

– Die Differenzierung und Identifizierung von Bakterien mit klassischen bakteriologischen Methoden stößt zunehmend an Grenzen, wenn es um Fragen der Stammdifferenzierung (z.B. Probiotika), des Nachweises gentechnischer Veränderungen oder um den Nachweis nicht-kultivierbarer Organismen geht. Molekulare DNA Nachweisverfahren gewinnen in diesen Bereichen zunehmend an Bedeutung. Für einen gentechnisch veränderten *S. thermophilus*-Stamm wurde eine §35 LMBG-Methode entwickelt und erfolgreich im Ringversuch getestet. Der Nachweis der Fermentationsorganismen in thermisiertem Joghurt läßt sich ebenfalls über molekulare DNA Nachweistekniken durchführen.

NEVE, H., ZENZ, K.I., KOCH, A., HELLER, K.J.: **Neue molekularbiologische Werkzeuge für *Streptococcus thermophilus*: Das Lysogeniemodul im Genom des temperenten Bakteriophagen TP-J34.** Vortrag anlässlich der Tagung der Deutschen Gesellschaft für Milchwissenschaft am 11./12. September 1997 in Berlin (Milchkonferenz '97), S. 12.

#### 26 *Streptococcus thermophilus* (Molekularbiologie)

Bakteriophagen der Milchsäurebakterien wurden bisher vorrangig in Hinblick auf eine optimierte Phagenresistenz der Starterkulturen bearbeitet. In jüngster Zeit konzentrierten sich die Arbeiten auf die Etablierung geeigneter molekularbiologischer „Werkzeuge“ mit Phagen-DNA. Temperente Phagen standen dabei aufgrund ihrer besonderen Phagenbiologie im Vordergrund, da diese Phagen (1) ihre DNA gezielt in das bakterielle Genom der Wirtszellen integrieren und (2) mit Hilfe eines genetischen Schalters (Repressorsystems) den virulenten Vermehrungszyklus zugunsten eines lysogenen Lebenszyklus unterbinden. Die Gene hierfür finden sich in einem kurzen Genombereich, der als „Lysogeniemodul“ bezeichnet wird.

Das Lysogeniemodul aus dem Genom des temperenten *Streptococcus thermophilus*-Phagen TP-J34 (Genomgröße: 47 kbp) wurde vollständig sequenziert. Mehrere Leseraster wurden identifiziert, deren abgeleitete Genprodukte für wesentliche Funktionen der lysogenen „Lebensweise“ determinieren. Hierzu zählen: (1) die phagenkodierte Integrase, die die Integration des Phagengenoms in die chromosomale DNA der Wirtszelle durch homologe Rekombination ermöglicht, (2) der genetische Schalter des Phagen mit regulatorischen Proteinen (Repressor und Antirepressorsystem), (3) ein phagenkodiertes Lipoprotein, das vermutlich die Oberfläche der Wirtszellen so verändert, daß die lysogene Kultur homogen wächst, während prophagenfreie Kulturen aggregieren (lysogene Konversion), (4) ein weiteres Genprodukt mit Homologien zu Immunitätsproteinen anderer Phagen.

Die 4 funktionellen Phagengenom-Bereiche sind die Basis für weitere Arbeiten (1) zur Konstruktion von „ort-spezifischen“ Integrationsvektoren (Integrasen), (2) zur Etablierung von regulierbaren Genexpressionssystemen (genetischer Schalter), (3) zur gezielten Veränderung der Bakterienoberfläche (Lipoproteinen) und (4) zur Konstruktion von phagenresistenten Stämmen (Immunitäts-gen des Phagen).

MOLKENTIN, J., PRECHT, D.: **Bedeutung von *trans*-Hexadecensäuren in bovinen Milchfetten und teilhydrierten Speisefetten.** Vortrag anlässlich der Tagung der

Deutschen Gesellschaft für Milchwissenschaft am 11./12. September 1997 in Berlin (Milchkonferenz '97), S. 33.

