



## Wykrywanie modyfikacji genetycznych w wybranych roślinach i produktach żywnościowych metodą PCR

Jan Szopa<sup>1</sup>, Krzysztof Rembacz<sup>2</sup>, Marcin Łukaszewicz<sup>2</sup>, Jacek Skala<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Instytut Biochemii i Biologii Molekularnej

<sup>2</sup>Instytut Mikrobiologii, Uniwersytet Wrocławski, Wrocław

### Identification of genetic modifications in selected plants and foods using the PCR method

#### Summary

In this paper we present an attempt to identify genetic modification of plants *via* PCR. Plants and plant products commercially available in Poland were tested. The results show that some of them are genetically engineered, however they are not marked as GMO.

#### Key words:

transgenic plants; genetically modified food, PCR.

### 1. Wstęp

Dzięki intensywnemu rozwojowi metod biologii molekularnej stało się obecnie możliwe nadawanie mikroorganizmom, roślinom i zwierzętom nowych cech użytkowych przez wprowadzenie do ich komórek genów pochodzących z innych, nieraz filogenetycznie odległych gatunków. Najwięcej uwagi w tego typu pracach poświęca się roślinom o dużym znaczeniu gospodarczym. Na przykład, najczęściej modyfikowanymi roślinami w USA są w kolejności, kukurydza, pomidory, soja, ziemniaki, bawełna, melony i tytoń, a w Europie kukurydza, rzepak, buraki cukrowe i ziemniaki (1). Modyfikacje roślin polegają głównie na wprowa-

#### Adres do korespondencji

Jan Szopa,  
Instytut Biochemii  
i Biologii Molekularnej,  
Uniwersytet Wrocławski,  
ul. Przybyszewskiego 63/77,  
51-148 Wrocław.

#### biotechnologia

4 (55) 163-174 2001

dzeniu genów nadających odporność na herbicydy, zwiększających odporność na infekcje wirusowe, bakteryjne i grzybowe oraz podnoszących tolerancję na stres biotyczny i abiotyczny.

Równocześnie, wraz z rosnącą liczbą organizmów transgenicznych wprowadzanych do uprawy i hodowli, a w konsekwencji i na rynek, narasta opór społeczny przeciwko wszelkim modyfikacjom genetycznym. Protesty przeciwko rozpowszechnianiu organizmów transgenicznych są szczególnie widoczne w Europie Zachodniej. Coraz częściej wskazuje się na możliwość wymiany materiału genetycznego pomiędzy organizmem transgenicznym i szeroko rozumianym otoczeniem, od bakterii, aż po inne organizmy eukariotyczne (2), chociaż jak dotychczas nie przedstawiono w pełni udokumentowanych doniesień, że zjawisko to w ogóle ma miejsce. Powszechnie akceptuje się jednak, że tworzenie organizmów transgenicznych jako metoda badawcza oceny funkcji fizjologicznej genów jest niezastąpiona.

W trosce o zapewnienie postępu w nauce, przy jednoczesnej ochronie rynku i środowiska naturalnego przed niekontrolowanym uwolnieniem organizmów transgenicznych (3), również w Polsce wprowadza się szereg uregulowań prawnych. W odpowiednich przepisach stanowi się, że zarówno organizmy transgeniczne, jak i ich przetwory powinny być wyraźnie oznakowane (4). Ponadto w przepisach zobowiązuje się również eksperymentatorów do szczególnej troski o miejsce uprawy roślin transgenicznych, polegającej na objęciu kontrolą innych organizmów należących do ekosystemu, w tym również bakterii glebowych. Jednak przepisy tego typu ciągle jeszcze nie obowiązują w wielu krajach lub mogą nie być przestrzegane w krajach, z których dokonujemy importu artykułów rolnych i ich przetworów. Konieczność wypełnienia ustalonych przepisów, zarówno w zakresie monitorowania upraw transgenicznych, jak i kontroli importowanej żywności, obciąża do opracowania i wdrożenia metod postępowania oraz norm dla detekcji organizmów modyfikowanych genetycznie.

