

Stellungnahme von G. Krczal, Gesellschaft für Pflanzenbiotechnologie und Kl.-D. Jany, Wissenschaftlerkreis Grüne Gentechnik

Möglichkeiten des Nachweises von Genom-editierten Pflanzen

Der EuGH hat in seinem Urteil vom 28.07.2018 alle Organismen, die durch neue Mutagenese-Verfahren gewonnen wurden, als gentechnisch veränderte Organismen (GVO) eingestuft. Alle diese Organismen, somit auch Pflanzen, unterliegen damit den Regularien der GVO-Gesetzgebung. Diese Pflanzen sowie daraus hergestellte Erzeugnisse sind kennzeichnungspflichtig und müssen rückverfolgbar sein. Dies wirft Fragen zum Nachweis solcher Produkte auf.

Die Überprüfung der Einhaltung der GVO-Gesetzgebung (Verordnungen EC 1829/2003 und EC 1830/2003) bei Importen von (Rohstoff)Produkten, die außerhalb der EU erzeugt wurden, erfolgt durch ein System zur Rückverfolgbarkeit von Dokumenten und Laboruntersuchungen auf DNA-Ebene.

Für den Nachweis von Genom-editierten Pflanzensorten können drei Situationen unterschieden werden: (A) Genom-editierte Pflanzensorten, für die bereits eine Marktzulassung für den europäischen Markt beantragt wurde (B) nicht autorisierte Genom-editierte Kulturpflanzen, für die Informationen über die Mutation vorliegen (z.B. Literatur, Patente); und (C) nicht autorisierte Genom-editierte Pflanzen, für die keine Informationen verfügbar sind.

Gegenwärtig können Produkte des Genome Editing beim Import von Commodity-Produkten nur dann entdeckt und identifiziert werden, wenn umfangreiche Vorkenntnisse über die veränderte Genomsequenz, eine validierte Nachweismethode und zertifizierte Referenzmaterialien verfügbar sind, ähnlich wie für die Zulassung aktueller GVO. Dies wird im Fall (A) zutreffen, im Fall (B) jedoch nur teilweise, je nach den Informationen, die gefunden werden können. Darüber hinaus wird es als unwahrscheinlich erachtet, dass mit den gegenwärtigen Methoden zur Quantifizierung von Genom-editierten-Produkten mit kleinen Genommodifikationen (eine bis mehrere Nukleotide) in Lebens- oder Futtermitteln die für die Durchsetzung von Rechtsvorschriften erforderliche Selektivität bieten. Eine auf Gesamtgenom-Sequenzierung basierende Analyse zur Identifizierung von geringfügigen Veränderungen würde im Vergleich zu den derzeit angewandten PCR-Technologien deutlich mehr Zeit und Ressourcen erfordern. Letztendlich wäre es auch nicht möglich gerichtsfest nachzuweisen, ob die Mutation spontan entstanden oder durch konventionelle oder neue (Genom-Editing-) Mutagenesetechniken induziert wurde.

Die Detektion und Identifizierung von nicht autorisierten Genom-editierten Pflanzen (Fall C) ist derzeit unter realistischen Bedingungen nicht möglich.

Zusammengenommen bedeutet dies, dass auch bei größter Sorgfalt eine nicht zu vernachlässigende Wahrscheinlichkeit besteht, dass Produkte, die durch Genomeditierung gewonnen werden, nach ihrer Einführung auf dem EU-Markt (zunächst) unbemerkt bleiben können.

Emons H., Broothaerts W., Bonfini L., Corbisier P., Gatto F., Jacchia S., Mazzara M., Savini C., *Challenges for the detection of genetically modified food or feed originating from genome editing*, EUR 29391 EN, Publications Office of the European Union, Luxembourg, 2018, ISBN 978-92-79-96398-8, doi:10.2760/732526