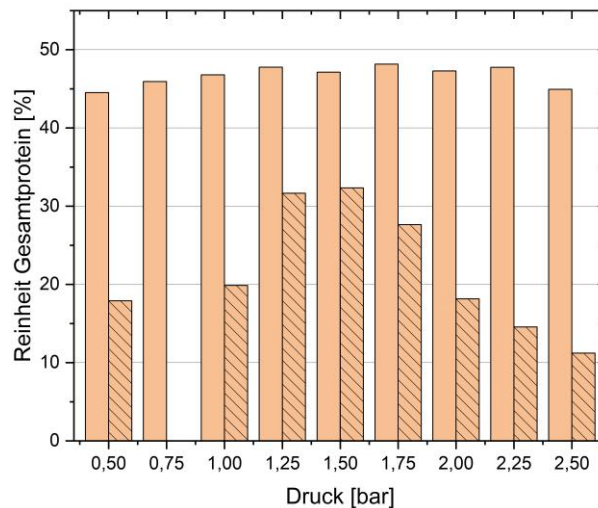


Abbildung 2: Reinheit der β -Casein-Fraktion bei Mikrofiltration der bei 80 °C für 5 min (gefüllt) oder 90 °C für 20 min (schraffiert) erhitzten Milch in Abhängigkeit des Transmembrandrucks

In Summe wurde eine entweder nicht ausreichende Reduzierung der Transmission von Molkenproteinen (A) bzw. ein parallel auftretender verstärkter Rückhalt von β -Casein (B) festgestellt. Die Vermutung der Ermöglichung einer einstufigen Prozessführung zur Fraktionierung von β -Casein konnte für den Ansatz einer gezielten Vordenaturierung von Molkenproteinen somit nicht wie erhofft bestätigt werden.

Weitere Ansätze einer Abtrennung unterschiedlicher Caseinmonomere in vereinfachten Fraktionsierungsansätzen z.B. unter der Verwendung von am Markt verfügbarem mizellarem Caseinpulver mit bereits reduziertem Molkenproteingehalt sind Gegenstand laufender Untersuchungen.

Literatur:

- [1] Crowley, S.V. (2016). Physicochemical characterization of protein ingredients prepared from milk by ultrafiltration or microfiltration for application in formulated nutritional products. *Dissertation*, University College Cork, Irland .
- [2] Heidebrecht, H.-J., Kulozik, U. (2019). 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. *Journal of Dairy Science*, 93, 1-10.
- [3] Pan, Z., Ye, A., Dave, A., Fraser, K. & Singh, H. (2022). Kinetics of heat-induced interactions among whey proteins and casein micelles in sheep skim milk and aggregation of the casein micelles. *Journal of Dairy Science*, 105, 3871-3882.

IV. Forschungsgebiet Lebensmittelstruktur- und -textur

Mikropartikulierung von Pflanzenprotein zum Einsatz in Fleischhybridprodukten

Microarticulation of plant protein for use in meat hybrid products

Carolin Wolf

Neben Zucker und Salz steht Fett in direktem Zusammenhang mit den Genusseigenschaften von Lebensmitteln. Fett wird dementsprechend häufig, auch in hoher Konzentration, in Lebensmitteln eingesetzt, was sich zu einem Risikofaktor für die Gesundheit entwickelt hat. Viele Herz-Kreislauf-Erkrankungen, Diabetes Typ-2 und sogar ein erhöhtes Krebsrisiko lassen sich auf eine „ungesunde“ Ernährung mit einer hohen Zufuhr von Trans-Fettsäuren und tierischen Fetten zurückführen [1]. Um dem entgegenzuwirken, wurden bereits vielfältige Konzepte für „gesunde“, d. h. kalorienreduzierte Lebensmittel entwickelt. Oftmals geht eine Fettreduktion neben einer Verringerung des Produktvolumens mit einer negativen Beeinflussung der Produktstruktur einher [2; 3]. Der Einsatz mikropartikulierter Pflanzenproteine als Fettersatz kann hierbei in den unterschiedlichsten Lebensmitteln ein Lösungsansatz darstellen, um Fett hinreichend nachzubilden.

Fett ist in hohen Konzentrationen beispielsweise in Wurstwaren enthalten. In den letzten Jahren ist zwar der Fleischkonsum pro Kopf durch die wirtschaftliche Lage und dem Wandel hin zu einem reduzierten und bewussteren Fleischkonsum gesunken. Dennoch ist für über 42 % der Befragten Fleisch ein unverzichtbares Lebensmittel [4]. Laut aktuellen Umfragen einer repräsentativen Studie im Auftrag des Bundesverbandes Deutscher Wurst & Schinkenproduzenten e.V. (BVWS), ist für 84 Prozent der deutschen Konsumenten, Wurst und Schinken auch in Zukunft Teil der Ernährung [5]. Als Alternative zum direkten Verzicht auf Fleisch und Wurstwaren bieten sich Wursthybridprodukte an. Wurst(waren)hybride sind laut dem Leitsatz Nr. 1.3.2 [6] Wurstwaren als eine Mischung aus 30 zerkleinertem Fleisch und Fett mit pflanzlichen Zutaten, dabei sind Wurstwaren als schnittfeste oder streichfähige Gemenge aus zerkleinertem Fleisch, Fettgewebe und teilweise auch Innereien definiert. Eine entscheidende Rolle für das sensorische Profil von Fleisch- bzw. Hybriderzeugnissen und werden die wahrnehmbare Textur wie z.B. Cremigkeit, Mundgefühl oder dem typischen Biss (Lyoner) beeinflusst. Dabei ist der Zusammenhang zwischen Produktstruktur und Textur- bzw. Geschmackseindruck noch nicht ausreichend verstanden.

Die Mikropartikulierung von Molkenprotein ist ein jahrelang erfolgreich etabliertes Verfahren, welches vielfach in der Industrie eingesetzt wird. Durch die Nachahmung von emulgierten Fetttropfen in einem Größenbereich von 0,1-20 µm kann Protein als Fettersatz herangezogen werden. Die Größe der Mikropartikulate ist entscheidend, damit der sogenannte „Kugellagereffekt“ zum Tragen kommt [7]. Dieser Effekt ist verantwortlich dafür, dass die Proteine ein cremiges angenehmes Mundgefühl erzeugen und nicht als sandig und störend beim Konsumenten empfunden werden. Dieses Wissen soll weiterentwickelt werden und von Molken- auf Pflanzenprotein übertragen werden. Dabei müssen strukturelle und molekulare Unterschiede zwischen tierischen und pflanzlichen Proteinen berücksichtigt werden. Bei der Mikropartikulierung von Molkenproteinen handelt es sich um einen Agglomerationsprozess [8]. Bei Pflanzenproteinen liegen größere Aggregate mit einer höheren Partikelgröße vor [9]. Bestehende Strukturen müssen zerstört werden, um Mikropartikulate in dem gewünschten Größenbereich erhalten zu können.

Das IGF Projekt WurstHybrid4Future (F23390N) werden wir zusammen, mit dem Institut für Lebensmittelwissenschaft & Biotechnologie Fg. Lebensmittelmaterialwissenschaft der Universität Hohenheim und dem Lehrstuhl für Lebensmittelchemie und molekulare Sensorik der TU München bearbeiten. An unserer Forschungsstelle werden hierbei zunächst mittels rheologischen Verfahren pflanzenbasierte

Mikropartikel hergestellt. In einem nächsten Schritt sollen die Mikropartikel im größeren Maßstab mittels Extrusionstechnologie erhalten werden. Diese sollen anschließend in Wurstwaren (Leber- und Brühwurst) tierisches Fett ersetzen und somit ein „gesünderes“ Wursthybriderzeugnis erhalten werden.

Als pflanzliche Ausgangsmaterialien sollen Kartoffel- und Erbsenproteinisolate herangezogen werden. Diese sollen einzeln, wie auch in verschiedenen Mischungsverhältnissen für die Herstellung der Mikropartikel verwendet werden. Die Pflanzenisolate werden in dem Projekt zunächst auf ihre Zusammensetzung, ihre sensorischen Profile und ihre technofunktionellen Eigenschaften (insb. Löslichkeit, Emulgierfähigkeit, Emulgierstabilität und Bindereigenschaften) untersucht. Dasselbe wird mit den Standardprodukten aus tierischem Material, der Leber- und der Brühwurst, als Referenz, durchgeführt. In einem anschließenden Schritt sollen die pflanzlichen Proteine funktionalisiert werden, hierfür soll thermischer und mechanischer Stress im Labormaßstab an Rheometer nachgebildet werden. Eine spezielle Scherzelle am Rheometer soll hierzu die Temperatur- und Druckbedingungen im Extrusionsprozess nachbilden. In einem nachfolgenden Arbeitspaket sollen die Rheometer-Versuche im Labormaßstab auf die Heißextrusion (Thermofischer Process11) übertragen werden. Ein Scale-up-Versuch der Extrusion soll darauffolgend vom Labor- in den Pilotmaßstab (Coperion ZSK25) durchgeführt werden. Entlang des Prozesses werden kontinuierlich sensorische und instrumentelle Analysen durchgeführt, um die Ergebnisse mit den ursprünglichen Referenzproben der rein tierischen Produkte vergleichen zu können. Die Mikropartikel sollen unter anderem hinsichtlich ihrer Wechselwirkungen in einer Bindungsanalyse, ihres Denaturierungsgrades, ihrer Viskosität und ihrer Partikelgrößenverteilung charakterisiert werden. Die im Laufe des Projekts erhaltenen Mikropartikel sollen in Wursthybriderzeugnissen eingearbeitet werden. Dies soll die Anwendbarkeit und den Anwendungsbereich über die in diesem Projekt angestrebte Fettreduktion in Leberwurst/Brühwurst zeigen und die Umsetzbarkeit beweisen. Die Mikropartikel sollen neben dem Modellsystem der Leber- bzw. Brühwurst im Anschluss an das Projekt auch in anderen Lebensmitteln Anwendung finden. Eine Projektübersicht mit den einzelnen Arbeitspaketen ist in Abbildung 1 zu sehen.

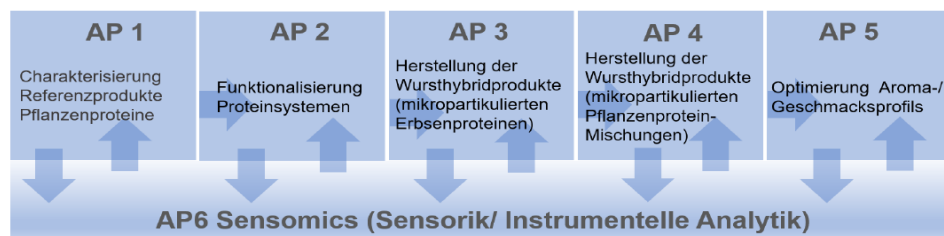


Abbildung 7: Schematische Darstellung der geplanten Arbeitspakete in Projekt WurstHybrid4Future (F23390N).

Dank:

Das o.g. IGF-Vorhaben der Forschungsvereinigung der Ernährungsindustrie e.V. (FEI), Godesberger Allee 125, 53175 Bonn wird im Rahmen des Programms zur Förderung der industriellen Gemeinschaftsforschung (IGF) vom Bundesministerium für Wirtschaft und Klimaschutz aufgrund eines Beschlusses des Deutschen Bundestages gefördert.

Literatur:

- [1] C. Carlberg, L.-O. Klotz und F. Molnár, *Nutri genomik*. Berlin, Heidelberg: Springer Berlin Heidelberg, 2022.
- [2] T. Pintado, A. M. Herrero, F. Jiménez-Colmenero, C. Pasqualin Cavalheiro und C. Ruiz-Capillas, "Chia and oat emulsion gels as new animal fat replacers and healthy bioactive sources in fresh sausage formulation," *Meat science*, Early Access. doi: 10.1016/j.meatsci.2017.08.004.

- [3] J. Weiss, M. Gibis, V. Schuh und H. Salminen, "Advances in ingredient and processing systems for meat and meat products," *Meat science*, Early Access. doi: 10.1016/j.meatsci.2010.05.008.
- [4] M. Brandt, "Fleischverzicht für 42 Prozent in Deutschland ein Thema: <https://de.statista.com/infografik/27248/anteil-der-befragten-die-versuchen-wollen-weniger-fleisch-zu-essen/>, accessed 12 November 2023.," 2022.
- [5] BVWS - Bundesverband Deutscher Wurst- & Schinkenproduzenten e.V., "Geschäftsbericht 2022/23," S. 1–34.
- [6] Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft, "Leitsätze für Fleisch und Fleischerzeugnisse Stand März 2024,"
- [7] K. Liu, Y. Tian, M. Stieger, E. van der Linden und F. van de Velde, "Evidence for ball-bearing mechanism of microparticulated whey protein as fat replacer in liquid and semi-solid multi-component model foods," *Food Hydrocolloids*, Jg. 52, S. 403–414, 2016, doi: 10.1016/j.foodhyd.2015.07.016.
- [8] M. Wolz, E. Mersch und U. Kulozik, "Thermal aggregation of whey proteins under shear stress," *Food Hydrocolloids*, Jg. 56, S. 396–404, 2016, doi: 10.1016/j.foodhyd.2015.12.036.
- [9] C. Tanger *et al.*, "Influence of Pea and Potato Protein Microparticles on Texture and Sensory Properties in a Fat-Reduced Model Milk Dessert," *ACS Food Sci. Technol.*, Jg. 2, Nr. 1, S. 169–179, 2022, doi: 10.1021/acsfoodscitech.1c00394.

Dissertationen, Bachelor-, Diplom- und Masterarbeiten

Dissertationen

Kürzl, Christian:

Pulsed and alternating flow conditions for the cleaning-in-place (CIP) of membranes am 23.07.2024

Bachelorarbeiten

Adelhardt, Rebekka: Einsatz von kinetischer Modellierung und supervised Machine Learning zur Untersuchung der Machbarkeit der Echtzeitverfolgung der Textur von Rumpsteak mittels SIFT-MS

Bock, Anna: Einfluss der Fraktionierungsmethode auf die funktionellen Eigenschaften von Lupinen- und Erbsenprotein

Csekő Bianka Panni Csenge: Elektrostatische Trennung im heterogenen Feld: Einfluss des Feldgradienten auf den Erfolg der triboelektrischen Trennung von Ackerbohnenmehl

Durant, David: Laden durch Kontakt: Einfluss von Rohstoff, Volumenstrom und Partikelgröße auf die triboelektrisch übertragbare Ladung auf Erbsenprotein und Stärkepartikel

Fredehorst, Gesa: Optimierung von Verfahren zur Isolierung boviner Caseinfraktionen

Heller, Laurenz: Einfluss der apparativen Gestaltung der Trennstrecke auf die Effizienz der triboelektrischen Separation

Kranz, Zoe: Vermahlung von Hülsenfrüchten – Einfluss der Aufschlussart sowie des Wassergehaltes auf den Mahlprozess und die Eigenschaften der gemahlenen Pulver

Poller, Leonie: Dynamisch mechanische Analyse von Ackerbohnenmehl: Bestimmung des Einflusses von Temperatur und Feuchte auf die mechanischen Eigenschaften von Lebensmittelpulvern

Steinhoff, Benedikt: Optimierung der mikrowellengestützten Trocknung von Brauhopfen: Untersuchung des Einflusses von Prozessvariablen auf Energieverbrauch, Trocknungszeit und Produktqualität

Theis, Paula: Intervall-Mikrowellenapplikation zur Prozessintensivierung der Brauhopfentrocknung

Masterarbeiten:

Brunner, Rike: Optimierung der Mikrowellengefrier-trocknung mittels Frequenzverschiebungsstrategien

Contreras Romero, Carlos Ramon: Impact of Protein Mixtures on Textural and Mechanical Properties of Plant-Based Meat Analogs

Ewigmann, Hans-Josef: Mikroverkapselung fettlöslicher Aromen mittels Sprühtrocknung

Hariri, Hana: Improving the Mouthfeel and Heat Resistance of Plant Based Cream Cheese (nicht öffentlich)

Heinzmann, Isabella: Interdependence of Process and System Parameter during Extrusion and Their Effect on the Texture and Tastant Formation of Meat-Analogs

Jackermaier, Emilia: Betrachtung der Trocknungskinetik und Effizienz bei der Mikrowellengefrier-trocknung

Jaumann, Britta: Die Wirkung von überhitztem Dampf auf verschiedene Parameter der Lebensmittel-qualität unter Verwendung eines Kombi-Dämpfers (nicht öffentlich)

Jahn, Kristin: Erbsenproteinextraktion: Optimierung und Up-Scaling

Mende, Sophia von: Dynamic Microwave Freeze-Drying – Impact of Drum Rotation and Particle Size

Reisnecker, Susanne: Optimierung der mikrowellenunterstützten Gefrier-trocknung: Der Einfluss des Kammerdrucks auf Trocknungszeit, Energieeffizienz und Homogenität

Sender, Marlene: The Influence of Fat Addition on the Process Parameters during Extrusion and the Effect on Texture and Odor Characteristics of Extruded Pea Protein

Stamenitis, Philipp: Laden durch Kontakt: Modellierung von Partikel- Gas-Strömungen zur Bestimmung der Kollisionseigenschaften

Vasina, Ekaterina: Extrusion von mizellarem Casein – Innovative Ansätze zur Strukturgestaltung von Caseingelen

Vierke, Benita: Einfluss der Beladung auf das Feedbacksignal eines Solid-State Generators in der Mikrowellen-Gefrier-trocknung

Vorträge

Lund University, Faculty of Engineering 01.-03.02.2024

Först, Petra: In-situ imaging of freeze-drying process

Jahrestreffen der DECHEMA Fachgruppe Lebensmittelverfahrenstechnik, 27.-28.02.2024, Quakenbrück

Reiter, Marius: Herstellung nativer Pflanzenproteine - Present and Future

Jahrestreffen der DECHEMA Fachgruppen Abfallbehandlung und Wertstoffrückgewinnung und Trocknungstechnik, 11.-13.03.2024, Magdeburg

Hilmer, Mathias: Mikrowellengefrietrocknung von Schüttgütern

Kalinke, Isabel: Prozessintensivierung in der Mikrowellen-unterstützten Gefrietrocknung mittels innovativer Solid-State-Generatoren

FEI Jahrestagung 2024: Lebensmittelforschung durch das IFG-Programm – ein Streifzug, 12.09.2024, Hamburg

Först, Petra: Prozessintensivierung und Elektrifizierung von Trocknungsprozessen durch Mikrowellen

Weihenstephaner Milchwirtschaftliche Herbsttagung, 10.-11.10. 2024, Freising

Greiner, Joshua: Bedeutung der Vermahlung als Voraussetzung für die trockene Gewinnung von Pflanzenproteinkonzentrat

Kalinke, Isabel, Hilmer, Mathias: Prozessoptimierung in der Mikrowellen-unterstützten Gefrietrocknung – Ansätze zur Verringerung der Prozessinhomogenität

Reiter, Marius: Pflanzenproteinfraktionierung mittels einer Prozesskaskade aus Dekanterzentrifuge und Membrantrennverfahren

Reitmaier, Michael: Milchproteinfraktionierung mittels Mikrofiltration: Potenziale und Hürden der Voraufbringung einer optimierten Deckschicht zur Erhöhung der Prozessleistung

IDS 2024 – 23rd International Drying Symposium, 22.-25.11.2024, Wuxi, China

Hilmer, Mathias: Microwave Freeze-Drying of particulate matter

Posterpräsentationen

Jahrestreffen der DECHEMA Fachgruppe Lebensmittelverfahrenstechnik, 27.-28.02.2024, Quakenbrück

Greiner, Joshua: Einfluss der Vermahlung auf die Freilegung von Proteinkörpern als Vorbehandlung für die trockene Fraktionierung

38th EFFOST International Conference, 12.-14.11.2024, Brügge, Belgien

Oladejo, Ayobami: Use of X-Ray Microtomography for the Analysis of Plantain During Hot Air Drying

Veröffentlichungen

Mit Peer-review-Verfahren

Faber, Felix; Vorhauer-Huget, Nicole; Thomik, Maximilian; Gruber, Sebastian; Foerst, Petra; Tsotsas, Evangelos: Pore-scale study of coupled heat and mass transfer during primary freeze-drying using an irregular pore network model. In: Drying Technology, 2024, S. 1–21

Gruber, Sebastian; Greiner, Joshua; Eppink, Alexander; Thomik, Maximilian; Coppens, Frederik; Vorhauer-Huget, Nicole et al.: Pore shape matters - In-situ investigation of freeze-drying kinetics by 4D XCT methods. In: Food research international (Ottawa, Ont.) 193, 31.07.2024, S. 114837

Hilmer, Mathias; Gruber, Sebastian; Zoltán Kis; Michael Schulz; Foerst, Petra: Design of a pilot-scale microwave freeze dryer for in situ neutron imaging. In: Review of Scientific Instruments 95, 2024, S. 1–10. <https://doi.org/10.1063/5.0213685>

Kalinke, Isabel; Kulozik, Ulrich: Enhancing Microwave Freeze Drying: Exploring Maximum Drying Temperature and Power Input for Improved Energy Efficiency and Uniformity. In: Food Bioprocess Technol, 2024

Kalinke, Isabel; Pusch, Franziska; Kulozik, Ulrich: Enhancing uniformity and energy efficiency of microwave heating for different cavity loads: Frequency-shifting strategies using feedback signals from solid-state microwave generators. In: Innovative Food Science & Emerging Technologies 97, 2024, S. 103814

Kalinke, Isabel; Röder, Johanna; Unterbuchberger, Günther; Kulozik, Ulrich: Microwave-assisted freeze drying: The role of power input and temperature control on energy efficiency and uniformity. In: Journal of Food Engineering 390, 2024, S. 112410

Leist, Marcel; Buettner, Andrea; Diel, Patrick; Eisenbrand, Gerhard; Epe, Bernd; Foerst, Petra et al. : Controversy on health-based guidance values for bisphenol A-the need of criteria for studies that serve as a basis for risk assessment. In: Archives of toxicology 98, 2024 (7), S. 1967–1973

Miller, Xaver; Schugmann, Martin; Först, Petra: Impact of Process and Machine Parameters in the Charging Section on the Triboelectric Separation of Wheat Flour in a Vertical Separator. In: Processes 12, 2024. <https://doi.org/10.3390/pr12122721>

Özcelik, Mine; Foerst, Petra: Triboelectric Separation for Protein Enrichment of Wheat Flour Compared with Gluten–Starch Mixtures as a Benchmark. In: Foods 2024, 13, 4075. <https://doi.org/10.3390/foods13244075>

Reiter, Marius; Berry, Brittany; Reitmaier, Michael; Kulozik, Ulrich: Tailoring acid gelation functionality of micellar casein concentrate: Impact of combining microfluidization and calcium chelation on gel firmness and serum binding. In: Journal of Food Engineering 391, online 29.11.2024; <https://doi.org/10.1016/j.jfoodeng.2024.112414>

Schugmann, Martin; Foerst, Petra: Tailoring Crystallization Kinetics in Thin Sucrose Films during Convective Drying: Impact of Temperature and Humidity on Onset, Growth, and Nucleation Rate. In: pharmaceuticals (16), 2024, doi.org/10.3390/pharmaceutics16101260.

Non Peer-review-Verfahren

Kalinke, Isabel; Steinhoff, Benedikt; Foerst, Petra: Hopfentrocknung im Wandel Innovatives Trocknungsverfahren mittels Mikrowellen zur Energieeffizienzsteigerung. In: FOOD-Lab 02, 2024, S. 20–23. Online verfügbar unter https://blmedien.aflip.in/FOOD-Lab_02_2024.

Kalinke, Isabel; Steinhoff, Benedikt; Foerst, Petra: Hopfentrocknung im Wandel: Energieeffizienzsteigerung mittels Mikrowellen. In: Der Weihenstephaner, 76-79, 2024

Technologietransfer

Weihenstephaner Milchwirtschaftliche Herbsttagung des Verbandes Weihenstephaner Milch-wirtschaftler, Bio- und Lebensmitteltechnologien e.V., Freising-Weihenstephan, 10.-11. Oktober 2024
Projektausschusssitzungen zu den nachstehenden, aktiven Forschungsvorhaben.

Im Berichtszeitraum aktive, geförderte Forschungsvorhaben

Öffentliche Förderung

Schnelle und produktschonende Erwärmung und Gefriertrocknung von Lebensmitteln und biogenen Wirkstoffen mittels Solid-State-Mikrowellengeneratoren. 01.12.2021–31.12.2024

Proteinverschiebung während der Vermahlung von Weizen mittels triboelektrischer Trennung. 01.01.2021–30.06.2024

Einsatz trockener Trennverfahren zur Herstellung von funktionellen proteinangereicherten Pulvern aus Hülsenfrüchten mit Fokus auf Vermahlung und trioelektrische Separationstechnologie. 01.04.2023 – 30.09.2025

Optimierung von Struktur und Sensorik fettreduzierter erhitzter Wursthybriderzeugnisse unter Zuhilfenahme pflanzlicher Proteine 01.09.2024 – 28.02.2027

In-situ Bildgebung zur Untersuchung des Konzentrationsverlaufs und der Morphologiebildung von Einzeltropfen bei der konvektiven Trocknung 01.10.2024 – 30.09.2027

PEARL – Path to Efficient Albumin Recovery for Resource Leveraging 01.12.2024 – 30.09.2026

Nicht öffentliche Förderung:

Pea Protein based development of meat analogues 01.04.2022 – 31.03.2025

Mikroverkapselung von Aromastoffen 15.10.2023 – 31.03.2025

Functional Proteins (Implementation of mycoproteins for a vegan and clean label approach) - Booster Grant FoodYou 06.07.2023 – 31.12.2024

Direktgelierung von mizellarem Casein mittels Extrusion 01.05.2024 – 30.04.2025

Untersuchung zur Aufklärung des Potentials des Einsatzes rekombinant gewonnener Caseinfraktionen zur Strukturierung von Frischkäseprodukten 01.08.2024 – 28.02.25

Energieeffiziente und produktschonende mikrowellenunterstützte Trocknung von Frischhopfendolden zum Erhalt wertgebender Inhaltsstoffe für die Bierherstellung 01.01.2024 – 31.12.2024

Zusammenarbeit mit wissenschaftlichen Expertengremien und Organisationen bzw. Mitarbeit in Hochschulgremien

Prof. Dr.-Ing. Petra Först

- Berufenes Mitglied in der ständigen DFG Senatskommission zur gesundheitlichen Bewertung von Lebensmitteln
- Mitglied der DFG Gutachterrunde Mechanische Verfahrenstechnik
- Gewähltes Vorstandsmitglied in der Dechema/VDI-Fachsektion Partikeltechnik und Produktdesign
- Berufenes Mitglied im Wissenschaftlichen Beirat des Forschungskreises der Ernährungsindustrie e.V. (FEI)
- Berufenes Mitglied im ProcessNet-Fachausschuss „Lebensmittelverfahrenstechnik“
- Berufenes Mitglied im ProcessNet-Fachausschuss „Trocknungstechnik“
- Gewähltes Mitglied im School Council der School of Life Sciences der TUM
- Mitglied im Editorial Board von „Particle Processes“



#teambergader bietet dir

- ▶ interessante Einstiegsmöglichkeiten nach deinem Studium, z.B. in den Bereich Labor, Forschung & Entwicklung oder Marketing und Vertrieb
- ▶ die Möglichkeit zur Erstellung einer Bachelor- oder Masterarbeit in unterschiedlichen Bereichen
- ▶ zahlreiche Benefits (Kantine, Homeoffice, Jobrad, etc.)



Hier geht's direkt
zur Karriereseite auf
unserer Homepage
www.bergader.de



**CHAMPIGNON
HOFMEISTER**
FAMILIENUNTERNEHMEN SEIT 1908

Genuss mit Tradition

Seit über 100 Jahren ist das Familienunternehmen Champignon-Hofmeister dem echten, reinen Käsegeschmack verpflichtet. Beste Milch aus der Region und ein perfektes Zusammenspiel von Tradition und Innovation treffen auf nachhaltiges und verantwortungsvolles Handeln. Dabei produzieren wir hochwertige Milch- und Molkeprodukte, vorallem aber kreieren wir vielfältige Käsespezialitäten, die den Genuss zum Erlebnis machen!



Professur Functional Materials for Food Packaging

Adresse

Maximus-von-Imhof-Forum 2
D-85354 Freising-Weißenstephan
Telefon: 08161-71-6165
Internet: <https://www.lse.ls.tum.de/fmp>
E-Mail: stephen.schrettl@tum.de

Personal

Leitung	Prof. Dr. Stephen Schrettl	-3785
Sekretariat	Christina Duffner	-6165
Wissenschaftler	Dr. Karl Glas	-2356
	Dr. Giulia Chiapparini	-3780
	Dr. Tarsila Rodrigues Arruda	-3179
	Dr. Ute Wiegand	-2356
Doktoranden	M.Sc. Verena Wolfarth	-3780
	M.Sc. Lisa Hetzel	-6165
	M.Sc. Raphael Salz	-6165
	M.Sc. Amelie Deutsch	-3780
	M.Sc. Muzamil Jalil Ahmed	-3179
Technische Mitarbeiter	Leopold Karrer	-5138

Forschung

Die Professur Functional Materials for Food Packaging unter der Leitung von Prof. Dr. Stephen Schrettel wurde im Juni 2022 an der TUM School of Life Sciences in Weihenstephan eingerichtet. Unser Forschungsschwerpunkt liegt auf der Entwicklung neuartiger responsiver und funktionaler Materialien für die Verpackungs- und Lebensmitteltechnologie sowie angrenzende wissenschaftliche Bereiche. Dabei verfolgen wir einen interdisziplinären Ansatz, der Konzepte aus der Chemie, der supramolekularen Selbstorganisation und den Materialwissenschaften vereint.

Natürliche Materialien dienen uns als zentrale Inspirationsquelle, da sie durch komplexe Struktur-Eigenschafts-Beziehungen herausragende Funktionalitäten ermöglichen. Durch die Nachahmung dieser Prinzipien streben wir die Entwicklung nachhaltig produzierter Materialien mit innovativen funktionalen Eigenschaften an. Unsere Forschung deckt ein breites Anwendungsspektrum ab, darunter Verpackungstechnologien, Sensorik, Membranen und Hochleistungs-Polymermaterialien. Ein zukunftsweisendes Thema ist die Nutzung des Mikrobioms für den Polymerabbau und die Polymersynthese.

Ein Beispiel unserer aktuellen Forschungsaktivitäten ist das Verbundprojekt "BayWater – Nachhaltiges betriebssintegriertes Wassermanagement", das kürzlich als neuer Schwerpunkt unserer Arbeit initiiert wurde. Im Folgenden werden ausgewählte Projekte und erste Ergebnisse vorgestellt.

I. Polymerwissenschaften

Neue Fortschritte in der Materialentwicklung

Innovative Materialien und fortschrittliche Verarbeitungstechnologien sind essenziell für eine nachhaltige Zukunft. Die Polymere von morgen müssen nicht nur nachhaltig produziert werden, sondern auch erweiterte Funktionalitäten wie Selbstheilung, mechanische Anpassungsfähigkeit und reversible Kontakthaftung bieten. Natürliche Materialien mit ihrer Nachhaltigkeit, herausragenden Effizienz und Funktionalität dienen hierbei als eine wertvolle Inspirationsquelle.¹

Ein Fokus unserer Forschungsbemühungen liegt auf der Nachahmung der Prinzipien natürlicher Biomaterialien um neue supramolekulare Polymersysteme zu entwickeln, die durch geschickte Integration von reversiblen nicht-kovalenten Wechselwirkungen neue Funktionalitäten erhalten.^{2,3} Ein Schwerpunkt in der aktuellen Materialentwicklung ist die Erforschung metallosupramolekularer Polymere (MSPs), die durch Metall-Ligand-Komplexe Eigenschaften wie hohe Reprozessierbarkeit, UV-gestützte Heilung und anpassbare mechanische Eigenschaften aufweisen. Die zugrundeliegenden Prinzipien sind von biologischen Materialien, wie Muschelfasern, inspiriert und erlauben die gezielte Steuerung der Polymerstruktur und -eigenschaften.⁴⁻⁸

Ein Highlight unserer jüngsten Arbeiten ist die Entwicklung mikrophasenseparierter Copolymere, die durch physikalische Vernetzung kontrollierbare Eigenschaften bieten und gleichzeitig neue Möglichkeiten für die Herstellung von anisotropen Materialien mit komplexer Struktur bieten.⁹ Unsere Gruppe hat dazu MSPs auf Basis eines bidentaten Liganden entwickelt, der mit verschiedenen Metallionen (Zn^{2+} , Fe^{2+} , Ni^{2+}) kombiniert werden kann (Abbildung 1). Diese Materialien zeigen bemerkenswerte Festkörpereigenschaften wie Phasenseparation und kristalline Domänenbildung, die durch die Wahl des Metallions beeinflusst werden. Neben hoher Reprozessierbarkeit und Heilung durch UV-Licht zeigen diese neuartigen MSPs anpassbare mechanische Eigenschaften, die sich für Verpackungsmaterialien eignen, die robust und dennoch flexibel sein müssen.⁹ Zukünftige Arbeiten zielen darauf ab, die mechanischen und Barriereigenschaften weiter zu optimieren sowie neue Klebstoffe und Kompatibilisierer zu entwickeln.

