

**Я.Б. Блюм, М.О. Банникова, П.А. Карпов,  
І.К. Комарницький, М.В. Кучук, Б.В. Сорочинський**

Інститут клітинної біології та генетичної інженерії НАН України, Київ

## **ВПРОВАДЖЕННЯ МЕТОДІВ ОЦІНКИ НАЯВНОСТІ ТА ВМІСТУ ГЕНЕТИЧНО МОДИФІКОВАНИХ КОМПОНЕНТІВ У ПРОДУКТАХ ХАРЧУВАННЯ, КОРМАХ І ПАРФЮМЕРНО-КОСМЕТИЧНИХ ВИРОБАХ**



*Розроблені методи детектування генетично модифікованих сортів сої, ріпаку, цукрового буряку та картоплі. Підбрано і синтезовано комбінації олігонуклеотидних праймерів для тестування методом полімеразної ланцюгової реакції згаданих культур та продуктів їх переробки. Розроблена настанова для визначення наявності та вмісту генетично модифікованих компонентів у рослинній сировині, кормах та харчових продуктах.*

*К л ю ч о в і с л о в а: генетично модифіковані рослини, детектування, полімеразна ланцюгова реакція.*

### **АКТУАЛЬНІСТЬ ПРОБЛЕМИ**

Генетично модифіковані (ГМ) рослини і продукти харчування, що містять чужинний генетичний матеріал, привнесений шляхом трансформації, займають все більш суттєвий сегмент сільськогосподарського ринку. У 2006 р. ринкова вартість ГМ культур в усьому світі склала 6,15 млрд. дол. США [1]. Вперше продукти харчування, що містять у своєму складі ГМ інгредієнти, з'явилися на споживчому ринку окремих західних країн у середині 90-х років минулого століття і сфера та масштаби їх використання зростають щороку. Напевне, піонером такого типу харчової продукції була томатна паста, що була отримана з трансгенних помідорів. Поступово список комерціалізованих генетично модифікованих рослин розширювався і на сьогодні дозвіл для їх подальшого вирощування та використання як кормів для тва-

рин та продуктів харчування для людини отримали вже понад 120 трансгенних сортів різних видів рослин ([www.agbios.com](http://www.agbios.com)).

Згідно з інформацією Міжнародної служби з комерційного застосування агробіотехнологічних культур (ISAAA) за період 1996–2006 рр. площі, на яких культивуються трансгенні рослини, зросли в 40 разів. До найбільш поширених генетично модифікованих рослин належать трансгенна соя (57 % усіх посівів у 2006 р.), кукурудза (25 %), бавовник (13 %) та ріпак (5 %). Серед трансгенних рослинних культур, що використовуються з комерційною метою, варто також згадати люцерну, папайю, гарбуз, окремі види ягідних та деревовидних рослин. У 2006 р. ГМ рослини вирощували вже 22 країни на загальній площі в 102 млн. га ([www.isaaa.org](http://www.isaaa.org)). Світовим лідером з культивування генетично модифікованих рослин продовжують залишатися США, де в 2006 р. трансгенні рослини вирощувалися на площі в 54,6 млн. га. Серед інших країн, де ГМ росли-

ни мають масштабне використання, варто згадати насамперед Аргентину (площі посівів ГМ рослин у 2006 р. тут склали 18 млн. га), Бразилію (11,5 млн. га), Канаду (6,1 млн. га), Індію (3,8 млн. га) і Китай (3,5 млн. га).

Не дивлячись на те, що генетично модифіковану продукцію споживають сотні мільйонів споживачів у різних частинах світу, ставлення до неї залишається дещо обережним і настороженим. Багато країн, спираючись насамперед на закони, що стосуються прав споживачів, ввели маркування генетично модифікованої продукції. В Європейському Союзі зокрема маркування ГМ продукції передбачено Директивою ЄС №1829/2003. Відповідне законодавство існує і в Російській Федерації. Закон України "Про охорону прав споживачів" також передбачає впровадження маркування генетично модифікованої продукції, а прийнятий нещодавно Верховною Радою України закон "Про державну систему біобезпеки при створенні, випробуванні, транспортуванні та використанні генетично модифікованих організмів" актуалізує це завдання.

Поява на ринку ГМ сортів рослин спричинила необхідність контролю за якісним та кількісним вмістом ГМ інгредієнтів у продуктах харчування. Це у свою чергу стимулювало розвиток та застосування різноманітних аналітичних методів, що дають можливість детектувати генетично модифіковані організми (ГМО) або ГМ компоненти, ідентифікувати їх і здійснювати оцінку їх кількісного вмісту. Вибір конкретного методу аналізу та його впровадження обов'язково супроводжуються міжлабораторними порівняннями результатів різних лабораторій та метрологічним аналізом з метою забезпечення достатньої точності та відтворюваності відповідного методу.

