

Nachweise für genomeditierten Raps und Gerste entwickelt

Veröffentlicht am: 01.08.2024



Genomsequenzierung (Foto: Lawrence Berkeley Nat'l Lab - Roy Kaltschmidt, DNA sample picotiter plate preparation, <http://bit.ly/24QkbyR>, creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/2.0, flickr)

Forschende von zwei deutschen Instituten haben Nachweisverfahren für eine Gersten- und eine Rapslinie entwickelt, die sie zuvor mit neuen gentechnischen Verfahren (NGT) verändert hatten. Wie, das ist im Abschlussbericht zur Machbarkeitsstudie zu „Nachweis- und Identifizierungsverfahren für genomeditierte Pflanzen“ nachzulesen, der im Juli veröffentlicht wurde. Die federführende Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung hatte die Studie im April 2020 ausgeschrieben.

Das Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK) in Gatersleben und das Institut für Phytopathologie der Christian-Albrechts-Universität (CAU) Kiel erhielten den Zuschlag und konnten im Januar 2021 loslegen. Forschungsobjekte waren eine vom IPK entwickelte virusresistente Gerstenlinie und eine pilzresistente Rapslinie aus dem Labor der CAU. In beiden Fällen hatten die Wissenschaftler:innen mit neuen gentechnischen Verfahren (NGT) nur einzelne Gene abgeschaltet. Für diese Veränderung suchten sie nun in der Machbarkeitsstudie nach Nachweismethoden. Sie konnten für beide Linien einen Test entwickeln, mit dem laut Abschlussbericht „auf verlässliche Weise sowohl 0,9 % als auch 0,1 % Mengenteile der jeweiligen Mutante in Mischproben nachgewiesen werden“ konnten. Die

Chancen, diese als ddPCR bezeichnete Nachweismethode „für diverse andere Mutationen zu etablieren, werden allgemein als recht gut eingeschätzt“, schrieben die Forschenden. Sie konnten auch für ein zweites Testverfahren, die Amplikon-Tiefensequenzierung, zeigen, dass damit „0,9 % und 0,1 % Mengenanteile der Gerstenmutante und der Rapsmutanten in Mischproben zuverlässig nachgewiesen werden können“.

Um sicher identifizieren zu können, ob die Veränderung mit NGT herbeigeführt wurde, suchten die Forschenden nach weiteren Mutationen im Erbgut der genomeditierten Linien. Sie sollten in der Nähe der induzierten Mutation liegen und in Vergleichslinien nicht vorhanden sein. Diese oft als Fußabdrücke oder Narben bezeichneten Abweichungen im Erbgut gelten als Möglichkeit, NGT-Eingriffe sicher identifizieren zu können. Mit den von ihnen verwendeten Methoden fanden die Forschenden in der NGT-Gerste bisher keine passenden Mutationen. Im NGT-Raps wurden sie fündig, hielten die Mutation aber nicht für brauchbar, um daraus einen Test zu entwickeln. Trotz dieser Einschränkung kam die Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung als Projektträgerin zu dem Schluss, die Arbeit bestätige „Hinweise auf einen analytischen Ansatz, der – in bestimmten Fällen – herangezogen werden könnte, um genomeditierte Linien als solche zu identifizieren, sie also von einer konventionellen Linie mit derselben Mutation zu unterscheiden“. Nach Einschätzung eines Experten mit langjähriger Erfahrung auf dem Gebiet der Nachweisverfahren zeigt die BLE-Studie, dass der Nachweis und die Identifizierung von NGT-Pflanzen machbar ist. Eine Regulierung neuer gentechnischer Verfahren könne also nicht mit dem Argument abgelehnt werden, dass das zu schwierig oder gar unmöglich sei.

Allerdings zeigt die Studie auch, dass der jeweilige NGT-Eingriff, nach dem gesucht werden soll, genau bekannt sein muss. Um dies sicherzustellen, müssten Unternehmen, die NGT-Pflanzen vermarkten wollen, dazu verpflichtet werden, Erbgutinformationen und Referenzmaterial zur Verfügung zu stellen. Nach aktueller Rechtslage sind sie das nur dann, wenn sie in der EU eine Zulassung für ihre Pflanze beantragen. Anderenfalls ist es für die hiesigen Behörden schwer, entsprechende Tests zu entwickeln. Dies zeigte ein Aufsatz von Expert:innen von Bundes- und Länderbehörden. Sie schilderten darin ihre Bemühungen, für vier NGT-Pflanzen, die in einigen Staaten außerhalb der EU bereits vermarktet werden, Nachweis- und Identifizierungsverfahren zu erarbeiten. Entwickelt haben die Behördenmitarbeiter:innen einen Test, mit dem sich Reste von Crispr/Cas nachweisen lassen, die beim Eingriff versehentlich ins Erbgut der Pflanze integriert wurden. Das passiert nicht immer, auch können diese Reste durch vielen Kreuzungen wieder aus dem Erbgut entfernt werden. Schlägt der Test jedoch an, ist klar, dass mit NGT verändertes Erbgut vorliegt. Derzeit werde das Verfahren mit mehreren Laboren validiert, heißt es in der Arbeit.

Die Behörden-Expert:innen schrieben auch, es müsse in Betracht gezogen werden, wie wahrscheinlich es sei, dass eine durch NGT erzeugte Mutation auch zufällig passieren könne. Bei einer herbizidresistenten Pflanze wie dem NGT-Raps der US-Firma Cibus sei dies möglich, da der intensive Einsatz eines bestimmten Herbizids auch in der Natur zu Resisten-

zen führen könne. Dagegen sei es bei NGT-Eingriffen an spezifischen oder sogar mehreren Stellen im Erbgut unwahrscheinlich, dass eine natürliche Mutation von genau derselben Größe an derselben Stelle auftreten würde. Als Beispiele nennen die Autor:innen den Waxy-Mais des Konzerns Corteva und die Calyxt-Sojabohne mit verändertem Fettsäuremuster. Bei diesen NGT-Pflanzen würde also bereits der Nachweis des geänderten Erbguts ausreichen, um eine Verunreinigung festzustellen. [lf/vef]

[Links zu diesem Artikel](#)