

DECHEMA-FAKTENPAPIER

Züchtung von Nutzpflanzen



IMPRESSUM

Dieses DECHEMA-Faktenpapier wurde erstellt von der Geschäftsstelle der DECHEMA e.V. Es beschreibt den aktuellen wissenschaftlichen Kenntnisstand zur Züchtung von Nutzpflanzen und soll als Grundlage für weitere Diskussionen dienen. Korrekturen und Kommentare sind ausdrücklich willkommen.

Herausgeber

DECHEMA

Gesellschaft für Chemische Technik und Biotechnologie e.V.

Theodor-Heuss-Allee 25

60486 Frankfurt am Main

Tel.: +49 69 7564-0

Fax: +49 69 7564-201

E-Mail: info@dechema.de

Verantwortlich im Sinne des Presserechts

Prof. Dr. Kurt Wagemann

Dr. Kathrin Rübberdt

Inhalt

Züchtung von Nutzpflanzen	4
Kreuzungszüchtung (Kombinationszüchtung)	4
Mutationszüchtung	6
Gentechnik	8
Genom-Editierung	10
RNA-Interferenz (RNAi)	12
Ein Vergleich	14
Rechtliche Aspekte	15
Produkte für Endkonsumenten	16
Glossar	17
Weiterführende Informationen	20

Züchtung von Nutzpflanzen

Durch die Anwendung der Mechanismen der Evolution hat der Mensch seit etwa 12.000 Jahren Nutzpflanzen mit vorteilhaften Eigenschaften aus Wildpflanzen gezüchtet. Das Einkorn, eine Getreidepflanze, ist ein frühes Beispiel dafür, wie der Mensch **Mutation** und Selektion nutzt: Gelegentlich treten Mutanten des wilden Einkorns *Triticum urartu* auf, deren Ährenspindeln nicht aufbrechen. In der Natur ist die Wahrscheinlichkeit gering, dass sich ihre Samen ausbreiten und ihr Erbgut weitergegeben wird. Für die ersten Bauern war diese Eigenschaft jedoch sehr vorteilhaft, da die reifen Körner bis zur Ernte an den Halmen blieben. Daher wählten sie diese Mutanten zur Kultivierung aus und über viele Pflanzengenerationen entstand eine domestizierte Getreidepflanze mit stabilen Ährenspindeln, und später sogar erhöhter Körnerzahl und Korngröße – das heutige Einkorn, *Triticum monococcum*.

Neben Ertragssteigerungen geht es der heutigen Pflanzenzüchtung auch darum, Pflanzen gegen Krankheiten und Schädlinge zu schützen und sie gegen den Stress durch Trockenheit und die Versalzung von Wasser und Böden zu stärken. Auch die Erzeugung von Nutzpflanzen, die Ausgangsstoffe für chemische Produkte wie Feinchemikalien, Öle oder Kunststoffe liefern, steht auf dem Programm der modernen Pflanzenzüchtung.

Die Züchtung einer Nutzpflanze erstreckt sich oft über viele Jahrzehnte. Mit zunehmendem Wissen über die Mechanismen der Vererbung von Merkmalen haben sich Züchtungsziele in immer kürzeren Zeiten erreichen lassen – wenn auch die genauen Funktionen der zwischen 20.000 und 60.000 **Gene** einer Pflanze bis heute nur zu einem Teil bekannt sind.

Seit Beginn des 20. Jahrhunderts, insbesondere in den letzten Jahrzehnten, entstanden neue Methoden, um das Wechselspiel von Mutation und züchterischer Selektion zu beschleunigen und zielgenauer zu machen. Die wichtigsten stellen wir hier kurz vor.

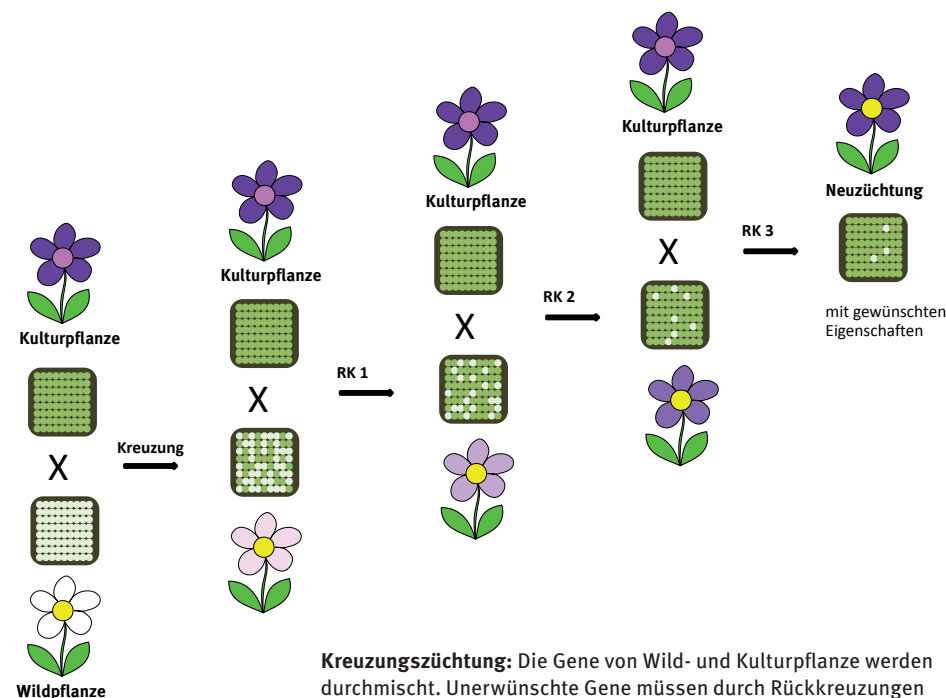
Kreuzungszüchtung (Kombinationszüchtung)

Eine Kulturpflanze ist mit einer verwandten Wildpflanze „kreuzbar“, wenn aus der Befruchtung lebensfähige Nachkommen entstehen. Für die Pflanzenzüchtung sollten diese auch vermehrungsfähig (fertil) sein. Durch Kreuzung lässt sich die natürliche genetische Vielfalt nutzen, indem erwünschte Eigenschaften der Wildpflanze über die dafür verantwortlichen Gene in die Kulturpflanze übertragen werden.

