

Leistungsverzeichnis

Inhalt

Leistungsverzeichnis.....	1
Gentechnik-Untersuchungen	2
GVO - Screening.....	2
GVO - Identifizierung und Quantifizierung.....	4
GVO - Analysepakete nach Vorgaben des VLOG	7
Allergen-Untersuchungen.....	8
Authentizitätstest.....	9
Identifizierung von Spezies mittels Real Time PCR.....	9
Identifizierung einer Spezies mittels Sequenzierung (Barcoding).....	10
Identifizierung von Arten mittels Next-Generation-Sequencing (NGS)	10
Vegantests (teilweise auch für vegetarische Produkte geeignet)	11
Ethiktest Halal / Haram	11
Geschlechterbestimmung (mittels Real Time PCR).....	11
Nachweis von Weichweizenverunreinigungen	12
Abschätzung des Bonito-Anteils in Thunfischkonserven	12
Nachweis von Barbarie-Ente	12
Abschätzung des Persipan-Anteils in Marzipan	12
Abschätzung des Kuhmilchanteils in Milchprodukten	13
Nachweis von CMS-Sorten (cytoplasmatische männliche Sterilität).....	13
Überprüfung von Sorten mittels FLA (Äpfel oder Kartoffeln)	13



Gentechnik-Untersuchungen

Mittels Polymerase-Kettenreaktion (PCR) werden bestimmte DNA-Abschnitte nachgewiesen, die in gentechnisch veränderten Pflanzen (GMO/GVO) zum Einsatz kommen. Das klassische Vorgehen in der GMO-Analytik besteht aus Screening-Untersuchung → Sorten-Identifizierungen → Quantifizierung der identifizierten Sorte/n. Alternativ können relevante Sorten auch direkt identifiziert bzw. quantifiziert werden.

Die Entscheidung für eine bestimmte Untersuchungsstrategie wird von den Faktoren Risikobewertung, maximal mögliche Informationsdichte, Kosten und Zeit beeinflusst. Keine Untersuchungsstrategie kann eine vollständige Erfassung aller möglichen GMOs garantieren. Gerne beraten wir Sie bei Fragen zur Zusammenstellung der Parameter, damit Sie Ihr Monitoringprogramm optimal auf Ihre Anforderungen abstimmen können.

GVO - Screening

Mittels Screening-Parametern werden möglichst viele verschiedene GMO/GVO detektiert. Die **Nachweisgrenze (LOD)** in Rohwaren liegt in der Regel je nach System bei **5 bis 20 Ziel-DNA-Kopien**.

Screening	Was es leistet und was nicht
2er-Screening	Viele weltweit relevante GM-Pflanzen beinhalten entweder den 35S-Promotor (p35S), den NOS-Terminator (tNOS) oder beide (so z.B. Roundup Ready®-Soja-1 MON-Ø4Ø32-6)	Ein 2er-Screening reicht nicht mehr aus, um die häufigsten GMO-Kontaminanten zu detektieren.
3er-Screening	Für Soja, Raps, Senf, Reis, Getreide und Mischprodukte empfehlen wir 3er-Screening-Combis. Hiermit werden die häufigsten GV-Sorten, u. a. der GMO-Raps GT73/RT73 (MON-ØØØ73-7) und Roundup Ready®-Soja-2 (MON89788), erfasst. Je nach Herkunft und Art der Ware sind unterschiedliche 3er-Combis sinnvoll.	Für verschiedene GMOs reicht ein 3er-Screening nicht aus. Daher sind zusätzliche Parameter für eine erhöhte Sicherheit nötig.
4er-Screening	Dieses Screenings sind besonders für Misch- und verarbeitete Produkte geeignet (z.B. Convenience food, Gewürze, Mischfuttermittel). Hier werden deutlich mehr GMOs erfasst; so haben Sie auch bzgl. GMOs, die keine EU-Marktzulassung haben, eine höhere Erfassungssicherheit. Auf Basis dieses Rasters kann man häufig bereits vor der GM-Sorten-Identifizierung den Kreis möglicher Kandidaten eingrenzen.	Durch das Raster fällt ein GMO, wenn dieser keines der Screening-Elemente enthält (dann nur durch direkten eventspezifischen Nachweis erfassbar).
6er-Screening	Sie wollen eine besonders hohe Informationsdichte oder Ihre Waren kommen aus einem Risikogebiet? Dann sind Sie mit einer 6er-Screening-Combi gut gerüstet. Sie haben damit im Gegensatz zum gestuften Vorgehen einen großen Zeitvorteil.	Gerne beraten wir Sie hinsichtlich der besten Combi für Ihre spezifische Fragestellung!
7er-Screening	Sie erhalten zusätzlich zum 6er-Screening den Test auf den Blumenkohlmosaik-Virus (CaMV), was Ihnen gegenüber dem gestuften Vorgehen einen großen Zeitvorteil bringt.	

