

# **Modyfikacje genetyczne surowców jako narzędzie kształtowania jakości żywności\***

**Włodzimierz Grajek**

*Katedra Biotechnologii i Mikrobiologii Żywności,  
Akademia Rolnicza im. Augusta Cieszkowskiego w Poznaniu  
ul. Wojska Polskiego 48, 60-627 Poznań,  
e-mail: grajek@au.poznan.pl*

**Słowa kluczowe:** GMO, transgeniczne rośliny, żywność funkcjonalna, białka, skrobia, dojrzewanie owoców, enzymy, fruktany, glicynia, gluten, kwasy tłuszczowe, antocyjany

Powszechnie oczekuje się, że wprowadzenie modyfikacji genetycznych pozwoli na znaczne polepszenie jakości surowców spożywczych i wytworzenie żywności zdrowszej i bezpieczniejszej dla konsumenta. Intensywne badania obejmują zarówno ulepszanie genetyczne roślin, jak i zwierząt hodowlanych, a także drobnoustrojów używanych w produkcji żywności. Jak dotąd do bezpośredniego spożycia dopuszczono jednak wyłącznie modyfikowane genetycznie rośliny i z tej przyczyny znajdują się one w centrum uwagi.

W ostatnim dziesięcioleciu widoczne jest wyraźne przejście od pierwszej generacji roślin modyfikowanych genetycznie, w których dominowały prace nad poprawą cech związanych bezpośrednio z uprawą roślin, jak ochrona przez herbicydami, patogenami, chorobami, zasoleniem i wymarzaniem, do drugiej generacji GMO, związanej z produkcją ulepszonych surowców dla przemysłu spożywczego oraz do produkcji leków. W pracach genetycznych prowadzonych w celu uzyskania żywności transgenicznej dominują cztery kierunki:

- wzbogacanie surowców w składniki podnoszące ich wartość żywnościową,
- usuwanie substancji szkodliwych i niepożądanych,
- ułatwianie procesów przetwórczych oraz kształtowanie reologii i organoleptyki produktów spożywczych,

---

\* Jest to tekst wystąpienia zaprezentowanego na konferencji pt. „Biotechnologia w produkcji żywności” zorganizowanej przez Komitet Nauk o Żywności PAN 26 października 2005 r. w Warszawie.

— wprowadzanie cech korzystnych dla zdrowia człowieka.

Najważniejszą zaletą metod genetycznych jest możliwość precyzyjnego kształtowania składu chemicznego surowców roślinnych [2]. Możliwe są tutaj trzy rozwiązania – wprowadzanie genów kodujących nowe cechy, tj. wprowadzenie nowych składników do danego surowca, zwiększenie zawartości składnika już istniejącego, względnie nokautowanie genów pozwalające na zahamowanie syntezy składników niepożądanych. W tym ostatnim przypadku chodzi o eliminację alergenów, toksyn, substancji antyżywnościowych lub niepożądanych składników pogarszających cechy sensoryczne, względnie utrudniających przetwórstwo danego surowca.

Historia stosowania modyfikacji genetycznych rozpoczęła się w 1994 roku od wprowadzenia na rynek zmodyfikowanej odmiany pomidora. Prawdziwa eksplozja nowych transgenicznych odmian roślin nastąpiła dopiero w drugiej połowie lat 90. i praktycznie trwa do dnia dzisiejszego. Duży wpływ na rozwój inżynierii genetycznej miało uproszczenie stosowanych metod transformacji, ogólna dostępność wektorów i użytecznych sekwencji nukleotydowych oraz szybki rozwój bioinformatyki.

Równoległe z postępem badań nad modyfikacjami roślin przemysłowych rozwijały się badania nad tzw. żywnością funkcjonalną. Pod pojęciem tym rozumiemy konwencjonalną żywność, która oprócz normalnych funkcji odżywczych przynosi dodatkowe, określone korzyści dla zdrowia konsumenta. O zakwalifikowaniu produktu do tej grupy żywności decyduje zawartość aktywnych fizjologicznie składników. Do najważniejszych z nich należą przeciwutleniacze, błonnik pokarmowy, niektóre składniki mineralne, witaminy, fitoestrogeny, aktywne białka i peptydy oraz niektóre oligosacharydy. Wprowadzenie tych składników do codziennej diety i ich długotrwałe stosowanie wywiera pozytywny wpływ na nasze zdrowie, zmniejsza ryzyko zachorowań na choroby cywilizacyjne i poprawia funkcjonowanie organizmu. Mechanizmy fizjologicznego oddziaływania aktywnych składników są bardzo złożone i w dużym uproszczeniu polegają na eliminacji reaktywnych form tlenu, modulacji hormonalnej, zwiększaniu aktywności enzymów detoksykacyjnych (tzw. II fazy), zapobieganiu uszkodzeniom i zwiększaniu dokładności naprawy uszkodzeń DNA, wiązaniu mutagenów i kancerogenów, zwiększaniu biodostępności deficytowych składników mineralnych i wzmocnieniu funkcji immunologicznych organizmu człowieka.

