

# SLUTRAPPORT AVSEENDE PROJEKTET "ARVETS INVERKAN PÅ MJÖLKFETTET – STUDIER AV EN "MAJOR GENE" FÖR FETTHALT"

## Bakgrund

Begreppet mjölk kvalitet inrymmer en mängd egenskaper som ofta har en komplex bakgrund och regleras av en mängd gener i samverkan. Men vissa av dessa egenskaper styrs sannolikt av ett fåtal gener. I flera fall känner vi dessa eller har en god uppfattning om vilka gener det rör sig om, s.k. kandidatgener. Ett arbete för förbättrad mjölk kvalitet kan således innebära att identifiera de gener, med deras mutationer, som styr *mängden* genprodukt (ofta ett enzym) eller avgör dess *struktur* och därmed dess kemiska och fysikaliska egenskaper.

Mjölkfettet är en viktig komponent då den påverkar mjölkens processbarhet, produktutbyte och mejeriprodukternas lukt, smak och konsistens. Under en lång tid premierades stor mjölkvolym vilket ledde till en utspädning av mjölken och sjunkande halter av komponenter som protein och fett. Idag vill man bromsa denna trend och lägger därför en negativ ekonomisk vikt på mjölmängd och positiva ekonomiska vikter på mängd fett och protein. Frågan är dock vad de avelsmässiga förändringar som skett och förväntas ske, har för inverkan på mjölken och fettets sammansättning och, i förlängningen för mjölkens kvalitet ur olika aspekter.

Mjölkfett utgörs i huvudsak av triglycerider (triacylglycerol) som är uppbyggda av en glycerolmolekyl (glycerol-3-fosfat) med tre fettsyror bundna till sig (för översikter av mjölkfettsyntesen se Bell & Coleman (1980) och Spörndly *et al.* (1999)). Karakteristiskt för mjölkfett från kor och andra idisslare är förekomsten av de kortkedjiga, mättade fettsyror smörsyra (C4:0) och kapronsyra (C6:0). Dessa (och andra kortkedjiga fettsyror) bildas i juvercellerna medan övriga fettsyror (med längre kolkedjor) härrör från fodret eller kroppsfett och transporteras till juvercellerna via blodet.

## DGATI

Vid syntesen av triglycerider påbörjas bindningen av fettsyror, med hjälp av olika enzymer, till position 1 och 2 på glycerolmolekylen vilket resulterar i en diglycerid (diacylglycerol). Vid bindningen av fettsyror till den sista positionen på diglyceriden krävs medverkan av enzymet acyl-CoA:diacylglycerol acyltransferas 1 (DGAT1), ett enzym som bara har denna enda uppgift. Genen som kodar för enzymet identifierades relativt nyligen av Cases *et al.* (1998) vilket utgjorde ett viktigt första steg mot förståelsen av de molekylärgenetiska grunderna rörande syntesen av triglycerider (se review av Farese *et al.*, 2000). Enzymet återfinns i cellernas mikrosomer i kroppens alla triglyceridproducerande vävnader och har en bred specificitet, dvs binder alla fettsyror oavsett kolkedjelängd (se Bell & Coleman, 1980). Det specifika med de kortkedjiga fettsyror smörsyra och kapronsyra är inte bara att de är unika för mjölk från idisslare, de förekommer heller inte i någon annan typ av fettbildande vävnad, vare sig från idisslare eller andra djur. Därtill rapporteras de uteslutande vara bundna till position 3 (*sn-3*) på triglyceriden medan övriga fettsyror kan återfinnas i alla tre positionerna. Orsaken till att C4-C6 fettsyror inte påträffas i position 2 beror på att de två enzym som katalyserar bindningen av fettsyror till denna position inte binder till fettsyror kortare än C8 (Marshall & Knudsen (1977a)). Däremot kan de 'unika' fettsyror smörsyra och

kapronsyra utnyttjas som substrat av DGAT1 för syntes av triglycerider (Marshall & Knudsen (1977b).

