

κ -CN 및 β -LG 유전적 변이체의 phenotype이 다른 집합유의 Cheddar 치즈 생산수율

박승용*

연암대학교 축산학과

Yields of Cheddar cheese made from cows' milk with different phenotypes of κ -CN and β -LG genetic variants

Seung Yong Park*

Department of Animal Science, Yonam College, Cheonan 31005, Koera

Received: Aug 6, 2021
Accepted: Dec 8, 2021

*Corresponding author

Seung Yong Park
Department of Animal Science,
Yonam College, Cheonan 31005,
Koera
Tel: +82-41-580-1082
E-mail: sypark@yonam.ac.krCopyright © 2021 Korean Society of Animal Science and Technology. This is an Open Access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution Non-Commercial License (<http://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0>) which permits unrestricted non-commercial use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original work is properly cited.

ORCID

Seung Yong Park
<https://orcid.org/0000-0001-8104-8775>

Abstract

This study was conducted to understand on the effect of the phenotypes of κ -CN and β -LG genetic variants of cows on Cheddar cheese yield. Among 50 Holstein cows raised at the experimental farm of Yonam College, 15 cows were selected and divided them into two groups based on the routine milk quality managing system. The phenotypes of κ -CN and β -LG were analyzed by PCR-RFLP and curd production yields (37% moisture content corrected yield) of each cow were compared. β -LG phenotypes AB (12.77% and 15.26%) showed higher curd production than β -LG phenotypes AA (10.67% and 10.86%) or BB type (10.11%). As a result, the curd production yields of Group-1 with a C/F ratio of 0.63 and Group-2 with that of 0.72 were 11.95% (theoretical yield of 11.88%) and 9.69% (theoretical yield 9.86%), respectively. The cheese yield of Group-1 was high about 2.26% (theoretical yield 1.92%) despite of the lower than Group-2 in C/F ratio. In fact, the weight of cheddar cheese made with 100 L of Group-1 bulk milk was 12.8 kg and the yield of cheese was 11.93% (theoretical yield of 11.67%). This study suggests that it is possible to secure price competitiveness in the domestic market by improving the cheese production yield and by supplying dairy cows with high production yield genes to cheese-making farms through molecular breeding studies of cows.

Keywords: β -Lactoglobulin (β -LG), κ -Casein (κ -CN), Phenotypes of genetic variants, Cheese yield, Domestic cheese price

서론

국내의 치즈 생산량은 연평균 성장률 11.67%를 보이며, 2015년 23,000톤에서 2019년 40,000톤으로 증가하였다[1]. 그러나 이러한 증가에 따른 치즈의 수요는 2020년 기준 134,405톤은 수입산 치즈로 생산된 것이며 국내산 우유로 생산한 자연치즈는 3,516톤에 불과하였다[1]. 식품의

Competing interests

No potential conflict of interest relevant to this article was reported.

Funding sources

Not applicable.

Acknowledgements

I would like to thanks to Dr. Cheol-Jin Park of the Nonghyup Hanwoo Improvement Center for analyzing the genetic phenotype of dairy cows.

Availability of data and material

Upon reasonable request, the datasets of this study can be available from the corresponding author.

Authors' contributions

Conceptualization: Park SY.
Data curation: Park SY.
Methodology: Park SY.
Validation: Park SY.
Investigation: Park SY.
Writing - original draft: Park SY.
Writing - review & editing: Park SY.

Ethics approval and consent to participate

This article does not require IRB/ IACUC approval because there are no human and animal participants.

