

## Untersuchungen zum Übergang von DNA-Fragmenten aus normalem und gentechnisch verändertem Mais auf Gewebe von Geflügel und Säugern

Investigations on the carry-over of DNA-fragments from normal and gentechnically modified maize into tissue of poultry and mammals

F. SCHWÄGELE und G. FLACHOWSKY<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Forschungsanstalt für Landwirtschaft, Braunschweig

### Zusammenfassung

Ein beträchtlicher Teil des weltweiten Erntegutes an gentechnisch veränderten Pflanzen (GVP) wird in der Tierernährung eingesetzt. Es stellt sich in diesem Zusammenhang die Frage, ob Teile der transgenen DNA aus GV Futterpflanzen über den Gastrointestinaltrakt und das Blut in das Gewebe tierischer Organe gelangen.

Deshalb wurde an Broiler, Legehennen, Wachteln (über 10 Generationen), Schweine und Schafe jeweils in streng getrennten Gruppen normaler Mais bzw. GV Mais (Bt-Mais; Bt = *Bacillus thuringiensis*) verfüttert und am Ende eine repräsentative Anzahl von Tieren streng separiert unter Vermeidung von Kontaminationen geschlachtet. Gewebeproben der Innereien und erhaltenen Teilstücke der Schlachtkörper beider Gruppen aus den verschiedenen Fütterungsversuchen wurden unter Anwendung konventioneller Polymerase-Kettenreaktion (PCR) oder real time PCR auf das Vorhandensein von Fragmenten der Chloroplasten DNA und nukleärer Mais DNA untersucht.

Die erhaltenen Ergebnisse der PCR zeigen, dass mittels isolierter DNA aus dem Gewebe der mit Bt-Mais gefütterten Tiere keine entsprechenden Genfragmente aus dem gentechnisch veränderten Bereich amplifiziert werden konnten. Daraus lässt sich schließen, dass keine ausreichend langen DNA-Stücke aus dem gentechnisch veränderten Bereich des Bt-Mais im Gewebe der verschiedenen Tierarten vorhanden sind.

Chloroplasten DNA, die identisch sowohl in isogenem als auch in Bt-Mais vorhanden ist, kann dagegen in verschiedenen Geweben der Tiere aus jeweils beiden Fütterungsgruppen durch PCR als DNA-Fragment mit 199 Basenpaaren amplifiziert werden. Dies lässt den Schluss zu, dass Fragmente von Chloroplasten DNA auf das tierische Gewebe übergehen. Anders als nukleäre DNA ist Chloroplasten DNA im Bt-Mais jedoch nicht gentechnisch verändert. Findet Transfer von Chloroplasten DNA auf Tiergewebe statt, so wird in diesem Falle gentechnisch nicht veränderte DNA übertragen.

---

<b>Schlüsselwörter</b>	Polymerase Kettenreaktion (PCR) – Bt-Mais – Chloroplasten DNA – nukleäre DNA
<b>Key Words</b>	Polymerase chain reaction (PCR) – Bt-maize – chloroplast DNA – nuclear DNA

---

### Summary

The main part of the worldwide produced gentechnically modified plants (GMP) is used for animal nutrition. In this respect the question arises, whether there is a transfer of fragments of transformed DNA from the GMP via intestine and blood into the tissue of animals.

For this purpose normal and GM maize (Bt-maize; Bt = *Bacillus thuringiensis*) was fed to broiler, laying hens, quails (for 10 generations), pigs and sheep in strictly separated groups. Afterwards a representative number of animals was slaughtered avoiding cross contamination. Tissue samples of the organs and various meat cuts of the carcasses of both animal groups of the different feeding experiments were used for conventional polymerase chain

reaction (PCR) or real time PCR to investigate the presence of chloroplast DNA and nuclear maize DNA fragments.

The obtained PCR results show, that it was not possible to amplify specific gene fragments referring to the gentechnically modified gene construct of Bt-maize isolated from tissue of animals fed with transformed maize. This leads to the conclusion, that gene fragments of sufficient length originating from the respective gentechnically modified area were not present in the tissue of the varying animals.