I februari 2002 publicerades nyheten att Michel Georges grupp vid University of Liège, i samarbete med Livestock Improvement Corp. (LIC), Nya Zeeland, hittat en "major gene" för mjölkfetthalt i Holstein-Friesian-rasen (Grisart *et al.*, 2002) som förklarade hela 64% av den genetiska variationen för egenskapen. Genen ifråga benämns *DGAT1* och kodar för det vanligast förekommande DGAT-enzymet hos däggdjur. Genen har lokaliserats till änden av kromosom 14, en plats till vilken flera forskargrupper tidigare knutit förekomsten av ett QTL (Quantitative Trait Locus) för mjölkfetthalt (Coppieters *et al.*, 1998; Heyen *et al.*, 1999; Riquet *et al.*, 1999; Looft *et al.*, 2001; Farnir *et al.*, 2002). I juli 2002 publicerade tyska forskare motsvarande resultat (Winter *et al.*, 2002).

#### *DGAT1 förekommer i två varianter hos nötkreatur*

*DGAT1*-genen förekommer i två funktionellt sett olika varianter (Grisart *et al.*, 2002; Winter *et al.*, 2002). Därutöver förekommer en variation i ett VNTR (Variable Number of Tandem Repeats) där antalet repeats indikeras vara proportionellt mot hur mycket enzym som transkriberas (Kühn *et al.*, 2004). De funktionella varianterna som beskrivits av Grisart *et al.*, (2002) och Winter *et al.*, (2002), vilka beror på en mutation i enzymets kodande region, är de som rapporteras ha störst effekt. Denna mutation har lett till att den positivt laddade aminosyran lysin (K) byts ut mot alanin (A), som är hydrofob och saknar laddning, i aminosyraposition 232 i exon VIII av genen. Enligt Winter *et al.* (2002) kan förekomsten av alanin i position 232 ha negativa effekter på *DGAT1*-enzymets förmåga att binda fettsyror till diglyceridmolekylen. Förekomsten av lysin i denna position tycks vara konserverad hos vitt skilda arter som människa, mus, råtta, gris får och bison (Grisart *et al.*, 2002). Mutationen tros ha uppkommit hos nötkreaturen redan innan domesticeringen av dessa ägde rum (Winter *et al.*, 2002). Den förmodat "ursprungliga" genvarianten, K-allelen, ger högre halter av både fett och protein samt även större mängd fett medan den sänker mängderna mjölk och protein, jämfört med A-allelen (Grisart *et al.*, 2002). Winter *et al.* (2002) fann tydliga skillnader i frekvens av de båda allelerna mellan grupper av tjurar med höga resp. låga avelsvärden för mjölkfetthalt hos raserna Holstein-Friesian, Fleckvieh och Braunvieh. Genen har av allt att döma en additiv effekt (Grisart *et al.*, 2002), dvs djur som är heterozygota för genen har en fetthalt som är genomsnittlig i förhållande till de djur som har endera genvarianten i dubbel uppsättning (homozygota)

#### *Genfrekvensen skiljer mellan raser*

I materialet bestående av 1818 holländska avelstjurar av Holstein-ras (Grisart *et al.*, 2002), där frekvensen av den fetthaltshöjande K-allelen uppgick till ca 37 %, svarade mutationen för 51 % av den totala (fenotypiska) variationen medan övriga 49 % förklaras av skillnader i utfodring, laktationsstadium, laktationsnummer, etc. Bland de 529 Nya Zeeländska korna av Holstein-Friesian-ras, där frekvensen av K-allelen uppgick till ca 70 %, var geneffekten något mindre, 31% (Grisart *et al.*, 2002). Winter *et al.* (2002) redovisar förekomsten av de två *DGAT1*-varianterna i små material representerande olika nötkreatursraser och även besläktade arter. Gemensamt för Zebu-raser, yak och vattenbuffel är att dessa enbart bär den "ursprungliga" K-allelen. Spelman *et al.* (2002) fann att K-allelen dominerade hos Jersey men att effekten på fetthalten i mjölk var

