

Genomets inverkan på proteinkvalitet hos vete

Författare; Eva Johansson, Pernilla Vallenback

Ett samarbete mellan Institutionen för Växtförädling, SLU och Lantmännen Lantbruk

Ett stort antal av vetets olika kromosomer hade en inverkan på proteinkvaliteten i vete. Vetemjölets bakningskvalitet och även användandet av vetet i andra sammanhang påverkas i hög grad av sammansättningen på proteinerna hos vetet och deras möjlighet att polymerisera och bilda komplexa nätverk. Sedan tidigare är det välkänt att specifika proteiner som kodas på kromosomerna 1A, 1B, 1D, 6A, 6B och 6D, spelar stor roll för bakningskvaliteten. Här visade sig dock gener på kromosom 3B vara av stor betydelse för polymeriseringen av stora proteinkomplex, och gener på i stort sett alla kromosomer spela en roll för mängden små svårextraherbara proteiner. Med anledning av att inga proteiner som ingår i proteinkomplex kodas på kromosom 3B, skulle det kunna vara möjligt att gener för enzymer, proteiner eller katalysatorer för formering av proteinpolymerisering återfinns på denna kromosom. Detta behöver undersökas vidare, med anledning av vikten av denna egenskap i bakningssammanhang, för materialtillverkning av gluten och även med anledning av den koppling som kan finnas till celiaki. Kopplingen mellan småproteinerna och ett stort antal kromosomer indikerar mångfalden av små enzymatiska proteiner med blandade funktioner i vetekärnan.

Varför är genomets inverkan på proteinkvaliteten hos vete viktig?

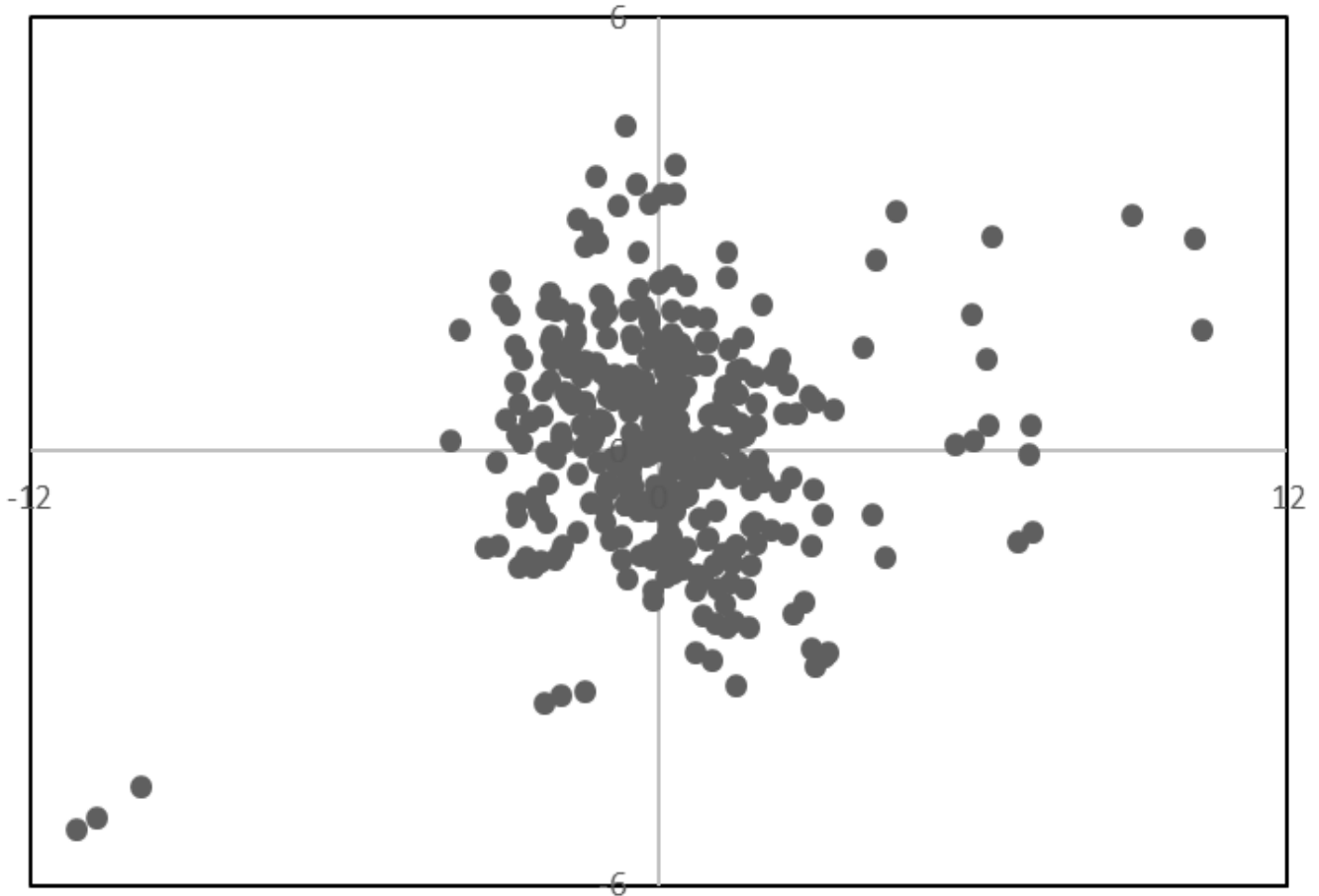
Proteinkvalitet hos vete bestämmer vetets bakningskvalitet samt glutenets användbarhet för materialproduktion och påverkar eventuellt också effekter hos celiakipatienter (Johansson et al 2001, 2013). Genomet, dvs vilka gener som finns hos en vetesort, har effekter på proteinkvaliteten. En ökad kunskap gällande genomets sammansättning och kvalitetsegenskaper hos vete möjliggör växtförädling mot specifika mål. Vetesorter kan därmed designas att passa för den tillämpning de är tänkta för, och precisionen och snabbheten i förädlingsarbetet ökar. I detta projekt ville vi därför undersöka både genomet och proteinkvaliteten i ett stort antal vetelinjer och därefter relatera dessa resultat till varandra. Projektet omfattar bara vetematerial från ett år (2018) och ska därför ses som ett pilotprojekt för att undersöka möjligheterna att använda genomiska studier för att analysera variation i proteinkvalitet inom Lantmännens ordinarie vårvete-förädlingsprogram.

