

ter erweitert, somit kann über eine einheitliche Oberfläche gezielt nach Informationen im System gesucht werden, was ein komplexes Management für große Projektverbünde ermöglicht. Somit ist das System eine ideale Lösung für Projekte der Systembiologie.

Referenzen:

1. <http://pdbml.rcsb.org> – Ressourcen Seite der Protein Data Bank
2. <http://www.psidev.info> – Web Präsentation der Proteomics Standard Initiative
3. <http://sashimi.sourceforge.net> – Web Präsentation für mzXML Entwicklung
4. <http://lucene.apache.org> – Web Präsentation des Lucene Projekts

5. <http://pedrodownload.man.ac.uk> – Ressourcen Seite für den Pedro Editor

Kontakt

Ralf Herwig
 Max Planck Institut für Molekulare Genetik,
 Abteilung Vertebratengenomik
 Ihnestr. 73, D-14195 Berlin
 E-Mail: herwig@molgen.mpg.de

QuaLIPID: Wie sich Gene des Lipidmetabolismus auf die Qualität von Milch und Fleisch auswirken

Ruedi Fries



Die Qualität tierischer Produkte wird maßgeblich durch die Lipidfraktion bestimmt. Das Fettsäuremuster ist z.B. entscheidend für die Haltbarkeit von Fleisch- und Fleischprodukten oder die Streichfestigkeit von Butter und gleichzeitig auch von ernährungsphysiologischer Bedeutung für den Konsumenten. Das Ausmaß der intramuskulären Lipideinlagerung hat einem wesentlichen Einfluss auf den Geschmack und die Zartheit des Fleisches. Mehrfach ungesättigten Fettsäuren, speziell denjenigen der n-3 Familie (Omega - 3 - Fettsäuren), und den so genannten konjugierten Linolsäuren (conjugated linoleic acids, CLA), die vor allem in Milch und Fleisch von Wiederkäuern vorkommen, wird eine gesundheitsförderliche Wirkung zugesprochen.

Nachdem tierische Fette in den letzten Jahren von den Ernährungsphysiologen in erster Linie als Risikofaktoren für Herz-Kreislaufkrankungen angesehen wurden, ist seit kurzem eine differenziertere Betrachtungsweise zu beobachten. Nach wie vor wird auf den Anteil der tierischen Fette an der kalorischen Überversorgung und an der Aufnahme von gesättigten Fettsäuren hingewiesen. Gleichzeitig wird aber auch die Bedeutung der tierischen Fette für die Grundversorgung mit essentiellen und die Gesundheit fördernden Fettsäuren betont. In dem Spannungsfeld "gute" und "schlechte" tierische Fette müssen sich die Tierzüchtungs- und Tierernährungsforschung sowie die Produzenten und Verarbeiter tierischer Lebensmittel neuen Herausforderungen stellen. Im Rahmen von QuaLIPID sollen

die Grundlagen für die Optimierung von Fettparametern durch koordinierte Maßnahmen der Tierzucht und -Tierernährung erarbeitet werden.

Der Forschungsverbund QuaLIPID im Rahmen der Fördermaßnahme FUGATO (Abb. 1) ist so zusammengesetzt, dass die kompetente und umfassende Untersuchung der funktional genomischen Grundlagen des Lipidstoffwechsels, die effiziente Erhebung von möglichst vielen Lipidparametern, die gezielte Suche nach Variation in Genen des Lipidstoffwechsels, die Suche

nach Assoziation dieser Variation mit Lipidparametern sowie die Untersuchung von Genotyp-Ernährungsumwelt-Interaktion gewährleistet sind.

