

FRAMTIDENS MJÖLK

Genetiska möjligheter att påverka mjölkens sammansättning och teknologiska egenskaper

Detta SLF-projekt (V0930001) är ett fortsättningsprojekt för det avslutande året (år 4) i det SLF-finansierade projektet Framtidens mjölk (SLF-projekt V0630006).

BAKGRUND

Avkastningsökningen mätt som producerad mjölmängd, fett- och proteinmängd för Svensk röd och vit boskap (SRB) och Svensk Holstein (SH) har varit mycket stor under de senaste 25 åren. Den ökande andelen mjölk som processas kräver större kunskap om mjölkråvarans sammansättning och teknologiska egenskaper. Avelsarbetet har varit en drivande kraft i utvecklingen mot allt högre avkastning per ko och år, men sambanden mellan kornas gener och mjölkens sammansättning och processbarhet är ofullständiga. Nya tekniker för genotypning av kor och mer noggranna bestämningar av mjölksammansättningen finns nu tillgängliga, vilket gör det möjligt att förstå dessa samband.

Nötcenter Viken är en kärnbesättning som har rekryterat kvigor med höga index från hela Sverige och har därför en hög andel tjurmödrar. Mjölkaavkastningen samt fett- och proteinmängden per ko på Nötcenter Viken är 31%, 19% respektive 35% högre jämfört med medelavkastningen per ko för gårdar i Sverige. Genom deras höga avelsvärden återspeglar korna på Nötcenter Viken den förväntade produktionskapaciteten hos våra framtida svenska kor och kan på så sätt klassas som elitkor. Detta ger möjlighet att jämföra framtida mjölksammansättning och teknologiska egenskaper med dagens mjölk, samt att korrigera och anpassa inriktningen av avelsarbetet.

I det tidigare projektet (SLF-projekt V0630006) har vi visat på samband mellan kons genetiska uppsättning och mjölkens sammansättning och funktionella egenskaper. Bestämning av genotyper av leptin och acyl-CoA:diacylglycerol acyltransferas 1 (DGAT1) visade att det finns en variation för de studerade single nucleotide polymorphisms (SNP) samt att det finns skillnader i allelfrekvens mellan de olika raserna (SRB och SH) hos korna på Nötcenter Viken. Resultaten är av stor vikt för att kunna justera och anpassa inriktningen av avelsarbetet. Vidare indikerade projektet att olika alleler av de analyserade generna ger upphov till varierande sammansättning och funktionella egenskaper. Detta visar på möjligheten att förändra mjölkens sammansättning och processbarhet efter de svenska mejeriernas behov genom ett selektivt avelsarbete. Sambanden mellan de analyserade generna och mjölkens kvalitet visade att de utvalda generna påverkar olika fraktioner i mjölken. Resultaten visade till exempel att DGAT1 har betydelse för mjölkens fettsyrasammansättning, vilket öppnar upp för möjligheter att möta nya krav på fettsammansättningen i mjölk och mejeriprodukter. Leptin däremot visade på samband med mjölkens protein- och mineralfraktion och funktionella egenskaper hos mjölk som kan kopplas till proteinfraktionen, såsom oststruktur och ostegenskaper. Detta ger i sin tur möjligheter att redan på gårdsnivå optimera och förbättra osttillverkningen. Projektet som helhet ger på så sätt möjligheter att välja ut kvigor/kor som producerar mjölk med önskad sammansättning och funktionella

egenskaper och kan i förlängningen bidra till ökad lönsamhet inom mjölkproduktionen och mejeriindustrin.

Den övergripande målsättningen med detta projekt, som är en fortsättning på det ovannämnda projektet (SLF-projekt V0630006), är att utveckla och värdera kunskap om genernas betydelse för juverhälsa och mjölkens peptidsammansättning. Syftet är att studera mjölkens peptidprofil i relation till juverhälsa och celltal, samt dess betydelse för teknologiska egenskaper. Detta kommer att ske på individnivå hos kor från Nötcenter Viken med känd genetisk uppsättning av leptin, DGAT1 samt genetiska varianter av kaseiner och β -laktoglobulin. Följande delmoment har definierats:

1. Samband mellan genetisk uppsättning och juverhälsa och celltal
2. Samband mellan genetisk uppsättning och mjölkens peptidprofil

Det långsiktiga målet med projektet Framtidens mjölk är att identifiera genotyper med potential att styra mot en framtida högkvalitativ mjölkkråvara.

