

Ist neue Gentechnik nachweisbar?



Bild: Google Gemini

**Der Nachweis ist lediglich ein politischer Entscheid.
Die Verpflichtung, Nachweisverfahren und Referenzmaterial bereitzustellen,
fördert – wie bereits bei der alten Gentechnik –
die Entwicklung geeigneter Nachweismethoden.**

Firmen müssen derzeit nach dem Gentechnikgesetz ein Nachweisverfahren für NGT-Pflanzen bereitstellen, wenn sie ihre Produkte in Verkehr bringen. Dies würde mit der geplanten Deregulierung wegfallen. Die Begründung, Veränderungen mit neuer Gentechnik (NGT) seien nicht nachweisbar, stimmt jedoch nicht: Für einen Teil der NGT-Pflanzen ist der Nachweis bereits möglich, für den Rest laufen vielversprechende Forschungsprojekte.

Spendenkonto:
IBAN CH07 0900 0000 8000 0150 6

Hottingerstrasse 32, 8032 Zürich
T 044 262 25 63, info@gentechnikfrei.ch
www.gentechnikfrei.ch

Bild: Google Gemini



Wozu braucht es Nachweisverfahren?

Zur:

- **amtlichen Kontrolle der Einhaltung von Bewilligungs- und Kennzeichnungspflichten/von Koexistenzvorschriften** (z. B.: Gibt es Bestandteile von unerlaubten Gentechpflanzen in Produkten? Ist mein Feld mit NGT-Pflanzen kontaminiert?)
- **Aufrechterhaltung gentechnikfreier Produktionsketten** (z. B. Biolandbau)
- **Rückverfolgbarkeit von NGT-Produkten** (u. a. Rückrufaktionen im Falle gesundheitlicher oder umweltrelevanter Risiken)
- **Durchsetzung von Anbaubeschränkungen und -verboten** (z. B. in Landschaftsschutzgebieten (Art. 8 Abs. 2 Bst. f FrSV))
- **Durchführung von Monitoring bewilligter NGT-Pflanzen nach der Zulassung/Monitoring nach unbewilligter NGT in der Umwelt**
- **Erleichterung des internationalen Handels**
- **Stärkung des Vertrauens der Öffentlichkeit in NGT-Lebensmittel**

Was muss ein Nachweisverfahren können?

Q Quantifizierung

der vorhandenen Menge an NGT-Material

I Identifizierung

der Pflanze als NGT-Produkt

N Nachweis

der durch NGT erzeugten gentechnischen Veränderung

Welche Nachweisverfahren stehen bereits zur Verfügung?

Für Nachweis, Identifikation und Quantifizierung stehen mehrere moderne analytische Methoden zur Verfügung, die einzeln oder kombiniert eingesetzt werden können.

Die drei wichtigsten sind:

DNA-Vermehrungstechniken

- | | |
|---|--|
| • quantitative PCR (qPCR): | routinemässig bei Kontrolle angewendet |
| • digitale PCR (dPCR): | neuer, präziser |
| • Schleifen-vermittelte Amplifikation (LAMP): | Basis künftiger, neuartiger und tragbarer Tools, für Identifizierung vor Ort |
| • Rekombinase-Polymerase-Amplifikation (RPA): | |

Next Generation Sequencing (NGS)

- | | |
|---------------------------------|--|
| • zielgerichtete Sequenzierung: | -Hochdurchsatz-Analyse von DNA
-sequenziert eine vordefinierte Region des Erbguts
-noch nicht reif für Routineanwendung: teuer, Fachwissen und Bioinformatik-Infrastruktur erforderlich, fehlende Harmonisierung |
| • Ganzgenomsequenzierung: | Sequenzierung des vollständigen Erbguts |

CRISPR-basierte Methoden

- | | |
|----------------------------|--|
| • Genschere Cas12 & Cas13: | -relativ neu, vielversprechend
-schneiden Zielsequenz und DNA-Sonden gleichzeitig
-Erhöhung der Sensitivität durch Kombination mit Vermehrung der Ziel-DNA |
|----------------------------|--|

Wo steht die Entwicklung von Nachweisverfahren?

Für einen Teil:

**Nachweis (N)
Identifizierung (I)
und Quantifizierung (Q) bereits möglich**
(z. B. für den Wachsmais von Corteva und die
Calyno Sojabohne von Calyxt)

Für den Rest:

zurzeit
**nur Nachweis
und Quantifizierung** möglich (z. B. Falco-
Raps/Cibus, GABA-Tomate/Sanatech)

An Identifizierungsmethoden wird intensiv ge-
forscht.
Diese entstehen aus der Kombination neuarti-
gen analytischen Ansätzen mit nicht-analyti-
scher Methoden wie Blockchain, Webcrawler
oder KI.

