Neue gentechnisch veränderte Sorten lassen sich nachweisen

Veröffentlicht am: 27.03.2020

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)

Es ist eine Standardbehauptung von Gentechnikern und Behörden: Mit neuen gentechnischen Verfahren eingebrachte Änderungen bei Pflanzen lassen sich nicht von natürlichen Mutationen unterscheiden. „Stimmt nicht“, sagt der französische Biochemiker Eric Meunier. Er beschreibt biochemische Methoden, mit denen sich einzelne Sorten akkurat unterscheiden lassen. Entwickelt haben diese Methoden Pflanzenzüchter, um ihre Sortenrechte zu verteidigen.

Denn wenn Züchter eine neue Sorte entwickeln, wollen sie über Lizenzgebühren für das Saatgut daran verdienen. Das ermöglichen ihnen Sortenschutzgesetze, die den Züchtern entsprechende Rechte einräumen. Um diese im Streitfall auch durchsetzen zu können, muss ein Züchter nachweisen, dass es sich bei einer Pflanze um „seine“ Sorte mit ihren klar definierten Merkmalen handelt. Das gilt für konventionelle Sorten ebenso wie für Sorten, bei denen mit Gen-Scheren wie Crispr/Cas ins Erbgut eingegriffen wurde.

Weltweit kümmert sich der internationale Verband zum Schutz von Pflanzenzüchtungen (U-

POV) darum, dass die Rechte der Züchter gewahrt werden. Die UPOV hat im November 2019 eine Anleitung vorgestellt, wie sich mit Hilfe biochemischer und molekularer Marker eine Pflanzensorte sicher identifiziern lässt. Dieses Dokument stellt Eric Meunier auf der französischen Webseite Inf'OGM vor.

Diese molekularen Marker sind genetische Sequenzen, die charakteristisch für eine Sorte seien, schreibt Meunier. Mit ihrer Hilfe könne man „eine Pflanzensorte genau beschreiben, identifizieren, unterscheiden und zurückverfolgen". Würden meherer Marker kombiniert, lasse sich ein „genetischen Fingerabdrucks jeder Sorte, eine Art Strichcode erstellen". Die Arbeit bestehe darin, eine Liste der für diese Sorte charakteristischen Marker zu erstellen und ein Testverfahren zu entwickeln, dass diese Marker nachweist.

Meunier berichtet, dass chinesische Forscher auf einer UPOV-Tagung ein solches Testkit für Maissorten vorgestellt hätten. Der Chip ermögliche „die Identifizierung der kombinierten Marker von 400 chinesischen und ausländischen Mais-Inzuchtlinien." Auf der gleichen Tagung habe die Internationale Vereinigung für Saatgutprüfung, der auch die Prüflabore der großen Saatgutkonzerne angehören, ein Protokoll für die Sortenidentifizierung mit Hilfe von Erbgutanalysen vorgestellt.

Bei einem Eingriff mit Gen-Scheren, so argumentiert Meunier, entstehen immer auch unerwünschte Änderungen im Erbgut, die sich bei dessen genauer Analyse finden und als Marker nutzen lassen, um diese Sorte von behaupteten natürlichen Mutationen sicher unterscheiden zu können. „Dieser Nachweis ist technisch machbar, sofern der politische Wille vorhanden ist und die notwendigen finanziellen Mittel zur Durchführung zur Verfügung gestellt werden", schreibt Meunier. [lf]

Links zu diesem Artikel

- Inf'OGM: UPOV : Indeed, new GMOs can be accurately identified (25.03.2020)
- UPOV: Anleitung zur Verwendung biochemischer und molekularer Marker bei der Prüfung der Unterscheidbarkeit, Homogenität und Beständigkeit (01.11.2019)
- UPOV: Advances in the construction and application of DNA fingerprint database in maize (14.11.2019)
- UPOV: DNA-based methods for variety testing: ISTA approach (14.10.2029)