جامعة الموصل

كلية الطب البيطري

الكشف الجزيئي عن أدلة التعديل الوراثي في أنواع اللحوم ومنتجاتها والأعلاف في مدينة الموصل

محمد حازم محمد عبد الله

رسالة ماجستير

الطب البيطري / الصحة العامة البيطرية

بإشراف

الأستاذ الدكتورة

منتهى غازي حسن

صفر/ 1447 هـ

آب/ 2025 م

الخلاصة

مع التطور المستمر في تقنيات إنتاج وتصنيع الأغذية لازالت بعض الأغذية بشكل عام والمنتجات الحيوانية بشكل خاص محط جدلا من حيث السلامة والأمن الغذائي، وتحديدا الأغذية التي تكون الإضافات المعدلة وراثيا جزءا من مكوناتها أثناء عملية التصنيع والتجهيز لهذه المنتجات الغذائية لغرض توفيرها للمستهلكين وخاصة لدى الدول المتقدمة والتي تمتلك إمكانيات تقنيات الهندسة الوراثية وتسخرها لتحقيق أهداف التنمية المستدامة Sustainable development على المستوى الزراعي من حيث إنتاج المحاصيل الزراعية التي تضاف كمواد أولية في تجهيز علائق حيوانات المزرعة أو كإضافات أثناء تصنيع الأغذية وأهمها اللحوم المصنعة كاللانشون والمارتديلا والصوصج، وتعد الدول النامية أكثر الشعوب استهلاكا للمنتجات الحاوية على الإضافات المعدلة وراثيا والمستوردة من هذه الدول المتقدمة وبدون ضوابط تحدد درجة السلامة فيها، وبذلك فهي تشكل خطرا على صحة المستهلك وعلى البيئة. لذا هدفت الدراسة الحالية إلى الكشف عن بعض الإضافات المعدلة وراثيا في اللحوم المعروضة للاستهلاك ومنتجاتها في مدينة الموصل، تضمنت الدراسة على جمع 156 عينة شملت 112 عينة من اللحوم المحلية والمستوردة والمصنعة والمعروضة للاستهلاك في أسواق مدينة الموصل و44 عينة من الخلطات العلفية وبعض مكوناتها المعتمدة في تغذية الدواجن محلياً للمدة من شهر أب 2024 ولغاية كانون الثاني 2025 وشملت العينات 64 عينة من اللحوم المصنعة والمتضمنة كلاً من (الصوصج، اللانشون، المارتديلا) و48 عينة من لحوم الأبقار والدواجن المجمدة المستوردة وكذلك اللحوم المحلية، كما تضمنت الدراسة جمع 44 عينة من خلطات أعلاف الدواجن ومسحوق الصويا والذرة والمعتمدة في تغذية الدواجن المحلية من بعض معامل تصنيع الأعلاف، وبالاعتماد على تقنية تفاعل البلمرة المتسلسل PCR للكشف عن وجود أدلة التعديل الوراثي متمثلة بكل من تسلسل الدنا المحفز *35SP* والدنا الناهي *T-nos* فضلا عن الكشف عن الصويا المعدلة وراثيا (*RR*) Roundup Ready soybean وجين اللكتين *Lec1* فضلا عن جين الذرة المعدلة وراثيا *Ze1*. وبينت نتائج الدراسة أن (33) عينة من 112 عينة من اللحوم المختلفة موجبة لتواجد جين الصويا المعدلة وراثيا *CP4EPSPS* وبنسبة (29.46%) وأن أعلى نسبة معنوية لتواجد جينات الصويا هي في اللحوم المصنعة وبنسبة (73%) مقارنة باللحوم المستوردة والمحلية، علما بأن أعلى نسبة معنوية لتواجد جين الصويا المعدلة وراثيا *CP4EPSPS* كانت في لحوم الأبقار المصنعة بنسبة (67%) مقارنة بلحوم الدواجن المصنعة (33%) وسجلت أعلى نسبة لتواجد جين الصويا المعدلة وراثيا *CP4EPSPS* في لحوم اللانشون المصنعة من لحوم الأبقار وبنسبة