Współczesna biotechnologia przemysłowa, nazywana także biotechnologią białą, dysponuje efektywnymi metodami biosyntezy mikrobiologicznej i enzymatycznej takich składników, niemniej konsumenci, zamiast suplementów, zdecydowanie preferują naturalne źródła tych składników. Na tym polu spotykają się oba kierunki badań – nowoczesna biotechnologia i badania nad żywnością funkcjonalną. Nieograniczone

możliwości daje w tym względzie inżynieria genetyczna, pozwalająca na konstrukcje nowych, cennych odmian, bogatych w aktywne składniki.

Doskonałym przykładem możliwości współczesnej biotechnologii jest transgeniczny ryż, opracowany przez zespół szwajcarskich i niemieckich naukowców, kierowany przez prof. Ingo Potrykusa, znany pod nazwą „złotego ryżu” [3]. Aktualnie uprawiane odmiany ryżu nie zawierają  $\beta$ -karotenu. Z tego powodu szacuje się, że w krajach azjatyckich z powodu niedoboru witaminy A corocznie zapada na ślepotę ok. 250–500 tys. dzieci [1]. Dzieci te mają ponadto osłabiony układ odpornościowy. Deficyt karotenoidów w diecie jest przyczyną śmierci ok. 600 tys. kobiet wskutek komplikacji porodowych. Przytoczone dane wskazują na tragiczne skutki deficytu  $\beta$ -karotenu w diecie azjatyckiej. Nowa odmiana ryżu *indico* została wzbogacona przez wymienionych badaczy o trzy kluczowe geny, uzupełniające szlak biosyntezy karotenoidów. Dwa z nich – syntaza fitoenu (*psy*) i  $\beta$ -cyklaza likopenu (*lcy*) – pochodziły z żonkila, jeden – desaturaza fitoenu (*crtl*) – z bakterii *Escherichia coli*. Dzięki tej modyfikacji uzyskano odmianę zdolną do wydajnej syntezy  $\beta$ -karotenu, który nadawał żółte zabarwienie ziarnom. Dalszym udoskonaleniem tego konstruktu było wprowadzenie genu kodującego ferrytynę, białko bogate w żelazo [15] oraz wyeliminowanie genu kodującego białko będące przyczyną alergii znacznej części populacji azjatyckiej. W tym roku jest realizowany program masowego wprowadzania tej odmiany na Filipinach, w którym bierze udział 0,5 mln ludzi. Pełne wprowadzenie tej odmiany na rynki azjatyckie (światowe) jest planowane w 2007 r.

Jednym z najbardziej znanych osiągnięć biotechnologii jest wolno dojrzewająca odmiana pomidora o nazwie ‘Flavr Savr’, wprowadzona na rynek amerykański w 1994 r. przez firmę Calgene. Według szacunków ekspertów wskutek zbyt szybkiego dojrzewania straty dochodziły do ok. 30% zbiorów owoców pomidora (uszkodzenia mechaniczne, psucie mikrobiologiczne). Spowolnienie dojrzewania pomidorów można osiągnąć kilkoma metodami [6]. Najczęściej stosowana jest supresja genów poligalakturonazy i esterazy pektynowej, odpowiedzialnych za rozkład pektyn i mięknięcie owoców. Alternatywnym rozwiązaniem jest zahamowanie syntezy etylenu, który u roślin o dojrzewaniu klimakterycznym, a do tej grupy należy pomidor, inicjuje procesy dojrzewania. Znacznie mniej znane są korzyści, jakie przynosi stosowanie transgenicznych pomidorów w przetwórstwie. Dobrym przykładem są koncentraty pomidorowe produkowane z transgenicznych pomidorów firmy Zeneca. W porównaniu z pomidorami konwencjonalnymi koncentraty z roślin genetycznie modyfikowanych (GM) wykazywały dwukrotnie większą lepkość, 10% korzystniejsze parametry barwy (a, a/b), znacznie mniejszą synerezę, dwukrotnie mniejsze zagrożenie atakiem pleśni, większą zawartość cukrów oraz większy indeks konsystencji i mniejszy indeks brązowienia [16]. W ocenie konsumentów koncentraty z owoców GM były lepiej akceptowane i uznane za bardziej naturalne.

Obok spowolnienia dojrzewania pomidorów modyfikacje genetyczne objęły także poprawę barwy owoców przez zwiększenie syntezy karotenoidów. Osiągnięto to

wprowadzając do genomu pomidorów gen kodujący syntazę fitoenu, pobrany z bakterii. Synteza tych barwników zachodziła już w stadium tzw. dojrzałości zielonej.