MATERIAL OCH METODER

I det tidigare projektet (SLF-projekt V0630006) har mjölk- och blodprover analyserats på individnivå. Proverna togs ut en gång under hösten (september 2008) från totalt 48 kor på Nötcenter Viken. Korna valdes ut baserat på mjölkproduktion (låg respektive hög) och ras (SRB och SH). Allel- och genotypbestämning av leptin och DGAT1 samt genetisk variation av β - och κ -kasein samt β -laktoglobulin utfördes. Dessutom studerades ur mejerisynpunkt viktiga teknologiska egenskaper för ostutbyte, oststruktur och ostegenskaper.

Följande tekniker användes för att analysera genuppsättning samt teknologiska egenskaper:

Bestämning av genotyper och alleler med hjälp av DNA-typning har gjorts för:

- Leptin
- DGAT1
- β - och κ -kasein samt β -laktoglobulin

Teknologiska egenskaper har studerats på följande sätt:

- Löpekoagulering med reologi
- Modellostar med texturmätning och ostutbyte
- Fettkulestorlek med ljusspridning
- Kaseinmicellstorlek med fotonkorrelationspektroskopi (PCS) och fältflödesfraktionering (FFF)

Mjölkens protein- och peptidprofil

Mjölkens protein- och peptidprofil analyserades med tekniken Tandem Mass Tags (TMT) och masspektrometri (MS). Metoden gör det möjligt att både identifiera och kvantifiera proteiner och peptider. TMT är små molekyler med identisk struktur som binder in till aminosyror på proteiner och peptider och på så sätt märker dessa. Varje prov märktes med en specifik TMT, proverna blandades och LC MS/MS (liquid chromatography tandem mass spectrometry) kördes. Under MS/MS-analysen producerar varje TMT en unik reporterjon som gör kvantifiering möjlig. Intensiteten av varje reporterjon i masspektret gör att den relativa mängden av varje protein/peptid kunde beräknas. Identifiering av proteinerna/peptiderna gjordes i databasen Mascot (Matrix Science, U.K.), där sannolikheten sattes till $P < 0.05$.

För de identifierade genetiska proteinvarianterna och peptiderna beräknades den relativa mängden. För de genetiska kaseinvarianterna kunde vi dessutom med hjälp av förhållandet mellan α_{s1} -, α_{s2} -, β - och κ -kasein från tidigare studier (Hallén et al., 2008; Wedholm et al., 2006) beräkna den absoluta mängden för respektive variant.

Statistisk bearbetning

Statistiska utvärderingar har utförts med Minitab version 14 (Minitab Ltd., U.K.). Metoden general linear model har använts för att utvärdera samband mellan den genetiska uppsättningen och mjölkens komponenter. Följande univariata statistiska modeller har använts:

För leptin och DGAT1:

$$y_{ijk} = \mu + \text{ras}_i + \text{mjölkvolym}_j + \text{allel}_k + \varepsilon_{ijk} \quad (1)$$

För de genetiska proteinvarianterna:

$$y_{ijklm} = \mu + \text{ras}_i + \text{mjölkvolym}_j + \beta\text{-kaseinallel}_k + \kappa\text{-kaseinallel}_l + \beta\text{-laktoglobulinallel}_m + \varepsilon_{ijklm} \quad (2)$$

där y =beroende variabel; μ =generellt medelvärde; ras=fix effekt av ras (SRB eller SH); mjölkvolym=fix effekt av mjölkvolym (10-20 kg, 21-30 kg eller >30 kg); allel=fix effekt av allel för respektive gen/proteinvariant; ε =felresidual.

För de genetiska proteinvarianterna har en multigen-modell använts för att korrigera för att kasein generna ligger nära varandra på genomet.

Pearsons korrelationskoefficient (r) har beräknats för att utvärdera korrelationer (samband) mellan olika analyserade parametrar. För alla statistiska utvärderingar har signifikansnivån valts till $P < 0.10$ på grund av det låga antalet kor i studien.

RESULTAT

I det tidigare projektet (SLF-projekt V0630006) har screening gjorts av den genetiska uppsättningen av leptin och DGAT1 samt genetisk variation av β - och κ -kasein samt β -laktoglobulin. I tabell 1 visas vilka SNP som ingick i analysen och i det tidigare projektet (SLF-projekt V0630006) redovisas resultaten av screeningen.

