

Nutztiere

GVO-Nachweis in Futtermitteln: Theorie und Praxis*

Alexandra Roestchi und Jean-Yves Deru, Agroscope Liebefeld-Posieux, Eidgenössische Forschungsanstalt für Nutztiere und Milchwirtschaft (ALP), CH-1725 Posieux

Auskünfte: Alexandra Roetschi, E-Mail: alexandra.roetschi@alp.admin.ch, Fax +41 (0)26 407 73 00, Tel. +41 (0)26 407 72 20

Zusammenfassung

Agroscope Liebefeld-Posieux, die Eidgenössische Forschungsanstalt für Nutztiere und Milchwirtschaft (ALP), führt die Analysen für den Nachweis von gentechnisch veränderten Organismen (GVO) in Futtermitteln für Nutztiere durch. Seit 1999, als die Deklarationslimiten für GVO (3 % für Ausgangsprodukte und 2 % für Mischfuttermittel) eingeführt wurden, sind ungefähr 1600 Proben von der amtlichen Futtermittelkontrolle gezogen worden. Die Ergebnisse der Analysen sind erfreulich, denn wenige Mischfuttermittel und Ausgangsprodukte mussten wegen des Gehaltes an GVO beanstandet werden. Die Untersuchungstechniken haben sich in den letzten Jahren auch weiter entwickelt und nicht nur an Schnelligkeit, sondern auch an Genauigkeit gewonnen, denn zur Zeit wird eine Quantifizierung der transgenen Elemente routinemässig ausgeführt.

Seit 1995, dem Jahr, in dem zum ersten Mal jenseits des atlantischen Ozeans genmanipulierte Pflanzen in den Handel kamen, ist die Anbaufläche dieser Organismen ständig gestiegen und erreichte im Jahr 2003 67,7 Millionen Hektaren (James 2003). Die USA, Argentinien, Kanada, Brasilien und China sind momentan die Hauptanbauländer genveränderter Organismen (GVO) und erzeugen zusammen 98 % der weltweiten Produktion genmanipulierter Kulturen. Mehr in unserer Nähe produzieren Spanien, Deutschland, Rumänien und Bulgarien GVO, jedoch in weitaus bescheideneren Mengen (James 2003). Im Gegensatz zu den USA sind die EU-Länder wie auch die Schweiz in Bezug auf die Verwendung von GVO sowohl in Lebens- als auch in Futtermitteln viel restriktiver.

Strenge Kontrollen

Import und Verwendung solcher Produkte unterliegen strengen

Gesetzen. In der Schweiz sind nach Artikel 23 der Futtermittelverordnung, die am 1. Juli 1999 in Kraft getreten ist, Ausgangsprodukte und Einzelfuttermittel für Nutztiere, die mehr als 3 % GVO enthalten, deklarationspflichtig. Für Mischfuttermittel liegt dieser Grenzwert bei 2 %. Für Saatgut wird ein Anteil von 0,5 % bewilligte GVO toleriert. Das bedeutet, dass der Kontrolle von Importprodukten, die in der Tierernährung und im Pflanzenbau eingesetzt werden, besondere Aufmerksamkeit gilt.

Am ALP-Standort Posieux wurde 1997 ein molekularbiologisches Labor eingerichtet. Seitdem werden dort im Rahmen der amtlichen Futtermittelkontrolle ebenso wie für externe Kunden Proben analysiert. Diese Analysen werden mit einer molekularbiologischen Technik durchgeführt, der *Polymerase Chain Reaction* (PCR) oder Polymerase-Ketten Reaktion, einer wirksamen Technik, um in spezifischer Art und Weise genmanipulierte

Elemente nachzuweisen, sogar dann, wenn diese nur in winzigen Mengen vorhanden sind.

Von der Theorie....

