

## Samenvatting

Melk van koeien is een belangrijke bron van voedingsstoffen. Melk bevat normaliter tussen de 3 en 6% vet wat bestaat uit een groot aantal verschillende vetzuren (FA) welke grofweg onder te verdelen zijn in verzadigde (SFA) en onverzadigde vetzuren (UFA). De exacte samenstelling van melkvet varieert niet alleen tussen melkveebedrijven, maar ook tussen individuele koeien. Deze variatie is met name het gevolg van verschillen in het rantsoen en genetische verschillen tussen de koeien. Omdat de vetzuursamenstelling in melk van invloed is op de verwerking van melk en tevens geassocieerd wordt met humane gezondheid, is er een groeiende vraag naar mogelijkheden om de vetzuursamenstelling in melk aan te passen. Het is bekend dat de vetzuursamenstelling in de melk wordt beïnvloed door een (onbekend) aantal genen, oftewel door veel verschillende specifieke stukken op het DNA van de koe. Het zou dan ook mogelijk kunnen zijn dat er duidelijke verschillen zijn in de vetzuursamenstelling van verschillende rundveerassen.

Wereldwijd, vanaf ongeveer de jaren '80, is er een duidelijke verschuiving geweest van het gebruik van inheemse en lokale rundveerassen naar het gebruik van rassen welke internationaal worden ingezet. In Nederland is deze verschuiving duidelijk te herkennen aan het feit dat de inheemse dubbeldoelrassen zoals de Maas-Rijn-IJssel koe (MRY), de Fries Hollandse koe (DF) en de Groninger Blaarkop koe (GWH) op groot deel van de melkveebedrijven is vervangen door de internationaal veel ingezette Holstein Friesian koe (HF). Door deze verschuiving zijn de inheemse dubbeldoelrassen in aantal sterk teruggelopen tot relatief kleine populaties op dit moment.

De interesse in de achtergrond van de vetzuursamenstelling in melk en het feit dat inheemse rassen steeds minder worden gebruikt in de melkveehouderij zijn de reden dat in dit proefschrift de vetzuursamenstelling in de melk van verschillende Nederlandse rundveerassen is onderzocht en vergeleken met het internationale HF ras.

In hoofdstuk 2 wordt de gedetailleerde vetzuursamenstelling van melk beschreven welke is geproduceerd op bedrijven waar gewerkt wordt met de rassen MRJ, DF, GWH en de internationaal veel gebruikte Jersey koe (JER). In totaal zijn melkmonsters genomen op een 12-tal melkveebedrijven, waarbij voor ieder ras melkmonsters zijn genomen van ongeveer 50 koeien op 3 verschillende bedrijven. Deze melkmonsters zijn geanalyseerd met behulp van gas chromatografie (GC). In totaal zijn 13 individuele vetzuren, 9 vetzuurgroepen en 5 indexen (onverzadigd/totaal) gemeten en bestudeerd waarbij verschillen zijn gevonden tussen bedrijven die verschillende rundveerassen melken. Het aandeel onverzadigd vet in de melk ten opzichte van het totaal aan vet was het grootst voor het GWH ras (26,7%) in vergelijking met MRJ (24,3%) en DF (23,2%), en was het kleinst voor JER (22,7%). Deze bevindingen suggereren dat de combinatie van ras en bedrijf van belang kan zijn voor een specifieke/aangepaste productie van de vetzuursamenstelling in melk.

Omdat GC-analyse relatief kostbaar is en veel tijd kost is in hoofdstuk 3 een validatiestudie beschreven waarvoor is onderzocht of de analysemethode mid-infraroodspectroscopie (MIR) ook gebruikt kan worden voor het bepalen van de vetzuursamenstelling in de melk van verschillende rundveerassen. Voor het bepalen van de

vetzuursamenstelling middels MIR zijn kalibratie vergelijkingen gebruikt die ontwikkeld waren met behulp van een dataset van een 1236-tal melkmonsters die waren verzameld van verschillende rundveerassen in Ierland, Schotland en België (Wallonië). De vergelijkingen werden gebruikt voor het schatten van de hoeveelheid in de melk van 11 individuele vetzuren (voornamelijk vetzuren met korte en middellange ketenlengtes) en 3 vetzuurgroepen van een 190-tal Nederlandse koeien behorende tot de rassen MRY, DF, GWH en JER. De melkmonsters van deze koeien waren tevens geanalyseerd met behulp van GC waarvan bekend is dat hiermee de vetzuursamenstelling nauwkeurig kan worden gemeten. Met behulp van MIR konden de meeste onderzochte vetzuren zeer nauwkeurig worden voorspeld (validatie  $R^2 > 0,80$ ). Dit wijst erop dat MIR een geschikte methode is voor het bepalen van de vetzuursamenstelling in de melk van verschillende rundveerassen over verschillende landen.

In hoofdstuk 4 is de vetzuursamenstelling in de melk van een zeer grote groep koeien, van verschillende rassen en bedrijven, geanalyseerd met behulp van MIR. De data bevatte MIR gegevens (spectra) van in totaal 1769 zuivere MRY, DF, GWH en JER koeien, 15 050 zuivere HF koeien en 7626 kruislingen van de rassen HF, MRY, DF, GWH en JER. De vetzuursamenstelling van de verschillende rundveerassen is met elkaar vergeleken. Die vergelijking is twee keer gedaan waarbij de ene keer wel en de andere keer geen rekening is gehouden met het totale vetpercentage in de melk. Uit de resultaten bleek dat de vetzuren met korte en middellange ketenlengtes een sterke relatie hebben met het totale vetzuurpercentage in de melk. Geconcludeerd kan worden dat de waargenomen verschillen in vetzuursamenstelling tussen de rundveerassen niet of nauwelijks significant zijn. Wel lijkt JER iets meer verzadigde vetzuren te produceren en GWH iets meer onverzadigde vetzuren wanneer werd gecorrigeerd voor vetpercentage in de melk.

