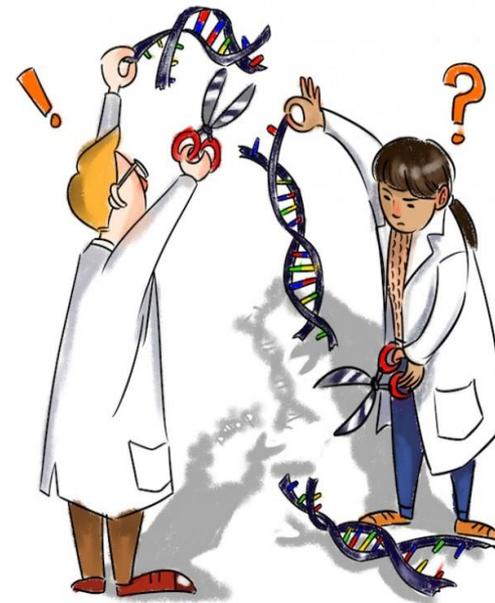
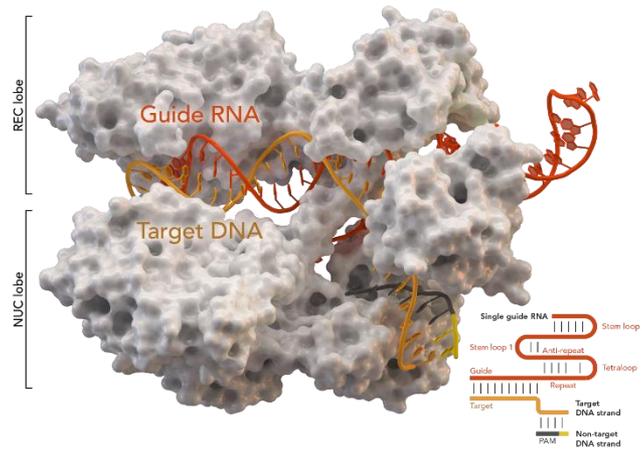


# Hat Genome Editing eine Zukunft in Europa ?

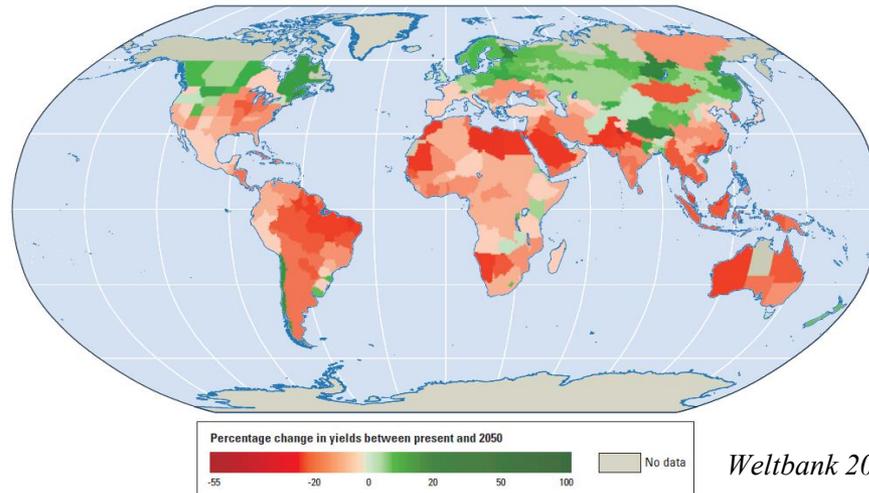
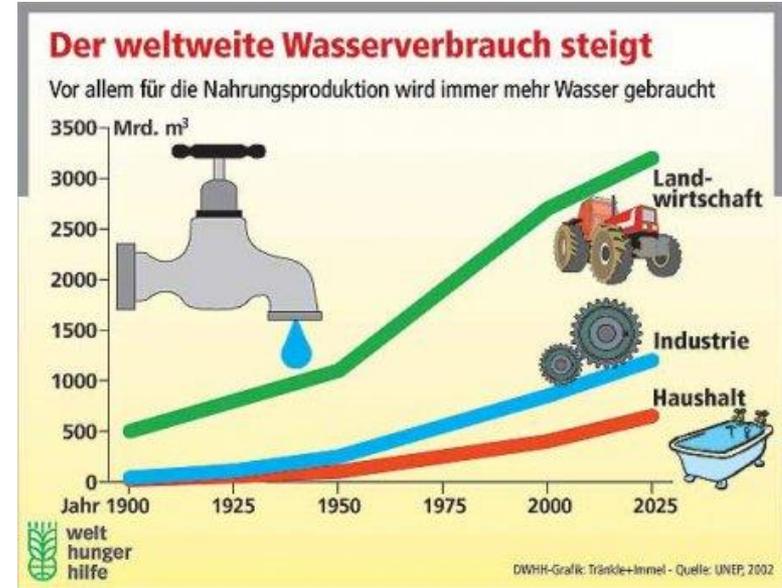
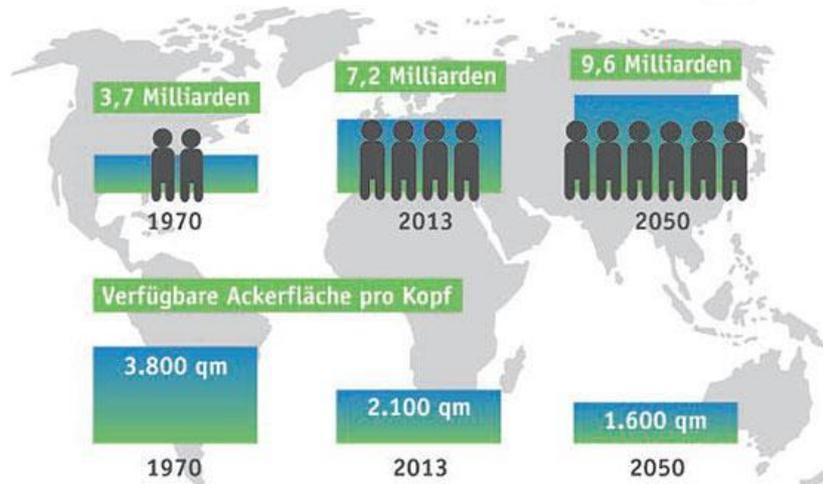


Prof. Dr. G. Krczal, RLP AgroScience GmbH

EAK-Web-Podium, 04.05.2024

## Welternährung

Weltweit schrumpft die Ackerfläche pro Kopf



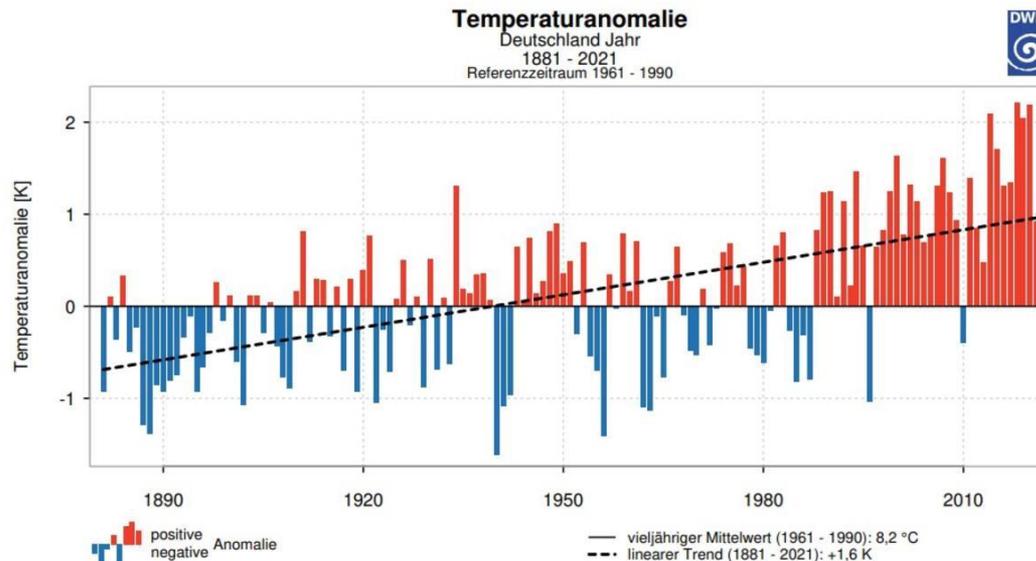
Weltbank 2009: "World Development Report"

# Herausforderungen Klimawandel

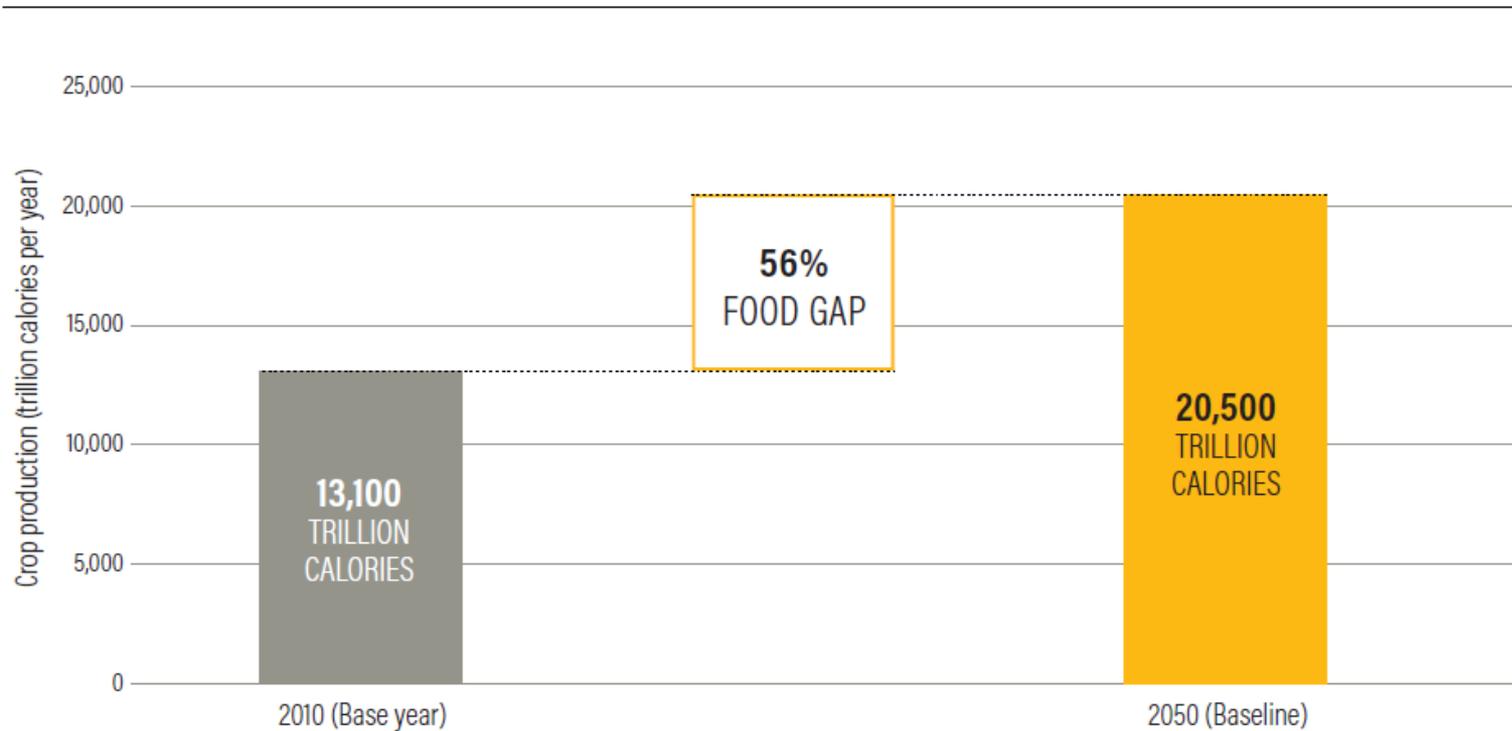
## Exemplarisch: Mögliche künftige Klimaänderungen in Deutschland

Mögliche regionale Temperaturänderungen für 2021-50 verglichen mit 1961-90:  
+1,0 bis +2,2 °C im Jahresmittel

Mögliche regionale Niederschlagsänderungen für 2021-50 verglichen mit 1961-90:  
0 bis -15% in der Jahressumme (vor allem im Osten)  
-5 bis -25% in der Sommersumme  
0 bis +25% in der Wintersumme



# 56% Nahrungsmittellücke in 2050 ?



*Note:* Includes all crops intended for direct human consumption, animal feed, industrial uses, seeds, and biofuels.

