

## Sektion 9 - Gentechnik / Biologische Sicherheit II

09-1-Hüsken, A.; Schiemann, J.

Julius Kühn-Institut, Institut für Sicherheit in der Gentechnik bei Pflanzen

### **Unsicherheiten bei der quantitativen Transgenbestimmung beim Mais**

Sources of uncertainties in GMO quantification of maize

Auf europäischer Ebene ist ein rechtsverbindlicher Schwellenwert von 0,9 Prozent für unbeabsichtigte, technisch unvermeidbare gentechnisch veränderter (GV) Beimengungen im konventionellem Erntegut gültig. Die Quantifizierung des Schwellenwertes erfolgt über die real-time PCR. Das Ergebnis der quantitativen real-time PCR-Analyse, welches auf Basis des Verhältnisses der Anzahl transgener DNA-Kopien zu der Anzahl zieltaxonomischer DNA-Kopien, bezogen auf haploide Genome, errechnet wird, kann durch den Ploidiegrad, sowie die Masseanteile der Gewebe (Endosperm, Embryo und Perikarp) der Maiskörner, durch die Zygote und Herkunft des Transgens (paternal/maternal) im Ernteprodukt und durch das verwendete Referenzmaterial deutlich beeinflusst werden. In der Praxis wird das verwendete Referenzmaterial über Massenanteile (% GV-Gewicht) hergestellt, indem GV-haltiges Mehl mit Nicht-GV-Mehl vermischt wird. Die prozentualen GV-Massenanteile reflektierten jedoch die prozentualen GV-DNA Gehalte nicht akkurat, da sie vom Ploidiegrad des Endosperms und Embryos, von der Zygote und von der Herkunft des Transgens beeinflusst werden. Das europaweit verwendete Referenzmaterial (ERM-BF413f) trägt das Transgen hemizygot maternal, während die Ernteproben das Transgen in den meisten Fällen hemizygot paternal tragen. Dies führt zu einer permanenten Unterschätzung des GV-Gehaltes in den Ernteproben. Des Weiteren kann das häufig verwendete endogene *adh*-Gen das Ergebnis der Quantifizierung deutlich beeinflussen, da es in einigen Maissorten in mehr als nur einer Kopie vorliegt. Weiterhin ist zu bedenken, dass die relative Anzahl der GV-Kopien für Mais vom Endoreduplikationsstatus der Samen beeinflusst wird. Im Körnermais kann die relative Anzahl der GV-Kopien 42 % oder 58 % betragen (je nachdem, ob das transgene Event vom väterlichen Teil oder von der Mutterpflanze der hemizygoten Saat stammt). Bei intensiver Endoreduplikation hingegen kann die relative Anzahl der GV-Kopien bis zu 100 % betragen. Des Weiteren kann bei der Untersuchung von Silomais aufgrund der unterschiedlichen genetischen Zusammensetzung der verschiedenen Teile der Samen von Monokotyledonen (Mais-Endosperm, - Samenkapsel und -Embryo), des unterschiedlichen Endoreduplikationsstatus der Samen und aufgrund der Verdünnung mit nicht transgenen Pflanzenmaterial vorkommen, dass die relative Anzahl der GV-Kopien im Silomais nicht gleich der relativen Anzahl der GV-Kopien im Körnermais ist. Im Körnermais kann die relative Anzahl der GV-Kopien 42 % oder 58 % betragen (je nachdem, ob das transgene Event vom väterlichen Teil oder von der Mutterpflanze der hemizygoten Saat stammt). Im Silomais hingegen kann die relative Anzahl der GV-Kopien 27 % oder 42 % betragen. Zusammenfassend lässt sich festhalten, dass die Zuverlässigkeit der GV-Quantifizierung in der Maissaat abhängig von dem verwendeten Referenzmaterial und der Kategorie der transgenen Maiskörner im Erntegut ist.

09-2-Hüsken, A.; Wilhelm, R.; Schiemann, J.

Julius Kühn-Institut, Institut für Sicherheit in der Gentechnik bei Pflanzen

### **Forschungsverbund SIGMEA: Eine umfassende Datenanalyse zum Pollen- und Samen-vermittelten Genfluss beim Mais**

A major European synthesis of data on pollen and seed mediated gene flow in maize in the SIGMEA project

Mit dem Ziel, eine umfassende Datenbasis zur Sicherung der Koexistenz von gentechnisch verändertem und konventionellem Mais im Praxisanbau zu erhalten, wurden im Rahmen des EU-geförderten Forschungsverbundes SIGMEA („Sustainable introduction of GM crops into European agriculture“) europaweit gewonnene Daten zur Auskreuzung beim Mais in einer Datenbank zusammengeführt und ausgewertet. Diese Daten dienen der Validierung von Vorhersagemodellen und der Durchführung einer umfassenden Datenanalyse, um Empfehlungen zum nachbarschaftlichen Anbau von gentechnisch verändertem und konventionellem Mais im europäischen Praxisanbau zu geben und um vorhandene Informationslücken aufzudecken.