

In seinem Ausblick verwies der Präsident des VBIO unter anderem auf die Notwendigkeit, die Kooperationen zwischen Mitgliedern und Gruppen innerhalb des VBIO auszubauen und dabei insbesondere auch die Initiative „Young VBIO“ zu stärken.

Der Bericht wurde ergänzt durch die Sprecherinnen von Landesverbänden (Marga Radermacher) und Fachgesellschaften (Prof. Felicitas Pfeifer), die deutlich machten, dass der VBIO ein vielfältiges Angebot an Themen, Zielgruppen und Aktionsformen bereithält. So wurden im Ständigen Ausschuss „Fachgesellschaften und Landesverbände“ zwei für den VBIO neue digitale Formate entwickelt, die in Kürze an den Start gehen: zum einen das „VBIO Dialogforum“, bei dem zwei Experten ein fachübergreifendes Thema aus unterschiedlicher Perspektive beleuchten und sich anschließend einer moderierten Diskussion stellen. Zum anderen eine Fortbildungsreihe auf der Basis der KMK-Bildungsstandards für die Sek. II im Fach Biologie.

Die Ausführungen des Schatzmeisters, PD Dr. Christian Lindermayr, machten einmal mehr deutlich, dass die finanzielle Basis des VBIO knapp ist. Dies ist kein neuer Befund, gibt aber angesichts der zu erwartenden Teuerungsraten Grund zur Sorge. Eine Anpassung der Mitgliedsbeiträge des VBIO ist daher notwendig. Die BDV hat deshalb eine Änderung der Beitragsordnung beschlossen, die die Erhöhung der Beiträge für vollzahlende Mitglieder von 84 Euro auf 90 Euro im Jahr 2023 vorsieht. Auch die Beiträge für studentische Mitglieder sowie kooperierende Mitglieder werden angepasst. Senioren zahlen künftig 60 Euro im Jahr; die Basismitgliedschaft wird auf 35 Euro angehoben und enthält dafür ab sofort ein Abo der *biuz print*. Ferner wurden Anpassungen der VBIO-Satzung beschlossen. Bundesdelegiertenversammlungen und insbesondere auch Wahlen mittels Online-Tools sind damit zukünftig auch formal in der Satzung verankert.

Last but not least: Turnusgemäß galt es, das Präsidium des VBIO zu

wählen. Dieses wird auch weiterhin geführt durch Prof. Dr. Karl-Josef Dietz (Bielefeld). Das Amt des Schatzmeisters verantwortet erneut PD Dr. Christian Lindermayr (München). Prof. Dr. Felicitas Pfeifer von der TU Darmstadt engagiert sich als Sprecherin der Fachgesellschaften im VBIO, Marga Radermacher als Sprecherin der Landesverbände im VBIO. Darüber hinaus sind im Präsidium des VBIO aktiv: Dr. Sven Bradler (Göttingen), Prof. Dr. Markus Engstler (Würzburg), Prof. Dr. Robert Hänsch (Braunschweig), Prof. Dr. Kerstin Kremer (Gießen), Prof. Dr. Gabriele Pfitzer (Köln) sowie Luca Stephan (Braunschweig).

Die Bundesdelegiertenversammlung bestätigte darüber hinaus auch eine Reihe von Beiratsmitgliedern des VBIO. Mitglieder des VBIO finden weitere Informationen zur BDV im Intranet des VBIO.

Kerstin Elbing, VBIO

DOI:10.11576/biuz-5966

FACHGESELLSCHAFTEN

Genomeditierung von Pflanzen im internationalen und rechtlichen Kontext

Das Urteil des Europäischen Gerichtshofs (EuGH) vom Juli 2018 und die damit verbundenen Auflagen für die Zulassung Genom-edierter Pflanzen machen die Nutzung entsprechender Verfahren für die Pflanzenzüchtung in Europa nahezu unmöglich. Unser Mitglied, die Gesellschaft für Pflanzenbiotechnologie, begleitet diese Entwicklungen mit großer Sorge. Hier stellt sie sich und ihre Arbeit vor.