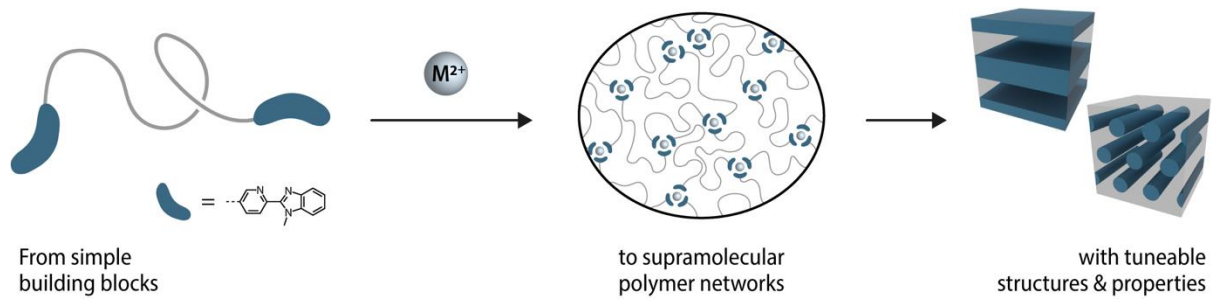


Abbildung 1: Schematische Darstellung eines Makromonomers mit Liganden und seiner Assemblierung Metallsalzen. Die Bildung von Komplexen führt zur Entstehung von Netzwerken, wobei die Wahl des Metallions (M^{2+}) sowohl die Struktur wie auch die thermischen und mechanischen Eigenschaften der Kunststoffmaterialien beeinflusst.

Ein weiteres Forschungsfeld ist die Entwicklung mechanochromer Materialien, die ihre Farbe oder Fluoreszenz in Abhängigkeit von der mechanischen Belastung ändern.¹⁰ In diesem Zusammenhang hat unsere Gruppe Additive entwickelt, die herkömmliche Kunststoffe mechanochrom machen.¹¹ Durch die Beimischung des Additives, das einen mechanisch sensitiven, fluoreszierenden Farbstoff enthält, konnten wir Kunststoffe herstellen, die sich für die Überwachung mechanischer Belastungen in Verpackungs- und Textiltechnologien eignen. Solche Materialien ermöglichen Echtzeitinformationen über Belastungen und können zu verbesserter Stabilität und Sicherheit führen.¹⁰

Diese Mechanismen wurden nun auf die Herstellung von Nanofasern durch Elektrospinning übertragen.¹² Die entwickelten elektrogesponnenen Polyurethan-Nanofasern enthalten mechanosensitive Additive und zeigten eine fluoreszenzbasierte Farbumschaltung von Orange zu Grün bei Dehnung (Abbildung 2). Diese Fasern erlauben die Visualisierung von Belastungsverteilungen innerhalb der Faserstrukturen, was sie für tragbare Technologien, selbstüberwachende Textilien und flexible Verpackungen prädestiniert, die empfindlich auf äußere Kräfte reagieren müssen.

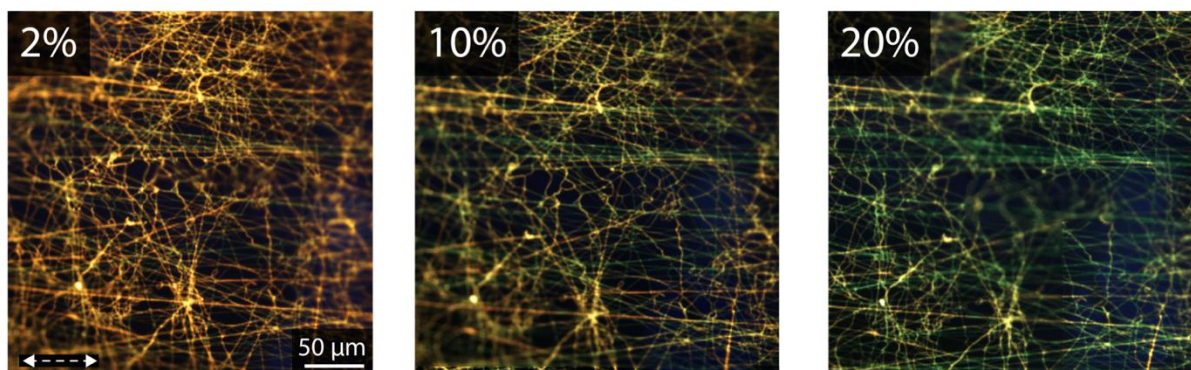


Abbildung 2: Echtzeit-Fluoreszenzmikroskopie-Aufnahmen ($\lambda_{\text{ex}} = 345 \text{ nm}$, Reflexionsmodus, RGB-Farbkamera) einer dünnen Schicht zufällig orientierter Fasern vor der Dehnung ($\varepsilon = 0 \%$) und bei den angegebenen Dehnungswerten, aufgenommen mit einer 20-fachen Vergrößerung.

Zusätzlich haben wir ähnliche mechanochrome Materialien in der additiven Fertigung eingesetzt. In enger Kollaboration mit Experten in Tintenstrahltechnologien konnten wir zeigen, dass mechanochrome Polyurethane präzise in Form von Gradienten oder Mustern auf Oberflächen gedruckt werden können.¹³ Diese Materialien eröffnen neue Möglichkeiten für ästhetische und mechanisch adaptive Verpackungslösungen, die sowohl funktional als auch visuell ansprechend sind.

Unsere Arbeit zeigt, dass die Kombination von innovativen Konzepten mit moderner Technologie zu Materialien führt, die nicht nur nachhaltiger, sondern auch anwendungsorientierter sind. Insbesondere im Bereich der Verpackungstechnologien, der Lebensmittelwissenschaften und der Materialtechnik ebnen diese Entwicklungen den Weg für zukunftsweisende Lösungen, die sowohl ökologische als auch technologische Herausforderungen adressieren.

Literatur:

- [1] Rising, A.; Harrington, M. J. Biological Materials Processing: Time-Tested Tricks for Sustainable Fiber Fabrication. *Chem. Rev.* **2023**, *123* (5), 2155–2199. DOI:10.1021/acs.chemrev.2c00465.
- [2] Brunsveld, L.; Folmer, B. J. B.; Meijer, E. W.; Sijbesma, R. P. Supramolecular Polymers. *Chem. Rev.* **2001**, *101* (12), 4071–4098. DOI:10.1021/cr990125q.
- [3] Schubert, U. S.; Newkome, G. R.; Winter, A. *Supramolecular Polymers and Assemblies: From Synthesis to Properties and Applications*; Wiley-VCH, 2021.
- [4] Neumann, L. N.; Gunkel, I.; Barron, A.; Oveisi, E.; Petzold, A.; Thurn-Albrecht, T.; Schrettl, S.; Weder, C. Structure–Property Relationships of Microphase-Separated Metallosupramolecular Polymers. *Macromolecules* **2020**, *53* (13), 5068–5084. DOI:10.1021/acs.macromol.0c00876.
- [5] Mareliati, M.; Tadiello, L.; Guerra, S.; Giannini, L.; Schrettl, S.; Weder, C. Metal–Ligand Complexes as Dynamic Sacrificial Bonds in Elastic Polymers. *Macromolecules* **2022**, *55* (12), 5164–5175. DOI:10.1021/acs.macromol.2c00752.
- [6] Marx, F.; Pal, S.; Sautaux, J.; Pallab, N.; Stoclet, G.; Weder, C.; Schrettl, S. Plasticization of a Semicrystalline Metallosupramolecular Polymer Network. *ACS Polym. Au* **2023**, *3* (1), 132–140. DOI:10.1021/acspolymersau.2c00044.
- [7] Neumann, L. N.; Oveisi, E.; Petzold, A.; Style, R. W.; Thurn-Albrecht, T.; Weder, C.; Schrettl, S. Dynamics and Healing Behavior of Metallosupramolecular Polymers. *Sci. Adv.* **2021**, *7* (18), eabe4154. DOI:10.1126/sciadv.abe4154.
- [8] Sautaux, J.; Marx, F.; Gunkel, I.; Weder, C.; Schrettl, S. Mechanically Robust Supramolecular Polymer Co-Assemblies. *Nat. Commun.* **2022**, *13* (1), 356. DOI:10.1038/s41467-022-28017-0.
- [9] Marx, F.; Beccard, M.; Ianaro, A.; Dodero, A.; Neumann, L.N., Stoclet, G., Weder, C., Schrettl S. Structure and Properties of Metallosupramolecular Polymers with a Nitrogen-based Bidentate Ligand. *Macromolecules* **2023**, *56*, 7320–7331. DOI: 10.1021/acs.macromol.3c00503
- [10] Traeger, H.; Kiebala, D. J., Weder, C., Schrettl, S. From Molecules to Polymers-Harnessing Inter- and Intramolecular Interactions to Create Mechanochromic Materials. *Macromol. Rapid Commun.* **2021**, *42*, e2000573. DOI: 10.1002/marc.202000573
- [11] Kiebala, D. J., Style, R., Vanhecke, D., Calvino, C., Weder, C., Schrettl, S. Sub-Micrometer Mechanochromic Inclusions Enable Strain Sensing in Polymers. *Adv. Funct. Mater.* **2023**, *33*, 2304938. DOI: 10.1002/adfm.202304938
- [12] Dini, V. A., Kiebala, D. J., Genovese, D., Zaccheroni, N., Calvino, C., Contini, E., Weder, C., Schrettl, S., Gualandi, C. In-situ monitoring of mechanofluorescence in polymeric nanofibers. *Macromol. Rapid Commun.* **2024**, 2400855. doi: 10.1002/marc.202400855
- [13] Mauron, M., Vitanov, L. C., Michaud, C., Wenger, R. Muller, N., Nussbaumer, R., Calvino, C., Weder, C., Schrettl, S., Gugler, G., Kiebala, D. Multimaterial Inkjet Printing of Mechanochromic Materials. *Eur. Phys. J. Spec. Top.* **2024**, 1-11. DOI: 10.1140/epjs/s11734-024-01396-9

II. Nachhaltige Wasseraufbereitung durch innovative Polymertechnologie

Die effiziente und nachhaltige Nutzung der Ressource Wasser zählt zu den zentralen Herausforderungen des 21. Jahrhunderts. Fortschritte in der Polymertechnologie leisten einen entscheidenden Beitrag zur Entwicklung moderner Membrantrennverfahren für die Wasseraufbereitung. In diesem Zusammenhang forschen wir an innovativen Materialien, die eine höhere Effizienz, eine verbesserte Lebensdauer und eine optimierte Steuerung solcher Prozesse ermöglichen.

Ein besonderer Schwerpunkt liegt dabei auf der Entwicklung von faseroptischen Sensoren, die in Wasseraufbereitungssysteme integriert werden können, um die Verschmutzung der Membranen durch sogenannte Fouling- oder Scaling-Prozesse frühzeitig zu erkennen. Diese Sensoren ermöglichen die Echtzeitdiagnostik von Membransystemen und sollen eine gezieltere Steuerung von Reinigungs- und Wartungsmaßnahmen ermöglichen. Die Kombination von Materialwissenschaft und Sensortechnologie soll so zur Nachhaltigkeit und Effizienz industrieller Wasseraufbereitungsverfahren beitragen. Neben Sensorlösungen untersuchen wir auch die Wechselwirkungen zwischen Polymerwerkstoffen und Membran-basierten Aufbereitungsprozessen, insbesondere hinsichtlich der chemischen Beständigkeit der Membranen. Die Oberflächeneigenschaften von Polymermembranen beeinflussen maßgeblich deren Leistungsfähigkeit, weshalb ein tiefergehendes Verständnis dieser Prozesse notwendig ist, um langlebigere und widerstandsfähigere Materialien zu entwickeln.

Erkenntnisse zu Materialdegradation durch Desinfektionsmittel

Die Umkehrosmose (RO) ist eine zentrale Technologie zur Wasseraufbereitung und wird in zahlreichen industriellen Prozessen eingesetzt.¹⁴⁻¹⁵ Ein großes Problem bei solchen Aufbereitungsprozessen stellt jedoch die Bildung von Verschmutzungen auf der Membranoberfläche dar, die zu einem signifikanten Leistungsabfall führen kann.¹⁶ Zur Reduktion von einer Verschmutzung durch Biofilme werden häufig oxidative Desinfektionsverfahren eingesetzt, die jedoch auch die selektive Polymerschicht (Polyaramid) der Membran angreifen und so deren Lebensdauer verkürzen können.

In einer aktuellen Studie, haben wir zusammen mit Kollegen des Instituts für Wasserchemie der TUM School of Natural Sciences die Schäden an RO-Membranen analysiert, die durch verschiedene Komponenten einer Chlordioxid-Desinfektionslösung verursacht werden.¹⁷ Während Chlordioxid als Alternative zu Chlor gilt, zeigte unsere Untersuchung, dass insbesondere Nebenprodukte der Chlordioxid-Bildung wie freies Chlor und Persulfate erhebliche Schäden an der Membranstruktur verursachen können. Durch eine Kombination verschiedener analytischer Methoden konnten wir eine detaillierte Schadensbewertung durchführen und die schädlichsten Bestandteile der Desinfektionslösung identifizieren. Freies Chlor erwies sich als die aggressivste Verbindung und verursachte bereits bei geringen Konzentrationen signifikante Veränderungen in der Membran. Chlordioxid selbst zeigte dagegen erst bei deutlich höheren Konzentrationen schädliche Effekte, was darauf hinweist, dass eine gereinigte Chlordioxid-Lösung ohne Nebenprodukte eine bessere Alternative zur Desinfektion sein könnte.¹⁷

Unsere Ergebnisse zeigen, dass die Wahl und Reinheit des Desinfektionsmittels eine entscheidende Rolle für die Lebensdauer von RO-Membranen spielt. Besonders relevant ist hierbei, dass mechanische Belastungen während der Desinfektion die chemische Degradation signifikant verstärken. In Experimenten mit unterschiedlichem Transmembrandruck und Strömungsgeschwindigkeit konnten wir nachweisen, dass hohe mechanische Belastungen in Form von hohen Transmembrandrücken die Materialschäden substantiell beschleunigen.¹⁷ Diese Forschungsergebnisse sind besonders relevant für industrielle Anwendungen, in denen Wasser effizient und nachhaltig recycelt werden muss. Durch eine verbesserte Balance zwischen Desinfektionswirkung und Membranstabilität kann die Lebensdauer von Umkehrosmose-Membranen verlängert und der Wartungsaufwand reduziert werden.

Nachhaltige Wassernutzung als strategische Herausforderung

Unsere Gruppe koordiniert auch das Verbundprojekt "BayWater – Nachhaltiges betriebssintegriertes Wassermanagement", welches durch die Bayerische Forschungsförderung gefördert wird. Eine zuverlässige und ressourcenschonende Wasserversorgung stellt für viele Industriezweige eine zunehmende Herausforderung dar. Wasser ist dabei ein essenzieller Bestandteil in der Lebensmittelproduktion, im Maschinenbau wie auch in der pharmazeutischen Industrie – gleichzeitig sind die Kosten für Wasseraufbereitung und -entsorgung hoch und die Umweltbelastung durch industrielle Abwässer nimmt stetig zu. Um diesen Herausforderungen zu begegnen, sollen im interdisziplinäre Forschungsprojekt BayWater maßgeschneiderte, membranbasierte Wasserkreislaufsysteme für industrielle Anwendungen entwickelt werden. Im Rahmen des Projekts arbeiten sechs akademischen Partner (Technischen Universität München, Ostbayerischen Technischen Hochschule Regensburg und Technischen Hochschule Nürnberg Georg Simon Ohm) sowie 25 Industriepartnern zusammen. Durch den Einsatz und die Weiterentwicklung modernster Membrantechnologien, innovativer Oxidationsverfahren und intelligenter Sensortechnologie sollen die Wassernutzung optimiert, Kosten gesenkt und die Umweltbelastung reduziert werden. Unsere Forschungsgruppe trägt insbesondere zur Entwicklung von Membranen mit verbesserter chemischer Beständigkeit und optimierter wie auch selektiver Trennleistung bei. Darüber hinaus entwickeln wir innovative Vorbehandlungsverfahren, neue Methoden der Prozesssteuerung und faseroptische Sensoren zur Echtzeitüberwachung in Membranmodulen. Die Forschungsbemühungen sollen somit einen Beitrag zur Entwicklung innovativer und nachhaltiger Technologien leisten, die nicht nur die Umweltbelastung reduzieren, sondern auch wirtschaftliche Vorteile für industrielle Anwender bieten.

Literatur:

- [14] Gude, V.G. Desalination and water reuse to address global water scarcity. *Rev. Environ. Sci. Biotechnol.* **2017**, 16, 591-609. DOI: 10.1007/s11157-017-9449-7.
- [15] Peydayesh, M., Mezzenga, R. The circular economy of water across the six continents. *Chem. Soc. Rev.* **2024**, 53, 4333-4348. DOI: 10.1039/D3CS00812F.
- [16] Goh, P.S., Lau, W. J., Othman, M., Ismail, A.F. Membrane fouling in desalination and its mitigation strategies. *Desalination*, **2018**, 425, 130-155, DOI: 10.1016/j.desal.2017.10.018.
- [17] Oesinghaus, H., Eiden, E. E., Kratky, T., Huber, M. J., Schrettl, S., Holz, S., Elsner, M., Glas, K. Analytical characterization of damage in reverse osmosis membranes caused by components of a chlorine dioxide matrix. *Desalin. Water Treat.* **2024**, 320. doi: 10.1016/j.dwt.2024.100633.

Professur für Funktionelle Phytometabolomik

Adresse

Lise-Meitner-Straße 34
D-85354 Freising
Telefon: 08161-71 2901
Internet: <http://www.mls.ls.tum.de/fpm/>
E-Mail: corinna.dawid@tum.de

Personal

Leitung	Prof. Dr. Corinna Dawid	-2901
Sekretariat	Angela Lebedicker	-2902
Wissenschaftler	Dr. Verena Mittermeier-Kleßinger	-2992
Doktoranden	Camilo Correa Lozano	-2908
	Timo Dräger	-2907
	Julia Heidenkamp	-2976
Nichtwissenschaftliches Personal	Dipl.-Ing. Walter Stelzer	-2996

Forschung

I. Phytometabolomics

Molekulare und funktionale Kartierung der Stoffwechseleränderungen von Nutz- und Modellpflanzen unter abiotischen und biotischen Stressbedingungen

Pflanzen synthetisieren eine Vielzahl strukturell unterschiedlicher Sekundärmetabolite, die für ihr Wachstum und ihre Entwicklung von großer Bedeutung sind und ein Arsenal chemischer Abwehrstoffe darstellen. Diese Moleküle werden unter bestimmten abiotischen Stressfaktoren und pathogenen Angriffen biosynthetisiert, hochreguliert oder beides, und bieten somit eine Überlebensstrategie für Pflanzen. Die wissenschaftlich gestützte Züchtung von stresstoleranten Kulturpflanzen, die eine Verringerung von Ernteverlusten ermöglichen und die unerwünschte Abnahme von Qualitätsmerkmalen verhindern, erfordern Wissen über die molekularen Marker, die mit relevanten agronomischen Merkmalen assoziiert sind, über die quantitativen Stoffwechselreaktionen von Pflanzen auf Stressherausforderungen und über die Mechanismen, die die Biosynthese steuern.

Um die Marker und bioaktiven Metaboliten, die bei Pflanzenstress hochreguliert werden, zu charakterisieren und zu identifizieren und den Zusammenhang zwischen Stressresistenz und Metaboliten aufzudecken, wenden wir das Konzept der Phytometabolomik an, welches folgende neun Schritte umfasst (Abbildung 1).

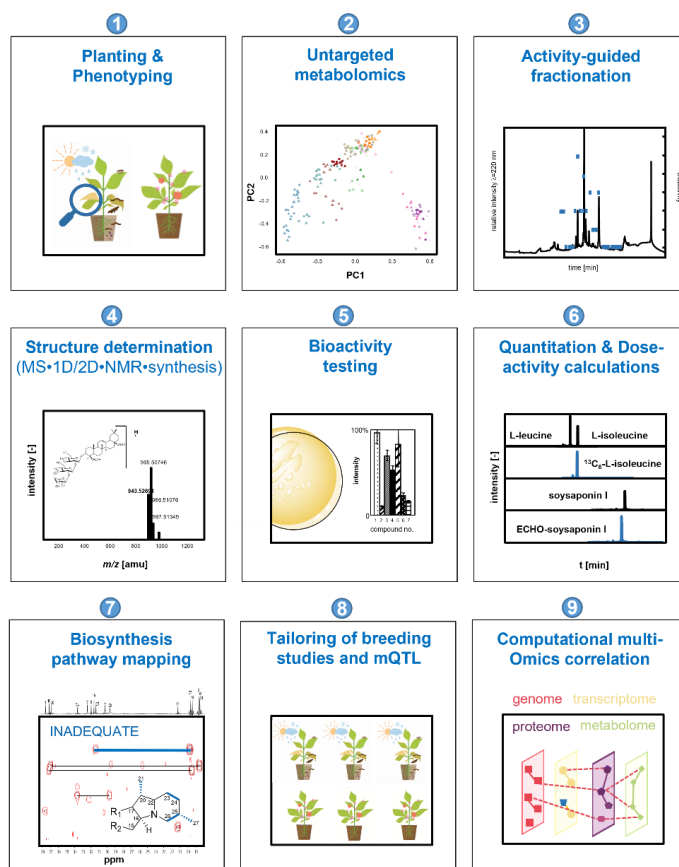


Abbildung 1: Das Phytometabolomics-Konzept.

Mit diesem Wissen wollen wir die Produktion hochwertiger Lebensmittel vorantreiben, indem Züchtungsprogramme gezielt gesteuert und die Nacherntebehandlung von pflanzlichen Lebensmitteln vom Erzeuger bis zum Verbraucher/Verarbeiter optimiert werden können.

II. Sensomics und Sensoproteomics

Molekulare Aufklärung des Flavors von Protein(-Hydrolysaten)

Proteine und insbesondere Pflanzenproteine gewinnen angesichts des kontinuierlichen Bevölkerungswachstums und der Klimaveränderungen immer mehr an Bedeutung. Darüber hinaus steigt die Nachfrage nach pflanzenproteinbasierten Produkten, um den gesundheitlichen Risiken, z.B. Herz-Kreislauferkrankungen, Diabetes Typ II oder Übergewicht, zu begegnen, die mit einem hohen Konsum von tierischen Proteinen einhergehen. Derzeit ist der Einsatz von Pflanzenproteinen allerdings aufgrund des oftmals starken bitteren und/oder adstringierenden Geschmacks und eines unerwünschten Aromas limitiert.

Um das Einsatzspektrum der Pflanzenproteine zu erweitern und neue (Pflanzen-)Proteine für die Humanernährung zu ergründen, muss deren Aroma und Geschmack auf molekularer Ebene aufgeklärt werden. Zum einen können die Proteine selbst, sekundäre Pflanzenstoffe oder auch Peptide, welche während der Hydrolyse der Proteine gebildet werden, zu unerwünschten sensorischen Eindrücken führen. Um diese Inhaltsstoffe zielgerichtet zu charakterisieren, wenden wir das Sensomics- und Sensoproteomics-Konzept an.

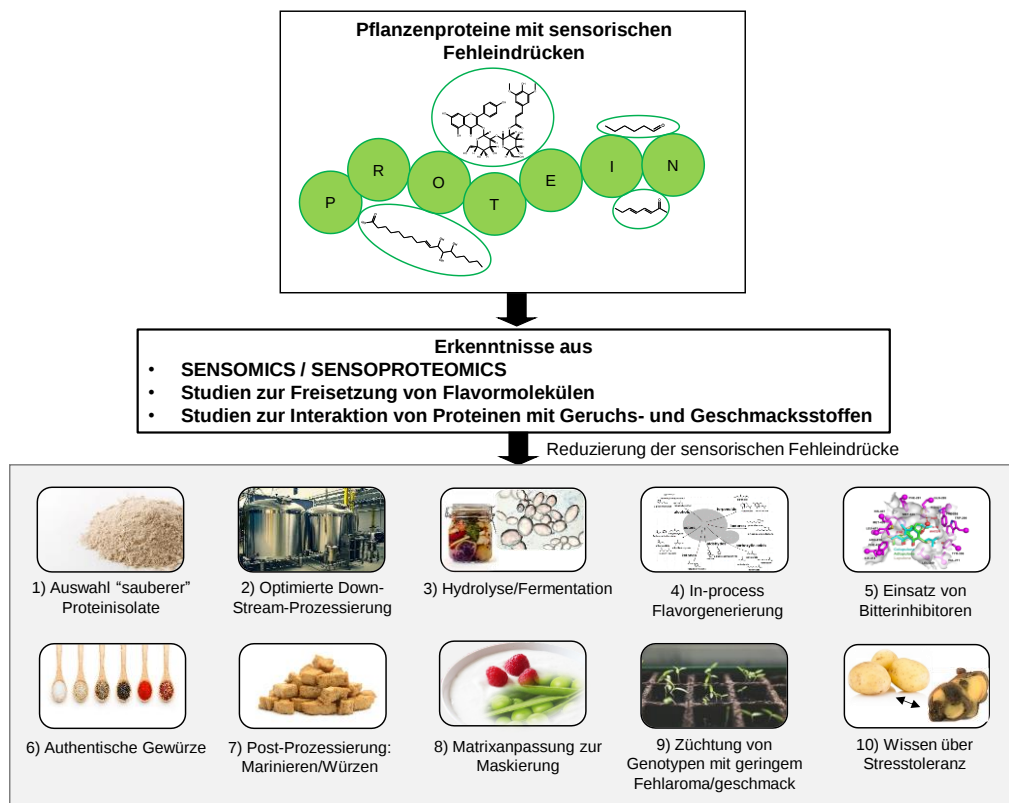


Abbildung 2: Strategien zur Reduktion des Fehlflavors/-geschmacks von Pflanzenproteinen

Dieses Wissen unterstützt die Entwicklung und Produktion hochwertiger Lebensmittel auf Pflanzenproteinbasis, indem die Auswahl von Pflanzenproteinen und deren Prozessierung gezielt hinsichtlich des sensorischen Eindrucks optimiert werden können.

III. Einfluss von Pflanzenstress auf den Geschmack von Lebensmitteln

Untersuchung der Geschmacksveränderungen in Nutzpflanzen infolge abiotischen oder biotischen Stresses

In der Landwirtschaft liegt der Fokus oftmals auf der Steigerung der Pflanzenerträge und der Fitness; es ist jedoch auch bekannt, dass sich Pflanzenstress auf pflanzliche Qualitätsaspekte wie den Geschmack auswirkt. Die Expression von Genen, die die Biosynthese von Geschmacksreizen steuern, wird durch biotische und abiotische Stressfaktoren beeinflusst. Milde abiotische und biotische Stressfaktoren oder nützliche Pilze können zu einer Zunahme der Geschmacks- oder Geruchsstoffe und damit zu einem intensiveren Geschmackseindruck und einer besseren Erntequalität führen. Umgekehrt können Stressfaktoren während der Wachstumsperiode oder bei der Lagerung nach der Ernte zur Bildung von Fehl- aromen führen.

Unsere Forschungsgruppe nutzt den SENSOMICS-Ansatz, um Geschmacksveränderungen bei Nutzpflanzen zu charakterisieren, die durch abiotische und biotische Stressfaktoren sowie durch nützliche Pilze, wie arbuskuläre Mykorrhiza, hervorgerufen werden.



Color up
your dairy!

Unsere Lösungen

... für Ihre erfolgreichen Konzepte!

Bunte Hingucker	Einzigartiges Geschmackserlebnis	Expertise, die überzeugt
• Wow-Effekt im Kühlregal • Ideal für farbenfrohe Konzepte für Millennials, Gen Z & individuelle Trends	• Bleiben bereits eingerührt knackig & stabil • Einzigartiger Texturunterschied & optisches Highlight in Milchprodukten	• Weltmarktführer & Erfinder stabiler Schoko-Splits • Applikations-Expertise für kreative & erfolgreiche Genusskonzepte

NEU!

Professur für Plant Proteins and Nutrition

Adresse

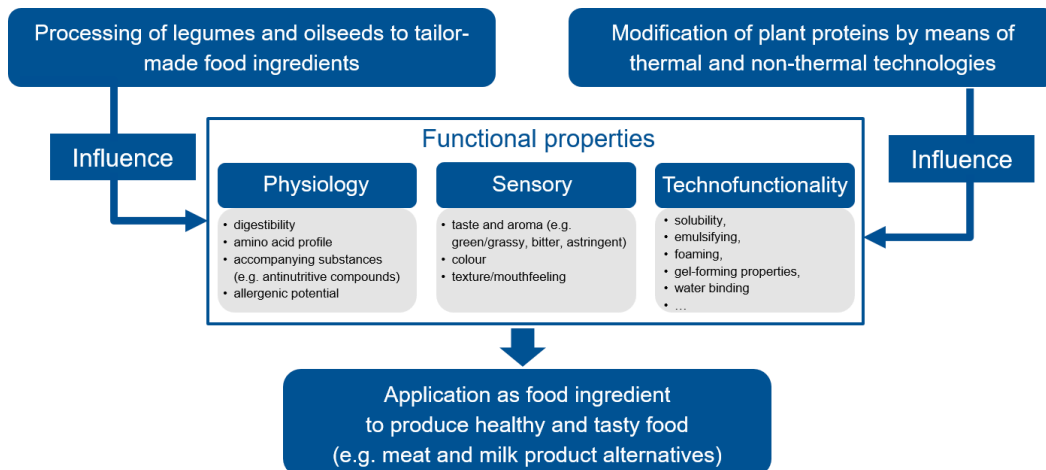
Weihenstephaner Berg 1
D-85354 Freising
Telefon: +49 8161 71-5330
Internet: <http://lse.ls.tum.de/ppn>
E-Mail: sekretariat.ppn@ls.tum.de

Personal

Leitung	Ute Weisz (Prof. Dr. rer. nat.)	-3536
Sekretariat	Jennifer Schultz	-5330
Wissenschaftlerinnen	Regina Bittner (Dr. rer. nat.)	-3942
	Lara Etzbach (Dr.-Ing.)	-5337
	Esther Chinelo Omah (Dr.)	-3834
	Janina Horn (M.Sc.)	-5332
Doktorandinnen und Doktoranden intern	Sophie Arnold (M.Sc.)	-5331
	Anna Dziuballe (M.Sc.)	0228 73 - 3367
	Victor Christian Kaharso (M.Eng.)	-5341
	Maren Müller (M.Sc.)	-5341
	Philipp Valerius (M.Sc.)	-5325
	Marie Zöllner (M.Sc.)	-5331
Doktorandinnen extern	Ignatzky, Laura (Fraunhofer IVV)	
	Jahn, Kristin (Fraunhofer IVV)	
	Pferdmenges, Larissa (MRI / Uni Bonn)	
	Scheuer, Laura (Fraunhofer IVV)	
	Vieler, Luisa (Uni Bonn)	
	Wintersohle, Christina (Uni Bonn)	
	Ziegltrum, Lisa (HSWT)	
Technische Mitarbeitende	Gitta Clasen	-3855
	Maria Führer	-5331
	Andreas Matyssek (B.Sc.)	-3855

Forschung

Die Bewältigung der zukünftigen Herausforderungen der Lebensmittelindustrie eine wachsende Weltbevölkerung mit ausreichend qualitativ hochwertigen Lebensmitteln zu versorgen, bedingt ein Umdenken in der bisherigen Produktion von Lebensmitteln und den dafür zur Verfügung stehenden Rohstoffen. Die ganzheitliche Verwertung pflanzlicher Rohmaterialien, die die Nutzung aller Nebenströme der Lebensmittelproduktion beinhaltet, wie auch Alternativen zu tierischen Produkten, können hierbei mögliche Ansätze sein.