Misserfolge bei der Identifizierung:

vor allem bei kleinen Veränderungen ist die
**Unterscheidung von Ergebnissen natürlicher
Prozesse erschwert** (Mutation, Züchtung),
ABER nicht unmöglich!

- Einzelnukleotid-Varianten (Single Nu-
cleotid Variants, SNV: Veränderung
an genau einer Stelle der DNA, von
nur einem Baustein)
 - kurze InDels (Einfügung oder Lö-
schung von wenigen DNA-Baustei-
nen): Unterscheidung von Ergebnis-
sen natürlicher Prozesse (Mutation,
Züchtung) erschwert
- ⇒ **Lösung:** Erprobung neuer An-
sätze/Hinzuziehen nicht-analytischer
Daten und Informationen sind im
Gange.

Spendenkonto:
IBAN CH07 0900 0000 8000 0150 6

Hottingerstrasse 32, 8032 Zürich
T 044 262 25 63, info@gentechnikfrei.ch
www.gentechnikfrei.ch

Welche Ansätze gibt es für die Identifizierung?

Nutzung genetisch gekoppelter Marker

Untersuchung von off-target-Veränderungen zusätzlich zur gezielt veränderten Sequenz

Voraussetzung: kleine off-target-Veränderungen (SNV, InDels) müssen in der Nähe der Zielsequenz und damit genetisch gekoppelt sein
=> **Muster ist spezifisch für die NGT-Pflanze und kann nachgewiesen werden**

Genetische Fingerabdrücke (Fingerprints)

Verwendung von einzigartigen DNA-Signaturen, um eine bestimmte Sorte von anderen zu unterscheiden und zu identifizieren

Werden für Sorten- und Patentschutz sowie bei Sortenzulassungen (DUS-Prüfung) ermittelt

- ⇒ Basiert auf der Analyse spezifischer, hochvariabler DNA-Regionen, die für die jeweilige Sorte charakteristisch sind.
- ⇒ Eine Voraussetzung für das Gelingen des „Fingerabdruck“-Verfahrens ist die Verfügbarkeit eines Pan-Genoms (siehe unten).

Laut einer Machbarkeitsstudie (2025) an einem CRISPR-Reis, kann die Methode ein mit CRISPR erzeugter Veränderung eines einzelnen Nukleotids als NGT-Produkt identifizieren.

Probabilistische Analyse

NGT-erzeugte Veränderungen treten in der Natur nicht mit gleich hoher Wahrscheinlichkeit auf. Statistische und bioinformatische Methoden können einschätzen, ob Gentechnik im Spiel war.

z. B.
-**Herbizidresistenter Falco-Raps (Cibus):** erzeugte SNV kann auch natürlich auftreten
-**Calyno-Soja (Calyxt):** unwahrscheinlich, dass die zwei längeren NGT-Deletionen natürlicherweise an der gleichen Stelle vorkommen

Nutzung des Sortenkatalogs

Auf zwei Ebenen:
1. **Überprüfen bestimmter Sorten** anhand des Katalogs
2. Bei der Sortenzulassung (DUS-Prüfung) erfasste **phänotypische Eigenschaften als mögliche Unterscheidungsfaktoren**

Künstliche Intelligenz (KI)

1. **Entwicklung von Suchalgorithmen** und KI-Skripte, um DNS-Sequenzen/Regionen zu ermitteln, die als genetische Fingerabdrücke dienen können (s. o.)
2. **Entwicklung von KI-Modellen**, um die Identität der NGT-Produkte in einer Probe zu bestimmen
3. **Entwicklung von Algorithmen für wissensbasierte Screening-Tools**, um unbekannte NGT-Organismen identifizieren zu können

Blockchain-Technologie Web-Crawler

Technologien zur automatisierten Webdurchsuchung/Textanalyse, um Infos über NGT zu sammeln, um sie anschliessend von Data-Mining-Systems systematisch analysieren zu lassen

Pan-Genome

Decken einen Grossteil der natürlichen genetischen Diversität einer Art ab. Es gibt sie für immer mehr Kulturarten. Gemeinsam mit anderen Daten können sie mittels bioinformatischer Methoden analysiert werden, um zu entscheiden, ob eine Variation natürlich oder gentechnisch entstanden ist.