betydligt lägre hos Jersey än hos Holstein-Friesian. Kaupe *et al.* (2004) karakteriserade *DGAT1* polymorfin i raser av både *Bos indicus* och *Bos taurus*. De fann att K-allelen är den ursprungliga allelen och att mutationen troligtvis inträffade någon gång efter att de två linjerna skildes åt. A-allelen hade fixerats hos vissa av raserna tillhörande *Bos taurus* och K-allelen i en av raserna tillhörande *Bos indicus*. K-allelen var, inte överraskande, även dominerande bland British Jersey. Frekvensen bland de 79 German-Holstein djur som typats överensstämde väl med den som Grisart *et al.* (2002) rapporterade hos de holländska Holstein-tjurarna. Däremot var frekvensen av K-varianten mycket låg hos raser som Ayrshire och German Brown Swiss, medan den saknades helt hos Pinzgauer.

Med de rådande avelsmålen i de länder som deltog i studien av Grisart *et al.* (2002), dvs Nederländerna och Nya Zeeland, där fokus riktas mot en mjölk med högre ts-halt jämte hög proteinavkastning, är de två förekommande allelerna relativt likvärdiga ur ekonomisk synvinkel och förekommer i någorlunda jämförbara frekvenser i de båda ländernas Holstein-populationer. Ett DNA-test för de två varianterna av *DGAT1*-genen (som marknadsförs under namnet "Quantum") tillhandahålls av bioteknologiföretaget "boviQuest" som ägs gemensamt av Fonterra och LIC (ViaLactia homepage).

#### *Syfte med studien*

Syftet med denna studie var att dels skaffa oss en uppfattning om allelfrekvenserna i *DGAT1*-genen hos de dominerande mjölkraserna i Sverige, SRB och Svensk Holstein, och dels att försöka få en uppfattning om hur tillämpning av olika avelsstrategier påverkar nämnda allelfrekvenser.

## **Material & Metoder**

#### *Kor*

Vid SLUs försöksbesättning på Jälla finns mjölkkor av raserna SRB, Svensk Holstein samt ett fåtal Jersey. SRB-korna ingår i en selektionsstudie och är selekterade i en lågfettslinje (LF) resp. en högfettslinje (HF). Totalt 279 kor från försöksbesättningen genotypades för *DGAT1* polymorfin K232A. Korna var av raserna SRB (171 kor varav 76 kor från HF linjen och 91 kor från LF linjen), Svensk Holstein (102 kor) och Jersey (6 kor).

#### *Mjölkprover*

Mjölkprover samlades in veckovis under perioden april 1990 till december 2003. Proverna har i ett tidigare projekt analyserats för mjölmängd, sammansättning och cellhalt (SCC). På de individuella mjölkproverna har data samlats in för laktationsnummer och laktationsstadium.

#### *DNA preparering och design av primer*

Genomiskt DNA preparerades från blodprover enligt standard protokoll. DNA-sekvensen för *DGAT1* hämtades från Genbank (NCBI; referensnummer AJ318490). Den del av exon VIII som inkluderade polymorfin amplifierades med primers designade med hjälp av NBI design software Oligo v5.0. Primers valdes så att en PCR kunde utföras med en primer inmärkt med biotin. Då de första primerparen som valdes inte fungerade optimalt designades nya.

Nya primers:

F: 5'-AAG GCC AAG GCT GGT GAG-3'

R: Bio- 5'-AGG TCA GGT TGT CGG GGT AG-3'

### *PCR och preparering av templat*

PCR reaktionen utfördes på PTC-200 DNA Engine i en volym på 25 ul med AmpliTaq Gold (PE Applied Biosystems, Foster City, CA) PCR kit. Efter optimering av PCR framgick att bäst resultat erhöles vid tillsats av Betain (SIGMA).