Ein Nachweisverfahren durch PCR basiert auf der Amplifikation von DNS(Desoxyribonukleinsäure)-Zielfragmenten. Im vorliegenden Fall handelt es sich um künstlich in das Genom bestimmter Pflanzen eingeführte Sequenzen, um diesen neue Eigenschaften zu verleihen. Generell besteht eine genetisch veränderte Sequenz aus drei Bereichen: dem Promotor, einem Fremdgen (Transgen) und einem Terminator. Der in diesen Konstruktionen am häufigsten verwendete konstitutive Promotor ist der 35S, eine Sequenz aus dem Virus des Blumenkohls (CaMV). Der Promotor ermöglicht es, die Genexpression des nachfolgenden Fremdgens auszulösen. Bei den momentan bewilligten GVO überträgt das Transgen eine komplette Resistenz gegen ein Herbizid oder gegen einen Schädling wie beispielsweise den Maiszünsler. Der Terminator, der die veränderte Sequenz abschliesst, ist in vielen Fällen ein Teil des Nopal-Synthase-Gens, des NOS. Dieses DNS-Fragment stammt von *Agrobacterium tumefaciens*, einem Bakterium, welches regelmässig bei der Integration von Fremd-DNS in das Genom von Pflanzen verwendet wird. In Pflanzen können ein oder mehrere Transgene präsent sein, wodurch folglich Pflanzen entstehen, die mehrere Resistenzen aufweisen. Tabelle 1, in

der die in der Schweiz bewilligten und deklarationspflichtigen GVO aufgeführt sind, zeigt dies auf. Folglich besteht die erste Etappe im Nachweis genetisch veränderter Organismen darin, ein Screening vorzunehmen, um die Anwesenheit des 35S-Promotors und des NOS-Terminators nachzuweisen. Die nachfolgende Etappe – falls sie sich als notwendig erweist – besteht in der spezifischen Identifizierung der verschiedenen Arten von Transgenen zwischen den beiden erwähnten Bereichen.

In Posieux werden zwei PCR-Methoden routinemässig angewendet: konventionelle PCR und Real-time-PCR. Bei beiden Methoden ist es in erster Linie von Bedeutung, die genomische DNS aus der zu analysierenden Probe zu extrahieren. Diese Extraktion ist relativ einfach und wird mit Kits durchgeführt, die gebrauchsfertige Lösungen enthalten. Dank den bindenden Eigenschaften der Kieselerde und verschiedener Puffer ist es möglich, genomische DNS von guter Qualität zu erhalten. Nach dieser Etappe werden die verschiedenen Komponenten der reaktiven Mischung, des *Mastermix*, gemischt, ohne die eine PCR-Reaktion nicht stattfinden könnte:

- das hitzestabile Enzym, die Taq Polymerase
- der mit dem Enzym kompatible Puffer
- die Nukleotide (A, T, C und G), die der Taq Polymerase ermöglichen, ein DNS-Fragment zu synthetisieren, welches komplementär zum DNS-Zielfragment ist
- $MgCl_2$
- die Primer, Synthese-DNS Fragmente, die die Fähigkeit haben, sich spezifisch an Zielsequenzen anzulagern und dadurch

Tab. 1. Liste der in der Schweiz zugelassenen genetisch veränderten Ausgangsprodukte und genetisch veränderten Einzelfuttermittel für Tiere

Ausgangsprodukt	Firma	zugelassen seit	35S Promotor	NOS Terminator	Resistenz gegen	
					Herbizide gesamt	Schädling
Soja						
GTS-Soja	Monsanto	1996	X	X	X	
Mais						
Bt176	Syngenta	1997	X		X	X
Bt11	Syngenta	1998	X	X	X	X
Mon810	Monsanto	2000	X			X

Alle Arten von Maiskleber, Maiskleberfutter, Maisspindelmehl sowie Sojaextraktionsschrot und Sojakuchen, die in der Europäischen Union, den Vereinigten Staaten und Kanada zugelassen sind, sind erlaubt.

die Synthese eines neuen DNS-Fragments ermöglichen

Die genomische DNS wird anschliessend zum *Mastermix* hinzugefügt und die Röhrchen in die Apparate, die Thermocycler, gegeben, die folgende drei Schritte ausführen:

1. Denaturierung: die durch Extraktion gewonnene genomische DNS befindet sich in doppelsträngiger Form in der Lösung. Dies hindert die Primer, sich an ihre Zielsequenz zu lagern. Um die DNS in Einzelstränge zu trennen, ist eine Denaturierung bei hoher Temperatur erforderlich (95 °C).
2. *Annealing*: diese Etappe ermöglicht die Anlagerung der Primer an ihre Ziel-DNS. Jedes System verfügt über seine Optimaltemperatur (50 bis 65 °C).
3. Verlängerung: die Taq-Polymerase wird aktiv, sie ortet die an die DNS angelagerten Primer und beginnt unter Verwendung der in der Lösung befindlichen Nukleotide mit der Synthese des neuen DNS-Strangs.