Spendenkonto:
IBAN CH07 0900 0000 8000 0150 6

Hottingerstrasse 32, 8032 Zürich
T 044 262 25 63, info@gentechfrei.ch
www.gentechfrei.ch

Wer ist für die Entwicklung von NGT-Nachweisverfahren zuständig?

Schweiz

Wer?	Aufgabe
Entwickler:innen von NGT-Pflanzen	müssen den Behörden Nachweisverfahren vorlegen, wenn sie NGT-Pflanzen im Versuch freisetzen oder als Saatgut, Lebens- oder Futtermittel in Verkehr bringen wollen (<i>Art. 38 Abs. 2 Bst. e, Art. 47 Abs. 3, Art. 48 Abs. 5 FrSV, Anhang 1 VGVL</i>)
Bund und Kantone	-verantwortlich für die Überwachung der Einhaltung von GVO-Vorschriften -müssen gemeinsam dafür sorgen, dass geeignete Nachweismethoden für NGT-Pflanzen zur Verfügung stehen



Bereich	Zuständig für Kontrollen	GVO-Referenzlabor
Lebensmittel	Kantone	METAS
Futtermittel	Agroscope	Agroscope
Saat- und Pflanzgut	Bundesamt für Landwirtschaft	Agroscope
Umwelt	Bundesamt für Umwelt & Kantone	Kantonales Laboratorium Basel-Stadt

EU

Wer?	Aufgabe
Entwickler:innen von NGT-Pflanzen	müssen den Behörden Nachweisverfahren vorlegen, wenn sie ihre Produkte versuchsweise freisetzen oder als Saatgut in Verkehr bringen (<i>Annex III RL 2001/18/EG</i>) oder als Lebens- und Futtermittel vermarkten wollen (<i>Art. 5 Abs. 3, Art. 17 Abs. 3 VO 1829/2003 und Art. 8 DVO 503/2013</i>)
Behörden der EU-Länder	verantwortlich für die Durchführung von GVO-Kontrollen (<i>VO 2017/625</i>)
Europäische Netzwerk der GVO-Laboratorien (ENGL) und EU-Referenzlaboratorium für GV-Lebens- und Futtermittel (EURL GMFF)	wichtige Rolle bei der Entwicklung, Normung und Validierung von NGT-Nachweisverfahren

Was tun Behörden für die Entwicklung von Nachweisverfahren für NGT-Pflanzen?

- **2010er Jahre:** Hinweis auf Schwierigkeiten beim Nachweis von NGT-Pflanzen Anfangs 2010er Jahre (Arbeitsgruppe NTWG 2011 und Gemeinsame Forschungsstelle der EU)
 - **Folge:** Haltung, dass Nachweisbarkeits- und Identifizierbarkeitsprobleme grösstenteils nicht lösbar seien, setzt sich durch
- **2020er Jahre:** Anfang konstruktiver Auseinandersetzung mit den Herausforderungen, Behörden testen innovative Analysemethoden und nicht-analytische Ansätze.

Schweiz

Durchführende	Wann	Ziel
Kantonales Laboratorium Basel-Stadt	2018	Machbarkeitsstudie im Auftrag des BAFU
	2019	Teilnahme an einer Arbeitsgruppe zu NGS-basierten Nachweiserfahren des deutschen Bundesamts für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit (BVL)
Universität Neuchâtel	2019-2023	ARAMIS-Projekt zur Etablierung von NGS als Nachweismethode (finanziert durch das BLW)
Eidgenössisches Institut für Meteorologie und Bundesamt für Lebensmittelsicherheit und Veterinärwesen (BLV)	2022-2024	Teilnahme an einem internationalen Projekt zur Beurteilung der Anwendbarkeit der von NGOs finanzierten Nachweismethode für den NGT-Falco-Raps von Cibus

- ! bislang keine Projekte zur Entwicklung von Nachweisverfahren im mit 10 Millionen Franken hochdotierten Nationale Forschungsprogramm „Innovationen in der Pflanzenzüchtung“ (NFP 84)

EU

Besonders aktiv: Belgien, Norwegen, Deutschland

- **Mehrere Projekte finanziert durch Behörden** für die Entwicklung qPCR-, dPCR- und/oder NGS-basierter Nachweisverfahren:
 - **Detect** und **RapsNMT** (Deutschland): Testen der Nutzung genetisch gekoppelter Marker für die Identifizierung
 - Entwicklung Nachweismethoden speziell für NGT-Pflanzen, die ausserhalb der EU bereits verkehrsfähig sind (Deutschland)
 - Grossprojekte **Darwin** und **Detective** (finanziert durch die EU-Kommission, Start 2024, viel Geld: 11 Millionen Euro): Entwicklung moderner analytischer Methoden und Testen nicht-analytischer Ansätze wie KI, Blockchains oder Web-Crawler