### *Pyrosequencing*

För analys med pyrosequencing immobiliserades först den biotinylerade PCR-produkten på streptavidinbelagda kulor (Dynal AS, Oslo) med hjälp av buffer innehållande 5 mM Tris-HCl, 1 M NaCl, 0.5 mM EDTA, 0.05% Tween 20 vid pH 7.6. Vid optimering av detta steg bestämdes att 25 ul av PCR-prодукt var optimalt. Enkelsträngat (ss) DNA erhöles med tvätt med 0.5 M NaOH i en minut och tvätt av kulorna i buffer.

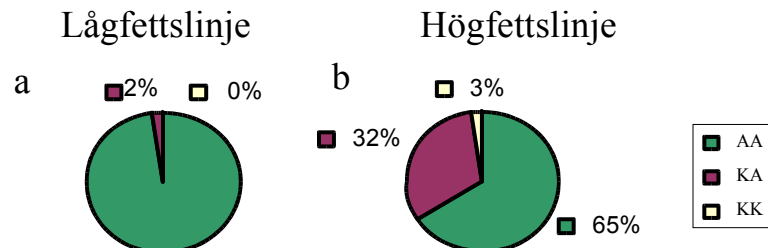
I nästa steg fick totalt 15 pmol av sekvenseringsprimer, designad med sin 3'-ända direkt uppströms om polymorfin, hybridisera till ssDNA i buffer innehållande 20 mM Tris-Acetate, 5 mM MgAc<sub>2</sub> vid pH 7.6 under 2 min vid 80°. Pyrosequencing utfördes sedan i ett PSQ96 instrument och med användande av SNP Reagent kit innehållande dATP, dCTP, dGTP, dTTP, enzym blandning (DNA polymeras, ATP sulfurylas, luciferas, och apyras) och substrat blandning (APS och luciferin; Pyrosequencing AB, Uppsala, Sweden).

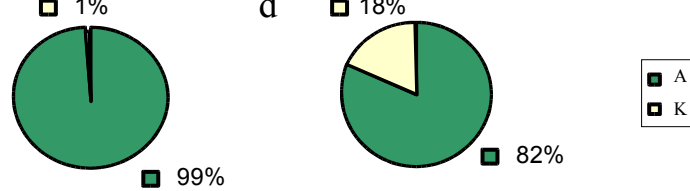
Inkorporering av nukleotider genererar via enzymen sulfurylas- och apyras-ljus som detekteras av en laser i instrumentet. Detta ses som toppar i det så kallade pyrogrammet som man hela tiden kan följa på skärmen kopplad till instrumentet. Resultaten från analysen uttrycks som kvoten mellan signalerna från de inkorporerade nukleotiderna.

## Resultat

Den muterade A-allelen, vilken ger en sänkt fetthalt i mjölken men en ökad mjölkvolym, var den mest frekventa (allelfrekvens 0.88), räknat över samtliga kor i studien. Bland korna av rasen Svensk Holstein var A-allelen något mer frekvent än bland SRB-korna som helhet (allelfrekvenser 0.87 respektive 0.91). Hos de 6 korna av rasen Jersey var K-allelen vanligast förekommande med en frekvens på 0.83.

I selektionslinjerna inom SRB-rasen kunde man iaktta en tydlig skillnad i genotyp- respektive allelfrekvens. Bland korna selekterade för hög fetthalt hade den "ursprungliga" K-allelen en frekvens på 0.18, jämfört med 0.01 hos korna selekterade för låg fetthalt. I högfettslinjen återfanns såväl KK-homozygoter som ett flertal heterozygoter (genotypfrekvenser 0.03 KK respektive 0.32 KA). I lågfettslinjen däremot påträffades inga KK-homozygoter och bara ett mindre antal heterozygoter (genotypfrekvens 0.02 KA) (se figur 1).





