

焦磷酸测序法分析中国荷斯坦牛、娟姗牛及水牛的乳蛋白基因多态性

任大喜^{1*}, 陈有亮¹, 刘建新¹, 李玲², 林波², 曾庆坤²

(1. 浙江大学动物科学学院, 杭州 310058; 2. 中国农科院水牛研究所, 南宁 530001)

摘要: **目的** 本研究旨在分析和比较中国荷斯坦牛、娟姗牛和水牛的乳蛋白基因多态性。**方法** 根据奶牛多态位点设计引物, 采用焦磷酸测序法分析乳蛋白基因多态性, 并采用高效液相色谱法进行验证。**结果** 荷斯坦牛和娟姗牛的乳蛋白(β -casein, κ -casein 和 β -lactoglobulin)均存在基因多态性, 而水牛仅在 κ -casein 上存在多态性且多态位点与另两种奶牛不同。**结论** 中国荷斯坦牛、娟姗牛和水牛的乳蛋白基因均存在多态性, 焦磷酸测序法能高通量、快速测定乳蛋白基因多态性。

关键词: 焦磷酸测序; 乳蛋白; 基因多态性; 奶牛

Genetic polymorphisms of milk protein in Chinese Holstein cattle, Jersey cattle and water buffalo analyzed by pyrosequencing

REN Da-Xi^{1*}, CHEN You-Liang¹, LIU Jian-Xin¹, LI Ling², LIN Bo², ZENG Qing-Kun²

(1. College of Animal Sciences, Zhejiang University, Hangzhou 310029, China; 2. Water Buffalo Institute, Chinese Academy of Agricultural Science, Nanning 530001, China)

ABSTRACT: Objective To analyze and compare the genetic polymorphisms of milk protein in Chinese Holstein cattle, Jersey cattle and water buffalo. **Methods** The primers were designed according to the milk protein polymorphic sites of Holstein, and the genetic polymorphisms were analyzed by pyrosequencing and confirmed by RP-HPLC. **Results** Genetic polymorphisms of milk protein genes (β -casein, κ -casein and β -lactoglobulin) were detected in Chinese Holstein cattle and Jersey cattle. However, no polymorphism was found in water buffalo except κ -casein, and the polymorphic site was different with Holstein and Jersey. **Conclusion** Milk protein polymorphism was found in Chinese Holstein, Jersey and buffalo, and pyrosequencing was a high-throughput and fast method for milk protein genotyping.

KEY WORDS: pyrosequencing; milk protein; genetic polymorphism; cattle

1 引言

基因多态性是指由于核酸序列的突变导致氨基

酸序列的变化。乳蛋白基因存在于牛的不同染色体上, 其中 *CSN3* (κ -casein, κ -CN)、*CSN2* (β -casein, β -CN)、*CSN1S1* (α_{S1} -casein, α_{S1} -CN)和 *CSN1S2* (α_{S2} -casein,

基金项目: 国家自然科学基金项目(31260384), 中央高校基本科研业务费专项 (2014FZA6021)。

Fund: Supported by National Natural Science Foundation of China (31260384), and the Fundamental Research Funds for the Central Universities(2014FZA6021).

*通讯作者: 任大喜, 讲师, 主要研究方向为营养与乳制品加工。Email: dxren@zju.edu.cn

*Corresponding author: REN Da-Xi, Lecturer, College of Animal Sciences, Zhejiang University, Hangzhou 310058, China. Email: dxren@zju.edu.cn