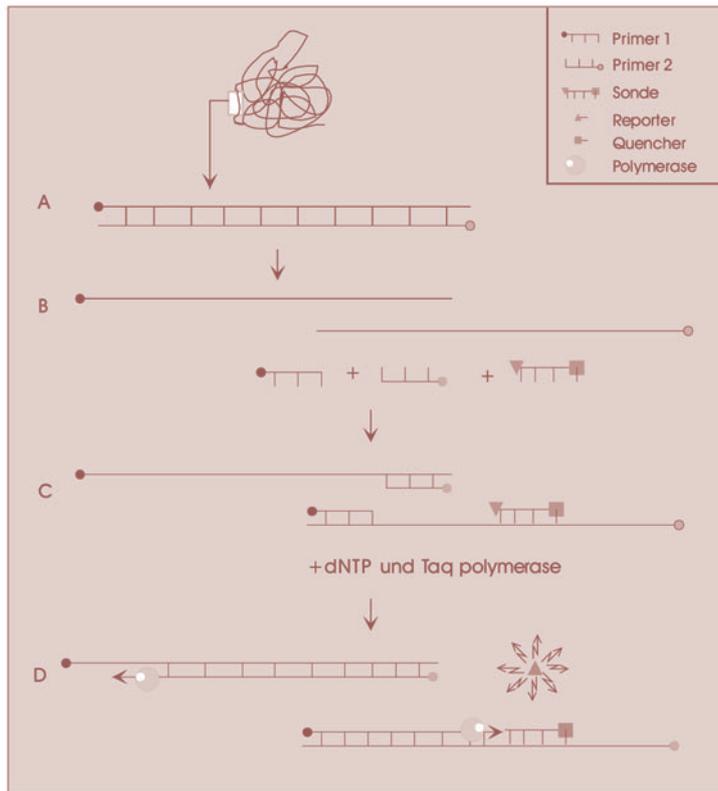
Diese Zyklen werden je nach System 30 bis 45 mal wiederholt, was zu einer exponentiellen Amplifikation der Zielsequenzen und zur Detektierung eines Signals führt. Bei der konventionellen PCR müssen diese Amp-

likationsprodukte noch auf ein Agarose-Gel aufgetragen werden, bei der Real-time-PCR erhält man das Ergebnis hingegen direkt während der Reaktion. Effektiv beruht diese Technik auf einem Prinzip, welches der konventionellen PCR ähnelt, es sei denn, dass dem *Mastermix* eine interne mit einem Fluorophor modifizierte Sonde beigegeben wird. Von den verschiedenen Sonden Typen (Poitras und Houde 2002), werden momentan bei Routineanalysen die *Taqman*-Sonden eingesetzt. Die Sonde ist an ihren beiden Enden mit einem *Reporter* und einem *Quencher* verbunden, letzterer bringt die Fluoreszenz zum Erlöschen. Fluoreszenz wird einzig in dem Moment emittiert, in dem die Taq Polymerase den *Reporter* spaltet und letzterer vom *Quencher* räumlich getrennt wird (Abb. 1). Diese Fluoreszenz wird anschliessend optisch gemessen.

... zur Praxis

In den Labors in Posieux erfolgt eine PCR-Analyse in mehreren Etappen, die räumlich voneinander getrennt sind, um so das Kontaminationsrisiko so weit wie möglich zu begrenzen. Nach der Registrierung der Proben werden diese in ein erstes Labor gebracht, in dem das Mahlen erfolgt. Die Mühle befindet sich unter einem Abzug, um eine Staubverteilung am Arbeitsort

Abb. 1. Schema einer Real-time PCR-Reaktion (Taqman System). A: Die genomische DNS befindet sich in doppelsträngiger Form in der Lösung, die Zielsequenz ist somit für die Primer und die Taq Polymerase unzugänglich. B: Denaturierung; die genomischen DNS-Stränge trennen sich unter dem Einfluss der hohen Temperatur (95 °C). C: *Annealing*; die Primer und die Sonde, die mit einem Fluorochrom markiert ist, können sich spezifisch an ihre Komplementärsequenz binden. D: *Verlängerung*; von den Primern ausgehend amplifiziert die Taq Polymerase die Zielsequenzen und trennt auf ihrem Weg den *Reporter* von der Sonde, was zu einer Fluoreszenz-Emission führt.



