

GENETIC VARIABILITY OF EQUINE MILK PROTEIN GENES

M.Sc. Julia Elena Margot Elisabeth Brinkmann (geb. Schwarz) 1. Berichterstatter: Prof. Dr. G. Thaller

Bereits seit Jahrhunderten wird Stutenmilch als Nahrungsmittel genutzt, so wurde die Verwendung von Stutenmilch bereits in Homers „Ilias“ beschrieben. Positive Effekte von Stutenmilch auf die Gesundheit des Menschen konnten beobachtet werden, insbesondere bei kardiovaskulären Erkrankungen, chronisch-entzündlichen Darmerkrankungen sowie bei Neurodermitis. Ferner wird Stutenmilch als hypoallergenes Lebensmittel im Fall von Kuhmilchproteinallergie genutzt. Da die Proteinfraction im Hinblick auf die Effekte von Stutenmilch von großem Interesse ist, ist das Ziel der vorliegenden Dissertation die Struktur und Variabilität von equinen Milchproteinen auf genetischer Ebene aufzuklären. Zu diesem Zweck wurden alle Exons, welche zu dem offenen Leserahmen der Milchproteine α_{S1} -, β -, α_{S2} - und κ -Casein, β -Lactoglobulin I und II sowie α -Lactalbumin gehören, re-sequenziert. Hierfür wurden DNA-Proben von 198 Pferden aus 8 Rassen gesammelt. Weiterhin wurden next-generation-sequencing Daten von 55 Pferden aus 10 verschiedenen Rassen ausgewertet. Im Fall von *CSNIS2*, dem Gen, welches für α_{S2} -Casein codiert, konnte ein Teil der Ergebnisse sowohl auf RNA- als auch auf Proteinebene bestätigt werden. Mit diesen Methoden konnten 44 Varianten der equinen Milchproteine identifiziert werden, 35 von diesen bislang nicht bekannt.

In **Kapitel 1** wird ein Literaturüberblick über Stutenmilch und deren Produktion gegeben, mit besonderer Berücksichtigung der Zusammensetzung von dieser Milch im Hinblick auf die Proteinfraction. Neben der Zusammensetzung von Stutenmilch wird ein kurzer Überblick über die Geschichte des Pferdes in der Milchproduktion gegeben und die Gewinnung und Verarbeitung von Stutenmilch erläutert.

In **Kapitel 2** werden die Ergebnisse der Sequenzierung von *LGB1* und *LGB2*, den Genen, welche für Lactoglobulin I und II codieren, gegeben. Sowohl die bekannten, als auch vorher unbekannt Varianten dieser Gene konnten identifiziert werden. Für die Varianten wurde eine vorläufige Nomenklatur erstellt.

Kapitel 3 präsentiert die Ergebnisse der Untersuchung von equinen Caseingenen. Neben den bekannten Varianten konnten auch hier diverse neue Varianten identifiziert werden, für welche ebenfalls eine vorläufige Nomenklatur erarbeitet wurde.

In **Kapitel 4** wird *CSNIS2*, das Gen, welches für α_{S2} -Casein codiert, genauer untersucht. Eine 1,3 kb Deletion auf diesem Gen wird erläutert und die zugehörigen RNA- und Proteinsequenzen dargestellt.

Abschließend werden die Ergebnisse in einem generellen Kontext diskutiert, wobei besonders Wert auf Aspekte der Arbeit gelegt wird, die in den einzelnen Kapiteln keine ausreichende Berücksichtigung finden konnten.