Tabell 1. Analyserade single nucleotide polymorphisms (SNP) av leptin och acyl-CoA:diacylglycerol acyltransferas 1 (DGAT1) samt möjliga alleler av leptin, DGAT1, β - och κ -kasein samt β -laktoglobulin.

Genposition/protein	SNP	Alleler
Leptin	A1457G	A, G
	A252T	A, T
	A59V	C, T
	C963T	C, T
Leptinreceptor	T945M	C, T
DGAT1	Nt984+8(A-G)	A, G
β -kasein		A1, A2
κ -kasein		A, B, E
β -laktoglobulin		A, B

Nedan presenteras resultaten från delmoment 1 och 2 i detta projekt (SLF-projekt V0930001).

Delmoment 1: Samband mellan genetisk uppsättning och juverhälsa och celltal

I tabell 2 presenteras de gener som uppvisar effekt på mjölkens somatiska celltal (SCC).

Tabell 2. Effekt av alleler av leptin (LEP) och acyl-CoA:diacylglycerol acyltransferas 1 (DGAT1) på mjölkens somatiska celltal (SCC)¹

LEP A59V	C	T	P-värde
SCC (log/mL)	5.00 ± 0.03	4.85 ± 0.06	0.024
DGAT1 Nt984+8(A-G)	A	G	
SCC (log/mL)	5.11 ± 0.07	4.96 ± 0.03	0.061

¹Resultaten presenteras som korrigerat medelvärde (least squares means) ± standardfel (standard error). Endast komponenter med $P < 0.10$ visas.

I tabell 2 ses att det är endast två av de totalt nio analyserade generna/proteinerna som har effekt på mjölkens SCC. Resultaten tyder på att C-allelen av leptin A59V ger ett högre SCC än T-allelen, medan för DGAT1 är det A-allelen som uppvisar denna tendens. Leptin och DGAT1 ökar förklaringsgraden med 1%.

Samband mellan SCC och teknologiska egenskaper presenteras i tabell 3. Endast de egenskaper som uppvisar signifikanta samband ($P < 0.10$) med SCC redovisas.

Tabell 3. Pearson-korrelationer mellan juverhälsa (mätt som somatiskt celltal (SCC)) och teknologiska egenskaper¹

	SCC
Osthårdhet	0.398 [†]
Ostutbyte	0.459*

¹ Endast komponenter som korrelerar med $P < 0.10$ visas.

[†] $P < 0.10$; * $P < 0.05$.

I tabell 3 ses att ostutbyte har en positiv korrelation med mjölkens SCC och även osthårdhet visar en tendens till positiv korrelation. Tidigare studier har visat att mastit minskar ostutbyte (Amenu och Deeth, 2007), dock ligger SCC för korna i denna studie under 300 000 celler/ml. Vid dessa relativt låga celltal finns det inga tydliga samband mellan celltal och ostegenskaper.

Delmoment 2: Samband mellan genetisk uppsättning och mjölkens peptidprofil

Grundstenarna i ett protein är naturligt förekommande aminosyror som är sammanbunda till olika långa kedjor, kallade peptider. Peptider skiljer sig från proteiner genom att de är mindre och gränsen brukar dras vid 50 aminosyror. I mjölk förekommer peptider dels naturligt och dels genom att de bildas från mjölkens proteiner genom olika kemiska och biologiska reaktioner.

I tabell 4 presenteras de fria peptider som fanns närvarande i de analyserade proverna. Tabellen anger de funna peptidsekvenserna, klyvningsställe på N- respektive C-terminalen på proteinet samt peptidskevensernas sannolika identitet.