*Sources:* WRI analysis based on FAO (2019a); UNDESA (2017); and Alexandratos and Bruinsma (2012).

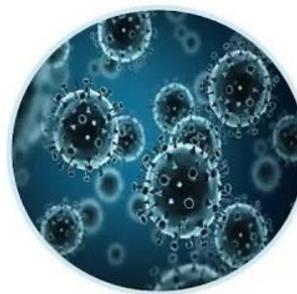
## 2030 Ziele für die nachhaltige Lebensmittelerzeugung



Einsatz von und Risiko durch **chemische Pestizide** insgesamt um 50 % u. Einsatz von **Pestiziden** mit höherem Risiko um 50 % verringern



**Nährstoffverluste** bei gleichbleibender Bodenfruchtbarkeit um mind. 50 % verringern – so wird der Einsatz von **Düngemitteln** um mind. 20 % reduziert



Gesamtverkäufe von für Nutztiere und für die Aquakultur bestimmten **antimikrobiellen Mitteln** um 50 % verringern



mind. 25 % der landwirtschaftlichen Flächen in der EU **ökologisch bewirtschaften** und die **ökologische Aquakultur** beträchtlich ausbauen



# Auswirkungen ?!

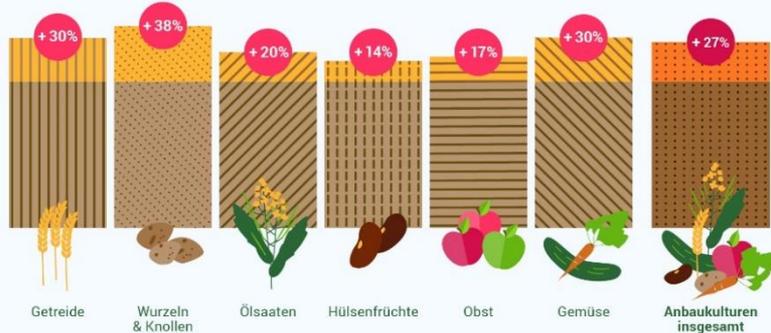
## Erträge im biologischen und konventionellen Landbau

|            | Durchschnittserträge 2013 bis 2018 * |             | Bioertrag im Verhältnis zum konventionellen Ertrag in % |
|------------|--------------------------------------|-------------|---|
|            | konventionell in t/ha                | bio in t/ha |   |
| Weizen     | 7,80                                 | 3,63        | 46,6  |
| Gerste     | 6,66                                 | 3,58        | 53,8  |
| Kartoffeln | 42,87                                | 22,49       | 52,5  |
| Äpfel      | 29,08                                | 18,33       | 63,0  |
| Tomaten    | 236,14                               | 116,71      | 49,4  |

\*bei Tomaten 2012 bis 2017

Quelle: AMI, Statistisches Bundesamt (Destatis) | © BLE

## FÜR DEN GLEICHEN ERTRAG BENÖTIGT DER ÖKOLANDBAU WESENTLICH MEHR ANBAUFLÄCHE ALS DIE KONVENTIONELLE LANDWIRTSCHAFT.

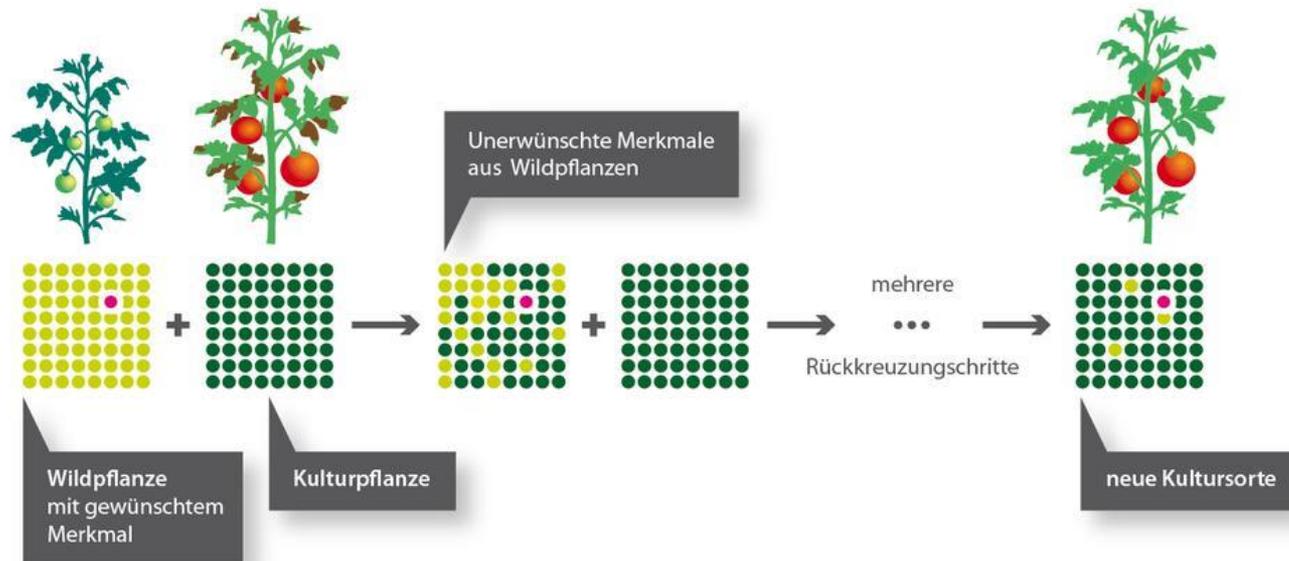


● Durchschnittswerte einzelner Metastudien

Quelle: Maurer 2019

# Klassische Kreuzungszüchtung

## Klassische Kreuzungszüchtung



Grafik: pigurdesign

[www.transgen.de/WGG](http://www.transgen.de/WGG)

Häufigkeit “natürliche” Mutationen:

**1 Mutation / 150 Mio Basen**

# Größe Pflanzengenome

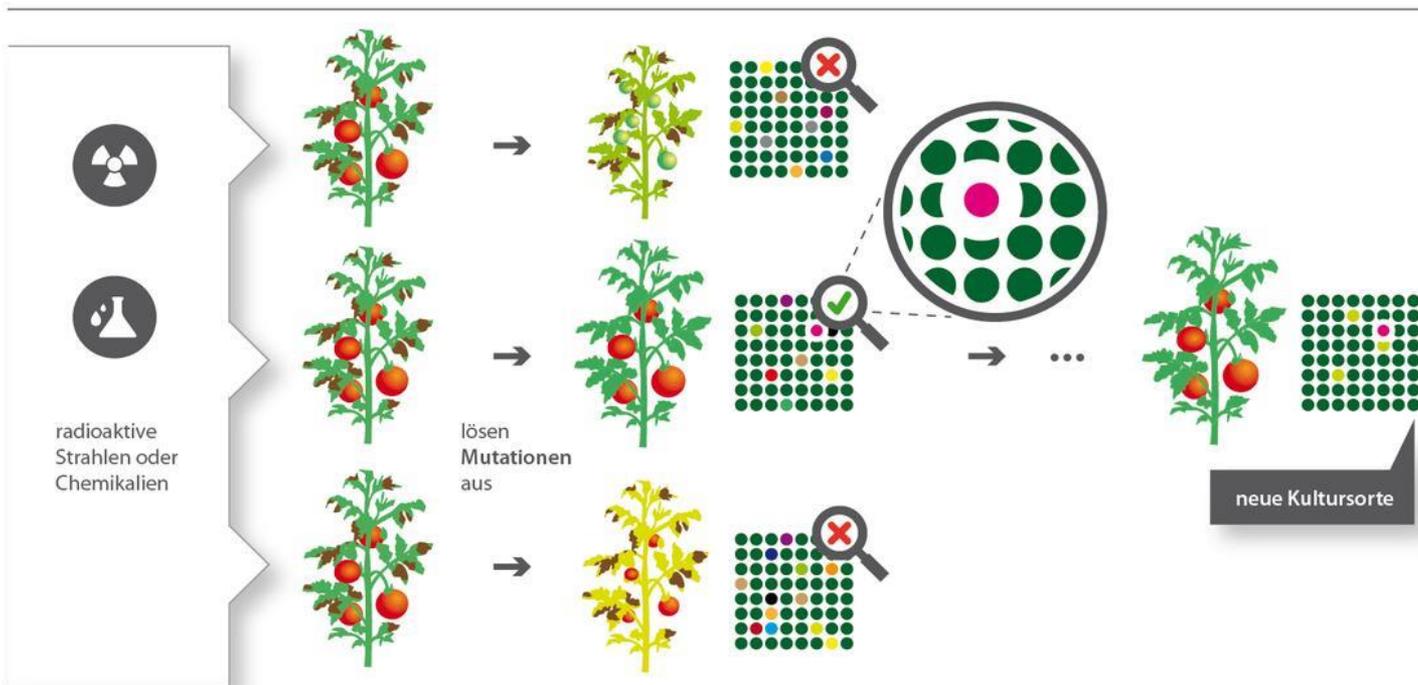


**Weizen**genom 16 Milliarden Basenpaare; **Mais**genom 2,3 Milliarden Basenpaare;  
**Sojabohnen**genom 1,1 Milliarden Basenpaare,; Reisgenom 450.000 Basenpaare

**30 Mio „natürliche“ Mutation / ha**

# Klassische Mutagenese

## Mutationszüchtung



Grafik: pigurdesign

www.transgen.de/WGG

**Häufigkeit Mutationen klassische Mutagenese: 1 Mutation / 150.000 Basen**

# Strahlenmutagenese

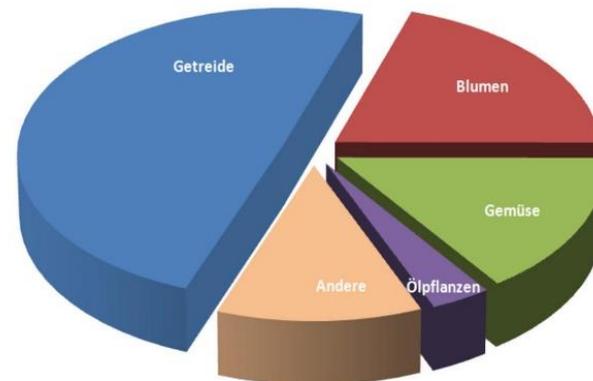
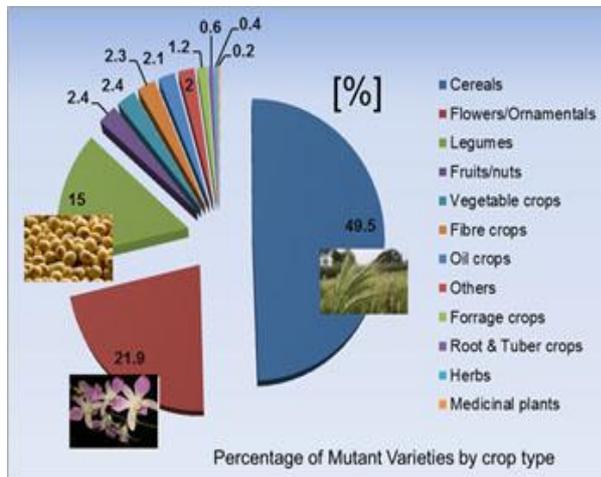


„Gamma-Garten“: Wichtigster Bestandteil war eine Röhre mit radioaktivem Material in der Mitte, üblicherweise das radioaktive Isotop Cobalt-60. Um diesen herum wurden in konzentrischen Kreisen verschiedene Pflanzen angebaut. Diese wurden so angeordnet, dass Pflanzen in verschiedenen Teilen des Gartens unterschiedlichen Mengen an Strahlung ausgesetzt wurden.