약품안전처에 유가공영업자로 등록된 총 97개 자연치즈 생산 유가공 목장(58개 유가공목장에서 212품목, 26개 영농법인에서 98품목, 14개 농업회사법인에서 89품목) 총 399품목의 치즈는 총 치즈 생산량의 0.8%에 불과하다[2,3]. 이와 같은 매우 적은 물량의 자연치즈를 생산하고 있는 이유는 국내에서 제조하는 목장형 자연치즈의 가격 경쟁력이 외국산 수입 치즈에 비해 매우 낮기 때문이다. 즉, 국내 원유로 제조한 치즈의 가격이 높은 주 요인은 국제 원유 생산비에 비하여 63.9% 높은 생산비로 인해 치즈 가격이 높아질 수밖에 없기 때문이다[4]. 자연치즈 생산 원가를 낮출 수 있는 현실적인 방안으로서 치즈의 가격은 정상유 가격 외의 원유 활용[5], 자가 유제품 생산 지원금[3], 생산수율 증가[6] 등을 통한 치즈 가격 저감화 방안을 고려해 볼 수 있다. 그 중에서 치즈 생산 수율 증대를 통한 가격경쟁력 제고는 현실적인 상황에서보다는 향후에 적용할 가능성이 높은 방안이다. 그 이유는 치즈제조 낙농목장이 사육하고 있는 젖소들의 유전형에 따른 우유 중 케이스인 단백질 및 β-lactoglobulin(β-LG) 유전형 검사와 그에 따른 우군 재구성에 오랜 시간이 필요하기 때문이다. 치즈 생산 수율은 젖소의 품종에 따라서 다르기도 하지만, 동일 품종 내에서도 유전적 형질 차이에 따른 κ-CN과 β-LG의 유전적 변이체의 표현형, 비유기, 사료 급여 체계, 젖소의 건강상태 등에 따른 원유 조성의 차이, 특히 casein/fat의 비율(C/F ratio)과 원유의 저장 환경에 따른 품질 차이 등에 의해서 영향을 받는다. 젖소에서 κ-casein(κ-CN)과 β-LG 등 유단백 합성을 지시하는 유전자의 다형현상(polymorphisms)은 경제적으로 중요한 생산 형질에 직접적인 영향을 미친다. 그러므로 유단백질 유전자형을 표지 인자로 선택하여 종모우 선발의 보조수단으로 이용하는 marker assisted selection(MAS)에 활용되고 있다. 국내에서도 PCR-RFLP 기법을 이용한 유전자형 분석 연구가 Chung et al.에 의해 시작되었다[7]. 이와 관련된 생산형질로서 κ-CN과 β-LG의 여러 유전적 변이체 중에서 좌위의 B유전자를 갖는 우유가 치즈 생산 수율을 증가시킬 수 있다는 연구가 이미 Choi & Ng-Kwai- Hang에 의해서 발표되었다[6]. 국내에서 사육하고 있는 홀스타인 품종의 유전적 차이에 의한 원유 조성, 특히 κ-CN과 β-LG의 표현형에 의한 원유 조성의 차이에 대한 연구는 아직까지 미흡한 실정이다. 국내 목장에서 사육하고 있는 젖소들의 κ-CN과 β-LG 유전적 변이체의 표현형을 토대로 집합유(bulk milk)를 구성하여 치즈를 제조하면 치즈 생산 수율에 차이가 있을 것이며, 이는 곧 치즈 가격 경쟁력 확보에 직접적인 효과를 가져올 것으로 기대된다. 국내 목장에서 사육하고 있는 젖소의 κ-CN과 β-LG 표현형에 대한 정보는 매우 부족한 실정이므로 본 대학 실습목장에서 사육하고 있는 50두의 홀스타인에 대하여 κ-CN과 β-LG의 표현형에 따라서 15두를 선발하고, 원유 품질에 따라 관리하는 2개의 젖소군에 대해서 개체유의 커드 생산량을 분석한 후 개체유의 κ-CN과 β-LG의 표현형 치즈 생산 수율과 각 젖소군의 집합유로 제조한 체다 치즈의 생산 수율을 비교 연구하였다.

재료 및 방법

실험축

연암대학교 실습농장 초식가축과에서 사육 중인 홀스타인 젖소 50두의 혈액을 채취하여 유전자형을 분석한 결과를 기초로 15두를 선발하였으며, 이들을 원유 품질에 따라서 목장에서 관리하는 2개의 젖소군(group-1과 group-2)으로 분리하였다.

젖소의 유전자형 분석

농협 한우개량사업소에서 PCR-RFLP 유전자 지문 분석 기법으로 젖소의 유전자형 분석을 실시하였다[7].

Genomic DNA extraction

Chung et al.의 연구에서 사용한 방법으로 각 개체우로부터 채취된 혈액 10 mL를 754 \times g으로 10분간 원심분리하여 얻은 백혈구 세포에 500 μ L의 0.2 M NH_4Cl 용액을 가하여 잔여 적혈구 및 혈장을 제거하였다. 다시 STE(0.1 M NaCl, 10 mM Tris, 1 mM EDTA, pH 8.0) 300 μ L와 proteinase-K(10 mg/mL) 및 SDS(20%) 용액을 각각 30 μ L 첨가하여 65°C에서 2시간 30분 동안 정치하였다. PCI(phenol:chloroform:isoamyl alcohol = 25:24:1)와 chloroform을 이용하여 DNA 용출액을 분리하였다. 분리된 DNA 용출액은 cold ethyl alcohol로 침전시켜 genomic DNA를 추출하였으며, 추출된 genomic DNA는 30°C의 건조기에서 15분간 건조 후 증류수에 용해하여 시료로 사용하였다[7].

Primer

κ -CN은 Denicourt et al.의 연구와 같이 530 bp의 단편을 증폭시킬 수 있는 primer(25 mer)를 이용하였으며, β -LG는 262 bp의 단편을 증폭시킬 수 있는 것으로 Chung et al.의 연구 및 Medrano & Aguilar-Cordova의 연구에 의해 보고된 primer(25 mer)를 사용하였다[7,8].

