

Forschung - BgVV-finanziertes Projekt für Nachwuchswissenschaftler

Entwicklung molekularbiologischer Methoden für die Prüfung der gesundheitlichen Unbedenklichkeit von Lebensmitteln aus gentechnisch veränderten Organismen

Andreas Rang*, Jutta Zagon und Hermann Broll

Thema

Aus genetisch veränderten Organismen (GVOs), die für die Lebensmittelproduktion genutzt werden, sollen komplexe Expressionsprofile mittels Microarray- und Proteomic-Technologie erstellt werden. Anhand dieser Profile sollen GMOs mit geeigneten Vergleichsorganismen abgeglichen und auf Übereinstimmungen bzw. Unterschiede untersucht werden. Potentielle Unterschiede können im Anschluss an diese Untersuchung genauer charakterisiert werden. Dieser Ansatz erlaubt eine Verbesserung der sicherheitsrelevanten Bewertung von GMOs.

Problemstellung

Für die Lebens- und Futtermittelproduktion bedient man sich immer intensiver gentechnisch veränderter Organismen (GVOs). In nur 5 Jahren von 1996 - 2001 stieg die weltweite Anbaufläche für GMOs von 1,7 auf 52,6 Mio ha sind ¹. Bei der Herstellung von GMOs werden bestimmte Gene in das Wirtsgenom eingebracht, wobei durch die Insertion und/oder die Expression der Fremdgene unbeabsichtigte Effekte ausgelöst werden können. Die ursächlichen Wirkmechanismen der beschriebenen unbeabsichtigten Effekte sind i.d.R. ungeklärt.

Im Rahmen des hier vorgestellten Projektes sollen neue Untersuchungsmethoden entwickelt und getestet werden, mit dessen Hilfe solche unbeabsichtigte Effekte detektiert werden können.

Wissenschaftliche Zielstellung/Methodik

Im Rahmen verschiedener Genomprojekte ist/wird die vollständige genetische Information vieler Nutzpflanzen und Mikroorganismen entschlüsselt. Auf der Basis dieser Genom-Daten ergeben sich grundlegend neue Untersuchungsmöglichkeiten. Eine vielversprechende Methode ist z.B. die Microarray-Technologie. Bei dieser Technik werden sog. Mikrochips verwendet, auf welche bis zu 100.000 unterschiedliche Hybridisierungs-Sonden in einem spezifischen Muster (*array*) aufgebracht sind. Die selektive Hybridisierung der primären Produkte (*messenger-RNA*) an eine dieser Sonden erlaubt die qualitative und quantitative Charakterisierung der entsprechenden RNA. Die hohe Dichte bzw. Anzahl an Sonden auf einem Chip ermöglicht die umfassende Untersuchung der primären Produkte aller bzw. der entschlüsselten Gene und die Bestimmung umfassender RNA-Expressionsprofile eines Organismus.

Der oben beschriebene Ansatz beschränkt sich auf eine Untersuchung der primären Genprodukte (*messenger-RNA*). Gegenwärtig ist weitgehend unklar, in wie weit sich Effekte von dieser Ebene auf die folgenden Ebenen (Proteine, Metabolite) auswirken. Aus diesem Grunde soll die Untersuchung auch auf die Proteinebene ausgeweitet werden. Methoden zur

¹ Clive James, BLL Workshop, Bonn, 21.Feb. 2002

Aufklärung von Proteinexpressionsprofilen werden unter den Begriff Proteomics zusammengefasst. Experimentell erstellt werden solche Profile i.d.R. mittels zweidimensionaler Gelelektrophorese, in welcher Proteine nach Ladung und Größe als einzelne Spots dargestellt werden. Interessante bzw. vom üblichen Profil abweichende Proteinspots können aus dem Gel isoliert, charakterisiert und vor dem Hintergrund der Genomdaten eindeutig einem Gen zugeordnet werden.

Falls über die beschriebenen Ansätze unbeabsichtigte Effekte detektiert werden, können Folgeuntersuchungen zielgerichtet initiiert werden, die für eine Sicherheitsüberprüfung von GVOs notwendig werden. Die vorgeschlagene Studie soll zur Verbesserung der Nachweismethoden für mögliche unbeabsichtigte Effekte in GVOs beitragen.

Vorgesehene Umsetzung

Gegenwärtig werden die oben erwähnten Ansätze mit gentechnisch veränderten Bier- und Weinhefen (*Saccharomyces cerevisiae*) evaluiert und optimiert. Da die Genetik von *S. cerevisiae* genau charakterisiert ist, versprechen wir uns von diesem Untersuchungsobjekt in relativ kurzer Zeit aussagekräftige Ergebnisse.

Parallel sollen in analoger Weise auch komplexere GVOs untersucht werden. Gegenwärtig stehen uns Kartoffelsorten zur Verfügung, die ein modifiziertes CryV-Gen von *Bacillus thuringiensis* als stabil integriertes Transgen enthalten. CryV kodiert für ein *Coleoptera*- (Käfer) und *Lepidoptera*- (Schmetterlinge) spezifisches Insektizid. Die Untersuchung dieser gentechnisch erzeugten Kartoffelsorte ist von besonderer Relevanz, da sie für den kommerziellen Anbau entwickelt wurde.