https://www.gen-ethisches-netzwerk.de/node/3934

Gen-ethischer Informationsdienst

Unsichtbare Gentechnik?

Zur Frage der Nachweisbarkeit von GVO

AutorIn
Christof Potthof



Nachweisverfahren für gentechnisch veränderte Pflanzen und Produkte müssen zum Beispiel an Häfen praktikabel sein. *Foto: Beth M527 (CC BY-NC 2.0)*

Genome Editing-Verfahren sollen ganz kleine Veränderungen in die Genome von Pflanzen und anderen Organismen einfügen können. Nichtsdestotrotz hinterlassen sie Spuren, die auf verschiedenen Wegen gefunden werden können.

Pflanzen, die mit sogenannten Genome Editing-Methoden verändert worden sind, können von konventionell gezüchteten Pflanzen unterschieden werden. Das schreibt der französische Wissenschaftler Yves Bertheau in einem unlängst veröffentlichten Buchkapitel.(1) Auch wenn es bisher noch keinen fertigen, im Alltag verwendbaren Test gibt, geht Bertheau davon aus, dass die nötigen Grundlagen bereitstehen. Mit dem Proof

of Concept für seine Überlegungen rechnet er in der näheren Zukunft.(2) Dass diese praktische Umsetzung an einem konkreten Beispiel nicht schon jetzt vorliegt, dafür macht Bertheau nicht zuletzt die Europäische Kommission verantwortlich. Bereits im Jahr 2013 habe die sogenannte ENGL-Gruppe, ein Zusammenschluss der Labore der EU-Mitgliedstaaten, der Kommission die Entwicklung von konkreten Werkzeugen zum Nachweis von gentechnisch veränderten Pflanzen, die mit neuen gentechnischen Verfahren verändert worden sind, vorgeschlagen.(3)

Die Frage der Nachweisbarkeit ist in der aktuellen Debatte über die Nutzung und Regulierung neuer Gentechnikverfahren zentral. So zum Beispiel auch für Verbände der „deutschen Agrar- und Ernährungswirtschaft“ in ihrer Stellungnahme zum Urteil des Europäischen Gerichtshofes vom Juli letzten Jahres (Rechtssache C-528/16). In der Stellungnahme, die erstmals im März dieses Jahres veröffentlicht wurde, schreiben die Verbände: „Bereits 2017 hatten die Fachbehörden des Bundesministeriums für Ernährung und Landwirtschaft (…) darauf hingewiesen, dass durch neue Züchtungsmethoden erzeugte Mutationen nicht von natürlich auftretenden zu unterscheiden sind.“(4) Dies stelle den internationalen Agrarhandel „vor heute nahezu unüberwindbare Hindernisse bei der Überwachung, Kontrolle bzw. Rückverfolgbarkeit entsprechender Produkte.“ Die Verbände nehmen damit Bezug auf einen Bericht, den verschiedene Fachbehörden des Bundesministeriums für Ernährung und Landwirtschaft gemeinsam veröffentlicht hatten.

Darin schreiben die Autor*innen der Behörden zum Beispiel: „Eine Identifizierung des Verfahrens, das zur gezielten Änderung der Nukleotidsequenz führte, ist generell (auch für Mutagenese- oder Rekombinationstechniken) nicht möglich. Daher kann nur eine Aussage über die Wahrscheinlichkeit der Anwendung von Genome Editing gemacht werden.“(5) Das liest sich um eine winzige, wenngleich wichtige Nuance differenzierter, geht es doch offenbar vor allem darum, eine möglichst hohe Wahrscheinlichkeit zu erreichen.

„Matrix“-Ansatz

Das passt zu dem Ansatz, für den sich Yves Bertheau stark macht. Tatsächlich kann mit den heute verfügbaren Methoden nicht sicher bestimmt werden, auf welche Art und Weise kleine Änderungen der Nukleotidsequenz im Genom (die in der Verbändestellungnahme als Mutationen bezeichnet werden) entstanden sind, beziehungsweise wodurch sie ausgelöst wurden. Diese Einschätzung vertreten auch Autor*innen von ENGL: „Für [Nachweis-]Methoden, die genomeditierte Pflanzen analysieren sollen, kann nicht ausgeschlossen werden, dass eine identische Änderung der DNA-Sequenz bereits spontan entstanden ist, als zufällige Mutation oder als Ergebnis eines früheren Genome Editing-Experiments.“(6) Das gilt allerdings nur, wenn ausschließlich der unmittelbare Ort der Änderung berücksichtigt wird und nicht das große Ganze. Bertheau jedoch argumentiert für den sogenannten Matrix-Ansatz, bei dem ein ganzes Potpourri von Analyse-Werkzeugen und Informationen zum Einsatz gebracht werden kann – ganz wie es die konkrete Situation nötig macht.

Wenn zum Beispiel ein CRISPR-Cas-System zum Einsatz gekommen ist, dann muss dieses System auf irgendeinem Weg in die Zelle gekommen sein. Der Transfer hinterlässt Spuren, nach denen gesucht werden kann. Sogenannte Vektoren (zum Beispiel Viren oder Bakterien) können dafür zum Einsatz gebracht und später identifiziert werden. Gleiches gilt für die Elektroporation, bei der die Zelle mittels einer elektrischen Spannung praktisch durchlöchert wird.