유전자 증폭

κ -CN과 β -LG 유전자 증폭을 위해 사용된 각 primer의 염기배열은 Table 1에 제시하였다. κ -CN과 β -LG 유전자 증폭을 위해 GeneAmp 9600(Perkin Elmer, Waltham, MA, USA)을 이용하였다. Reaction mixture의 양은 genomic DNA를 포함하여 한 시료당 25 μ L로 적정하였으며, 그 reaction mixture의 조성 및 증폭 반응 온도 조건은 Table 2 및 Table 3에 제시한 바와 같다. κ -CN의 denaturation은 95°C에서 30초, annealing은 53°C에서 45초, 그리고 extension은 73°C에서 1분으로 설정하여 40회 반복하였다. β -LG의 denaturation은 94°C에서 30초, annealing은 63°C에서 30초, 그리고 extension은 72°C에서 40초로 설정하여 35회 반복하였다.

제한효소의 처리

PCR 반응에 의하여 증폭된 κ -CN과 β -LG 유전자의 다형성을 보기 위해 κ -CN의 경우, 증폭산물 10 μ L에 0.3 μ L(10 U/ μ L)의 Taq I polymerase(*Thermus aquaticus* B.M.[Roche Diagnostics International, Rotkreuz, Swiss])과 1.7 μ L의 buffer 및 3 μ L의 증류수를 가하여 65°C에서 2시간 동안 digestion하였다[9]. β -LG의 경우 증폭산물 10 μ L에 0.5 μ L(10 U/ μ L)의 Hae

Table 1. Sequences and amplified fragment sizes of κ -CN and β -LG specific DNA primer used for PCR

Primer	Sequence	Fragment size
κ -Casein	5 ¹ - ATA GCC AAA TAT ATC CCA ATT GA(A/G) T- 3 ¹ 5 ¹ - TTT ATT AAT AAG TCC ATG AAT CTT G - 3 ¹	530 bp
β -Lactoglobulin	5 ¹ - GTC CTT GTG CTG GAC ACC GAC TAC A -3 ¹ 5 ¹ - CAG GAC ACC GGC TCC AGG TAT ATG A -3 ¹	262 bp

Table 2. Reaction mixtures for κ -CN and β -LG gene amplification

Mixture	κ -Casein	β -Lactoglobulin
10× reaction buffer	2.5 μ L (1×)	2.5 μ L (1×)
dNTP	1.0 μ L (100 μ M)	0.8 μ L (80 μ M)
Primer 1	0.5 μ L (1 μ M)	0.3 μ L (0.6 μ M)
Primer 2	0.5 μ L (1 μ M)	0.3 μ L (0.6 μ M)
Taq DNA polymerase	0.4 μ L (2 U)	0.3 μ L (1.5 U)
dH ₂ O	18.1 μ L	18.8 μ L
Genomic DNA	1.0 μ L	2.0 μ L
Total	25.0 μ L (for one)	25.0 μ L (for one)

Final concentration of each component.

Table 3. Thermal conditions for κ -CN and β -LG gene amplification

Reaction	Thermal condition	
	κ -Casein	β -Lactoglobulin
Denaturation	95°C - 5 min	94°C - 5 min
Denaturation	95°C - 30 sec	94°C - 30 sec
Annealing	53°C - 45 sec 40 cycles	63°C - 30 sec 35 cycles
Extension	73°C - 1 min 40 cycles	72°C - 40 sec 35 cycles
Extension	73°C - 10 min	72°C - 10 min

III restriction enzyme(Promega, Promega Korea, Seoul, Korea)과 1.5 μ L의 buffer 및 3 μ L의 증류수를 가하여 37°C에서 1시간 15분 동안 digestion하였다[7].

전기영동 및 판별

제한효소 처리 후 얻어진 단편들은 κ -CN의 경우 3% agarose gel(1× Tris-borate-EDTA)에 100 V로 50분간 전기영동을 하여 확인하였고, β -LG의 경우 구별이 어려운 79 bp와 74 bp의 단편을 명확하게 확인하기 위하여 8% PAGE gel(1× Tris-borate-EDTA)에 20 mA로 1시간 30분 동안 전기영동을 하였다. 전기영동이 끝난 gel은 ethidium bromide로 염색하여 UV 상에서 확인하였다.

