umweltbundesamt
PERSPEKTIVEN FÜR UMWELT & GESELLSCHAFT

Relevanz von Patenten für mit Genome Editing erzeugte und für die landwirtschaftliche Anwendung in Österreich bedeutsame Nutzpflanzen im Hinblick auf das Patentrecht und die Arbeit des Biopatent-Monitoring-Komitees

ENDBERICHT
S-362

WIEN 2024

Lektorat Ira Mollay

Layout Thomas Lössl

Publikationen Weitere Informationen zu Umweltbundesamt-Publikationen unter:
https://www.umweltbundesamt.at/

Impressum

Medieninhaber und Herausgeber: Umweltbundesamt GmbH
Spittelauer Lände 5, 1090 Wien/Österreich

Diese Publikation erscheint ausschließlich in elektronischer Form auf https://www.umweltbundesamt.at/.

© Umweltbundesamt GmbH, Wien, 2024
Alle Rechte vorbehalten

Vorbemerkung

Die Verantwortung für den Inhalt dieses Forschungsberichts liegt beim Umweltbundesamt; er gibt nicht die Ansicht des Biopatentmonitoringkomitees wieder.

Inhaltsverzeichnis

Vorbemerkung **3**

Inhaltsverzeichnis **4**

1 Einleitung **6**

2 patentrechtliche Relevanz spezifischer Eigenschaften von Genome Editing **9**

3 Zielsetzung **13**

4 Methodik **14**

4.1 Nutzpflanzen mit besonderer Relevanz für Österreich **14**

4.2 Analyse ausgewählter Patente für genomeditierte Nutzpflanzen zur Validierung der Suchstrategie und als Grundlage zur Untersuchung spezifischer Fragestellungen **15**

4.2.1 Auswahl von Beispielen für genomeditierte Pflanzen 15

4.2.2 Suche nach Patentschriften für die ausgewählten Produkte 17

4.2.3 Patentrecherche in Patentdatenbanken mit internationaler Abdeckung 17

4.2.4 Vorhandensein nachweisrelevanter Informationen 18

4.3 Recherche in aktuellen Quellen aus der wissenschaftlichen Literatur **18**

4.4 Stakeholderveranstaltung mit österreichischen AkteurInnen aus Pflanzenzüchtung und Wissenschaft **19**

5 Ergebnisse **21**

5.1 Relevante Pflanzenarten für Österreich **21**

5.1.1 Getreide und Reis 21

5.1.2 Ölfrüchte 22

5.1.3 Hülsenfrüchte 22

5.1.4 Erdäpfel und Zuckerrüben 22

5.1.5 Gemüse 22

5.1.6 Obst 23

5.1.7 Grünfutter und Industrie/Energiepflanzen 23

5.1.8 Liste von relevanten Nutzpflanzen für die Patentsuche 24

5.2 Analyse von ausgewählten Patenten zur Validierung der Suchstrategie und als Grundlage zur Untersuchung spezifischer Fragestellungen (Nachweisfrage in Bezug auf genomeditierte Nutzpflanzen) **28**

5.2.1 Identifikation von Suchkriterien für die Patentrecherche 28
5.2.2 Ergebnisse der Patentrecherche 31
5.2.3 Nachweisrelevante Informationen in Patentschriften 32

5.3 Wissenschaftliche Literatur zu anwendungsorientierten, genomeditierten Pflanzen 34

5.4 Ergebnisse des Projektworkshops „Biopatente für genomeditierte landwirtschaftliche Pflanzen - (patent)rechtliche Auswirkungen für Österreich“ 38

5.4.1 Ergebnisse der Diskussion zu Biopatenten und Pflanzenzucht in Österreich 38
5.4.2 Ergebnisse der Diskussion zu Biopatenten und Forschung und Entwicklung in Österreich 39

6 Zusammenfassung und Schlussfolgerungen im Hinblick auf eine nachfolgende Diskussion im BPMK 41

Referenzen 45

Annex 1 marktnahe genomeditierte Pflanzen in der wissenschaftlichen Literatur 49

Annex 2 85

1 Einleitung

Biopatente betreffend neue genomeditierte Nutzpflanzen für den Einsatz in der Landwirtschaft zur Biomasse-, Futtermittel- und Lebensmittelproduktion sind von großer Bedeutung für zukünftige landwirtschaftliche Innovationen in der Pflanzenzucht. Sie werden damit mittelfristig auch Auswirkungen auf den (internationalen) Handel mit landwirtschaftlichen Erzeugnissen haben. Aus derzeitiger Sicht sind für Österreich dabei insbesondere jene genomeditierten landwirtschaftlichen Nutzpflanzen relevant, deren Produkte für die weitere Verwendung und Verarbeitung aus dem Ausland nach Österreich importiert werden.

Für die Diskussion im Rahmen des Projekts sind zwei Arten von Biopatenten besonders relevant:

- Biopatente, die sich auf methodische Grundlagen für Genomeditierung beziehen (Technikpatente für die verschiedenen Ansätze der Genomeditierung)
- Biopatente, die sich auf genomeditierte Nutzpflanzen, die damit hergestellten Merkmale und ihre Anwendung in der Landwirtschaft beziehen (Patente für genomeditierte Nutzpflanzen)

Als Genomeditierung (oder gebräuchlicher: Genome Editing) werden verschiedene molekularbiologische Methoden bezeichnet, die dazu dienen, durch ortsgerichtete Mutagenese bestimmte Abschnitte (Zielsequenzen) im Erbgut der bearbeiteten Organismen (im Kontext dieses Projekts: von Nutzpflanzen) zu modifizieren.

Solche ortsgerichteten genetischen Veränderungen können durch die Anwendung von verschiedenen Methoden erzielt werden (SAM, 2017): Dazu zählen in erster Linie die Techniken des Genome Editing mit ortsgerichteten Nukleasen, wie z. B. CRISPR/Cas-Nukleasen, Zink-Finger-Nukleasen (ZFN), oder mit dem TALE-Nuklease-System (TALEN). Diese „site directed nuclease"-Systeme (SDNs) sind die gebräuchlichsten Methoden für das Genome Editing, insbesondere seit der Entwicklung und Einführung der CRISPR/Cas-Technik ab dem Jahr 2012. Ortsgerichtete genetische Veränderungen können aber auch durch andere Methoden erzeugt werden (Eckerstorfer et al., 2019, Chen et al., 2019): Dazu zählen eine schon früher verfügbare Technik, die oligonukleotiddirigierte Mutagenese (ODM) sowie zwei erst in den letzten Jahren entwickelte Methoden, das Base-Editing (Komor et al., 2016, Rees und Liu, 2018) bzw. die erst kürzlich vorgestellte Methode des Prime Editing (Anzalone et al., 2020). ODM verwendet statt ortsgerichteter Nukleasen synthetisch hergestellte Oligonukleotide (kurze DNA- oder RNA-Stränge), die zu der Zielsequenz bis auf minimale Unterschiede homolog sind (zumeist eine bis maximal fünf Fehlpaarungsstellen) (Wikmark und Agapito-Tenfen, 2015). ODM kann allein oder auch in Kombination mit SDN-Methoden verwendet werden (Rivera-Torres et al., 2017). Base Editing arbeitet mit modifizierten CRISPR-Cas-Editoren, die keine DNA-Doppelstrangbrüche induzieren, sondern spezifische Basen in der DNA chemisch ändern und dadurch ortsspezifische Sequenzänderungen hervorrufen. Prime Editing umgeht ver-

schiedene Limitationen von anderen SDN-Systemen, indem nur Einzelstrangbrüche eingeführt werden und eine durch eine RNA-Vorlage bestimmte Sequenz an der DNA-Bruchstelle aktiv eingefügt wird.

In Bezug auf Technikpatente muss also eine ganze Reihe verschiedener, wenn auch teils verwandter Techniken betrachtet werden.

Bei den ortsgerichteten Veränderungen muss zwischen gezielten Sequenzänderungen und zufälligen genetischen Veränderungen an den vorbestimmten Genomorten unterschieden werden. Auch kann der Umfang der Sequenzänderungen entweder minimal sein (sogenannte Punktmutationen) oder es können längere Deletionen oder Insertionen von DNA-Sequenzen (InDels) bewirkt werden (siehe z. B. Anzalone et al., 2020). Veränderungen die von den am häufigsten verwendeten SDN-Techniken eingeführt werden, können in drei Gruppen eingeteilt werden:

- SDN1: Zufällige Punktmutationen oder seltener InDels werden an einer bestimmten Stelle im Genom durch die zelleigenen Reparaturmechanismen erzeugt.
- SDN2: Bestimmte Punktmutationen (bzw. Veränderungen, die kurze Sequenzabschnitte betreffen) werden durch das zusätzliche Einbringen einer Nukleinsäure-Vorlage bewirkt; die Vorlagensequenz steuert die gewünschte Veränderung (gezielte Mutation oder Reparatur). Mittels ODM, Base Editing und Prime Editing können ähnliche Veränderungen eingeführt werden.
- SDN3: Das hier verwendete DNA-Vorlagenmolekül wird durch homologe Rekombination an einer bestimmten Stelle ins Zielgenom integriert. Es werden aber nicht nur kleine Mutationen erzeugt, sondern es können auch ganze Gene eingebaut werden. Dieser Einbau von funktionellen Genen kann ähnliche Resultate wie die klassische Gentechnik bewirken – mit dem Unterschied, dass Veränderungen an bestimmten Stellen im Zielgenom erzeugt werden.

Mit den Methoden des Genome Editing ist es auch möglich, Änderungen in Teilen des Zielgenoms zu bewirken, die durch natürliche Mutationen oder klassische Methoden der Mutagenesezüchtung nicht leicht hergestellt werden können (Kawall, 2019).

Mithilfe des Genome Editing können Eigenschaften in einer großen Zahl verschiedener (Nutz-)Pflanzen erzeugt werden, die für ihre Anwendung in Züchtung oder landwirtschaftlicher Produktion relevant sind, wie z. B. Resistenzen (Herbizid-, Stress- oder Krankheitsresistenz), Steigerung der Ertragsleistung sowie Veränderungen in der inhaltsstofflichen Zusammensetzung, Änderungen von Gestalt oder Wachstums- und Reproduktionseigenschaften.

Diese Eigenschaften können schon aus (verwandten) Wildarten bekannt oder neuartige, in der betreffenden Art bisher unbekannte, Merkmale sein. Mittels Genome Editing können auch multiple Veränderungen gleichzeitig eingebracht werden (Eckerstorfer et al., 2019). Das erhöht das Potenzial dieser Methoden

zur Erzeugung komplexer, quantitativer Pflanzenmerkmale, die mit konventionellen Methoden bisher nicht erzeugt werden konnten.

Biopatente, die sich auf genomeditierte Nutzpflanzen und ihre Merkmale beziehen, können daher ein breites Spektrum von Pflanzenarten und landwirtschaftlich nutzbaren Eigenschaften abdecken.

2 Patentrechtliche Relevanz spezifischer Eigenschaften von Genome Editing

Ausgehend von den technischen Charakteristiken des Genome Editing, die im Kapitel 1 zusammengefasst wurden, erfolgt in diesem Abschnitt eine kurze Diskussion der patentrechtlichen Relevanz von Spezifika des Genome Editing bzw. seiner technischen Entwicklung. Einige der Spezifika hängen unmittelbar mit der Technologie (oder besser den verschiedenen Techniken des Genome Editing) zusammen, andere relevante Spezifika beruhen auf molekularen Charakteristika der mittels Genome Editing erzeugten Produkte, im Falle der gegenständlichen Studie der durch Genome Editing erzeugten genetisch modifizierten Nutzpflanzen. Diese Besonderheiten des Genome Editing und seiner Anwendung können dazu führen, dass der Zugang zur Technologie und damit die Anwendung von Genome Editing derzeit mit rechtlichen Unsicherheiten behaftet sein können, die zu einem erheblichen Aufwand für potenzielle Anwender:innen führen können. Dadurch wird der Zugang zu neuen Technologien nicht in der vom Patentrecht beabsichtigten Weise erleichtert. Andere rechtliche Schwierigkeiten ergeben sich daraus, dass in einzelnen Fällen patentierte genomeditierte Produkte nicht klar von konventionell erzeugten, nicht patentierten Produkten unterschieden werden können.

Vorausgeschickt sei, dass manche der hier beschriebenen Herausforderungen im patentrechtlichen Umgang mit dieser vergleichsweise neuen Technologie nicht hundertprozentig spezifisch für die Technik des Genome Editing und ihrer praktischen Anwendung, z. B. in der Pflanzenzucht, sind. Vergleichbare Herausforderungen im Rahmen des Patentrechts, wie z. B. rechtliche Unsicherheiten betreffend den Ausgang von laufenden Disputen über Prioritätsrechte, sind auch bei anderen Arten von technischen Erfindungen und Verfahren aufgetreten. Bezüglich dieses Aspekts ist, wie im Kreis des Biopatent-Monitoring-Komittees (BPMK) betont wurde, Genome Editing nur ein Beispiel unter vielen anderen.

Der laufende Rechtsstreit um die grundlegenden Patentrechte betreffend die CRISPR/Cas-Technologie für Genome Editing zwischen der Universität von Kalifornien, Berkeley und dem MIT/Universität Harvard/The Broad Institute ist nur ein aktuelles Beispiel für einen solchen Disput (Churi und Taylor, 2020). Besonders ist, dass dieser Disput mit hoher Intensität geführt und von einem erheblichen medialen und öffentlichen Interesse begleitet wird. Dazu kommt, dass er mit unterschiedlichem Verlauf in verschiedenen Rechtssystemen ausgetragen wird; in den USA vor dem US-amerikanischen Patentamt (USPTO) und in Europa vor dem Europäischen Patentamt (EPA). Der endgültige Ausgang dieser Rechtsstreitigkeiten ist noch offen, absehbar ist aber, dass es in verschiedenen Ländern unterschiedliche Patentrechte der beteiligten Patentbesitzer:innen und damit unterschiedliche Abhängigkeiten und Lizenzen gibt. Neben den angeführten Streitparteien gibt es eine ganze Reihe weiterer Anmelder:innen für zusätzliche grundlegende CRISPR-Patente in einzelnen oder in mehreren Ländern (Churi und Taylor, 2020). Außerdem werden in einem erheblichen Tempo und Umfang

weitere, teils von der CRISPR-Technik abgeleitete, Methoden entwickelt und patentiert, darunter z. B. bis jetzt rund 100 Varianten von verschiedenen CRISPR-Enzymen (IPS, 2020). Eine Übersicht aus dem Jahr 2019 nennt eine vierstellige Zahl von CRISPR-Patentfamilien (Martin-Laffon et al., 2019), monatlich kommen rund 200 dazu (IPS, 2020). Die Komplexität und Unübersichtlichkeit der Patentlandschaft für das Genome Editing wird zusätzlich dadurch erhöht, dass es, wie in der Einleitung erwähnt, auch andere Methoden gibt als die aufgrund ihrer Einfachheit und Schnelligkeit sehr beliebte CRISPR/Cas-Methode.

In Bezug auf die Grundlagen-Patente (Plattform-Patente) bei CRISPR wurden schon früh und bei offenem Ausgang der oben beschriebenen Streitigkeiten Lizenzgebergruppen gebildet und über eigens dazu gegründete Firmen (sogenannte „surrogate licencing companies“) Lizenzen vergeben (Contreras und Sherkow, 2017). Wenn Lizenzen exklusiv vergeben wurden bzw. Anwender:innen nicht von allen beteiligten Patent-Gruppen Lizenzen erworben haben, kann es sein, dass bei einem einseitigen Ausgang von Patentstreitigkeiten manche der von anderen Lizenzgeber:innen erworbenen Lizenzen wertlos werden. In jedem Fall besteht wenigstens im Fall von CRISPR-Technologie für interessierte Anwender:innen eine erhebliche Unsicherheit sowie ein erheblicher, auch finanzieller Aufwand, um die CRISPR-Technik sicher nutzen zu können (Feeney et al., 2018). Auch Dederer betont, dass Lizenzgebühren abhängig von ihrer Höhe einen prohibitiven Charakter auf die Anwendung von Technologien des Genome Editing durch Züchter:innen haben können (Dederer, 2020).

In Bezug auf Patente für Grundlagentechnologien wie CRISPR/Cas erwähnt Parthasarathy eine Reihe von indirekten Effekten, die mit ihrer Verwertung einhergehen können: höhere Preise für Konsument:innen, bei exklusiver Lizenzvergabe verringerter Zugang zu Schlüsseltechnologien für manche prospektiven Anwender:innen und Auswirkungen auf die Innovationslandschaft (Parthasarathy, 2018) . Angesprochen wird auch der Umstand, dass Lizenzgeber:innen ihre Position dazu nützen könnten, (real-)politische Vorgaben zu machen. Beispiele dafür sind die Vorgaben durch das Konsortium aus MIT/Universität Harvard/The Broad Institute, die die Nutzung der Lizenz für die Modifikation von menschlichen Embryos, Tabakpflanzen und zur Veränderung von Ökosystemen ausschließen (Parthasarathy, 2018).

Hingewiesen wird in dieser und anderen Arbeiten auch auf den Umstand, dass in einzelnen Bereichen der jeweilige Gesetzgeber auf Grund von ethischen und politischen Entscheidungen den Geltungsbereich des Patentrechts in relevanter Weise eingeschränkt hat. Beispiele dafür sind der Ausschluss von nuklearer Waffentechnologie von der Patentierbarkeit in den USA im Jahr 1954 oder die Unmöglichkeit der Patentierung von Menschen. Ausgeschlossen ist nach der Europäischen Biopatent-Richtlinie 98/44/EC auch die Patentierung von Pflanzen und Tieren, die durch im Wesentlichen biologische Verfahren zur Züchtung von Pflanzen oder Tieren entstanden sind, (Parthasarathy, 2018, Gehrke, 2019).

