

Slutrapport SLF-projekt V1130006

Tilläggsansökan till SLF-projekt V0930028: Milk genomics – genernas betydelse för variationen i sammansättning och teknologiska egenskaper i svensk-dansk mjölk

*Prof. Marie Paulsson och Dr. Maria Glantz
Institutionen för Livsmedelsteknik, Lunds Universitet*

Bakgrund

Inom milk genomics studeras sambanden mellan gener och mjölkens kvalitet. Genom att identifiera gener som kontrollerar mjölkens egenskaper ges möjlighet inom avelsarbetet att välja ut kor som producerar mjölk med önskad sammansättning och processegenskaper och mjölk som gynnar konsumenternas hälsa. Genomisk selektion är en ny teknik inom avelsarbetet för att öka säkerheten vid urvalet av de bästa avelsdjuren. Detta tilläggprojekt är en del av SLF-projekt V0930028: ”Milk genomics – genernas betydelse för variationen i sammansättning och teknologiska egenskaper i svensk-dansk mjölk” för att kunna utnyttja den senaste tekniken inom området genomisk selektion. I projektet har ett högdensitetschip med 777 000 DNA-markörer använts för att genotypa kor av rasen Svensk Röd och Vit boskap (SRB) som har studerats i det svensk-danska milk genomics-projektet. Genupsättningen har därefter kopplats samman med variationer i mjölkens sammansättning och teknologiska egenskaper. Projektet har gett möjlighet att identifiera genmarkörer med potential att genom avel styra mot en framtida mjölkkråvara med önskade kvalitetsegenskaper.

Projektet är del utav ett samarbete, det svensk-danska milk genomics initiativet, mellan Lunds Universitet, Sveriges Lantbruksuniversitet, LRF Mjölk och VikingGenetics i Sverige samt Århus Universitet och Arla Foods i Danmark. I initiativet har tre av de vanligaste koraserna i Sverige och Danmark, SRB, Dansk Holstein och Dansk Jersey, studerats med avseende på genetik, mjölksammansättning och teknologiska egenskaper vid produktion av t.ex. ost och yoghurt.

Syftet med detta tilläggprojekt var att utnyttja den senaste tekniken inom området genomisk selektion genom att använda ett högdensitetschip med 777 000 DNA-markörer för att genotypa de svenska kor som studeras i det svensk-danska milk genomics initiativet (SLF-projekt V0930028). Detta har ökat sannolikheten för att hitta fler och starkare samband mellan markörer och mjölkkvalitetsegenskaper samt gett en mer informativ och detaljerad genotypning av korna jämfört med användandet av ett chip med lägre antal DNA-markörer. Ett annat syfte med tilläggprojektet var att kunna genotypa de svenska korna med samma antal DNA-markörer som de danska korna är finansierade för i Danmark, för en direkt jämförelse av den genetiska variationen hos mjölkkor i Sverige och Danmark.

Material och metoder

Mjölks- och blodprover har samlats in från drygt 400 kor av rasen SRB på 20 gårdar i södra Sverige under våren och hösten 2010 samt under våren 2011 inom ramen för SLF-projekt V0930028. Majoriteten av korna var i laktationsnummer 1-3 (1% i laktationsnummer 4) och i laktationsvecka 7-40 (2% före vecka 7 och 10% efter vecka 40). De individuella

mjölksprovernas celltal var lägre än 300 000 celler/ml. Foderinformation och mjölkavkastning registrerades för varje gård respektive ko.

Korna har genotypats med ett kommersiellt bovint högdensitetschip med 777 000 markörer (Illumina BovineHD BeadChip, Illumina, USA) på GenoScan A/S (Foulum, Danmark). Referenspopulationen bestod av ca 18 300 avkommeprövade Holstein-tjurar från samarbetet inom EuroGenomics och därtill ca 6 500 avkommeprövade SRB-tjurar. Genetiska analyser har utförts med genom-överskridande associationsstudier (GWAS) samt har arvbarheter och genetiska korrelationer beräknats. Utvärderingarna och skattningarna har gjorts med framtagna statistiska modeller som inkluderar påverkande variabler, såsom besättning, laktationsstadiet, laktationsnummer och mjölkavkastning.