Das ist allerdings nicht ganz einfach. Denn durch das Kreuzen vermischen sich die

Gene beider Eltern zufällig, wobei günstige Eigenschaften der Kulturpflanze verloren gehen und nachteilige Eigenschaften der Wildpflanze auftreten können. Um die positiven Eigenschaften der Kulturpflanze zu bewahren bzw. wiederherzustellen, ohne die gewünschten Wildpflanzen-Gene zu verlieren, muss man die neuen Züchtungen immer wieder mit der Ausgangskulturpflanze kreuzen und die Eigenschaften der Tochterpflanzen untersuchen. Diese Rückkreuzungen über zahlreiche Generationen hinweg machten die traditionelle Pflanzenzüchtung zu einem langwierigen und teuren Geschäft.

In den letzten Jahrzehnten haben moderne molekularbiologische Methoden, insbesondere die **DNA-Sequenzierung**, den Selektionsschritt stark verkürzt und die Pflanzenzüchtung beschleunigt. Mit ihrer Hilfe lassen sich Gene und Gen-Kombinationen, der sogenannte Genotyp, bereits in Zellkulturen und Keimlingen untersuchen und daraus vorhersagen, welche Eigenschaften die ausgewachsene Pflanze wahrscheinlich haben wird. Man muss also nicht auf die Ausprägung von Eigenschaften, den sogenannten Phänotyp, der ausgewachsenen Pflanzen warten. Diese als **SMART-Breeding** zusammengefassten



Kreuzungszüchtung: Die Gene von Wild- und Kulturpflanze werden durchmischt. Unerwünschte Gene müssen durch Rückkreuzungen (RK) ausgetauscht werden.

Verfahren sind nicht nur schneller, sondern oft auch genauer als die traditionelle Phänotyp-Selektion.

Mit großen Ertragssteigerungen sind Hybridpflanzen verbunden, denen die sogenannte 'Grüne Revolution' der 1950er und 60er Jahre wesentlich zu verdanken war. Sie erhält man durch Kreuzungen von reinerbigen oder **homozygoten** Inzucht-Linien. Wie Tiere und Menschen verfügen Pflanzen über einen doppelten Satz von **Chromosomen** und der darauf befindlichen Gene (der bei einigen Pflanzen um den Faktor 2 bis 6 vervielfacht vorliegen kann). Homozygot bedeutet, dass die Gene der Genpaare gleich sind. Die gemeinsamen Nachkommen der ersten Generation (F₁) tragen mit hoher Wahr-

scheinlichkeit die dominanten Versionen vorteilhafter Gene im Erbgut. Der daraus resultierende **Heterosis**-Effekt kann in manchen Fällen, wie beim Mais, bis zur Verdopplung der Erträge führen. Da diese Effekte gemäß den Mendel'schen Regeln bereits in der zweiten Generation (F₂) wieder verschwinden, weil eine Aufspaltung des Genotyps stattfindet, muss Hybrid-Saatgut immer nachproduziert werden.

Mutationszüchtung

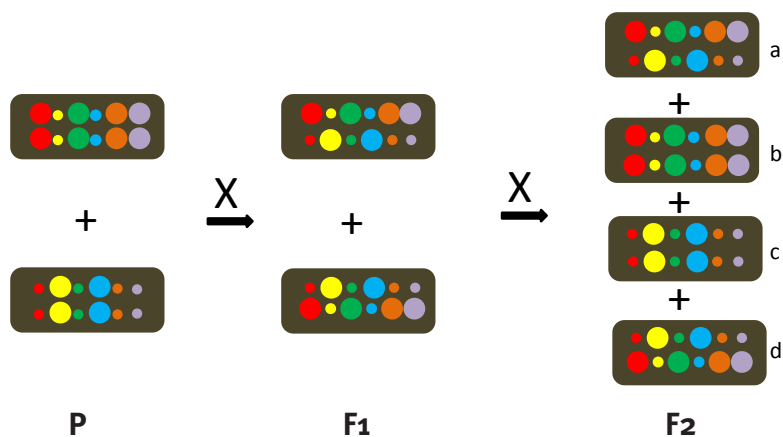
Eine größere genetische Vielfalt lässt sich auch durch künstlich erhöhte Mutationsraten erreichen. Erbgutverändernde, **mutagene** Chemikalien und energiereiche UV-, Röntgen- und Gammastrahlung

werden eingesetzt, um Mutationen zu erzeugen, aus denen neue Varianten von Nutzpflanzen hervorgehen. Einige der heutigen Hartweizensorten für die Pastaherstellung wurden mit Hilfe von radioaktiver Strahlung erzeugt.

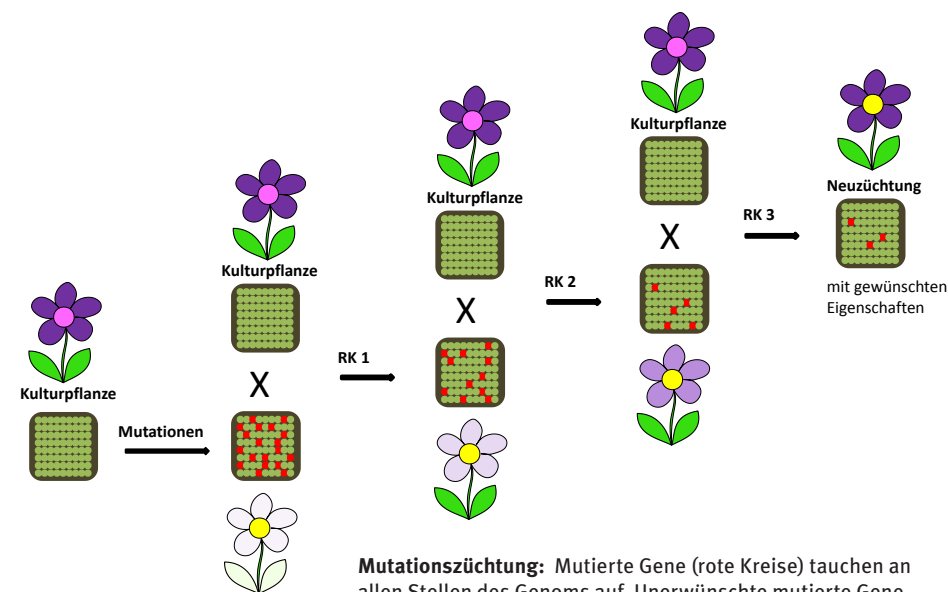
Die Mutationszüchtung ist ein zufälliger ungerichteter Prozess, der das Erbgut der Pflanze durcheinander würfeln kann. Von Zigtausenden von Punktmutationen, die jeweils nur ein Basenpaar der DNA betreffen, bis zu multiplen Strangbrüchen, bei denen Chromosomen in Bruchstücke zerlegt und neu arrangiert werden, reicht das Spektrum der Veränderungen am Erbgut. Dabei werden Gene verändert, zerstört und ausgeschaltet.

