



Geschmäcker

sind verschieden –

Gene

auch!

Inhaltsverzeichnis

1. Abstract	3
2. Motivation	5
3. Gene für Geschmack	7
3.1 TAS2R38	9
3.2 Molekularbiologischer Hintergrund	12
4. Gesunde Pflanzen	14
4.1 Aronia	14
4.2 Stevia	18
5. Daten/Proben sammeln	21
6. DNA-Labor	24
6.1 DNA-Sonden und qPCR	24
6.2 Laborprotokoll	29
6.3 Auswertung	31
7. Data Mining - Ergebnisse	32
8. DNA und Datenschutz	39
8.1 Statements der Bevölkerung	40
8.2 Statement des Experten	41
9. Rezepte	43
10. Eindrücke und Statements	47
11. Team	54
12. Partner und Sponsoren	55



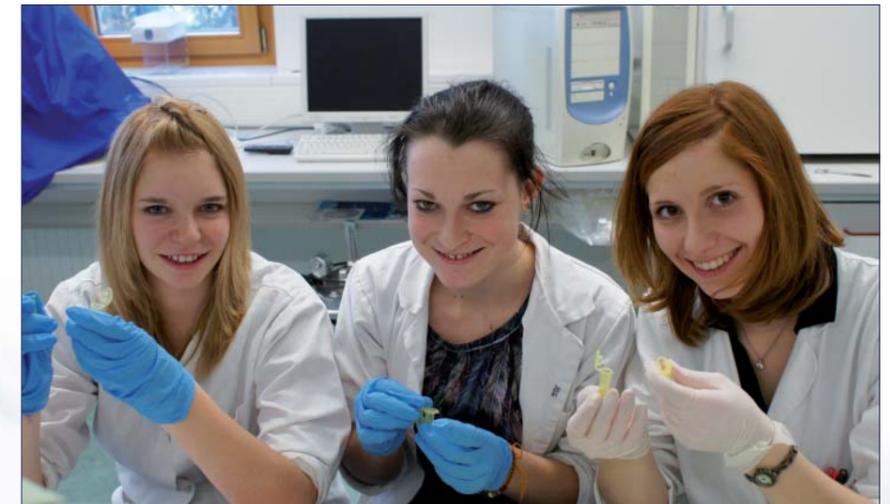
Höhere land- und forstwirtschaftliche Schule
Landwirtschaft
www.ursprung.at

Schuljahre 10/11 11/12

Impressum:
Höhere land- und forstwirtschaftliche Schule
HLFS Ursprung
Ursprungstraße 4
5161 Elixhausen
0043 662 480301
<http://www.ursprung.at>
<http://steviaron.ursprung.at>
Kontakt: konrad.steiner@sbg.ac.at

1. Abstract

Sind Gene ausschlaggebend dafür, ob uns ein Lebensmittel schmeckt oder nicht? Kann bald die Lebensmittelindustrie mittels DNA-Datenbanken kalkulieren, wie ein neues Produkt beim Konsumenten ankommen werde? SchülerInnen der HLFS Ursprung untersuchten diese Fragestellungen anhand eines menschlichen Gens, das das Empfinden von Bitternis auf der Zunge mitbestimmt. Sie nahmen DNA-Proben von über 400 ProbandInnen, die gleichzeitig definierte Bitterstoffkonzentrationen, eine Reihe von mit Stevia gesüßten Nahrungsmitteln sowie eigens entwickelte Apfelbeeren-Getränke kosteten und bewerteten.



Beim Menschen sind 25 Gene für die Rezeption von bitterem Geschmack bedeutsam, wobei das Gen TAS2R38 besonders gut untersucht ist. Die Entschlüsselung dieses Gens zeigte, dass es an drei Stellen punktuell variieren kann, es also drei SNPs gibt (SNP = Single Nucleotide Polymorphism = Einzelnukleotid-Polymorphismus). Je nachdem, welche dieser Punktmutationen im Gen vorliegen, ändert sich die „Bauweise“ des Rezeptors auf der Zunge und damit seine Funktion hinsichtlich der Bitternis-Wahrnehmung. Und tatsächlich haben die Versuche der SchülerInnen gezeigt: kleine Variationen im Erbgut bewirken große Unterschiede im Geschmackempfinden. Das kann so weit gehen, dass einer bereits bei geringsten Mengen von einem gewissen Bitterstoff angeekelt das Gesicht verzieht, während der andere ihn selbst bei sehr hoher Dosierung nicht wahrnimmt.

Von den gesammelten (und anonymisierten) rund 400 DNA-Proben konnten die jungen ForscherInnen 296 erfolgreich im Schullabor auf diese 3 SNPs analysieren und mit den Verkostungen verknüpfen. Dabei machten sie eine erstaunliche Entdeckung: Menschen, die die sogenannte „PAV/PAV“-Variante des Gens tragen, empfanden Stevia nie als unangenehm, sie bewerteten alle Kostproben positiv oder zumindest neutral. Der Clou ist, dass PAV/PAV sogenannte Super-SchmeckerInnen auszeichnet, d.h. Personen, die Bittergeschmack sehr fein wahrnehmen können. Das Ergebnis der SchülerInnen widerspricht also der gängigen Arbeitshypothese, dass Menschen vom Genotyp PAV/PAV Stevia wohl eher nicht mögen würden. In der kleinen Stichprobe der SchülerInnen kam der „Stevia-Genotyp“ PAV/PAV zu 7% vor, wissenschaftlichen Untersuchungen zufolge haben jedoch bis zu 14% der Europäer diesen Genotyp (vgl. Lit. 3), müssten also Stevia als wohlschmeckend empfinden. Das Ergebnis der SchülerInnen ist laut den statistischen Berechnungen hochsignifikant und zu 99% zuverlässig.

Stevia wurde aus aktuellem Anlass ausgewählt: Der kalorienfreie Süßstoff der Stevia-Pflanze wird voraussichtlich 2011 von der EU zugelassen, Lebensmittelkonzerne haben bereits entsprechende Produkte in den Startlöchern. Es ist allerdings bekannt, dass manche Menschen die Stevia-Süße als metallisch, medizinisch oder bitter,



kurz gesagt: als unangenehm empfinden. Diesem Phänomen wollten die Schüler molekularbiologisch auf den Grund gehen.

Daneben interessierten sich die jungen WissenschaftlerInnen auch für die Geschmacks-Wahrnehmung bei eigens entwickelten Apfelbeeren-Getränken. Die Aronia – so der wissenschaftliche Name der Apfelbeere – soll laut jüngeren Studien ja sehr gesundheitsfördernd sein und sogar Krebs vorbeugen (vgl. Lit. 2), schmeckt allerdings sehr bitter und adstringierend (d.h. grob gesagt, sie sorgt dafür, dass es „einen zusammenzieht“). Laut Hypothese sollte das Gen TAS2R38 also auch für die Geschmackswahrnehmung bei der Apfelbeere eine Rolle spielen. In der statistischen Auswertung der gesammelten Daten zeigten sich Geschmackstrends, die man bestimmten Genvarianten von TAS2R38 zuordnen kann, ebenfalls statistisch signifikant. Weitere Aufklärung müssten hier aber Versuche bringen, die einerseits die vielen verschiedenen Inhaltsstoffe der Apfelbeere, andererseits weitere Geschmacks-Gene berücksichtigen.

Last but not least interessierte man sich auch für ethische Aspekte: Wenn es SchülerInnen schaffen, aus menschlichen DNA-Proben Informationen über das Geschmacksempfinden herauszulesen, welche Fakten muss dann erst ein professionelles Labor daraus entschlüsseln können, z.B. über Krankheiten oder persönliche Eigenschaften? Wer kümmert sich darum, dass diese sensiblen Daten nicht in falsche Hände geraten? Der Gesetzgeber kann den rasanten Entwicklungen in der Gentechnologie nur hinterherhinken. Gebote oder Verbote können erst geschaffen werden, wenn feststeht, was es eigentlich zu regeln gibt bzw. wenn absehbar wird, welche Entwicklungen kontrolliert oder verhindert werden müssen. Auf einer großen Ausstellung im Haus der Natur, bei der die Daten für das Projekt gesammelt wurden, machten die SchülerInnen auch auf diese Problematik aufmerksam und führten Interviews zum „DNA-Datenschutz“.

Gesundheit
Empfinden
Stevia
Chlorogensäure
Haus der Natur
Motivation
Aronia
Entschlüsselung
Cytosin
Kekse
Ehrgeiz
Reaktionen

Süße
Interesse
Neugierde
Durchhaltevermögen

Verkostung
Eigenregie
Rezeptorproteine
Statistik
Chemie
HLFS Ursprung
Identität
Ernährung
DNA
Eklig
Nahrungsmittelkonzerne,

Gesetz
Erbgut
Non-Taster
Ergebnis

Auswertung
Unterschiede
Cappuccinpulver
High-Tech-Ausrüstung

Literatur:

1.) Kim UK, et al. 2003.
 Positional cloning of the human quantitative trait locus underlying taste sensitivity to phenylthiocarbamide. *Science*. 299:1221–1225.

2.) Kokotkiewicz A, et al 2010
 Aronia plants: a review of traditional use, biological activities, and perspectives for modern medicine. *J Med Food*. 13(2):255-69.

3.) Sausenthaler S. et al 2009
 Lack of Relation Between Bitter Taste Receptor TAS2R38 and BMI in Adults. *Obesity* 17 5, 937-938

2. Motivation

Was bewegt SchülerInnen dazu, bei einem Projekt wie „Geschmäcker sind verschieden – Gene auch!“ mitzumachen?

Es ist sehr spannend, auf wissenschaftliche Weise Dinge zu ergründen oder mitunter sogar neu zu „erfinden“. Für uns alle war das etwas, was wir in dieser Form noch nicht erlebt hatten. Man kann sozusagen dem Schulalltag entfliehen und sich in die Gen- und Biotechnologie stürzen. Jedes Teammitglied kann die eigenen Ideen und Vorstellungen einbringen und umsetzen.

Bei all dieser grundsätzlichen Faszination für die Wissenschaft war das Projektthema das i-Tüpfelchen: Warum hat jeder ein anderes Geschmacksempfinden, ob das etwas mit den Genen zu tun hat? Die Reaktionen der Menschen beim Kosten unserer verschiedenen Bitterstofflösungen bleiben unvergesslich: Der eine verzog schon bei geringsten Konzentrationen des Test-Bitterstoffes angeekelt das Gesicht, während die andere daneben eine 100-mal höhere Konzentration probierte und rein gar nichts schmeckte. Auch die anschließenden kniffligen Analysen im Labor: sensationell. Wir



konnten mit einer High-Tech-Ausrüstung arbeiten, die SchülerInnen normalerweise eher schwer zugänglich sein dürfte. Sehr faszinierend war der Weg zuerst von der Speichelprobe zur DNA und dann das Aufspüren der Punktmutationen im Hightech-Labor der Schule mittels DNA-Sonden und qPCR. Wir analysierten je drei Punktmutationen (sogenannte SNPs) auf einem Gen, das für das Geschmacksempfinden von Bitternis mit zuständig ist – und das bei über 400 (!) menschlichen DNA Proben. Konnte man nun diese Analysen mit dem Geschmacksempfinden der Versuchspersonen verknüpfen, denen wir den Süßstoff Stevia und die Apfelbeere (Aronia) zum Probieren gaben? Top-motiviert und mit einem gemeinsamen Ziel vor Augen stürzten wir uns in die Arbeit.

Ein Teil des Projektes war es, eigene Rezepte für unsere Versuchsserien zu entwickeln – und wir hätten nicht geglaubt, was dabei alles schiefgehen kann. Es brauchte einige Anläufe, bis wir stolz unsere hauseigenen Produkte verkosten lassen konnten. In der Zwischenzeit gibt es aber sogar schon einige Anfragen für unsere Rezepte: Die Kombination zweier „Wunderpflanzen“ – der gesunden, aber bitteren Aronia mit dem kalorienfreien, natürlichen Süßstoff der Steviapflanze – trifft genau die Ansprüche des modernen und gesundheitsbewussten Menschen.

Wir hatten im Team das Gefühl, etwas Großes zu schaffen. Viele von uns wuchsen über sich hinaus. Die gegenseitige Anerkennung der Arbeit motivierte, das gemeinsame Ziel spornte auch bei Durchhängern immer wieder an.



3. Gene für Geschmack

Was bringt unser Projekt der Wirtschaft oder der Gesellschaft?

Der Gedanke ist faszinierend und unheimlich zugleich: in den Genen nachzuschauen, ob jemandem ein Lebensmittel schmecken wird oder nicht. Wir befinden uns am Ende eines Jahrzehnts, wo die komplette Sequenzierung von menschlicher DNA sehr schnell und kostengünstig geworden ist. Das 1000 Genom Projekt ist fast fertiggestellt (siehe Kasten). In absehbarer Zeit könnte es für Lebensmittelhersteller möglich sein, bereits im Vorfeld zu kalkulieren, welchem Prozentteil der Bevölkerung ein Produkt schmecken wird. Man könnte gezielt Geschmackstoffe auswählen, die zum Genotyp der Zielgruppe passen. Schräg ist die Vorstellung von „Design-Aromen“, die genau auf die Geschmacksrezeptoren auf der Zunge zugeschnitten sind. Ob dies wünschenswert ist, sei dahingestellt, jedenfalls gibt es schon Biotech-Firmen, die genau in diesem Bereich forschen. So sucht man z.B. Bitterstoffhemmer für künstliche Süßstoffe und arbeitet an Aromastoffen, die uns vorgaukeln können, Zucker zu sein, weil sie auf dieselben Geschmacksrezeptoren wie dieser passen.

Das eigene Erbgut ist ja wohl das Privateste, was es geben kann. Und doch ist dieser Umstand kaum jemandem bewusst. Das merken wir bei unseren vielen Gesprächen mit den Menschen bei unserer Probensammlung. Wir beschlossen, dass unser Projekt auch mithelfen sollte, ein Bewusstsein für den Gen-Datenschutz zu schaffen. Einige in unserem Team wurden beinahe zu „Missionaren“ in dieser Sache.

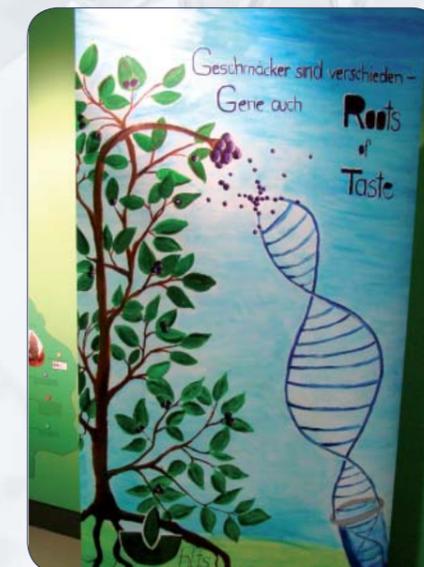


Das 1000-Genome-Projekt: Ende 2008 setzte es sich ein internationaler Verband von Wissenschaftlern zum Ziel, die Genome von rund 1000 Menschen aus aller Welt komplett zu sequenzieren. Das Projekt soll 2012 abgeschlossen sein, die Daten sollen dann der Forschung weltweit frei zugänglich gemacht werden. Bisher wurden rund 15 Mio. SNPs entdeckt.

Was sind Gene?

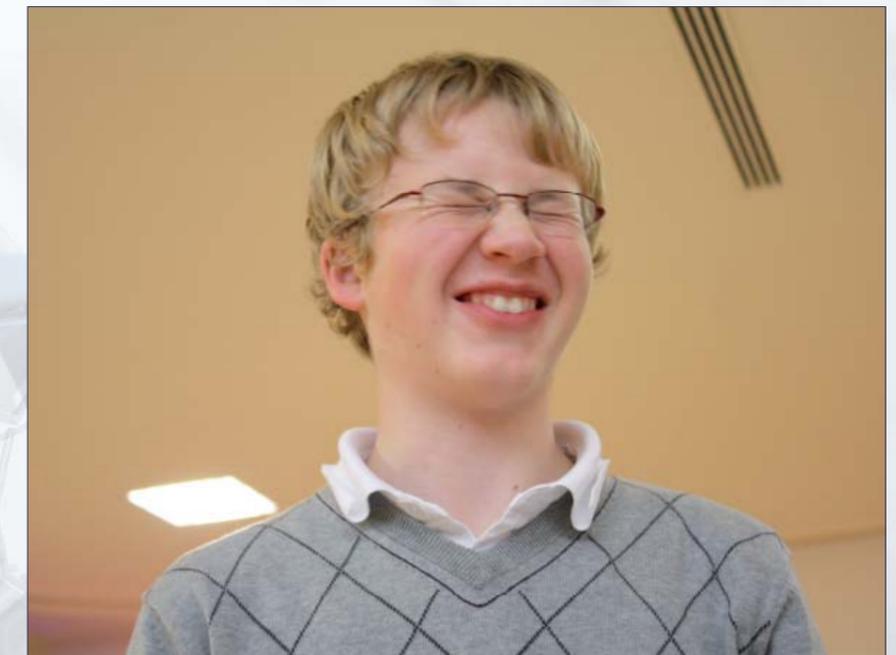
Der menschliche Körper ist aus vielen Milliarden Zellen aufgebaut, die zusammengesetzt unser Gewebe bilden. Jede einzelne Zelle trägt einen vollständigen Bauplan in Form von Genen in sich, der die verschiedenen Eigenschaften und Mechanismen unseres Körpers steuert. Gene bestimmen bspw. die Farbe unserer Augen oder unserer Haare oder welche Körpergröße wir erreichen.

Dieser Bauplan ist auf 23 Chromosomenpaaren lokalisiert, die aus DNA (Desoxyribonukleinsäure) bestehen. Wie in einem Buch einzelne Buchstaben einen Text ergeben, so codieren in der DNA einzelne chemische Bausteine, sogenannte Basen, die gesamte Erbinformation. In der DNA eines Menschen kommen vier verschiedenen Basen vor: Adenin, Thymin, Guanin und Cytosin. Dabei bildet immer Adenin mit Thymin und Guanin mit Cytosin ein Basenpaar. Das menschliche Genom (d.h. die Gesamtheit der Erbinformation) enthält ca. 3 Milliarden Basenpaare. Wenn sich die Erbinformation von Mensch zu Mensch auch nur geringfügig unterscheidet, so macht dennoch seine DNA jeden Menschen (mit Ausnahme eineiiger Zwillinge) zum absoluten Individuum.



Gene für Geschmack

Gene haben allerdings nicht nur auf rein äußerliche Merkmale wie Haar- und Augenfarbe Einfluss, sondern z.B. auch auf Geschmacks- und Geruchssinn. Das heißt: auch die Sensibilität bei der Wahrnehmung von Geschmacksreizen ist genetisch bedingt und individuell unterschiedlich. Einer der wichtigsten Faktoren ist die Anzahl der sich auf der Zunge befindlichen Geschmackszellen. Es wird unterschieden zwischen SuperschmeckerInnen mit im Mittel etwa 425 Geschmacksknospen, NormalschmeckerInnen mit etwa 180 und NichtschmeckerInnen mit nur etwa 100 Geschmacksknospen pro cm². SuperschmeckerInnen nehmen Geschmacksreize generell wesentlich intensiver wahr, vor allem Bitterstoffe aber auch geschmackliche Schärfe. Der Geschmackssinn beeinflusst maßgeblich die Auswahl von Nahrungsmitteln und damit das Ernährungsverhalten.



Geschmacksstoffe interagieren mit entsprechenden Rezeptoren in der Mundhöhle: Sogenannte TAS1-Rezeptoren (TAS steht für Taste) fungieren als Kaloriensensoren und erkennen tierisches Eiweiß bzw. Kohlenhydrate wie Zucker, TAS2-Rezeptoren erkennen Bitterstoffe. Die genetische Variabilität der TAS2-Rezeptoren führt zu Wahrnehmungsunterschieden z.B. bei den Bitterstoffen Phenylthiocarbamid (PTC) und Propylthiouracil (PROP). Zurückzuführen sind die Unterschiede hier auf die Varianten des Bittergeschmack-Rezeptor-Gens TAS2R38. 70% der Europäer nehmen diese Substanzen bis zu 1000-mal besser wahr als die restlichen 30% der Bevölkerung. Schon seit einiger Zeit sind die 25 für die Bitternis-Wahrnehmung

verantwortlichen TAS2R-Gene entschlüsselt, von denen es zusätzlich noch verschiedene Varianten (Haplotypen) gibt. Ihnen gegenüber stehen in der Natur tausende unterschiedliche Bitterstoffe, die von den Menschen je nach genetischer Grundlage erschmeckt werden können bzw. mehr oder weniger intensiv wahrgenommen werden. Das Genom bestimmt die Beschaffenheit der Rezeptoren auf der Zunge. Wenn ein bestimmter Bitterstoff nicht zur Form des Rezeptors auf der Zunge passt, kann der Geschmack nicht wahrgenommen werden.

Wir haben nur eines der 25 TAS2R-Gene unter die Lupe genommen, also nur einen einzelnen Geschmacksrezeptortyp untersucht. Mit anderen Worten: Es gibt ein großes Potential noch zu erforschender Informationen.

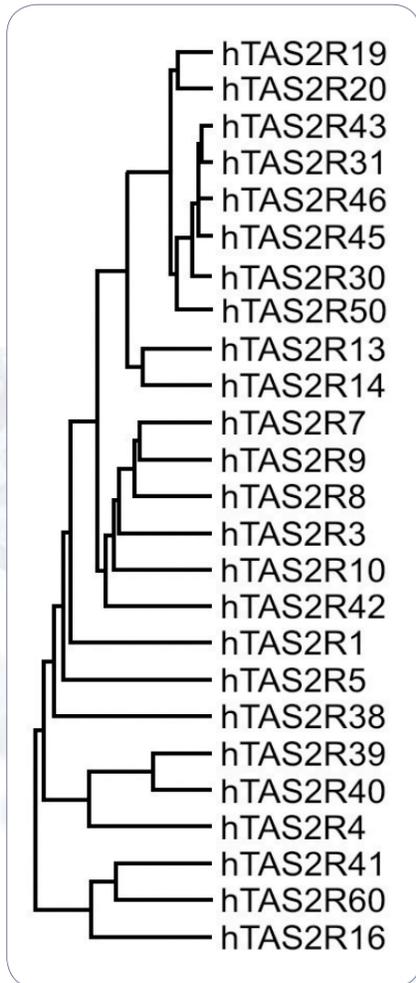


Abb.1: die humane TAS2R Familie



3.1 TAS2R38

Auf der menschlichen Zunge befinden sich zahlreiche Geschmackspapillen. Es gibt drei Typen von Papillen auf der Zungenoberfläche, die unterschiedlich verteilt sind. Auf ihnen sind die so genannten Geschmacksknospen angesiedelt. Nur einige der ca. 100 Zellen einer Geschmacksknospe sind die eigentlichen Sinneszellen, also die sogenannten Geschmacksrezeptoren.

Diese sind spezielle Empfangsstellen für Geschmacksstoffe, dank derer wir die „Richtung“ eines Nahrungsmittels geschmacklich einordnen können in süß, sauer, salzig, bitter und umami. Wir schmecken etwas, wenn lösliche Stoffe die Geschmacksrezeptoren reizen, wodurch ein elektrischer Impuls an das Gehirn weitergegeben wird. Früher sprach man fälschlicherweise von Geschmackszonen. Mittlerweile ist jedoch bekannt, dass jeder Bereich auf der Zunge alle Geschmacksrichtungen wahrnimmt, aber mit jeweils unterschiedlicher Sensibilität. Bei der Erforschung dieser Mechanismen ist die Wissenschaft in jüngster Zeit bedeutend vorangekommen.

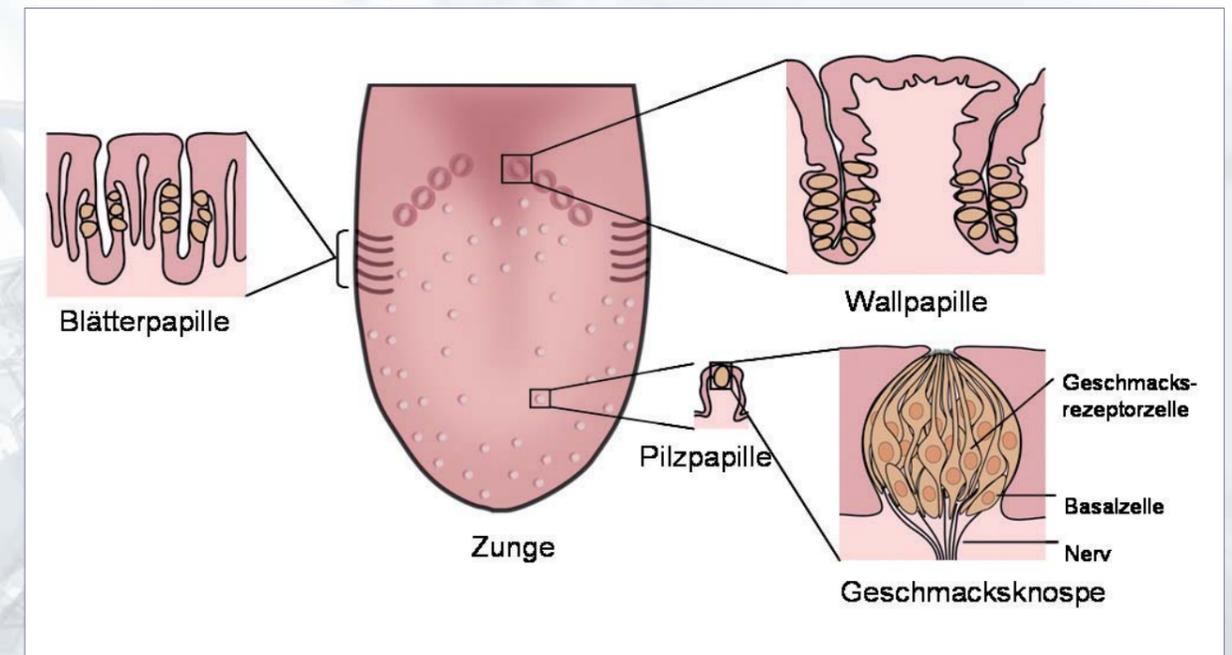


Abb.1 Geschmackspapillen. Quelle: Wolfgang Meyerhof, Deutsches Institut für Ernährungsforschung

Mithilfe der Geschmacksrezeptoren ist der Mensch in der Lage, eine breite Palette an Bitterstoffen zu schmecken. Die Bitterstoffe können nicht in die Geschmacksrezeptoren gelangen, aber sie aktivieren Rezeptormoleküle auf der Außenseite der Rezeptoren, sogenannte TAS2Rs (nach neuerer Nomenklatur hTAS2R, wobei das h für engl. human steht). Ein einzelner Rezeptor kann durch eine Vielzahl chemischer Substanzen aktiviert werden. Die Bitterstoffe ihrerseits sind ebenfalls in der Lage, nicht nur einen, sondern mehrere Rezeptoren zu aktivieren. Bei der Bildung dieser Bitternis-Rezeptoren bedient sich der menschliche Organismus jener „Baupläne“, die auf den 25 sogenannten TAS2R Genen in der DNA gespeichert sind. In unserem Projekt haben wir uns genau auf ein Gen aus dieser Familie konzentriert, nämlich das TAS2R38 (= taste receptor, type 2, member 38).