För att finna samband mellan genetisk uppsättning och mjölkkvalitet har mjölken analyserats för löpe- och syra-inducerad koagulering samt sammansättning. Löpe-inducerad koagulering undersöktes med lågamplitud-oscillation med en Stresstech reometer (ReoLogica Instruments AB, Sverige) vid kontrollerad deformation vid 0.01 och frekvensen 1 Hz. Kymosin tillsattes till proverna (0.09 IMCU/ml mjölk) varefter mätningarna utfördes vid 32°C. Analyserna ger en simulering av löpe-inducerad aggregering av kaseinmicellerna i mjölken och därmed bildande av ostkoagel. Vidare undersöktes syra-inducerad koagulering med lågamplitud-oscillation med en Kinexus reometer (Malvern Instruments Ltd., England) vid kontrollerad deformation vid 0.003 och frekvensen 1 Hz. Proverna värmebehandlades vid 95°C i 5 min varefter glucono- δ -lactone tillsattes till proverna (3% w/v) och mätningarna utfördes vid 30°C. Analyserna ger en simulering av syra-inducerad aggregering av mjölkproteinerna och därmed bildande av yoghurtstruktur. Syra-inducerad koagulering har genomförts inom TvärLivs-projekt 222-2010-389 "Milk genomics – genernas betydelse för teknologiska egenskaper hos mjölkprodukter" finansierat av Arla Foods, SLF, Formas, Vinnova, Livmedelsföretagen och Svensk Dagligvaruhandel. Mjölken analyserades även för protein-, kasein-, fett- och laktoshalt med IR-teknik, relativ koncentration av κ -kasein och β -laktoglobulin med kapillärelektrofores, citronsyra med spektrofotometri och fettkulestorlek med dynamisk ljusspridning.

Resultat

Genetiska parametrar för löpe- och syra-inducerad koagulering hos SRB

Mjölken har analyserats för löpe- och syra-inducerad koaguleringsförmåga med reologiska metoder inom projekten SLF-projekt V0930028 och TvärLivs-projekt 222-2010-389. Detta ger information om tiden det tar innan en gel börjar bildas, dvs. koaguleringsstid (t_g), och styrkan på den bildade gelen, så kallad gelstyrka (G'). Dessutom erhålls information om gelens motstånd mot gelnedbrytning, yield stress (σ_Y). Projektet har visat höga arvbarheter för gelstyrka och motstånd mot gelnedbrytning för både löpe- och syrageler ($h^2 = 0.38-0.62$), se Tabell 1. Arvbarhetsskattningarna för mjölksammansättning varierade mellan 0.15 för laktoshalt och 0.59 för relativ koncentration av β -laktoglobulin. Mängden av genetisk variation för icke-koagulerad mjölk var relativt hög i relation till den totala fenotypiska variationen, vilket visas med en arvbarhet på 0.45 (Tabell 1).

Gelstyrka och motstånd mot gelnedbrytning var starkt och positivt korrelerade med varandra, både när löpe och syra användes för att inducera koagulering (Tabell 2). Detta var väntat eftersom både dessa reologiska parametrar kan användas för att definiera gelegenskaper. Den genetiska korrelationen mellan löpe- och syra-inducerade koaguleringssegenskaper var generallt svag, men positiv. Dock var den genetiska korrelationen stark mellan motstånd mot

gelledbrytning för löpegeler och gelstyrka samt motstånd mot gelledbrytning för syrageler. Gelstyrka samt motstånd mot gelledbrytning för löpegeler var måttligt till starkt korrelerade med icke-koagulerade löpegeler. Detta indikerar att högre gelstyrka och motstånd mot gelledbrytning för löpegeler är associerade med en lägre sannolikhet för icke-koagulering av mjölk. De fenotypiska korrelationerna visade samma tendens som de genetiska korrelationerna, men var generellt svagare (Tabell 2).