Screening	GVO-Screening-Pakete
2er-Screening	p35S + tNOS pNOS- <i>nptII</i> -Konstrukt + FP967-Konstrukt (Leinsaat)
3er-Screening	p35S + tNOS + epsps-Gen ¹ p35S + tNOS + pFMV tNOS + pat ³⁻ + epsps-Gen ¹ p35S + tNOS + cry1Ab/cry1Ac (Reis) epsps ¹⁻ + pat ³⁻ + bar-Gen p35S + tNOS + pat-Gen ³ p35S + tNOS + pNOS- <i>nptII</i> -Konstrukt (z.B. Apfel, Papaya)
4er-Screening	p35S + tNOS + epsps-Gen ¹ + pNOS- <i>nptII</i> -Konstrukt p35S + tNOS + Border-M ² + pat-Gen ³ (Soja)
6er-Screening	p35S + tNOS + epsps ¹⁻ + pat ³⁻ + bar-Gen + CaMV-ID p35S + tNOS + epsps ¹⁻ + pat ³⁻ + bar-Gen + pNOS- <i>nptII</i> -Konstrukt p35S + tNOS + Border-M ² + pat-Gen ³⁺ 305423 + CV127 (speziell für Soja)
7er-Screening	p35S + tNOS + epsps ¹⁻ + pat ³⁻ + bar-Gen + pNOS- <i>nptII</i> -Konstrukt + CaMV-ID
Weitere Parameterkombinationen für Ihre spezielle Fragestellung sind auf Anfrage möglich!	

¹ CTP2-CP4epsps-Konstrukt

² Border-M: erfasst mindestens die GV-Sojasorten MON89788, MON87701, MON87705, MON87708, MON87769 sowie MON87751. Zusätzlich werden GV-Sorten anderer Arten erfasst: GV-Raps GT73 und MON88302, GV-Mais MON89034, MON88017, MON87460 und MON 87427 sowie die GV-Zuckerrübe H7-1.

³ pat: erfasst z.B. die GV-Sojasorten A2704-12, A5547-127, DAS-68416-4, DAS-44406-6, SYHTO2, DAS-81419-2

GVO – Identifizierung und Quantifizierung

Sorten-ID	Methode und was sie leistet
Für Identifizierungen werden mittels Real Time-PCR für eine bestimmten GMO/GVO Sorte spezifische DNA-Abschnitte nachgewiesen.	Je nach positiven Screening-Elementen der Voruntersuchung können mögliche GMOs erkannt, zugeordnet oder ausgeschlossen werden. Bei der Entscheidungsfindung für weiterführende Tests ziehen wir u. a. die aktuelle Marktsituation, globale Anbaumengen und unsere große Erfahrung heran.

Nachweisgrenze	Die Nachweisgrenze (LOD) in Rohwaren liegt je nach System bei ~ 0,01 % - 0,05 %.
-----------------------	--

Quantifizierung	Methode und was sie leistet
Bei der relativen Quantifizierung mittels Real Time-PCR erhält man eine Aussage über genomische Relationen (Verhältnis der GV-spezifischen DNA zur speziesspezifischen DNA). Alle Sorten, von denen geeignetes Referenzmaterial und Nachweismethoden vorliegen, können quantifiziert werden.	Ist (sind) die GM-Sorte(n) identifiziert, liefert ihre Quantifizierung Informationen über die Einhaltung des Schwellenwertes (für EU-zugelassene Sorten relevant). Sollte es sich bei der Sortenidentifizierung um eine nicht zugelassene Sorte handeln, kann derzeit auf eine Quantifizierung verzichtet werden (hier gilt die „Null-Toleranz“. Ausnahme bei Futtermitteln: Laut EU-VO (EU) 619/2011 werden einzelne GMOs unter bestimmten Umständen bis 0,1 % toleriert). Für die quantitative Bestimmung eines GMO-Gehaltes wird das Kalibrierkurvenverfahren angewendet (relative Quantifizierung). Dabei werden getrennte Kalibrierkurven erstellt: Eine für das spezifische GMO-Gen und eine zweite für das artspezifische Referenz-Gen. Anhand dieser Kalibrierkurven wird der GMO-Gehalt der Untersuchungsprobe im Verhältnis zum speziesspezifischen Referenzgen bestimmt. Das Verfahren liefert dabei keine Aussage über Massen!