Resultat

De undersökta 224 vårvetelinjerna odlades på fält inom Lantmännens växtförädlingsprogram i Svalöv under säsongen 2018 (Figur 1).



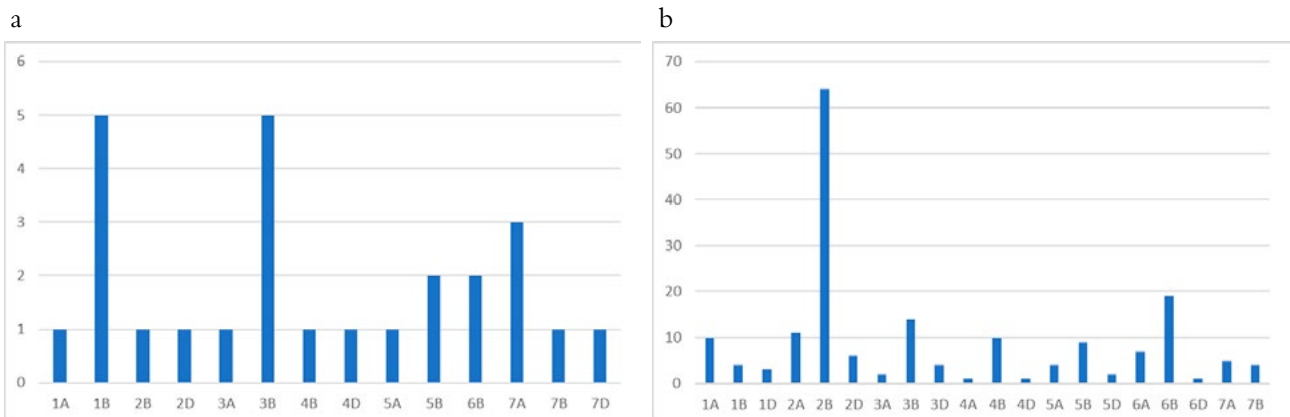
Figur 1. Vetelinjer i fältförsök hos Lantmännen.



Figur 2. Principal komponent analys (PCA), som beskriver variationen i proteinsammansättning hos det analyserade vârvetematerialet.