Oder es werden Genschalter umgelegt und Gene aktiviert, die zuvor blockiert waren. Je nach Ausmaß gelingt es der Pflanze zu überleben und die genetischen Veränderungen und neuen Eigenschaften an ihre Nachkommen weiterzugeben.

Wie bei der Kreuzungszüchtung muss man die sehr seltenen vorteilhaften Varianten aufwändig herausselektieren. Dabei erweisen sich die erwähnten neuen molekularbiologischen Analysemethoden als sehr nützlich und zeitsparend. Hilfreich ist das 'Tilling' (englisch für *Targeting Induced Local Lesions In Genomes*). Die Methode verknüpft die Erzeugung ungerichteter Punktmutationen mit einem DNA-Analyse-Verfahren für Mutationen nur in einem bestimmten Gen, das man



Hybridzüchtung: Reinerbige Eltern (P) tragen paarweise dominante (große Kreise) oder rezessive (kleine Kreise) Versionen ihrer Gene. Die erste Generation F₁ erhält im Idealfall jeweils mindestens eine dominante Version der elterlichen Gene, die in der Folgegeneration (F₂) wieder verloren gehen können (b und c).



Mutationszüchtung: Mutierte Gene (rote Kreise) tauchen an allen Stellen des Genoms auf. Unerwünschte mutierte Gene müssen durch Rückkreuzungen (RK) ausgetauscht werden.

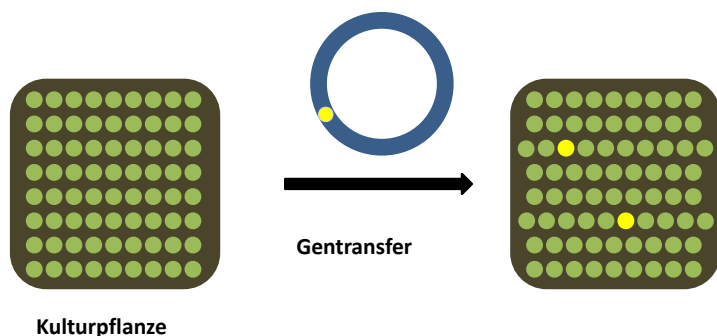
z.B. ‘ausschalten’ möchte. Wie im Fall der Kreuzungszüchtung verlieren die Pflanzen auch bei Mutationszüchtungen nützliche Eigenschaften, die über Jahre mit Hochleistungssorten zurückgekreuzt werden müssen.

Im Erbgut der ausgewählten Pflanzen bleiben unzählige zufällige Mutationen, die im Einzelnen nicht bekannt sind. Deshalb muss man darauf achten, dass keine schädlichen Effekte übersehen werden. Das könnten giftige Substanzen (Toxine) sein, deren Produktion in den Kulturpflanzen zuvor genetisch blockiert war und nun z.B. durch Umgruppierung von chromosomalen Abschnitten wieder möglich ist.

Gentechnik

Die Gentechnik machte es ab Mitte der 1970er Jahre möglich, einzelne Gene, auch aus genetisch weit entfernten Organismen, in Zellen zu übertragen. Transgene Bakterien, Hefen und Säugerzellen haben seitdem die Medizin und Biotechnologie revolutioniert.

Anfang der 1980er Jahre gelang es dann auch, die von robusten Zellulosewänden umgebenen Pflanzenzellen gentechnisch zu verändern und daraus ganze Pflanzen zu ziehen (regenerieren). Es gibt heute verschiedene Verfahren, um Gene in Pflanzenzellen einzuschleusen. Ein Verfahren nutzt das Bodenbakterium *Rhizobium radiobacter* (älterer Name: *Agrobacterium*



Gentechnik: Einzelne Gene werden gezielt durch geeignete Genfähren, z.B. ein Plasmid (blau), in die Pflanzenzelle übertragen und in das Genom eingefügt.

tumefaciens), das ein spezielles **Plasmid** (Ti-Plasmid) in das pflanzliche **Genom** integriert.

Man kann nun bestimmte Abschnitte des Ti-Plasmids durch DNA-Sequenzen ersetzen und es so als Genfähre verwenden. Alternativ entfernt man **enzymatisch** die Zellulosehüllen der Pflanzenzellen und **transformiert** die verbleibenden **Protoplasten** mit Verfahren, die auch für tierische oder Bakterienzellen üblich sind. Mit der „Schrotschuss-Methode“ schießt man DNA-Moleküle, die auf winzigen Metallpartikeln aufgebracht sind, mit Geschwindigkeiten von mehr als 1.300 m/s in die Zellen hinein.