Chloroplast DNA, however, which exists as not transformed in normal as well as in Bt-maize, can be amplified as a DNA-fragment of a length of 199 bp by means of PCR in animal tissue of both feeding groups. This leads to the conclusion, that there is a carry-over of chloroplast DNA-fragments from maize to animal tissue. In contrast to nuclear DNA chloroplast DNA is not gentechnically modified. If there occurs a chloroplast DNA carry-over from plant to animal tissue, only native not modified DNA is transferred.

## Einleitung

Die Anbaufläche gentechnisch veränderter Pflanzen (GVP) ist in den zurückliegenden zehn Jahren weltweit von rund 1,7 Mio. ha (1996) auf über 90 Mio. ha (2005) angestiegen. Das entspricht in etwa der Gesamtfläche der Länder Frankreich und Deutschland. Nach den USA sind derzeit Argentinien, Brasilien, Kanada und China die Staaten mit den größten Anbauflächen für GVP, wobei im Jahre 2005 die hauptsächlich landwirtschaftlich erzeugten GVP Sojabohnen, Mais, Baumwolle und Raps waren.

In den Mitgliedsstaaten der Europäischen Union spielt der Anbau von GVP gegenwärtig noch eine nachgeordnete Rolle. Lediglich Spanien stellt mit Blick auf die Maisproduktion eine Ausnahme dar, so dass dort im Jahre 2004 mehr als 10 % der gesamten Maisernte als gentechnisch veränderter GV Mais eingebracht wurde. Zu diesem Zeitpunkt wurde in Deutschland GV Mais lediglich auf ausgewiesenen Versuchsflächen mit einem Gesamtareal von etwa 500 ha angebaut. Betrachtet man die Liste an Freisetzungsversuchen mit GVP in Deutschland seit dem Jahre 1991, so lässt sich feststellen, dass sich die Gesamtzahl auf derzeit 758 beläuft, wobei aktuell 110 Standorte (Stand März 2006) mit laufendem Anbau unter Freisetzung von GVP gemeldet sind.

Die Verordnungen (EG) 1829/2003 und 1830/2003 über gentechnisch veränderte Lebensmittel und Futtermittel des Europäischen Parlamentes und des Rates der

Europäischen Union, die am 18. April 2004 in Kraft getreten sind, regeln deren klare Kennzeichnung sowie Rückverfolgbarkeit und verlangen mit Blick auf das Inverkehrbringen ein sicheres, wissenschaftlich begründetes Zulassungsverfahren. Oben bezeichnete Verordnung (EG) 1829/2003 besagt, dass GV Futtermittel auf jeden Fall zu kennzeichnen sind, während jedoch mit Hilfe von GV Futtermitteln erzeugte tierische Produkte keiner Kennzeichnung unterliegen.

Ein beträchtlicher Teil des weltweiten Erntegutes an GVP wird als ganze Pflanzen, Pflanzenteile, Silagen oder Nebenprodukte als Futtermittel in der Tierernährung eingesetzt. Deshalb stellt sich die Frage, ob Teile der transgenen DNA aus GV Futterpflanzen über den Gastrointestinaltrakt und das Blut in das Gewebe tierischer Organe gelangen und darin enthaltene neue DNA-Konstrukte eventuell eine Gefahr für das Nutztiergenom darstellen? Die Forschungsanstalt für Landwirtschaft (FAL) in Braunschweig und die Bundesforschungsanstalt für Ernährung und Lebensmittel am Standort Kulmbach (BfEL, Standort Kulmbach) haben als Ressortforschungseinrichtungen des Bundesministeriums für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz aus diesem Grunde umfangreiche Fütterungsstudien unter Verwendung von Bt-Mais mit verschiedenen Nutztieren durchgeführt. Bt-Mais, der in diesem Jahr erstmals in Deutschland als GV Kulturpflanze für den regulären Anbau zugelassen worden ist (MESSERSCHMID, 2006), weist folgende gentechnische Veränderungen auf: Durch

Expression des Proteins CryIA (b), abgeleitet vom *Bacillus thuringiensis*, weist Bt-Mais eine Resistenz gegen den Maiszünsler auf. Weiterhin zeichnet er sich durch eine erhöhte Toleranz gegenüber dem Totalherbizid BASTA (Glufosinatammonium) aus und besitzt zudem ein Markergen, das ihm eine Resistenz gegenüber dem Antibiotikum Ampicillin verleiht.

