



Informationspapier

Methoden der Gentechnik

**Anwendungen in verschiedenen Gebieten
unter besonderer Berücksichtigung
des Lebensmittelbereiches**

Vorbemerkung

Das vorliegende Informationspapier fasst den gegenwärtigen Stand der Gentechnik zusammen und setzt dabei einen Schwerpunkt auf den Lebensmittelbereich. Es versteht sich nicht als wissenschaftliches Papier und erhebt keinen Anspruch auf Vollständigkeit.

Ziel ist es, Interessierte aus der Lebensmittelbranche zu informieren und Anregungen für einen weiteren, vertieften Austausch zwischen Lebensmittel-Einzelhandel, Lebensmittelproduzenten, Verbrauchern und der Wissenschaft zu geben.

Die Anregung zu diesem Papier entstand bei einem Gespräch mit einem großen Akteur des Lebensmitteleinzelhandels. Das Papier wurde von BioWissKomm zusammen mit dem VBIO (Verband Biologie, Biowissenschaften und Biomedizin in Deutschland e. V.) und den angegebenen Experten erstellt.

**Diese Handreichung wurde nach bestem Wissen und Gewissen zusammengestellt.
Wiedergegeben ist der Sachstand vom Juli 2023**

Die Autoren haben auf ausführliche Literaturangaben verzichtet. Diese können auf Wunsch zur Verfügung gestellt werden.

Ebenso stehen die Autoren für weitere Anfragen gerne zur Verfügung.
Als Hauptansprechpartner bitten wir, info@biowisskomm.de zu nutzen.

Verfasserinnen und Verfasser

Prof. Dr. Wolfgang Nellen, BioWissKomm, VBIO, w.nellen@biowisskomm.de.
Prof. Dr. Klaus-Dieter Jany, Wissenschaftlerkreis Grüne Gentechnik e.V. (WGG).
jany@wgg-ev.de
Jann Buttlar, MSc, BioWissKomm, j.buttlar@biowisskomm.de
Prof. Dr. Karl-Josef Dietz, VBIO, karl-josef.dietz@uni-bielefeld.de
Prof. Dr. Lars M. Blank, VAAM, DECHEMA, Lars.Blank@rwth-aachen.de
Petra Jorasch, Dr. rer. nat., EUROseeds, PetraJorasch@euroseeds.eu
Kerstin Elbing, Dr. rer. nat, VBIO, elbing@vbio.de

Umschlagfotos: Alexa auf Pixabay

Einleitung

Um Nachhaltigkeit und landwirtschaftliche Produktivität auch in Zeiten des Klimawandels miteinander vereinbaren zu können, müssen widerstandsfähige, ertragreiche Nutzpflanzen mit hohem Nährwert entwickelt werden, die ressourceneffizienter angebaut werden können. Gentechnische Innovationen in der Pflanzenzüchtung haben dazu einen wesentlichen Beitrag geleistet und werden das auch in Zukunft tun.

Das Ideal

Die ideale Landwirtschaft stellt quantitativ und qualitativ hochwertige Nahrungsmittel bereit, um regional und global die Bevölkerung gesund und umweltschonend zu ernähren. Diese unstrittigen Desiderata finden sich in den UN-Nachhaltigkeitszielen sowie in dem Europäischen Green Deal und den dazugehörigen EU-Strategien „Farm to Fork“ und „Biodiversität“. Sie können nur erreicht werden, wenn im Ringen um den ökologischen, ökonomischen, sozialen und ethischen Ausgleich die bestmöglichen Lösungen gefunden und faktenorientiert die besten Wege gegangen werden.

Die Realität

Die Pflanzenzüchtung hat in der Vergangenheit stark zu Ertrags- und Produktionssteigerungen im Ackerbau, einer erhöhten Verfügbarkeit von Nahrungsmitteln, einem höheren wirtschaftlichen Wohlstand und zu zusätzlichen landwirtschaftlichen Einkommen beigetragen.

Pflanzenzüchtung trägt heute durchschnittlich zu 2/3 des Produktivitätszuwachses bei, während 1/3 auf andere Betriebsmittel, wie Dünger, Pestizide oder andere gute landwirtschaftliche Praktiken zurückgehen. Damit fördert die Pflanzenzüchtung in der Europäischen Union die sozioökonomische und ökologische Nachhaltigkeit¹. Die Pflanzenzüchtung wird jedoch in ihrem derzeitigen Tempo nur teilweise in der Lage sein, Produktionsverluste zu kompensieren, die sich aus der Umsetzung der EU-Strategien „Farm to Fork“ und „Biodiversität“ ergeben. Um die Effizienz in der Pflanzenzüchtung zu steigern und die Züchtungsziele schneller zu erreichen, bedarf es eines umfassenden Züchtungswerkzeugkastens für Pflanzenzüchter, einschließlich der neuesten Züchtungsinstrumente wie Genom-Editierung.

Genomeditierung und „klassische“ Gentechnik²

Die wesentlichen Unterschiede zwischen der „klassischen“ Gentechnik und der Genomeditierung sollen hier kurz skizziert werden.

Klassische Gentechnik

Seit den 1980er Jahren wurde durch Molekularbiologen und gentechnisch arbeitende Züchter mit Hilfe eines natürlichen Transfermechanismus des Bakteriums *Agrobacterium tumefaciens* genetisches Material in Pflanzen eingeschleust. Dieser Mechanismus wurde von Wissenschaftlern so modifiziert, dass jedes beliebige Gen in das Genom von Pflanzen übertragen werden kann. Dabei können auch Artgrenzen überschritten werden und z.B. Genkonstruktionen aus nicht kreuzbaren Pflanzen, aus Bakterien oder Tieren in Pflanzen eingebaut werden. Der Ort im Genom, an dem die zusätzliche Erbinformation eingebaut wird, ist nicht vorherbestimmbar und muss nachträglich analysiert werden. Die Methode wurde und wird angewendet, um z.B. Resistenzen gegen Fraßfeinde, Herbizide oder Infektionskrankheiten zu erzeugen, sie wird jedoch auch eingesetzt um z.B. neue biochemische Synthesewege in Pflanzen zu konstruieren. Das bekannteste Beispiel dafür ist der „Golden Rice“, in

¹ Noleppa, S and Carlsburg, M (2021) The socio-economic and environmental values of plant breeding in the EU and selected EU member states <https://hffa-research.com/wp-content/uploads/2021/05/HFFA-Research-The-socio-economic-and-environmental-values-of-plant-breeding-in-the-EU.pdf>

² https://ec.europa.eu/commission/presscorner/detail/en/qanda_23_3568

dem die Synthese von β -Carotin (Vorläufer von Vitamin A) durch Einfügung zweier Gene ermöglicht wurde. Durch den Einbau zusätzlicher DNA Sequenzen sind die gentechnisch erzeugten Pflanzen mit molekularbiologischen Methoden einfach nachweisbar.