Weil prinzipiell keine Beschränkungen für die Herkunft des übertragenen genetischen Materials bestehen, bedeutet die Gentechnik für die Pflanzenzüchtung eine enorme Erweiterung der Optionen. Sie ist bislang vielfach die einzige Möglichkeit, gezielt Resistenzen in Kulturpflanzen einzubringen. Gene aus Bakterien, Pilzen und nicht-verwandten Pflanzen wurden in Nutzpflanzen übertragen, um sie gegen Insektenbefall und Krankheiten zu schützen. Gentechnisch eingeführte Herbizid-Resistenzen haben es möglich gemacht, konkurrierende „Unkraut“-Pflanzen mit **Totalherbiziden** zu bekämpfen, ohne die Nutzpflanzen abzutöten. Größere Toleranz gegenüber Trockenheit oder Salzkonzentrationen sind aktuelle Züchtungsziele, die weltweit hohe Priorität haben und wahrscheinlich nur mit gentechnischen Methoden und Genom-Editierung erreichbar sein

werden. Auch wenn der Zufall eine geringere Rolle spielt als bei den traditionellen Züchtungsverfahren und der Zeitbedarf für Rückkreuzungen entfällt, ist der Aufwand groß, bis eine gentechnische Veränderung die gewünschten Effekte zeigt. Um in der Empfängerpflanze zu funktionieren, müssen in der Regel weitere genetische Elemente wie **Promotoren** zusammen mit dem Ziel-Gen eingeschleust werden. Es bedarf oft vieler Transformationsexperimente und genetischer Konstrukte, um eine Pflanze mit den gewünschten Eigenschaften zu erhalten.

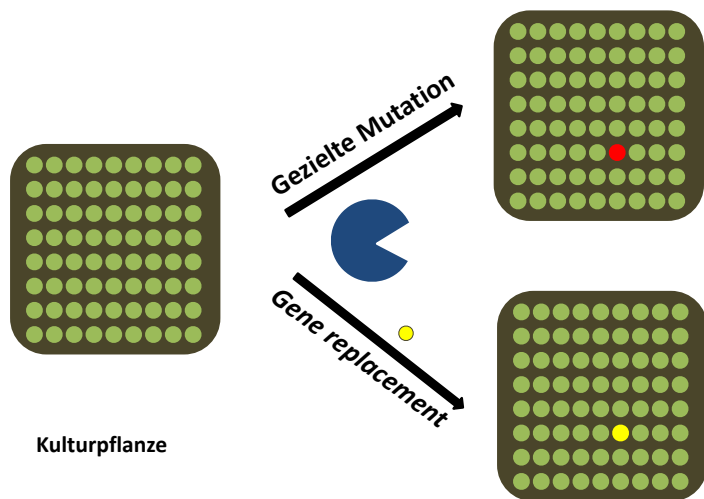
Beschränkt man sich beim Transfer auf Gene von Arten, die mit der Zielpflanze verwandt sind, erhält man sogenannte **cisgene** Pflanzen. Sie hätten auch durch natürliche Kreuzung entstehen können, wobei aber immer langwierige Rückkreuzungen nötig gewesen wären, um unerwünschte Gene zu entfernen (s.o.). Durch den Transfer relevanter Gene aus Wildkartoffeln in traditionelle Kartoffelsorten erhielt man bereits gegen Kraut- und Knollenfäule resistente Speisekartoffeln. Die zunächst hergestellten Sorten waren aber keine rein cisgenen Kartoffeln, da sie wegen des benutzten Ti-Plasmids noch DNA aus *Rhizobium radiobacter* enthielten.

Um aus behandelten Zellkulturen transformierte Zellen auszuwählen, benötigt man Marker. Als Marker dienten u.a. Antibiotika-Resistenzgene, die nur die transformierten Zellen nach Zugabe des jeweiligen Antibiotikums überleben lassen. Das führte zu der Befürchtung, dass

die Resistenzen im Freilandanbau auf pathogene Bakterien übertragen werden können, wodurch diese resistent gegen das Antibiotikum würden. Neuere Ansätze nutzen deshalb Resistenzen gegen pflanzenspezifische Toxine oder die Verstoffwechslung von bestimmten Substanzen, die nur von entsprechend transformierten Pflanzenzellen verwertbar sind. Darüber hinaus kann man heute Markergene u.a. mittels Genom-Editierung auch präzise „ausschalten“.

Genom-Editierung

Gezielte Veränderungen an definierten Stellen eines Genoms bezeichnet man als Genom-Editierung (*Genome Editing*). Die Genom-Editierung kann als Variante der Mutationszüchtung betrachtet werden – mit dem Unterschied, dass die Mutationen genau an den gewünschten Orten erzeugt werden und die Notwendigkeit von Rückkreuzungen entfällt. Dazu werden mit unterschiedlichen Methoden sogenannte **Endonukleasen** in die Zellen eingebracht. Diese Enzyme erkennen jeweils spezifische Sequenzen der Ziel-DNA

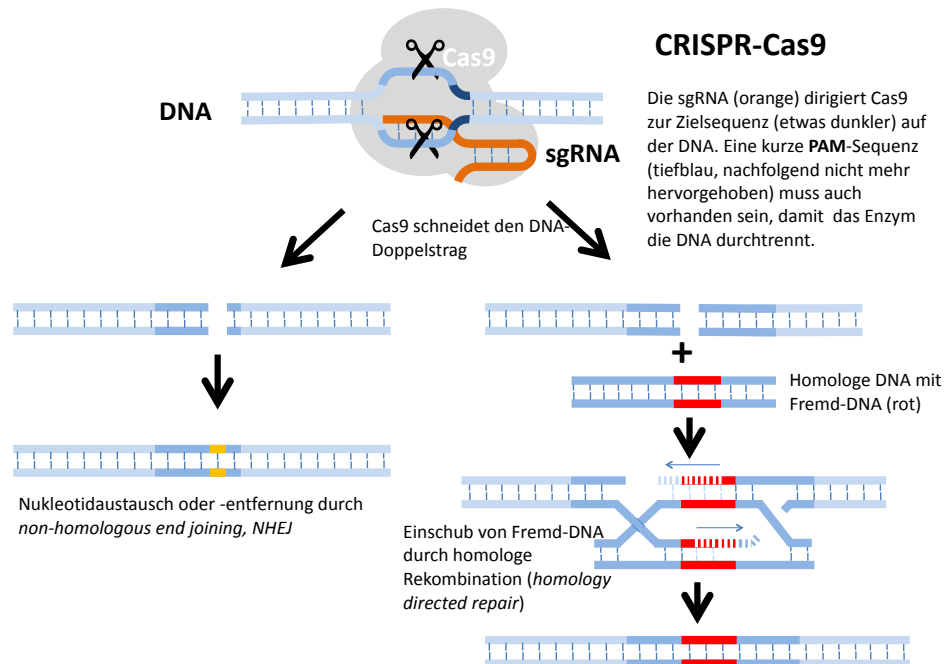


Genom-Editierung: Mit Endonukleasen oder CRISPR/Cas9 können im Genom gezielt Mutationen und homologe Genaustausche vorgenommen werden.