Напевне, найбільш поширеними нині методами якісного і кількісного аналізу ГМ компонентів є такі, що базуються на аналізі нуклеїнових кислот, насамперед — метод полімеразної ланцюгової реакції (ПЛР). З одного боку, це обумовлено чутливістю методу ПЛР,

оскільки для аналізу потрібна зовсім незначна кількість вихідного матеріалу, а з іншого — тією обставиною, що молекула ДНК є достатньо стійкою до впливу різних факторів, тому її можна аналізувати як у сирому рослинному матеріалі, так і в харчових продуктах, що містять інгредієнти, отримані з ГМ рослин. Метод ПЛР базується на ферментативній ампліфікації певної ділянки ДНК, обраної для дослідження. Для детектування ГМО за допомогою ПЛР потрібно виділити ДНК з відібраної проби, провести власне полімеразну ланцюгову реакцію і візуалізувати продукти реакції. Стандартний метод ПЛР дозволяє здійснити якісну оцінку досліджуваного матеріалу на наявність ГМ інгредієнтів за принципом *так/ні* і ідентифікувати (якщо є така потреба) конкретну лінію ГМ рослин. Кількісний аналіз вмісту ГМО здійснюється за допомогою методу ПЛР в умовах реального часу (*real-time PCR*). Тому, виходячи із вищезазначеного, метою інноваційного проекту "Впровадження методів оцінки вмісту ГМ компонентів у продуктах харчування, кормах і парфюмерно-косметичних виробках" (№ держреєстрації 0104U008692) була розробка методик виявлення ГМ сортів рослин, які можуть бути присутніми на ринку України (соя, ріпак, картопля, цукровий буряк), та ідентифікації ГМ компонентів у продуктах їх переробки з наступною сертифікацією розроблених методик та їх впровадження для подальшого тестування і маркування ГМ продукції.

#### МЕТОДИЧНІ ОСНОВИ РОЗРОБКИ

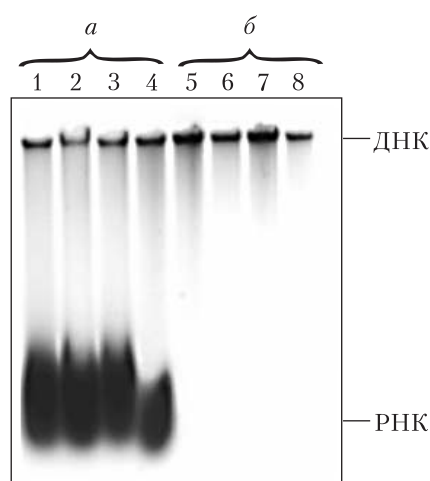
Як вихідний матеріал для проведення молекулярно-біологічних аналізів були використані зразки свіжого або замороженого листя цукрового буряку, ріпаку, кукурудзи, картоплі; свіжа або заморожена калюсна тканина картоплі; насіння та коренеплоди цукрового буряку; свіжі або заморожені бульби картоплі; насіння кукурудзи, паростки та насіння сої, а також зразки різних продуктів харчування, що

можуть потенційно містити у своєму складі домішки соєвої муки (варені ковбаси, сосиски, сири тощо).

### Виділення ДНК

З метою оптимізації методів виділення ДНК з різних сировинних джерел, що відрізняються за хімічним складом та структурною композицією, нами було проаналізовано велику кількість раніше розроблених методичних прийомів:

- + екстракція ДНК сольовим буфером з детергентом (додецилсульфат натрію) [2];
- + гомогенізація листя в буфері з високою концентрацією солі і при високій температурі [3];
- + екстракція ДНК буфером з середньою концентрацією солі і без детергентів [4];
- + екстракція ДНК буфером низької іонної сили з протеїназою К [5];
- + екстракція ДНК буфером, що містить 5 % Chelex 100, при температурі 100 °С [6];
- + екстракція ДНК лугом (NaOH) [7];
- + виділення ДНК за допомогою цетилтриметилмонію броміду (ЦТАБ) [8, 9];
- + виділення ДНК за допомогою гуанідин-тіоціанату [10].



**Рис. 1.** Електрофорез нативної ДНК: 1, 5 – виділеної з картоплі; 2, 6 – ріпаку; 3, 7 – цукрового буряку; 4, 8 – кукурудзи (*a* – до обробки РНКазою; *b* – після обробки РНКазою)

В результаті були підібрані умови для екстракції ДНК з різного типу рослинного матеріалу. Найбільш придатним для виділення загальної ДНК з більшості використаних для дослідження рослин виявилась екстракція тотальної ДНК з використанням високих концентрацій хлористого натрію при температурі 75–80 °С [3]. Перевага цього способу полягає в тому, що при його застосуванні можна уникнути необхідності депротейнізації екстракційної суміші фенолом або хлороформом. Проте в зразках ДНК, отриманих у такий спосіб, були присутні домішки низькомолекулярної РНК. Наявність такої РНК практично не впливає на ампліфікацію тих чи інших послідовностей ДНК, але коли розмір ампліфікованого фрагменту є меншим від 200 п.н. (пар нуклеотидів), він може маскуватись низькомолекулярною РНК. Щоб уникнути цього, виділену загальну ДНК необхідно обробити РНКазою. Для цього придатна РНКаза високої якості фірми Quiagen або іншого виробника. Щоб оцінити якість виділеної ДНК, необхідно, по-перше, проаналізувати її в агарозному гелі і, по-друге, використати її як матрицю для ампліфікації внутрішнього стандарту, яким може бути один з однокопійних генів.

