

# GENETIC VARIABILITY OF BOVINE AND OVINE MILK PROTEIN GENES

M.Sc. Julia Louisa Tetens

Erstberichterstatter: Prof. Dr. G. Thaller

Seit frühesten Zeiten wissen Menschen um den Wert der Milch von Rindern, Schafen und Ziegen als Nahrungsquelle. Heutzutage spielt, speziell in den westlichen Ländern, die Milch von Kühen eine wichtige Rolle in der Humanernährung. In den letzten Jahren sind Milchproteine aufgrund ihres Einflusses nicht nur auf den ernährungsphysiologischen Wert der Milch sondern auch auf verarbeitungstechnologische Eigenschaften von Milchprodukten in den Focus des wirtschaftlichen Interesses gelangt. Die Proteinfraction der Milch von Wiederkäuern besteht zu 90 % aus sechs Hauptmilchproteinen, die in vier Kaseine ( $\alpha_{S1}$ -,  $\beta$ -,  $\alpha_{S2}$ - und  $\kappa$ -Kasein) und zwei Molkenproteine ( $\alpha$ -Lactalbumin und  $\beta$ -Lactoglobulin) unterteilt werden können. Von allen Milchproteinen ist bekannt, dass sie in unterschiedlichen Varianten sowohl beim Rind als auch bei Schaf und Ziege vorkommen. Diese Varianten sind meist das Resultat sogenannter Nukleotidaustausche innerhalb ihrer Gene (*CSN1S1*, *CSN2*, *CSN1S2*, *CSN3*, *LAA* und *LGB*), die zu Aminosäureaustauschen auf Proteinebene führen. Viele dieser Varianten üben nicht nur Einflüsse auf Milchleistungsmerkmale und –zusammensetzung aus, sondern auch auf den nutritiven Wert der Milch. Die Entstehung sogenannter bioaktiver Peptide, die verschiedenste gesundheitsfördernde Eigenschaften entfalten können, ist von der vorhandenen Aminosäuresequenz der Milchproteine abhängig und somit durch die Ausprägung verschiedener Varianten beeinflussbar. Des Weiteren stellen die verschiedenen bovinen Milchproteinvarianten ein interessantes Hilfsmittel für phylogenetische Studien dar. Ziel dieser Arbeit war es daher neue, aber auch bereits bekannte Milchproteinvarianten in verschiedenen Rinder- und Schafrassen auf DNA-Ebene zu identifizieren.

**Kapitel I** gibt zunächst einen Literaturüberblick. Alle bisher identifizierten bovinen und ovinen Varianten werden beschrieben und ihr Einfluss auf Milchzusammensetzung und –verarbeitungseigenschaften, auf die Entstehung bestimmter bioaktiver Peptide sowie ihre Nutzung für phylogenetische Studien beispielhaft beleuchtet.

In **Kapitel II** wurde der offene Leserahmen der Kaseingene von 356 Tieren 14 tauriner und 3 indiciner Rinderrassen sequenziert. Auf diese Weise konnten 18 der 39 bereits bekannten Allele auf DNA Ebene bestätigt und 5 neue DNA Sequenzvarianten identifiziert werden. Das Auftreten spezieller indiciner Varianten in der phänotypisch als *Bos taurus* klassifizierten Rasse Sarabi wurde mittels eines multidimensionalen Skalierungsansatzes weiter untersucht. Auf diese Weise konnte eine Vermischung tauriner und indiciner Populationen in dieser Rasse aber auch in der Rasse Golpayegani aufgedeckt werden. Weiterhin konnte die Introgression indiciner Rassen beim Pinzgauer und Ungarischen Steppenrind bestätigt werden.

Der offene Leserahmen der  $\alpha$ -Lactalbumin und  $\beta$ -Lactoglobulin kodierenden Gene *LAA* und *LGB* wurde in **Kapitel III** bei bis zu 476 Tieren 18 tauriner und indiciner Rinderrassen sequenziert. Es wurden ein bislang unbekannter synonyme, sowie ein bisher nicht weiter beschriebener nicht-synonymer Nukleotidaustausch innerhalb des *LAA* Gens identifiziert. Des Weiteren wurden zwei bereits bekannte Varianten des  $\alpha$ -Lactalbumins sowie vier bekannte Varianten des  $\beta$ -Lactoglobulins auf DNA Ebene bestimmt. Auch in dieser Studie wurden typische indicine Varianten in einigen taurinen Rassen ermittelt, wodurch abermals die Hypothese der historischen Introgression von *Bos indicus* Population in peri-alpine Rinderrassen unterstützt werden konnte.

**Kapitel IV** konzentriert sich auf die genetische Variabilität der ovinen sechs Hauptmilchproteine. Daher wurde die gleiche Methode bei 170 Schafen acht verschiedener Rassen angewendet. Drei neue Varianten wurden identifiziert sowie 18 der 28 bereits bekannten Varianten auf DNA Ebene bestätigt. Weiterhin wurden bisher unbekannte Kombinationen bereits bekannter Polymorphismen beobachtet und in die bestehende Nomenklatur eingefügt.