

FAQ-Dossier

Nummer 2 vom 14. September 2020

Nachweisbarkeit des Einsatzes neuer gentechnischer Methoden bei der Erzeugung neuer Pflanzensorten

Ziel dieses FAQ-Dossiers ist es, interessierten Laien dabei zu helfen, die aktuelle Diskussion zu verstehen, ob und wie es gelingen könnte nachzuweisen, dass bestimmte Pflanzensorten mit „neuer Gentechnik“ d.h. Genomeditierungsverfahren wie z.B. CRISPR/Cas erzeugt worden sind.

Anlass ist eine Publikation in der Fachzeitschrift „Foods“, die am 07.09.2020 veröffentlicht wurde <https://www.mdpi.com/2304-8158/9/9/1245>. Die Autoren behaupten darin, eine neuartige Nachweismethode für Rapssorten entwickelt zu haben, die eindeutig zeigen würde, dass diese Rapssorten mittels so bezeichneter „neuer Gentechnik“ erschaffen worden seien.

Wo liegt der Anlass der Diskussion?

2018 hat der EuGH sein Urteil über neue Methoden zur genetischen Veränderung von Pflanzen mittels gerichteter Mutagenese gesprochen. Darin wurde befunden, dass die neuen Verfahren der gezielten Mutagenese genau wie die „alte“ Gentechnik zu regulieren sind, obwohl damit erzeugte Produkte (z.B. neue Rapssorten) anders als „mit klassischer Gentechnik erzeugte Produkte“ keine fremden Gene oder artfremde Schaltersequenzen enthalten. Bei der klassischen „alten“ Gentechnik wird entweder die Artgrenze überschritten, wobei Transgene Pflanzen entstehen oder es werden im Falle von Cisgenen-Pflanzen zumindest kurze artfremde Sequenzen (z. B. Schalter) mit übertragen. Diese artfremden Genabschnitte bzw. ganze Gene (Transgene) lassen sich eindeutig nachweisen, etwa das Gen, das für ein bakterielles Insektizid codiert, in Mais (Bt-Mais). Da die neuen Techniken, wie die „Genschere“ Crispr/Cas, sehr präzise und zielgenau direkt im Genom der Pflanzen ansetzen, verursachen sie zumeist kleine Veränderungen, wie sie auch durch Zufall in der Natur entstehen oder in der herkömmlichen Mutagenese-Züchtung durch Strahlung oder mutagene Chemikalien künstlich erzeugt und dann selektiert werden. Letztgenannte, durch ungerichtete Zufallsmutationen entstandenen Sorten müssen nicht als „gentechnisch verändert“ deklariert werden und sind auf dem Markt weit verbreitet.

Welche Methode wird von den Autoren in „Foods“ vorgestellt?

Die Methode ist ein Nachweis eines Basenaustauschs in einer spezifischen Gensequenz mittels PCR in Rapslinien. Die Methode stellt fest, dass es einen Basenaustausch gibt, liefert jedoch keine Auskunft darüber, wie diese Basenveränderung entstanden ist – durch natürliche Mutation, durch klassische Mutagenese oder eben Genomeditierung. (In anderen Pflanzen mag es gleiche oder ähnliche Sequenzen geben, deren Genese natürlich bzw. unbekannt ist. Das kann noch ein zusätzliches Problem werden, dem man gesondert nachgehen müsste.)

Ist das Nachweisverfahren neu?

Nein, das mittels PCR einzelne Punktmutationen sogenannte SNPs aufgespürt werden können, ist eine seit mehreren Jahren etablierte Methodik. Sie wird in molekulargenetischen Laboren weltweit angewendet, um genetische Unterschiede in unterschiedlichsten Lebensformen aufzuspüren oder um innerhalb einer Art die genetischen Unterschiede zwischen Sorten aufzuspüren.

Inwieweit sind die untersuchten Rapslinien und -sorten dazu geeignet, den Anspruch der Autoren zu stützen?