Das TAS2R38 ist ein Gen, das für die Bildung jener Geschmacksrezeptoren verantwortlich ist, die den Bitterstoff PTC bzw PROP schmeckbar machen. Es tritt in verschiedenen Formen auf, insofern es über

Quellen:

- <http://www.chemlin.de/news/mar05/2005030102.htm>
- <https://www.thieme-connect.com/ejournals/abstract/akternmed/doi/10.1055/s-0028-1090132>
- <http://www.dnaplus.de>
- <http://de.wikipedia.org>
- http://www.rp-online.de/wissen/umwelt/Was-Fliegen-auf-der-Zunge-liegt_aid_51891.html



drei SNPs verfügen kann, d.h. drei Stellen hat, an denen die Basenabfolge der DNA durch Punktmutation geringfügig variieren kann. In Abhängigkeit von den Punktmutationen ändern sich die bei der Synthese verwendeten Aminosäuren, wodurch unterschiedliche Rezeptor-„Bauarten“ entstehen. Die unterschiedlichen Bauarten sind der Grund, warum jeder Mensch Bittergeschmack anders wahrnimmt. Von den acht möglichen Formen gelten zwei als Hauptformen. Sie werden PAV und AVI genannt. Die PAV-Variante des TAS2R38-Gens führt zu einer intensiven Bitterwahrnehmung. Besitzt eine Person hingegen die mutierte andere AVI-Variante, zählt sie sehr wahrscheinlich (80%) zu den PTC- bzw. PROP-Nichtschmeckern.

Alle Substanzen, die diesen TAS2R38-Rezeptor aktivieren – also bitter schmecken – enthalten eine bestimmte gemeinsame Struktur, nämlich eine N-C=S Gruppe (siehe Kasten). Vor rund 80 Jahren entdeckte der Chemiker Arthur Fox durch einen Zufall, dass sich Menschen bezüglich der Fähigkeit, die Chemikalie PTC als bitter wahrzunehmen, in 2 Gruppen unterteilen ließen: Beim Versuch, etwas PTC-Pulver in eine Flasche umzufüllen, verschüttete er etwas davon, es staubte. Während sich sein Assistent sogleich über einen bitteren Geschmack im Mund beklagte, schmeckte Fox gar nichts, nicht einmal, als er die Kristalle direkt in den Mund steckte. Daraus schloss er, dass es Menschen mit verschiedener Geschmacks-Sensibilität gab, er definierte sie als SchmeckerInnen und NichtschmeckerInnen. Die daraufhin durchgeführte Studie von Albert Blakeslee zeigt, dass die Fähigkeit, PTC zu schmecken, eine dominante genetische Eigenschaft ist. Die ersten Geschmacks-Experimente fanden also schon vor über 50 Jahren statt, lange vor der modernen Molekularbiologie und der Entdeckung der TAS2R-Genfamilie. Das PTC sowie zahlreiche weitere Chemikalien, die bei solchen Untersuchungen verwendet bzw. als bitter identifiziert wurden, enthalten diese N-C=S Gruppe. Damals war es natürlich unmöglich, die molekularen Grundlagen zu klären, die zur Entstehung dieses Unterschiedes führten. Man konnte nicht ahnen, dass insbe-



Phenylthiocarbamid (C₇H₈N₂S), kurz PTC, ist eine organische Substanz, die einen bitteren Geschmack aufweist. Da diese Substanz in höheren Dosen krebserregend ist, wird in der medizinischen Forschung der Bitterstoff PROP (oder: 6-n-propylthiouracil) bevorzugt. Im Gegensatz zu PTC ist PROP in der verwendeten Dosierung unbedenklich für den menschlichen Organismus. In manchen Gemüsesorten (wie z.B. Brokkoli, Rettich oder Rosenkohl) werden sekundäre Pflanzenstoffe, sogenannte Glucosinolate gebildet, die die gleichen Strukturmerkmale wie PROP und PTC aufweisen, d.h. ebenfalls die Bitter-Rezeptoren ansprechen. Daher mögen manche Menschen, oft Kinder, diese Gemüsesorten nicht.



sondere der TAS2R38-Rezeptor für dieses Phänomen verantwortlich war.

Das Gen für den PTC-Geschmacksrezeptor, TAS2R38, wurde 2003 identifiziert (vgl. Drayna, Kim et al 2003). Ein Jahr später folgten dann die ersten Versuche über das Geschmacksempfinden von PTC und PROP verknüpft mit bitteren Lebensmitteln wie Rotwein, Kohl, Artischocken aber auch Spinat. Zwischen 2004 und 2005 erforschte man, dass drei Punktmutationen auf diesem Gen die die unterschiedlichen Geschmackswahrnehmungen bewirken. Im Jahr 2008 schlug Hayes vor, den Begriff Supertaster (also Superschmecker) nicht mehr zu verwenden, da für die Geschmackswahrnehmung mehrere Gene zuständig seien.

Literatur:

Fox AL. 1932.
The relationship between chemical constitution and taste.
Proc Natl Acad Sci USA. 18:115–120.

Blakeslee AF. 1932.
Genetics of sensory thresholds: taste for phenylthiocarbamide.
Proc Natl Acad Sci USA. 18:120–130.

Drayna D, Coon H, Kim UK, Elsner T, Cromer K, Otterud B, Baird L, Peiffer AP, Leppert M. 2003.
Genetic analysis of a complex trait in the Utah Genetic Reference Project: a major locus for PTC taste ability on chromosome 7q and a secondary locus on chromosome 16p.
Hum Genet. 112:567–572.

Hayes E.J. et al. 2008,
Supertasting and PROP Bitterness Depends on More Than the TAS2R38 Gene,
Chem. Senses 33: 255–265,

Text frei nach:
Prof. Dr. Wolfgang Meyerhof
Deutsches Institut für Ernährungsforschung
14558 Potsdam-Rehbrücke

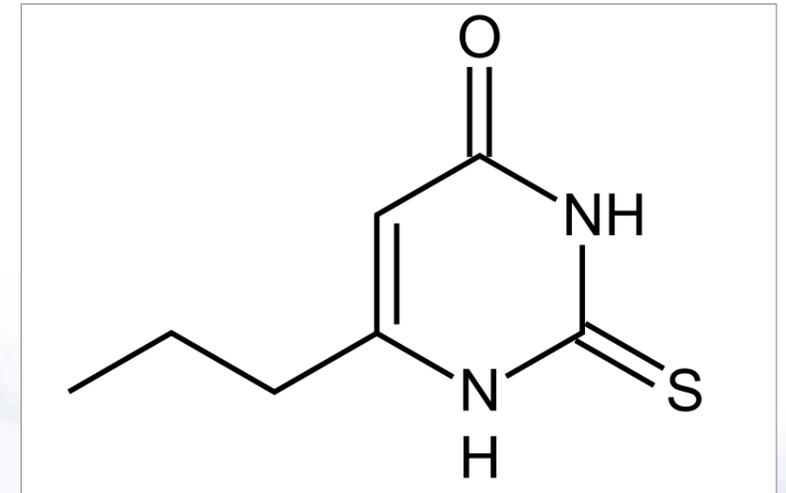


Abb 2. PROP, -N-C=S Gruppe rechts am Ring, C nur als Eckpunkt

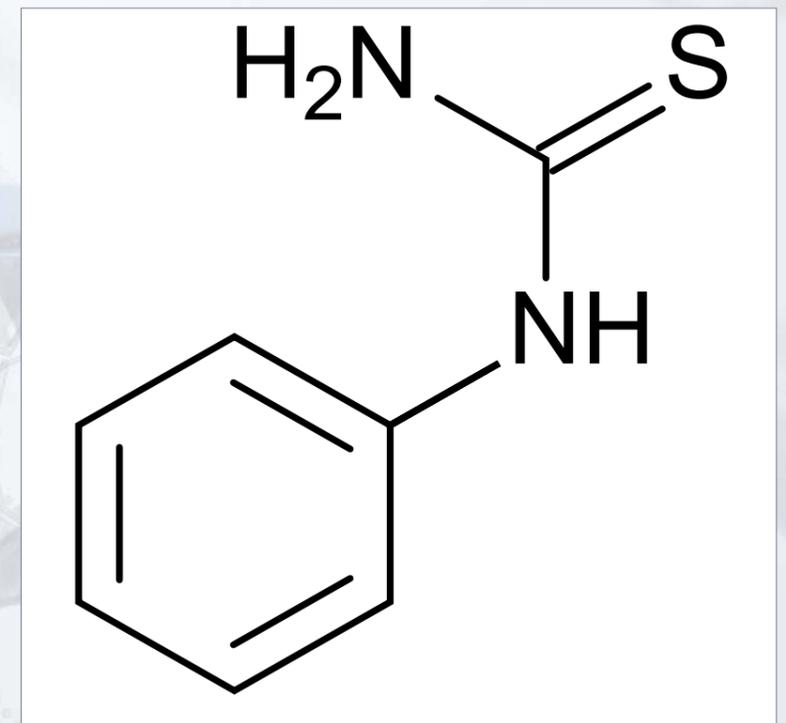


Abb 3. PTC, -N-C=S Gruppe in Seitenkette, C nur als Eckpunkt

Quellen:

• <http://www.spektrumdirekt.de/artikel/938948>
 • <http://www.spektrumdirekt.de>
 • <http://www.genecards.org/>
 • <http://www.rosenfluh.ch>
 • <http://www.hmo-platte.de/news/wenige-geschmacksrezeptoren-erkennen-tausende-bitterstoffe>
 • [http://de.wikipedia.org/wiki/Geschmack_\(Sinnesindruck\)](http://de.wikipedia.org/wiki/Geschmack_(Sinnesindruck))
 • "Feinschmecker gesucht!" von Prof. Dr. Meyerhof

3.2 Molekularbiologischer Hintergrund

Die verschiedenen Ausprägungen des von uns untersuchten DNA-Abschnittes entstehen durch drei so genannte Single-Nukleotid-Polymorphismen (SNPs). Das bedeutet, dass im Falle der Erbgutmutation genau ein einziger Baustein der DNA (eine Base) durch einen anderen ausgetauscht ist. Aufgrund der Neukombination ändert sich die ins Protein eingebaute Aminosäure und es kommt zu einer Veränderung in der Struktur des Rezeptors. So wirkt sich die Mutation auf die Geschmackswahrnehmung aus.

Die drei SNPs des Gens TAS2R38: An Aminosäureposition 49 des Rezeptorproteins kann Alanin durch Prolin ersetzt sein. Dies passiert, wenn auf der DNA an dieser Stelle die Base Guanin (G) durch

Laut der wissenschaftlichen Literatur ist der Typ PAV/PAV der Wildtyp und zeichnet Supertaster / SuperschmeckerInnen hinsichtlich PROP bzw. PTC aus. Das heißt: diese Genkombination ist seit Urzeiten zu finden und lässt Menschen besonders empfindlich auf bittere Substanzen reagieren. Unsere Vorfahren wurden so vor dem Verzehr giftiger Pflanzen geschützt.



Cytosin (C) ersetzt ist. Kurz wird dies oft als **Ala49Pro** oder A49P bezeichnet, wenn man es von der (Rezeptor-)Proteinseite betrachtet. Am Gen wurde das Basentriplett von **GCA zu CCA**. An Aminosäureposition 262 kann Valin durch Alanin ersetzt sein (**Val262Ala; GTT zu GCT**) und an Position 296 Isoleucin durch Valin (**Ile296Val; ATC zu GTC**).

Insofern diese Variationen im Erbgut unabhängig voneinander auftreten können ergeben sich acht verschiedene Kombinationsmöglichkeiten für dieses Gen, von denen in Europa jedoch hauptsächlich die Typen PAV und AVI vorkommen. Für den diploiden Erbsatz des Menschen – wir bekommen ja einen Chromosomensatz von unserem Vater und einen von unserer Mutter – gibt es also die Kombinationen PAV/PAV, AVI/AVI und PAV/AVI.



Die Kombination AVI/AVI macht Menschen zu sogenannten Nontastern / NichtschmeckerInnen. Diese können bittere Stoffe weit weniger gut wahrnehmen als Menschen vom Typ PAV/PAV. Der AVI/AVI-Typ setzte sich evolutionsmäßig erst später durch, als der geschmackliche Schutz vor giftigen Pflanzen dank des Ackerbaus und des gesammelten Wissens über die Natur an Wichtigkeit verlor.

Der Typ PAV/AVI ist eine Mischform. Durch seinen Anteil an empfindlichen Geschmacksrezeptoren kann er Bitterstoffe besser wahrnehmen als NichtschmeckerInnen, ist jedoch weniger empfindlich als SuperschmeckerInnen.

Es sei darauf hingewiesen, dass die Begriffe „Supertaster“ und „Nontaster“ in der neueren Literatur eher vermieden werden. Heute ist man überzeugt, dass diese Kategorisierung aufgrund der vielen für die Geschmackswahrnehmung relevanten Gene nicht so einfach zu treffen ist.

```

1 atgtgactc taactcgcg cgcactgtg tccatgaag tcaggagtac attctgttc
61 attcagtcg tggagttgc agtgggggtt ctgaccaatg ccttcgttt ctgtggaat
121 ttttgggat tagtgaagag gcag(G/Cca)ctg agcaacagtg attgtgtct gctgtgtctc
181 agcatcagcc ggcttttct gcatggactg ctgttctga gtgctatcca gcttaccac
241 ttcagaagt tgagtgaacc actgaaccac agctaccaag ccatcatcat gctatggat
301 attgcaaacc aagccaacct ctggctgtg gctgtcctca gctgtctta ctgctcaag
361 ctatccgtt tctctcacac ctctcgtatc tgctggcaa gctgggtctc caggaagatc
421 tcccagatgc tctgggat tattcttgc tctgcatct gactgtctc ctgtgttgg
481 tgcttttta gcagacctca ctccacagtc acaactgtg tattcatgaa taacaataca
541 aggctcaact gcagattaa agatctcaat tttttatt ctttctct ctgctatctg
601 tggctgtgc ctcttctc attgttctg gtttctctg ggatgctgac tgtctccctg
661 ggaaggcaca tgaggacaat gaaggctat accagaaact ctctgaccc cagcctggag
721 gccacatta aagccctcaa gtctctgtc tcttttct gcttcttgt gatcatcc
781 tgt(gT/Ct)gcct tcactctgt gccctactg attctgtgc gcgacaaaat aggggtgatg
841 gtttgttg ggataatgc agctgtccc tctggcatg cagcc(A/Gtc)ct gatctcaggc
901 aatccaagt tgaggagagc tgtgatgacc attctgctc gggctcagag cagcctgaag
961 gtaagagccg accacaaggc agattcccg acactgtct ga
    
```

LOCUS: NG_016141 1002 bp DNA linear PRI 23-MAY-2010
 DEFINITION Homo sapiens taste receptor, type 2, member 38 (TAS2R38),
 RefSeqGene on chromosome 7.
 ACCESSION NG_016141 REGION: 5085..6086
 VERSION NG_016141.1 GI:270265817
 ORGANISM Homo sapiens

Tab. 1. DNA Sequenz des TAS2R38, SNPs farbig markiert, ausgetauschte Basen in Blockbuchstaben

4. Gesunde Pflanzen

Im Rahmen unseres Projekts haben wir uns eingehend mit den Pflanzen Stevia (*Stevia rebaudiana*) und Aronia (*Aronia melanocarpa*) beschäftigt. Beide Pflanzen könnten in näherer Zukunft eine wichtige Rolle in unserer Ernährung spielen. Der Gesundheitswert der Stevia-Pflanze ist damit begründet, dass das aus ihr gewonnene Pulver als kalorienfreier Zuckerersatz verwendet werden kann. Die Aronia wiederum enthält viele Polyphenole, die als Fänger für freie Radikale dienen. Nebenbei wirkt sie auch antimutagen, krebshemmend, leberschützend und anti-diabetisch. Interessant war für uns allerdings hauptsächlich das Geschmacksempfinden: Die Aronia ist sehr bitter und auch das Steviapulver schmeckt in höheren Konzentrationen metallisch-bitter. Wir vermuteten also, dass für die Geschmackswahrnehmung bei Stevia und Aronia das Gen TAS2R38 eine entscheidende Rolle spielen könnte.

4.1 Aronia

Wir haben auf unserem Schulgelände 337 Aronia-Pflanzen gesetzt, um in den kommenden Jahren pflanzenbauliche und wirtschaftliche Schlüsse über diese Pflanze ziehen zu können.

Im folgenden Artikel wird die Pflanze und ihre Wirkungen näher erklärt. Die Hauptinformation stammt aus einem Werk der englischen Fachliteratur (Lit.1), das mit viel Mühe übersetzt wurde.

Einführung

Der Aronia-Strauch gehört zur Familie der Rosengewächse bzw. zur Unterfamilie der Kernobstgewächse. Die in Nordamerika heimische Aronia wird in zwei Gattungen unterteilt:

1. *Aronia melanocarpa* (= schwarze Apfelbeere)
2. *Aronia arbutifolia* (= rote Apfelbeere)



Die *A. melanocarpa* ist ein Strauch, der 90-180 cm hoch wird und violett-schwarze Beeren hat, die einen Durchmesser von ca. 6 mm haben. Sie wachsen in Trauben mit 8 bis 14 Früchten auf roten Stielen. Die Beeren der *A. melanocarpa* reifen und fallen schon früh ab, im Gegensatz zu jenen der *A. arbutifolia*, deren leuchtend rote Früchte bis in den Winter am Strauch bleiben. Die grünen Blätter sind auf der Unterseite matt-grau behaart und färben sich im Herbst rot.



Das Gebiet, wo die *A. melanocarpa* heimisch ist, erstreckt sich vom nordöstlichen Teil Nordamerikas und der Region der "Great Lakes" bis zu den höheren Teilen der Appalachen im Süden. Dort kommt sie in Bergmooren und auf kahlen Bergen vor. Die Aronia ist jedoch nicht in den Küstenebenen vertreten.

Anbau

Die meisten Informationen über den Aronia-Anbau beziehen sich auf die Art der *A. melanocarpa*, die sehr viele wertvolle Inhaltsstoffe enthält. Ihre Beeren werden für die Saft-, Marmelade- und Weinherstellung sowie als Quelle für natürliche Farbstoffe verwendet.

Die Pflanze wurde populär, nachdem sie im 19. Jahrhundert in Russland eingeführt worden war – ursprünglich als Beerensstrauch in Hausgärten. Der groß dimensionierte, kommerzielle Anbau der Aronia in der Sowjetunion be-

gann in den späten 1940er Jahren. Der Höhepunkt war wohl eine 17.800 ha große Anbaufläche in Sibirien (1984). Heutzutage wird die Aronia vor allem in Polen, der Tschechischen Republik, der Slowakei, Deutschland und der Ukraine im großen Stil angebaut. Die am häufigsten verwendeten Sorten sind 'Viking', 'Nero' und 'Aron'. Diese werden für die Massenobstproduktion verwendet.

Anwendung

Früher wurden die Früchte der *A. melanocarpa* von den in Nordamerika einheimischen Potawatomi als Tee gegen Verkühlungen verwendet. Aroniabeeren wurden auch zur Herstellung von Pemmikan verwendet, einem nahrhaften und haltbaren Lebensmittel aus Fett, zerstoßenem Dörrfleisch und manchmal Früchten. Heute werden die Aroniabeeren aufgrund ihres hohen Anthocyangehaltes als Zutat von antioxidativen und gesundheitsfördernden Säften, Tees und belebenden Likören verwendet. Die Beere der *A. melanocarpa* hat einen bitteren, säuerlichen Geschmack und zeigt eine adstringierende Wirkung, wodurch sie sich eher zur Weiterverarbeitung als für den direkten Konsum eignet.

In der pharmazeutischen Industrie werden Aronia-Extrakte zur Herstellung von Sirup und Diät-Präparaten verwendet.

Der hohe Pektingehalt macht die Aroniabeeren nützlich zur Herstellung von Marmeladen, wo sie mit Früchten kombiniert werden, deren Pektingehalt nicht so hoch ist. Aroniabeeren oder -extrakte können zu Marmeladen hinzugefügt werden, um deren Geschmack, Farbe oder antioxidative Eigenschaften zu verbessern. Die Beeren der *A. melanocarpa* sind neben Trauben (*Vitis sp.*) und Rosellen (*Hibiscus sabdariffa*) eine wichtige Quelle von Anthocyanen, die als natürliche Lebensmittelfarbstoffe verwendet werden können.

Pharmazeutisch relevanten Komponenten

Die einschlägige Literatur weist auf die Beere *A. melanocarpa* als eine besonders reichhaltige Quelle von pharmazeutisch relevanten Verbindungen hin. Polyphenole, insbesondere Anthocyane und Proanthocyanidine, bilden die Hauptgruppe der biologisch aktiven Bestandteile der Aroniafrucht. Diese Verbindungen sind verantwortlich für die antioxidativen Eigenschaften der Beere. Zu ihren anderen Phenolen gehören z.B. Chlorogensäure und neo-Chlorogensäure, sowie eine kleine Anzahl an Tanninen.

Einige Inhaltsstoffe der *A. melanocarpa*:

Der totale Phenolgehalt reicht von ca. 2.000 bis etwa 8.000 mg pro 100 g Trockengewicht und ist abhängig von der Sorte, den Anbaubedingungen und dem Erntedatum.

Frucht	Gehalt
Aronia	2000 -8000
Schwarze Johannisbeere	530
Rotkohl	113
Erdbeeren	35

Tab.1 Phenolgehalt mg/100gTM

Zucker (10-18%)
 Pektine (0,6-0,7%)
 Zuckeralkohol Sorbit
 geringe Menge an Fett (0,14% Frischgewicht)
 Relativ hohe Gehalte von K und Zn, sowie einige Mengen an Na, Ca, Mg und Fe
 Vitamine A, C, E, K, B1, B2, B6, Folsäure, Niacin, Pantothen-säure
 Triterpenen, β -Sitosterin und Campesterin

Tab. 2 Inhaltsstoffe der *A. melanocarpa*

Die wichtigste und am meisten erforschte Gruppe von pharmazeutisch relevanten Komponenten der Aronia sind **Flavonoide**, vor allem Anthocyane und Proanthocyanidine.

Proanthocyanidine

Die hauptsächlichen Flavanoide in Aroniabeeren sind Proanthocyanidine. Ihr Vorkommen reicht von 0,66% bis 5,18% der Trockenmasse.

Anthocyane

In Aroniafrüchten sind Anthocyane die zweitgrößte Gruppe der phenolischen Verbindungen mit einem Konzentrationsbereich von 0,60% bis 2,00% der Trockenmasse. Anthocyane kommen in der Aronia als Mischung aus Cyanidin-Glykosiden vor: 3-Galactosid, 3-Glucosid, 3-Arabinosid und 3-Xylosid, von denen Cyanidin 3-Galactosid das Wichtigste ist. (vgl. Tab. 3)

Lebensmittel	Mindestgehalt an Anthocyanen mg/100 g
Aronia	800 mg
Süßkirsche	180 mg
Trauben, blau	165 mg
Heidelbeere	165 mg
Brombeere	160 mg
Himbeere	40 mg
Rotwein	35 mg
Erdbeere	30 mg

Tab.3 Mindestgehalt an Anthocyanen im Vergleich

Antioxidative Aktivität

Früchte gelten als reiche Quellen von Polyphenol-Verbindungen und zahlreiche Studien haben die antioxidative Wirkung dieser Stoffe nachgewiesen. In Experimenten wurde untersucht, wie die Inhaltsstoffe der verschiedenen Früchte zellschädigende Substanzen wie z.B. freie Radikale „einfangen“ und damit unschädlich machen können.

Eine Studie verglich die sauerstoffradikale-absorbierende Kapazität. Es zeigte sich, dass die Früchte der *A. melanocarpa* eine stärkere antioxidative Aktivität aufwiesen als andere Beeren.

- 5x höhere antioxidative Aktivität als die Heidelbeere (*Vaccinium corymbosum*)
- über 8x höhere antioxidative Aktivität als die Cranberry (*Vaccinium macrocarpon*)
- mehr als 4x höhere antioxidative Aktivität als die Preiselbeere (*Vaccinium vitisidaea*)

Die Aronia weist auch eine stärkere antioxidative Aktivität auf als:

- Schwarze Johannisbeere (*Ribes nigrum*)

- Rote Johannisbeere (*Ribes rubrum*)
- Stachelbeere (*Ribes grossularia*)
- Holunder (*Sambucus nigra*)

Pharmakologische Wirksamkeit

Seit vielen Jahren werden Aroniabeeren und deren Produkte gern als Lebensmittelzusätze verwendet, ohne dass es dabei vorrangig um die positive gesundheitliche Wirkung ginge. So reicht bspw. bereits ein Tropfen Aronia-Saft, um ein Heidelbeerjoghurt kräftig einzufärben, selbst wenn eigentlich nicht viele Heidelbeeren darin sind.

In neuerer Zeit kommen aber immer mehr Nahrungsmittel auf den Markt, die die gesundheitliche Wirkung der Aronia betonen. Der Grund sind entsprechende wissenschaftliche Studien, die in den letzten Jahren erschienen sind. Neben ihren antimutagenen, lipidsenkenden Eigenschaften verringern Polyphenole auch das Risiko von Herz-Kreislauf-Erkrankungen. Es wurde keinerlei Toxizität für Extrakte der schwarzen Aronia beobachtet.

Antimutagene Wirkung

Im Ames-Test wurden mutagene Aktivitäten von Benzo[a]pyren und 2-Aminofluoren in der Anwesenheit von Anthocyanen aus Aroniabeeren fast vollständig eliminiert.

Krebshemmende Wirkung

Das Experiment mit den menschlichen Kolontumor HT29-Klon-19A-Zellen – mit einer Mikrogelelektrophorese durchgeführt (Komet-Test) – bewies, dass H₂O₂-DNA-Strangbrüche in Anwesenheit von *A. melanocarpa* extrem zurückgingen. Gleichzeitig blieben endogene Generationen von oxidierten DNA-Basen unverändert.