Projektname	Land	Dauer	Budget (€)	Sponsor	Durchführende
Detect GMO	EU	2020	k.A.	Greenpeace, VLOG	HRI, Somagenics
GenEdit	BE	2020-2023	300'000	FPS Health	Sciensano
FoodPrint	NO	2020-2025	1 Mio.	RCN	Norce
NFDGMO	CH	2021-2023	200'000	BLW	unine
§28-GenTG-AG	DE	laufend	k.A.	BVL/Bundesländer	BVL/Bundesländer
Detect	DE	2021-2023	478'000	BMLEH	IPK, Impetus Bioscience
RapsNMT	DE	2021-2023	345'000	BMLEH	CAU, Planton
Darwin	EU	2024-2027	5 Mio.	EU	Norce, VLOG, IFOAM, ANSES, Sciensano u.w.
Detective	EU	2024-2027	6,6 Mio.	EU	SLU, AGES, BVL, LGL, Euroseeds, unine u.w.

Abkürzungen: AGES: Österreichische Agentur für Gesundheit und Ernährungssicherheit; ANSES: Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation, de l'environnement et du travail; BLW: Bundesamt für Landwirtschaft; BMLEH: Bundesministerium für Landwirtschaft, Ernährung und Heimat; BVL: Bundesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit; CAU: Christian-Albrechts-Universität; HRI: Health Research Institute; IFOAM: Internationale Vereinigung der ökologischen Landbaubewegungen; IPK: Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung; k.A.: keine Angaben gefunden; LGL: Bayerische Landesamt für Gesundheit und Lebensmittelsicherheit; NGFDGMO: Next-generation framework for the detection of genetically modified organisms; RCN: Research Council of Norway; VLOG: Verband Lebensmittel ohne Gentechnik

Können unbewilligte NGT-Pflanzen nachgewiesen werden?

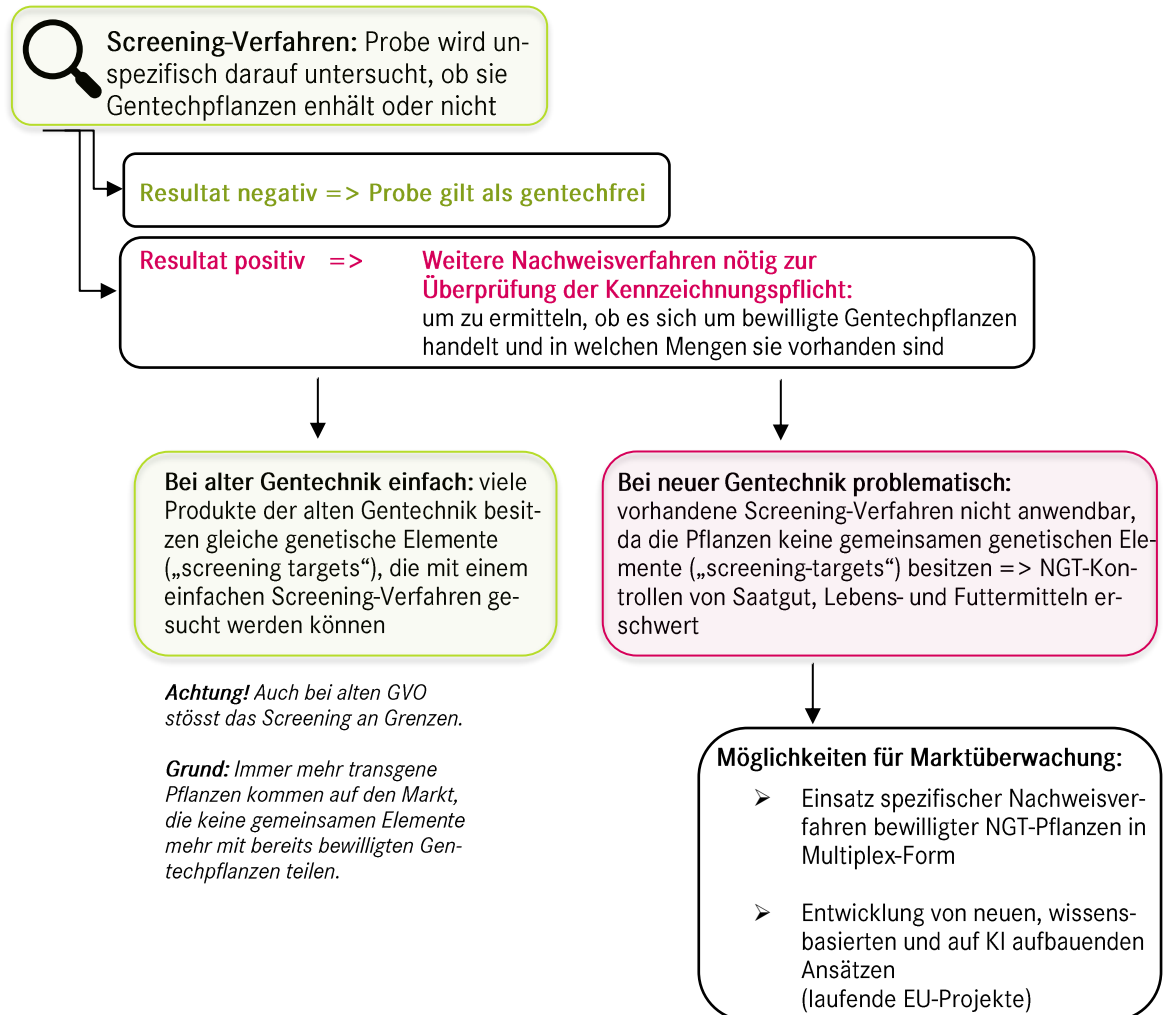
Nimmt die Vermarktung von NGT-Pflanzen weltweit zu, steigt die Wahrscheinlichkeit, dass hierzulande unbewilligte NGT-Pflanzen via Importe in die Schweiz gelangen.