Tabell 1. Medelvärde, standardavvikelse (SD) och skattning av arvbarhet (h^2) med felmarginal (SE) för koaguleringssegenskaper och mjölksammansättning.

Egenskap	n	Medelvärde	SD	h^2	SE
Icke-koag _{löpegel} ¹	382	0.18	0.38	0.45	0.12
G' _{löpegel} (Pa) ²	297	78.0	63.0	0.53	0.15
t_g _{löpegel} (min) ³	314	14.6	7.8	-	-
σ_Y _{löpegel} (Pa) ⁴	293	15.7	5.8	0.43	0.18
G' _{syragel} (Pa)	363	222.5	62.1	0.62	0.14
t_g _{syragel} (min)	363	18.0	3.6	0.00	-
σ_Y _{syragel} (Pa)	363	28.3	10.4	0.38	0.14
Mjölmängd (kg)	384	29.4	8.0	0.21	0.14
Protein (g/100g)	362	3.6	0.4	0.41	0.13
Kasein (g/100g)	362	2.6	0.1	0.24	0.12
Fett (g/100g)	362	4.1	0.9	0.38	0.15
Laktos (g/100g)	362	4.7	0.1	0.15	0.15
β -laktoglobulin (wt/wt%) ⁵	310	8.8	1.8	0.59	0.16
κ -kasein (wt/wt%)	310	5.3	1.0	0.37	0.16

¹ Binär egenskap; 0 = koagulerad, 1 = icke-koagulerad

² G' = Gelstyrka

³ t_g = Koaguleringstid

⁴ σ_Y = Motstånd mot gelledbrytning

⁵ Vikt per total proteinvikt

En måttlig ogynnsam genetisk korrelation kunde ses mellan icke-koagulerade löpegeler och proteinhalt, medan proteinhalten var gynnsamt genetiskt korrelerad med syra-inducerade koaguleringssegenskaper, se Tabell 3. Både total kaseinhalt och relativ koncentration av κ -kasein var starkt korrelerade med syra-inducerad koagulering, medan mjölkavkastning var starkt negativt korrelerad med syra-inducerad koagulering.

Tabell 2. Genetiska (ovanför diagonalen) och fenotypiska (nedanför diagonalen) korrelationer med felmarginaler (SE; nedsänkt) mellan löpe- och syrainducerade koaguleringssegenskaper. Värden i fetstilt skiljde sig mer än $1.645 \times SE$ från 0 ($P < 0.05$) och värden i kursivt skiljde sig mer än $1.282 \times SE$ från 0 ($P < 0.10$).

Egenskap	Icke-koag _{löpegel}	G' _{löpegel}	σ_Y _{löpegel}	G' _{syragel}	σ_Y _{syragel}
Icke-koag _{löpegel} ¹		-0.82 _{0.16}	-0.48 _{0.20}	0.24 _{0.20}	0.15 _{0.25}
G' _{löpegel} ² (Pa)	-0.40 _{0.07}		0.89 _{0.07}	0.11 _{0.20}	0.25 _{0.23}
σ_Y _{löpegel} ³ (Pa)	-0.21 _{0.08}	0.83 _{0.02}		0.45 _{0.23}	0.54 _{0.25}
G' _{syragel} (Pa)	0.14 _{0.06}	0.13 _{0.06}	0.26 _{0.06}		0.99 _{0.07}
σ_Y _{syragel} (Pa)	<i>0.09</i> _{0.06}	0.31 _{0.06}	0.40 _{0.05}	0.74 _{0.03}	

¹ Binär egenskap; 0 = koagulerad, 1 = icke-koagulerad

² G' = Gelstyrka

³ σ_Y = Motstånd mot gelledbrytning

Tabell 3. Genetiska korrelationer med felmarginaler (SE; nedsänkt) för löpe- och syrainducerad koagulering med mjölksammansättning. Värden i fetstilt skiljde sig mer än $1.645 \times SE$ från 0 ($P < 0.05$) och värden i kursivt skiljde sig mer än $1.282 \times SE$ från 0 ($P < 0.10$).