α_{S2} -CN)这四个酪蛋白基因均位于牛的第六条染色体上且紧密连锁, *LGB* (β -lactoglobulin, β -LG)和 *LAA* (α -lactoalbumin, α -LA)基因分别位于牛的第十一和第五染色体上^[1]。四种酪蛋白在范德华力、氢键和分子位阻等作用下相互联接形成酪蛋白胶束, κ -CN 位于酪蛋白胶束的表面, 对维持胶束的稳定起重要作用, 同时也是凝乳酶的天然底物。 β -CN 是酪蛋白胶束中最疏水的蛋白, 占牛乳总蛋白的25%以上, 它通过影响 α -螺旋和 β -折叠结构的形成进而影响蛋白的结构及生理功能。 β -LG 是主要的乳清蛋白, 必需氨基酸含量高, 具有极高的生物学价值, 对酸乳等制品的加工具有重要作用。不同品种奶牛产生的乳蛋白在含量、氨基酸组成及结构上存在差异, 因而也会影响其营养价值和乳品加工。乳蛋白多态性由于和奶牛泌乳性能、动物健康、乳制品加工及人类营养等方面有显著关联而引起人们的广泛关注^[2-4]。我们此前的研究也证明乳蛋白多态性与乳蛋白性质功能及干酪品质间存在显著关联^[5,6]。

乳蛋白多态性主要可从蛋白和分子水平进行分析, 蛋白水平的分析包括采用高效液相色谱、毛细管电泳、免疫印迹、等点聚焦及双向电泳等方法。分子水平的分析包括采用限制性片段长度多态性聚合酶链反应(PCR-RFLP), 聚合酶链反应单链构象多态(PCR-SSCP)及焦磷酸测序(Pyrosequencing)和微卫星等高通量测序技术。焦磷酸测序是近年来发展起来的一项 DNA 快速测序技术。该技术是基于 DNA 合成过程中的焦磷酸的检测技术发展而来, 具有高效、准确等特点, 因而广泛应用于基因表达、毒理学及肠道微生物等多个领域^[7-9]。

荷斯坦牛、水牛及娟姗牛是目前国际上主要的奶牛品种, 在中国亦是如此。分析并比较这些奶牛的基因多态性对改良奶牛品种, 提高奶产量, 改善牛乳及乳制品品质等方面具有重要意义。目前国内的学者对中国荷斯坦牛和牦牛的多态性已经展开了一些研究^[10,11], 但对于水牛及娟姗牛的研究报道较少, 这几个品种间是否存在关联或者差异仍有待研究确认。本研究拟通过焦磷酸测序的方法来分析中国荷斯坦牛、娟姗牛和水牛的乳蛋白基因多态性, 为今后产奶性能提高、奶牛品种改良、奶牛健康及乳制品品质等方面的研究提供参考。

2 材料与方法

2.1 样品采集及前处理

奶样和血样分别采自不同的规模化牛场: 荷斯坦牛(90 头)样品采自杭州临安大型奶牛场; 娟姗牛(57 头)样品采自广州增城娟姗牛牧场; 水牛(88 头)样品采自南宁水牛研究所牧场。奶样和血样采自泌乳中期的奶牛。尾静脉采集全血(10 mL/头), 加入 EDTA 抗凝剂抗凝, $-20\text{ }^{\circ}\text{C}$ 保存。牛血中基因组 DNA 提取采用 TaKaRa 的 DNA 提取试剂盒。加入防腐剂的奶样放置于 $-20\text{ }^{\circ}\text{C}$ 下直至进行液相分析。

2.2 乳蛋白基因多态性检测

2.2.1 引物设计与 PCR 扩增

根据牛的 β -CN 基因(Gen Bank 登录号为 M55158)、 κ -CN 基因(Gen Bank 登录号为 X14908)和 β -LG 基因(Gen Bank 登录号为 X14710)序列设计 PCR 引物, 多态位点及合成引物如表 1 所示。

将合成的引物和提取的 DNA 进行 PCR 扩增。PCR 反应体系均为 50 μL , 包括 $10\times$ Buffer 5 μL , 2.5 mmol/L dNTPs 4 μL , 10 mmol/L 上、下游引物各 0.5 μL , DNA 模板 1 μL , 5 U/ μL DNA 聚合酶 0.4 μL , 超纯水 38.6 μL 。PCR 扩增条件为: $95\text{ }^{\circ}\text{C}$ 预变性 3 min; $95\text{ }^{\circ}\text{C}$ 变性 10 s, $56\text{ }^{\circ}\text{C}$ 退火 20 s, $72\text{ }^{\circ}\text{C}$ 延伸 30 s, 45 个循环; 最后 $72\text{ }^{\circ}\text{C}$ 延伸 5 min, $4\text{ }^{\circ}\text{C}$ 保存。