Einige Beispiele der durchgeführten Tests:

Pharmakologischer Effekt	Verwendetes Präparat	Art des Tests	Entscheidendste Funde
antimutagen	Trockenes Extrakt	Ames- Test	Aktivität gegen benzo[a]pyrene und 2-Aminofluoren
krebshemmend	Kommerzielles Extrakt	Menschliche Kolontumor HT29 Zellen	Hemmte das Wachstum der Tumorzellen
	Saft- war Magen und Bauchspeicheldrüse ausgesetzt	Menschliches Kolonkarzinom Caco-2 Zellen	Hemmte Wachstum der Karzinom Zellen
Leber schützend	Saft	Menschliches Kolonkarzinom Caco-2 Zellen	Hemmte Wachstum der Karzinom Zellen
	Nektar	Ratten, die mit Aminopyrin und Natriumnitrit behandelt wurden	Verringerte histopathologische Veränderungen in der Leber
antidiabetisch	Saft	Ratten mit, durch Streptozocin hervorgerufene, Diabetes	Reduzierte Blutzuckerspiegel

Leber schützende Wirkung

Die leberschützende Wirkung von *A. melanocarpa*-Saft wurde in einem Experiment an Ratten mit CCl₄-induzierten Leberschäden festgestellt. Die Zugabe von Aroniasaft in das Futter der Ratten bewirkte eine bedeutsame Reduktion der histopathologischen Veränderungen in der Leber.

Antidiabetische Wirkung

Die antidiabetische Wirkung wurde für Obst- sowie für Blattextrakte der *A. melanocarpa* bewiesen, wobei man oft mit Tierversuchen und experimentell hervorgerufener Diabetes arbeitete.

Schwarzer Apfelbeersaft, der 6 Wochen lang über den Mund verabreicht wurde, zeigte eine wesentliche (> 40%) glucosereduzierende Wirkung bei Ratten mit Streptozocin-Diabetes. Diese Wirkung wurde jedoch nicht bei gesunden Ratten festgestellt.

Heilpflanze in Russland

Aufgrund der großen Mengen bioaktiver Inhaltsstoffe zählt die Aronia in Russland zu den Heilpflanzen und wird zur Behandlung zahlreicher Krankheiten eingesetzt. Man behandelt Erkältungen, Magen-, Darm-, Drüsen- sowie Leber- und Gallenblasenerkrankungen damit. Aronia gilt als entzündungshemmend und gefäßverstärkend. Bei Masern oder Scharlach werden die Beeren zu Heilung und Stärkung des Immunsystems empfohlen. Nachdem man festgestellt hatte, dass die Aronia die Ausscheidung von radioaktivem Strontium steigert, wurde sie auch in der Behandlung von Strahlenkrankheiten verabreicht (Lit. 4).

Literatur:

- 1.) Kokotkiewicz A, et al 2010
Aronia plants: a review of traditional use, biological activities, and perspectives for modern medicine.
J Med Food. 13(2):255-69.
- 2.) http://www.pascoe-global.com/sites/ar/content/e151/index_ger.html
- 3.) <http://www.3sat.de/page/?source=/nano/umwelt/148065/index.html>
- 4.) Misfeldt C. „Gesundheitsfördernde Inhaltsstoffe der Aronia melanocarpa“. Diplomarbeit, Hochschule für Angewandte Wissenschaften Hamburg, 2007

4.2 Stevia

Die Pflanze Stevia (*Stevia rebaudiana*), auch bekannt unter den Namen Honigblatt und Süßkraut, ist eine kleine Staude aus Südamerika. Sie stellt eine gesunde, natürliche und kalorienfreie Alternative zu Zucker und Süßstoffen dar. In Japan hat sie längst den Süßungsmittel-Markt erobert.

Pflanze

Ihren Ursprung hat die Pflanze in Paraguay (Südamerika), wo sie schon seit Jahrhunderten von den Einheimischen zum Süßen und für medizinische Zwecke verwendet wird. Stevia ist eine einjährige, nicht frostharte Pflanze, die bis zu einem Meter hoch werden kann. Die selbststerile Steviapflanze, die durch den Wind bestäubt wird, hat weiße Blüten. Ihre bis zu 3 cm langen Blätter werden in getrockneter Form gerne direkt zum Süßen von Tees verwendet.



Name der Verbindung	R1	R2
Steviol	H	H
Steviolbiosid	H	β -Glc - β -Glc (2 à 1)
Steviosid	β -Glc	β -Glc - β -Glc (2 à 1)
Rebaudiosid A	β -Glc	β -Glc - β -Glc (2 à 1) β -Glc (3 à 1)
Rebaudiosid B	H	β -Glc - β -Glc (2 à 1) β -Glc (3 à 1)
Rebaudiosid C (Dulcosid)	β -Glc	β -Glc - a-Rha (2 à 1) β -Glc (3 à 1)
Rebaudiosid D	β -Glc - β -Glc (2 à 1)	β -Glc - β -Glc (2 à 1) β -Glc (3 à 1)
Rebaudiosid E	β -Glc - β -Glc (2 à 1)	β -Glc - β -Glc (2 à 1)
Rebaudiosid F	β -Glc	β -Glc - β -Xyl (2 à 1) β -Glc (3 à 1)
Dulcosid A	β -Glc	β -Glc - a-Rha (2 à 1)

Tab. 1 Steviol Glykoside mit den dazugehörigen chemischen Resten nach Geuns

Inhaltsstoffe

Über 100 pflanzliche Wirkstoffe wurden in der Steviapflanze festgestellt. Die meisten von ihnen zählen zu den Gruppen der Terpene und Flavonoide. Für die Süße sind hingegen verschiedene Glycoside verantwortlich. Neben Steviosid und Rebaudiosid A (auf die unten noch näher eingegangen wird) enthalten die Blätter auch noch Steviol, Rebaudiosid C, -D, -E, -F und Dulcosid A.

Stevioside machen den größten Teil an süßenden Inhaltsstoffen im Blatt aus. Sie sind für die Weiterverarbeitung in der Küche bedeutsam, weil sie im Gegensatz zu anderen Süßstoffen hitzebeständig und damit auch für das Kochen und Backen geeignet sind. Rebaudiosid A ist einer der entscheidenden Inhaltsstoffe, wenn es um die Qualität der Süße geht. Je mehr Rebaudiosid enthalten ist, desto besser und teurer sind die Produkte (höhere Süßkraft, geringerer Bittergeschmack – siehe Tab. 2). Besonders hervorzuheben ist, dass Stevioside bis zu 300 mal stärker süßen als Zucker. Deshalb ist bei der Verwendung von Steviosiden besondere Vorsicht geboten. Sehr leicht überdosiert man sie, wodurch dann nicht die gewünschte Süßung erreicht wird, aber ein unangenehmer Nebengeschmack entsteht.

Stevia als Süßungsmittel

Beim Süßen mit Stevia gibt es einiges zu beachten, es ist nicht ganz so einfach, wie es auf den ersten Blick scheint. Wie oben schon erwähnt werden Stevioside unterschiedlichster Qualitätsstufen angeboten. Je schlechter die Qualität, umso stärker ist jener bittere Beigeschmack ausgeprägt. Dieser Beigeschmack wird von Menschen, sofern sie ihn wahrnehmen, nicht nur als bitter sondern mitunter auch als medizinisch, metallisch oder künstlich beschrieben. Er kann jedoch durch eine optimale Dosierung gering gehalten werden. Unterschiede gibt es aber auch bei der Wahrnehmung der Süße. Besonders Personen, die allgemein weniger Süße bevorzugen, beschreiben die Süßwirkung als sehr hoch. Bei der Süßung mit Stevia benötigt man wesentlich geringere Mengen als wenn man Zucker verwendet. (siehe Tab. 3)

Die besten Ergebnisse erzielt man jedoch, wenn man Stevia-Süßstoffe in Kombination mit Zucker einsetzt. Sehr gut schmeckt es, wenn man nur rund 4/5 des benötigten Zuckers ersetzt, also zumindest einen kleinen Anteil Zucker beibehält.

Komponente	Konzentration d. Saccharose % (w/v)	Süßkrft	Qualität [Süß; Bitter]
Steviosid	0,4	300	
	0,6	210	
	10	150-190	62; 30
Rebaudiosid-A	2	770	
	5	440	
	6	240	
	10	170	85; 12

Tab. 2 Süßkraft von Stevia im Vergleich zu Zucker und das Verhältnis süß zu bitter. (Zusammengestellt nach Kim & Dubois 1991 und Kinghorn & Soejarto 1986; www.freestevia.de)

Saccharose		Steviosid	
Konzentration der Lösung (%)	Süßkraft	Konzentration der Lösung (%)	Süßkraft
2	1	0,0075	267
4	1	0,0250	160
6	1	0,0450	133
8	1	0,0675	118
10	1	0,0900	111

Tab. 3 Süßkraft von Steviosid bei unterschiedlichen Konzentrationen im Verhältnis zu Zucker (Shiomi, S. & Nakanishi, Y. (1979): Utilization of natural sweetenings to chocolate (No. 2); Shokuhin Kogyo (Food Industry, Tokyo) 22, 58-64)





Vorteile/Gesundheit:

- natürliches Produkt
- starke Süßkraft
- geringe Mengen sind ausreichend
- beeinflusst den Eigengeschmack von Produkten nicht
- kalorienfrei
- keine Kariesgefahr
- sehr gut für Diabetiker geeignet
- Zahn und Zahnschmelz werden nicht angegriffen

Gesundheitliches / Rechtliches

Die Süße ist aus unseren Lebensmitteln nicht mehr wegzudenken, doch der Zucker ist durch seine Verbindungen zu den sogenannten Wohlstandskrankheiten in Verruf geraten. Entsprechend begehrt sind Zucker-Ersatzstoffe. Stevia bietet sich hier als natürliche Alternative an. In Diät- bzw Diabetikerprodukten sind alternative Süßstoffe schon lange im Einsatz.

Außerdem ist Stevia nicht nur kariesneutral, es soll sogar karieshemmend wirken, wie ein Schulprojekt der HLFS Ursprung im Jahr 2006 nachgewiesen hat (vgl. <http://stevia.ursprung.at>). Stevia werden noch viele andere positive Einflüsse auf unsere Gesundheit nachgesagt, von denen die meisten jedoch noch wissenschaftlich zu belegen sind. Gesundheitsschädlich ist Stevia jedenfalls nicht, glaubt man folgendem Absatz der EFSA (European Food Safety Authority):

„Toxikologische Tests haben gezeigt, dass die Substanzen weder genotoxisch noch krebserregend sind und auch keine negativen Auswirkungen auf die Fortpflanzungsorgane des Menschen oder das ungeborene Leben haben. Das Gremium hat eine zulässige tägliche Aufnahmemenge (Acceptable Daily Intake — ADI)¹ von 4 mg pro kg Körpergewicht für Steviolglycoside festgelegt, einen Wert, der mit demjenigen des vom Gemeinsamen FAO/WHO-Sachverständigenausschuss für Lebensmittelzusatzstoffe (JECFA) festgelegten in Einklang steht.“ (<http://www.efsa.europa.eu/de/press/news/ans100414.htm>)

Zu erwähnen ist, dass die im Zitat genannten 4 mg pro kg Körpergewicht die gesamte empfohlene maximale Tagesdosis an Zucker ersetzen würden.

Durch diese JECFA-Empfehlung wird demnächst die Zulassung von Stevia zum Lebensmittelmarkt der EU erwartet. In vielen Nicht-EU-Ländern steht die Zulassung ebenfalls so gut wie sicher bevor. Interessant ist, dass Stevia in Japan bereits 1970 zugelassen wurde. 2008 erfolgte die endgültige Zulassung in Australien und Neuseeland.



Rechtliches:

- Geschichte:*
- 1970: Zulassung in Japan
 - 2007: 24 Patente von Coca-Cola, Stevia als Süßstoff
 - Okt. 2008: Zulassung Neuseeland und Australien
 - Dez. 2008: Zulassung von Rebau-diosid-A in den USA
 - 14. April 2010: Europäische Behörde stuft Stevia als unbedenklich ein
 - Mai 2010: Danone-Konzern verwendet als erster Stevia als Süßungsmittel

5. Daten/Proben sammeln

Unser Plan sah vor, mindestens 300 Menschen eine Bitterstoff-Verdünnungsreihe sowie die Lebensmittel Stevia und Aronia kosten bzw. bewerten zu lassen. Die Erfahrungen der ProbandInnen sollten per Fragebogen festgehalten werden. Besonders wichtig war es natürlich, Speichel- bzw. DNA-Proben von den ProbandInnen nehmen.

Auf den ersten Blick sah das gar nicht so schwierig aus, aber es steckte einiges dahinter. Wir brauchten die zu testenden Produkte bzw. Lösungen und der Fragebogen musste eigens angefertigt werden. Außerdem brauchten wir einen geeigneten Platz zur Probennahme. Besonders wichtig war uns schließlich die Entwicklung eines Anonymisierungskonzepts für die TeilnehmerInnen unserer Studie.



Auf der Suche nach einem geeigneten Ort stießen wir auf das Museum „Haus der Natur“ in Salzburg. Die wissenschaftlich interessierten Menschen dort würden wir ausführlich über unser Projekt informieren können, und sie so eventuell von einer DNA-Spende überzeugen können. Ja, das „Haus der Natur“ schien uns ideal für unser Vorhaben!

Uns war von Anfang an bewusst, dass die menschliche DNA etwas ist, mit dem man gewissenhaft umgehen muss. Ganz besonders gilt das natürlich, wenn sie von fremden Menschen kommt. Also grübelten wir, wie ein geeignetes Anonymisierungskonzept für unseren Fall aussehen könnte. Wir kamen schließlich auf die Variante eines vierstelligen Nummerncodes. Die Code-Reihen generierten wir mit der Zufallszahl-funktion von Excel.

Wir wussten, wir würden uns auf unser Vorhaben gut vorbereiten müssen. Um für alle Eventualitäten gerüstet zu sein, beschlossen wir, einen Testlauf in der Schule durchzuführen. Beim „großen Ereignis“ wollten wir in Höchstform sein. Unser Labor-Team hatte inzwischen eine Reihe von PROP-Wasser-

Mischungen erstellt, in der der Bitterstoff aufsteigend immer stärker dosiert war (siehe Tab. 1). Wir wollten eine genaue Differenzierung zwischen Super- und Nicht-SchmeckerInnen hinsichtlich PROP schaffen. Das Tolle war, dass am Ende wirklich jeder ein anderes Geschmacksempfinden zeigte. Manche aus dem Team verzogen schon bei den niedrigen Dosierungen das Gesicht, andere schluckten die Höchstdosierung als handelte es sich um normales Wasser. Sowohl bei unseren Testdurchgängen in der Schule als auch im Haus der Natur führte dies unter den ProbandInnen nicht selten zu einer gewissen Verwunderung. Die lag natürlich sehr in unserem Interesse.

In unserem Schultestlauf wollten wir erproben, wie unsere Produkte beim anderen Publikum ankommen würden. Wir kreierten Produkte, die mit Stevia gesüßt wurden, z.B. Pudding, Kuchen und Kekse (Mein persönlicher Favorit: Naturjoghurt mit Himbeeren



und Stevia. Doch das nur am Rande). Neben all dem Essen benötigten wir natürlich auch noch ein passendes Getränk. Zwar hatten wir bereits verschiedene Tees mit Stevia gesüßt, nun entwickelten wir auch noch einen tief-roten Aroniasaft.

Daneben erarbeiteten wir einen (anonymen) Fragebogen, in dem wir neben den Daten zum Geschmacksempfinden auch Alter, Geschlecht, Raucher / Nichtraucher und Vorlieben bei Gemüsesorten erfassten. Hier kam unser vierstelliger Anonymisierungscode zum Einsatz. Jede/r ProbandIn bekam einen Code, der sowohl auf die DNA-Probe als auch auf den Fragebogen geklebt wurde. Die selbe Nummer bekam außerdem der/die Getestete auf eine Karte mit der Adresse unserer Schulhomepage geklebt, um sich sein persönliches Ergebnis nach der Auswertung anschauen zu können. Sehr erfreulich war, dass wir viel Feedback bekamen. Schon in der Testphase erkannten wir die Unterschiede zwischen Nicht-SchmeckerInnen und Super-schmeckerInnen beim Probieren von Stevia.

Durch den Testlauf in der Schule stellten wir fest, dass unsere Fragebögen nicht gerade perfekt waren. Das größte Problem war die Definition des Begriffs „bitter“, den einige mit sauer verwechselten. Wie erklärt man jemandem, was „bitter“ bedeutet? Wir beschlossen, den Probanden weitere Begriffe anzubieten, wie z.B. „medizinisch“ oder den allzubekannteren „Geschmack frisch nach dem Zahnarzt“. Teilweise fanden unsere Testpersonen auch eigene Wörter, die den Geschmack für sie am besten beschrieben, z.B. „schmeckt wie Parkemed“. Durch den Testlauf wurden wir auf viele Fehler im Fragebogen aufmerksam, die wohl für ungenaue Ergebnisse gesorgt hätten.

Nach dem Probelauf fühlten wir uns gerüstet für das Haus der Natur. Am Vortag der Eröffnung der Ausstellung „Lebens-Gefahr? Die (un)erschöpfliche Vielfalt der Natur“, in der wir eine Woche lang unser Projekt vorstellen durften, tüftelten wir trotzdem noch stundenlang am optimalen Mischungsverhältnis von Aroniakonzentrat und Wasser herum. Wir wollten einen wirklich genussvoll-

len Aroniasaft präsentieren können. Wir experimentierten mit dem Mischungsanteil des Aroniakonzentrats in Mineralwasser und versuchten außerdem das doch recht bittere Getränk zu süßen. Wir probierten alle möglichen Kombinationen aus Stevia, Zucker und Melasse.

Der große Tag war der 30. November 2010, ein Dienstag. Am Abend hörten wir alle gespannt und auch ein wenig nervös der Eröffnungsrede zu, nachdem wir kleine Komplikationen überwunden hatten. Wir hatten in der Schule alles fix und fertig zusammengepackt und



ins Auto geladen. Vollbepackt vor dem Haus der Natur angekommen hatten wir allerdings feststellen müssen, dass wir unser Joghurt in der Schule vergessen hatten. Doch von solchen Kleinigkeiten ließen wir uns natürlich nicht aufhalten. Während ein Teil unseres Teams den Stand aufbaute, machten andere in aller Eile den nächsten Supermarkt ausfindig, um das fehlende Joghurt ersetzen zu können. Gerade noch rechtzeitig konnten wir es dann süßen und portionieren und die Eröffnung konnte beginnen.

Das gesamte Team hatte sich in Schale geworfen, einige filmten Interviews, andere sprachen mit den Leuten über unser Projekt, der Rest unterstützte die Besucher beim Ausfüllen der Fragebögen. Die PROP-Testreihe brachte uns einige sehr gute Fotos ein, weil viele Leute durch die entstehende „Geschmacksexplosion“ witzige Grimassen schnitten. Daneben sammelten wir DNA-Proben und beantworteten alle Fragen mit unserem schönsten Lächeln. Schon am Eröffnungstag war der Andrang sehr groß und wir freuten uns über jede/n BesucherIn, der bei unserem Test mitmachte. So manche/r war anfangs sehr skeptisch, einigen gefiel es nicht, ihre DNA-Probe abzugeben. Nicht wenige konnten jedoch im Laufe eines Gesprächs überzeugt werden, wenn wir erklärten, dass unser System vollkommen anonym sei und wir uns eben wirklich über die Unter-



„pfui deift“,
 „woits mi vagiften“,
 „i schmek nix“,
 „da bunki is guad“,
 „saugel des joghurt“,
 „zum spei m grausli“,
 „wäh is des reidig“, ...



stützung freuen würden. Einigen war die Begeisterung förmlich ins Gesicht geschrieben, andere gingen eher uninteressiert an unserem Stand vorbei. Zum Glück waren Erstere in der Überzahl, was uns besonders motivierte.

Als wir am Eröffnungsabend unseren Stand abbauten, die Produkte wegräumten und anschließend nach Hause fuhren, waren wir alle sehr zuversichtlich für die kommenden Tage im Haus der Natur. An diesem Abend hatten wir 36 DNA-Proben und ebenso viele ausgefüllte Fragebögen gesammelt. Von Mittwoch bis Sonntag übernahmen nun jeden Tag, vormittags wie nachmittags, einige aus unserem Team den Ständdienst im Haus der Natur. An manchen Tagen kamen wir gar nicht mehr aus dem reden und erklären heraus, an anderen saßen wir stundenlang hinter unseren Präsentationen und überlegten, wann wohl der/die nächste BesucherIn vorbeischauen werde. Auch Ungarn, Finnen, Engländer, Tschechen und Italiener kamen, um sich unser Projekt näher anzusehen und erklären zu lassen. Dies war natürlich eine große Chance für uns, Proben aus anderen Ländern zu bekommen (und natürlich war es auch eine Chance, unsere Englischkenntnisse zu verbessern). Ein besonderes Erlebnis hatten wir mit einer indischen Besucherin. Weder verfügte sie über Deutsch- oder Englischkenntnisse, noch waren wir ihrer Sprache mächtig. Doch mit Händen und Füßen sowie beiderseits viel Humor schafften wir es, letztendlich auch dieser Besucherin unser Thema zu erklären. Wir wurden nicht müde, auch die letzte Frage zu beantworten und wir wurden für dieses Durchhaltevermögen reichlich belohnt.

Am Sonntagabend stellten wir dann fest, dass wir insgesamt 419 DNA-Speichelproben gesammelt hatten, die dann im Kühlhaus der Schulküche eingefroren wurden. Weil wir dazu noch die fertig ausgefüllten Fragebögen vorweisen konnten, freuten wir uns sehr. All die kleinen Komplikationen hatten wir überstanden und unser geplantes Ergebnis von 300 Proben weit übertroffen.

Nr. 1	Nr. 2	Nr.3	Nr.4	Nr. 5	Nr. 6
0,01mM	0,032mM	0,1mM	0,2mM	0,32mM	1mM
0,17mg/100ml	0,538mg/100ml	1,7mg/100ml	3,4mg/100ml	5,38mg/100ml	17,02mg/100ml

Tabelle 1: verwendete Konzentrationen PROP (Propylthiouracil; 6-Propyl-2-thioxo-2,3-dihydropyrimidin-4-on; 170,23 g mol⁻¹)

6. DNA-Labor

Die Idee zu diesem Projekt kam uns bereits letztes Jahr. Da die meisten von uns noch keine Erfahrung mit DNA-Analysen hatten, wollten wir erst einmal testen, ob so etwas für uns überhaupt machbar sei. Bevor wir so viele DNA-Proben extrahierten, wie wir uns vorgenommen hatten, beschlossen wir, in den Pflingstferien einen kleinen Testlauf zu wagen, wo jeder mit seiner eigenen DNA-Probe arbeitete. Am Pflingstienstag fanden wir alle uns in der Früh im Molekularbiologie-Labor der Schule ein, wo uns Dr. Torsten Klade, ein Molekularbiologe, die nötigen Arbeitsschritte erklärte und uns später beim Analysieren der DNA half. Wir wählten zur Bestimmung der 3 SNPs passende FRET-Sonden samt Primerpaaren und eine qPCR von der Fa. Roche. Am Ende des Tages hatte jeder seine DNA mehr oder weniger erfolgreich isoliert und wir warteten schon gespannt auf die Ergebnisse.



Die Ergebnisse waren meist auswertbar, doch leider stimmten sie nicht mit unseren PROP-Geschmackstests überein. Nun galt es herauszufinden, was wir falsch gemacht hatten. Am Ende stellte sich heraus, dass die FRET-Sonden nicht ordnungsgemäß funktionierten und unsere Ergebnisse somit hinfällig waren. Die Produktionsfirma behauptete natürlich etwas anderes, immerhin hatten die Sonden ja viel Geld gekostet. Immerhin haben wir in diesen Tagen viel über den Ablauf der SNP-Bestimmung gelernt, was uns für unser Projekt sehr zu Gute kommen sollte.

Wir stiegen in Folge auf TagMan-Sonden und auf eine qPCR der Firma BioRad um. BioRad lieh uns kostenlos ein CFX96 Real-Time PCR System (in Folge kurz qPCR genannt). Die Firma Eurofins MWG Operon erzeugte passende TagMan-Sonden und Primer und stellte diese extrem günstig zur Verfügung.

6.1 DNA Sonden und qPCR

Für das untersuchte Gen TAS2R38 sind drei Punktmutationen (SNPs) möglich, die für die Funktion des Geschmacksrezeptors entscheidend sind. Um diese Punktmutationen identifizieren zu können, mussten wir für jede ein Set aus zwei DNA-Sonden besorgen. Eine der Sonden kann an die DNA binden, wenn keine Mutation vorliegt (Wildtyp) und die andere, wenn eine Mutation (Mutante) an dieser Stelle vorhanden ist. Jede der beiden Sonden ist mit einem anderen Fluoreszenzfarbstoff markiert, in unserem Fall waren das die Farbstoffe FAM und HEX. Über diesen Farbstoff können wir feststellen, welche Sonde an unsere Versuchs-DNA bindet. Außer diesem Farbstoff tragen die Sonden noch einen sogenannten Quencher. Der Quencher unterdrückt die Fluoreszenz des Farbstoffes, so lange sich dieser auf der DNA-Sonde befindet. Wird jedoch der Farbstoff von der Sonde abgespalten, kann der Quencher die Fluoreszenz nicht mehr unterdrücken und es kommt zu einer – für uns messbaren – Fluoreszenz.

Die Abspaltung des Farbstoffes wird durch die PCR verursacht (PCR = Polymerase Chain Reaction, eine Technik um DNA zu vermehren). Passieren kann dies aber nur, wenn die DNA-Sonde komplett an die Zielsequenz (= unser Bereich der jeweiligen Punktmutation) binden kann. Generell werden bei der PCR DNA-Fragmente vermehrt. Die Größe und Position wird durch sogenannte Primer genau festgelegt. Eine PCR benötigt dafür zwei Primer, die den gewünschten DNA-Abschnitt flankieren, in unserem Fall jenen Abschnitt, der die Mutation tragen kann. Nur dieser DNA-Abschnitt wird bei der PCR vermehrt. Die Vermehrung geschieht exponentiell, d. h. dass bei jedem PCR-Zyklus die vorhandene Menge des DNA-Abschnitts verdoppelt wird (nach 50 Zyklen haben wir $2^{50} = \text{ca. } 10^{15}$ Mal soviel DNA wie zu Beginn). Die Bildung der neuen DNA-Stränge passiert durch die DNA-Polymerase.