Die rote Grapefruit stammt z. B. aus einem Atomgarten in Texas

# Mutagenese - Züchtung

Bestrahlt wurde die gesamte Palette der wichtigsten Nahrungspflanzen. Auf den Markt gelangten u.a. **mutierter Reis, Hafer, Raps, Soja, Kichererbse, Erdnüsse, Bohnen und viele Obst- und Gemüsesorten. Über 3000 Sorten in etwa 200 Arten sind bisher registriert worden** (<http://mvgs.iaea.org>). Nahezu alle Gerstensorten in Europa tragen eines von zwei Genen, die durch Strahlen mutagenisiert wurden und dazu führen, dass die Ähren auf verkürzten und stabileren Stengeln wachsen.



In den 1960er Jahren gründeten die Welternährungsorganisation (FAO) und die Internationale Atomenergiebehörde (IAEA) eine gemeinsame Forschungs- und Entwicklungsabteilung, die bis heute Mutationszüchtung an Nutzpflanzen betreibt.

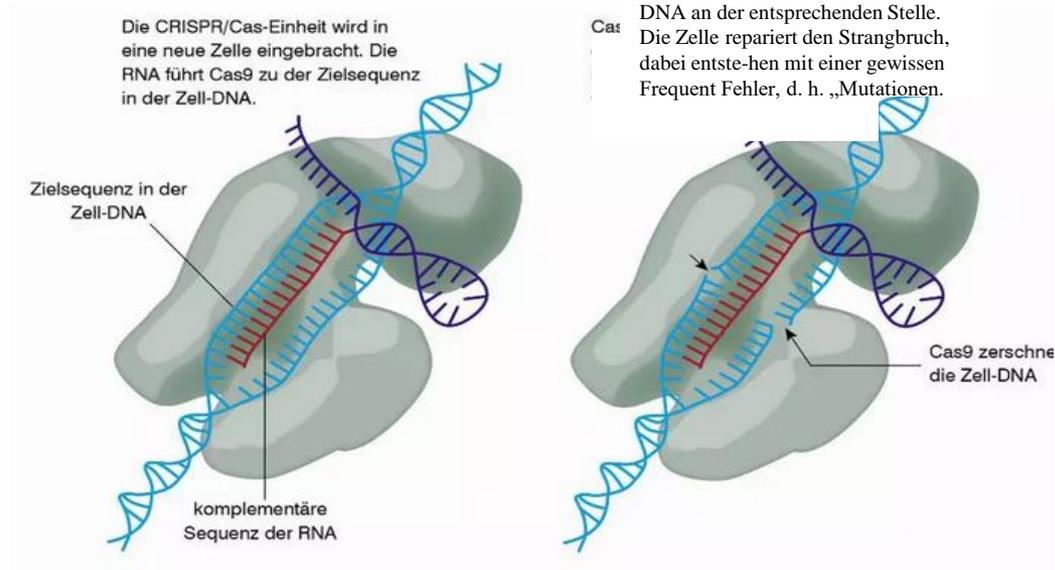
# Mutant Variety Database

The screenshot shows the website's header with the IAEA logo and navigation links: Start, Registration, Search, Variety, Joint FAO/IAEA Centre, and FAO. The main banner features a cornfield with the text "Welcome to The Joint FAO/IAEA Mutant Variety Database" and logos for FAO and IAEA. To the right, there is a world map and a collage of agricultural products. Below the map is a horizontal bar chart titled "TOP COUNTRIES IN THE DATABASE" with the following data:

| Country     | Records |
|-------------|---------|
| China       | 817     |
| Japan       | 500     |
| India       | 345     |
| Russia      | 216     |
| Netherlands | 176     |

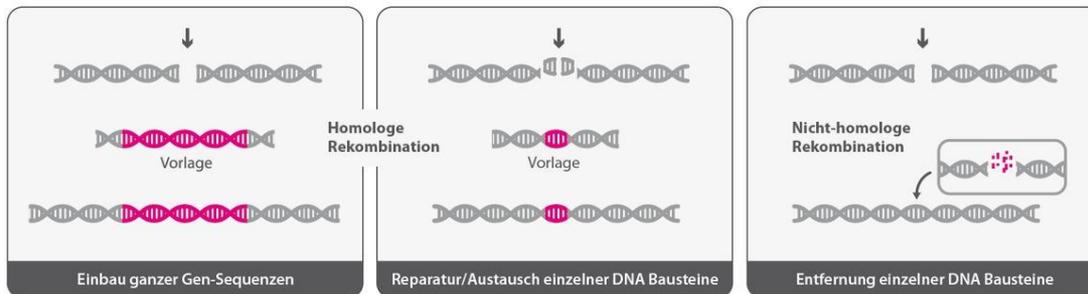
At the bottom, there is a "Top Crops" section with a bar chart showing 873 records for a specific crop, a "Download" button, and a "Background" section with the text: "Plant mutation breeding accelerates crop improvement through the generation of novel genetic diversity that facilitates selection from a large germplasm pool. Accelerated crop improvement is a must for food security. It is also important for stabilizing crop performance under pressures of a changing climate, viz."

# Genome Editing

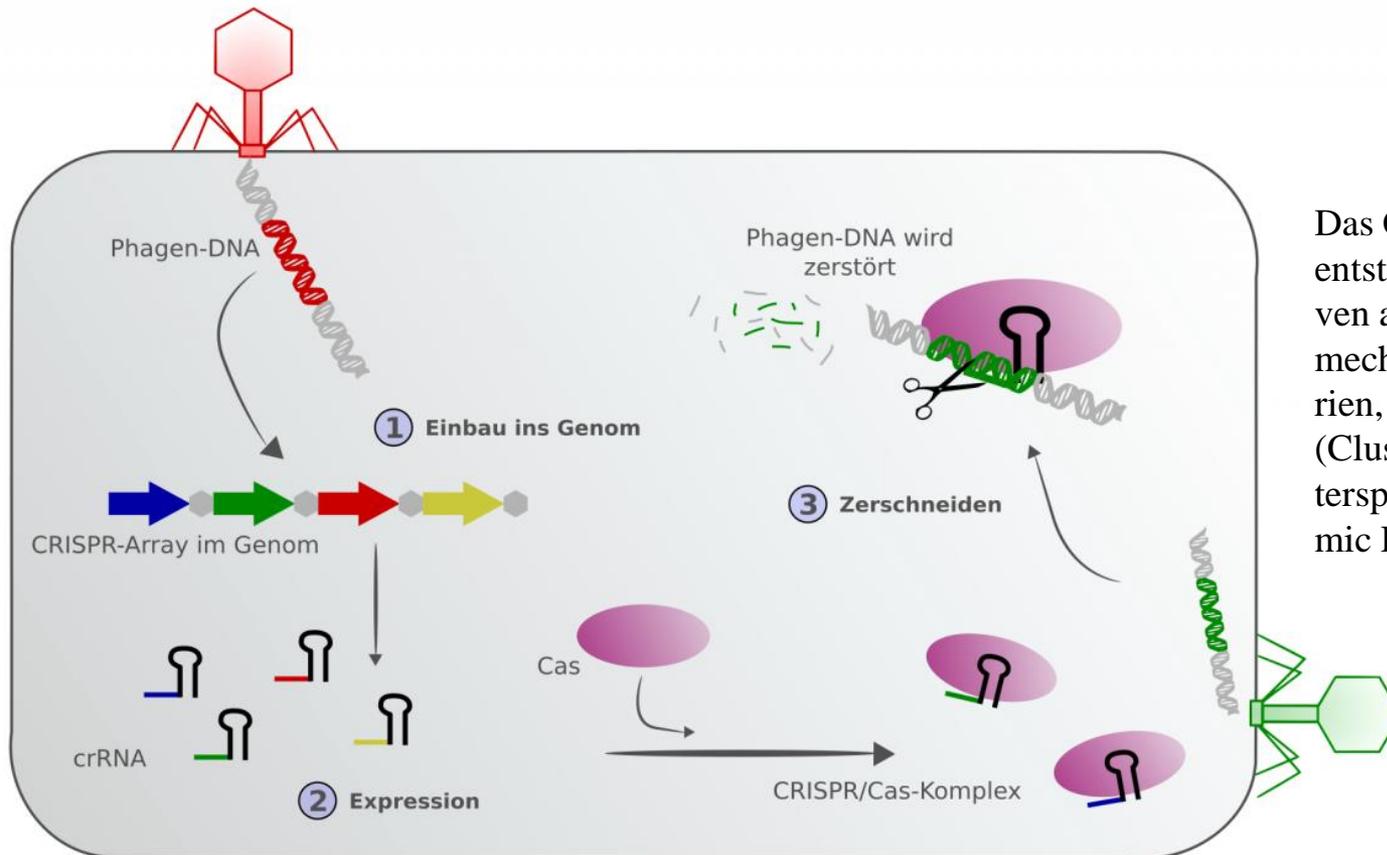


Nobelpreis 2020

Vereinfachter Ablauf der Methode CRISPR/Cas9,.