Mit Blick auf den Verbleib von DNA aus pflanzlichem und tierischem Material in Tieren kann angenommen werden, dass die DNA im Verdauungstrakt durch Magensäuren, mikrobielle Aktivitäten, einschließlich verschiedener Nukleasen teilweise abgebaut wird. Die Degradation der DNA reduziert die Wahrscheinlichkeit der Aufnahme intakter isogener oder transgener DNA über die Peyerschen Plaques im hinteren Dünndarm. Jedoch ist letztendlich nicht auszuschließen, dass Genfragmente auf diesem Wege ausgeschleust werden und in die Organe des Wirtsorganismus gelangen. In diesem Zusammenhang wurden in der Vergangenheit bereits verschiedene Untersuchungen gemacht (SCHUBBERT *et al.*, 1997; DOERFLER und SCHUBBERT, 1997), die sich mit dem Transfer fremder DNA aus der Nahrung über die Darmschleimhaut in den Säugerorganismus befassen. Die nachfolgend dargestellten Fütterungsversuche von Nutztieren unter Verwendung von Bt-Mais in Verbindung mit anschließender Analyse der tierischen Gewebe auf DNA-Basis wurden durchgeführt, um zu klären, ob es einen Transfer von DNA-Fragmenten aus der Futterpflanze über den Gastrointestinaltrakt und das Blut in die Organe der Tiere gibt.

## Material und Methoden

Die Fütterungsversuche bei Geflügel wurden unter Verfütterung von konventionellem Mais (K-Mais) bzw. GV Bt-Mais entsprechend der Fütterungsgruppen im Falle von Broiler und Legehennen über eine Generation und im Falle von Wachteln sogar über 10 Generationen durchgeführt. Aus der Reihe der Säugetiere wurden Schweine als Monogaster und Schafe als

Polygaster ausgewählt und jeweils über eine Generation mit K- bzw. Bt-Mais gemästet. Die Tiere wurden entsprechend der Fütterung mit normalem und GV Mais in streng getrennten Gruppen jeweils einzeln gehalten, unter Vermeidung von Kontaminationen streng separiert geschlachtet und verschiedene Gewebe der Tiere zur Untersuchung auf das Vorhandensein von Chloroplasten DNA und nukleärer DNA entnommen. In diesem Zusammenhang sei darauf hingewiesen, dass gentechnische Veränderungen bei Mais ausschließlich an der nukleären DNA, also im Zellkern der Pflanze vorgenommen wurden. Chloroplasten DNA liegt bei K- und Bt-Mais identisch und gentechnisch unverändert vor.

### 1. Fütterungsversuch Broiler/Legehennen

Jeweils 12 Küken von Broilern (Lohmann Meat) und Legehennen (Lohmann White) wurden in Gruppen zu sechs Tieren einzeln in konventionellen Käfigen gehalten und mit Futtermischungen, die 50 % K-Mais bzw. 50 % Bt-Mais und entsprechende bedarfsgerechte Zusätze enthielten, versorgt. Die Broiler wurden nach 35 Tagen und die Legehennen am Ende der Legeperiode gemäß der Fütterungsgruppen streng getrennt geschlachtet. Für die Untersuchungen auf DNA-Basis wurden Schenkelmuskulatur (SM), Brustmuskulatur (BM), Milz (M), Leber (L) und Niere (N) entnommen. Zusätzlich wurden Exkremente und Eier gesammelt. Die Gewebe wurden umgehend eingefroren und bei einer Temperatur von -20 °C gelagert.

