

## Rezept IMM Raspberry Sour (20 L)

### Malz vorbereiten

3.20 kg Pilsener Malz  
1.50 kg Weizenmalz hell  
0.25 kg CARAPILS®  
4.95 kg Gesamtschüttung

Malz mit Malzmühle schroten

### Maischplan

Einmaischen: 16.4 Liter Wasser auf 70°C erhitzen (ergibt 65°C nach Einmaischen). 5 min einmaischen.  
Maltoserast (1. Verzuckerung): Maische auf 60°C erhitzen und 55 min rasten.  
Abmaischen: Maische auf 75°C erhitzen und 10 min rasten.

### Läutern

Nachguss 15.4 Liter

Malzrohr aus dem Grainfather ziehen. Würze langsam ablaufen lassen. Bevor Treber trockenläuft immer etwas Nachguss nachgiessen.

Wenn der gesamte Nachguss durchgelaufen ist, die Würze auf 22°C abkühlen und in einen Gärbehälter überführen.

### Kettle Sour (Ansäuerung)

Die Abgekühlte Würze mit Lallemand WildBrew Philly sour anstellen. Der pH der Würze wird über Nacht auf 3.5 abgesenkt.

### Würzekochen

Kochdauer 60 min bei 100°C

#### Hopfen- und Zusatzzugabe

2.5 g Hallertauer Magnum (15.4%) 0 min nach Kochbeginn zugeben (Kochdauer 60 min)  
2.5g Hallertauer Magnum\_1 (15.4%) 30 min nach Kochbeginn zugeben (Kochdauer 30 min)  
5g Irish Moos 50 min nach Kochbeginn zugeben (Kochdauer 10 min)  
Für die Nachisomerisierungphase: 15g Galaxy (14.2%), 60 min nach Kochbeginn 15.0 g zugeben (Kochdauer 0 min)

### Whirlpool

Nach Abschluss des Würzekochens einen Whirlpool erzeugen und ca. 15 min warten, bis sich ein Trubkegel gebildet hat. Nach diesen 15 min. die Würze weiter auf 20°C abkühlen.

### Gärung

Abgekühlte Würze mit Fermentis SAFALE US-05 anstellen. Würze gut belüften durch Schütteln des Gärbehälters.

### Dry Hopping und Zusätze

35g Galaxy nach 5 Tag(e) zugeben und nach 7 Tag(e) entnehmen.  
75g Himbeeren pro Liter Würze nach 5 Tagen zugeben.

### Gärverlauf

Restextrakt regelmässig messen und Gärverlauf beobachten.