Der Begriff „artfremde DNA“ oder, wie es die EFSA bezeichnet „DNA von außerhalb des Züchtungsgenpools“ ist hier und im Zusammenhang mit SDN-3 (s.u.) zu erläutern: chemisch ist die DNA verschiedener Organismen nicht unterscheidbar. Der genetische Code ist universell und wird (mit sehr wenigen Ausnahmen) von allen Organismen auf gleiche Art umgesetzt. Beispiele dafür, dass „Fremd-DNA“ nicht unbedingt als fremd erkannt wird, ist *Agrobacterium tumefaciens* das auf natürliche Weise bakterielle Gene in Pflanzen einschleust und diese dort funktionieren. Zunehmend findet man den natürlichen Austausch (und die Nutzung!) von Genen auch zwischen höheren Pflanzen und Tieren.

Genomeditierung

Bei der Genomeditierung wird ein ganz anderer Mechanismus verwendet: mit ortsspezifischen Nukleasen (SDN = site directed nucleases) wird an einer vorherbestimmten Stelle im Genom ein Schnitt gesetzt, der nachfolgend Modifikationen an genau dieser Stelle erlaubt. Zu den ortsspezifischen Nukleasen gehören TALENS, Znf-Nukleasen und in den letzten Jahren vor allem CRISPR-Cas. Drei Varianten dieser Methodik werden unterschieden:

a) **SDN-1**

Der Schnitt wird, wie auch ein natürlich vorkommender DNA-Bruch, durch zelleigene Mechanismen repariert. Dabei kommt es häufig zu kleinen Mutationen, die ein Gen unterbrechen und funktionsunfähig machen. Solche Mutationen können für die Pflanzenzucht vorteilhaft sein. Die genetische Veränderung entspricht einer natürlichen Mutation und kann von dieser nicht unterschieden werden.

b) **SDN-2**

Wie bei SDN-1 wird ein Schnitt gesetzt. Für die Reparatur wird zusätzlich ein kurzes DNA-Stück geliefert, das von der Pflanzenzelle als Vorlage im Reparaturprozess verwendet wird. Damit können gezielt vorteilhafte Genvarianten erzeugt werden, die z.B. aus Wildformen bekannt, in Zuchtformen aber verlorengegangen sind. Die genetische Veränderung entspricht in den meisten Fällen einer natürlichen Mutation und kann von dieser nicht unterschieden werden.

c) **SDN-3**

An der Schnittstelle wird ein längeres DNA-Stück eingefügt, das ein oder auch mehrere Gene enthalten kann. SDN-3 ist mit der „klassischen“ Gentechnik vergleichbar, unterscheidet sich jedoch darin, dass neue Gene an einer definierten Stelle und nicht zufällig eingefügt werden. SDN-3 ist bisher bei Pflanzen noch nicht ausreichend erfolgreich, es ist jedoch zu erwarten, dass die Methode mit modifizierten molekularen Werkzeugen in absehbarer Zeit anwendbar wird. Die Methode kann sowohl für die Einführung von Fremdgenen (Transgene) als auch für Gene aus dem Züchtungsgenpool (Pflanzen derselben Art oder kreuzbare nahe Verwandte – Cisgene) verwendet werden. In den meisten Fällen, insbesondere für Transgene, werden SDN-3 Produkte molekularbiologisch nachweisbar sein.

Ein Problem der ortsspezifischen Mutagenese sind „Off-Target“ Effekte. Es kann, in geringem Ausmaß, zu DNA-Schnitten an unbeabsichtigten Stellen kommen und damit zu Mutationen mit unerwünschten Effekten. Das Problem wird durch die Analyse der Produkte mittels DNA-Sequenzierung, zunehmend Sequenzierung des gesamten Pflanzengenoms, gelöst. Es ist zu erwähnen, dass mit der klassischen Zufallsmutagenese durch radioaktive Strahlung oder mutagene Chemikalien nahezu massenhaft „Off-Target“ Effekte erzeugt wurden und bisweilen zufällig ein interessantes (aber unbekanntes) Gen

getroffen wurde. Das Beispiel der Pink Grapefruit zeigt, wie eine solche zufällige Eigenschaft züchterisch weiterverwendet wurde.

Genomeditierung und klassische Züchtung

Die Genomeditierung erlaubt Änderungen in der Erbinformation von Kulturpflanzen, die bisher nicht oder nur mit hohem Aufwand erreichbar waren. Klassische Züchtungsverfahren werden dadurch jedoch nicht obsolet. Sie sind weiterhin für Kreuzungen erforderlich, werden aber durch die neuen Züchtungsmethoden maßgeblich unterstützt.

Züchtungsziele

Klassische Ziele in der Pflanzenzüchtung sind Ertragssteigerung, Verminderung von Ernteverlusten, Resistenzen gegen Fraßfeinde und Pathogene. Daneben werden vermehrt auch qualitätssteigernde Züchtungsziele umsetzbar, beispielsweise verbesserte Backeigenschaften bei Weizen, verringerte Toxingehalte (z.B. Cadmium, Arsen aber auch Bio-Toxine wie z.B. Alkaloide) und Erhöhung gesundheitsfördernder Inhaltsstoffe (Vitamine, Spurenelemente, Antioxidanzien). Letzteres wird als Biofortifikation bezeichnet. Weiterhin werden ökologisch wichtige Ziel wie die Reduktion der Einsatzmengen von Herbiziden, Fungiziden, Insektiziden und anderen Pestiziden leichter erreichbar. Eine besondere Herausforderung ist die schnelle Anpassung von Nahrungsmittelpflanzen an den Klimawandel. Biotechnologische Verfahren können damit einen wesentlichen Beitrag zu umweltschonender und effizienter Lebensmittelerzeugung leisten. Sie ergänzen (aber ersetzen nicht!) andere Maßnahmen wie z.B. die biologische Schädlingsbekämpfung oder die Nutzung von Bodenorganismen zur Stärkung pflanzlicher Abwehrkräfte und zum Erhalt der Bodengesundheit.

Fragen und Antworten

??? **Verstärkt Gentechnik die Saatgutabhängigkeit von Landwirten?**

Historisch haben Landwirte aus Ihrer Ernte die besten Samen selektiert und wieder ausgesät. Vor ca. 150-200 Jahren haben sich einzelne landwirtschaftliche Betriebe spezialisiert und sind in die Pflanzenzüchtung eingestiegen. Dadurch hat sich eine spezialisierte Branche entwickelt.

Da der finanzielle Aufwand der Sortenzüchtung enorm ist und das Produkt anschließend einfach reproduzierbar, bedarf es des Schutzes geistigen Eigentums und damit einer Möglichkeit der Refinanzierung. 1961 wurde dazu der internationale Vertrag zum Schutz von Sorten (UPOV) verabschiedet, der bereits mehrfach aktualisiert wurde. Dieser Vertrag erlaubt es Züchtern, eine Lizenzgebühr für die Vermehrung des Saatguts zu verlangen.

Diese ist im Saatgutpreis, den der Landwirt zahlt, enthalten. Wenn der Landwirt so genanntes Nachbausaatgut, das heißt, wenn er einen Teil seiner Ernte für die Wiederaussaat zurückhält, muss hierfür eine – wenn auch verringerte – Lizenzgebühr zahlen, da er geistiges Eigentum des Züchters nutzt. Bei selbstbefruchtenden Arten, wie dem Weizen, werden z. B. in Deutschland immer noch ca. 45% des Saatguts nachgebaut. Bei fremdbefruchtenden Arten ist dies meist nicht möglich, weil dies mit dem Verlust der genetisch fixierten Eigenschaften einhergeht.