Analyser av proteinsammansättningen hos vetelinjerna visade att dessa innehöll en stor variation. Detta visualiseras här genom en bild av spridningen längs PCA1 och PCA2 från en principalkomponentanalys av proteinsammansättningen hos de olika vetelinjerna som användes i studien (Figur 2).

Jämförelser mellan genomet och proteinsammansättningen påvisade att ett flertal kromosomer var inblandade i kodningen. De mest intressanta sambanden var en stark koppling mellan gener på kromosom 3B och polymeriseringen av stora proteiner (Figur 3a) samt kopplingen mellan gener på i stort sett alla kromosomer och små proteiner (Figur 3b).



Figur 3. Kromosomer som innehållande gener som korrelerar till a) polymeriserade stora proteiner och b) svårextraherbara små proteiner.

Det är välkänt sedan tidigare att glutenproteinerna hos vete kodas på kromosomerna 1 och 6 (Johansson mfl, 2013). Effekten från kromosom 3B borde därför vara relaterad till enzymer, småproteiner eller katalysatorer som är inblandade i polymeriseringen av glutenproteinerna. Småproteinernas koppling

till ett flertal kromosomer torde ha att göra med att dessa troligen är enzymatiska proteiner med ett flertal olika funktioner hos vetet och att dessa därmed kodas av ett flertal gener sprida över genomet.

Hur gjorde vi?

Totalt 224 vetelinjer från Lantmännens vårveteprogram odlades på fält i Svalöv. Efter skörd karakteriserades proteinsammansättningen med Size Exclusion-High Performace Liquid Chromatography (SE-HPLC) enligt en väletablerad metod (Johansson mfl 2001) för att bestämma proteinkvaliteten hos vete. Därefter gjordes en SNP-Trait analys med tre olika korregeringsmetoder – Bonferroni, FDR och Sidak i programmet jmp Genomics från SAS. Även principalkomponent analysen gjordes i SAS.

Sammanfattning

Vetematerialet som analyserades uppvisade en god variation i proteinsammansättning och därmed i proteinkvalitet. Proteinsammansättningen i materialet visade sig också relatera till ett stort antal SNP-sekvenser på ett flertal olika kromosomer i vetet. Bland de mer signifikanta och intressanta sambanden var de mellan kromosom 3B och polymeriseringen av de större proteinerna. Eftersom ingen av glutenproteinerna kodas på den kromosomen, indikerar resultaten möjligheter att enzymer, småproteiner eller katalysatorer för proteinpolymering skulle kunna kodas på denna kromosom. Det faktum att småproteinerna relaterade till ett stort antal SNPs spridda på ett flertal olika kromosomer indikerar att denna proteinkategori främst består av enzymatiska proteiner av vikt för ett flertal egenskaper i vetet.

Faktaruta

Vete är Världens och Sveriges största gröda med ett stort antal användningsområden, där brödbakning är ett viktigt sådant. Det vete som odlas i Sverige är till stor del av höstvetetyp, dvs. man sår på hösten och sedan växer vetet nästan ett helt år innan man skördar på sensommaren. Vårvete sås på våren och skördas på sensommaren samma år. Vårvetets fördelar är att det har bättre baktningsegenskaper än vad höstvetet har. Vårvete odlas därför specifikt för att stärka upp höstvetet i bagerivetemjöl och uppnå den kvalitet på mjölet som behövs för industriell bakning.

Referenser

Johansson E, Prieto-Linde ML, Jönsson J (2001) Effects of wheat cultivar and nitrogen application on storage protein composition and bread-making quality. *Cereal Chem* 78:19-25.

Johansson E, Malik AH, Hussain A, Rasheed F, Newson WR, Plivelic T, Hedenqvist MS, Gällstedt M, Kuktaitė R (2013) Wheat gluten polymer structures: The impact of genotype, environment and processing on their functionality in various applications. *Cereal Chem.* 90:367-376.

Författare

Eva Johansson

Professor

Institutionen för Växtförädling

Eva.Johansson@slu.se

Pernilla Vallenback

växtförädlare

Lantmännen Lantbruk

pernilla.vallenback@lantmannen.com



Namn faktablad

Ansvarig utgivare: Fakulteten för landskapsarkitektur, trädgårds- och växtproduktionsvetenskap (LTV), Sveriges lantbruksuniversitet, 2024. **Layout:** Grafisk service Alnarp.

© Eva Johansson, Pernilla Vallenback