На рис. 1 показано результати електрофоретичного розділення ДНК, виділеної з різних рослин як до обробки РНКазою (А), так і після неї (Б). Виділена таким чином ДНК може правити матрицею для ампліфікації відповідних генів. Ця методика виявилася придатною для виділення ДНК з насіння кукурудзи і ріпаку, калюсної тканини та коренеплідів цукрового буряку, бульб картоплі. Зауважимо, однак, що для виділення ДНК із зразків сої, яка містить у своєму складі багато жирів, більш придатним виявився метод з використанням ЦТАБ та подальшою обробкою протеїназою К. Найбільш ефективним методом виділення ДНК із м'ясо-ковбасних виробів виявилось виділення за допомогою ЦТАБ-методу, а з молочних продуктів, що можуть містити сою (сухе

молоко, дитяче харчування, штучні сири), — виділення ДНК за допомогою гуанідин-тіоціанату.

**Полімеразна ланцюгова реакція для детектування ДНК у рослинному матеріалі**

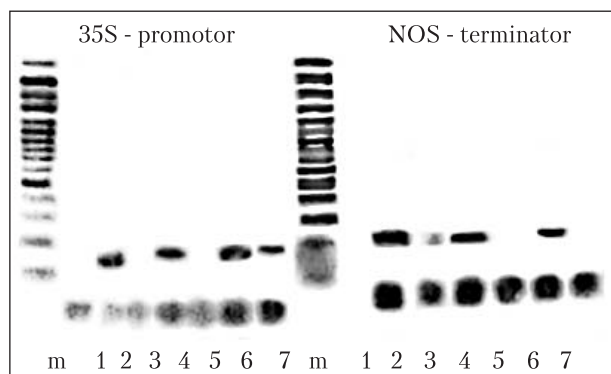
Виділену загальну ДНК було використано як матрицю для проведення полімеразної ланцюгової реакції (ПЛР), яку здійснювали згідно з опублікованою рекомендацією [11]. Для ампліфікації гена неоміцинфосфотрансферази з ДНК генетично модифікованих рослин картоплі було використано раніше запропоновані праймери [12]; решту праймерів було підібрано на основі первинної структури гена *bar* [13] і гена *cryIII* [14]. Як внутрішній стандарт ампліфікували однокопійний ген ацетолактатсинтази цукрового буряку. Послідовності використаних праймерів див. в табл. 1.

Для виявлення привнесеної ДНК в комерційних лініях ГМ сої, стійкої до гербіциду фосфінотріцину (глюфосинат амонію) (Bayer, Німеччина), та сої, стійкої до гербіциду гліфосату (Monsanto, США), а також у продуктах їх

Таблиця 1

**Послідовність праймерів, використаних для ампліфікації певних генів досліджуваних рослин ріпаку, картоплі та цукрового буряку**

Специфічність	Трансгенні рослини, які містять детектовані гени	Праймери
Селективний ген стійкості до канаміцину, <i>NptII</i>	Картопля Соя Ріпак	5'-gaggctattcggctatgactg-3' 5'-caagctctcagcaaatatcacg-3'
Ген стійкості до гербіциду BASTA, <i>Bar</i>	Цукровий буряк Ріпак	5'-atgagcccagaacgacgcccggcc-3' 5'-gcatgcgacgctcgggtcgttg g-3'
Ген стійкості до колорадського жука, <i>CryIII</i>	Картопля	5'-gtcggagtcaacaaccttaggg-3' 5'-ctatttagtctactgggatgaactc-3'
Ацетолактатсинтаза, внутрішній стандарт	Цукровий буряк	5'-ggtcaggttcagccsacaactc-3' 5'-gaagactcgttagcccaaccaag-3'



**Рис. 2.** Електрофорез продуктів ампліфікації ДНК з різних зразків сої з праймерами до: 35S-промотора та Nos-термінатора: m — маркери молекулярної ваги; 1 — негативний контроль; 2 — паростки сої, зразок № 7; 3 — паростки сої, зразок № 12; 4 — паростки сої, зразок № 29; 5 — паростки сої, зразок № 47; 6 — паростки, зразок № 64; 7 — паростки сої, зразок № 98

переробки був здійснений дизайн та синтезовані праймери, за допомогою яких можна детектувати згадані лінії (табл. 2).