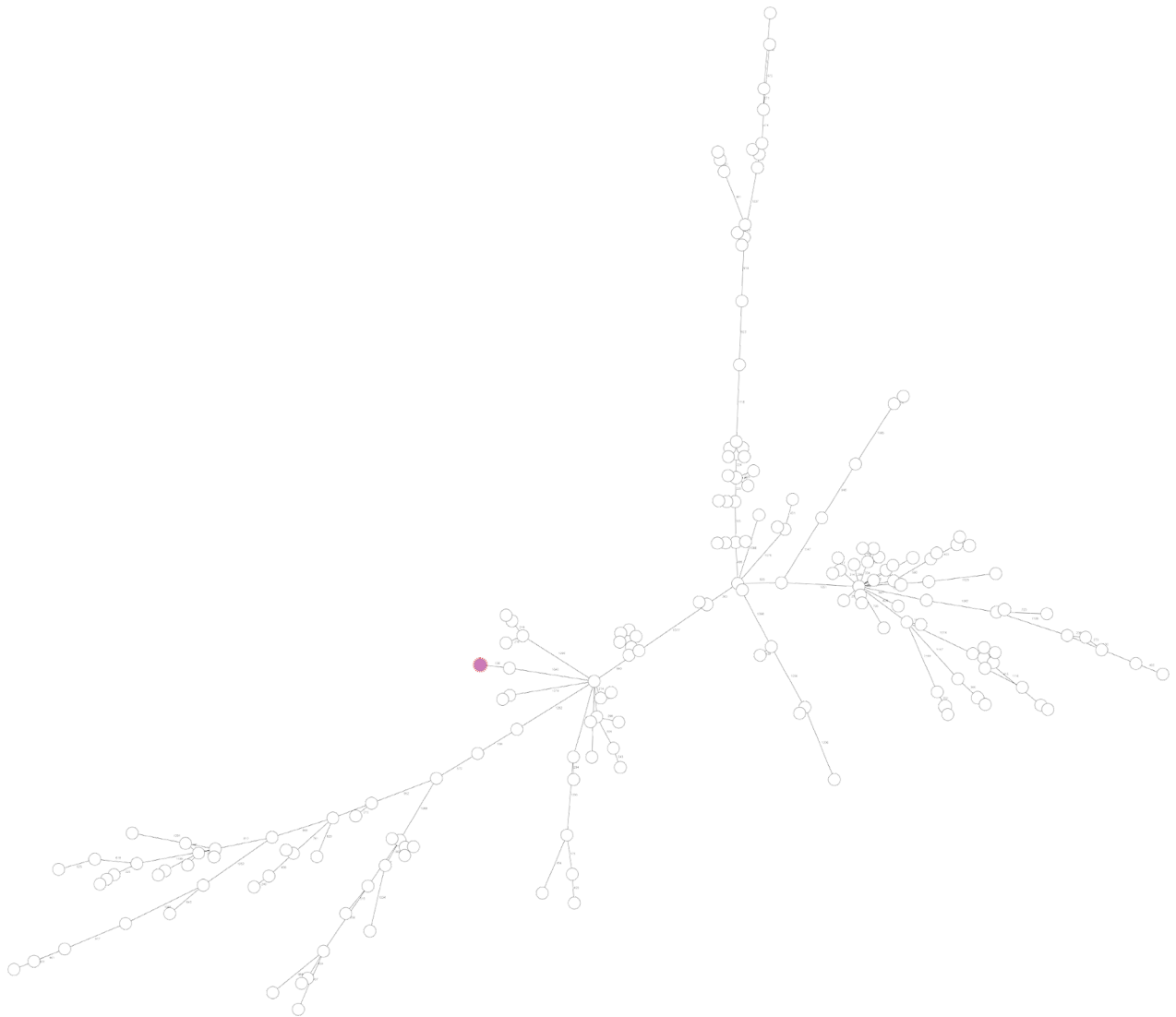
### Abfüllen

Ist die Würze fertig vergärt, 5.5g pro Liter Würze zugeben für die Flaschengärung.  
Flaschen ca. 2 Wochen bei RT lagern. Sobald der gewünschte Kohlensäuregehalt erreicht ist, Flaschen im Kühlschrank reifen lassen.



Braumeister: Daniel Gander





Minimum Spanning Tree of an ad hoc generated core genome scheme of *Lactiplantibacillus plantarum* using 1733 alleles. The IMM beer isolate is shown in colour, compared to 191 genomes from the database. The closest related isolate, UNQLp11, from Argentinian Pinot Noir in 2012, is 136 alleles distant.

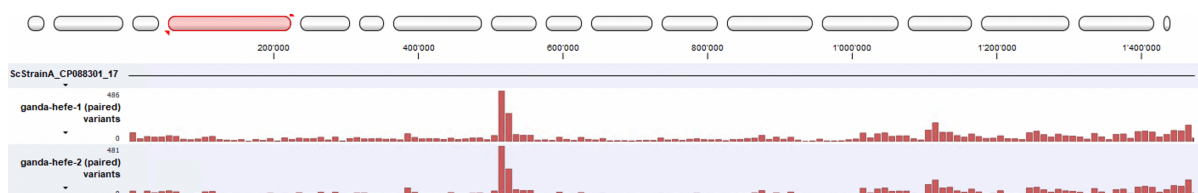


Figure of the 17 chromosomes of *S. cerevisiae* (top) and the comparison of the beer strains to the original reference strain (below) for chromosome 4 (red).

Genome read data is available under project accession [PRJEB78950](https://www.ebi.ac.uk/ena/browser/view/PRJEB78950)

Bioinformatics analysis courtesy of Dr. Helena Seth-Smith.