und durchtrennen dort den Doppelstrang. Üblicherweise überträgt man die Erbinformation für die Enzyme in die Pflanzenzellen, die die Endonukleasen dann produzieren. Während die Veränderung im Pflanzen-Genom bleibt, geht die fremde Endonukleasen-DNA meistens mit der Genfähre wieder verloren. Man verwendet Zinkfingernukleasen (ZFN), *Transcription Activator-like Effector Nucleases* (TALENs) oder das **CRISPR/Cas9**-System.

Wegen seiner einfachen Anwendung hat das CRISPR/Cas9-System besondere Bedeutung erlangt, denn man muss nicht

für Zielsequenzen jeweils aufwändig DNA-bindende Proteindomänen erzeugen („engineeren“). Stattdessen lenkt eine spezifische Führungs-RNA die DNA-spaltende Cas9-Endonuklease zur Zielsequenz. Der dann durch die Nuklease erzeugte Doppelstrangbruch wird von der Zelle erkannt und repariert (*non-homologous end joining, NHEJ*). Bei der Reparatur unterlaufen meistens Fehler, so dass an der reparierten Stelle eine Mutation auftritt, also DNA-Bausteine verloren gehen oder ausgetauscht werden. Dieser Mechanismus wirkt auch bei jeder zufälligen natürlichen Mutation (s.o.). Da man Führungs-RNAs



mit beliebigen Erkennungssequenzen, sogenannte *single guide RNAs* (sgRNA), synthetisieren bzw. von der Zelle synthetisieren lassen kann, ermöglicht CRISPR/Cas9 die gezielte Mutation an praktisch jeder Stelle der genomischen DNA. Und nicht nur Mutationen! Man kann das CRISPR/Cas-System auch modifizieren. Zum Beispiel, indem man nicht-funktionales Cas9 (*dead Cas9*, dCas9) mit einem Enzym wie der Deaminase zu einem Fusionsprotein zusammenfügt. Der DNA-Strang wird nun nicht mehr zerschnitten, sondern stattdessen werden an der Andockstelle bestimmte DNA-Basen von der **Deaminase** chemisch verändert und damit ohne Beteiligung des zellulären Reparaturmechanismus präzise mutiert (*Base Editing*). Durch Fusion des dCas9-Proteins mit **Transkriptionsaktivator**proteinen ist es auch möglich, gezielt Gene zu aktivieren und die **Transkriptionsraten** zu erhöhen.

Der zelleigene Reparaturmechanismus bei der Genom-Editierung lässt sich außerdem auch gentechnisch nutzen: Gibt man DNA-Stränge hinzu, die die Sequenz der Spaltungsstelle enthalten, können sie als Matrize für den Reparaturprozess dienen und in die Genom-DNA eingefügt werden (*homology-directed repair*).

Als Ergebnis dieser **homologen Rekombination** befindet sich die hinzugefügte DNA, z.B. eine Gensequenz, an der definierten Stelle (*gene replacement*). Mit bestimmten Verfahren lassen sich Komplexe aus Cas9-Protein und Führungs-RNA direkt in Zellen transferieren, ohne dass fremde

DNA von Plasmiden oder viralen **Vektoren** eine Rolle spielt. Die genetischen Veränderungen bleiben dann ohne Spuren des „Verursachers“ in den Zelllinien.

RNA-Interferenz (RNAi)

Wie andere höhere Zellen können auch Pflanzenzellen RNA-Viren durch die sogenannte RNA-Interferenz (RNAi) bekämpfen, wobei die virale RNA gezielt zerstört wird.

RNAi ist ein komplizierter mehrphasiger und immer noch nicht ganz verstandener Prozess. Die zentrale Rolle spielen kurze doppelsträngige RNA-Fragmente, die man als *small interfering RNAs* (siRNAs) bezeichnet. Sie stammen aus der Spaltung von RNA-Doppelsträngen (dsRNA), wie sie bei der Vermehrung von Viren auftreten. Zusammen mit speziellen Nukleasen bilden siRNAs jeweils einen *RNA induced silencing complex* (RISC), den sie zur komplementären Sequenz auf der Ziel-RNA dirigieren, um diese dort zu spalten.

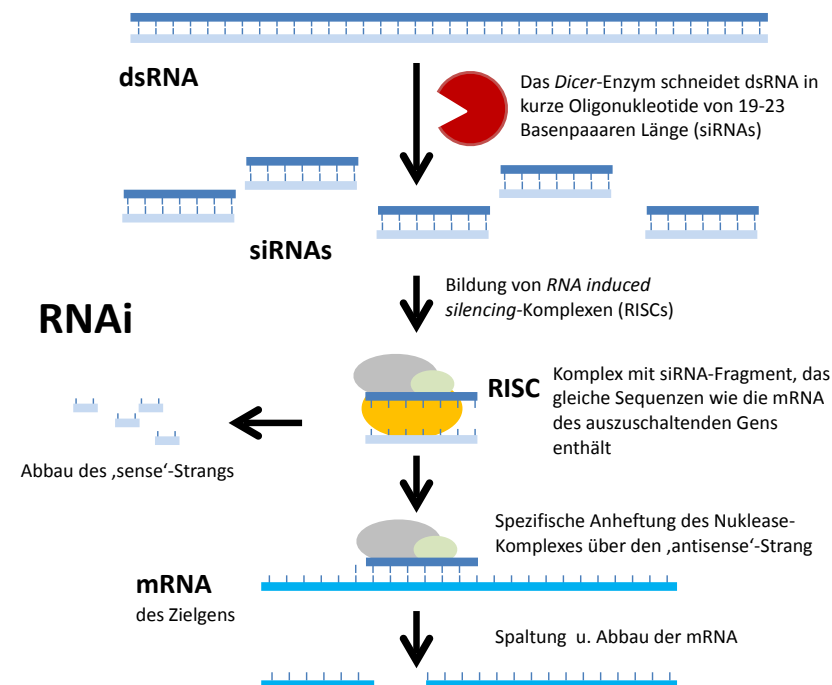
Dieser Abwehrmechanismus lässt sich biotechnisch nutzen, um Gene gezielt stillzulegen oder ihre Aktivitäten zu dämpfen (*gene silencing*), indem die zu einem Gen gehörige **mRNA** zerschnitten und abgebaut wird.

