

Menschen und grüne Biotechnologie: Perspektiven für Nachhaltigkeit

Remco Stam

Einführung

Die grüne Biotechnologie ist ein hochaktuelles Thema. Ein großer Teil der Weltbevölkerung ist aktiv daran beteiligt, die Entstehung und Verbreitung von gentechnisch veränderten Pflanzen zu verhindern. Es besteht kein Zweifel: Genetische Veränderung und Genomeditierung sind technische Methoden, die es den Menschen ermöglichen, Pflanzen auf eine Art und Weise zu verändern, die vor fünfzig Jahren nicht möglich war. In vielen Fällen rufen genetisch veränderte Organismen (GVO) Assoziationen mit den im Prolog (vgl. Anton Lerf) eingeführten künstlichen Proben hervor. In den 1990er Jahren sprach man tatsächlich von sogenannten „Frankenfoods“.

Die Frage ist, ob die Befürchtungen und Proteste gegen gentechnisch veränderte Pflanzen gerechtfertigt sind oder ob die Pflanzen zugelassen werden sollten. Um diese Frage zu beantworten, stelle ich im Folgenden die moderne Pflanzenzüchtung in einen historischen Kontext. Ich werde in diesem Zusammenhang versuchen, die Konzepte der Gentechnik und Genomeditierung im Vergleich zu anderen Züchtungsmethoden zu erklären, und einige Beispiele für nützliche Anwendungen in meinem eigenen Fachgebiet, der Pflanzenpathologie, zu nennen. Denn die gentechnische Veränderung hat auch positive Seiten, sie erleichtert z.B. den Schutz von Pflanzen vor gefährlichen Pflanzenkrankheiten, wodurch der Einsatz von Fungiziden drastisch reduziert und nicht nur Ernteverluste verhindert, sondern auch die Umwelt entlastet werden können.

1. Selektion der Eigenschaften

1.1 Erscheinung und Geschmack

Zehntausende von Jahren hat der Mensch die Pflanzen, die er isst, verbessert. Am deutlichsten zu sehen sind die Veränderungen in der Größe der Früchte oder Samen. Vergleicht man wilden Teosinte, den Vorfahren der Maispflanze, mit einer Maispflanze von heute, so zeigt sich: Teosinte ist dünn und am Ende jeder Spitze befinden sich nur wenige Samen (Abb. 1, Yang et al. 2019). Genauso sahen einige der Gemüse oder Früchte, die wir heute essen, vor wenigen Jahrhunderten noch anders aus. Karotten, wie wir sie kennen, sind das Ergebnis von Zuchtversuchen im 17. Jh. (Banga 1963). Vorher waren die Sorten in Europa dunkler und in Asien weiß. Auch die Wassermelone, die die Europäer Ende des 17. Jh.s als exotische Frucht einführten, war viel kleiner und voller Samen. Schöne Beispiele davon finden sich in den Stillleben von Albert Eckhout (z.B. „Ananas, Wassermelonen und andere Früchte“, um 1660)¹.

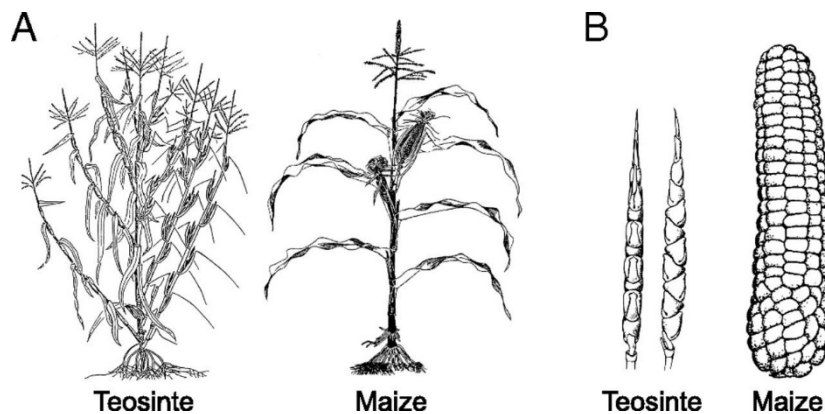
Die Auswahl dieser äußeren Merkmale ist natürlich für jeden am offensichtlichsten. In vielen Fällen war auch die Steigerung der Ernte die Motivation, die Gewächse zu verbessern. Sorten mit größeren und zahlreicheren Früchten und Samen oder eine Frucht, die leichter zu ernten ist, sind natürlich beliebter bei einem Landwirt als eine Sorte derselben Pflanze, die weniger Erträge bringt und mehr Arbeit erfordert. Ein einfacheres Verzehren durch den geringeren Gehalt an Samen in bestimmten Früchten ist auch für den Verbraucher attraktiver und erhöht somit ihren Wert für den Landwirt. Es sind jedoch nicht immer diese offensichtlichen äußeren Merkmale, die ausgewählt wurden oder werden.

Weniger sichtbare Merkmale wie zum Beispiel Geschmackseigenschaften haben bei der Züchtung vieler Nutzpflanzen ebenfalls eine wichtige Rolle gespielt. Vor allem in den letzten Jahrzehnten wurde der bittere Geschmack in vielen Kulturen so gut wie möglich reduziert. Chicorée und Rosenkohl schmecken jetzt leckerer oder zumindest weniger bitter als zur Zeit unserer Urgroßeltern. Schon die ersten Züchter haben viel Energie in die Beseitigung von Bitterstoffen aus unserem Gemüse ge-

¹ Nicht alle Kulturen haben sich in den letzten Jahrhunderten so stark verändert. Die gleichen Maler zeigen zum Beispiel, dass sich Äpfel seit dem späten Mittelalter in Größe und Farbe nicht wesentlich verändert haben. Die Ananas in Eckhouts Gemälde ähnelt ebenfalls sehr den Sorten, die wir heute essen.

steckt. Und nicht umsonst. Viele wilde Vorfahren der Pflanzen, die wir heute essen, hatten leicht giftige bis stark giftige Eigenschaften. Die Früchte einer Kartoffelpflanze sind zwar immer noch giftig, aber die große moderne Knolle, die die Pflanze heute produziert, ist ungiftig, solange sie nicht grün ist. Bei anderen Kulturen ist dies nicht viel anders und es gibt viele weitere Beispiele, z.B. wilde Zucchiniplanzen, die harte und giftige Samen haben.²

Abbildung 1. Morphologie von Teosinte und Mais im Vergleich



Anmerkungen: Unterschiede in der Pflanzenmorphologie zwischen Teosinte und Mais werden in A hervorgehoben, während Unterschiede in der Ohrmorphologie in B gezeigt werden. Die Teosinte-Pflanze hat viele Zweige mit mehreren Ohren auf jedem Zweig; die Maispflanze hat wenige Zweige mit einem einzigen Ohr auf jedem Zweig. Teosinte hat wenige Körner während das Mais-Ohr viele freiliegende Körner hat.

Quelle: Yang et al. 2019

² Wie giftig Zuchinisamen sein können, wurde 2015 demonstriert. Ein deutsches Paar hatte mehrere Jahre lang Samen aus Zucchiniplanzen aus ihrem eigenen Gemüsegarten benutzt. Der Mann starb, nachdem er ein Gericht aus den eigenen Zucchini gegessen hatte. In kultivierten Zucchini ist der Giftstoff Cucurbitacin aufgrund einer Mutation nicht mehr vorhanden. Das Gen ist defekt. Die Pflanzen aus dem eigenen Gemüsegarten mutierten spontan und hatten wieder ein funktionierendes Gen und damit eine hohe Konzentration des Toxins (Spiegel Online 2015).

1.2 Anpassungen an das Klima

Neben der Verbesserung von Größe und Menge der Früchte oder Geschmacks- und Toxizitätseigenschaften haben die Züchter auch auf andere wichtige Eigenschaften geachtet. Die Kartoffel wurde um 1530 von den Spaniern nach Europa gebracht. Es dauerte jedoch Jahrhunderte, bis es gute europäische Kartoffelsorten gab, die in großem Umfang angebaut werden konnten. Die ursprünglich eingeführten Kartoffelsorten stammten aus den Anden und wuchsen in Nord- und Westeuropa aufgrund der großen Unterschiede in allen möglichen Umwelt- und Bodenfaktoren nicht gut.³ Tomaten und Zucchini kamen mit den frühen Entdeckern aus Südamerika nach Europa und Auberginen wurden von Arabern aus Indien nach Europa gebracht. Alle diese Pflanzen hatten seit Jahrhunderten ihren Platz als Kuriositäten in botanischen Gärten, aber erst im 20. Jh. wurden diese Kulturen an das europäische Klima angepasst und in größerem Umfang in Südeuropa angebaut, um auch in Nord- und Westeuropa gegessen werden zu können. Auch Getreide wie Weizen musste an das europäische Klima angepasst werden. Die Römer hatten um 450 v. Chr. Brotweizen (*Triticum aestivum*) aus Mesopotamien importiert. Da die Sorte aber in großem Umfang nicht genügend Ertrag brachte, waren andere, heute viel weniger verbreitete Getreidesorten wie Emmer (*Triticum dicoccum*) und Dinkel (*Triticum spelta*) zur Zeit der Römer das häufigste Getreide. Noch kurz vor dem Zweiten Weltkrieg wurden diese Kulturen in Teilen Europas in relativ großem Umfang angebaut. Erst später machte die grüne Revolution – die seit den 1950er Jahren weit verbreitete Verfügbarkeit von mineralischen Düngemitteln und Pestiziden – Brotweizen attraktiver.