In der EU werden im Schnitt 4000 neue Sorten jedes Jahr für die Vermarktung im EU Sortenkatalog registriert. Insgesamt befinden sich derzeit mehr als 50.000 Sorten in dem gemeinsamen Katalog, die EU Landwirten zum Anbau zur Verfügung stehen³. In der Pflanzenzüchtung existiert ein

³ <https://aclp.eu/>

Spannungsverhältnis zwischen Schutz von und Zugang zu genetischem Material, welches ein effektives und ausgewogenes System des Schutzes von geistigem Eigentum für die Pflanzenzüchtung unerlässlich macht. Ein solch effektives System ist im bestehenden Sortenschutz zu finden. Die im Sortenschutz verankerte volle Züchtungsausnahme erlaubt die Züchtung mit geschützten Pflanzensorten inklusive einer freien Vermarktung der auf diese Weise neu gezüchteten Pflanzensorten. Der Sortenschutz und die volle Züchtungsausnahme sind damit der grundlegende Motor des Züchtungsfortschritts.

Zum Schutz von technischen Erfindungen in der Molekularbiologie und der Pflanzenzüchtung steht der Sortenschutz allerdings nicht zur Verfügung. Stattdessen wird für diese Erfindungen bis heute das Patentrecht angewendet. Der Patentschutz umfasst im Gegensatz zum Sortenschutz keine volle Züchtungsausnahme und kann deshalb zur Beschränkung des Zugangs zu genetischem Material für die Pflanzenzüchtung führen und damit zu einer Konzentration im Saatgutmarkt beitragen. Dies hat auch die Züchtungsbranche erkannt und durch die Schaffung von Lizenzplattformen versucht, einen Weg zu finden, der einen Ausgleich zwischen Schutz und Zugang schafft⁴ Selbstverständlich müssen die weiteren Entwicklungen im Patentschutz beobachtet und deren Konsequenzen analysiert werden, um negative Effekte zu vermeiden. Dies kann aber erst geschehen, wenn die Methoden tatsächlich genutzt und Produkte am Markt verfügbar sind.

Eine Konzentration auf wenige große Entwickler bzw. Hersteller von gentechnisch optimiertem Saatgut ist nicht erwünscht – sie geht im Wesentlichen auf teure Zulassungsverfahren entsprechend des Gentechnikrechts zurück. Kleinere Firmen und damit die Vielfalt der Hersteller wurden dadurch von diesem Markt verdrängt.

An der ersten Aufbruchsstimmung im Bereich gentechnisch veränderter Pflanzen waren viele Start-ups und kleinere Firmen beteiligt. Die Erfolgreichen haben sich von großen Konzernen aufkaufen lassen, weil sie ihre Produkte finanziell nicht zur Marktreife bringen konnten und die Zulassung in Deutschland/Europa sehr unwahrscheinlich war und ist.

Fakt ist, dass in der EU seit 1998 kein gentechnisch veränderter Organismus (GVO) für den Anbau zugelassen wurde. Es finden ausschließlich Zulassungen für den Import von Nahrungs- und Futtermitteln statt⁵. Die Konzentration auf wenige große internationale Saatgutkonzerne, die gentechnisch veränderte Sorten erzeugen, wurde vor allem auch dadurch verursacht.

Grundsätzlich ist die Nutzung neuer Züchtungsmethoden, wie der Genomeditierung für Unternehmen jeder Größe, inklusive Start-ups interessant⁶. Eine Umfrage von Euroseeds, dem EU Dachverband der Züchtungs- und Saatgutbranche aus dem Jahr 2020 hat ergeben, dass trotz der derzeitigen Regulierungslage fast 50% der Kleinunternehmen und 86% der mittleren Unternehmen Forschungsaktivitäten mit neuen Züchtungsmethoden haben.

Dies gilt für sämtliche Kulturarten und mit dem Ziel vielfältige pflanzliche Eigenschaften zu verbessern (Ertrag, Resistenz, Klimaanpassung, Geschmack, Aroma, Biofortification wie Vitaminanreicherung, Spurenelemente etc.). Ob sie sich durchsetzen können wird wesentlich davon abhängen, welche Gesetze die EU zur Regulierung von Pflanzen beschließt, die mit den neuen Verfahren erzeugt wurden. Das könnte den Markt mit einer größeren Vielfalt an Produkten diversifizieren. Gleichzeitig würde die Macht der wenigen großen Konzerne eingeschränkt.

Patentierungs- und Rentabilitätsprobleme treten bei Gentechnikprodukten auf, die in Schwellen- und Entwicklungsländern zur erhöhten Lebensmittelsicherheit (hauptsächlich durch **Vor-Ernteverluste**) und verringerten Mangelernährung beitragen können. Solche Produkte sind für die Entwickler oft

⁴ <https://aclp.eu/>

⁵ <https://www.transgen.de/datenbank/pflanzen.html>

⁶ <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fpls.2020.582011/full>

nicht rentabel. Sie müssten zudem freigegeben werden, um Nachbau und Einkreuzung in angepasste lokale Sorten zu ermöglichen. Dazu wäre die Entwicklung neuer Konzepte wünschenswert. Z.B. könnten Staaten/Staatengemeinschaften, humanitäre Projekte oder NGOs Patente oder Lizenzen aufkaufen und Kleinbauern kostenfrei/kostengünstig zur Verfügung stellen. Zusätzlich müsste Unterstützung durch Experten gegeben werden, um fachgerechten Nachbau und weitere Züchtungskreuzungen zu gewährleisten. Das Golden Rice Humanitarian Project könnte dazu als Modell dienen.

Eine offene Frage ist, wie eine Patentierung von SDN-1 und SDN-2 erfolgen soll oder ob sie im Rahmen des Sortenschutzes geregelt werden. Diese genetischen Veränderungen sind von natürlichen Mutationen nicht unterscheidbar. Vermutlich wird man zur Refinanzierung der Züchtungsarbeit eine Lösung finden, die dem (konventionellen) Sortenschutz entspricht.

??? Verdrängt und kontaminiert Gentechnik altes Saatgut?

Grundsätzlich wird genetische Vielfalt von Kulturpflanzenarten, inklusive alter, regional angepasster Sorten, in umfangreichen Samenbanken erhalten (z.B. Arctic Vault, International Rice Research Institute, IPK Gatersleben). Alte Sorten sind dem modernen Saatgut meist im Ertrag unterlegen, sie sind jedoch wichtige genetische Ressourcen z.B. für Resilienz gegenüber Klimawandel. Züchter unterhalten daher vielfach so genannte Prebreeding-Programme, in denen sie versuchen, vorteilhafte Eigenschaften aus diesen Ressourcen in moderne Hochleistungssorten einzukreuzen. Dies ist allerdings ein sehr langwieriger und teurer Prozess.

