



Im Kohlenhydratmetabolismus gentechnisch veränderte Kartoffeln im Freisetzungsvorversuch

Einfluss der Transgenexpression auf die Transgen/Umwelt-Interaktion

Thomas Degenkolbe, Mirjam Müller, Arnd G. Heyer, Karin I. Köhl
 MPI für Molekulare Pflanzenphysiologie, Potsdam-Golm
 Förderkennzeichen 0312632C

Bedenken gegen transgene Pflanzen

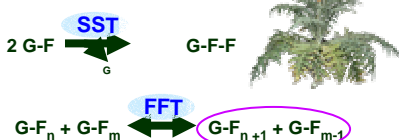
...ergeben sich häufig aus der Furcht vor unerwarteten Nebeneffekten der gentechnischen Veränderung. Dieses Risiko gilt immer dann als groß, wenn Gefahren gerade nicht absehbar sind. Das ist bei den hier verwendeten, als harmlos angesehenen (->) **Modellpflanzen** der Fall. Wir untersuchen, ob die (->)

Methode der RNA-Expressionsprofilierung zur Voraussage unerwünschter Nebeneffekte geeignet ist.

Die Modellpflanze bildet Fructane

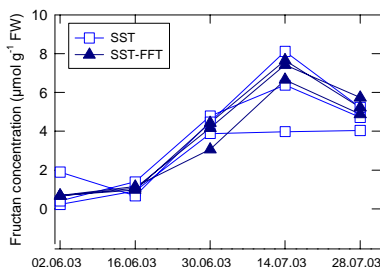
Die sechs Verbundpartner untersuchen **Kartoffeln**, die aufgrund gentechnischer Veränderungen **Fructane** bilden. Diese Pflanzen enthalten die Gene für SST bzw. SST und FFT aus Artischocke.

Fructansynthese in Pflanzen



Umweltabhängigkeit der Fructanakkumulation

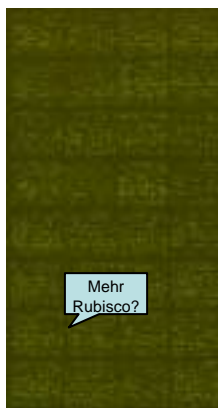
- Fructane werden in den Knollen und den Blättern akkumuliert.
- Unter Feldbedingungen ist die Fructanakkumulation in Blättern saisonabhängig. Das muss bei der Untersuchung von Umwelt-Wechselwirkungen berücksichtigt werden!



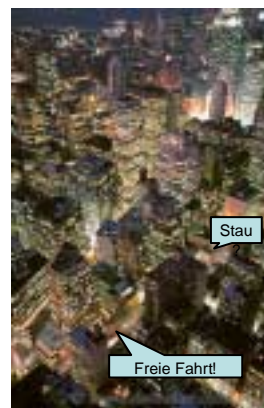
Die Methode: RNA-Expressionsprofilierung ähnelt der Verkehrsüberwachung aus der Luft.

RNA-Expressionsprofilierung ermöglicht es, mit sogenannten 'Chips' einen breiteren Überblick über Stoffwechselzustände zu erhalten als mit jeder anderen Methode. Damit ähnelt die Methode der Verkehrsüberwachung per Hubschrauber, mit der der Zustand einer Region schnell erfasst werden kann. Aktuell eingesetzt wird die Methode in Arzneimittelentwicklung und medizinischer Diagnostik.

- Ist Expressionsprofilierung zur Beurteilung transgener Pflanzen geeignet?



RNA-Expressionsprofil Kartoffel, Blattgewebe



Luftbild New York

- Mit kommerziellen 'Chips' kann die RNA-Konzentration für 12 000 Gene gleichzeitig gemessen werden.
- Hierzu wird RNA aus Pflanzenproben in cDNA umgewandelt und mit einem Fluoreszenzfarbstoff markiert.
- Das Fluoreszenzsignal gibt dann die aktuelle Aktivität eines Gens in der beprobten Pflanze wieder.
- ABER: Wie die Luftüberwachung ist die Methode teuer und hat blinde Bereiche, über die keine Aussage möglich ist

Projektaufgabe:

- ✓ Entwicklung optimaler **Mess-, Beprobungs- und Auswertungsstrategien:**
 - Für 90 % der Gene kann eine zweifache Aktivitätsänderung erfasst werden, wenn Messungen 6fach wiederholt werden!
- ✓ Erheben einer **Datenbasis** für den 'Ausgangszustand':
 - Zunächst werden RNA-Expressionsprofile der unveränderten Ausgangsorte in Abhängigkeit von Umweltfaktoren erfasst!
 - Bei Trockenstress sind die erwarteten Änderungen für stressregulierte Gene (z.B. HSP 80) tatsächlich nachweisbar!
- ✓ Unterscheidet sich die 'unauffällige' Fructankartoffel unerwartet von der Ausgangsorte? Ist dieser Unterschied abhängig von Umweltfaktoren?
 - Unerwartet war die erhöhte Expression einiger Rubisco-Gene!
 - Hinweise auf veränderte Expression stressinduzierter Gene!

Summa summarum...
Realistische Aussagen über transgene Kartoffeln erfordern Messungen unter Feldbedingungen:

- Verbot oder Zerstörung von Feldversuchen verhindern Untersuchungen zu Risiken von transgenen Pflanzen.
- Die Anwendung der RNA-Expressionsprofilierung für Sicherheitsuntersuchungen muss weiter optimiert und unter "Feldbedingungen" geprüft werden.