³ Ein weiterer Grund für die langsame Akzeptanz der Kartoffel war, dass viele Menschen die unschönen Knollen einfach nicht attraktiv fanden. Es existiert die Geschichte, dass einige Botaniker einen Vergleich zwischen den Knollen und den deformierten Händen von Leprakranken anstellten und verkündeten, dass das Essen von Kartoffeln zu Lepra führen könnte. Erst als die französische Königsfamilie um 1785 ein Kartoffelbankett präsentierte, kam die Kartoffel in Mode.

1.3 Krankheitsresistenz

Die in der Züchtung zuletzt intensiv bearbeitete Eigenschaft ist die Resistenz gegen Insektenschädlinge und insbesondere Krankheiten. Wie Mensch und Tier können Pflanzen durch Viren, Bakterien und Pilze infiziert werden. Einige dieser Krankheiten sind bekannt und gut sichtbar. Jeder kennt Grauschimmel (*Botrytis cinerea*), der mit der Zeit auf einer Erdbeere zu wachsen beginnt, oder den Blauschimmel auf einer Orange (*Penicillium digitatum*). Diese Krankheiten treten oft nach der Ernte auf. Sie sind störend, aber vor allem ein Problem für den Konsumenten und nicht so sehr für die Lebensmittelsicherheit. Ein viel größeres Problem entsteht, wenn sich die Krankheit auch bei der jungen oder sich noch entwickelnden Pflanze manifestiert und so die Ernte reduziert oder gar ruiniert.

Es ist seit langem bekannt, dass Pflanzenkrankheiten ein Problem darstellen können. Plinius der Ältere (23/24-79 n. Chr.) konnte die genauen Ursachen vielleicht noch nicht erkennen, aber er widmete mehrere Abschnitte seiner „Naturalis historia“ den Symptomen von Pflanzenkrankheiten, z.B. den Krankheiten im Reben- und Maisanbau. Selbst die Bibel enthält Hinweise auf Pflanzenkrankheiten (I. Könige 8, Vers 35): Es werden neben Schädlingen auch Weizensteinbrand und Mehltau (oder Honigtau) erwähnt.

Auch in der jüngeren Vergangenheit haben Krankheitserreger Katastrophen verursacht. Eines der bekanntesten Beispiele einer historischen Krankheit mit dramatischen Folgen ist die Kartoffelfäule. Die Einschleppung einer neuen Variante des pilzartigen Krankheitserregers *Phytophthora infestans* zwischen 1840 und 1845 führte in weiten Teilen Irlands, aber auch in den Niederlanden, Deutschland und Belgien zu erheblichen Ertragsausfällen bei der Kartoffelernte. In Irland war es so schlimm, dass eine Million Menschen starben und weitere eineinhalb Millionen Menschen aus dem Land flohen, um dem Hunger zu entkommen.

1.4 Pflanzenkrankheiten heute

Auch heute noch haben Pflanzenkrankheiten weitreichende Folgen. Weltweit wird der Ernteverlust durch Pflanzenkrankheiten je nach Kultur auf etwa 10-30% geschätzt. Darüber hinaus kann man mit mehreren Milliarden Euro zusätzlichen Kosten durch den Einsatz von Fungiziden rechnen (Savary et al. 2019). Die Kosten für die Prävention von Kartoffelfäule

(verursacht durch *Phytophthora infestans*) durch den Einsatz chemischer Mittel und integrierte Bekämpfungsmaßnahmen werden weltweit auf über 7 Milliarden Euro geschätzt (Haverkort et al. 2008). Darüber hinaus verursachen diese Kontrollmaßnahmen mehr als 10% der CO₂-Emissionen der gesamten Kartoffelproduktionskette (Haverkort und Hillier 2011).

Auch der Ausbruch neuer Krankheiten hat drastische Folgen. Der Weizenpilz *Magnaporthe oryzae* wurde 2016 versehentlich nach Bangladesch importiert und zwang eine große Anzahl von Weizenbauern, auf andere Kulturen umzusteigen. Weizen ist die wichtigste Nährstoffquelle in vielen kühleren Regionen Bangladeschs. Diese Entwicklung hat erhebliche soziale Auswirkungen, und es besteht die Befürchtung, dass sich der Pilz auf die umliegenden Länder und Regionen ausbreiten wird. In diesem Fall ist die Lebensmittelsicherheit für Millionen von Menschen gefährdet (Islam et al. 2016).

Ein ganz anderer Fall ist die Ausbreitung der Pierce-Krankheit, auch bekannt als Olivenbaumpest. Olivenbäume, die mit dem Bakterium *Xylella fastidiosa* infiziert sind, sehen vertrocknet aus, fast wie verbrannt, und infizierte Bäume haben kleinere, vertrocknete Früchte. Da es sich um ein Bakterium (und nicht um einen Pilz) handelt, ist es nicht möglich, Fungizide einzusetzen. Antibiotika können in der Regel nicht in großem Umfang eingesetzt werden, da dann sehr schnell eine massive Antibiotikaresistenz auftritt. Der Erreger wurde 2015 in Süditalien gefunden und steht auf der Liste der Quarantäneorganismen in Europa. Er verbreitet sich trotzdem jedes Jahr und wurde mittlerweile auch in Frankreich gefunden. Die Kontrolle und Prävention der *X.-fastidiosa*-Infektion wird dadurch behindert, dass die Krankheit auch in Pflanzen ohne offensichtliche Symptome vorkommt. Sie kann auch auf Oleanderpflanzen überleben und wurde kürzlich bei Trauben gefunden.

2. *Wie funktioniert die Pflanzenzüchtung?*

Nachdem wir nun festgestellt haben, dass der Mensch seine Nahrungspflanzen seit Zehntausenden von Jahren verbessert, ist es sinnvoll, sich noch einmal mit der Arbeitsweise zu befassen. Die breiteste Definition der Pflanzenzüchtung ist „die Entwicklung von Pflanzen, die den menschlichen Bedürfnissen am besten entsprechen“. Die traditionelle Pflanzenzüchtung kennt zwei Methoden: Selektion und Kreuzung.

2.1 Selektion

Die Selektion ist das, womit die Zucht begann. Wie der Mensch gibt auch die Pflanze ihre genetischen Eigenschaften an die nächste Generation weiter, z.B. haben Eltern, die selbst groß sind, oft große Kinder. Es entstehen aber auch von Zeit zu Zeit neue Eigenschaften. Dies geschieht durch zufällige Mutationen der DNA, kleine Fehler der Zelle beim Kopieren der DNA. Dies ist nicht oft der Fall, aber diese Mutationen können unerwartete (positive und negative) Eigenschaften verursachen. Diese beiden Fakten bilden die Grundlage von Darwins Evolutionstheorie: Es gibt und wird immer neue genetische Variationen geben und die bestehende Variation kann von Generation zu Generation weitergegeben werden. Organismen mit den Eigenschaften, die am besten zu einer bestimmten Umgebung passen (mit der besten Fitness), sind am besten in der Lage zu überleben (Darwin 1859).

Das haben auch unsere Vorfahren bemerkt: Einige wilde Pflanzen sahen etwas besser aus als andere. Jahr für Jahr haben sie in jeder Generation wiederholt die Samen aus den Pflanzen gewonnen, die etwas bessere Eigenschaften hatten. Gleichzeitig war es natürlich notwendig, dafür zu sorgen, dass diese Eigenschaften nicht mit etwas Negativem zusammenfielen. Eine Frucht kann doppelt so groß und nährstoffreich sein, aber wenn sie gleichzeitig giftig ist, nützt sie nichts.

Die Domestikation unserer Nutzpflanzen begann um 10.000 v. Chr. und dauerte mehrere tausend Jahre. In dieser Zeit haben sich die Genome unserer Kulturpflanzen im Vergleich zu den Genomen der wilden Vorfahren deutlich verändert (Vaughan et al. 2007). In vielen Fällen haben unsere Vorfahren sehr seltene Mutanten aus den ursprünglichen Kulturen gefunden und diese zur weiteren Selektion verwendet. Viele unserer Nutzpflanzen haben doppelt so viele, viermal so viele, achtmal so viele (oder noch mehr) Chromosomen als die ursprüngliche wilde Variante. Zum Beispiel sind wilde Erdbeeren, wie der Mensch, diploid, aber unsere kultivierte Erdbeere ist oktaploid (acht Kopien pro Chromosom). Es wird angenommen, dass diese extreme Vermehrung in vielen Fällen dafür verantwortlich ist, dass die Frucht der angebauten Erdbeere so viel größer ist als die der Walderdbeere (Salman-Minkov et al. 2016)⁴.