치즈 제조 및 분석방법

Cheddar 치즈 제조

체다 치즈는 연암대학교 유가공기술센터의 실험유가공장에서 제조하였다. 원료유는 개체유를 각각 1 kg씩 1일 5두로부터 채취하여 10일간 실험실적 규모로 체다 치즈를 제조하였다. 그러나 젖소 개체우별 시료를 확보를 위한 우유 채취방법이 유방염 발생을 우려하는 관리자의 요구에 의하여 반복 실험을 하지 못하였다. 원유 품질에 따른 2개 젖소관리 집단의 저년에 착유한 원유와 아침에 착유한 집합유 100 kg을 취하여 200 L 치즈 배트에서 체다 치즈 제조공정에

따라 제조하였다.

원료유는 65℃에서 25분간 살균하였으며, 스타터 미생물로는 유럽 Directive 90/220/CEE에 유전자 재조합균주로 등록되지 않은 *L. lactis* ssp. *lactis*, *L. lactis* ssp. *cremoris*로 구성된 상업용 DVS(Ezal MA-14, Rhodia)를 4 units/100 L를 첨가하였으며, 레닛은 HALA rennet(CHR-Hansen's)을 권장 사용량(2.5 g/100 L)에 맞추어 사용하였다. 응고된 커드는 최종 적정산도가 0.75%가 될 때까지 체다링을 실시하면서 유청을 제거하였으며, 커드 매트리는 다시 2 × 3 × 5 cm의 크기로 절단한 후 가염(1.5%)하였다. 가염한 커드는 Wilson 성형틀(10 kg)에 치즈 천을 올려놓고, 가염한 커드를 담고 커버를 씌운 후 2.5 kg/cm²의 압력을 가하여 12시간 압착을 실시하였다. 압착이 완료된 치즈는 진공포장하여 5℃의 냉장실에 보존하였다.

유성분 분석

적외선 유성분 자동분석기(Bentley 150, Bentley Instruments, Chaska, MN, USA)를 사용하여 milk fat, milk protein, lactose의 함량을 측정하고, 무기물, 무지고형분(Solids not fat, SNF), 총고형분(Total solids, TS) 등의 함량과 casein/fat ratio(C/F ratio)는 자동분석기에 입력된 계산 공식에 의하여 구하였다.

원유의 총균수 측정

원료유의 미생물 측정은 표준평판배양법에 따라서 Difco™ plate count agar(Fisher Scientific, Waltham, MA, USA)에 원유 1 mL를 십진희석하여 접종한 후, 32℃의 온도에서 48시간 배양하였을 때 출현하는 집락의 수를 총균수로 환산하였다.

치즈 건물량 측정

적외선 수분측정기(FD-600, Kett, Tokyo, Japan)를 사용하여 175℃에서 5분간 건조하여 수분함량(moisture content)을 구하였다.

치즈생산수율 계산

커드 및 치즈 생산수율은 실질 수율(actual yields)[10], Van Slyke 이론 수율(theoretical yields)[11,12] 및 37% 수분 보정 수율(37% moisture adjusted yields)[10] 등의 3가지로 구분하여 각각 계산하였다. 실질 생산 수율(actual yield)은 압착 후 치즈 중량을 첨가물(스타터, 응유효소, 소금 등)을 포함하지 않은 vat 내의 원료유 중량으로 계산하였다.

$$CY = (\text{생산된 치즈 중량} / \text{원료유 중량}) \times 100$$

Van Sylke 이론 수율은 다음의 공식으로 계산하였으며,

$$CY_{vs} = (0.93MF + 0.80P - .1) \times 1.09 / (1 - \text{Desired M} / 100)$$

여기서 CY는 치즈 수율, MF는 유지방, P는 단백질 함량, M은 희망하는 수분함량이다. 37% 수분 보정수율은 Barbano & Shebon의 방식[10]에 따라서 Van Sylke 이론 수율 공식에서

희망하는 수분함량을 37%로 대입하여 계산하였다.

$$CY_{37} = (0.93MF + 0.80P - .1) \times 1.09 / (1 - 0.37 / 100)$$

결과 및 고찰

집합유의 유성분 조성

연암대학교 실습목장에서 착유 중인 젖소 50두의 혈액을 채취하여 κ-CN과 β-LG 유전적 변이체의 표현형을 분석하여 15두를 선발하였고, 표현형에 관계없이 젖소를 group-1과 group-2로 분류하여 정리하였다(Table 4). 젖소 group-1군의 집합유와 group-2군의 집합유의 영양 조성 및 C/F ratio(케이스인 단백질에 대한 유지방의 비율)과 적정산도, 총 세균수는 Table 4와 같다.