Das oft vorgebrachte Argument, Gentechnik kontaminiere altes Saatgut ist vor allem für Produkte der Genomeditierung mit SDN-1 und SDN-2 nicht tragfähig. Altes und lokales Saatgut ist nicht sortenrein und unterliegt einer ständigen Durchmischung durch Auskreuzung mit Nachbarfeldern und neuen, natürlich auftretenden Mutationen. Zur Veranschaulichung: in den Weizenkörnern auf einem Feld von 1 ha ist jede einzelne Position im Weizengenom statistisch mindestens einmal mutiert. Kontinuierliche Sortenreinheit wird nur durch professionelle Saatgutzüchtung gewährleistet.

Unbeabsichtigte „Auswilderung“ landwirtschaftlich genutzter Pflanzen gilt nicht nur für gentechnisch modifizierte Pflanzen. Jeder kennt den blühenden Kulturraps entlang landwirtschaftlicher Transportwege. Kulturpflanzen sind jedoch auf menschliche Pflege angewiesen. Eine massenhafte Verbreitung ist sowohl bei konventionellen als auch bei gentechnisch veränderten Pflanzen unwahrscheinlich, weil sie im Vergleich zu Wildpflanzen außerhalb kultivierter Ackerflächen weniger konkurrenzfähig sind.

??? Führt Gentechnik zu verstärkter Pestizidanwendung?

Gentechnisch eingeführte Herbizidtoleranzen spielen in der EU praktisch keine Rolle. Bisher werden hier ausschließlich konventionell gezüchtete herbizidtolerante Nahrungsmittelpflanzen angebaut. Allerdings fordert die Farm-to-Fork Strategie eine Reduzierung von Pestiziden in der Landwirtschaft um 50%. Die Einführung resistenter Sorten wäre unter diesen gesetzlichen Bedingungen nicht sinnvoll. Unkräuter mit Resistenzen entstehen durch Selektion, wenn Herbizide eingesetzt werden, unabhängig vom Anbau gentechnisch veränderter Nutzpflanzen.

Die Züchtung Krankheits- oder Fraß-resistenter Pflanzen (Viren, Bakterien, Pilze, Insekten, Milben, Würmer) kann immer zu Resistenzbildung auf Seiten des Schaderregers führen, da dieser sich ebenfalls verändert. Wir kennen dies spätestens seit der Coronapandemie: Auch hier bedurfte und

bedarf es ständig neuer Impfstoffe, um auch bei veränderten Erregervarianten Immunität zu erreichen. Pflanzenzüchtung ist immer auch ein Wettlauf mit der Koevolution der Schaderreger. Die gilt für klassisch gezüchtete Pflanzen ebenso wie für gentechnisch eingebrachte Resistenzen gegen Fraßfeinde (z.B. Bt-Toxine). Gezielte moderne Managementsysteme können die Resistenzbildung verlangsamen und müssen gemeinsam mit den entsprechenden Pflanzen eingesetzt werden. Die Landwirtschaft muss einen Balanceakt zwischen effektivem Pflanzenschutz und der Koevolution der Pathogene und Fraßfeinde leisten. Gleichzeitig müssen ökologischen Aspekten wie der Erhalt von Biodiversität und ausreichende Erträge beachtet werden.

??? **Führt Züchtung zu Verarmung der genetischen Vielfalt?**

Die Basis von Züchtung ist genetische Diversität. Diese führt zu phänotypischer Variation, also zu Unterschieden in beobachtbaren Merkmalen innerhalb einer Population. Bei Pflanzen treten vergleichsweise häufig genetische Veränderungen auf. Deshalb ist die genetische und phänotypische Vielfalt selbst zwischen Sorten innerhalb einer Art sehr groß. Aufgabe der Pflanzenzüchtung ist die effiziente Identifizierung und Integration der genetischen Vielfalt aus verschiedenen pflanzengenetischen Quellen, einschließlich aktuell angebaute Sorten, neu entwickelter Sorten, Landrassen (inklusive „alter Sorten“) sowie wilder und naher Verwandter von Kultursorten. Insgesamt hat die Pflanzenzüchtung zu einer Zunahme der genetischen Diversität beigetragen. Eine Verengung der genetischen Basis der von den Züchtern freigegebenen Sorten konnte nicht beobachtet werden⁷.

??? **Warum reichen die klassischen Züchtungsmethoden nicht aus?**

Die klassische Züchtung, d.h. Kreuzung und Selektion, ist nach wie vor die Grundlage der Pflanzenzüchtung. Sie wird um verschiedene Methoden ergänzt, um sie effizienter und zielgerichteter zu machen. Dazu gehören neben den gentechnischen Methoden auch molekulare Marker (Marker-gestützte Selektion = Smart Breeding) mit denen gewünschte Kreuzungsprodukte schnell identifiziert werden können.

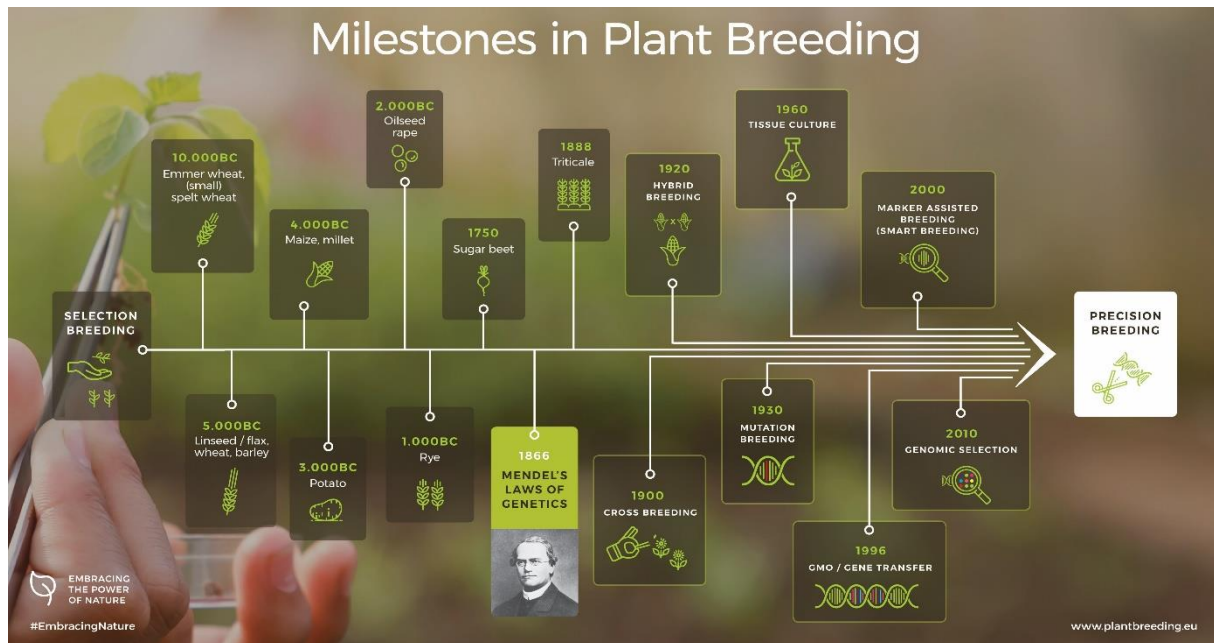
Die Pflanzenzüchtung bleibt dennoch ein zeit- und ressourcenintensiver Prozess. Die natürliche genetische Diversität enthält nicht immer geeignetes genetisches Material um bestimmte Züchtungsziele zu erreichen. Züchter bedienen sich daher bereits seit etwa 100 Jahren verschiedenster Methoden, um die genetische Diversität zu erhöhen, z.B. durch ungerichtete Mutagenese (durch Chemikalien oder durch Strahlung).