⁴ Obwohl Ploidie eine Rolle bei der Fruchtgröße vieler Kulturen spielt, ist zu beachten, dass dies nicht bei allen Kulturen der Fall ist. Manche Tomatensorten haben Früchte, die hundertmal größer sind als Wildtomaten oder andere Sorten, aber diese

2.2 Kreuzung

Eine zweite Art der Zucht ist die selektive Kreuzung bestimmter Pflanzen. Sie kombiniert die Eigenschaften von zwei Mutterpflanzen. Die männlichen Staubblätter bilden Pollen und dieser Pollen befruchtet den weiblichen Stempel, so dass der Nachwuchs einen Teil der Eigenschaften der Mutter und einen Teil des Vaters erhält. Der Botaniker Gregor Mendel beschrieb dieses Phänomen im Jahr 1866 ausführlich⁵. Bohnenpflanzen bestäuben sich normalerweise selbst, aber nachdem Mendel die Bohnen im Klostergarten kreuzbestäubt hatte, sah er, dass sich die unterschiedlichen Eigenschaften der beiden Eltern bei den Nachkommen auf unterschiedliche Weise wiederfanden. Einige dieser Nachkommen hatten die Eigenschaften von dem einen und andere vom anderen Teil des Elternpaares.

Die Züchter erkannten bald, dass eine ausgewählte Pflanze eine unerwünschte Eigenschaft verlieren konnte, wenn die ausgewählte Pflanze mit einer Pflanze, die (noch) nicht die unerwünschte Eigenschaft hatte, zurückgekreuzt wurde. Der Nachteil der Rückkreuzung ist jedoch, dass nicht nur dieses eine Merkmal, sondern auch andere Eigenschaften gekreuzt werden. Je nach Ausgangsmaterial kann die Rückkreuzung beispielsweise dazu führen, dass mehr und nicht weniger ungünstige Eigenschaften in die neue Kultur gelangen. In vielen Fällen dauert das Rückkreuzen und Erhalten aller gewünschten Eigenschaften mehrere Generationen.

Ein schönes Beispiel für solche Kreuzungen ist die Arbeit von William Black und Kollegen. In der Wildkartoffelsorte *Solanum demissum* fanden sie elf verschiedene Resistenzen gegen elf verschiedene *Phytophthora-infestans*-Sorten. Jede Resistenz wurde wahrscheinlich durch ein bestimmtes Gen verursacht. Durch eine Reihe von Rückkreuzungen in den 1950er und 1960er Jahren wurde jede der Resistenzen in eine Kartoffelsorte einzeln eingekreuzt, jedes Mal eine Resistenzeigenschaft in einer Sorte. Das Ergebnis war eine Linie mit elf unterschiedlich resistenten Pflanzen (Black et al. 1953; Malcolmson und Black 1966). Allerdings war es noch nicht möglich, genau zu sagen, welche Gene den Resistenzen zugrunde lagen.

Sorten sind trotzdem diploid. Hier sind wahrscheinlich einige „entlaufene“ Gene für die Fruchtgröße verantwortlich (Cong et al. 2008).

⁵ Eine elegante Zusammenfassung von Mendels Experimenten findet man in dem Buch „An Introduction to Genetic Analysis“ (Griffiths et al. 2000).

2.3 Hybridisierung

Die Hybridisierung ist eine spezielle Kreuzungsform, die um 1760 von Joseph Kölreuter (Kölreuter 1761) beschrieben wurde. Bei der Hybridisierung werden zwei Pflanzen zwangsweise gekreuzt, die sich normalerweise nicht oder nicht sehr oft kreuzen würden. Dies kann mit verschiedenen Sorten, aber auch mit genetisch unterschiedlichen Pflanzen derselben Sorte geschehen. In vielen Fällen bringt eine Hybridkreuzung nicht viel. Die Nachkommen sind oft unfruchtbar und unterscheiden sich nicht sehr von den Eltern, aber in einigen Fällen entsteht eine Pflanze, die für den Landwirt einen großen Vorteil hat. Das bekannteste Beispiel ist Hybridmais. Unter bestimmten Umständen liefert Hybridmais fast doppelt so viel Ertrag (Ayinde et al. 2011). Hybridmaispflanzen haben allerdings nur sterile Samen und müssen jedes Jahr neu gekauft werden. Da die meisten Landwirte ihr Saatgut heutzutage sowieso jedes Jahr neu kaufen und nicht selbst vermehren, hat die Verwendung von Hybridsaatgut trotzdem einen großen finanziellen Vorteil.⁶

3. Neue Zuchtmethoden

3.1 Mutationszüchtung

Wie ich bereits erwähnt habe, werden während des Züchtungsprozesses Pflanzen selektiert, die sich von den Eltern unterscheiden, weil sie bestimmte Mutationen aufweisen. Diese Mutationen treten spontan auf, sind aber unter bestimmten Stressfaktoren wie z.B. intensiver Sonneneinstrahlung (UV) häufiger. In den 1920er Jahren wurde entdeckt, dass Röntgen- oder Gammastrahlen die Anzahl der Mutanten im Nachwuchs erhöhen. Je mehr Strahlung, desto mehr Mutanten. Bei der richtigen Dosis sind die Samen nach der Behandlung noch lebensfähig und die Nachkommen ähneln den Eltern, dennoch haben sie einige neue Eigenschaften. In den 50er und 60er Jahren des 20. Jh.s wurden in fast allen europäischen Ländern sowie in einigen asiatischen Ländern Laboratorien mit dieser Technik eingerichtet. Es wurden Hunderttausende von Samen bestrahlt und

⁶ Die Hybridisierung ist nicht auf Pflanzen beschränkt. Ein tierisches Äquivalent zu einem Hybrid ist zum Beispiel das Maultier. Hier ist die Mutter ein Pferd und der Vater ein Esel.

die Keimlinge analysiert. Wenn diese eine neue, nützliche Eigenschaft hatten, wurden sie weiterverwendet oder in klassischen Zuchtprogrammen rückgekreuzt. Beispiele für Eigenschaften, die durch diese Art von Strahlenexperimenten gefunden wurden, reichen von kürzeren und festeren Stängeln in verschiedenen Getreidesorten über den Verlust von Samen bei japanischen Apfelsorten bis hin zu Krankheitsresistenzen bei Kichererbsen. Mehr als 2500 Strahlungsmutanten wurden weltweit registriert und zugelassen (Ahloowalia et al. 2004). Für einige dieser Mutanten ist inzwischen genau bekannt, welche Gene mutiert sind. Bei den meisten dieser Sorten, einschließlich einiger, die seit den 1950er Jahren weit verbreitet sind, wissen wir jedoch nicht, welche Mutationen die neuen Eigenschaften verursacht haben, dennoch werden sie von Millionen von Menschen gegessen oder getrunken.⁷

3.2 Genetische Modifikation

In den letzten drei Jahrzehnten des 20. Jh.s ist unser Wissen über die DNA und insbesondere ihre Analyse enorm gewachsen. Mit der Entdeckung der DNA-Sequenzierungstechnik in den späten 70er Jahren ist es uns gelungen, den genauen genetischen Code eines Gens zu beschreiben. Seitdem wurden auch verschiedene Methoden zur Isolierung und Multiplikation von DNA entwickelt. Durch die Kombination dieser Methoden können wir seit den 90er Jahren ein Gen aus einem Organismus mit sogenannten Restriktionsenzymen isolieren, um es anschließend zu sequenzieren. So wissen wir genau, um welches Gen es sich handelt. Um GVOs herzustellen, in unserem Fall Pflanzen, wird das Gen in bestimmte Vektoren eingebracht und diese anschließend in eine Pflanze. Das kann direkt geschehen, zum Beispiel mit einer Art Pistole, die kleine, mit DNA beschichtete Partikel in eine Zelle schießt, oder indirekt mit einem Bakterium, das die DNA einbringt. Dieses Bakterium, *Agrobacterium tumefaciens*, hat einen natürlichen Mechanismus, durch den es während der Infektion einer Pflanze einen Teil seiner eigenen DNA auf die Pflanze überträgt. Dieses Stück DNA, das T-Plasmid genannt wird, enthält einige Gene. Die Pflanze

⁷ Vor allem bei Gerste und Weizen sind bereits viele Mutanten registriert, am bekanntesten ist wohl die Gerste Golden Promise, die seit Jahrzehnten die Grundlage für hochwertige Whiskys und Bier ist (Ohnoutkova 2019).

nimmt das T-Plasmid auf und die Gene integrieren in die DNA der Pflanze. Ab diesem Moment funktionieren die Gene, als wären es Gene der Pflanze selbst. Die Gene, die *A. tumefaciens* in die Pflanze einbringt, sind mit der Produktion von Zucker verbunden. Das Bakterium nutzt daher die Pflanze für seine Nahrungsmittelproduktion. Im Falle einer erfolgreichen Infektion mit Agrobakterien produziert die Pflanze so viel Nahrung für die Bakterien, dass sich dies in der Bildung großer Gallen auf den Pflanzen manifestiert.

Wissenschaftler haben Agrobakterium-Varianten mit einem angepassten T-Plasmid hergestellt. Wie bei der natürlichen Agrobakterium-Infektion wird die DNA in die Pflanzen-DNA integriert. Die Zellen werden durch das Agrobakterium „transformiert“, wobei nur die Zellen transformiert werden, mit denen es in Kontakt kommt. Wenn es sich also um Pollen- oder frühe pflanzliche Embryonenzellen handelt, kann das Gen an die nächsten Generationen weitergegeben werden.