#### 44 **Milchfett** (*trans*-Hexadecensäuren)

Der Verzehr von *trans*-Fettsäuren, insbesondere von *trans*-Octadecensäuren (*trans*-C18:1), aus Nahrungsfetten wird mit einer Vielzahl gesundheitlicher Risiken in Verbindung gebracht. In den letzten Jahren wurden teilweise auch Korrelationen des Gehaltes an *trans*-Hexadecensäuren (*trans*-C16:1) in menschlichem Plasma oder Fettgewebe mit dem Risiko koronarer Herzerkrankungen gefunden, die sogar signifikanter sein sollten als für *trans*-C18:1. Da nach bisherigen Untersuchungen tierische Fette generell substantielle Mengen an *trans*-C16:1 enthalten sollen, nicht aber teilhydrierte Speisefette, wurde gefolgert, daß nur tierische Fette die negativen physiologischen Effekte hervorrufen.

Anhand einer Vortrennung mittels Silberionen-Dünnschichtchromatographie (Ag-TLC) konnte gezeigt werden, daß bei der gaschromatographischen Fettsäureanalyse selbst mit 100 m-Kapillarsäulen Überlappungen zwischen *trans*-C16:1-Isomeren und gesättigten C17-Säuren auftreten. Somit wurden bei früheren Studien ohne Anwendung von Ag-TLC wahrscheinlich häufig zu hohe *trans*-C16:1-Gehalte gemessen.

Es wurden deshalb die Gehalte an *trans*-C16:1 in 27 bovinen Milchfetten und 62 teilhydrierten Speisefetten mittels der Kombination von Ag-TLC und GC neu bestimmt. Danach kommen in Milchfetten durchschnittlich 0,13 % und in teilhydrierten Margarinen und Brat-/Backfetten auf pflanzlicher Basis 0,04 % bzw. 0,01 % *trans*-C16:1 vor (n = 56). Bezüglich des *trans*-C16:1-Gehaltes bestehen somit nur minimale Unterschiede zwischen Milchfetten und teilhydrierten Pflanzenfetten, die beide nur geringe *trans*-C16:1-Gehalte aufweisen.

Dagegen weisen Speisefette, die teilhydriertes Fischöl enthalten (n = 6), relativ hohe *trans*-C16:1-Gehalte von durchschnittlich 1,89 % auf. Des Weiteren enthalten diese Produkte neben den in vielen Fetten vorkommenden *trans*-Octadecensäuren zusätzlich – im Gegensatz zu bovinem Milchfett – hohe Mengen an *trans*-Eicosaensäuren (*trans*-C20:1) von durchschnittlich 4,49 %. In früheren Studien untersuchte Proben von menschlichem Plasma oder Fettgewebe mit besonders hohem *trans*-C16:1-Gehalt enthielten also wahrscheinlich auch viel *trans*-C20:1 und womöglich weitere ungesättigte *trans*-C22-Säuren, deren Wirkung bisher weitgehend unbekannt ist.

Theorien über eine Assoziation von *trans*-C16:1-Gehalten in menschlichen Lipiden mit dem Auftreten koronarer Herzerkrankungen sollten daher hinsichtlich des Beitrags einzelner Fette sowie auch der eventuellen Korrelation mit weiteren Fettsäuren überdacht werden.

SUHREN, G., BEUKERS, R., REICHMUTH, J.: **Beschreibung von Kriterien zur Beurteilung mikrobiologischer Hemmstofftests.** Vortrag anlässlich der Tagung der Deutschen Gesellschaft für Milchwissenschaft am 11./12. September 1997 in Berlin (Milchkonferenz '97), S. 71.

#### 88 **Hemmstofftests** (Beurteilungskriterien)

Mikrobiologische Hemmstofftests spielen beim Nachweis von Hemmstoffen oder als Suchtests für das Vorkommen von antimikrobiell wirksamen Substanzen auf MRL-Niveau (maximum residue limits) eine wichtige Rolle. Unter dem Druck der Festlegung von MRLs für eine