Aktualnie podejmuje się wiele wysiłków w celu genetycznej modyfikacji biosyntezy polimerów sacharydowych. W żywieniu człowieka najważniejszym polimerem jest skrobia. Składa się ona z dwóch frakcji, różniących się właściwościami fizykochemicznymi i technologicznymi. Przemysł spożywczy preferuje amylopektynę z uwagi na jej duże zastosowanie w produkcji gotowej żywności (kluski, knedle, pierogi, itp.), stąd głównym celem prac badawczych jest uzyskanie odmian o zmniejszonej zawartości lub całkowicie pozbawionych amylozy.

Synteza amylozy zachodzi głównie w plastydach. W procesach tych biorą udział enzymy związane z fosforylacją glukozy oraz formowaniem i wydłużaniem łańcuchów polimerowych. Aktualnie znanych jest 14 enzymów uczestniczących w syntezie skrobi: dwie pirofosforylasy UDP-glukozy, pięć syntaz skrobi, trzy transglikozylasy rozgałęziające skrobię oraz cztery enzymy likwidujące rozgałęzienia  $\alpha$ -1,6-glikozydowe. Trzy spośród tych enzymów jest identyczne we wszystkich roślinach, przy czym izoformy enzymów występujących w liściach różnią się od izoform występujących w nasionach.

Kluczową rolę w syntezie skrobi odgrywa pirofosforylaza UDP-glukozy [12]. Jest to enzym włączający wolną glukozę w cykl przemian związanych z jej polimeryzacją i przez to decydujący o ogólnej wydajności syntezy tego polisacharydu. Ekspresja tego genu w ziemniakach jest ograniczona. Istotny przełom uzyskano wprowadzając gen *glyC16*, pochodzący z bakterii *E. coli*. Enzym bateryjny tylko w małym zakresie podlega kontroli w roślinie, co powoduje, że dochodzi do intensywnej nadprodukcji skrobi. Dzięki temu można uzyskać zwiększenie zawartości skrobi w bulwach nawet o 30%. Odmiany transgeniczne charakteryzują się małą zawartością cukrów prostych i zwiększoną zawartością skrobi. Z tego powodu są preferowane przez producentów frytek, gdyż mniejsza zawartość cukrów prostych ogranicza ciemnienie frytek w czasie ich smażenia w oleju (reakcje Maillarda). Ponadto odmiany GM ze zwiększoną zawartością skrobi wolniej kiełkują w czasie długotrwałego przechowywania. Różnice w czasie potrzebnym do rozpoczęcia kiełkowania mogą być nawet dwukrotne.

Miejscem kontroli syntezy amylozy i amylopektyny jest ekspresja genów kodujących syntazy. W ziemniaku występują dwa rodzaje syntaz [13]. Jedne z nich, syntazy związane z ziarnami skrobi, odpowiadają za syntezę amylozy, drugie, występujące w stanie wolnym w cytozolu, odpowiadają za syntezę amylopektyny. Te ostatnie wspierane są przez tzw. enzymy rozgałęziające główne łańcuchy polimerowe poprzez tworzenie łańcuchów bocznych. Strategia konstrukcji odmian bezamylozowych polega na wyłączaniu genów kodujących syntazy związane z ziarnami skrobiowymi. W 1996 r. w Holandii pod uprawą znalazło się 600 ha ziemniaków bezamylozowych, a masowa produkcja takich odmian jest przewidziana w 2010 r.

Blokada syntezy amylozy i produkcja odmian wysoko amylopektynowych daje wiele korzyści. Skrobia tego rodzaju ulega znacznie szybszej hydrolizie enzymatycz-

nej oraz wymaga znacznie mniejszej energii cieplnej na przejście fazowe do formy bezpostaciowej, rozpuszczalnej w wodzie. Oznacza to ok. 10-procentowe oszczędności energetyczne na upłynnienie skrobi, co jest ważne przy produkcji maltodekstryn, syropów glukozowych i maltozowych oraz czystej glukozy. Ponadto roztwory skrobi bezamylozowej wykazują mniejszą lepkość.