Die DNA wurde unter Anwendung der CTAB-Methode (BINKE *et al.*, 2003) oder kommerziell erhältlicher Kits aus den verschiedenen Gewebeproben isoliert und im Anschluss zur Amplifikation spezifischer Genfragmente durch PCR und Detektion mittels Polyacrylamidgelelektrophorese (PAGE) oder Agarosegelelektrophorese eingesetzt. Zur Anreicherung eines Fragmentes der Chloroplasten DNA mit 199 bp wurde folgendes Primerpaar (Plant2) eingesetzt: Plant2f: 5'- GGA AGC TGT TCT AAC GAA TCG - 3'; Plant2r: 5'- CTC GAA AAC AAT GAA TTG AAG - 3'. Die Zyklenzahl betrug 40. Zum Nachweis et-

waig vorhandener DNA-Bruchstücke aus dem gentechnisch veränderten Bereich des Bt-Mais Genoms wurden zwei Primersysteme verwandt: CryIA3: 5'- CCG CAC CCT GAG CAG CAC – 3'; CryIA4: 5'- GGT GGC ACG TTG TTG TTC TGA – 3'; Amplikon 189 bp; Zyklenzahl 40. Cry03: 5'- CTC TCG CCG TTC ATG TCC GT – 3'; Cry04: 5'-GGT CAG GCT CAG GCT GAT GT – 3'; Amplikon 211 bp; Zyklenzahl 38 (siehe Abb. 1).

## 2. Fütterungsversuch Wachteln

Sowohl männliche als auch weibliche Wachteln wurden in der Startphase (Wochen 1-6) mit 40 % oder in der Wachstums/Legephase (Wochen 7-12) mit 50 % K- bzw. Bt-Mais gefüttert. Wachtelhennen aus beiden Fütterungsgruppen (K- bzw. Bt-Mais) wurden für die Rotationskreuzung eingesetzt. Unter Sammlung von Eiern zur Bebrütung wurde der Fütterungsversuch in beiden Gruppen somit über insgesamt 10 Generationen fortgesetzt. Jeweils 10 Wachteln aus beiden Fütterungsgruppen wurden in der 10. Generation zwölf Wochen nach dem Schlüpfen streng getrennt geschlachtet und Schenkel- bzw. Brustmuskulatur sowie Leber (L), Magen (MA), Eierstock (ES), Milz (M), Niere (N), Fett (F) und Herz (H) entnommen. Zusätzlich wurden auch Wachtel-eier gesammelt. Die Gewebe wurden bei -20 °C bis zur Analyse gelagert. Die Isolation der DNA erfolgte wie bereits im vorhergehenden Fütterungsversuch beschrieben, wobei die Amplifikation spezifischer DNA-Fragmente mittels real time PCR unter Zusatz von SYBR-Green durchgeführt wurde. Chloroplasten-spezifische DNA wurde mit dem unter Fütterungsversuch Broiler/Legehennen beschriebenen Plant Primersystem vermehrt. Der Nachweis eines eventuell vorhandenen DNA-Fragments aus dem gentechnisch veränderten Bereich des Bt-Mais Genoms erfolgte mit einem Primersystem: CryTM1: 5'- GTG GAC AGC CTG GAC GAG AT – 3'; CryTM2: 5'- TGC TGA AGC CAC TGC CGG AAC – 3' unter Zuhilfenahme einer Fluoreszenzfarbstoff-markierten Sonde CryTMP (Sonde): 5'-AAC AAC AAC GTG CCA CCT CGA CAG G – 3'. Man erhält damit ein 105 bp langes

Amplikon (Zyklenzahl 50), dessen Lage im entsprechenden Genkonstrukt von Bt-Mais gezeigt ist (Abb. 1).