3.3 Genomeditierung

Die neuesten Methoden sind sogenannte Genom-Editierungsmethoden. Die bekannteste Variante verwendet zwei Enzyme aus Bakterien: CRISPR und Cas9. Diese Enzyme sind ursprünglich ein bakterieller Abwehrmechanismus gegen Viren. Beide Enzyme zusammen können die natürlichen Reparaturmechanismen der Zelle nutzen, um bewusst einen kleinen Fehler einzuführen. Das Enzym CRISPR verfügt über eine Reihe von sogenannten Spacern. In den Bakterien stammten die Spacer aus der DNA eines angreifenden Virus. Es handelt sich um einen Prozess, der dem menschlichen Immunsystem ähnlich ist. Im Falle einer Infektion bilden Menschen Antikörper, die bei einer zweiten Infektion sofort bereit sind, den Erreger unschädlich zu machen. Wenn die Pflanze eine erste Infektion überlebt, werden die Spacer in das CRISPR-Gen eingesetzt. Bei einem zweiten Angriff werden die Spacer kopiert und zusammen mit einer anderen RNA führen sie das zweite Enzym, Cas9, zu der spezifischen DNA-Sequenz im Virus, um es unschädlich zu machen. Der Komplex bindet das Cas9-Enzym und zerschneidet die Virus-DNA in zwei Hälften (Doudna und Charpentier 2014). Viren sind grob gesagt nicht viel mehr als ein Stück DNA (oder RNA) mit einer dünnen Schicht um sie herum. Indem

die DNA in Stücke geschnitten wird, tötet das Bakterium den Virus und schützt sich selbst.

Durch die Änderung der Spacer kann man die Stelle, an der der Komplex die DNA bindet, verändern und so gezielt Gene schneiden. Eine solche Schnittstelle kann auch in der Natur z.B. durch UV-Strahlung verursacht werden und jede Pflanzenzelle verfügt über Reparaturmechanismen, um die durchgeschnittene DNA zu reparieren. Häufig kommt es jedoch vor, dass bei dieser Reparatur ein kleiner Fehler auftritt und sich ein bestimmter Buchstabe des DNA-Alphabets ändert. Genom-Editierungsmethoden nutzen solche Fehler bewusst, um mit dieser absichtlichen Mutation ein Gen zu deaktivieren.⁸

Die Resistenz in Pflanzen ist komplex und heute sind viele Resistenzgene bekannt. Wenn eine Pflanze ein bestimmtes Gen hat, ist sie gegen eine bestimmte Krankheit resistent (vgl. die beschriebenen elf Resistenzen von Black und Kollegen). Es gibt aber auch Gene, die als Anfälligkeitsfaktor fungieren. Hat eine Pflanze ein solches Anfälligkeitsgen, dann wird sie anfälliger statt resistenter. Ein bekanntes Beispiel dafür ist das MLO-Gen. Gerste und eine große Anzahl anderer Pflanzen können nur dann mit Mehltau infiziert werden, wenn sie das MLO-Gen enthalten. Pflanzen ohne MLO sind resistent. Mit CRISPR/Cas9 ist es relativ einfach, solche Anfälligkeitsfaktoren zu eliminieren und damit die Pflanze resistent gegen den Erreger zu machen.

4. Moderne Techniken in einem breiteren Kontext

4.1 Verwendung von GVOs (die bekanntesten Beispiele)

Bekannte Beispiele für genetische Modifikation sind das Bt-Toxin-Gen „Cry“ und die 5-Enolpyruvylshikimate-3-phosphat synthase (EPSPS). Das Bt-Toxin-Gen „Cry“ wurde in den letzten Jahrzehnten regelmäßig in

⁸ Die neuesten Entwicklungen in der CRISPR/Cas9-Technologie gehen hier einen Schritt weiter. Mit angepassten Enzymen kann man nun nicht nur ein Gen zerstören und von der Zelle selbst reparieren lassen, sondern auch bestimmen, wie die DNA repariert wird. Auf diese Weise kommt die CRISPR/Cas9-Editierung der agrobakteriellen Transformation näher – mit einem wichtigen Unterschied: in CRISPR/Cas9 weiß man genau, wo das Gen eingebaut wird.

transgene Baumwolle und Auberginen eingeführt wurde⁹, um die Pflanzen resistent gegen Insektenbefall zu machen. EPSPS wird viel häufiger verwendet als das Cry-Gen und in Kulturen wie Mais und Ölraps eingeführt, um die Pflanzen resistent gegen das bekannte Herbizid Glyphosat zu machen. Die Liste der glyphosatresistenten oder sogenannten „Roundup ready“-Pflanzen umfasst hauptsächlich Mais- und Sojasorten, aber auch Zuckerrüben, Raps, Baumwolle und Alfalfa.

Für eine gute Ernte ist es wichtig, dass zwischen den Ackerpflanzen wenig Unkraut wächst. Roundup-Ready-Pflanzen reduzieren den Bedarf an mechanischer Unkrautbekämpfung auf einem Feld. Dass herbizidtolerante Pflanzen unnatürlich sind, ist nicht zu leugnen. Die Auswirkungen sind jedoch nicht nur negativ. Durch das Sprühen von Glyphosat reduziert der Landwirt den Bedarf an mechanischem Jäten und reduziert so die Kosten für die Feldarbeit mit einem Traktor oder das manuelle Jäten. Außerdem wird der Boden nicht gepflügt und somit weniger CO₂ freigesetzt.

Bt-Toxine sind natürliche Proteine, die durch das Cry-Gen des Bakteriums *Bacillus thuringiensis* produziert werden. Die Toxine binden sich spezifisch an Rezeptoren im Verdauungstrakt der Larven bestimmter Insekten¹⁰. Dadurch kann die Larve keine Nahrung mehr aufnehmen und stirbt. *B. thuringiensis* ist ein Bodenbakterium und profitiert von einer guten Interaktion mit der Pflanze. Dafür schützt das Gift des Bakteriums die Pflanze gegen die Larven. Menschen, Vögel sowie viele andere Insekten und Tiere haben eine andere Struktur ihres Verdauungstraktes und das Protein ist daher für sie ungiftig („Bacillus Thuringiensis (Bt) General Fact Sheet“). Bt-Toxine werden hauptsächlich gegen schädliche Larven bei Kartoffeln, Mais (Vereinigte Staaten), Baumwolle und Auberginen (Asien) eingesetzt. Die Verwendung von Bt-Toxinen ist nicht neu und erfolgt bereits seit 1920, lange vor der Einführung von GVOs. Sie können aus den Bakterien extrahiert werden oder tote Bakterien können auf die Pflanzen gesprüht werden. Da es sich um ein Naturprodukt handelt, wird es sowohl im konventionellen als auch im biologischen Landbau

⁹ Weltweit stammen wahrscheinlich mehr als 70% der gesamten Baumwolle aus transgenen Bt-Pflanzen. In Indien stammen 89% der Baumwollproduktion aus transgenen Pflanzen (Jha 2018).

¹⁰ Jedes Cry-Toxin hat eine bestimmte Aktivität, zum Beispiel tötet Cry1 nur Larven von Schmetterlingen und Motten, Cry3A nur bestimmte Käfer.

eingesetzt. Durch das Sprühen erreicht man das gleiche Ergebnis wie bei GVO-Nutzung, aber mit mehr Arbeit und höheren Kosten für den Landwirt. Die Toxine müssen separat gekauft und freigesetzt werden und schaden auch Larven, die sich nur in der Nähe der Pflanzen befinden.

Beide Beispiele (EPSPS-Gen und Cry-Gen) sind nicht unproblematisch. Sowohl bei der Einführung eines EPSPS-Gens als auch eines Cry-Gens wird ein völlig fremdes Stück DNA in die Pflanze eingebracht, das als unnatürlich bezeichnet werden kann.¹¹ Darüber hinaus ist der Einsatz von Glyphosat (der eng mit dem Einsatz von Roundup Ready Crops verbunden ist) politisch umstritten, weil Glyphosat nicht nur Unkraut tötet. Bt-Toxine sind manchmal recht spezifisch, aber auch bei GVOs können unerwünschte Wirkungen auftreten. Die Larven einiger als nicht oder weniger schädlich bezeichneter Insekten, die eng mit den schädlichen Arten verwandt sind, können auch von der tödlichen Wirkung betroffen sein.

Genetische Modifikation kann aber auch auf natürlichere Weise angewendet werden. Wenn wir auf die obige Beschreibung der klassischen Züchtung zurückblicken, sehen wir, dass die Züchtung oft ein Prozess ist, bei dem zwei Sorten einer bestimmten Art gekreuzt werden. In den meisten Fällen ist überhaupt nicht bekannt, welche Gene vererbt werden, obwohl als Endergebnis alle gewünschten Eigenschaften im Nachwuchs vorhanden sind.

Sobald wir wissen, welche Gene eine Pflanze krankheitsresistent machen, können wir den Kreuzungsprozess beschleunigen. Wir können dann die oben genannte Methode zur genetischen Modifikation anwenden.

¹¹ Vielleicht ist diese „sogenannte“ Unnatürlichkeit aber gar nicht so unnatürlich, wie auf den ersten Blick angenommen wurde. Ein Bt-Gen kann nicht sehr schnell spontan in eine andere Pflanze eingebracht werden, aber es ist seit langem bekannt, dass Agrobakterium-t-Plasmide und ihre Varianten in die DNA verschiedener Kulturen integriert wurden (Chen und Otten 2017). Bei der Analyse des Süßkartoffelgenoms (*Ipomoea batata*) wurden vier Gene gefunden, von denen nicht nur festgestellt wurde, dass sie von Agrobakterien eingeführt wurden, sondern auch, dass sie eine wichtige Rolle bei der Entwicklung der Süßkartoffel als Kulturpflanze spielten. Die Wildvarianten haben diese Gene nicht (Kyndt et al. 2015). Seitdem wurden solche t-DNA-Integrationen auch in einem Dutzend anderer Kulturen etabliert (Matveeva und Otten 2019). So kann es sein, dass die Pflanze durch Zufall mit diesem Bakterium infiziert wurde und somit einen Vorteil zum Überleben hatte. Die Natur selbst stellt GVOs her.