2.2.2 焦磷酸测序

测序单链模板的制备: 采用 Qiagen 公司焦磷酸测序 PCR 试剂盒, 在 PSQ96 板中预先加入 45 μL 含有 0.3 $\mu\text{mol/L}$ 测序引物的缓冲液和琼脂糖珠等物质, 漩涡混匀。按照焦磷酸测序反应操作说明制备单链 PCR 产物 10 μL , 与上述混合物 40 μL 混合, 并释放于含有退火缓冲液和测序引物的 96 孔板中。将含有单链 PCR 产物的反应板在 $80\text{ }^{\circ}\text{C}$ 下静止 2 min, 再取出冷却到室温即可进行焦磷酸测序反应。在反应板相应位置分别加入所需的底物 APS、酶混合物(DNA 聚合酶、ATP 硫酸化酶、荧光素酶和三磷酸腺苷双磷酸酶)、荧光素和 dNTP; 在 PSQTM 96MA System 进行焦磷酸测序反应。

2.3 高效液相色谱分析

为验证焦磷酸测序准确性, 采用高效液相色谱法进一步分析乳蛋白的多态性。蛋白的前处理根据 Bobe 等^[12]进行, 将奶样和蛋白溶解液混合, 离心

(10000 r/min)除去脂肪和杂质。取底层溶液 300 μL 于新的离心管中, 采用流动相稀释后过滤到进样瓶中待测。

色谱条件: 安捷伦 1100 液相分析系统, 采用 C₈ 分离柱(Zorbax 300SB-C₈RP), 检测波长 214 nm, 柱温 45 °C, 进样量 10 μL, 流速 0.5 mL/min, 梯度洗脱程序根据文献设定上机进行分析^[13]。

2.4 基因型的分析

乳蛋白基因型的分析根据 Caroli 等^[1] 中所述的基因位点及对应氨基酸变化进行, 具体的位点及对应的氨基酸变化见表 2。蛋白液相分析据标准品出峰时间对样品中各蛋白出峰情况进行判定, 根据文献^[13]对乳蛋白多态性进行判定。采用 SPSS(17.0)软件对试验结果进行统计分析。

表 1 乳蛋白基因的多态位点及对应引物序列
Table 1 Polymorphic sites and sequences of PCR primer pairs in milk protein genes

蛋白基因	多态位点*	引物序列 5'-3'
β-CN	8101	CCCCTTTGCCAGACACA
		bio-CCACCACAGGGGTTTGAGTA
	CTATCCCTTCCTGG	
8219	GAAGTAATGGGAGTCTCCAAAGTG	
	bio-AGGCTGGTGCATCCAAGAC	
8267	GCTATGGCTCCTAAGCA	
	CCAGTTGAGCCCTTTA	
κ-CN	5365/5345	bio-TTGCTAGTGGTGAGCCTACAAG
		TTGCTTATTACCTGCGTTGTCTT
		GACTGTGTTGATCTCAGG
β-LG	3984	ATGCCCGTGGCTCAGAAAG
		bio-CCAGCACTCACCATCGATCT
		TGTCTTTCAGGGAGAAC/T

*多态位点来源于 NCBI, 登录号分别为 κ-酪蛋白为 X14908, β-酪蛋白为 M55158 和 β-乳球蛋白为 X14170。

表 2 乳蛋白多态位点及等位基因
Table 2 Polymorphic sites and alleles of the milk protein

多态位点	等位基因			
κ-CN	A	B	E	
	5345	GAT (Asp)	GCT(Ala)	
	5365	AGC (Ser)		GGC (Gly)
β-CN	A1	A2	A3	B
	8101	CAT (His)	CCT (Pro)	
	8219	CAC (His)		CAA(Gln)
	8267	AGC (Ser)		AGG (Arg)
β-LG	A	B		
	3984	GAT(Gly)	GGT(Asp)	