Figur 1. Fördelning av *DGAT1* genotyper (a & b) och alleler (c & d) i två selektionslinjer av SRB kor.

## Diskussion

Hos både Svensk Holstein- och SRB-korna i Jälla-besättningen finner vi att den muterade allelen, A-varianten, är den vanligast förekommande. K-allelen har en frekvens på 0.13 hos Svensk Holstein och 0.09 hos SRB. Detta är lägre siffror än de som erhöles för de holländska Holstein-tjurarna i studien av Grisart *et al.* (2002) vilka hade en allelfrekvens på 0.37 för K-allelen, och betydligt lägre än bland de Nya Zeeländska Holstein-tjurarna som hade en allelfrekvens på 0.70. I en studie av Spelman *et al.* (2002) skattade man allelfrekvensen i *DGAT1*-genen hos mjölkkoraser på Nya Zeeland. Man fann hos Holstein och Ayrshire (jämförbara med SRB) samma förhållande som vi fann i vår studie, dvs en lägre frekvens av K-allelen hos Ayrshire jämfört med Holstein. Dock fann Spelman m.fl. (2002) överlag högre frekvenser av K-allelen än vad vi fann i föreliggande studie.

Det iaktogs en tydlig skillnad i *DGAT1*-allelfrekvens mellan de två selektionslinjerna för hög respektive låg fetthalt hos SRB-korna i Jälla-besättningen. I bägge linjerna är A-allelen den mest frekventa men i högfettslinjen återfinns vi högre frekvens K-alleler än i lågfettslinjen, vilket torde vara ett resultat av den selektion som bedrivits i linjerna. Bland de sex Jersey-korna i Jälla-besättningen fann vi, i likhet med Spelman *et al.* (2002) och Kaupé *et al.* (2004), att K-allelen var den som dominerade. I vår studie återfanns fem kor som bar KK-genotypen och en ko som bar genotypen AA.

Som tidigare nämnts, var frekvensen av K-varianten mycket låg hos "röda" raser som Ayrshire och German Brown Swiss medan K-allelen var den dominerande bland British Jersey, en ras som utmärker sig för sin höga mjölkfetthalt. Eftersom A-allelen är den som ger en sänkt fetthalt i mjölken men en ökad mjölkvolym kan den höga frekvensen av A-allelen i flertalet mjölkpopulationer vara resultatet av ett avelsurval med förhållandevis hög positiv ekonomisk vikt på mjölkvolym och låg vikt på fetthalt.

Den nyligen identifierade "fetthaltsgenen" *DGAT1* öppnar spännande möjligheter att relativt snabbt ändra mjölkens sammansättning. De olika genvarianternas effekt på bl.a. fettsyrasammansättningen behöver dock klargöras. Resultaten från detta projekt, kompletterat med tidigare analyser på insamlade mjölkprover från de genotypade korna, ligger till grund för en studie av den övergripande effekten av *DGAT1*-genotyp på

mjölksammansättning, fettsyrasammansättning och mjölk kvalitet såsom processbarhet, produktutbyte och mejeriprodukternas lukt, smak och konsistens. Denna mer övergripande studie torde kunna generera resultat som kan tjäna som underlag för ett ställningstagande om framtida utnyttjande av denna genetiska information i svensk mjölkkoavel och även för beslut om framtida avelsstrategier för förbättrad kvalitet hos mjölkkråvaran.