(56%) مقارنة بعينات الصوصج والمارتديلا وبنسبة (25%) و(19%) على التوالي، وأظهرت الدراسة تميز لحوم لانشون الدجاج بأعلى نسبة لوجود جين الصويا *CP4EPSPS* وبنسبة (75%) مقارنة بالصوصج (25%) بينما كانت جميع عينات المارتديلا والمصنعة من لحوم الدواجن سالبة لتواجد جين الصويا، واقترنت الزيادة بوجود أدلة التعديل الوراثي المتمثلة بتسلسل الدنا المحفز *35SP* في لحوم المارتديلا ولانشون الأبقار بنسبة (50%) و(41.67%) على التتابع ولحوم لانشون الدجاج (58.33%) مقارنة بالصوصج في حين كانت عينة واحدة فقط من لحوم اللانشون موجبة لتواجد الدنا الناهي *T-nos* وبنسبة (8.33%) وجميع عينات لحوم الأبقار الأخرى المصنعة المحلية والمستوردة سالبة لتواجد تسلسل الدنا المحفز *35SP* والدنا الناهي *T-nos*، وبعكس ذلك أعطت عينتان فقط من لحوم لانشون الدجاج نتيجة موجبة لتواجد تسلسل الدنا الناهي *T-nos* وبنسبة (16.67%). وتبين من نتائج الدراسة تواجد جين اللكتين *Lec1* في لحوم لانشون الدجاج في ثلاث عينات وبنسبة (25%) بينما كانت باقي عينات اللحوم في الدراسة سالبة لتواجد جين اللكتين وجين الذرة *Ze1*.

كشفت نتائج الدراسة عن وجود جين الصويا المعدلة وراثيا *CP4EPSPS* في ثماني عينات من خلطات أعلاف الدواجن وبنسبة (40%) وجين اللكتين *Lec1* في 14 عينة وبنسبة (70%) وجين الذرة المعدلة وراثيا *Ze1* في 11 عينة وبنسبة (55%) وتسلسل الدنا المحفز *35SP* في خمس عينات وبنسبة (25%) فضلا عن تواجد جين الصويا المعدلة وراثيا وجين اللكتين في عينات الصويا المستوردة التي تضاف في أعلاف الدواجن وبنسبة (83.33%)، وأظهر الكشف عن جين الذرة المعدلة وراثيا *Ze1* في عينات الذرة المستوردة أن أربعة عينات من الذرة موجبة لإحتوائها على جين *Ze1* وبنسبة (66.67%) مع وجود تسلسل الدنا *35SP* فيها وبنسبة (50%)، وكانت جميع عينات العلف سالبة لوجود الدنا الناهي *T-nos*.

وأوضحت نتائج تتابع تسلسل القواعد النيتروجينية لجزيء DNA لست عينات واعتمادا على جين الصويا المعدلة وراثيا *CP4EPSPS* نسبة تطابق 92.96% مع العينات القياسية المثبتة في المركز الوطني للتكنولوجيا الحيوية، وبين تحليل شجرة النشوء الجيني وجود تشابه بين العينات المحلية اعتمادا على البعد الوراثي وتقاربت مع جينات معدلة وراثيا والمسجلة في كل من بلجيكا والولايات المتحدة والصين وسويسرا وألمانيا والمسجلة بالأرقام التسلسلية LT724735.1 وEU259514.1 وLT725408.1 وJN681269.1 وEU327493.1 وHG699545.1 وJX185747.1.

University of Mosul

College of Veterinary Medicine

Molecular Detection of Genetic Modification Evidence in Meat, Meat Products and Feed in Mosul City