Quantifizierungsgrenze	Die Quantifizierungsgrenze (LOQ) liegt bei < 0,1 % und ist u. a. abhängig von der Art der Matrix.
-------------------------------	---

Unsere Untersuchungen erfolgen gemäß Protokollen des Joint Research Centre der EU-Kommission (JRC) und nach DIN-Normen. Für einige Sorten / Testsysteme gibt es kein JRC-Protokoll; in diesen Fällen arbeiten wir nach durch Experten begutachteten Publikationen.

Als erfahrene Fachleute unterstützen wir Sie gerne bei speziellen Fragestellungen wie der Analytik von Baumwolle, Papaya und Honig, auch im Hinblick auf Verkehrsfähigkeit.

Identifizierung bzw. Quantifizierung	ID (qual. PCR)	Quant (% PCR)	GMO / GVO Sorte
Virus	●		CaMV (Blumenkohlmosaik-Virus; kein GMO)
Soja	●	●	DAS 68416-4 (DAS-68416-4)
	●	●	A2704-12 (LibertyLink; ACS-GM005-3)
	●	●	A5547-127 (LibertyLink; ACS-GM006-4)
	●	●	BPS-CV127-9 (BPS-CV127-9)
	●	●	DP-305423 (DP-305423-1)
	●	●	DP-356043 (DP-356043-5)
	●	●	FG72 (MST-FG072-2)
	●	●	MON87701-Soja ((MON87705-6)
	●	●	MON87705 (MON87705-6)
	●	●	MON87708 (MON-87708-9)
	●	●	MON87769 (MON-87769-7)
	●	●	Roundup Ready-Soja-1 (GTS 40-3-2)
	●	●	Roundup Ready-Soja-2 (MON89788)
	●	●	DAS 44406-6 (DAS-44406-6)
	●	●	DAS 81419-2 (DAS-81419-2)
Mais	●	●	3272 (SYN-E3272-5)
	●	●	5307 (SYN-05307-1)
	●	●	98140 (DP-098140-6)
	●	●	Bt11 (SYN-BT011-1)
	●	●	Bt176 (Maximizer; SYN-EV176-9)
	●	●	DAS 59122 (Herculex; DAS-59122-7)
	●	●	DAS 40278-9 (DAS-40278-9)
	●	●	GA-21 (Roundup Ready; MON-00021-9)
	●		LY038 (REN-00038-3)
	●	●	MIR162 ((SYN-IR162-4)
	●	●	MIR604 (SYN-IR604-5)
	●	●	MON810 (YieldGard; MON-00810-6)
	●	●	MON863 (YieldGard; MON-00863-5)
	●	●	MON87460 (MON-87460-4)
	●	●	MON88017 ((MON88017-3)
	●	●	MON89034 (MON89034-3)
	●	●	MON87427 (MON-87427-7)
	●	●	NK603 (Roundup Ready: MON-00603)
	●	●	T25 (LibertyLink; ACS-ZM003-2)
	●	●	TC1507 (Herculex; DAS-01507-1)

Identifizierung bzw. Quantifizierung	ID (qual. PCR)	Quant (% PCR)	GMO / GVO Sorte
Raps	●	●	73496 (DP-Ø73496-4)
	●	●	HCN 92 (Topas 19/2; ACS-BNØØ7-1)
	●	●	MS8 (ACS-BNØØ5-8)
	●		Oxy-235
	●	●	RF3 (ACS-BNØØ3-6)
	●	●	Roundup Ready-Raps (GT73/RT73; MON-ØØØ73-7)
	●	●	T45 (HCN 28, LibertyLink; ACS-BNØØ8-2)
	●	●	MON88302 (MON-883Ø2-9)
Leinsaat	●		FP967 CDC „Triffid“
Reis	●		Bt63
	●		LL601 (LibertyLink)
	●	●	LL62 (LibertyLink; ACS-OSØØ2-5)
Zuckerrübe	●	●	H7-1 (KM-ØØØ71-4)
Kartoffel	●	●	Amflora (EH92-527-1)
Luzerne	●	●	J101 (MON-ØØ1Ø1-8)
Baumwolle	●	●	MON531 (MON-ØØ531-6)
	●	●	15985 (MON-15985-7)
	●	●	MON1445 (MON-Ø1445-2)