Dadurch entstehen ungerichtet und unvorhersehbar neue Mutanten mit neuen Eigenschaften, die dann in der Züchtung genutzt werden können. Da aber neben gewünschten Eigenschaften gleichzeitig viele weitere Mutationen mit unbekanntem, oft verborgenen und vielfach negativen Effekten auftreten, muss sich ein langwieriger Prozess der Auslese anschließen. Dieser ist jedoch (fast) immer unvollständig. Weder die Anzahl noch der Ort der Zufallsmutationen ist bekannt, sie wären nur durch eine vollständige Sequenzierung der DNA auffindbar. Diese Methode stand jedoch zu den Hochzeiten der Mutagenese nicht zur Verfügung, die Analyse heute bei der Vielzahl registrierter Sorten nachzuholen, ist unrealistisch.

Ein großer Teil unserer Nahrungspflanzen, manchen Schätzungen sprechen von bis zu 70%, enthalten undefinierte „Altlasten“ aus der ungerichteten Mutagenese. Das damals hergestellte Saatgut wurde unkontrolliert an Züchter und Privatpersonen weitergegeben und ist nicht mehr

⁷ <https://link.springer.com/article/10.1007/s00122-009-1252-6>

rückverfolgbar. Welche Gene betroffen sind, ist meist unbekannt und welche anderen Effekte sie eventuell haben, weiss man nicht. Einige Beispiele für Eigenschaften aus Mutationsprogrammen sind: die pinke Grapefruit, die meisten kurzstrohigen Braugerstesorten genauso wie die Mehltaresistenz in den heutigen Braugestersorten und Raspsorten mit einem hohen Ölsäuregehalt, das das Öl gegenüber Oxidation bei Hitze stabilisiert und heute Grundlage für die meisten Frittieröle ist. Die Erfahrung zeigt, dass keine unmittelbaren Gefahren durch diese genetischen Veränderungen aufgetreten sind.



Die Abbildung zeigt einerseits wann wichtige Kulturpflanzen erstmals nachgewiesen werden konnten, andererseits die Meilensteine in den Züchtungsmethoden. Mit der Wiederentdeckung von Mendels Regeln konnte ab 1900 gezielte Kreuzungsgenetik eingesetzt werden, 1920 entdeckte man die Vorteile von Hybridsaatgut, ab den 1930er Jahren hatte man gelernt, Mutationen durch Strahlung, später durch Chemikalien zu induzieren, 1960 wurden erstmals Pflanzen in Gewebekultur gezüchtet, eine wichtige Voraussetzung für die ab 1996 etablierte „Grüne Gentechnik“. Ab dem Jahr 2000 wurde das „Smart Breeding“ entwickelt, eine Methode, die mit molekularen Markern gewünschte Genvarianten schnell, preisgünstig und früh im Züchtungsprozess identifizieren konnte. Ab 2010 begannen die „neuen gentechnischen Methoden“, mit denen Mutationen gezielt an bestimmten Stellen im Genom gesetzt werden konnten. (Quelle: Euroseeds)

??? Was ist bei den neuen genomischen Techniken anders?

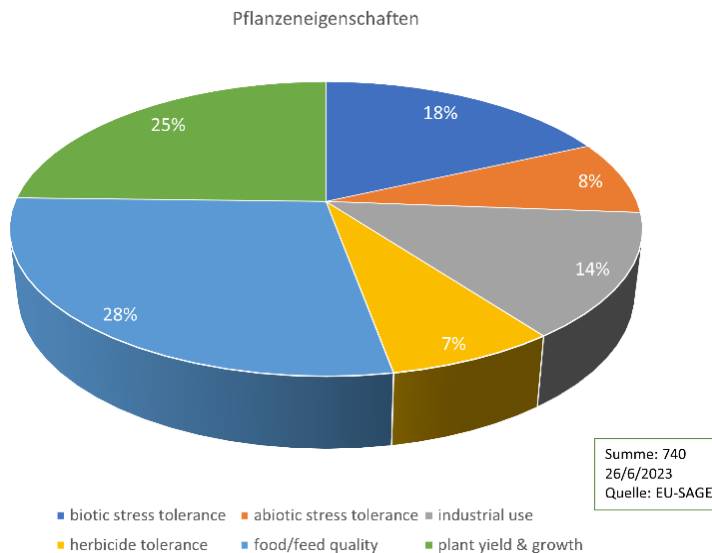
Die neuen genomischen Techniken (NGTs = „neue Gentechnik“), sind mit einer zielgerichtete Mutagenese vergleichbar, mit der an einem definierten Ort eine Veränderung durchgeführt wird. Mutationen an anderen Stellen sind sehr selten. Vermutlich könnten alle Produkte der SDN-1 und SDN-2 Methodik⁸ auch durch Zufallsmutagenese erzeugt werden. Der Zeitrahmen dafür würde je nach Spezies und Komplexität der Genome wahrscheinlich bei Jahrhunderten liegen.

Mit der zielgerichteten Mutagenese können eine Vielzahl interessanter Eigenschaften durch Inaktivierung oder Aktivierung bestimmter, bereits in der Pflanze vorhandener Gene erzeugt werden (**SDN-1**). Durch kleine, gezielte Veränderungen (**SDN-2**) können Genvarianten optimiert werden. Neue Gene aus anderen Arten werden dabei nicht eingefügt. Mehr als 95 % aller Anwendungen bei genomeditierten Pflanzen beziehen sich auf SDN-1 und SDN-2.

⁸ Zur Erläuterung der Bezeichnungen siehe Seite 2f

??? Welche Anwendungsmöglichkeiten gibt es für neue Züchtungsmethoden?

Die modernen genomischen Methoden bieten Handwerkszeuge um gezielter und schneller Pflanzen zu entwickeln, die Resilienz gegenüber Klimaänderungen aufweisen, hochproduktiv sind, die Gesundheit fördern, Ernährungssicherheit verbessern, Erleichterung für Landwirte bedeuten oder Nahrungsmittel mit neuen Eigenschaften entwickeln (Functional Food). Eine bestimmte Entwicklungsrichtung ist dabei kaum zu definieren.



Die Abbildung zeigt, welche Ziele Forschung und Entwicklung bei der Pflanzenzüchtung mit NGT primär im Auge haben. An erster Stelle steht die Qualität von Nahrungs- und Futtermitteln, dazu zählt auch die Anreicherung mit Nährstoffen, Vitaminen und Mineralien. An zweiter Stelle stehen agronomische Eigenschaften wie Wachstum und Ertrag. An dritter Stelle und mit zunehmender Bedeutung steht die biotische Stresstoleranz, die sich, zusammen mit der abiotischen Stresstoleranz in erster Linie mit Herausforderungen des Klimawandels befasst, dazu gehören auch Pathogene und Fraßfeinde der Pflanzen. „Industrial“ bezieht sich auf die Produktion von Vitaminen, Enzymen und ähnlichen Faktoren. Herbizidtoleranz spielt inzwischen eine untergeordnete Rolle.