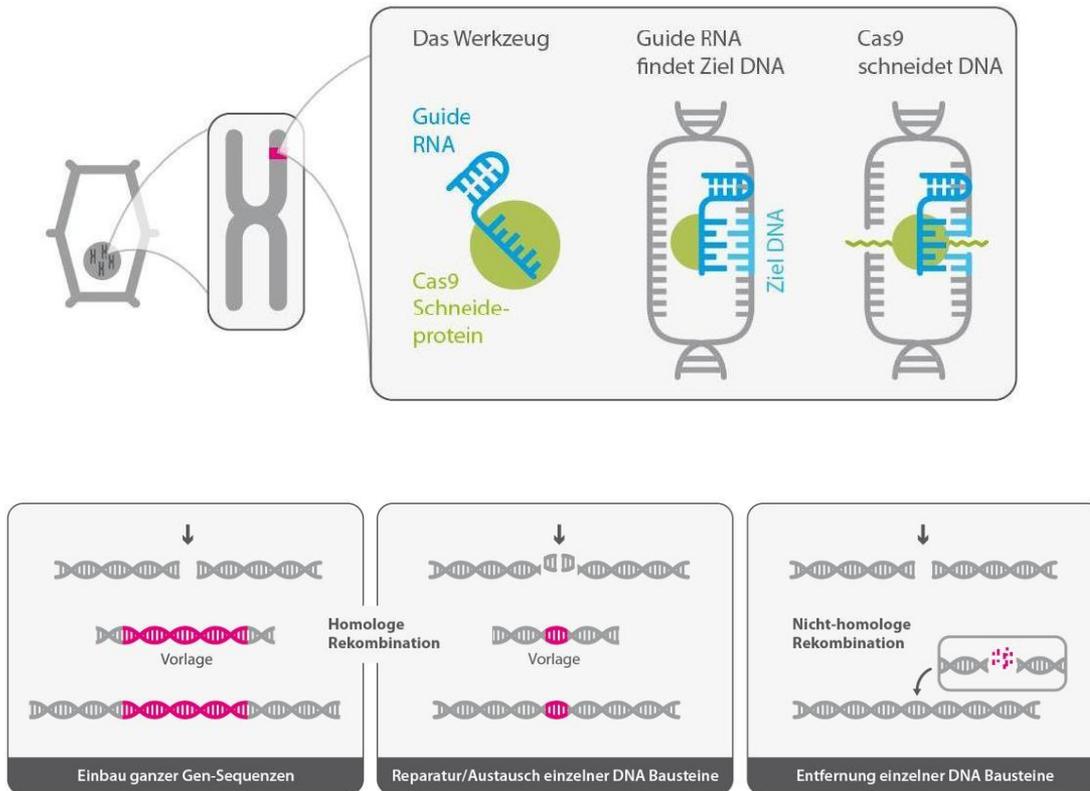


# CRISPR/Cas System



Das CRISPR/Cas-System entstammt einem adaptiven antiviralen Abwehrmechanismus aus Bakterien, dem CRISPR (Clustered Regularly Interspaced Short Palindromic Repeats)

# Mutationszüchtung – CRISPR/Cas9

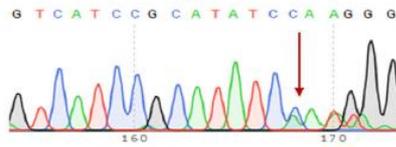


**CRISPR/Cas-System** mit „Sonde“ (Guide RNA) und „Schere“ (Cas9-Protein) (oben). Der durchtrennte DNA-Strang wird auf natürliche Weise „repariert“: Einzelne DNA-Bausteine werden an der Bruchstelle entfernt (unten rechts) oder modifiziert (unten Mitte). Oder als Vorlage für die Reparatur der Bruchstelle dient eine kurze DNA-Sequenz, die in die Zelle eingeführt wird. Möglich ist auch, größere Gen-Sequenzen an der Bruchstelle in den DNA-Strang zu integrieren (unten links).

# Resistenz gegen den echten Mehltau bei Rebe

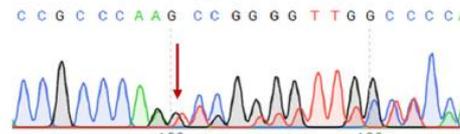


CM3G2-30 (heterozygous mutation)



Allele1: GTGGTCATCCGCATATC-AATGGG (WT)  
 Allele2: GTGGTCATCCGCATATC**CAATGGG** (insertion)  
 Reference: GTGGTCATCCGCATATC-AATGGG

CM3G1-51 (heterozygous mutation)

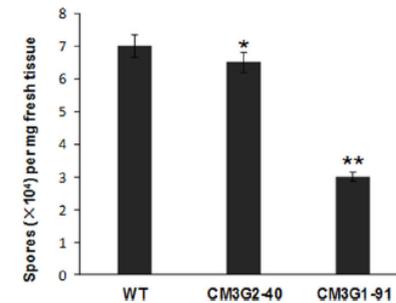


Allele1: CCGCCCA-GTCGGTGTGGTCTCC (deletion)  
 Allele2: CCGCCCAAGTCGGTGTGGTCTC (WT)  
 Reference: CCGCCCAAGTCGGTGTGGTCTCC

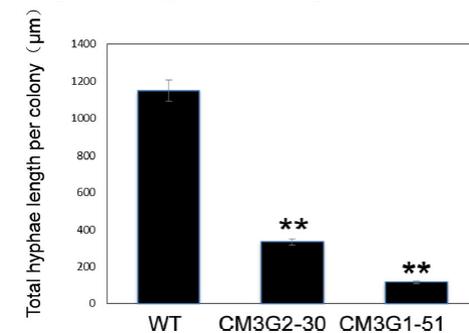
WT

CM3G2-30

CM3G1-51



Sporen/mg Blatt 20 dpi



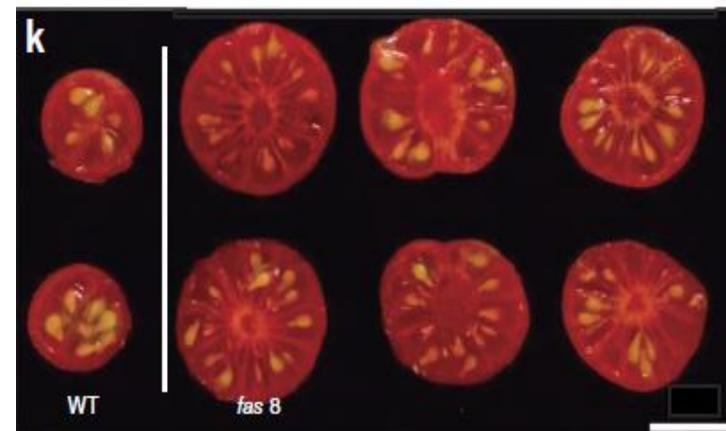
Hyphenlänge auf Blättern 72 hpi

Wan et al. (2020) CRISPR/Cas9-mediated mutagenesis of VvMLO3 results in enhanced resistance to powdery mildew in grapevine (*Vitis vinifera*) *Horticulture Research*, 7:116

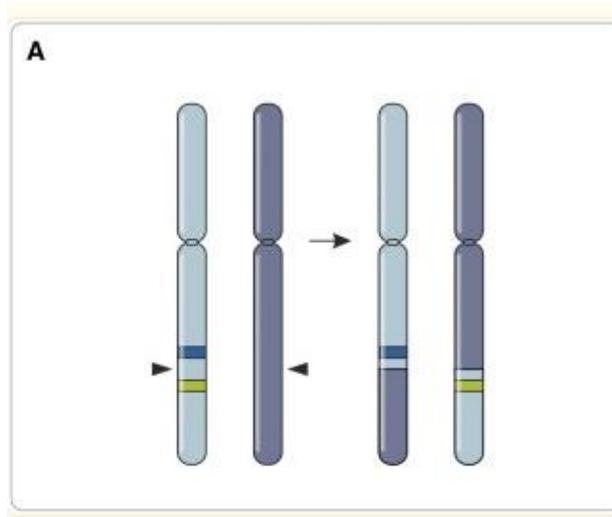
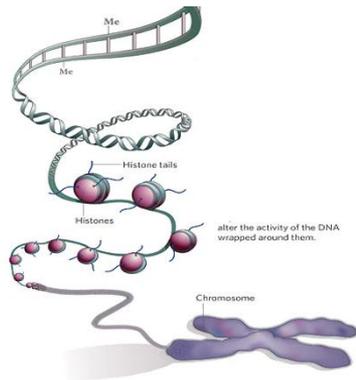
Mit CRISPR/Cas wurden bei der Wildtomate *Solanum pimpinellifolium* sechs Gene verändert, die für die erwünschten Eigenschaften von Kulturtomaten relevant sind. So entstand in kurzer Zeit eine „neu domestizierte“ Tomate, die die Vorzüge von Wildtomate (Geschmack, Krankheitsresistenz) mit denen der gängigen Kulturtomaten (Ertrag) verbindet.



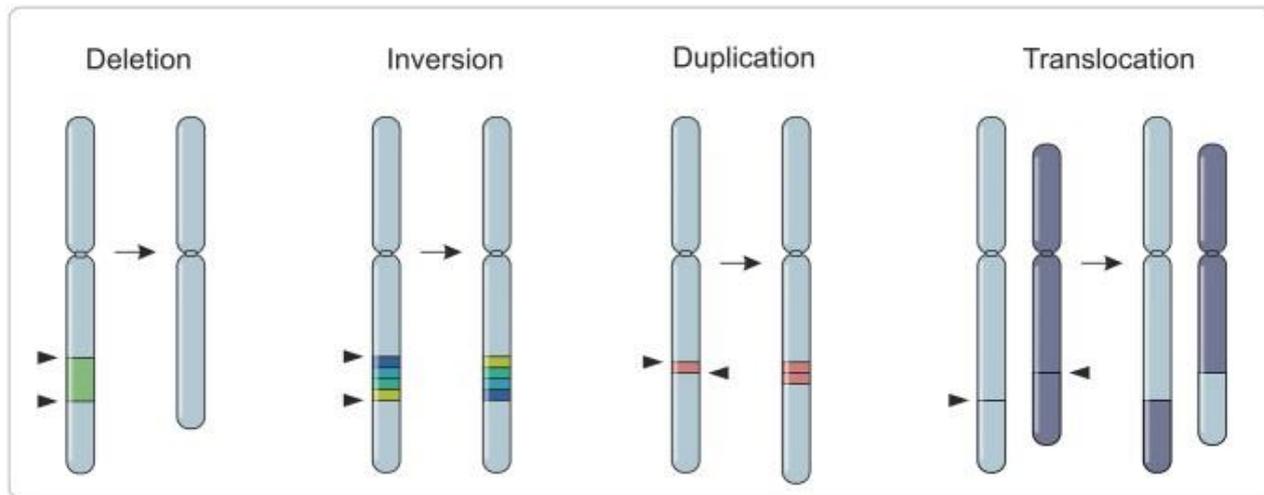
Phänotyp Wildtomate



„CRISPR/Cas Tomate“



Räumlich nahe beieinander liegende Gene werden gemeinsam vererbt. Aufgrund dieser „Genkoppelung“ werden bestimmte Merkmale stets in Kombination mit anderen an die Folgegeneration weitergegeben, ein für Züchter problematischer Vorgang. **Diese Kopplung kann mit Hilfe von Genome Editing unterbrochen werden.**





Off Target Effekte (die DNA wird an unerwünschten Stellen geschnitten) sind bei CRISPR/Cas Mutagenese bei Pflanzen selten (*Bortesi et al., 2016. Patterns of CRISPR/Cas9 activity in plants, animals and microbes, Plant Biotechnology Journal, 14, 2203-2216, Table S1*).