Mit bioinformatischen Methoden werden die wichtigsten Gene des Fettstoffwechsels identifiziert. Gene, deren Produkte ratenlimitierende Funktion aufweisen und / oder Gene, die im Bereich eines Quantitative Trait Locus (QTL) liegen, werden einer eingehenden Polymorphismus-Analyse unterzogen. Beim Schwein

Beteiligte Forschungseinrichtungen

Technische Universität München

- Lehrstuhl für Tierzucht (Fries, Flisikowski, Schwarzenbacher, Lin)
- Fachgebiet Tierernährung (Schwarz, Reicheneder)

GSF Forschungszentrum für Umwelt und Gesundheit

- Institut für Bioinformatik (Mewes, Suhre, Altmaier)

Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft

- Institut für Tierzucht (Götz, Buitkamp)
- Abteilung Qualitätssicherung und Untersuchungswesen (Schuster, Kämmerer)

Helmholtz Zentrum für Infektionsforschung

- Sektion für Genomanalyse (Blöcker, Scharfe, Severitt)

Forschungsinstitut für die Biologie landwirtschaftlicher Nutztiere

- Forschungsbereich Molekularbiologie (Kühn, Eberlein)
- Forschungsbereich Muskelbiologie und Wachstum (Nürnberg, Diederich)

Beteiligtes Unternehmen

Aktiengesellschaft für Dienstleistungen in der Schweineproduktion (SUISAG, Schweiz)

- Geschäftsbereich Zucht (Hofer, Schwörer, Luther)

Wirtschaftspartner

- BASF Feinchemikalien Aktiengesellschaft
- Zentralverband der Milcherzeuger in Bayern e.V.
- FBF Förderverein Biotechnologieforschung e.V.

Abb. 1. Das QuaLIPID-Konsortium

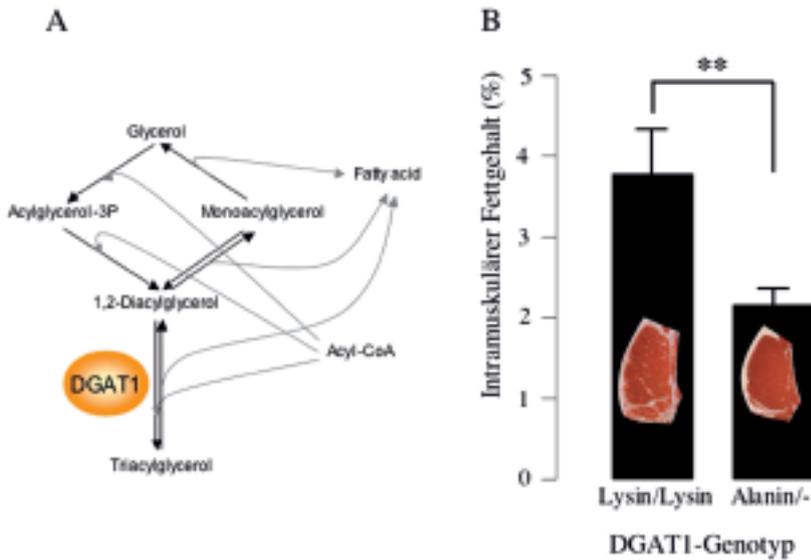


Abb. 2. DGAT1 kodiert für ein ratenlimitierendes Enzym der Triglyceridsynthese (Diacylglycerolacyltransferase) (A). DGAT1-Allele wirken sich unterschiedlich auf die als Fettäckerchen sichtbare intramuskuläre Lipideinlagerung (Marmorierung) des Rindfleisches aus (B).

mussten dazu sechs Millionen Basenpaare neu sequenziert werden und anschließend resequenziert werden. Beim Rind konnte die weitgehend fertig gestellte Genomsequenz für die Resequenzierung verwendet werden. In experimentellen Ressourcenfamilien des Rindes und des Schweins und bei Tieren mit extremen Zuchtwerten aus den Landeszüchten wird nach Assoziation von DNA- mit Lipidparametervariation gesucht. Es werden möglichst viele Lipidmetaboliten mittels Gaschromatographie (GC), Hochleistungs-Flüssigchromatographie (HPLC) und Massenspektrometrie (MS) in Milch und Fleisch untersucht. Die Identifizierung genetischer extremer Tiere basiert auf der im Bereich der Tierzucht etablierten Varianzkomponentenanalyse und der Zuchtwertschätzung. Dieser Ansatz erlaubt besonders kostengünstige Assoziationsstudien, da nur relativ wenige Tiere genotypisiert werden müssen.