Die Autoren gehen davon aus, dass die Mutation in den untersuchten Linien durch Genomeditierung erzeugt wurden. In der von den Autoren zitierten Veröffentlichung zur Rapslinie BnALS-57 wird jedoch eindeutig beschrieben, dass diese Linie nach Angaben des Herstellers Cibus das Ergebnis einer spontanen Mutation (somaklonale Variation) ist, die während des Gewebekulturprozesses auftrat und nicht auf das Genom-Editing-Verfahren („Oligonucleotide Directed Mutagenesis“) zurückgeht. Die in den USA vermarkteten Falco™-Rapssorten, die in dem Artikel untersucht wurden, sind nach Angaben des Züchters Herbizid tolerante Rapslinien, die mit traditionellen Züchtungsmethoden entwickelt wurden. Dies alles verdeutlicht, dass ohne umfängliche, belastbare Vorab- und Zusatzinformationen über das Untersuchungsmaterial auch die „neue Methode“ selbst keine Auskunft über den Auslöser einer Mutation geben kann.

Kann mit der beschriebenen Methode praktisch eine unbekannte Beimengung von „neuen Gentech“-Raps in einer Warenprobe nachgewiesen werden?

Die Methode könnte mit einer gewissen Wahrscheinlichkeit eine entsprechende Sequenz nachweisen. Die Bewertung, ob die gefundene Sequenz aus einer Genomeditierung stammt, würde voraussetzen, dass die Sequenzherkunft bzw. der Entstehungsprozess in der Warenprobe eindeutig zu klären und entsprechenden Rapslinien eindeutig zuzuordnen ist. Beides liefert die vorgestellte Methode selbst nicht. Unbekannte Gensequenzen, die mit Genomeditierung erzeugt wurden, können gar nicht als solche erfasst werden. Man kann nur finden, was man explizit sucht, und bewerten wozu gesicherte, umfassende Hintergrundinformationen zugänglich sind. Da die gezielte Mutagenese in vielen Ländern nicht als Gentechnik angesehen wird, stehen Sequenzdaten und diesbezügliche Züchtungsdetails zu einzelnen Sorten nicht generell zur Verfügung.

In der klassischen Gentechnik – bei trans- bzw. cisgenen Pflanzen – finden sich wenige typische Sequenz-Muster (z.B. S35-Promotoren, nos-Terminatoren), die eine relativ schnelle Sichtung unbekannter Proben erleichtern. Diese typischen Muster finden sich bei Genomeditierungen nicht.

Tritt der im Raps nachgewiesene Basenaustausch auch in anderen Pflanzen auf?

Tatsächlich berichtet der Wissenschaftler Dr. Etienne Bucher (von Agroscope Schweiz), dass dieselbe Basenveränderung in einem weitläufig mit dem Raps verwandten, gängigen Ackerwildkraut *Raphanus raphanistrum*, dem Acker-Rettich (auch Hederich genannt) nachweisbar ist (NCIB: AJ344991). Die Sonde, die die Autoren der „Foods“-Publikation nutzen, könnte wegen Sequenzähnlichkeiten auch das Ackerunkraut fälschlich erfassen und als Cibus-Canola darstellen. Das bedeutet: Gesetzt dem Fall, man würde eine Ernteprobe von einem normalen Rapsfeld, das mit diesem Wildkraut durchsetzt ist, mit der propagierten Nachweismethode untersuchen, würde man die modifizierte Gensequenz mit gewisser Wahrscheinlichkeit nachweisen, obwohl der Raps selbst niemals genetisch verändert wurde. Die Verwendungsfähigkeit des Erntegutes würde aufgrund der Verunreinigung mit dem Unkraut in Frage gestellt.

Webseite der AG Bucher: <http://plantepigenetics.ch/>

Siehe dazu auch: <https://link.springer.com/article/10.1023/A:1002940009104>

Wie bewertet das JKI das als neu propagierte Nachweisverfahren?

