

Tengs et al. *Non-prejudiced detection and characterization of genetic modifications*. *Food Analytical Methods* [doi:10.1007/s12161-009-9111-2](https://doi.org/10.1007/s12161-009-9111-2)

Norsk tittel (oversatt): *Påvisning og beskrivelse av genetisk modifisering uten forutgående kunnskap*

Authors: Torstein Tengs, Anja Bråthen Kristoffersen, Haibo Zhang, Knut G. Berdal, Marie Løvoll & Arne Holst-Jensen

Abstract

The application of gene technology is becoming widespread much thanks to the rapid increase in technology, resource and knowledge availability. Consequently, the diversity and number of genetically modified organisms (GMOs) that may find their way into the food chain or the environment, intended or unintended, is rapidly growing. From a safety point of view the ability to detect and characterize in detail any GMO, independent of publicly available information, is fundamental. Pre-release risk assessments of GMOs are required in most jurisdictions, and are usually based on application of technologies with limited ability to detect unexpected rearrangements and insertions. We present an array-based approach to address these problems and show with three examples (GTS 40-3-2 Roundup Ready and event A5547-127 soybean as well as T25 Liberty Link Maize) that the method can detect and characterize GMOs with high accuracy while making very few prior assumptions about the actual genetic modifications or constructs in question. Based on the array results, a simple polymerase chain reaction (PCR)-scheme is also described that will enable the user to characterize the inserted sequences to DNA sequence level. The method may provide the biotechnology developers and risk regulators with a useful tool to improve pre-market risk assessments as well as seed producers and other food chain and environmental stakeholders with a platform to improve their ability to detect and characterize GMOs.

Sammendrag

Bruken av genteknologi blir stadig mer utbredt, mye på grunn av rask økning i tilgjengeligheten av teknologi, ressurser og kunnskap. Dette medfører at variasjonen og utbredelsen av genmodifiserte organismer (GMOer) som kan finne vei til matvareproduksjon eller miljø, tilsiktet eller utilsiktet, øker raskt. Fra et mattrygghets- og miljøvernensyn er det helt avgjørende å ha evne og mulighet til å påvise og beskrive i detalj enhver GMO, uavhengig av offentlig tilgjengelig informasjon. Risikovurderinger forut for godkjenning og dyrking av GMOer er et krav i de fleste jurisdiksjoner. Slike risikovurderinger bygger som regel på bruk av teknologier med begrensede muligheter for å påvise uventede omstruktureringer og innsetninger av genetisk informasjon. Her presenteres en mikromatrise basert metode for å håndtere disse problemene, og vi viser med tre eksempler (GTS 40-3-2 Roundup Ready og event A5547-127 soya, så vel som T25 Liberty Link mais) at metoden kan påvise og beskrive GMOer med høy grad av presisjon, samtidig som det gjøres svært få forhåndsantagelser om de faktiske genetiske forandringene eller tilførte gener. Basert på resultatene fra mikromatriseanalyser presenteres et enkelt polymerase kjedereaksjons (PCR) basert oppsett som gir brukeren mulighet til å beskrive den endrete genetiske informasjonen på DNA sekvens nivå. Metoden kan gi de som utvikler GMOer, og risikoansvarlige i bl.a. forvaltningen, et nyttig verktøy for å forbedre risikovurderinger før GMOer eventuelt godkjennes til dyrking og konsum. Også frøprodusenter og andre aktører involvert i matproduksjonskjeden eller med miljøansvar kan ha nytte av denne platformen for å påvise og beskrive GMOer.