Ernährungssicherheit ist unter den derzeitigen Bedingungen auch in Europa ein wichtiges Thema. Um nachhaltig den steigenden Nahrungsmittelbedarf zu decken und den Herausforderungen des Klimawandels zu begegnen, werden Pflanzen gebraucht, die widerstandsfähig sind und mit weniger Einsatz von mineralischem Dünger und konventionellen Pflanzenschutzmitteln höhere Erträge erzielen können. Die klassische Züchtung, die auf genetischen Kreuzun-

gen und klassischer Mutagenese basiert, hat Erstaunliches geleistet, ist aber vor allem zeitaufwendig. Die heute dringend notwendigen Züchtungsfortschritte werden in der Kürze der Zeit nicht allein mit den Mitteln der klassischen Züchtung erreichbar sein. Der Einsatz von Cis- und Transgenen sowie gentechnisch veränderten Organismen (GVO) ist effizient, wird aber von der Öffentlichkeit und Politik – zumindest in Europa – kaum unterstützt.

Ein neues Werkzeug für die Pflanzenzüchtung?

Die gezielte Genomeditierung stellt eine nie dagewesene Chance zur Verbesserung von Nutzpflanzen dar: Die prominenteste dieser Methoden basiert auf dem bakteriellen Typ-II-„clustered regularly interspaced short palindromic repeats“- (CRISPR)-Immunsystem. Die CRISPR-assoziierten Nukleasen, also „Genschere“ wie beispielsweise Cas9, werden bereits seit ca. 10 Jahren genutzt, um punktgenaue Veränderungen im Erbgut von Pflanzen zu erzielen. Seither hat sich diese gezielte Mutagenese als ein extrem effizientes und relativ einfach zu handhabendes Werkzeug für die Pflanzenzüchtung erwiesen. Sowohl Züchter/-innen als auch Pflanzenforscher/-innen in Europa hatten hohe Erwartungen in die zukünftigen Anwendungsmöglichkeiten dieser Technologie gesetzt.

Das EuGH Urteil...

Diese Erwartungen wurden jedoch mit dem Urteil des Europäischen Gerichtshofs (EuGH) vom Juli 2018 zunichtegemacht: Der EuGH hat in seinem Urteil vom 28.07.2018 alle Organismen, die durch Mutagenese-Verfahren gewonnen wurden, als gentechnisch veränderte Organismen (GVO) eingestuft; dies gilt auch für Genom-editierte Pflanzen. Solche Organismen unterliegen damit den Regularien der GVO-Gesetzgebung. Ausgenommen von den Regularien sind – wie auch vorher schon – die durch klassische Mutagenese gewonnenen Pflanzensorten, da diese Art der Mutagenese bereits Jahrzehnte länger verwendet wird und damit einen „history of safe use“-Status hat.

...und seine Folgen

Dieses Urteil und die damit verbundenen Auflagen für die Zulassung Genom-edierter Pflanzen machte die Nutzung dieser innovativen Verfahren für die Pflanzenzüchtung in Europa nahezu unmöglich. Darüber hinaus sind diese Pflanzen sowie daraus hergestellte Erzeugnisse, wie alle GVOs, kennzeichnungspflichtig und müssen rückverfolgbar sein. Doch der Nachweis solcher Produkte bei Importen von außer-europäischen Waren wirft Probleme auf, die im schlimmsten Fall zu Verwerfungen im Welthandel führen können: Die Überprüfung der Einhaltung der GVO-Gesetzgebung (Verordnungen EC 1829/2003 und EC 1830/2003) bei Importen von Rohstoffen oder Produkten, die außerhalb der EU erzeugt wurden, erfolgt durch ein System zur Rückverfolgbarkeit von Dokumenten und Laboruntersuchungen auf DNA-Ebene. Rohstoffe und Produkte, die auf Genom-editierten Pflanzen beruhen, können beim Import nur dann identifiziert werden, wenn umfangreiche Vorkenntnisse über die veränderte Genomsequenz, eine validierte Nachweismethode und zertifizierte Referenzmaterialien verfügbar sind. Dies ist nur in einer begrenzten Anzahl von Fällen möglich, da

weite Teile der Welt keine derartige Regulierung oder Kennzeichnung vorschreiben. Darüber hinaus bieten die gegenwärtigen Methoden zum Nachweis von Genom-editierten Produkten, besonders bei kleinen Modifikationen (eine bis mehrere Nukleotide – sogenannte SDN1-Organismen), keine ausreichende Selektivität für die Durchsetzung von Rechtsvorschriften. Letztendlich ist es besonders für SDN1-Organismen nicht möglich, gerichtsfest nachzuweisen, ob eine Mutation spontan entstanden ist oder durch konventionelle oder neue (Genom-Editing-)Mutagenese-Techniken eingefügt wurde.

Koppelt Europa sich ab vom Rest der Welt ?