Nach sorgfältiger Prüfung kommt das JKI zu dem Schluss, dass das Verfahren, das in dem Artikel der Zeitschrift „Foods“ beschrieben wird, nicht in der Lage ist praktisch und gerichtsfest zu unterscheiden, ob die Punktmutation der untersuchten Raps-Linien durch Genomeditierung, durch andere herkömmliche Mutageneseverfahren erzeugt wurde oder „natürlich“ aufgetreten ist.

Wird ein Nachweis in Zukunft möglich sein?

Dies wird derzeit in der Wissenschaft intensiv diskutiert und erforscht. Auch das JKI beteiligt sich zusammen mit dem BVL und dem Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL) an dieser wichtigen Fragestellung. Das BMEL hat zur Intensivierung der wissenschaftlichen Forschungsarbeit hinsichtlich der Problematik, mit fachlicher Beratung des BVL und des JKI, ein Forschungsvorhaben zu dem Thema „Machbarkeitsstudie zu Nachweis- und Identifizierungsverfahren für genomeditierte Pflanzen und pflanzliche Produkte“ ausgeschrieben. Hierbei soll vertieft den aufgeworfenen Fragen nachgegangen und im praktischen Ansatz überprüft werden, inwiefern für amtliche Kontrollen von Saatgut, Lebens- und Futtermitteln gerichtsfeste Nachweis- und Identifizierungsverfahren entwickelt werden können.

JKI-Autoren:

Dr. Thorben Sprink und Dr. Ralf Wilhelm JKI-Fachinstitut für die Sicherheit biotechnologischer Verfahren bei Pflanzen www.julius-kuehn.de/sb/

Hinweis auf englische Open-Source-Fachpublikation zum Thema

<https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fpls.2019.00236/full>

Die Aussagen der Autorinnen und Autoren der Zulassungsbehörde BVL und des JKI aus ihrer Fachpublikation in „Frontiers of Plant Science“ von 2019 haben weiterhin Bestand: So steht im Fazit des Artikels im Anhang sinngemäß: Der Genotyp einer Pflanze aus einer homogenen Probe kann in bestimmten Fällen, z.B. bei Vorliegen bestimmter Sequenzen, identifiziert werden. Die Identifizierung spezifischer Genotypen erfordert in heterogenen Warenproben eine Reihe von wesentlichen Voraussetzungen, die üblicherweise nicht gegeben sind. Erforderlich wäre eine entsprechende Dokumentation, z.B. zu Herkunft und Stammbaum (Angaben zu Vater- und Mutterpflanze) der zu analysierenden Proben und genaue Angaben zur Methode, mit der die genetischen Veränderungen hervorgerufen wurden. Für die meisten praktischen Fälle ist diese Dokumentation nicht gegeben. Aber auch wenn die Voraussetzungen erfüllt sind, werden die Analysen sehr teuer und zeitaufwendig sein. Ein eindeutiger Nachweis von versteckten Beimischungen wird nach wie vor unmöglich sein.

Hinweis auf „Fachmeldung des Arbeitsbereiches Gentechnik“ des BVL:

Das Bundesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit ist zuständige Zulassungsbehörde u.a. für gentechnisch veränderte Organismen:

https://www.bvl.bund.de/SharedDocs/Fachmeldungen/06_gentechnik/2020/2020_09_09_Fa_Nachweismethode-genomeditierte-Pflanzen.html

Mehr zur Aufgabe des BVL bei Prüfung und Zulassung gentechnisch veränderter Organismen:

https://www.bvl.bund.de/DE/Arbeitsbereiche/06_Gentechnik/gentechnik_node.html;jsessionid=6E5B5549AE75D5D4701C7250AB259A2B.1_cid351

Übersichtsartikel aus der Süddeutschen Zeitung: https://www.sueddeutsche.de/wissen/gentechnik-genschere-landwirtschaft-zuechtung-1.5025237?utm_source=Twitter&utm_campaign=twitterbot

Herausgeber

Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen, Pressestelle
Stefanie Hahn, Telefon: 03946 47-105 oder 0531 299-3207, pressestelle@julius-kuehn.de
www.julius-kuehn.de/presse/, Twitterkanal: https://twitter.com/jki_bund