3 结果和分析

3.1 乳蛋白等位基因及频率分析

三个品种奶牛的乳蛋白等位基因及其频率见表3,液相验证结果见图1。焦磷酸测序分析发现水牛乳中三种乳蛋白三个等位基因均为B,但液相分析发现水牛的 κ -CN存在A和B两个等位基因(图1),表3中的结果根据液相分析的结果进行统计。

从表3中可以看出 β -LG存在2种等位基因A和B。其中,荷斯坦牛和娟姗牛中B的频率较高,分别为68.33%和67.54%。 β -CN主要存在A1,A2和B等位基因,所有品种的样品均未发现A3,荷斯坦牛中以A1为主(69.44%),其次为A2(28.89%)及少量的B(1.67%);娟姗牛的分布较为平衡,分别为A2(42.11%),A1(32.46%)和B(25.43%)。荷斯坦牛的 κ -CN存在A,B和E等位基因,但娟姗牛中不含有E。其中,荷斯坦牛 κ -CN中以A型为主,娟姗牛中以B型为主。水牛的焦磷酸测序发现这三种蛋白均为BB型,但液相分析(图1)发现水牛的 κ -CN存在A(16.19%)和B(83.81%)两个等位基因。

3.2 乳蛋白基因型频率分析

三个奶牛品种的乳蛋白基因型及频率分析结果见表4。三种奶牛 β -LG的基因型均以BB型为主,荷斯坦牛、娟姗牛和水牛的频率分别为62.22%,56.14%和100%。 β -CN的基因型在荷斯坦牛以A1A1为主(67.78%),其次是A2A2(28.89%)和A1B(3.33%);娟姗牛中以A2A2为主(42.11%),其次是A1B(36.84%)和A1A1(14.03%),还有少量的BB(7.02%);而水牛均为BB。 κ -CN的基因型在荷斯坦牛中以AA为主,其次是AB,AE和BE;娟姗牛和水牛均仅含有BB和AB。

对复合 β - κ -casein基因型及其频率的分析结果见表4,荷斯坦牛中A1A1/AA的频率最高,为34.44%。其他高于10%的还有A1A1/AB、A1A1/AE和A2A2/AA。还有4种基因型的频率较低(小于10%),A1A1BE(3.70%),A1B/AB(5.93%),A1B/BE(5.19%)及A2A2/AB(8.15%)。而娟姗牛中以A2A2/BB频率最高,其次是A1B/BB和A2A2/AB。水牛中仅含有BB/BB和BB/AB两种类型。

4 讨论

焦磷酸测序技术是新一代DNA序列分析技术,该技术无须进行电泳,DNA片段也无须荧光标记,操作极为简便,可广泛应用于SNP位点检测、等位基因频率测定、细菌和病毒分型等领域。本实验室前期研究比较了焦磷酸测序技术、PCR-RFLP和PCR产物纯化后测序等技术,发现3者的结果基本一致,其中PCR-RFLP会由于酶切不完全等原因产生误差,而测序结果也与PCR产物纯度显著相关。相比另两种方法,焦磷酸测序具有高通量、快速准确等优点,价格也适中,可用于乳蛋白多态性的分析。