Die DNA-Polymerase hat bei unserem System noch eine weitere Aufgabe: Sie sorgt auch für die Abspaltung unseres Fluoreszenz-Farbstoffes von der Sonde (Abb. 1). Aber nur die Sonden, die auch 100%ig an die DNA binden können, verlieren ihren Farbstoff. Wenn nun der Farbstoff von der DNA abgespalten wurde, wird die Fluoreszenz nicht mehr vom Quencher, welcher noch an der Sonde hängt, unterdrückt und wir können diese messen. Bei der von uns verwendeten qPCR haben wir die Möglichkeit, die entstandene Fluoreszenz nach jedem PCR-Zyklus zu messen. Anhand der entstehenden Kurven (Beispiel Abb. 2) können wir feststellen, ob die Wildtypvariante oder die Mutante vorhanden ist.

Je nachdem, ob jetzt der Farbstoff, der die Wildtyp-Sequenz markiert, der Farbstoff der Mutanten-Sonde oder sogar beide Farbstoffe messbar sind, können wir feststellen, welcher Genotyp vorhanden ist. Wenn nur ein Farbstoff feststellbar ist, handelt es sich um einen homozygoten Genotyp, das bedeutet, dass beide Chromosomen die gleiche Genvariante tragen. Dies kann entweder der nicht mutierte Wildtyp oder die Mutante sein. Wenn wir beide Farbstoffe messen können, ist auf einem Chromosom das Wildtyp-Gen vorhanden und auf dem anderen die Mutante. Wir können aber nicht feststellen, auf welchem Chromosom welche Variante vorhanden ist. Für eine bessere Auswertung und Darstellbarkeit der Ergebnisse empfiehlt es sich, die Fluoreszenzwerte der einzelnen Farbstoffe in ein Koordinatensystem aufzutragen (Abb. 3). In der Grafik kann man drei Gruppen von Messwerten erkennen. Die Quadrate ganz links stehen für die DNAs, die homozygot beim Wildtyp sind. Die Kreise ganz rechts kennzeichnen die DNAs, die homozygot die Mutation zeigen. Die größte Gruppe der Dreiecke, in der Mitte der Grafik, kennzeichnet die Versuchs-DNAs, die heterozygot sind, also wo ein Chromosom die Punktmutation trägt und das andere nicht. Heterozygote und homozygote Proben kann man einfach an den Fluoreszenzintensitäts-Kurven der beiden verwendeten Farbstoffe

erkennen. Es zeigen sich markante Unterschiede zwischen homozygot Wildtyp, heterozygot und homozygot Mutante (Abb. 4). Bei homozygoten Proben zeigt nur einer der beiden



Farbstoffe einen markanten Fluoreszenzanstieg (Abb. 5), während der andere Farbstoff keinen nennenswerten Anstieg der Fluoreszenz zeigt. Ob es sich um einen homozygoten Wildtyp oder um eine homozygote Mutante handelt kann man bestimmen indem man feststellt, welcher Farbstoff den Fluoreszenzanstieg zeigt und welcher nicht. Bei einem heterozygoten Genotyp zeigen beide Farbstoffe einen starken Anstieg der Fluoreszenz, der in etwa gleich stark ist (Abb. 6). Hier sind also sowohl das Wildtyp als auch das Mutanten Gen vorhanden.



Beschreibung der Bilder

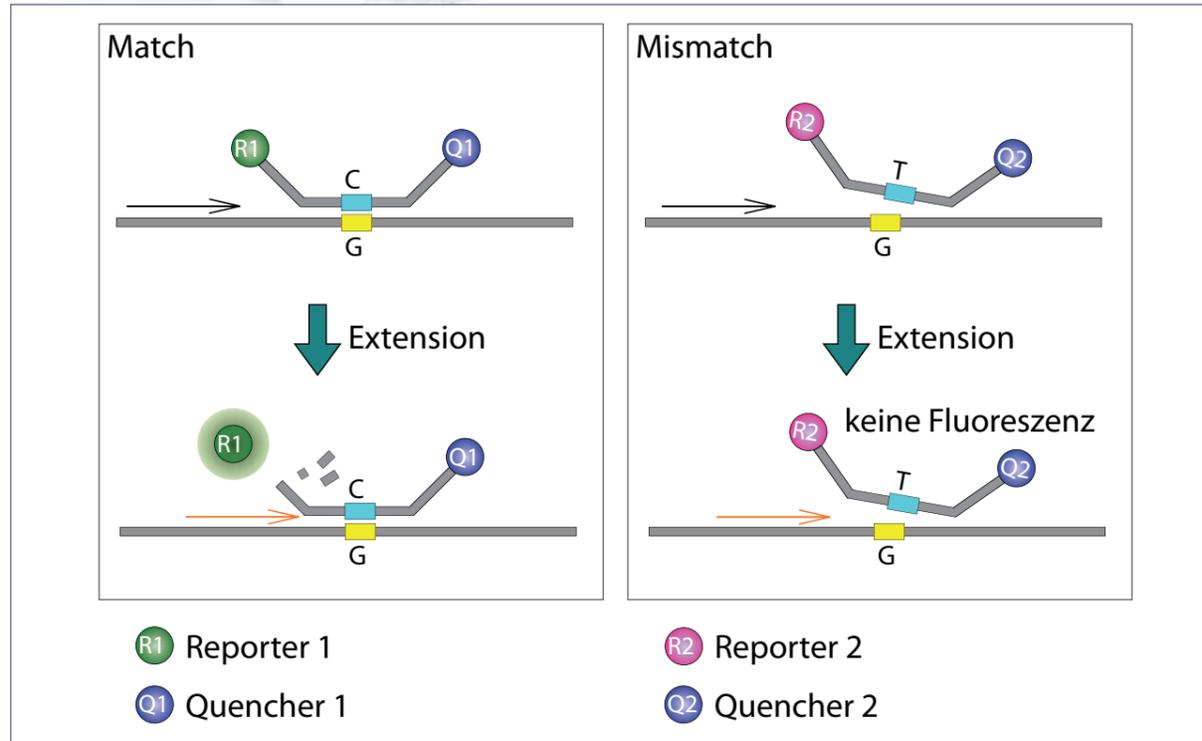


Abb. 1

Abb. 1: Funktionsweise der DNA-Sonden. Unsere DNA-Sonden bestehen aus drei Teilen. Dies sind 1. der Fluoreszenzfarbstoff (R1 und R2), dann kommt eine DNA-Sequenz, die dem Spiegelbild der zu erkennenden Sequenz unseres Gens entspricht (d.h. zu dieser komplementär ist). Weiters ist noch ein entsprechender Quencher (Q1 und Q2) vorhanden, der die Fluoreszenz des Farbstoffes unterdrückt, wenn beide an die Sonde gebunden sind. R1 und R2 sind zwei verschiedene Fluoreszenzfarbstoffe. Einer dieser Farbstoffe befindet sich auf der DNA-Sonde, die die Wildtyp-Sequenz trägt. Der andere Farbstoff ist an die zweite Sonde, die unserer Mutantenvariante entspricht, gekoppelt. Wenn die Sonde binden kann („match“) dann wird sie bei der PCR-Reaktion durch die DNA-Polymerase abgebaut und der Fluoreszenzfarbstoff wird frei und liefert uns ein messbares Signal. Kann die Sonde jedoch nicht binden („mismatch“) passiert nichts und der Quencher unterdrückt weiterhin die Fluoreszenz des Farbstoffes.

Abb. 2: Beispielkurve des Fluoreszenzanstiegs einer qPCR. Auf der x-Achse sind die PCR-Zyklen aufgetragen und auf der y-Achse die Fluoreszenzintensität des Farbstoffes. Anhand dieser Fluoreszenzintensität kann man unterscheiden, ob es sich um einen reinen Wildtyp, eine reine Mutante (homozygot) oder eine Mischung (heterozygot) aus beiden Varianten handelt.

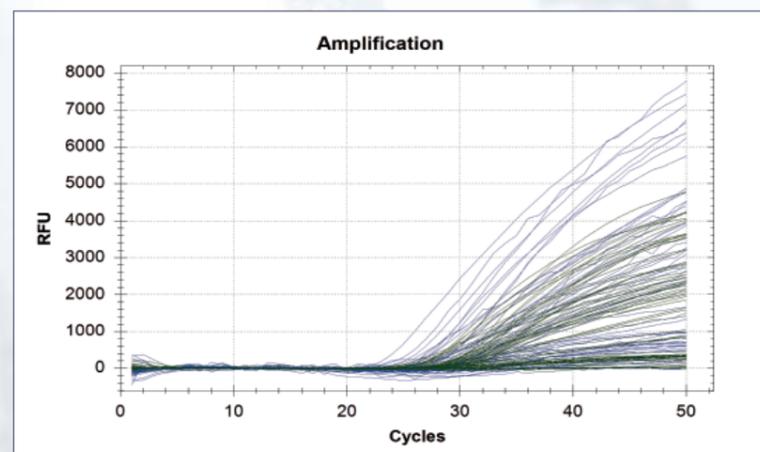


Abb. 2

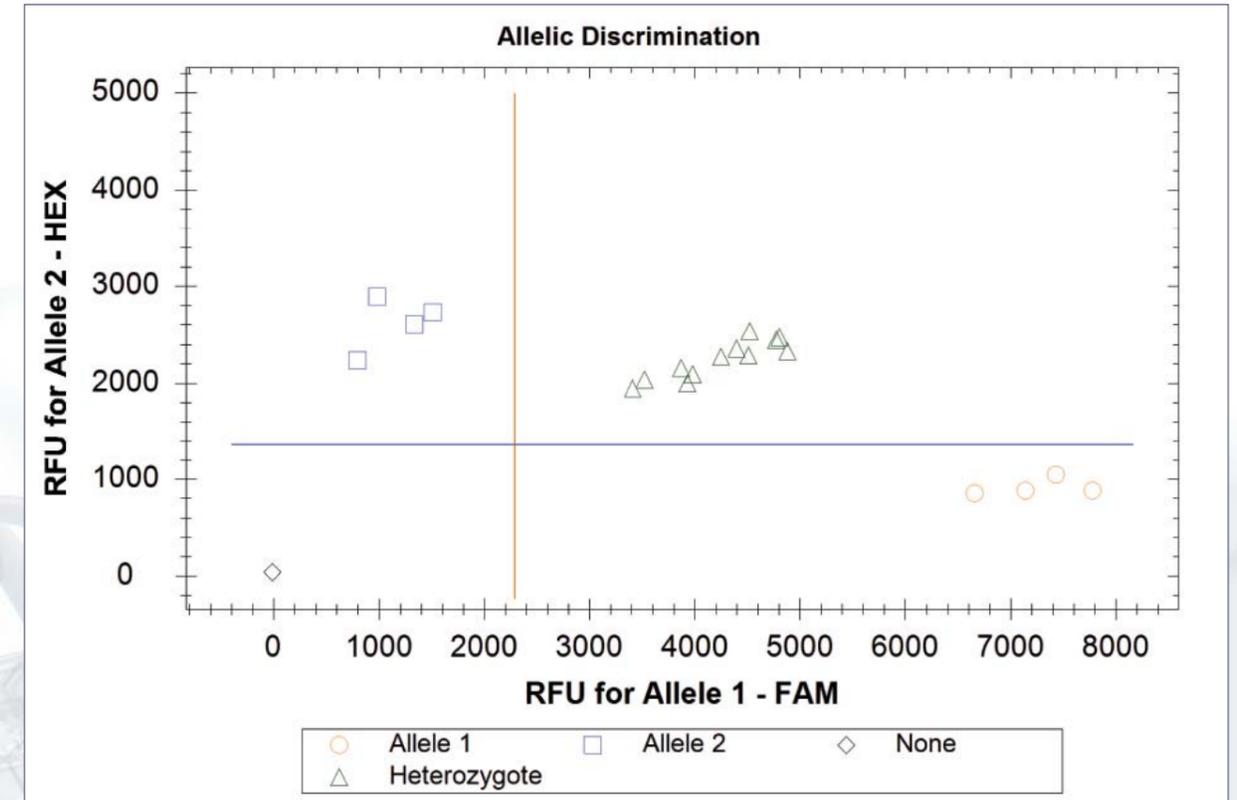


Abb. 3

Abb. 3: Auf der y-Achse ist die Fluoreszenzintensität des Farbstoffes der Wildtyp-DNA-Sonde aufgetragen und auf der x-Achse die Fluoreszenzintensität jenes Farbstoffes, der sich auf der Mutanten DNA-Sonde befindet. Man kann gut erkennen, dass sich drei markante Gruppen herausbilden. Die linke Gruppe (Quadrate) sind homozygote Wildtypen, das bedeutet, dass beide Chromosomen die nicht mutierte Variante tragen. Die ganz rechte Gruppe (Kreise) sind homozygote Mutanten, hier tragen also beide Chromosomen die Mutation. Bei der mittleren Gruppe kommen beide Varianten vor, also sowohl Wildtyp als auch Mutante, die sich jeweils auf einem Chromosom befinden.

Abb. 4: In dieser Grafik kann man die Fluoreszenzintensität einer für das Mutanten-Allel homozygoten Probe (A), einer heterozygoten Probe (B) und einer für Probe, die homozygot Wildtyp ist (C) sehen. Gemessen wurde der Farbstoff der Mutantensonde.

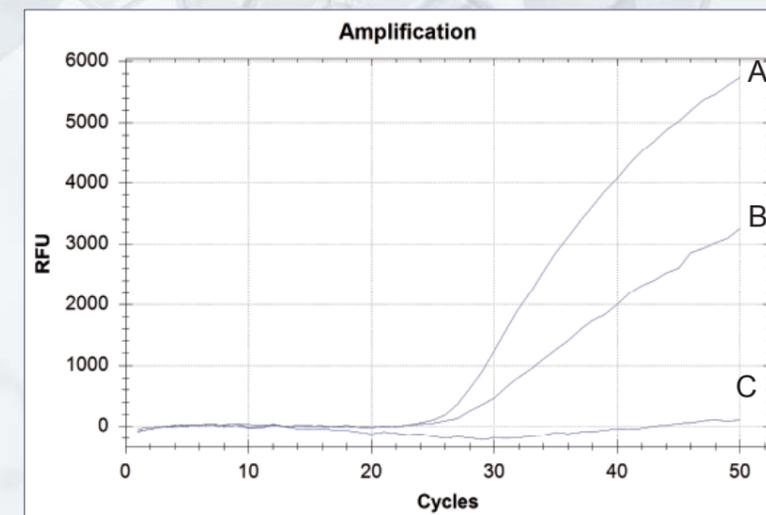


Abb. 4

TAS2R38 I49

Primer:
 TAS2R38 A49 F: TGAGACACAGC
 AGCACACAATC
 TAS2R38 A49 R: TTCTTGGTGAA
 TTTTGGGATGT

Probes:
 TAS2R38 A49 ALA: CTGTTGCTC
 AGTGCTGCCTCTTCAC FAM
 TAS2R38 A49 PRO: CTGTTGCTC
 AGTGGCTGCCTCTTCAC HEX

TAS2R38 I262

Primer:
 TAS2R38 V262 F:
 AAGTCTCTGTCTCCTTTTTCT
 GCTTC
 TAS2R38 V262 R: CGCGCCACAG
 AATCAGTAGG

Probes:
 TAS2R38 V262 VAL: GTGATATC
 ATCCTGTGTGCCTTCATCTCT
 GTG FAM
 TAS2R38 V262 PAL: GTGATATC
 ATCCTGTGTGCCTTCATCTCT
 GTG HEX

TAS2R38 I298

Primer:
 TAS2R38 I298 F: GTTGGGATAAT
 GGCAGCTTGTC
 TAS2R38 I298 R: CTCTCCTCAAC
 TTGGCATTGC

Probes:
 TAS2R38 I298 ILE: TGGGCATGC
 AGCCATCCTGAT FAM
 TAS2R38 I298 VAL: TGGGCATGC
 AGCCATCCTGAT HEX

Quellen:

RealTime PCR Applications Guide, BioRad (2006)

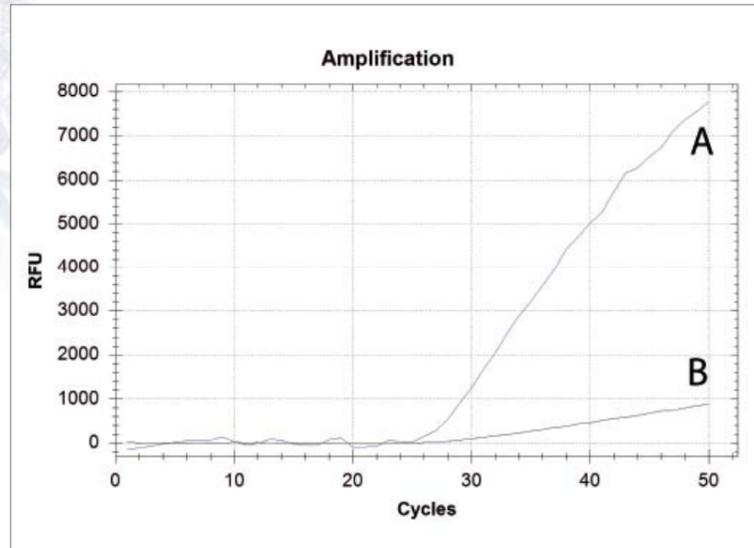


Abb. 5

Abb. 5: Ein homozygoter SNP. Ein Farbstoff zeigt eine hohe Fluoreszenzintensität (A), während der andere Farbstoff keinen markanten Anstieg der Intensität zeigt (B). Hier ist also nur ein Allel, in unserem Fall das Wildtyp-Allel vorhanden.

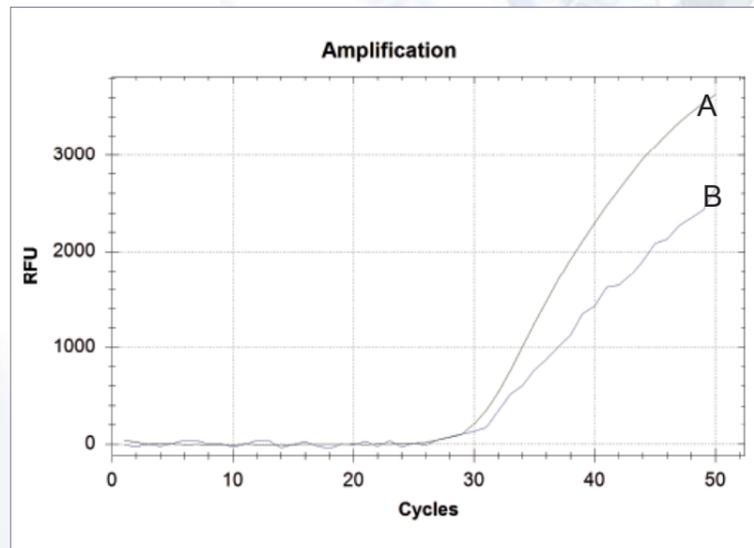


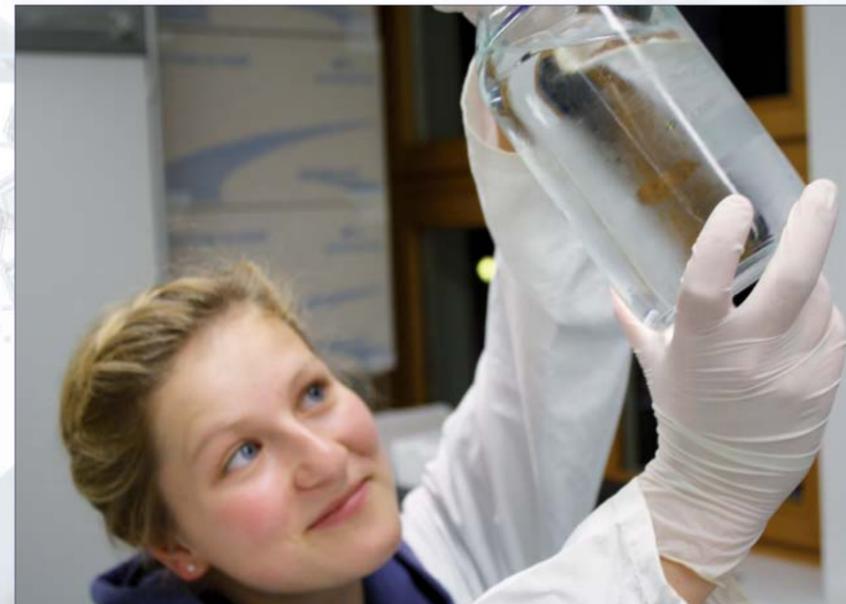
Abb. 6

Abb. 6: Ein heterozygoter SNP. Beide Farbstoffe zeigen einen ähnlichen starken Anstieg der Fluoreszenz. Es sind also sowohl das Wildtyp- als auch das Mutanten-Allel vorhanden.

6.2 Laborprotokoll

Wir starteten mit der Laborarbeit am 2.12.2010 um 8 Uhr. Unser Laborleiter Michael Gadermaier führte uns mit einer Präsentation in die Grundlagen der Laborarbeit ein. Unser Ziel war es, festzustellen, ob bestimmte Punktmutationen im Gen TAS2R38 mit der unterschiedlichen Geschmackswahrnehmung unserer ProbandInnen in Bezug auf Bitterstoffe korrelierten. Dazu untersuchten wir auf der DNA drei Single Nucleotid Polymorphismen (SNPs), d.h. Veränderungen von einzelnen Basen in der DNA. Für jede mögliche Mutationsstelle mussten wir das Vorhandensein der Mutation einzeln untersuchen. Dies geschah mit Hilfe der Real-Time-PCR-Maschine (qPCR), wo die einzelnen untersuchten DNA-Stränge vermehrt wurden. Dabei misst

die Maschine das Leuchten der einzelnen Proben, das von den davor zugegebenen Sonden ausgeht. Sonden sind DNA-Fragmente, die synthetisch kreiert werden und die komplementär zur untersuchten DNA-Sequenz sind. Die Sonde für den Wildtyp und die Sonde für die Mutante tragen verschiedene Farben. Je nachdem, welcher Farbstoff freigesetzt wird, kann man feststellen, welche Variante auf der untersuchten DNA vorhanden ist. Die qPCR sendet die gemessenen Daten an eine spezielle Computersoftware, wo sie ausgewertet werden und grafisch dargestellt werden können. Kann z.B. eine Mutanten-Sonde nicht andocken, so bekommt die Software von der qPCR die Information übermittelt, dass kein Leuchten des entsprechenden Farbstoffes festgestellt werden konnte. Die Software gibt dann aus, dass in dieser Probe keine Mutation vorhanden war. Nachdem sämtliche Fragen beantwortet waren gingen wir ins Labor, um das Gelernte praktisch umzusetzen.



die Maschine das Leuchten der einzelnen Proben, das von den davor zugegebenen Sonden ausgeht. Sonden sind DNA-Fragmente, die synthetisch kreiert werden und die komplementär zur untersuchten DNA-Sequenz sind. Die Sonde für den Wildtyp und die Sonde für die Mutante tragen verschiedene Farben. Je nachdem, welcher Farbstoff freigesetzt wird, kann man feststellen, welche Variante auf der untersuchten DNA vorhanden ist. Die qPCR sendet die gemessenen Daten an eine spezielle Computersoftware, wo sie ausgewertet werden und grafisch dargestellt werden können. Kann z.B. eine Mutanten-Sonde nicht andocken, so bekommt die Software von der qPCR die Information übermittelt, dass kein Leuchten des entsprechenden Farbstoffes festgestellt werden konnte. Die Software gibt dann aus, dass in dieser Probe keine Mutation vorhanden war. Nachdem sämtliche Fragen beantwortet waren gingen wir ins Labor, um das Gelernte praktisch umzusetzen.

Es wurden Gruppen mit jeweils drei Personen gebildet, jeder Gruppe wurden drei DNA-Proben zugeteilt. Wir begannen mit der Vorbereitung der Eppendorf-Röhrchen, liebevoll Eppis genannt. Für jede DNA-Probe wurden drei Eppis benötigt. Entsprechend unserem Anonymisierungskonzept erhielten die Proben einen vierstelligen Zahlencode, mit dem nun auch die Eppis versehen wurden. So würden die Ergebnisse der DNA-Analyse später bei der Auswertung dem Fragebogen zugeordnet werden können.

In das erste Eppi gaben wir 200 µl Lysispuffer und ein Wattestäbchen. Den nicht benötigten Plastikstiel des Stäbchens schnitten wir mit einer Schere ab, die davor in Ethanol getaucht und über dem Bunsenbrenner abgeflammt worden war und damit steril gemacht worden war. Der Lysispuffer bricht die Zellwand auf, wodurch DNA, Proteine und Ähnliches aus den Mundschleimhautzellen herausgelöst werden. Zur Unterstützung dieses Prozesses wurde das Eppendorf-Röhrchen fest verschlossen und in einen Heizblock gestellt, wo die Lösung bei 56°C für etwa 30 min. ständig geschüttelt wurde. Danach stellten wir die Röhrchen mit dem Deckel auf die Arbeitsfläche, und zwar deshalb, weil der Wattebausch aus der Spitze entfernt werden musste. Als nächstes stachen wir nämlich mit einer per Bunsenbrenner ausgeglühten Nadel in die Spitze des Eppendorf-Röhrchens. Nach jedem Durchlauf mussten wir die Nadel er-

neut ausglühen, um eine Kontamination durch eine ‚falsche‘ DNA zu verhindern. Darauf steckten wir nun das zweite, leere Eppendorf-Röhrchen, welches durch den Zahlencode als zugehörig gekennzeichnet worden war. Diese beiden aufeinander gesteckten Röhrchen wurden gemeinsam einige Sekunden zentrifugiert, um so die Lösung in das leere Eppi zu „schleudern“. In dieser Lösung waren nun DNA, Proteine und einige weitere Zellorganellen gelöst. Um die unerwünschten Bestandteile aus der Lösung zu entfernen, wurden 100 µl Protein-Präzipitationslösung zugegeben, die all jene Komponenten ausfällt, die bisher noch frei in der Lösung waren. Nachdem diese Probe nun für fünf Minuten eisgekühlt gelagert worden war, gaben wir sie mit der Deckelhalterung nach außen in die Zentrifuge. So wurden die ausgefallenen Proteine an der Spitze zentriert. Nach dem Zentrifugieren sah man ein weißes Pellet, es handelte sich dabei um die ausgefallenen Proteine. Nun war eine gezielte Trennung von der DNA möglich, indem man einfach die Lösung in das dritte freie Eppendorf-Röhrchen leerte und darauf achtete, dass das Pellet zurückblieb. Nachdem dieser Schritt erledigt war, wurden langsam 400 µl Iso-Propanol zugegeben. Dann wurde jede Probe zwanzigmal per Hand gekippt. Nachdem sie noch 2 min. bei Raumtemperatur zur Fällung im Labor gestanden hatte, wurde sie weitere 5 Min. zentrifugiert. Dies garantierte die Ausfällung der DNA. Der entstehende Überstand wurde wiederum abgeleert und zur Reinigung der DNA wurden noch 500 µl Ethanol dazu pipettiert. Diese Probe wurde erneut für 5 Min. zentrifugiert. Nach diesem Prozess ist meist kein Pellet mehr sichtbar und man muss bei diesem Schritt vorsichtig hantieren, um Erschütterungen zu vermeiden. Auch wenn das Pellet mit freiem Auge nicht erkennbar ist existiert es nämlich – und es handelt sich dabei um die benötigte DNA. Der Überstand wurde vorsichtig abgeleert, ein Rest des Überstandes musste noch vorsichtig

Die Primer und Proben werden jeweils auf 100µM eingestellt, es wird der BioRad Mastermix verwendet:

BioRadMM 12,5 µl
 Primer 10 µM je 1 µl
 Probes orig. je 0,06 µl
 H₂O 8,4 µl
 = 23 µ Mix + 2 µl DNA

Jede Reaktion wird mit einer der Primer-Probe-Kombinationen angesetzt, 4 Oligos je Reaktion: Die zusammengehörigen Oligos sind auf dem Deckel jeweils in der gleichen Farbe markiert

Primer –Probe Mix 1:	Primer –Probe Mix 2:
TAS2R38 A49 F / TAS2R38 A49 R	TAS2R38 V262 F / TAS2R38 V262 R
TAS2R38 A49 ALA	TAS2R38 V262 VAL
TAS2R38 A49 PRO	TAS2R38 V262 ALA

Primer –Probe Mix 3:
 TAS2R38 I298 F / TAS2R38 I298 R
 TAS2R38 I298 ILE
 TAS2R38 I298 VAL

abpipettiert werden. Dabei musste man unbedingt beachten, dass das Pellet im Eppendorf-Röhrchen blieb. Durch die Fliehkräfte in der Zentrifuge hatte sich die DNA im spitzen Ende des Eppis angesammelt, und zwar auf der Seite der Deckelhalterung. Das Pellet war also nicht direkt in der Spitze zu finden, sondern war an den Rand gedrückt worden, weil das Eppi schräg in der Zentrifuge gestanden hatte. Da die Seite mit der Deckelhalterung nach außen zeigen sollte, ergab es sich, dass die DNA an diesen Rand versetzt war. Man musste mit der Pipettenspitze genau gegenüber ansetzen und extrem vorsichtig ansaugen, damit das Pellet nicht herausgesaugt und weggeleert wurde. Um zur wirklich reinen DNA zu gelangen, kam das Eppi nochmals für rund 15 Minuten bei 56°C auf den Heizblock, damit alles Überflüssige verdampfte.