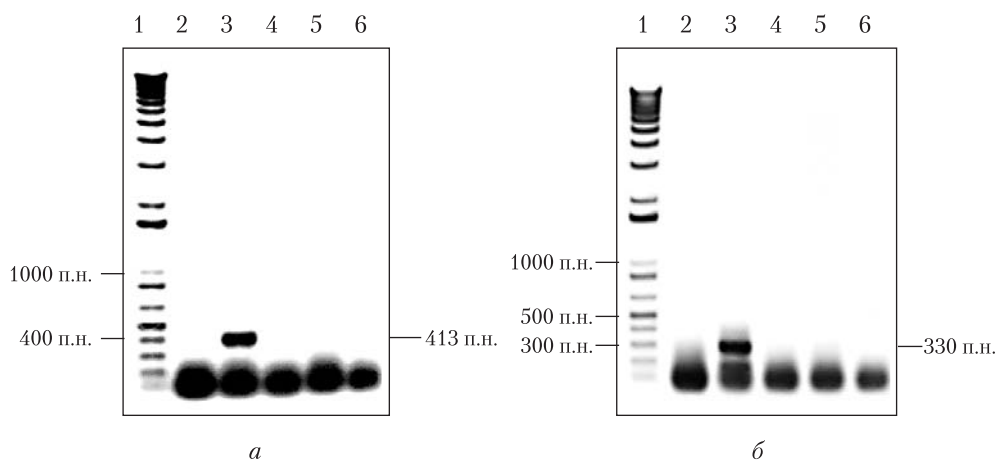
**ВИЯВЛЕННЯ ПРИВНЕСЕНОЇ ДНК У РОСЛИННІЙ СИРОВИНІ ТА ПРОДУКТАХ ЇЇ ПЕРЕРОБКИ  
Аналіз сої на вміст ГМ матеріалу**

Зразки насіння сої для аналізу були отримані в Українському інституті експертизи сортів рослин (УІЕСР) з дотриманням умов їх ано-

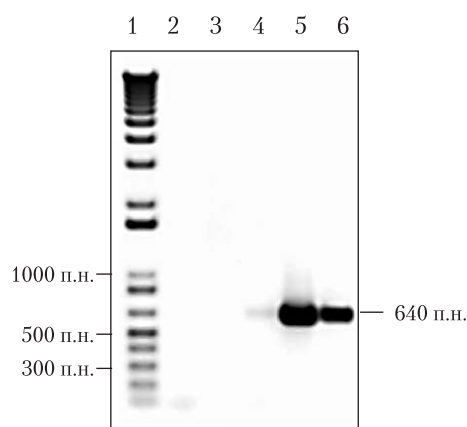
Таблиця 2

**Структура праймерів для детектування різних ліній ГМ сої**

Специфічність	Сіквенс
35S-промо-тор-1	GCT CCT ACA AAT GCC ATC A
35S-промо-тор-2	GAT AGT GGG ATT GTG CGT CA
NOS-терміна-тор-1	GAA TCC TGT TGC CGG TCT TG
NOS-терміна-тор-3	TTA TCC TAG TTT GCG CGC TA
<i>Bar</i> ген-1	ATG CGG GCG GTC TGC ACC ATC
<i>Bar</i> ген-2	ATG CGA GTT CCC GTG CTT GAA
EPSPS-B1	TGA TGT GAT ATC TCC ACT GAC G
EPSPS-B2	TGT ATC CCT TGA GCC ATG TTG T



**Рис. 3.** Детекція гену фосфінотрицинацетаттрансферази ГМ ріпаку: *a* – ампліфікація фрагменту розміром 413 п. н.; *б* – ампліфікація фрагменту розміром 330 п. н.: 1 – маркер; 2 – негативний контроль; 3 – ГМ ріпак сорту Wester; 4 – нетрансформований ріпак сорту ВНС 100; 5 – нетрансформований ріпак сорту Каліновський; 6 – нетрансформований ріпак сорту Wester



**Рис. 4.** Детекція гену *cryIII* в геномі ГМ картоплі, стійкої до колорадського жука: 1 – маркер; 2 – нетрансформована картопля сорту Ласунок; 3 – нетрансформована картопля сорту Зарево; 4 – нетрансформована картопля сорту Світанок; ГМ 5 – картопля сорту Russet Burbank; 6 – негативний контроль

німності. В експериментах була збережена нумерація зразків, використана в УІЕСР. На рис. 2 наведені електрофореграми продуктів ампліфікації різних зразків рослинної ДНК з праймерами до 35-S-промотора та Nos-термінатора.

Наявність на електрофореграмах продуктів ампліфікації з молекулярною масою біля 180

п.н. та 195 п.н. дозволяє припустити, що зразки під номерами 7, 29, 64, та 98 можуть містити трансгенний матеріал. Наявність же на електрофореграмах продуктів ампліфікації з праймерами до 35-S-промотора та до Nos-термінатора робить цілком вірогідним висновок, що зразки під номерами 7, 29 та 64 можуть містити трансгенну лінію сої GTS 40-3-2.

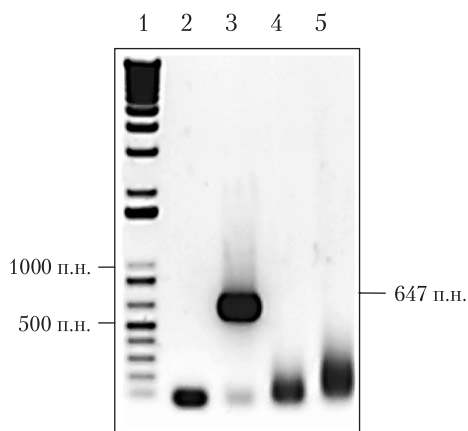
#### Аналіз генетично модифікованого ріпаку

Ріпак, трансформований плазмідом, що несе ген стійкості до гербіциду *BASTA* (*bar*), аналізували за допомогою двох із запропонованих пар праймерів (табл. 1). При використанні першої пари праймерів ампліфікувався фрагмент ДНК розміром 413 п.н. (рис. 3а (4), лінія 3), а при використанні другої комбінації праймерів утворювався фрагмент розміром 303 п.н. (рис. 3б (5), лінія 3).