In der Praxis muss man zunächst doppelsträngige RNA erzeugen, die möglichst die ganze Sequenz des Zielgens umfasst. Dazu bringt man ein künstliches Gen in die

Zelle ein, das die zur mRNA des Zielgens komplementäre *antisense*-RNA bildet. Daraus entsteht der RNA-Doppelstrang (dsRNA), aus dem dann die RISC-Komplexe hervorgehen. Anders als Mutationen oder das *Genome editing* verändert RNAi nicht die Gene, sondern verhindert über den Abbau der mRNA-Botenmoleküle ihre Übersetzung in Genprodukte. Die notwendigen antisense-Genkonstrukte müssen jedoch meistens gentechnisch eingefügt werden.

Mit Hilfe von RNAi sind schon einige Nutzpflanzen erzeugt worden, u.a. Pflanzen, die gegen bestimmte Viren resistent sind.

Auch Nahrungsmittelpflanzen, die von Konsumenten oft gewünschte Eigenschaften aufweisen, wie die ausbleibende Bräunung des Fruchtgewebes nach Schnitten, entstanden auf diesem Weg. Mit der *Antisense*-Technik hat man bereits vor Jahrzehnten unwissentlich die Mechanismen der RNAi genutzt, z.B. um in der *FlavrSavr*-Tomate das Polygalacturonase-Gen auszuschalten, das für den enzymatischen Abbau des Fruchtgewebes verantwortlich ist.



Ein Vergleich

Die klassische Kreuzungszüchtung und die Mutationszüchtung bleiben auf den Genpool kreuzbarer Arten begrenzt. Damit ist die Einführung von neuen Eigenschaften stark eingeschränkt. Die Notwendigkeit von Rückkreuzungen verursacht einen hohen Zeitbedarf, der in den letzten Jahren durch *Smart Breeding*-Methoden verkürzt werden konnte.

Die Gentechnik und das *gene replacement* durch Genom-Editierung erlauben es, die genetische Diversität auch weit über Artgrenzen hinweg für die Pflanzenzüchtung zu nutzen und ganz neue Eigenschaften in Nutzpflanzen zu übertragen. Gentechnik und Genom-Editierung unterscheiden sich von den herkömmlichen Züchtungsverfahren durch ihre Präzision. Im Vergleich zu den zahllosen zufälligen genetischen Veränderungen bei Kreuzungs- und Mutationszüchtungen betreffen die Veränderungen durch Genom-Editierung und Gentechnik nur einzelne Gene, die man zudem genau kennt. Die Präzision ist also um Größenordnungen höher. Aber ganz lässt sich der Zufall auch hier nicht ausschließen: Beim *Genome Editing* können außerhalb der Zielsequenzen unbeabsichtigte Mutationen (*off-target modifications*) auftreten und auch bei den gentechnischen Verfahren lassen sich die Positionen und Kopienzahlen von eingefügten Genkonstrukten nicht exakt kontrollieren.

Über Genom-Editierung erhaltene Züchtungen sind analytisch von klassischen Züchtungen nicht unterscheidbar. Das gilt auch für cis-genetische Gentechnikpflanzen, deren aus den Genfähren stammende Fremd-DNA über Genom-Editierung entfernt wurde.

Prinzipiell können alle Pflanzenzüchtungsverfahren unerwartete negative Effekte haben. In den 1960er und 1990er Jahren entstanden bei der Kreuzung von Kartoffelpflanzen zwei Sorten, die wieder den für Wildkartoffeln typischen hohen Gehalt an toxischen Alkaloiden aufwiesen und daher vom Markt genommen werden mussten. Die Blätter einer neuen Selleriezüchtung enthielten hohe Mengen der giftigen Substanz Furanocoumarin und verursachten bei Feldarbeitern schwere Hautausschläge. Heute ist es deshalb üblich, alle neuen Sorten vor der Markteinführung gründlich auf negative Effekte zu überprüfen.

Rechtliche Aspekte

Für den gewerblichen Vertrieb von Saatgut muss eine Sortenzulassung durch das Bundessortenamt vorliegen. Das gilt für alle Neuzüchtungen, unabhängig von den benutzten Verfahren. Voraussetzungen der Sortenzulassung sind die Unterscheidbarkeit von anderen Sorten und die Homogenität und Beständigkeit über Generationen, die durch Anbau im Freiland oder im Gewächshaus geprüft werden.

Durch Kreuzungszüchtung erhaltene Nutzpflanzen unterliegen, von der Sortenzulassung abgesehen, keinen besonderen gesetzlichen Zulassungs- und Kennzeichnungsvorschriften. Diese Befreiung gilt auch für klassische Mutationszüchtungen trotz der zahlreichen, zufälligen und überwiegend unbekannten Veränderungen des Erbguts.

Hingegen sind nach dem Urteil des Europäischen Gerichtshofs (EuGH) vom Juli 2018 Mutationszüchtungen, die mittels präziser *Genome Editing*-Verfahren erzeugt wurden, zulassungspflichtig. Wie bei gentechnisch veränderten Pflanzen (GV-Pflanzen) vorgeschrieben, muss auch ihre Sicherheit in umfangreichen Untersuchungen und Fütterungsstudien nachgewiesen werden. Für Lebensmittel aus gentechnisch veränderten oder durch Genom-Editierung erzeugten Pflanzen gilt in der EU eine Kennzeichnungspflicht.

Seit 2008 dürfen gentechnisch veränderte Pflanzen, die Antibiotikaresistenz-Markergene enthalten, in der EU nicht mehr zugelassen werden.