Na polskim rynku spotyka się żywność wytworzoną z organizmów zmodyfikowanych genetycznie. W nielicznych przypadkach jest ona prawidłowo oznakowana. Celem niniejszej pracy było wrywkowe przetestowanie niektórych roślin i produktów pochodzenia roślinnego pod kątem ich modyfikacji genetycznych. Ze względu na wysoki koszt, do badań wybrano niektóre z tych roślin i produktów z nich wytworzonych, tj. takich, które są najczęściej przedmiotem modyfikacji na drodze inżynierii genetycznej. Ponieważ brak jest w Polsce norm dotyczących metodyki badania organizmów genetycznie zmodyfikowanych zastosowaliśmy arbitralnie dobre metody postępowania szczegółowo opisane w części metodycznej tej pracy.

Na podstawie uzyskanych danych wskazujemy, że w Polsce są również sprzedawane nie oznakowane produkty spożywcze (rośliny) zmodyfikowane genetycznie.

## 2. Materiały i metody

### 2.1. Analizowane części roślin i artykuły spożywcze

Badaniom poddano ogólnie dostępne w sklepach i na targowiskach oraz Centrali Nasiennej we Wrocławiu następujące części roślin oraz przetwory: owoce pomidorów, bulwy ziemniaków, kolby kukurydzy oraz ziarna kukurydzy popcorn, liście ziemniaków i ogórków, ketchupy i koncentraty pomidorowe, kasze kukurydziane, ziarna soi oraz mąki pszenne. Ze względu na potencjalnie niekorzystne dla producentów roślin i produktów żywnościowych wyniki analiz, ich pochodzenia nie ujawnia się. Dane te znajdują się w posiadaniu autorów. W dalszej części pracy poszczególne próbki oznaczono kolejnymi numerami.

### 2.2. Kontrolne materiały roślinne

Kontrolę pozytywną stanowiły preparaty DNA izolowane z transgenicznych ziemniaków Desiree z kolekcji autorów (5), z linii transgenicznych ogórka odmiany Borszczagowski (6) oraz z linii transgenicznych pomidora odmiany Beta (7,8).

Jako kontrolę pozytywną w reakcjach PCR wykorzystano również wektor binarny pBinAR (5) wyizolowany z komórek *Escherichia coli* metodą lizy alkalicznej (9).

### 2.3. Przygotowanie materiału do ekstrakcji

Twarde ziarna kukurydzy, grys kukurydziany oraz ziarna soi rozdrabniano w młynie Retscha. Świeże części roślin ucierano w moździerzu z ciekłym azotem, natomiast pozostałe materiały, jak ketchup, mąkę i koncentrat pomidorowy ekstrahowano bezpośrednio. Do izolacji DNA w ilości wystarczającej do realizacji dalszych etapów używano nie więcej niż 200 mg materiału wyjściowego.

### 2.4. Izolacja DNA

Kwasy deoksyrybonukleinowe izolowano według rutynowego postępowania (10) z modyfikacjami. Ze względu na analityczny charakter pracy postępowanie opisano w całości. Rozdrobniony materiał (150-200 mg) zawieszano w 600  $\mu$ l buforu A (100 mM bufor Tris-HCl, pH 8,0 zawierający 2% SDS, 25 mM EDTA, 1,5 M NaCl) i inkubowano w temp. 65°C przez 30 min przygodnie mieszając. Następnie dodawano równą objętość mieszaniny chloroform : alkohol izoamylowy (24:1, v/v), wytrząsano przez około 3 minuty i wirowano (wirówka Eppendorfa, 14 000 obr/min, 5 min, tem-

peratura pokojowa). Po wirowaniu zbierano fazę wodną i poddawano ją dalszej obróbce stosując dwa alternatywne postępowania.

#### 2.4.1. Postępowanie I

Do fazy wodnej dodawano równą objętość fenolu (nasycony roztwór fenolu w 10 mM buforze Tris-HCl, pH 8,0), całość energicznie wstrząsano, po czym wirowano (14 000 obr/min, 5 min, temp. pokojowa) w celu rozdzielania faz. Fazę wodną przenoszono do nowej probówki i po dodaniu 2 objętości eteru etylowego energicznie wytrząsano i wirowano jak poprzednio. Po rozdzieleniu, odrzucano fazę eterową, a fazę wodną ponownie ekstrahowano eterem etylowym. Do fazy wodnej, pozostałej po dwóch ekstrakcjach eterem, dodawano 0,1 objętości 3 M octanu sodu (pH 5,2), a następnie równą objętość zimnego (-20°C) izopropanolu. Całość inkubowano przez 15 min w temp. -20°C i wirowano (14 000 obr/min, 10 min, temp. 4°C). Precypitat DNA przemywano 500 µl 70% etanolu i po wysuszeniu zawieszano w 20-40 µl sterylnej, dejonizowanej wody zawierającej RNazę A w końcowym stężeniu 0,5 µg/µl. Tak przygotowany preparat przechowywano w -20°C.