## Referenser

- Bell, R.M. & Coleman, R.A. (1980). Enzymes of glycerolipid synthesis in eukaryotes. *Annu. Rev. Biochem.* 49: 459-487.
- Cases, S., Smith, S.J., Zheng, Y.W., Myers, H.M., Lear, S.R., Sande, E., Novak, S., Collins, C., Welch, C.B., Lusi, A.J., Erickson, S.K. & Farese Jr, R.V. (1998). Identification of a gene encoding an acyl CoA:diacylglycerol acyltransferase, a key enzyme in triacylglycerol synthesis. *Proc. Natl. Acad. Sci. U S A.* 95:13018-13023.
- Coppieters, W., Riquet, J., Arranz, J.-J., Berzi, P., Cambisano, N., Grisart, B., Karim, L., Marcq, F., Simon, P., & Vanmanshoven, P. (1998). QTL with major effect on milk yield and composition maps to bovine chromosome 14. *Mamm. Genome* 9:540-544.
- Farese Jr, R.V., Cases, S. & Smith, S.J. (2000). Triglyceride synthesis: insights from the cloning of diacylglycerol acyltransferase. *Curr. Opin. Lipidol.* 11:229-234. Review.
- Farnir, F., Grisart, B., Coppieters, W., Riquet, J., Berzi, P., Cambisano, N., Karim, L., Mni, M., Moisisio, S., Simon, P., Wagenaar, D., Vilkki, J. & Georges, M. (2002). Simultaneous mining of linkage and linkage disequilibrium to fine map quantitative trait loci in outbred half-sib pedigrees: revisiting the location of a quantitative trait locus with major effect on milk production on bovine chromosome 14. *Genetics* 161:275-287.
- Grisart, B., Coppieters, W., Farnir, F., Karim, L., Ford, C., Berzi, P., Cambisano, N., Mni, M., Reid, S., Simon, P., Spelman, R., Georges, M. & Snell, R. (2002). Positional cloning of a QTL in dairy cattle: identification of a missense mutation in the bovine *DGATI* gene with major effect on milk yield and composition. *Genome Res.* 12:222-231.
- Heyen, D.W., Weller, J.I., Ron, M., Band, M., Beever, J.E., Feldmesser, E., Da, Y., Wiggans, G.R., VanRaden, P.M. & Lewin, H.A. (1999). A genome scan for QTL influencing milk production and health traits in dairy cattle. *Physiol. Genomics* 1:165-175.
- Kaupe, B., Winter, A., Fries, R. & Erhardt, G. (2004). *DGATI* polymorphism in *Bos indicus* and *Bos taurus* cattle breeds. *J. Dairy Res.* 71(2):182-7
- Kuhn, C., Thaller, G., Winter, A., Bininda-Emonds, O. R., Kaupe, B., Erhardt, G., Bennewitz, J., Schwerin, M. and Fries, R. 2004. Evidence for multiple alleles at the *DGATI* locus better explains a quantitative trait locus with major effect on milk fat content in cattle. *Genetics* 167: 1873-81.
- Looft, C., Reinsch, N., Karall-Albrecht, C., Paul, S., Brink, M., Thomsen, H., Brockmann, G., Kuhn, C., Schwerin, M. & Kalm, E. (2001). A mammary gland EST showing linkage disequilibrium to a milk production QTL on bovine Chromosome 14. *Mamm. Genome* 12:646-650.
- Marshall, M.O. & Knudsen, J. (1977a). The specificity of 1-acyl-sn-glycerol 3-phosphate acyltransferase in microsomal fractions from lactating cow mammary gland towards

short, medium and long chain acyl-CoA esters. *Biochim. Biophys. Acta.* 489:236-241.