Egenskap	Icke-koag _{löpegel} ¹	G' _{löpegel} ²	σ_Y , löpegel ³	G' _{svregel}	σ_Y , svregel
Mjölmängd (kg)	0.01 _{0.35}	-0.11 _{0.36}	-0.16 _{0.40}	-0.61 _{0.32}	<i>-0.71</i> _{0.45}
Protein (g/100g)	0.38 _{0.22}	0.09 _{0.22}	<i>0.33</i> _{0.22}	0.85 _{0.19}	0.93 _{0.26}
Kasein (g/100g)	0.16 _{0.29}	0.28 _{0.25}	0.54 _{0.25}	0.83 _{0.22}	0.89 _{0.30}
Fett (g/100g)	-0.37 _{0.28}	0.60 _{0.28}	0.52 _{0.29}	0.20 _{0.26}	0.23 _{0.32}
Laktos (g/100g)	-0.33 _{0.38}	0.15 _{0.41}	0.20 _{0.46}	-0.33 _{0.49}	-0.55 _{0.68}
β -laktoglobulin (wt/wt%) ⁴	-0.49 _{0.25}	0.20 _{0.26}	0.09 _{0.28}	-0.03 _{0.22}	-0.20 _{0.26}
κ -kasein (wt/wt%)	-0.17 _{0.29}	0.56 _{0.30}	0.72 _{0.35}	0.51 _{0.24}	0.75 _{0.28}

¹ Binär egenskap; 0 = koagulerad, 1 = icke-koagulerad

² G' = Gelstyrka

³ σ_Y = Motstånd mot gelnedbrytning

⁴ Vikt per total proteinvikt

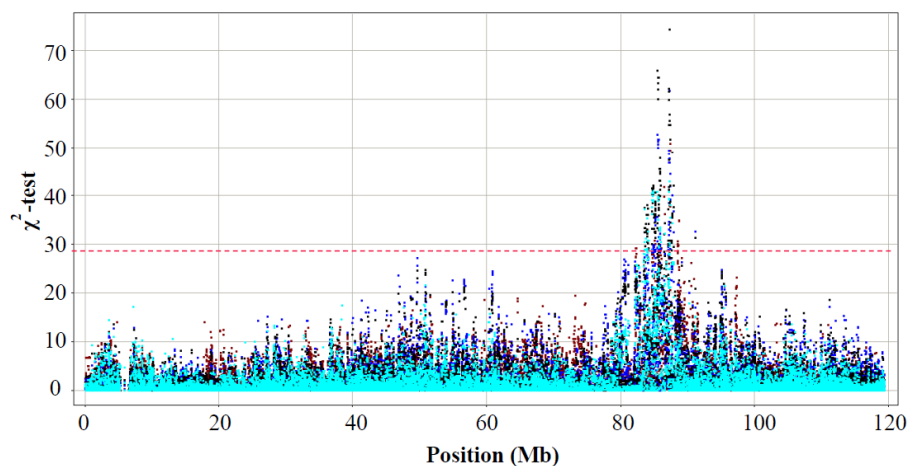
Identifierade genomregioner för löpe- och syra-inducerad koagulering hos SRB

För att hitta nya markörgener utfördes GWAS, där markörer kopplades samman med mjölkens löpe- och syrainducerade koaguleringsförmåga. Associationsstudierna resulterade i 14 genomregioner på 8 olika kromosomer vilka påverkade en eller flera av de uppmätta löpekoaguleringssegenskaperna, medan 8 genomregioner på 10 olika kromosomer visade sig påverka en eller flera av de uppmätta syra-koaguleringssegenskaperna, se Tabell 4.