Naast de verschillen tussen de rundveerassen is de variatie in vetzuursamenstelling in de melk van koeien van hetzelfde ras (binnen ras variatie) voor HF en MRY onderzocht en beschreven in hoofdstuk 5. Hiervoor zijn van een 14-tal individuele vetzuren en een 14-tal vetzuurgroepen de hoeveelheden in de melk bepaald met behulp van MIR. De additief genetische varianties en de erfelijkheidsgraden van deze vetzuren en vetzuurgroepen zijn afzonderlijk geschat voor HF en MRY. Hiervoor is MIR data gebruikt van 96 315 HF en 2049 MRY koeien. De erfelijkheidsgraden voor de vetzuurgroepen varieerden van 0,19 tot 0,53 voor het HF ras en varieerden van 0,11 tot 0,28 voor het MRY ras. Voor de meeste individuele vetzuren waren de geschatte genetische varianties gemiddeld 1,9 keer hoger voor het HF ras in vergelijking met het MRY ras, uitgezonderd de meeste meervoudig onverzadigde vetzuren. Dit impliceert dat er minder ruimte is voor selectie op vetzuursamenstelling binnen het MRY ras in vergelijking met het HF ras.

In hoofdstuk 6 is getracht om meer inzicht te verkrijgen in de genetische achtergrond van variatie in vetzuursamenstelling binnen en tussen verschillende rundveerassen. Hiervoor zijn mogelijke overeenkomsten onderzocht in genomische variatie geassocieerd met vetzuursamenstelling in melk tussen het internationale HF ras en de inheemse dubbeldoelrassen MRY, DF en GWH. Fenotypische (geanalyseerde vetzuursamenstelling) en

genotypische (DNA-profielen) gegevens van in totaal 1867 koeien zijn gebruikt voor dit onderzoek. Genomische fokwaarden (GEBV) waren geschat voor de vet- en eiwitpercentage en de gedetailleerde vetzuursamenstelling in de melk van MRY, DF en GWH waarbij gebruik was gemaakt van geschatte genetische effecten in HF. De GEBV schattingen voor het MRY ras waren duidelijk het minst betrouwbaar wat een indicatie is dat de genetische variantie geassocieerd met vetzuursamenstelling in melk in MRY het meest verschilt van die van HF. Voor de beide rassen DF en GWH waren de schattingen beter, met name voor een aantal vetzuren van het GWH ras. Hiernaast is ook naar de gemiddelde overeenkomsten en verschillen (correlaties) op het DNA (op basis van SNP's) gekeken tussen de rassen MRY, DF, GWH en HF. Deze correlaties waren gemiddeld 0.68 tussen alle rassen. Wanneer op de SNP's werd gefocust waarvan bekend is dat ze een effect hebben op de vetzuursamenstelling in de melk van HF was de correlatie tussen de rassen aanmerkelijk lager (0,50-0,53). Hieruit kan worden geconcludeerd dat er duidelijke genomische verschillen zijn tussen de inheemse rassen MRY, DF en GWH als wordt gekeken naar de variatie die is geassocieerd met vetzuursamenstelling in de melk, de meeste variatie echter is gevonden in het HF ras.

In de algemene discussie (hoofdstuk 7) is als eerste de genetische variatie die is geassocieerd met vetzuursamenstelling in melk in rundvee en rundveerassen uiteengezet. Globaal kan worden geconcludeerd dat er geen grote verschillen in vetzuursamenstelling in de melk van de verschillende inheemse dubbeldoelrassen en HF zijn. De belangrijkste waargenomen verschillen zijn gevonden voor de koeien van het GWH ras die grofweg minder verzadigde vetzuren en meer onverzadigde vetzuren lijken te produceren. Wanneer expliciet het voorkomen van het *DGAT1* gen (van dit gen is het bekend dat het een aanzienlijk effect heeft op vetzuursamenstelling in melk van HF koeien) werd onderzocht is het duidelijk dat de inheemse dubbeldoelrassen voor dit gen minder genetische variatie vertonen.

De verschillen in vetzuursamenstelling die zijn gevonden tussen de rundveerassen kunnen op basis van dit onderzoek niet los worden gezien van de verschillen tussen de bedrijven waar deze rassen worden gemolken. Op veel van de bedrijven waar de inheemse dubbeldoelrassen worden gemolken valt de "eigen manier" van bedrijfsvoering op en daardoor is de melk verzameld op een grote variëteit aan bedrijven. De direct in de melk gemeten verschillen in vetzuursamenstelling zijn waarschijnlijk deels een gevolg van de combinatie van rundveeras en bedrijf.

In het tweede deel van de algemene discussie is aandacht besteed aan de diversiteit tussen veehouders die de verschillende rundveerassen gebruiken en aan het gebruik van (in aantallen kleine) inheemse dubbeldoelrassen in het algemeen. Kansen voor de inheemse dubbeldoelrassen liggen waarschijnlijk vooral op het gebied van alternatieve veehouderijsystemen (zoals biologische veehouderij en zorgfuncties op het bedrijf), meer dan in het concurreren tegen HF op het gebied van melkproductie. Ten slotte, voor de langere termijn is het van belang om verschillende rundveerassen te behouden, omdat deze mogelijk van belang zullen zijn in de nog onbekende toekomst als er aanpassingen nodig zijn door veranderende productieomstandigheden.