#### Ампліфікація гену *cryIII* ГМ картоплі

Ген *cryIII*, введений в геном картоплі, надає рослинам стійкості до колорадського жука. З використанням запропонованої пари праймерів було ампліфіковано ділянку гену *cryIII* ге-





**Рис. 5.** Детекція гену неоміцинтрансферази ГМ картоплі сорту Russet Burbank: 1 – маркер; 2 – негативний контроль; 3 – картопля сорту Russet Burbank; 4 – нетрансформована картопля сорту Ласунок; 5 – нетрансформована картопля сорту Світанок

нетично модифікованої картоплі розміром в 1026 п.н. (рис. 4).

#### Ампліфікація селективного гену неоміцинтрансферази (*nptII*) ГМ картоплі

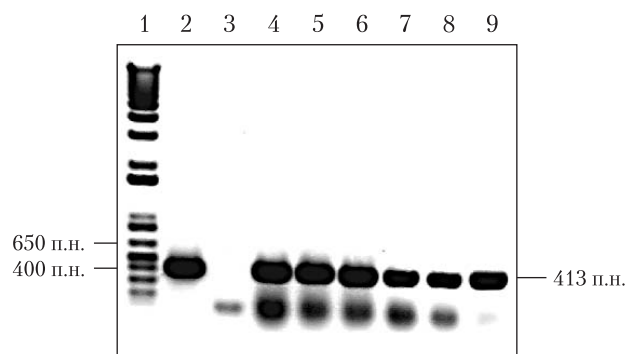
Ген *nptII* було використано як селективний маркер при генетичній модифікації картоплі геном *cryIII* [15], який надає стійкості до колорадського жука. Для ампліфікації гену *nptII* були використані праймери, запропоновані раніше [12]. Коли матрицею правила загальна ДНК, виділена з двох нетрансформованих сортів картоплі, ампліфікацію гену *nptII* не спостерігали (рис. 5, лінії 4 і 5).

#### Аналіз генетично модифікованого цукрового буряку

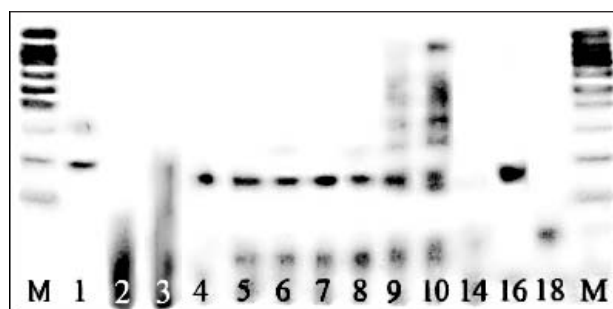
Під час виконання роботи аналізувався цукровий буряк, трансформований плазмідом, що несе ген *bar*, який забезпечує стійкість до гербіциду BASTA (рис. 6).

#### АНАЛІЗ ПРОДУКТІВ ХАРЧУВАННЯ (М'ЯСО-КОВБАСНІ ТА МОЛОЧНІ ВИРОБИ) НА ВМІСТ ГМ СОЇ

Всі зразки продуктів харчування для аналізу були придбані в торгівельній мережі. У зразках ДНК, виділеній з крабових паличок та з дитя-

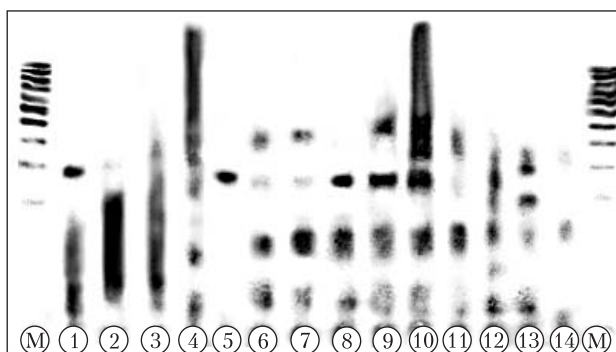


**Рис. 6.** Електрофореграма результатів ПЛР-аналізу сумарної ДНК трансформованих рослин цукрового буряку з використанням праймерів до послідовностей гену *bar*: 1 – ДНК-маркер (GibcoBRL); 2 – позитивний контроль, плазмідна ДНК pICBV19; 3 – негативний контроль, ДНК нетрансформованої рослини, 4–9 – ДНК трансгенних рослин