本研究发现中国地区荷斯坦牛、娟姗牛及水牛的 β -LG等位基因均以B为主,其中荷斯坦牛的结果与马美蓉等^[14]和Hallen等^[15]相近;娟姗牛的结果与美国地区的结果接近^[16];水牛中没有发现A等位基因,这与地中海地区水牛结果一致^[17]。中国奶牛 β -LG多态性与国外地区结果接近的原因主要是中国的奶牛品种大部分由国外引进或与采用国外冻精,如奶水牛主要是从印度和巴基斯坦等地引进的河流型品种(摩拉和尼里拉菲)与本地沼泽型水牛杂交选育。 β -CN检测了4个等位基因A1,A2,A3和B,但在中国地区的3个品种奶牛中均没有检测到A3型,这与Hallen等^[15]结果一致,而Jensen等^[16]在美国的荷斯坦牛中检测到了A3基因,频率为0.01%。本研究发现中国荷斯坦牛 κ -CN则存在A,B和E3种等位基因,这与国内外多数研究结果一致。中国的娟姗牛中没有发现E基因,这与Gustavsson等^[18]分析丹麦娟姗牛结果一致,但Jensen等^[16]在美国娟姗牛中发现了少量的E基因。截止目前尚未在水牛中检测到E等位基因。不同地区奶牛的基因多态性存在差异可能是由于地域、品种及样本数等原因造成的。焦磷酸测序没有发现水牛 κ -CN的多态性,而高效液相分析则发现存在2个等位基因,这是由于水牛和其他两种奶牛乳蛋白基因差异较大,多态位点不同所致。因此,要准确分析乳蛋白多态性,需结合基因和蛋白两个水平的分析结果。

四个酪蛋白基因均位于牛的第六条染色体上且紧密连锁,基因间存在协同效应和上位效应,因此目前许多研究采用复合基因型来评估乳蛋白基因对泌乳性能及凝乳性能的影响。本研究发现 β - κ -casein基