W ramach badań nad modyfikacją sacharydów podjęto próby wprowadzenia do ziemniaka syntezy oligosacharydów. Związki te pełnią rolę prebiotyków i mimo że nie są hydrolizowane przez układ trawienny człowieka, to stymulują rozwój bakterii z rodzaju *Bifidobacterium*. Jednym z najważniejszych prebiotyków są fruktany. W postaci naturalnej występują one między innymi w cykorii, topinamburze, cebuli, czosnku i karczochach. Z uwagi na małe spożycie wymienionych roślin podejmowane są wysiłki nad wprowadzeniem syntezy oligosacharydów do roślin o dużym znaczeniu żywieniowym. Większość prac dotyczy modyfikacji genetycznej buraków cukrowych i ziemniaków. Główne wysiłki badaczy są skupione na wprowadzeniu bakteryjnego genu transferazy fruktozylowej do genomów obu roślin [8]. Umożliwia ona syntezę fruktanów o stopniu polimeryzacji dochodzącej do 25.000. Niestety dotychczasowe próby nie przyniosły zadowalających rezultatów. W miarę zwiększania syntezy fruktanów malała synteza skrobi i uzyskiwano znacznie mniejsze bulwy ziemniaczane o brawie brązowej. Ponadto obserwowano zwiększenie stężenia glukozy, fruktozy, sacharozy i białek. Największa zawartość fruktanów w transgenicznym ziemniaku dochodziła do 4% s.s.

Jednym z przyszłościowych kierunków prac genetycznych jest intensyfikacja syntezy polifenoli w roślinach przemysłowych. Polifenole pełnią ważną rolę w żywieniu człowieka, jako silne przeciwutleniacze. Są one najcenniejszym składnikiem tzw. żywności funkcjonalnej. Większość surowców dla przemysłu spożywczego ma ograniczoną zawartość tych składników, stąd w literaturze można spotkać doniesienia o klonowaniu genów kodujących enzymy ze szlaku syntez polifenoli w roślinach. Na tym polu odnotować należy sukcesy polskich badaczy. Zespół kierowany przez prof. Jana Szopę-Skórkowskiego (Uniwersytet Wrocławski) dokonał modyfikacji genetycznej ziemniaków za pomocą wektora binarnego obejmującego trzy geny: syntazy chalkonowej, izomerazy chalkonowej i reduktazy dihydroflawanolu [19]. Dzięki tej modyfikacji uzyskano znaczne zmiany w syntezie antocyjanów: petunidyny i pelargonidyny oraz innych polifenoli. W wielu liniach transgenicznych nastąpiło wyraźne zwiększenie syntezy obu wymienionych antocyjanów oraz innych antyoksydantów – kwasu chlorogenowego i kwasu neochlorogenowego. Uzyskane linie, ze względu na bezpieczeństwo konsumentów, nie mogą być jednak wprowadzone do obrotu.

Duże znaczenie praktyczne mają badania poświęcone zwiększeniu zawartości glutenu w zbożach, głównie pszenicy [14]. Gluten jest wieloskładnikowym polimerem białkowym. Główną grupą białek tworzących gluten pszeniczny są prolaminy, w skład których wchodzi gluteniny i gliadyny. Z punktu widzenia właściwości technologicznych, najważniejszą frakcją glutenu stanowią wysokocząsteczkowe pod-

jednostki glutenin (65–90 kDa), które decydują o właściwościach reologicznych mięszu chleba. Stanowią one 5–10% białka ogólnego. To właśnie ta frakcja jest odpowiedzialna za absorpcję wody w cieście, lepkość i elastyczność mięszu chleba, powstanie trójwymiarowej struktury mięszu i wzrost jego objętości.

Heksaploidalne odmiany pszenicy chlebowej zawierają 6 genów dla wysokocząsteczkowych podjednostek glutenu, po dwa geny na jednym chromosomie. Głównym miejscem kodowania glutenin jest chromosom 1, zawierający locus A, B i D. Każdy z nich na długim ramieniu ma sublocus (x, y). Geny *1Bx*, *1Dx* i *1Dy* występują we wszystkich odmianach pszenicy chlebowej, natomiast geny *1Ax* i *1By* tylko w niektórych odmianach. Część genów jest „uśpiona”. Ekspresji podlega zwykle tylko 3–5 genów kodujących wysokocząsteczkowe frakcje glutenin. Jednej podjednostce odpowiada ok. 2% białka ogólnego, co oznacza, że ekspresja każdego z tych genów ma istotny wpływ na jakość glutenu. Stwierdzono, że najkorzystniejszym zestawem genów dla wydajnej syntezy glutenu jest *1Dx5* + *1Dy10* oraz *1Ax1*. Wprowadzenie genów z tego zestawu lub zwiększenie liczby ich kopii powoduje wyraźną poprawę właściwości reologicznych chleba [7].

Inną ciekawą propozycją jest przeniesienie syntezy sojowych glicynin do innych roślin uprawnych. Są to wartościowe białka, gdyż odznaczają się silnymi właściwościami żelującymi i emulgującymi, co spowodowało ich szerokie stosowanie w produkcji żywności. Dodatkowo białka te wykazują zdolność obniżania poziomu cholesterolu w osoczu krwi. W soi występują dwie dominujące frakcje białek: glicyniny, której udział w ogólnej puli białek dochodzi do 40% oraz  $\beta$ -konglicyniny, której zawartość sięga 30% białka ogólnego. Podobnie jak w nasionach wszystkich roślin strączkowych, białka te wykazują niedobór aminokwasów siarkowych. Wzbogacenie glicynin w metioninę jest jednym z głównych kierunków prac nad białkami sojowymi [10]. Drugim celem badań z zakresu inżynierii genetycznej jest wprowadzenie genów dla glicynin do ryżu i ziemniaków [18].