Tabell 4. Identitet av peptider i skummjolk som uppvisar samband med genetisk uppsättning och/eller juverhälsa och/eller teknologiska egenskaper

Peptidsekvens	N-terminal klyvningsställe	C-terminal klyvningsställe	Sannolik identitet
HQGLPQEVLENLLR	Lys ₇ – His ₈	Arg ₂₂ – Phe ₂₃	α_{s1} -CN ¹ 8–22
GLPQEVLENLLR	Gln ₉ – Gly ₁₀	Arg ₂₂ – Phe ₂₃	α_{s1} -CN 10–22
FFVAPFPEVFGK	Arg ₂₂ – Phe ₂₃	Lys ₃₄ – Glu ₃₅	α_{s1} -CN 23–34
FVAPFPEVFGK	Phe ₂₃ – Phe ₂₄	Lys ₃₄ – Glu ₃₅	α_{s1} -CN 24–34
VAPFPEVFGK	Phe ₂₄ – Val ₂₅	Lys ₃₄ – Glu ₃₅	α_{s1} -CN 25–34
APFPEVFGK	Val ₂₅ – Ala ₂₆	Lys ₃₄ – Glu ₃₅	α_{s1} -CN 26–34
FVAPFPEVFGKEK	Phe ₂₃ – Phe ₂₄	Lys ₃₆ – Val ₃₇	α_{s1} -CN 24–36
YLGYLEQLLR	Arg ₉₀ – Tyr ₉₁	Arg ₁₀₀ – Leu ₁₀₁	α_{s1} -CN 91–100
GYLEQLLRLK	Leu ₉₂ – Gly ₉₃	Lys ₁₀₂ – Lys ₁₀₃	α_{s1} -CN 93–102
VPQLEIVPNSAEERLHSM	Lys ₁₀₅ – Val ₁₀₆	Met ₁₂₃ – Lys ₁₂₄	α_{s1} -CN 106–123
GPIVLNPWDQVK	Gln ₁₀₁ – Gly ₁₀₂	Lys ₁₁₃ – Arg ₁₁₄	α_{s2} -CN 102–113
VLNPWDQVK	Ile ₁₀₄ – Val ₁₀₅	Lys ₁₁₃ – Arg ₁₁₄	α_{s2} -CN 105–113
FALPQYLKTVYQHQQ	Lys ₁₇₃ – Phe ₁₇₄	Gln ₁₈₇ – Lys ₁₈₈	α_{s2} -CN 174–187
FLLYQEPVLPVVRGPFPIIV	Ala ₁₈₉ – Phe ₁₉₀	C-terminal (Val ₂₀₉)	β -CN 190–209
LLYQEPVLPVVRGPFPII	Phe ₁₉₀ – Leu ₁₉₁	Ile ₂₀₈ – Val ₂₀₉	β -CN 191–208
LYQEPVLPVVRGPFPII	Leu ₁₉₁ – Leu ₁₉₂	Ile ₂₀₈ – Val ₂₀₉	β -CN 192–208
LYQEPVLPVVRGPFPIIV	Leu ₁₉₁ – Leu ₁₉₂	C-terminal (Val ₂₀₉)	β -CN 192–209
YQEPVLPVVRGPFPIIV	Leu ₁₉₂ – Tyr ₁₉₃	C-terminal (Val ₂₀₉)	β -CN 193–209
YQEPVLPVVRGPFPI	Leu ₁₉₂ – Tyr ₁₉₃	Ile ₂₀₇ – Ile ₂₀₈	β -CN 193–207
EPVLPVVRGPFPI	Gln ₁₉₄ – Glu ₁₉₅	Ile ₂₀₇ – Ile ₂₀₈	β -CN 195–207
EPVLPVVRGPFPII	Gln ₁₉₄ – Glu ₁₉₅	Ile ₂₀₈ – Val ₂₀₉	β -CN 195–208
EPVLPVVRGPFPIIV	Gln ₁₉₄ – Glu ₁₉₅	C-terminal (Val ₂₀₉)	β -CN 195–209
GPVVRGPFPIIV	Leu ₁₉₈ – Gly ₁₉₉	C-terminal (Val ₂₀₉)	β -CN 199–209
LPLSLLK			U6 snRNA-associerat Sm-liknande protein LSm4
LPLSILK			Glykosyleringsberoende celladhesionsmolekyl 1

¹ CN = kasein.

Som framgår av tabell 4 finns det en rad fria peptider i skummjolk. Den största andelen av peptiderna är associerade till kaseiner, medan några härrör från andra proteiner i mjölken. Dock visar tabellen endast de peptider som uppvisar samband med genetisk uppsättning och/eller juverhälsa och/eller teknologiska egenskaper i de analyserade proverna. Många fler peptider identifierades i proverna, men dessa hade inga samband med ovannämnda egenskaper och har därför inte redovisats.