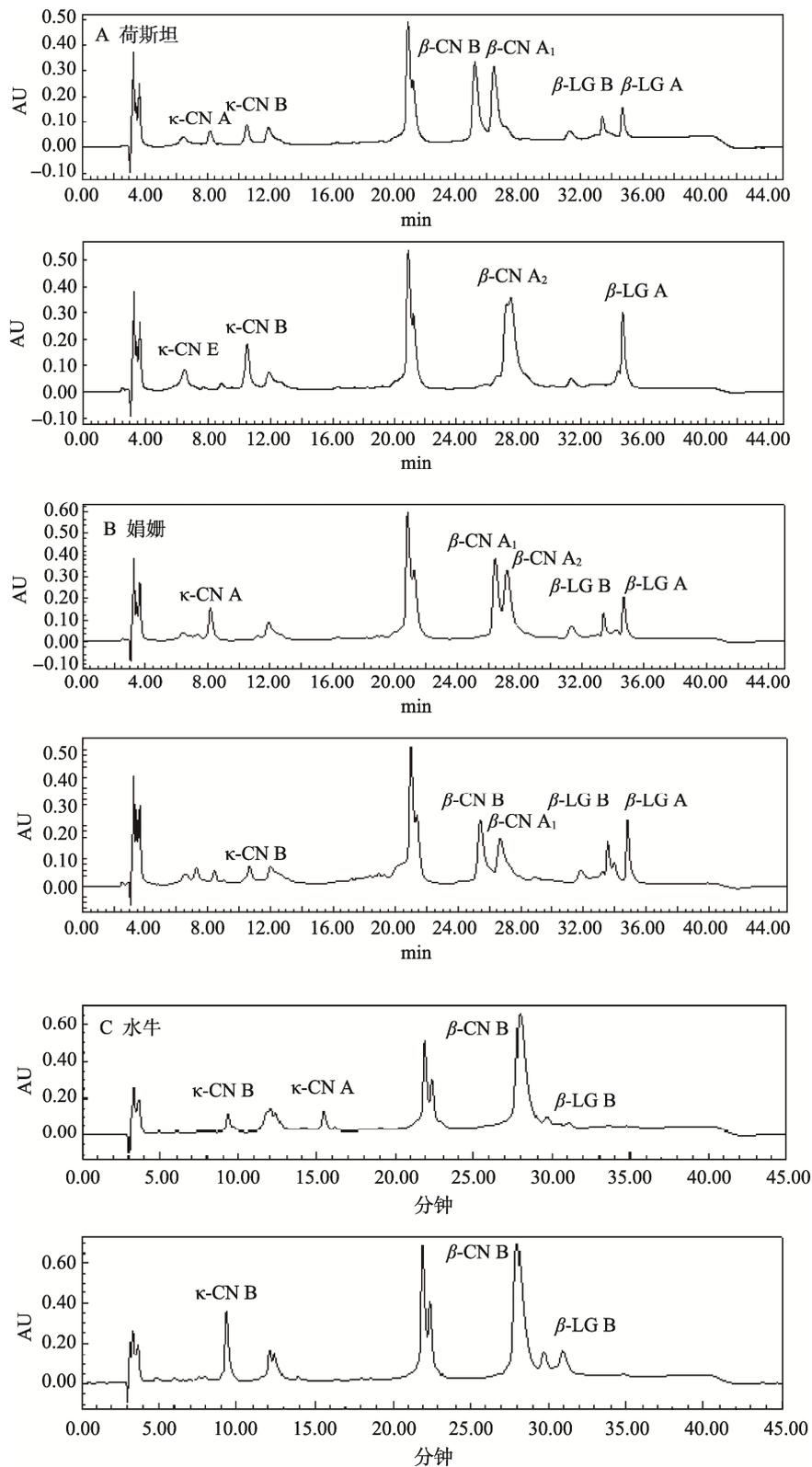


图 1 三种奶牛乳蛋白多态性色谱图

Fig. 1 Chromatograms of milk protein polymorphism in three cows

表 3 乳蛋白等位基因在不同品种奶牛中的分布频率
Table 3 Allele frequencies of the milk protein in different cows

乳蛋白	等位基因	频率 (%)		
		荷斯坦牛 (n=90)	娟姗牛 (n=57)	水牛* (n=88)
β -LG	A	31.67	32.46	
	B	68.33	67.54	100
β -CN	A1	69.44	32.46	
	A2	28.89	42.11	
	A3	-	-	
	B	1.67	25.43	100
κ -CN	A	76.11	11.40	16.19
	B	15.56	88.60	83.81
	E	8.33	-	

*水牛的乳蛋白基因多态性根据液相分析结果进行统计。

表 4 各品种牛的乳蛋白基因型及其频率
Table 4 Genotypes and frequencies of the milk protein in different cows

乳蛋白	基因型	频率		
		荷斯坦牛(n=90)	娟姗牛(n=57)	水牛(n=88)
β -LG	AA	23(25.56%)	12(21.05%)	
	AB	11(12.22%)	13(22.81%)	
	BB	56(62.22%)	32(56.14%)	88(100)
β -CN	A1A1	61(67.78%)	8(14.03%)	
	A2A2	26(28.89%)	24(42.11%)	
	A1B	3 (3.33%)	21(36.84%)	
	BB		4(7.02%)	88(100)
κ -CN	AA	50(55.56%)		
	AB	25(27.78%)	13(22.81%)	17(19.32%)
	AE	12(13.33%)		
	BE	3(3.33%)		
	BB		44(77.19%)	71(80.68%)
酪蛋白基因型	β -CN A1A1 κ -CN AA	31(34.44%)		
	β -CN A1A1 κ -CN AB	16(17.78%)		
	β -CN A1A1 κ -CN AE	12(13.33%)	3(5.26%)	
	β -CN A1A1 κ -CN BE	2(2.22%)		
	β -CN A1A1 κ -CN BB		5(8.77%)	
	β -CN A1B κ -CN AB	2(2.22%)	4(7.02%)	
	β -CN A1B κ -CN BE	1(1.11%)		
	β -CN A1B κ -CN BB		17(29.82%)	
	β -CN A2A2 κ -CN AA	19(21.11%)		
	β -CN A2A2 κ -CN AB	7(7.78%)	6(10.53%)	
	β -CN A2A2 κ -CN BB		18(31.58%)	
	β -CN BB κ -CN AB			17(19.32%)
	β -CN BB κ -CN BB		4(7.02%)	71(80.68%)