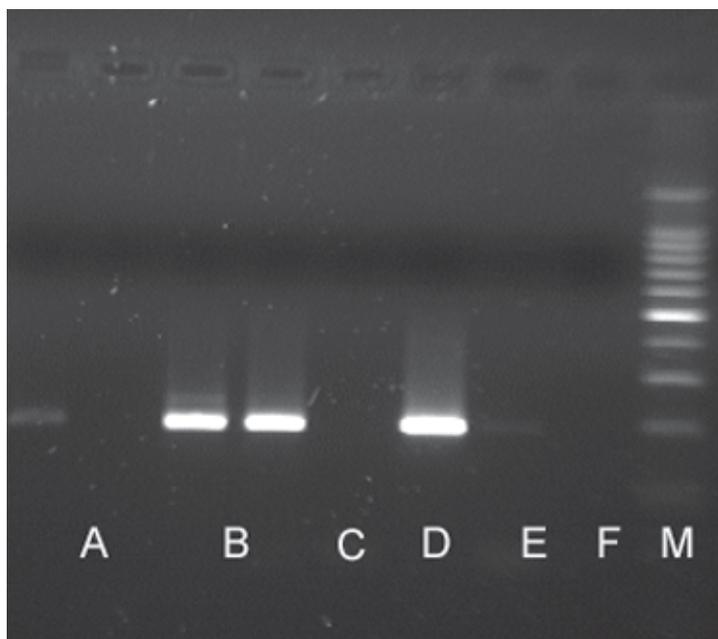
zu vermeiden. Einwegmaterial wird entsorgt, handelt es sich um mehrfach verwendbare Materialien, werden diese mit Javelwasser gewaschen. Diese Reinigung ist absolut notwendig, um auch nur geringste Materialspuren zu zerstören, die die folgende Probe kontaminieren könnten. Es können hingegen nicht alle Proben direkt gemahlen werden. Einige

weisen eine Umhüllung auf, die es unbedingt zu beseitigen gilt, da diese Hemmstoffe enthalten können, die die folgenden Schritte gefährden können. Ausserdem wird ein Teil jeder Probe in ihrer Originalform aufbewahrt. Damit ist gewährleistet, falls nötig, nochmals auf das Material zurückzugreifen. Im zweiten Labor findet die Proben-

ahme (100 bis 200 mg, je nach Matrix) und die Extraktion der genomischen DNS statt. Nach der Extraktion wird die Konzentration und die Reinheit mit Hilfe eines Spektrophotometers gemessen und die genomische DNS wird bis auf die gewünschte Konzentration verdünnt. Im dritten Labor werden alle Reagenzien, die für den erfolgreichen Ablauf einer PCR-Reaktion notwendig sind, miteinander vermischt, um den *Mastermix* zu bilden. Dieser wird in einer Menge hergestellt, die für alle durchzuführenden PCR-Reaktionen ausreicht, und anschliessend in verschiedene Röhrchen verteilt. Nachdem die genomische DNS hinzugefügt wurde, werden die Proben in das vierte und letzte Labor gebracht, wo sich die verschiedenen Thermocycler befinden.

Um eine gute Reproduzierbarkeit sicherzustellen, wird jede Probe doppelt extrahiert und mehrere Kontrollen begleiten die Analyse. Das heisst, eine Kontrolle der Extraktion als Indikator für mögliche Kontaminationen im Verlauf der genomischen DNS-Extraktion, eine PCR-Kontrolle, um den korrekten Ablauf der Amplifikation der DNS in den Thermocyclern zu bestätigen sowie zertifizierte positive und negative Kontrollen. Wenn die Resultate der beiden Extraktionen am Schluss der Reaktionen nicht übereinstimmen, wird die Probe ab der Extraktion der genomischen DNS neu verarbeitet.

Abb. 2. Beispiel für Ergebnisse, welche beim Nachweis des 35S Promoters mit konventioneller PCR erhalten wurden. Die Amplifikationsprodukte wurden auf ein 2 % Agarose-Gel aufgetragen, welches Ethidiumbromid enthält. Ethidiumbromid macht die DNS-Fragmente unter ultraviolettem Licht sichtbar. A: negatives Ergebnis (als Duplikat); B: positives Ergebnis (als Duplikat); C: Extraktionskontrolle; D: positive Kontrolle; E: negative Kontrolle; F: PCR-Kontrolle und M: Marker von molekularer Grösse.