Dużym zainteresowaniem genetyków cieszą się tzw. białka słodkie [17]. Jest to grupa białek syntezowanych w roślinach tropikalnych i odznaczających się niezwykłą słodkością, przekraczającą tysiące razy słodkość sacharozy. Z tej przyczyny dla zapewnienia standardowej słodkości produktów spożywczych wystarczają stężenia na poziomie ppt-ppb, co oznacza, że wzrost słodkości dokonuje się praktycznie bez zwiększenia kaloryczności produktów spożywczych. Do najbardziej znanych białek należą: taumatyna (*Thaumatococcus danieli*), monelina (*Discoreophyllum cumminis*), brazelina (*Pentadiplandra brazzeana*), mabinlina (*Capparis masaikai*) i kurkumina (*Curcuma latifolia*). Odkrycie tych białek zbiegło się z modą na spożywanie niskokalorycznej żywności, co sprzyjało szybkiemu rozwojowi tego kierunku prac genetycznych. Spośród tych białek szczególne zainteresowanie wzbudziła taumatyna, o masie cząsteczkowej 22,2 kDa. Dla przemysłu spożywczego możliwe są dwa zastosowania tych białek: klonowanie genów w roślinach rosnących w strefie klimatu umiarkowanego i północnego w celu uzyskania owoców o zwiększonej słodkości,

względnie uprawy transgenicznych roślin przeznaczone do produkcji białkowego „słodzika”, jako alternatywny dla sacharozy. Oba kierunki badań są rozwijane i w tej dziedzinie polscy naukowcy odnieśli duży sukces, wprowadzając gen taumatyny do ogórków (prof. S. Malepszy, SGGW, Warszawa). Transgeniczne owoce zawierające taumatynę mogą być z powodzeniem stosowane do produkcji ogórków konserwowych i tzw. sałatek szwedzkich, przy całkowitej rezygnacji z dodatku sacharozy do zalew.

Ogromną przyszłość mają badania poświęcone produkcji surowców roślinnych o zwiększonej aktywności enzymatycznej. Obecność określonych enzymów w surowcach może znacznie ułatwić procesy przetwórcze, stąd przemysł spożywczy stosuje na szeroką skalę enzymy do modyfikacji polimerów roślinnych. Szczególne znaczenie mają w tym wypadku enzymy amylolityczne, proteolityczne i pektynolityczne. Obecnie w dużych wytwórniach wytwarzanie preparatów enzymatycznych oparte jest na biosyntezie mikrobiologicznej.

W praktyce klonowanie genów kodujących enzymy w roślinach przemysłowych można przeprowadzić wielowariantowo. Po pierwsze, możliwa jest produkcja enzymów w roślinach, które nie produkują substratu, na który enzym działa. Biosynteza tych enzymów może zachodzić w komórkach, z których enzymy są wyprowadzane do przestrzeni międzykomórkowych. Stąd mogą być one ekstrahowane za pomocą odpowiednich buforów i poddane procesowi dalszego oczyszczania. W ten sposób mogą być pozyskiwane oczyszczone preparaty enzymatyczne, które są alternatywą dla preparatów otrzymywanych obecnie w wytwórniach przy użyciu mikroorganizmów. Drugim rozwiązaniem może być stosowanie całej biomasy roślinnej, jako nieczyszczonego, surowego preparatu enzymatycznego.

Kolejnym wariantem jest biosynteza enzymów w surowcach zdolnych do syntezy substratów, na które działają te enzymy. Zachowana jest jednak rozdzielność miejsc syntezy – enzymy są wyprowadzane do przestrzeni międzykomórkowych, natomiast substraty pozostają w komórkach. Jest to szczególnie korzystne rozwiązanie, gdyż po rozdrobnieniu surowca i dodaniu do niego wody rozpoczyna się aktywność katalityczna enzymów i dochodzi do oczekiwanej modyfikacji surowców. Wreszcie możliwa jest reakcja enzymatyczna *in planta*, co można osiągnąć przez jednoczesną syntezę w tej samej komórce zarówno enzymów, jak i substratów, na które mają one działać. W ten sposób reakcja enzymatyczna zachodzi w trakcie wzrostu roślin i uzyskuje się odpowiednio zmodyfikowany surowiec już na polu.