Diese Situation stellt nun ein tatsächliches Dilemma dar: Außerhalb von Europa wird die Genomeditierung bereits in erheblichem Umfang in der modernen Pflanzenzüchtung eingesetzt und „SDN1-Pflanzen“ sind dort häufig nicht kennzeichnungspflichtig. Für die Tierproduktion sind die Staaten der Europäischen Union jedoch in erheblichem Umfang auf den Import von Futtermitteln angewiesen, die in naher Zukunft immer häufiger von Genom-editierten Pflanzen aus dem außer-europäischen Ausland stammen werden. Wenn nun der Nachweis der verwendeten Züchtungsmethode für solche Rohstoffe nicht eindeutig möglich ist, wird die EU dann den Import verweigern und ihre Lebensmittelindustrie in erhebliche Schwierigkeiten bringen oder sogar mit einer Klage der *World Trade Organisation* konfrontiert werden?

Wie geht es weiter ?

Erfreulicherweise hat die EU-Kommission diese schwierige Situation erkannt und reagiert: Die Kommission will nun endlich die Gentechnikgesetze „an den wissenschaftlichen und technischen Fortschritt anpassen“ und so „Innovationen in der Landwirtschaft ermöglichen“ – ohne das „hohe Schutzniveau für die



Gesundheit von Mensch und Tier sowie für die Umwelt“ aufzugeben. Ende September 2021 hat die EU-Kommission einen verbindlichen Fahrplan für eine Gesetzesinitiative („Rechtsvorschriften für Pflanzen, die mithilfe bestimmter neuer genomischer Verfahren gewonnen werden“) vorgestellt. Zunächst sind öffentliche Konsultationsrunden angesetzt, bevor die Kommission einen konkreten Vorschlag ausarbeitet und im zweiten Quartal 2023 darüber beschließt. Danach muss der neue Rechtsrahmen noch das komplizierte europäische Gesetzgebungsverfahren durchlaufen.

Die Gesellschaft für Pflanzenbiotechnologie begleitet diese Entwicklungen in Deutschland und auf europäischer Ebene intensiv mit der Veröffentlichung von Stellungnahmen, der Teilnahme an und Moderation von Podiumsdiskussionen mit der interessierten Öffentlichkeit und politischen Akteuren und mit der Veranstaltung von wissenschaftlichen Workshops. Damit wollen wir einen Beitrag zur Verbreitung neuer Erkenntnisse und Entwicklungen leisten und zum öffentlichen Diskurs auf hohem fachlichen Niveau beitragen. Weiterer Schwerpunkt unserer Vereinsarbeit ist die Vernetzung von Wissenschaftlern/-innen auf dem Gebiet der Pflanzenbiotechnologie durch Organisation von Fachtagungen und Workshops. Auf unserer vereinseigenen Webseite (www.pflanzen-biotechnologie.de) sowie auf sozialen Medien wie Instagram oder Twitter bieten wir aktuelle Informationen rund um die Pflanzenbiotechnologie. Neben der Genomeditierung sind wir in weiteren modernen Bereichen pflanzlicher Biotechnologie aktiv wie z. B. der

Zell- und Gewebekultur, der markergestützten Züchtung oder der molekularbiologischen Pathogendiagnostik. Daneben liegt uns die Bewahrung der genetischen Vielfalt am Herzen. Hierzu begleiten und bewerten wir Biologische Sicherheitsforschung und innovative biotech-

nologische Verfahren in der Pflanzenzüchtung.

Die Gesellschaft für Pflanzenbiotechnologie e. V. ist kooperierendes Mitglied im Verband Biologie, Biowissenschaften und Biomedizin e. V. (VBIO) und Mitglied im Dachverband der IAPB (International Association

for Plant Tissue Culture & Biotechnology).

*Vom Vorstand der Gesellschaft für Pflanzenbiotechnologie
G. Krczal, G. Hensel, R. Boehm,
J. Streubel, R. Hoffie*

DOI:10.11576/biuz-5967

NOBELPREIS FÜR PHYSIOLOGIE ODER MEDIZIN 2022

Svante Pääbo, Begründer der Paläogenetik

Der diesjährige Laureat wird für die Entschlüsselung der Genome ausgestorbener Hominiden und bahnbrechende Beiträge zum Verständnis der Evolution des modernen Menschen ausgezeichnet.