Ständige Entwicklung der Methoden

Seit 1997 wurden die in Posieux eingesetzten PCR-Methoden ständig weiterentwickelt. Dies beruht auf der Verbesserung der Techniken sowie auf Veränderungen der Schweizerischen Gesetzgebung. Von 1997 bis 1999 wurden die GVO Analysen mit konventioneller PCR ausgeführt

mit einer qualitativen Schätzung des Resultats für das Screening und die spezifischen Systeme. Folglich wurde die Probe, sobald ein Signal auf dem Agarose-Gel nachweisbar war (Abb. 2), als positiv betrachtet und galt als deklarationspflichtig. Seit dem 1. Juli 1999, mit Inkrafttreten der neuen Futtermittelverordnung, wurde ein Deklarationsgrenzwert von 3 % (Ausgangsprodukte und Einzelfuttermittel) beziehungsweise 2 % (Mischfuttermittel) eingeführt. Zu diesem Zeitpunkt wurde auch die semiquantitative konventionelle PCR als Routine eingeführt, durch die eine erste Quantifizierung der transgenen Elemente möglich war. Dank einer Regressionsgeraden mit fünf Messpunkten konnte der prozentuale Anteil transgener DNS im Vergleich zu einem internen, bekannten Standard geschätzt werden. Dieser Standard, der mit einigen Nukleotiden künstlich verlängerte 35S Promoter, trat für den Fall, dass der 35S Promoter in der Probe vorhanden war, während der Reaktion mit diesem in Konkurrenz (Abb. 3). Mit Hilfe einer densitometrischen Messung konnte das Verhältnis zwischen diesen beiden Elementen anschliessend berechnet werden. Diese Methode wurde im August 2001 dennoch durch die Real-time-PCR Metho-

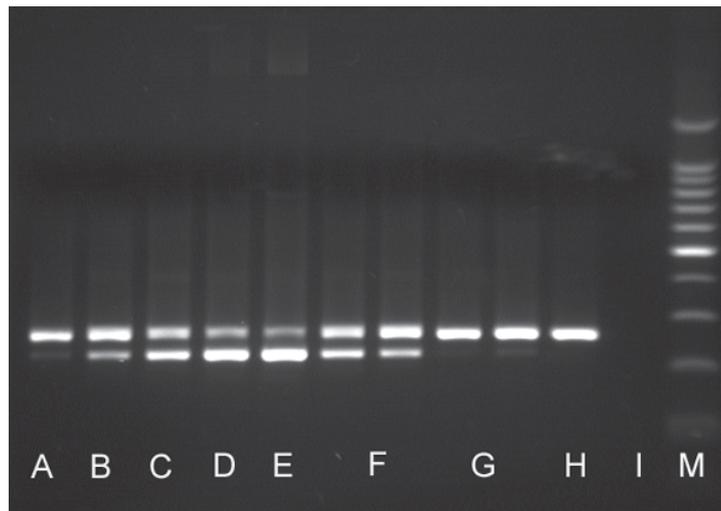


Abb. 3. Beispiele für Ergebnisse, welche durch semiquantitative PCR erhalten wurden. Die Amplifikationsprodukte wurden auf ein 2 % Agarose-Gel aufgetragen, welches Ethidiumbromid enthält. Ethidiumbromid macht die DNS-Fragmente unter ultraviolettem Licht sichtbar. Die oberen Banden stellen das Signal des internen Standards dar und die unteren dasjenige des 35S Promoters. A-E: Regressionsgerade mit 5 Messpunkten, A: 0,02 %; B: 0,1 %; C: 0,5 %; D: 1 % und E: 2 % GVO; F: schwach positives Ergebnis (< 0,5 %); G: negatives Ergebnis; H: Extraktionskontrolle; I: PCR-Kontrolle und M: Marker von molekularer Grösse. Die Proben wurden als Duplikat aufgetragen.