Samband mellan genetisk uppsättning och relativ mängd av mjölkens peptidprofil samt relativ/absolut mängd av mjölkens proteinprofil presenteras i tabell 5 och 6. Endast signifikanta samband ($P < 0.10$) redovisas.

Tabell 5. Effekt av alleler av leptin (LEP), leptinreceptor (LEPR) och acyl-CoA:diacylglycerol acyltransferas 1 (DGAT1) på relativ mängd av mjölkens peptidprofil samt relativ/absolut mängd av mjölkens proteinprofil¹

LEP A1457G	A	G	P-värde
β-CN ² 191–208	2.5 ± 0.2	0.9 ± 0.2	0.000
β-CN 193–209	0.55 ± 0.02	0.60 ± 0.02	0.039
LEP A252T	A	T	
κ-kasein (relativ)	1.2 ± 0.1	1.6 ± 0.2	0.080
κ-kasein (absolut)	4.6 ± 0.4	6.1 ± 0.7	0.074
LEP A59V	C	T	
β-CN 195–209	2.1 ± 0.2	1.5 ± 0.3	0.080
LPLSLLK	1.6 ± 0.1	0.9 ± 0.3	0.019
LPLSILK	1.6 ± 0.1	0.9 ± 0.3	0.019
α _{s2} -kasein (relativ)	1.2 ± 0.1	1.5 ± 0.1	0.074
LEP C963T	C	T	
β-CN 191–208	2.2 ± 0.3	1.1 ± 0.2	0.007
β-CN 193–209	0.55 ± 0.0	0.61 ± 0.0	0.018
LEPR T945M	C	T	
β-CN 195–208	1.2 ± 0.2	1.9 ± 0.3	0.063
β-CN 191–208	1.4 ± 0.2	2.5 ± 0.4	0.014
DGAT1 Nt984+8(A-G)	A	G	
LPLSLLK	1.0 ± 0.3	1.6 ± 0.1	0.067
LPLSILK	1.0 ± 0.3	1.6 ± 0.1	0.067

¹Resultaten presenteras som korrigerat medelvärde (least squares means) ± standardfel (standard error). Endast komponenter med $P < 0.10$ visas.

²CN = kasein.

Tabell 6. Effekt av alleler av β-laktoglobulin, β- och κ-kasein på relativ mängd av mjölkens peptid- och proteinprofil¹

β-laktoglobulin	A	B		P-värde
α _{s1} -CN ² 10–22	2.7 ± 0.3	0.6 ± 0.4		0.003
β-laktoglobulin	1.3 ± 0.1	1.0 ± 0.1		0.063
β-kasein	A1	A2		
β-CN 192–208	2.9 ± 0.2	1.9 ± 0.2		0.005
α _{s1} -CN 24–36	3.1 ± 0.4	1.4 ± 0.3		0.002
LPLSLLK	1.1 ± 0.2	1.5 ± 0.2		0.061
LPLSILK	1.1 ± 0.2	1.5 ± 0.2		0.061
κ-kasein	A	B	E	
β-CN 195–207	0.9 ^a ± 0.2	1.2 ^{ab} ± 0.2	1.5 ^b ± 0.2	0.055
β-CN 192–208	1.0 ^a ± 0.2	2.0 ^b ± 0.2	4.2 ^c ± 0.4	0.000
α _{s1} -CN 24–36	1.3 ^a ± 0.4	1.6 ^a ± 0.5	3.8 ^b ± 0.5	0.004
α _{s1} -CN 10–22	0.9 ^a ± 0.3	2.1 ^b ± 0.5	1.9 ^{ab} ± 0.4	0.078

¹Resultaten presenteras som korrigerat medelvärde (least squares means) ± standardfel (standard error). Endast komponenter med $P < 0.10$ visas.

²CN = kasein.

^{a-c} Medelvärden inom en rad med olika överskrift skiljer sig åt ($P < 0.10$).