Das Konzept, phylogenetische Stammbäume auf der Grundlage molekularer Informationen zu erstellen, ist fast so alt wie die Methodik der Sequenzierung von Proteinen und Nukleinsäuren. Dabei werden die Basensequenzen von Nukleinsäuren oder die Aminosäureabfolge von Proteinen zwischen Arten verglichen, um anhand der abgestuften Ähnlichkeiten die Verwandtschaftsverhältnisse aufzuklären und eine hypothetische Sequenz des gemeinsamen Vorfahren zu rekonstruieren. Je länger die Trennung zweier Arten zurückliegt, desto mehr Abweichungen in Form von Mutationen können sich im Genom anhäufen. Somit lässt sich auch der ungefähre Zeitpunkt abschätzen, an dem sich die Arten vermutlich getrennt haben. Allerdings ist die Methode fehleranfällig, da Mutationen nicht an jeder Stelle des Genoms gleichermaßen toleriert werden. Ein Teil von ihnen wird durch den stabilisierenden Selektionsdruck aussortiert, der für funktionsfähige Zellbausteine sorgt, und dieser kann für einzelne Gene unterschiedlich stark sein. Phylogenetische Stammbäume können deshalb unterschiedlich ausfallen, je nachdem, welches Gen oder Protein ihnen zugrunde liegt.

Bis vor kurzem waren derartige Analysen nur mit dem Erbgut rezenter Arten möglich; Gensequenzen von fossilem Material zu gewinnen, schien undenkbar. Die phylogenetische Einordnung ausgestorbener Arten erfolgte daher anhand morphologischer Kriterien. Erst Svante Pääbo (*1955, Stockholm, Schweden), der in diesem Jahr mit dem Nobelpreis für Medizin ausgezeichnet wurde, leitete diesbezüglich eine neue Epoche ein: Er widmete seine gesamte wissenschaftliche Laufbahn dem Ziel, Nukleinsäuren aus Fossilien zu isolieren und zu sequenzieren, um die Erbinformation ausgestorbener Arten und speziell die

unserer Vorfahren zu entschlüsseln. Bereits als Doktorand an der Universität Uppsala (Schweden) stellte er sich neben seinem eigentlichen, virologisch-immunologischen Thema der Herausforderung, aus Mumien Desoxyribonukleinsäure (DNA) zu isolieren. Diese Zielsetzung ist bis heute alles andere als trivial – nicht nur deshalb, weil Nukleinsäuren mit der Zeit durch die allgegenwärtigen Hydrolasen zerstückelt oder ihre Basen oxidativ verändert werden, sondern auch wegen der unvermeidlichen Kontamination der Proben mit fremden Nukleinsäuren, sei es von Mikroorganismen aus der Umwelt oder von den Experimentatoren bei der Probenbearbeitung. Svante Pääbo ließ sich dadurch nicht abschrecken und arbeitete konsequent an der Ausschaltung von Fehlerquellen, der Optimierung von Arbeitsbedingungen und der Adaptation neuester molekularbiologischer Technologien an die Erfordernisse der Paläogenetik. Wegen seiner Pionierarbeit auf diesem Gebiet gilt er als Begründer dieser neuen Wissenschaftsdisziplin.

Indem sich Pääbo als Postdoktorand Allan Wilson anschloss, dessen Arbeitsgruppe die Evolution der Primaten und des Menschen auf molekularer Ebene untersuchte, gelang ihm eine entscheidende Weichenstellung. Wilson ist bekannt für den Vergleich der mitochondrialen DNA von Menschen verschiedener Kontinente. Darauf gründet sich die so genannte *out-of-africa*-Hypothese, nach der sich der moderne Mensch in Afrika entwickelte und erst später nach Eurasien einwanderte. Pääbo etablierte Reinraumbedingungen, wie sie beispielsweise in der Halbleiterfertigung gängig sind, um fossile DNA möglichst frei von Kontaminationen zu isolieren. Die Extraktionsmethoden optimierte er zunächst an nicht-menschlicher DNA, deren Reinheit sich besser kontrollieren ließ.



Verband | Biologie, Biowissenschaften
& Biomedizin in Deutschland

**GEMEINSAM
FÜR DIE**

BIEWISSENSCHAFTEN

Gute Gründe, dem VBIO beizutreten:

- Werden Sie Teil des größten Netzwerks von Biowissenschaftlern in Deutschland
- Unterstützen Sie uns, die Interessen der Biowissenschaften zu vertreten
- Nutzen Sie Vorteile im Beruf
- Bleiben Sie auf dem Laufenden – mit dem VBIO-Newsletter und dem Verbandsjournal „Biologie in unserer Zeit“
- Treten Sie ein für die Zukunft der Biologie



www.vbio.de

Jetzt beitreten!