I. Forschungsschwerpunkt: Gewinnung und Charakterisierung von Pflanzenproteinen

Die Forschung im Bereich pflanzlicher Proteine fokussiert sich auf deren technofunktionelle Eigenschaften in Lebensmitteln. Pflanzliche Proteine können als Gelbildner, Emulgatoren oder Schaumbildner eingesetzt werden und somit tierische Proteine in einer Vielzahl von Produkten ersetzen. Dies schafft neue Möglichkeiten für die Entwicklung nachhaltiger, ressourcenschonender und gesundheitsfördernder Lebensmittel.

Unterschiedliche Verfahren zur Extraktion von Proteinen aus pflanzlichen Rohstoffen haben einen erheblichen Einfluss auf die chemischen, physikalisch-chemischen und technofunktionellen Eigenschaften der gewonnenen Proteinzutaten. Gleichzeitig variieren je nach angewendetem Verfahren die Produktausbeute und der Reinheitsgrad der Proteine. Die gezielte Anpassung der Prozessparameter während der Proteingewinnung stellt daher einen entscheidenden Ansatzpunkt dar, um funktionelle Proteinzutaten für vielfältige Lebensmittelanwendungen zu entwickeln.

„Hemp4Food“ – Ganzheitliche Nutzung von Hanfsamen

Anna Dziuballe (M.Sc.)

Nutzhanf (*Cannabis sativa* L.) ist eine weltweit bedeutende Kulturpflanze, deren faserhaltige Blätter und Stängel für die Herstellung von Seilen, Textilien und Verbundwerkstoffen genutzt werden (Burton et al., 2022; Farinon et al., 2020). Der Anbau von THC-armen (< 0,3 %) Nutzhanfsorten ermöglicht darüber hinaus die Verwendung der Samen in Lebensmitteln (Farinon et al., 2020). Die mechanische Extraktion von Hanföl mittels Kaltpressung stellt die primäre Verarbeitungsmethode für Hanfsamen dar. Der bei diesem Prozess anfallende Pressrückstand, auch als Presskuchen bezeichnet, ist ein Nebenprodukt mit bisher unterschätztem Potenzial. Hanfpresskuchen zeichnet sich durch einen bedeutenden

Gehalt an Ballaststoffen (12 - 17,4 %) und Proteinen (33,5 - 52,8 %) aus, was ihn zu einer vielversprechenden Ressource für die humane Ernährung macht (Callaway, 2004; Teh et al., 2014; Mendoza-Pérez et al., 2024; Pihlanto et al., 2021). Hanfsamenproteine weisen ein ausbalanciertes Aminosäureprofil auf, das die Anforderungen der WHO an eine angemessene Zufuhr unentbehrlicher Aminosäuren mit Ausnahme von Lysin erfüllen kann (Callaway, 2004; House et al., 2010). Gegenwärtig findet Hanfpresskuchen hauptsächlich als Futtermittel in der Nutztierhaltung Verwendung (Potin et al., 2019). Angesichts seiner nutritiven Eigenschaften besteht jedoch ein erhebliches Potenzial für die Anwendung als Lebensmittelzutat. Weitere Forschung und Produktentwicklung könnten zur Erschließung dieses bislang unterbewerteten Nebenstroms für die Lebensmittelindustrie führen und damit zu einer ressourceneffizienten Nutzung von Hanfsamen beitragen.

Das Forschungsprojekt „Hemp4Food“ widmet sich der ganzheitlichen Verwertung von Hanfsamen für die Gewinnung von hochwertigen und hochfunktionellen Proteinzutaten sowie funktioneller Nebenströme für die menschliche Ernährung. Im Mittelpunkt steht dabei die Untersuchung verschiedener nass- und trockentechnischer Verfahren auf ihre Eignung zur Gewinnung von funktionellen Proteinzutaten aus Hanfpresskuchen. Die resultierenden Proteinzutaten werden umfassend hinsichtlich ihrer chemischen Zusammensetzung und physikalisch-chemischen Eigenschaften charakterisiert. Das vielversprechendste Verfahren wird in einem Scale-up in den Pilotmaßstab übertragen, um ausreichend Ausgangsmaterial für die Projektpartner aus der Industrie zu generieren, die das Applikationspotenzial der Hanfproteinzutat in verschiedenen Lebensmittelanwendungen (z. B. Trockenextrudate, pflanzliche Wurstalternativen, vegane Seafood-Produkte) prüfen. Untersuchungen zur Nutzung weiterer Nebenfraktionen (Hanfsamenschale, Hanföl, faserreiche Rückstände der Proteingewinnung) in Lebensmitteln, die Ermittlung der Verbraucherakzeptanz von Hanfproteinen und eine Wirtschaftlichkeitsbetrachtung, die die gesamte Wertschöpfungskette vom Anbau bis zur Proteingewinnung umfasst, runden das ganzheitliche Konzept des Forschungsvorhabens ab.

Die nasstechnische Proteingewinnung aus Hanfpresskuchen mittels alkalischer Extraktion und isoelektrischer Fällung stellt eine Herausforderung dar, da Hanfproteine generell eine geringe Wasserlöslichkeit über einen breiten pH-Bereich aufweisen (Eckhardt et al., 2024; Helstad et al., 2022; Potin et al., 2019). Diese Eigenschaft erschwert den Extraktionsprozess und reduziert Ausbeuten und Effizienz der Proteingewinnung. So konnte eine Proteinlöslichkeit von über 70 % bei einem Presskuchen aus geschälten Hanfsamen erst ab stark alkalischen pH-Werten > 9,5 erreicht werden (Abb. 1A). Eine Möglichkeit zur Verbesserung der Proteinlöslichkeit ist die Erhöhung der Extraktionstemperatur, da die gesteigerte thermische Energie die Überwindung intermolekularer Wechselwirkungen begünstigt und somit die Solvatisierung der Proteine erleichtert. Tatsächlich resultierte bereits eine moderate Erhöhung der Extraktionstemperatur von 20 auf 40 °C bei pH 10 in einer Steigerung der Proteinlöslichkeit um 15 %. Die experimentellen Ergebnisse zeigten jedoch auch, dass eine Erhöhung der Extraktionstemperatur über 40 °C hinaus keine weitere Steigerung der Proteinlöslichkeit bewirkte. Die höchste Proteinlöslichkeit wurde mit 94,9 % bei pH 10,5 und einer Temperatur von 40 °C erreicht, gefolgt von 91,5 % bei pH 10,5 und 20 °C. Unter Berücksichtigung mikrobiologischer und energetischer Aspekte wurden für das Scale-up der nasstechnischen Proteingewinnung die Parameter pH 10,5 und 20 °C ausgewählt.

Bei der Analyse der Produkt- und Proteinausbeuten von Hanfproteinisolaten, die im Labormaßstab unter verschiedenen Extraktionsbedingungen gewonnen wurden, konnte eine starke Abhängigkeit von den untersuchten pH-Werten und der Extraktionstemperatur beobachtet werden (Abb. 1B). Die Ergebnisse deuten darauf hin, dass der für die Extraktion angewandte pH-Wert einen stärkeren Einfluss auf die Produkt- und Proteinausbeuten ausübt als eine Variation der Extraktionstemperatur. Diese Erkenntnisse bieten wichtige Ansatzpunkte für die Optimierung der nasstechnischen Proteingewinnung aus Hanfpresskuchen.

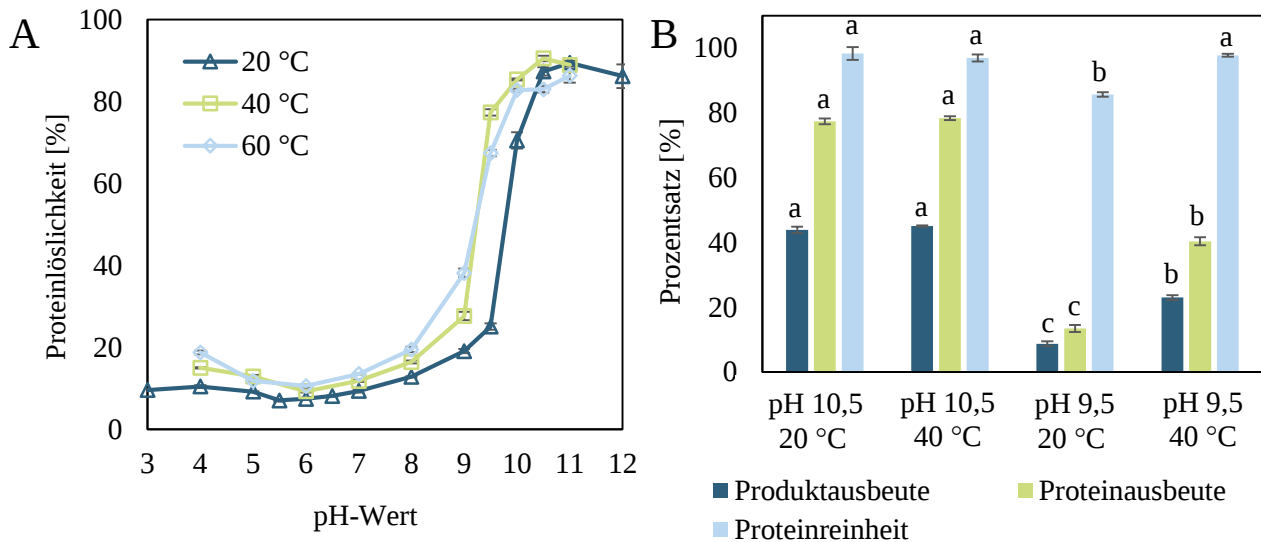


Abbildung 1: [A] Proteinlöslichkeit [%] von Hanfpesskuchen in Abhängigkeit des pH-Wertes; [B] Produkt- und Proteinausbeuten sowie Proteinreinheiten [%] von Hanfproteinisolaten, gewonnen bei variierenden Extraktionstemperaturen und -pH-Werten. Alle Werte sind als Mittelwert $\pm$ Standardabweichung angegeben ($n = 3$). Unterschiedliche Buchstaben innerhalb eines Parameters zeigen signifikante ($p \leq 0,05$) Unterschiede zwischen den Hanfproteinisolaten an.

Die Notwendigkeit stark alkalischer pH-Werte für eine wirtschaftlich relevante Proteinausbeute muss jedoch gegen mögliche negative Auswirkungen auf die Proteinqualität, wie beispielsweise Denaturierung oder andere unerwünschte Modifikationen der Proteinstruktur, abgewogen werden. Eine detaillierte Analyse dieser Effekte, die die Funktionalität der Proteinzutaten entscheidend beeinflussen können, ist im weiteren Projektverlauf vorgesehen.

Durch die Verwendung von geschälten Hanfsamen weisen sowohl der Hanfpesskuchen als auch die Hanfproteinisolate eine hellbeige Farbe auf, was ihre Attraktivität für die Verwendung in Lebensmitteln erhöht (Abb. 2A/B). Die Proteinzutaten zeigen eine Eignung als Gelbildner (Abb. 2C).



Abbildung 2: [A] vermahlener Hanfpesskuchen; [B] gefriergetrocknete Hanfproteinisolate, extrahiert bei pH 10,5 und einer Extraktionstemperatur von 20 °C (links) bzw. 40 °C (rechts); [C] thermisch induzierte Gele (20 %, w/w) aus Hanfproteinisolat (pH 10,5, 20 °C) bei pH 4 (links) bzw. pH 7 (rechts).

Die minimale Gelbildungskonzentration von vermahlenem Hanfpresskuchen lag bei nativem pH-Wert bei 18 % (w/w) und die Gele wiesen eine cremige Textur auf. Ein Aspekt, der weiterer Optimierung bedarf, ist das sandige Mundgefühl der Hanfproteinisolate. Diese Charakteristik lässt sich primär auf den Prozess der Gefriertrocknung zurückführen, der im Labormaßstab für die Trocknung der Isolate angewandt wurde. Im Rahmen des Scale-ups ist allerdings eine Sprühtrocknung des Proteinisolats vorgesehen, wodurch eine Reduzierung der Partikelgröße im Vergleich zum Gefriertrocknen und damit eine Verbesserung des Mundgefühls zu erwarten ist. Neben der Sprühtrocknung können weitere Prozessanpassungen im Scale-up die chemischen und funktionellen Eigenschaften des Proteinisolats wesentlich beeinflussen, z.B. längere Prozesszeiten oder die Separatortrennung der gefällten Proteine anstelle einer Zentrifugation. Eine umfassende Charakterisierung der physikalisch-chemischen Eigenschaften des resultierenden Hanfproteinisolats zielt darauf ab, ein detailliertes Verständnis über den Zusammenhang zwischen Gewinnung und Proteineigenschaften zu erlangen und so das volle Potential von Hanfpresskuchen als Proteinquelle zu erschließen.

Danksagung:

Das Projekt „Hemp4Food“ wird im Rahmen des Innovationsraums NewFoodSystems durchgeführt und ist durch Mittel des Bundesministeriums für Bildung und Forschung (Förderkennzeichen: 031B1372D) gefördert.

Literatur:

- Burton, R. A., Andres, M., Cole, M., Cowley, J. M., & Augustin, M. A. (2022). Industrial hemp seed: From the field to value-added food ingredients. *Journal of Cannabis Research*, 4(1), 45. <https://doi.org/10.1186/s42238-022-00156-7>.
- Callaway, J. C. (2004). Hempseed as a nutritional resource: An overview. *Euphytica*, 140, 65-72. <http://doi.org/10.1007/s10681-004-4811-6>.
- Eckhardt, L., Bu, F., Franczyk, A., Michaels, T., & Ismail, B. P. (2024). Hemp (*Cannabis sativa* L.) protein: Impact of extraction method and cultivar on structure, function, and nutritional quality. *Current Research in Food Science*, 8, 100746. <https://doi.org/10.1016/j.crfs.2024.100746>.
- Farinon, B., Molinari, R., Costantini, L., & Merendino, N. (2020). The seed of industrial hemp (*Cannabis sativa* L.): Nutritional quality and potential functionality for human health and nutrition. *Nutrients*, 12(7), 1935. <https://doi.org/10.3390/nu12071935>.
- Helstad, A., Forsén, E., Ahlström, C., Mayer Labba, I. C., Sandberg, A. S., Rayner, M., & Purhagen, J. K. (2022). Protein extraction from cold-pressed hempseed press cake: From laboratory to pilot scale. *Journal of Food Science*, 87(1), 312-325. <http://dx.doi.org/10.1111/1750-3841.16005>.
- House, J. D., Neufeld, J., & Leson, G. (2010). Evaluating the quality of protein from hemp seed (*Cannabis sativa* L.) products through the use of the protein digestibility-corrected amino acid score method. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 58(22), 11801-11807. <http://doi.org/10.1021/jf102636b>.
- Mendoza-Pérez, R. J., Náthia-Neves, G., Blanco, B., Vela, A. J., Caballero, P. A., & Ronda, F. (2024). Physicochemical characterisation of seeds, oil and defatted cake of three hempseed varieties cultivated in Spain. *Foods*, 13(4), 531. <https://doi.org/10.3390/foods13040531>.
- Pihlanto, A., Nurmi, M., Pap, N., Mäkinen, J., & Mäkinen, S. (2021). The effect of processing of hempseed on protein recovery and emulsification properties. *International Journal of Food Science*, 2021(1), 8814724. <https://doi.org/10.1155/2021/8814724>.

Potin, F., Lubbers, S., Husson, F., & Saurel, R. (2019). Hemp (*Cannabis sativa* L.) protein extraction conditions affect extraction yield and protein quality. *Journal of Food Science*, 84(12), 3682-3690. <http://doi.org/10.1111/1750-3841.14850>.

Teh, S. S., Bekhit, A. E. D., Carne, A., & Birch, J. (2014). Effect of the defatting process, acid and alkali extraction on the physicochemical and functional properties of hemp, flax and canola seed cake protein isolates. *Journal of Food Measurement and Characterization*, 8, 92-104. <https://doi.org/10.1007/s11694-013-9168-x>.

Ganzheitliche Verwertung von Mungobohnen und Linsen – Herstellung qualitativ hochwertiger Proteinkonzentrate und Nutzung der Nebenströme – Leg4Future

Philipp Valerius

Im Sinne einer biodiversifizierten Landwirtschaft beschäftigt sich das Projekt Leg4Future mit dem Ziel der Integration bisher in Deutschland wenig genutzter Leguminosen - Mungobohne (*Vigna radiata* L.) und Linse (*Lens culinaris* L.) - als Lebensmittelzutat. Bisher ist der Anbau von Linsen in Deutschland mit etwa 2.000 ha Anbaufläche insbesondere in Baden-Württemberg konzentriert. Mungobohnen werden derzeit nicht in marktrelevanten Mengen in Deutschland angebaut, obgleich die hiesigen klimatischen Bedingungen den Anbau grundsätzlich ermöglichen (Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung, 2024; Janna Wörner, 2024). Aufgrund des Proteingehaltes zwischen 16 - 31% in Linsen bzw. 21 - 31% in Mungobohnen bieten diese Leguminosen hohes Potenzial zur Entwicklung und Nutzung innovativer Proteinzutaten (Anwar et al., 2007; Dhull et al., 2023).

Unter Berücksichtigung des Nachhaltigkeitsaspektes werden im Rahmen des Vorhabens Proteinkonzentrate (Proteingehalte < 85%) aus den Kotyledonen der Saaten hergestellt, welche im Vergleich zu pflanzlichen Proteinisolationen (Proteingehalte > 85%) einen geringeren verfahrenstechnischen Aufwand bei der Herstellung erfordern. Proteinkonzentrate sind folglich potenziell preiswerter und es fallen aufgrund einer höheren Produktausbeute weniger möglicherweise nicht nutzbare Nebenfraktionen an. Eine Hürde bei der Verwendung der genannten Leguminosen stellen enthaltene, potenziell antinutritiv wirkende Inhaltsstoffe (ANF), wie Phytinsäure, Trypsin-Inhibitoren, Saponine und Oligosaccharide dar. Diese können über mögliche nachteilige ernährungsphysiologische Effekte hinaus auch die Farbe, das Aroma und die physikalisch-chemischen Eigenschaften der Proteinkonzentrate beeinflussen (Dev & Mukherjee, 1986; Heng et al., 2006). Durch die Herstellung von Proteinkonzentraten mittels trockentechnischer Fraktionierung kann es in der durch Windsichtung getrennten proteinreichen Feinfraktion unter Umständen zu einer Anreicherung der genannten ANF kommen (Amin et al., 2022; Elkowicz & Sosulski, 1982). Daher werden zur Herstellung der Proteinkonzentrate unter Zuhilfenahme statistischer Methoden verschiedene nassextraktive Verfahren unter Einsatz von zum Teil angesäuerten Ethanol-Wassermischungen getestet und durch nachfolgende chemische Charakterisierung auf ihre Eignung zur Reduktion potenzieller ANF hin untersucht (Abb. 1). Zur Bestimmung der ANF werden geeignete analytische Methoden entwickelt. Hierzu werden zunächst mithilfe von Screening-Methoden, basierend auf enzymatisch-photometrischen Messprinzipien Extraktionsmethoden evaluiert, auf deren Basis HPLC-Methoden zur dezidierten Untersuchung der ANF entwickelt werden. Im weiteren Verlauf werden mittels verschiedener Milchsäurebakterien fermentative Verfahren zur Reduktion von ANF entwickelt, unter der Prämisse die Geruchseigenschaften der Leguminosenmehle bzw. -konzentrate durch die Fermentation nicht zu beeinträchtigen. Ebenfalls in die Eignungsprüfungen der nassextraktiven und fermentativen Verfahren fließen die Parameter Protein- und Produktausbeute sowie die physikalisch-chemischen und sensorischen Charakteristika der hergestellten Proteinkonzentrate ein. Ausgewählte fermentative Prozesse werden in einem weiteren Schritt in den nasstechnischen Extraktionsprozess der Leguminosenmehle integriert, mit dem Ziel, eine bestmögliche Reduktion der ANF und eine Verbesserung sensorischer Eigenschaften zu

erreichen. Abschließend sollen ausgewählte Proteinkonzentrate in Lebensmittel-Prototypen eingesetzt werden, um deren Anwendungspotenzial einschätzen zu können.

Um die ganzheitliche Ressourcennutzung weiter zu fördern, sollen die während der Herstellung der Proteinkonzentrate anfallenden Schalenfraktionen ebenfalls verwertet werden. Die Fraktionen könnten, insbesondere aufgrund ihrer potenziell hohen Gehalte an phenolischen Verbindungen, wie Flavonoiden, antioxidative sowie antimikrobielle Eigenschaften aufweisen (Kanatt et al., 2011; Raj et al., 2016). Allerdings sind bisher kaum Daten zur Zusammensetzung der Polyphenole in den Schalen der genannten Leguminosen bekannt. Folgend soll eine umfassende Aufklärung der Polyphenolzusammensetzung mittels LC-DAD-MS erfolgen, auf deren Basis Struktur-Aktivitäts-Beziehungen etabliert werden. Um den in den Schalen maßgeblichen Anteil gebundener bzw. nicht unmittelbar extrahierbarer Polyphenole ebenfalls nutzen zu können, sollen diese durch Basidiomyceten-Fermentation freigesetzt und extrahierbar gemacht werden, möglichst ohne eine chemische Modifizierung durch die Freisetzung zu induzieren (Guo et al., 2022; Wang et al., 2016). Um das Potenzial der gewonnenen Substanzen als natürliches Konservierungsmittel oder Biopestizid einschätzen zu können, werden minimale Hemmkonzentrationen und minimale bakterizide Konzentrationen mit ausgewählten pathogenen Mikroorganismen *in vitro* bestimmt. Diesen Untersuchungen folgend, werden im Rahmen einer Applikationsabschätzung mikrobiostatische und mikrobizide Wirkungen gegen Leitkeime in bestimmten Modell-Lebensmitteln untersucht.

Danksagung:

Die Förderung des Vorhabens (2822EPS005) erfolgt aus Mitteln des Bundesministeriums für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL) aufgrund eines Beschlusses des deutschen Bundestages. Die Projektträgerschaft erfolgt über die Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE) im Rahmen des Programms zur Innovationsförderung.

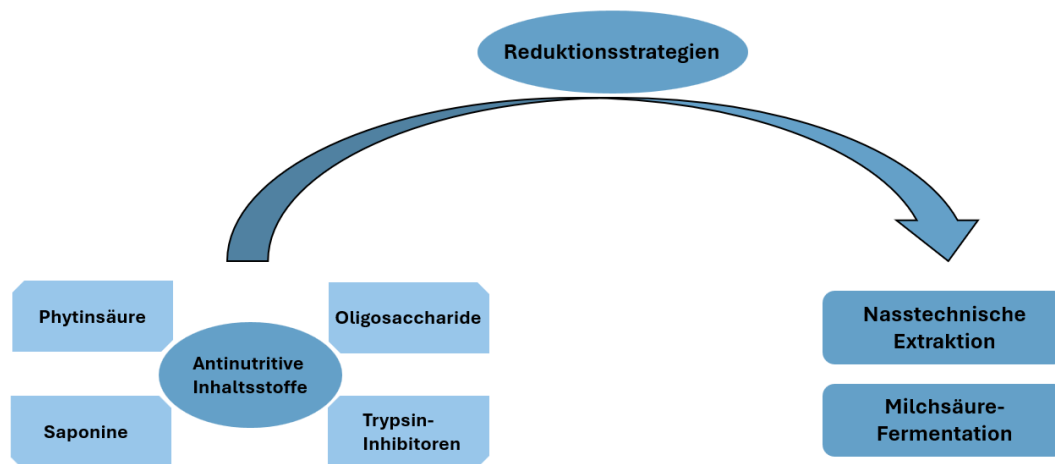


Abbildung 1: Potenziell antinutritive Inhaltsstoffe in Mungobohnen (*Vigna radiata* L.) und Linsen (*Lens culinaris* L.) und mögliche Reduktionsstrategien

Literatur:

Amin, A., Petersen, I. L., Malmberg, C., & Orlén, V. (2022). Perspective on the Effect of Protein Extraction Method on the Antinutritional Factor (ANF) Content in Seeds. *ACS Food Science and Technology* (Vol. 2, Issue 4, pp. 604–612). <https://doi.org/10.1021/acsfoodscitech.1c00464>

Anwar, F., Latif, S., Przybylski, R., Sultana, B., & Ashraf, M. (2007). Chemical composition and antioxidant activity of seeds of different cultivars of mungbean. *Journal of Food Science*, 72(7).

<https://doi.org/10.1111/j.1750-3841.2007.00462.x>

Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung. (2024). Anbau und Vermarktung von Kichererbsen und Linsen. <https://www.praxis-agrar.de/pflanze/ackerbau/kulturpflanzenvielfalt-und-fruchtfolge/kichererbsen-und-linsen>

Dev, D. K., & Mukherjee, K. D. (1986). Functional Properties of Rapeseed Protein Products with Varying Phytic Acid Contents. *J. Appl. Microbiol. Biotechnol* (Vol. 34). The Pennsylvania State University Press: University Press. <https://pubs.acs.org/sharingguidelines>

Dhull, S. B., Kinabo, J., & Uebersax, M. A. (2023). Nutrient profile and effect of processing methods on the composition and functional properties of lentils (*Lens culinaris* Medik): A review. *Legume Science* (Vol. 5, Issue 1). John Wiley and Sons Inc. <https://doi.org/10.1002/leg3.156>

Elkowicz, K., & Sosulski, F. W. (1982). Antinutritive Factors in Eleven Legumes and Their Air-classified Protein and Starch Fractions. *Journal of Food Science*, 47(4), 1301–1304. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2621.1982.tb07673.x>

Guo, F., Peng, L., Xiong, H., Wang, J., Tsao, R., Peng, X., Jiang, L., & Sun, Y. (2022). Free and Bound Phenolics of Laird Lentil (*Lens culinaris*) Hulls and the Anti-inflammatory Activity of their Digestive Products via Crosstalk between NF- κ B and Keap1-Nrf2 Signaling Pathways in HT-29 Cells. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 70(41), 13251–13263. <https://doi.org/10.1021/acs.jafc.2c04471>

Heng, L., Vincken, J. P., Van Koningsveld, G., Legger, A., Gruppen, H., Van Boekel, T., Roozen, J., & Voragen, F. (2006). Bitterness of saponins and their content in dry peas. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 86(8), 1225–1231. <https://doi.org/10.1002/jsfa.2473>

Janna Wörner. (2024). Anbau von Erbsen und Bohnen. <https://www.baywa.com/ueber-uns/landwirtschaft-ernaehrung/anbau-von-erbsen-bohnen>

Kanatt, S. R., Arjun, K., & Sharma, A. (2011). Antioxidant and antimicrobial activity of legume hulls. *Food Research International*, 44(10), 3182–3187. <https://doi.org/10.1016/j.foodres.2011.08.022>

Raj, V., Peepliwal, A., & Lariya, S. K. (2016). Phytochemical and antimicrobial screening of poly-herbal formulation for anti acne activity. *World Journal of Pharmaceutical Research*, 5. www.wjpr.net

Wang, Y. K., Zhang, X., Chen, G. L., Yu, J., Yang, L. Q., & Gao, Y. Q. (2016). Antioxidant property and their free, soluble conjugate and insoluble-bound phenolic contents in selected beans. *Journal of Functional Foods*, 24, 359–372. <https://doi.org/10.1016/j.jff.2016.04.026>

RuBisCo-Protein aus Luzerne (*Medicago sativa*) als Stabilisator für Emulsionen

Maren Müller

Die Luzerne (*Medicago sativa*) (Abb. 1) wird derzeit häufig als Zwischenfrucht angebaut, da sie in Symbiose mit Rhizobien die Fähigkeit besitzt, Stickstoff in Ackerböden anzureichern und zu speichern.



Abbildung 1: Blühende Luzerne (NABU NRW)

Allerdings findet die Luzerne danach nur selten in silierter Form Verwendung als Viehfutter und verbleibt stattdessen als Gründünger auf den Ackerflächen. Das in den Blättern der Luzerne am häufigsten vorkommende Protein ist die Ribulose-1,5-Bisphosphat-Carboxylase/Oxygenase (RuBisCo) (Kobbi et al., 2017). RuBisCo katalysiert die CO_2 -Fixierung und ist damit der geschwindigkeitsbestimmende Schritt der Photosynthese (Spreitzer & Salvucci, 2002). Das globuläre Protein weist nicht nur einen hohen Gehalt an essenziellen Aminosäuren auf und ist gut verdaubar, sondern verfügt auch über eine gute Technofunktionalität (Grácio et al., 2023). Erste Studien konnten bereits zeigen, dass RuBisCo in Bezug auf Gelbildungs-, Schaumbildungs- und Emulgierereigenschaften zu Molkenproteinen vergleichbar ist und Sojaproteinen gar überlegen ist (Martin et al., 2019).

Eine wesentliche Herausforderung ist nach wie vor die Isolation des Proteins (Di Stefano et al., 2018; Grácio et al., 2023). Das Protein ist in den Chloroplasten und somit am Ort der Photosynthese lokalisiert (Tamayo Tenorio et al., 2018). Die Einbettung in die Zellorganelle erschwert die Zugänglichkeit und erfordert intensive Aufschlussmethoden. Dabei dürfen der Aufschluss und die anschließenden Prozessschritte der Isolation nicht zu drastisch sein, da dies die Mikrostruktur des Proteins verändern und somit die technofunktionellen Eigenschaften beeinträchtigen könnte. Ferner enthalten Pflanzenblätter sekundäre Pflanzenstoffe, die den Isolationsprozess stören können (Tamayo Tenorio et al., 2018; Tanambell et al., 2022). So können Phenole oxidieren und mit Proteinen interagieren, wodurch diese ausfallen, sich auffalten oder agglomerieren können. Durch die Oxidation und anschließende Kondensation der Phenole können zudem melaninartige Strukturen entstehen, die schwer zu entfernen sind und das Erscheinungsbild des Isolats negativ beeinflussen. Reines RuBisCo-Proteinisolat farblos und neutral in Geruch und Geschmack (Barbeau & Kinsella, 1988). Andere sekundäre Pflanzenstoffe wie zum Beispiel Saponine können aufgrund ihrer grenzflächenaktiven Eigenschaften während der Nassextraktion störende Schäume bilden sowie als Bestandteil unreiner Isolate bzw. Konzentrate kompetitives Verhalten gegenüber den Proteinen an der Grenzfläche zeigen. Eine mögliche Folge der kompetitiv besetzten Grenzfläche ist eine schnellere Destabilisierung der Emulsion.

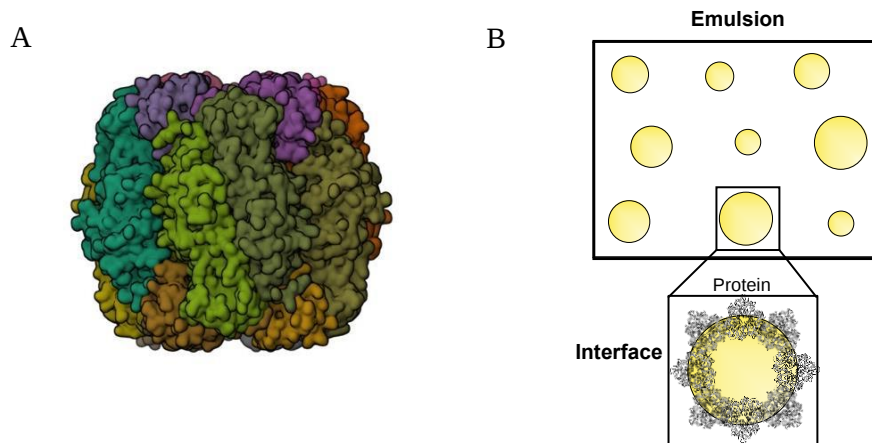


Abbildung 2: Schematische Darstellung der Proteinstruktur eines nativen RuBisCo-Proteins (A) (Andersson, 1996) sowie des Verhaltens des RuBisCo-Proteins an Öl-Wasser-Grenzflächen (B).