Dies kann mit Resistenzgenen einer nicht verwandten Spezies geschehen, aber in vielen Fällen sind Resistenzgene in einer eng verwandten Spezies zu finden. Zum Beispiel ein wilder Vorfahre einer Landrasse oder einer Rasse aus einem anderen Land oder Kontinent. Schouten et al. (2006) beschreiben diese Form der Veränderung als Cisgenese¹². Die Cisgenese ist im Prinzip das Gleiche wie die Transgenese, aber sie beschränkt sich auf Arten, die sich natürlich auch kreuzen lassen würden. Black und Kollegen haben insgesamt mehr als 15 Jahre gebraucht, um ihre Kartoffeln zu kreuzen. Mit Hilfe der genetischen Modifikation hätten sie in kürzester Zeit in jede Kartoffelsorte die gleichen elf Resistenzgene in jeder Kombination einbringen können.

Noch größere Zeiteinsparungen werden natürlich bei Kulturen erzielt, bei denen die Erzeugungszeit viel länger ist. Denken Sie an Apfelbäume oder Avocados, die unter den richtigen Bedingungen erst nach mehreren Jahren Früchte produzieren. Dann rechnen Sie mit vier Rückkreuzungen und es dauert mehr als 15 Jahre, bis die gewünschten Eigenschaften erreicht sind. Bei Olivenbäumen, die erst nach fünf oder sechs Jahren Früchte tragen, dauert es 20, wenn nicht 30 Jahre. Mit Hilfe der genetischen Modifikation können Resistenzgene aus natürlich resistenten Wildapfel-, Avocado- oder Olivenbäumen direkt in die gewünschten Sorten eingebracht werden.

4.2 Erfolgreiche GVO-Projekte

Inzwischen gibt es eine Vielzahl von Projekten, in denen Resistenzgene erfolgreich in Kulturpflanzen eingeführt wurden. In einem großen Resistenzzuchtprogramm an der Universität Wageningen wurden mehrere Resistenzgene der Linie von Black und Kollegen identifiziert und isoliert. Die Gene wurden dann einzeln, paarweise oder zu dritt in zuvor anfällige Kartoffelsorten eingebracht. Die Idee dahinter ist, dass mehrere Resistenzgene in einer Pflanze es dem Erreger erschweren, die Resistenz zu durchbrechen. Die Ergebnisse sprechen für sich. Ohne Behandlung sind die anfälligen Pflanzen vollständig verfault, während die transgenen Pflanzen die Wachstumsaison überlebt haben (Haverkort et al. 2016).

¹² Cis ist lateinisch für „auf dieser Seite“ und damit das klare Gegenteil von trans „auf der anderen Seite“.

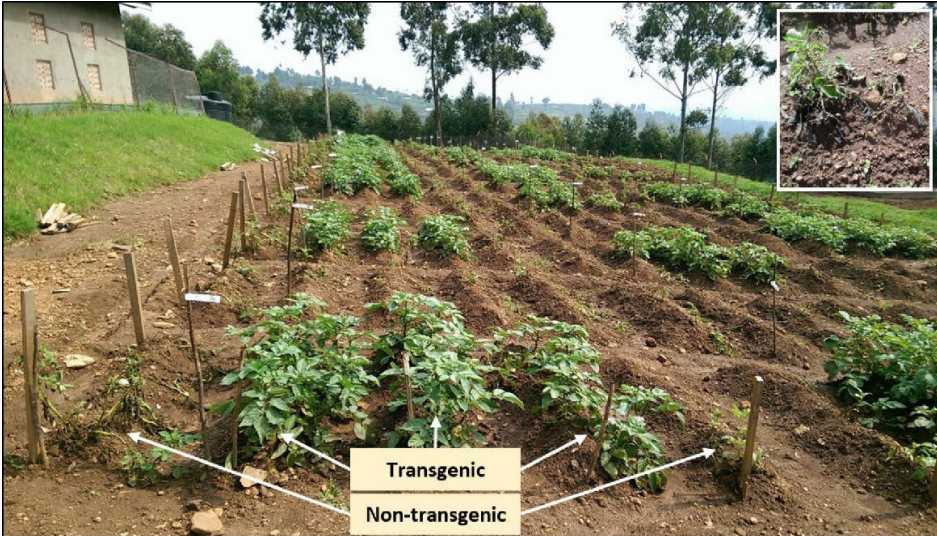
Ein ähnliches Programm wurde unter anderem vom internationalen Kartoffelzentrum in Lima, Peru, ausgeführt, dessen Hauptziel es ist, Kartoffeln und andere Knollengewächse für Länder zu verbessern, in denen es keine Möglichkeiten gibt, Fungizide zu spritzen (beispielsweise in Afrika oder Südamerika). Auch in diesem Programm lieferten Feldversuche in Peru und Kenia, diesmal mit Resistenzgenen anderer Wildkartoffelarten (*Solanum bulbocastanum* und *S. venturii*), sehr gute Ergebnisse in Bezug auf Resistenz (Abb. 2, Ghislain et al. 2019).¹³ Die Einführung von Resistenzgenen könnte den Einsatz von Fungiziden letztlich völlig unnötig machen. Kartoffeln werden heute sogar im biologischen Landbau wöchentlich oder zweimal pro Woche besprüht,¹⁴ um Kartoffelkrankheiten vorzubeugen.

Ein weiteres Beispiel, bei dem die genetische Veränderung der Pflanzen wahrscheinlich die einzige Lösung ist, ist die Banane. Die Bananen, die wir heute in der Regel essen, enthalten keine Samen. Deshalb werden Neupflanzen immer als Stecklinge aus einer Mutterpflanze gezogen. Das bedeutet, dass alle Bananen in jedem Supermarkt oder anderswo genetisch fast identisch sind. Die am häufigsten gepflanzte Bananensorte der Welt heißt Cavendish. In den 1950er Jahren ersetzte diese Sorte die bisher wichtigste Sorte Gros Michel. Gros Michel war größer und süßer, aber anfällig für den Pilz *Fusarium oxysporum f. sp. cubense*, welcher innerhalb weniger Jahre alle Gros-Michel-Bananen vernichtete. Cavendish war eine der wenigen Sorten mit genetischer Resistenz gegen den Pilz.

¹³ Kritischer Hinweis: Es ist bekannt, dass sich Krankheitserreger im Laufe der Zeit evolvieren, um Resistenzgene zu durchbrechen. Das Einbringen von nur einem oder zwei Genen in eine Pflanze könnte demzufolge nur für kurze Zeit helfen. Die ursprünglichen Resistenzen in den Linien von Black und Kollegen waren auch innerhalb weniger Jahre durchbrochen. Man sollte daher sorgfältig über die Kombinationen von Resistenzgenen nachdenken, die eingeführt werden, und sich nicht blind auf eine einzige genetische Resistenz verlassen (siehe auch Stam und McDonald 2018). Wenn schnell neue Resistenzen benötigt werden, ist die Gentechnik immer schneller als die klassische Zucht.

¹⁴ Zulässige Schutzmittel im ökologischen Kartoffelanbau sind vor allem hochgiftige, aber natürlich vorkommende Kupferverbindungen. Eisen- oder Schwefelverbindungen werden häufig in anderen Kulturen verwendet. Eine vollständige Liste der in Deutschland zugelassenen Mittel, die auch verschiedene Bt-Varianten enthält, ist auf der Website des Bundesamtes für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit zu finden: https://www.bvl.bund.de/SharedDocs/Downloads/04_Pflanzenschutzmittel/psm_oekoliste-DE.pdf

Abbildung 2. Bild eines Feldversuchs in Kenia,
60 Tage nach der Pflanzung



Anmerkungen: Mit einer Nahaufnahme der nicht transgenen, stark mit *Phytophthora* infizierten „Victoria“-Pflanzen. Nur die transgenen Pflanzen sind nicht von Kartoffelfäule befallen.

Quelle: Ghislain et al. 2019

Cavendish ist jedoch nicht resistent gegen einen bestimmten Stamm des Fusariumpilzes, TR4. Dieser Stamm wurde in den 1960er und 1970er Jahren in Asien gefunden, stellte aber nie eine ernsthafte Bedrohung für die Bananenproduktion dar. Anfang dieses Jahres hat man den Stamm in Kolumbien gefunden. Es scheint jetzt nur noch eine Frage der Zeit zu sein, bis sich die Krankheit auf die großen Bananen exportierenden Regionen Mittelamerikas ausbreitet. Das derzeitige Modell der Bananenproduktion ist nicht auf den Einsatz von Fungiziden ausgerichtet. Tatsächlich wirken Fungizide oder Bodenbehandlungen nicht gegen TR4. Natürlich resistente Cavendish gibt es nicht, aber mit GVO-Techniken wurde das Resistenzgen RGA2 aus einer Wildbanane verwendet, um genetisch resistente Cavendish-Bananen herzustellen, die die Krankheit auf Versuchsfeldern seit mehreren Jahren überlebt haben (Dale et al. 2017).