## Optimierungsmöglichkeiten:

- Nutzung von Programmen, um hoch-spezifische Targets (Schnittstellen) und sgRNAs auszuwählen
- Möglichst kurzes „Verweilen“ der CRISPR/Cas Komponenten im zu editierenden Organismus
  - transientes Einbringen der Komponenten
  - bei transgenem Einbringen Selektion von Cas-freien Nachkommen
- Nutzung modifizierter Cas Enzyme mit optimierter Präzision
- Genauere Informationen zu Pflanzengenomen



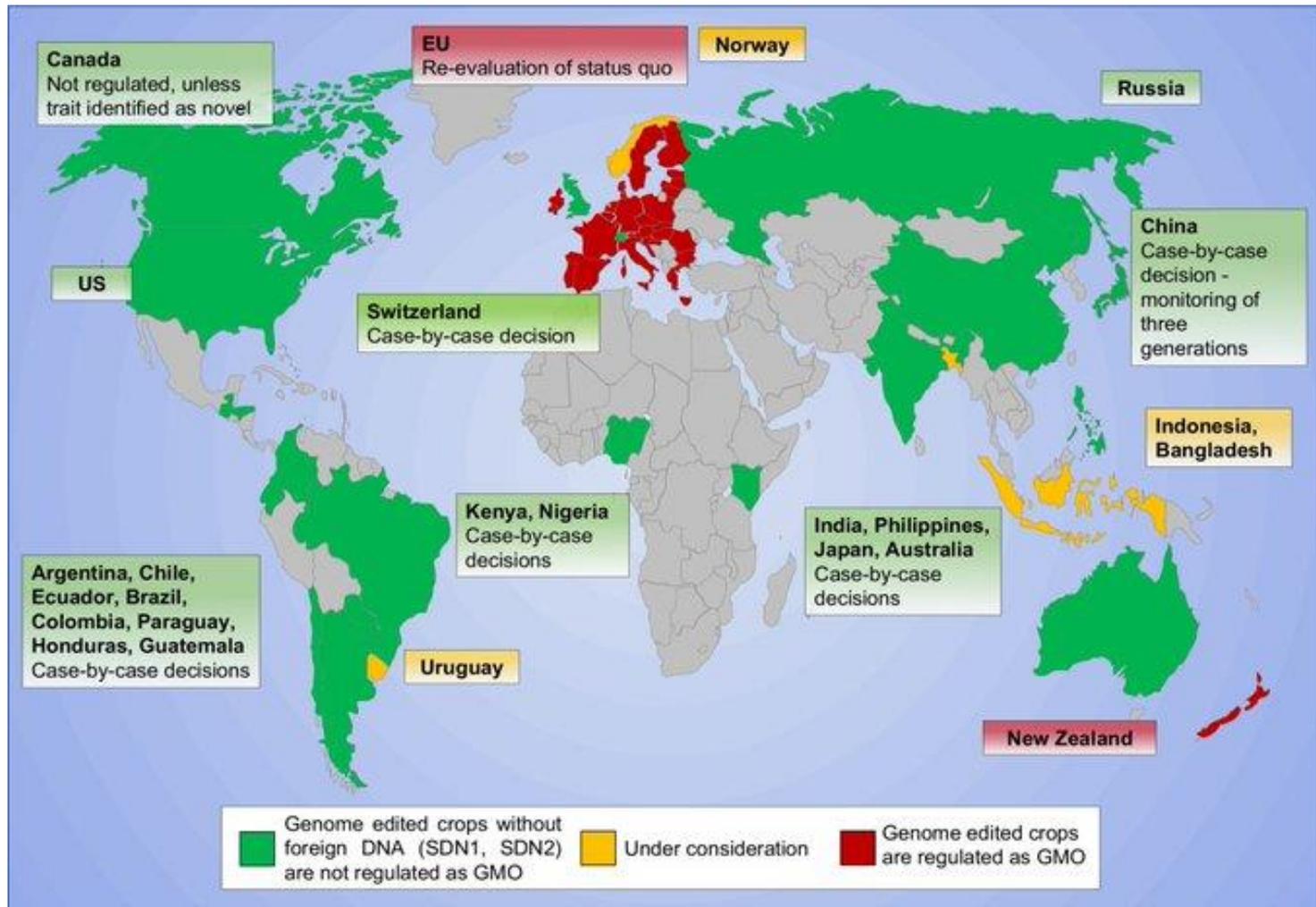
***"Durch Mutagenese gewonnene Organismen sind genetisch veränderte Organismen (GVO) und unterliegen grundsätzlich den in der GVO-Richtlinie\* vorgesehenen Verpflichtungen"***

(\*Richtlinie 2001/18/EG des europäischen Parlaments und des Rates vom 12. März 2001 über die absichtliche Freisetzung gentechnisch veränderter Organismen in die Umwelt)

*Dies bedeutet, dass diese Organismen und daraus gewonnene Erzeugnisse vor dem Inverkehrbringen einer umfassenden Sicherheitsbewertung für Mensch, Tier und Umwelt unterzogen werden müssen. Ebenso müssen sie rückverfolgbar sein und gekennzeichnet werden.*

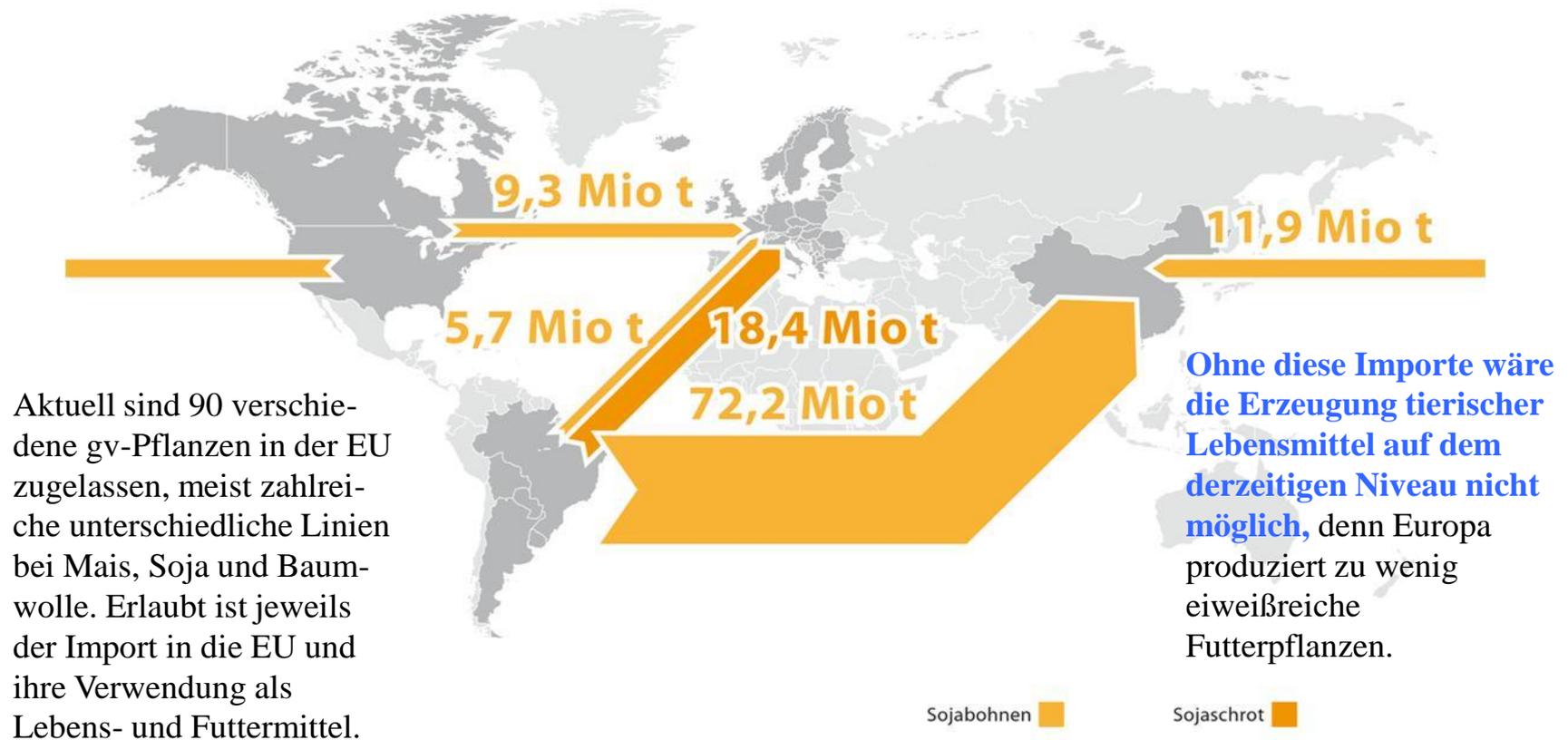
(Anhang IB) **"Von diesen Verpflichtungen ausgenommen** sind aber die mit Mutagenese-Verfahren, die herkömmlich bei einer Reihe von Anwendungen verwendet wurden und seit langem als sicher gelten, gewonnenen Organismen (Anhang IB), wobei es den Mitgliedstaaten freisteht, diese Organismen unter Beachtung des Unionsrechts den in der GVO-Richtlinie vorgesehenen oder anderen Verpflichtungen zu unterwerfen.,,