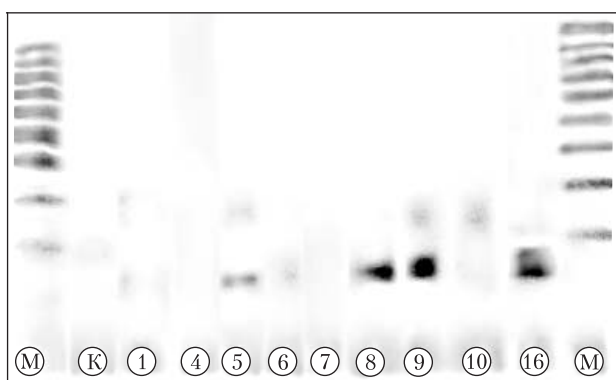


**Рис. 7.** Результати ПЛР-аналізу ДНК, що була виділена з продуктів харчування різними методами за допомогою праймерів до 35S-промотора: М – маркери молекулярної ваги, 1–10 – виділення ДНК за допомогою гуанідинтіоціанату, 14, 16, 18 – виділення ДНК за допомогою ЦТАБ (1 – позитивний контроль (трансгенна лінія сої з 35S-промотором); 2 – дитяче харчування; 3 – соєве м'ясо; 4 – шпикачки; 5 – крабові палички; 6 – спаржа соєва; 7 – сир соєвий; 8 – дитяче харчування; 9 – шпикачки; 10 – сосиски; 14 – дитяче харчування; 16 – ковбаса "Лікарська"; 18 – молоко сухе соєве)

чого харчування, детектувався як 35S-промотор, так і Nos-термінатор, тому наявність ГМ інгредієнтів у згаданих продуктах майже не викликає сумнівів (рис. 7 та 8). У частині з проаналізованих зразків детектується лише 35S-промотор або лише Nos-термінатор, тому ці зразки були проаналізовані також з викорис-



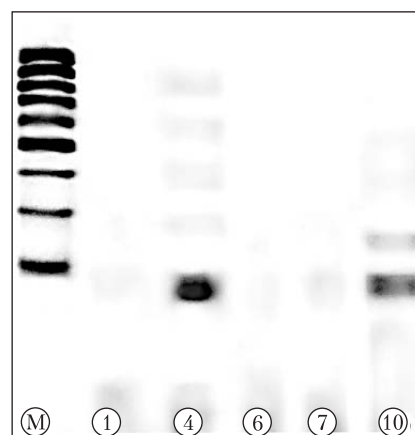
**Рис. 8.** ПЛР-аналіз ДНК, що була виділена з продуктів харчування за допомогою праймерів до NOS-термінатора: М – маркери молекулярної ваги; 1–10 – виділення ДНК з гуанідинтіоціанатом; 11–14 – виділення ДНК за допомогою ЦТАБ (1 – позитивний контроль (трансгенна лінія сої); 2 – дитяче харчування; 3 – соєве м'ясо; 4 – шпикачки; 5 – крабові палочки; 6 – спаржа соєва; 7 – сир соєвий; 8 – дитяче харчування; 9 – шпикачки; 10 – сосиски; 11 – молоко сухе соєве; 12 – соєве м'ясо; 13 – крабові палочки; 14 – дитяче харчування)



**Рис. 9.** ПЛР-аналіз ДНК, що була виділена з різних продуктів харчування за допомогою праймерів до гену 5-енолпіруватшикімат-3-фосфатсинтази: М – маркери молекулярної ваги; 1 – трансгенна лінія сої з 35S-промотором, контроль; 4 – шпикачки; 5 – крабові палички; 6 – спаржа соєва; 7 – сир соєвий; 8 – дитяче харчування; 9 – шпикачки; 10 – сосиски; 16 – ковбаса

танням специфічних праймерів до привнесених генетичних елементів (рис. 9 та 10).

Результати ампліфікації з праймерами до гену 5-енолпіруватшикімат-3-фосфатсинтази (рис. 9) підтверджують попередні результати про те, що зразок 5 (крабові палички), зразок



**Рис. 10.** Результати ПЛР-аналізу ДНК, що була виділена з різних продуктів харчування за допомогою праймерів до фосфінотрицин-N-ацетилтрансферази (*pat*-гену): М – маркери молекулярної ваги; 1 – трансгенна лінія сої з 35S-промотором (контроль); 4 – шпикачки; 6 – спаржа соєва; 7 – сир соєвий; 10 – сосиски

8 (дитяче харчування) та зразок 9 містять трансгенну сою. Водночас наявність продуктів ампліфікації з праймерами до гену EPSPS та 35S-промотора в ДНК, виділений з ковбаси "Лікарської", також дає підстави стверджувати про наявність ГМ інгредієнтів.

На рис. 10 наведені результати ампліфікації ДНК з праймерами до гену *pat*, які можуть свідчити про те, що соєва мука, використана як добавка до ковбас під час їх приготування, була отримана з суміші принаймні двох сортів ГМ сої.

Таким чином, метод полімеразної ланцюгової реакції дає можливість детектувати наявність ГМ інгредієнтів у досліджуваному матеріалі та ідентифікувати окремі лінії ГМ рослин. У загальному вигляді порядок проведення аналізу невідомого матеріалу рослинного походження на вміст ГМ інгредієнтів за допомогою ПЛР може виглядати, як показано на рис. 11.