#### 2.4.2. Postępowanie II

Postępowanie to przeprowadzono dokładnie według instrukcji producenta dostarczanej wraz z zestawem odczynników QIAEX II (QIAGEN, nr kat. 20021). Do fazy wodnej dodawano dwie objętości buforu QX1, a następnie 25 µl „mleczka” silikonowego, całość inkubowano przez 10 min w temperaturze pokojowej mieszając co 2 min. Następnie zawiesinę odwirowano (14 000 obr/min, temperatura pokojowa, 30 s). Supernatant odrzucano, a osad silikonowy ze związanym DNA przemywano dwukrotnie 500 µl buforu PE. W celu odzyskania DNA osad silikonowy zawieszano w 20 µl 10 mM buforu Tris-HCl, pH 8,5 i po 10 min inkubacji w temperaturze pokojowej wirowano jak poprzednio. Supernatant, zawierający uwolniony DNA, przenoszono do nowej probówki Eppendorfa i po dodaniu RNazy A do końcowego stężenia 0,5 µg/µl przechowywano w temp. -20°C.

### 2.5. PCR

Reakcje PCR przeprowadzano w termocyklerze DNA Engine 200 (JM Research, USA) według programu: denaturacja wstępna 95°C przez 3 min, następnie 25 cykli reakcyjnych (95°C przez 30 s, łączenie starterów z matrycą 30 s, elongacja 72°C przez 50 s) oraz końcowa elongacja 72°C przez 5 min. Stosowane temperatury łączenia starterów z matrycą wyszczególniono w tabeli 1.

Tabela 1

## Zestawienie starterów i niektórych parametrów reakcji PCR

Wykrywany element genetyczny	Nazwa i sekwencja nukleotydoma starterów (5'-3')	Temperatura asocjacji starterów (°C)	Oczekiwana długość produktu PCR (pz)
gen <i>nptIII</i>	GMO6/1 CCGACCTGTCCGGTGCCC GMO6/2 CCGCCACACCCAGCCGGCC	65	495
gen <i>nptIII</i> – promotor Pnos	GMO2/1 GAACTCGTCAAGAAGGGGATA GMO2/2 GTTCAAATGCGCCTAAGGTCA	62	943
promotor 35S (fragment od -268 do -48)	35S/F2 GAAAAGGAAGGTGGCTCCTA 35S/R2 GGTCTTGCGAAGGATAGTGG	61	220

Reakcję amplifikacji przeprowadzano w 25 µl roztworu reakcyjnego o składzie:

- 2,5 µl 10 x stężonego buforu do PCR (Biotools Labs),
- 0,5 µl 40 mM roztworu dNTP (po 10 mM każdego dNTPu, Biotools Labs),
- 0,25 µl Taq polimerazy (5 U/µl, Biotools Labs),
- po 1 µl 50 µM roztworu startera (ARK Scientific, Darmstadt),
- 1 µl roztworu DNA izolowanego z badanego materiału,
- 18,75 µl sterylnej, dejonizowanej wody.

## 2.6. Analiza produktów reakcji PCR

Produkty reakcji rozdzielano w 1% żelu agarozowym w buforze TBE z bromkiem etyldyny (0,25 µg/ml) nanosząc całość reakcji PCR. Żel fotografowano w świetle UV (312 nm).