GVO - Analysepakete nach Vorgaben des VLOG

Als VLOG-anerkanntes Labor bieten wir Ihnen Analysepakete an, welche die Analysenempfehlungen des "Ohne Gentechnik" Produktions- und Prüfstandards (Leitfaden Labore in der jeweils aktuellen Version) erfüllen. Wir garantieren selbstverständlich die Einhaltung der Anforderungen an die Labore.

Matrix	Analysen
Futtermittel	
Mischfuttermittel ohne Soja	Soja keine Zutat: Abschätzung Soja-Masse (ELISA)
	+ Zutat Mais: NK603 ID+ TC1507 ID + MON810 ID + MON89034 ID
	+ Zutat Raps: GT73 ID + bar-Gen
Mischfuttermittel mit Soja	Zutat Soja: RRS-1 % + RRS-2 % + A2704-12 ID + A5547-127 ID
	+ Zutat Mais: NK603 ID+ TC1507 ID + MON810 ID + MON89034 ID
	+ Zutat Raps: GT73 ID
Rohwaren / Einzelfuttermittel	Soja: RRS-1 % + RRS-2 % + A2704-12 ID + A5547-127 ID
	Mais: p35S + tNOS
	Raps: tNOS + CTP2-CP4epsps + pat (LL-Konstrukt)
	Raps alternativ: Abschätzung Soja-Masse (ELISA) + GT73 ID + bar-Gen
Lebensmittel	
Reis / Reisprodukte	p35S + tNOS + cry1Ab/cry1Ac-Sequenz
Honig	p35S + tNOS + Border-M oder p35S tNOS + bar + CTP2-CP4epsps + pat
Sonstige	Die Strategien zur GVO-Analytik anderer Einzelfuttermittel, Rohstoffe, (Lebensmittel-) Zutaten, Zwischenprodukte oder Lebensmittel stimmen wir gerne unter Berücksichtigung von Zusammensetzung und Herkunft mit Ihnen ab.

Abkürzungen RRS-1 ("Roundup Ready-Soja-1") = GTS 40-3-2 % = Quantifizierung
RRS-2 ("Roundup Ready-Soja-2") = MON89788 ID = Identifizierung

Allergen-Untersuchungen

Es gibt verschiedene Möglichkeiten, wie Sie Ihre Proben auf Allergene untersuchen lassen können: **ELISA** (Proteinebene), **PCR** (Erbgutebene DNA) sowie chemisch-enzymatisch.

Die **PCR** ist im Vergleich zum **ELISA** häufig spezifischer und weist weniger Kreuzreaktionen sowie Matrixeffekte auf. Durch unsere semi-quantitative Methode sind auf Wunsch auch Mengenabschätzungen in Form eines Range möglich. LOD / LOQ je Allergen und Methode erhalten Sie gern auf Anfrage.

Allergengruppe	Allergen	PCR	ELISA	Chem. Enzym
Weitere	Soja	●	●	
	Lupine	●	●	
	Sesam	●	●	
	Senf (S. alba, B. juncea, B. nigra)	●		
	Gluten (PCR: Weizen)	●	●	
	Sellerie	●		
	Hafer	●		
	Gerste	●		
	Roggen	●		
Nüsse Derzeit ist es nicht möglich, die Allergen-Gruppe „Nüsse“ mit einem einzelnen Test zu erfassen.	Erdnuss	●	●	
	Haselnuss	●	●	
	Mandel	●	●	
	Walnuss	●		
	Macadamia	●		
	Cashew	●		
	Pistazie	●		
	Paranuss	●		
	Pekannuss	●		
	Kokosnuss	●		
Milch	Milchprotein (β-Lactoglobulin+Casein)		●	
	β-Lactoglobulin		●	
	Casein		●	
	Lactose und Galactose (2 Testreihen)			●
Ei	Ei		●	
	Lysozym		●	
Fisch & Co.	Fisch	●		
	Crustaceen (Krebstiere)	●	●	
	Mollusken (Weichtiere)	●		
Insekten	Insekten (allgemein)	●		

Weitere Parameter auf Anfrage!