Am Ende kamen noch 20 µl Hydratation Solution hinein. Dadurch war die DNA in einer Lösung verfügbar, die keine eigenen, ergebnisverfälschenden Attribute hat. Dieses Mittel ist eigentlich nur ein professioneller Ersatz für destilliertes Wasser.

Die Probe wurde eingekühlt, falls die qPCR gerade nicht frei war. Danach mischte unser Laborleiter Michael die von uns abgefertigte, isolierte DNA mit einem Mastermix, bestehend aus Sonden, Polymerasen, Nucleotiden, Primern und Puffern. Die Mischung kam, in einer Folie verschweißt, in die Real-Time-PCR. Die Folie verhindert das Verdampfen der Probe bei den hohen Temperaturen in der qPCR Maschine. Nach 50 Zyklen, etwa 2 Stunden später, war die Real-Time-PCR Maschine fertig und hatte ihre Messungen an das Programm übermittelt. Damit waren die Rohdaten für uns übersichtlich aufbereitet und wir konnten die Ergebnisse weiterverarbeiten.

6.3 Auswertung

Bei drei verschiedenen SNPs mit jeweils zwei Möglichkeiten (Wildtyp oder Mutante) sind insgesamt acht Varianten für das Gen TAS2R38 auf einem Chromosom möglich. Zwei dieser Varianten sind besonders häufig. Erstens das sogenannte AVI-Allel (wenn diese Variante homozygot, also auf beiden Chromosomen auftritt, kann man bestimmte Bitterstoffe nur schlecht wahrnehmen) und zweitens das PAV-Allel (wenn diese Variante homozygot vorhanden ist, kann man diese Bitterstoffe schon in geringen Konzentrationen erkennen). Grundsätzlich kann man die Genotypen in drei große Gruppen einteilen. Zum einen sind dies die einst als Non-Taster (= Nicht-SchmeckerInnen) bezeichneten Menschen, sie besitzen das AVI-Allel homozygot, also auf beiden Chromosomen. Die zweite Gruppe sind die Super-Taster (= Super-SchmeckerInnen), sie haben auf beiden Chromosomen das PAV-Allel. Die dritte Gruppe stellen die Taster (= Schmecker) dar. Diese haben entweder das PAV- und das AVI-Allel oder es kommen bei ihnen andere seltenere Varianten vor.

Rund 77% der von uns untersuchten DNA-Proben konnten in die drei Haupttypen eingeteilt werden. Die restlichen 22,8% teilen sich auf 10 seltene Varianten (homozygot, heterozygot) auf, diese Varianten kann man aber auch zu den Taster-Typen zählen. Es sei darauf hingewiesen, dass wir bei heterozygoten Typen nicht feststellen konnten, auf welchem Chromosom welche Variante liegt.

Für die weitere Auswertung ist für uns auch interessant, wie die Wildtypen und Mutanten bei den einzelnen SNPs verteilt sind (Tabelle 1). Man kann erkennen, dass bei jedem SNP die Verteilung zwischen Wildtyp, Mutante und heterozygoten Formen sehr ähnlich ist.

Eine genauere Analyse der Auswertungen, vor allem auch in Verbindung mit den Daten der sensorischen Tests, findet sich in Kapitel 7.

SNP Nummer	1	2	3
Wildtyp	31	40	37
Mutante	121	113	114
Heterozygot	150	149	151

Tab. 1: Verteilung von Wildtyp und Mutanten bei den einzelnen SNPs

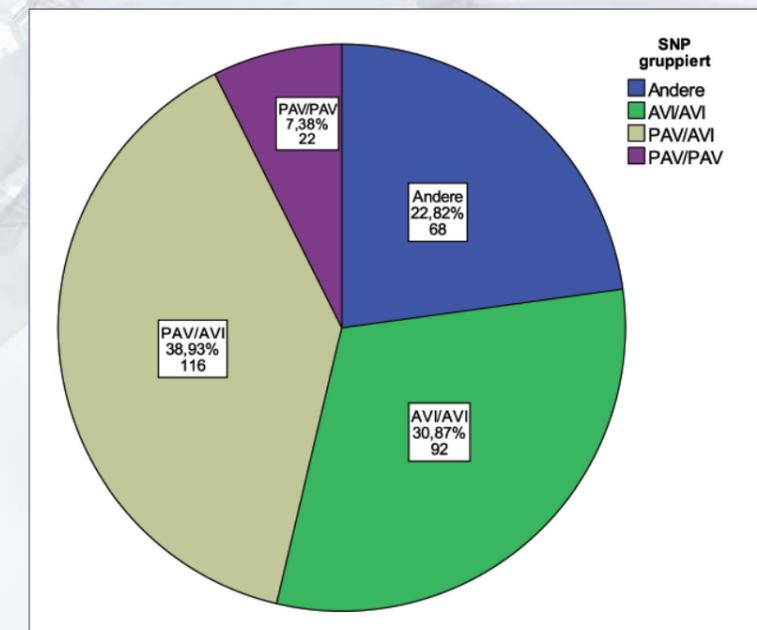
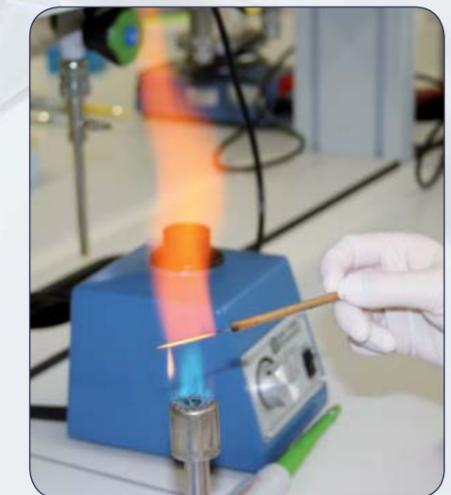


Abb. 1: Verteilung der verschiedenen Genotypen in unseren DNA-Proben. Der heterozygote AVI/PAV-Genotyp macht den größten Teil aus. Die zweitgrößte Gruppe bildet der homozygote AVI/AVI-Genotyp (Non-Taster). Die kleinste Gruppe bildet der PAV/PAV-Genotyp (Super-Taster). In der Gruppe „Andere“ sind alle anderen gefundenen Genotypen zusammengefasst. Zusammen mit der Gruppe des heterozygoten AVI/PAV-Genotyps lassen sich diese Menschen zur Gruppe der Taster rechnen.



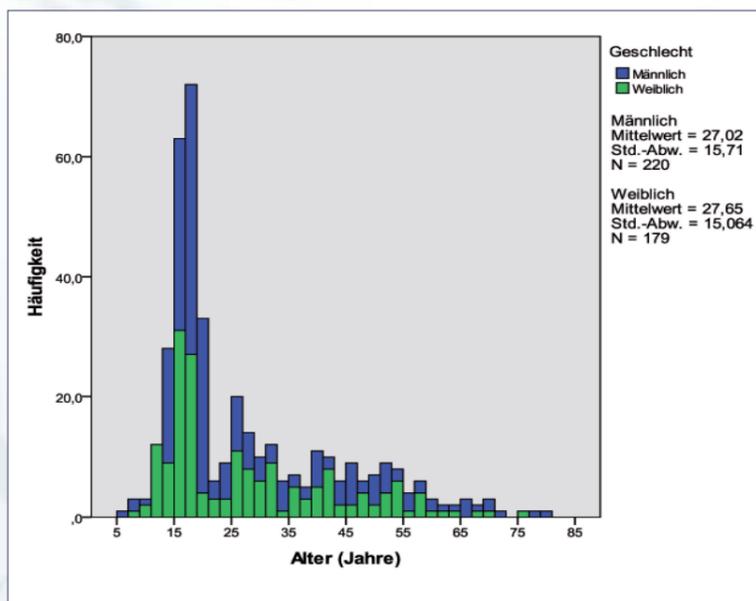
7. Data Mining - Ergebnisse

Mit unseren Fragebögen und unseren DNA-Analysen hatten wir eine ganze Menge an Daten gesammelt: Aus 419 Fragebögen mit zugehöriger DNA bestand unser Ausgangsmaterial. Im Labor passierten dann jedoch leider auch Fehler – kein Wunder bei einer solcher Probenmenge und bei so vielen WissenschaftlerInnen ;-). Einmal wurde das falsche Reaktionsgefäß entsorgt, ein anderes Mal funktionierte die DNA-Sonde nicht so gut und schon war einer der drei SNPs nicht eindeutig zuzuordnen. **296** sichere DNA-Auswertungen für alle 3 SNPs konnten wir aber schließlich in die Datenbank eingeben. Diese Daten sollten nun mit den Angaben von den Fragebögen in Beziehung gebracht werden (sofern diese vollständig ausgefüllt waren; die Fragen zum Stevia-Geschmackempfinden waren z.B. nur von 409 Probanden auswertbar beantwortet worden).

Während der Weihnachtsferien trafen wir uns und „klopfen“ die Werte in eine selbst erstellte MS-Access-Datenbank, bei deren Entwicklung sogar ein Papa tatkräftig mitgeholfen hatte. Um die Professionalität unserer Auswertung zu gewährleisten suchten wir nach Unterstützung. Univ. Doz. Dr. Karl Entacher von der Fachhochschule Salzburg Urstein erklärte sich schließlich bereit, die Analysen zu leiten. Nach der Erstellung erster Diagramme zeigte er uns in einem Abendkurs das Programm IBM SPSS Statistics 19 (Lizenz der FH Urstein) und korrigierte auch geduldig unsere anfänglichen Fehler. In den nachfolgenden Tabellen und Diagrammen haben wir die wichtigsten Ergebnisse zusammengefasst. Die Sicherheit der Auswertung wurde mit dem Chi-Quadrat-Test überprüft. Weitere Ergebnisse gibt es ab Juni 2011 auf der Homepage zum Projekt (<http://projekte.ursprung.at>). Das **wichtigste Ergebnis** des Projekts ist in **Punkt 6** zusammengefasst.



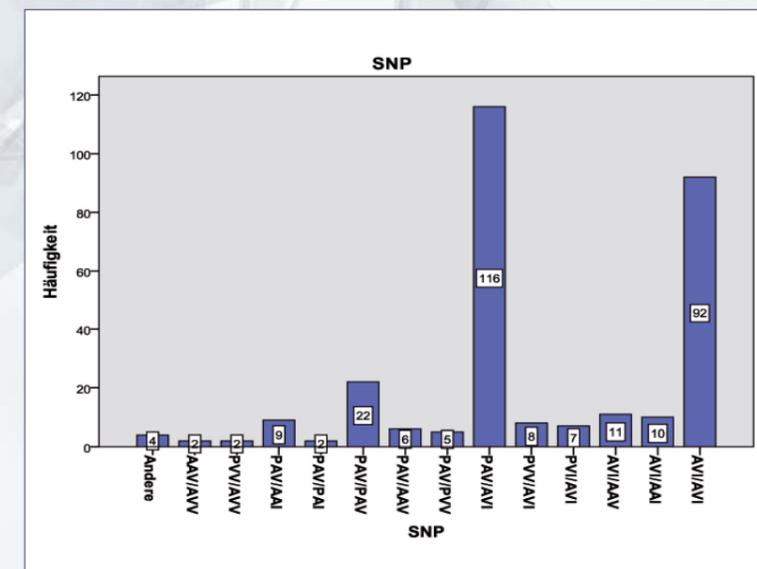
1. Alters- und Geschlechtsverteilung der ProbandInnen (399 gültige Fragebögen)



2. Verteilung der Genotypen (296 gültige Fragebögen)

		SNP			
		Häufigkeit	Prozent	Gültige Prozenste	Kumulierte Prozenste
Gültig	Andere	4	1,4	1,4	1,4
	AAV/AVV	2	,7	,7	2,0
	PVV/AVV	2	,7	,7	2,7
	PAV/AAI	9	3,0	3,0	5,7
	PAV/PAI	2	,7	,7	6,4
	PAV/PAV	22	7,4	7,4	13,9
	PAV/AAV	6	2,0	2,0	15,9
	PAV/PVV	5	1,7	1,7	17,6
	PAV/AVI	116	39,2	39,2	56,8
	PVV/AVI	8	2,7	2,7	59,5
	PVI/AVI	7	2,4	2,4	61,8
	AVI/AAV	11	3,7	3,7	65,5
	AVI/AAI	10	3,4	3,4	68,9
	AVI/AVI	92	31,1	31,1	100,0
Gesamt		296	100,0	100,0	

Tab. 1 Häufigkeiten der Genotypen



Tab. 2 Häufigkeiten der Genotypen

Wie erwartet ist der Genotyp PAV/AVI mit 39% am häufigsten vertreten, gefolgt von AVI/AVI mit 31% und PAV/PAV mit 7%. Die anderen Genotypen sind selten und werden in weiterer Folge zu der Gruppe „Andere“ zusammengefasst. Vergleicht man diese DNA-Laboregebnisse mit der wissenschaftlichen Literatur, so zeigt sich, dass PAV/AVI und AVI/AVI wie erwartet verteilt sind. Auffällig ist aber der geringe Anteil von PAV/PAV. Laut einer Studie an 1252 Individuen in Erfurt sollte dieser deutlich höher liegen, nämlich bei 14% (Sausenthaler 2009). Auch eine Studie in den USA mit über 500 Individuen kommt auf 14% (Cannon 2005). Unsere Abweichung könnte sich erklären lassen durch die geringere Stichprobengröße sowie das Faktum, dass eine der drei DNA-Sonden etwas schlechter funktionierte und daher die Ausfallsquote im Labor nicht gleich über alle 3 SNPs verteilt war. Weiters verzeichnen wir einen höheren Anteil an seltenen Genotypen. Dieser Anteil der „Anderen“ wäre für Österreich niedriger zu erwarten gewesen. Das Ergebnis passt aber wieder ins Bild der wissenschaftlichen Literatur, wenn man berücksichtigt, dass wir aufgrund unserer Probennahme im Haus der Natur einen höheren Anteil ausländischer TouristInnen unter den ProbandInnen hatten. Der Genotyp ist abhängig von der ethnischen Zugehörigkeit. So haben z.B. Menschen aus der Subsahara eher Versionen, die bei uns selten sind.



SNP gruppiert					
		Häufigkeit	Prozent	Gültige Prozente	Kumulierte Prozente
Gültig	Andere	68	16,6	22,8	22,8
	AVI/AVI	92	22,4	30,9	53,7
	PAV/AVI	116	28,3	38,9	92,6
	PAV/PAV	22	5,4	7,4	100,0
	Gesamt	298	72,7	100,0	
Fehlend	System	112	27,3		
Gesamt		410	100,0		

Tab. 2 Häufigkeiten der Genotypen, gruppiert

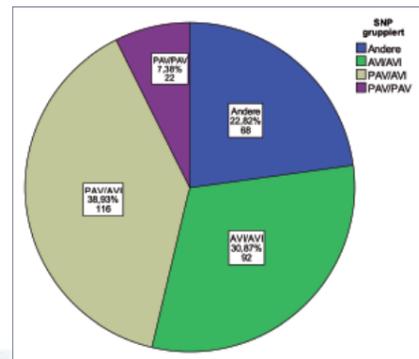


Abb. 2 Häufigkeiten der Genotypen, gruppiert

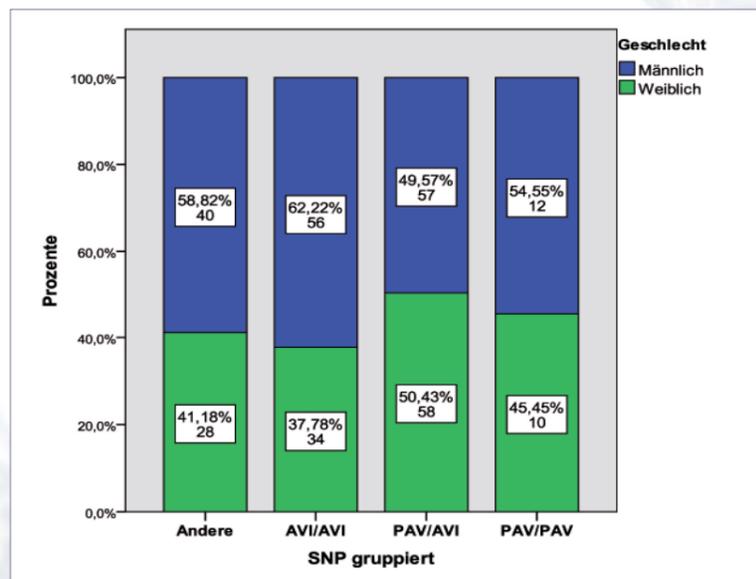


Abb. 4 Geschlechterverteilung bei den Genotypen

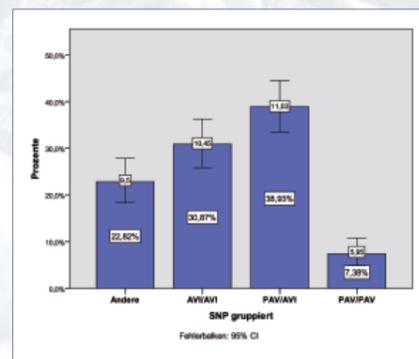


Abb. 3 Häufigkeiten der Genotypen, gruppiert mit Fehlerbalken

Literatur:

Sausenthaler S. et al. 2009, Lack of Relation Between Bitter Taste Receptor TAS2R38 and BMI in Adults. *Obesity* 17 5, 937-938
 Cannon D.S. et al. 2005, Associations between phenylthiocarbamide gene polymorphisms and cigarette smoking. *Nicotine & Tobacco Research* 7, 6 853-858

3. Verteilung der Geschlechter und Altersklassen bei den Genotypen (296 gültige Fragebögen)

In den Abbildungen 4 und 5 sieht man die Verteilung der Geschlechter und der Altersklassen „Kinder und Jugendliche“ bzw. „Erwachsene“ bei den verschiedenen Genotypen.

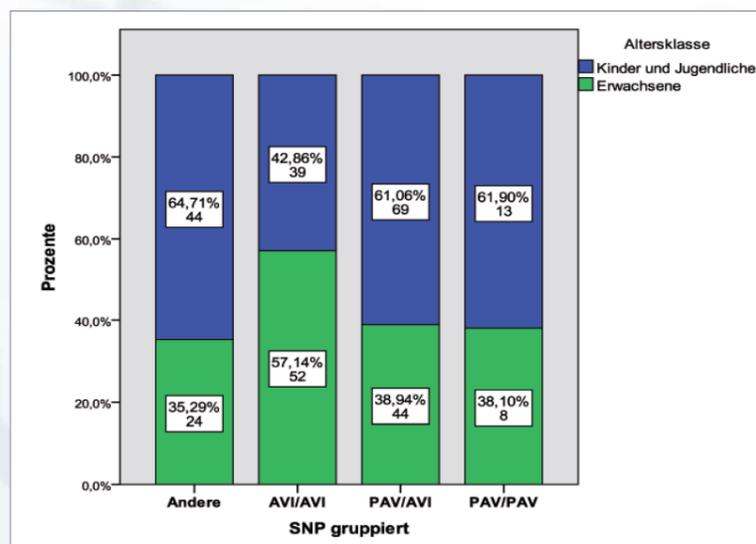


Abb. 5 Altersklassenverteilung bei den Genotypen

4. Das Geschmackempfinden bzgl. PROP bei den Genotypen (296 gültige Ergebnisse)

Alle Probanden kosteten verschiedene Konzentrationen von PROP-Lösungen (siehe Tab. 1, Kapitel 5), beginnend bei der niedrigsten Konzentration (Nr.1). Sobald sie die Bitternis erschmeckten, kreuzten sie die entsprechende Nummer im Fragebogen an. Wer in gar keiner der Proben das bittere PROP erschmeckte, kreuzte Nr. 7 an. PROP ist der Quasi-Standard bei sensorischen Tests zum Bittergeschmacksgen TAS2R38. In Abb. 6 und 7 sind die Ergebnisse grafisch unterschiedlich dargestellt.

Menschen des Genotyps PAV/PAV gelten in der älteren Literatur als SuperschmeckerInnen (Supertaster), weil sie schon geringste Mengen an PROP wahrnehmen können. Der Typ PAV/PAV erschmeckte bei uns

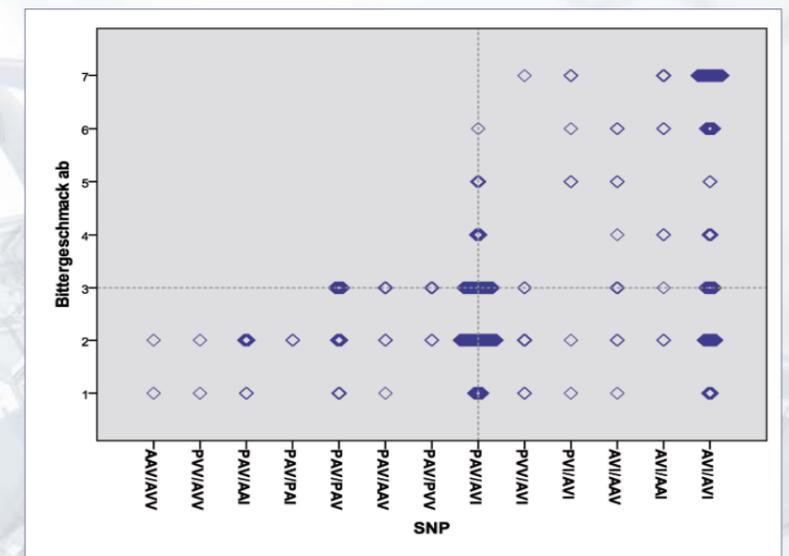


Abb. 6 PROP-Wahrnehmung bei den Genotypen

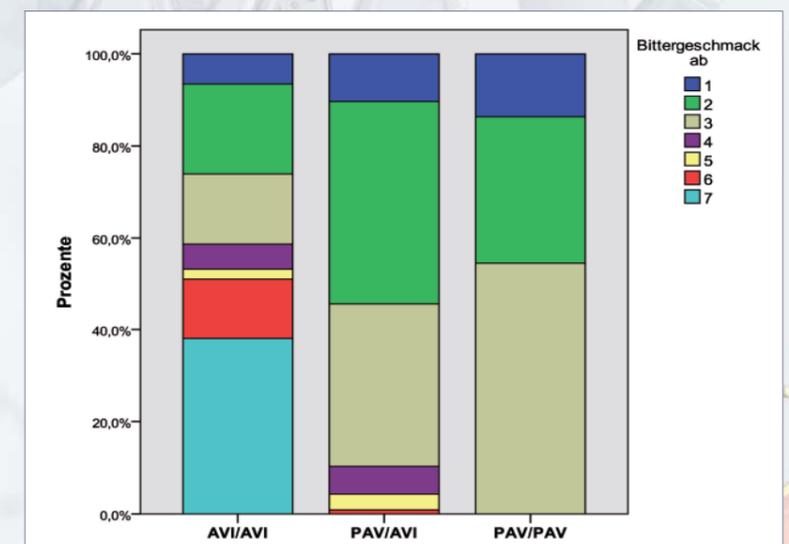


Abb. 7 PROP-Wahrnehmung bei den Genotypen

PROP nur höchstens bis zur geringen Konzentration Nr. 3, danach wurde mitunter schon zum Waschbecken gelaufen, weil der Geschmack als so grauslich empfunden wurde. Menschen mit dem Genotyp AVI/AVI wurden früher als Nontaster bezeichnet, weil sie in 80% der Fälle PROP erst bei hohen Konzentrationen oder gar nicht erschmecken. In unserem Ergebnis hat AVI/AVI den höchsten Anteil an Nr. 7-Kreuzen. Das heißt also, dass hier viele Personen keine der Lösungen als bitter empfanden.

Unsere Untersuchung zeigt aber auch, warum die Begriffe Supertaster und Nontaster bezüglich PROP in der neueren wissenschaftlichen Literatur kaum mehr verwendet werden: Wie aus Abb. 6 ersichtlich ist, gibt es auch Menschen des Genotyps AVI/AVI (also angebliche Non-Taster), die schon geringe Mengen Bitterstoff wahrnehmen. Der Grund ist, dass die Veranlagung zum Supertaster auf mehreren Genen lokalisiert ist – wie Hayes et al 2008 zeigten. Die von uns eruierte Verteilung des Geschmackempfindens bezüglich PROP beim Typ AVI/AVI deckt sich mit der Arbeit von Hayes.