На завершальному етапі розробки запропоновані методики були покладені в основу постанови "Визначення генетично модифікованих джерел (ГМД) рослинного походження мето-

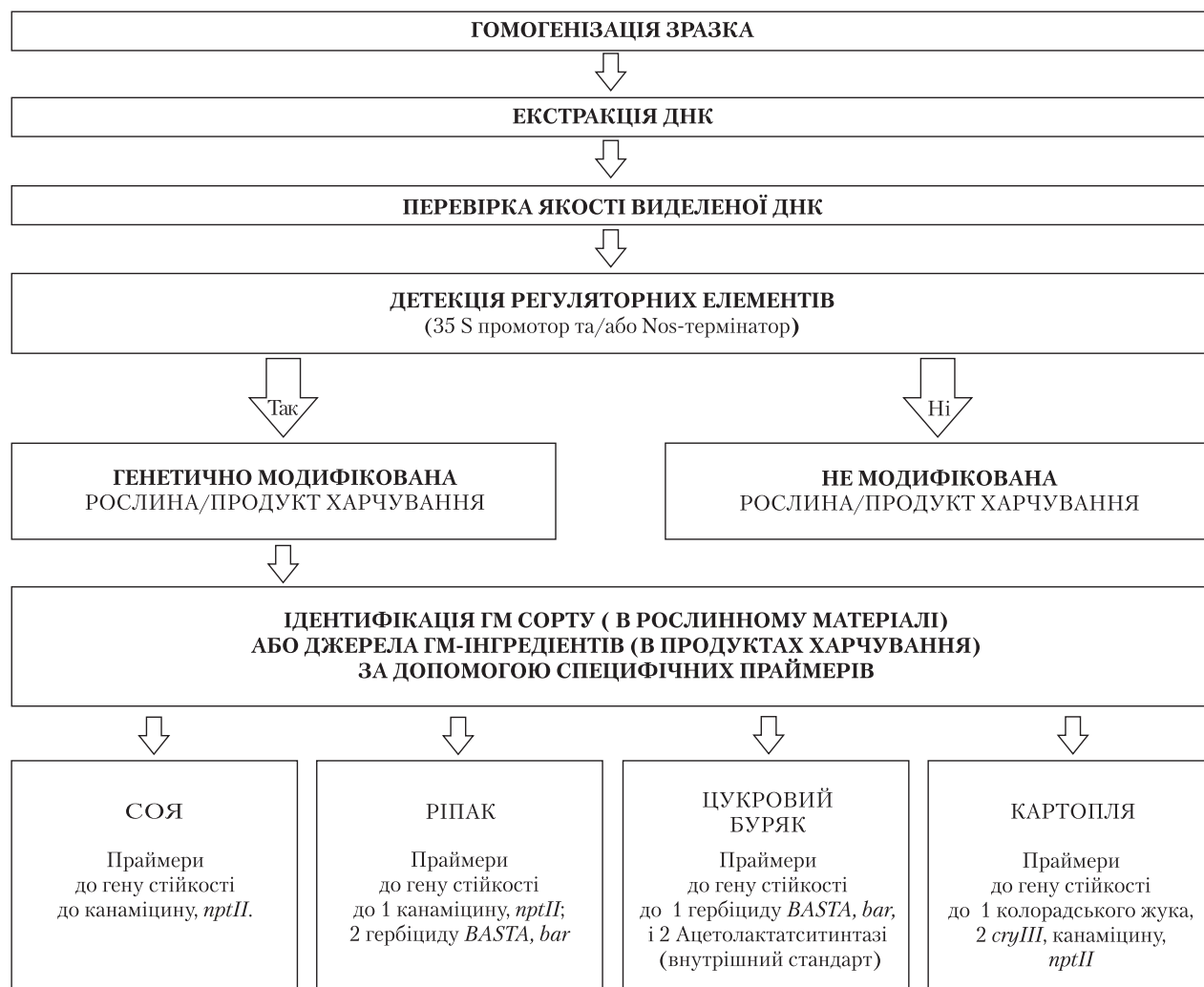


Рис. 11. Загальний порядок визначення генетичних модифікацій у рослинному матеріалі

дом полімеразної ланцюгової реакції", розробленої за участю Інституту харчової хімії та технологій НАН України, яка була узгоджена з МОЗ та Держспоживстандартом України та затверджена НАН України. Результати роботи передано для використання на підприємство Національної асоціації "Укрконсервмолоко".

Подальше розширення даної тематики дасть можливість виконавцям:

- ✦ розробити і впровадити ДСТУ для оцінки вмісту ГМ компонентів у продуктах

харчування для людей та кормах для тварин;

- ✦ закласти основи системи власного контролю за імпортованим насіннєвим матеріалом, продуктами харчування та кормами з вмістом ГМ компонентів;
- ✦ ввести маркування продуктів харчування, що виробляються в Україні і тим самим сприяти збереженню їх ринків збуту в країнах ЄС та в Росії, де вже започатковані правила щодо маркування продукції, яка містить ГМ інгредієнти.