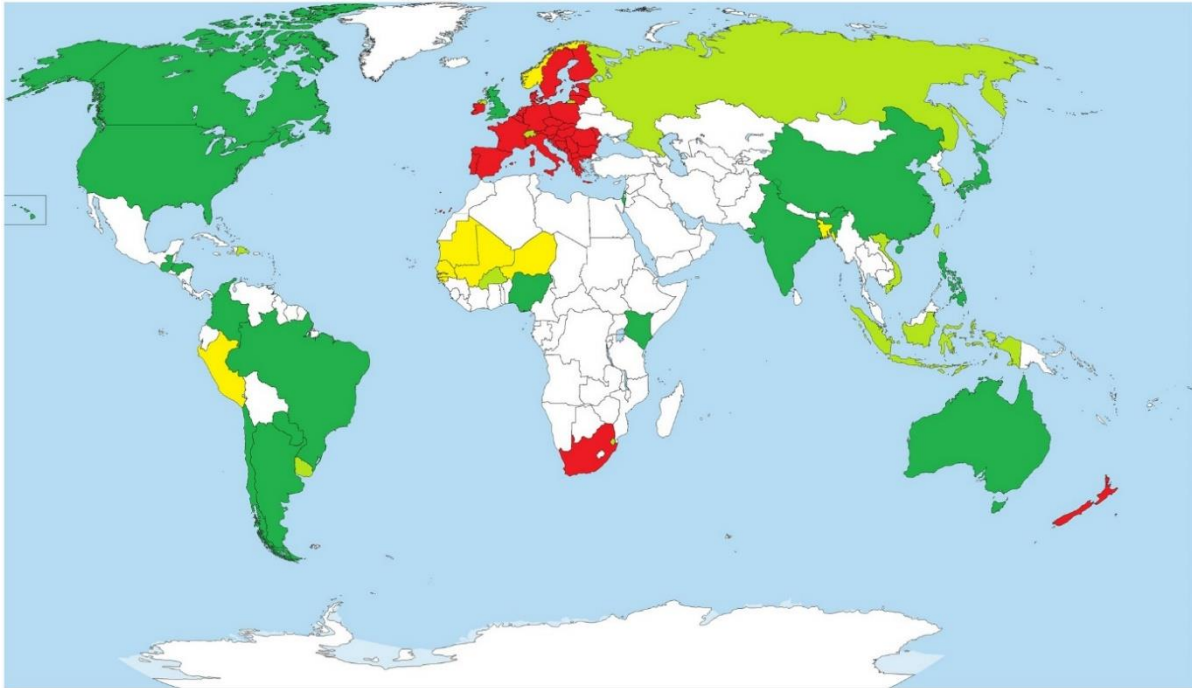
Einerseits weil in alle Richtungen intensiv geforscht und entwickelt wird⁹, andererseits weil die erwünschten Eigenschaften gleichzeitig mehrere der oben genannten Ziele betreffen. Als Beispiel: eine Insektenresistenz reduziert den Einsatz von Insektiziden (Umwelt), erhöht und sichert die Erntemengen (Produktivität) und damit die Ernährungssicherheit, gleichzeitig entstehen Erleichterungen für Bauern, die weniger und seltener Pestizide ausbringen müssen. Höhere Produktivität steigert die Effizienz der knapp werdenden Agrarflächen und reduziert die Notwendigkeit, weiter Naturflächen für die Landwirtschaft zu erschließen.

??? Wie wird NGT im internationalen Kontext reguliert?

Eine wachsende Anzahl von Ländern hat bereits angepasste Regulierungen für NGT entwickelt und implementiert. Dabei spielt für die Regulierung des Produktes weniger die Methode als die Art der genetischen Veränderung eine Rolle.

Ist diese ähnlich zu Veränderungen, die auch durch konventionelle Methoden hätten entstehen können, werden die Produkte wie konventionelle Produkte reguliert. Ist die Veränderung vergleichbar zu Veränderungen mit der klassischen Gentechnik, also der Einführung von Fremdgenen, werden die Produkte entsprechend als GVOs reguliert.

⁹ https://joint-research-centre.ec.europa.eu/jrc-news-and-updates/new-genomic-techniques-can-help-cut-pesticides-use-or-shield-celiac-disease-2023-07-05_en



Die Abbildung zeigt, dass eine Vielzahl von Ländern eine regulative Differenzierung bei NGT Pflanzen vornehmen. (rot: strenge, gelb: mittlere, grün: lockere Regulierung). Beim Im- und Export entstehen dadurch große Probleme bei der Identifizierung der Produkte und der Verfolgung der Handelswege vom Produzenten bis zum Verbraucher.

Viele Länder haben für die regulative Entscheidung so genannte Konsultationsverfahren implementiert. Der Entwickler eines NGT Produktes muss im Rahmen dieses Verfahrens bestimmte Informationen vorlegen, auf deren Basis dann eine Entscheidung über Zulassung und in Verkehr bringen getroffen wird. Manche Länder führen Datenbanken zu ihren Entscheidungen und den entsprechenden Produkten, die auf dem Markt sind, andere Ländern publizieren weder ihre Entscheidungen noch ein Register über vermarktungsfähige Produkte. Wenn in diesen Ländern ein Genom-editiertes Produkt auf den Markt käme das als konventionelles Produkt reguliert ist, müsste dies nicht gesondert gekennzeichnet werden.

??? Sind Pflanzen, die durch Genomeditierungen SDN-1, SDN-2 entstanden sind, von Pflanzen aus konventioneller Kreuzung unterscheidbar?

Ein Nachweis, dass eine bestimmte Pflanze durch Genom-Editierung entstanden ist, ist im Nachhinein nur zu führen, wenn die Änderung und ihre Lokalisation vom Züchter offengelegt werden. Dies ist allerdings nur in den Ländern erforderlich, die die Geneditierung reguliert haben. Sind Art und Ort der Änderung unbekannt, ist es so gut wie unmöglich, Genomeditierungen nachzuweisen – auch wenn dies verschiedentlich behauptet wurde.

Von verschiedenen Anti-Gentechnik-Organisationen werden weitere Unterschiede zwischen genomeditierte Pflanzen und klassischen Züchtungen vorgebracht, die im optimalen Fall Ansatzpunkte für die Entwicklung von Techniken liefern könnten, mit deren Hilfe genomeditierte Pflanzen eindeutig nachweisbar wären.

- **„Eingriffstiefe“**
Durch NGT soll eine „höhere Eingriffstiefe“ erzielt werden. Den Begriff gibt es in der Genetik nicht und es ist unklar, was damit gemeint ist und wie dies zur Erkennung beitragen soll.