In Kanada gilt, unabhängig vom Züchtungsverfahren, das Prinzip der Produktsicherheit. Dort müssen Pflanzensorten mit neuartigen Eigenschaften („Plant with Novel Traits“) einen aufwändigen Zulassungsprozess durchlaufen.

Produkte für Endkonsumenten

Die Hauptaktivitäten der Pflanzenzüchtung richten sich auf agronomische Eigenschaften und Produktivitätssteigerungen. Im Fokus stehen Resistenzen gegen Stress durch Schädlinge, Krankheiten und Umweltfaktoren, aber auch Verbesserungen

für die Verarbeitung, z.B. die Steuerung der Blüte oder die Reduktion des **Lignocellulose**anteils. In letzter Zeit wurden auch Nahrungsmittelpflanzen und Pilze gezüchtet, die von Verbrauchern oftmals gewünschte Eigenschaften haben. Nachfolgend eine Auswahl:

Produkt	Methode	Anbieter
nicht-bräunender Apfel (GVO)	geringere Aktivität der Polyphenoloxidasen (PPO) durch RNAi	Okanagan Specialty Fruits
Kartoffeln, die beim Frittieren weniger Acrylamid produzieren (cisgen)	RNA-Interferenz (RNAi) zur Ausschaltung des Asparaginsynthetase-1 Gens (Asn1)	J.R. Simplot Co
nicht-bräunende Kartoffeln (cisgen)	RNA-Interferenz (RNAi) zur Ausschaltung des PPO5-Gens.	J.R. Simplot Co
nicht-bräunende Champignons	Ausschaltung der Polyphenoloxidasen PPO durch CRISPR/Cas9	Universität Pennsylvania
Leghämoglobin für Soja-Burger	Rekombinanter <i>Pichia pastoris</i> produziert Häm-gebundenes Soja-Leghämoglobin	Impossible Food
Sojaöl mit Ölsäuregehalt von ~80% statt 18%	Gene-Knockout der Desaturase-Gene FAD2-1A and FAD2-1B in Soja mittels TALEN. Suppression der Produktion von Linol- und Linolensäure, um die Bildung von Transfetten bei der Verarbeitung zu minimieren.	Calyxt
Flachsöl (<i>Camelina sativa</i>) mit erhöhtem Omega-3-Fettsäureanteil	Ausschalten der Gene C3008a, C3008b und C3009 mit CRISPR/Cas9	Yield10 Bioscience
Sojaöl mit Ölsäuregehalt von ~75%	Gene-Knockout der Omega-6-Desaturase mit CRISPR/Cas9	Corteva Agriscience

Glossar

Base	s.u. Nukleosid, Nukleotid, (Nukleo-)Base
bp	Basenpaar(e)
Cas9	Cas 9 ist eine der verschiedenen <i>crispr-associated</i> Proteine und als Endonuklease für die Spaltung der Ziel-DNA verantwortlich.
Chromosomen	Chromosomen sind langkettige DNA-Moleküle, auf denen die für die Vererbung von Eigenschaften notwendigen Erbinformationen gespeichert sind. Bei pflanzlichen und tierischen Zellen befinden sie sich im Zellkern.
CRISPR/Cas9	CRISPR steht für <i>Clustered Regularly Interspaced Short Palindromic Repeats</i> . Sie sind Teil eines bakteriellen Abwehrsystems gegen Viren (Phagen), das kurze Sequenzen aus dem viralen Erbgut als Vorlagen („Fahndungsplakate“) abspeichert. Sie sind im bakteriellen Genom als sogenannte <i>spacers</i> zwischen palindromischen (s. Glossar) Abschnitten eingefügt und bilden einen längeren zusammenhängenden Bereich (<i>cluster</i>), in dem sich <i>spacers</i> und Palindromsequenzen abwechseln. Die <i>spacers</i> werden im Verteidigungsfall genutzt, um daraus die spezifische Führungs-RNA für den Komplex mit der Cas9-Nuklease zu bilden, welche die virale DNA nach zielgenauer Anheftung des Komplexes sequenzspezifisch spaltet. Man kann CRISPR/Cas9 als bakterielles „Immunsystem“ auffassen.
cisgen	Cisgene Pflanzen sind gentechnisch veränderte Pflanzen, die nur arteigenes Erbmateriale enthalten. Gegenteil: transgen
Deaminasen	Enzyme, die Aminogruppen aus Molekülen entfernen.
DNA	Deoxyribonucleic acid (Deoxyribonukleinsäure). Als Polymer von Nukleosiden (s. Glossar) speichert DNA die Erbinformation.
DNA-Sequenzierung	Bestimmung der Abfolge von Nukleotiden bzw. der Basen in einem DNA-Strang
Endonukleasen, Exonukleasen	Enzyme, die innerhalb von DNA- oder RNA-Strängen Spaltungen verursachen.
Exonukleasen	Exonukleasen bauen Stränge Nukleotid für Nukleotid von den Enden her ab.
Enzyme	Proteine, die eine chemische Reaktion katalysieren. Katalysatoren ermöglichen und beschleunigen Reaktionen, indem sie energetische Barrieren für den intermediären Übergangszustand absenken.
Gene	In der DNA codierte spezifische Erbinformationen für Proteine oder funktionale RNAs
Genom	Gesamtheit des Erbguts einer Zelle, resp. Organismus
Heterosis-Effekt	Zunahme der durchschnittlichen Größe bei den unmittelbaren Nachkommen (F1-Generation) jeweils reinerbiger Eltern aus Inzuchtlinien. Ein wahrscheinlicher Grund ist die häufigere Anwesenheit dominanter Gene.