de ersetzt, bei der die Fluoreszenz-Emission als Amplifikationsindikator verwendet wird. Das Auftragen der Amplifikationsprodukte auf ein Agarose-Gel ist folglich nicht mehr erforderlich, da alle Daten per Computer erfasst und gespeichert werden (Abb. 4). Die simultane Anwendung von zwei mit verschiedenen Fluorophoren markierten Sonden, eine für das Ausgangsprodukt und die andere für den 35S Promoter, ermöglicht die Durchführung von Co-Amplifikationen und es lässt sich eine Quantifizierung des transgenen Elements erreichen; dies alles unter Berücksichtigung der Qualität des Ausgangsprodukts aus welchem die genomische DNS extrahiert wurde. Konkret wurden zwei Regres-

sionsgeraden aufgestellt. Die erste mit fünf Messpunkten von 0,02 bis 2 % für die transgene Fraktion (Abb. 5) und die zweite für den prozentualen Anteil des Ausgangsprodukts mit fünf Messpunkten von 1 bis 100 %. Für Ausgangsprodukte wie Maiskleber oder Sojaschrot respektive -kuchen wird das Ergebnis ausgedrückt als Verhältnis zwischen dem Prozentsatz des Ausgangsprodukts und des 35S Promotors. Wenn die Menge des Ausgangsprodukts weniger als 1 % beträgt, wird das Verhältnis nicht berechnet und das Ergebnis als «keine Erbsubstanz nachweisbar» kommuniziert. Was hingegen die Mischfuttermittel betrifft, so wird nur das Ergebnis des 35S Promoters wiedergegeben. Wie

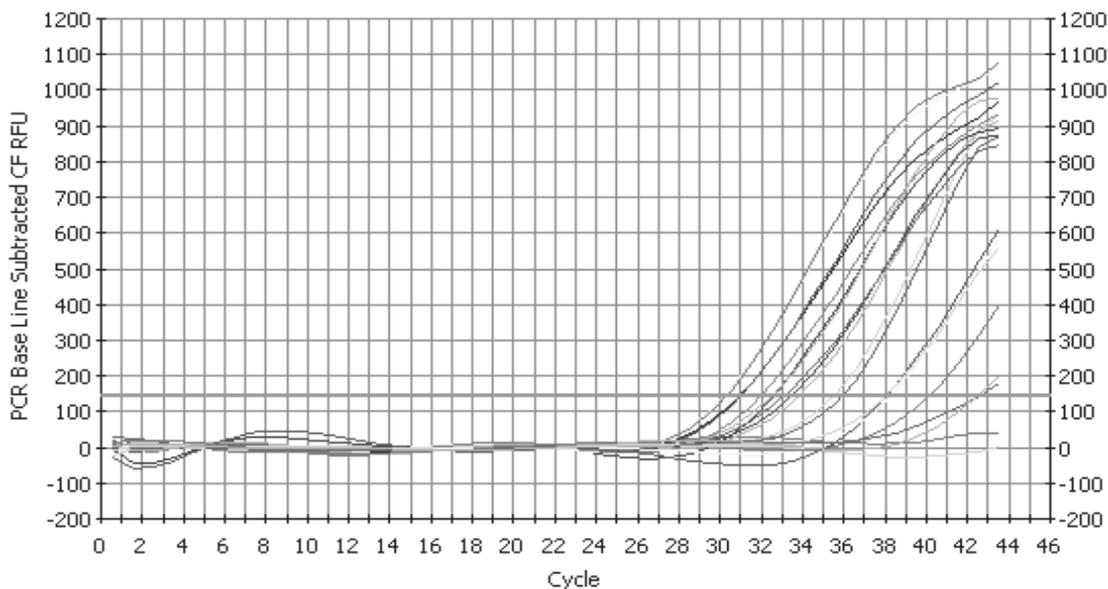
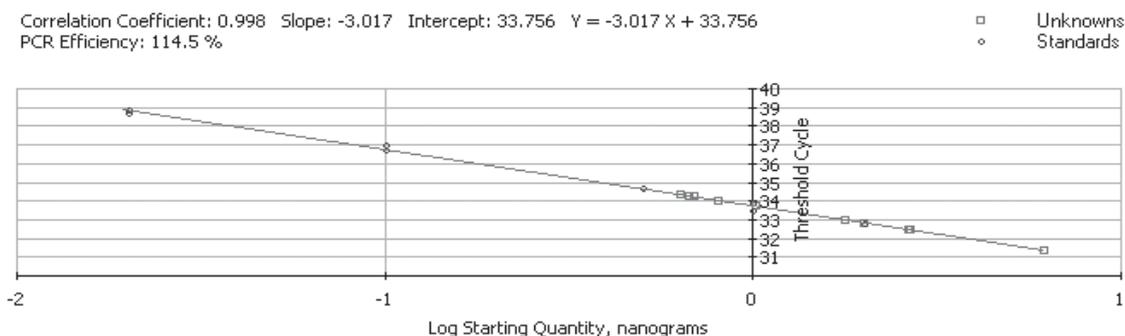