Przy produkcji enzymów w transgenicznych roślinach wymagane jest, aby ekspresja genów zachodziła wyłącznie w częściach użytkowych rośliny (organo-specyficzność: owoce, nasiona, bulwy), a ich gromadzenie następowało w określonych miejscach, np. w amyloplastach lub wakuolach (kompartmentacja), względnie pozakomórkowo. Oznacza to, że przy konstruowaniu transgenicznych roślin powinny być stosowane odpowiednie promotory (np. ziemniaczanej patatyny, wirusa mozaiki kalafiora, syntazy nopaliny), a sekwencja kodująca białko powinna zawierać sekwencję sygnałną wyprowadzającą białko poza komórkę (np. sekwencję sygnałną dla  $\alpha$ -amy-

lasy). Jako przykłady tego typu modyfikacji genetycznych można podać produkcję  $\alpha$ -amylazy (gen z *Bacillus licheniformis*) w ziemniakach, glukozyltransferazy cyklodekstranowej (gen z bakterii *Klebsiella pneumoniae*) w ziemniaku, fitazy (gen z grzyba *Aspergillus niger*) w nasionach tytoniu, czy  $\beta$ -glukanazy w jęczmieniu browarnym. Ten kierunek badań bardzo szybko się rozwija i ma przed sobą ogromną przyszłość. W niektórych przypadkach zamiast syntezy nowych enzymów konieczna jest blokada syntezy enzymów rodzimych, występujących naturalnie w danej roślinie, i wywierających niekorzystny wpływ na jakość surowca. Jako przykład można podać wyłączenie genu dla oksydazy fenolowej w jabłkach i ziemniakach, która odpowiada za brązowienie enzymatyczne tych produktów.

Biorąc pod uwagę wartość żywnościową białek roślinnych, duże znaczenie mają prace nad doskonaleniem ich składu aminokwasowego [4, 5]. Wiele roślin wykazuje deficyt niektórych aminokwasów. Do najbardziej znanych należy deficyt lizyny i tryptofanu w zbożach oraz niedobór aminokwasów siarkowych w nasionach roślin strączkowych. Prace genetyczne prowadzone w tej dziedzinie polegają na poszukiwaniu w roślinach białek, które charakteryzuje naturalna, wysoka zawartość określonych aminokwasów w białku ogólnym, a następnie przeniesienie tych genów do roślin użytkowych. Jako przykłady takich białek można podać prolaminę ryżową (10 kDa) zawierającą 20% metioniny i 10% cysteiny, zeinę z kukurydzy (10 kDa) zawierającą 22% metioniny, czy  $\beta$ -purotioninę pszenicy (5 kDa), zawierającą ponad 17% cysteiny. Wprowadzenie takich białek do roślin, w których występuje deficyt danego aminokwasu, radykalnie poprawia ich wartość biologiczną.

Wśród ciekawych propozycji związanych z modyfikacją białek roślinnych można wymienić białka zapobiegające zamarzaniu wody. Białka o takich właściwościach występują powszechnie w organizmach żyjących w strefach podbiegunowych. Mają one zdolność do radykalnego obniżania temperatury zamarzania wody, co zapobiega tworzeniu się kryształów lodu. Białka tego typu mogą być z powodzeniem stosowane w owocach miękkich, które przechowuje się w okresie zimowym w formie mrożonek. Znany jest fakt, że po rozmrożeniu owoce te tracą swoją normalną teksturę, czemu towarzyszy wyciek soku. Wprowadzenie do genomu tych roślin sekwencji DNA, kodujących białka zapobiegające zamarzaniu, może zlikwidować straty i znacznie poprawić jakość mrożonych owoców.

Od wielu lat prowadzone są także badania nad wprowadzeniem do roślin białek mleka ludzkiego. Jak dotąd, były podejmowane próby klonowania genów ludzkiej  $\beta$ -kazeiny,  $\alpha$ -laktoalbuminy i laktoferrytyny.

Wiele prac genetycznych poświęcono modyfikacji olejów roślinnych. Głównym obiektem badań jest rzepak. Jedną z najbardziej znanych modyfikacji tej rośliny jest klonowanie genu tioesterazy laurylo-ACP z drzewa *Umbellularia californica* do rzepaku. Dzikie odmiany rzepaku nie produkują kwasu laurylowego, natomiast w transgenicznym rzepaku jego zawartość dochodzi do 44%, co przewyższa zawartość tego kwasu tłuszczowego w oleju kokosowym i palmowym. Transgeniczna odmiana



rzepaku 'Laurical' została wprowadzona do uprawy polowej w USA i Kanadzie w 1994 r. Większość badań dotyczy regulacji ilości podwójnych i potrójnych wiązań w łańcuchach kwasów tłuszczowych. Ma to wpływ zarówno na wartość żywieniową tłuszczów roślinnych, jak również na ich właściwości technologiczne, a przede wszystkim na ich stabilność termiczną. Ta ostatnia cecha determinuje przydatność olejów do procesu wysokotemperaturowego smażenia. Najczęściej przenoszone są geny dla desaturaz i tioesteraz. Celem tych badań jest konstruowanie odmian o wysokiej zawartości kwasu oleinowego, palmitynowego, laurylowego lub stearynowego oraz o małej zawartości kwasu linolenowego [11]. Obok rzepaku modyfikacjom genetycznym poddaje się także soję, słonecznik, kukurydzę i orzeszki ziemne.