## 3. Wyniki i ich omówienie

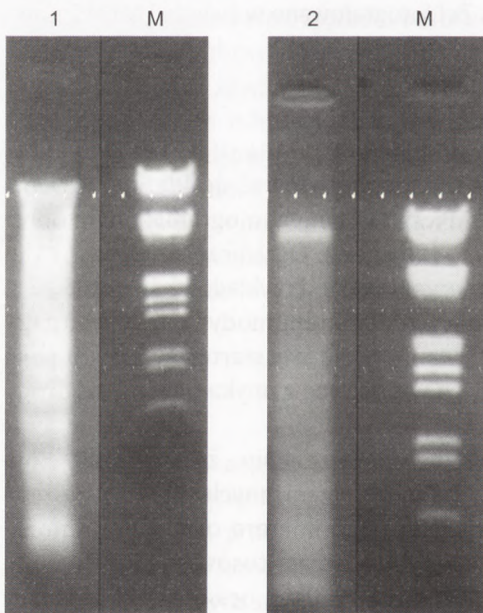
Dwie odmienne strategie postępowania można zastosować do identyfikowania zmodyfikowanych genetycznie organizmów. Pierwsza z nich, o ograniczonym obecnie zastosowaniu, to wykrywanie konkretnego transgenu. Ograniczenie wynika z dużej liczby różnych genów wprowadzanych do organizmów. Przykładowo już w 1977 r. oficjalnie zarejestrowano aż 37 genów będących obiektem modyfikacji (1). Różnorodność ta pociąga za sobą konieczność używania wielu par starterów i wykonania wielu reakcji PCR dla jednej badanej próbki, co w praktyce zamyka obecnie tę drogę do rutynowego stosowania.

Drugie podejście opiera się na oczywistym spostrzeżeniu, że wszystkie konstrukty genowe stosowane do wytworzenia roślin transgenicznych składają się zawsze z promotora, sekwencji kodującej transgenu i terminatora oraz genu umożliwiającego selekcję transformantów. Najczęściej dotychczas stosowanymi elementami są promotor CaMV 35S, terminator nos lub nieco rzadziej ocs oraz warunkujący

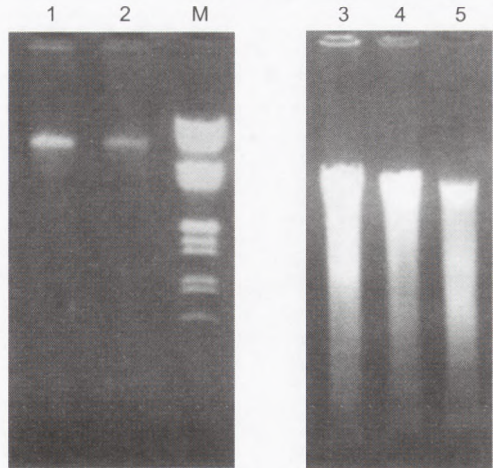
oporność na kanamycynę gen *nptII* z promotorem Pnos. Do wykazania w genomie rośliny obecności któregośkolwiek z wymienionych elementów potrzebne są zaledwie cztery pary starterów. W naszej pracy wykorzystaliśmy arbitralnie wybrane trzy pary starterów tak dobrane by rozpoznawały część kodującą genu *nptII*, połączenie promotor Pnos – część kodująca genu *nptII* oraz fragment promotora 35S (tab. 1).

### 3.1. Izolacja DNA

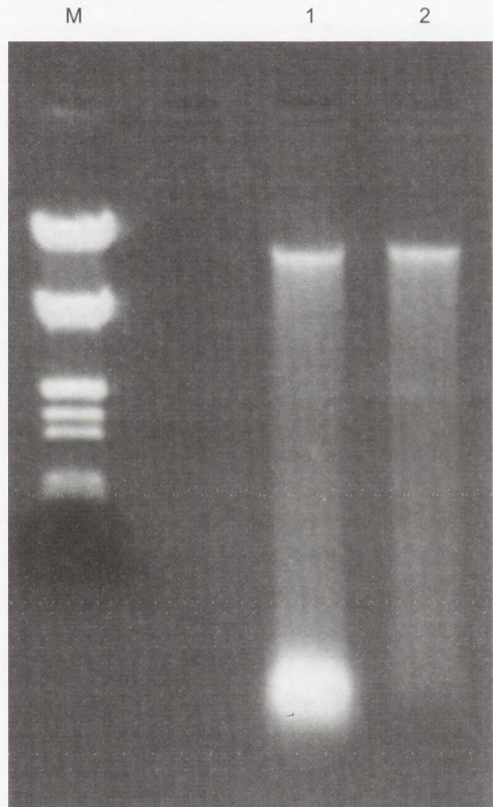
We wstępnych eksperymentach ustalono, że obie drogi izolacji DNA wymienione w rozdziale 2 dają jakościowo podobne preparaty, jednakże postępowanie I (zob. rozdz. 2.4.1) jest bardziej wydajne. Fakt ten spowodował, że w dalszej pracy wykorzystywano prawie wyłącznie preparaty DNA otrzymane tą drogą. Na rysunku 1 przedstawiono obraz elektroforetycznego rozdziału preparatów kwasów nukleinowych uzyskanych z mąki pszennej według postępowania I i II (zob. rozdz. 2.4.1 i 2.4.2). W obu przypadkach uzyskano fragmenty DNA o wielkości od około 200 pz do około 20 000 pz. Podobny obraz elektroforetyczny otrzymano dla preparatów kwasów nukleinowych izolowanych ze świeżych i suszonych ziaren kukurydzy oraz nasion soi (rys. 2), a także kaszy kukurydzianej (rys. 3), bulw ziemniaka i owoców pomidorów (wyniki nie zamieszczone). Preparat DNA wyizolowany ze świeżych liści ogórków składał się głównie z fragmentów o wielkości około 20 000 pz (rys. 2). Preparaty DNA zdegradowane w znacznym stopniu uzyskano z ketchupu i koncentratu pomidorowego (wyniki nie zamieszczone).