Unsere sensorischen Tests samt den dazugehörigen DNA-Analysen stimmen also perfekt mit der neueren wissenschaftlichen Literatur überein. Darauf sind wir sehr stolz. Zwischendurch hatten wir nämlich bereits die Befürchtung, dass im Projektablauf Fehler versteckt sein könnten. Da erschienen die ersten DNA-Analyse-Ergebnisse der AVI/AVI-Typen am Monitor und offensichtlich schmeckten die schon die Bitternis der Konzentration Nr. 1. Da schien etwas nicht zu passen. Als sich aber auch die Nr. 7-Probanden, also jene Menschen die PROP gar nicht gemerkt hätten, unter den AVI/AVI-Typen häuften, atmeten wir erleichtert auf.

Literatur:

Hayes E.J. et al 2008, Supertasting and PROP Bitterness Depends on More Than the TAS2R38 Gene. *Chem. Senses* 33: 255-265.

gesamte Stichprobe 409 Probanden unangenehm: 105; 25,7% neutral: 122; 29,8% angenehm: 182; 44,5%	Probanden 409 ■ unangenehm ■ neutral ■ angenehm
männlich: 223 Probanden unangenehm: 41; 8,4% neutral: 80; 35,9% angenehm: 102; 45,7%	männlich 223 ■ unangenehm ■ neutral ■ angenehm
weiblich: 186 Probanden unangenehm: 64; 34,4% neutral: 42; 22,6% angenehm: 80; 43%	weiblich 186 ■ unangenehm ■ neutral ■ angenehm
jünger als 17 Jahre: 109 Probanden unangenehm: 20; 18,3% neutral: 39; 35,8% angenehm: 50; 45,9%	jünger als 17 Jahre 109 ■ unangenehm ■ neutral ■ angenehm
älter als 22 Jahre: 191 Probanden unangenehm: 56; 29,3% neutral: 50; 26,1% Angenehm: 85; 44,5%	>22 Jahre < 30 Jahre 191 ■ unangenehm ■ neutral ■ angenehm
älter als 30 Jahre: 136 Probanden unangenehm: 39; 28,7% neutral: 36; 26,5% angenehm: 61; 44,8%	> 30 Jahre < 50 Jahre 136 ■ unangenehm ■ neutral ■ Angenehm
älter als 50 Jahre: 47 Probanden unangenehm: 10; 21,3% neutral: 9; 19,1% angenehm: 28; 59,6%	älter als 50 Jahre ■ unangenehm ■ neutral ■ angenehm

Tab. 3: Geschmacksempfinden bei Stevia, Auswertung der Fragebögen ohne Berücksichtigung des Genotyp

5. Das Fragebogen-Feedback zum Geschmack von Stevia (409 gültige Fragebögen)

Alle ProbandInnen kosteten Lebensmittel, die mit Stevia gesüßt waren, z.B. verschiedene Teesorten, Kuchen und Puddings. Das Geschmacksempfinden wurde dann einerseits durch Multiple-Choice-Fragen, andererseits beschreibend („schmeckt nach Medizin“, „künstlich“, „chemisch“, „bitter“) bewertet. Auch der Nachgeschmack ein paar Minuten später wurde eingeordnet, und zwar in die Kategorien „angenehm“, „neutral“ und „unangenehm“. Nachfolgend die Auswertung.

Tabelle 3: Geschmacksempfinden bei Stevia, Auswertung der Fragebögen ohne Berücksichtigung des Genotyp

6. Das Geschmacksempfinden bzgl. Stevia bei den Genotypen (296 gültige Fragebögen)

Im nächsten Schritt werteten wir das Geschmacksempfinden bei Stevia verknüpft mit den den 3 Haupt-Genotypen (AVI/AVI, AVI/PAV, PAV/PAV) aus und entdeckten Erstaunliches:

Wie man in Abbildung 8 erkennen kann, stufte kein Mensch mit dem Genotyp PAV/PAV Stevia als negativ ein. Alle empfanden Stevia als gut oder zumindest als neutral. Beim heterozygoten Genotyp PAV/AVI, also bei Menschen, die von den Eltern verschiedene Varianten des Gens vererbt bekommen haben, bewertet eine höhere Anzahl Stevia als angenehm als beim Genotyp AVI/AVI. Man könnte sehr vereinfacht sagen: je mehr PAV, desto besser schmeckt einem Stevia.

Dies ist überraschend. Wir haben angenommen, dass die Gruppe PAV/PAV mit ihrer „Supertaster“-Fähigkeit, Bitterstoffe sehr genau wahrzunehmen, Stevia wohl eher nicht mögen würde. Und nun legt unser Ergebnis nahe, dass genau das Gegenteil der Fall ist.

Es gibt einen Zusammenhang zwischen den genetischen Varianten des Bitterrezeptorgens TAS2R38 und der Bewertung des Süßstoffs der Stevia-Pflanze, der genau unserer ersten Arbeitshypothese widerspricht. Forschung kann wirklich aufregend sein! Das Ergebnis ist „hochsignifikant“, d.h. mit einer Wahrscheinlichkeit von $p=99\%$ sicher. (Etwas fachlicher ausgedrückt würde man schreiben, dass durch einen Chi-Quadrat-Test die Hypothese oder Entscheidung, das das Merkmal „Stevia Allgemein“ in den verschiedenen Grundgesamtheiten (AVI/AVI, PAV/AVI und PAV/PAV) auf die gleiche Art verteilt ist, hochsignifikant abgelehnt werden kann.)

Laut unseren Untersuchungen können wir für ca. 14% der mitteleuropäischen Bevölkerung sagen (Verteilung PAV/PAV für BRD laut Sausenthaler 2009), dass ihnen die Stevia-Süße besonders schmecken wird – und wir hätten diese Prognose tatsächlich „aus der DNA gelesen“. Sicher könnte eine Untersuchung der anderen 24 Geschmacks-Gene weitere Aufschlüsse liefern. Leider fehlt uns die Zeit und vor allem das Geld, um weitere DNA-Sonden für Analysen anzuschaffen.

7. Das Geschmacksempfinden bzgl. Aronia bei den Genotypen (130 gültige Datenätze)

Die Aronia ist sehr bitter, sie besteht aus vielen Inhaltsstoffen, die adstringierend und „hantig“ schmecken. Laut unserer Hypothese sollte ein gewisser Zusammenhang mit dem von uns untersuchten Gen TAS2R38 bestehen. Abb. 9 zeigt die Auswertung der Fragebögen bezüglich Aronia verknüpft mit dem Genotyp. Man kann einen Trend erkennen: Zur PAV/PAV Gruppe hin steigt die Abneigung gegen Aronia. Das passt zu der Tatsache, dass der Typ PAV/PAV auch die standardisierten Bitterstofflösungen viel früher als eklig empfindet.

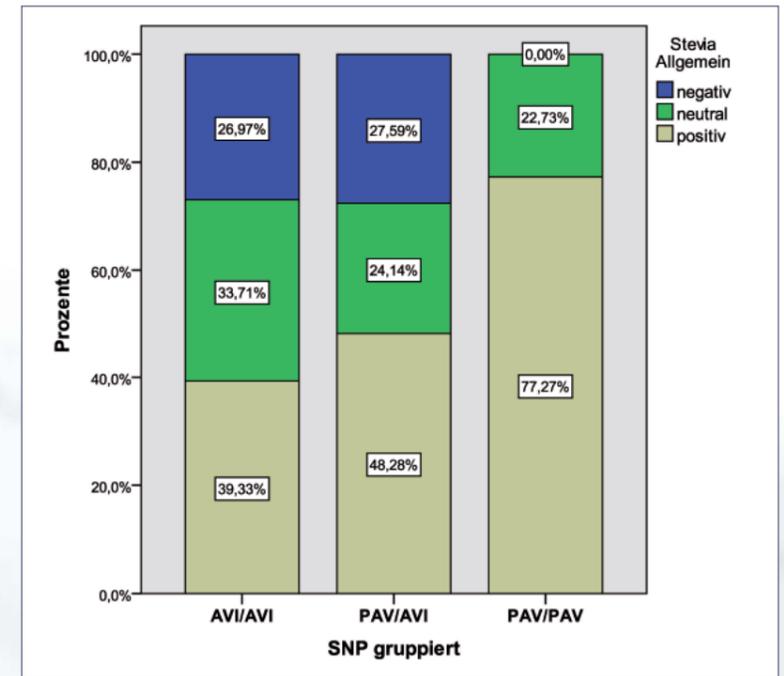


Abb. 8 Geschmacksempfinden bzgl. Stevia bei den Genotypen

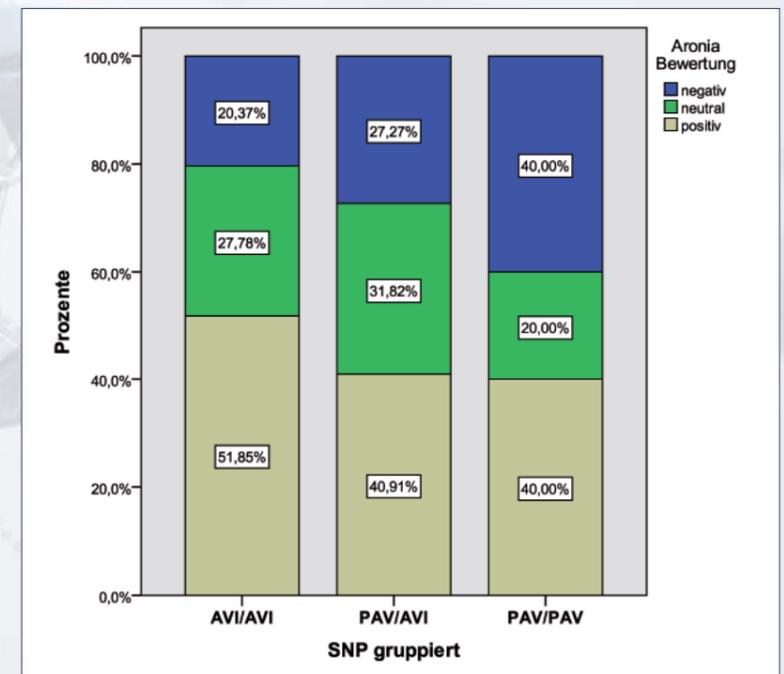


Abb. 9 Geschmacksempfindung bzgl. Aronia bei den Genotypen

Man muss dazusagen, dass wir den Aroniasaft zur Verkostung bewusst nicht auf guten Geschmack optimiert haben. Wir wollten die Bitternis der Aroniabeere nicht abschwächen. Mischungen mit Orangensaft oder mit Traubenzucker hätten den Geschmack massiv verbessert. Dann hätte die gesunde Frucht viel mehr Menschen geschmeckt.

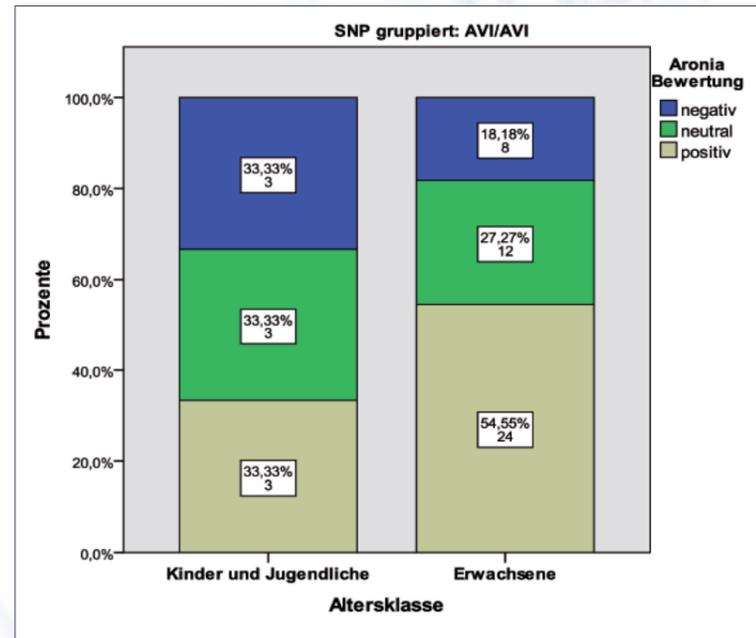


Abb. 10 Genotyp AVI/AVI, aufgeteilt nach Altersklassen und verknüpft mit der Bewertung des Aronia-Geschmacks

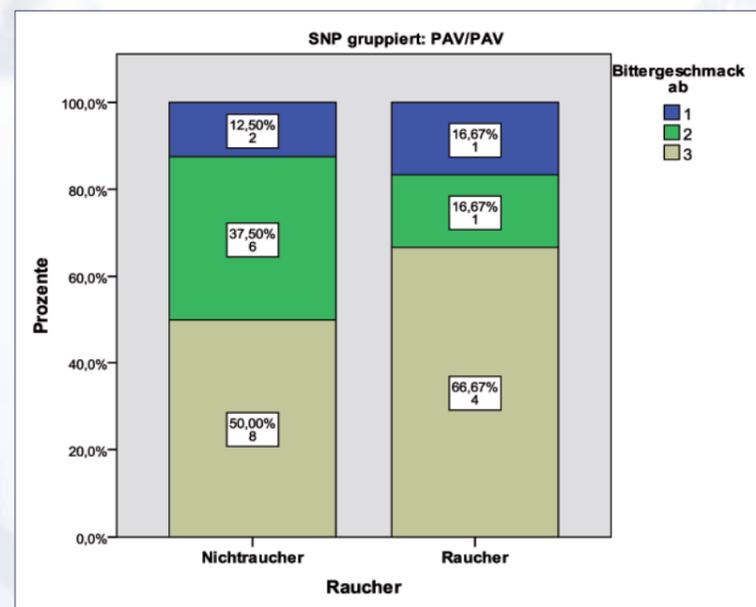


Abb. 11 Genotyp PAV/PAV, Supertaster bezüglich PROP, aufgeteilt in Raucher und Nichtraucher

Interessant ist auch Abb. 10, wo der AVI/AVI-Typ dargestellt ist. Man kann erkennen, dass es einen Unterschied beim Geschmackempfinden von Aronia zwischen den Altersklassen gibt. Jüngere Menschen empfinden Aronia eher als zu bitter. Das passt zur Evolutions- bzw. Entwicklungstheorie. Es ist ein natürlicher und gesunder Reflex, wenn Kinder bittere Pflanzenteile wieder ausspucken, er dient dazu, dass sie nichts Giftiges essen. Erst im Lauf des Erwachsenwerdens lernt man, dass Bitternis ungefährlich und sogar wohlschmeckend sein kann. Das ist auch der Grund, warum Kinder selten Grapefruit oder Sprosskohl mögen, die sie dann als Erwachsene mitunter durchaus gerne essen.

8. Nebenergebnis: Raucher und Geschmack

Wir fragten bei unseren ProbandInnen auch nach, ob sie Raucher oder Nichtraucher seien. Dass das Rauchen die Geschmacksrezeptoren und damit den Genuss beim Essen beeinträchtigt, ist bekannt.

Unsere Daten zeigen, dass Raucher später das PROP in den Probelösungen erschmeckten (Abb. 11). Man könnte sagen: Raucher haben taubere Geschmacksnerven. Da aber ‚zu wenig‘ RaucherInnen in unserer Stichprobe waren, ist dieses Ergebnis (einstweilen) wohl kaum vor der Tabakindustrie zu verteidigen ;-).

Interessantestes Ergebnis:

Kein Mensch vom Genotyp PAV/PAV empfand Stevia als negativ. Bei den Menschen mit dem Genotyp PAV/AVI findet ein höherer Prozentsatz Stevia angenehm als bei den Menschen mit dem Genotyp AVI/AVI. Kurz gesagt: Je mehr PAV desto besser schmeckt Stevia.

8. DNA und Datenschutz

Womit könnte jemand besser identifiziert werden als mit seinem genetischen Bauplan? Mit diesem Bauplan, aus dem man Informationen über einen Menschen lesen kann, ohne ihn/sie jemals gesehen zu haben: Krankheiten, Suchtgefahren, Aussehen, ... Es steckt wirklich viel Information in einer einzigen Hautschuppe.

Die DNA-Analyse bietet ein enormes Potenzial für die Zukunft, allerdings sollten auch die Gefahren nicht außer Acht gelassen werden, die sie zweifellos mit sich bringt. Beim heutigen Stand der Technik sind Datenbanken mit komplett sequenzierten menschlichen Genomen nicht mehr weit entfernt. Solche Datenbanken lassen sich bald effizient aufbauen und eröffnen viele Möglichkeiten. Dennoch ist die Bevölkerung bisher wenig informiert und sich kaum der Gefahr bewusst, die beim ‚sorglosen‘ Umgang mit der DNA entsteht. Wir waren sehr erstaunt, wie viele Menschen uns auf Anhieb ihre DNA für Untersuchungen zur Verfügung stellten.

Wir haben uns einige **negative Szenarien** zum Missbrauchs-Potential der DNA-Analyse überlegt:

Ein/e FirmenchefIn hat zu entscheiden, welche BewerberIn für das höhere Ma-

nagement eingestellt werden soll. Zur Entscheidungsfindung werden nun Speichelreste am Trinkglas gesammelt und über eine DNA-Analyse wird eruiert, ob der/die Betreffende ein erhöhtes Risiko hat, an Alzheimer oder Krebs zu erkranken. So wird für abschätzbar, ob der/die KandidatIn oft im Krankenstand sein wird.

Ein ähnliches Problem könnte sich etwa beim Abschließen von Lebensversicherungen ergeben. Versicherungsgesellschaften könnten die DNA ihrer KlientInnen verlangen und dann den Versicherungsbeitrag je nach Krankheits- oder Suchtrisiko anpassen.

Der neue Trend unter den Jugendlichen, alles über sich in den sozialen Netzwerken preiszugeben, könnte so weit ausufern, dass sie sogar ihre eigenen DNA-Sequenzen veröffentlichen.

Die Partnerwahl könnte auf das Genom abgestimmt werden, z.B. hinsichtlich bestimmter Erbkrankheiten.

Es könnte möglich werden, Substanzen künstlich herzustellen, die genau auf die Geschmacksrezeptoren passen und auf diese Weise Wohlgeschmack vorgaukeln, obwohl das Lebensmittel minderwertig und verdorben ist.

Natürlich gibt es auch **positive Szenarien**:

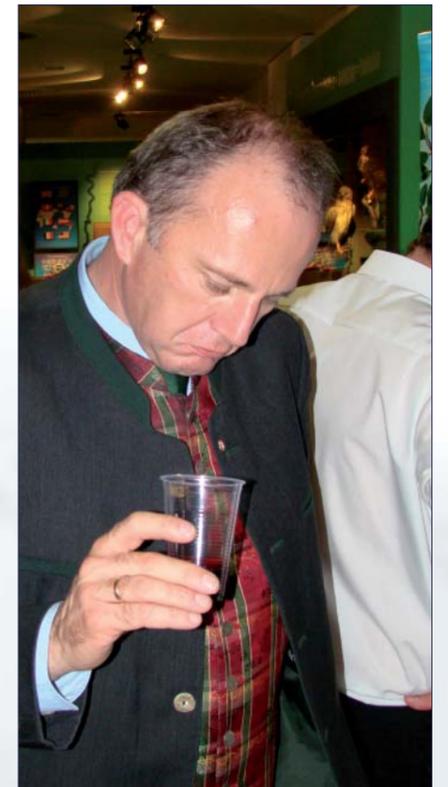
Medikamente, die mit weniger Nebenwirkungen genau auf das kranke Individuum passen.

Die Entschlüsselung komplexer Krankheiten aufgrund der Möglichkeit, in vielen Genomen Data Mining zu betreiben.

Diätpläne, die zur genetischen Veranlagung passen und damit die Gesundheit fördern und das Leben verlängern.

Bei der Analyse des menschlichen Erbgutes sollte auf jeden Fall die Anonymität gewahrt werden und die erhobenen Daten sollten mit Sorgfalt behandelt werden.

- Datenschutzgesetz (DSG) §1
- Gentechnikgesetz (GTG) §67 und §109
- Genanalyserregister gemäß § 79 Abs. 1 Z 1 GTG
- Gentechnikbuch gemäß § 99 GTG



8.1 Statements der Bevölkerung

Während unserer Arbeit im Haus der Natur drehten wir auch einige Interviews, um uns ein Bild über die Meinungen in der Bevölkerung machen zu können. Die unten angeführten Statements stammen aus diesen Videos. Auf unserer Webseite werden einzelne Videos zusammen mit den Statements veröffentlicht: <http://projekte.ursprung.at>.

Würden Sie Ihre DNA für Forschungszwecke hergeben?

„Wenn ich mir sicher bin, was damit gemacht wird, ich darüber gut informiert bin und ich es verstehe und gutheiße, dann ja. Aber einfach nur so, ohne zu wissen, was damit geschieht, sicher nicht.“ (Anonym, ca. 26 J.)

„Ja, würde ich schon. Ich hätte keine großen Bedenken. Was sollten sie mit meiner DNA groß anfangen?“ (Klaus O., ca. 42 J.)

„Das ist schwierig. Die Frage ist: unter welchen Bedingungen? Grundsätzlich kann ich mir das aber schon vorstellen.“ (Harald S., ca. 36 J.)

„Nicht zwangsläufig. Bei der Forschung ist es nämlich immer so eine Sache. Solange es nur für Forschung im Sinne der Wissenschaft verwendet wird, ist es selbstverständlich gutzuheißen. Wenn sie allerdings für eine Genforschung verwendet wird, wo zwischen guten bzw. schlechten Genen unterschieden wird und folglich auch zwischen guten bzw. schlechten Menschen ... Im evolutionären bzw. dann auch im ethischen Sinne ist es selbstverständlich abzulehnen, da uns das zu Zuständen wie zur Zeit der Rassenlehre bringen kann.“ (Michael M., ca. 17 J.)

Würden Sie Ihre DNA für unser Projekt hergeben, damit wir eine Statistik aufstellen können?

„Es erscheint mir dermaßen unwichtig, dass ich es glaube ich nicht täte.“ (Anonym, ca. 48 J.)

Was halten Sie von DNA-Datenbanken? Würden Sie Ihre DNA für solche Datenbanken hergeben?

„Nein, ... für keine fragwürdigen Zwecke ... für medizinische Zwecke: ja.“ (Hedwig M., ca. 60 J.)

„Es hängt davon ab, für welche Zwecke. Grundsätzlich einmal für bestimmte definierte Forschungszwecke, wenn ich weiß, was damit passiert und wenn ich sicher stellen kann, dass die DNA-Daten nicht auf irgendeine Weise weiter verwendet werden können, mit der ich nicht einverstanden wäre.“ (Astrid R., ca. 32 J.)

„Ich persönlich würde meine DNA nicht für DNA-Datenbanken hergeben. DNA-Datenbanken haben einen Vorteil für die Kriminalistik, für DNA-Analysen von Spuren am Tatort, allerdings haben sie auch den großen

Nachteil, dass man dem gläsernen Menschen damit wieder einen Schritt näher kommt.“ (Michael M., ca. 17 J.)

„Ja auf jeden Fall.“ (Anonym)

„Im Prinzip ja, mit Einschränkungen. Die Einschränkungen liegen sicher darin, dass ich nicht will, dass das an und für sich publiziert wird in Form von sozialem Networking oder sonst irgendetwas, sprich Facebook und so weiter, oder in öffentlich zugänglichen Datenbanken. Aber ansonsten egal.“ (Johannes G., ca. 53 J.)

„Wenn es ausschließlich zu Forschungszwecken verwendet wird: ja.“ (Stefan U., ca. 29 J.)

„Solange die Daten dann anonymisiert und nicht auf mich zurückverfolgbar sind, auf jeden Fall.“ (Anton W., ca. 35 J.)

„Das ist eine schwierige Frage, insofern, weil ich denke, es hat Vorteile genauso wie Nachteile.“ (Nadine H., ca. 25 J.)

„Wenn ich es nicht freiwillig mache und man würde es für kriminelle Zwecke verwenden wollen, könnte man es auf anderem Weg bekommen.“ (Klaus O., ca. 42 J.)

„Sind in gewissem Sinne notwendig, aber missbrauchsgefährdet und gehören gut kontrolliert und behutsam verwendet.“ (Dr. Torsten K., ca. 43 J.)

„DNA-Datenbanken sind sicher sehr wichtig. Sie sind für die Forschung sehr wichtig, müssen allerdings meiner Meinung nach auch dort bleiben. Sie dürfen nicht überall auftauchen.“ (Alois L., ca. 56 J.)

„Eine zweiseitige Sache ...“ (Markus P., ca. 34 J.)

„Über DNA-Datenbanken weiß ich gar nichts. Könnte mir aber vorstellen, dass es ein hoch brisantes Thema ist.“ (Harald S., ca. 36 J.)

Sie vertrauen den Wissenschaftlern komplett?

„In diesem Fall schon, ich persönlich hätte keine Idee, inwiefern man das missbräuchlich verwenden könnte. Sofern nicht irgendwelche Erbkrankheiten als Grund für irgendwelche Jobabsagen verwendet werden ... Ehrlich gesagt vertraue ich darauf, dass irgendwelche Gesetze dies regeln.“ (Anonym)

Was halten Sie von unserem Projekt?

„Ich finde es sehr interessant und bin schon gespannt auf das Ergebnis.“ (Markus E., ca. 37 J.)

„Ich halte das für ein gutes Projekt, es zeigt erstens einmal die Vielfalt, die es gibt. Zum zweiten fordert es SchülerInnen heraus, sich entsprechend naturwissenschaftlich auseinanderzusetzen und die Dinge auch der Bevölkerung bewusst zu machen.“ (Josef E., ca. 46 J.)

Warum haben Sie Ihre DNA jetzt hergegeben?

„Weil mich das Projekt interessiert und weil es anonym passiert.“ (Markus E., ca. 37 J.)

Kurzstatements:

DNA Abgabe ja/nein?

„Ich hätte keine Bedenken.“

„Auf jeden Fall.“

„Nur für Forschungszwecke.“

„Das ist eine schwierige Frage.“

„Nur wenn's anonym ist.“

„Für euch schon.“

Würden Sie Ihre DNA für kommerzielle Zwecke hergeben?

„Unter Wahrung der Anonymität würde ich sogar bei einer Firma meine DNA hergeben.“ (Markus E., ca. 37 J.)

„Ich persönlich halte nicht viel davon.“ (Michael M., ca. 17 J.)



8.2 Statement des Experten

Der Schutz genetischer Daten aus rechtlicher Sicht

Schwerpunkte der juristischen Diskussion über den Schutz genetischer Daten von Menschen liegen im Straf-, Arbeits- und Versicherungsrecht.