Powyższy przegląd ważniejszych kierunków prac z zakresu inżynierii genetycznej roślin wskazuje jednoznacznie, że jest to skuteczna i wydajna metoda kształtowania składu chemicznego surowców roślinnych, a przez to jakości surowców spożywczych, tak pod względem żywieniowym, jak i przetwórczym. W ostatniej dekadzie obserwuje się nieustanny postęp w doskonaleniu metod biologii molekularnej, pozwalających na coraz precyzyjniejsze i bezpieczniejsze konstruowanie transgenicznych roślin. Już teraz uzyskiwane są transformanty mają coraz bardziej „wyrafinowane” cechy, co w przyszłości doprowadzi do produkcji odmian o zaprojektowanych właściwościach na potrzeby wyspecjalizowanych odbiorców. Może to być czynnik rewolucjonizujący strukturę rolnictwa w skali światowej, szczególnie w świetle globalizacji gospodarki rolnej. Trudno nie stawiać sobie w tym kontekście pytania, jakie szanse w tej konfrontacji będzie miało tradycyjne polskie rolnictwo oparte na konwencjonalnych odmianach roślin?

Drugim ważnym wnioskiem związanym z dynamicznym rozwojem inżynierii genetycznej i rolnictwa opartego na roślinach genetycznie modyfikowanych jest przewidywana zmiana zakresu wytwarzanych dodatków do żywności metodami chemicznymi i mikrobiologicznymi na rzecz produkcji tych składników w roślinach transgenicznych. Oznacza to zmierzch wielu sektorów produkcji dodatków do żywności i przeniesienie produkcji z fabryk na pola, na czym zyska rolnictwo.

Wydaje się, że trudności wynikające z niechęci wobec żywności GM są prawdopodobnie przejściowe i pojawienie się atrakcyjnych produktów o silnych efektach prozdrowotnych powinno zmienić nastawienie społeczne do żywności transgenicznej. Przemawia za tym społeczna akceptacja dla GMO w produkcji leków. Potrzebne będą jednak intensywne badania związane z bezpieczeństwem żywności modyfikowanej genetycznie i długoletnie programy naukowe prowadzone w tym kierunku przez niezależne instytucje badawcze, a także uczciwa edukacja społeczeństwa oparta na faktach.

## Podsumowanie

---

Metody inżynierii genetycznej są skutecznym narzędziem kształtowania składu chemicznego roślin uprawnych. Do głównych kierunków modyfikacji genetycznych należy hamowanie dojrzewania owoców, zwiększanie zawartości egzogennych aminokwasów, wprowadzanie słodkich białek, zwiększanie zawartości glutenu, synteza enzymów, synteza karotenoidów, polifenoli i oligosacharydów, wprowadzanie białek opóźniających zamarzanie owoców, regulacja syntezy skrobi i regulacja zawartości amylozy i amylopektyny, regulacja syntezy kwasów tłuszczowych i wiele innych. Modyfikacje genetyczne roślin pozwalają na zwiększenie zawartości składników biologicznie aktywnych i wzmacnianie cech funkcjonalnych żywności. Widoczna jest wyraźna tendencja do ciągłego rozszerzania gamy modyfikowanych cech, co w długim czasie, mimo aktualnej niechęci konsumentów do żywności GM, powinno wpłynąć na zwiększenie udziału transgenicznych roślin w światowym rynku żywności.