ЛІТЕРАТУРА

1. James C. Global status of commercialized biotech/GM crops. ISAAA Briefs. — 2006. — № 35 (International Service for the Acquisition of Agri-biotech Applications: Ithaca, New York).
2. Edwards K., Johnstone C., Thompson C. A simple and rapid method for the preparation of plant DNA for PCR analysis // Nucl. Acids Res. — 1991. — № 19. — P. 1349.
3. Cheung W.Y., Hubert N., Landry B.S. A simple and rapid DNA microextraction method for plant, animal and insect suitable for RAPD and other PCR analysis // PCR Meths. Applics. — 1993. — № 3. — P. 69–70.
4. Oard J.H., Dronovalli S. Rapid isolation of rice and maize DNA for analysis by random primer PCR // Plant Mol. Biol. Repts. — 1992. — № 10. — P. 236–241.
5. Huidet F. A powerful new technique to quickly prepare hundreds of plant extracts for PCR and RAPD analyses // Nucl. Acids Res. — 1994. — № 22. — P. 1771–1773.
6. Chunwongse J., Martin G.B., Tanskhlyi S.D. Pre-germination genotypic screening using PCR amplification of half-seeds // Theor. Appl. Genet. — 1993. v. 86. — P. 694–698.
7. Wang H., Qi M., Cutler J. A simple methods of preparing plant samples for PCR. // Nucl. Acids Res. — 1993. — v. 21. — P. 4153–4154.
8. Нактинис В.И. Два простых метода выделения ДНК из различных источников с применением цетавлона // Биохимия. — 1977. — Т. 42. — №. 10. — С. 1783–1790.
9. Murray M.G., Thompson W.F. Rapid isolation of high molecular weight plant DNA // Nucleic Acids Research. — 1980. — Vol. 8. — № 19. — P. 4321–4325.
10. Wurz A., Rugeberg H., Brodmann P., Waiblinger H.U., Pietsch K. DNA-Extraktionsmethode fur den Nachweis gentechnisch verandeter Soja // Dtsch Lebensm Rundsch. — 1998. — v. 94. — P. 159–161.
11. Sambrook J., Fritsch E.F., Maniatis T. Molecular cloning. A laboratory manual. Cold Spring Harbor Laboratory Press NY. — 1989. — № 1, 2, 3. — E. 3. 353 p.
12. Demeke T., Hunc P., Caswell K., Leung N., Chibbak R.N. Transgene inheritance and silencing in hexaploid spring wheat // Theor. Appl. Genet. — 1999. — v. 99. — P. 947–953.
13. Thompson C.J., Rao M.N., Tizard R., Crameri R., Davies J.E., Lauwereys M., Botterman J. Characterization of the herbicide-resistance gene bar from *Streptomyces hydropiscus* // EMBO J. — 1987. — № 6. — P. 2519–2523.
14. Fischhoff D.A., Fuchs R.L., Lavrik P.B., McPherson S.A., Perlak F.J. Insect resistant tomato and potato plants // United States Patent 5495071. — February 27, 1996.
15. Chen P.Y., Wang C.K., Soong S.C. and To K.Y. Complete sequence of the binary vector pBI121 and its application in cloning T-DNA insertion from transgenic plants // Mol. Breed. — 2003. — v. 11. — P. 287–293.

Я.Б. Блюм, М.А. Банникова, П.А. Карпов,  
И.К. Комарницький, Н.В. Кучук, Б.В. Сорочинский

ВНЕДРЕНИЕ МЕТОДОВ ОЦЕНКИ НАЛИЧИЯ  
И СОДЕРЖАНИЯ ГЕНЕТИЧЕСКИ  
МОДИФИЦИРОВАННЫХ КОМПОНЕНТОВ  
В ПРОДУКТАХ ПИТАНИЯ, КОРМАХ  
И ПАРФЮМЕРНО-КОСМЕТИЧЕСКИХ  
ИЗДЕЛИЯХ

Разработаны методы детектирования генетически модифицированных сортов сои, рапса, сахарной свеклы и картофеля. Подобраны и синтезированы комбинации олигонуклеотидных праймеров для тестирования методом полимеразной цепной реакции упомянутых культур. Разработано руководство для определения наличия и содержания генетически модифицированных компонентов в растительном сырье, кормах и пищевых продуктах.

*Ключевые слова:* генетически модифицированные растения, детектирование, полимеразная цепная реакция.

Ya.B. Blyume, M.O. Bannikova, P.A. Karpov,  
I.K. Komarnitsky, M.V. Kuchuk, B.V. Sorochinsky

INTRODUCTION OF THE DETECTION METHODS  
OF GENETIC MODIFICATIONS CONTENT IN  
FOOD, FEED AND COSMETIC PRODUCTS

Methods of genetically modified soybean, rape seeds, sugar beet and potato detection have been developed. To test above-mentioned cultivars and their products with the help of polymerase chain reaction the sets of oligonucleotide primers have been designed and synthesized. The manual to detect genetically modified components in plant raw materials, feed and food has been developed.

*Key words:* genetically modified plants, detection, polymerase chain reaction.

Надійшла до редакції 14.11.07.