因型在中国荷斯坦牛中以 A1A1/AA 和 A2A2/AA 为主, 娟姗牛中以 A2A2/BB 和 A1B/BB 为主。与本研究结果部分类似, 丹麦的荷斯坦牛以 A2A2/AA 和 A1A2/AA 为主, 娟姗牛以 A2A2/BB 和 A2B/BB 为主^[16]。水牛的中 β - κ -casein 主要为 BB/BB, 这与地中海等地的研究结果一致^[17]。国内外的研究发现 β - κ -casein 多态性与奶牛产奶量、乳成分(总蛋白和脂肪含量, 及各种乳蛋白含量)、凝乳性能及乳品加工等存在显著关联。本研究分析了中国各奶牛乳蛋白多态性的分布情况, 为今后进一步研究乳蛋白性质和功能及乳制品品质等提供基础。

综上所述, 本研究采用焦磷酸测序分析了中国荷斯坦牛、娟姗牛及水牛的乳蛋白多态性。研究结果表明荷斯坦牛和娟姗牛在乳蛋白多态位点上存在多种等位基因, 具有多种基因型。而水牛的多态位点与另两种奶牛不同, 且仅在 κ -CN 上存在多态性。本研究结果也表明焦磷酸测序是一种高效、快速、准确分析乳蛋白基因多态性的方法。

参考文献

- [1] Caroli AM, Chessa S, Erhardt GJ. Invited review: milk protein polymorphisms in cattle: effect on animal breeding and human nutrition [J]. *J Dairy Sci*, 2009, 92(11): 2549–2559.
- [2] Comin A, Cassandro M, Chessa S, *et al.* Effects of composite {beta} and {kappa} casein genotypes on milk coagulation, quality, and yield traits in Italian Holstein cows [J]. *J Dairy Sci*, 2008, 91 (10): 4022–4027.
- [3] Viitala SM, Schulman NF, De Koning DJ, *et al.* Quantitative trait loci affecting milk production traits in Finnish Ayrshire dairy cattle[J]. *J Dairy Sci*, 2003, 86 (5): 1828–1836.
- [4] Lisson M, and Erhardt G. Allergenic potential of bovine milk proteins with regards to genetic variants. Invited seminar [M]. University of Brescia, Brescia, Italy, 2008
- [5] 任大喜, 陈有亮, 缪淑颖, 等. κ -酪蛋白基因多态性与牛乳加工性能的关联[J]. *中国食品学报*, 2012, 6: 66–70.
Ren DX, Chen YL, Miao SY, *et al.* Associations of κ -casein genetic polymorphism with milk processing characteristics [J]. *J Chin Inst Food Sci Technol*, 2012, 6: 66–70.
- [6] Ren D, Chen B, Chen Y, *et al.* The effects of κ -casein polymorphism on the texture and functional properties of mozzarella cheese [J]. *Int Dairy J*, 2013, 31: 65–69.
- [7] 王一冰, 张小平, 黄怡, 等. 运用 454 焦磷酸测序技术对断奶前后仔猪肠道菌群的分析[J]. *动物营养学报*, 2013, 10: 2440–2446.
- [8] Wang YB, Zhang XP, Huang Y, *et al.* Intestinal microflora analysis of pre-and post-weaning piglets using by 454 pyrosequencing technology [J]. *Chin J Anim Nutr*, 2013, 10: 2440–2446.
- [9] 林萍, 周与华, 李擎天, 等. 运用 454 焦磷酸测序技术对病原菌 16S-rDNA 的分析[J]. *检验医学*, 2011, 6: 364–367.
Lin P, Zhou YH, Li QT, *et al.* Application of 454 pyrosequencing analysis for 16S-rDNA of pathogen bacterium [J]. *Lab Med*, 2011, 6: 364–367.
- [10] 徐晓宇, 刘和. 454 测序法在环境微生物生态研究中的应用[J]. *生物技术通报*, 2010, 1:73–77.
Xu XY, Liu H. Application of 454 sequencing in environmental microbial ecology [J]. *Biotechnol Bull*, 2010, 1: 73–77.
- [11] 鞠志花, 李秋玲, 王洪梅, 等. 中国荷斯坦奶牛 κ -酪蛋白基因第四外显子的多态性与产奶性状的关联分析[J]. *遗传*, 2008, 30: 1312–1318.
Ju ZH, Li QL, Wang HM, *et al.* Genetic polymorphism of κ -casein gene exon 4 and its cor-relation with milk production traits in Chinese Holstein cows [J]. *Hereditas*, 2008, 30: 1312–1318.
- [12] 毛永江, 钟光辉, 郑玉才, 等. 中国牦牛乳蛋白遗传多态性及其与泌乳性能相关性研究[J]. *中国农业科学*, 2004. 37 (2): 291–295.
Mao YJ, Zhong GH, Zheng YC, *et al.* Genetic polymorphisms of milk protein and their relationships with milking performances in Chinese yak [J]. *Sci Agr Sin*, 2004. 37 (2): 291–295.
- [13] Bobe G, Beitz DC, Freeman AE, *et al.* Separation and quantification of bovine milk proteins by reversed phase high-performance liquid chromatography [J]. *J Agr Food Chem*, 1998, 46(2): 458–463.
- [14] Bonfatti V, Grigoletto L, Cecchinato A, *et al.* Validation of a new reversed-phase high-performance liquid chromatography method for separation and quantification of bovine milk protein genetic variants [J]. *J Chromatogr A*, 2008, 1195 (1/2): 101–106.
- [15] 马美蓉, 王翀, 任大喜. 荷斯坦奶牛乳蛋白基因多态性与泌乳性能的关联分析[J]. *中国畜牧杂志*, 2012. 48(9):13–16.
Ma MR, Wang C, Ren DX. Associations between milk protein polymorphism and milk production traits in Holstein cows [J]. *Chin J Anim Sci*, 2012. 48(9): 13–16.
- [16] Hallen E, Allmer, T, Naslund J, *et al.* Effect of genetic polymorphism of milk proteins on rheology of chymosin-induced milk gels [J]. *Int Dairy J*, 2007, 17(7): 791–799.
- [17] Jensen HB, Poulsen NA, Andersen KK, *et al.* Distinct composition of bovine milk from Jersey and Holstein-Friesian cows with