Gemeinsam mit der Arbeitsgruppe Sustainable Food Colloids des Forschungszentrum Jülich wird eine optimierte Isolationsmethode für RuBisCo Proteine entwickelt und im Anschluss auf die Anwendung in Lebensmittelapplikationen mit Fokus auf Emulsionen evaluiert. Durch milde Extraktionsbedingungen wie gekühlte Saftpressung, Zugabe von Antioxidantien und Ultrafiltration sollen Hürden in dem Isolationsprozess überwunden werden. Die Analyse der Technofunktionalität wird zusätzlich zu den gängigen Labormethoden durch hochentwickelte Methoden wie der Kleinwinkelstreuung mit Neutronen- und Röntgenstrahlung (SANS/SAXS) und Cryo-Transmissionselektronenmikroskopie ergänzt. SANS- und SAXS-Experimente können Fragen zur Proteinstruktur und Formfaktoren in Lösung und an Grenzflächen in der Mikro- und Makrogrößenordnung beantworten. Insbesondere bei der Kleinwinkelstreuung mit Neutronenstrahlung kann mit Hilfe der Kontrastvariation mittels Deuterierung einzelner Bestandteile bestimmte Ebenen fokussiert werden. So kann bspw. die Deuterierung der Öl- und Wasserphase dafür sorgen, dass gezielt die Proteine an der Grenzfläche untersucht werden (Heiden-Hecht et al., 2024). Dadurch kann das Verhalten der Proteine an der Grenzfläche und auch Interaktionen an gemischten Grenzflächen detaillierter beschrieben werden. Mittels Cryo-Transmissionselektronenmikroskopie kann die Proteinmikrostruktur näher untersucht werden.

Danksagung:

Dieses Projekt wird finanziert durch das Forschungszentrum Jülich und wird in Kollaboration bearbeitet.

Literatur:

- Andersson, I. (1996). Large Structures at High Resolution: The 1.6 Å Crystal Structure of Spinach Ribulose-1,5-Bisphosphate Carboxylase/Oxygenase Complexed with 2-Carboxyarabinitol Bisphosphate. In *Journal of Molecular Biology* (Vol. 259).
- Barbeau, W. E., & Kinsella, J. E. (1988). Ribulose bisphosphate carboxylase/oxygenase (rubisco) from green leaves-potential as a food protein. *Food Reviews International*, 4(1), 93–127. <https://doi.org/10.1080/87559128809540823>
- Di Stefano, E., Agyei, D., Njoku, E. N., & Udenigwe, C. C. (2018). Plant RuBisCo: An Underutilized Protein for Food Applications. *Journal of the American Oil Chemists' Society*, 95(8), 1063–1074. <https://doi.org/10.1002/aocs.12104>

- Grácio, M., Oliveira, S., Lima, A., & Boavida Ferreira, R. (2023). RuBisCO as a protein source for potential food applications: A review. *Food Chemistry*, 419, 135993. <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2023.135993>
- Heiden-Hecht, T., Wu, B., Schwärzer, K., Förster, S., Kohlbrecher, J., Holderer, O., & Frielinghaus, H. (2024). New insights into protein stabilized emulsions captured via neutron and X-ray scattering: An approach with β -lactoglobulin at triacylglyceride-oil/water interfaces. *Journal of Colloid and Interface Science*, 655, 319–326. <https://doi.org/10.1016/j.jcis.2023.10.155>
- Kobbi, S., Bougatef, A., Le flem, G., Balti, R., Mickael, C., Fertin, B., Chaabouni, S., Dhulster, P., & Nedjar, N. (2017). Purification and Recovery of RuBisCO Protein from Alfalfa Green Juice: Antioxidative Properties of Generated Protein Hydrolysate. *Waste and Biomass Valorization*, 8(2), 493–504. <https://doi.org/10.1007/s12649-016-9589-y>
- Martin, A. H., Castellani, O., de Jong, G. A., Bovetto, L., & Schmitt, C. (2019). Comparison of the functional properties of RuBisCO protein isolate extracted from sugar beet leaves with commercial whey protein and soy protein isolates. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 99(4), 1568–1576. <https://doi.org/10.1002/jsfa.9335>
- Spreitzer, R. J., & Salvucci, M. E. (2002). RUBISCO: Structure, Regulatory Interactions, and Possibilities for a Better Enzyme. *Annual Review of Plant Biology*, 53(1), 449–475. <https://doi.org/10.1146/annurev.arplant.53.100301.135233>
- Tamayo Tenorio, A., Kyriakopoulou, K. E., Suarez-Garcia, E., van den Berg, C., & van der Goot, A. J. (2018). Understanding differences in protein fractionation from conventional crops, and herbaceous and aquatic biomass - Consequences for industrial use. *Trends in Food Science & Technology*, 71, 235–245. <https://doi.org/10.1016/j.tifs.2017.11.010>
- Tanambell, H., Møller, A. H., Corredig, M., & Dalsgaard, T. K. (2022). RuBisCO from alfalfa – native subunits preservation through sodium sulfite addition and reduced solubility after acid precipitation followed by freeze-drying. *LWT - Food Science and Technology*, 154, 112682. <https://doi.org/10.1016/j.lwt.2021.112682>

II. Forschungsschwerpunkt: Modifikation von Pflanzenproteinen durch thermische und nicht-thermische Verfahren

Pflanzenproteine weisen im Vergleich zu tierischen Proteinen oft nachteilige Eigenschaften auf, wie beispielsweise unerwünschte Aromen oder reduzierte technofunktionelle Eigenschaften, etwa in Bezug auf Gelbildung, Emulgierung oder Schaumbildung. Durch den Einsatz thermischer und nicht-thermischer Verfahren können diese Eigenschaften gezielt verändert und optimiert werden. Dies erfordert ein tiefgehendes Verständnis der Faktoren, die die Proteinstruktur beeinflussen und damit deren Funktionalität bestimmen.

Thermische Verfahren, wie Erhitzen oder Extrusion, können Proteine denaturieren und damit ihre technofunktionellen Eigenschaften verbessern, beispielsweise durch eine Steigerung der Wasserbindung oder Gelbildung. Gleichzeitig können diese Prozesse jedoch auch zu unerwünschten Veränderungen führen, wie der Bildung neuer Aromen oder der Reduktion ernährungsphysiologischer Werte. Nicht-thermische Verfahren, wie Hochdruckbehandlung, enzymatische Modifikation oder Fermentation, bieten hingegen alternative Möglichkeiten, antinutritive Inhaltsstoffe wie Phytinsäure oder Proteaseinhibitoren abzubauen, ohne die Proteine übermäßig zu belasten. Solche Verfahren können zudem unerwünschte Aromen reduzieren und die sensorischen Eigenschaften verbessern.

Die Kombination und gezielte Anpassung thermischer und nicht-thermischer Prozesse ermöglicht es, technofunktionelle und gesundheitliche Eigenschaften von Pflanzenproteinen gleichermaßen zu optimieren. Dieses Forschungsfeld bietet vielversprechende Ansätze für die Entwicklung innovativer, qualitativ hochwertiger und nachhaltiger pflanzlicher Proteinprodukte.

Investigation on faba bean processing [*Vicia faba* L.] - Enhancing nutritional and functional characteristics for tailored food ingredient production

Sophie Julia Arnold

Bei der Ackerbohne [*Vicia faba* L.] handelt es sich um eine nicht-allergene Alternative zu Sojabohnen, die sich durch ihren hohen Gehalt an Proteinen (31-34 %) und Ballaststoffen (7-8 %) auszeichnet (Rahate et al., 2021). Sie wird weltweit angebaut und eignet sich aufgrund ihrer Frostresistenz auch für den Anbau in kälteren Klimazonen sowie als Winterfrucht. Dank ihrer symbiotischen Verbindung mit Rhizobien ist sie zudem in der Lage, Stickstoff im Boden zu fixieren, was den Düngbedarf für die Folgefrucht deutlich reduziert (Martineau-Côté et al., 2022).

Untersuchungen zeigen sortenabhängige Unterschiede in den Gehalten von Makronährstoffen und sekundären Pflanzeninhaltsstoffen. Zu diesen gehören neben nutritiven Verbindungen wie Polyphenolen auch potenziell antinutritive Stoffe (ANF) (Agarwal et al., 2023). Zu den Wichtigsten zählen Phytinsäure, kondensierte Tannine und Trypsininhibitoren, sowie die Pyrimidinglycoside Vicin und Convicin und deren Derivate. Letztere können bei Menschen mit genetisch bedingtem Glucose-6-Phosphat-Dehydrogenase-Mangel eine chronisch hämolytische Anämie auslösen (Rahate et al., 2021; Singhal et al., 2016). Hohe Konzentrationen dieser ANF schränken nicht nur die Verbraucherakzeptanz ein, sondern auch das Potenzial der Ackerbohne für die technologische Verarbeitung (Rahate et al., 2021; Vogel-sang-O'Dwyer et al., 2020).

Auch unerwünschte sensorische Eigenschaften wirken sich negativ auf die Akzeptanz aus. Diese werden unter anderem durch Tannine oder den enzymatisch katalysierten hydrolytischen und oxidativen Fettabbau verursacht, der freie Fettsäuren und diverse Abbau- oder Oxidationsprodukte entstehen lässt. Um diese Problematik zu lösen, kommen Verfahren zur Reduktion unerwünschter Inhaltsstoffe sowie zur Hemmung qualitätsmindernder Enzyme wie Lipase und Lipoxygenase zum Einsatz. Prozessierungsmethoden wie Schälen, Einweichen, Kochen oder Fermentation haben sich in diesem Zusammenhang als vielversprechend erwiesen (Akkad et al., 2021; Dhull et al., 2022; Jiang et al., 2016; Rahate et al., 2021).

Für die Nutzung der Ackerbohne als Proteinzutat werden Proteine derzeit meist mittels alkalischer Extraktion gewonnen. Allerdings konnte gezeigt werden, dass dieses Verfahren die native Proteinstruktur sowie die daraus resultierenden physikochemischen und technofunktionellen Eigenschaften beeinflusst. Zudem ist die alkalische Extraktion wasser- und energieintensiv (Boukid & Castellari, 2022; Vogel-sang-O'Dwyer et al., 2020). Darüber hinaus werden neben der Reduktion der ANF auch nutritive Inhaltsstoffe abgereichert (Boukid & Castellari, 2022).

Ein alternativer Ansatz besteht in der Nutzung funktioneller Mehle als Lebensmittelzutat, bei deren Herstellung thermische und nicht-thermische Verfahren zur Reduktion unerwünschter Verbindungen wie ANF und qualitätsmindernder Enzyme eingesetzt werden (Abbildung 1).

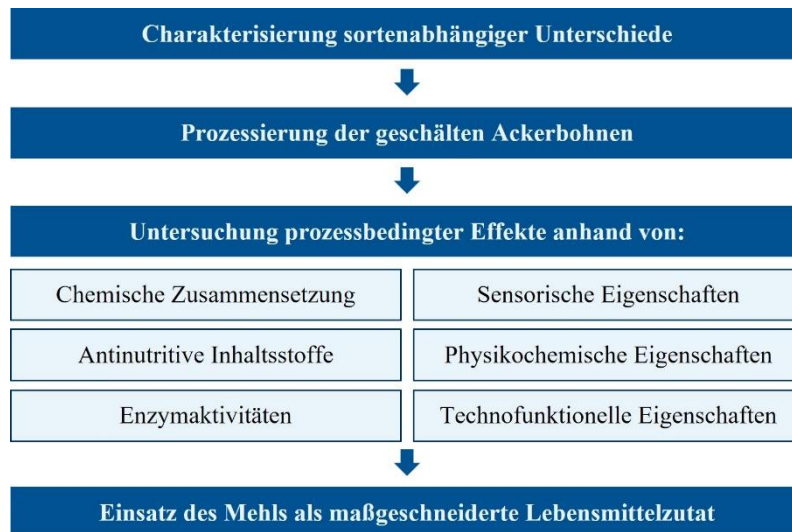


Abbildung 1: Workflow zur Herstellung eines funktionellen Mehls aus der Ackerbohne [*Vicia faba* L.]

Gleichzeitig sollen die physikochemischen und technofunktionellen Eigenschaften des Ackerbohnenmehls gezielt verbessert werden, um dessen Anwendungsmöglichkeiten zu erweitern. Ergänzend dazu soll ein umfassendes Sortenscreening durchgeführt werden, um multifunktionale Ackerbohnen Sorten für eine weiterführende Verarbeitung zu identifizieren.

Literatur:

- Agarwal, S., Panigrahi, C. & Eri, R. (2023). An elaborative discussion on the potentiality, functional characteristics, curative effects, antinutritional factors, processing and industrial applications of faba beans (*Vicia faba* L.) as a versatile legume. *International Journal of Food Science & Technology*, Artikel ijfs.16803. Vorab-Onlinepublikation. <https://doi.org/10.1111/ijfs.16803>
- Akkad, R., Buchko, A., Johnston, S. P., Han, J., House, J. D. & Curtis, J. M. (2021). Sprouting improves the flavour quality of faba bean flours. *Food Chemistry*. Vorab-Onlinepublikation. <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2021.130355>
- Boukid, F. & Castellari, M. (2022). How can processing technologies boost the application off faba bean (*Vicia faba* L.) proteins in food production? *eFood*, 3(3), Artikel e18, e18. <https://doi.org/10.1002/efd2.18>
- Dhull, S. B., Kidwai, M. K., Noor, R., Chawla, P. & Rose, P. K. (2022). A review of nutritional profile and processing of faba bean (*Vicia faba* L.). *Legume Science*, 4(3), Artikel e129. <https://doi.org/10.1002/leg3.129>
- Graça, J., Godinho, C. A. & Truninger, M. (2019). Reducing meat consumption and following plant-based diets: Current evidence and future directions to inform integrated transitions. *Trends in Food Science & Technology*, 91, 380–390. <https://doi.org/10.1016/j.tifs.2019.07.046>
- Jiang, Z., Pulkkinen, M., Wang, Y., Lampi, A.-M., Stoddard, F. L., Salovaara, H., Piironen, V. & Sonntag-Strohm, T. (2016). Faba bean flavour and technological property improvement by thermal pre-treatments. *LWT - Food Science and Technology*, 68, 295–305. <https://doi.org/10.1016/j.lwt.2015.12.015>
- Martineau-Côté, D., Achouri, A., Karboune, S. & L'Hocine, L. (2022). Faba Bean: An Untapped Source of Quality Plant Proteins and Bioactives. *Nutrients*. Vorab-Onlinepublikation. <https://doi.org/10.3390/nu14081541>

Rahate, K. A., Madhumita, M. & Prabhakar, P. K. (2021). Nutritional composition, anti-nutritional factors, pretreatments-cum-processing impact and food formulation potential of faba bean (*Vicia faba* L.): A comprehensive review. *LWT - Food Science and Technology*, 138, 110796. <https://doi.org/10.1016/j.lwt.2020.110796>

Singhal, A., Stone, A. K., Vandenberg, A., Tyler, R. & Nickerson, M. T. (2016). Effect of genotype on the physicochemical and functional attributes of faba bean (*Vicia faba* L.) protein isolates. *Food Science and Biotechnology*, 25(6), 1513–1522. <https://doi.org/10.1007/s10068-016-0235-z>

Vogelsang-O'Dwyer, M., Petersen, I. L., Joehnke, M. S., Sørensen, J. C., Bez, J., Detzel, A., Busch, M., Krueger, M., O'Mahony, J. A., Arendt, E. K. & Zannini, E. (2020). Comparison of Faba Bean Protein Ingredients Produced Using Dry Fractionation and Isoelectric Precipitation: Techno-Functional, Nutritional and Environmental Performance. *Foods (Basel, Switzerland)*, 9(3). <https://doi.org/10.3390/foods9030322>

Modifikationen von Sonnenblumenpresskuchen [*Helianthus annuus* L.] und deren Auswirkungen auf Funktionalität und In-vitro-Verdaulichkeit

Marie Zöllner

Die Förderung einer nachhaltigen, pflanzenbasierten Ernährung erfordert die Berücksichtigung und Wertschöpfung von Nebenströmen aus bestehenden Industrieprozessen. Die Sonnenblume [*Helianthus annuus* L.] gehört europaweit zu den wichtigsten Ölsaaten und ist nach Raps die zweitwichtigste Quelle für Speiseöl. Auch in Deutschland steigt die Erntemenge stetig an (Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung, 2022; Statistisches Bundesamt, 2024; U.S. Department of Agriculture, 2024). Bei der Ölherstellung werden die Sonnenblumenkerne mechanisch entfettet, wodurch ein Presskuchen entsteht. Dieser zeichnet sich durch einen im Vergleich zum Rohstoff erhöhten Proteingehalt von 40-45% und einem Restfettgehalt von ca. 10-15% aus (Bhise et al., 2014; Girotto et al., 2024; Petraru et al., 2021). Presskuchen aus Sonnenblumenkernen stellt einen wertvollen Nebenstrom dar, der derzeit hauptsächlich als proteinreiches Futtermittel, Brennstoff oder in der Biogaserzeugung Verwendung findet (Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung, 2022). Die Nutzung als Lebensmittelinhaltsstoff bietet jedoch großes Potenzial, da er ein hochwertiger Rohstoff mit vielseitigen Einsatzmöglichkeiten ist. Gleichzeitig erfordert dies eine gezielte Verarbeitung, um die sensorischen und funktionellen Eigenschaften für den menschlichen Verzehr zu optimieren.

Sonnenblumenkerne enthalten jedoch auch potenziell antinutritiv wirkende Inhaltsstoffe, von denen phenolische Verbindungen einen großen Anteil ausmachen. Das am häufigsten vorkommende Polyphenol ist die Chlorogensäure, die 60-90% der phenolischen Verbindungen in Sonnenblumenkernen ausmacht (Girotto et al., 2024; Weisz et al., 2009). Durch enzymatische (z. B. Polyphenoloxidase) oder nicht-enzymatische Prozesse, insbesondere im alkalischen pH-Bereich, oxidiert die Chlorogensäure leicht zu hochreaktiven Chinonen. Diese Chinone können kovalente und nicht-kovalente Bindungen mit Proteinen eingehen, was deren strukturelle Eigenschaften und damit auch die Verdaulichkeit negativ beeinflusst (Kieserling et al., 2024). Gleichzeitig induzieren sie eine grünliche Farbveränderung, die die Akzeptanz von Lebensmitteln beim Verbraucher deutlich verringern kann (Bongartz et al., 2016; Wildermuth et al., 2016).

Zur Reduktion dieser unerwünschten Inhaltsstoffe hat sich die Fermentation als vielversprechende Methode erwiesen. Durch den Einsatz spezifischer Mikroorganismen kann die Chlorogensäure gezielt abgebaut und die Bildung von Chinonen verhindert werden. Gleichzeitig werden durch fermentative Prozesse die sensorischen Eigenschaften verbessert und die Proteinverdaulichkeit gesteigert, da Proteine modifiziert und ihre Aminosäuren zugänglicher gemacht werden.

Die möglichen Wechselwirkungen zwischen oxidierten phenolischen Verbindungen und Proteinen verdeutlichen die Notwendigkeit, die Verdaulichkeit der Proteine zu untersuchen und dabei gezielte Strategien zur Verbesserung der Proteinverdaulichkeit zu entwickeln. Standardisierte Methoden zur *in-vitro*-Simulation der menschlichen Verdauung (Abbildung 1) ermöglichen es, sowohl die Verdaulichkeit von Proteinen als auch den Einfluss ihrer chemischen Zusammensetzung und Prozessierung zu untersuchen (Brodkorb et al., 2019).

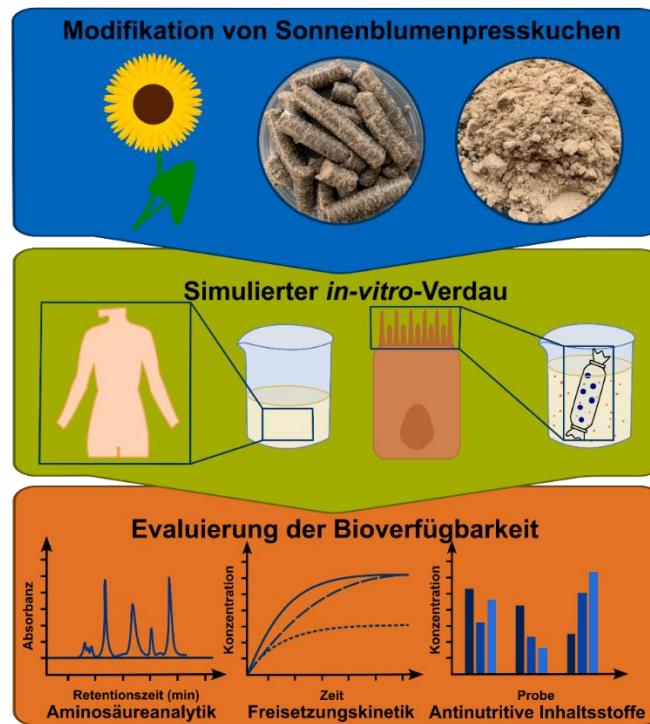


Abbildung 1: Der modifizierte Sonnenblumenpresskuchen wird mithilfe eines *in-vitro*-Modells verdaut. Eine Dialysemembran kann dabei die Resorption im Darm vereinfacht darstellen. Anhand der Proben, die bei der *in-vitro*-Simulation entstehen können, zum Beispiel die freien Aminosäuren, ihre Freisetzungskinetik und potenziell antinutritive Inhaltsstoffe analysiert werden.

Zur Bestimmung der Verdaulichkeit sind nicht nur die Zusammensetzung der unentbehrlichen Aminosäuren, sondern auch die Bioverfügbarkeit der Inhaltsstoffe im Darm entscheidend (Food and Agriculture Organization of the United Nations, 2013). Die Prozessierung von Sonnenblumenpresskuchen kann die Eigenschaften beeinflussen und somit die Bioverfügbarkeit der Proteine verändern (Gültekin Subaşı et al., 2022; Malik et al., 2016). Mithilfe eines *in-vitro*-Verdauungsmodells lassen sich die Auswirkungen solcher Veränderungen analysieren.

Durch die Kombination von Verarbeitungstechnologien wie Fermentation und *in-vitro*-Analysen können nachhaltige Verfahren entwickelt werden, die die Bioverfügbarkeit optimieren und den Einsatz von Sonnenblumenpresskuchen in Lebensmitteln fördern.

Literatur:

- Bhise, S., Kaur, A., Ahluwalia, P., & Thind, S. S. (2014). Texturization of deoiled cake of sunflower, soybean and flaxseed into food grade meal and its utilization in preparation of cookies. *Nutrition & Food Science*, 44(6), 576–585. <https://doi.org/10.1108/NFS-01-2014-0002>
- Bongartz, V., Brandt, L., Gehrman, M. L., Zimmermann, B. F., Schulze-Kaysers, N., & Schieber, A. (2016). Evidence for the Formation of Benzacridine Derivatives in Alkaline-Treated Sunflower Meal and Model Solutions. *Molecules* 2016, Vol. 21, Page 91, 21(1), 91. <https://doi.org/10.3390/MOLECULES21010091>

- Brodkorb, A., Egger, L., Alminger, M., Alvito, P., Assunção, R., Ballance, S., Bohn, T., Bourlieu-Lacanal, C., Boutrou, R., Carrière, F., Clemente, A., Corredig, M., Dupont, D., Dufour, C., Edwards, C., Golding, M., Karakaya, S., Kirkhus, B., Le Feunteun, S., ... Recio, I. (2019). INFOGEST static *in vitro* simulation of gastrointestinal food digestion. *Nature Protocols* 2019 14:4, 14(4), 991–1014. <https://doi.org/10.1038/s41596-018-0119-1>
- Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung. (2022). *Bericht zur Markt- und Versorgungslage. Ölsaaten, Öle und Fette*.
- Food and Agriculture Organization of the United Nations. (2013). Dietary protein quality evaluation in human nutrition. Report of an FAO Expert Consultation. *FAO Food and Nutrition Paper*, 92, 1–66.
- Giroto, F., Merlino, M., Giovanelli, G., Condurso, C., & Piazza, L. (2024). Unveiling the potential of micronized dehulled sunflower press-cake: a breakthrough in sustainable plant-based protein-rich sport beverages. *International Journal of Food Science & Technology*, 59(7), 4784–4796. <https://doi.org/10.1111/ijfs.17208>
- Gültekin Subaşı, B., Vahapoğlu, B., Capanoglu, E., & Mohammadifar, M. A. (2022). A review on protein extracts from sunflower cake: techno-functional properties and promising modification methods. *Critical Reviews in Food Science and Nutrition*, 62(24), 6682–6697. <https://doi.org/10.1080/10408398.2021.1904821>
- Kieserling, H., de Bruijn, W. J. C., Keppler, J., Yang, J., Sagu, S. T., Güterbock, D., Rawel, H., Schwarz, K., Vincken, J. P., Schieber, A., & Rohn, S. (2024). Protein–phenolic interactions and reactions: Discrepancies, challenges, and opportunities. *Comprehensive Reviews in Food Science and Food Safety*, 23(5), e70015. <https://doi.org/10.1111/1541-4337.70015>
- Malik, M. A., Sharma, H. K., & Saini, C. S. (2016). Effect of removal of phenolic compounds on structural and thermal properties of sunflower protein isolate. *Journal of Food Science and Technology*, 53(9), 3455–3464. <https://doi.org/10.1007/S13197-016-2320-Y>
- Petraru, A., Ursachi, F., & Amariei, S. (2021). Nutritional Characteristics Assessment of Sunflower Seeds, Oil and Cake. Perspective of Using Sunflower Oilcakes as a Functional Ingredient. *Plants*, 10(11), 2487. <https://doi.org/10.3390/plants10112487>
- Statistisches Bundesamt. (2024). Erntemengen von Sonnenblumen in Deutschland in den Jahren 1995 bis 2023 (in 1.000 Tonnen). *Statista*.
- U.S. Department of Agriculture. (2024). *Oilseeds: World Markets and Trade*. <https://public.govdelivery.com/accounts/USDAFAS/subscriber/new>
- Weisz, G. M., Kammerer, D. R., & Carle, R. (2009). Identification and quantification of phenolic compounds from sunflower (*Helianthus annuus* L.) kernels and shells by HPLC-DAD/ESI-MSn. *Food Chemistry*, 115(2), 758–765. <https://doi.org/10.1016/J.FOODCHEM.2008.12.074>
- Wildermuth, S. R., Young, E. E., & Were, L. M. (2016). Chlorogenic Acid Oxidation and Its Reaction with Sunflower Proteins to Form Green-Colored Complexes. *Comprehensive Reviews in Food Science and Food Safety*, 15(5), 829–843. <https://doi.org/10.1111/1541-4337.12213>

Publikationen der Professur seit Start an der Technischen Universität München

Originalarbeiten:

Etzbach, L., Gola, S., Küllmer, F., Acir, I. H., Wohlt, D., Ignatzy, L. M., Bader-Mittermaier, S. & Schweiggert-Weisz, U. (2024) Opportunities and challenges of plant proteins as functional ingredients for food production. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 121, 50, S. e2319019121

Schweiggert-Weisz, U., Etzbach, L., Gola, S., Kulling, S. E., Diekmann, C., Egert, S. & Daniel, H. (2024) Opinion Piece: New Plant Based Products between technology and physiology. *Molecular Nutrition and Food Research*, 68, 20, 2400376.

Wintersohle, C., Arnold, S. J., Geis, H. M., Keutgen, F., Etzbach, L. & Schweiggert-Weisz, U. (2024) Impact of short-term germination on dehulling efficiency, enzymatic activities, and chemical composition of mung bean seeds (*Vigna radiata* L.) *Future Foods*, 10, 100416.

Guckenbiehl, Y., Romero, A. M. M., Haug, H., Ortner, E., Rothkopf, I., Schweiggert-Weisz, U., Buettner, A. & Gola, S., (2024) Conching of dark chocolate - Processing impacts on aroma-active volatiles and viscosity of plastic masses. *Current Research in Food Science*. 9, 11 S., 100909.

Weitere:

Fink, L., Bunzel, D., Horn, J., Etzbach, L., Daniel, H., Schweiggert-Weisz, U. & Kulling, S. E. (2024) Der Innovationsraum NewFoodSystems und die Transformation unserer Ernährungs- und Lebensmittelsysteme. *Ernährung Umschau*. 71, 9, S. M521-M529.

Wintersohle, C., Etzbach, L., & Weisz, U. (2024). Einfluss der Isolationsparameter auf die Gewinnung und Zusammensetzung von Mungbohnenproteinisolaten. *Deutsche Lebensmittel-Rundschau*.

Posterbeiträge:

Luisa Vieler, Josefine Föddisch, Lara Etzbach, Ute Weisz (2024) Effekt des Schälvorgangs hinsichtlich einer möglichen Reduktion ausgewählter antinutritiver Inhaltsstoffe in sechs *Phaseolus vulgaris* L. Sorten. Arbeitstagung des Regionalverbands NRW der Lebensmittelchemischen Gesellschaft, 13.03.2024.

Wintersohle, C., Arnold, S., Geis, H. M., Etzbach, L., & Weisz, U. (2024). Einfluss der Keimung auf die Farbe, Enzymaktivitäten und die chemische Zusammensetzung von Mungbohnen. Postersitzung präsentiert bei Arbeitstagung des Regionalverbands NRW der Lebensmittelchemischen Gesellschaft.

Dziuballe, A., Grabosch, L., Salewski, B., Acir, I.-H., Etzbach, L., & Weisz, U. (2024). Verbesserung der Löslichkeit von Proteinen aus Hanfpresskuchen (*Cannabis sativa* L.) zur Optimierung der Protein- und Produktausbeute. Postersitzung präsentiert bei Arbeitstagung des Regionalverbands NRW der Lebensmittelchemischen Gesellschaft.

Vieler, L., Paquignon, T., Etzbach, L., & Weisz, U. (2023). Potential of selected common bean varieties (*Phaseolus vulgaris* L.) as raw material for the production of protein isolates. Postersitzung präsentiert bei Next Generation Protein Conference, Deutschland.

Vorträge und weitere Aktivitäten der Professur

Aufgrund der vielen Vorträge und Aktivitäten der Professur sei auf das Forschungs- und Informationssystem der TUM verwiesen.

Sie finden dies unter folgendem Link. <https://portal.fis.tum.de/de/organisations/associate-professorship-of-plant-proteins-and-nutrition>

Zusammenarbeit mit wissenschaftlichen Expertengremien und Organisationen – Ute Weisz

Seit September 2024	Lehrbeauftragte für den Masterstudiengang Sustainable Food Production, GIST-TUM Asia Singapore
Seit Juli 2024	Member of the Committee on Plant Science, Agriculture and Food Biotechnology, Novo Nordisk Foundation
Seit Mai 2024	Mitglied der Fachkommission Humanernährung der Union zur Förderung von Öl- und Proteinpflanzen (UFOP)
01.10.2024 – 31.10.2024	Lehrbeauftragte für Lebensmittelwissenschaften an der Rheinischen-Friedrich-Wilhelms-Universität Bonn
Seit November 2023	Mitglied des wissenschaftlichen Beirats des Max Rubner-Instituts
Seit Januar 2021	Mentorin für den wissenschaftlichen Nachwuchs, Fraunhofer Institute for Process Engineering and Packaging IVV



Zott
Genuss-Molkerei
seit 1926

Unsere Zutaten für gemeinsamen Erfolg:
Sorgfalt, Kompetenz und Erfahrung.