Authentizitätstest

Identifizierung von Spezies mittels Real Time PCR

Spezies- und Tierarten-nachweis	Methode und was sie leistet
Ergebnis: beauftragte Spezies vorhanden oder nicht	Mittels Real Time PCR (Polymerase-Kettenreaktion) werden spezifische Pflanzen- bzw. Tier-DNA-Abschnitte nachgewiesen. Die Aussage ist, ob bestimmte speziesspezifische DNA-Abschnitte detektiert wurden (ja/nein). Eine Abschätzung der Menge einer Spezies ist dabei möglich. Unsere Analytik erfolgt gemäß Protokollen des Joint Research Centre der EU-Kommission (JRC), nach DIN-Normen sowie nach öffentlich zugänglichen Publikationen oder eigenentwickelten und umfassend validierten Testprotokollen.
Nachweisgrenze	Die Nachweisgrenze (LOD) in Rohwaren liegt je nach System bei < 5 bis 20 Ziel-DNA-Kopien.

Pflanzenarten				
Aprikose	Baumwolle	Cashew	Erdnuss	Gerste
Haselnuss	Kartoffel	Kokosnuss	Leinsaat	Lupine
Luzerne	Macadamia	Mais	Mandel	Paranuss
Papaya	Pecannuss	Pistazie	Raps (<i>Brassica napus</i> spezifisch)	Raps (Brassicaceen)
Reis	Roggen	Sellerie	Senf (gelber + brauner / schwarzer Senf)	Sesam
Soja	Walnuss	Weizen	Zuckerrübe	Weitere Parameter auf Anfrage!

Tierarten				
Barbarie- (Flug-) Ente	Crustaceen	Echter Bonito (Katsuwonus pelamis)	Ente (Anas spp.)	Fisch (Knochenfische)
Gans	Heimchen (Acheta domesticus)	Huhn	Insekten	Mehlkäfer / Mehlwurm (Tenebrio Molitor)
Mollusken	Pferd (inkl. Esel)	Pute	Rind	Schaf
Schwein	Strauß	Wasserbüffel	Ziege	Säuger- und Geflügel (tierische DNA)

Identifizierung einer Spezies mittels Sequenzierung (Barcoding)

Sequenzierung	Methoden: Wirbeltierarten / Landpflanzen / Crustaceen / Mollusken
<p>Im Normalfall werden mindestens zwei verschiedene mitochondriale Gensequenzen (Wirbeltiere sowie Crustaceen und Mollusken) bzw. mindestens zwei verschiedene plastidäre / kernkodierte Gensequenzen (Landpflanzen) sequenziert.</p> <p>Anschließend wird die vorliegende Spezies über Abgleich der DNA-Sequenz mit verschiedenen Datenbanken bestimmt. Diese Methode ist nur für Monoprodukte einsetzbar. Größere Beimischungen einer weiteren Spezies können dazu führen, dass die Sequenzdaten nicht auswertbar sind oder nur die zweite Spezies identifiziert wird (wenn sie die meiste DNA enthält).</p>	
Aussage	
<p>Mittels Sequenzierung kann nicht nur eine bestimmte bekannte Spezies identifiziert werden, sondern auch ermittelt werden, ob und welche unbekannte andere Spezies vorliegt, die von der Deklaration abweicht. In Einzelfällen ist evtl. nur die Gattung ermittelbar. Im Gegensatz zur PCR muss bei der Sequenzierung nicht vorher bekannt sein, nach welcher Tier- bzw. Pflanzenart gesucht wird.</p>	

Identifizierung von Arten mittels Next-Generation-Sequencing (NGS)