Mohammed Hazem Mohammed Abdulla

MSc/Thesis

Veterinary Medicine / Veterinary Public Health

Supervised by

Professor

Muntaha Ghazi Hasan

2025 A.D **1447 A.H**

Abstract

With the continuous development in food production and manufacturing technologies, some foods in general and animal products in particular are still the subject of controversy in terms of food safety and security. Specifically, foods that contain genetically modified additives during the manufacturing and preparation process of these food products for the purpose of providing them to consumers, especially in developed countries that have the capabilities of genetic engineering technologies and harness them to achieve sustainable development goals at the agricultural level in terms of the production of agricultural crops that are added as raw materials in the preparation of farm animal feed or as additives during food manufacturing, the most important of which are processed meats such as luncheon meat, mortadella, and sausage. Developing countries are the largest consumers of products containing genetically modified additives, imported from these developed countries without safety controls. Therefore, they pose a risk to consumer health and the environment. Thus, the current study aimed to detect some genetically modified additives in meat and meat products displayed for consumption in the city of Mosul. 112 samples of local, imported, and processed meats were collected and displayed for consumption in the markets of Mosul city for the period from August 2024 to January 2025. 64 samples of processed meats, including (sausage, luncheon meat, and mortadella), and 48 samples of imported frozen beef and poultry, as well as local meat. The study also included collecting 44 samples of poultry mixed diets, soybean meal and corn, approved for feeding local poultry from some feed manufacturing plants, and relying on the polymerase chain reaction (PCR) technique to detect the presence of genetic modification evidence represented by both the *35S* promoter gene and the *T-nos* termination gene, in addition to detecting the

presence of the gene specialized in genetically modified soybean (*CP4EPSPS*) and the lectin gene *Lec1*, in addition to the genetically modified corn gene *Ze1*. The results of the study showed that (33) samples out of 112 samples of different meat were positive to the presence of the genetically modified soybean gene *CP4EPSPS*, at a rate of (29.46%), and that the highest significant percentage of the presence of soybean genes was in processed meat, at a rate of (73%) compared to imported and local meat, noting that the highest significant percentage of the presence of the genetically modified soybean gene was in processed beef, at a rate of (67%), compared to processed poultry meat (33%), and the highest percentage of the presence of the genetically modified soybean gene *CP4EPSPS* was recorded in luncheon meat processed from beef, at a rate of (56%), compared to sausage and mortadella samples, at a rate of (25%) and (19%), respectively. The study showed that poultry luncheon meat had the highest percentage of the presence of the soybean gene *CP4EPSPS*, at (75%), compared to sausage (25%), while all samples of mortadella and processed poultry meat were negative for its presence. The increase was associated with the presence of genetic modification evidence represented by the *35S* promoter gene in mortadella and beef luncheon meat at (50%) and (41.67%), respectively, and poultry luncheon meat (58.33%) compared to sausage, while only one sample of luncheon meat was positive for the presence of the *T-nos* gene, at (8.33%), and all other samples of local and imported processed beef were negative for the presence of the *35S* promoter gene and the *T-nos* gene. In contrast, only two samples of poultry luncheon meat gave a positive result for the presence of the *T-nos* gene, at (16.67%). The results of the study showed the presence of the lectin gene *Lec1* in poultry luncheon meat in three samples at a rate of (25%), while all meat samples in the study were negative for the presence of the lectin gene and the corn gene *Ze1*. The results of the study revealed the presence

of the genetically modified soybean gene *CP4EPSPS* in eight samples of poultry mixed diets at a rate of (40%), the lectin gene *Lec1* in 14 samples at a rate of (70%), the genetically modified maize gene *Ze1* in 11 samples at a rate of (55%), and the *35S* promoter gene in five samples at a rate of (25%), in addition to the presence of the genetically modified soybean gene and the lectin gene in imported soybean samples added to poultry mixed diets at a rate of (83.33%). The detection of the genetically modified maize gene *Ze1* in imported maize samples showed that four maize samples were positive for containing the *Ze1* gene at a rate of (66.67%), with the presence of the *35S* gene in them at a rate of (50%), and all feed samples were negative for the presence of the *T-nos* terminator gene. The results of sequencing the nitrogenous bases of the DNA molecule of six samples, based on the genetically modified soybean *CP4EPSPS* gene, showed a 92.96% match rate with the standard samples registered at the National Center for Biotechnology. The phylogenetic tree analysis showed a similarity between the local samples based on the genetic dimension and they were close to genetically modified genes registered in Belgium, the United States, China, Switzerland, and Germany, registered with the serial numbers LT724735.1, EU259514.1, LT725408.1, JN681269.1, EU327493.1, HG699545.1, and JX185747.1.