Jetzt Teil davon werden!
www.zott.jobs

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



Seit über 100 Jahren vertritt der MIV die Interessen der Milchindustrie

Der MIV repräsentiert mit rund 90 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 neben Milchwissenschaft und -forschung 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

Lehrstuhl für Systemverfahrenstechnik

Adresse

Gregor-Mendel-Straße 4
D-85354 Freising-Weihenstephan
Telefon: 08161 71-5383
Internet: <https://www.lse.ls.tum.de/svt>
E-Mail: svt-sec@wzw.tum.de

Personal

Leitung	Prof. Dr.-Ing. Heiko Briesen	-3272
Sekretariat	Karin Fraunhofer	-5383
	Marta Porczak	-3271
Projektverwaltung	Outi Kurttila	-2520
Wissenschaftler	Dr. Stefanie Rauchenzauner	-3275
	Dr. techn. Daniel Schiochet Nasato	-3273
	Dr. Yuan Tan	-5172
	Dr. rer. Nat. Cornelia Eder	-3275
Doktoranden	M. Sc. Ramona Bier	-5172
	M. Sc. Mahima Bora	-3275
	M. Sc. Charlotte Deffur	-4003
	M. Sc. Alexander Eppink	-4003
	M. Sc. Lukas Maier	-3788
	M. Sc. Natalie Schöning	-3276
	M. Sc. Huitian Yu	-3788
	M. Sc. Fangxing Zhang	-3727
Labor	Michaela Thalhammer	-5313
	Eva Felsner	-3270

Forschung

Der Lehrstuhl widmet sich der Übertragung und Entwicklung systemverfahrenstechnischer Konzepte für lebensmittel-, getränketechnologische und biologische Prozesse. Die Disziplin der Systemverfahrenstechnik verfolgt einen integrierten, modellbasierten Ansatz, der mathematische und informationstechnologische Methoden mit Prozesswissen verknüpft. Die Systemverfahrenstechnik ist damit nicht auf eine bestimmte Anwendung oder ein bestimmtes Produkt fokussiert, sondern definiert sich über einen modellbasierten Zugang zur Lösung von Problemen. Dementsprechend breit sind auch die Forschungsfelder des Lehrstuhls von komplexen strömungsmechanischen Fragen über Transportprozesse in porösen Medien hin zur Kristallisation. Im Folgenden sind einige Forschungsarbeiten mit Bezug zur Lebensmittel- und Getränketechnologie vorgestellt.

I. Strömungsmechanik

CoatNanocell

Lukas Maier, Daniel Nasato, Heiko Briesen

Im Projekt *CoatNanoCell* arbeiten das Fraunhofer IVV und SVT an der Entwicklung einer Barriere-Beschichtung für Papierverbunde auf Basis von Nanocellulose, welche durch ein industrieübliches Rolle-zu-Rolle-Beschichtungsverfahren auf Papier appliziert werden kann. Nanocellulose bietet aufgrund ihrer exzellenten Barriereigenschaften gegenüber Gasen und Mineralölen sowie ihrer antibakteriellen Eigenschaften ein hohes Marktpotenzial für zukünftige Verpackungsanwendungen. Die Experimente zur Entwicklung eines Rolle-zu-Rolle-Beschichtungsverfahrens werden am IVV mit unterschiedlichen Prozessparametern sowie verschiedenen Papiersorten und Nanocellulose-Suspensionen durchgeführt. Diese Experimente werden durch numerische Simulationen am SVT unter Verwendung von Computational Fluid Dynamics (CFD) unterstützt. Im ersten Teil des Projekts wurde die Viskosität verschiedener Nanocellulose-Suspensionen gemessen und ein Casson-Fluidmodell an die gemessenen Daten angepasst. CFD-Simulationen des Rolle-zu-Rolle-Beschichtungsprozesses wurden unter Verwendung eines angepassten Casson-Modells durchgeführt.

Eine gängige Methode zur Darstellung von Beschichtungsfenstern in Abhängigkeit von Förderstrom und Substratgeschwindigkeit wird exemplarisch in Abbildung 1 gezeigt. Bei Bedingungen außerhalb des stabilen Betriebsbereichs können verschiedene Arten von Defekten auftreten. Durch numerische Simulationen konnten wichtige Betriebsfenster für eine defektfreie Beschichtung identifiziert werden, die eine prädiktive Anpassung der Prozessparameter für unterschiedliche Suspensionsviskositäten ermöglichen und so einen defektfreien Beschichtungsprozess sicherstellen.

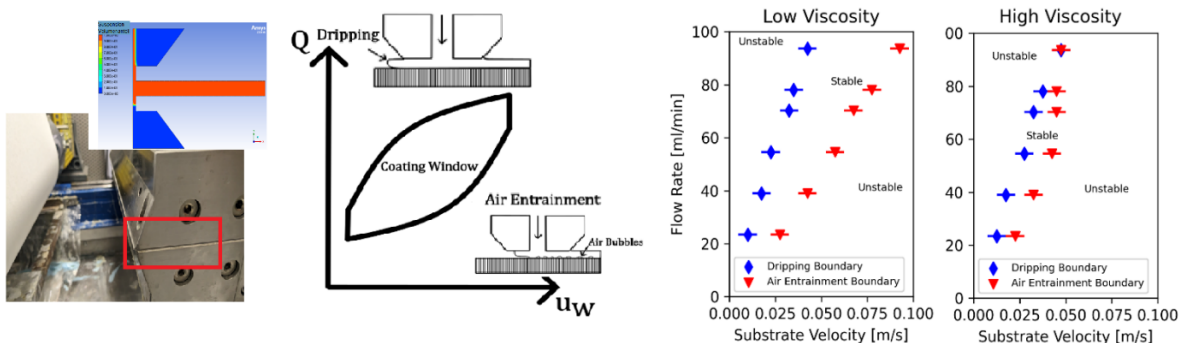


Abbildung 1: Unten links: Düse zur Beschichtung (Anlage am IVV). Das rote Quadrat markiert den simulierten Bereich, der oben links dargestellt ist. Mitte: Diagramm des Beschichtungsfensters und typischer Defekte. Rechts: Beschichtungsfenster für Suspensionen mit niedriger und hoher Viskosität.

BayWater

Vincent Volmer, Vicente Arevalo, Daniel Nasato, Heiko Briesen

Abwässer mit geringer Belastung aus unterschiedlichen Produktions- und Reinigungsprozessen bieten großes Potenzial für energieeffizientes und ressourcenschonendes Recycling. Solche Abwässer müssen nicht zwingend mit „End-of-Pipe“-Lösungen wie aeroben und anaeroben Verfahren aufbereitet werden. Moderne Membranfiltrationen ermöglichen ein auf den jeweiligen Prozess zugeschnittenes Recycling, das zur Schließung von Wasserkreisläufen beiträgt. Dafür ist eine prozessspezifische Analyse der Abwasserentstehung notwendig, um maßgeschneiderte Aufbereitungslösungen basierend auf der Verschmutzung und der gewünschten Wasserqualität zu entwickeln.

Das BayWater-Projekt zielt darauf ab, energieeffiziente und ressourcenschonende Technologien für unterschiedliche Betriebe zu entwickeln. Der Lehrstuhl für Systemverfahrenstechnik arbeitet im Projekt mit 26 Industriepartnern und sechs akademischen Partnern zusammen. In unserem Teilprojekt liegt der Schwerpunkt auf der Multiskalen-Modellierung von Fouling- und Scaling-Phänomenen bei Umkehrosmosemembranen. Während viele bestehende Modelle Scaling nur indirekt behandeln, soll im Projekt ein direktes Scaling-Modell in der CFD-Software Ansys Fluent® implementiert werden. Damit kann der Einfluss der Hydrodynamik und des Kristallwachstums auf Strömungseigenschaften untersucht werden.

Zudem wurden 2D-Modelle auf 3D-Simulationen erweitert, um die Wirkung der Spacer in den Umkehrosmosemodulen zu analysieren. In ersten Arbeiten zeigte sich, dass die Ausrichtung der Spacer eine klare Korrelation zur erzeugten Scaling-Masse aufweist.

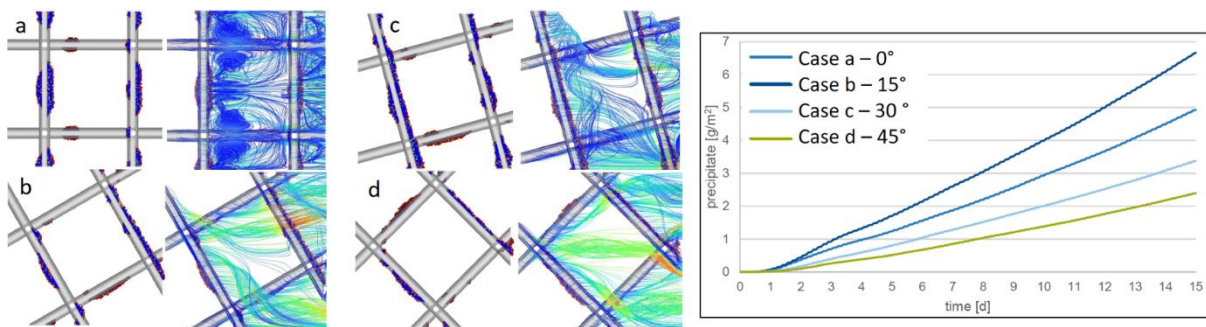


Abbildung 1: Darstellung der Spacer-Ausrichtung bei 0°, 15°, 30° und 45° in Bezug auf den Durchfluss (a bis d). Links: Lokale Kristallbildung (Scaling) auf den Spacer. Rechts: Hydrodynamisches Profil über Membran und Spacer. Die rechte Abbildung zeigt deutlich die Korrelation zwischen der Spacer-Ausrichtung und der Kristallbildung.

II. Transportprozesse in porösen Medien

Modellierung der Extraktionskinetik von espressokaffee

Mahima Bora, Stefanie Rauchenzauner, Heiko Briesen

Espressokaffee erfreut sich weltweit größter Beliebtheit und weckt sowohl ein großes Interesse in der Industrie als auch bei Hobby-Baristas. Dabei ist die Extraktion des Espressos ein komplexer Prozess, der stark von den einzelnen Extraktionsparametern, wie Temperatur, Druck und Beschaffenheit des Kaffeepucks abhängt. Aufgrund der Beschaffenheit der Kaffeebohnen, sowie durch die Eigenschaften der Kaffeemühle entstehen bei der Mahlung der Bohnen Kaffeepartikel von unterschiedlichen Größen. Das Pulver weist zumeist einen großen Anteil an feinen Partikeln (Staubanteil) zusätzlich zu den durch den Mahlgrad beeinflussbaren größeren Partikel auf. Die Partikel werden in den Portafilter geschüttet und kompaktiert. Damit ergibt sich abhängig von der Partikelgrößenverteilung eine unterschiedliche

Permeabilität, welche sich während der Extraktion durch die Schwellung und Erosion von Partikeln auch zeitlich verändern kann.

Unter der Annahme einer bimodalen Partikelgrößenverteilung wurde ein Perkulations- und Diffusionsmodell entwickelt, welches den Einfluss von Temperatur und Flussrate auf die Extraktion von einzelnen Geschmackskomponenten untersucht [1]. Dabei wurde der Transport der Aromastoffe für die großen und kleinen Partikeln unterschiedlich modelliert. Die Ergebnisse wurden mit experimentellen Ergebnissen der Konzentration verschiedener Aromakomponenten wie Koffein, Trigonellin und anderen Säuren validiert [2]. Dabei wurde auch eine App entwickelt und publiziert [1], die benutzt werden kann, um die (*offline* berechneten) Konzentrationen der Aromastoffe abhängig von den Prozessparametern vorherzusagen. Ein Screenshot dieser App ist in Abbildung 1 (links) gezeigt.

Um die Komplexität der porösen Struktur besser in die Vorhersagemodelle für die Aromakomponentenextraktion einbinden zu können, wurden die Kaffeepucks vor, während und nach der Extraktion mittels unseres hauseigenen Computertomographiegeräts (CT) untersucht. Das CT hat eine Auflösung im Mikrometerbereich und ermöglicht uns, die dreidimensionale Struktur des Kaffeepucks aufzulösen und die Verteilung der Poren zwischen den Partikeln zu untersuchen. In Abbildung 1 (rechts) kann man größere Porenzusammenschlüsse erkennen (in schwarz). Diese haben einen Einfluss auf die Extraktion, da das Wasser in diesen großen Porenräumen eine kurze Verweildauer und wenig Oberfläche zu den Kaffeepartikeln hat.

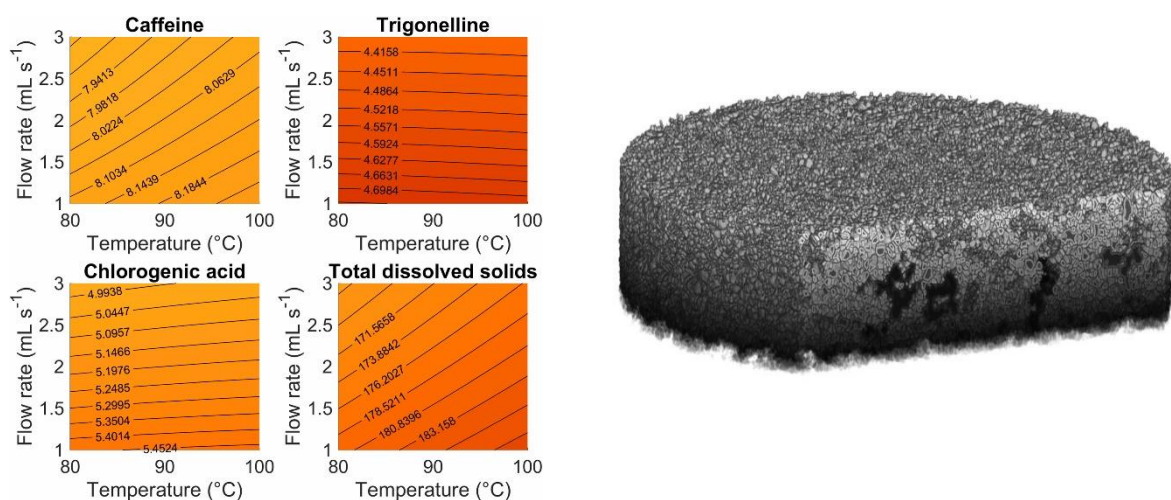


Abbildung 1: links: *Espresso Brewing Control App*, diese Applikation zeigt die Abhängigkeit der Extraktion verschiedener Aromakomponenten in Abhängigkeit der Prozessparameter; rechts: Micro-Computertomographie-generiertes Bild des Kaffeepucks. In schwarz sind die Hohlräume zwischen den einzelnen Kaffeepartikeln zu sehen.

Literatur:

- [1] Verena B. Pannusch, Benedikt K.L. Schmieder, Lara Vannieuwenhuyse, Mirjana Minceva, Heiko Briesen. 2024 Model-based kinetic espresso brewing control chart for representative taste components. *Journal of Food Engineering*, 367, 111887. <https://doi.org/10.1016/j.jfoodeng.2023.111887>.
- [2] Schmieder, Benedikt K. L., Verena B. Pannusch, Lara Vannieuwenhuyse, Heiko Briesen, Mirjana Minceva. 2023. Influence of Flow Rate, Particle Size, and Temperature on Espresso Extraction Kinetics. *Foods*, 12, 15: 2871. <https://doi.org/10.3390/foods12152871>.

III. Kristallisation

Wechselspiel von Mutarotation und Kristallwachstum bei der Laktosekristallisation

Ramona Bier, Cornelia Eder, Heiko Briesen

Laktose, auch als Milchzucker bekannt, ist nicht nur ein unverzichtbarer Bestandteil von Babynahrung, sondern spielt auch eine zentrale Rolle in der Pharma- und Lebensmittelindustrie. Obwohl Laktose schon seit geraumer Zeit industriell aus Molke gewonnen wird, bietet der Prozess nach wie vor Potenzial für Optimierungen. Insbesondere die Kristallisation gilt als der zeitaufwändigste und anspruchsvollste Schritt bei der Isolierung von Milchzucker. Im Batchverfahren kristallisiert Laktose als α -Laktose Monohydrat, einer der zwei anomeren Formen des Milchzuckers. Die β -Form kann sich dabei über eine Gleichgewichtsreaktion, der sogenannten Mutarotation, in die α -Form umwandeln.

Unsere Veröffentlichung im *Journal of Dairy Science* [1] untersucht gerade das Wechselspiel von Mutarotation und Kristallwachstum bei der Kristallisation von Laktose. Mittels Inline-ATR-FTIR-Spektroskopie (attenuated total reflection Fourier-transform infrared) konnten wir eine 36 %-ige Erhöhung des β/α -Verhältnisses im Vergleich zum thermodynamischen Gleichgewicht messen. Dieses Ungleichgewicht reduziert die α -Laktoseübersättigung und damit die Wachstumsrate. Eine theoretische Analyse unter Variation der Prozessparameter lieferte die zusätzliche Erkenntnis, dass die Mutarotation vor allem im Fall hoher Übersättigungen und einer großen Kristalloberfläche für die Kristallisation nicht vernachlässigt werden kann.

In der Gegenwart von Verunreinigungen, wie sie für die Kristallisation aus Molke/Molkenpermeat typisch sind, verändert sich das Kristallisationsverhalten signifikant. In einer experimentellen Studie [2] haben wir den Einfluss verschiedener Molkensalze auf die Wachstumsrate von Laktosekristallen untersucht. Zur gleichzeitigen Messung der Konzentration in der Bulkphase und an der Phasengrenzfläche sowie des Wachstums der (010)-Kristallfläche wurde ein Jamin-Interferometer genutzt. Die Daten zeigten, dass Molkensalze das Kristallwachstum signifikant fördern: Bei 20 °C und einer relativen Übersättigung von 2 wurde eine 6-fach höhere Wachstumsrate in Gegenwart von Molkensalzen typisch für konzentriertes Süßmolkenpermeat nachgewiesen. Daneben wird auch die Mutarotationsrate signifikant beschleunigt, wie aus Polarimetermessungen hervorgeht.

Diese experimentellen Erkenntnisse können direkt in die modellgestützte Optimierung der Laktosekristallisation einfließen.

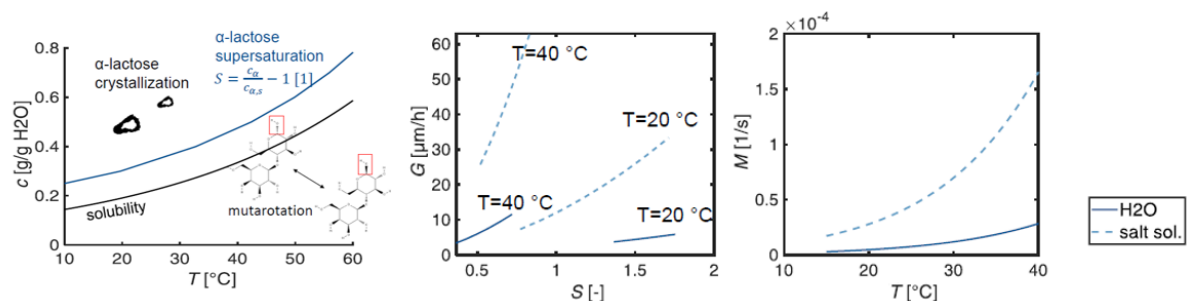


Abbildung 1: Links: Löslichkeitsdiagramm von reiner Laktose, Mitte: Fits der Wachstumsrate der (010)-Fläche gemessen mit dem Jamin-Interferometer nach [3] für reine Laktose (H₂O) und konzentrierte Süßmolkenpermeat-Modelllösung (salt sol.), rechts: Fits der Mutarotationsraten für reine Laktose [4] und konzentrierte Süßmolkenpermeat-Modelllösung (salt sol.)

Literatur:

- [1] Ramona Bier, Cornelia Eder, Simon A. Schiele, and Heiko Briesen. 2024. Selective anomer crystallization from aqueous solution: Monitoring lactose recovery under mutarotation limitation via ATR-FTIR and theoretical rate analysis. *Journal of Dairy Science*, 107, 790–812. DOI: <https://doi.org/10.3168/jds.2023-23487>.
- [2] Carsten Choszcz, Cornelia Eder, Ramona Bier, and Heiko Briesen. 2024. Impact of Inorganic Impurities on Lactose Growth Kinetics Determined by Large-Scale Interferometric Data Sets. *Ind. Eng. Chem. Res.* 63, 34, 15198–15207. DOI: <https://doi.org/10.1021/acs.iecr.4c01553>.
- [3] Cornelia Eder, Carsten Choszcz, Vesna Müller, and Heiko Briesen. 2015. Jamin-interferometer-setup for the determination of concentration and temperature dependent face-specific crystal growth rates from a single experiment. *Journal of Crystal Growth* 426, 1, 255–264. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.jcrysgro.2015.06.012>.
- [4] J. McLeod. 2007. *Nucleation and growth of alpha lactose monohydrate*. Dissertation. Massey University.

Lehrstuhl für Tierphysiologie & Immunologie

Adresse

Liesel-Beckmann-Strasse 1
D-85354 Freising-Weihenstephan
Telefon: 08161 71-3508
Internet: <https://www.mls.ls.tum.de/en/physio/home/>
E-Mail: svt-sec@wzw.tum.de

Personal

Leitung	Univ. Prof. Dr. med. Dietmar Zehn	-3272
Sekretariat	Sabine Saul-Hubrich (Teilzeit)	-5383
	Eva de Carné (Teilzeit)	-3271
Wissenschaftler	Prof. Dr. Michael W. Pfaffl	-3511
	Dr. Gustavo Pereira de Almeida	-3867
	Dr. Talyn Chu (bis 31.01.2024)	-3314
	Dr. Benedikt Kirchner	-4429
	Dr. Anna Schulz (bis 31. Okt 2024)	-3510
	Dr. Siran Lin (seit 25.01.2024)	-3314
	Dr. Christine Wurmser	-2009
Doktoranden:	M. Sc. Anna Akulich (seit 20.05.2024)	-5503
	M. Sc. Jacqueline Berner (bis 31.10.2024)	-5503
	M. Sc. Diego Cepeda	-3314
	M. Sc. Dapi Meng-Lin Chiang	-5550
	M. Sc. Lara Donhauser	-3314
	M. Sc. Ann-Katrin Gerullis	-3314
Labor	M. Sc. Christian Grätz	-5520
	M. Sc. Miriam Kuhlmann (bis 31.03.2024)	-5503
	M. Sc. Wenzel Manlik	-3314
	M. Sc. Mia Yu	-5550
Tierärzte:	Granit Thaqi	-5520

Lehrbeauftragte:	Prof. Dr. Bajram Berisha Universität Prishtina, Kosovo	-3510
	Dr. Edward Narayan Senior Lecturer, School of Agriculture and Food Science, University of Queensland (3. – 28. Juli 2024)	-5520
Technische	Inge Celler	-3510
Mitarbeiter:	Brigitte Dötterböck	-5556
	Amanda Ramirez Cordero	-3510
	Waltraud Schmid	-5544
Sonstige Mitarbeiter:	Beate Zarif el Awady	-5556

Forschung

I. Laktations- und Reproduktionsphysiologie

Kamelmilch und ihre Sicherheit für den menschlichen Verzehr – ein Überblick

Some aspects of camel milk and its safety for human consumption – an overview

Shehadeh Kaskous¹ and Michael W. Pfaffl²

¹ Department of Research and Development, Siliconform, Schelmengriesstrasse 1, 86842 Türkheim, Germany; ² Department of Animal Physiology and Immunology, School of Life Sciences, Technical University of Munich, 85354 Freising, Liesel-Beckmann-Straße 1, Germany;

Journal of Camel Practice and Research August 2024, 31(2): 147-161

Kamelmilch ist in vielen Ländern der Welt sehr gefragt und das Bewusstsein für die Verwendung in der menschlichen Ernährung scheint zuzunehmen. Ziel dieser Studie war es daher, die Bedeutung von Kamelmilch und ihre Sicherheit für den menschlichen Verzehr zusammenzufassen. Kamelmilch enthält zahlreiche antimikrobielle Bestandteile und Schutzfaktoren, was sie im Vergleich zur Milch anderer milchproduzierender Tierarten einzigartig macht. Die Milchproduktion von Kamelen schwankt während der Laktationsperiode von 8 bis 18 Monaten und zwischen 1.000 und 12.000 kg, wobei je nach geografischer Region und Fütterungs- und Haltungsbedingungen erhebliche Schwankungen auftreten können. Die Zusammensetzung der Kamelmilch beträgt 2,5–5,5 % Fett, 2,2–4,5 % Eiweiß, 2,5–5,5 % Laktose, 0,7–1,0 % Asche und 8,0–15,0 % Trockenmasse. Um die Milchproduktion eines Kamels zu steigern und die Qualität und Sicherheit der rohen Kamelmilch zu verbessern, ist der Einsatz einer geeigneten Melkmaschine, wie z.B. dem StimuLactor erforderlich. Darüber hinaus müssen Tierschutz-, Fütterungs- und Hygienemaßnahmen besonders berücksichtigt werden. Angesichts der Bedeutung der Kamelmilch und der damit verbundenen gesundheitlichen Vorteile ihrer bioaktiven Inhaltsstoffe sind schließlich Verbesserungen der Melkhygiene sowie der Lager- und Transportbedingungen der Milch erforderlich, um sicherzustellen, dass die Qualität der Kamelmilch den Bedürfnissen der Verbraucher entspricht.

Prostaglandine als lokale Regulatoren der Ovarialphysiologie bei Wiederkäuern

Prostaglandins as local regulators of ovarian physiology in ruminants

Bajram Berisha^{1,2,3}, Granit Thaqi³, Fred Sinowatz^{4,5}, Dieter Schams³, Daniela Rodler⁴, Michael W. Pfaffl³

¹ Animal Biotechnology, Faculty of Agriculture and Veterinary, University of Prishtina, Kosova; ² Academy of Science of Albania, Tirana, Albania; ³ Animal Physiology and Immunology, School of Life Sciences, Technical University of Munich, Freising Weihenstephan, Germany; ⁴ Department of Veterinary Sciences, Ludwig-Maximilian-University of Munich, Germany; ⁵ Department of Morphology, Faculty of Veterinary Medicine, Ghent University, Merelbeke, Belgium;

Anatomia, Histologia, Embryologia, 2024 (53): e12980

Prostaglandine werden aus Arachidonsäure durch die katalytische Aktivität der Cyclooxygenase synthetisiert, während die Produktion verschiedener Prostaglandintypen, Prostaglandin F₂ Alpha (PGF) und Prostaglandin E₂ (PGE), durch spezifische Prostaglandinsynthasen (PGFS und PGES) reguliert wird. Prostaglandin-Liganden (PGF und PGE) binden an spezifische hochaffine Rezeptoren und initiieren biologisch unterschiedliche Signalwege. In den Ovarien sind Prostaglandine als wichtige endokrine Regulatoren der weiblichen Reproduktion bekannt, zusätzlich zur Aufrechterhaltung der lokalen Funktion durch autokrine und/oder parakrine Effekte. Viele Forschungsgruppen in verschiedenen Tierarten haben bereits eine Vielzahl von Faktoren und molekularen Mechanismen identifiziert, die für die Regulation der Prostaglandinfunktionen verantwortlich sind. Darüber hinaus stimulieren Prostaglandine ihre intra-follikuläre und intra-luteale Produktion über den Weg der Prostaglandin-Selbstregulation

im Ovar. Ziel dieses Übersichtsartikels ist die Zusammenstellung und Diskussion der aktuellen Erkenntnisse über lokale Regulationsmuster der Prostaglandin-Liganden PGF und PGE während verschiedener physiologischer Stadien der Ovarialfunktion bei heimischen Wiederkäuern, insbesondere bei Rindern. Abschließend können die dargestellten Regulationsmechanismen der Prostaglandine im Ovar weitere Forschungsaktivitäten in verschiedenen methodischen Ansätzen stimulieren, insbesondere während der endgültigen Follikelreifung und Ovulation sowie der Bildung und Funktion des Corpus luteum.

Dynamik der Expression von Adipokinen während der induzierten Ovulation in bovinen Follikeln und dem frühen Corpus luteum

Expression dynamics of adipokines during induced ovulation in the bovine follicles and early corpus luteum

Granit Thaqi¹, Bajram Berisha^{1,2}, Michael W. Pfaffl¹

¹Chair of Animal Physiology and Immunology, TUM School of Life Sciences, Technical University of Munich, 85354 Weihenstephan, Germany; ²Department of Animal Biotechnology, Faculty of Agriculture and Veterinary, University of Prishtina, 10000 Prishtina, Kosovo;

Reprod Dom Anim. 2024 (59): e14624

Die Studie zielte darauf ab, die lokale Genexpression von verschiedenen Adipokinen (Vaspin, Adiponektin, Visfatin, Resistin) und deren zugehörigen Rezeptoren, Heat-Shock-70-Protein 5 (HSPA5), Adiponektin-Rezeptor 1 (AdipoR1) und Adiponektin-Rezeptor 2 (AdipoR2) in bovinen Follikeln während der präovulatorischen Phase und der frühen Corpus-luteum Entwicklung zu untersuchen. Die Follikel wurden vor der Behandlung (0 h) mit Gonadotropin-Releasing-Hormon (GnRH) sowie 4, 10, 20, 25 und 60 Stunden (h) nach der GnRH-Applikation mittels transvaginaler Ovariectomie (n = 5 Proben/Zeitpunkt) entnommen. Die relativen mRNA-Expressionsniveaus wurden mittels Echtzeit-Reverse-Transkriptions-Polymerase-Kettenreaktion (RT-qPCR) quantifiziert. Vaspin zeigte unmittelbar 4 Stunden nach der GnRH-Applikation hohe mRNA-Expression, gefolgt von einem signifikanten Rückgang. Die mRNA-Expressionsniveaus von Adiponektin waren 25 Stunden nach der GnRH-Behandlung erhöht. AdipoR2 zeigte eine späte Hochregulation mit gesteigerter Expression 20, 25 und 60 Stunden nach der GnRH-Applikation. Visfatin wies eine Hochregulation 20 Stunden nach der GnRH-Applikation auf. Zusammenfassend könnten die beobachteten Veränderungen in den Mitgliedern der Adipokin-Familie innerhalb präovulatorischer Follikel nach experimentell induzierter Ovulation wesentliche Komponenten der lokalen Mechanismen darstellen, die das finale Follikelwachstum und die Entwicklung regulieren.

Einfluss des neuen Zitzengummis „Stimulor StressLess“ auf Milchleistung und Milchqualität bei Milchkühen -- Ergebnisse einer Feldstudie

Influence of the New Wavy Liner “Stimulor StressLess” on Milk Yield Performance and its Quality in Dairy Cows: Results of a Field Study

Shehadeh Kaskous¹, Khaled Al-Najjar², Michael W. Pfaffl³

¹ Department of Research and Development, Siliconform, Schelmengriesstrasse 1, 86842 Türkheim, Germany; ² General Commission for Scientific Agricultural Research, GCSAR, Damascus, Syria; ³ Department of Animal Physiology and Immunology, TUM School of Life Sciences, Technical University of Munich, 85354 Freising, Liesel-Beckmann-Straße 1, Germany;

Mechanical Engineering Advances 2024, 2(2): 1752

Das ideale Melksystem erfüllt die physiologischen Bedürfnisse von Milchkühen, um die Milchleistung zu steigern, eine bessere Milchqualität zu erreichen und gesunde Euter zu erhalten. Daher sind die Einstellungen der Melkmaschine und die Eigenschaften der Zitzengummis in Milchviehbetrieben sehr

wichtig. Ziel der vorliegenden Studie war es, den neuen Zitzengummi „Stimulor StressLess“ (SSL) in zwei kommerziellen Milchviehbetrieben zu testen und seinen Einfluss auf die tägliche Milchproduktion und -qualität unter verschiedenen Versuchsbedingungen zu untersuchen. Zu diesem Zweck wurden 40 Milchkühe verschiedener Rassen in Tirol, Österreich (Betrieb 1) über einen Zeitraum von 6 Monaten untersucht, wobei 3 Monate die Kontrollphase (Gruppe 1) darstellten und mit herkömmlichen Zitzengummis gemolken wurden und die zweite 3-Monats-Phase (Gruppe 2) die Experimentalphase darstellte und mit SSL-Zitzengummis gemolken wurde. Auf dem zweiten Betrieb wurden 90 Simmentaler Milchkühe in Baden-Württemberg (Betrieb 2) ein Jahr lang untersucht, gleichmäßig aufgeteilt auf die ersten 6 Monate der Kontrollphase und die zweiten 6 Monate der Behandlungsphase. Alle Kühe auf beiden Betrieben hatten das gleiche Laktationsstadium und die gleiche Anzahl an Laktationen. Während des Untersuchungszeitraums wurde die tägliche Milchproduktion jeder Kuh erfasst und Milchproben zur Bestimmung der Inhaltsstoffe gesammelt. Die Ergebnisse zeigten, dass nach dem Einsatz des neuen SSL-Zitzengummis in den vorhandenen Melkmaschinen eine höhere tägliche Milchproduktion und eine bessere Milchqualität zu beobachten waren. Allerdings war der Einsatz des neuen SSL-Liners während der längeren Behandlung auf Betrieb 2 effizienter als auf Betrieb 1. Darüber hinaus blieben die Euter nach dem Einsatz des neuen SSL-Liners während des gesamten Untersuchungszeitraums gesund und wiesen niedrigere somatische Zellzahlen (SCC) auf. Zusammenfassend lässt sich sagen, dass durch den Einsatz von SSL-Zitzengummis eine höhere Milchleistung und eine bessere Milchqualität erzielt werden können, da diese an alle Zitzenformen und -größen angepasst sind.