Abb. 4. Beispiel für ein grafisches Ergebnis, welches mit Real-time PCR erhalten wurde. Die während der Amplifikationszyklen emittierte Fluoreszenzmenge wird in dem Moment, in dem die Basislinie überschritten wird, gespeichert und registriert. Das Auftreten sigmoidaler Kurven zeigt an, dass die Reaktion funktioniert. Im vorliegenden Fall erfolgte der erste Anstieg der Fluoreszenz ab dem 28. Zyklus. Auf der Ordinate: Amplifikationszyklen (routinemässig 45) und auf der Abszisse: Messung der Fluoreszenzemission.

Abb. 5. Beispiel einer Regressionsgeraden für die transgene Fraktion (von 0,02 bis 2 % GVO). Die Standard sind als Kreise angezeigt und die Proben als Quadrate. Der Korrelationskoeffizient von 0,998 zeigt, dass die Regression gültig ist.



bei jeder nach ISO 17025 zertifizierten Quantifizierungsmethode, weisen die Methoden eine Messunsicherheit auf und die Ergebnisse werden folglich in chiffrierter Form wiedergegeben, gefolgt von der Angabe des für jedes Ergebnis eigenen Unsicherheitsintervalls.

Das Labor in Posieux verarbeitet jährlich ungefähr 1500 Proben im Bereich der GVO-Nachweis-Analysen. Zu den bei der amtlichen Futtermittelkontrolle und an der Grenze entnommenen Proben kommen die von externen Kunden eingesandten Proben hinzu. Was die amtliche Futtermittel-

kontrolle betrifft, kam es seit der Einführung der Deklarationslimiten 1999 zu einem deutlichen Rückgang deklarationspflichtiger Fälle (Tab. 2). So unterlagen zwischen 1997 und Mitte 1999 etwa ein Drittel der 524 analysierten Proben der Deklarationspflicht, wohingegen ab der zweiten Jahreshälfte 1999 bis Ende 2003 von 999 analysierten Proben lediglich 23 Proben GVO aufwiesen, die über den Deklarationslimiten lagen. Ausserdem waren alle 267 im Jahr 2003 entnommenen Proben gesetzeskonform. Ein Blick auf die Zeitspanne 2000 bis 2003 zeigt, dass von den fast 6000 Proben ganz klar Maiskleber und Sojaschrot respektive -kuchen die am häufigsten analysierten Proben waren (Tab. 3). Das Labor besitzt für Mais und Soja auch die meisten spezifischen Systeme auf qualitativem und quantitativem Niveau (Tab. 4). Wenn also eine Probe positiv ist und Mais oder Soja enthält, so wird der für das Signal verantwortliche GVO identifiziert. Dies ist für andere Proben nicht unbedingt der Fall, da nicht alle für die Einstellung der spezifischen Systeme erforderlichen Daten immer verfügbar sind. Die Befragung von Datenbanken über GVO, die regelmässig auf den neuesten Stand gebracht werden, so wie AGBIOS (www.agbios.com) können sich als nützlich erweisen. Das Labor setzt sich währenddessen dafür ein, regelmässig neue Methoden zu entwickeln, um seine Leistungspalette zu vergrössern. Ausserdem ermöglicht die Teilnahme des Labors an Ringanalysen

Tab. 2. Anzahl Proben (Ausgangsprodukte und Mischfuttermittel), die seit 1997 im Rahmen der amtlichen Futtermittelkontrolle analysiert wurden

	1997	1998	1999	2000	2001	2002	2003
Proben unterhalb der Nachweisgrenze	65	208	63				
Deklarationspflichtige Proben	11	103	74	11	7	2	3
Proben unterhalb des deklarationspflichtigen Grenzwertes				112	156	235	206
Subtotal			137	123			
Total	76	311	260	163	237	209	267

1. Juli 1999, Inkrafttreten der Deklarationslimite (3% für Ausgangsprodukte und Einzelfuttermittel, 2% für Mischfuttermittel) .