I tabell 5 och 6 kan ses att de analyserade generna och proteinvarianterna har effekt på både mjölkens peptid- och proteinprofil. Peptiden β-kasein 191-208 påverkas både av leptingenen och leptinreceptorgen, där A-allelen av leptin A1457G, C-allelen av leptin C963T och T-allelen av leptinreceptor T945M ger en högre mängd av β-kasein 191-208. Leptin respektive DGAT1 ökar förklaringsgraden med 1-36% respektive 18% för de analyserade parametrarna. Vidare kan ses att alleler av de genetiska proteinvarianterna har effekt på peptider av α_{s1}-

kasein samt tyder resultaten på att A-allelen av β -laktoglobulin ger en ökad mängd av β -laktoglobulin i mjölken. De genetiska proteinvarianterna ökar här förklaringsgraden med 7-33%.

Samband mellan SCC och relativ mängd av mjölkens peptid- och proteinprofil presenteras i tabell 7. Endast signifikanta samband ($P < 0.10$) redovisas.

Tabell 7. Pearson-korrelationer mellan juverhälsa (mätt som somatiskt celltal (SCC)) och relativ mängd av mjölkens protein- och peptidprofil¹

	SCC
<i>Proteiner</i>	
α_{s1} -CN ²	-0.293 [†]
β -CN	-0.331 [*]
β -laktoglobulin	-0.281 [†]
<i>Peptider</i>	
α_{s1} -CN 8–22	0.804 ^{**}
α_{s1} -CN 23–34	0.465 ^{**}
α_{s1} -CN 24–34	0.465 ^{**}
α_{s1} -CN 25–34	0.395 [†]
α_{s1} -CN 26–34	-0.995 ^{***}
α_{s1} -CN 106–123	0.564 [†]
α_{s2} -CN 102–113	0.764 ^{***}
α_{s2} -CN 105–113	0.913 ^{***}
β -CN 190–209	0.561 [†]
β -CN 191–208	0.912 ^{***}
β -CN 192–208	0.602 ^{**}
β -CN 192–209	0.907 ^{***}
β -CN 193–209	0.713 [*]
β -CN 195–207	0.371 [*]
β -CN 195–209	0.561 ^{**}
β -CN 199–209	0.897 ^{***}

¹ Endast komponenter som korrelerar med $P < 0.10$ visas.

² CN = kasein.

[†] $P < 0.10$; ^{*} $P < 0.05$; ^{**} $P < 0.01$; ^{***} $P < 0.001$.

I tabell 7 kan ses att det i de flesta fall finns en positiv korrelation mellan SCC och relativ mängd av peptider, vilket innebär att ett högre SCC ger större mängd av peptider i mjölken. Detta gör sig gällande redan vid ett celltal under 300 000 celler/ml för enskilda kor. En möjlig förklaring till detta är att vid högre celltal är det större aktivitet av enzymer, som är kopplade till juverhälsa, i mjölken, vilket kan ge upphov till mer peptider. En annan förklaring kan vara en större nedbrytning av proteiner i juvret.

I tabell 8 visas korrelationer mellan teknologiska egenskaper och relativ/absolut mängd av mjölkens proteinprofil samt relativ mängd av mjölkens peptidprofil. Endast signifikanta samband ($P < 0.10$) redovisas.

Tabell 8. Pearson-korrelationer mellan teknologiska egenskaper och relativ/absolut mängd av mjölkens proteinprofil samt relativ mängd av mjölkens peptidprofil¹

	Gelstyrka	Koaguleringsringtid	Motstånd mot gelnedbrytning	Ost pH	Ost-hårdhet	Fettkulestorlek	CNmicellstorlek ²
<i>Proteiner</i>							
α_{s1} -CN (relativ)				-0.410 [†]			0.516*
α_{s1} -CN (absolut)				-0.422 [†]			
α_{s2} -CN (relativ)							0.587**
α_{s2} -CN (absolut)		0.461*		-0.396 [†]			
β -CN (relativ)							0.687**
β -CN (absolut)				-0.398 [†]			0.571**
κ -CN (relativ)	0.464*		0.485*				
κ -CN (absolut)	0.554*		0.574**				
α -laktalbumin (relativ)				-0.820***			0.601*
β -laktoglobulin (relativ)							0.544*
<i>Peptider</i>							
α_{s1} -CN 8–22		0.863 [†]	-0.816 [†]			-0.828 [†]	
α_{s1} -CN 10–22							-0.682**
α_{s1} -CN 23–34							-0.625**
α_{s1} -CN 24–34							-0.607**
α_{s1} -CN 24–36							-0.802**
α_{s1} -CN 91–100						-0.934*	-0.890*
α_{s1} -CN 93–102					-0.849 [†]		
α_{s2} -CN 102–113							-0.603 [†]
α_{s2} -CN 105–113					0.870 [†]		
α_{s2} -CN 174–187						-0.887*	-0.959*
β -CN 190–209					0.930**		
β -CN 192–208							-0.678*
β -CN 192–209		0.821 [†]		0.833 [†]			
β -CN 193–207					0.833 [†]		
β -CN 195–207	0.453 [†]		0.462 [†]				-0.668**
β -CN 195–208					0.604 [†]		
β -CN 195–209							-0.525*
β -CN 199–209	-0.903*	0.912*	-0.903*				
LPLSLLK						-0.421 [†]	
LPLSILK						-0.421 [†]	