Einfluss des Gonadotropinanstiegs auf die Regulation von Steroidrezeptoren in präovulatorischen Follikeln und neu gebildeten Corpora lutea bei der Kuh

Effect of the gonadotropin surge on steroid receptor regulation in preovulatory follicles and newly formed corpora lutea in the cow

Bajram Berisha^{1,2,3}, Granit Thaqi¹, Dieter Schams¹, Daniela Rodler⁴, Fred Sinowatz⁴, Michael W. Pfaffl¹

¹ Chair of Animal Physiology and Immunology, TUM School of Life Sciences, Technical University of Munich, Weihenstephan 85354, Germany; ² Animal Biotechnology, Faculty of Agriculture and Veterinary, University of Prishtina, Prishtinë, Kosovo; ³ Academy of Science of Albania, Tirana, Albania; ⁴ Department of Veterinary Sciences, Ludwig Maximilian University of Munich, Munich, Germany;

Domestic Animal Endocrinology 89(2024) 10687610687

Diese Studie hatte das Ziel, die mRNA-Expressionsmuster spezifischer Steroidhormonrezeptoren, nämlich der Östrogenrezeptoren (ERα – Östrogen-verwandter Rezeptor alpha und ERβ – Östrogen-verwandter Rezeptor beta) sowie des Progesteronrezeptors (PGR), in durch Superovulation induzierten bovinen Follikeln während der Perioovulationsphase und der anschließenden Corpus-luteum (CL) Bildung zu charakterisieren. Die Ovarien von Kühen (n = 5 Kühe/Zeitpunkt), die präovulatorische Follikel oder frühe CL enthielten, wurden relativ zur Injektion des Gonadotropin-Releasing-Hormons (GnRH) zu folgenden Zeitpunkten entnommen: (I) 0 h, (II) 4 h, (III) 10 h, (IV) 20 h, (V) 25 h (präovulatorische Follikel) und (VI) 60 h (CL, 2–3 Tage nach induzierter Ovulation). In diesem Experiment wurden die mRNA-Expression der Steroidrezeptoren sowie deren Lokalisierung im Follikel- und CL-Gewebe analysiert. Die hohe mRNA-Expression von ERα, ERβ und PGR, die in den Follikeln vor der Ovulation nachgewiesen wurde, war in der Gruppe der Follikel während der Ovulation (25 Stunden nach GnRH-Injektion) signifikant reduziert, stieg jedoch nach der Ovulation in den neu gebildeten CL wieder signifikant an, jedoch nur für ERα und PGR ($P < 0,05$). Immunhistochemisch zeigten die Zellkerne der Granulosazellen antraler Follikel eine positive Färbung für ERα, gefolgt von einer erhöhten Aktivität in den großen Lutealzellen unmittelbar nach der Ovulation (frühes CL). Im Gegensatz dazu nahm die geringere PGR-Immunpräsenz in präovulatorischen Follikeln nach der Ovulation in den Zellkernen so-

wohl kleiner als auch großer Lutealzellen zu. Unsere Ergebnisse zur mRNA-Expression von Steroidrezeptoren im Rahmen dieses experimentell induzierten Gonadotropinanstiegs liefern Einblicke in die molekularen Mechanismen der Wirkung von Steroidhormonen auf follikuläres und luteales Gewebe in der Zeit um die Ovulation und die anschließende CL-Bildung bei der Kuh.

Lokale regulatorische Veränderungen von HSD11B1 und NR3C1 im follikulären und lutealen Gewebe während experimentell induzierter Ovulation bei der Kuh

Local Regulatory Changes of HSD11B1 and NR3C1 in the Follicular and Luteal Tissue During Experimentally Induced Ovulation in the Cow

Bajram Berisha ^{1,2}, Michael W. Pfaffl ¹, Granit Thaqi ¹

¹ Chair of Animal Physiology and Immunology, TUM School of Life Sciences, Technical University of Munich, 85354 Weihenstephan, Germany; ² Department of Animal Biotechnology, Faculty of Agriculture and Veterinary, University of Prishtina, 10000 Prishtina, Kosovo; ³ Academy of Sciences of Albania, Tirana, Albania;

Repro Dom Anim. 2024 (59): e14722

Ziel der Studie war es, die Expressionsmuster der beiden Schlüsselkomponenten der Cortisolwirkung, nämlich HSD11B1 (11-Beta-Hydroxysteroid-Dehydrogenase Typ 1) und NR3C1 (nukleärer Rezeptor der Unterfamilie 3, Gruppe C, Mitglied 1, auch bekannt als Glukokortikoidrezeptor), in durch Superovulation induzierten bovinen Follikeln während der Periovulationsphase und der anschließenden Corpus-luteum (CL) Bildung zu charakterisieren. Bovine Ovarien, die präovulatorische Follikel oder CL enthielten, wurden zu definierten Zeitpunkten während der induzierten Ovulation entnommen: 0 Stunden vor der Applikation von GnRH (Gonadotropin-Releasing-Hormon) sowie 4, 10, 20, 25 (Follikel) und 60 Stunden (frühes CL) nach der GnRH-Verabreichung. Die niedrige mRNA-Expression von HSD11B1 und NR3C1 in der Follikelgruppe vor der GnRH-Applikation stieg in der Follikelgruppe 20 Stunden nach GnRH signifikant an und blieb auch in der Gruppe des frühen CL weiterhin hoch. Im Gegensatz dazu zeigte die hohe mRNA-Expression von NR3C1 in präovulatorischen Follikeln vor der Ovulation (25 Stunden nach GnRH) einen Rückgang, der jedoch nach der Ovulation im frühen CL wieder signifikant anstieg. Unsere Ergebnisse weisen auf die Beteiligung von HSD11B1 und NR3C1 als zentrale Komponenten der Cortisolwirkung hin, die an den lokalen Mechanismen beteiligt sind, welche die finale Follikelreifung, Ovulation, follikulär-luteale Transition und die CL-Entwicklung bei der Kuh koordinieren.

II. Tiergesundheit

Digitale holographische Mikroskopie in der Veterinärmedizin – eine Machbarkeitsstudie zur Analyse von ungefärbten Leukozyten in Blut und Milch von Milchkühen

Digital holographic microscopy in veterinary medicine – A new approach to analyze label-free leukocytes in blood and milk of dairy cows

Sabine Farschtschi¹, Manuel Lengl², Stefan Röhr², Christian Klenk³, Oliver Hayden³, Klaus Diepold², Michael W. Pfaffl¹

¹ Division of Animal Physiology and Immunology, TUM School of Life Sciences, Technical University of Munich, Freising, Germany; ² Chair of Data Processing, TUM School of Computation, Information and Technology, Technical University of Munich, Munich, Germany; ³ Heinz-Nixdorf-Chair of Biomedical Electronics, TUM School of Computation, Information and Technology, Technical University of Munich, TranslaTUM, Munich, Germany.

Animals 2024 (14): 3156

Seit einigen Jahren wird die Bestimmung der Differenzialzellzahl aus einer Rohmilchprobe zur Überwachung der Eutergesundheit von Milchkühen vorgeschlagen, da sie im Vergleich zur absoluten somatischen Zellzahl genauere Informationen liefern kann. Allerdings können die dafür erforderliche Probenvorbereitung und Zellfärbung arbeits- und kostenintensiv sein. Ziel unserer Studie war daher die Durchführbarkeit der Analyse von ungefärbten Blut- und Milchleukozyten von Milchkühen mittels digitaler holographischer Mikroskopie (DHM) zu zeigen. Dafür wurden drei verschiedene Machine-Learning-Algorithmen (k-Nearest Neighbor, Random Forests, und Support Vector Machine) mit Leukozytenpopulationen (Granulozyten, Lymphozyten, und Monozyten/Makrophagen) trainiert, welche vorher aus Blut- und Milchproben von drei Milchkühen mittels FACS (Fluorescence Activated Cell Sorting) isoliert wurden. Anschließend wurden diese trainierten Algorithmen eingesetzt, um ungefärbte Blut- und Milchproben zu differenzieren, die mit dem DHM analysiert wurden. Insgesamt wurden dafür 70 Blut- und 70 Milchproben verwendet. Diese Proben wurden von fünf klinisch gesunden Kühen zu 14 Zeitpunkten innerhalb eines Untersuchungszeitraums von 26 Tagen entnommen. Die Ergebnisse wurden mit Werten verglichen, die für die gleichen Proben mittels Durchflusszytometrie erhoben wurden, und (im Falle von Blutproben) zusätzlich mit den Resultaten der Analyse in einem externen Labor. Außerdem wurde eine Standardimpfung als Immunstimulus während der Studie eingesetzt, um auf mögliche Veränderungen in der Zellmorphologie oder Zellzahl zu prüfen. Bei der Differenzierung von isolierten Leukozyten schnitt Random Forests am besten ab, mit einer Spezifität von 0,93 für Blut- und 0,84 für Milchzellen und einer Sensitivität von 0,90 bzw. 0,81. Obwohl sich die Ergebnisse der drei Analysemethoden unterschieden, konnte gezeigt werden, dass eine DHM-Analyse für Blut- und Milchleukozyten mit hoher Zuverlässigkeit angewendet werden kann. Im Vergleich zu den Ergebnissen der Durchflusszytometrie zeigte Random Forests für alle Blut-Leukozytenzahlen einen MAE (Mean Absolute Error) von 0,11, einen RMSE (Root Mean Square Error) von 0,13 und einen MRE (Mean Relative Error) von 1,00 und für alle Milchzellpopulationen ein MAE von 0,20, ein RMSE von 0,21 und ein MRE von 1,95. Weitere Studien mit größerem Probenumfang und unterschiedlichen Immunzellzusammensetzungen sind nötig, um methodenspezifische Referenzbereiche festzulegen.

Entschlüsselung der molekularen Grundlagen von zellulären Arzneimittel-Phänotypen durch Dosis-aufgelöste Expressionsproteomik

Decrypting the molecular basis of cellular drug phenotypes by dose-resolved expression proteomics

Stephan Eckert¹, Nicola Berner¹, Karl Kramer¹, Annika Schneider, Julian Müller, Severin Lechner¹, Sarah Brajkovic, Christian Graetz⁴, Jonas Fackler, Michael Dudek, Michael W. Pfaffl⁴, Percy Knolle⁵, Stephanie Wilhelm, and Bernhard Kuster¹

1 Proteomics and Bioanalytics, Department of Molecular Life Sciences, School of Life Sciences, Technical University of Munich, Freising, Germany; 2 German Cancer Consortium, Partner Site Munich, Munich, Germany; 3 Bavarian Center for Biomolecular Mass Spectrometry (BayBioMS), School of Life Sciences, Technical University of Munich, Freising, Germany; 4 Animal Physiology and Immunology, School of Life Sciences, Technical University of Munich, Freising, Germany; 5 Institute of Molecular Immunology and Experimental Oncology, School of Medicine and Health, Technical University of Munich, Munich, Germany;

Nature Biotechnology (25. March 2024 – published online)

Die Proteomik leistet wichtige Beiträge zur Entdeckung von Arzneimitteln, von der Entschlüsselung des molekularen Ziels bis zur Aufklärung des Wirkmechanismus und der Identifizierung von Biomarkern für die Arzneimittelwirksamkeit. Hier stellen wir decryptE vor, einen proteomweiten Ansatz, der die vollständigen Dosis-Wirkungs-Charakteristika von arzneimittelinduzierten Proteinexpressionsänderungen misst, welche den zellulären Wirkmechanismus enthüllen. Die experimentelle Analyse von 144 klinischen Arzneimitteln und Forschungspräparaten gegen 8.000 Proteine ergab mehr als 1 Million Dosis-Wirkungs-Kurven, die online in ProteomicsDB und einer speziell entwickelten Shiny App interaktiv erforscht werden können. Die Analyse der kollektiven Daten lieferte molekulare Erklärungen für

bekannte phänotypische Wirkungen von Arzneimitteln und offenbarte neue Aspekte des Wirkungsgefüges von Humanarzneimitteln. Wir entdeckten, dass Histon-Deacetylase-Inhibitoren den T-Zell-Rezeptor-Komplex wirksam und stark herunterregulieren, was zu einer Beeinträchtigung der Aktivierung menschlicher T-Zellen in vitro und ex vivo führt. Dies liefert eine rationale Erklärung für die Wirksamkeit von Histon-Deacetylase-Inhibitoren bei bestimmten Lymphomen und Autoimmunerkrankungen und erklärt ihre schwache Wirkung bei der Behandlung solider Tumoren.

III. Bioanalytik

Die MISEV 2023 Guidelines – Die Minimalen Informationen für Studien zu extrazellulären Vesikeln (EVs) -- von den Grundlagen bis zu fortgeschrittenen Ansätzen

Minimal information for studies of extracellular vesicles (MISEV 2023) -- From basic to advanced approaches.

Welsh JA, Goberdhan DCI, O'Driscoll L, Buzas EI, Blenkiron C, Bussolati B, Cai H, Di Vizio D, Driedonks TAP, Erdbrügger U, Falcon-Perez JM, Fu QL, Hill AF, Lenassi M, Lim SK, Mahoney MG, Mohanty S, Möller A, Nieuwland R, Ochiya T, Sahoo S, Torrecilhas AC, Zheng L, Zijlstra A, Abuelreich S, Bagabas R, Bergese P, Bridges EM, Brucale M, Burger D, Carney RP, Cocucci E, Crescitelli R, Hanser E, Harris AL, Haughey NJ, Hendrix A, Ivanov AR, Jovanovic-Talisman T, Kruh-Garcia NA, Ku'ulei-Lyn Faustino V, Kyburz D, Lässer C, Lennon KM, Lötvall J, Maddox AL, Martens-Uzunova ES, Mizenko RR, Newman LA, Ridolfi A, Rohde E, Rojalin T, Rowland A, Saftics A, Sandau US, Saugstad JA, Shekari F, Swift S, Ter-Ovanesyan D, Tosar JP, Useckaite Z, Valle F, Varga Z, van der Pol E, van Herwijnen MJC, Wauben MHM, Wehman AM, Williams S, Zendrini A, Zimmerman AJ; *MISEV Consortium*; Théry C, Witwer KW

Journal of Extracellular Vesicles 2024, 13 (2): e12404

Extrazelluläre Vesikel (EVs) können durch ihre komplexe Fracht den Zustand ihrer Ursprungszelle widerspiegeln und die Funktionen und Phänotypen anderer Zellen verändern. Diese Eigenschaften weisen auf ein starkes Biomarker- und Therapiepotenzial hin und haben breites wissenschaftliches Interesse geweckt, wie die stetige jährliche Zunahme der Zahl wissenschaftlicher Veröffentlichungen über EVs zeigt. Es wurden wichtige Fortschritte in der EV-Messtechnik sowie im Verständnis und in der Anwendung der EV-Biologie erzielt. Es bleiben jedoch noch Hürden bei der Realisierung des Potenzials von EVs in Bereichen von der Grundlagenbiologie bis hin zu klinischen Anwendungen aufgrund von Herausforderungen bei der EV-Nomenklatur, der Trennung von nicht-vesikulären extrazellulären Partikeln, der EV-Charakterisierung und bei funktionellen EV-Studien. Um die Herausforderungen und Chancen in diesem sich schnell entwickelnden Bereich anzugehen, aktualisiert die International Society for Extracellular Vesicles (ISEV) ihre „*Minimal Information for Studies of Extracellular Vesicles*“, die erstmals 2014 und dann 2018 als MISEV 2014 bzw. MISEV 2018 veröffentlicht wurden. Das Ziel des vorliegenden Dokuments, MISEV 2023, besteht darin, Forschern einen aktuellen Überblick über die verfügbaren Ansätze und ihre Vorteile und Grenzen für die Produktion, Trennung und Charakterisierung von EVs aus verschiedenen Quellen, einschließlich Zellkulturen, Körperflüssigkeiten und festen Geweben, zu bieten. Neben der Präsentation des neuesten Stands der Grundlagen der EV-Forschung behandelt diese Guideline Dokument auch fortgeschrittene Techniken und Ansätze, die derzeit die Grenzen des Fachgebiets erweitern. MISEV 2023 enthält außerdem neue Abschnitte zur Freisetzung und Aufnahme von EVs und eine kurze Diskussion von In-vivo-Ansätzen zur Untersuchung von EVs. Dieses Dokument enthält Feedback von ISEV-Experten-Arbeitsgruppen und mehr als 1.000 Forschern und vermittelt den aktuellen Stand der EV-Forschung, um fundierte wissenschaftliche Entdeckungen zu ermöglichen und das Fachgebiet noch schneller voranzubringen.

Eine Pipeline für die Entwicklung und Analyse extrazellulärer Vesikel-basierter transkriptomischer Biomarker in der Molekulardiagnostik

A pipeline for the development and analysis of extracellular vesicle-based transcriptomic biomarkers in molecular diagnostics

Christian Grätz¹, Benedikt Kirchner¹, Martina Schuster², Florian Brandes³, Agnes S. Meidert³, Marlene Reithmair², Gustav Schelling³, Michael W. Pfaffl¹

¹Department of Animal Physiology and Immunology, School of Life Sciences, Technical University of Munich, Freising, Germany; ²Institute of Human Genetics, University Hospital, Ludwig-Maximilians-University Munich, Munich, Germany; ³Department of Anesthesiology, University Hospital, Ludwig-Maximilians-University Munich, Munich, Germany;

Molecular Aspects of Medicine, Special Issue "Modern Methods of Molecular Diagnostic"

Extrazelluläre Vesikel werden von allen Zelltypen ausgeschieden und können in jeder Körperflüssigkeit gefunden werden. Sie enthalten verschiedene Moleküle, die als Biomarker verwendet werden können, darunter auch mehrere RNA-Spezies, welche sie vor dem Abbau schützen. Wir stellen eine Pipeline für die Entwicklung und Analyse von extrazellulären Vesikel-assoziierten transkriptomischen Biomarkern vor, die unsere Arbeitsgruppe bereits mehrfach erfolgreich eingesetzt hat. Wir unterstreichen die Schlüsselkomponenten der Pipeline und legen besonderes Augenmerk auf die notwendigen Qualitätskontroll-Punkte, sowie auf die zugehörigen publizierten Richtlinien und Empfehlungen, welche entlang des Arbeitsablaufs berücksichtigt werden sollten. Unsere Pipeline beginnt mit der Patientenrekrutierung und setzt sich mit der Blutentnahme und -verarbeitung auseinander. Die Aufreinigung und Charakterisierung extrazellulärer Vesikel werden ausführlich erläutert, ebenso wie die Isolation und Qualitätskontrolle extrazellulärer Vesikel-assoziiierter RNA. Wir weisen auf mögliche Fallstricke bei der Präparation der cDNA-Library und der darauffolgenden RNA-Sequenzierung hin und stellen mehrere bioinformatische Werkzeuge vor, um Biomarkersignatur-Kandidaten aus den Sequenzierungsdaten zu identifizieren. Abschließend werden Aspekte und Fallstricke bei der Validierung der Biomarker-Signatur mittels RT-qPCR erörtert.

Zusammenfassender Bericht des ersten MOVE Symposiums in Málaga vom 24.-27. Oktober 2023 zur Förderung der Mobilität junger Wissenschaftler in der Erforschung extrazellulärer Vesikel in Europa

Summary report of the 1st MOVE Symposium in Málaga from 24-27th October 2023 - Foster the European mobility for young scientists in extracellular vesicles research

Mia S. C. Yu¹, Tanja V. Edelbacher^{1,2}, Christian Grätz¹, Dapi M. Chiang^{1,3,4}, Marlene Reithmair³, Michael W. Pfaffl¹

¹Chair of Animal Physiology and Immunology, School of Life Sciences, Technical University of Munich, 85354 Freising, Germany; ²Division of Functional Microbiology, Institute for Microbiology, Center for Pathobiology, Department for Biological Sciences and Pathobiology, University of Veterinary Medicine Vienna, 1210 Vienna, Austria; ³Institute of Human Genetics, University Hospital, LMU Munich, 80336 Munich, Germany; ⁴Department of Biomedicine, University of Basel, 4031 Basel, Switzerland

EVCNA special issue "EV Insight"; EVCNA 2024 (5): 95-113

Vorwort zum Special Issue "EV Insight": MOVE – Förderung der europäischen Mobilität junger Wissenschaftler aus dem EV Feld

Editorial for "EV Insight": MOVE -- How to foster the European mobility for young career scientists in EV research

Michael W. Pfaffl (Editor)

Chair of Animal Physiology and Immunology, School of Life Sciences, Technical University of Munich, 85354 Freising, Germany;

Guest Editor of "EV Insight" EVCNA Special Issue EVCNA 2024 (5): 760-764

Das erste MOVE Symposium (Mobility for Vesicle Research in Europe) fand im malerischen Málaga, der Hauptstadt der Costa del Sol und der mediterranen Sonnenstadt Spaniens, statt. Die Hauptveranstalterin, GEIVEX, welche durch die Gesellschaften GSEV, UKEV und EVIta unterstützt wurde, sparte keine Kosten und Mühen, um ein fantastisches internationales Symposium zu organisieren. Über 300 Teilnehmer, hauptsächlich Mitglieder der 16 teilnehmenden Gesellschaften für extrazelluläre Vesikel (EV) in Europa (ASEV, BESEV, BSEVs, CzeSEC, EVIta, FISEV, FSEV, GEIVEX, GSEV, HSEV, NLSEV, NOR-EV, PNEV, PSEV, SrEVs und UKEV), besuchten diese interdisziplinäre Konferenz, welche an der Fakultät für Recht an der Universität von Málaga abgehalten wurde. Das abwechslungsreiche, multidisziplinäre Programm umfasste über einen Zeitraum von vier Tagen fünf eingeladene Keynote-Vorträge von Hernando de Portillo, Antonella Bongiovanni, Martine J. Smit, Fedor Berditchevski und Benjamin Winkelmann sowie 76 mündliche Präsentationen und 157 Poster junger europäischer EV-Forscher. Die Sessions wurden umrahmt von einer Industrieausstellung, welche den Wissenschaftlern die Möglichkeit erfolgreicher Diskussionen mit Industriepartnern bot, sowie Informationen über neue Geräte und Produkte für die Erforschung von EVs, welche aktuell auf dem Markt verfügbar sind. Das „*MOVE Fellowship Program*“ (MOVE-Stipendienprogramm) ermöglichte es mehreren jungen Wissenschaftlern an einem Austauschprogramm zusammenarbeitender Einrichtungen teilzunehmen, was in Förderung von Netzwerken und den EV-Gebiet bereichernden Projekten resultierte. Acht von ihnen hatten die Chance die Erfahrungen, welche sie mit dem MOVE Fellowship Program sammeln konnten, zu präsentieren und so das Symposium abzuschließen. Das Symposiums-Dinner fand am Baños del Carmen statt und war definitiv eines der Highlights der Konferenz. Umgeben vom Strand und dem Meer, genossen die Teilnehmer das Networking während sie köstliche spanische Tapas verspeisten und anschließend den Tanzboden unsicher machten. Das 1. MOVE Symposium war ein voller Erfolg und Málaga erwies sich als lebhaft, junge und kreative Stadt mit zahlreichen historischen Attraktionen und einem Nachtleben als der perfekte Veranstaltungsort.

Das Proteom bakterieller Membranvesikel (bMVs) in *Escherichia coli* – eine Vergleichsstudie in zwei verschiedenen Wachstumsmedien über einen zeitlichen Verlauf

The proteome of bacterial membrane vesicles (bMVs) in Escherichia coli – a time course comparison study in two different media

Mia S.C. Yu¹, Dapi Menglin Chiang^{1,2}, Marlene Reithmair², Agnes Meidert³, Florian Brandes³, Gustav Schelling³, Christina Ludwig⁴, Chen Meng⁴, Benedikt Kirchner¹, Christian Zenner⁵, Laurent Muller^{6,7}, Michael W. Pfaffl¹

1Division of Animal Physiology and Immunology, School of Life Sciences Weihenstephan, Technical University of Munich, 85354 Freising, Germany; 2Institute of Human Genetics, University Hospital, LMU Munich, 80336 Munich, Germany; 3Department of Anesthesiology, University Hospital, LMU Munich, 81377 Munich, Germany; 4Bavarian Center for Biomolecular Mass Spectrometry (BayBioMS), Technical University of Munich (TUM), Freising, Germany; 5Intestinal Microbiome, ZIEL - Institute for Food & Health, School of Life Sciences, Technical University of Munich, Freising, Germany; 6Department of Otorhinolaryngology, Head and Neck Surgery, University Hospital of Basel, Switzerland; 7Department of Biomedicine, University of Basel, Switzerland

Frontiers in Microbiology 2024 (15): 1361270

Bakterien besiedeln das Innere und Äußere des menschlichen Körpers, z.B. Haut, Darm und Mundhöhle, wo sie entweder eine unschädliche, nützliche oder gar krankheitserregende Rolle einnehmen. Es ist gut erforscht, dass Bakterien Membranvesikel (MVs) sekretieren können, wie dies bei eukaryotischen Zellen mit extrazellulären Vesikeln (EVs) der Fall ist. Mehrere Studien weisen darauf hin, dass bakterielle Membranvesikel (bMVs) eine entscheidende Rolle in der Mikrobiom-Wirt-Interaktion spielen. Die Zusammensetzung dieser bMVs sowie ihre Funktionalität unter verschiedenen Kultivierungsbedingungen sind bislang jedoch größtenteils unbekannt. Um einen besseren Einblick in die bMVs zu erhalten, haben wir die Zusammensetzung und die Funktionalität von bMVs aus *E. coli* (DSM 105380)

aus den Kulturmedien Lysogeny Brühe (LB) und RPMI 1640 während verschiedener Wachstumsphasen (Anlauf-, exponentielle und stationäre Phase) untersucht. bMV's dreier Zeitpunkte (8 h, 54 h und 168 h) und zweier Medien (LB und RPMI 1640) wurden durch Ultrazentrifugation isoliert und mittels Nanopartikel-Tracking-Analyse (NTA), Elektronencryomikroskopie (Cryo-EM), konventioneller Transmissionselektronenmikroskopie (TEM) und Massenspektrometrie-Proteomik (LC-MS/MS) analysiert. Des Weiteren untersuchten wir die proinflammatorischen Zytokine IL-1 β und IL-8 in der humanen Monozyten-Zelllinie THP-1 nach bMV-Behandlung. Die Partikelzahlen erhöhten sich mit der Inkubationszeit. Die bMV-Morphologie ähnelte sich zu jedem Zeitpunkt und jeder Kondition im Cryo-EM und TEM. Durch Proteomik konnten wir 140 Proteine identifizieren, welche in bMV's aus beiden Medien zu allen Zeitpunkten vorhanden waren, darunter geläufige bMV-Marker wie OmpA und GroEL. Die Behandlung der THP-1-Zellen mit bMV's aller sechs Gruppen führte zu signifikant hohen Expression von IL-1 β und IL-8. Unsere Studie zeigte, dass die Wahl des Mediums sowie die Dauer der Kultivierung einen signifikanten Einfluss auf die Anzahl und Proteinzusammensetzung von E. coli bMV's hat. Unsere TEM/Cryo-EM-Ergebnisse zeigen intakte E. coli bMV's. Geläufige E. coli-Proteine, einschließlich OmpA, GroEL und ribosomale Proteine, konnten durchgehend in allen sechs getesteten Wachstumsbedingungen identifiziert werden. Darüber hinaus impliziert unser funktioneller Test, dass bMV's aller sechs Gruppen ihre Funktion beibehalten und vergleichbare Zytokininduktionen verursachen.

Kombination von Cre-LoxP- und Einzelzellsequenzierungstechnologien, um genaue Einblicke in den Frachttransfer extrazellulärer Vesikel zu erhalten

Combining Cre-LoxP and single-cell sequencing technologies to get precise insights in the extracellular vesicle cargo transfer

Michael W. Pfaffl

Commentary -- EVCNA 2024 (5): 714-717

Die jüngste Studie der Pogge von Strandmann-Gruppe, die in Cellular and Molecular Immunology von Alashkar Alhamwe et al. (Cell Mol Immunol 2024 ;21: 918-931) veröffentlicht wurde, mit dem Titel „BAG6 restricts pancreatic cancer progression by suppressing the release of IL33-presenting extracellular vesicles and the activation of mast cells“ kombinierte zum ersten Mal das Cre-LoxP-Rekombinationssystem mit Einzelzellsequenzierung. Die Gruppe überwachte die Aufnahme von tumorbedingten EV und deren Funktionen in den nicht malignen Empfängerzellen in einem Mausmodell mit pankreatischem Gangadenokarzinom. Die Rekombinationsereignisse und die EV-Aufnahme sowie daraus resultierende Veränderungen der Genexpression in Makrophagen, Neutrophilen und Mastzellen wurden durch Einzelzellsequenzierungstechnologie des Tumorgewebes nachgewiesen. Dieser neue kombinierte Ansatz ist sehr innovativ und hochspezifisch, da er einzelne EV-Empfängerzellen identifizieren kann, ohne die EV-Biogenese oder den Phänotyp zu beeinträchtigen.

IV. Biomarker

Identifikation von exprimierten microRNAs aus zirkulierenden EV und arteriosklerotischen Plaques als Indikatoren von Plaquestabilisierung und Rupturrisiko

Identification of microRNAs Simultaneously Expressed in Circulating Extracellular Vesicles and Atherosclerotic Plaques as Indicators of Plaque Instability and Risk for Rupture

Florian Brandes¹, Agnes S. Meidert¹, Benedikt Kirchner², Mia Yu², Sonja Gebhard³, Ortrud K. Steinlein⁴, Michael E. Dolch³, Barbara Rantner⁵, Nikolaos Tsilimparis⁵, Jean-Noël Billaud⁶, Dominique De Kleijn⁷, Gustav Schelling¹, Michael W. Pfaffl², Marlene Reithmair⁴

¹Department of Anesthesiology, LMU University Hospital, LMU Munich, Munich, Germany; ²Division of Animal Physiology and Immunology, School of Life Sciences Weihenstephan, Technical University of Munich, Freising, Germany; ³Department of Anesthesiology, Inn-Klinikum Altötting, Altötting, Germany; ⁴Institute of Human Genetics, LMU University Hospital, LMU Munich, Munich, Germany; ⁵Department of Vascular Surgery, LMU University Hospital, LMU Munich, Munich, Germany; ⁶QIAGEN Digital Insights, Redwood City, USA; ⁷University Medical Center Utrecht, Heidelberglaan 100, 3584 CX Utrecht, The Netherlands;

Frontiers in Cardiovascular Medicine 2024 (11): 1307832

Arteriosklerose ist eine weit verbreitete Erkrankung des kardiovaskulären Systems. Die frühzeitige Feststellung von Plaques durch zirkulierende Biomarker ist von hoher klinischer Relevanz um die majoren Komplikationen wie Schlaganfälle und Herzinfarkte verhindern zu können. Es ist bekannt, dass extrazelluläre Vesikel (EVs) wichtig für die interzelluläre Kommunikation in arteriosklerotischen Erkrankungen sind und viele Komponenten ihrer Ursprungszellen, darunter microRNAs (miRNAs), enthalten. In dieser Studie untersuchen wir ob miRNAs aus Plaque-Material von Patienten, welche einer arteriosklerotischen Karotisstenoseoperation unterzogen wurden, ebenso in zirkulierenden EVs der identischen Patienten vorhanden sind. Dies würde die Einführung eines Flüssigbiopsie-Ansatzes zur Feststellung von Plaques erlauben. Wir untersuchten 22 Operationspatienten mit arteriosklerotischer Karotisstenose und 28 gesunde Kontrollen. Die EVs wurden durch Präzipitation aus Serum isoliert. Die miRNA-Expressionsprofile der Serum-EVs sowie des Plaquematerials wurden durch small-RNA-Sequenzierung gewonnen. Durch komparative Analyse wurden zirkulierende mit Arteriosklerose assoziierte miRNAs, welche ebenso in Plaques detektierbar waren, identifiziert. Sieben miRNAs wurden im Patientenserum anders reguliert als im Serum der gesunden Kontrollen. Aus diesen sieben waren miR-193b-5p, miR-193a-5p und miR-125a-3p in Patienten im Vergleich zu gesunden Kontrollen signifikant hochreguliert und sowohl in zirkulierenden EVs als auch in Plaquematerial vorhanden. Eine Überrepräsentationsanalyse experimentell validierter mRNA-Ziele zeigte eine erhöhte Regulation von Entzündungs- und vaskulärer Wachstumsfaktoren, welche Hauptakteure in Arteriosklerose und Plaquebildung darstellen. Unsere Ergebnisse weisen darauf hin, dass zirkulierende EVs die Plaqueentwicklung in Patienten mit symptomatischer Karotisstenose widerspiegeln und so als Biomarker-Kandidaten für den Nachweis des Vorhandenseins arteriosklerotischer Plaques dienen können.