NGS	Methoden: Wirbeltierarten / Landpflanzen
<p>Diese Technik wird auch als Metabarcoding bezeichnet. Nach Extraktion der DNA werden zwei verschiedene mitochondriale Gensequenzen (Wirbeltiere) bzw. eine plastidäre und eine kernkodierte Gensequenz (Landpflanzen) mittels PCR amplifiziert. Alle Amplifikate der verschiedenen Arten werden dann gleichzeitig und in beide Richtungen sequenziert. Anschließend erfolgt eine bioinformatische Bearbeitung der erhaltenen Sequenzen inklusive Qualitätskontrolle. Danach werden die ermittelten unterschiedlichen Sequenzen durch Abgleich mit einer Datenbank zur Identifizierung der jeweiligen in einer Probe enthaltenen Spezies eingesetzt.</p>	
Aussage	
<p>Ergebnis des Verfahrens ist eine Identifizierung derjenigen Arten, die mit ausreichend hohen DNA-Anteilen in der Probe (Mischprobe oder Monoprodukt) enthalten sind. Die Probe kann damit sowohl auf die erwarteten Zutaten als auch auf das Vorhandensein unbekannter und unerwarteter Beimischungen hin untersucht werden. Die Nachweisgrenze liegt dabei je nach DNA-Gehalt, Spezies und Gewebeart etwa zwischen 0,5% und 5%. Die Methode ist primär qualitativ, jedoch kann die Anzahl der unterschiedlichen erhaltenen Sequenzen zur Beurteilung miteinbezogen werden. Die nachgewiesenen Spezies werden in der Reihenfolge der Anzahl der gefundenen Sequenzen berichtet. Sie erhalten eine Einschätzung, ob unerwartete Spezies in einer Probe auf einer zufälligen Kontamination beruhen könnten.</p>	

Vegantests (teilweise auch für vegetarische Produkte geeignet)

Paket	PCR-Nachweise	ELISA-Nachweise
Vegan-Test light	Säuger und Geflügel + Fisch	-
Vegan-Test	Säuger und Geflügel + Fisch	Ei
Vegan-Test sensitive	Säuger und Geflügel + Fisch	Ei + Milch
Vegan-Test complete	Säuger und Geflügel + Rind mitochondrial + Fisch + Mollusken + Crustaceen + Insekten	Ei
Vegan-Test complete sensitive	PCR Säuger und Geflügel + Fisch + Mollusken + Crustaceen + Insekten	Ei + Milch
Optional: Laktose + Galaktose (enzymatischer Test)		

Ethiktest Halal / Haram

Nachweis von Schweine-DNA, Pferd/Esel-DNA und Ethanol
PCR: Schwein (inkl. Wildschwein) Enzymatisch: Ethanol (Untersuchung durch Schwesterlabor bilacon GmbH)
Optional: PCR: Pferd (inkl. Esel)

Geschlechterbestimmung (mittels Real Time PCR)

Geschlechterbestimmung	Methode und typische Anwendungsfälle
Rind	Es wird ein DNA-Bereich des Y-Chromosoms männlicher Rinder nachgewiesen; zusätzlich wird als Referenzsystem ein Nachweis von Rind allgemein eingesetzt. Ein typischer Anwendungsfall ist die Echtheitsprüfung von Färsenfleisch.
Schwein	Es wird ein DNA-Bereich des Y-Chromosoms männlicher Schweine nachgewiesen; zusätzlich wird als Referenzsystem ein Nachweis von Schwein allgemein eingesetzt. Ein typischer Anwendungsfall ist Ebergeruch bei Fleisch.
Huhn	Es wird ein DNA-Bereich des Geschlechtschromosoms W weiblicher Hühner nachgewiesen; zusätzlich wird als Referenzsystem ein Nachweis von Huhn und Hahn eingesetzt. Ein typischer Anwendungsfall ist der Nachweis von Bruderhahnfleisch.

Nachweis von Weichweizenverunreinigungen

Weichweizen-anteil	Methode (Real Time PCR)
in Hartweizenprodukten	Es werden zwei Sequenzbereiche nachgewiesen und mittels Standardkurven quantifiziert, von denen eine spezifisch für Weichweizen (<i>Triticum aestivum</i> inkl. Subspezies wie Dinkel) ist und der andere für Gesamtweizen. Die Quantifizierungsgrenze (LOQ/Bestimmungsgrenze) des Verfahrens liegt bei 3% Weichweizen.
In Dinkelprodukten	Es werden drei Sequenzbereiche nachgewiesen, von denen zwei spezifisch für verschiedene Weichweizensorten sind (<i>Triticum aestivum</i>) sind und die dritte spezifisch für Gesamtweizen. Die Analyse erfolgt semiquantitativ mittels Einpunktkalibrierung (Angabe als < 5% Weichweizen, Werte >5% werden als Range ausgegeben).