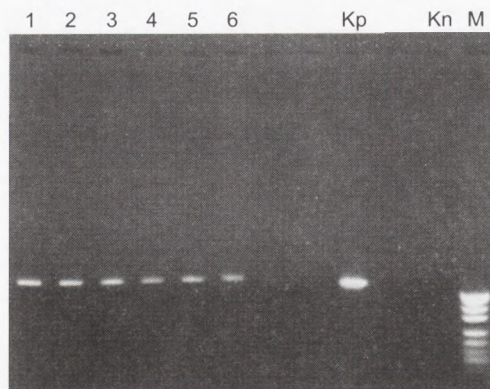
Rys. 1. Rozdział elektroforetyczny w żelu agarozowym preparatów DNA izolowanych z mąki pszennej nr 1 według postępowania I (ścieżka 1) i postępowania II (ścieżka 2); M – marker (DNA faga  $\lambda$  trawiony *Hind*III i *Eco*RI, Fermentas).



Rys. 2. Rozdział elektroforetyczny preparatów DNA izolowanych z liści kontrolnego ogórka transgenicznego (1) oraz kontrolnego ogórka nietransformowanego (2), świeżych ziaren kukurydzy nr 1 (3), nasion soi nr 1 (4) oraz wysuszonych ziaren kukurydzy nr 2 (5); M – marker (DNA faga  $\lambda$  trawiony *Hind*III i *Eco*RI, Fermentas).



Rys. 3. Rozdział elektroforetyczny w żelu agarozowym DNA izolowanego z kaszy kukurydzianej nr 1 przed (1) i po (2) inkubacji z RNazą A; M – marker (DNA faga  $\lambda$  trawiony *Hind*III i *Eco*RI, Fermentas).



Rys. 4. Wpływ ilości tkanki liściowej na wydajność reakcji PCR ze starterami GMO6/1 i GMO6/2. DNA izolowany ze 110 mg (1), 50 mg (2), 40 mg (3) i 5 mg (5,6) tkanki liściowej transgenicznego ziemniaka kontrolnego; Kp – wektor pBinAR z genem *nptII*; Kn – kontrola odczynnikowa bez DNA; M – marker (pUC19 trawiony *MspI*, Fermentas).

Ponieważ obecność niskocząsteczkowych kwasów rybonukleinowych nie jest korzystna dla przeprowadzenia reakcji PCR, dlatego do wszystkich preparatów standardowo dodawano RNazę A w stężeniu końcowym 0,5  $\mu\text{g}/\mu\text{l}$ . Na rysunku 3 przedstawiono rozdział w żelu agarozowym preparatu DNA z kaszy kukurydzianej, przed i po inkubacji z rybonukleazą A.