Extrazelluläre Vesikel aus 3D-Tumororganoiden tragen vermehrt immunregulatorische Signal-Biomoleküle im Vergleich zu herkömmlichen 2D-Glioblastom-Zellsystemen

Extracellular vesicles secreted by 3D tumor organoids are enriched for immune regulatory signaling biomolecules compared to conventional 2D glioblastoma cell systems

Martina Schuster¹, Frank K. Braun², Meng-Lin Chiang^{1,3}, Christina Ludwig⁴, Christian Grätz³, Benedikt Kirchner³, Gustav Schelling⁵, Ortrud K. Steinlein¹, Michael W. Pfaffl³, Markus J. Riemenschneider², Marlene Reithmair¹

¹Institute of Human Genetics, University Hospital, Ludwig-Maximilians-University Munich, Munich, Germany; ²Department of Neuropathology, University Hospital Regensburg, Regensburg, Germany; ³Division of Animal Physiology and Immunology, School of Life Sciences Weihenstephan, TUM, Freising, Germany; ⁴Bavarian Center for Biomolecular Mass Spectrometry (BayBioMS), Technical University of Munich (TUM), Freising, Germany; ⁵Department of Anesthesiology, University Hospital, LMU, Munich, Germany;

Frontiers in Immunology, Section “Cancer Immunity and Immunotherapy” 2024 (15): 1388769

Neue 3D-Kultivierungsansätze sind ein vielversprechender Weg, die Mikroumgebung des Tumors *in vivo* besser nachzubilden und Interaktionen zwischen den heterogenen Zellpopulationen des Glioblastoma multiforme zu untersuchen. Wie viele andere Tumore nutzt auch das Glioblastom extrazelluläre Vesikel als interzelluläres Kommunikationssystem, um das umliegende Gewebe auf ein invasives Tumorwachstum vorzubereiten. Über die Auswirkungen der 3D-Kultur auf extrazelluläre Vesikel ist jedoch wenig bekannt. Ziel dieser Studie war es, extrazelluläre Vesikel in 3D-Organoidmodellen umfassend zu charakterisieren und sie mit herkömmlichen 2D-Zellkultursystemen zu vergleichen. Primäre Glioblastomzellen wurden in 2D- und 3D-Organoidmodellen kultiviert. Extrazelluläre Vesikel wurden durch Präzipitation und Immunaффinität angereichert, wobei letztere eine gezielte Isolation der CD9/CD63/CD81-Vesikel-Subpopulation ermöglichte. Es wurde eine umfassende Vesikelcharakterisierung durchgeführt und miRNA-Expressionsprofile wurden durch smallRNA-Sequenzierung erstellt. Durch *in-silico*-Analyse der unterschiedlich regulierten miRNAs wurden mRNA-Targets und korrespondierende Signalwege identifiziert. Das Tumorzellmedium und das extrazelluläre Vesikelproteom wurden mittels hochauflösender Massenspektrometrie analysiert. Wir beobachteten eine erhöhte Konzentration von extrazellulären Vesikeln in 3D-Organoid-Kulturen. Die differenzielle Genexpressionsanalyse zeigte außerdem die Regulierung von zwölf miRNAs in 3D-Tumororganoidkulturen (wobei neun miRNAs herunter- und drei miRNAs hochreguliert wurden). MiR-23a-3p, die bekannterweise an der Glioblastom-Invasion beteiligt ist, war in 3D signifikant erhöht. MiR-7-5p, die der Bösartigkeit von Glioblastomen entgegenwirkt, war signifikant verringert. Darüber hinaus identifizierten wir vier miRNAs (miR-323a-3p, miR-382-5p, miR-370-3p, miR-134-5p), die sich innerhalb der DLK1-DIO3-Domäne, einer krebsassoziierten genomischen Region, befinden, was auf eine mögliche Bedeutung dieser Region für die Progression des Glioblastoms schließen lässt. Eine Überrepräsentations-Analyse zeigte Veränderungen der extrazellulären Vesikelladung in 3D-Organoiden, einschließlich mehrerer miRNA-Zielmoleküle und Proteine, die hauptsächlich an der Immunantwort beteiligt sind. Unsere Ergebnisse zeigen, dass 3D-Glioblastom-Organoidmodelle extrazelluläre Vesikel mit einer anderen Ladung im Vergleich zu entsprechenden herkömmlichen 2D-Kulturen absondern. Es zeigte sich, dass extrazelluläre Vesikel aus 3D-Zellkulturen Signalmoleküle enthalten, die mit immunregulatorischen Signalwegen assoziiert sind und als solche potenziell die Tumor-Mikroumgebung in Richtung Tumorprogression und Immunsuppression verändern könnten. Diese Ergebnisse legen den Nutzen von 3D-Glioblastom-Modellen für weitere klinische Biomarker-Studien sowie für die Untersuchung neuer therapeutischer Optionen nahe.

Zirkulierende miRNAs signalisieren den Fettsäurestoffwechsel als Reaktion auf einen maximalen Ausdauertest bei Elite-Langstreckenläufern

Circulating miRNAs signaling for fatty acid metabolism in response to a maximum endurance test in elite long-distance runners

Dailson Paulucio¹, Carlos Ramirez-Sanchez¹, Rodolfo Velasque¹, Raphael Xavier¹, Gustavo Monnerat², Adrieli Dill³, Juliano Silveira⁴, Gabriella M. Andrade⁴, Flavio Meirelles⁴, Marcos Dornelas-Ribeiro³, Benedikt Kirchner⁵, Michael W. Pfaffl⁵, Fernando Pompeu¹ and Caleb G. M. Santos^{3,5}

1 Biometrics Laboratory (LADEBIO), Federal University of Rio de Janeiro, Rio de Janeiro 21941-599, Brazil; 2 Instituto de Biofísica Carlos Chagas Filho, Universidade Federal do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro 21941-170, Brazil; 3 Brazilian Army Institute of Biology, Research, Teaching and Research Division, Rio de Janeiro 20911-270, Brazil; 4 Faculty of Animal Sciences and Food Engineering, Universidade de São Paulo, Pirassununga 13635-900, Brazil; 5 Department of Animal Physiology and Immunology, School of Life Sciences, Technical University of Munich, Liesel-Beckmann-Straße 1, 85354 Freising, Germany;

Genes 2024, 15 (8): 1088

Die maximale Sauerstoffaufnahme (VO₂max) ist ein entscheidender Indikator für die kardiorespiratorische Kapazität bei Ausdauersportlern, und die Epigenetik ist für ihre Höhe und Variabilität entscheidend. Diese erste Studie untersuchte ein breites Plasma miRNA-Profil von 23 trainierten Elite-Ausdauersportlern mit ähnlichem Trainingsvolumen, aber unterschiedlicher VO₂max als Reaktion auf einen akuten maximalen abgestuften Ausdauerstest. Sechs wurden basierend auf ihrer VO₂max ($75,4 \pm 0,9$ und $60,1 \pm 5,0$ mL.kg⁻¹.min⁻¹) als höhere/niedrigere Werte gruppiert. Plasma wurde von den Athleten vor und nach dem Leistungstest gewonnen, 15 ng Gesamt-RNA wurden extrahiert und mithilfe eines SYBR-Green basierten 1113 miRNA RT-qPCR Panels nachgewiesen. Insgesamt 51 miRNAs wurden bei Gruppenvergleichen unterschiedlich exprimiert. Relative Mengen an miRNA zeigten ein Clusterverhalten zwischen Gruppen hinsichtlich unterschiedlicher Leistung und Zeitpunkte. Signifikant exprimierte miRNAs wurden verwendet, um eine funktionelle bioinformatische Analyse durchzuführen (DIANA-Tools). Fettsäurestoffwechselwege wurden in allen Leistungsgruppen und Zeitpunkten stark auf die signifikant unterschiedlichen miRNAs ausgerichtet ($p < 0,001$). Obwohl dieser Weg nicht allein die Ausdauerleistung bestimmt, wird ihr signifikanter Beitrag sicherlich durch die Beteiligung von miRNAs erreicht. Eine stark genetisch abhängige Goldstandardvariable zur Leistungsbewertung in einer homogenen Gruppe von Spitzensportlern ließ genetische/epigenetische Aspekte im Zusammenhang mit Fettsäurewegen auftauchen.

Wachstumsverhalten und mRNA Expressionsprofilierung während des Wachstums von IPEC-J2 Zellen

Growth behavior and mRNA expression profiling during growth of IPEC-J2 cells

A. Ronja D. Binder, Veronika Mussack, Benedikt Kirchner, Michael W. Pfaffl

BMC Research Notes, 2024 17(1): 154

Die IPEC-J2-Zelllinie wird als *in-vitro* Dünndarmmodell für Schweine verwendet, aber auch als akzeptiertes Darmmodell für den menschlichen Darm, was eine relativ einzigartige Situation darstellt. Durch die Kombination der elektrischen Zell-Substrat-Impedanzmessung mit der Sequenzierungstechnologie der nächsten Generation haben wir gezeigt, dass mRNA-Genexpressionsprofile und verwandte Wege von der Wachstumsphase von IPEC-J2 Zellen abhängen können. Unser Untersuchungsansatz lädt Wissenschaftler ein, unsere Protokolle zu reproduzieren oder zu modifizieren, und befürwortet, ihre Genexpressionsdaten in den Kontext der jeweiligen Wachstumsphase der Zellen zu stellen. Es werden drei Zeitpunkte dargestellt: (TP1) 1 Stunde nach Mediumwechsel (= 6 Stunden nach Aussaat der Zellen), (TP2) der Zeitpunkt des Maximums der ersten Ableitung der Zellwachstumskurve und ein dritter Punkt zu Beginn der Plateauphase (TP3). Bei TP1 war die Hochregulierung von PLEKHN1 im Vergleich zu TP2 deutlich ausgeprägt, außerdem waren FOSB und DEGS2 bei TP2 im Vergleich zu TP3 deutlich herunterreguliert. Alle bereitgestellten Daten können verwendet werden, um Experimente der nächsten Generation mit IPEC-J2-Zellen zu verbessern.

Extrazellulärer Vesikel-vermittelter Transport molekularer Signale während der Entwicklung des menschlichen Gehirns

Extracellular vesicle-mediated trafficking of molecular cues during human brain development

Andrea Forero^{1,3}, Fabrizia Pipicelli^{1,2}, Sylvain Moser^{1,2}, Natalia Baumann⁴, Christian Grätz⁵, Mariano Gonzalez Pisfil⁶, Michael W. Pfaffl⁵, Benno Pütz¹, Pavel Kielkowski⁷, Filippo M. Cernilogar^{8,9}, Giuseppina Maccarrone¹, Rossella Di Giaimo^{1,10} & Silvia Cappello^{1,3}

1 Max Planck Institute of Psychiatry, Munich, Germany; 2 International Max Planck Research School for Translational Psychiatry; 3 Division of Physiological Genomics, Biomedical Center (BMC), Faculty of Medicine, Ludwig-Maximilians-University (LMU), Munich, Germany; 4

Department of Basic Neurosciences, University of Geneva, Geneva, Switzerland; 5 Division of Animal Physiology and Immunology, Technical University of Munich, Freising, Germany; 6 Core Facility Bioimaging and Walter-Brendel-Centre of Experimental Medicine, Biomedical Center, Ludwig-Maximilians-University, Munich, Germany; 7 Department of Chemistry, Ludwig-Maximilians-University, Munich, Germany; 8 Division of Molecular Biology, Biomedical Center (BMC), Faculty of Medicine, Ludwig-Maximilians-University (LMU), Munich, Germany; 9 Department of Science and Technological Innovation, University of Piemonte Orientale, Alessandria, Italy; 10 Department of Biology, University of Naples Federico II, Naples, Italy

Cell Reports 2024, 43 (10): 114755

Zellulärer Crosstalk ist ein wesentlicher Prozess, der von zahlreichen Faktoren beeinflusst wird, darunter sezernierte extrazelluläre Vesikel (EVs), welche Nukleinsäuren, Lipide und Proteine zwischen Zellen übertragen. Diese EVs standen im Mittelpunkt vieler Studien zu neurodegenerativen Erkrankungen, aber es ist nicht bekannt, ob EVs zelltypspezifische Merkmale für zellulären Crosstalk während der Neuroentwicklung aufweisen. Hier identifizieren wir mithilfe von aus menschlichen induzierten pluripotenten Stammzellen gewonnenen zerebralen Organoiden, neuronalen Vorläuferzellen, Neuronen und Astrozyten die Heterogenität im EV-Proteingehalt und in der EV-Proteindynamik auf zelltypspezifische und zeitabhängige Weise. Unsere Ergebnisse unterstützen den Transport wichtiger Moleküle über EVs bei der Neuroentwicklung, wie etwa den Transkriptionsfaktor YAP1, und ihre Lokalisierung in unterschiedlichen Zellkompartimenten je nach EV-Empfängertyp. Diese Studie wirft neues Licht auf die Biologie von EVs während der Entwicklung des menschlichen Gehirns.

Extrazelluläre Vesikel und Endocannabinoid-Signalisierung bei Patienten mit COVID-19

Extracellular Vesicles and Endocannabinoid Signaling in Patients with COVID-19

Florian Brandes¹, Annekathrin M. Keiler², Benedikt Kirchner³, Melanie Borrmann¹, Jean-Noël Billaud⁴, Marlene Reithmair⁵, Matthias Klein⁶, Patrizia Campolongo⁶, Detlef Thieme², Michael W. Pfaffl³, Gustav Schelling¹, Agnes S. Meidert¹

¹Department of Anesthesiology, University Hospital, Ludwig-Maximilians-University Munich, Munich, Germany; ²Institute of Doping Analysis and Sports Biochemistry, Kreisch, 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; ⁶Department of Neurology, University Hospital, Ludwig-Maximilians-University of Munich, Munich, Germany; ⁶Department of Physiology and Pharmacology «V. Erspamer», Sapienza University of Rome, Rome, Italy

Cannabis and Cannabinoid Research 9(5): 1326-1338

Endocannabinoide besitzen bei COVID-19 immunmodulatorische und entzündungshemmende Eigenschaften, doch die funktionelle Rolle und Regulation der Endocannabinoid-Signalisierung in dieser pandemischen Erkrankung ist umstritten. Um ihre biologische Funktion auszuüben, müssen Endocannabinoide den interzellulären Raum und den Blutkreislauf durchqueren, um ihre Zielzellen zu erreichen. Wie die lipophilen Endocannabinoide im vaskulären System transportiert werden und wie diese hydrophoben Verbindungen Zellmembranen durchqueren, ist noch unklar. Extrazelluläre Vesikel (EVs) werden von vielen Zelltypen, einschließlich Immunzellen, freigesetzt und aufgenommen. EVs sind kleine, von einer Lipidmembran umhüllte Partikel, die RNA, Lipide und Proteine enthalten. Sie spielen eine wichtige Rolle in der interzellulären Kommunikation, indem sie diese Signalmoleküle von ihren Ursprungszellen zu spezifischen Zielzellen transportieren. EVs könnten ideale Transportvehikel für lipophile Signalmoleküle wie Endocannabinoide darstellen, und dieser Effekt könnte auch bei COVID-19 relevant sein. Wir bestimmten die Endocannabinoide Anandamid, 2-AG, SEA, PEA und OEA bei COVID-19-Patienten in EVs und Plasma. RNA-Sequenzierung von MikroRNAs (miRNAs) aus EVs (EV-miRNAs) und mRNA-Transkripten aus Blutzellen wurde verwendet, um Signalnetzwerke zu konstruieren, die die Kommunikation von Endocannabinoiden und miRNAs durch EVs zu Ziel-Immunzellen widerspiegeln. Mit Ausnahme von Anandamid waren die Endocannabinoid-Konzentrationen in EVs im Vergleich zum Plasma signifikant angereichert und stiegen mit der Schwere der Erkrankung an. Keine

Anreicherung in EVs wurde für die hydrophileren Steroidhormone Cortisol und Testosteron beobachtet. Hohe EV-Endocannabinoid-Konzentrationen waren mit einer Herunterregulierung von CNR2 (CB2) durch hochregulierte EV-miRNA miR-146a-5p und einer Hochregulierung von MGLL durch herunterregulierte EV-miR-199a-5p und EV-miR-370-5p assoziiert, was auf gegenregulatorische Effekte hindeutet. Im Gegensatz dazu waren niedrige EV-Spiegel von Anandamid mit einer Hochregulierung von CNR1 durch herunterregulierte EV-miR-30c-5p und miR-26a-5p sowie mit einer Hemmung von FAAH verbunden. Immunologisch aktive Moleküle in Immunzellen, die durch die Endocannabinoid-Signalisierung reguliert wurden, umfassten unter anderem VEGFA, GNAI2, IGF1, BDNF, IGF1R, CREB1 und CCND1. EVs transportieren immunologisch funktionelle Endocannabinoide bei COVID-19 zusammen mit miRNAs, die die Expression von mRNA-Transkripten regulieren könnten, die an der Regulation der Endocannabinoid-Signalisierung und des Metabolismus beteiligt sind. Dieser Mechanismus könnte die Endocannabinoid-Effekte in Empfängerzellen in Abhängigkeit vom biologischen Kontext feinabstimmen und anpassen.

Extrazelluläre Vesikel-miRNAs unterstützen die abnorme Makrophagenantworten bei NSAID-exazerbierter Atemwegserkrankung

Extracellular vesicle miRNAs drive aberrant macrophage responses in NSAID-exacerbated respiratory disease

Franziska Hartung¹, Pascal Haimerl¹, Sonja Schindela¹, Veronika Mussack², Benedikt Kirchner³, Fiona DR Henkel¹, Ulrike Bernhardt¹, Ulrich M Zissler¹, Rachel Mellwig⁴, Michael W. Pfaffl³, Carsten B Schmidt-Weber¹, Adam M Chaker^{1,5}, Julia Esser-von Bieren^{1,6}

¹Center of Allergy and Environment (ZAUM), Munich, Germany; ²TRB Chemedica AG, Feldkirchen, Germany; ³Division of Animal Physiology and Immunology, TUM, Freising, Germany; ⁴EMBL Heidelberg, Germany; ⁵Department of Otorhinolaryngology & Head and Neck Surgery, TUM Medical School, Munich, Germany; ⁶Department of Immunobiology, University of Lausanne, Epalinges, Switzerland

Allergy (2024) 79(7): 1893-1907

Extrazelluläre Vesikel (EVs) sind an der Pathogenese von Asthma beteiligt, jedoch ist noch nicht vollständig verstanden, wie EVs zur Immundefunktionsstörung und Typ-2-Entzündung der Atemwege beitragen. Ziel dieser Studie war es, die Rolle von Atemwegs-EVs und deren miRNA-Fracht bei der Pathogenese der durch NSAIDs exazerbierten Atemwegserkrankung (N-ERD), einer schweren Typ-2-Entzündungserkrankung, zu untersuchen. EVs wurden aus induziertem Sputum oder Überständen von kultivierten Nasenpolypen- oder Nasenmuschelgeweben von N-ERD-Patienten oder gesunden Kontrollen mittels Größenausschlusschromatographie isoliert und durch Partikeltracking Analyse, Elektronenmikroskopie und miRNA-Sequenzierung charakterisiert. Die funktionellen Effekte von EV-miRNAs auf die Genexpression und die Mediatorfreisetzung durch humane Makrophagen oder normale humane Bronchialepithelzellen (NHBEs) wurden durch RNA-Sequenzierung, LC-MS/MS und Multiplex-Zytokinin-Assays untersucht. EVs waren in den Sekreten der oberen und unteren Atemwege von N-ERD-Patienten hochgradig vorhanden. Die Atemwegs-EVs von N-ERD-Patienten zeigten im Vergleich zu den Atemwegs-EVs gesunder Individuen stark veränderte immunstimulierende Kapazitäten und miRNA-Profile. Die Atemwegs-EVs von N-ERD-Patienten, jedoch nicht von gesunden Individuen, induzierten die Produktion entzündlicher Zytokine (GM-CSF und IL-8) durch NHBEs. In Makrophagen wiesen die Atemwegs-EVs von N-ERD-Patienten ein beeinträchtigtes Potenzial zur Induktion von Zytokin- und Prostanoidproduktion auf, während die Aktivierung von M2-Makrophagen verstärkt wurde. Let-7-Familien-miRNAs waren in Sputum-EVs von N-ERD-Patienten stark angereichert und imitierten die suppressiven Effekte von N-ERD-EVs auf die Makrophagenaktivierung. Abnorme miRNA-Profile in Atemwegs-EVs könnten zur Immundefunktionsstörung und chronischen Typ-2-Entzündung bei N-

ERD beitragen. Let-7-Familien-miRNAs stellen potenzielle Ziele dar, um die abnorme Makrophagenaktivierung und Mediatorantworten bei N-ERD zu korrigieren.

Veränderte Protein- und MikroRNA-Signaturen in extrazellulären Vesikeln aus der bronchoalveolären Lavageflüssigkeit von COPD-Patienten

Altered Extracellular Vesicle-derived protein and microRNA signatures in bronchoalveolar lavage fluid from COPD patients

Sabine Bartel^{1,2}, Justina C. Wolters³, Hasnat Noor^{1,2}, Benedikt Kirchner⁴, Esther Nolte-Hoen⁵, Annemarie Schuil^{1,2}, Michael W. Pfaffl⁴, Steven Rutgers⁶, Wim Timens^{1,2}, Maarten van den Berge^{2,7}, Machteld N. Hylkema^{1,2}

1. University of Groningen, University Medical Center Groningen, Department of Pathology and Medical Biology, The Netherlands; 2. University Medical Center Groningen, GRIAC Research Institute, The Netherlands; 3. Department of Pediatrics, University of Groningen, University Medical Center Groningen, Groningen, the Netherlands; 4. Division of Animal Physiology and Immunology, School of Life Sciences Weihenstephan, Technical University of Munich, Freising, Germany; 5. Department of Biomolecular Health Sciences, Faculty of Veterinary Medicine, Utrecht University, Utrecht, The Netherlands; 6. Scheper Hospital, Emmen, The Netherlands; 7. University of Groningen, University Medical Center Groningen, Department of Department of Pulmonary Diseases, Groningen, The Netherlands;

Cells, Special Issue “Extracellular Vesicles (EVs) in Diseases” 2024, 13 (11): 945

Die chronisch obstruktive Lungenerkrankung (COPD) ist eine fortschreitende Lungenerkrankung, für die es keine Heilung gibt. Zunehmende Forschungsergebnisse deuten auf eine Rolle von extrazellulären Vesikeln (EVs) bei der Pathogenese von COPD hin. Ziel dieser Studie war es, die Beteiligung von EVs und ihrer molekularen Fracht an der Progression von COPD durch die Identifizierung von EV-assoziierten Protein- und mikroRNA (miRNA)-Profilen zu untersuchen. Wir isolierten EVs aus der bronchoalveolären Lavageflüssigkeit (BALF) von 18 COPD-Patienten und 11 gesunden Kontrollen mittels Größenausschlusschromatographie. Die EV-Isolate wurden durch Nanopartikel-Tracking-Analyse und Proteingehalt charakterisiert. Die proteomische Analyse zeigte ein erhöhtes Vorkommen von 284 Proteinen ($\log_2\text{FC} > 1$) und ein verringertes Vorkommen von 3 Proteinen ($\log_2\text{FC} < -1$) in EVs von COPD-Patienten. Die Ingenuity Pathway-Analyse zeigte, dass in COPD-assoziierten EVs angereicherte Proteine entzündliche Reaktionen, einschließlich der Neutrophilendegranulation, auslösen. Unterschiede in Oberflächenrezeptoren und Liganden, die mit COPD-EVs assoziiert sind, deuten auf eine bevorzugte Interaktion mit Alveolarzellen hin. Die small RNA-Sequenzanalyse identifizierte ein erhöhtes Vorkommen von zehn miRNAs und ein verringertes Vorkommen einer miRNA in EVs von COPD-Patienten im Vergleich zu Kontrollen (Basemean > 100, FDR < 0,05). Unsere Daten zeigen, dass die molekulare Zusammensetzung von EVs in der BALF von COPD-Patienten im Vergleich zu gesunden Kontroll-EVs verändert ist. Mehrere Komponenten in COPD-EVs wurden identifiziert, die die Entzündung und die Zerstörung des Alveolargewebes fördern könnten.

V. Immunologie

T-Zell-Dysfunktion und therapeutische Intervention bei Krebs

T cell dysfunction and therapeutic intervention in cancer

Zebley CC, Zehn D, Gottschalk S, Chi H.

Nature Immunology 2024 25(8): 1344-1354

Intravitale Bildgebung zeigt dynamische Landschaften und schützende Immunität, koordiniert durch grippe-spezifische, lungenresidente Gedächtnis-CD8⁺-T-Zellen

Dynamic landscapes and protective immunity coordinated by influenza-specific lung-resident memory CD8⁺ T cells revealed by intravital imaging

van de Wall S, Anthony SM, Hancox LS, Pewe LL, Langlois RA, Zehn D, Badovinac VP, Harty JT.

Immunity 2024 57(8): 1878-1892.e5

Ein Leber-Immunrheostat reguliert die CD8-T-Zell-Immunität bei chronischer HBV-Infektion

A liver immune rheostat regulates CD8 T cell immunity in chronic HBV infection

Bosch M, Kallin N, Donakonda S, Zhang JD, Wintersteller H, Hegenbarth S, Heim K, Ramirez C, Fürst A, Lattouf EI, Feuerherd M, Chattopadhyay S, Kumpesa N, Griesser V, Hoflack JC, Siebourg-Polster J, Mogler C, Swadling L, Pallett LJ, Meiser P, Manske K, de Almeida GP, Kosinska AD, Sandu I, Schneider A, Steinbacher V, Teng Y, Schnabel J, Theis F, Gehring AJ, Boonstra A, Janssen HLA, Vandenbosch M, Cuypers E, Öllinger R, Engleitner T, Rad R, Steiger K, Oxenius A, Lo WL, Klepsch V, Baier G, Holzmann B, Maini MK, Heeren R, Murray PJ, Thimme R, Herrmann C, Protzer U, Böttcher JP, Zehn D, Wohlleber D, Lauer GM, Hofmann M, Luangsang S, Knolle PA.

Nature 2024 631(8022): 867-875

Antitumor-Progenitor-erschöpfte CD8⁺ T-Zellen werden durch TCR-Engagement aufrechterhalten

Antitumor progenitor exhausted CD8⁺ T cells are sustained by TCR engagement

Lan X, Mi T, Alli S, Guy C, Djekidel MN, Liu X, Boi S, Chowdhury P, He M, Zehn D, Feng Y, Youngblood B.

Nature Immunology 2024 25(6): 1046-1058

PGE2 begrenzt die Effektor-Expansion tumorinfiltrierender stammzellenartiger CD8⁺ T-Zellen

PGE2 limits effector expansion of tumour-infiltrating stem-like CD8⁺ T cells

Lacher SB, Dörr J, de Almeida GP, Hönninger J, Bayerl F, Hirschberger A, Pedde AM, Meiser P, Ramsauer L, Rudolph TJ, Spranger N, Morotti M, Grimm AJ, Jarosch S, Oner A, Gregor L, Lesch S, Michaelides S, Fertig L, Briukhovetska D, Majed L, Stock S, Busch DH, Buchholz VR, Knolle PA, Zehn D, Dangaj Laniti D, Kobold S, Böttcher JP.

Nature 2024 629(8011): 417-425

Exkursionen

Zwei Exkursionen zur Besamungsstation der Bayern Genetik GmbH in Grub fanden am 8.02.2024

und am 4.07.2024 unter der Leitung von Herrn Prof. Dr. Michael Pfaffl und Herrn Granit Thaqi statt.
Die Exkursion zum Milchprüfing Bayern e.V. in Wolnzach fand am 24.01.2024 unter der Leitung von Herrn Prof. Dr. Michael Pfaffl und Frau Dr. Heike Kliem statt.

Dissertationen, Master- und Bachelorarbeiten

Dissertationen

Kuhlmann, Miriam: CD8 T cells progress towards exhaustion even without a bacterial microbiome

Masterarbeiten

Raab, Thomas (in Kooperation mit dem Deutschen Herzzentrum; ZUM, München): Entwicklung eines neuartigen Bridging ELISAs zum Nachweis von ACE2 Autoantikörpern im Kontext von SARS-CoV-2 Infektionen

Tanja Edelbacher (in Kooperation mit der Veterinärmedizinischen Universität Wien): Transcriptional and Translational Landscape of *Bacillus cereus* Extracellular Vesicles

Mohajeran Zadeh, Ghazaleh: Establishing of the CRISPR/Cas9 system in human and mouse primary cells

Al-Khalf, Amin: Identifizierung und Charakterisierung LCMV-spezifischer TCR-Klone

Bachelorarbeiten

Oswald, Tabea: Identifikation und Charakterisierung anti-mikrobieller T-Zellen

Pieber, Christoph: Optimierung eines CRISPR/Cas9 Protokolls für effiziente Knock outs in primären Maus T-Zellen

Zilker Carina: Detektion anti-kommensaler T Zellen in gesunden Mäusen. / Detection of commensal-reactive T cells in healthy mice

Grzejdak, Jakub (in Kooperation mit dem Helmholtz-Zentrum München): Identifizierung von Zielzelltypen der Lipid-Nanopartikel in „tissue-cleared“ Mäusen

Martinez-Naverrete, Florencia (in Kooperation mit dem Klinikum rechts der Isar): Untersuchung der Rolle des von Makrophagen ausgeschiedenen Cathepsin S bei der Schmerzwahrnehmung während akuter Pankreatitis

Rakevych, Vladyslava (in Kooperation mit dem Klinikum rechts der Isar): Die Rolle von Cathepsin S (CTSS) bei der Progression des Pankreasgangadenokarzinoms (PDAC) und der Lungenmetastasierung

Gropper. Familiär und fair.



Keine Maschine der Welt kann das Wissen und die Kreativität eines Menschen ersetzen. Wer wüsste das besser als die Ideenmolkerei?

Als Familienbetrieb setzen wir auf ein Miteinander auf Augenhöhe, offene Türen, Respekt und Wertschätzung.

Für unseren Erfolg sind über 900 Mitarbeiter an zwei Standorten mit ganzem Herzen dabei, wenn es darum geht, Frische mit Genuss zu verbinden und neue innovative Produkte am Markt zu etablieren.

**BRINGT SIE DAS AUF EINE
IDEE FÜR IHRE ZUKUNFT?**



**ZU UNSERER
KARRIERESEITE**



Molkerei Gropper GmbH & Co. KG
Am Mühlberg 2 | 86657 Bissingen

Vorträge

Michael Pfaffl

Exosomal Biomarkers in Liquid Biopsies -- How to identify valid and better 'Biomarker Signatures' from micro-vesicular small-RNA Sequencing

EFLM Webinar, 9th April 2024

Identification of a circulating HNSCC proteomic biomarker signature from peripheral and local tumor plasma before/after tumor removal surgery

ISEV Symposium 2024, 9-12 May 2024, Melbourne, Australia.

15 Years MIQE Guidelines – From RT-qPCR to RNA Sequencing for RNA Biomarker Discovery in Molecular Diagnostics

13th May 2024, CSIRO Health and Biosecurity, East Geelong, Australian Centre for Disease Preparedness (ACDP), Australia.