Die Anwendung von Genome Editing zur Erzeugung genetisch veränderter Organismen (Nutzpflanzen) kann eine andere wesentliche Art von patentrechtlichen Unsicherheiten aufwerfen. Eine dieser rechtlichen Herausforderungen hängt mit der Entscheidung der Großen Beschwerdekammer des Europäischen

Patentamts vom 14.5.2020 zur Auslegung des Art. 53(b) Europäischen Patentübereinkommens zusammen, das die Patentierbarkeit von Pflanzen, Pflanzenmaterial und Tieren regelt. Nach dieser Entscheidung ist zwar die Patentierbarkeit von genomeditierten Pflanzen keinesfalls ausgeschlossen, die Umsetzung der Entscheidung kann in einzelnen Fällen aber Schwierigkeiten mit sich bringen (Dederer, 2020). Manche Anwendungen von Genome Editing dienen dazu, nur geringfügige genetische Veränderungen (Punktmutationen) einzuführen. Solche Veränderungen sind aber in manchen Fällen nicht von spontanen Mutationen unterscheidbar, die natürlicherweise auch bei im Wesentlichen biologischen Prozessen, wie Kreuzung und konventioneller Selektionszüchtung, entstehen können. Dederer fasst diesen Umstand so zusammen: „ … im Hinblick auf die Beschwerdekammer-Entscheidung vom 14. Mai 2020, kann eine patentierbare genomeditierte Pflanze nicht unterscheidbar sein, von einer nicht patentierbaren Pflanze, die im Wesentlichen durch einen nicht patentierbaren biologischen Prozess entstanden ist.“ (Dederer, 2020).

Wenn Züchter:innen konventionell hergestellte Pflanzen vermarkten wollen, die nicht von patentierten genomeditierten Pflanzen unterscheidbar sind, und sie keine Lizenz für die Inanspruchnahme der eingeschränkten Züchterrechte nach dem Patentrecht erworben haben, könnten sie eventuell Klagsdrohungen der Patentinhaber:innen ausgesetzt werden. Es besteht hier weiterhin eine erhebliche Schwierigkeit hinsichtlich der Beweisführung, ob eine Patentverletzung vorliegt oder nicht; z. B. durch den analytischen Nachweis der Herkunft einer bestimmten genetischen Modifikation. In diesen Fällen ist die Frage des Nachweises und der Identifikation von genomeditierten Pflanzen von eminenter Bedeutung.

Nach Dederer können daher bei manchen genomeditierten Pflanzen Unsicherheiten auftreten, die nicht im Einklang mit dem Zweck und der Absicht des Art. 53(b) des Europäischen Patentübereinkommens stehen, da Züchter:innen unbeschränkten Zugang zu Produkten von im Grunde biologischen Prozessen haben sollen, sowie der Vorgabe der Biopatent-Richtlinie 98/44/EC, dass solche biologischen Prozesse von der Patentierbarkeit ausgeschlossen sind, weil sie nicht erfinderisch und nicht reproduzierbar sind (Dederer, 2020).

Wenn konventionell hergestellte Züchtungsprodukte nicht von patentierten genomeditierten Pflanzen zu unterscheiden sind, können Züchter:innen auch nicht gefahrlos von den Vorteilen des Züchterprivilegs nach dem Sortenschutzrecht Gebrauch machen. Dederer meint, dass aus der Sicht traditioneller Pflanzenzüchter:innen die Patentierbarkeit solcher genomeditierter Pflanzen daher nicht wünschenswert ist. Als allgemeine Schlussfolgerung empfiehlt er, dass Gesetzgeber angesichts all dieser Komplikationen und Unsicherheiten bei genomeditierten Pflanzen kontinuierlich die Sach- und Rechtslage überwachen und darauf vorbereitet sein sollten, mögliche Änderungen der Gesetzeslage zu erwägen (Dederer, 2020).

Die Situation, dass durch Genome Editing erzeugte Pflanzen nicht immer eindeutig von konventionell gezüchteten Pflanzen unterschieden werden können, kann aber nicht nur zu Schwierigkeiten in der Anwendung des Patentrechtes führen. Der Vollständigkeit halber sei angemerkt, dass durch diesen Umstand

auch für die Regulierung gentechnisch erzeugter Lebewesen, zu denen nach dem Urteil des Europäischen Gerichtshofs (Fall C-528/16) auch genomeditierte Lebewesen zählen (EuGH, 2018), Rechtsunsicherheiten hervorgerufen werden können (Broll et al., 2019). Die dadurch bewirkten Schwierigkeiten bei der Umsetzung des Gentechnikrechts für genomeditierte Pflanzen sind aber nicht Gegenstand dieser Studie und werden im Weiteren nicht näher erörtert.

3 Zielsetzung

Im Rahmen dieser Studie wurde untersucht, welche Patente betreffend Genome Editing mit Geltung für Österreich derzeit vorliegen. Im Fokus stehen einerseits nationale oder europäische Patente oder internationale Patentanmeldungen betreffend die Anwendung der Methode in der Pflanzenzucht. Andererseits wird recherchiert, welche mittels Genome Editing hergestellten Pflanzen patentiert sind. Der Fokus liegt dabei auf für Österreich relevanten Nutzpflanzenarten, welche in der Landwirtschaft zur Biomasse-, Futtermittel- und Lebensmittelproduktion eingesetzt werden. Das sind insbesondere landwirtschaftliche Nutzpflanzen, die in Österreich angebaut werden bzw. deren Produkte für die weitere Verwendung und Verarbeitung aus dem Ausland importiert werden.

Parallel wird untersucht, welche für Österreich relevanten genomeditierten Nutzpflanzen in der rezenten wissenschaftlichen Literatur beschrieben sind. Durch einen Vergleich mit vorliegenden Patenten wird ermittelt, wie das Verhältnis patentrechtlich geschützter Genome-Editing-Erfindungen zu den in wissenschaftlichen Publikationen beschriebenen Entwicklungen ist, d. h. in welchem Umfang für wissenschaftlich beschriebene genomeditierte Nutzpflanzen auch Patentschutz nachgesucht wird. Umgekehrt wird ermittelt, ob bestimmte genomeditierte Nutzpflanzen nur in der Patentliteratur beschrieben sind.

Im vorliegenden Bericht werden die Grundlagen für die Patentrecherche beschrieben und die Ergebnisse der Suche in der rezenten wissenschaftlichen Literatur nach relevanten genomeditierten Nutzpflanzen dargestellt. Eingegangen wird auch auf die Frage, ob Biopatente auf genomeditierte Nutzpflanzen relevante Informationen für die molekulare Charakterisierung und damit für den Nachweis dieser Pflanzen enthalten.

In weiteren Schritten wurde untersucht, ob es schon Erfahrungen mit der Anwendung patentrechtlich geschützter, genomeditierter Nutzpflanzen in Österreich gibt. Für die Beantwortung dieser Frage ist die Einbindung von österreichischen Akteur:innen aus dem Bereich angewandter Nutzpflanzenforschung und der Pflanzenzucht erfolgt. Unter anderem soll untersucht werden, inwieweit Genome Editing von züchterischem bzw. ökonomischem Interesse für österreichische Anwender:innen ist, welchen Stellenwert der österreichischen Forschung und Entwicklung auf diesem Gebiet in der internationalen Forschung zukommt und ob die Patentierung von genomeditierten Pflanzen einen relevanten Einfluss auf die Umsetzung des Züchterprivilegs gemäß Sortenschutzrecht haben könnte. Außerdem soll untersucht werden, ob genomeditierte Nutzpflanzen spezifische Fragen hinsichtlich des Viehzüchter- und Landwirte-Privilegs gemäß Art. 11 der Biopatent-Richtlinie aufwerfen.

4 Methodik

In der vorliegenden Studie wurde unter anderem eine Recherche durchgeführt, die zeigen soll, welche Biopatente betreffend genomeditierte Pflanzen in internationalen Patentdatenbanken verfügbar sind.

Um auf Biopatente fokussieren zu können, die von Interesse für Österreich sind, muss für die Datenbanksuche eine Liste von Nutzpflanzen erstellt werden, die für die österreichische Landwirtschaft und Lebensmittelerzeugung relevant sind. Bei der elektronischen Suche kann diese Liste zur Einschränkung der Ergebnisse auf die relevanten Pflanzenarten verwendet werden. Die Erstellung dieser Liste ist im Kapitel 4.1 beschrieben.

Weiters ist die Verwendung von geeigneten Schlüsselbegriffen zur Auswahl von Patenten, welche die Anwendung von Techniken des Genome Editing betreffen, wichtig. Schlüsselbegriffe, die sich gut für eine effiziente elektronische Recherche in der wissenschaftlichen Literatur eignen, sind aufgrund des Aufbaus von Patentdokumenten und der dort verwendeten Sprache nicht immer für eine Suche in elektronischen Patentdatenbanken brauchbar. Um Schlüsselwörter und Patentklassifikationen für die elektronische Suche zu definieren, wurde eine Reihe von ausgewählten Biopatenten auf das Vorkommen geeigneter Suchbegriffe und Patentkategorien analysiert. Im Kapitel 4.2 ist dargestellt, welche Biopatente dafür ausgewählt und wie sie analysiert wurden.

Die ausgewählten Biopatente wurden auch daraufhin analysiert, ob Informationen zum analytischen Nachweis der jeweiligen Produkte enthalten sind. Die dabei angewendete Methodik ist in Kapitel 4.2.4 beschrieben.

In einem späteren Schritt der Bearbeitung wurde auch ein Vergleich der gefundenen Biopatente mit den in wissenschaftlichen Publikationen beschriebenen anwendungsrelevanten Entwicklungen von Genome Editing bei Nutzpflanzen durchgeführt. Im Hinblick darauf wurde eine Übersicht der in den letzten Jahren in der wissenschaftlichen Literatur beschriebenen Anwendungen erstellt. Details zur dabei verwendeten Vorgangsweise sind in Kapitel 4.3 beschrieben.

4.1 Nutzpflanzen mit besonderer Relevanz für Österreich

Als Nutzpflanzenarten, die für die österreichische Landwirtschaft und in weiterer Folge für die Lebens- und Futtermittelproduktion relevant sind, wurden jene Arten identifiziert, die im Grünen Bericht des BMLRT (BMLRT, 2020) ausgewiesen sind, weil sie speziell für die Erwerbslandwirtschaft und die Lebensmittelerzeugung von wesentlicher Bedeutung sind. Diese Pflanzenarten werden damit in den regelmäßigen statistischen Erhebungen zur Situation der österreichischen Landwirtschaft erfasst. Der Grüne Bericht fasst jährlich die verfügbaren Angaben aus der offiziellen Statistik zusammen; für die Auswertung wurden die

Zahlen des Grünen Berichts, der im Jahr 2020 publiziert wurde, herangezogen (BMLRT, 2020).

Einerseits wurden die Daten für die inländische Produktion von Nutzpflanzen (bezogen auf das Kalenderjahr 2019) herangezogen. Diese Angaben zur landwirtschaftlichen Produktion von Nutzpflanzen sind im Hinblick auf einen potenziellen Anbau von genomeditierten Nutzpflanzen besonders relevant.

Andererseits wurden jene Nutzpflanzen berücksichtigt, welche in nennenswertem Umfang in Form landwirtschaftlicher Produkte nach Österreich importiert werden, z. B. für die Lebens- oder Futtermittelproduktion oder um zu Biotreibstoff oder Industrieprodukten weiterverarbeitet zu werden. Für die genannten Produkte (Pflanzenarten) gibt der Grüne Bericht auch Zahlen für die jeweiligen Selbstversorgungsgrade an, die aus einer Gegenüberstellung der im Inland produzierten Mengen und der importierten Mengen berechnet werden (Prozentangaben bezogen auf die statistisch erfassten Anbausaisonen). Berücksichtigt wurden die Zahlen, welche für die in den jeweiligen Saisonen exportierten Mengen der genannten Produkte ausgewiesen sind.

Das Ergebnis der Auswertung des Grünen Berichts anhand der dort definierten Kategorien ist in Kapitel 5.1.1 bis 5.1.7 beschrieben; die für die einzelnen Gruppen genannten Pflanzenarten sind in der in Kapitel 5.1.8 aufgeführten Tabelle 1 zusammengefasst.

4.2 Analyse ausgewählter Patente für genomeditierte Nutzpflanzen zur Validierung der Suchstrategie und als Grundlage zur Untersuchung spezifischer Fragestellungen

4.2.1 Auswahl von Beispielen für genomeditierte Pflanzen

Um geeignete Suchbegriffe für die Datenbanksuche zu definieren, wurde zunächst eine Reihe von genomeditierten Produkten ausgewählt, welche in außereuropäischen Ländern entweder bereits kommerzialisiert sind bzw. in naher Zukunft kommerziell anwendet werden könnten. Für diese Produkte wurde untersucht, ob Patentschriften zur Beschreibung ihrer Erzeugung vorliegen.

Ausgangspunkt für diese Analyse waren elf in der EUginius-Datenbank gelistete genomeditierte Produkte. Die EUginius (EUropean GMO INItiative for a Unified database System) Datenbank[1] ist eine europäische Datenbank, die vom deutschen Bundesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit (BVL) in Zusammenarbeit mit der niederländischen Universität Wageningen betreut wird. Sie verfolgt das Ziel, alle für den europäischen Raum relevanten Produkte

[1] https://euginius.eu/euginius/pages/home.jsf

zu beschreiben, welche mittels Gentechnik oder Genome Editing erstellt wurden. Nach der derzeitigen Rechtslage in der EU fallen genomeditierte Produkte unter die bestehende Gesetzgebung für gentechnisch veränderte Organismen (GVOs) und sind nach dem Gentechnikgesetz klassischen GVOs gleichgestellt. EUginius listet eine Reihe von genomeditierten Pflanzen, die in außereuropäischen Ländern entweder schon verwendet werden können oder die sich in späteren Phasen ihrer Entwicklung vor der Kommerzialisierung befinden. Ein Import solcher Produkte nach Europa ist nur mit einer EU-Zulassung möglich; es gelten auch die Rückverfolgbarkeits- und Kennzeichnungsbestimmungen für GVOs.

Die für die Analyse aus der EUginius-Datenbank ausgewählten genomeditierten Produkte sind nachstehend zusammen mit ihren Entwicklern bzw. Weiterentwicklern aufgeführt:

- GE-PPO potato (Calyxt),
- GE-FAE1 pennycress (Illinois State University),
- GE-BADC camelina (Metabolix Oilseeds Inc.),
- GE-Vinv potato (Calyxt, früher Cellectis plant sciences),
- GE-PPO mushroom (Pennsylvania State University),
- OsALS rice (Iowa State University),
- MLO_KO wheat (Calyxt),
- Low PPO5 potato (J.R. Simplot),
- ZFN-12 maize (Dow AgroSciences),
- CRISPR-Cas waxy corn (Pioneer Hi-Bred International),
- 5715 oilseed rape/SU Canola™ (Cibus US LLC).

Die ausgewählten genomeditierten Pflanzen wurden in der Mehrzahl von kommerziellen Entwicklern hergestellt bzw. weiterentwickelt. Unter den genannten Produkten sind aber auch genomeditierte Pflanzen, die von Universitäten oder privaten Forschungseinrichtungen entwickelt wurden.

Die ausgewählten Pflanzen sind repräsentativ für das Spektrum von Pflanzenarten, das derzeit im Fokus der Entwicklung steht.

Die Produktbeschreibungen in der EUginius-Datenbank stammen aus verschiedenen Informationsquellen. Bei den meisten Produkten enthält EUginius Informationen aus Anfragedokumenten an die US-amerikanischen Regulierungsbehörden, die von der zuständigen Behörde, dem Animal and Plant Health Inspection Service des US-Landwirtschaftsministeriums (USDA-APHIS) veröffentlicht werden. Daneben sind Angaben aus wissenschaftlichen Publikationen über die betreffenden Produkte bzw. ihre Herstellung berücksichtigt. Nur bei vier der elf ausgewählten Pflanzen wird in der EUginius-Datenbank auf entsprechende Patentschriften verwiesen (GE-FAE1 pennycress, GE-BADC camelina, GE-Vinv potato, 5715 oilseedrape/SU Canola™).

4.2.2 Suche nach Patentschriften für die ausgewählten Produkte

Für die zur Analyse ausgewählten genomeditierten Pflanzen wurden – ausgehend von den in EUginius gemachten Angaben zu Hersteller, Pflanzenart und den charakteristischen Merkmalen – zugehörige Patentschriften in der Espacenet-Datenbank des Europäischen Patentamts für internationale Patentanmeldungen[2] bzw. über die Patentsuche von Google Patents[3] gesucht. Angegeben sind die Fundergebnisse für internationale Patentschriften (Globale Dossiers WO-Dokumente) bzw. Patentschriften, die vom Europäischen Patentamt publiziert wurden (EP-Dokumente). Wo keine globalen und europäischen Dokumente gefunden werden konnten, wurden vom US-Patentamt veröffentlichte Dokumente angeführt und verwendet (US-Dokumente).

Die jeweiligen Patentschriften wurden auf das Vorhandensein geeigneter Schlüsselwörter in Titel und Zusammenfassung (Summary) durchgesehen. Daneben sind die für die jeweiligen Patentschriften genannten Patentklassifikationen angeführt (siehe Tabelle 2)

4.2.3 Patentrecherche in Patentdatenbanken mit internationaler Abdeckung

Die Recherche von Patentschriften ohne vorherige Einschränkung auf bestimmte vorausgewählte Produkte (wie in Kapitel 4.2.1. und 4.2.2 beschrieben) wurde auf Anwendungen des Genome Editing mittels CRISPR/Cas-Technologie fokussiert, da diese Technik mittlerweile eine überragende Bedeutung im Bereich des Genome Editing gewonnen hat. Das ist sowohl durch die erhebliche Zahl entsprechender Patentanmeldungen als auch durch die Vielzahl von wissenschaftlichen Publikationen zur Anwendung dieser Technologie dokumentiert. Für CRISPR-Anwendungen sind darüber hinaus sowohl eine systematische Patentsuche als auch systematische Literaturrecherchen verfügbar, die als Ausgangspunkt der angestellten Analyse dienen können (Martin-Laffon et al., 2019; Eckerstorfer et al., 2019; Modrzejewski et al., 2019). Die in Martin-Laffon et al. beschriebene Patentsuche stützt sich auf eine Reihe technikspezifischer Suchbegriffe für die CRISPR/Cas-Technik in einer Reihe verschiedener Patentdatenbanken (Orbit Intelligence, PatentPulse und Patent Lens), die eine Volltextsuche mit ausgewählten Begriffskombinationen[4] erlauben. Die Treffer wurden daraufhin untersucht, ob sie tatsächlich Genome-Editing-Methoden oder ihrer Anwendung zuzuordnen waren, und in mehrere Kategorien eingeteilt (z. B. Methodik, Tiere, Technik, Pflanzen, Gesundheit). Zwei dieser Kategorien – Patentschriften, die sich auf eine Weiterentwicklung der CRISPR-Technik in der Pflanzenzucht beziehen und Patentschriften, welche eine Anwendung zur Modifikation höherer

---

[2] https://worldwide.espacenet.com/patent/

[3] https://patents.google.com/

[4] Verwendete Schlüsselwortkombination: CRISPR OR Cas9 OR Cpf1 OR gRNA(s) OR sgRNA(s) OR "RNA(s) guide(d)" OR "guide(d)RNA(s)". Zusätzliche Suchbegriffe (Nukleasennamen) wurden getestet, ohne dass weitere relevante Patentschriften ermittelt werden konnten.