- Marshall, M.O. & Knudsen, J. (1977b). Biosynthesis of triacylglycerols containing short-chain fatty acids in lactating cow mammary gland. Activity of diacylglycerol acyltransferase towards short-chain acyl-CoA esters. *Eur. J. Biochem.* 81:259-266.
- Riquet, J., Coppieters, W., Cambisano N., Arranz, J.-J., Berzi, P., Davis, S.K., Grisart, B., Farnir, F., Karim, L., Mni, M., Simon, P., Taylor, J.F., Vanmanshoven, P., Wagenaar, D., Womack, J.E. & Georges, M. (1999). Fine-mapping of quantitative trait loci by identity by descent in outbred populations: application to milk production in dairy cattle. *Proc. Natl. Acad. Sci. U S A.* 96:9252-9257.
- Spelman, R.J., Ford, C.A., McElhinney, P., Gregory, G.C. & Snell, R. G. (2002). Characterization of the *DGATI* Gene in the New Zealand Dairy Population. *J. Dairy Sci.* 85:3514-3517
- Spörndly, E., Lundén, A., Svennersten-Sjaunja, K. & Burstedt, E. (1999). Faktorer som inverkar på mjölkfettets sammansättning och kvalitet - utfodring, mjölkning, skötsel, avel. Rapport nr. 4973. Svensk Mjölk, Lund. 76 pp.
- Winter, A., Krämer, W., Werner, F.A.O., Kollers, S., Kata, S., Durstewitz, G., Buitkamp, J., Womack, J.E., Thaller, G. & Fries, R. (2002). Association of a lysine-232/alanine polymorphism in a bovine gene encoding acyl-CoA:diacylglycerol acyltransferase (*DGATI*) with variation at a quantitative trait locus for milk fat content. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 99:9300-9305.

*Internet:*

ViaLactia homepage, <http://www.vialactia.com/index.asp>

**Publicerade arbeten:**

- Näslund, J., Pielberg, G. and Lundén, A. 2004. Frequency of the bovine *DGATI* (K232A) polymorphism in selection lines with high and low milk fat content. Abstract from the 55<sup>th</sup> Annual Meeting of the EAAP, Bled, Slovenia, September 5<sup>th</sup>-9<sup>th</sup>
- Näslund, J., Pielberg, G. and Lundén, A. 2004. Frequency and effect of the bovine *DGATI* (K232A) polymorphism in Swedish dairy cattle. (In manuscript)

## **Hur har resultaten förmedlats:**

### *Till näringen*

Projektet samt de resultat som framkommit presenterades och diskuterades vid ett forskningsseminarium och workshop om mjölkkoavel på Inst. för husdjursgenetik, SLU, Uppsala. Vid detta seminarium återfanns deltagare från Svensk Mjolk, Svensk Avel, SRB- och SLBkommittén med avelsansvariga, Husdjurs- och avelsföreningar och Jordbruksverket.

### *Kunskapsöverföring*

Resultaten från projektet har presenterats på en workshop inom NORFA-nätverket 'Quality and Health Aspects of Milk Components' samt på en internationell konferens (EAAP i Bled, Slovenien, 2004). Resultaten har även förmedlats till kollegor inom universitetet via seminarier och föreläsningar.

Resultaten från denna studie kommer att ligga till grund för en artikel som håller på att sammanställas och som kommer att skickas till en internationell tidskrift med refereegranskning. Även publicering i svensk fackpress (Husdjur), SLF's informationsblad "nytt om forskning", och liknande media kommer att vara aktuellt. Avsikten är också att så snart vi erhållit tillämpbara resultat ställa dessa till rådgivares och övriga intressenters förfogande, via lättillgängligt informationsmaterial och via medverkan i kurser.

De resultat som erhållits under året, och även tidigare insamlade data, kommer också att fungera som en grund i ett vidare projekt som syftar till att analysera vilken effekt *DGATI* genotyp har på mjölkproduktion, mjölksammansättning och mjölkkvalitet. Mjolkprover från de kor som nu genotypbestämts har tidigare analyserats för sammansättning med avseende på fett, protein, laktos, celltal, prooxidanten koppar samt förekomst av smakfel. Det befintliga materialet kommer att kompletteras med analyser av fettsyresammansättning (finansierat av FORMAS) och antioxidanten alfa-tokoferol (finansierat av SLF). Syftet är att utreda vilka faktorer som styr uppkomsten av de smakfel i mjölk som kan relateras till mjölkfettet.