- **„Narben“**
NGT soll „Narben“ im Genom hinterlassen. Dieser Begriff ist ebenfalls in der Genetik nicht definiert. Einen Nachweis von „Narben“ gibt es nicht. Wie sie zur Erkennung beitragen sollen ist unbekannt.
- **Ausschaltung ganzer „Genfamilien“**
Als weitere Unterscheidung wird angegeben, dass durch CRISPR-Cas alle multiplen Kopien eines Gens (Genfamilie) gleichzeitig ausgeschaltet werden, mit der konventionellen Mutagenese jedoch nur eines.
Auch bei konventioneller Mutagenese (Strahlung, Chemikalien) kann eine ganze Genfamilie inaktiviert werden. Ein Beispiel dafür ist eine konventionell gezüchtete mutagenisierte Sonnenblume mit hohem Anteil an ungesättigten Fettsäuren, bei der eine solche komplexe Zufallsmutation (Duplikation, Inversion) aufgetreten ist. Die Ausschaltung einer Genfamilie ist damit kein Erkennungsmerkmal.
- **„Extreme Gentechnik“**
Verschiedene Regionen in Genomen sind mit verschiedener Häufigkeit von natürlichen Mutationen betroffen: manche mutieren sehr häufig, andere seltener. In der Regel erreicht NGT auch selten betroffenen Regionen. Dabei handelt es sich jedoch nicht um DNA-Sequenzen, die niemals auf natürliche Weise mutieren – genomische Bereiche, die zu 100% vor natürlichen Mutationen geschützt sind, gibt es nicht. Der Begriff „extreme Gentechnik“ ist irreführend und kein Erkennungsmerkmal.
- **Off-Target-Effekte**
Es kann nie ausgeschlossen werden, dass CRISPR-Cas (trotz aller Zielgenauigkeit) unbeabsichtigte Mutationen in anderen, ähnlichen Sequenzen bewirkt (Off-Target Effekte). Die Zahl dieser unbeabsichtigten „Kollateralschäden“ ist deutlich geringer als bei konventioneller Mutagenese. Weil es dabei kein definiertes Target gibt, sind praktisch alle Mutationen „Off-Target“. Ein Erkennungsmerkmal sind „Off-Target-Effekte“ schon deshalb keinesfalls.
Ob neue Sorten durch SDN-1 und SDN-2 auf „Off-Target-Effekte“ untersucht werden sollten, muss diskutiert werden. In der Praxis wird das getan, zunehmend werden bei Produkten der NGT inzwischen sogar die vollständigen Genome sequenziert. Wenn es um Produktsicherheit geht, wäre allerdings auch bei Kreuzungszüchtung und konventioneller Mutagenese zu fordern, alle Zufallsmutationen zu kartieren und auf ihre Effekte zu untersuchen. Die Wissenschaft argumentiert weit überwiegend für eine angemessene Sicherheitsüberprüfung der Produkte, nicht des Herstellungsprozesses.

??? Warum sind Regulierung und Kennzeichnung so schwierig?

Während die konventionelle Gentechnik mühelos nachweisbar ist, gilt das für SDN-1 und SDN-2 nicht (siehe oben). Für die Marktkontrolle ist es höchst unwahrscheinlich, aus NGT gewonnene Pflanzenprodukte in Lebens- oder Futtermitteln, zu erkennen und zu identifizieren¹⁰. Rückverfolgbarkeit und Produktidentifizierung ohne validierte Erkennungs- und Identifizierungsmethoden führen zu Durchsetzungsproblemen und Rechtsunsicherheit für die Betreiber.

Obligatorische Rückverfolgbarkeitsanforderungen (z. B. Papierverfolgungssysteme) für Lebens- und Futtermittelprodukte oder Anforderungen an die Trennung von NGT Produkten würden erhebliche

¹⁰ The European Network of GMO Detection Laboratories (ENGL): [Report on Detection challenges with a specific view on the EU regulatory Detection Requirements](#)

Kosten und logistische Belastungen für die Betreiber mit sich bringen. Bei beiden ist es fraglich, wie zuverlässig sie sein können.

Gleichzeitig gilt: Verbraucher müssen sich auf Rückverfolgbarkeits- und Kennzeichnungssysteme verlassen können. Die EU-Regulierungssysteme laufen Gefahr, das Vertrauen zu verlieren, wenn diese nicht zuverlässig durchsetzbar sind, und werden dadurch anfällig für Betrug.

??? Welche weiteren Anwendungsfelder der Gentechnik mit Relevanz für die Lebensmittelbranche gibt es?

Hier handelt es sich zum größten Teil noch um Methoden der konventionellen Gentechnik. Diese werden jedoch zunehmend durch NGT ergänzt bzw. abgelöst.

Die Nutzung dieser Gentechnikprodukte wird von Verbrauchern, meist aus Unwissenheit, kaum hinterfragt.

→ Fermentation und Zusatzstoffe

Zurzeit sind ca. 1800 Enzyme zur Lebensmittelverarbeitung in Europa auf dem Markt. Seit 2008 müssen Lebensmittelenzyme in der Europäischen Union durch die Europäische Behörde für Lebensmittelsicherheit (EFSA) sicherheitsbewertet und durch die Kommission zugelassen werden. Bis 2022 wurden mehr als 500 Dossiers zur Sicherheitsbewertung von Lebensmittelenzymen eingereicht. Ca. 200 Lebensmittelenzyme werden mit gentechnisch veränderten Mikroorganismen hergestellt. Hauptvertreter sind: Amylasen, Proteasen, Lipasen, Chymosine, Lactasen (Galactosidasen), Glucanasen, Pectinasen, Xylanasen und Polygalactosidasen. Alle diese Enzyme werden in Deutschland eingesetzt.¹¹

Gentechnik - Starterkulturen	
* Milchsäurebakterien	
Lactobacillus	Milchprodukte, Rohwurst, Backwaren, sauer-fermentiertes Gemüse
Streptomyces	Joghurt, Käse
Lactococcus	fermentierte Milchprodukte, Butter
Leuconostoc	fermentierte Gemüse, Wein
* Aerobe und fakultativ anaerobe Bakterien	
Staphylococcus	Rohwurst
Brevibacterium	Käserinde
Micrococcus	Rohwurst
Streptomyces	Rohwurst
* Gramnegative Bakterien	
Acetobacter	Essig
Zymomonas	alkoholisches Getränke
* Hefen	
Saccharomyces	Bier, Wein, Champagner, Backwaren

Mikroorganismen werden zur fermentativen Gewinnung von Enzymen und Zusatzstoffen (z.B., Vitamine, Farbstoffe) sowie als Starter-, Schutz- und Indikatorkulturen eingesetzt.

¹¹ <https://www.biotech-enzymes.com/enzyme-allgemein-eigenschaften-anwendungsbereiche-verarbeitungsprozesse>
<https://www.biotech-enzymes.com/lebensmittelenzyme-sicherheitsbewertung-efsa-unionliste-union-list>

Während zahlreiche gentechnisch veränderte Mikroorganismen (GMMO) im geschlossenen System zur Fermentation von Stoffen für Lebensmittelwirtschaft und medizinische Anwendungen verwendet werden, werden GMMO als Starter-, Schutz- und Indikatorkulturen in Lebensmittel in der EU nicht eingesetzt. Bislang sind in der EU keine GMMO für die Verwendung in Lebensmitteln zugelassen (Freisetzungsrichtlinie 2001/18/EG).