Pflanzen betreffen – sind für den Rahmen dieses Projekt von besonderer Bedeutung.

Der Inhalt der jeweiligen Patentschriften wurde auf die für das Projekt wesentlichen Informationen hin untersucht, z. B. Art der Erfindung, verwendete Pflanzenart und Vorhandensein von nachweisrelevanten Informationen etc.

Da für den Zeitraum von der Entwicklung der CRISPR/Cas-Technik bis Juni 2018 auch eine systematische Übersicht zur publizierten wissenschaftlichen Literatur erstellt wurde (Modrzejewski et al., 2019), können die Ergebnisse der Patent- und Literaturrecherche miteinander verglichen werden.

4.2.4 Vorhandensein nachweisrelevanter Informationen

Die öffentliche Verfügbarkeit von Informationen, die geeignet sind, um Nachweismethoden für genomeditierte Produkte entwickeln zu können, ist aktuell einer der Schwerpunkte der Diskussion über genomeditierte Produkte (Grohmann et al., 2019).

Beispiele für nachweisrelevante Angaben sind vor allem die folgenden Informationen:

- Eigenschaften der jeweiligen produktspezifischen Mutation
- Informationen zur veränderten Sequenz
- Vorhandensein einer Detektionsmethode

Die nach der in Kapitel 4.2.2 angewendeten Vorgangsweise gefundenen Patentschriften wurden auf das Vorhandensein derartiger Informationen hin untersucht.

4.3 Recherche in aktuellen Quellen aus der wissenschaftlichen Literatur

Für den späteren Vergleich mit den Ergebnissen der Patentrecherche wurde eine Übersicht zu Anwendungen von Genome Editing bei Nutzpflanzen erstellt, welche in wissenschaftlichen Publikationen beschrieben wurden. Als Ausgangsbasis dafür dienten mehrere unabhängig voneinander durchgeführte Literatursuchen, welche insgesamt die in den letzten Jahren erschienenen wissenschaftlichen Publikationen zu genomeditierten Pflanzen gut abdecken.

Die entsprechenden Arbeiten wurden entweder selbst durchgeführt (Eckerstorfer et al., 2019) oder sie sind in behördlichen Reports oder in wissenschaftlichen Übersichtsarbeiten dokumentiert. Folgende externe Quellen wurden herangezogen:

eine vom deutschen Julius-Kühn-Institut publizierte Erhebung zu marktorientierten Nutz- und Zierpflanzen, die mittels neuer molekularbiologischer Techniken für die Bereiche Ernährung, Landwirtschaft und Gartenbau zwischen 1996 und 2019 erzeugt wurden (JKI, 2020),

eine systematische Literatursuche von Publikationen zu Anwendungen von Genome Editing bei Pflanzen für den Zeitraum Jänner 1996 bis März 2018 (Modrzejewski et al., 2019),

einige weitere von anderen Autor:innen veröffentlichte Übersichtsarbeiten, die teils auf bestimmte Pflanzengruppen fokussiert waren (Misrah et al., 2018, Es et al., 2019, Khatodia et al., 2017, Ahn et al., 2020).

4.4 Stakeholderveranstaltung mit österreichischen Akteur:innen aus Pflanzenzüchtung und Wissenschaft

Im Rahmen dieser Studie wurde auch untersucht, ob es schon (praktische) Erfahrungen im Umgang mit Biopatenten für genomeditierte Nutzpflanzen in Österreich gibt. Für die Diskussion dieser Frage wurden im Rahmen eines Workshops zusätzlich zu den Mitgliedern des Biopatent-Monitoring-Komitees (BPMK) weitere österreichische Akteur:innen aus dem Bereich der angewandten Nutzpflanzenforschung und der Pflanzenzucht eingebunden. Unter anderem wurde diskutiert, inwieweit Genome Editing von züchterischem bzw. ökonomischem Interesse für österreichische Anwender:innen ist, welcher Stellenwert der österreichischen Forschung und Entwicklung auf diesem Gebiet zukommt, ob die Patentierung von genomeditierten Pflanzen einen relevanten Einfluss auf die Umsetzung des Züchterprivilegs gemäß Sortenschutzrecht haben könnte bzw. ob spezifische Fragen hinsichtlich der Anwendung des Viehzüchter- und Landwirteprivilegs gemäß Art. 11 der Biopatent-Richtlinie gegeben sind.

Die Ergebnisse des Workshops sollen dem BPMK die Grundlagen für eine differenzierte Diskussion der Frage liefern, welcher Handlungsbedarf – wenn überhaupt – für den Gesetzgeber hinsichtlich des patentrechtlichen Umgangs mit derartigen Entwicklungen besteht. Beim Workshop sollten daher die in diesem Zusammenhang bestehenden offenen Fragen identifiziert werden und Anhaltspunkte für allfällige Empfehlungen aufgezeigt werden.

Der Workshop wurde vom Umweltbundesamt in Zusammenarbeit mit der Universität für Bodenkultur Wien – BOKU (Prof. Heinrich Grausgruber) und der Österreichischen Agentur für Gesundheit und Ernährungssicherheit – AGES (DI Dr. Alexandra Ribarits) vorbereitet und am 17. Dezember 2020 durchgeführt. Angesichts der zu diesem Zeitpunkt herrschenden COVID-19-Beschränkungen für Gruppenveranstaltungen wurde der Workshop als virtuelle Veranstaltung per Web-Konferenz abgehalten. Die vorbereitete Agenda ist dem Protokoll des Workshops beigelegt, das dem Bericht als Annex 3 angeschlossen ist.

Eingeladen waren alle Mitglieder des BPMKs sowie 18 ausgewählte Expert:innen aus den Bereichen Pflanzenzucht und Forschung; aus Termingründen konnten nicht alle eingeladenen Personen teilnehmen bzw. über die ganze Länge der Veranstaltung anwesend sein. Teilgenommen haben an dem Workshop 16 Mitglieder des BMPKs sowie fünf Vertreter:innen von Pflanzenzuchtunternehmen bzw. Pflanzenzüchtervereinigungen und drei Wissenschaftler:innen aus der (angewandten) Pflanzenwissenschaft bzw. der Entwicklung und Anwendung von molekularbiologischen Methoden mit dem Fokus auf Genome Editing in der wissenschaftlichen Forschung.

5 Ergebnisse

5.1 Relevante Pflanzenarten für Österreich

Im Grünen Bericht sind die behandelten Nutzpflanzen in den folgenden Kategorien zusammengefasst. Dieselbe Einteilung wurde auch bei der Zusammenstellung der Ergebnisse im Rahmen dieses Berichts verwendet (siehe Kapitel 5.1.1 bis 5.1.7).

- Getreide und Reis
- Ölfrüchte
- Hülsenfrüchte
- Erdäpfel und Zuckerrüben
- Gemüse
- Obst
- Grünfutter und Industrie- bzw. Energiepflanzen

Die für die einzelnen Gruppen genannten Pflanzenarten sind in der in Kapitel 5.1.8 aufgeführten Tabelle 1 zusammengefasst.

5.1.1 Getreide und Reis

Im Jahr 2019 wurden in Österreich 5,4 Mio. Tonnen Getreide geerntet. Mengenmäßig sind die bedeutendsten Getreide in Reihenfolge ihrer Erzeugungsmenge: Körnermais, Weichweizen, Gerste, Triticale, Roggen, Hartweizen und Hafer. Körnermais hat mit knapp 45 % den größten Anteil an der Erzeugung, gefolgt von Weichweizen (rund 27 %). Andere, nicht namentlich genannte Getreidearten haben nur eine geringe Bedeutung (1,1 %).

Der Selbstversorgungsgrad bei Getreiden lag 2018/2019 zwischen 80 % und 117 % (durchschnittlich bei hohen 87 %). Bei den meisten Getreiden, insbesondere auch bei Körnermais und Weichweizen, sind erhebliche Mengen an Importen bzw. Exporten zu verzeichnen: Importe bei Körnermais und daraus hergestellten Produkten machen 58 % der im Inland erzeugten Menge aus, 74 % der Menge erzeugten Weichweizens wird zusätzlich als importierte Ware eingeführt (BMLRT, 2020, Tab. 1.5.3). Der Handel mit Getreide erfolgt hauptsächlich mit anderen EU-Mitgliedstaaten.

Reis wird fast zur Gänze importiert, die Menge ist in den letzten Jahrzehnten auf knapp 54.000 Tonnen gestiegen, der überwiegende Teil davon dient direkt als Nahrungsmittel (BMLRT, 2020, Tab. 1.5.4).

5.1.2 Ölfrüchte

2019 wurden 410.378 Tonnen Ölfrüchte in Österreich produziert, die Hauptkulturart ist mittlerweile die Sojabohne, dahinter kommen in abfallenden Mengen Winter- und Sommerraps und Rübsen, Ölkürbis, Sonnenblumen sowie andere wie Mohn, Saflor, Öllein, Öldistel und Sesam.

Der Selbstversorgungsgrad lag für 2018/2019 bei ganzen Sojabohnen bei 80 %, bei den anderen Ölsaaten weitaus niedriger (34–37 %). Insbesondere bei Raps und Sonnenblumen wurden erhebliche Mengen eingeführt (die 2,5- bzw. fast die dreifache Menge von im Inland produziertem Raps bzw. Sonnenblumen), aber auch relevante Mengen exportiert (BMLRT, 2020, Tab. 1.5.6). Zusätzlich werden erhebliche Mengen Sojaschrot für die Futtermittelproduktion importiert.

5.1.3 Hülsenfrüchte

Die Produktionsmenge bei Leguminosen sank 2019, der Selbstversorgungsgrad für Hülsenfrüchte lag 2018/2019 nur mehr bei 77 %. Der Rückgang ist vor allem auf den verminderten Anbau von Ackerbohnen und Körnererbsen zurückzuführen. Andere Hülsenfrüchte, wie Wicken, Platterbsen und Süßlupinen, wurden in größerer Menge als vorher angebaut, ohne dass die zusätzlichen Mengen den Gesamtrückgang kompensieren konnten (BMLRT, 2020, Tab. 1.5.5).

Die Importmengen für alle Hülsenfrüchte lagen bei ca. 41 % der inländischen Erzeugungsmenge und damit auf einem relevanten Niveau, die exportierten Mengen (ca. ein Zehntel der Inlandsproduktion) waren geringer.

5.1.4 Erdäpfel und Zuckerrüben

2019 wurden in Österreich rund 751.264 Tonnen Erdäpfel geerntet (BMLRT, 2020). Der Selbstversorgunggrad lag 2018/2019 damit bei 83 %. Rund 41 % der inländischen Erntemenge wurde importiert, auf der anderen Seite wurden ca. 22 % der Inlandserntemenge exportiert.

Bei Zuckerrüben lag die Produktionsmenge im Jahr 2019 mit 2,0 Mio. Tonnen um ca. 30 % unter dem Vorjahrsniveau, der Trend für die Inlandsproduktion ist seit 2015 stetig rückläufig. Einfuhren zur Deckung der Versorgung erfolgen aber in diesem Fall typischerweise nicht in Form von Zuckerrüben, sondern als Zucker oder Zucker in Produkten.

5.1.5 Gemüse

Bei Gemüse betrug 2019 die produzierte Menge 611.500 Tonnen und stieg damit verglichen mit dem Vorjahr um 9 % an. Beim kommerziell angebautem Gemüse stellten Zwiebeln mit 23 % der Gesamtmenge, Karotten (mit 16,5 %) und

Paradeiser (mit 10 %) die wichtigsten Gemüsearten dar, danach folgten mit fallenden Mengenanteilen (Salat-)Gurken, Salat (Häuptel- und Eissalat), weißes und rotes Kraut, Kohl, Chinakohl und andere Kohlgewächse, Paprika und Pfefferoni, Spinat, Sellerie, Erbsen, Zucchini, Rote Rüben, Spargel, Karfiol, Champignons und Pilze sowie eine geringe Menge an Melonen. Eher hoch ist der Anteil von verschiedenen anderen Gemüsearten (14 % der Gesamtproduktion).

In der Versorgungsbilanz zeigen sich erhebliche Extreme, die Spanne reicht bei den jeweiligen Selbstversorgungsgraden von 2 % (Melonen) bis 167 % (Erbsen). Bei den Hauptgemüsesorten waren die Selbstversorgungsgrade relativ hoch (65–95 %), bei Zwiebeln sehr hoch (114 %). Bei Paradeisern wurde hingegen nur ein Selbstversorgungsgrad von 20 % erreicht; hier lagen auch die Importmengen bei sehr hohen Werten (491 % der Inlandsproduktion). Sehr hohe Importanteile wurden auch z. B. bei Pilzen, Paprika und Salat sowie den übrigen Gemüsesorten festgestellt, bei den anderen genannten Gemüsen lag der Import in etwa in der Größenordnung der Produktion. Zumindest ein geringer Anteil der Inlandsproduktion wurde bei allen Gemüsesorten exportiert (BMLRT, 2020, Tab. 1.5.11).

5.1.6 Obst

Der Erwerbsobstbau brachte im Jahr 2019 eine Erntemenge von 225.200 Tonnen ein (ohne Holunder und Aronia); die Erntemenge lag damit im langjährigen Durchschnitt. Kernobst machte dabei rund 85 % der Ernte aus, Steinobst ca. 7 % und Beerenobst (ohne Holunder und Aronia) etwas über 8 %. Österreich ist traditionell bei Obst ein Nettoimporteur; etliche Obstsorten werden hierzulande nicht in erfassten Mengen produziert (Bananen, Ananas, sonstige exotische Obstarten, Zitrusfrüchte, darunter Orangen, Mandarinen, Zitronen, Grapefruits).

Bei den im Land erzeugten Obstarten werden unterschiedliche Selbstversorgungsgrade erzielt: Bei den Hauptproduktionssorten (Äpfel, Birnen, Zwetschken) liegt der Selbstversorgungsgrad bei rund 90 %, bei anderen Obstsorten erheblich niedriger, bei Beerenobst rund 35–40 %, bei Schalenobst und -früchten ca. 30 %, bei Pfirsichen und Nektarinen nur bei 11 % (Grüner Bericht, 2020, Tab. 1.5.12). Bei Schalenobst und -früchten werden Inlandsproduktionsdaten für Walnüsse, Edelkastanien, Haselnüsse, Mandeln und Schwarznüsse ausgewiesen (BMLRT, 2020, Tab. 2.1.7.4); importiert werden zusätzlich Cashewnüsse, Macadamianüsse, Paranüsse, Pekannüsse, Pistazien und Erdnüsse.

5.1.7 Grünfutter und Industrie- bzw. Energiepflanzen

Als Grünfutterpflanzen sind Kleegras, Klee, und Luzerne genannt; für Zierpflanzen werden im Grünen Bericht 2020 keine näheren Angaben gemacht. Als Energiepflanzen und Pflanzen für die industrielle Produktion werden Hanf, Flachs und Hopfen sowie Elefantengras und Sudangras angeführt (BMLRT, 2020, Tab. 2.1.1.5 und 2.1.1.6).

5.1.8 Liste von relevanten Nutzpflanzen für die Patentsuche

Die im Grünen Bericht genannten Nutzpflanzen sind in Tabelle 1 zusammengestellt. Angegeben sind jeweils die deutschsprachige und englischsprachige Bezeichnung sowie der botanische Name. Diese Liste wurde als ein Kriterium verwendet, um beurteilen zu können, welche Pflanzenpatente für Österreich relevant sind.

Im Hinblick auf diese Verwendung wurden die in Österreich angebauten Pflanzen und die importierten Pflanzenprodukte nicht in separaten Listen gegenübergestellt. Bei vielen Pflanzen werden darüber hinaus sowohl signifikante Mengen in Österreich angebaut als auch erhebliche Mengen importiert (siehe Diskussion der Selbstversorgungsgrade in den vorangegangenen Kapiteln).

Tabelle 1: Liste von Nutzpflanzen mit Relevanz für Österreich.