우유의 적정산도는 group-2 집합유가 0.14%로서 group-1군 집합유 0.16%보다 좋은 편이었지만, 총 세균수는 group-1 집합유가 Log. 4.69로서 group-2 집합유 Log. 5.06보다 오히려 적었다. 젖소 group-1의 집합유는 C/F ratio가 0.63밖에 되지 않으므로 치즈 생산 수율이 높지 않을 것으로 생각할 수 있지만, 유단백질 함량이 3.43%로 매우 높은 편이고, 지방 함량도 4.41%로 높아서 치즈 생산 수율이 좋을 것으로 기대되었다. 반면에 젖소 group-2의 집합유는 C/F ratio가 0.72로 매우 높지만 유단백질 함량이 3.06% 수준이고, 유지방 함량도 3.41%로 낮아서 치즈 생산 수율이 낮을 것으로 기대되었다. Skeie의 우유의 품질과 치즈 수율에 관한 문헌 고찰에서 κ-CN BB, β-LG BB 유전적 변이체를 가진 고단백 우유의 치즈 수율이 높다고 하였으며, 체세포수가 많으면 단백분해효소가 α_{S2}- 및 β-케이스인을 분해하여 치즈 수율을 저하시키며, 유리지방산은 Ca²⁺와 결합하여 커드 특성을 약화시키며, 내생성균의 지방분해효소와 단백분해효소가 치즈 수율을 낮춘다고 하였다[13]. Guinee et al.은 체다 치즈 수율과 조성에 관한 단백질 표준화의 영향을 연구하였는데, 그의 연구에 의하면 단백질 함량이 3.6% 이상 높아지는 비유말기 240일경부터 20여 일간 착유한 우유는 실질 수율이 10.4%(이론 수율 10.1%) 이상 높아졌다고 하였다[14]. Choi & Ng-Kwai-Hang의 연구에서는 집합유의 C/F ratio를 검토하지 않았으나 데이터를 확인한 결과, 총 214두 집합유의 C/F ratio는 0.71이었으며, BB/AA형과 AB/AA형은 각각 0.79와 0.61이었다[6]. Cipola-Gotet et al.은 모델 치즈 제조 공정 하에서 Brown Swiss 개체유별 치즈 수율에 대한 지방, 단백질, 총 고형분 등의 영양 성분의 영향과 에너지 회수율 등을 세밀하게 분석하여 표현형에 대한 새로운 인식을 제공하였다[15].

개체유의 κ-CN과 β-LG의 phenotypes과 커드 생산 수율

실험축으로 선발된 젖소 15두의 κ-CN과 β-LG 유전적 변이체의 표현형으로 나누어 보면 AA/AA형 2두, AA/AB형 5두, AA/BB형 4두, AB/AB형 1두, BB/AA형 2두, BB/AB형 1두였으

Table 4. Compositions of bulk milk in two cows' groups

Cow's group	n	TA (%)	Nutritional components (%)					C/F ratio	TBC (Log No/mL)
			Fat	Protein	Lactose	SNF	TS		
Group-1	8	0.16	4.41	3.43	5.05	9.47	13.04	0.63	4.69
Group-2	7	0.14	3.41	3.06	5.08	9.03	11.98	0.72	5.06

n, number of cows; TA, titratable acidity; SNF, solids-non-fat; TS, total solids; C/F ratio, ratio of casein content vs fat content; TBC, total bacterial counts.

며, AB/AA형, AB/BB형, 및 BB/BB형은 없었다.

젖소 개체별로 착유한 1,000 mL의 우유로 치즈 커드를 제조하였을 때 생산되는 커드의 양을 기초로 표현형별 평균 커드 생산 수율을 계산하였다(Table 5). 치즈 생산 수율은 개체우의 κ -CN과 β -LG의 유전적 변이체에 의해서도 영향을 받지만, 원유의 성분, 체세포수, 세균수[14] 및 열처리 방법[16]에 의해서도 영향을 받을 수 있기 때문에, 본 연구에서는 유전적 변이체에 따라 젖소의 집단을 나누지 않고 연암대학교 실습목장에서 원유의 품질에 따라 구분하여 관리하는 젖소 관리시스템에 따라 두 집단의 집합유로 나누었다.

표현형 별 평균 커드 생산 수율은 AA/AA형 2두는 10.67%, AA/AB형 5두는 12.77%, AA/BB형 4두는 10.11%, AB/AB형 1두는 15.26%, BB/AA형 2두는 평균 10.86%(각각 9.03%, 12.68%) 및 BB/AB형 1두는 9.69%이었다. κ -CN과 β -LG 표현형 별로 커드 생산 수율을 비교해 볼 때 AB/AB형이 15.26%로서 가장 높았으며, 그 다음이 AA/AB형으로서 12.77%이었다. 또한 κ -CN BB형인 개체우의 커드 생산 수율은 개체번호 125를 제외하고는 비교적 낮은 결과를 보여주고 있다.