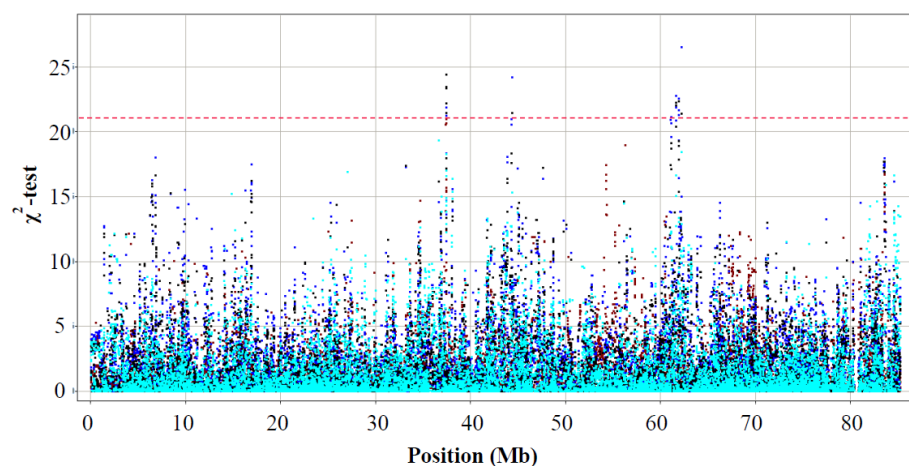
Tabell 4. Kromosom på vilka genomregioner har identifierats för löpe- och syrageler.

Egenskap	Kromosom
<i>Löpegeler</i>	
Gelstyrka	6, 15, 16, 27, 29
Koaguleringstid	6, 13, 15, 22, X
Motstånd mot gelnedbrytning	6, 29
<i>Syrageler</i>	
Gelstyrka	2, 4, 6, 13, 18, 28
Koaguleringstid	2, 13
Motstånd mot gelnedbrytning	1, 6, 11, 17, 29

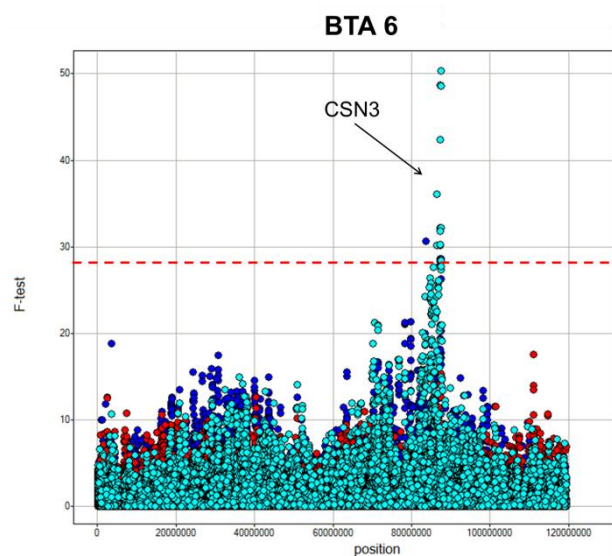
GWAS-analyserna ger detaljbilder över de identifierade genomregionerna på respektive kromosom (Figur 1-4). Varje topp visar en markör som kan ha inverkan på mjölkens koaguleringsförmåga och som kan variera mellan individuella SRB-kor. När topparna är högre än de streckade linjerna visar det på kromosom- eller genomövergripande signifikans. En gruppering av markörer som är signifikanta bildar ett QTL. De olikfärgade punkterna representerar de olika uppmätta koaguleringsparametrarna. För löpegeler har ett stort QTL identifierats på kromosom 6 runt kaseinklustret, vilket förklarar mellan 6-14% av den fenotypiska variationen för de studerade koaguleringssegenskaperna (Figur 1). Signifikanta markörer hittades på α_{s2} - och κ -kaseingenerna. På kromosom 15 hittade dessutom ett QTL för gelstyrka (Figur 2). Förutom dessa gener kunde även tre andra potentiella kandidatgener indifieras. Dessa inkluderar generna GALNT1 som kan påverka glykosylering av κ -kasein samt CTSZ och CTSC som är involverade i proteolysen av mjölkproteiner.