Deutsche Bezeichnung[5]	Systematischer Name	Englische Bezeichnung
Körnermais	*Zea mays*	corn, maize
Weichweizen	*Triticum aestivum* subsp. *aestivum*	wheat
Hartweizen	*Triticum turgidum* subsp. *durum*	pasta wheat, durum wheat, hard wheat
Dinkel	*Triticum aestivum* subsp. *spelta*	spelt
Gerste	*Hordeum vulgare*	barley
Triticale	*Triticosecale*	triticale
Roggen	*Secale cereale*	rye
Hafer (Saat-Hafer)	*Avena sativa*	(common) oat
Rispenhirse	*Panicum miliaceum*	millet
Sorghum	*Sorghum* sp. *(bicolor)*	sorghum
Buchweizen	*Fagopyrum* sp. *(esculentum)*	buckwheat
Reis	*Oryza sativa*	rice
Sojabohne	*Glycine max*	soybean
Winter- und Sommerraps	*Brassica napus*	oilseed rape, canola, rapeseed
Rübsen	*Brassica rapa*	turnip rape, field mustard, bird rape, keblock
Ölkürbis	*Cucurbita pepo con*var. *styriaca*	(oil) pumpkin
Sonnenblume	*Helianthus annuus*	sunflower
Mohn	*Papaver* sp.	poppyseed

[5] Nutzpflanzenarten, die in Österreich in signifikanten Mengen angebaut werden, sind in der ersten Spalte fett gedruckt; daneben sind auch Nutzpflanzenarten angeführt, die in bedeutendem Umfang auch in unverarbeiteter Form importiert werden; dieser Teil der Liste erhebt aber keinen Anspruch auf Vollständigkeit

Deutsche Bezeichnung[5]	Systematischer Name	Englische Bezeichnung
Saflor, Färberdistel, Öldistel	*Carthamus tinctorius*	safflower
Leindotter	*Camelina sativa*	false flax
Öllein, Flachs (Faserlein)	*Linum usitatissimum*	common flax, linseed
Sesam	*Sesamum indicum*	sesame
Olive	*Olea europea*	olive
Ackerbohne	*Vicia faba*	broad bean, fava bean, faba bean
Körnererbse	*Pisum sativum*	pea
Wicke	*Vicia* sp.	vetch, sweet pea
Platterbse	*Lathyrus* sp.	sweet pea, Indian pea, red pea
Süßlupine	*Lupinus*	lupin / lupine
Erdäpfel	*Solanum tuberosum*	potato
Süßkartoffel	*Ipomea batatas*	sweet potato
Maniok	*Manihot esculenta*	cassava
Yams	*Diascorea* spp.	yams
Topinambur	*Helianthus tuberosus*	Jerusalem artichoke, sunroot, sunchoke
Zuckerrübe	*Beta vulgaris* subsp. *vulgaris*	sugar beet
Brokkoli	*Brassica oleracea* var. *italica*	broccoli
Chinakohl	*Brassica rapa* subsp. *pekinensis*	Chinese cabbage
(Knollen-)Fenchel	*Foeniculum vulgare*	fennel
Fisolen (Pflückbohnen)	*Phaseolus vulgaris*	common bean
Grünerbsen	*Pisum sativum*	pea
Gurken	*Cucumis sativus*	cucumber
Käferbohnen, Speisebohnen	*Phaseolus* sp. (*coccineus*)	(scarlet) runner bean
Karfiol (Blumenkohl)	*Brassica oleracea* var. *botrytis*	cauliflower
Karotten, Möhren	*Daucus carota* subsp. *sativus*	carrot
Knoblauch	*Allium sativum*	garlic
Kohl (Wirsing)	*Brassica oleracea* convar. *capitata* var. *sabauda*	Savoy cabbage
Kohlrabi	*Brassica oleracea* var. *gongylodes*	turnip cabbage (kohlrabi)
Kohlsprossen	*Brassica oleracea* var. *gemmifera*	Brussels sprouts
Weißkraut	*Brassica oleracea* convar. *capitata* var. *alba*	white cabbage

Deutsche Bezeichnung[5]	Systematischer Name	Englische Bezeichnung
Rotkraut	*Brassica oleracea* convar. *capitata* var. *rubra*	red cabbage
Kren (Meerrettich)	*Armoracia rusticana*	horse radish
Melanzani (Aubergine)	*Solanum melongena*	eggplant
Wassermelone	*Citrullus lanatus*	water melon
Zuckermelone	*Cucumis melo*	sugar melon
Paprika	*Capsicum sp*	peppers
Tomaten	*Solanum lycopersicum*	tomato
Tabak	*Nicotiana tabacum*	tobacco
Petersilie	*Petroselinum crispum*	parsley
Pfefferoni	*Capsicum annuum*	chili peppers
Porree (Lauch)	*Allium ampeloprasum, A. porrum*	leek
Radieschen	*Raphanus sativus var. sativus*	garden radish
(Bier-)Rettich	*Raphanus sp*	radish
Rhabarber	*Rheum rhabarbarum*	rhubarb
Rote Rüben	*Beta vulgaris* subsp. *vulgaris*	red beet
Eissalat	*Lactuca sativa* var. *capitata nidus tenerimma*	iceberg lettuce
Endiviensalat	*Cichorium endivia*	endive
Häuptelsalat (Kopfsalat)	*Lactuca sativa* var. *capitata*	lettuce
Vogerlsalat (Feldsalat)	*Valerianella* sp. *(locusta)*	field / corn salad
Kochsalat	*Lactuca sativa var. longifolia*	Romain lettuce
Schnittlauch	*Allium schoenoprasum*	chive
Sellerie (Zeller)	*Apium graveolens*	celery
Spargel	*Asparagus officinalis*	asparagus
Speisekürbis	*Cucurbita* sp.	pumpkin
Spinat	*Spinacia oleracea*	spinach
Zucchini	*Cucurbita pepo* subsp. *pepo* convar. *giromontiina*	courgette / zucchini
Zwiebel	*Allium cepa*	onions
Champignon	*Agaricus bisporus*	(button) mushroom
Weintrauben	*Vitis vinifera*	grapes
Äpfel	*Malus domestica*	apple
Birnen	*Pyrus* sp.	pear
Zwetschken, Pflaumen	*Prunus domestica*	plum
Kirschen, Weichseln	*Prunus avium*	cherry
Marillen	*Prunus armeniaca*	apricot
Himbeeren	*Rubus idaeus*	raspberry

Deutsche Bezeichnung[5]	Systematischer Name	Englische Bezeichnung
Erdbeeren	*Fragaria × ananassa*	strawberry
Heidelbeeren	*Vaccinium myrtillus*	blueberry
Pfirsiche	*Prunus persica*	peach
Quitten	*Cydonia oblonga*	quince
Bananen	*Musa × paradisiaca*	banana
Ananas	*Ananas comosus / A. sativus*	pineapple
Nektarinen	*Prunus persica* var. *nucipersica* (var. *nectarina)*	nectarine
Orangen	*Citrus × sinensis*	orange
Mandarinen	*Citrus reticula*	tangerine
Zitronen	*Citrus limon*	lemon
Grapefruits	*Citrus × paradisi*	grapefruit
Holunder	*Sambucus nigra*	elderberry
Aronia	*Aronia* sp.	chokeberry
Mango	*Mango indica*	mango
Papaya	*Carica papaya*	papaya
Avocado	*Persea americana*	avocado
Kaki	*Diospyros kaki*	Japanese persimmon or Asian persimmon
Walnüsse	*Juglans regia*	walnuts
Edelkastanien	*Castanea sativa*	European chestnuts
Haselnüsse	*Corylus avellana*	hazelnuts
Mandeln	*Prunus dulcis / P. amygdalus*	almonds
Schwarznüsse	*Juglans nigra*	black walnuts
Cashewnüsse	*Anacardium occidentale*	cashew nuts
Macadamianüsse	*Macadamia* sp.	macadamia nuts
Paranüsse	*Bertholletia excelsa*	Brazil nuts
Pekannüsse	*Carya illinoinensis*	pecan nuts
Erdnüsse	*Arachis hypogaea*	peanuts
Schwarzsenf	*Brassica nigra*	black mustard
Weißer Senf	*Sinapis alba*	white mustard
Brauner Senf	*Brassica juncea*	brown mustard
Kümmel	*Carum carvi*	caraway
Mariendisteln	*Silybum marianum*	milk thistle
Kaffee	*Coffea arabica, C. canephora*	coffee
Kakao	*Theobroma cacao*	cacao
Rotklee und sonstige Kleearten	*Trifolium* sp	clover
Luzerne	*Medicago sativa*	alfalfa
Hanf	*Cannabis sativa*	hemp

Deutsche Bezeichnung[5]	Systematischer Name	Englische Bezeichnung
Hopfen	*Humulus lupulus*	hops
Elefantengras	*Miscanthus* (× *giganteus*)	giant miscanthus
Sudangras	*Sorghum sudanense (Sorghum × drummondii)*	Sudan grass

5.2 Analyse von ausgewählten Patenten zur Validierung der Suchstrategie und als Grundlage zur Untersuchung spezifischer Fragestellungen (Nachweisfrage in Bezug auf genomeditierte Nutzpflanzen)

Für acht der elf für die Analyse ausgewählten Produkte konnten mit der verwendeten Strategie zugehörige Patentschriften gefunden werden; die entsprechenden Pflanzen sind nachstehend aufgezählt:

- GE-FAE1 pennycress (Illinois State University),
- GE-BADC camelina (Metabolix Oilseeds Inc.),
- GE-Vinv potato (Calyxt),
- MLO-KO wheat (Calyxt),
- Low PPO5 potato (J.R. Simplot),
- ZFN-12 maize (Dow AgroSciences),
- CRISPR-Cas waxy corn (Pioneer Hi-Bred International),
- 5715 oilseedrape/SU Canola™ (Cibus US LLC).

Wie schon erwähnt, werden in der EUginius-Datenbank nur bei vier der elf ausgewählten genomeditierten Pflanzen Patentschriften angeführt (GE-FAE1 pennycress, GE-BADC camelina, GE-Vinv potato, 5715 oilseedrape/SU Canola™).

Für vier weitere genomeditierten Pflanzen (MLO-KO wheat, Low PPO5 potato, ZFN-12 maize, CRISPR-Cas waxy corn) ließen sich auf Basis der verfügbaren Informationen mittels der in Kapitel 4.2.2 beschriebenen Suche relevante Patentschriften finden.

5.2.1 Identifikation von Suchkriterien für die Patentrecherche

Die ausgewählten Patentschriften wurden hinsichtlich des Vorhandenseins von allgemein verwendbaren Suchbegriffen in Titel und Zusammenfassung analysiert. Zudem sind in Tabelle 2 die jeweiligen Patentklassifikationen angegeben. Angegeben sind sowohl die internationalen Patentklassifikationen nach dem IPC-System (international patent classification scheme) der WIPO (WIPO, 2018)

sowie die entsprechenden Klassifikationen nach dem Cooperative Patent Classification System[6], einem gemeinsam von EPO und dem US-Patentamt (USPTO) entwickelten Klassifikationssystem.

Tabelle 2: Informationen zur Unterstützung der Suche in der Europäischen Patentdatenbank.

Genom-editierte Pflanze	Patentschriften	Produktspezifische Mutation(en)	Schlüsselbegriffe (Titel, Summary)	Klassifikationen Espacenet (intl.)
GE-FAE1 pennycress	WO2019/143926A1 Ulmasov et al. (2019), US20190225977A1, no EP	CRISPR/Cas9 mediated *FAE* loss-of-function mutation	Pennycress (T) genetically modifying, gene editing, mutagenesis, genetically altered (alle S)	A23K10/30; C12N15/82 cooperative: A01H5/10 (EP); A01H6/20 (EP); A23K20/10 (EP); A23K50/10 (EP); C07K14/415 (EP); C11B1/10 (EP); C12N15/8213, 8245, 8246 (EP);
GE-BADC camelina	WO2017/039834A1 Thelen & Salie (2018), EP3341486 (A4)	CRISPR/Cas9 mediated deletions in the endogenous three homeologs of the *badc* gene	CRISPR, "TALON", mutagenesis, Liste von Zielarten (systematischer Name) (alle S)	A01H5/00; C07K14/415; C12N15/29, 52, 82; C12N9/00; C12P7/64 cooperative: C07K14/415 (EP, US); C12N15/113, 8247, 87 (EP, US); C12N9/93 (EP, US); C12P7/64 (EP); C12Y604/01, 01002 (EP, US); C12N2310/14 (US)
GE-Vinv potato	WO2014/096972A2 Mathis et al. (2014), EP2934097 (B1)	TALEN mediated targeted deletion in one or more alleles of the endogenous *Vinv* gene	targeted mutation, knockout, transcription activator-like effector nuclease, TALE-nuclease (alle S)	A23L19/18 cooperative: C12N15/8245 (EP, US)
MLO-KO wheat	WO2017/13409A3 Gao et al. (2017), EP3325629 (A2)	TALEN mediated knockout of the Mildew Resistance Locus (*MLO*) gene	wheat (T) targeted genome modification, loss of function (alle S) TALEN (introduction)	C12N15/82 C12N2310/20 (Google) cooperative: C12N15/8282 (EP, US);

[6] https://www.cooperativepatentclassification.org/index

Genom-editierte Pflanze	Patentschriften	Produktspezifische Mutation(en)	Schlüsselbegriffe (Titel, Summary)	Klassifikationen Espacenet (intl.)
Low PPO5 potato	US2012/297500A1 Rommens (2012), no EP	small, targeted, TALEN mediated mutation in the endogenous *ppo5* gene	precise breeding (T) mutated (S)	A01H1/00,02; A01H5/00; A23L19/00, 12,18; A23L5/10; C07H21/04; C07K14/415; C12N15/82; C12N9/02; C12Q1/54; G01N33/10 C12N2310/20 (Google) cooperative: A01H1/00 (EP); C07K14/415 (EP, US); C12N15/8205, 8209, 821, 8218, 8226, 8243, 8245, 825, 8273 (EP, US); (EP); C12N9/0059, 1051,1294 (EP); A23L19/12, 18 (EP); A23L5/11 (EP)
ZFN-12 maize	WO2006/029296A2 Thompson et al. (2006), EP1786901 (B1)	zinc finger nuclease deletion resulting in a non-functional *IPK1* (Inositol-pentakisphosphate 2-kinase) gene	maize, targeted mutagenesis (S)	C12N9/12 cooperative: C12N15/8243, 8245 (EP, US); C12N9/1205 (EP, US); Y02P60/87 (EP, US)
CRISPR-Cas waxy corn	WO2017/132239A1 Cigan et al. (2017), US2019032070 (A1), no EP	CRISPR-Cas gene knock-out approach to inactivate the corn granule-bound starch synthase 1 (*waxy*) gene	maize, CRISPR-associated nuclease, Cas endouclease, Cas9, TALEN, ZFN, meganuclease, guide RNA, mutations, modified nucleotide sequence (alle S)	C12N15/82 cooperative: A01H5/10 (EP); C12N15/8213, 8245 (EP, US); C12N9/1051 (EP); C12N2310/20 (US)
5715 SU Canola™	WO2009/046334A1 Schopke et al. (2009), EP2700721 (B1) EP2700722 (B1) EP2203565 (B1)	ODM (Rapid Trait Development System - RTDS™) approach to generate a *AHAS1* gene mutation	gene repair oligonucleobase (GRON), RTDS, oligonucleotide, mutation, non-transgenic (alle S)	A01H1/00; C12N15/82; C12N5/04; C12N9/88; C12Q1/68 cooperative: C12N15/8274 (EP); C12N9/88 (EP)

Zusätzlich zu den Pflanzennamen scheinen bei den meisten der analysierten Patente in den Zusammenfassungen die Kurzbezeichnungen der jeweiligen Technik des Genome Editing auf. Daneben sind auch in einigen Fällen die Bezeichnungen genetically modified, genome / gene editing, (targeted) mutagenesis enthalten.

Bei den Klassifikationen kommen laut Gupta et al. die folgenden fünf Klassifikationen am häufigsten vor (Gupta et al., 2020). Das sind in absteigender Reihenfolge:

- C12N-015/82 (Mutation or genetic engineering / Plant cells)
- A01H-005/00 (Angiosperms, i.e. flowering plants, characterised by their plant parts; Angiosperms characterised otherwise than by their botanic taxonomy)
- C12N-009/22 (Enzymes / Ribonucleases)
- C12N-015/113 (Mutation or genetic engineering / Non-coding nucleic acids modulating the expression of genes, e.g. antisense oligonucleotides)
- C12N-015/29 (Mutation or genetic engineering / Genes encoding plant proteins

5.2.2 Ergebnisse der Patentrecherche

Bei der ausgewerteten Recherche wurden insgesamt 2.072 Patentfamilien, die CRISPR-Anwendungen oder -Entwicklungen beschreiben, mit Prioritätsdaten bis Dezember 2017 dokumentiert (Martin-Laffon et al., 2019). Davon betreffen nach Ausschluss von nicht mehr weiterverfolgten Anmeldungen 260 den Bereich Pflanzenzucht bzw. Weiterentwicklung der CRISPR-Technik für die Entwicklung von Pflanzen mit bestimmten Eigenschaften. Die Ergebnisse sind in Annex 2, Tabelle A10 zusammengestellt. Die Tabelle versammelt Patentanmeldungen und erteilte Patente (B-Schriften).

Festgestellt werden kann, dass der Bereich der Methodenentwicklung bei Pflanzenanwendung von wesentlicher Bedeutung ist. Knapp über 100 Patentfamilien sind diesem Bereich zuzurechnen.

Leider lässt sich nicht immer eine saubere Trennung zur Technikentwicklung für andere Anwendungsfelder bzw. allgemeine Technikentwicklung ziehen. Auch die Abgrenzung zu anwendungsrelevanten Entwicklungsarbeiten ist schwierig. So werden doch manche Technikentwicklungsprojekte an Pflanzen mit landwirtschaftlicher Bedeutung durchgeführt und die im Rahmen der Arbeiten genutzten Merkmale sind auch agronomisch relevant. Für diese Arbeiten werden häufig landwirtschaftlich relevante Modellpflanzen, wie Reis, Weizen und Mais, benutzt, um nur einige wenige zu nennen. Die Bereiche Molecular Pharming und Epigenome Editing spielen zahlenmäßig zwar nur eine kleine Rolle (vier Patentfamilien), sind aber zumindest Nebenschauplätze der generellen Entwicklung.

Ebenfalls vier Patente wurden für Erfindungen beantragt, die zwar darauf hinweisen, dass CRISPR-Methoden in ihrem Rahmen verwendet werden könnten, die aber diese Anwendung nicht weiter beschreiben. Beim Rest der gefundenen Patentschriften stellt die Anwendung des Genome Editing zumindest einen wesentlichen Fokus dar. Die Tabelle A10 listet auch die verschiedenen Anwendungsbereiche im Rahmen der Pflanzenzucht.

Ein überwiegender Teil der Patentschriften stammt aus China (180) und den USA (50). Aus anderen Ländern Asiens (Japan und Korea je fünf) sowie aus Europa (Deutschland sechs, Niederlande fünf, UK und Schweden je zwei, Belgien eine) liegen nur wenige Patentschriften vor.

Die ungleichmäßige Herkunftsverteilung spiegelt sich auch in den verwendeten Pflanzenarten wider: 112 Patentschriften beziehen sich auf die genetische Veränderung von Reis. Neben Reis finden sich auch die Modellpflanzen Arabidopsis (20) und Tabak (14); wichtig sind auch noch Mais (30), Tomaten (13) und Weizen (8). Das Spektrum der anderen in einzelnen Fällen verwendeten Pflanzenarten ist sehr breit gefächert und reicht von Ackerfrüchten über Gemüse und Obstpflanzen bis hin zu Blumenarten. Nicht auf der Liste der laut Grünem Bericht (BMLRT, 2020) für Österreich für den Anbau relevanten Pflanzenarten findet sich das Englische Raygras, das aber mit 40 eingetragenen Sorten in der aktuellen BSL – der Beschreibenden Sortenliste – sehr wohl eine Bedeutung als Grünlandnachsaat bzw. im Ackerfutterbau hat. Patentanmeldungen existieren auch für Nelken, Chufanüsse und Kiwis; diese Pflanzenarten haben nur hinsichtlich des Imports eine gewisse Bedeutung.