개체우의 β -LG 표현형은 AB형 7두, AA형 4두, BB형 4두로서 β -LG AB형과 κ -CN AA형 또는 AB형과의 조합을 이룬 개체우의 커드 생산 수율이 각각 12.77%와 15.26%로서 매우 높았으나 κ -CN BB형은 9.69%로서 매우 낮았다. β -LG AA형과 κ -CN AA형 또는 BB형과의 조합을 이룬 개체우의 커드 생산 수율은 각각 10.67%와 10.86%로서 중간 정도의 수율을 보였다. β -LG BB형과 κ -CN AA형이 조합을 이룬 경우는 커드 수율이 10.11%로서 가장 낮았다.

Group-2 집합유의 커드 수율이 낮은 이유로서 유지방 함량과 유단백질의 함량이 낮은 근본적인 차이도 인정되지만, Choi & Ng-Kwai-Hang의 연구에서도 3.58%의 유지방함량과 3.22%의 보통 수준의 유단백질 함량의 집합유에서 BB/BB phenotypes 11.36%의 높은 치즈 생산수율을 보인 결과[6]와 비교하면 충분한 설명이 되지 않는다. 그래서 지방 함량과 단백질과의 관계를 P/F ratio에 의한 치즈 수율을 연구한 Guinee et al. 이 지방함량이 낮으면 P/F ratio가 높은 우유가 되고, 지방함량이 높아지면 P/F ratio가 낮은 우유가 되는데, P/F ratio가 0.8 이하이면 실제 수율(actual yield 11.0%)이 높고, 1.0 이상이면 단백질과 지방의 함량을 normalize한 치즈 수율

Table 5. Frequencies of cow and curd-yields by phenotypes of κ -CN and β -LG

Phenotypes (κ -CN/ β -LG)	Frequency of cow	Cow No.		Curd yield (%)
		Group-1	Group-2	
AA/AA	2	111	51	10.67
AA/AB	5	90, 100, 117	96, 145	12.77
AA/BB	4	63, 140	64, 144	10.11
AB/AA	0			
AB/AB	1	1,473		15.26
AB/BB	0			
BB/AA	2	92	110	10.86
BB/AB	1		125	9.69
BB/BB	0			

Corrected yield is on basis of the 37% moisture adjusted content of curd.

(11.1%)이 높다고 한 결과[17]와 같이 유전적 변이체의 영향 외의 다른 요인들의 영향인 것으로 판단되었다.

실제로 두 집단의 개체유로 제조한 커드의 평균 생산수율은 Table 6에서 보는 바와 같이 수분 함량 37%로 보정하였을 때 group-1의 평균 수율 11.95%(이론 수율 11.88%)는 group-2의 수율 9.69%(이론 수율 9.86%)보다 약 2.26%(이론 수율 차이 1.92%) 높은 것으로 나타났다.

이러한 차이는 우유의 지방 함량과 케이스인 마이셀 응고물 형성시 레닛에 의해 분해된 수용성의 glycol-macropptide와 수용성인 유청단백질을 제외한 카제인 함량이 치즈 수율에 영향을 주는 때문에 본 연구에서는 이에 대한 분석이 이루어지지 못하였다. 이에 관한 Bonfatti et al.의 연구에서 모델 micro-치즈 커드 제조 공정 하에서 α_{s1}-, α_{s2}-, β-, γ-, glycosylated 및 unglycosylated κ-CN 및 β-LG, α-LA 등의 우유 단백질 중에서 β-CN과 glycosylated κ-CN이 치즈 수율에 가장 큰 영향을 주며, κ-CN과 α_{s1}-CN은 치즈의 고형분 함량을 크게 증가시키지 못하므로 치즈의 고형분 함량이 일정하다면 α_{s1}-CN과 β-CN 비율은 치즈 수율에 제한적인 영향을 준다고 하였다[18].

집합유의 체다 치즈 생산 수율

유전형이 다른 8두로 구성된 group-1의 젖소의 저녁과 아침에 착유한 집합유 약 100 L을 사용하여 체다 치즈를 제조한 후의 생산 수율을 조사한 결과는 Table 7과 같다. Group-1에 속한 젖소들의 κ-CN과 β-LG 유전적 변이체를 표현형으로 나누어 보면 AA/AA형 1두, AA/AB형 3두, AA/BB형 2두, AB/AB형 1두, BB/AA형 1두였다(Table 5).

Group-1의 우유(100.6 kg) 조성으로 계산한 Van Sylke 이론 수율은 12.11%이었으며, 생산된 체다치즈의 중량은 12.8 kg, 수분함량은 39.3%이었다. 이 치즈의 실질 수율은 12.72%, 37% 수분 보정 수율은 11.67%(중량 11.74 kg)이었다. 이와 같은 결과는 미국 뉴욕 주의 4개 치즈 공장의 연간 평균 수율이 9.88 kg/100 kg milk이었다는 Barbano & Sherbon의 연구 결과[10]나 Choi & Ng-Kwai-Hang의 연구[6]에서 집합유로 제조한 치즈의 생산량(11.42 g/100 g milk) 및 37% 수분 보정 수율 11.18%보다 높은 결과이다.