¹ Endast komponenter som korrelerar med $P < 0.10$ visas.

² CN = kasein.

[†] $P < 0.10$; * $P < 0.05$; ** $P < 0.01$; *** $P < 0.001$.

Samband finns även mellan teknologiska egenskaper och mängd av proteiner och peptider i mjölken, vilket kan ses i tabell 8. Den relativa och absoluta mängden av κ -kasein har en positiv korrelation med både gelstyrka och motstånd mot gelnedbrytning, vilket innebär att ju mer κ -kasein mjölken innehåller, desto bättre gelegenskaper vid osttillverkning. Vidare visar resultaten att en liten mängd av fria peptider i mjölken och en stor mängd av genetiska proteinvarianter ger större kaseinmiceller, vilket även det inverkar på gelegenskaper vid osttillverkning.

DISKUSSION

Samband mellan de analyserade generna samt proteinvarianterna och mjölkens innehåll av fria peptider visar att det finns möjlighet att förändra mjölkens innehåll av mindre komponenter som förekommer i mjölk. Många av mjölkens peptider har tidigare visats vara bioaktiva, vilket innebär att de har en inverkan på hälsoegenskaper och funktionella egenskaper. Resultaten visar således på möjligheter att i framtiden kunna välja ut kvigor/kor

som producerar mjölk med önskade hälsoegenskaper. Studien är baserad på ett begränsat antal kor, men ger trots detta en indikation på potentialen inom området.

Studien har visat på många intressanta samband mellan kornas genetiska uppsättning, mjölkens kvalitet samt teknologiska egenskaper vid processing som bör undersökas ytterligare. Enskilda gener har till exempel visats ha effekt på mjölkens celltal och ett högre celltal ger större mängd peptider i mjölken, redan vid ett celltal under 300 000 celler/ml hos enskilda kor. Med nya tekniker är det nu möjligt att studera hela kons genom, vilket öppnar upp för nya möjligheter att förbättra kons juverhälsa genom ett effektivare avelsarbete. Vidare visar resultaten på samband mellan kaseinmicellstorlek och peptider. Genom att utnyttja unika och innovativa teknologier, såsom fältflödesfraktionering kopplad till ljusspridning, finns möjlighet att optimera det initiala steget vid osttillverkning.

De erhållna resultaten gällandes peptid- och proteinprofilerna kan vara beroende av den valda analystekniken. Fördelen med TMT jämfört med till exempel 2-dimensionell gelelektrofores och HPLC (high performance liquid chromatography) är att det är möjligt att både identifiera och kvantifiera peptiderna/proteinerna. För många tekniker är endast identifiering möjlig. Genom utnyttjandet av olika identifieringsmetoder är det dock viktigt att studera peptider med olika tekniker för att få en så korrekt bild som möjligt av mjölkens innehåll av fria peptider.

Slutsats

Studien har alltså visat på samband mellan genetisk uppsättning och mjölkens innehåll av fria peptider och att ett högre celltal ger större mängd peptider i mjölken, redan vid ett celltal under 300 000 celler/ml hos enskilda kor. Projektet som helhet (SLF-projekt V0630006 och V0930001) ger på så sätt möjligheter att förändra mjölkens sammansättning, teknologiska egenskaper som har betydelse vid ostproduktion och hälsoegenskaper efter de svenska mejeriernas behov genom ett selektivt avelsarbete. Resultaten är en viktig del av den framtida råvarukunskapen och ger möjlighet för att kunna styra och optimera mjölkråvarans användning på ett snabbare och mer önskvärt sätt. Projektet ger unik information på forskningsnivå om samband mellan gener och mjölkkomponenter som i förlängningen kommer att vara praktiskt tillämpbar i avelsarbetet för att optimera både råvarans och produkternas kvalitet, stabilitet och hållbarhet, vilket i sin tur kan bidra till ökad lönsamhet inom mjölkproduktionen och mejeriindustrin.