good, poor, or non-coagulation properties as reflected in protein genetic variants and isoforms [J]. *J Dairy Sci*, 2012, 95: 6905–6917.

[17] Bonfatti V, Giantin M, Rostellato R, *et al.* Separation and quantification of water buffalo milk protein fractions and genetic variants by RP-HPLC [J]. *Food Chem*, 2013, 136(2): 364–367.

[18] Gustavsson F, Buitenhuis AJ, Johansson M, *et al.* Effects of breed and casein genetic variants on protein profile in milk from Swedish Red, Danish Holstein, and Danish Jersey cows [J]. *J*

Dairy Sci, 2014, 97: 3866–3877.

(责任编辑: 白洪健)

作者简介



任大喜, 博士, 讲师, 主要研究方向为营养与乳制品加工。

E-mail: dxren@zju.edu.cn

“食品贮藏与保鲜”专题征稿

随着人们生活水平的提升, 消费者对食品的质量与安全性的要求也越来越高, 今天的消费者不仅要求食品新鲜, 而且要求食品保持原有的天然风味和营养结构, 因此如何再延长食品贮藏期的同时, 保持食品原有风味, 降低能耗, 已成为人们研究的重点。

鉴于此, 本刊特别策划了“食品贮藏与保鲜”专题, 由渤海大学的冯叙桥教授担任专题主编, 围绕**食品贮藏保鲜工艺研究、食品贮藏保鲜新技术进展(如栅栏技术、生物酶技术、可食性包装膜、超高压等)、食品贮藏保鲜机制分析**等或您认为本领域有意义的问题进行论述, 计划在 2015 年 1 月份出版。

本刊编辑部和冯教授欢迎各位专家为本专题撰写稿件, 以期进一步提升该专题的学术质量和影响力。综述、实验报告、研究论文均可, 请在**2014 年 12 月 15 日**前通过网站或 E-mail 投稿。我们将快速处理并优先发表。

投稿方式:

网站: www.chinafoodj.com

E-mail: tougao@chinafoodj.com

《食品安全质量检测学报》编辑部