5.2.3 Nachweisrelevante Informationen in Patentschriften

Von den 260 durchsuchten Patentschriften enthielten 146 Sequenzinformationen, die für die Entwicklung von Verfahren zum analytischen Nachweis wertvoll sind. Nur 21 der Patentschriften, die agronomisch relevante Neuzüchtungen beschreiben, enthielten keine ausreichenden Sequenzinformationen zu den eingebrachten genetischen Änderungen. Bei vielen technischen Entwicklungsprojekten sind die erzeugten Mutanten auch nicht über Sequenzinformationen beschrieben. Das ist aufgrund des Fokus dieser Arbeiten nachvollziehbar.

Insgesamt sind Patentschriften daher eine sehr gute Quelle von nachweisrelevanten Informationen; analytische Nachweismethoden für die eingeführten genetischen Änderungen werden nicht in allen Fällen beschrieben. In den meisten Fällen sind das aber keine PCR-Methoden, wie sie auch in der behördlichen Routineanalytik für den GVO-Nachweis verwendet werden.

Ein ähnliches Bild ergibt die Untersuchung der für die elf ausgewählten Produkte gefundenen Patentschriften. Eine Übersicht zu den Ergebnissen ist in Tabelle 3 dargestellt.

Tabelle 3: Nachweisrelevante Informationen in den ausgewählten Patentschriften.

Genomeditierte Pflanze	Patentschrift	Produktspezifische Mutation(en)	Sequenz-informationen	Beschriebene Detektionsmethode
GE-FAE1 pennycress	WO2019/143926A1 Ulmasov et al. (2019)	beschrieben (Mutationen in verschiedenen Zielgenen)	enthalten	Sanger sequencing oder T7-endonuclease assay

Genomeditierte Pflanze	Patentschrift	Produktspezifische Mutation(en)	Sequenz-informationen	Beschriebene Detektionsmethode
GE-BADC camelina	WO2017/039834A1 Thelen & Salie (2018)	alternative RNAi Anwendung beschrieben	nein	keine
GE-Vinv potato	WO2014/096972A2 Mathis et al. (2014)	beschrieben	enthalten	Targeted sequencing oder pyrosequencing
MLO-KO wheat	WO2017/13409A3 Gao et al. (2017)	beschrieben (drei unabhängige Mutationen in verschiedenen Allelen)	enthalten	T7-endonuclease assay sowie targeted sequencing
Low PPO5 potato	US2012/297500A1 Rommens (2012)	Intragenic antisense expression construct beschrieben	nur Sequenz des Expressionskonstrukts enthalten	keine
ZFN-12 maize	WO2006/029296A2 Thompson et al. (2006)	nur Antisense-silencing und Strahlungsmutagenese beschrieben	nur Targetsequenz enthalten	PCR-Screening-Methode zur Identifikation von Deletionen
CRISPR-Cas waxy corn	WO2017/132239A1 Cigan et al. (2017)	beschrieben	enthalten	qPCR screening for mutants und targeted NGS
5715 SU Canola™	WO2009/046334A1 Schopke et al. (2009)	beschrieben	enthalten	Allele specific PCR und targeted sequencing

Die Ergebnisse der Analyse der ausgewählten Patentschriften können wie folgt zusammengefasst werden:

- Nicht für alle ausgewählten genomeditierten Pflanzen waren Patentschriften verfügbar. Patentschriften können daher nicht als alleinige Quelle von notwendigen Informationen angesehen werden.
- Bestehende Informationsquellen wie die EUginius-Datenbank referenzieren nicht alle verfügbaren Patentschriften, sondern geben nur in Einzelfällen Hinweise auf existierende Patentschriften, die mit den Informationen für die gelisteten genomeditierten Pflanzen gefunden werden können.
- Wenn in Produktdatenbanken keine Patentschriften referenziert sind, kann eine weiterführende Suche nach korrespondierenden Patenten auf der Basis der verfügbaren Produktinformationen trotzdem erfolgreich sein. Das ist vor allem dann wesentlich, wenn die sonstigen genannten Quellen, beispielsweise USDA-APHIS-Anfragedokumente, keine für die Erstellung von Nachweismethoden geeigneten Informationen enthalten.
- Die gelisteten oder gefundenen Patentschriften enthalten nicht immer technische Informationen betreffend die Herstellung der jeweiligen genomeditierten Pflanzen. Die in Tabelle 2 angeführten Patentschriften zu Leindotter mit verändertem Fettsäurezusammensetzung und Mais mit reduziertem Phytatgehalt erwähnen die Herstellung von entsprechenden genomeditierten Pflanzen (BADC Camelina und ZFN-12 Mais) nur als zusätzlichen, nicht näher beschriebenen Anspruch. In diesen Fällen enthalten die entsprechenden Patentschriften auch keine nachweisrelevanten Informationen.

- Die Mehrzahl der analysierten Patentschriften (fünf von acht) enthält spezifische Angaben zur Art der Mutation und der mutierten Sequenz sowie eine Beschreibung einer analytischen Methode zum Nachweis der Veränderung. Das erlaubt die Entwicklung von Methoden für den Nachweis der jeweiligen genetischen Veränderung.
- Bei der überwiegenden Mehrzahl der analysierten Patente sind die Zielmerkmale oder die zur genetischen Veränderung der jeweiligen Pflanzen eingesetzten DNA-Konstrukte angegeben. Die meisten dieser Patentschriften enthalten auch die Sequenz der eingebrachten genetischen Veränderungen im Genom der Zielpflanze.
- Außerdem sind in manchen Patentschriften Detektionsmethoden für die eingeführten genetischen Veränderungen beschrieben; alle gefundenen Methoden wären aber – wenn überhaupt – ohne weitere Entwicklungs- und Validierungsarbeiten nicht direkt als Nachweisverfahren für die Routinekontrolle bei importiertem Pflanzenmaterial und Saatgut bzw. Lebens- und Futtermitteln einsetzbar.

Patentschriften enthalten daher in vielen Fällen relevante Informationen, die zur Entwicklung von Nachweismethoden beitragen können. Wenn die Herstellung der entsprechenden Pflanzen in der wissenschaftlichen Literatur beschrieben ist, sind in diesen Publikationen zumeist ähnliche Informationen enthalten.

5.3 Wissenschaftliche Literatur zu anwendungsorientierten, genomeditierten Pflanzen

Für die Erstellung der im Annex 1 dargestellten Übersicht wurde von den Ergebnissen der vom deutschen Julius-Kühn-Institut publizierten Erhebung (JKI, 2020) ausgegangen. Diese Untersuchung enthält eine 2020 aktualisierte Übersicht zu kommerziell nutzbaren Nutz- und Zierpflanzen, die mittels neuer molekularbiologischer Techniken für die Bereiche Ernährung, Landwirtschaft und Gartenbau erzeugt wurden. Die Erhebung umfasste die verfügbare wissenschaftliche Literatur im erweiterten Zeitraum von 1996 bis Juni 2019. Ergänzt wurden diese Ergebnisse mit Fundstellen aus einer systematischen Literatursuche von Publikationen zu Anwendungen von Genome Editing bei Pflanzen für den Zeitraum Jänner 1996 bis März 2018 (Modrzejewski et al., 2019), die zusätzliche, in der JKI-Studie nicht berücksichtigte wissenschaftliche Literatur zu Tage förderte.

Diese beiden Untersuchungen fokussierten auf die Identifikation marktorientierter Anwendungen; verwendet wurden dabei die folgenden drei Kriterien:

- Genome Editing wurde zur Modifikation einer Kultur- oder Zierpflanze eingesetzt;
- ein Merkmal wurde bearbeitet, das für die Kommerzialisierung von Interesse sein könnte;

- es wurde untersucht, ob die bearbeitete Eigenschaft in der genomeditierten Pflanze tatsächlich ausgeprägt ist.

Da dieser Ansatz in Ermangelung robusterer Anhaltspunkte eine recht bewährte Vorgehensweise darstellt, wurde er im Hinblick auf die durchgeführten Ergänzungen beibehalten.

Abgeglichen wurden die aus beiden Quellen (JKI, 2020, Modrzejewski et al., 2019) kompilierten Ergebnisse mit weiteren Übersichtsarbeiten aus der wissenschaftlichen Literatur sowie einer im Jahre 2017 vom Umweltbundesamt durchgeführten Literatursuche betreffend Pflanzen, die mittels sogenannter neuer genomischer Techniken hergestellt wurden (Eckerstorfer et al., 2019). Auch diese Suche umfasste genomeditierte Pflanzen mit agronomisch relevanten Merkmalen, die mit einschlägigen Techniken (CRISPR-Cas, ZFN, TALEN, Meganukleasen-Editing, ODM) hergestellt wurden. In dieser Studie wurde zwischen Publikationen zum Zweck der Methodenentwicklung sowie zu Anwendungen in der Grundlagenforschung und der angewandten Forschung zur Entwicklung von vermarktbaren Merkmalen unterschieden.

Die Ergebnisse der systematischen Literaturanalyse von Modrzejewski et al. wurden in Bezug auf globale Entwicklungsarbeiten und unterschiedliche nationale Gesetzgebungsrahmen für die Anwendung weiter ausgewertet (Menz et al., 2020). Die Auswertung belegt, dass seit dem Jahr 2017 die allermeisten in der wissenschaftlichen Literatur dokumentierten Anwendungen von Genome Editing mittels der CRISPR/Cas-Technologie hergestellt wurden.

Die Ergebnisse sind in Annex 1 zusammengestellt: Die verschiedenen gefundenen Anwendungen wurden dabei nach dem vom JKI verwendeten System nach der Art der jeweils erzeugten Merkmalseigenschaft gruppiert (Tabellen A1 bis A8 im Annex 1). Die einzelnen Gruppen umfassen Anwendungen zur

- Modifikation agronomisch relevanter Merkmale
- Modifikation der Lebens- und Futtermittelqualität
- Modifikation biotischer Stresstoleranz (Krankheitsresistenzen)
- Erzeugung von Herbizidresistenz
- Modifikation von industriell relevanten Merkmalen
- Modifikation abiotischer Stresstoleranz
- Modifikation von züchtungsrelevanten Merkmalen
- Modifikation verschiedener anderer Merkmale

In Tabelle A9 des Annex 1 sind Anwendungen von Genome Editing bei Zierpflanzen angeführt.

Neben den spezifisch erzeugten Merkmalen sind jeweils auch die einzelnen Fundstellen und die Quelle der jeweiligen Fundstelle, die Art der beim Genome Editing verwendeten Technik und die Zuordnung zu der jeweiligen Technikklasse (SDN1–3) vermerkt.

Eine weitere Recherche zur Identifikation marktrelevanter Produkte von neuen genomischen Techniken wie Genome Editing wurde im Rahmen einer Studie

der Europäischen Kommission vom gemeinsamen Forschungszentrum JRC durchgeführt (European Commission. Joint Research Centre, 2021). Neben den Daten von Modrzejewski et al. und Menz et al. wurden eine Reihe weiterer Quellen ausgewertet, darunter Datenbanken und Informationen von zuständigen Behörden, Informationen von Technologieanalyst:innen, den internationalen und europäischen Dachverbänden von Biotech-Firmen (EuropaBIO und CROP-Life), einer Ad-hoc-Befragung einzelner Biotechnologieunternehmen sowie Pressemeldungen. Patente wurden wegen des zur Auswertung erforderlichen Rechercheaufwandes im Rahmen der JRC-Studie nicht berücksichtigt.

Aufgrund der Vertraulichkeit von manchen gesammelten Informationen wurden die Daten zu einzelnen Produkten nur in aggregierter, anonymisierter Form veröffentlicht, was eine Einzelauswertung der Daten im Nachgang erschwert.

Die gefundenen Anwendungen wurden nach ihrem Entwicklungsstand klassifiziert und einer der folgenden vier Kategorien zugeordnet:

- Kommerzialisierte Produkte (Vermarktung in wenigstens einem Land)
- Produkte vor der Kommerzialisierung (marktreife Produkte, die in wenigstens einem Land in den nächsten fünf Jahren kommerzialisiert werden sollen)
- Späte R&D-Anwendungen (Research and Development), (Produkte, die in Feldversuchen getestet werden und in den nächsten zehn Jahren kommerzialisiert werden könnten)
- Frühe R&D-Anwendungen (Anwendungen im Forschungsstadium)

Dokumentiert ist in der Studie, dass bis Mai 2021 nur zwei genomeditierte Pflanzen im Stadium der Kommerzialisierung gefunden wurden:

- In den USA wird seit 2019 von der Firma CALYXT eine genomeditierte Sojabohne mit veränderter Fettsäurezusammensetzung vermarktet (https://calyxt.com/wp-content/uploads/2019/02/20190226_PR-Calyno-Commercialization.pdf). Die Sorte hat einen erhöhten Ölsäuregehalt und wurde mittels TALEN-Technologie erzeugt (Demorest et al., 2016). Diese Anwendung ist auch patentiert (WO2021108248A1).
- In Japan wird seit September 2021 von der Firma Sanatech Seed eine genomeditierte Tomatensorte mit einem erhöhten Anteil an ɣ-Amino-Buttersäure (GABA) in Kooperation mit Pioneer EcoScience Co., Ltd. vermarktet (https://sanatech-seed.com/en/20210915-2/). Die Sorte ist auch für den Anbau in privaten Gärten zugelassen. Sie wurde mittels CRISPR-Technik erzeugt und soll wegen der blutdruckmindernden Wirkung von GABA positive Gesundheitswirkungen vermitteln (Nonaka et al., 2017). Das Produkt wurde von der Universität Tsukuba entwickelt; ein spezifisches Patent dafür konnte nicht gefunden werden, es wurde aber über Patentanstrengungen berichtet (http://www5d.biglobe.ne.jp/~cbic/english/2021/journal2101.html).

Zu den anderen Kategorien der JRC-Studie sind nur zusammenfassende Ergebnisse dokumentiert:

Von den 645 untersuchten Anwendungen wurden 68,5 % mittels CRISPR-Technologie entwickelt. Unter allen Anwendungen betreffen 427 oder 66 % Pflanzen und Pilze. Bis auf zwei Anwendungen wurden alle Pflanzen mit verschiedenen Methoden des Genome Editing erzeugt.

Mittels CRISPR-Technik wurden 305 genetisch veränderte Pflanzen und ein Speisepilz erzeugt, d. h. 71,5 % aller genomeditierten Pflanzen und Speisepilze.

Vertreten sind dabei die folgenden Pflanzengruppen

Getreidepflanzen	116
Gemüse	50
Öl- und Faserpflanzen	45
Wurzel- und Knollengemüse	30
Früchte	27
Zierpflanzen	12
Andere Pflanzen	8
Leguminosen	6
Futtergräser	4
Zuckerproduzierende Pflanzen	2
Bäume	2
Speisepilze	1

2,6 % der Anwendungen (sieben Pflanzen und ein Speisepilz) sind im Stadium vor der Kommerzialisierung, rund 26 % (80) in einem späteren R&D-Stadium, der Rest (71,5 %, 218 Pflanzen) in einem frühen R&D-Stadium.

36 % der Anwendungen (111) wurden vom privaten Sektor entwickelt, etwas mehr als die Hälfte dieser Anwendungen ist in einem späten Entwicklungsstadium. Bei den von öffentlichen Institutionen entwickelten Anwendungen sind dagegen 84 % erst in einem frühen Forschungs- und Entwicklungsstadium.

Hauptentwicklungsstandorte sind neben Nord- und Südamerika und Westeuropa vor allem China und Japan. Im Einzelnen lassen sich folgende Zuordnungen treffen:

In den USA und in China findet die Mehrzahl der Entwicklungen statt (jeweils >70 Entwicklungen); danach folgen Deutschland (36 Anwendungen) sowie Frankreich, UK, Japan, und Chile mit jeweils 9–18 Anwendungen. In allen anderen Ländern sind jeweils weniger als neun Entwicklungen dokumentiert; die geringste Zahl findet sich in südosteuropäischen Ländern, Afrika, dem Nahen und Mittleren Osten sowie in Südostasien.

Auffällig ist, dass durch eine Literaturrecherche allein nicht alle relevanten Anwendungen gefunden werden können. Während sich auf Basis der Daten der Literaturrecherche nur sieben Anwendungen deutschen Entwicklern zuordnen lassen (Menz et al., 2020), finden laut der JRC-Untersuchung 36 Entwicklungsvorhaben in Deutschland statt.

5.4 Ergebnisse des Projektworkshops „Biopatente für genomeditierte landwirtschaftliche Pflanzen – (patent-)rechtliche Auswirkungen für Österreich“

Als Einstieg zu der vertiefenden Diskussion der beiden Themenblöcke „Biopatente und Pflanzenzucht in Österreich“ sowie „Biopatente und Forschung und Entwicklung in Österreich“ wurden folgende Inhalte vorgestellt:

- Überblick über das Thema des Workshops und die technischen Charakteristiken von Genome Editing, welche einerseits die hohen Potenziale der Technik begründen, andererseits aber zu Schwierigkeiten bei der Abgrenzung zu anderen Züchtungstechniken führen.
- Überblick über die bisherigen Projektarbeiten und die Zwischenergebnisse der Patentrecherche.
- Übersicht der österreichischen Pflanzenzuchtbranche, die aus vielen mittelständischen und kleinen Unternehmen besteht. Viele Zuchtunternehmen sind in der Vereinigung der Pflanzenzüchter:innen und Saatgutkaufleute Österreichs (Saatgut Austria) organisiert, daneben gibt es viele Klein- und Erhaltungszuchtunternehmen, die vor allem für einzelne Nutzpflanzenarten eine wichtige Bedeutung haben.
- Überblick über den europäischen Rahmen für Sortenschutz und die im Sortenschutz verankerten Privilegien für Züchter:innen und Landwirt:innen.
- Vorstellung des praktischen Arbeitshintergrunds der externen Teilnehmer:innen und ihren Bezug zum Thema Biopatente.

Im einführenden Teil wurden auch Leitfragen für die anschließende Diskussion der obengenannten Themenblöcke vorgeschlagen, darunter:

- Erleichtert die aktuelle Situation bei Biopatenten für Genome Editing den Zugang zur Technik?
- Ist eine „Auslagerung“ politisch ethischer Erwägungen auf Lizenzgeber im Sinne des Gesetzgebers?
- Ist der Unterschied bei der Ausformung der Züchter- und Landwirte-Privilegien im Patent- bzw. Sortenschutzrecht für österreichische Anwender:innen erheblich?
- Kann die unklare Beweislage bei nicht gegebener Nachweisbarkeit von patentierten Produkten die Rechtssicherheit für die Verwender:innen (z. B. Pflanzenzüchter:innen oder Landwirt:innen) gefährden?