## Literatura

---

- [1] Beaton G.H., Martorell R., Aronson K.J., Edminston B., McCabe G., Ross A.C., Harvey B. Effectiveness of vitamin A supplementation in the control of young child morbidity and mortality in developing countries. Geneva, Switzerland: Administrative Committee on Coordination, Subcommittee on Nutrition Available [Dec. 2002] »<http://www.unsystem.org/scn/>«.
- [2] Bouis H.E., Chassy B.M., Ochanda J.O. 2003. Genetically modified food crops and their contribution to human nutrition and food quality. *Trends Food Sci. Technol.* 14: 191–209.
- [3] Burchardt P., Beyer P., Wuenn J., Kloeti A., Armstrong G.A., Schledz M., von Lintig J., Potrykus I. 1997. Transgenic rice (*Oryza sativa*) endosperm expressing daffodil (*Narcissus pseudonarcissus*) phytoene synthase accumulates phytoene, a key intermediate of provitamin A biosynthesis. *The Plant J.* 11(5): 1071–1078.
- [4] Datta S., Bouis H.E. 2000. Application of biotechnology to improving the nutritional quality of rice. *Food Nutr. Bull.* 21: 451–456.
- [5] Falco S.C., Guida T., Locke M., Mauvais J., Sanders C., Ward R., Webber P. 1995. Transgenic canola and soybean seeds with increased lysine. *Bio-Technol.* 13: 577–582.
- [6] Gierson D. 1998. GCRI/Bely lecture: applications of molecular biology and genetic manipulation to understand and improve quality of fruits and vegetables. W: Genetic and Environmental Manipulation of Horticultural Crops. K.E. Cockshull, D. Gray, G.B. Seymour and B. Thomas, CAB International (red.), N.York: 31–38.
- [7] He G.Y., Rooke L., Steele S., Bekes F., Gras P., Tatham A.S., Fido R., Barcelo P., Shewry P.R., Lazzeri P.A. 1999. Transformation of pasta wheat (*Triticum turgidum* L. var. *durum*) with high-molecular-weight glutenin subunit genes and modification of dough functionality. *Molec. Breed.* 5: 377–386.
- [8] Heyer A.G., Lloyd J.R., Kossmann J. 1999. Production of modified polymeric carbohydrates. *Curr Opin. Biotechnol.* 10: 169–174.

- [9] Katsube T., Kurisaka N., Ogawa M., Maruyama N., Ohtsuka R., Utsumi S., Takaiwa F. 1999. Accumulation of soybean glycinin and its assembly with the glutelins in rice. *Plant Physiol.* 120: 1063–1073.
- [10] Kim C.S., Kamiya S., Sato T., Utsumi S., Kito M. 1990. Improvement of nutritional-value and functional-properties of soybean glycinin by protein engineering. *Protein Eng.* 3: 725–731.
- [11] Linder C.R., Schmitt J. 1995. Potential persistence of escaped transgenes: performance of transgenic, oil-modified *Brassica* seeds and seedlings. *Ecol. Applicat.* 5(4): 1056–1068.
- [12] Lloyd J.R., Landschuetze V., Kossmann J. 1999. Simultaneous antisense inhibition of two-synthase isoforms in potato tubers leads to accumulation of grossly modified amylopectin. *Biochem. J.* 338: 515–521.
- [13] Lloyd J.R., Springer F., Buleon A., Mueller-Roeber B., Willmitzer L., Kossmann J. 1999. The influence of alterations in ADP-glucose pyrophosphorylase activities on starch structure and composition in potato tubers. *Planta* 209: 230–238.
- [14] McElroy D., Brettell R.I.S. 1994. Foreign gene expression in transgenic cereals. *TIBTECH* 12(2): 62–68.
- [15] Murray-Kolb L.E., Takaiwa F., Goto F., Yoshihara T., Theil E.C., Beard J.L. 2002. Transgenic rice as a source of iron-depleted rats. *J. Nutr.* 132: 957–960.
- [16] Porretta S., Poli G. 1997. Tomato puree quality from transgenic processing tomatoes. *Int. J. Food Sci. Technol.* 32: 527–534.
- [17] Szwacka M., Malepszy S. 1998. Roślinne białka charakteryzujące się słodkim smakiem oraz modyfikujące smak. *Biotechnologia* 1(40): 64–82.
- [18] Utsumi S., Kitagawa S., Katsube T., Higasa T., Kito M., Takaiwa F., Ishige T. 1994. Expression and accumulation of normal and modified soybean glycinins in potato tubers. *Plant Sci.* 102: 181–188.
- [19] Żuk M., Matysiak-Kata I., Skała J., Feczka C., Cisowski W., Szopa J. 2004. Antioxidant capacity manipulation in transgenic potato tuber by changes in phenolic compounds content. *J. Agric. Food Chem.* 52: 1526–1537.

## Genetic modification of the raw materials as a tool for improving food quality

---

**Key words:** GMO, transgenic plants, functional food, protein, starch, fruit ripening, enzymes, fructans, glycinin, gluten, fatty acid, anthocyanin

### Summary

Methods of genetic engineering are an efficient tool to modify chemical composition of plants. To main directions of genetic modifications belong: delay of the fruit ripening, increase of the exogenous amino-acids content, synthesis of sweet proteins, increase of gluten content, synthesis of the enzymes, synthesis of carotenoids, polyphenols and oligosaccharides, introduction of anti-freezing protein into fruits, increase of starch synthesis and the regulation of the amylose to amylopectin content ra-

tio, the regulation of unsaturated fatty acids synthesis, removing of allergens and antinutrients and many others. Genetic modifications of plants enable to enlarge the biologically active compound contents and strengthening the functional properties of foods. The pronounced tendency to continuous extending the scale of genetic modification is observed; in spite of current low acceptance of GM foods by the consumers, in perspective the participation of transgenic plants on world food market should increase.