Table 6. The corrected and theoretical curd yields of two groups of dairy cows

Cows' group	n	Corrected yield (%)	Theoretical yield (%)
Group-1	8	11.95	11.88
Group-2	7	9.69	9.86
(G-1) - (G-2)		2.26	1.92

Corrected curd yield is on basis of the 37% moisture adjusted content of curds.

Table 7. Production yields of Cheddar cheese made from group-1 bulk milk

	Weight (kg)	Moisture (%)	Cheese yield (%)
Cheese milk used	100.60	86.96	12.11 ¹⁾
Cheese weigh produced	12.80	39.3	12.72 ²⁾
Moisture adjusted weight	11.74	37.0	11.67 ³⁾

¹⁾Van Sylke theoretical yield.

²⁾Actual yield.

³⁾37% moisture adjusted yield.

Table 7의 결과를 보면 β -LG 표현형은 AA형이나 BB형보다는 AB형이 더욱 높은 치즈 생산 수율을 나타낼 것이라는 결과를 암시해 준다. 그러나 이 결과는 κ -CN과 β -LG 표현형이 BB/BB형인 경우, 원료우유의 살균 온도를 달리하여도 치즈 생산 수율이 가장 높았다는 Choi & Ng-Kwai-Hang의 연구 결과와 다른 것이다[6]. Mayer et al.의 연구에서 k-카제인 함량이 낮으면 커드의 응고 특성이 나쁘는데, κ -CN AA 우유는 AB보다 κ -카제인 함량이 적고, 치즈 수율이 높은 우유의 단백질 변이체의 조성은 β -CN A²B, κ -CN AA, β -LG AA인 우유이며, β -CN A²A², κ -CN AA, β -LG AA인 우유는 치즈 수율이 30% 정도 낮다고 하였다[19]. κ -CN AA, β -LG외에 β -CN을 포함한 3종의 단백질의 유전적 변이체가 치즈 수율에 영향을 주는 요인들을 세부적으로 살펴보면, κ -CN BB인 우유는 카제인 함량이 높기 때문에 레닛 응고성이 높으며, 결국 치즈 수율도 높아진다. β -CN A²B, κ -CN AA, β -LG BB인 우유와 β -CN A²A², κ -CN AA, β -LG BB인 우유는 유청으로 손실되는 지방 함량이 적으며, β -CN A²B, κ -CN AA, β -LG BB인 우유와 β -CN A²B, κ -CN BB, β -LG BB인 우유는 치즈 부스러기 발생량이 적다고 하였다. 따라서 3종의 단백질과 레닛 응고성, 유청으로 손실되는 지방함량, 치즈 부스러기 발생을 포함한 이상적인 치즈 생산수율 증가를 위한 완벽한 우유는 존재하기 어렵다고 결론을 짓고 있다[19]. 그러므로 낙농가에서 사육하는 젖소 개체유보다는 집합유를 대상으로 추가적인 연구를 필요로 하며, 현행의 집유 노선별 집유 탱크로리를 대상으로 치즈 수율을 연구하여 치즈 제조단계의 경쟁력을 높일 수 있는 방안을 강구하는 것이 바람직하다.

결론

본 연구에서 κ -CN AA 또는 AB 표현형과 β -LG AB 표현형을 가진 젖소의 비율이 높은 젖소군의 우유는 치즈 생산 수율이 약 2% 정도 높다는 사실을 밝힐 수 있었다. 치즈 생산 수율 증진시킬 수 있는 과학적 근거를 지속적으로 연구한다면 국내의 치즈 낙농 목장의 수익성 향상과 치즈 생산 의욕을 고취시킬 수 있을 것이다. 최근 치즈 소비량이 급격히 증가하는 데 비하여 원유 생산가격이 비싼 국내 우유를 사용한 치즈 생산량은 매년 감소하고 있다. 이러한 추세를 극복하기 위한 방안의 하나로서 본 연구 결과를 활용하고자 한다면, 치즈 생산 수율이 높은 우유를 생산하는 종모우 선발 프로그램 개발과 치즈 생산 목장에 κ -CN과 β -LG 유전적 변이체로서 AA/AB 또는 AB/AB 표현형을 가진 젖소의 보급이 필요한 것으로 보인다. 향후 젖소의 분자육종 분석기법을 통하여 치즈 수율을 향상시키는데 크게 기여하는 단백질 함량이 높은 κ -카제인과 β -락토글로부린의 유전적 변이체 조합을 가진 개체우를 선발하여 치즈 제조 목장에 보급하게 된다면, 가격이 저렴한 수입 치즈 중심의 국내 치즈 소비시장에서 국내산 치즈의 가격 경쟁력을 확보할 수 있음을 시사해 주고 있다.