Figur 1. GWAS-analys av kromosom 6 i relation till löpe-inducerade koaguleringsgenskaper. Den röda streckade linjen visar på genomövergripande signifikans.



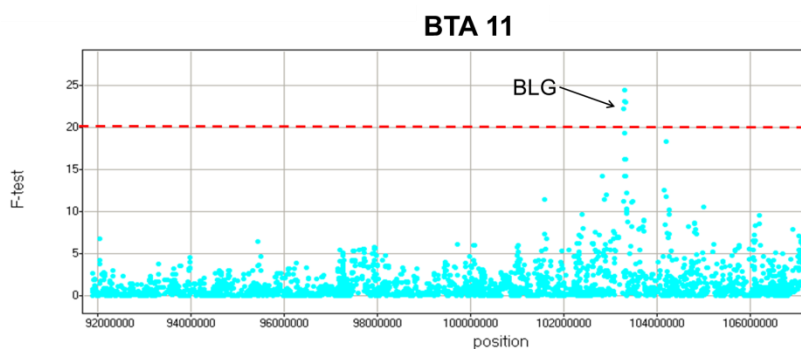
Figur 2. GWAS-analys av kromosom 15 i relation till löpe-inducerade koaguleringsgenskaper. Den röda streckade linjen visar på kromosomövergripande signifikans.



Figur 3. GWAS-analys av kromosom 6 i relation till syra-inducerade koaguleringsgenskaper. Den röda streckade linjen visar på genomövergripande signifikans.

En GWAS gjordes även på löpeinducerade koaguleringsegenskaper hos Dansk Holstein och Dansk Jersey. Stora QTL kunde identifieras på samma kromosomer, 6 och 15, som i den svenska studien med SRB-kor, där κ -kasein föreslogs som kandidatgen på kromosom 6.

För syragelerna har ett stort QTL identifierats på kromosom 6 för både gelstyrka och motstånd mot gelnedbrytning (Figur 3). Detta QTL är lokaliserat inom genen som kodar för κ -kasein (CSN3) och förklarar 16% av den fenotypiska variationen för gelstyrka och 20% av den fenotypiska variationen för motstånd mot gelnedbrytning. Regionen för syrageler är lokaliserad inom samma region som för löpegeler på kromosom 6. På kromosom 11 identifierades ett stort QTL för motstånd mot gelnedbrytning inom genen som kodar för β -laktoglobulin, vilket förklarar 13% av den fenotypiska variationen (Figur 4). Förutom dessa gener kunde även fyra andra kandidatgener identifieras, nämligen RAB22A, THOC5, CDH13 och H2AFY2. Dessa har tidigare hittats i mjölkkörtlarna.



Figur 4. GWAS-analys av kromosom 11 i relation till motstånd mot gelnedbrytning för syra-inducerad koagulering. Den röda streckade linjen visar på kromosomövergripande signifikans.

Identifierade genomregioner för fettegenskaper hos SRB

GWAS utfördes även för att undersöka vilka regioner på kons genom som påverkar fettsammansättning och teknologiska egenskaper för fett. Egenskaperna som undersöktes var fetthalt, fettavkastning, citronsyra och fettkulestorlek. I Tabell 5 visas de kromosomer som har identifierats för de undersökta fettegenskaperna.

Tabell 5. Kromosom på vilka genomregioner har identifierats för fettegenskaper.

Egenskap	Kromosom
Fetthalt	14, 20
Fettavkastning	14, 17, 25
Citronsyra	1, 6, 12, 20
Fettkulestorlek	5, 19, 24

Associationsstudierna identifierade två genomregioner som påverkar fetthalt, där de mest signifikanta markörerna förklarar 7% av den fenotypiska variationen. För citronsyra identifierades fyra genomregioner, där markörerna förklarar mellan 7-8% av den fenotypiska egenskaper för denna parameter.