Die genetische Modifikation kann auch für Pflanzenarten eine Lösung sein, bei denen das Einkreuzen der Resistenz normalerweise sehr lange dauert. Apfelschorf (*Venturia inaequalis*) ist eine weltweit verbreitete

Krankheit, bei der Äpfel schwarze Flecken bekommen oder sogar kleiner bleiben. Da fleckige Äpfel für den Verbraucher nicht attraktiv sind, werden fast überall im biologischen und konventionellen Landbau vorsorglich Schwefellösungen (bio) oder andere Fungizide (konventionell) versprüht. Einige Wildapfelsorten sind genetisch resistent. Ein Gen, von dem bekannt ist, dass es zur Resistenz führt, ist das Vf-Gen der Wildart *Malus floribunda*. Durch eine Reihe von Rückkreuzungen konnte man dieses Gen in die klassisch gezüchtete Sorte Santana kreuzen. Die ersten Kreuzungsexperimente mit *M. floribunda* begannen 1914 an der University of Illinois und es dauerte über 20 Jahre, bis die ersten resistenten Sorten auf den Versuchsfeldern gepflanzt wurden. Im Labor wurde mit Hilfe der GVO-Technologie innerhalb von fünf Jahren ein Santana-Apfel mit dem Vf-Gen (Joshi et al. 2011) rekonstruiert. Apfelschorf ist eine Krankheit, die, wenn sie unbehandelt bleibt, erhebliche wirtschaftliche Folgen hat. Eine klassische Behandlung mit Pflanzenschutzmitteln ist allerdings auch heute noch möglich. Sowohl Schwefeloxid als auch einige Chemikalien gegen *Venturia* sind weltweit zugelassen.

4.3 Beispiele der Genomeditierung

Wenn man auf unser Beispiel des MLO-Gens (MLO = Mildew Resistance Locus O) zurückblickt, ist sehr leicht zu sehen, wie die Genomeditierung eine resistentere Pflanze erzeugen kann. Die ursprünglichen MLO-Mutanten in Gerste wurden zufällig gefunden, aber das MLO-Gen kann auch in anderen Kulturen gefunden werden. Durch die Abschaltung von MLO ist es gelungen, resistente Tomaten im Labor herzustellen (Nekrasov et al. 2017).

Neben MLO sind eine große Anzahl weiterer Anfälligkeitse Gene bekannt. Einer der wichtigsten Krankheitserreger in Reis ist das Bakterium *Xanthomonas oryzae*. Um Nahrung zu erhalten, stellt das Bakterium bestimmte Effektormoleküle her, die die Regulierung der Zuckertransporter der Reis pflanze beeinflussen. Auf diese Weise wird der Zucker direkt für das Bakterium und nicht für die Pflanze verfügbar. Die Zuckertransporter sind daher Anfälligkeitse Faktoren. Durch die Untersuchung der Effektormoleküle konnten Wissenschaftler feststellen, wo sie das Reisgenom bearbeiten können, damit die Bakterien die Zuckertransporter nicht mehr für sich arbeiten lassen können und die Pflanze sie wieder selbst nutzen kann.

Durch die gleichzeitige Editierung mehrerer Regionen im Genom haben diese Wissenschaftler drei verschiedene Reissorten gegen eine große Anzahl von *X.-oryzae*-Stämmen resistent machen können (Oliva et al. 2019).

4.4 Gentechnik und Regulierung

Ein häufiges Argument gegen transgene Pflanzen ist, dass die langfristigen Aspekte unbekannt sind. GVO-Kulturen werden jedoch seit über 25 Jahren angebaut und täglich von Mensch und Tier verzehrt. Hunderte von Fallstudien und spezifischen Studien sind in der wissenschaftlichen Literatur veröffentlicht worden. Die meisten davon wurden an Universitäten oder staatlichen Einrichtungen durchgeführt. In der National Academies of Sciences, Engineering and Medicine wurde im Jahr 2016 eine Metastudie all dieser Artikel veröffentlicht (National Academies of Sciences, Engineering, and Medicine 2016), dort kommen die Autoren zu dem Schluss:

„While recognizing the inherent difficulty of detecting subtle or long-term effects in health or the environment, the study committee found no substantiated evidence of a difference in risks to human health between currently commercialized genetically engineered (GE) crops and conventionally bred crops, nor did it find conclusive cause-and-effect evidence of environmental problems from the GE crops.“

Das überrascht nicht, denn diese neuen Methoden überlassen noch weniger dem Zufall als die anderen Methoden. Bei transgenen Pflanzen und Genomeditierung weiß man genau, welches Gen eingesetzt oder mutiert wird. Es wird nur die gewünschte Mutation vorgenommen. Die wenigen Publikationen zu diesem Thema, die schädliche Wirkungen „nachweisen“, wurden alle für ungültig erklärt und zu einem sehr großen Teil aus der Literatur entfernt.¹⁵ Die Wissenschaft ist sich einig, dass Pflanzen mit durch Menschen modifizierter DNA an sich nicht schädlicher sind als

¹⁵ Die am häufigsten zitierte Arbeit stammt von dem französischen Wissenschaftler G.-E. Seralini. Er behauptete, dass Mäuse durch Roundup-ready-Maiskonsum Krebs bekommen würden. Diese Arbeit wurde von der Zeitschrift aufgrund von Problemen sowohl mit dem experimentellen Design als auch mit der Ausarbeitung der Analyse zurückgezogen. Die Schlussfolgerungen wurden für ungültig erklärt (Seralini et al. 2012).

Pflanzen mit spontanen Mutationen. Das Vorsorgeprinzip ist aus meiner Sicht eine gute Sache. Aber wie lässt sich nachweisen, dass etwas langfristig keine schädlichen Auswirkungen hat? Ist die Tatsache, dass die Gene seit Jahrtausenden in Kreuzungen und schon in anderen Kulturpflanzen verwendet werden, nicht ausreichend? Im Falle von GVOs kann gezeigt werden, dass die Gene, die das neu eingeführte Gen umgeben, nicht gestört werden und dass die allgemeinen Eigenschaften der Pflanze immer noch die gleichen sind. Bei Geneditierung kann die genaue Mutation bestimmt werden. Dazu lassen sich bei Geneditierung die Mutationen nicht einmal von natürlichen Mutationen unterscheiden. Wissenschaftlich ist es nicht möglich, nachträglich festzustellen, ob eine Pflanze durch Mensch oder Natur verändert wurde.

Eine Gruppe europäischer Wissenschaftler, die insgesamt mehr als hundert wissenschaftliche Organisationen repräsentiert, hat daher im Juli 2019 ein Schreiben an die Europäische Union gerichtet, in dem sie sich für eine Änderung des europäischen Rechts aussprachen. Pflanzen, die durch Genomeditierung entstanden sind, sollten nicht als GVOs angesehen werden, sondern auf die gleiche Weise getestet werden wie Pflanzen, die durch Kreuzung und Bestrahlung gewonnen wurden. Dazu plädieren viele von ihnen zusammen mit einer Reihe von Interessengruppen in der Landwirtschaft für eine Lockerung der GVO-Gesetzgebung im Allgemeinen – darunter auch CGIAR, die Dachorganisation von Dutzenden von gemeinnützigen Forschungseinrichtungen, die sich mit Lebensmittelsicherheit vor allem in Entwicklungsländern befassen.

Auch hier geht es nicht so sehr um eine allgemeine Zulassung von GVOs, sondern um eine Bewertung des Ergebnisses. Wenn die Pflanzen für Mensch und Tier nicht gefährlich sind und die Anwendung nicht umweltschädlich ist, sollte es keinen Grund geben, sie zu verbieten oder ein mehrjähriges rechtliches Zulassungsverfahren einzuleiten, wie es heute in Europa und vielen afrikanischen Ländern der Fall ist.¹⁶

¹⁶ Es ist nicht so, dass GVOs per Definition in anderen Ländern zugelassen sind. Diese Zulassungsverfahren dauern in Europa aufgrund des wesentlich komplexeren Rechtsrahmens im Durchschnitt aber länger als in den USA und könnten drastisch verkürzt werden, wenn man sich auf das Endergebnis konzentriert. Wegen des Imports/Exports haben sich die afrikanischen Länder oft an die europäischen Richtlinien gehalten. In Lateinamerika folgte man häufiger dem Beispiel der Vereinigten Staaten. Dies beginnt sich nun jedoch zu ändern, in Afrika werden die Vorteile von krankheitsresistenten Pflanzen erkannt und neue nationale Programme entwickelt.

Die derzeitige Regulierung von GVOs ist komplex und die Registrierung dauert oft Jahre. Genau davon profitieren die Saatgiganten. Nur sie verfügen über das Know-how und die Ressourcen zur Registrierung von GVO-Saatgut. Darüber hinaus haben die möglichen ökologischen Nachteile der derzeitigen, für den „Roundup-ready“ vorgesehenen GVO-Kulturen nichts mit der GVO-Technologie selbst zu tun, sie lassen sich eher auf die Kommerzialisierung von Landwirtschaft und die Erweiterung der Monokulturen zurückführen. Lizenziertes Hybridsaatgut gibt es auch für viele nicht modifizierte Pflanzen und Glyphosat wird nicht alleine bei GVO-Gewächsen eingesetzt. Die Beispiele, die ich in diesem Artikel genannt habe, weisen alle in eine andere Richtung: Alle Resistenzzüchtungsprogramme, die ich in diesem Artikel besprochen habe, wurden gemeinfrei durchgeführt und stellen somit nicht-lizenzierte Pflanzen zur Verfügung. So können sie von jedermann genutzt werden. Indem sie sich auf nachhaltige genetische Resistenzen konzentrieren, konzentrieren sie sich sogar gezielt auf die Reduzierung des Einsatzes von Fungiziden und damit auf die Erreichung von Umweltvorteilen, etwas, das heutzutage immer wichtiger wird.