5.4.1 Ergebnisse der Diskussion zu Biopatenten und Pflanzenzucht in Österreich

Es wurde festgehalten, dass Genome Editing als Technik durchaus von Interesse ist – vor allem, wenn auch eine Anwendung bei sogenannten „minor crops“ möglich wird. Vonseiten der Praxis wurde aber auch festgestellt, dass auch

beim Einsatz von Genome Editing nur eine mäßige Beschleunigung des Zuchtprozesses bis zur Einführung von neuen Sorten zu erwarten ist. Auch ist es vor dem derzeitigen Hintergrund der Anwendung mit einer Fokussierung auf monogene Veränderungen wahrscheinlich, dass Genome Editing allein nicht die Lösung komplexer Zuchtvorhaben sein wird. Beispiele solcher komplexer Zuchtanstrengungen sind unter anderem die Entwicklung von Pflanzensorten mit langfristig wirksamen Resistenzeigenschaften gegen Krankheiten oder die Anpassung von Pflanzensorten an den Klimawandel.

Die Technik des Genome Editing wird hauptsächlich von größeren Zuchtunternehmen, die auf der europäischen oder globalen Ebene operieren, eingesetzt. Eine Verfügbarkeit dieser Technik für kleinere Pflanzenzuchtunternehmen hängt daher signifikant von etablierten Kooperationen mit den Technikentwicklern und den Konditionen für den Zugang zum genomeditierten Pflanzenmaterial ab.

Von Züchterseite wurde betont, dass das im Sortenschutz verankerte Züchterprivileg speziell für mittelständische Züchter wichtig ist. Es wurde festgehalten, dass zwischen den Lizenznotwendigkeiten und Züchterprivilegien, welche im Patentrecht bzw. im Sortenschutzrecht verankert sind, relevante Unterschiede bestehen. So gilt das im Sortenschutz verankerte Züchterprivileg nicht in gleicher Form im Patentrecht. Das macht den Zugang zu genetischem Ausgangsmaterial, das für aktuelle Züchtungsnotwendigkeiten wichtig ist, aufwendiger und teurer. Für Züchtungsvorhaben von Pflanzensorten, die nur einen geringen Marktanteil bzw. ein geringes Marktvolumen erreichen, rechnet sich der erhöhte (finanzielle) Aufwand für den Zugang zu patentrechtlich geschütztem Material großteils nicht. Für österreichspezifische Züchtungsnotwendigkeiten (z. B. hinsichtlich Klimawandelanpassung, Züchtung krankheitsresistenter Sorten etc.) erscheint das Regime des Sortenschutzes als das geeignete Instrument.

Hingewiesen wurde auch auf einen anderen wesentlichen Unterschied zwischen Sorten- und Patentschutz: Während der Sortenschutz im Wesentlichen über eine phänotypische Charakterisierung des erzeugten Pflanzenmaterials umgesetzt wird, ist der patentrechtliche Schutz teils abhängig von molekularbiologischen Änderungen in einzelnen genomeditierten Genen und erstreckt sich damit auf die genomeditierten Bereiche und die benachbarten genetisch verbundenen Genomregionen. Dieser Unterschied wird von Anwender:innen als wesentlich und auch als problematisch angesehen.

5.4.2 Ergebnisse der Diskussion zu Biopatenten und Forschung und Entwicklung in Österreich

Die in diesem Themenblock gemachten Aussagen bezogen sich auf zwei unterschiedliche Anwendungsgebiete: einerseits Forschungsarbeiten im Rahmen der Grundlagenforschung und andererseits Arbeiten als technischer Dienstleister für komplexe technische Entwicklungen zur Erzeugung und Charakterisierung von neuen Pflanzenlinien. In beiden Fällen werden derzeit hauptsächlich Pflan-

zen erzeugt, in denen mittels Genome Editing spezifische Zielgene ausgeschaltet werden. Die bearbeiteten Pflanzenarten umfassen Modellpflanzen für die Grundlagenforschung, wie z. B. die Ackerschmalwand (*Arabidopsis*), Moose, aber auch landwirtschaftlich relevante Arten, unter anderem Gerste, Hopfen, Luzerne und Soja.

In beiden Anwendungsfeldern sind die Schutzbestimmungen von Biopatenten nicht unmittelbar relevant, weil es nicht um Forschung und Entwicklung zur direkten kommerziellen Verwertung geht. Auch der Zugang zu technischen Innovationen im Bereich des Genome Editing wird für Wissenschaftler:innen durch Biopatente nicht eingeschränkt.

Der Anreiz, selbst Biopatente auf neue technologische Entwicklungen oder Forschungsergebnisse zu erwerben, ist unter den derzeitigen Bedingungen begrenzt. Bei der Auftragsforschung stehen für eigene technologische Entwicklungsarbeiten und die allfällige Patentierung dieser Entwicklungsarbeiten nur sehr begrenzte Ressourcen zur Verfügung. Der zusätzliche Aufwand für die Patentanmeldung von neuen Entwicklungen kann parallel zur Bearbeitung der Kundenwünsche zumeist nicht getragen werden. Bei Arbeiten im Rahmen der angewandten Pflanzenforschung mit möglicher Verwertungsrelevanz (z. B. stressresistente Gerste mit höherer Mehlausbeute in Zusammenarbeit mit Landwirt:innen und Industriepartnern, darunter auch deutschen Züchter:innen) steht die Forschung erst am Anfang; die Frage einer allfälligen Patentierung stellt sich an diesem Punkt noch nicht. Der Erwerb von Biopatenten auf biologisches Material ist darüber hinaus kein Fokus in den Anstrengungen der österreichischen Universitäten.

Im Konnex zur Diskussion mit Fragen zu Biopatenten wurde auch thematisiert, dass die Anwendbarkeit von Innovationen der Pflanzenzucht, die zur Entwicklung genetisch veränderter Nutzpflanzen führen, in Europa und Österreich von den geltenden Gentechnikgesetzen betroffen ist. Die damit verbundenen Auflagen werden im Bereich der angewandten Forschung als problematisch gesehen. Nach Aussagen der eingebundenen Expert:innen wandern Pflanzenwissenschaftler:innen nach der Ausbildung oft in andere Länder oder Anwendungsfelder ab, die von den Effekten der Auflagen bei der Zulassung von GVO weniger betroffen sind, wie beispielsweise medizinische Anwendungen.

6 Zusammenfassung und Schlussfolgerungen im Hinblick auf eine nachfolgende Diskussion im BPMK

Die aktuelle Patentlandschaft zu technologischen Entwicklungen im Bereich des Genome Editing und ihren Anwendungen in der (angewandten) Pflanzenwissenschaft ist sehr komplex und entwickelt sich sehr dynamisch, insbesondere bei Anwendungen, die auf dem CRISPR-Cas-System beruhen.

Es existiert eine Vielzahl von Patenten, welche verschiedene technische Aspekte des Genome Editing mittels CRISPR/Cas betreffen und die auch für die Anwendung von Genome Editing für die Erzeugung von genetisch veränderten Nutzpflanzen relevant sind.

Bislang wurden in Österreich noch keine nationalen Patente für genomeditierte Pflanzen erteilt; auch seitens des Europäischen Patentamts wurde bisher nur eine geringe Zahl an Patenten für genomeditierte Pflanzen erteilt. Angesichts der vielen eingereichten Patentanträge mit weltweitem Geltungsanspruch könnten in den kommenden Jahren aber mehr Patente für genomeditierte Pflanzen erteilt werden, darunter viele Patente für den europäischen Raum, die auch in Österreich Gültigkeit haben.

Viele der in dieser Studie aufgeführten Patentanmeldungen betreffen Pflanzen und Merkmale, die relevant für die österreichische Landwirtschaft und den Anbau von Nutzpflanzen in Österreich sind. Fast alle der gefundenen Patentschriften betreffen Nutzpflanzenarten, deren Produkte in die EU und nach Österreich importiert werden. Die meisten der in den Patentanmeldungen beschriebenen genomeditierten Pflanzen werden auch in wissenschaftlichen Publikationen beschrieben.

Im Unterschied zu vielen wissenschaftlichen Publikationen enthält ein Großteil der korrespondierenden Patentschriften Informationen, die für die eindeutige Identifikation dieser Pflanzen hochrelevant sind, wie z. B. Sequenzinformationen zu den eingeführten genetischen Veränderungen. Diese Informationen können zur Entwicklung von spezifischen Nachweisverfahren genutzt werden. Der damit mögliche analytische Nachweis ist von wesentlicher Bedeutung für das derzeit angewendete System zur Importkontrolle und Rückverfolgbarkeit von genetisch veränderten Pflanzen bzw. Pflanzenprodukten.

Neben den Herausforderungen durch die rasche Entwicklung der Technik und die ständig steigende Zahl der Anwendungen gibt es in vielen praktischen Anwendungsfragen rechtlichen Klärungsbedarf.

Derzeit ist der Zugang zur Technologie und damit die Anwendung von Genome Editing aufgrund der patentrechtlichen Auseinandersetzungen betreffend Schlüsselpatente für Genome Editing mittels CRISPR/Cas-Technik mit rechtlichen Unsicherheiten behaftet, die zu einem erheblichen Aufwand für potenzielle Anwender:innen führen können. So wird befürchtet, dass zumindest zur

Zeit der Zugang zu neuen Technologien nicht in der vom Patentrecht beabsichtigten Weise erleichtert wird. In ähnlichen, früheren Fällen, z. B. bei der Patentierung der PCR-Technik, haben sich solche Befürchtungen letztendlich allerdings nicht bestätigt.

Ein wesentlicher Aspekt dabei ist auch, ob und wie konventionell hergestellte Züchtungsprodukte von patentierten genomeditierten Pflanzen zu unterscheiden sind. Wenn eine eindeutige Identifikation von genomeditierten Pflanzen, z. B. mit analytischen Methoden, nicht möglich ist, kann das auch für die Umsetzung patentrechtlicher Vorgaben Schwierigkeiten mit sich bringen. So könnten Pflanzenzüchter:innen einer Klagsdrohung ausgesetzt sein, wenn sie konventionell hergestellte Pflanzen vermarkten wollen, die nicht von patentierten genomeditierten Pflanzen unterscheidbar sind, und sie keine Lizenz für die Inanspruchnahme der eingeschränkten Züchterrechte nach dem Patentrecht erworben haben. Das verdeutlicht die zentrale Bedeutung, welche die Verfügbarkeit von Nachweismethoden für genomeditierte Pflanzen in solchen Situationen hat. Daher bedarf es zusätzlicher Anstrengungen in der Entwicklung von Nachweismethoden, da die untersuchten Patentschriften durchwegs keine Beschreibungen von Nachweismethoden enthalten, die für einen Routineeinsatz geeignet wären.

Klassische Pflanzenzüchter:innen haben Vorbehalte gegenüber der Patentierbarkeit von genomeditierten Pflanzen, wenn diese Pflanzen nicht von konventionell erzeugten Sorten unterschieden werden können. Wenn keine geeigneten Nachweismethoden zur Identifikation von genomeditierten Pflanzen verfügbar sind, scheint die die Patentierbarkeit solcher genomeditierter Pflanzen in Bezug auf die Rechtssicherheit der Anwendung kontraproduktiv.

In diesem Zusammenhang ist auch relevant, dass verschiedene Patentanmeldungen für genomeditierte Pflanzen auch den Schutz von konventionell erzeugten Pflanzen mit ähnlichen Merkmalen umfassen. Das ist sehr kritisch zu sehen, da eine derartige Verquickung nicht dem Zweck und der Absicht des Art. 53(b) des Europäischen Patentübereinkommens entspricht, nach dem Züchter:innen unbeschränkten Zugang zu Produkten von im Grunde biologischen Prozessen haben sollen. Solcherart konventionell gezüchtete Pflanzensorten sind nach der Biopatent-Richtlinie 98/44/EC eigentlich von der Patentierbarkeit ausgeschlossen, weil sie nicht erfinderisch und nicht reproduzierbar sind.

Landwirt:innen können beim benachbarten Anbau von patentierten, genomeditierten Sorten neben nicht patentierten Sorten derselben Kulturart praktisch betroffen sein. Eine solche Situation ist allerdings unwahrscheinlich, solange genomeditierte Pflanzen unter die geltenden Gentechnikregelungen fallen. Aktuell könnte ein Anbau von genomeditierten Pflanzen in Österreich nur unter zwei Bedingungen stattfinden: wenn zum einen die betreffenden Pflanzen grundsätzlich in Österreich angebaut werden dürfen und keine nationalen Opt-Out-Maßnahmen in Umsetzung der Richtlinie 2015/412/EU ergriffen werden (Ausnahme aus der EU-Zulassung, Anbaubeschränkungen). Zusätzlich würde ein Anbau nur unter Beachtung der Gentechnik-Vorsorgegesetze der Bundesländer stattfinden können, welche Koexistenzregelungen beim Anbau von GV-Pflanzen

in der Nachbarschaft von Nicht-GV-Kulturen vorschreiben. Diese kulturspezifischen Koexistenzregelungen sollen den Eintrag von gentechnisch verändertem Material aus GV-Kulturen in Nicht-GV-Kulturen mit hoher Sicherheit verhindern.

Wenn allerdings genomeditierte Pflanzen in Zukunft aus dem Geltungsbereich der europäischen und österreichischen Gentechnikregelungen ausgenommen würden, wäre ein benachbarter Anbau von patentierten genomeditierten Pflanzen neben nicht patentierten Sorten der gleichen Kulturart möglich. Es könnte dann patentiertes Material unbeabsichtigt in benachbarte Kulturen eingebracht werden, was zu lizenzrechtlichen Konsequenzen für die betroffenen Landwirt:innen führen könnte. Es wären in diesem Fall Vorkehrungen zum Schutz dieser Landwirt:innen bei einem unbeabsichtigten Eintrag von patentiertem Material in ihre Kulturen erforderlich. Zu berücksichtigen ist, dass unter den Bedingungen einer kleinstrukturierten Landwirtschaft, wie sie in Österreich vorherrscht, vor allem bei Fremdbefruchtern (z. B. Mais) ein Eintrag aus benachbarten Kulturen praktisch unvermeidbar ist.

Das Weiterbestehen des im Sortenschutzrecht verankerten Züchterprivilegs ist für österreichische Zuchtbetriebe von wesentlicher Bedeutung. Falls es nur noch patentierte Sorten geben sollte, wäre das aufgrund des hohen Aufwands bei der Verwendung von patentierten Sorten für die österreichische Pflanzenzucht sehr abträglich. Ein paralleles Bestehen von Sortenschutzrecht und Patentrecht mit unterschiedlichen Ausformungen des Züchter- und Landwirte-Privilegs wird als nicht zukunftsfähig erachtet. Idealerweise sollten patentrechtlich geschützte Sorten in ähnlicher Weise zugänglich sein wie nach dem Sortenschutzrecht geschütztes Zuchtmaterial. Vorschläge wie die erleichterte Benutzung von patentierten Sorten, wenn die patentierten Merkmale nicht weiterverwendet werden, werden seitens der österreichischen Züchter:innen nur als zweitbeste Lösung angesehen.

Wenn in den kommenden Jahren in Europa eine steigende Zahl von Patenten für genomeditierte Pflanzen erteilt werden, die auch in Österreich gelten, könnten für österreichische Akteur:innen – insbesondere für österreichische Züchter:innen und Landwirt:innen – die in dieser Studie beschriebenen Problematiken relevant werden. Zum einen könnte der Zugang zu geeignetem Zuchtmaterial erschwert werden, zum anderen könnten rechtliche Unsicherheiten bei der Anwendung von konventionell erzeugten Nutzpflanzensorten in der Züchtung oder der landwirtschaftlichen Praxis auftreten. Lösungsvorschläge, wie z. B. die Übernahme des im Bereich des Sortenschutzes geltenden Züchterprivilegs in das Patentrecht oder der Ausschluss von genomeditierten Pflanzen, die nicht von konventionell erzeugten Pflanzen unterschieden werden können, von der Patentierbarkeit sollten unter Einbeziehung der betroffenen Stakeholder weiter diskutiert werden.

Abschließend kann aufgrund der Diskussionen im Rahmen des gegenständlichen Projekts festgestellt werden, dass das Wissen zum Patentrecht außerhalb von Expert:innenkreisen eher fragmentarisch ist. Das ist im Hinblick auf die nötige gesellschaftliche Diskussion von komplexen Fragestellungen, wie z. B. bei

der Anwendung von Genome Editing in der Pflanzenzucht und der Landwirtschaft, eine Herausforderung, der durch geeignete Maßnahmen zur Informationsvermittlung begegnet werden sollte.

Referenzen

AHN, C. H., M. RAMYA, H. R. AN, P. M. PARK, Y.-J. KIM, S. Y. LEE und S. JANG, 2020. Progress and Challenges in the Improvement of Ornamental Plants by Genome Editing. *Plants* (Basel, Switzerland) 9 (6). doi: 10.3390/plants9060687.

ANZALONE, A. V., L.W. KOBLAN und D. R. LIU, 2020. Genome editing with CRISPR-Cas nucleases, base editors, transposases and prime editors. *Nature Biotechnology* 38 (7). doi: 10.1038/s41587-020-0561-9.

BMLRT – Bundesministerium für Landwirtschaft, Regionen und Tourismus, 2020. Grüner Bericht 2020. Die Situation der österreichischen Land- und Forstwirtschaft 61. Auflage, Wien 2020.

BROLL, H., A. BRAEUNING und A. LAMPEN, 2019. European Court of Justice decision for genome editing: Consequences on food/feed risk assessment and detection. *Food Control* 104. doi: 10.1016/j.foodcont.2019.05.002.

CHEN, K., Y. WANG, R. ZHANG, H. ZHANG und C. GAO, 2019. CRISPR/Cas Genome Editing and Precision Plant Breeding in Agriculture. *Annual Review of Plant Biology* 70 (1). doi: 10.1146/annurev-arplant-050718-100049.

CHURI, A. und S. TAYLOR, 2020. Continuing CRISPR Patent Disputes May Be Usurped by Its Potential Role in Fighting Global Pandemics. *Biotechnology Law Report* 39 (3). doi: 10.1089/blr.2020.29180.ac.