Diskussion

Resultaten från projektet visar på tydliga samband mellan kons genuppsättning och mjölkens sammansättning och koaguleringsförmåga. Detta ger möjligheter för att genom avel styra mot en framtida mjölkkråvara med önskade kvalitetsegenskaper för ost- och yoghurtprodukter.

Användandet av ett högdensitetschip har ökat sannolikheten för att hitta fler och starkare samband mellan markörer och mjölk-kvalitetssegenskaper jämfört med ett chip med lägre antal DNA-markörer.

Den höga arvbarheten för icke-koagulerad mjölk tyder på att denna egenskap skulle kunna elimineras genom avel. Vidare visar de gynnsamma genetiska korrelationerna mellan syra- och löpe-inducerade koaguleringssegenskaper att båda dessa egenskaper kan förbättras samtidigt i avelsarbetet. De ogynnsamma genetiska korrelationerna mellan icke-koagulerande mjölk och proteinhalt samt syra-inducerad koagulering med mjölkavkastning tyder på att det nuvarande nordiska avelsprogrammet kan leda till mer problem med icke-koagulerande mjölk och en försämring av syra-inducerad koagulering. En ökad frekvens av icke-koagulerande mjölk kan leda till minskat ostutbyte, vilket har en stor ekonomisk effekt för mejeriindustrin. Resultaten från projektet tyder på att det är möjligt att förbättra mjölk som används för tillverkning av ost och syrade produkter, antingen direkt genom att inkludera koaguleringssegenskaper eller indirekt genom att inkludera mjölksammansättning som är genetiskt associerade med koagulering i nationella avelsprogram.

Genom att identifiera nya genmarkörer för koaguleringssegenskaper och fettsammansättning kan man direkt genom genomisk selektion styra avelsarbetet. I detta projekt har det därför för första gången utförts GWAS med avseende på koaguleringsförmåga i både löpe- och syrageler. De nya QTL som har hittats innehåller bland annat potentiella markörer inom kaseingenerna och genen som kodar för β -laktoglobulin, men även gener som kan påverka glykosylering och proteolys av mjölkproteiner. Detta kan förklara kopplingen till mjölkens koaguleringsförmåga. En stor del av variationen i koaguleringsförmåga kan förklaras med de 22 QTL-regionerna som har identifierats för löpe- och syrageler, vilket visar att ett selektivt avelsarbete på koagulerings- och kvalitetssegenskaper är möjligt.

Med specifika genetiska markörer för mjölkens koaguleringssegenskaper och mjölkens sammansättning kan avelsmaterial väljas ut, vilket möjliggör produktion av mjölktyper med ett förväntat mervärde som gynnar lantbrukarnas lönsamhet och mejeriföretagens produktion.

Publikationer

F. Gustavsson. 2014. Exploring coagulation properties in bovine milk using milk genomics approaches. *Doktorsavhandling*. Lunds Universitet.

F. Gustavsson, M. Glantz, N. A. Poulsen, H. Stålhammar, A. Andrén, H. Lindmark-Månsson, L. B. Larsen, M. Paulsson, W. F. Fikse. 2014. Genetic parameters for rennet- and acid-induced coagulation properties in milk from Swedish Red dairy cows. *Accepterad för publicering i Journal of Dairy Science*.

V. R. Gregersen, F. Gustavsson, M. Glantz, O. F. Christensen, H. Stålhammar, A. Andrén, H. Lindmark-Månsson, N. A. Poulsen, L. B. Larsen, M. Paulsson, C. Bendixen. 2014. Bovine chromosomal regions affecting rheological traits in rennet-induced skim milk gels. *Inskickad till Journal of Dairy Science*.

M. Glantz, F. Gustavsson, H. P. Bertelsen, H. Stålhammar, H. Lindmark-Månsson, M. Paulsson, C. Bendixen, V. R. Gregersen. 2014. Bovine chromosomal regions affecting rheological traits in acid-induced skim milk gels. *Inskickad till Journal of Dairy Science*.