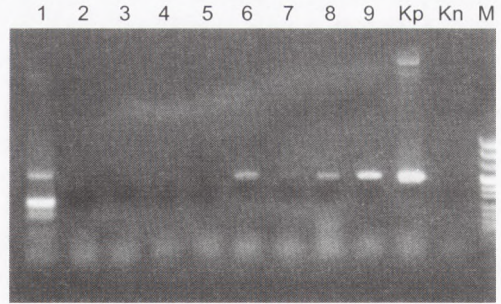
W kolejnym etapie badań optymalizowano ilości tkanek niezbędnych do wyizolowania DNA na poziomie wystarczającym do przeprowadzenia serii reakcji PCR. Przykład takiej optymalizacji dla liści ziemniaka przedstawiono na rysunku 4. Z danych tych wynika, że tak niewielka liczba, jak 5 mg świeżej tkanki jest wystarczającą dla izolacji DNA i przeprowadzenia identyfikacji genu. Dodać jednak należy, że z praktycznego punktu widzenia, szczególnie w przypadku ziaren kukurydzy i soi wymagających rozdrobnienia w młynku Retscha, wygodniej jest użyć od około 150 do 200 mg materiału wyjściowego i proces optymalizacji przeprowadzać wykonując serię rozcieńczeń uzyskanego preparatu DNA.

### 3.2. Amplifikacja markera selekcyjnego *nptII*

Na rysunku 5 przedstawiono rozdział elektroforetyczny produktów reakcji PCR ze starterami GMO6/1 i GMO6/2 rozpoznającymi gen *nptII*. Spośród analizowanych materiałów, pozytywną i nie budzącą wątpliwości odpowiedź, uzyskano dla transgenicznego ziemniaka (rys. 5, ścieżki 6, 8 i 9). Jednoznacznie negatywny wynik uzyskano dla rynkowego ziemniaka nr 1, pomidora nr 1 oraz ketchupu (rys. 5, ścieżki 2, 3, 4 i 5). Oczekiwanej wielkości fragment genu *nptII* amplifikuje się również z preparatu DNA izolowanego z kukurydzy popcorn (ścieżka 1), jednak nie jest on ani jedynym, ani najsilniejszym sygnałem i dlatego badanej kukurydzy nie można jednoznacznie uznać za organizm transgeniczny. W celu weryfikacji tego niejednoznacz-



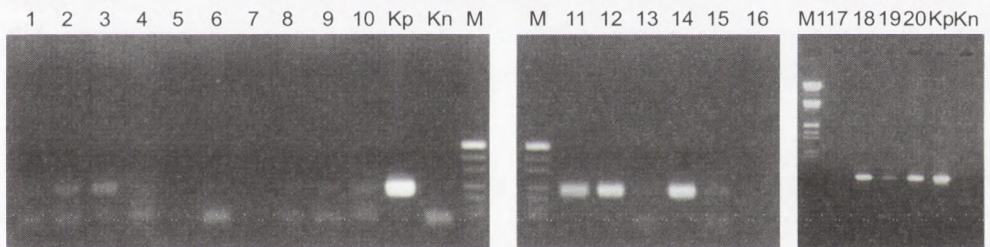
Rys. 5. Rozdział elektroforetyczny produktów PCR amplifikowanych starterami GMO6/1 i GMO6/2 na matrycy DNA izolowanego z kukurydzy popcorn nr 1 (1), bulw ziemniaka nr 1 (2), pomidora nr 1 (3), ketchupu nr 1 (ścieżka 4 – DNA nierozcieńczony; ścieżka 5 – DNA rozcieńczony 8-krotnie), bulw kontrolnego ziemniaka transgenicznego (ścieżka 6 – DNA nierozcieńczony; ścieżka 7 – DNA rozcieńczony 8-krotnie), bulwy kontrolnego ziemniaka transgenicznego (ścieżka 8 – DNA izolowany wg postępowania II), liścia kontrolnego ziemniaka transgenicznego (9); Kp – wektor pBinAR z genem *nptII*; Kn – kontrola odczynnikowa bez DNA; M – marker (pUC MIX8, Fermentas).



nego wyniku podjęto dodatkowe badania ze starterami swoistymi dla innych elementów genetycznych zawartych w wektorach używanych do transformacji.

### 3.3. Amplifikacja domeny od -268 do -48 promotora 35S

Ze względu na powszechność stosowania, promotor 35S z wirusa mozaiki kaliflora, o długości 941 pz, może służyć do identyfikacji organizmów transgenicznych. Ponieważ jednak promotor ten w wielu przypadkach był skracany dla doraźnych po-