Tab. 3. Proben, die im Verlauf der letzten vier Jahre analysiert wurden

	2000	2001	2002	2003
Mischfuttermittel	312	515	528	509
Anderer*	17	41	26	31
Futtermülsen (Saatgut)	30	23	20	14
Weizen	0	5	9	8
Raps (Schrot und Saatgut)	40	161	55	33
Maiskleber	230	405	389	452
Mais (Saatgut)	236	137	118	106
Gerste	0	3	1	3
Milchpulver	3	2	2	0
Kartoffelprotein	11	12	1	0
Roggen	0	1	0	2
Soja (Saatgut)	19	16	20	36
Tomaten (Saatgut)	0	0	4	2
Sojaschrot resp. -kuchen	228	337	356	416
TOTAL	1126	1658	1529	1612

* zum Beispiel: Baumwolle, Chicorée, Sojamehl, Lein, Griess etc.

Tab. 4. Im Labor in Posieux durchgeführte Analysen

	verwendete Nachweismethoden	
	qualitatives Ergebnis	quantitatives Ergebnis
<i>Screening</i>		
35S Promotor	X	X
NOS Terminator	X	
<i>Spezifische Systeme</i>		
Soja		
GTS-40-3-2 (RR)	X	X
Mais		
Bt176	X	X
Bt11	X	X
Mon810	X	X
T25	X	X
CBH351 (Starlink)	X	
GA21	X	
NK603	X	
TC1517 (Herculex)	X	
Raps		
GT73 (RT73)	X	
Nachweis des CaMV*	X	

* Blumenkohlmosaikvirus

wie denjenigen des Bipea (Bureau interprofessionnel d'études analytiques) oder der ISTA (International Seed Testing Association) eine regelmässige Kontrolle der verwendeten Routinemethoden.

Schlussfolgerungen

Die in den letzten Jahren im Rahmen der amtlichen Futtermittelkontrolle erhobenen Proben zeigen, dass die Anforderungen in Bezug auf die Deklaration von Futtermitteln, die GVO ent-

halten, von den Futtermittelherstellern respektiert werden.

Die Real-time PCR-Methode ist zuverlässig und schnell. Das Ergebnis einer Probe, die am Morgen im Labor eingetroffen ist, liegt bereits Ende Nachmittag vor.

Das Labor in Posieux verbessert regelmässig sein wissenschaftliches Know-how und seine Methoden, um damit den GVO-Nachweis in den Proben, die dem Labor vorgelegt werden, zu optimieren.

Die angewendeten Routinemethoden sind an die Veränderungen angepasst, die in der Schweiz durch die Entscheidung der Europäischen Union eintreten müssten (GVO Deklarationslimite von 0,9 %).

Literatur

James C., 2003. Preview: global status of commercialized transgenic crops. *ISAAA Briefs* No. 30. ISAAA, Ithaca, NY, 8 p.
 Poitras E., Houde A., 2002. La PCR en temps réel: principes et applications. *Rev. Biol. Biotech.* 2 (2), 2-11.

RÉSUMÉ

Détection d'OGM dans les aliments pour animaux: aspects théoriques et pratiques

C'est à Agroscope Liebefeld-Posieux (ALP), la station fédérale de recherches en production animale et laitière, que sont effectuées les analyses de détection d'organismes génétiquement modifiés (OGM) dans les aliments pour animaux de rente. Depuis l'introduction en 1999 des limites de déclaration concernant les OGM (3% pour les matières premières et 2% pour les aliments composés), pas moins de 1600 échantillons ont été prélevés dans le cadre du Contrôle officiel des aliments pour animaux. Le bilan des analyses est réjouissant car très peu d'aliments composés ou de matières premières ont été l'objet de contestations par rapport à leur teneur en OGM. Les techniques de détection ont aussi évolué ces dernières années, pour gagner non seulement en rapidité mais aussi en précision, puisque actuellement une quantification des éléments transgéniques est effectuée en routine.

SUMMARY

GMO detection in animal feeds: theoretical and practical aspects

Agroscope Liebefeld-Posieux, the Swiss Federal Research Station for Animal Production and Dairy Products (ALP), analyses animal feeds for their content of genetically modified organisms (GMO). Since the introduction in 1999 of the declaration limits for GMO (3 % for raw materials and 2 % for mixed feeds), more than 1600 samples were drawn by the official feed inspection. The results of the analyses are pleasant, because few mixed feeds or raw materials have been contested due to their GMO content. The detection techniques have also evolved these last years. Today they are more rapid and accurate, and now a quantification of the transgenic elements is carried out routinely.

Key words: feeds, real-time PCR, GMO detection, official feed inspection