REFERENCES

1. Korea Dairy Committee. 2021 [cited 2021 Apr 15]. https://www.dairy.or.kr/kor/sub05/menu_01_4_3.php?filter=ST3_2020_01_2020_12
2. Ministry of Korea Food and Drug Safety. 2021 [cited 2021 Apr 15]. https://www.foodsafetykorea.go.kr/portal/board/boardDetail.do?menu_no=3120&bbs_no=bbs001&cntctxt_no=1082029&menu_grp=MENU_NEW01
3. Park SY. A study on revision for the standard of food code on cheese and cheese products.

- Cheongju: Ministry of Food and Drug Safety; 2021.
4. Corazzin M, Schermer M, Park SY. Tools to retain added value in dairy farms: the South Korea case. *J Asian Rural Stud.* 2017;1:81-96. <https://doi.org/10.20956/jars.v1i2.1179>
 5. Park SY, Kwon YW, Sung KI. Value-chain analysis of mountain farm milk products. *J Milk Sci Biotechnol.* 2017;35:184-95. <https://doi.org/10.22424/jmsb.2017.35.3.184>
 6. Choi JW, Ng-Kwai-Hang KF. Effects of genetic variants of κ-casein and β-lactoglobulin on cheese yielding capacity of milk preheated at different temperatures. *Korean J Dairy Sci.* 1998;20:113.
 7. Chung UR, Kim UT, Han SK. A study on DNA polymorphism and genetic properties of dairy cattle using an random amplified polymorphic DNA polymerase chain reaction (RAPD-PCR). *Korean Anim Sci.* 1995;37:455-67.
 8. Medrano JF, Cordova EA. Genotyping of bovine kappa-casein loci following DNA sequence amplification. *Biotechnology.* 1990;8:144-6. <https://doi.org/10.1038/nbt0290-144>
 9. Denicourt D, Sabour MP, McAllister AJ. Detection of bovine κ-casein genomic variants by the polymerase chain reaction method. *Anim Genet.* 1990;21:215-6. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.1990.tb03228.x>
 10. Barbano DM, Sherbon JW. Cheddar cheese yields in New York. *J Dairy Sci.* 1984;67:1873-83. [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(84\)81517-9](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(84)81517-9)
 11. Coggins JS. Predicting Cheddar cheese yield in an individual plant: Van Slyke revisited. *J Dairy Sci.* 1991;74:359-68. [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(91\)78178-2](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(91)78178-2)
 12. Mullan WMA. Determination of the theoretical yield of Cheddar cheese using milk composition only and a modified version of the Van Slyke yield equation [Internet]. 2008 [cited 2021 Jul 27]. <https://www.dairyscience.info/newCalculators/yield-01.asp>
 13. Skeie S. Characteristics in milk influencing the cheese yield and cheese quality. *J Anim Feed Sci.* 2007;16 Suppl 1:130-42. <https://doi.org/10.22358/jafs/74164/2007>
 14. Guinee TP, O'Kennedy BT, Kelly PM. Effect of milk protein standardization using different methods on the composition and yields of Cheddar cheese. *J Dairy Sci.* 2006;89:468-82. [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(06\)72110-5](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(06)72110-5)
 15. Cipolat-Gotet C, Cecchinato A, De Marchi M, Bittante G. Factors affecting variation of different measures of cheese yield and milk nutrient recovery from an individual model cheese-manufacturing process. *J Dairy Sci.* 2013;96:7952-65. <https://doi.org/10.3168/jds.2012-6516>
 16. Noh B, Richardson T. Incorporation of radiolabeled whey proteins into casein micelles by heat processing. *J Dairy Sci.* 1989;72:1724-31. [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(89\)79288-2](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(89)79288-2)
 17. Guinee TP, Mulholland EO, Kelly J, Callaghan DJO. Effect of protein-to-fat ratio of milk on the composition, manufacturing efficiency, and yield of Cheddar cheese. *J Dairy Sci.* 2007;90:110-23. [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(07\)72613-9](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(07)72613-9)
 18. Bonfatti V, de Freitas DR, Lugo A, Vicario D, Carnier P. Effects of the detailed protein composition of milk on curd yield and composition measured by model micro-cheese curd making of individual milk samples. *J Dairy Sci.* 2019;102:7863-73. <https://doi.org/10.3168/jds.2018-15743>
 19. Mayer HK, Ortner M, Tschager E, Ginzinger W. Composite milk protein phenotypes in relation to composition and cheesemaking properties of milk. *Int Dairy J.* 1997;7:305-10. [https://doi.org/10.1016/S0958-6946\(97\)00019-8](https://doi.org/10.1016/S0958-6946(97)00019-8)