Ähnlich verhält es sich mit anderen Techniken. Spuren, Bertheau nennt sie Narben („scars“) oder Signaturen („signatures“), finden sich zum Beispiel auch in dem sogenannten Epigenom. Damit bezeichnen Wissenschaftler*innen kleinste Moleküle, die ihrerseits an die DNA gebunden sind. Sie dienen der Regulation und werden – mindestens zum Teil – auch an folgende Generationen weitergegeben. Dazu schreibt Bertheau: „Viele neue Gentechnikverfahren zielen zunächst auf eine Änderung der DNA und erst danach auf das Epigenom. Aber alle Änderungen der DNA-Sequenz (…) sind begleitet von einer

epigenetischen Signatur. (…) Die Epigenetik scheint – wie auch an anderer Stelle – eine Art zelluläres Gedächtnis für Stress, inklusive gentechnischer Veränderungen, darzustellen.“(7)

Ein CRISPR-Cas-System kann auch unmittelbar in der DNA-Sequenz, dem Genom des zu verändernden Organismus, Spuren hinterlassen. Um diese Spuren zu finden, müssen jeweils bestimmte Werkzeuge genutzt werden. Zunächst ist es hilfreich, wenn bekannt ist, wonach gesucht werden soll. Das sehen auch andere Autor*innen so. Nina Duensing, Mitarbeiterin im Bundesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit (BVL), und Kolleg*innen schreiben: „Für die meisten mit Genome Editing hergestellten Produkte gibt es in der DNA eine klare Signatur [„a clear signature“], zum Beispiel die Abfolge der Nukleotide, die ausgeschnitten wurden. Wenn diese Abfolge von den Entwickler*innen offengelegt wird, kann zum Auffinden und zur Überwachung der genomeditierten Produkte in den meisten Fällen die gleiche PCR-Technik benutzt werden, die auch bei den klassisch gentechnisch veränderten Organismen zum Einsatz gekommen ist.“(8)

Nachweis im Zulassungsverfahren

Abgesehen von dem Nachweis als Teil von Einfuhrkontrollen und behördlicher Überwachung – wo eine gewisse Unsicherheit in der Natur der Sache liegt – sind die Methoden zur Identifikation auch wesentlich für das Zulassungsverfahren in der Europäischen Union. Für jeden gentechnisch veränderten Organismus, der in der EU zugelassen werden soll, ist es eine zwingend notwendige Voraussetzung, dass das anmeldende Unternehmen eine entsprechende Methode vorlegt.

Politischer Wille fehlt

In diesen Tagen hat die französische Nichtregierungsorganisation Inf‘OGM einen Artikel zu der Frage der Nachweismethoden veröffentlicht. Ihre Schlussfolgerung: „Die fehlende Voraussetzung für die Umsetzung ist letztlich ein politischer Wille…“(9) Diesen könnte zum Beispiel die Europäische Kommission unter Beweis stellen, indem sie sich für eine weltweite Datenbank mit den Genomdaten aller gentechnisch veränderten – inklusive der genomeditierten – Pflanzen einsetzt.

Fußnoten:
(1) Bertheau, Yves (2019): New Breeding Techniques: Detection and Identification of the Techniques and Derived Products. In: Varelis, Peter et al. (Hg.): Encyclopedia of Food Chemistry, Vol. II, Elsevier 2019. Online kostenfrei lesbar unter www.kurzlink.de/gid249_u oder https://books.google.de/books, ab S.320 [letzter Zugriff: 26.04.19].
(2) Persönliche Kommunikation.
(3) European Network of GMO Laboratories (ENGL). Bertheau, Yves (2019), S.10, siehe Fußnote 1.
(4) Bund Deutscher Pflanzenzüchter et al. (2019): Verbändestellungnahme zum Urteil des Europäischen Gerichtshofes zu den neuen Züchtungstechniken. Online: www.bdp-online.de oder www.kurzlink.de/gid249_q [letzter Zugriff: 26.04.19].
(5) Bartsch, Detlef et al. (2017): Wissenschaftlicher Bericht zu den neuen Techniken in der Pflanzenzüchtung und der Tierzucht und ihren Verwendungen im Bereich der Ernährung und Landwirtschaft.
(6) European Network of GMO Laboratories (ENGL): Detection of food and feed obtained by new plant mutagenesis techniques, 2019. Online: http://gmo-crl.jrc.ec.europa.eu/ENGL/ENGL.html [letzter Zugriff: 29.04.19].
(7) Bertheau, Yves (2019), S.8, siehe Fußnote 1.
(8) Duensing, Nina et al. (18.06.18): Novel Features and Considerations for ERA and Regulation of Crops Produced by Genome Editing. Frontiers in Bioengineering and Biotechnology, www.doi.org/10.3389/fbioe.2018.00079 [letzter Zugriff: 26.04.19].

(9) Inf‘OGM (23.04.19): Les experts européens l’affirment: les nouveaux OGM sont traçables.Online: www.infogm.org oder www.kurzlink.de/gid249_s [letzter Zugriff: 29.04.19].

Informationen zur Veröffentlichung

Erschienen in:
GID Ausgabe 249 vom Mai 2019
Seite 23 - 24