# Regulierung weltweit



# Futtermittel-Importe in die EU

## Soja: Die großen Handelsströme

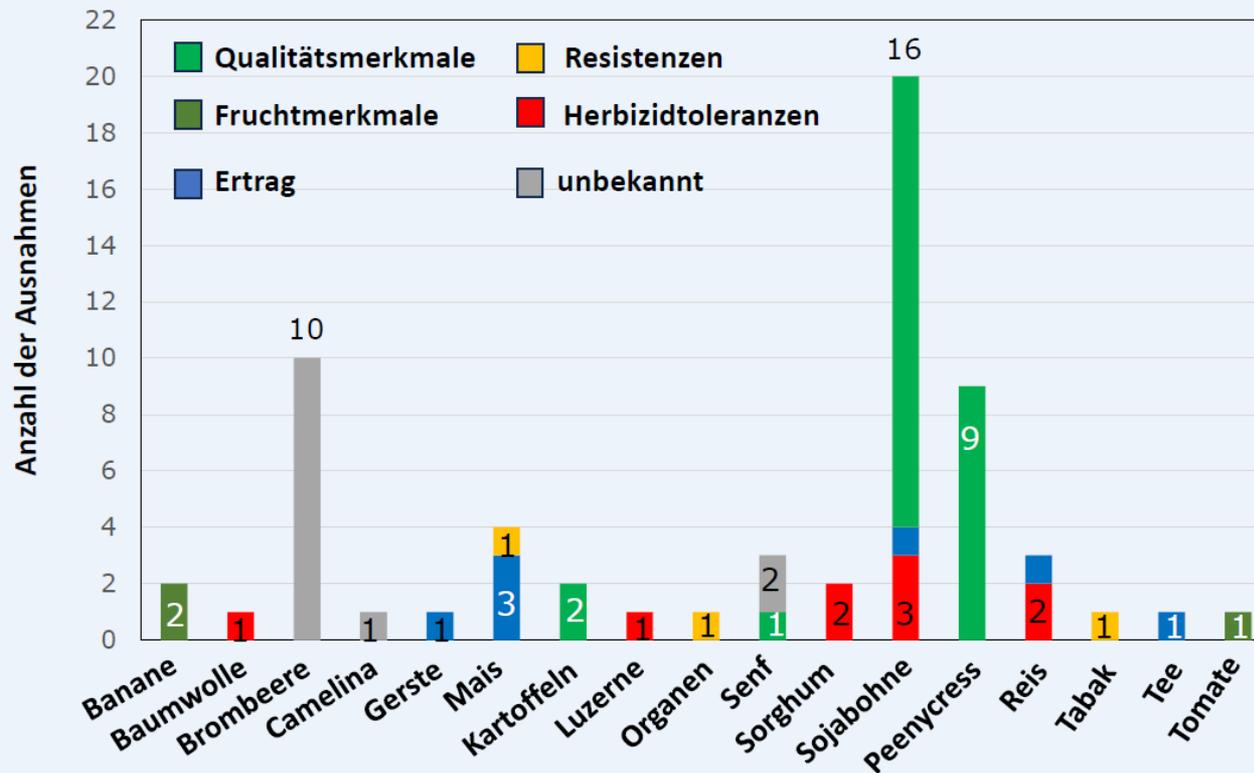




# Anbaugenehmigungen USA

„Am I regulated?“

## USA: USDA-EPA-Genehmigung



# Positionspapiere aus der Wissenschaft



## Endgültiger Entwurf

VBIO e. V. \* Geschäftsstelle Berlin \* Luisenstraße 58/59 \* 10117 Berlin

Herrn Bundesminister  
**Cem Özdemir**

Bundesministerium für  
Ernährung und Landwirtschaft

10115 Berlin

## Kontakt

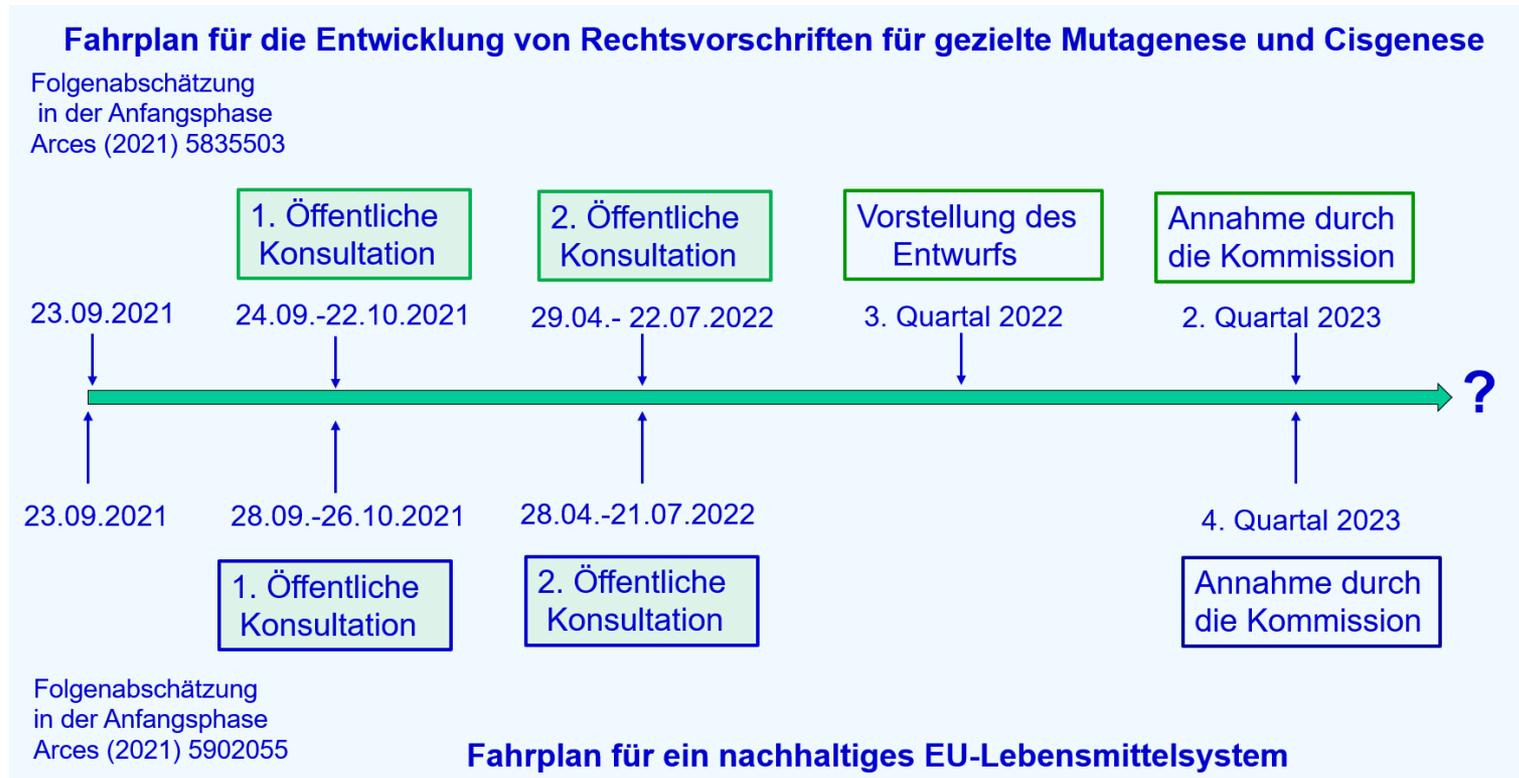
VBIO  
Geschäftsstelle Berlin  
Luisenstraße 58/59  
10117 Berlin  
Tel. 030 27891916  
[berlin@vbio.de](mailto:berlin@vbio.de)

Berlin, den 17. Juni 2022

Sehr geehrter Herr Bundesminister Özdemir,

als Pflanzenwissenschaftler/-innen möchten wir Ihre Aufmerksamkeit auf die neuen genomischen Techniken (NGT) und deren potenziellen Beitrag zur langfristigen Produktivitäts- und damit auch der Ernährungssicherung in Zeiten tiefgreifender Veränderungen auf unserem Planeten richten.

# Initiative für neue Rechtsvorschriften



<https://www.biotech-gm-food.com/zweite-eu-konsultation-zur-regelung-neuer-genomischer-techniken-gezielter-mutagenese>

Die EU-Kommission hat in Ihrer 2021 veröffentlichten Studie die Potentiale der NGT zur Bewältigung zukünftiger Herausforderungen herausgestellt und will im Rahmen eines vorgelegten Fahrplans **gesetzliche Regelungen „an den wissenschaftlichen und technischen Fortschritt anpassen“**.

# Entwurf der Kommission

---



Brussels, 5.7.2023  
COM(2023) 411 final

2023/0226 (COD)

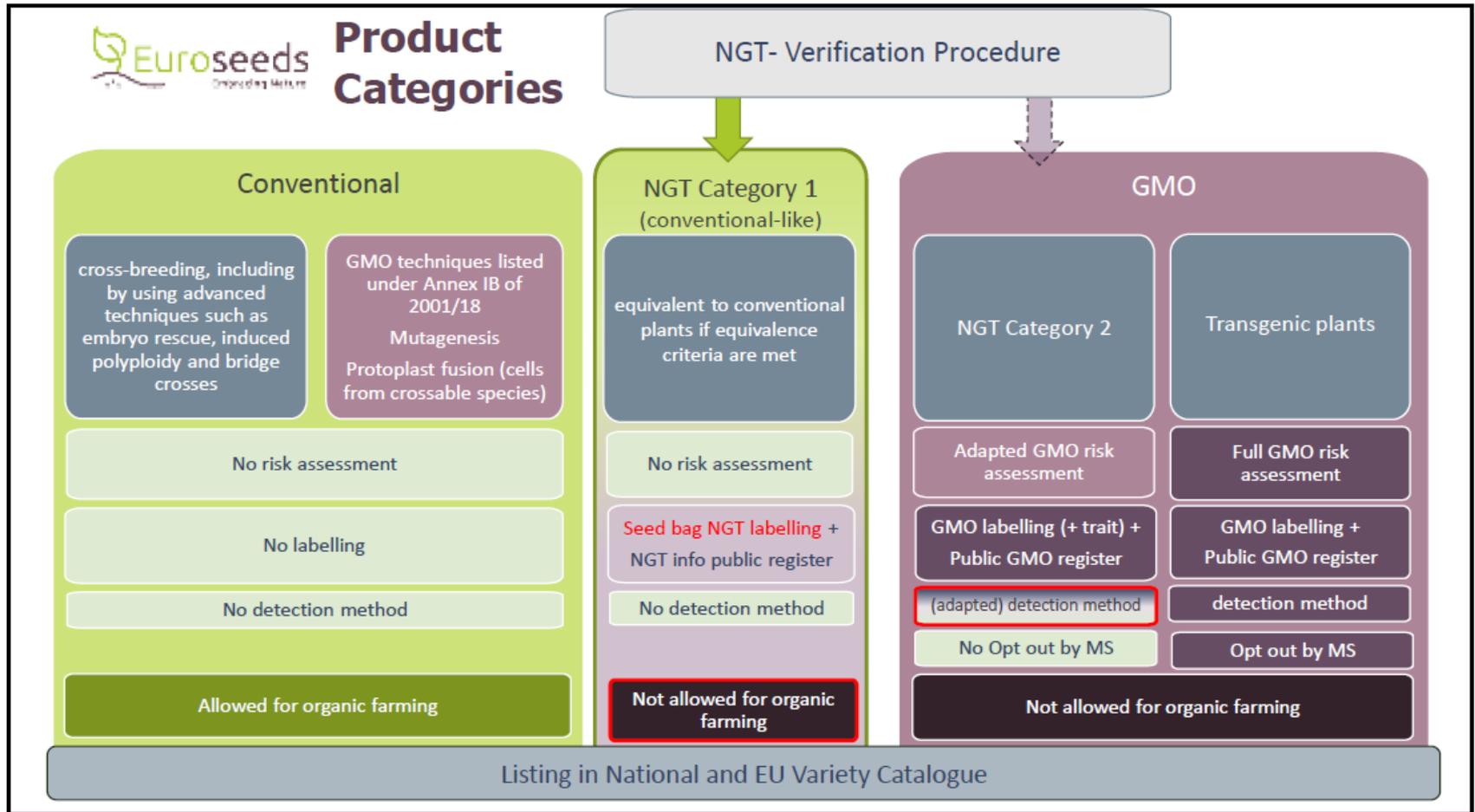
Proposal for a

**REGULATION OF THE EUROPEAN PARLIAMENT AND OF THE COUNCIL**

**on plants obtained by certain new genomic techniques and their food and feed, and  
amending Regulation (EU) 2017/625**

