
Wege zur Selektion von Starterkulturen für innovative Lebensmittel

Dr. Agnes Weiß

Universität Hohenheim, Institut für Lebensmittelwissenschaft und Biotechnologie,
FG Lebensmittelmikrobiologie und -hygiene

Weltweit werden Starterkulturen zur industriellen Produktion fermentierter Lebensmittel eingesetzt, da sie kontrollierte Fermentationen mit geringem Ausschuss ermöglichen. Die Produkte sind mikrobiologisch sicher, für den Konsumenten ernährungsphysiologisch wertvoll und lassen für den Produzenten eine höhere Produktwertschöpfung zu.

Bevor Stämme als Starterkulturen eingesetzt werden können, müssen sie nach GRAS (Generally Recognized As Safe) oder QPS (Qualified Presumption of Safety) evaluiert werden, was eine taxonomische Klassifizierung auf Stammebene voraussetzt. Neben der prinzipiellen Eignung sollen die Stämme auch auf ihre Unbedenklichkeit und Durchsetzungsfähigkeit geprüft werden. So sollen sie keine Antibiotikaresistenz- und Toxingene aufweisen sowie keine biogenen Amine und Toxine bilden. Die Produktion von Aromen und die Bildung gewisser Enzyme wie der Nitratreduktase zur Umrötung von Rohwürsten ist erwünscht. Die Stämme sollen im Produkt entweder überleben oder wachsen können und die gewünschte metabolische Aktivität aufweisen.

In der Regel wurden Stämme basierend auf Erfahrungswerten ihrer langjährigen Anwendung oder auf Ergebnissen von In-vitro-Screenings ausgewählt. Da bei Laborexperimenten in Nährlösungen und unter optimalen Bedingungen für die Stämme gearbeitet wird, sind diese Ergebnisse schlecht auf die tatsächlichen Gegebenheiten im Lebensmittel übertragbar. Weiter wird bei Untersuchungen oft nicht berücksichtigt, dass die Stämme im Lebensmittel auch mit anderen Mikroorganismen der autochthonen Mikrobiota sowie anderen Starterkulturstämmen interagieren. Bei der Selektion von Starterkulturen für innovative Lebensmittel müssen daher diese klassischen Methoden mit modernen Omics-Techniken wie Genomik, Transkriptomik und Metabolomik verknüpft werden. Die Genomik gibt Aufschluss, welche Gene überhaupt in den Stämmen vollständig vorhanden sind. Dies ist besonders relevant für Stämme, die Plasmide enthalten. Mittels Transkriptomik können Rückschlüsse auf die Transkription einzelner Gene unter verschiedenen Umweltbedingungen gezogen werden. Durch Metabolomik können die komplexen Stoffwechselforgänge detailliert untersucht werden. Dadurch gewinnt man aussagekräftige Einblicke in den Metabolismus der Stämme unter realen Bedingungen, was eine gezielte Auswahl von Stämmen und die Entwicklung innovativer Produkte ermöglicht. Der Einsatz dieser Techniken wird an einem aktuellen Forschungsprojekt zur Selektion von Starterkulturen zur Produktion nicht-bitterer, proteinreicher fermentierter Milchprodukte dargestellt.