Im Strafverfahren wird die molekulargenetische Untersuchung angewendet, um Täter aufgrund biologischer Spuren zu identifizieren. Vom Staat gespeichertes Datenmaterial wird hier bereits vom Verfassungsrecht geschützt. Die Europäische Menschenrechtskonvention enthält das Menschenrecht auf Achtung des Privat- und Familienlebens. Nach der Judikatur des Europäischen Gerichtshofs für Menschenrechte zählen genetische Daten zum Privatleben und sind von dieser Bestimmung geschützt. Aufgrund ungerechtfertigter Speicherung oder Verwendung solcher Daten kann der Staat letztlich vor diesem Gerichtshof „geklagt“ werden.

Genetische Daten können auch von Arbeitgebern und Versicherern missbraucht werden. Sie machen die medizinische Voraussage bestimmter Krankheiten möglich. Aufgrund erhöhter Risikoanfälligkeit für Krankheiten droht betroffenen Arbeitnehmern oder Versicherungsnehmern die Gefahr, am Arbeitsmarkt diskriminiert zu werden oder keine

Krankenversicherung zu „leistbaren“ Prämien zu finden. Gesetzliche Regelungen, die davor schützen, finden sich im Datenschutzgesetz. Danach hat jeder Mensch das Recht auf Geheimhaltung ihn betreffender Informationen, sohin auch von Daten, die in seiner DNA enthalten sind. Wichtiger ist aber das Gentechnikgesetz. Der Gesetzgeber hat das Missbrauchspotential gerade durch Arbeitgeber und Versicherer erkannt und festgelegt, dass es diesen verboten ist, von (potentiellen) Arbeitnehmern und Versicherungsnehmern Ergebnisse genetischer Analysen zu erheben. Auch das Verlangen von Körpersubstanzen für genanalytische Zwecke oder die Verwendung zufällig erhaltener oder geheim ermittelter Daten ist nicht erlaubt. Arbeitgebern oder Versicherern, die sich daran nicht halten, droht eine Strafe von bis zu € 36.300,--.

Abschließend ist festzuhalten, dass eine umfassende Darstellung des einschlägigen rechtswissenschaftlichen Meinungsstandes den Rahmen dieses Artikels sprengen würde. Da der Gesetzgeber in diesem Bereich aber immer ein wenig der Wissenschaft hinterherhinkt, liefern die Erkenntnisse der SchülerInnen der HLFS Ursprung unter der Leitung von Konrad Steiner möglicherweise Denkanstöße, die derzeitige Rechtslage auf allfällige Regelungslücken und allenfalls erforderlichen legislativen Verbesserungsbedarf zu durchleuchten.

Autor: Wolfgang Gappmayer ist Rechtsanwaltsanwarter in Wien und war als Schüler der HLFS-Ursprung im Team des Projekts „Gentechnik in der Schule“ im Schuljahr 1997/98.

Literatur:

Eisenberger/Hödl, GATTACA; oder: Brauchen wir ein eigenes Grundrecht auf Wahrung genetischer Information? *Juridicum* 2003, 113.
Tretter, *Der digital bewegte Mensch; Europäische Präsidentenkonferenz, AnwBl* 2010, 165.
Löschnigg, *Datenschutz und Kontrolle im Arbeitsrecht, RdA* 2006, 459.

Europäische Menschenrechtskonvention,

BGBl.Nr. 210/1958 zuletzt geändert durch BGBl. III Nr. 30/1998
Artikel 8 - Recht auf Achtung des Privat- und Familienlebens

(1) Jedermann hat Anspruch auf Achtung seines Privat- und Familienlebens, seiner Wohnung und seines Briefverkehrs.

(2) Der Eingriff einer öffentlichen Behörde in die Ausübung dieses Rechts ist nur statthaft, insoweit dieser Eingriff gesetzlich vorgesehen ist und eine Maßnahme darstellt, die in einer demokratischen Gesellschaft für die nationale Sicherheit, die öffentliche Ruhe und Ordnung, das wirtschaftliche Wohl des Landes, die Verteidigung der Ordnung und zur Verhinderung von strafbaren Handlungen, zum Schutz der Gesundheit und der Moral oder zum Schutz der Rechte und Freiheiten anderer notwendig ist.

Datenschutzgesetz 2000

BGBl. I Nr. 165/1999
Artikel 1 Grundrecht auf Datenschutz

§ 1.(1) Jedermann hat, insbesondere auch im Hinblick auf die Achtung seines Privat- und Familienlebens, Anspruch auf Geheimhaltung der ihn betreffenden personenbezogenen Daten, soweit ein schutzwürdiges Interesse daran besteht. Das Bestehen eines solchen Interesses ist ausgeschlossen, wenn Daten infolge ihrer allgemeinen Verfügbarkeit oder wegen ihrer mangelnden Rückführbarkeit auf den Betroffenen einem Geheimhaltungsanspruch nicht zugänglich sind.



Gentechnikgesetz

BGBl. Nr. 510/1994 zuletzt geändert durch BGBl. I Nr. 127/2005

Verbot der Erhebung und Verwendung von Daten aus genetischen Analysen für bestimmte Zwecke

Art.1 § 67. Arbeitgebern und Versicherern einschließlich deren Beauftragten und Mitarbeitern ist es verboten, Ergebnisse von genetischen Analysen von ihren Arbeitnehmern, Arbeitsuchenden oder Versicherungsnehmern oder Versicherungswerbern zu erheben, zu verlangen, anzunehmen oder sonst zu verwerten. Von diesem Verbot sind auch das Verlangen nach Abgabe und die Annahme von Körpersubstanz für genanalytische Zwecke umfasst.

9. Rezepte

Eve:

Preiselbeeren-Limonade:

- Zutaten:
- 250 ml Leitungswasser
 - 2 große EL Preiselbeermarmelade
 - 1 kleine Messerspitze Steviosid

Zubereitung:
Wasser mit Preiselbeermarmelade vermischen und anschließend die Beeren wieder abseihen. Nun das Steviosid dazugeben und gut vermischen.

Aronia-Stevia-Eistee:

- Zutaten (für ca. 500 ml):
- 1 Teebeutel Schwarzer Tee
 - 500 ml heißes Wasser
 - 2 cl Aroniakonzentrat
 - 2 TL Honig
 - 2 Messerspitzen Steviapulver
 - 2 cl Zitronensaft
 - 2 TL Zucker

Zubereitung:
Zuerst kocht man den Tee (ca. 5 Minuten ziehen lassen). Anschließend gibt man eine Zutat nach der anderen hinzu und mischt alles, bis sich auch Zucker und Honig aufgelöst haben.

TIPP: Gekühlt erfrischt er am besten. Man kann ihn auch mit Grünem Tee machen.



Orangen-Vanille-Pudding mit Stevia:

- Zutaten:
- 1 Pkg. Vanillepudding-Pulver (ca. 37g)
 - 10 Messerspitzen Steviapulver (ca. 0,28 g)
 - 1/2 l Orangensaft

Zubereitung:
Zuerst gibt man 350 ml Orangensaft in einen Topf, erhitzt ihn und lässt ihn aufwallen. Unterdessen vermischt man das Puddingpulver mit Stevia und dem restlichen Orangensaft. Diese Mischung muss so lange gerührt werden, bis sie komplett flüssig ist. Dann vermischt man sie unter schnellem Rühren mit dem heißen Orangensaft und lässt das Ganze nochmal kurz aufwallen. Falls gewünscht den Pudding in Formen füllen und auskühlen lassen.

Pleiten, Pech und Pannen:
Ich habe sehr viel mit Pudding-Arten experimentiert und mir ist dabei auch so einiges schief gegangen. Einige Variationen waren kaum zum Essen geeignet, andere wiederum schmeckten wie Orangen-Schoko-Kekse. Auch das Kochen war nicht so einfach, wie es klingt. Ich hätte nie gedacht wie gefährlich wallender Pudding sein kann, da sind Gey-sire nichts dagegen ;).

Auch das Finden des richtigen, wohlschmeckenden Aronia-Stevia-Verhältnisses war härter als gedacht. Nach vier Stunden tüfteln und viele Geschmackskombinationen später war es dann vollbracht. Jedoch war uns ziemlich schlecht vom dauernden Probieren der nicht so gelungenen Mischungen.

TIPP von Eve: Orangenstücke mit Steviosid schmecken auch sehr lecker. Die Süße mildert die Säure der Orange etwas: sehr angenehm.

Dios + LabFab:

Aronia-Apfel/Orangen Limo

Zutaten:

- 4 EL Aronia-Sirup (5 fache Konzentration)
- 700 ml Mineralwasser
- 250 ml Orangen oder Apfelsaft (Apfelsaft sollte naturtrüb sein, dadurch wird der filzige Geschmack von Aronia etwas aufgehoben)
- 7 Messerspitzen Stevia

Zubereitung:

Aronia (ggf. per Trichter) in einen Behälter geben, anschließend Orangen- oder naturtrüben Apfelsaft hinzugeben.

Als nächstes wird Stevia je nach gewünschter Süße beigemischt. Bei unseren Versuchen empfanden wir 7 Messerspitzen als angenehm süß und daher als geeignet. Dann vermischen. Mineralwasser langsam hinzugeben. **VORSICHT:** das Gemisch neigt zu starker Schaumbildung und durch die Kohlensäure kann es zu Herumspritzereien in der Küche kommen.

Nochmals leicht durchmischen und **FERTIG**. Gutes Gelingen und viel Spaß beim Probieren!



Gummibären-Stevia

Zutaten:

- 15 g Gelatine + 50 ml Wasser – quellen lassen
- 30 g Sirup (Himbeer, Johannisbeer, Aronia – dann aber weniger!, ...)
- 10 g Honig
- 3 g Zitronensäure
- ca. 1/2 Teelöffel Stevia – kann aber auch mehr oder weniger sein, kommt auf das persönliche Geschmacksempfinden an ...

Zubereitung:

Gelatine und Wasser bei schwacher Hitze quellen lassen (kann leicht komisch riechen, kommt von der Gelatine).

Dann Honig und Zitronensäure dazugeben, gut vermengen und zum Schluss den Sirup hinzufügen. Zuletzt noch so viel Stevia dazugeben, bis die gewünschte Süße erreicht ist.

Die Masse dann in eine aus Alufolie geformte Form gießen, so dass die Flüssigkeit ca. 1 cm hoch steht.

Ab in den Kühlschrank und etwa 2 Stunden warten, bis die Masse ausgehärtet ist. Danach noch in Würfel schneiden und genießen!

Vorsicht!

Tipps zum Kochen mit Stevia:

- *Stevia ist ca. 300 mal süßer als Zucker*
- *1 Messerspitze reicht oft schon*
- *geschmacklich ist's besser, wenn man nur einen Teil des Zuckers ersetzt*
- *bei säurehaltigen Lebensmitteln etwas mehr Stevia als gewöhnlich dazugeben*
- *passt gut mit Orangen, Joghurt und Nüssen zusammen*
- *schmeckt in Kombination mit Beeren sehr gut (z.B. Aronia)*

Heigei:

Karottenkuchen

Zutaten (für ein Blech):

- 10 Eier
- 200 g Butter
- 200 g Zucker
- ca. 1 g Stevia
- 100 g Mehl
- 2 Backpulver
- 500 g geriebene Karotten
- 240 g geriebene Mandeln
- 300 g Kokosflocken
- 1 Schuss Rum
- abgeriebene Schale einer ungespritzten Orange
- Marillenmarmelade

Zubereitung:

Zuerst Eier trennen und Ei-Schnee schlagen. Anschließend Dotter mit Butter, Zucker und Stevia schaumig rühren, dann geriebene Karotten, Mehl, Backpulver, die abgeriebene Orangenschale, geriebene Mandeln, Kokos (240g) und Rum beimengen. Zuletzt das steif geschlagene Eiweiß unterheben. Bei ca. 175 Grad Heißluft 45 Minuten backen.

Danach den Kuchen mit Marillenmarmelade bestreichen und mit den restlichen Kokosflocken bestreuen.

(Es können statt Karotten auch Zucchini oder Kürbis verwendet werden.)

Geschichte dazu:

Für den „Tag der offenen Tür“ in unserer Schule haben wir zu dritt beschlossen, zum ersten Mal ganz allein einen Kuchen zu backen.

Bevor das Spektakel starten konnte, benötigten wir noch Zutaten. Wir konnten einen Lehrer überreden, mit uns einkaufen zu fahren. Zum Glück war er ein echter Back-Profi, sonst hätten wir, glaub ich, einige Fehler gemacht! Natürlich hat er uns auch noch



eine Flasche Rum gekauft, damit der Kuchen auch perfekt werden würde.

Nachdem wir die Zutaten beinander hatten, wollten wir im Erzieherbüro im Internat anfangen zu backen, doch die Erzieher hatten keine Schüsseln, geschweige denn einen Mixer.

Also ging es die ganze Zeit Stiege rauf Stiege runter, um die Utensilien aus der Schulkantine zu holen.

So begannen wir zu backen und unsere Backkünste herauszufordern. Zu unserer Überraschung sind uns keine wirklichen Fehler passiert, obwohl wir noch nie zuvor (außer im Kochunterricht in der Hauptschule) Kuchen gebacken hatten.

Der Kuchen wurde dann am nächsten Tag, es war eben der „Tag der offenen Tür“, von unzähligen Eltern und Schülern, die unsere Schule besuchten, gekostet.

Es gab sehr viele positiven Rückmeldungen! (Und wir fanden auch, dass er ziemlich gelungen war und sehr gut schmeckte!)

Viel Spaß also beim Backen!! (Diesen Kuchen schafft auch ein Mann, der noch nie gebacken hat! ;))



Simone:

Vanillejoghurt

Zu normalem Naturjoghurt wird ganz einfach pro Becher 1/2 Messerspitze Steviosid und etwas Bourbon-Vanille gegeben. Umrühren und genießen! VORSICHT: besser zuerst etwas weniger Steviosid nehmen und nachsüßen, sonst kanns leicht zu süß bzw. bitter werden!

Beerenjoghurt

Zu normalem Naturjoghurt wird pro Becher ca. 1/2 Messerspitze Steviosid und je nach Geschmack 1/3 TL Aroniasaftkonzentrat oder frische Beeren gegeben. VORSICHT: besser zuerst etwas weniger Steviosid nehmen und nachsüßen, sonst kanns leicht zu süß bzw. bitter werden!

TIPP: Auch Naturjoghurt alleine mit Stevia gesüßt hat schon was! Einfach alles mögliche ausprobieren, schmeckt wirklich fast alles gut, auch mit Kakao, etc.

Chrissi:

Schokokekse

- Zutaten:
- 145 g Butter, zimmerwarm
 - 130 g Zucker, braun
 - 1 TL Salz
 - 1 TL Backpulver
 - 2 m.-große Eier, zimmerwarm
 - 240 g Mehl
 - 180 g Kakaopulver, gesüßtes
 - 20 g Getränpulver (Cappuccinopulver, Vanillegeschmack)
 - 1 Flasche Vanillearoma
 - 1 TL Süßstoff (Stevia)

Zubereitung: Zuerst die Butter mit dem braunen Zucker, Stevia, Salz und Backpulver luftig schlagen. Dann die Eier und das Vanillearoma unterschlagen. Zum Schluss Mehl, Kakaopulver und Cappuccinopulver unterrühren.

Den Ofen auf 175°C (Ober-/Unterhitze) vorheizen. Mit einem Teelöffel kleine Häufchen in ca. 10 cm Abstand auf das mit Backpapier belegte Backblech setzen. Die Kanten der Häufchen glätten, damit ein schöner runder Keks entsteht. Die Kekse laufen beim Backen sehr weit auseinander, deswegen können pro Blech nur ca. 9 Kekse gebacken werden.

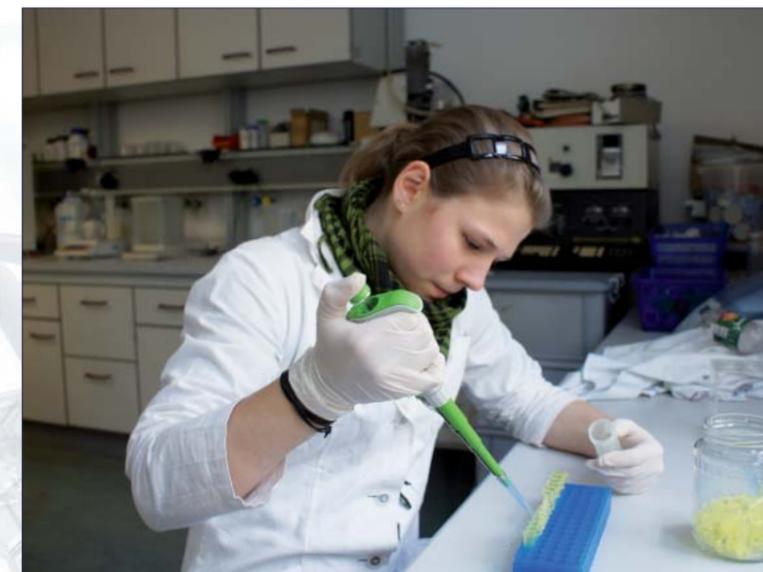
Das Blech auf die mittlere Schiene schieben und die Kekse 15 Minuten backen. Anschließend das Blech aus dem Ofen nehmen und die Kekse ca. 10 Minuten ruhen lassen. Sie sind anfangs noch sehr weich. Sie härten aus, wenn sie abkühlen.

Die Kekse schmecken sehr gut. Das Vanillearoma überdeckt den Steviageschmack fast ganz. Nachteil: Sie werden nicht ganz hart.

10. Eindrücke und Statements

Simone:

Heuer bin ich ja eigentlich schon ein „alter Hase“ beim Projekt, wenn man das so sagen kann – ich hatte letztes Jahr schon einmal die Ehre, dabei zu sein. Das letztjährige Projekt legte meinen Erwartungen die Latte hoch, jedoch war dies für uns heuer kein Problem! Es ist wirklich erstaunlich, wie verschieden Projekte sein können und wie viel Neues man dabei lernt, vor allem auch durch die Fehler, die man macht. Pas-



siert ist das vor allem bei Dingen, wo ich mir nie gedacht hätte, dass da so viel dahinter steckt. Sei es das Zusammenstellen eines Fragebogens, die Auswertung, etc. Ich muss sagen, wir haben alle Herausforderungen bestmöglich bewältigt und es ist schön zu sehen, wie sehr jeder Einzelne mit seinen Eigenschaften für dieses gute Ergebnis gebraucht wurde. Danke an das Spitzen-Team, Pilot und unsere Spitzen-Laborleiter natürlich inkludiert, die immer Nervenstärke bewiesen. Danke für die tolle Zeit, geprägt von lehrreichen Erfahrungen, Training für das Durchhaltevermögen und nicht zuletzt von der Gaudi, die wir hatten! ;)

Ramses:

Die letzten (fast) fünf Monate, die wir hier an diesem Projekt gearbeitet haben, haben mir wahnsinnig gut gefallen! Ich finde es faszinierend, wie aus einer Idee durch das Engagement jedes einzelnen ein so tolles Projekt, aber vor allem ein so tolles Ergebnis entstehen kann. Anfangs hätte ich nie gedacht, dass so viel Arbeit und so genaue Planung notwendig sein würden, um so etwas auf die Beine zu stellen. Ich habe gesehen wie kleine Details, die einem zuerst eher belanglos erscheinen, ein ganzes Projekt fast kippen können. Aber nachdem wir das Organisatorische erledigt hatten und im „Haus der Natur“ richtig losstarten konnten, hat es mir sehr viel Spaß gemacht. Ich kann wirklich sagen, dass die Freizeit, die das Projekt in Anspruch genommen hat, sehr gut investiert war. Es ist wirklich ein großartiges Team und es ist toll hier mitarbeiten zu dürfen!



Pilot:

Über 400 DNA Proben auf 3 Punktmutationen im Schullabor untersuchen, sensorische Tests mit Stevia und Aronia mit über 400 Personen, Fragebögen entwerfen, verbessern, die Unmengen an



Daten statistisch auswerten: Unmöglich in einer Schule durchzuführen, prognostizierten mir erfahrene Pädagogen. Ein 25-köpfiges SchülerInnen-Team belehrte auch mich eines Besseren. Jeder einzelne, jede einzelne brachte seine/ihre Stärken und Begabungen ein. Anfängliche ordentliche Tiefschläge wie falsch designte DNA-Sonden oder suboptimale Fragebögen konnten die Truppe nicht erschüttern. Unermüdlich kämpften sie weiter bis zum Erfolg. Teamgeist, Zusammenhalt, Motivation,

Eve:

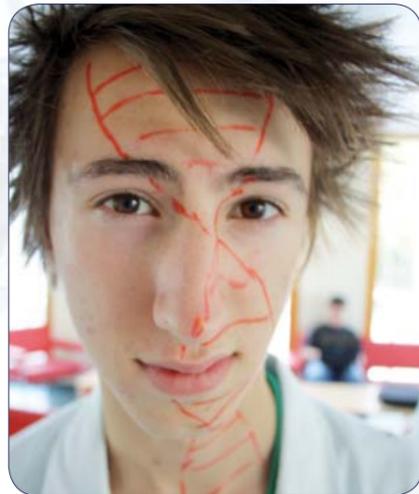
Als ich von der Projektidee gehört habe, war ich schon begeistert. Doch im Laufe unserer Arbeit hat sich dann erst herausgestellt, wie spannend und interessant das Projekt wirklich war. Unsere Aufgaben waren sehr abwechslungsreich, immer wieder bekamen wir den Anreiz, uns in die Materie weiter hineinzuarbeiten, um auch wirklich alles zu verstehen. Was mir sehr gefallen hat waren die Interviews und der dadurch entstandene Kontakt zu den Menschen, die teilweise wussten, was man über die DNA alles analysieren kann. Andere hatten wieder gar keine Ahnung von dieser Thematik und wir konnten ihnen viele Informationen geben. Weil ich mich selbst eher zu den „Laborratten“ zähle, begeisterte mich die Analyse der verschiedenen DNA-Proben sehr. Es war eine tolle Erfahrung, mit meinen SchulkollegInnen hier ein wirklich faszinierendes Projekt auf die Beine zu stellen. Und da wir zusätzlich auch noch sehr viel Spaß hatten, war es einfach SUPER.



gewachsen. Wir sind im Team zusammengewachsen und haben sozusagen fast Unmögliches möglich gemacht. Ich würde sofort wieder bei so einem Projekt mitmachen. Man sieht Dinge, die man wohl nicht so schnell wieder sieht. Und wer hätte vor dem Projekt gedacht, dass wir drei Männer ;-)) einen Kuchen backen und einen Pudding machen können, die sogar gut schmecken. Also: Alles ist möglich = SteviAron!!!

Eisl:

Ich kann nur sagen, das Projekt war einfach grenz-genialst!!!! Wir haben fast bei Null angefangen und uns immer



weiter raufgearbeitet, und wenn uns auch so manche Fehler passiert sind, haben wir diese doch durch gemeinsa-

me Ideen immer ziemlich beseitigt. Was ich toll fand war, dass jeder seine Ideen ins Projekt einbringen konnte und diese auch meistens umgesetzt wurden und dass wir die meisten Entscheidungen selbst treffen durften. Dadurch wurde das Projekt zu einem absoluten Schülerprojekt!! Ich fand es auch cool, fast überall mitzuwirken, angefangen beim Proben-Nehmen und -analysieren im DNA-Labor, bis hin zur Produktentwicklung und zum Kuchen backen. Und das Wichtigste ist natürlich, dass der Spaß nie zu kurz gekommen ist!!!

Geier :

Dieses Projekt hat meine Lust darauf, etwas Neues zu erforschen, erst richtig geweckt. Nicht nur die Arbeit im Labor und das anschließende Auswerten haben mir sehr gut gefallen, sondern auch das Befragen und Proben-Nehmen bei verschiedenen Leuten habe ich sehr gerne gemacht.



Der Zusammenhalt unseres großartigen Teams hat auch eine wichtige Rolle für den Erfolg dieses Projektes gespielt. Mit Leuten zusammenzuarbeiten, mit denen man sich gut versteht, ist immer wichtig. Dies hat bei uns Gott sei Dank nicht gefehlt. Ich denke wir haben dieses Projekt, getrieben von Herrn Steiner, sehr gut gemeistert und hoffentlich auch zum Erfolg geführt.

Wopfner:

Wahnsinns-Projekt, das mich immer noch mit seiner Komplexität und Genialität fesselt. Mit der Hauptaufgabe, mich um die Aronia-Pflanzen zu kümmern, wurde mir eine Menge Verantwortung übertragen. Ich habe sie aber so gut es möglich war bewältigt. Daneben habe ich jedoch auch Laborerfahrung gesammelt, die ich erfolgreich einsetzen konnte. Die Idee und Ausführung dieses Projekts waren ausgezeichnet.



Dani:

Durch dieses Projekt habe ich einen ganzen Haufen Neues gelernt. Nicht nur Sachen für Schule und Labor, sondern auch Dinge, die man im Leben sicher gut brauchen kann. Unser Professor hielt uns immer das Ziel



vor Augen und gab uns das nötige Vertrauen, dass man alles schaffen kann, wenn man nur Durchhaltevermögen, Engagement und Teamgeist beweist. Ferientage, Sonntagabende und freie Nachmittage hielten uns Ursprünge demnach auch nie ab, uns in unser Projekt zu stürzen. Richtig fasziniert hat mich der Ehrgeiz und die Zusammenarbeit im Team. Das Arbeitsklima war einfach toll, denn bei unserem Projekt fühlte man sich nicht wie in der Schule überwacht von einem Lehrer, sondern als Partner. Darum kam auch der Spaß nie zu kurz. ;)



Heigl:

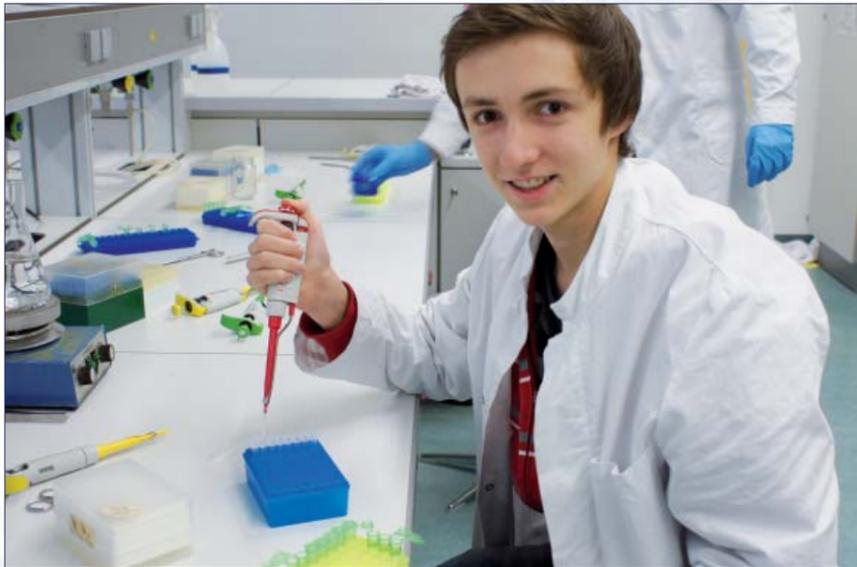
Ein fantastisches Projekt!!!!