## 3. Fütterungsversuch Schwein

Insgesamt wurden für diesen Fütterungsversuch 48 weibliche Ferkel mit einem Gewicht von durchschnittlich  $23,9 \pm 3,0$  kg in Einzelboxen aufgestellt. Die Futtermischungen enthielten neben anderen mastüblichen Zusätzen 70 % K- bzw. Bt-Mais. Unter strenger Trennung wurden 12 Ferkel mit K-Mais und 36 Ferkel mit Bt-Mais gefüttert. Die Tiere aus der K-Mais Gruppe wurden mit einem mittleren Gewicht von  $103,4 \pm 8,3$  kg geschlachtet, wohingegen die Schweine aus der Bt-Mais Gruppe ein Schlachtgewicht von durchschnittlich  $111,5 \pm 9$  kg erreichten. Zur Vermeidung von Kontaminationen wurden zuerst die 12 K-Mais Tiere in zwei Gruppen zu je sechs Schweinen 4 und 8 h nach letztmaliger Fütterung mit K-Mais geschlachtet. Danach erfolgte die Schlachtung der Bt-Mais Tiere in sechs Gruppen zu je sechs Schweinen 4, 8, 12, 24, 48 und 72 h nach letztmaliger Fütterung mit Bt-Mais unter sterilen Bedingungen. Im Falle der Schweine wurde nur Muskulatur aus dem Bereich der Oberschale (OS) und des Koteletts (KO) entnommen und bei -20 °C gelagert.

DNA wurde wie bereits schon oben erwähnt isoliert. Die Amplifikation spezifischer DNA-Fragmente erfolgte mit herkömmlicher PCR unter Detektion mittels PAGE. Die Amplifikation der Chloroplasten-spezifischen DNA wurde mit dem bereits oben beschriebenen Primersystem durchgeführt. Zum Nachweis eines möglicherweise vorhandenen DNA-Fragmentes aus dem gentechnisch veränderten Bereich des Bt-Mais Genoms wurde das ebenfalls schon unter dem Fütterungsversuch Broiler/Legehennen aufgeführte CryIA3/CryIA4 Primersystem verwandt, das zu einem Amplikon mit 189 bp (Zyklenzahl 40) führt (Abb. 1).

## 4. Fütterungsversuch Lamm

Im letzten der bisher durchgeführten Fütterungsversuche wurden jeweils 30 Bock-

mastlämmer (Merinofleisch) mit einem Körpergewicht zwischen 18 und 22 kg nach Fütterungsgruppen getrennt, einzeln aufgestellt und mit Futtermischungen, die 70 % K- bzw. Bt-Mais neben anderen mastüblichen Zusätzen enthielten, bis zu einem Körpergewicht von 42 kg gemästet. Wie üblich erfolgte streng separate Schlachtung der Tiere entsprechend der Fütterungsgruppen (K-Mais bzw. Bt-Mais). Für die nachfolgenden Untersuchungen wurden Nackenmuskulatur (NM), Blut (B), Herz (H), Leber (L), Lunge (LU), Milz (M), Niere (N), Nierenzapfen (NZ) und Zwerchfell (ZW), zunächst bei -20 °C gelagert und im Anschluss die DNA-Isolation in bereits

beschriebener Weise zur Ausführung gebracht.

Die Amplifikation spezifischer Genfragmente erfolgte einerseits durch real time PCR mittels Verwendung von SYBR-Green unter Einsatz des üblichen Chloroplasten-spezifischen Primersystems (Plant2) unter Anreicherung eines 199 bp langen DNA-Stückes (Zykluszahl 38). Zum Nachweis eines spezifischen Genfragmentes aus der gentechnisch veränderten Region des Bt-Mais Genoms wurde das CryTM System eingesetzt, das zur Amplifikation eines 105 bp langen DNA-Fragmentes führt; Zykluszahl 50 (Abb. 1).

