

Liebe Mitglieder unserer Fachgruppe,

Das Programm unseres Fachgruppentreffen, das vom 12. bis 13.9.24 bei der Firma Novonesis in Pohlheim bei Gießen stattfindet, konkretisiert sich immer mehr.

Das Programm ist auch auf der Homepage einsehbar und wird dort immer wieder aktualisiert.

Ich möchte euch gerne ein paar inhaltliche Informationen geben, damit ihr bei euren Vorgesetzten bessere Argumente zur Anmeldung habt 😊!

Am Freitag stehen inhaltlich die Starterkulturen im Mittelpunkt. **Melanie Huch** vom Max-Rubner-Institut Karlsruhe beginnt mit einem kurzen Überblick über die Geschichte und Definition der Fermentation zur Lebensmittel-Prozessierung und Haltbarmachung. Es wird auf die heutige Wahrnehmung aus Verbrauchersicht, die Positionierung der Fermentation innerhalb der Ernährungspyramide und auf die eigenen Arbeiten eingegangen.

Aberundet wird der Vortrag mit einem Ausblick auf aktuelle und zukünftige Neuentwicklungen (Stichwort Precision Fermentation).

Katharina Dahlmann, Firma Hamilton, Schweiz, wird in ihrem Vortrag mit dem Titel „Messsonden in der Lebensmittelindustrie“ einen Überblick über entsprechende Messmethoden geben und welche Parameter mit diesen gemessen werden können, um eine Starterkultur mit entsprechenden Ansprüchen zu erhalten. Dabei wird sie auch auf die Skalierung von Prozessen eingehen.

Melina Piesch, Arbeitsgruppe Agnes Weiß Hamburg, wird uns einen Einblick in die Verwendung von gentechnisch veränderten Starterkulturen geben, die vielleicht eines Tages tatsächlich zum Einsatz kommen. Das Interesse an proteinangereicherten Produkten ist in den letzten Jahren stark gestiegen. Es wurde gezeigt, dass bei der Fermentation von Milchprodukten *Lactococcus lactis* Stämme bittere Peptide bilden können. Zentral ist hierbei die Frage, wie der Einsatz von *L. lactis* als Starterkulturen mit dem Gehalt an Bitterpeptiden zusammenhängt und wie dieser Gehalt verändert werden kann. Das aktuelle Forschungsvorhaben besteht darin, gezielt Gene eines *L. lactis* Stammes mittels Genomics-Methoden genetisch zu verändern, um eine Mutante und den Wild-Typ eines Stammes zu vergleichen. Hierzu wurde zunächst die Genome von zwei *L. lactis* Starterkulturen sequenziert und Unterschiede zu bekannten *L. lactis* Stämmen analysiert. Durch bioinformatische Methoden werden die Herausforderungen der Genom-Editierung in *L. lactis* Starterkulturen visualisiert und molekularbiologische Möglichkeiten diskutiert.

Die Anzahl der Teilnehmer*innen ist auf 25 begrenzt! Ich empfehle, sich schnell anzumelden!



Zur Anmeldung, siehe QR-Code!



Viele Grüße von eurem Fachgruppensprecher
Andreas Seiffert-Störiko