Glossar

Homologe Rekombination	Austausch von DNA-Fragmenten, deren Enden gleiche Sequenzen haben und deshalb beim Einfügen in den gespaltenen Strang ausgetauscht werden können.
homozygot	Wenn bei einem Organismen mit doppeltem Chromosomensatz das Gen für ein bestimmtes Merkmal auf beiden (homologen) Chromosomen identisch ist, ist er hinsichtlich dieses Merkmals reinerbig oder homozygot.
mRNA	Die <i>messenger</i> RNA ist das Botenmolekül, das die in der DNA gespeicherte Information für ein oder mehrere Gene zu den zellulären Proteinfabriken (s. Ribosomen) transportiert.
Lignocellulose	Die Zellwand verholzter Pflanzen besteht aus Lignocellulose. Das Material dient als Strukturgerüst und Schutz vor Schädlingen.
Mutation	Veränderung im Erbgut, verursacht durch chemische Veränderung, die Entfernung oder den Austausch eines Nukleotids (Punktmutation)
mutagene Chemikalien	Mutationsauslösende Chemikalien sind z.B. Substanzen, die in der DNA die Basen der Nukleinsäuren chemisch verändern, indem sie Kohlenwasserstoffketten an Aminogruppen anfügen (alkylieren) oder indem sie Aminogruppen entfernen (deaminieren). Dadurch ändert sich die in der DNA gespeicherte Information.
Nukleosid, Nukleotid, (Nukleo-)Base	Nukleoside sind organische Moleküle, die aus einer Stickstoff-haltigen Base und einem C5-Zucker (Pentose) bestehen. Nucleoside, die über die OH-Gruppe am C5-Atom mit einer Triphosphateinheit verestert sind, nennt man Nukleotide. Sie dienen als Synthesebausteine für DNA und RNA. Die daraus miteinander verknüpften Nucleosidmonophosphate sind die elementaren Untereinheiten der Nukleinsäureketten (Polynukleinsäuren). Sie unterscheiden sich nur in den vier Basen Adenin (A), Guanin (G), Cytosin (C) und Thymin (T) (bei der RNA kommt noch Uracil hinzu). Ihre Abfolge repräsentiert die genetische Information.
Nukleasen	s.o. Endonukleasen
Palindrom	Eine Abfolge von Zeichen (hier DNA-Basen), die vorwärts und rückwärts gelesen identisch ist.
PAM (<i>protospacer adjacent motif</i>)	Ein kurzer DNA-Abschnitt, der zusätzlich zur Zielsequenz vorhanden sein muss, damit CRISPR-Cas9 die DNA dort spaltet. Im bakteriellen Genom, wo fremde Zielsequenzen als Bibliothek für die Bildung der Führungs-RNAs abgespeichert sind, fehlt PAM, wodurch verhindert wird, das CRISPR-Cas9 auch die eigene Genom-DNA durchtrennt.
Plasmid	Kleiner Ring aus DNA, der Gene enthält und zwischen (Bakterien-)Zellen transferiert werden kann. Plasmide dienen in der Gentechnik als Genfähren.

Glossar

Polymerase	Enzym, das aus Einzelbausteinen lange Kettenmoleküle aufbaut. DNA-Polymerasen bauen DNA-Stränge aus den Deoxyribo- Nukleotiden auf, RNA-Polymerasen stellen aus Ribo-Nukleotiden RNA-Ketten wie die mRNA her. Die dafür notwendige Sequenzinformation stammt aus den komplementären Gegensträngen der DNA.
Promotoren	Vor den abgelesenen Gensequenzen befindliche Abschnitte auf der DNA, die für das Ablesen der Information durch die RNA-Polymerase (mRNA-Synthese) notwendig sind.
Protoplasten	Zellen, deren Zellhüllen enzymatisch soweit entfernt wurden, dass nur die einfachen Zellwände bleiben. Dadurch wird der Transfer von Plasmiden in die Zelle erleichtert, was in der Gentechnik nützlich ist.
Ribosom	Ribosomen sind die zellulären „Proteinfabriken“. Sie übersetzen die Information der mRNA in Proteine, indem sie das Protein Aminosäure für Aminosäure zusammenfügen. Chemisch handelt es sich bei den Ribosomen um große Komplexe aus Proteinen und ribosomaler RNA.
RNA	Ribonucleic acid (Ribonukleinsäure). Polymere aus Ribonukleosiden übertragen als mRNA (s. Glossar) Erbinformation von der DNA zu den Ribosomen. Diese Proteinsynthesemaschinen enthalten selbst viel „ribosomale“ RNA. Bei einigen Viren besteht das Genom aus RNA.
RNA-Viren	Viren, deren Genom nicht aus DNA, sondern aus RNA besteht. Ihre Vermehrung erfordert eine reverse Transkriptase, die die Information der RNA in DNA übersetzt, um in das Genom der befallenen Zelle integriert werden zu können.
Totalherbizid	Substanz, die für alle Pflanzen giftig ist
Transformation	Umwandlung einer Empfängerzelle durch den Import von Erbmaterial (gentechnische Veränderung) in eine transformierte Zelle
Transkription	Übersetzung von Gensequenzen der DNA in mRNA durch RNA-Polymerasen
Transkriptions-aktivator	Protein, das für den Start der Transkription (Initiation) von Bedeutung ist.
Vektor	In der Gentechnik benötigt man molekulare Transportmittel („Genfähren“) wie Plasmide oder Viren, um die fremde Erbinformation in die Zielzellen zu übertragen. Man bezeichnet sie oft auch als Vektoren, weil der Transfer in die Zellen gerichtet ist.

Weiterführende Informationen

Aktuelle und umfassend informative Website rund um die Pflanzenbiotechnologie
www.transgen.de

Alles, was man zur Pflanzenforschung wissen muss.
www.pflanzenforschung.de

Frank Kempken, Renate Kempken: *Gentechnik bei Pflanzen - Chancen und Risiken*,
4. Auflage, Springer, Heidelberg (2012) doi:10.1007/978-3-642-24818-4

Samriti Sharma, Rajinder Kaur, Anupama Singh: Recent advances in CRISPR/Cas mediated genome editing for crop improvement, *Plant Biotechnology Reports* 11, 193–207 (2017) doi: 10.1007/s11816-017-0446-7

Emily Waltz: Appetite grows for biotech foods with health benefits, *Nature Biotechnology* (online), News 30 April 2019 doi: 10.1038/d41587-019-00012-9

DECHEMA
Gesellschaft für Chemische Technik
und Biotechnologie e.V.
Theodor-Heuss-Allee 25
60486 Frankfurt am Main

www.dechema.de