Vorgehen	Ziel
Mit Kooperation der Herstellerfirmen:	
Veröffentlichung von Sequenzinformationen und Referenzmaterial vermarkteter NGT-Pflanzen (z. B. in einem weltweiten Register)	Beitrag zur Entwicklung von Nachweisverfahren
Ohne Kooperation:	
Hinzuziehen von Patentschriften	Erhalt der für Nachweisverfahren notwendigen Sequenzinformationen
Herstellung von synthetischen Plasmiden , die die veränderten Sequenzen der NGT-Pflanzen enthalten	Einsatz als Ersatz für das Referenzmaterial
Umkehr der Beweislast: auch das Nichtvorhandensein von NGT-Pflanzen soll nachgewiesen/gekennzeichnet werden	Importeur:innen zwingen, dass sie sorgfältig arbeiten und durch ein System der Rückverfolgbarkeit das Risiko von Kontamination mit NGT-Produkten in ihrer Lieferkette senken

Die Lobbybehauptung, unbewilligte NGT-Pflanzen in Importen seien nicht nachweisbar ist irreführend.

Welche Probleme tauchen beim Screening nach NGT-Pflanzen auf?

Ablauf der Kontrolle:



Achtung! Auch bei alten GVO stösst das Screening an Grenzen.

Grund: Immer mehr transgene Pflanzen kommen auf den Markt, die keine gemeinsamen Elemente mehr mit bereits bewilligten Gentechpflanzen teilen.

Neu: Screening bei Freisetzungsvorversuchen mit CRISPR-Gerste in der Schweiz ermöglichen:

Auf der Protected Site von Agroscope läuft zurzeit (2024-2026) der erste Schweizer Freisetzungsvorversuch mit einer NGT-Pflanze (CRISPR CKX2-Knockout-Gerste). Nachweisverfahren müssen im Zulassungsverfahren vorgeschlagen werden, um Auskreuzungen/unbeabsichtigte Verbreitungen ermitteln zu können.

- **Nachweisverfahren wie von Agroscope im Zulassungsverfahren vorgeschlagen:**
Kombination aus PCR und zielgerichteter NGS, bei der die Sequenz des mutierten Genabschnitts erst vermehrt und dann sequenziert wird
- Vom **Bundesamt für Umwelt (BAFU)** abgelehnt, da **ungenügend**
- Nachliefern von charakteristischen Sequenzen der Zielgene und deren flankierenden Regionen verlangt

Wie werden Fremdgenrückstände aus dem Herstellungsprozess aufgespürt?