V. R. Gregersen, H. P. Bertelsen, N. A. Poulsen, L. B. Larsen, F. Gustavsson, M. Glantz, M. Paulsson, A. J. Buitenhuis, C. Bendixen. 2014. Genomic regions affecting cheese making properties. *Inskickad till Genetics Applied to Livestock Production*.

Y. G. Tesfayonas. 2013. Genome wide association study of milk composition traits in Swedish Red cows. *Examensarbete*. Sveriges Lantbruksuniversitet.

Slutsatser

Sammanfattningsvis har projektet visat på tydliga samband mellan kons genuppsättning och mjölkens koaguleringsförmåga, både för löpe- och syrageler. Detta innebär att den mest fördelaktiga genuppsättningen kan användas för direkt urval av avelstjurar och kvigor/kor för att styra mjölkens sammansättning och koagulering till bästa kvalitet och egenskaper. En övervägande del av den svenska invägda mjölken går till ost- och yoghurttillverkning, där tillverknings- och koagulerings- och utbyte är viktiga parameterar. Ett problem för mejeriindustrin är dåligt koagulerande mjölk och särskilt om andelen skulle öka. Den nya information som kommit fram i projektet visar på att det är möjligt att avla bort denna defekt samt vilka gener som aveln bör styra mot för förbättra mjölkens koagulering vid osttillverkning. Med specifika gener för mjölkens teknologiska egenskaper kan tjurar/kor/kvigor väljas ut, vilket ger möjlighet att producera mjölktyper med ett förväntat mervärde som gynnar lantbrukarnas lönsamhet och mejeriföretagens produktion.

Resultatförmedling till näringen

En delmängd av resultaten har presenterats som poster eller muntlig presentation vid följande konferenser/workshops/temadagar:

- Djurhälso- & Utfodringskonferensen 2012, Uppsala, augusti 2012
- 9th International Symposium on Milk Genomics and Human Health, Wageningen, Nederländerna, oktober 2012
- Workshop on the European network on milk genomics, Wageningen, Nederländerna, oktober 2012
- IDF World Dairy Summit 2012, Kapstaden, Sydafrika, nov 2012
- IDF World Dairy Summit 2013, Yokohama, Japan, oktober 2013
- Forskningsmöte på Lactalis/Skånemejerier, Lund, september 2013
- Forskningsmöte på Christian Hansen, Hörsholm, Danmark, november 2013
- LRF Mjölks temadagar inom mjölkvalité och nutrition, Stockholm, december 2013
- Doktorand- och postdocdagar på Arla Foods, Århus, Danmark, december 2013
- Forskningsmöte på Norrmejerier, Umeå, februari 2014
- Mejeritekniskt forums årsmöte, Skellefteå, april 2014

Projektet har informerats om i:

- Forskning Special, nr10/2012
- Livs- och läkemedelsportalens nyhetsbrev, Lunds Universitet, 2012-06
- Mjölk Special, 2013-12-16
- Tidningen Husdjur, maj 2014
- Tidningen Land Lantbruk, 2014-05-23

Projektet och resultaten har även presenterats/omnämnts vid följande tillfällen:

- Projektmöten inom det svensk-danska milk genomics initiativet, Århus Universitet Foulum , SLU och Lunds Universitet, 5 möten 2013-2014
- Advisory board möte inom det svensk-danska milk genomics initiativet, Århus Universitet Foulum, september 2012 och 2013
- Mejeriteknologimöte med mejeriföretag (Arla Foods, Skånemejerier, Norrmejerier, TetraPak och LRF Mjök), Lunds Universitet, 5 möten 2012-2014
- Uppdragsutbildningen Mejeriprocesser, Lunds Universitet, 5 gånger 2012-2014
- Food Structure and Rheology, doktorandkurs, Wageningen, Nederländerna, maj 2012

Projektet finns beskrivet på följande hemsidor:

- Hemsida för det svensk-danska milk genomics initiativet, www.milkgenomics.dk
- Avdelningen för Livsmedelsteknik, Lunds Universitet
http://www.food.lth.se/english/contacts/personnel/personal_home_pages/frida_gustavsson_phd_student/