4.5 Gentechnik für eine nachhaltige Landwirtschaft

An anderer Stelle in diesem Band finden wir mehrere Beispiele für fortschrittliche technologische Anwendungen, die zu einer nachhaltigeren Gesellschaft beitragen können. So zeigt Hartard im vorliegenden Buch beispielhaft auf, wie technologische Lösungen zum Naturschutz beitragen können, und der Beitrag von Gregor Lang beschäftigt sich damit, wie die genetische Veränderung von Mikroorganismen eine nachhaltige Lösung in medizinischen und sogar industriellen Anwendungen sein kann. Ich glaube, dass in naher Zukunft auch GVO-Kulturen so in unser System integriert werden müssen, dass wir eine nachhaltige Landwirtschaft (weiter) betreiben können.

Die Einschleppung von Kartoffelfäule in Irland hatte 1845 dramatische Folgen für Europa. Eine Katastrophe, die so viele Menschenleben fordert, wird sich wahrscheinlich nicht wiederholen, aber wir leben jetzt in einer Welt, in der viel mehr Menschen reisen und neue und unbekannte Krankheitserreger oder neue Stämme innerhalb eines Tages von einem Kontinent zum anderen verschleppen, mit allen damit verbundenen Fol-

gen. *M. oryzae* könnte bald von Bangladesch in die Nachbarländer eingeschleppt werden und sich damit auf das tägliche Leben vieler Millionen Menschen auswirken. Genomeditierung hat bereits Reissorten hervorgebracht, die resistenter gegen *M. oryzae* sind (Wang et al. 2016). Mit den gleichen Methoden können auch resistenter Weizenpflanzen hergestellt werden. Die Regierung von Bangladesch lässt jedoch nur sehr begrenzt GVOs zu. Wenn TR4 nach Honduras und Ecuador gelangt, den größten Bananenexporteuren der Welt, wird es für viele Landwirte eine finanzielle Katastrophe sein. Das Schlimmste ist, dass das TR4-Problem tatsächlich bereits gelöst ist, aber die TR4-resistenten Bananen aufgrund der strengen Legalisierung von GVOs vorerst nicht auf dem Markt zugelassen werden. Das gleiche Schicksal wird wohl auch eine große Zahl von europäischen Olivenbauern erwarten. Es gibt einige Olivensorten, die resistenter sind als andere (Novelli et al. 2019). Die Kreuzung der gegen *X. fastidiosa* resistenten Olivenbäume wird jedoch lange dauern, und die lange Legalisierungsfrist für GVOs wird wahrscheinlich dazu führen, dass auch dieser Weg nicht schnell genug verläuft. Sowohl Bananen- als auch Olivenbauern suchen jetzt nach Chemikalien zum Schutz ihrer Nutzpflanzen, während genetische Modifikation oder Genomeditierung in diesen Fällen ein klarer Weg sein kann, um schnell eine nachhaltige und sichere Lösung zu finden.

Kritiker warnen davor, dass GVOs zu einem Verlust an biologischer Vielfalt führen werden und, wie bei der Antibiotikaresistenz in der Medizin, zum Entstehen hypervirulenter Mikroorganismen beitragen können, die nicht mehr kontrolliert werden können. Diese beiden Probleme sind jedoch unabhängig von den GVO-Techniken. Krankheitsresistenzen können zwar durch Mikroorganismen abgebaut werden, dies geschieht aber auch in traditionell gezüchteten Kulturen (siehe wiederum Fußnote 13). Monokulturen und eine geringe Biodiversität sind auch auf europäischen Feldern zu beobachten, auf denen keine GVOs angebaut werden.

Lösungen, um den Durchbruch der Resistenz oder die Entstehung von Superbugs zu verhindern, sind bekannt. Der wichtigste Weg, dies zu erreichen, ist die Erhöhung der genetischen Vielfalt auf dem Feld, insbesondere bei resistenzbezogenen Genen. Natürliche Populationen wilder Verwandter unserer Kulturpflanzen weisen eine extreme Vielfalt an Resistenzgenen auf und sind daher wahrscheinlich in der Lage, ständige Angriffe von Krankheitserregern als Population zu überleben (Stam, Silva-Arias und Tellier 2019; Stam, Scheikl und Tellier 2016). Die Bepflan-

zung sogenannter Biodiversitätsränder um die Felder herum ist gut für die Stärkung der Biodiversität der Bestäuber (Blaauw und Isaacs 2014), hat aber keinen Einfluss auf die langfristige Krankheitsresistenz des Staudamms. Um dies zu erreichen, können verschiedene Sorten oder Arten nebeneinander gepflanzt werden (Lof und Werf 2016). Dies führt jedoch zu großen logistischen Problemen bei der Ernte und Verarbeitung unserer Kulturpflanzen und wird die Effizienz der Produktion und sogar der Vollernte deutlich reduzieren. Dadurch werden die Kosten für unsere Lebensmittel dramatisch steigen.

Gerade mit GVO-Techniken lässt sich viel schneller eine größere genetische Vielfalt bei Nutzpflanzen erreichen, die notwendig ist, um die natürlichen Resistenzmechanismen zu erhalten. Insgesamt haben drei Laboratorien in den Niederlanden, England und Peru bereits mehr als ein Dutzend verschiedene Resistenzen bei derselben Kartoffelsorte eingeführt. Vergleichbare Strategien können auf jede Kultur angewendet werden. Durch den Einsatz von Genom-Editiertechniken kann die genetische Vielfalt sogar noch erhöht werden. Die GVO-Techniken können durch die Nutzung der genetischen Variation auf natürlichere Art und Weise zu einer nachhaltigeren und weniger umweltbelastenden Landwirtschaft beitragen, ohne dass es zu größeren Veränderungen bei den Ernte- und Verarbeitungsprozessen oder zu Qualitäts- und Mengenverlusten bei der Ernte kommt.

Literatur

- Ahloowalia, B.S., Maluszynski, M. & Nichterlein, K. (2004). Global Impact of Mutation-Derived Varieties. *Euphytica*, 135, 187-204.
<https://doi.org/10.1023/B:EUPH.0000014914.85465.4f>
- Ayinde, T.B., Fola, A.J. & Ibrahim, U. (2011). Economic Advantage of Hybrid Maize over Open-Pollinated Maize Production in Giwa Local Government Area of Kaduna State Nigeria. *American Journal of Experimental Agriculture* 1 (3), 101-9.
- „Bacillus Thuringiensis (Bt) General Fact Sheet.“ n.d. Accessed November 3, (2019). <http://npic.orst.edu/factsheets/btgen.html>.
- Banga, O. (1963). Main Types of the Western Carotene Carrot and their Origin. <https://www.cabdirect.org/cabdirect/abstract/19630305202>

- Blaauw, B.R. & Isaacs, R. (2014). Flower Plantings Increase Wild Bee Abundance and the Pollination Services Provided to a Pollination-Dependent Crop. *Journal of Applied Ecology*, 51 (4), 890-98.
<https://doi.org/10.1111/1365-2664.12257>
- Black, W., Mastenbroek, C., Mills, W.R. & Peterson, L.C. (1953). A Proposal for an International Nomenclature of Races of *Phytophthora Infestans* and of Genes Controlling Immunity in *Solanum Demissum* Derivatives. *Euphytica*, 2 (3), 173-79. <https://doi.org/10.1007/BF00053724>
- Chen, K. & Otten, L. (2017). Natural *Agrobacterium* Transformants: Recent Results and Some Theoretical Considerations. *Frontiers in Plant Science*, 8 (September). <https://doi.org/10.3389/fpls.2017.01600>.
- Cong, B., Barrero, L.S. & Tanksley, S.D. (2008). Regulatory Change in YABBY-like Transcription Factor Led to Evolution of Extreme Fruit Size during Tomato Domestication. *Nat Genet*, 40. <https://doi.org/10.1038/ng.144>.
- Dale, J., James, A., Paul, J-Y., Khanna, H., Smith, M., Peraza-Echeverria, S., Garcia-Bastidas, F. et al. (2017). Transgenic Cavendish Bananas with Resistance to *Fusarium* Wilt Tropical Race 4. *Nature Communications*, 8 (1), 1-8. <https://doi.org/10.1038/s41467-017-01670-6>
- Darwin, Ch. (1859). *On the Origin of Species by Means of Natural Selection, or Preservation of Favoured Races in the Struggle for Life*. London: John Murray. <https://search.library.wisc.edu/catalog/9934839413602122>
- Doudna, J.A. & Charpentier, E. (2014). The New Frontier of Genome Engineering with CRISPR-Cas9. *Science*, 346 (6213), 1258096.
<https://doi.org/10.1126/science.1258096>
- Ghislain, M., Byarugaba, A.A., Magembe, E., Njoroge, A., Rivera, C., Román, M.L., Tovar, J.C. et al. (2019). Stacking Three Late Blight Resistance Genes from Wild Species Directly into African Highland Potato Varieties Confers Complete Field Resistance to Local Blight Races. *Plant Biotechnology Journal*, 17 (6), 1119-29. <https://doi.org/10.1111/pbi.13042>
- Griffiths A.J.F., Miller J.H., Suzuki D.T. et al. (2000). *An Introduction to Genetic Analysis*. 7th edition. New York: W. H. Freeman. (Kapitel 2: „Mendel's experiments“ verfügbar auf: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK22098/>)
- Haverkort, A.J., Boonekamp, P.M., Hutten, R., Jacobsen, E., Lotz, L.A.P., Kessel, G.J.T., Visser, R.G.F. & van der Vossen, E.A.G. (2008). Societal Costs of Late Blight in Potato and Prospects of Durable Resistance Through Cisgenic Modification. *Potato Research*, 51 (1), 47-57.
<https://doi.org/10.1007/s11540-008-9089-y>