Ausgangslage: Bei der Herstellung von NGT-Pflanzen wird oft artfremde DNA eingeführt (Transgene). Diese müssen vor der Marktlancierung entfernt werden, damit die Produkte als NGT gelten. Es muss nachgewiesen werden, dass die Pflanzen transgenfrei sind.

Um welche transgenen Sequenzen („Fremdgene“) geht es?

Zu den transgenen Sequenzen gehören:

- Sequenzen die für das Schneideenzym (Cas-Protein)
- oder für das dazugehörige Leitmolekül (gRNA, guide-RNA) kodieren
- Sequenzen aus dem zum Einschleusen der Genschere verwendeten Vektor

Möglichkeiten zum Nachweis: mit zielgerichteter NGS oder PCR in einigen Ländern

Problem:

- Absenz von Fremd-DNA lässt sich damit nicht zweifelsfrei beweisen
- NGT-Pflanzen mit Transgenrückständen können auf den Markt und als Beimischungen in Agrarlieferungen in die Schweiz gelangen

Es braucht neue Nachweisverfahren, mit denen sich transgene Sequenzen entdecken lassen, die im Genom der Pflanzen verbleiben können. Bisher sind erst Nachweisverfahren für das gRNA-Gerüst und CRISPR-basierte Genschere wie Cas9 und Cpf1 vorgestellt worden.

Gibt es Nachweisverfahren für NGT-Tiere und -Mikroben?

Die Zahl der NGT-Anwendungen nimmt weltweit auch bei Tieren und Mikroorganismen zu. In Japan, Brasilien und den USA etwa gibt es bereits zugelassene tierische und/oder mikrobielle NGT-Produkte. Da die mit NGT erzeugten Tiere und Mikroben meistens kleine Veränderungen wie SNVs oder InDels aufweisen, sind auch hier neue, geeignete Nachweisverfahren zu entwickeln.

Forschungsprojekte sind spärlich:

- Erste wissenschaftliche Publikation dazu Mitte 2025 (China):
mit einer 11 Basenpaar-Deletion im Myostatin-Gen bei Rindern wird gezeigt, dass Nachweis und Quantifizierung mit dPCR möglich sind.
- Arbeitsgruppe „New Mutagenesis Techniques“ ENGL:
Entwicklung von Nachweisverfahren für NGT-Tiere und -Mikroorganismen
- EU-Projekt *Detective* (gestartet 2024):
Entwicklung von Methoden für Nachweis, Identifizierung und Quantifizierung tierischer NGT-Produkte

Spendenkonto:
IBAN CH07 0900 0000 8000 0150 6

Hottingerstrasse 32, 8032 Zürich
T 044 262 25 63, info@gentechfrei.ch
www.gentechfrei.ch

Bild: Google Gemini



Quellen

Bonfini L 2023 In silico proposal of screening strategies for detecting EU authorised GMOs. European Commission, Ispra, JRC131782. https://gmo-crl.jrc.ec.europa.eu/doc/JRC127110_finalwebscreening_v10.pdf

Bonfini L et al. 2025 A duplex sequencing approach for high-sensitivity detection of genome-edited plants. *Food Chemistry: Molecular Sciences*, 100278.

Broll H et al. 2025 Current status and trends in the analysis of GMO and new genomic techniques. *Journal of Consumer Protection and Food Safety*, 1-4.

Burns M, Nixon G 2023 Literature review on analytical methods for the detection of precision bred products. Food Standards Agency (FSA). <https://www.food.gov.uk/print/pdf/node/20026>

Cai D et al. 2023 Implementation der Next Generation Sequencing (NGS) Technologie zum gezielten Nachweis genomeditierter Rapspflanzen und derer Produkte (Raps-NMT). <https://www.wggev.de/wp-content/uploads/Abschlussbericht-Raps.pdf>

Chi J et al 2024 A platform for precise quantification of gene editing products based on microfluidic chip-based digital PCR. *Analytical Methods*, 16(28), 4783-4793.

DARWIN 2025 <https://darwin-ngt.eu>

Ding L et al. 2023 Qualitative and quantitative detection of CRISPR-associated Cas gene in gene-edited foods. *Foods*, 12(19), 3681.

EC 2021 Study on the status of new genomic techniques under Union law and in light of the Court of Justice ruling in Case C-528/16. European Commission, Commission staff working document SWD 92 final. https://food.ec.europa.eu/document/download/5135278b-3098-4011-a286-a316209c01cd_en?file-name=gmo_mod-bio_ngt_eu-study.pdf

Edelmann et al 2024 Does DNA extraction affect the specificity of a PCR method claiming the specific detectability of a genome-edited plant?. *GM Crops & Food*, 15(1), 352-360.