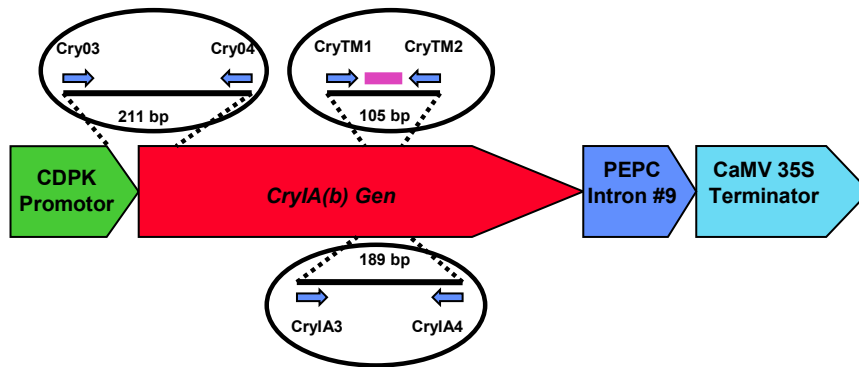


Abb. 1: Transformierte Region im Bt-Mais Genom mit den amplifizierbaren nukleären DNA-Fragmenten (Cry03/04 – 211 bp; CryIA3/4 – 189 bp; CryTM1/2 105 bp). Das Genkonstrukt besteht aus dem CDPK (Calcium-Dependant-Protein-Kinase)-Promotor, dem CryIA(b) Gen, dem PEPC (Phospho-Enol-Pyruvate-Carboxylase)-Intron#9 und dem CaMV (Cauliflower-Mosaic-Virus) 35S Terminator

## Ergebnisse und Diskussion

Die Ergebnisse für die Amplifikationsversuche von DNA-Fragmenten aus dem Bereich der gentechnischen Veränderung des Mais und der pflanzlichen Chloroplasten DNA im Falle von DNA-Isolaten aus Gewebe der Versuchstiere Broiler/Legehennen, Wachteln, Schwein und Lamm sind in der nachfolgenden Tabelle 1 zusammengefasst.

### Chloroplasten DNA

Mit Ausnahme von Schwein konnte gentechnisch nicht veränderte DNA des Chloroplasten-Genoms aus dem Gewebe der in den Fütterungsversuchen verwendeten Tiere amplifiziert werden. Dabei wurde

unter Verwendung des Plant2 Primer Systems ein 199 bp langes DNA-Stück vermehrt, das sowohl in konventionellem als auch Bt-Mais identisch vorliegt. Dabei muss berücksichtigt werden, dass das Chloroplasten spezifische DNA-Stück sehr viel höher konzentriert vorliegt als im Vergleich dazu das gentechnisch veränderte Genkonstrukt. Pflanzenzellen können in der Regel bis zu 100 und manchmal mehr Chloroplasten enthalten.

Gemäß der Ergebnisse aus der PCR gehen Chloroplasten DNA-Fragmente aus Mais durch den Magendarmtrakt und das Blut auf tierisches Gewebe über. Die Nachweisgrenze liegt bei etwa einer Kopie pro Ansatz.

Muskulatur von Schwein macht dabei jedoch anscheinend eine Ausnahme. Aufgrund der Größe der Muskelpartien (Schinken und Kotelett) und der relativ langen Zeitspanne, das Gewebe auf 2 °C herunterzukühlen und anschließend bei dieser Temperatur von Braunschweig (FAL) nach Kulmbach (BfEL) zu transportieren, ist die Wahrscheinlichkeit hoch, dass etwaig vorliegende fremde Chloroplasten DNA in den Muskelzellen aufgrund vorhandener Nukleaseaktivität weitestgehend abgebaut wurde, bevor daraus entnommene Gewebeproben der Gefrierlagerung für spätere Untersuchungen zugeführt werden konnten.

#### *Bt-Mais Konstrukt*

DNA-Fragmente aus dem gentechnisch veränderten Bereich von Bt-Mais (nukleäre DNA) konnten nach Isolation der DNA aus tierischem Gewebe (Muskel und Innereien) ausnahmslos nicht amplifiziert werden. Daraus lässt sich schließen, dass keine ausreichend langen DNA-Stücke aus dem gentechnisch transformierten Be-

reich des Bt-Mais im Gewebe der verschiedenen Tierarten vorhanden waren. Deshalb ist ein Übergang solcher DNA-Fragmente in genügender Länge von der Pflanze auf tierisches Gewebe aufgrund der erhaltenen Ergebnisse entweder auszuschließen oder etwaig übertragene Fremd-DNA aus Pflanzen wird als solche erkannt und in tierischen Zellen umgehend abgebaut. Selbst Fütterung von Wachteln mit Bt-Mais über einen Zeitraum von 10 Generationen zeigte hier keine erkennbaren Auswirkungen.