→ Nutztiere

Bei Nutztieren wird Gentechnik bisher relativ wenig eingesetzt. Beispiele sind hornlose Rinder (Schutz vor Verletzungen), Speisefische mit besserer Nahrungsverwertung und schnellerem Wachstum, sowie Schweine, deren Fleisch für Allergiker besser verträglich ist. In Zukunft ist mit weiteren Produkten zu rechnen. Dazu gehören z.B. Legehennen, bei denen, aus Tierschutzgründen, männliche Nachkommen verhindert werden.

Weitere Anwendungsfelder der Gentechnik

Neue Materialien wie Plastikersatz, Kunststoffabbau

Lebensmittelverpackungen ermöglichen die deutliche Reduktion von Lebensmittelverlusten in der Lieferkette und beim Endverbraucher. Die Anforderungen an die eingesetzten Materialien müssen aber verschiedene Parameter erfüllen (geringes Gewicht, Barriereigenschaften, Preis) und entsprechend bestehen diese Materialien häufig aus einer Mischung verschiedener Polymere. Als eine alternative Möglichkeit für das Kunststoffrecycling wird der enzymatische Abbau zu den Monomeren bearbeitet. Mit gentechnisch veränderten und gentechnisch hergestellten Hochleistungsenzymen kann schon heute PET effektiv zu den Monomeren Ethylenglycol und Terephthalsäure gespalten werden. Diese Monomere können dann für die Neusynthese eingesetzt werden. Die übrigen Polymere aus PE, PP werden dann immer noch verbrannt oder möglicherweise auch über Pyrolyse einer weiteren Verwendung zugeführt. Die Firma Carbios (Frankreich) skaliert die weltweit erste PET Recyclingfabrik basierend auf Enzymen auf eine Größe von 50 kT/Jahr.

Da es nun auch Enzymaktivitäten für Bindungen in PA und PU gibt und in Zukunft vermehrt Bioplastik eingesetzt wird (Polyester wie PBS = Polybutylene Succinate, PBAT = Poly Butylene Terephthalate Adipate, PLA = Poly Lactic Acid, PHA = Polyhydroxyalkanoate) ist es auch realistisch, dass Mischhydrolysate erzeugt und genutzt werden können. Hierfür gibt es Entwicklungen einer Plastikbioraffinerie, die analog zur zweiten Generation Bioraffinerie funktioniert. In beiden Fällen werden Polymer (Plastik, Biomasse) hydrolysiert. Im Weiteren werden Mikroben eingesetzt, die auf diesen Hydrolysaten wachsen und wieder Wertstoffe herstellen. Während es für Biomasse die ersten kommerziellen Anlagen gibt (Bioethanol), ist die Plastikbioraffinerie noch in der akademischen Forschung verankert. Diese Technologien beruhen auf Protein- und Metabolic-Engineering, also auf gentechnischem Design optimierter Proteine und Mikroorganismen.

Nach vier Jahrzehnten der Forschung und Entwicklung erleben die bakteriellen Polyester vermehrt Aufmerksamkeit und in manchen Teilen der Welt einen Boom (z.B. China). Im Bereich der Landwirtschaft sind Agrofolien, wie z.B. Mulchfolien eine Möglichkeit um Ressourcen zu schonen (verringertes Einsatz von Pestiziden, weniger Wassernutzung, weniger Bodenverlust). Es ist wiederum eine Balance zwischen Nutzen und Schaden zu fordern.

Proteine aus Mikroorganismen

Die Landnutzung für die Proteinsynthese zur Nahrungs- und Futternutzung ist enorm. Entsprechend gibt es verschiedene Bestrebungen, die Landnutzung zu verringern und gleichzeitig Ressourcenschonendere Alternativen anzubieten. Beispiele sind Ansätze, Proteine mikrobiell (Bakterien, Hefen, Pilze) als sogenanntes *single cell protein* (SCP) zu produzieren. Ein bekanntes Produkt in diesem Bereich ist Quorn, die Biomasse des Pilzes *Fusarium venenatum*, das u.a. als Fleischersatz und Proteinquelle eingesetzt wird. Die C-Quelle für die Mikroben kann aus Agrarnebenströmen gewonnen werden. Dies können direkt Zucker, aber auch Zuckerpolymeren wie Zellulose oder Biomethan sein (z.B. www.stringbio.com). Nach einer erfolgreichen Energiewende, kann auch CO₂ und grüner Wasserstoff als Kohlenstoff und Energiequelle für die mikrobielle Proteinsynthese verwendet werden. Firmen die diesen Ansatz verfolgen sind Arkeon (<https://arkeon.bio/>) und econutri (<https://econutri.com/>). Die mikrobielle Proteinsynthese könnte einen deutlichen Beitrag zu einer nachhaltigen Bioökonomie liefern, die Importabhängigkeit reduzieren und Raum für Biodiversität schaffen. Die Idee des SCPs ist nicht neu und wurde schon in den 1970er verfolgt, bevor die Soja-Produktion sich durchsetzte.

Ein weiterer Trend ist die direkte Synthese von Tier-identischen Proteinen mit Hefen, Pilzen oder Bakterien. Casein, aber auch andere Milchproteine, Collagen und dessen Derivate, können schon heute aus tierfreien Quellen bezogen werden.

In vielen Fällen werden dafür (noch) konventionell selektierte Mikroorganismen eingesetzt. Zur Gewinnung Tier-identischer Proteine, aber auch bei der Umsetzung von C-Quellen, die nicht mit menschlicher Ernährung in Konkurrenz stehen (z.B. Zellulose), sind zunehmend gentechnisch optimierte Mikroorganismen erforderlich.

Medizinische Anwendungen

Medizinische Anwendungen betrifft Analytika und Therapeutika. Sie sind nach anfänglicher Opposition seit vielen Jahren akzeptiert. Das Paradebeispiel Insulin ist nur eines von vielen Medikamenten: Thrombolytika, Faktor VIII und IX (gegen Bluterkrankheit), EPO, Interferone sind weitere Beispiele für inzwischen unverzichtbare Therapeutika. Insgesamt werden ca. 345 Medikamente über gentechnische Verfahren gewonnen.

Aus der CRISPR-Cas Technologie wurden Schnellverfahren zum Nachweis von Viren und pathogenen Keimen entwickelt¹². Ebenso auf CRISPR-Cas beruhen neue Therapieansätze, um Virusinfektionen direkt zu bekämpfen. Viele auf CRISPR-Cas und früheren SDN basierende somatische Gentherapien sind, mit teils sehr guten Erfolgen, in der klinischen Versuchsphase. Allerdings sind die Kosten so hoch, dass eine Routineanwendung zurzeit kaum möglich ist.

Im medizinischen Bereich werden die Methoden der konventionellen Gentechnik und NGT kaum kritisiert.

¹² Hinweis: Die inzwischen allgemein bekannten mRNA Impfstoffe sind keine Gentechnik im eigentlichen Sinne. Sie beruhen auf Erkenntnissen der Molekularbiologie, das eingebrachte Erbmateriale und seine Produkte sind jedoch nur vorübergehend vorhanden.