ENGL 2023 Detection of food and feed plant products obtained by targeted mutagenesis and cisgenesis, European Network of GMO Laboratories, Publications Office of the European Union, Luxembourg, 2023. https://gmo-crl.jrc.ec.europa.eu/doc/JRC133689_kjna31521enn.pdf

Fraiture MA et al. 2022 ddPCR strategy to detect a gene-edited plant carrying a single variation point: Technical feasibility and interpretation issues. *Food Control*, 137, 108904.

Fraiture MA et al. 2023 Targeted high-throughput sequencing enables the detection of single nucleotide variations in CRISPR/Cas9 gene-edited organisms. *Foods*, 12(3), 455.

Frango A 2025 Rapid and specific colorimetric assay for detecting CRISPR-Cas9 in genome-edited plants using loop-mediated isothermal amplification. *Food Analytical Methods*, 1-9.

Frango A et al. 2025 Fluorescence assay for specific detection of the CRISPR-associated Cas9 gene in genome-edited plants via loop-mediated isothermal amplification with thioflavin T. Preprint
<https://doi.org/10.21203/rs.3.rs-6755049/v1>

Gatto F et al. 2023 Definition of minimum performance requirements for analytical methods of GMO testing part 2 (No. KJ-NA-31-470-EN-N). Publications Office of the European Union.

Grohmann L et al. 2019 Detection and identification of genome editing in plants: challenges and opportunities. *Frontiers in Plant Science*, 10, 236.

Gürtler P 2023 Evaluation of methods for the unequivocal identification of the single-mutations derived from NGT. Presentation at the International Conference on GMO Analysis and New Genomic Technique. BfR-Academy. <https://www.bfr-akademie.de/media/wysiwyg/2023/GMO2023/evaluation-of-methods-for-the-unequivocal-identification-of-single-mutations-derived-from-NGT.pdf>

Gürtler P et al. 2023 Detection of commercialized plant products derived from new genomic techniques (NGT)-Practical examples and current perspectives. *Food Control*, 152, 109869.

Heinz S et al. 2025 Development and in-house validation of two real-time PCR methods for the detection of genome-editing events in soybean FAD2 gene variants. *Journal of Consumer Protection and Food Safety* 20: 53 – 62.

Hubar-Kołodziejczyk A et al. 2025 Regulatory Requirements for the Identification,

Detection and Quantification of Gene-Edited Products in Light of the (R) evolution of New Genomic Techniques: State of the Art and Prospects for Changes. *European Journal of Risk Regulation*, 1-17.

Kumlehn J et al. 2023 Machbarkeitsstudie zu Nachweis- und Identifizierungsverfahren für genomeditierte Pflanzen und pflanzliche Produkte (DETECT).
<https://www.wggev.de/wp-content/uploads/Abschlussbericht-Gerste.pdf>

Lusser M et al. 2011 New plant breeding techniques. State-of-the-art and prospects for commercial development. <https://publications.jrc.ec.europa.eu/repository/handle/JRC63971>

NTWG 2011 New Techniques Working Group – Final Report. https://www.keinegentechnik.de/fileadmin/files/Infodienst/Dokumente/2011_Report_of_the_Working_Group_on_New_Techniques_Final.pdf

Peng C et al. 2020 Accurate detection and evaluation of the gene-editing frequency in plants using droplet digital PCR. *Frontiers in Plant Science*, 11, 610790.

Potthof C et al. 2023 Expert Opinion: Evaluation of the European Commission's study on new genomic techniques. German Federal Agency for Nature Conservation. <https://www.bfn.de/projektsteckbriefe/auswertung-der-studie-der-eu-kommission-zu-neuen-gentechniken>

Ribarits A et al. 2020 Detection methods fit-for-purpose in enforcement control of genetically modified plants produced with novel genomic techniques (NGTs). *Agro-nomy*, 11(1), 61.

Ribarits, A., Eckerstorfer, M., Simon, S., & Stepanek, W. (2021). Genome-edited plants: Opportunities and challenges for an anticipatory detection and identification framework. *Foods*, 10(2), 430.