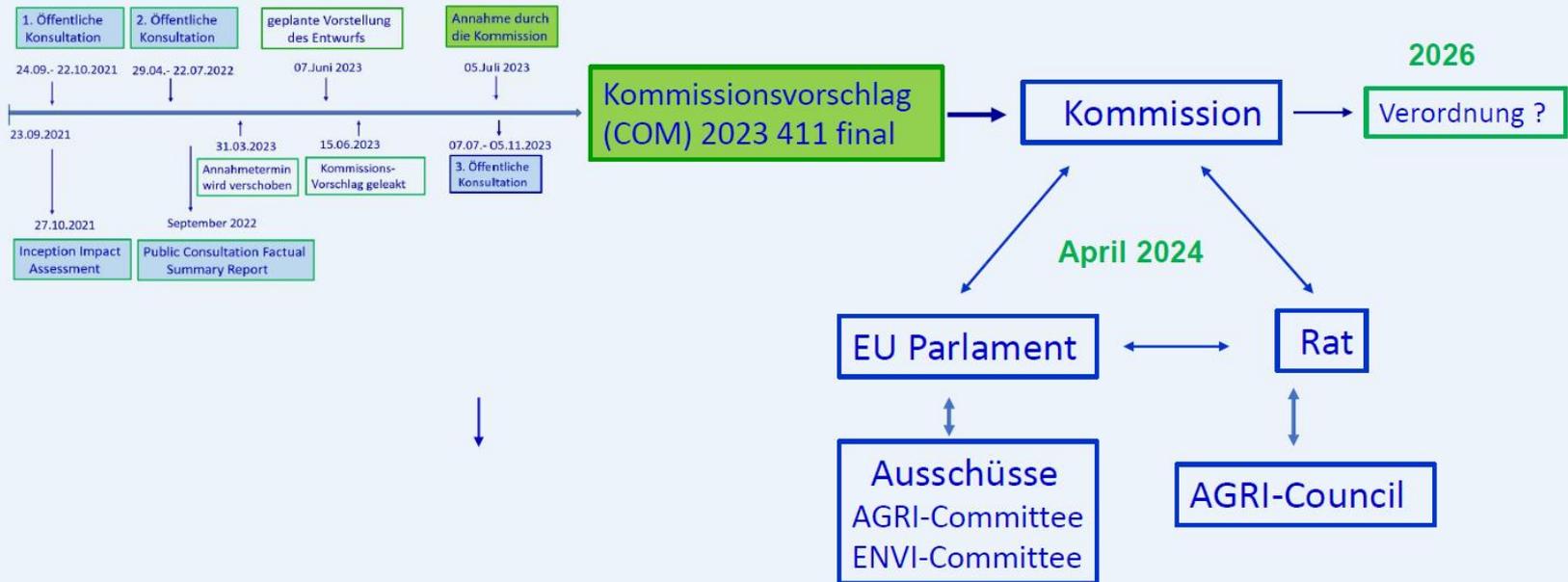
Der Entwurf unterscheidet **zwei Kategorien von Genom-editierten Pflanzen: NBT-1 und NBT-2**. NBT-1 Pflanzen werden als solche definiert, **die auch natürlich hätten entstehen können, die keine artfremden Erbanlagen enthalten** und zudem als substantiell gleichwertig mit konventionell gezüchteten Pflanzen eingestuft werden. Eine genaue Definition findet sich in Annex 1 des Entwurfs. Alle anderen Pflanzen fallen in die Kategorie 2 und unterliegen weiterhin weitgehend den Regularien des Gentechnik Gesetzes. Allein Herbizid-tolerante NGT-Pflanzen sind von beiden Kategorien ausgeschlossen und werden weiterhin wie klassische genveränderte Organismen (GVO) behandelt.

# Entwurf der Kommission

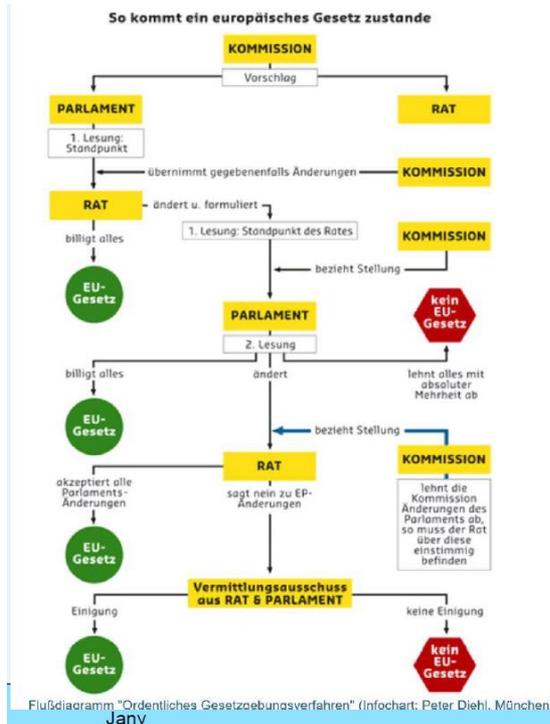


# Weitere Beratungen

## Trilog -Verfahren



# EU Parlament - Änderungsanträge



## Beratungen und Abstimmungen im Parlament

|                |            |                |
|----------------|------------|----------------|
| AGRI-Committee | 11.12.2023 | 34 - 11 - 1    |
| ENVI-Committee | 24.01.2024 | 47 - 31 - 4    |
| EU-Parlament   | 07.02.2024 | 307 - 263 - 41 |

### Wichtigste Änderungsanträge:

- Keine Patentierung von NGT-Pflanzen
- Eindeutige Kennzeichnung
- Rückverfolgbarkeit
- Sicherheitsbewertung

**Rat – AGRI-Council** bislang noch keine  
Stellungnahme (keine qualifizierte Mehrheit für oder  
gegen den Vorschlag)

### Trilog – Verfahren ?

WGG

Das Europaparlament lehnt Patente auf NGT-Pflanzen ab. Allerdings ist dies nicht im Gentechnikgesetz regelbar, sondern dazu muss auf internationaler Ebene das Europäische Patentübereinkommen, die sogenannte „Biopatentrichtlinie“ geändert werden. Im Juli 2024 übernimmt das gentechnikkritische Ungarn die Ratspräsidentschaft und Anfang 2025 folgt das ebenfalls kritische Polen. **Bewegungen im Gesetzgebungsverfahren ist daher erst ab Q III 2025 zu erwarten.**

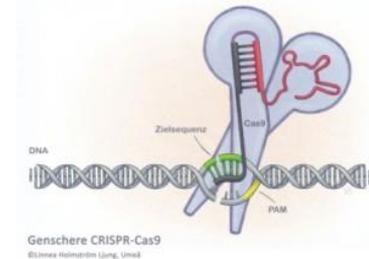
# Genom-editierte Pflanzen auf dem Markt



- GABA-Tomate (erhöhter Gehalt an *Gamma-Amino-Buttersäure*) des Unternehmens *Sanatech Seed*. Anbau: Japan
- GreenVenus<sup>TM</sup>-Salat des US-Unternehmens *Green Venus* (Ausgründung von *Intrexon*). Der Salat hat ein verlängertes *Shelf-life* und zeigt eine verringerte enzymatische Bräunungsreaktion
- Senf mit verbessertem Geschmack (reduzierten Bitterstoffen) von *Pairwise*. Seit 2023 unter dem Markennamen *Conscious<sup>TM</sup> Greens7* in Kanada auf dem Markt
- Mais mit veränderter Stärke (*waxy corn*) von *Corteva*. Der Mais hat Anbauzulassungen in den USA, Kanada, Brasilien, Argentinien, Chile und seit 2023 auch in Japan.
- Herbizidresistenter Mais (Mais DP915635) der Firma *Pioneer*. Vermutlich ist der Mais mind. in den USA bereits im Anbau. Antrag in der EU bezieht sich auf den Import von Mais für die Nutzung als Lebens- und Futtermittel

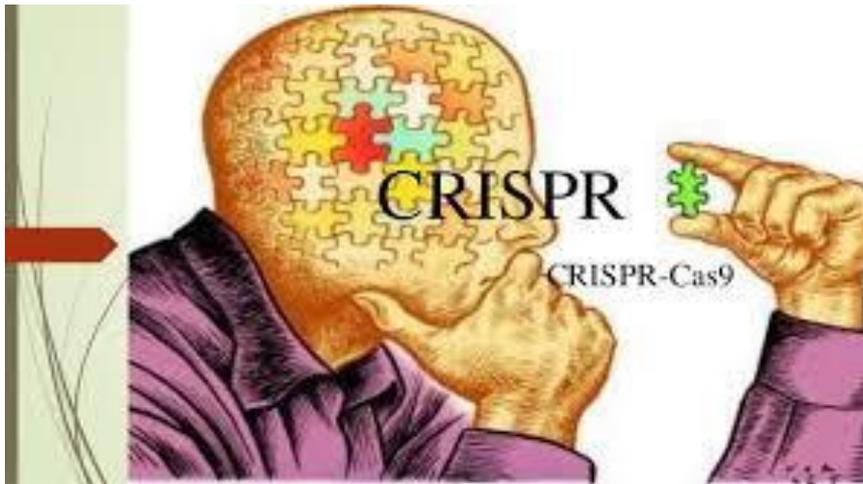
# Kurz vor der Markteinführung

- Luzerne mit reduziertem Lignin-Gehalt (Calyxt)
- Ackerhellerkrauts mit erhöhtem Ölgehalt (*CoverCress Inc.*)
- Raps mit erhöhter Schotenplatzfestigkeit (CIBUS Inc.)
- Raps mit einer Resistenz gegen *Sclerotinia* (CIBUS Inc.)
- Herbizidresistenter Reis (CIBUS Inc.)
- Soja mit einem höheren Proteingehalt, einem optimierten Aminosäureprofil und einem geringeren Gehalt an antinutritiven Faktoren (Corteva)
- Soja mit verschiedenen Traits (darunter Herbizidtoleranz, Resistenz gegen die Südliche Stinkwanze (*Don Mario Semillas*))
- für Tiere besser verdaulichen Soja (*GDM Seeds*)
- Soja mit veränderter Fettsäure (*ToolGen Inc.*)
- Verschiedene Kartoffeln mit einem non-browning Trait, reduziertem Solanin-Gehalt und reduziertem Acrylamid (*ToolGen Inc.*)
- Leindottersorten mit erhöhtem Ölgehalt, früher Reife und Kältetoleranz (*Yiel10 Bioscience*)
- Süsstoff, der aus mittels Genome-Editing veränderten (Wasser-)Melonen gewonnen wird (*Elo Life Sciences*)
- Banane mit non-browning Trait (*Tropic Bioscience*)

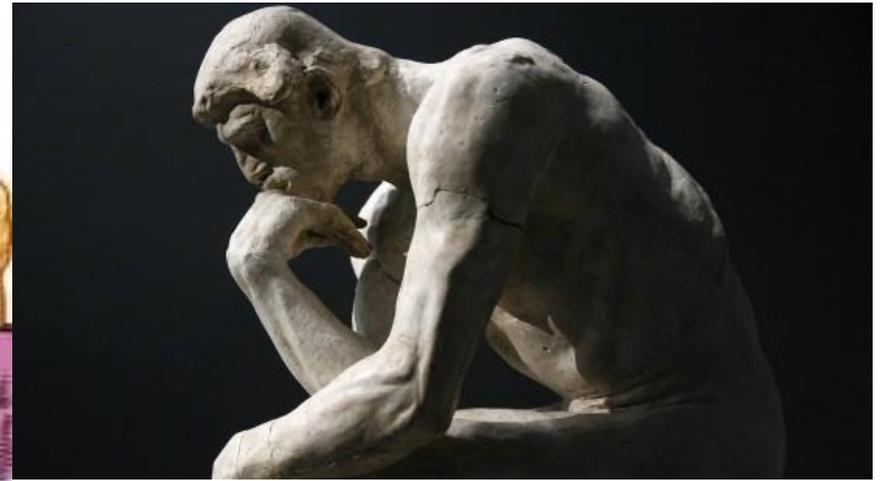


# Der/die Denker.....

---



*Charpentier & Doudna, 2012 ff*



*Auguste Rodin, 1840 - 1917*

*Vielen Dank für Ihre Aufmerksamkeit !*

## Prinzipiell können detektiert werden:

- Größere **bekannte** Sequenzänderungen mittels PCR
- Kurze **bekannte** Sequenzänderungen mittels einer spezifischen Sonde (TaqMan, real-time PCR, digital PCR)
- Sehr kleine (**bekannte**) Änderungen mittels Einzelnukleotid-Polymorphismus (SNP) Genotyping oder gezielte Sequenzierung (z. B. Sanger)
- **Unbekannte** Veränderungen mittels vollständiger Genomsequenzierung (WGS)

| (Crop) plant species        | Haploid genome size (Mb) | Minimum sequence length for theoretical uniqueness in a genome of the respective size (nt) |
|-----------------------------|--------------------------|--|
| <i>Arabidopsis thaliana</i> | 119.67                   | 14   |
| <i>Oryza sativa</i>         | 374.42                   | 15   |
| <i>Solanum tuberosum</i>    | 705.93                   | 15   |
| <i>Brassica napus</i>       | 976.19                   | 15   |
| <i>Glycine max</i>          | 1017.57                  | 15   |
| <i>Zea mays</i>             | 2135.08                  | 16   |
| <i>Triticum aestivum</i>    | 13916.90                 | 17   |

*Grohmann et al., 2019. Detection and Identification of Genome Editing in Plants: Challenges and Opportunities, 10, 236* (Die Komplexität der veränderten Sequenz, die Menge der repetitiven Sequenzen und die Vielfalt der Genome innerhalb einer Art wurden bei Erstellung der Tabelle nicht berücksichtigt.)