PUBLIKATIONER

Glantz M., Lindmark Månsson H., Stålhammar H. and Paulsson M. Relations between genetic polymorphism, somatic cell count and peptide and protein profiles in milk from individual dairy cows. *Under bearbetning*.

Övriga publikationer som är pulicerade/inskickade/manuskript inom projektet Framtidens mjölk (SLF-projekt V0630006):

Glantz, M., Lindmark Månsson, H., Stålhammar, H., Bårström, L-O., Fröjelin, M., Knutsson, A., Teluk, C. and Paulsson, M. 2009. Effects of animal selection on milk composition and processability. *J. Dairy Sci.* 92:4589-4603.

Glantz, M., Devold, T.G., Vegarud, G.E., Lindmark Månsson, H., Stålhammar, H. and Paulsson M. 2010. Importance of casein micelle size and milk composition for milk gelation. *J. Dairy. Sci.* 93:1444-1451.

Glantz, M., Håkansson, A., Lindmark Månsson, H., Paulsson, M. and Nilsson, L. 2010. Revealing the size, conformation and shape of casein micelles and aggregates with asymmetrical flow field-flow fractionation and multi-angle light scattering. *Langmuir* 26:12585–12591.

Glantz, M., Lindmark Månsson H., Stålhammar H. and Paulsson M. 2010. Genomic selection in relation to bovine milk composition and processability. *Inskickad till Journal of Animal Breeding and Genetics*.

Glantz, M., Lindmark Månsson H., Stålhammar H. and Paulsson M. 2010. Impact of leptin, DGAT1 and genetic variants of milk proteins on protein, mineral and lipid profiles in bovine milk. *Manuskript*.

Glantz, M., Lindmark Månsson H., Stålhammar H., Dejmek, P. and Paulsson M. 2010. Impact of leptin, DGAT1 and genetic variants of milk proteins on technological properties of bovine milk – structural studies on cheese. *Manuskript*.

ÖVRIG RESULTATFÖRMEDLING TILL NÄRINGEN

Projektet och resultaten har presenterats vid följande konferenser/seminarier/kurser:

- Uppdragsutbildningen Mejeriteknologi för svensk mejeriindustri och inom civilingenjörsutbildningen vid LTH, Lunds Universitet (2010-04-13)
- Nordisk workshop om Dairy Structures – Health and Functionality, NordForsk Network, Ystad, Sverige (2010-04-19 – 2010-04-21)
- Nordisk doktorandkurs om Functional milk compounds – with focus on milk proteins, Köpenhamns Universitet, Danmark (2010-08-31)
- Temadagar för mejeriföretag om mjölk kvalitet, Svensk Mjolk, Lund (2010-09-21 – 2010-09-22)
- Uppdragsutbildningen Mejeriprocesser för svensk mejeriindustri och inom civilingenjörsutbildningen vid LTH, Lunds Universitet (2010-10-05)
- Internationella mejerikonferensen International Dairy Federation World Dairy Summit 2010, Auckland, Nya Zeeland (2010-11-08 – 2010-11-11)

Projektet finns beskrivet på följande hemsida:

- Avdelningen för Livsmedelsteknik, Lunds Universitet
http://www.food.lth.se/english/contacts/personnel/personal_home_pages/mariag/

REFERENSER

Amenu, B., and H. C. Deeth. 2007. The impact of milk composition on cheddar cheese manufacture. *Aust. J. Dairy Technol.* 62:171–184.

Hallén, E., A. Wedholm, A. Andrén, and A. Lundén. 2008. Effect of β -casein, κ -casein and β -lactoglobulin genotypes on concentration of milk protein variants. *J. Anim. Breed. Genet.* 125:119-129.

Wedholm, A., E. Hallén, L. B. Larsen, H. Lindmark Månsson, A. H. Karlsson, and T. Allmere. 2006. Comparison of milk protein composition in a Swedish and a Danish dairy herd using reversed phase HPLC. *Acta Agric. Scand., Sect. A* 56:8–15.