15 Years MIQE Guidelines – From RT-qPCR to RNA Sequencing for RNA Biomarker Discovery in Molecular Diagnostics

14th May 2024, Lowy Cancer Research Centre, School of Clinical Medicine, University of New South Wales, Sydney, Australia.

15 Years MIQE Guidelines – From RT-qPCR to RNA Sequencing for RNA Biomarker Discovery in Molecular Diagnostics

15th May 2024, School of Biomedical Engineering, University of Technology Sydney, SpeeDx, Sydney, Australia.

15 Years MIQE Guidelines – From RT-qPCR to RNA Sequencing for RNA Biomarker Discovery in Molecular Diagnostics

16th May 2024, College of Public Health, Medical and Veterinary Sciences, Australian Institute of Tropical Health, James Cook University, Townsville, Australia.

Diagnostic Advances from 15 Years MIQE Guidelines

11th July 2024, SNEV (Student Network on Extracellular Vesicles), Zoom Online Event.

Exosomal Biomarkers in Liquid Biopsies -- How to identify valid 'Biomarker Signatures' from micro-vesicular small-RNA Sequencing

9th September 2024, VetMed Vienna, Institut für Mikrobiologie, University of Veterinary Medicine, Vienna, Austria.

Künstliche Intelligenz (KI) in der Veterinärdiagnostik -- Bestimmung der Zellzahl und der Milchezellpopulationen im Hochdurchsatz

Michael W. Pfaffl¹, Sabine Farschtschi¹, Manuel Lengl², Stefan Röhl², Christian Klenk³, Oliver Hayden³, Klaus Diepold²

1 Division of Animal Physiology and Immunology, TUM School of Life Sciences, TU München; 2 Chair of Data Processing, TUM School of Computation, Information and Technology, TU München; 3 Heinz-Nixdorf-Chair of Biomedical Electronics, TUM School of Computation, Information and Technology, TranslaTUM, TU München;

Milchwissenschaftliche Herbsttagung, 10. – 11. Oktober 2024, Freising-Weihenstephan, Germany.

Exosomal Biomarkers in Liquid Biopsies -- How to identify valid 'Biomarker Signatures' from microvesicular small-RNA Sequencing

19. Nov 2024, Institute for Biomedical Sciences, Johns Hopkins Hospital, Miller Research Building, Baltimore, Maryland, USA.

Application of EV multi-omics Technologies for Biomarker Development

Invited overview talk & Event coordination & Moderation

21. – 23. Nov 2024, ISEVxTech 2024, EV Technology and Methods Summit, Hilton Baltimore Inner Harbor, Baltimore, Maryland, USA.

Bajram Berisha

National Science Program in Support of the Green Deal and Circular Economy in Kosovo

Scientific Roundtable on the Launch of the Kosovo National Science Program. Sirius Hotel, December 6, 2024, Prishtina, Kosova.

Possibilities for involving the scientific diaspora in advancing scientific research in Kosovo

Scientific symposium "Munich Meetings 2024. 29 and 30 November 2024, Munich, Germany

Trends in the integration of Kosovo's university education into the European knowledge space

The XIX International Annual Scientific Meeting of Albshkenca Institute. 01.11.2024 - 02.11.2024, Skopje, North Macedonia

Effect of "Superovulation" on sex steroid gene expression and ovarian physiology

Symposium "Days of Genetic Studies". Albanian Academy of Sciences. May 16, 2024. Tirana, Albania.

Dapi Menglin Chiang

Proteomic alterations in bacterial and human vesicles under various antibiotic treatments in blood spiked with Staphylococcus aureus

1. – 2. Oktober 2024, GSEV Autumn Meeting; Session 7: EV Therapeutics: Drug Delivery and Diagnostic Advances, Hamburg

Kurzfassungen (Abstracts & Proceedings)

Preconception paternal and maternal smoking alters gene expression in the early murine embryo and offspring lung function

Barbara Hammer^{1,2}, Eistine Boateng^{1,3}, Benedikt Kirchner⁴, Draginja Kovacevic², Sheikh Anika Rahman¹, Michael W. Pfaffl⁴, John W. Holloway^{5,6}, Cecilie Svanes^{7,8}, Susanne Krauss-Etschmann^{1,2,9}

¹ Early Life Origins of CLD, Priority Area Asthma and Allergies, Research Center Borstel, Leibniz Lung Center, Borstel; Germany; ² DZL Laboratory for Experimental Microbiome Research, Research Center Borstel, Airway Research Center North (ARCN), Borstel, Germany; ³ Eistine, Michigan; ⁴ Division of Animal Physiology and Immunology, TUM School of Life Sciences, Technical University of Munich, Freising, Germany; ⁵ Human Development and Health, Faculty of Medicine, University of Southampton, University Hospital Southampton, Southampton SO16 6YD, UK; ⁶ NIHR Southampton Biomedical Research Centre, University Hospital Southampton, Southampton SO16 6YD, UK; ⁷ Centre for International Health, University of Bergen, Bergen, Norway; ⁸ Department of Occupational Medicine, Haukeland University Hospital, Bergen, Norway; ⁹ Institute for Experimental Medicine, Christian-Albrechts-Universität zu Kiel, Kiel, Germany;

Lung Science Conference 2024, Estoril, Portugal from 14-17 March 2024, Portugal.

Towards a reproducible digital PCR data ecosystem with DDES: a community-supported digital PCR data essentials standard

Matthijs Vynck^{1,2}, Wim Trypsteen^{1,3}, Jo Vandesompele^{1,3,4}, Yao Chen^{1,5}, Andreas Untergasser^{6,7}, Alexandra Whale⁸, Jim Huggett^{8,9}, Afif Abdel Nour¹⁰, Young-Kyung Bae¹¹, Alexandra Bogozalec Kosir¹², Stephen Bustin¹³, George Calin¹⁴, Megan Cleveland¹⁵, Daniela Drandi¹⁶, Amin Forootan¹⁷, Carole Foy⁸, David Gleerup^{1,2}, Hua-Jun He¹⁵, Jan Helleman⁴, Mikael Kubista¹⁸, Antoon Lievens¹, Mojca Milavec¹², Michael W. Pfaffl¹⁹, David Porco²⁰, Stefan Rödiger²¹, Erica Romsos¹⁵, Valerie Taly^{22,23}, Olivier Thas^{1,4,24,25} and Ward De Spiegelaere^{1,2}

¹ Digital PCR Consortium, Ghent University, Ghent, Belgium; ² Department of Morphology, Ghent University, Merelbeke, Belgium; ³ OncoRNALab, Ghent University, Ghent, Belgium; ⁴ pxlence, Ghent, Belgium; ⁵ Department of Applied Mathematics, Computer Science and Statistics, Ghent University, Belgium; ⁶ Genomics Core Facility, EMBL Heidelberg, Heidelberg, Germany; ⁷ Zentrum für Molekulare Biologie, University of Heidelberg, Heidelberg, Germany; ⁸ National Measurement Laboratory (NML) at LGC, Teddington, UK; ⁹ School of Biosciences & Medicine, Faculty of Health & Medical Science, University of Surrey, Guildford, UK; ¹⁰ School of Engineering, The Holy Spirit University of Kaslik, Jounieh, Lebanon; ¹¹ Center for Bioanalysis, KRISS, Yuseong-gu, Daejeon, Republic of Korea; ¹² Department of Biotechnology and Systems Biology, National Institute of Biology, Ljubljana, Slovenia; ¹³ Medical Technologies Research Centre, Faculty of Health, Education, Medicine & Social Care, Anglia Ruskin University, Essex, UK; ¹⁴ Division of Pathology-Lab Medicine, MD Anderson, University of Texas, Texas, USA; ¹⁵ National Institute of Standards and Technology, Gaithersburg, MD; ¹⁶ Department of Molecular Biotechnologies and Health Sciences, University of Torino, Turin, Italy; ¹⁷ Institute of Biotechnology of the Czech Academy of Sciences, Vestec, Czech Republic; ¹⁸ Multid Analyses, Västra Frölunda, Sweden; ¹⁹ Animal Physiology and Immunology, School of Life Sciences Weihenstephan, Technical University of Munich, Freising, Germany; ²⁰ National Museum of Natural History, 25, rue Münster, L-2160 Luxembourg; ²¹ Faculty of Health Sciences, Joint Faculty of the Brandenburg University of Technology Cottbus – Senftenberg, The Brandenburg Medical School Theodor Fontane and the University of Potsdam, Berlin, Germany; ²² Centre de Recherche des Cordeliers, INSERM, Sorbonne Université, Université de Paris; ²³ Equipe labellisée Ligue Nationale Contre le Cancer, Paris, France; ²⁴ Data Science Institute, Hasselt University, Hasselt, Belgium; ²⁵ National Institute for Applied Statistics Research Australia, University of Wollongong, Wollongong, Australia;

EUDIP2024, European Digital PCR Symposium 2024, 6-8 February 2024, Ghent, Belgium

Identification of a circulating HNSCC proteomic biomarker signature from peripheral and local tumor plasma before/after tumor removal surgery

Dapi Menglin Chiang^{1,2,5}, Christina Ludwig³, Chen Meng³, Marlene Reithmair², Laura Benecke^{4,5}, Yannik da Silva^{4,5}, Laurent Muller^{4,5} and Michael W. Pfaffl¹

¹Division of Animal Physiology and Immunology, School of Life Sciences, Technical University of Munich, Freising Weihenstephan, Germany; ²Institute of Human Genetics, University Hospital, LMU Munich, Munich, Germany; ³Bavarian Center for Biomolecular Mass Spectrometry (BayBioMS), Technical University of Munich (TUM), Freising Weihenstephan, Germany; ⁴Department of Otorhinolaryngology, Head and Neck Surgery, University Hospital of Basel, Switzerland; ⁵Department of Biomedicine, University of Basel, Switzerland;

ISEV Symposium 2024, 9-12 May 2024, Melbourne, Australia.

A validated workflow and bioinformatic analysis pipeline for extracellular vesicle-based RNA biomarker signature discovery in molecular diagnostics

Christian Grätz¹, Benedikt Kirchner¹, Marlene Reithmair², Florian Brandes³, Agnes S. Meidert³, Gustav Schelling³, Michael W. Pfaffl¹

¹Department of Animal Physiology and Immunology, School of Life Sciences, Technical University of Munich, Freising, Germany; ²Institute of Human Genetics, University Hospital, Ludwig-Maximilians-University Munich, Munich, Germany; ³Department of Anesthesiology, University Hospital, Ludwig-Maximilians-University Munich, Munich, Germany;

ISEV Symposium 2024, 9-12 May 2024, Melbourne, Australia.

Preconception paternal and maternal smoking alters gene expression in the early murine embryo and aggravates AHR and eosinophilia in adult offspring

Barbara Hammer^{1,2}, Eistine Boateng^{1,3}, Benedikt Kirchner⁴, Draginja Kovacevic², Sheikh Anika Rahman¹, Michael W. Pfaffl⁴, John W. Holloway^{5,6}, Cecilie Svanes^{7,8}, Susanne Krauss-Etschmann^{1,2,9}

¹ Early Life Origins of CLD, Priority Area Asthma and Allergies, Research Center Borstel, Leibniz Lung Center, Borstel; Member of the German Center for Lung Research (DZL), Germany; ² DZL Laboratory for Experimental Microbiome Research, Research Center Borstel, Airway Research Center North (ARCN), German Center for Lung Research (DZL), Borstel, Germany; ³ Division of Pulmonary and Critical Care Medicine, Department of Internal Medicine, University of Michigan, Ann Arbor, MI, United States; ⁴ Division of Animal Physiology and Immunology, TUM School of Life Sciences, Technical University of Munich, Freising, Germany; ⁵ Human Development and Health, Faculty of Medicine, University of Southampton, University Hospital Southampton, Southampton SO16 6YD, UK; ⁶ NIHR Southampton Biomedical Research Centre, University Hospital Southampton, Southampton SO16 6YD, UK; ⁷ Centre for International Health, University of Bergen, Bergen, Norway; ⁸ Department of Occupational Medicine, Haukeland University Hospital, Bergen, Norway; ⁹ Institute for Experimental Medicine, Christian-Albrechts-Universität zu Kiel, Kiel, Germany

EAACI 2024 Congress, 31st May - 3rd of June 2024, Valencia, Spain

A validated workflow and bioinformatic analysis pipeline for extracellular vesicle-based RNA biomarker signature discovery in molecular diagnostics

Christian Grätz¹, Benedikt Kirchner¹, Marlene Reithmair², Florian Brandes³, Agnes S. Meidert³, Gustav Schelling³, Michael W. Pfaffl¹

¹Department of Animal Physiology and Immunology, School of Life Sciences, Technical University of Munich, Freising, Germany; ²Institute of Human Genetics, University Hospital, LMU Munich, Munich, Germany; ³Department of Anesthesiology, University Hospital, Ludwig-Maximilians-University Munich, Munich, Germany

ISEV Symposium 2024, 9-12 May 2024, Melbourne, Australia

Identification of a circulating HNSCC proteomic biomarker signature from peripheral and local tumor plasma before/after tumor removal surgery

Dapi Menglin Chiang^{1,2,5}, Christina Ludwig³, Chen Meng³, Marlene Reithmair², Laura Benecke^{4,5}, Yannik da Silva^{4,5}, Laurent Muller^{4,5}, Michael W. Pfaffl¹

¹Division of Animal Physiology and Immunology, School of Life Sciences, Technical University of Munich, Freising Weihenstephan, Germany; ²Institute of Human Genetics, University Hospital, LMU Munich, Munich, Germany; ³Bavarian Center for Biomolecular Mass Spectrometry (BayBioMS), Technical University of Munich (TUM), Freising Weihenstephan, Germany; ⁴Department of Otorhinolaryngology, Head and Neck Surgery, University Hospital of Basel, Switzerland; ⁵Department of Biomedicine, University of Basel, Switzerland;

ISEV Symposium 2024, 9-12 May 2024, Melbourne, Australia

Decrypting the molecular basis of cellular drug phenotypes by dose-resolved expression proteomics

Nicola Beate Berner^{1,2,3}, Stephan Eckert^{1,2,3}, Karl Kramer¹, Annika Schneider¹, Julian Müller¹, Severin Lechner¹, Sarah Brajkovic¹, Amirhossein Sakhteman¹, Christian Graetz¹, Jonas Fackler⁴, Michael Dudek⁴, Michael Pfaffl¹, Percy Knolle⁴, Stephanie Wilhelm¹, Bernhard Kuster^{1,2}

¹Technical University of Munich (TUM), Freising, Germany; ²German Cancer Consortium (DKTK), Partner Site Munich, Munich, Germany; ³German Cancer Research Center (DKFZ), Heidelberg, Germany; ⁴Technical University of Munich (TUM), Munich, Germany;

American Society for Mass Spectrometry (ASMS 2024), 2. – 6. June 2024, Convention Center, Anaheim, California, USA

Cigarette smoking during puberty affects gene expression in murine early embryos and causes AHR and pulmonary eosinophilia in adult offspring

Barbara Hammer^{1,2}, Eistine Boateng^{1,3}, Benedikt Kirchner⁴, Draginja Kovacevic², Sheikh Anika Rahman¹, Michael W. Pfaffl⁴, John W. Holloway^{5,6}, Cecilie Svanes^{7,8}, Susanne Krauss-Etschmann^{1,2,9}

¹ Early Life Origins of CLD, Priority Area Asthma and Allergies, Research Center Borstel, Leibniz Lung Center, Borstel; Member of the German Center for Lung Research (DZL), Germany; ² DZL Laboratory for Experimental Microbiome Research, Research Center Borstel, Airway Research Center North (ARCN), German Center for Lung Research (DZL), Borstel, Germany; ³ Division of Pulmonary and Critical Care Medicine, Department of Internal Medicine, University of Michigan, Ann Arbor, MI, United States; ⁴ Division of Animal Physiology and Immunology, TUM School of Life Sciences, Technical University of Munich, Freising, Germany; ⁵ Human Development and Health, Faculty of Medicine, University of Southampton, University Hospital Southampton, Southampton SO16 6YD, UK; ⁶ NIHR Southampton Biomedical Research Centre, University Hospital Southampton, Southampton SO16 6YD, UK; ⁷ Centre for International Health, University of Bergen, Bergen, Norway; ⁸ Department of Occupational Medicine, Haukeland University Hospital, Bergen, Norway; ⁹ Institute for Experimental Medicine, Christian-Albrechts-Universität zu Kiel, Kiel, Germany;

The annual meeting 2024 of the German Center for Lung Research (DZL), 5-7 June 2024: DZL Annual Meeting in Bad Nauheim, Germany.

Development of an extracellular vesicle-associated transcriptomic biomarker signature for vandetanib treatment response of anaplastic thyroid cancer cells

Christian Grätz¹, Prashant Changoer², Benedikt Kirchner^{1,3}, Marlene Reithmair³, Romana Netea-Maier², Michael W. Pfaffl¹

¹ Department of Animal Physiology and Immunology, School of Life Sciences, Technical University of Munich, Freising, Germany; ² Department of Internal Medicine, Radboud University Medical Center, Nijmegen, The Netherlands; ³ Department of Anesthesiology, University Hospital, Ludwig-Maximilians-University Munich, Munich;

RExPO24 Conference, 3-5 July, Die Macherei, Munich, Germany

Therapy response monitoring in anaplastic thyroid cancer cells using extracellular vesicle-associated RNA

Christian Grätz¹, Prashant Changoer², Benedikt Kirchner^{1,3}, Martin Jaeger², Marlene Reithmair³, Romana Netea-Maier², Michael W. Pfaffl¹

1 Department of Animal Physiology and Immunology, School of Life Sciences, Technical University of Munich, Freising, Germany; 2 Department of Internal Medicine, Radboud University Medical Center, Nijmegen, The Netherlands; 3 Institute of Human Genetics, University Hospital, Ludwig-Maximilians-University Munich, Munich;

1st – 2nd October 2024, GSEV Aumun Meeting 2024, Hamburg, Germany.

Proteomic alterations in bacterial and human vesicles under various antibiotic treatments in blood spiked with Staphylococcus aureus.

Dapi Menglin Chiang^{1,2}, Michael W. Pfaffl¹, Agnes Meidert³, Florian Brandes³, Gustav Schelling³, Christina Ludwig⁴, Susanne I Wudy⁴, Benedikt Kirchner¹, Mia S.C. Yu¹, Christian Zenner⁵, Laurent Muller^{6,7}, and Marlene Reithmair²

1Division of Animal Physiology and Immunology, School of Life Sciences Weihenstephan, Technical University of Munich (TUM), 85354 Freising, Germany; Institute of Human Genetics, University Hospital, LMU Munich, 80336 Munich, Germany; Department of Anesthesiology, University Hospital, LMU Munich, 81377 Munich, Germany; Bavarian Center for Biomolecular Mass Spectrometry (BayBioMS), Technical University of Munich (TUM), Freising, Germany; 5Intestinal Microbiome, ZIEL - Institute for Food & Health, School of Life Sciences, Technical University of Munich (TUM), Freising, Germany; 6Department of Otorhinolaryngology, Head and Neck Surgery, University Hospital of Basel, Switzerland; 7Department of Biomedicine, University of Basel, Switzerland;

1st – 2nd October 2024, GSEV Aumun Meeting 2024, Hamburg, Germany.

Detection of Bacterial Membrane Vesicle-associated RNA in Sepsis Patient Samples for Diagnostics

Mia Yu¹, Adam Nunn², Florian Brandes³, Gustav Schelling³, Benedikt Kirchner⁴, David Langenberger², Marlene Reithmair⁴, Michael W. Pfaffl¹

1Division of Animal Physiology and Immunology, School of Life Sciences Weihenstephan, Technical University of Munich, Freising, Germany; 2ecSeq Bioinformatics GmbH, Leipzig, Germany; 3Department of Anesthesiology, University Hospital, LMU Munich, Munich, Germany; 4Institute of Human Genetics, University Hospital, LMU Munich, Munich, Germany;

1st – 2nd October 2024, GSEV Aumun Meeting 2024, Hamburg, Germany.

Künstliche Intelligenz (KI) in der Veterinärdiagnostik -- Bestimmung der Zellzahl und der Milchezellpopulationen im Hochdurchsatz

Michael W. Pfaffl¹, Sabine Farschtschi¹, Manuel Lengl², Stefan Röhl², Christian Klenk³, Oliver Hayden³, Klaus Diepold²

1 Division of Animal Physiology and Immunology, TUM School of Life Sciences, TU München; 2 Chair of Data Processing, TUM School of Computation, Information and Technology, TU München; 3 Heinz-Nixdorf-Chair of Biomedical Electronics, TUM School of Computation, Information and Technology, TranslaTUM, TU München;

Milchwissenschaftliche Herbsttagung, 10. – 11. Oktober 2024, Freising-Weihenstephan, Germany

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

Adresse

Weihenstephaner Berg 1
D-85354 Freising-Weihenstephan
Telefon: 08161-71-2507
Internet: <https://www.verband-weihenstephan.de>
E-Mail: info@verband-weihenstephan.de



Geschäftsführung

Magdalena Bock, Christina Peternell & Marie-Luise Schlieker

Vorstand

Prof. Dr. Horst-Christian Langowski

Struktur des Verbandes

Neuentwicklungen bei den Verbandsmitgliedern

Der Verband Weihenstephaner Milchwirtschaftler, Bio- und Lebensmitteltechnologien e.V. ist ein unabhängiger Berufsverband für die Lebensmittel- und Bioprozesstechnikbranche mit derzeit 1881 Mitgliedern (Stand 01.10.2024). Im Geschäftsjahr 2024 konnten wir 29 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 2024 trat Herr Prof. Dr. Ulrich Kulozik von seinem Amt als Vorstandsmitglied zurück. Wir danken ihm herzlich für sein langjähriges Engagement und seinen wertvollen Beitrag im Vorstand. Als neues Vorstandsmitglied wurde Herr Prof. Dr.-Ing. Marius Henkel einstimmig gewählt.

Zudem gibt Frau Dr. Eva Guyot ihre Position als Geschäftsführerin ab. Bereits seit dem 1. August 2023 wird die Geschäftsführung durch Frau Marie-Luise Schlieker tatkräftig unterstützt.

Zielsetzungen des Verbandes

Der Verband Weihenstephaner Milchwirtschaftler, Bio- und Lebensmitteltechnologe 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

Magdalena Bock, Christina Peternell & Marie-Luise Schlieker

I. Herbsttagung 2023

Die traditionsreiche Weihenstephaner Milchwirtschaftliche Herbsttagung fand im Jahr 2024 am 10. und 11. Oktober statt. Da die hybride Veranstaltung aus den vergangenen Jahren großen Anklang gefunden hat, wurde auch die Herbsttagung 2024 online für unsere interessierten Mitglieder übertragen. Mit insgesamt 189 angemeldeten Teilnehmern war die Veranstaltung in den Räumlichkeiten der Forstwissenschaften ein voller Erfolg.

II. 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 Anna Bock für ihre Arbeit mit dem Thema „Charakterisierung proteinangereicherter Konzentrate – Einfluss der Fraktionierungsmethode auf die funktionellen Eigenschaften von Lupinen- und Erbsenproteinen“. Frau Bock war am Lehrstuhl für Food Process Engineering unter der Leitung von Prof. Dr.-Ing. Petra Först 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 Michelle Müller. Ihre Arbeit trägt den Titel „Characterization of meat analogues made of protein fibers: A granulometric approach“. Frau Müller hat ihre mit der Bestnote 1,0 bewertete Arbeit am Lehrstuhl für Systemverfahrenstechnik unter der Leitung von Prof. Dr.-Ing. Heiko Briesen angefertigt.

Den mit 2.000 EUR dotierten Preis für die beste Doktorarbeit erhielt in diesem Jahr Herr Dr. Florian Utz. Die Doktorarbeit trägt den Titel „Molekular-sensorische Untersuchungen zum Flavor fettreduzierter Milchmodell-Systeme“. Diese wurde von Prof. Dr. Corina Dawid am Lehrstuhl für Lehrstuhl für Lebensmittelchemie und Molekulare Sensorik betreut.

III. Ehrungen

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

Im Jahr 2024 waren Herr Martin Norbert, Herr Stefan Kroll, Herr Rudi Madel, Frau Ilse Taufer, Herr Dirk Rehmann, Herr Peter Kurz, Frau Claudia Link-Heinrich, Herr Florian Wallner, Herr Friedrich Körner, Herr Julius Wilhelm, Frau Eva Eigel-Trautmannsberger, Herr Wolfgang Schlößer, Frau Barbara Fiedler, Herr Eckbert Adam Dauer, Herr Johannes Schraid, Frau Brigitte Wolff, Herr Thomas Birus, Herr Rochus Höbel, Herr Christian Fink, Frau Angelika Röckl, Frau Petra Amschler, Herr Anton Auer, Herr Udo Klotzbücher, Herr Sebastian Bichlmaier, Frau Dorothea Auerswald, Herr Manfred Huss, Herr Reinhard Behringer, Frau Annegret Karsch-Keller, Herr Walter Bertisch, Herr Fritz Steber, Herr Hans-Joachim Beyer und Herr Johann Immerz bereits 40 Jahre lang Mitglieder im Verband. Herr Frank Erich, Herr Adolf Wichmann, Herr Werner Hackenschmied, Herr Gerhard Metzger und Herr Günter Liebert können sogar bereits das 60-jährige Jubiläum im Verband feiern. Wir gratulieren und

bedanken uns bei allen Jubilaren ganz herzlich für ihre Unterstützung und Treue.

IV. Preisstiftung für Innovationswettbewerb Lebensmittel (IGL Food)

Zum erneuten 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 Loewe für Ihre herausragende Entwicklung eines innovativen Essen basierend auf dem Löwenmähenpilz.



V. 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 Lebensmitteltechnologien freut sich sehr, in diesem Jahr Studierende der Lebensmittelqualität, der Biotechnologie und der Lebensmitteltechnologie zu fördern.

Frau Marina Eckmeier	Lebensmittelqualität, HSWT
Frau Christina Loibl	Biotechnologie, HSWT
Herr Kilian Lupp	Lebensmitteltechnologie, 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

Vorstandssitzung am	06.03.2024
Vorstandssitzung am	09.10.2024
Mitgliederversammlung am	10.10.2024

Verleihungsrichtlinien

zum Preis des Verbandes Weihenstephaner Milchwirtschaftler, Bio- und Lebensmitteltechnologe e.V. für Bachelorarbeiten, Masterarbeiten sowie Doktorarbeiten

Präambel

Der Verband Weihenstephaner Milchwirtschaftler, Bio- und Lebensmitteltechnologe e.V. (WMBL) ist einer der traditionsreichsten Hochschulverbände mit nahezu 2000 Mitgliedern. Das stetige Wachsen des Verbandes ist eng mit den Erfolgen der Absolvent*innen der Lebensmittelforschung 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 ermutigen, sich an den Einrichtungen der Lebensmittelforschung weiter zu engagieren.

Dotierung

Die Preise werden je nach Kategorie mit folgenden Beiträgen 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 Arbeit im Zusammenhang mit einer überdurchschnittlichen Bewertung handeln.
- Die Arbeit muss dem Themenbereich der Lebensmittelforschung zugeordnet werden können, 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 Bewerbungsformular (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 Vorjahres 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 Verbandes jährlich bei der Weihenstephaner Milch- und Lebensmittelwissenschaftlichen Herbsttagung, üblicherweise im Oktober, verliehen. Nur der Vorstand des Verbandes ist berechtigt die Preisträger*innen öffentlich bekannt zu geben.

Jury

Die Jury besteht aus 5 Professor*innen der Technischen Universität München und der Hochschule Weihenstephan-Triesdorf. Die Jury kontrolliert, ob die vorgeschlagenen Kandidat*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 Entscheidung der Jury ist unanfechtbar. Ein Rechtsanspruch auf Zuerkennung eines Preises besteht nicht.

Bewerbungsformulare können bei der Geschäftsführung des Verbandes angefordert werden.

Schon gewusst?

Einstiegsmöglichkeiten ganz nach
Deinem Geschmack gibt's bei der
Molkerei Weihenstephan in Freising.

Wir suchen Dich (m/w/d) für ein Praktikum / eine
Werkstudentenstelle in der:

» **Sensorik**

» **Produktentwicklung**



Neugierig? Mehr erfahren unter
muellergroup.com/karriere

oder bewirb Dich direkt unter
jobs@muellergroup.com



Unternehmensgruppe
Theo Müller



VIEL MEHR ALS DU DENKST.



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

Adresse

c/o Food Process Engineering
Prof. Dr.-Ing. Petra Först
Weihenstephaner Berg 1, 85354 Freising
Telefon: 08161-71-4205
Mail: foerderverein.weihenstephan@gmx.de

Vorstand

Vorsitzender	Dr. Johannes Schraml
Stellvertr. Vorsitzender	Dr. Thomas Obersojer
Stellvertr. Vorsitzender	Dr. Timo Winkelmann
Geschäftsführerin	Prof. Dr.-Ing. Petra Först

Zweck und Ziele der Fördervereinigung

Die Fördervereinigung wird getragen von ca. 60 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 initiiert, 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, 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

Trächtigkeitsfrüherkennung mittels Extrazellulären Vesikeln (EVs) in Blut und Rohmilch bei Milchrindern

Professur für Food Process Engineering

Direktgelierung von mizellarem Casein mittels Extrusion zur Erzeugung käseähnlicher Strukturen

Professur für Functional Materials for Food Packaging

Validierung der asymmetrischen Fluss-Feldflussfraktionierung an Proteinen

Professur für Cellular Agriculture

Untersuchungen zur Effizienz bei der mikrobiellen Herstellung von Caseinen und anderen Lebensmittelproteinen (mRNA Transkript-Mengen-Quantifizierung mittels qPCR)

Professur für Biothermodynamik

Entwicklung einer isothermen Kalorimetrie-Methode zur Bewertung der Haltbarkeit von Lebensmitteln und zum Screening von natürlichen Konservierungsstoffen

Lehrstuhl für Systemverfahrenstechnik

Digital Twin für die Prozesskette der Laktoseherstellung

Eine besondere Rolle spielen in diesem Zusammenhang die öffentlichen, durch das Bundesministerium für Wirtschaft und Technologie (BMWi) geförderten Forschungsprojekte im Rahmen der „Industriellen Gemeinschaftsforschung (IGF)“, die über den Forschungsbereich 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 EUR	bis 10 Mio. EUR Umsatz
	1000,00 EUR	über 10-50 Mio. EUR Umsatz
	2500,00 EUR	Über 50-125 Mio. EUR Umsatz
	3750,00 EUR	über 125-250 Mio. EUR Umsatz
	5000,00 EUR	Über 250 Mio. EUR Umsatz

2. Einzelmitglieder

Mindestbeitrag	100,00 EUR
----------------	------------

Informationstransfer Mitgliederinformation

Ein wichtiges Hilfsmittel zum Informationsaustausch ist der "**Wissenschaftliche Jahresbericht**", der mit Unterstützung der Vereinigung zusammengestellt wird. Neben diesem Bericht sind auch regelmäßige Rundschreiben ein wesentlicher Beitrag zur Informationspolitik der Vereinigung.

Ferner führt die Fördervereinigung gemeinsam mit dem Verband Weihenstephaner Milchwirtschaftler, Bio- und Lebensmitteltechnologien e.V. die „**Weihenstephaner Milch- und Lebensmittelwissenschaftliche 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.

Die Institute bieten auf Anfrage **Beratung** auch für unternehmensspezifische Fragestellungen (z.B. Technologie- bzw. Investitionsentscheidungen, Produktions- und Absatzoptimierung) an.

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

Interessierte Neumitglieder können das nachstehend abgedruckte Beitrittsformular verwenden.

**Vereinigung zur Förderung der
Milchwissenschaftlichen Forschung
an der Technischen Universität München
in Freising-Weihenstephan e.V.**

c/o Food Process Engineering
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

BEITRITTSERKLÄRUNG

Ich (wir) erkläre(n) meinen (unseren) Beitritt zur Vereinigung zur Förderung der Milchwissenschaftlichen Forschung an der TU München in Freising-Weihenstephan e.V. ab und werde(n) gemäß Satzung/Beitragsordnung einen jährlichen Förderungsbeitrag von € leisten. Die Bedingungen der Mitgliedschaft sind mir (uns) aus den mir (uns) übermittelten Satzungen der Vereinigung bekannt.

Name:

bzw. Firma:

Anschrift:

....., den

.....

(Unterschrift)