**Voraussetzung für WGS:** Das Referenzgenom sollte von der Elternpflanze stammen, da erhebliche Sequenzunterschiede sowohl zwischen verschiedenen Linien einer Art, als auch Ökotypen und Geschwisterpflanzen derselben Eltern zu erwarten sind.

**Begrenzungen von WGS:** WGS ist umso Fehler-anfälliger je größer das Genom ist und je mehr repetitive Sequenzen dieses enthält. Fremde Sequenzen anderer Spezies können auch von Kontaminationen stammen (z. B. Pathogene)

# Was steht an Detektionsmethoden zu Verfügung ?

## Prinzipiell können detektiert werden:

- Größere **bekannte** Sequenzänderungen mittels PCR
- Kurze **bekannte** Sequenzänderungen mittels einer spezifischen Sonde (TaqMan, real-time PCR, digital PCR)
- Sehr kleine (**bekannte**) Änderungen mittels Einzelnukeotid-Polymorphismus (SNP) Genotyping oder gezielte Sequenzierung (z. B. Sanger)
- **Unbekannte** Veränderungen mittels vollständiger Genomsequenzierung (WGS)

| (Crop) plant species        | Haploid genome size (Mb) | Minimum sequence length for theoretical uniqueness in a genome of the respective size (nt) |
|-----------------------------|--------------------------|--|
| <i>Arabidopsis thaliana</i> | 119.67                   | 14   |
| <i>Oryza sativa</i>         | 374.42                   | 15   |
| <i>Solanum tuberosum</i>    | 705.93                   | 15   |
| <i>Brassica napus</i>       | 976.19                   | 15   |
| <i>Glycine max</i>          | 1017.57                  | 15   |
| <i>Zea mays</i>             | 2135.08                  | 16   |
| <i>Triticum aestivum</i>    | 13916.90                 | 17   |

*Grohmann et al., 2019. Detection and Identification of Genome Editing in Plants: Challenges and Opportunities, 10, 236* (Die Komplexität der veränderten Sequenz, die Menge der repetitiven Sequenzen und die Vielfalt der Genome innerhalb einer Art wurden bei Erstellung der Tabelle nicht berücksichtigt.)

**Voraussetzung für WGS:** Das Referenzgenom sollte von der Elternpflanze stammen, da erhebliche Sequenzunterschiede sowohl zwischen verschiedenen Linien einer Art, als auch Ökotypen und Geschwisterpflanzen derselben Eltern zu erwarten sind.

**Begrenzungen von WGS:** WGS ist umso Fehler-anfälliger je größer das Genom ist und je mehr repetitive Sequenzen dieses enthält. Fremde Sequenzen anderer Spezies können auch von Kontaminationen stammen (z. B. Pathogene)

# Einbringen der CRISPR/Cas Komponenten

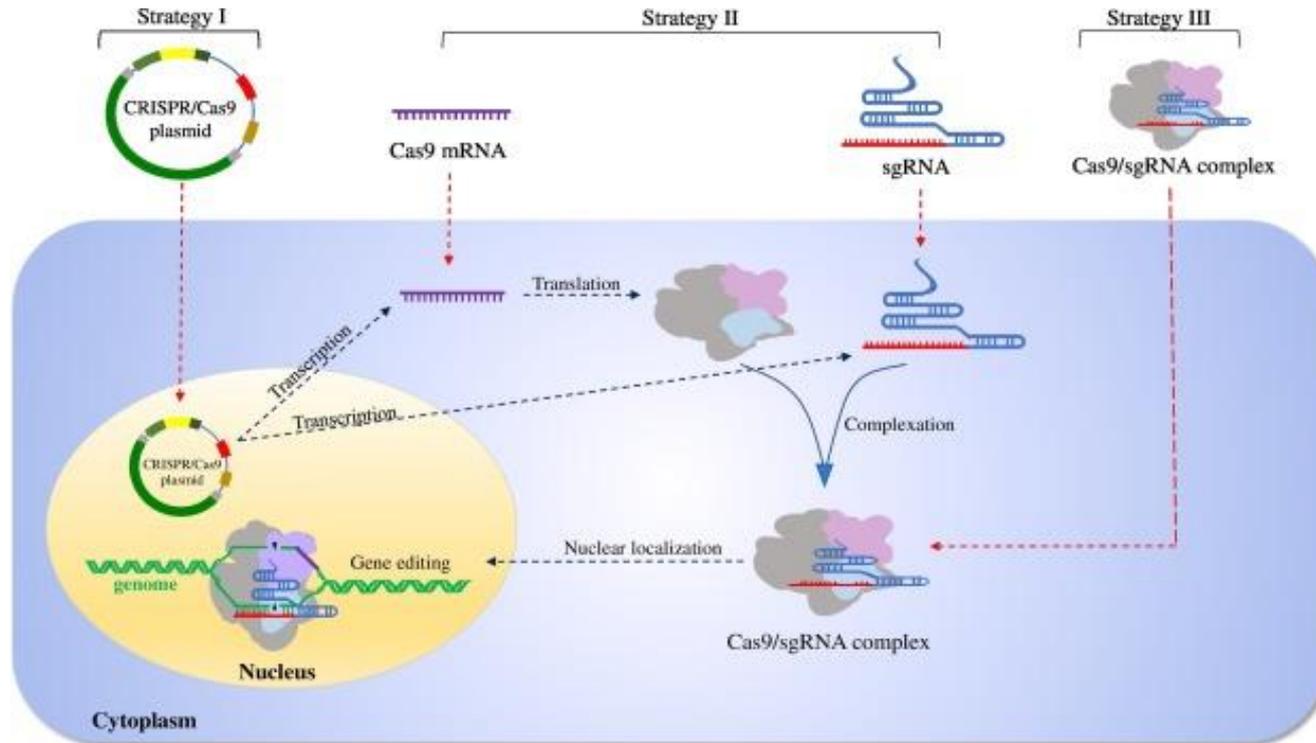


Abb aus: Liu et al., 2017, *Journal of Controlled Release*, 266, 17 - 26

Die Komponenten des CRISPR/Cas Systems können rekombinant mittels „klassischer Getechnik“ eingebracht und in einem weiteren Schritt wieder ausgekreuzt werden (Strategie I) oder die Komponenten werden lediglich transient exprimiert, so dass zu keinem Zeitpunkt eine gv-Pflanze entsteht (Strategie II und III).

## Was steht an Detektionsmethoden zu Verfügung ?

---

### Prinzipiell können detektiert werden:

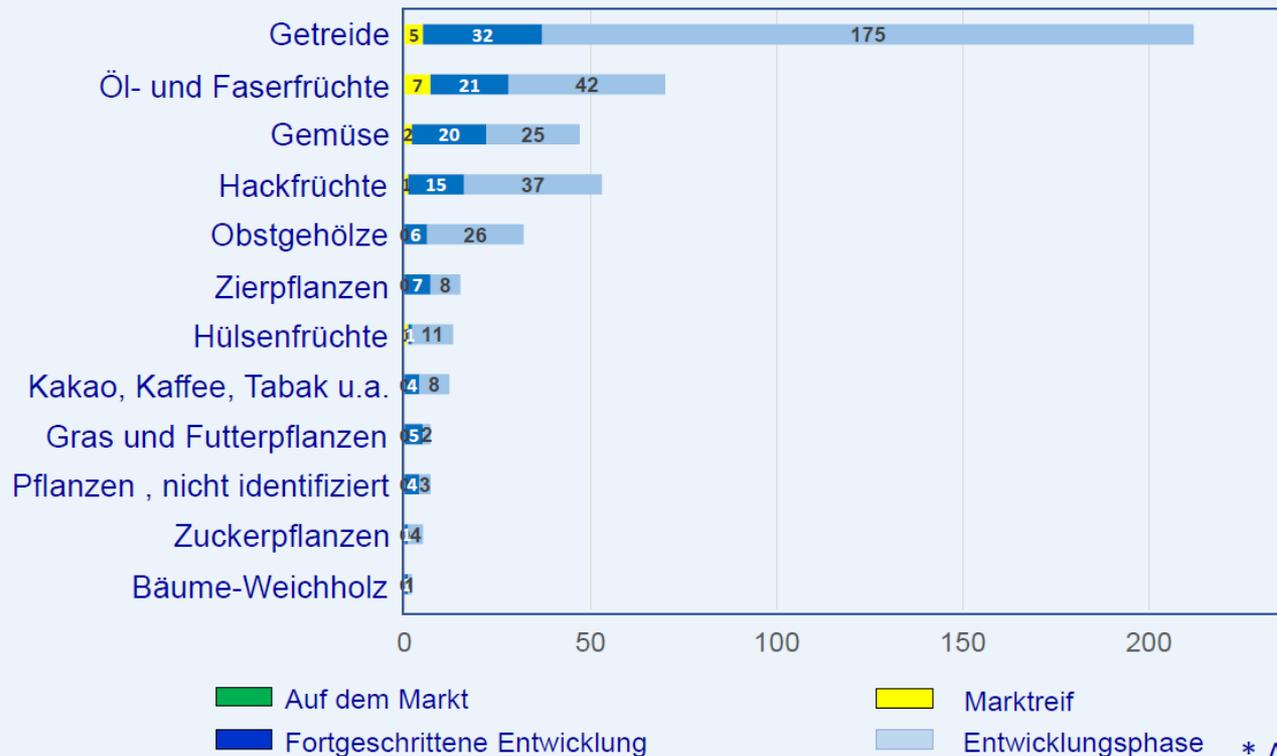
- Größere **bekante** Sequenzänderungen mittels PCR
- Kurze **bekante** Sequenzänderungen mittels einer spezifischen Sonde (TaqMan, real-time PCR, digital PCR)
- Sehr kleine (**bekante**) Änderungen mittels Einzelnukleotid-Polymorphismus (SNP) Genotyping oder gezielte Sequenzierung (z. B. Sanger)
- **Unbekante** Veränderungen mittels vollständiger Genomsequenzierung (WGS)

**Voraussetzung für WGS:** Das Referenzgenom sollte von der Elternpflanze stammen, da erhebliche Sequenzunterschiede sowohl zwischen verschiedenen Linien einer Art, als auch Ökotypen und Geschwisterpflanzen derselben Eltern zu erwarten sind.

**Begrenzungen von WGS:** WGS ist umso Fehler-anfälliger je größer das Genom ist und je mehr repetitive Sequenzen dieses enthält. Fremde Sequenzen anderer Spezies können auch von Kontaminationen stammen (z. B. Pathogene)

# Welche Pflanzen ?

## Genomeditierte Pflanzen\*



# Welche Eigenschaften ?

## Genomeditierte Pflanzen\* - Eigenschaften