Die durch die oben genannten Fütterungsstudien erhaltenen Daten stehen im Widerspruch zu publizierten Ergebnissen von MAZZA *et al.* (2005), die über positive Ergebnisse zum Carry-over eines kleinen DNA-Fragmentes aus dem gentechnisch veränderten Bereich des Bt-Mais auf verschiedene stark durchblutete Gewebe von Ferkeln berichten. Jedoch ist in diesem Zusammenhang festzustellen, dass das intakte CryIA (b) Gen oder seine minimale funktionelle Einheit von den oben angegebenen Autoren nie gefunden wurden.

Tab. 1: Aus tierischem Gewebe amplifizierte DNA-Fragmente des Chloroplasten Genoms (Plant2) von Mais sowie des Bt-Mais Konstrukts (CryIA3/4, Cry03/04, CryTM1/2)

Tierart	Chloroplasten DNA Plant2	Bt-Mais Konstrukt		
		CryIA3/4	Cry03/04	CryTM1/2
Broiler/Legehennen	+	-	-	-
Wachteln	+	-	-	-
Schwein	-	-	-	-
Lamm	+	-	-	-

#### **Schlussfolgerung und zusammenfassende Bewertung**

Die Aufnahme fremder pflanzlicher DNA in einer tierischen Zelle führt nicht automatisch zu genetischen Veränderungen mit Ausprägung neuer unerwünschter Eigenschaften. Dazu sind weitere regulatorische DNA-Abschnitte, die so genannten Promotoren notwendig. Pflanzliche Promotoren unterscheiden sich von tierischen Promotoren und sind normalerweise dort nicht aktiv. Es gibt keine Hinweise in der Literatur, dass sich transgene DNA stofflich anders verhält als die native

DNA der Pflanzen. Selbst wenn kleine DNA-Stücke aus der Nahrung aufgenommen werden, kann man davon ausgehen, dass unnütze Fremd-DNA im Tierkörper erkannt und umgehend abgebaut wird. Somit sollten auch neue DNA-Konstrukte keine ernsthafte Gefahr für das Nutztiergenom darstellen.

#### **Danksagung**

Für die hervorragende technische Assistenz danken wir Frau Karin Fischer und Frau Edith Müller.

Herrn Dr. Gerd Heckenberger von der Landesanstalt für Landwirtschaft und Gartenbau in Sachsen-Anhalt wird für die Bereitstellung der Gewebeprobe aus Lamm sehr herzlich gedankt.

#### Literatur

Binke, R., Eichner, R., Zäh, M. & Schwägele, F. (2003): Entwicklung eines leistungsfähigen Extraktionssystems zur Isolierung von Nucleinsäuren aus Fleisch und Fleischerzeugnissen für die PCR. *Arch. Lebensmittelhyg.* 3, 52 -55.

Doerfler, W. & Schubert, R. (1997): Fremde DNA im Säugersystem – DNA aus der Nahrung gelangt über die Darmschleimhaut in den

Organismus. *Deutsches Ärzteblatt* 94, A 3465-3470.

Mazza, R., Soave, M., Morlacchini, M., Piva, G. & Marocco, A. (2005): Assessing the transfer of genetically modified DNA from feed to animal tissues. *Transgenic Research* 14, 775-784.

Messerschmid, S. (2006): Gentechnik noch mit Hindernissen. *Landpost – Deutsches Wochenblatt* 5, 3.

Schubert, R., Renz, D., Schmitz, B. & Doerfler, W. (1997): Foreign (M13) DNA ingested by mice reaches peripheral leukocytes, spleen, and liver via the intestinal wall mucosa and can be covalently linked to mouse DNA. *Proc. Natl. Acad. Sci., USA* 94, 961-966.