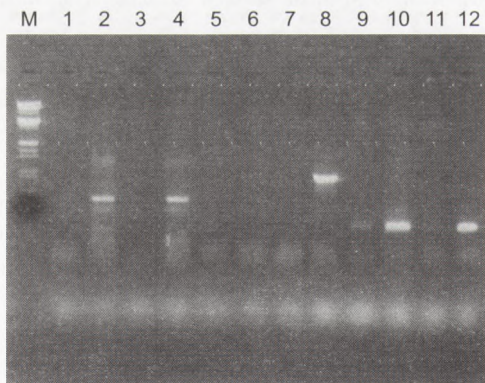
Rys. 6. Elektroforeza produktów PCR uzyskanych starterami 35S/F2 i 35S/R2 na matrycy DNA izolowanego z kukurydzy popcorn nr 1 (1), bulw ziemniaka nr 1 (2), wysuszonych ziaren kukurydzy nr 2 (3), świeżych ziaren kukurydzy nr 1 (4), nasion soi nr 1 (5), kaszy kukurydzianej nr 1 (6), kaszy kukurydzianej nr 2 (7), ketchupu nr 1 (8), pomidora nr 1 (9), mąki pszennej nr 1 (10), bulwy kontrolnego ziemniaka transgenicznego (11 i 14), liścia kontrolnego ziemniaka transgenicznego (12), bulwy nietransformowanego ziemniaka kontrolnego (13), pomidora nr 2 (15), bulwy ziemniaka nr 2 (16), liścia ogórka kontrolnego (17), liścia transgenicznego ogórka kontrolnego (18), bulwy transgenicznego ziemniaka kontrolnego (19); Kp – wektor pBinAR zawierający promotor 35S; Kn – kontrola odczynnikowa bez DNA; M – marker (pUC19 trawiony *MspI*, Fermentas); M1 – marker (DNA faga  $\lambda$  trawiony *HindIII* i *EcoRI*, Fermentas).

trzeb, stąd dla jego identyfikacji lepiej posługiwać się starterami homologicznymi do sekwencji leżących w obszarze do około -540 pz od miejsca startu transkrypcji.

Rozdział elektroforetyczny fragmentów DNA amplifikowanych przy udziale pary starterów 35S/F2 i 35S/R2 homologicznych do wybranego regionu promotora 35S przedstawiono na rysunku 6. Pozytywną, nie budzącą wątpliwości odpowiedź uzyskano dla transgenicznego ziemniaka (ścieżki 11, 12, 14, i 19) oraz zmodyfikowanego ogórka (ścieżka 18). Pozostałe analizowane materiały dały wynik negatywny. Prążki o wielkości 220 pz widoczne na ścieżkach 2, 3 oraz 9 i 10 nie mogą być uznane za swoisty produkt reakcji PCR, gdyż ich intensywność jest bardzo słaba, w porównaniu z kontrolą pozytywną i porównywalna z intensywnością prążków utworzonych przez wolne startery.

### 3.4. Modyfikacje genetyczne pomidorów rynkowych

Najbardziej interesujące wyniki uzyskano testując polskie pomidory rynkowe nr 3 i 4 (rys. 7). Testy wykonano przy użyciu starterów homologicznych do sekwencji kodującej genu *nptII* (GMO6/1 i GMO6/2), sekwencji fuzyjnej *nptII* – promotor Pnos (GMO2/1 i GMO2/2) oraz promotora 35S (35S/F2 i 35S/R2). Zgodnie z oczekiwaniem, w reakcjach z DNA pomidora transgenicznego, amplifikują się fragmenty o długościach charakterystycznych dla wszystkich par użytych starterów (rys. 7, ścieżki 4, 8 i 12). Nietransformowana linia pomidora, zgodnie z przewidywaniem, nie dała żadnego produktu. Analizowany preparat DNA z pomidora rynkowego nr 3 również dał wynik negatywny (rys. 7, ścieżki 1, 5 i 9). Natomiast, preparat DNA z pomidora nr 4 dał wynik pozytywny z parami starterów GMO6/1 i GMO6/2 oraz 35S/F2 i 35S/R2 (ścieżki 2 i 10). Oznacza to, że w genomie tego pomidora obecny jest promotor 35S pochodzący z wirusa mozaiki kalafiora oraz bakteryjny gen *nptII* wraz z promotorem Pnos. Obecność tych elementów jest dowodem, że badany pomidor jest bezpośrednim produktem modyfikacji genetycznej, lub powstał na drodze krzyżówki z linią transgeniczną.