Abschätzung des Bonito-Anteils in Thunfischkonserven

Bonito-Anteil	Methode (Real Time PCR)
in Thunfisch-Konserven	Es werden zwei spezifische Genabschnitte detektiert: einer für den Echten Bonito (<i>Katsuwonus pelamis</i>) und einer für Fisch. Die Abschätzung des Bonito-Anteils in der Probe erfolgt über die $\Delta\Delta\text{ct}$ -Methode. Die Quantifizierungsgrenze (LOQ) liegt bei < 1 %.

Nachweis von Barbarie-Ente

Tierarten-ID	Methode (Real Time PCR)
Barbarie-Ente	Es werden Barbarie- / Flugenten / Mularden- spezifische-DNA-Abschnitte nachgewiesen. Die Aussage ist, ob bestimmte DNA-Abschnitte detektiert wurden (ja/nein). Peking- bzw. Stockente werden von dem Nachweissystem nicht erfasst. Die Nachweisgrenze liegt bei 5 Ziel-DNA Kopien.

Abschätzung des Persipan-Anteils in Marzipan

Persipan-Anteil	Methode (Real Time PCR)
in Marzipan	Es werden speziesspezifische DNA-Sequenzen für Mandel und Aprikose gemessen, z.B. in Marzipan oder in Mandelmus /-mehl. Die Anteile der beiden Spezies werden abgeschätzt. Die Nachweisgrenze liegt bei < 10 Ziel-DNA Kopien (Mandel) bzw. <50 Ziel-DNA (Aprikose).

Abschätzung des Kuhmilchanteils in Milchprodukten

Kuhmilchanteil	Methode (Real Time PCR)
in Schafs-/ Ziegenkäse, -milch, -molke oder -joghurt	Es werden mitochondriale Rind-, Schaf- und Ziegen-spezifische DNA-Abschnitte nachgewiesen. Die Anteile an Milch der verschiedenen Spezies werden mittels $\Delta\Delta\text{ct}$ -Methode abgeschätzt. Die Nachweisgrenze liegt bei < 1 Ziel-DNA Kopien.
in Büffelprodukten (z.B. Büffelmozzarella)	Es werden mitochondriale Rind- und Wasserbüffel-spezifische DNA-Abschnitte nachgewiesen. Die Anteile an Milch der verschiedenen Spezies werden mittels $\Delta\Delta\text{ct}$ -Methode abgeschätzt. Die Nachweisgrenze liegt bei < 1 Ziel-DNA Kopien.

Nachweis von CMS-Sorten (cytoplasmatische männliche Sterilität)

Nachweis	Methode (Real Time PCR)
CMS-Sorten (Vorkommen: Kohlarten)	Es wird die CMS-spezifische Sequenz (ogura) nachgewiesen. Die Aussage ist, ob bestimmte DNA-Abschnitte detektiert wurden (ja/nein). Der Nachweis der ogura-Sequenz erfolgt mittels einer eigenentwickelten Methode. Die Nachweisgrenze (LOD) in Rohwaren liegt bei 50 DNA-Kopien.

Überprüfung von Sorten mittels FLA (Äpfel oder Kartoffeln)

Sortenüberprüfung	Methode (Real Time PCR, Fragmentlängenanalyse)
Kartoffelsorten	Nach der DNA-Extraktion werden mittels PCR spezifische SNPs amplifiziert, deren Länge dann über Fragmentlängenanalyse bestimmt wird. Das wird parallel für 6 Äpfel/Kartoffelknollen pro Probe durchgeführt. Die auftretenden Bandenmuster werden mit einer internen Datenbank abgeglichen. Da diese Datenbank nur eine begrenzte Anzahl an Apfel-/Kartoffelsorten enthält, kann nicht ausgeschlossen werden, dass nicht in dieser Datenbank enthaltene Sorten evtl. identische Muster aufweisen. Zur Auswahl geeigneter Primer ist eine Angabe der erwarteten Apfel-/Kartoffelsorte notwendig.
Apfelsorten	

lifeprint

DNA ANALYSIS

A Tentamus Company