Es hat mich wirklich geprägt. Genial, wie aus einer anfänglichen Idee so ein gewaltiges Projekt entsteht, wenn man bedenkt, wie viele Fehler und wie viel Arbeit nötig sind, um zum Endergebnis zu kommen. Wirklich cool, wie sich im Laufe der Zeit immer neue Möglichkeiten und Erkenntnisse zeigen. Jeder von uns hat sein Bestes gegeben und ist über sich hinaus-

Hagenauer:

Was mich am meisten an diesem Projekt beeindruckte war die Zusammenarbeit mit meinen Schulkollegen.

Obwohl es öfters Meinungsverschiedenheiten gab, wie z.B. beim Auswählen des Projektnamens, sind wir immer mehr zu einer Einheit ver-



schmolzen. Maßgeblich dazu beigetragen hat unser sehr engagierter Lehrer, der uns immer wieder motivieren konnte.

Man konnte sich auf jedes Mitglied des Teams 100% verlassen, was uns die Arbeit sehr erleichtert hat.

Das Arbeiten am Projekt hat mir sehr viel Spaß gemacht und mich darüber aufgeklärt, was man mit der menschlichen DNA alles anfangen kann. Ich habe es nie bereut, bei diesem Projekt mitzumachen.

Karo:

Dieses Jahr durften wir endlich beim Gen- und Biotechnologie-Projekt mitmachen. Als feststand, was wir machen wollten und was alles dazu gehörte, war ich sofort Feuer und Flamme. Vor allem, dass wir mit unserem Projekt ins Haus der Natur gegangen sind und dort Proben gesammelt haben, war genial. Die Analyse der DNA, das Drehen der Interviews und das Roll-up-malen zählen für mich persönlich zu den Highlights.

Die Teammitglieder könnten gar nicht verschiedener sein, doch ich glaube, genau das macht uns aus. Jeder hat seine Stärken irgendwo anders und das kam uns oft zu Gute. Es wurden viele Freundschaften geschlossen und wir hatten so viel Spaß zusammen!



Wenn es harte Zeiten gab hat immer irgendjemand anders die Zügel in die Hand genommen und die anderen wieder angetrieben. Vielen Dank an unseren Laborleiter Michael Gadermaier (ein Absolvent eines GBT Projektes aus dem Jahre 2002), der vieles überhaupt erst möglich gemacht hat.

Ein richtig fettes Lob an unser ganzes Team. Diese Zeit war wirklich toll.

LabFab:

Da ich heuer zum ersten Mal bei einem GBT-Projekt dabei sein durfte und bis dahin nur Positives gehört hatte, war



ich schon sehr gespannt. Welche Arbeiten würden auf mich zukommen? Als ich von der Idee des Projektes hörte, war ich sofort überzeugt und begeistert. Von Beginn an war mir klar, dass diese großartige Idee Früchte tragen würde. Ich finde, dass sich ein sehr gutes Team gebildet hat. Jeder half dem anderen gerne – wir verfolgten ja auch alle das gleiche Ziel ...

Dieses vielschichtige Projekt ist eine wahre Bereicherung für mich gewesen. Wir arbeiteten alle mit Begeisterung und Ernst an der Sache, aber auch der Spaß kam nie zu kurz (Stichwort: Trockeneisschlacht). Zu Beginn mussten wir Tiefschläge hinnehmen, aber so ist nun mal Wissenschaft. Wir würden ga-

rantiert nicht aufgeben, es war für uns sogar ein Grund noch mehr Gas zu geben, was uns sehr gut gelang.

Alles in allem ein endgeiles Projekt.

Carina:

Als wir von unserem diesjährigen Projekt erfuhren, waren wir alle sofort total begeistert. Heuer waren also wir dran, uns einer Herausforderung zu stellen. Uns stellte sich die Frage, wie



Geschmäcker mit Genen zusammenhängen können. Jedoch taten sich bei mir auch einige Zweifel auf: die Schule, das Projekt ... alles war extrem viel Arbeit. Doch dann regelte es sich wie von selbst. Jeder von uns durfte sich aussuchen, in welchem Bereich er arbeiten wollte. Es war wirklich super, welche Möglichkeiten uns geboten wurden, damit unser Projekt Fuß fassen konnte und wir ein so tolles Ergebnis erzielen konnten. Als unsere Haus-der-Natur-Woche begann, waren wir alle schon sehr gespannt, wie unser Projekt in der Öffentlichkeit ankommen würde. Es war interessant zu beobachten, wie Leute zum Thema DNA und Gene Stellung nahmen. Die einen behandelten es mit großer Vorsicht, anderen war es egal. Da hörte man schon einige lustige Begründungen dafür, uns ihre DNA zu überlassen. Es waren auch einige lange Stunden dabei, in denen wir überlegten, in welchem Verhältnis die Proben gemischt werden mussten oder warum dieses oder jenes Ergebnis nicht stim-

men konnte. Doch in dieser Zeit half das ganze Team zusammen und wir fanden trotz aller Verzweiflung (und teilweise fehlender Motivation) eine Lösung. Ich bin wirklich sehr froh, an diesem Projekt teilgenommen zu haben. Es war eine tolle Zeit, in der Freude und Verzweiflung oft nahe beieinander lagen. Die Arbeit war wirklich spannend und interessant, und auch die Gaudi kam nicht zu kurz. Alle Zweifel, die wir anfangs hatten, lösten sich in Luft auf. Ich habe es keinesfalls bereut, an diesem Projekt teilgenommen zu haben. (:

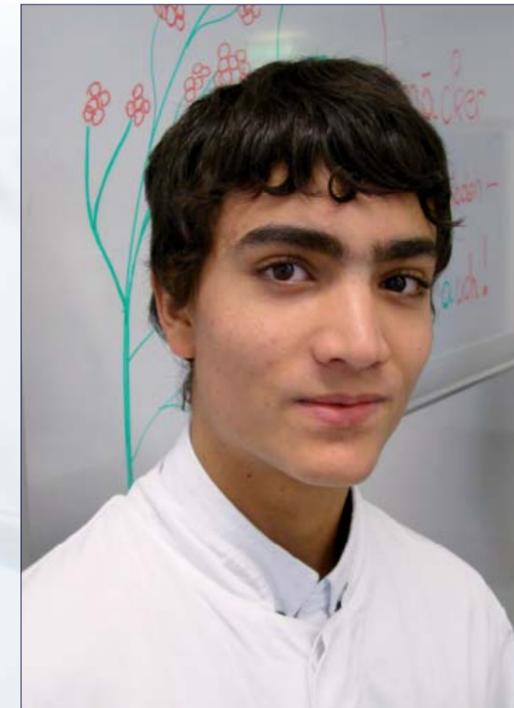
AminKr.:

Was ich an unserem Projekt so großartig finde ist, dass wir bereits in der Schule die Möglichkeit haben zu erleben, wie Forschungsprojekte ablaufen. Es gibt Highlights, lästige Arbeiten und Rückschläge. Man lernt selbstständig zu arbeiten, Verantwortung zu übernehmen und im Team zu arbeiten. Alle diese Dinge braucht man im späteren Leben. Vor allem jedoch kann man Erfahrungen für das Studium sammeln. Welche Schulen bieten schon die Möglichkeit, an qPCRs mit TagMan-DNA Sonden Analysen durchzuführen? Mir persönlich hat die Datenbeschaffung im Haus der Natur am besten gefallen. Ich fand es faszinierend mit den Leuten direkt über so ein komplexes Thema zu sprechen und sie um ihre Meinung zu fragen.

Zusammenfassung: Es war ein wahnsinnig tolles Projekt.

Bernhard Sampl:

Ich hatte immer gedacht, dass gentechnische Methoden nur darauf abzielen würden, neue Kreaturen zu erschaffen. Nach diesem Projekt kenne ich nun die vielfältige Bandbreite an Möglichkeiten, die uns diese Technologie bietet. Trotz einiger Rückschläge (wie den ersten DNA-Analysen mit FRET-Sonden ...) schafften wir es immer wieder, uns zu motivieren und einen Vorteil in jedem neuen Problem zu finden. Den erfolgreichen Abschluss haben wir wohl der exzellenten Organisationsarbeit von Herrn Steiner zu verdanken. Viele Dinge wurden uns dadurch ermöglicht, wie die Arbeit am qPCR, das Labor und die vielen Kurse,



z.B. übers Filmen und Filme schneiden. In diesen Monaten haben wir wohl alle viel über Projektarbeit gelernt und ich denke für unsere berufliche Laufbahn wird dieses Projekt in vielen Beziehungen Vorteile haben.

Ich fand es am Wichtigsten, dass wir gelernt haben, wie man solche Technologien praxisnah einsetzt, aber den Aspekt der Gefahren und Risiken, die sich dabei ergeben, ebenfalls erläuterten.

Chrissi:

Das heurige Projekt war einfach genial. Als wir von diesem Projekt erfahren wusste noch keiner, wie viel Arbeit aber auch interessante Dinge auf

uns zukommen würden. Ich habe in diesen Monaten, als das Projekt in vollem Gange war, sehr viel gelernt – insbesondere bei den Labortagen, wo wir das Geschmacksgen TAS2R38 auf 3 SNPs analysieren durften. Es wurden die Aufgaben gut aufgeteilt, keiner hatte (viel) zu viel Arbeit und es hat sich ein gutes Team herauskristallisiert.

Es war eine tolle Erfahrung. Trotz anfänglicher Fehler haben wir das Projekt gut hinbekommen und natürlich kam der Spaß auch nie zu kurz.



Brunch:

Heuer war ich schon zum zweiten Mal beim GBT-Projekt dabei, im Jahr davor hatte es mir sehr gut gefallen. Weil wir erst im November mit der



Schule begannen, stießen wir erst später zu unseren Laborkollegen dazu. Als mir das Thema des heurigen Projekts erklärt wurde gefiel mir

die Idee sofort, weil ein Teil des Projekts sich auch mit der Landwirtschaft befasste. Bisher hat mir die Projektarbeit sehr gut gefallen und auch die Probenahme im Haus der Natur war sehr spannend.

Christine:

Als ich das erste Mal vom diesjährigen Projekt gehört habe, war ich sofort be-



geistert. Ich wusste, dass ich mitmachen musste. Jedoch kamen auch einige Zweifel auf, ob für den regulären Schulunterricht genug Zeit übrig bleiben würde, aber diese Befürchtung bestätigte sich nicht. Als wir das Team in verschiedene „Taskforces“ einteilten wusste ich sofort, was ich machen wollte und meldete mich für die „Film-Taskforce“. Unser Film- und Interviewtrainer Harry Russegger lehrte uns alles sehr genau, so dass wir beruhigt und gut vorbereitet zur Tat schreiten konnten. Die Woche im Haus der Natur stellte für mich den Höhepunkt dar. Es war spannend mit so vielen verschiedenen Leuten zusammenzuarbeiten und die verschiedenen Meinungen der Besucher zu hören. Alles in allem kann ich sagen, dass ich froh bin, beim Projekt dabei gewesen zu sein. Die Arbeit war lustig, interessant und spannend und keine der dafür aufgebrauchten Minuten war umsonst. Ich habe viel gelernt, nicht nur über die Thematik selbst, sondern auch, wie man mit fremden Menschen am besten umgeht.

Grömer:

Für mich ist SteviAron schon das zweite Projekt, an dem ich teilnehme. Und um ehrlich zu sein habe ich mir zu Beginn gedacht, dass es dem letztjährigen



nicht das Wasser reichen kann. Doch nach und nach habe ich das Projekt besser kennengelernt und spätestens seit der Arbeit im Haus der Natur bin ich begeistert. Und wenn man sich stolz die Statistik über die fast 400 ausgewerteten Proben ansieht muss man wirklich sagen: wieder ein tolles Projekt!

Clau:

Mich hat die Zusammenarbeit in unserem Team fasziniert. Wir sind alle so unterschiedliche SchülerInnen und haben es trotzdem geschafft, immer wie-



der an einem Strang zu ziehen. Das Entwerfen des Roll-ups für unseren Stand hat mir persönlich am Besten gefallen, bei dieser Arbeit war unserer Kreativität keine Grenze gesetzt, und schlussendlich kann sich unser Roll-up herzeigen lassen. Auch das Interviewen im Haus der Natur und die verrückten Ideen von Harry waren für mich ein Highlight. Von diesem Projekt kann sicher jeder von uns profitieren, denn mit diesem Wissen und diesen tollen Erfahrungen haben wir einiges dazugelernt. Dass wir diese geniale Idee so toll umgesetzt haben beeindruckt mich immer wieder, aber es wäre nie möglich gewesen ohne dieses tolle Team und die Super-Leitung! (:



Dios - Dionys:

Ich war mit voller Begeisterung beim Projekt dabei. Es hat mich aus mehreren Gründen interessiert:

Erstens natürlich das Thema des Projekts: Ich hätte mir selber nicht vorstellen können, dass unser Geschmackempfinden auf den Genen abgespeichert ist und dass diese unseren Konsum bestimmter Lebensmittel deutlich beeinflussen. Zweitens hat mich der Aufbau eines solchen Projekts fasziniert: Wie es überhaupt funktioniert, zu Ergebnissen zu kommen, sei das hinsichtlich Know-



How, Engagement oder finanzieller Mittel. Das Tolle an diesem speziellen Projekt war, dass es so vielschichtig war: wir haben unsere Gene analysiert, deren Zusammenhang mit Stevia und zuletzt der „Wunderpflanze“ Aronia festgestellt (mit der ich unter anderem mehr zu tun hätte), usw. Neben diesen Punkten habe ich auch durch meine Aufgabe als Fotograf sehr viel dazugelernt. Es ist nicht immer ganz leicht, die besten Momente festzuhalten, doch ich gab mein Bestes.

Danke für diese tollen Erfahrungen!

Max:

Obwohl ich nun schon zum zweiten Mal an einem der Gen- und Biotechnologie-Freifächer an unserer Schule teilgenommen habe,



war ich wie beim ersten Mal begeistert: von der Idee, der Freude meiner MitschülerInnen und unserer erbrachten Leistung – die meiner Meinung nach beträchtlich ist für eine Schule und die zum Großteil eher jungen ProjektteilnehmerInnen. Wie letztes Jahr konnte ich wieder viel lernen und bin trotz meiner eher aus dem Hintergrund einfließenden Arbeit sehr stolz auf unser Ergebnis.

Hausa:

Nun ist es so weit und ich schreibe am Statement, was so ziemlich das Ende der Projekt-Arbeit bedeutet. Durchdrungen von Elan und Arbeitslust starteten wir mit dem Projekt, doch mussten wir anfangs herbe Rückschläge (falsche Laborergebnisse, Fehler bei den Mischungen) erleiden, die uns aber größtenteils noch mehr zusammenschweißten und uns Willen gegeben haben, es beim zweiten Ver-



such besser zu machen. Uns wurde schon im Vorhinein gesagt, dass es viel Arbeit bedeuten würde, an diesem Projekt mitzumachen. Doch empfand ich es nicht als Arbeit, mit meinen Freunden zu forschen und neue Dinge herauszufinden, im Gegenteil: es machte mir ungeheuren Spaß. Da das Projekt so vielfältig war konnte jeder seine besonderen Fähigkeiten einbringen und das machen, wo er dachte, er könne es gut und würde daran Spaß haben. Am besten hat mir gefallen, wie wir an dieses Projekt herangegangen sind. Wir haben jede noch so kleine Entscheidung zusammen getroffen und über alle Vorschläge und Fehler lange diskutiert. Herr Steiner zeigte uns worauf es ankommt, wenn man ein Projekt in dieser Größenordnung in Angriff nimmt. Ich war erstaunt darüber, wie wichtig doch die kleinen Sachen bei so einem Vorhaben sind (Checklisten, Personen Verantwortung zuweisen, ...). Schlussendlich bin ich stolz darauf, an diesem Projekt mitgewirkt zu haben und freue mich auf die weitere Zukunft der Gentechnik.

Laura:

Schon in der zweiten Klasse, als wir uns „nur“ mit dem Theorie-Unterricht zufrieden geben mussten, konnte



ich es kaum erwarten, endlich in der dritten Klasse am großen Projekt mitzuarbeiten bzw. mitzutüfteln. Die Vorfreude und die Erwartungen waren sehr hoch, trotzdem wurde ich in keinsten Weise enttäuscht. Es war ein grandioses Projekt und ist es nach wie vor, obwohl wir mit allen möglichen mehr oder weniger großen Schwierigkeiten zu kämpfen hatten. Oder vielleicht genau deshalb, weil eben nicht alles immer nach Plan verlief. Dank unserem Projektleiter Herrn Steiner, der uns immer im richtigen Moment zu motivieren verstand, ließen wir uns dann nicht unterkriegen und arbeiteten nur umso entschlossener weiter. Hinzu kam auch noch, dass wir heuer eine außergewöhnlich große Truppe von Gentechnikern waren. Da kam es schon manchmal vor, dass jemand übersehen wurde. Trotzdem schafften wir es, mit den unterschiedlichsten Charakteren ein eng zusammenarbeitendes und zielstrebiges Team zu bilden – meiner Meinung nach eine tolle Leistung. Wir sind relativ schnell zusammengewachsen und die Zusammenarbeit selbst war sowieso von Beginn an kein Problem. Wir haben wohl sehr viel bezüglich Teamwork und Projektarbeiten gelernt und selbst-

verständlich auch viel über die Techniken und die Theorien hinter unserem Projektthema. Die Tatsache, dass wir einige Male an Feiertagen, in den Ferien oder gar an Wochenenden in die Schule gekommen sind um weiterzuarbeiten zeigt meiner Meinung nach am besten, dass wir mit Herzblut dabei waren.

Deisl:

Ich finde generell solche Projekte sehr gut, wo SchülerInnen mit Hilfe einer Lehrperson ein Wahnsinns-Vorhaben durchführen. Dazu muss ich auch Pilot danken, dass er nicht locker gelassen hat, bis es „perfekt“ war und uns immer wieder motiviert hat. Das hat unserer Schule schon einen extrem guten Ruf verschafft. Mir hat die Arbeit in den verschiedenen Bereichen (wie Labor und Haus der Natur) sehr gut gefallen. Diese Arbeiten sind auch meiner Meinung nach sehr persönlichkeitsbildend und ermöglichen uns wichtige Erfahrungen für später. Auch wird bei solchen Projekten der Konkurrenzkampf unter den verschiedenen Zweigen an der Schule minimiert. Die Zusammenarbeit mit so vielen SchülerInnen aus



verschiedenen österreichischen Bundesländern finde ich auch sehr schön. Ich finde, dass das Projekt schon jetzt ein voller Erfolg ist.

Michael A. G.:

Als ich im letzten Sommer von Prof. Steiner gefragt wurde ob ich nicht Lust hätte, bei einem Schulprojekt über Geschmäcker in Ursprung mitzuhelfen und das DNA-Labor zu leiten, konnte ich mir noch nicht wirklich viel unter dem Projekt vorstellen. Aber das änderte sich sehr schnell. Am Anfang mussten wir zwar viele Rückschläge (falsche DNA-Sonden etc.) in Kauf nehmen, aber die Probleme konnten wir zum Glück rechtzeitig aus dem Weg räumen.



Dank dem engagierten Einsatz der SchülerInnen (hier möchte ich mich vor allem bei Simone bedanken, die mich im Labor wirklich sehr unterstützt hat!) war es uns am Ende möglich, innerhalb von nur einer halben Woche 419 DNA-Proben zu gewinnen und mit diesen über 1500 qPCR-Reaktionen zu fahren. Es hat mich sehr gefreut, dass wirklich alle SchülerInnen mit vollem Einsatz bei der Sache waren!! Und natürlich ist es für mich als Ursprung-Absolvent (Maturajahrgang 2004) auch etwas Besonderes, nach vielen Jahren wieder bei einem GBT-Projekt mitzuarbeiten.



Projekt von Konrad Steiner mit dabei sein. Ich war damals von der fächerübergreifenden Bearbeitung des Projektthemas „Gentechnik in der Schule“ unter der Aufsicht von Wissenschaftlern und dem Arbeiten an Geräten der universitären Forschung begeistert. Die Erfahrungen, die ich damals sammeln konnte, waren für mich auch nach meiner schulischen Laufbahn wichtig. Fast jedes Projekt erfordert für zufriedenstellende Ergebnisse die Zusammenarbeit unterschiedlicher Experten. Damit geht aber häufig auch ein gewisses Konfliktpotential einher. Wird die Fähigkeit dieser Zusammenarbeit bereits in der Schule gefördert, geht damit ein großer Vorteil für spätere Projekte im Berufsleben einher.

Jugendliche für derartige Themen begeistern kann. Es ist wichtig, solche Interessen zu fördern und deshalb fällt es mir nicht schwer, die SchülerInnen durch meinen Beitrag unentgeltlich zu unterstützen.

Roman Gerold (Korrekturleser):

Immer wieder ist es für mich ein echtes Vergnügen, mich in einen GBT-Projektbericht der HLFS Ursprung zu ‚tigern‘. Ich bin dann sozusagen die erste Versuchsperson für die Text-Verständlichkeit, feile wo nötig an Formulierungen, räume dort und da Sätze um und kümmere mich um Rechtschreibung und Grammatik. Eine Freude ist das nicht zuletzt deshalb, weil es dabei jedes Mal sehr viel Neues zu lernen gibt aus dem Bereich der Naturwissenschaften. HLFS-Projektberichte waren bei mir mehr als einmal der Anlass für lange Wikipedia-Leseabende. Als einer, den es bei Begriffen wie „DNA-Datenbank“ und „Design-Aroma“ immer ein bisschen gruselt, finde ich die ethischen Reflexionen der Ursprünge besonders toll! Mein eindeutiges Lieblingskapitel sind aber die Statements der SchülerInnen: Weil dort jeder seine eigenen Worte finden kann und ich so richtig jene Motivation und Begeisterung spüre, die meine Arbeit sinnvoll machen.



Funktionen, die heute für die Anwender selbstverständlich sind, haben öfters massive Probleme in der Programmierung bereitet, aber gerade durch intensive Kommunikation konnten immer Verbesserungen an der Handhabung des Systems realisiert werden. Mit jedem abgeschlossenen Projekt freue ich mich schon auf die neuen Aufgabenstellungen, die das nächste Schuljahr bringen wird.

Daniela Sonnleitner (Grafikerin):

Ich bin nun mittlerweile zum zweiten Mal damit beauftragt, die großartigen Berichte der SchülerInnen der HLFS Ursprung unter Dr. Konrad Steiner grafisch aufzupeppen. Auch wenn ich als Grafikerin den Inhalt

Gappmaier Wolfgang:

Ich habe mich über die Einladung, am Projekt mitzuarbeiten, sehr gefreut. Einerseits ist das Thema höchst interessant. Andererseits konnte ich als Schüler beim ersten



nur sehr oberflächlich verstehe, finde ich es trotzdem sehr spannend, gemeinsam mit den SchülerInnen diese Arbeit umzusetzen. Ich war schon im vorigen Jahr total begeistert, mit welchem Engagement die SchülerInnen an diese „Schulprojekte“ herangehen. Es ist toll, dass man



Stockinger Markus:

Schon während meiner Schulzeit in Ursprung durfte ich an Pilotsprojekten aktiv mitwirken und habe die Ideen mit bestem Wissen und Gewissen technisch realisiert. Mittlerweile habe ich eine eigene Firma im IT-Bereich und ich darf den Schülern ein von mir über 3 Jahre optimiertes Werkzeug für ihre Projekte an die Hand geben. Das Projekt WIKI ist mittlerweile ein gut funktionierendes Tool, um Informationen, Abläufe und Kommunikation im Team zu organisieren.



11. Team

Deisl Maximilian (da Deisl, Transporter, Genderer)
Eisl Josef (Ei von Heigei)
Bakk. Gadermaier Michael (Michi, LabChef)
Brunschmid Martin (Brunch)
Geier Michael (Gei von Heigei)
Grießner Claudia (Clau)
Grill Laura (Laura, Diva)
Grömer Michael (Gröma)
Habl Max (da Habl)
Hagenauer Alexander (Hagi, Adonis)
Hauser Carina (Catschi, Carrie)
Hauser Thomas (Hausa)
Heigl Johannes (Hei von Heigei)
Hemetsberger Norbert (Hemets)
Kraiem Amin (Emin)
Lichtmannsperger Daniela (Dani, Lichti)
Lindner Christine (Christl)
Mödlhammer Karoline (Karo, Vampir)
Prudky Fabian (LabFab, Fabi)
Ramsbacher Josef (Ramses)
Reiter Simone (Stabschefin, Simchen)
Rettenwender Christina (Biest)
Sampl Bernhard (Berni, Sempl)
Schitter Eva (Eve)
Prof. Dr. Steiner Konrad (Pilot)
Viehhauser Dionysius (Dios, Dionys)
Wopfner Romed (Wopfna)



*Laborratte,
 MolekularbiologIn,
 GentechnikerIn,
 Data-MinerIn,
 StandbetreuerIn,
 Reinigungskraft,
 GrafikerIn,
 FotografIn,
 WebdesignerIn,
 Gendernbeauftragter,
 Transporter,
 KünstlerIn,
 ReporterIn,
 Kameramann/frau,
 FilmschneiderIn,
 AutorIn,
 LektorIn,
 KöchIn,
 Bautrupp,
 RepräsentantIn,
 MotivatorIn,
 Model,
 SchauspielerIn,
 PressesprecherIn,
 DolmetscherIn,
 PCR-Roboter,
 MathematikerIn,
 ... und noch vieles mehr!*

weiters:
 Markus Stockinger (Stocki), MSt-Service , Experte Wiki-System, Web
 Mag. Harald Russegger (Harry), Mondolingua, Experte Filmproduktion
 Univ.-Doz. Dr. Karl Entacher (Charly, Entaché) Fachhochschule SBG,
 Experte Statistik
 Emanuel Strieder (Papst), Berater, Fan
 Mag. Wolfgang Gappmayer (Gappi), Experte Recht
 Mag. (FH) Roman Gerold, Experte Deutsch
 Bakk. Nora Larkin, Expertin Englisch
 Mag. (FH) Daniela Sonnleitner, sodasign, Expertin Indesign, Layout

12. Partner und Sponsoren

Bildungsförderungsfonds für Gesundheit und Nachhaltige Entwicklung



hfs
ursprung

Höhere land- und
forstwirtschaftliche Schule
Landwirtschaft
www.ursprung.at