- Haverkort, A.J. & Hillier, J.G. (2011). Cool Farm Tool – Potato: Model Description and Performance of Four Production Systems. *Potato Research*, 54 (4), 355-69. <https://doi.org/10.1007/s11540-011-9194-1>
- Haverkort, A.J., Boonekamp, P.M., Hutten, R., Jacobsen, E., Lotz, L.A.P., Kessel, G.J.T., van der Vossen, E.A.G. & Visser, R.G.F. (2016). Durable Late Blight Resistance in Potato Through Dynamic Varieties Obtained by Cisgenesis: Scientific and Societal Advances in the DuRPh Project. *Potato Research*, 59 (1), 35-66. <https://doi.org/10.1007/s11540-015-9312-6>
- Islam, M.T., Croll, D., Gladieux, P., Soanes, D.M., Persoons, A., Bhattacharjee, P., Hossain, M.S. et al. (2016). Emergence of Wheat Blast in Bangladesh Was Caused by a South American Lineage of Magnaporthe Oryzae. *BMC Biology*, 14 (October), 84. <https://doi.org/10.1186/s12915-016-0309-7>
- Jha, D.K. (2018). Bt Cotton to Cover Even Larger Area This Year. *Business Standard India*, June 17, 2018. https://www.business-standard.com/article/economy-policy/bt-cotton-to-cover-even-larger-area-this-year-118061600720_1.html
- Joshi, S.G., Schaart, J.G., Groenwold, R., Jacobsen, E., Schouten, H.J. & Krens, F.A. (2011). Functional Analysis and Expression Profiling of HcrVf1 and HcrVf2 for Development of Scab Resistant Cisgenic and Intragenic Apples. *Plant Molecular Biology*, 75 (6), 579-91. <https://doi.org/10.1007/s11103-011-9749-1>
- Kölreuter, J.G. (1761). Vorläufige Nachricht von Einigen Das Geschlecht Der Pflanzen Betreffenden Versuchen Und Beobachtungen. Leipzig: In der Gleditschischen Handlung. <https://doi.org/10.5962/bhl.title.60928>
- Kyndt, T., Quispe, D., Zhai, H., Jarret, R., Ghislain, M., Liu, Q., Gheysen, G. & Kreuzer, J.F. (2015). The Genome of Cultivated Sweet Potato Contains Agrobacterium T-DNAs with Expressed Genes: An Example of a Naturally Transgenic Food Crop. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 112 (18), 5844-49. <https://doi.org/10.1073/pnas.1419685112>
- Lof, Marjolein E., and Wopke van der Werf. 2016. „Modelling the Effect of Gene Deployment Strategies on Durability of Plant Resistance under Selection.“ *Crop Protection*. <http://dx.doi.org/10.1016/j.cropro.2016.11.031>.
- Malcolmson, J.F. & Black, W. (1966). New R Genes in *Solanum demissum* Lindl. And Their Complementary Races of *Phytophthora infestans* (Mont.) de Bary. *Euphytica*, 15 (2), 199-203. <https://doi.org/10.1007/BF00022324>
- Matveeva, T.V. & Otten, L. (2019). Widespread Occurrence of Natural Genetic Transformation of Plants by *Agrobacterium*. *Plant Molecular Biology*, September. <https://doi.org/10.1007/s11103-019-00913-y>

- National Academies of Sciences, Engineering, and Medicine, Division on Earth and Life Studies, Board on Agriculture and Natural Resources, and Committee on Genetically Engineered Crops: Past Experience and Future Prospects (2016). *Genetically Engineered Crops: Experiences and Prospects*. Washington (DC): National Academies Press (US).
<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK424543/>
- Nekrasov, V., Wang, C., Win, J., Lanz, Ch., Weigel, D. & Kamoun, S. (2017). Rapid Generation of a Transgene-Free Powdery Mildew Resistant Tomato by Genome Deletion. *Scientific Reports*, 7 (1), 1-6.
<https://doi.org/10.1038/s41598-017-00578-x>
- Novelli, S., Gismondi, A., Di Marco, G., Canuti, L., Nanni, V. & Canini, A. (2019). Plant Defense Factors Involved in *Olea Europaea* Resistance against *Xylella Fastidiosa* Infection. *Journal of Plant Research*, 132 (3), 439-55.
<https://doi.org/10.1007/s10265-019-01108-8>
- Ohnoutkova, L. (2019). Mutation Breeding in Barley: Historical Overview. In: Harwood, W.A. (Hg.), *Barley: Methods and Protocols*, 7-19. New York, NY: Springer New York. https://doi.org/10.1007/978-1-4939-8944-7_2
- Oliva, R., Ji, C., Atienza-Grande, G., Hugueta-Tapia, J.C., Perez-Quintero, A., Li, T., Eom, J.-S. et al. (2019). Broad-Spectrum Resistance to Bacterial Blight in Rice Using Genome Editing. *Nature Biotechnology*, 37 (11), 1344-50. <https://doi.org/10.1038/s41587-019-0267-z>
- Salman-Minkov, A., Sabath, N. & Mayrose, I. (2016). Whole-Genome Duplication as a Key Factor in Crop Domestication. *Nature Plants*, 2 (8), 1-4.
<https://doi.org/10.1038/nplants.2016.115>
- Savary, S., Willocquet, L., Pethybridge, S.J., Esker, P., McRoberts, N. & Nelson, A. (2019). The Global Burden of Pathogens and Pests on Major Food Crops. *Nature Ecology & Evolution*, 3 (3), 430-39.
<https://doi.org/10.1038/s41559-018-0793-y>
- Schouten, H.J., Krens, F.A. & Jacobsen, E. (2006). Cisgenic Plants Are Similar to Traditionally Bred Plants: International Regulations for Genetically Modified Organisms Should Be Altered to Exempt Cisgenesis. *EMBO Reports*, 7 (8), 750-53. <https://doi.org/10.1038/sj.embor.7400769>
- Séralini, G.-E., Clair, E., Mesnage, R., Gress, S., Defarge, N., Malatesta, M., Hennequin, D. & Spiroux de Vendômois, J. (2012). RETRACTED: Long Term Toxicity of a Roundup Herbicide and a Roundup-Tolerant Genetically Modified Maize. *Food and Chemical Toxicology*, 50 (11), 4221-31.
<https://doi.org/10.1016/j.fct.2012.08.005>
- Spiegel Online (2015). Heidenheim: Mann Stirbt Durch Zucchini-Mahlzeit, August 20, 2015, sec. Gesundheit. <https://www.spiegel.de/gesundheit/ernaehrung/heidenheim-mann-stirbt-durch-zucchini-mahlzeit-a-1049025.html>

- Stam, R., Scheickl, D. & Tellier, A. (2016). Pooled Enrichment Sequencing Identifies Diversity and Evolutionary Pressures at NLR Resistance Genes within a Wild Tomato Population. *Genome Biology and Evolution*, 8 (5), 1501-15. <https://doi.org/10.1093/gbe/evw094>
- Stam, R. & McDonald, B.A. (2018). When Resistance Gene Pyramids Are Not Durable – the Role of Pathogen Diversity. *Molecular Plant Pathology*, 19 (3), 521-24. <https://doi.org/10.1111/mpp.12636>
- Stam, R., Silva-Arias, G.A. & Tellier, A. (2019). Subsets of NLR Genes Show Differential Signatures of Adaptation during Colonization of New Habitats. *New Phytologist*, 224 (1), 367-79. <https://doi.org/10.1111/nph.16017>
- Vaughan, D.A., Balázs, E. & Heslop-Harrison, J.S. (2007). From Crop Domestication to Super-Domestication. *Annals of Botany*, 100 (5), 893-901. <https://doi.org/10.1093/aob/mcm224>
- Wang, F., Wang, Ch., Liu, P., Lei, C., Hao, W., Gao, Y., Liu, Y.-G. & Zhao, K. (2016). Enhanced Rice Blast Resistance by CRISPR/Cas9-Targeted Mutagenesis of the ERF Transcription Factor Gene OsERF922. *PLOS ONE*, 11 (4), e0154027. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0154027>
- Yang, C.J., Samayoa, L.F., Bradbury, P.J., Olukolu, B.A., Xue, W., York, A.M., Tuholski, M.R. et al. (2019). The Genetic Architecture of Teosinte Catalyzed and Constrained Maize Domestication. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 116 (12), 5643-52. <https://doi.org/10.1073/pnas.1820997116>