Rys. 7. Rozdział produktów reakcji PCR ze starterami GMO6/1 i GMO6/2 (ścieżki 1 – 4), GMO2/1 i GMO2/2 (ścieżki 5 – 8) oraz pary 35S/F2 i 35S/R2 (ścieżki 9 – 12) z DNA izolowanym z pomidora nr 3 (ścieżki 1, 5, 9), pomidora nr 4 (ścieżki 2, 6, 10), nietransformowanego pomidora kontrolnego (ścieżki 3, 7, 11) oraz transgenicznego pomidora kontrolnego (ścieżki 4, 8, 12). M – marker (DNA faga  $\lambda$  trawiony *HindIII* i *EcoRI*).

#### 4. Podsumowanie

W świetle ciągle narastających wątpliwości, czy organizmy transgeniczne są całkowicie bezpieczne dla człowieka i jego środowiska oraz przy jednoczesnym braku jednoznacznych dowodów, że takie niebezpieczeństwo rzeczywiście istnieje, najwłaściwszą drogą postępowania, jak się wydaje, jest pozostawienie konsumentom prawa wyboru między żywnością transgeniczną i tradycyjną. Aby jednak wybór taki mógł być możliwy konieczne jest wyraźne oznakowanie żywności genetycznie zmodyfikowanej, czego zaczyna się wymagać od sprzedawców i producentów (4). Przedstawiony przykład pomidora nr 4 pokazuje, że na rynku polskim znajdują się organizmy transgeniczne. Co więcej, w obliczu coraz swobodniejszej wymiany produktów rolno-spożywczych pomiędzy krajami nie tylko Europy, ale również świata, należy się spodziewać, że ich ilość będzie rosła. Istnieje zatem pilna potrzeba wdrożenia systemu szybkiego i skutecznego wykrywania modyfikacji genetycznych we wprowadzanej na rynek żywności opartego na odpowiednich, ujętych w normy, regułach postępowania.

Dla przykładu, zaprezentowane przez nas podejście, opierające się na wykrywaniu elementów najczęściej do tej pory stosowanych wektorów, a nie właściwych transgenów, przynosi dobre efekty przy minimalnej liczbie starterów i reakcji PCR. Należy jednak oczekiwać, że wraz z upowszechnianiem się tendencji do eliminowania z organizmu transgenicznego wektora i pozostawiania samego transgenu stopień komplikacji analiz będzie rosł.

Autorzy dziękują prof. Stefanowi Malepszemu i prof. Katarzynie Niemirowicz-Szczytt ze Szkoły Głównej Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie za udostępnienie ogórków i pomidorów transgenicznych. Praca została wykonana w ramach działalności statutowej 1016/S/IMi, 1013/S/IBCh oraz badań własnych 2021/W/IBCh i 2027/W/IMi finansowanych przez KBN.

#### Literatura

1. Hemmer W., (1997), BATS Report 2/97, <http://www.bats.ch/abstr/297intro.htm> oraz ISAA 2000.
2. Estruch J. J., Carozzi N. B., Desai N., Duck N. B., Warren G. W., Koziel M. G., (1997), *Nature Biotechnology*, 15, 137-141.
3. Robinson C., (1999), *Trends Food Sci. Technol.*, 10, 375-378.
4. Dz. U., nr 86, poz. 962 z 8.10.1999, oraz Dz. U., nr 63, poz. 634 z 11.05.2001.
5. Kulma A., Wilczyński G., Milcarz M., Prescha A., Szopa J., (2000), *Modulation of carbohydrate metabolism in transgenic potato through genetic engineering and analysis of rabbits fed on wild type and transgenic potato tubers. Progress in Biotechnology*, vol. 17 – Food Biotechnology, Eds. Bielecki S., Tramper J., Polak J., Elsevier, 19-33.
6. Szwacka M., Burza W., Pałucha A., Malepszy S., (1997), *Biotechnologia*, 4 (39), 20-25.

7. Bartoszewski G., Malepszy S., Niemirowicz-Szczytt K., (1997), *Biotechnologia*, 4 (39), 62-70.
8. Bartoszewski G., Fedorowicz O., Malinowski R., Niedziela A., Niemirowicz-Szczytt K., (2000), *Biotechnologia*, 4 (51), 99-102.
9. Birnboim H. C., Doly J., (1979), *Nucleic Acids Res.*, 7, 1513.
10. Sambrook J., Fritsch E. F., Maniatis T., (1989), *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*, 2<sup>nd</sup> ed., Cold Spring Harbor, NY: Cold Spring Harbor Laboratory Press.