CIGAN, A.M., M. J. GADLAGE, H. GAO, R. B. MEELEY und J. K. YOUNG, 2017. Waxy corn. WO2017/132239A1, https://worldwide.espacenet.com/patent/search/family/058016830/publication/WO2017132239A1?q=WO2017%2F132239A1.

CONTRERAS, J. L. und J. S. SHERKOW, 2017. CRISPR, surrogate licensing, and scientific discovery. *Science* 355 (6326). doi: 10.1126/science.aal4222.

DEDERER, H.-G., 2020. Patentability of Genome-Edited Plants: A Convoluted Debate. *IIC – International Review of Intellectual Property and Competition Law* 51 (6). doi: 10.1007/s40319-020-00952-9.

DEMOREST, Z. L., A. COFFMAN, N. J. BALTES, T. J. STODDARD, B. M. CLASEN, S. LUO, et al., 2016. Direct stacking of sequence-specific nuclease-induced mutations to produce high oleic and low linolenic soybean oil. In: BMC Plant Biol 16 (1), S. 225. doi: 10.1186/s12870-016-0906-1.

ECKERSTORFER, M., M. DOLEZEL, A. HEISSENBERGER, M. MIKLAU, W. REICHENBECHER, R. A. STEINBRECHER und F. WAßMANN, 2019: An EU perspective on biosafety considerations for plants developed by genome editing and other new genetic modification techniques (nGMs). *Frontiers in Bioengineering and Biotechnology*. 7:31. doi: 10.3389/fbioe.2019.00031.

EŞ, I., M. GAVAHIAN, F. J. MARTI-QUIJAL, J. M. LORENZO, A. MOUSAVI KHANEGHAH, C. TSATSANIS, S, C. KAMPRANIS und F. J. BARBA, 2019. The application of the CRISPR-Cas9 genome editing machinery in food and agricultural science: Current status, future perspectives, and associated challenges. *Biotechnology Advances* 37 (3). doi: 10.1016/j.biotechadv.2019.02.006.

EuGH – Gerichtshof der Europäischen Union, 2013. InfoCuria. Rechtsprechung. Urteil des Gerichtshofs (Große Kammer). 25. Juli 2018; http://curia.europa.eu/juris/document/document.jsf?text=&docid=204387&pageIndex=0&doclang=DE&mode=req&dir=&occ=first&part=1.

FEENEY, O., J. COCKBAIN, M. MORRISON, L. DIEPENDAELE, K. VAN ASSCHE und S. STERCKX, 2018. Patenting Foundational Technologies: Lessons From CRISPR and Other Core Biotechnologies. *The American journal of bioethics: AJOB* 18. doi: 10.1080/15265161.2018.1531160.

GAO, C., J.-L. QIU, Y. WANG, 2017. Wheat plants resistant to powdery mildew. WO2017/13409A3, https://worldwide.espacenet.com/patent/search/family/056802625/publication/WO2017013409A3?q=WO2017%2F13409A3.

GEHRKE, L. M., 2019. Is Gene Editing Patentable? *AMA Journal of Ethics* 21 (12). doi: 10.1001/amajethics.2019.1049.

GROHMANN, L., J. KEILWAGEN, N. DUENSING, E. DAGAND, F. HARTUNG, R. WILHELM, J. BENDIEK und T. SPRINK, 2019. Detection and Identification of Genome Editing in Plants: Challenges and Opportunities. *Frontiers in Plant Science* 10: 236.

GUPTA, M., M. GERARD, S. S. PADMAJA und R. K. SASTRY, 2020. Trends of CRISPR technology development and deployment into Agricultural Production-Consumption Systems. World Patent Information, 60, 101944. *World Patent Information* 60. doi: 10.1016/J.WPI.2019.101944.

IPS – IP-Studies, 2020. CRISPR patent analytics. https://www.ipstudies.ch/crispr-cas-patent-landscape/.

JKI – Julius-Kühn-Institut, 2020. Übersicht über Nutz- und Zierpflanzen, die mittels neuer molekularbiologischer Techniken für die Bereiche Ernährung, Landwirtschaft und Gartenbau erzeugt wurden – marktorientierte Anwendungen (Version 20.03.2020). Julius-Kühn-Institut, Institut für die Sicherheit Biotechnologischer Verfahren bei Pflanzen, Quedlinburg.

JRC – European Commission. Joint Research Centre, 2021: Current and future market applications of new genomic techniques: Publications Office.

KAWALL, K., 2019. New possibilities on the horizon: genome editing makes the whole genome accessible for changes. *Frontiers in Plant Science*, 10:525.

KHATODIA, S., K. BHATOTIA und N. TUTEJA, 2017. Development of CRISPR/Cas9 mediated virus resistance in agriculturally important crops. *Bioengineered* 8 (3). doi: 10.1080/21655979.2017.1297347.

KOMOR, A. C., et al., 2016. Programmable editing of a target base in genomic DNA without double-stranded DNA cleavage. *Nature* 533(7603): 420-424. doi: 10.1038/nature17946.

MARTIN-LAFFON, J., M. KUNTZ und A. E. RICROCH, 2019. Worldwide *CRISPR patent landscape shows strong geographical biases. Nature* Biotechnology 37 (6). doi: 10.1038/s41587-019-0138-7.

MATHIS, L., D. F. VOYTAS, F. ZHANG, B. CLASEN, W. HAUN und T. STODDARD, 2014. Potatoes with reduced cold-induced sweetening. WO2014/096972A2, https://worldwide.espacenet.com/patent/search/family/050928144/publication/WO2014096972A2?q=WO2014%2F096972A2.

MENZ, J., D. MODRZEJEWSKI, F. HARTUNG, R. WILHELM und T. SPRINK, 2020: Genome Edited Crops Touch the Market: A View on the Global Development and Regulatory Environment. In: Front. Plant Sci. 11. doi: 10.3389/fpls.2020.586027.

MISHRA, R. und K. ZHAO, 2018. Genome editing technologies and their applications in crop improvement. In Plant Biotechnology Reports 12 (2), pp. 57–68. DOI: 10.1007/s11816-018-0472-0.

MODRZEJEWSKI, D., F. HARTUNG, T. SPRINK, D. KRAUSE, C. KOHL und R. WILHELM, 2019. What is the available evidence for the range of applications of genome-editing as a new tool for plant trait modification and the potential occurrence of associated off-target effects: a systematic map. *Environ. Evidence* 8 (1). doi: 10.1186/s13750-019-0171-5.

NONAKA, S., C. ARAI, M. TAKAYAMA, C. MATSUKURA und H. EZURA, 2017. Efficient increase of ɣ-aminobutyric acid (GABA) content in tomato fruits by targeted mutagenesis. In: Sci Rep 7 (1), S. 7057. doi: 10.1038/s41598-017-06400-y.

PARTHASARATHY, S., 2018. Use the patent system to regulate gene editing. *Nature* 562 (7728). doi: 10.1038/d41586-018-07108-3.

REES, H. A. und D. R. LIU, 2018. "Base editing: precision chemistry on the genome and transcriptome of living cells." *Nat Rev Genet* 19(12): 770-788. doi: 10.1038/s41576-018-0059-1.

RIVERA-TORRES, N., K. BANAS, P. BIALK, K. M. BLOH und E. B. KMIEC, 2017: Insertional Mutagenesis by CRISPR/Cas9 Ribonucleoprotein Gene Editing in Cells Targeted for Point Mutation Repair Directed by Short Single-Stranded DNA Oligonucleotides. PloS one 12 (1), e0169350. doi: 10.1371/journal.pone.0169350.

ROMMENS, C., 2012. Precise breeding – low acrylamide foods. US2012/297500A1, https://worldwide.espacenet.com/patent/search/family/027760470/publication/US2012297500A1?q=US2012%2F297500A1.

SAM – Scientific Advice Mechanism, 2017. New Techniques in Agricultural Biotechnology, Explanatory Note of the High Level Group of Scientific Advisors. Brussels, Directorate-General for Research and Innovation Unit RTD.01 – Scientific Advice Mechanism (SAM). Brussels.

SCHOPKE, C., G. F. W. GOCAL, K. WALKER und P. BEETHAM, 2009. Mutated acetohydroxyacid synthase genes in brassica. WO2009/046334A1, https://worldwide.espacenet.com/patent/search/family/040526700/publication/WO2009046334A1?q=US2020%2F123563A1.

SHERKOW, J. S., 2017. Patent protection for CRISPR: an ELSI review. *Journal of law and the biosciences* 4 (3). doi: 10.1093/jlb/lsx036.

THELEN, J. und M. SALIE, 2018. Increasing plant oil content by altering a negative regulator of acetyl-coa carboxylase. WO2017039834A1, https://worldwide.espacenet.com/patent/search/family/058188729/publication/WO2017039834A1?q=US2018%2F0251775A1.

THOMPSON, M.A., Y. SUN, H. J. BUTLER, V. K. SHUKLA, 2006. Inositol polyphosphate 2-kinase genes and uses thereof. WO2006/029296A2, https://worldwide.espacenet.com/patent/search/family/035994049/publication/WO2006029296A2?q=WO2006%2F029296A2.

ULMASOV, T., J. SEDBROOK, M. D. MARKS, M. G. MCGINN, C. HANDEL, R. CHOPRA und B. A. JARVIS, 2019. Low Glucosinolate Pennycress Meal and Methods of Making, WO2019143926A1, https://worldwide.espacenet.com/patent/search/family/067298482/publication/WO2019143926A1?q=pn%3DWO2019143926A1.

WIKMARK, O.-G. und S. Z. AGAPITO-TENFEN, 2015: Current status of emerging technologies for plant breeding: Biosafety and knowledge gaps of site directed nucleases and oligonucleotide-directed mutagenesis. Report GenÖk, Tromsö, Norwegen.

WIPO – World Intellectual Property Organisation, 2018. Guide to the International Patent Classification. World Intellectual Property Organisation.

Annex 1 Marktnahe genomeditierte Pflanzen in der wissenschaftlichen Literatur

- Tabelle A1: Modifikation agronomisch relevanter Merkmale
- Tabelle A2: Modifikation der Lebens- und Futtermittelqualität
- Tabelle A3: Modifikation biotischer Stresstoleranz (Krankheitsresistenzen)
- Tabelle A4: Erzeugung von Herbizidresistenz
- Tabelle A5: Modifikation von industriell relevanten Merkmalen
- Tabelle A6: Modifikation abiotischer Stresstoleranz
- Tabelle A7: Modifikation von züchtungsrelevanten Merkmalen
- Tabelle A8: Modifikation verschiedener anderer Merkmale
- Tabelle A9: Anwendungen von Genome Editing bei Zierpflanzen

Tabelle A1: Übersicht über Modifikationen agronomischer Merkmale mittels Genom-Editing.

Pflanzenart	Technik	Merkmalskategorie	Merkmal	Literaturquelle	Zuordnung des Anwendungsstatus durch:
Baumwolle	CRISPR/Cas9 SDN1	Wachstumseigenschaften	Besseres Wurzelwachstum unter hohen und niedrigen Stickstoffbedingungen	Wang Y, Meng Z, Liang C, Meng Z, Wang Y, Sun G, et al. Increased lateral root formation by CRISPR/Cas9-mediated editing of arginase genes in cotton. Sci China Life Sci. 2017;60:524–7. doi:10.1007/s11427-017-9031-y.	JKI, Modrzejewski et al. 2019
Gurke	CRISPR/Cas9 SDN1	Wachstumseigenschaften	Nur weibliche Blüten	Hu B, Li D, Liu X, Qi J, Gao D, Zhao S, et al. Engineering Non-transgenic Gynoecious Cucumber Using an Improved Transformation Protocol and Optimized CRISPR/Cas9 System. Mol Plant. 2017;10:1575–8. doi:10.1016/j.molp.2017.09.005	JKI, Modrzejewski et al. 2019
Kartoffel	TALENs SDN1	Lagereigenschaften	Verbesserte Kühllagerungs- und Verarbeitungsmerkmale (Reduzierung von Zucker/Reduzierung von Acrylamid	Clasen BM, Stoddard TJ, Luo S, Demorest ZL, Li J, Cedrone F, et al. Improving cold storage and processing traits in potato through targeted gene knockout. Plant Biotechnol J. 2016;14:169–76. doi:10.1111/pbi.12370.	JKI, Misrah et al. 2018, Modrzejewski et al. 2019, Eckerstorfer et al. 2019
Mais	Meganuklease SDN3	Ertragssteigerung	Verbesserte Photosynthese-Effizienz	United States Department of Agriculture (USDA). 2015. https://www.aphis.usda.gov/biotechnology/downloads/reg_loi/15-013-01air.pdf. Accessed 25 Aug 2018.	JKI, Modrzejewski et al. 2019
Mais	CRISPR/Cas9 SDN1	Wachstumseigenschaften	Frühe Blüte unter Langtagbedingungen	Huang C, Sun HY, Xu DY, Chen QY, Liang YM, Wang XF, et al. ZmCCT9 enhances maize adaptation to higher latitudes. 0027-8424. 2018;115:E334-E341. doi:10.1073/pnas.1718058115.	JKI, Modrzejewski et al. 2019
Raps	CRISPR/Cas9 SDN1	Ertragssteigerung	Schotenfestigkeit zur Reduktion des Samenverlusts bei der Ernte	Braatz J, Harloff H-J, Mascher M, Stein N, Himmelbach A, Jung C. CRISPR-Cas9 Targeted Mutagenesis Leads to Simultaneous Modification of Different Homoeologous Gene Copies in Polyploid Oilseed Rape (Brassica napus). Plant Physiol. 2017;174:9. doi:10.1104/pp.17.00426.	JKI, Modrzejewski et al. 2019; Eckerstorfer et al. 2019
Raps	CRISPR/Cas9 SDN1	Ertragssteigerung	Mehr Samen pro Schote, höheres Samengewicht	Yang Y, Zhu KY, Li HL, Han SQ, Meng QW, Khan SU, et al. Precise editing of CLAVATA genes in Brassica napus L. regulates multilocular silique development. 1467-7644. 2018;16:1322–35. doi:10.1111/pbi.12872.	JKI, Modrzejewski et al. 2019

Pflanzenart	Technik	Merkmalskategorie	Merkmal	Literaturquelle	Zuordnung des Anwendungsstatus durch:
Raps	CRISPR/Cas9 SDN1	Wachstumseigenschaften	Erzeugung nicht gelappter Blätter	Hu LM, Zhang H, Yang QY, Meng QW, Han SQ, Nwafor CC, et al. Promoter variations in a homeobox gene, BnA10.LMI1, determine lobed leaves in rapeseed (Brassica napus L.). Theor Appl Genet. 2018;131:2699–708. doi:10.1007/s00122-018-3184-5.	JKI
Raps	CRISPR/Cas9 SDN1	Wachstumseigenschaften	Frühe Blüte	Jiang L, Li DH, Jin L, Ruan Y, Shen WH, Liu CL. Histone lysine methyltransferases BnaSDG8.A and BnaSDG8.C are involved in the floral transition in Brassica napus. Plant J. 2018;95:672–85. doi:10.1111/tpj.13978.	JKI
Reis	CRISPR/Cas9 SDN1	Ertragssteigerung	Veränderte Kornanzahl pro Rispe	Li M, Li X, Zhou Z, Wu P, Fang M, Pan X, et al. Reassessment of the Four Yield-related Genes Gn1a, DEP1, GS3, and IPA1 in Rice Using a CRISPR/Cas9 System. Front Plant Sci. 2016;7:1–13. doi:10.3389/fpls.2016.00377. Huang LY, Zhang R, Huang GF, Li YX, Melaku G, Zhang SL, et al. Developing superior alleles of yield genes in rice by artificial mutagenesis using the CRISPR/Cas9 system. Crop J. 2018;6:475–81. doi:10.1016/j.cj.2018.05.005 Shen L, Wang C, Fu Y, Wang J, Liu Q, Zhang X, et al. QTL editing confers opposing yield performance in different rice varieties. J Integr Plant Biol 2016. doi:10.1111/jipb.12501 Wang J, Wu BW, Lu K, Wei Q, Qian JJ, Chen YP, Fang ZM. The Amino Acid Permease 5 (OsAAP5) Regulates Tiller Number and Grain Yield in Rice. 0032-0889. 2019;180:1031–45. doi:10.1104/pp.19.00034.	JKI, Modrzejewski et al. 2019, Eckerstorfer et al. 2019
Reis	CRISPR/Cas9 SDN1	Ertragssteigerung	Korngröße/ erhöhtes Korngewicht/Tausendkorngewicht	Li M, Li X, Zhou Z, Wu P, Fang M, Pan X, et al. Reassessment of the Four Yield-related Genes Gn1a, DEP1, GS3, and IPA1 in Rice Using a CRISPR/Cas9 System. Front Plant Sci. 2016;7:1–13. doi:10.3389/fpls.2016.00377	JKI, Misrah et al. 2018, Modrzejewski et al. 2019, Eckerstorfer et al. 2019

Pflanzenart	Technik	Merkmalskategorie	Merkmal	Literaturquelle	Zuordnung des Anwendungsstatus durch:
				Xu R, Yang Y, Qin R, Li H, Qiu C, Li L, et al. Rapid improvement of grain weight via highly efficient CRISPR/Cas9-mediated multiplex genome editing in rice. J Genet Genomics. 2016;43:529–32. doi:10.1016/j.jgg.2016.07.003.	
				Hu Z, Lu S-J, Wang M-J, He H, Le Sun, Wang H, et al. A Novel QTL q TGW3 Encodes the GSK3/SHAGGY-Like Kinase OsGSK5/OsSK41 that Interacts with OsARF4 to Negatively Regulate Grain Size and Weight in Rice. Mol Plant. 2018;11:736–49. doi:10.1016/j.molp.2018.03.005.	
				Shen Lan, Li Jian, Fu Yaping, Wang Junjie, Hua Yufeng, Jiao Xiaozhen, Yan Changjie, Wang Kejian. Orientation Improvement of Grain Length and Grain Number in Rice by Using CRISPR/Cas9 System 2017. doi:10.16819/j.1001-7216.2017.7029	
				Miao J, Yang ZF, Zhang DP, Wang YZ, Xu MB, Zhou LH, et al. Mutation of RGG2, which encodes a type B heterotrimeric G protein gamma subunit, increases grain size and yield production in rice. 1467-7644. 2019;17:650–64. doi:10.1111/pbi.13005.	
				Ji X, Li F, Yan Y, Sun HZ, Zhang J, Li JZ, et al. CRISPR/Cas9 System-Based Editing of Phytochrome-Interacting Factor OsPIL15 2017. doi:10.3864/j.issn.0578- 1752.2017.15.002	
				Shen L, Hua Y, Fu Y, Li J, Liu Q, Jiao X, et al. Rapid generation of genetic diversity by multiplex CRISPR/Cas9 genome editing in rice. Sci China Life Sci. 2017;60:506–15. doi:10.1007/s11427-017-9008-8.	
				Chiou WY, Kawamoto T, Himi E, Rikiishi K, Sugimoto M, Hayashi-Tsugane M, et al. LARGE GRAIN Encodes a Putative RNA-Binding Protein that Regulates Spikelet Hull Length in Rice. Plant Cell Physiol. 2019;60:503–15. doi:10.1093/pcp/pcz014.	