Ribarits, A., Stepanek, W., Hochegger, R., Narendja, F., Prat, N., Eckerstorfer, M., & Wögerbauer, M. (2022). Analyse von Nachweismethoden genomeditierte und klassische GV-Pflanzen. *BfN-Skripten 622*
https://bfm.bsz-bw.de/frontdoor/deliver/in-dex/docId/1041/file/DNB_Skript_622.pdf

Su, Z., Wang, X., Chen, X., Ding, L., Zeng, X., Xu, J., & Peng, C. (2024). Novel CRISPR/SpRY system for rapid detection of CRISPR/Cas-mediated gene editing in rice. *Analytica Chimica Acta*, 1303, 342519.

Teufel, J., Lopez, V., Hilbert, I., Gailhofer, P., Wiegand, D., Wolff, F., ... & Heissenberger, A. (2024). Nachweisbarkeit und Nachverfolgbarkeit von GVO-Produkten: Nachverfolgbarkeitsstrategie für Importwaren. *BfN-Schriften 702*. <https://bfm.bsz-bw.de/frontdoor/deliver/in-dex/docId/1816/file/Schrift702.pdf>

Teufel, J., López Hernández, V., Greiter, A., Kampffmeyer, N., Hilbert, I., Eckerstorfer, M., ... & Simon, S. (2024). Strategies for traceability to prevent unauthorised GMOs (including NGTs) in the EU: State of the art and possible alternative approaches. *Foods*, 13(3), 369.

Vogel, B. (2023). Prüfverfahren ohne Methode – Das Problem, die Abwesenheit artfremder DNA in genomeditierten Pflanzen nachzuweisen. <https://www.gen-ethisches-netzwerk.de/september-2023/pruefverfahren-ohne-methode>

Wang, M., Liu, X., Yang, J., Wang, Z., Wang, H., & Wang, X. (2022). CRISPR/Cas12a-based biosensing platform for the on-site detection of single-base mutants in gene-edited rice. *Frontiers in Plant Science*, 13, 944295.

Wang, K., Ji, Y., Peng, C., Wang, X., Yang, L., Lan, H., ... & Chen, X. (2025). A novel quantification method for gene-edited

animal detection based on ddPCR. *Biology*, 14(2), 203.

Weidner, C., Edelmann, S., Moor, D., Lieske, K., Savini, C., Jacchia, S., ... & Grohmann, L. (2022). Assessment of the real-time PCR method claiming to be specific for detection and quantification of the first commercialised genome-edited plant. *Food Analytical Methods*, 15(8), 2107-2125.

Weidner, C., Lieske, K., Dagand, E., Gatto, F., Savini, C., Broothaerts, W., ... & Mankertz, J. (2025). Minimum performance requirements for analytical methods of GMO testing: supplement on digital PCR and recommendations for detection of new genomics techniques and GM animals. *Journal of Consumer Protection and Food Safety*, 20(2), 187-189.

Wiesendanger, B. & Vogel, B. (2024). Erstmals CRISPR-Pflanze im Freilandversuch. *ZUP 108*: 45-46.
<https://www.zh.ch/de/umwelt-tiere/umweltschutz/umweltpraxis/definitions-seite/2024/zup-nr-108/erstmal-crispr-pflanze-im-freilandversuch.html>

Zanatta, C. B., Hoepers, A. M., Nodari, R. O., & Agapito-Tenfen, S. Z. (2023). Specificity testing for NGT PCR-based detection methods in the context of the EU GMO regulations. *Foods*, 12(23), 4298.

Zanatta, C. B., Narendja, F., El Jawhary, H., Abou-Sleymane, G., Subburaj, S., Nodari, R. O., & Agapito-Tenfen, S. Z. (2025). Suitability of real-time PCR methods for new genomic technique detection in the context of the European regulations: A case study in *Arabidopsis*. *International Journal of Molecular Sciences*, 26(7), 3308.

Zhang, H., Li, J., Zhao, S., Yan, X., Si, N., Gao, H., ... & Wu, Y. (2021). An editing-site-specific PCR method for detection and quantification of CAO1-edited rice. *Foods*, 10(6), 1209.

Webseiten der Nachweisverfahren-Projekte aus

Tabelle 3:

Detect GMO:	www.detect-gmo.org
Darwin:	https://darwin-ngt.eu
Detective:	https://detective-ngt.eu
NFDGMO:	www.aramis.admin.ch/Grunddaten/?ProjectID=43799
Detect:	www.ble.de/ptble-DETECT
RapsNMT:	www.ble.de/ptble-RapsNMT
FoodPrint:	www.norcerese-arch.no/en/projects/foodprint
GenEdit:	www.scien-sano.be/en/projects/development-and-evaluation-approaches-detection-organisms-modified-new-genome-editing-techniques