In einer vorhergehenden Studie konnte

bereits gezeigt werden, dass eine Lysin-Alanin-Substitution in einem ratenlimitierenden Enzym der Triglyceridsynthese die Variation der intramuskulären Fetteinlagerung und damit der Marmorierung des Rindfleisches zu einem maßgeblichen Teil erklärt (Abb. 2). Der entsprechende Genestyp wird bereits im großen Rahmen zur Verbesserung der Zartheit des Rindfleisches eingesetzt.

Die Fettsäurezusammensetzung von Fleisch und Milch wird bis anhin vor allem mittels HPLC ermittelt. HPLC ist ein aufwändiges Verfahren und nur bedingt für einen hohen Probendurchsatz geeignet. Im Rahmen von *QualIPID* sollen deshalb auch für einen hohen Durchsatz geeignete Methoden erprobt werden. Besonders viel versprechend ist dabei die Nahinfrarotspektroskopie (NIRS), mit der nach entsprechender Kalibrierung einzelne Fettsäuren sehr schnell und hochreproduzierbar quantifiziert werden können. Ein wichtiger Lipid-

Parameter, der inzwischen mit NIRS untersucht werden kann, ist der Gehalt des Linolsäure-Isomers *cis*-9 *trans*-11 (*c9,11t*) Conjugated Linoleic Acid (CLA) in Milch und Fleisch. In verschiedenen Untersuchungen konnte gezeigt werden, dass *c9,11t* CLA vor allem durch die Kuh aus Vaccensäure, einem Produkt der Pansenmikroben, hergestellt wird. Es ist bekannt, dass z.B. die Verfütterung von frischem Gras oder die Weidehaltung zu hohen *c9,11t* CLA-Gehalten in Milch und Fleisch führen. Wir konnten aber feststellen, dass auch bei Stallhaltung und der Verfütterung von Silage plus Kraftfutter die individuelle Variation des *c9,11t* CLA-Gehaltes im Fleisch beträchtlich ist und der Gehalt sehr hoch sein kann (Abb. 3). Die individuelle Variation dürfte zu einem maßgeblichen Teil genetische Ursachen haben. Um diese Ursachen molekulargenetisch zu erfassen, werden systematisch Gene untersucht, deren Produkte die endogene *c9,11t* CLA-Synthese modulieren.

Das Verbundprojekt ist so konzipiert, dass die Resultate möglichst schnell in die praktische Tierzucht und Tierernährung umgesetzt werden können. Die Resultate sind aber auch die Grundlage für die systematische Untersuchung von Genotyp-Ernährungsumwelt-Interaktionsphänomenen. Fettsäuren spielen als Signalmoleküle mit einer relativ direkten Wirkung auf die Genregulation eine wichtige Rolle. In einem Folgeprojekt könnten deshalb gezielt Untersuchungen zur Auswirkung bestimmter Genvarianten und von Nahrungsfettsäuren auf die globale Genregulation durchgeführt werden.

Kontakt:

Prof. Dr. Ruedi Fries
 Lehrstuhl für Tierzucht der
 Technischen Universität München
 Email: Ruedi.Fries@tum.de

Abb. 3. Nahinfrarot-Spektren spezifisch für hohen *c9,11t* CLA-Gehalt (55,99 mg / 100 g Fleisch, rot) bzw. niedrigen Gehalt (1,89 mg / 100 g Fleisch, blau) (A). *c9,11t* CLA-Werte im Muskelfleisch von Bullen der Rasse Fleckvieh (B). Die Abbildung wurde von S. Kämmerer und M. Schuster (Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft) erstellt.