Pflanzenart	Technik	Merkmalskategorie	Merkmal	Literaturquelle	Zuordnung des Anwendungsstatus durch:
				Ji X, Du Y, Li F, Sun H, Zhang J, Li J, et al. The basic helix-loop-helix transcription factor, OsPIL15, regulates grain size via directly targeting a purine permease gene OsPUP7 in rice 2019. doi:10.1111/pbi.13075. Ma XS, Feng FJ, Zhang Y, Elesawi IE, Xu K, Li TF, et al. A novel rice grain size gene OsSNB was identified by genome-wide association study in natural population. Plos Genet. 2019;15. Zhou JP, Xin XH, He Y, Chen HQ, Li Q, Tang X, et al. Multiplex QTL editing of grainrelated genes improves yield in elite rice varieties. Plant Cell Rep. 2019; 38:475–85. doi:10.1007/s00299-018-2340-3.	
Reis	CRISPR/Cas9 SDN1	Wachstumseigenschaften	Höhere Pflanzenhöhe, stärkere Bestockung, aufrechte Rispen, mehr Biomasse	Li M, Li X, Zhou Z, Wu P, Fang M, Pan X, et al. Reassessment of the Four Yield-related Genes Gn1a, DEP1, GS3, and IPA1 in Rice Using a CRISPR/Cas9 System. Front Plant Sci. 2016;7:1–13. doi:10.3389/fpls.2016.00377. Lu K, Wu B, Wang J, Zhu W, Nie H, Qian J, et al. Blocking amino acid transporter OsAAP3 improves grain yield by promoting outgrowth buds and increasing tiller number in rice. Plant Biotechnol J. 2018;50:1416. doi:10.1111/pbi.12907. Liao Y, Bai Q, Xu P, Wu T, Guo D, Peng Y, et al. Mutation in Rice Abscisic Acid2 Results in Cell Death, Enhanced Disease-Resistance, Altered Seed Dormancy and Development. Front. Plant Sci. 2018;9:1248. doi:10.3389/fpls.2018.00405 Shen L, Hua Y, Fu Y, Li J, Liu Q, Jiao X, et al. Rapid generation of genetic diversity by multiplex CRISPR/Cas9 genome editing in rice. Sci China Life Sci. 2017;60:506–15. doi:10.1007/s11427-017-9008-8.	JKI, Modrzejewski et al. 2019, Eckerstorfer et al. 2019
Reis	CRISPR/Cas9 SDN1	Wachstumseigenschaften	Frühe Blüte	Zeng LP, Liu X, Zhou ZZ, Li DY, Zhao XF, Zhu LH, et al. Identification of a G2-like transcription factor, OsPHL3, functions as a negative regulator of flowering in rice by coexpression and reverse genetic analysis. Bmc Plant Biol. 2018;18.	JKI

Pflanzenart	Technik	Merkmalskategorie	Merkmal	Literaturquelle	Zuordnung des Anwendungsstatus durch:
				Cui Y, Zhu MM, Xu ZJ, Xu Q. Assessment of the effect of ten heading time genes on reproductive transition and yield components in rice using a CRISPR/Cas9 system. Theor Appl Genet. 2019;132:1887–96. doi:10.1007/s00122-019-03324-1.	
Reis	CRISPR/Cas9 SDN1	Wachstumseigenschaften	Frühe Reife	Li X, Zhou W, Ren Y, Tian X, Lu T, Wang Z, et al. High-efficiency breeding of early maturing rice cultivars via CRISPR/Cas9-mediated genome editing. J Genet Genomics. 2017;44:175–8. doi:10.1016/j.jgg.2017.02.001.	JKI, Misrah et al. 2018, Modrzejewski et al. 2019, Eckerstorfer et al. 2019
Reis	CRISPR/Cas9 SDN1	Wachstumseigenschaften	Verbesserte Bestockung, verringerte Pflanzenhöhe	Butt H, Jamil M, Wang JY, Al-Babili S, Mahfouz M. Engineering plant architecture via CRISPR/Cas9-mediated alteration of strigolactone biosynthesis. Bmc Plant Biol. 2018;18.	JKI
Reis	CRISPR/Cas9 SDN1	Ertragssteigerung	Regulierung des Pollenwachstums	Liu L, Zheng C, Kuang B, Wei L, Yan L, Wang T. Receptor-Like Kinase RUPO Interacts with Potassium Transporters to Regulate Pollen Tube Growth and Integrity in Rice. PLoS Genet. 2016;12:e1006085. doi:10.1371/journal.pgen.1006085	JKI, Modrzejewski et al. 2019, Eckerstorfer et al. 2019
Reis	TALENs SDN1	Lagereigenschaften	Langlebigkeit und Überlebensfähigkeit des Saatguts	Ma L, Zhu F, Li Z, Zhang J, Li X, Dong J, Wang T. TALEN-Based Mutagenesis of Lipoxygenase LOX3 Enhances the Storage Tolerance of Rice (Oryza sativa) Seeds. PLoS ONE. 2015;10:e0143877. doi:10.1371/journal.pone.0143877.	JKI, Modrzejewski et al. 2019, Eckerstorfer et al. 2019
Reis	CRISPR/Cas9 SDN1	Ertragssteigerung	Kornertrag, Regulierung der Saatgutentwicklung	Yuan J, Chen S, Jiao W, Wang L, Wang L, Ye W, et al. Both maternally and paternally imprinted genes regulate seed development in rice. New Phytol. 2017;216:373–87. doi:10.1111/nph.14510.	JKI, Modrzejewski et al. 2019
Reis	CRISPR/Cas9 SDN1	Ertragssteigerung	Längere Rispen	Xu R, Yang Y, Qin R, Li H, Qiu C, Li L, et al. Rapid improvement of grain weight via highly efficient CRISPR/Cas9-mediated multiplex genome editing in rice. J Genet Genomics. 2016;43:529–32. doi:10.1016/j.jgg.2016.07.003	JKI, Modrzejewski et al. 2019, Eckerstorfer et al. 2019
Reis	BE SDN1 CRISPR/Cas9	Wachstumseigenschaften	Geringere Pflanzenhöhe	Lu Y, Zhu J-K. Precise Editing of a Target Base in the Rice Genome Using a Modified CRISPR/Cas9 System. Mol Plant. 2017;10:523–5. doi:10.1016/j.molp.2016.11.013.	JKI, Modrzejewski et al. 2019, Eckerstorfer et al. 2019

Pflanzenart	Technik	Merkmalskategorie	Merkmal	Literaturquelle	Zuordnung des Anwendungsstatus durch:
	SDN1			Wang Y, Geng L, Yuan M, Wei J, Jin C, Li M, et al. Deletion of a target gene in Indica rice via CRISPR/Cas9. Plant Cell Rep. 2017; 36:1333–43. doi:10.1007/s00299-017-2158-4.	
Reis	CRISPR/Cas9 SDN1	Ertragssteigerung	Verbesserte Stickstoffnutzungseffizienz	Lu K, Wu B, Wang J, Zhu W, Nie H, Qian J, et al. Blocking amino acid transporter OsAAP3 improves grain yield by promoting outgrowth buds and increasing tiller number in rice. Plant Biotechnol J. 2018;50:1416. doi:10.1111/pbi.12907.	JKI, Modrzejewski et al. 2019
Reis	CRISPR/Cas9 SDN1	Wachstumseigenschaften	Regulation der Samenruhe, Spaltöffnungen, Pflanzenwachstum, abiotische Stresstoleranz und Blattseneszenz	Huang Y, Guo Y, Liu Y, Zhang F, Wang Z, Wang H, et al. 9-cis-Epoxycarotenoid Dioxygenase 3 Regulates Plant Growth and Enhances Multi-Abiotic Stress Tolerance in Rice. Front. Plant Sci. 2018;9:1248. doi:10.3389/fpls.2018.00162.	JKI, Modrzejewski et al. 2019
Reis	CRISPR/Cas9 SDN1	Wachstumseigenschaften	Rotfärbung des Reis	Zhu Y, Lin Y, Chen S, Liu H, Chen Z, Fan M, et al. CRISPR/Cas9-mediated functional recovery of the recessive rc allele to develop red rice. 1467-7644 2019. doi:10.1111/pbi.13125.	JKI
Reis	CRISPR/Cas9 SDN1	Wachstumseigenschaften	Erhöhte Blattspreizung (erhöhter Blattflächenindex)	Qu L, Lin LB, Xue HW. Rice miR394 suppresses leaf inclination through targeting an Fbox gene, LEAF INCLINATION 4. J Integr Plant Biol. 2019;61:406–16. doi:10.1111/jipb.12713.	JKI
Reis	CRISPR/Cas9 BaseEditor	Wachstumseigenschaften	Sorte mit früherem Reifezeitpunkt	Li J, Sun Y, Du J, Zhao Y, Xia L (2017b) Generation of targeted point mutations in rice by a modified CRISPR/Cas9 system. Mol Plant 10(3):526–529	Misrah et al. 2018, Eckerstorfer et al. 2019
Reis	CRISPR/Cas9 SDN1	Ertragssteigerung	Größere Korngröße und Korngewicht	Ji X, Li F, Yan Y, Sun HZ, Zhang J, Li JZ, et al. CRISPR/Cas9 system-based editing of phytochrome-interacting factor OsPIL15. Sci Agric Sin. 2017. https://doi.org/10.3864/j.issn.0578-1752.2017.15.002.	Modrzejewski et al. 2019
Reis	CRISPR/Cas9 SDN1	Ertragssteigerung	Increased Erhöhte Samenbildungsrate	Qian W, Wu C, Fu Y, Hu G, He Z, Liu W. Novel rice mutants overexpressing the brassinosteroid catabolic gene CYP734A4. Plant Mol Biol. 2017;93:197–208. https ://doi.org/10.1007/s1110 3-016-0558-4.	Modrzejewski et al. 2019, Eckerstorfer et al. 2019

Pflanzenart	Technik	Merkmalskategorie	Merkmal	Literaturquelle	Zuordnung des Anwendungsstatus durch:
Salat	CRISPR/Cas9 SDN1	Ertragssteigerung	Keimung bei höheren Temperaturen	Bertier LD, Ron M, Huo H, Bradford KJ, Britt AB, Michelmore RW. High-Resolution Analysis of the Efficiency, Heritability, and Editing Outcomes of CRISPR/Cas9-Induced Modifications of NCED4 in Lettuce (Lactuca sativa). G3 (Bethesda). 2018;8:1513–21. doi:10.1534/g3.117.300396.	JKI, Modrzejewski et al. 2019
Sojabohne	CRISPR/Cas9 SDN1	Wachstumseigenschaften	Späte Blüte	Cai YP, Chen L, Liu XJ, Guo C, Sun S, Wu CX, et al. CRISPR/Cas9-mediated targeted mutagenesis of GmFT2a delays flowering time in soya bean. 1467-7644. 2018a; 16:176– 85. doi:10.1111/pbi.12758. Cai YP, Chen L, Sun S, Wu CX, Yao WW, Jiang BJ, et al. CRISPR/Cas9-Mediated Deletion of Large Genomic Fragments in Soybean. Int J Mol Sci. 2018;19.	JKI, Modrzejewski et al. 2019
Sojabohne	CRISPR/Cas9 SDN1	Wachstumseigenschaften/Ertragssteigerung	Späte Blüte unter Kurztagbedingungen, erhöhte Schoten- und Samenanzahl pro Pflanze	Cai Y, Wang L, Chen L, Wu T, Liu L, Sun S, et al. Mutagenesis of GmFT2a and GmFT5a mediated by CRISPR/Cas9 contribute for expanding the regional adaptability of soybean. 1467-7644 2019. Doi:10.1111/pbi.13199.	JKI
Sojabohne	CRISPR/Cas9 SDN1	Wachstumseigenschaften	Veränderte Blattstiellänge	APHIS-Am I Regulated. https://www.aphis.usda.gov/biotechnology/downloads/reg_loi/19-077-01_air_inquiry.pdf.	JKI
Tomate	CRISPR/Cas9 SDN1 CRISPR/Cas9 SDN1	Ertragssteigerung	Schnellere Fruchtreife	Ito Y, Nishizawa-Yokoi A, Endo M, Mikami M, Toki S. CRISPR/Cas9-mediated mutagenesis of the RIN locus that regulates tomato fruit ripening. Biochem Biophys Res Commun. 2015;467:76–82. doi:10.1016/j.bbrc.2015.09.117. Wang RF, Tavano ECD, Lammers M, Martinelli AP, Angenent GC, Maagd RA de. Re AtDREB1A transgenic potato of transcription factor function in tomato fruit development and ripening with CRISPR/Cas9-mutagenesis. Sci Rep-Uk. 2019;9.	JKI, Modrzejewski et al. 2019
Tomate	TALENs SDN1	Wachstumseigenschaften	Größere Keimlinge	Lor VS, Starker CG, Voytas DF, Weiss D, Olszewski NE. Targeted mutagenesis of the tomato PROCERA gene using transcription activator-like effector nucleases. Plant Physiol. 2014;166:1288–91. doi:10.1104/pp.114.247593.	JKI, Modrzejewski et al. 2019

Pflanzenart	Technik	Merkmalskategorie	Merkmal	Literaturquelle	Zuordnung des Anwendungsstatus durch:
Tomate	CRISPR/Cas9 SDN1	Wachstumseigenschaften	Zwergwuchs	Tomlinson L, Yang Y, Emenecker R, Smoker M, Taylor J, Perkins S, et al. Using CRISPR/Cas9 genome editing in tomato to create a gibberellin-responsive dominant dwarf DELLA allele. 1467-7644. 2019;17:132–40. doi:10.1111/pbi.12952	JKI
Tomate	CRISPR/Cas9 SDN1	Wachstumseigenschaften	Frühe Blüte	Soyk S, Müller NA, Park SJ, Schmalenbach I, Jiang K, Hayama R, et al. Variation in the flowering gene SELF PRUNING 5G promotes day-neutrality and early yield in tomato. Nat Genet. 2017;49:162–8. doi:10.1038/ng.3733	JKI, Misrah et al. 2018, Modrzejewski et al. 2019, Eckerstorfer et al. 2019
Tomate	CRISPR/Cas9 SDN1	Wachstumseigenschaften	Leichtere Trennung der Frucht vom Stiel	United States Department of Agriculture (USDA). 2018. https://www.aphis.usda.gov/biotechnology/downloads/reg_loi/18-051-01_air_response_signed.pdf. Accessed 25 Aug 2018.	JKI, Modrzejewski et al 2019
Tomate	CRISPR/Cas9 SDN1	Ertragssteigerung	Fruchtgröße	Rodríguez-Leal D, Lemmon ZH, Man J, Bartlett ME, Lippman ZB. Engineering Quantitative Trait Variation for Crop Improvement by Genome Editing. Cell. 2017;171:470-480.e8. doi:10.1016/j.cell.2017.08.030.	JKI, Misrah et al. 2018, Modrzejewski et al 2019, Eckerstorfer et al. 2019
Tomate	CRISPR/Cas9 SDN1	Ertragssteigerung	Stark verzweigte Blütenstände und Bildung sehr vieler Blüten	Rodríguez-Leal D, Lemmon ZH, Man J, Bartlett ME, Lippman ZB. Engineering Quantitative Trait Variation for Crop Improvement by Genome Editing. Cell. 2017;171:470-480.e8. doi:10.1016/j.cell.2017.08.030.	JKI, Eckerstorfer et al. 2019
Tomate	CRISPR/Cas9 SDN1 CRISPR/Cas9 SDN3 CRISPR/Cas9 SDN1	Wachstumseigenschaften	Gelbfarbene Früchte	Hayut F. S, Melamed Bessudo C, Levy AA. Targeted recombination between homologous chromosomes for precise breeding in tomato. Nat Commun. 2017;8:15605. doi:10.1038/ncomms15605. Dahan-Meir T, Filler-Hayut S, Melamed-Bessudo C, Bocobza S, Czosnek H, Aharoni A, Levy AA. Efficient in planta gene targeting in tomato using geminiviral replicons and the CRISPR/Cas9 system. The Plant Journal. 2018;95:5–16. doi:10.1111/tpj.13932.	JKI, Modrzejewski et al. 2019, Eckerstorfer et al. 2019

Pflanzenart	Technik	Merkmalskategorie	Merkmal	Literaturquelle	Zuordnung des Anwendungsstatus durch:
				D'Ambrosio C, Stigliani AL, Giorio G. CRISPR/Cas9 editing of carotenoid genes in tomato. Transgenic Res. 2018;27:367–78. doi:10.1007/s11248-018-0079-9.	
Tomate	CRISPR/Cas9 SDN3	Wachstumseigenschaften	Orangenfarbene Früchte	Dahan-Meir T, Filler-Hayut S, Melamed-Bessudo C, Bocobza S, Czosnek H, Aharoni A, Levy AA. Efficient in planta gene targeting in tomato using geminiviral replicons and the CRISPR/Cas9 system. The Plant Journal. 2018;95:5–16. doi:10.1111/tpj.13932.	
Tomate	CRISPR/Cas9 SDN1	Wachstumseigenschaften	Pinkfarbene Früchte	Deng L, Wang H, Sun C, Li Q, Jiang H, Du M, et al. Efficient generation of pink-fruited tomatoes using CRISPR/Cas9 system. J Genet Genomics. 2018;45:51–4. doi:10.1016/j.jgg.2017.10.002	JKI, Modrzejewski et al. 2019
Walderdbeere	CRISPR/Cas9 SDN1	Wachstumseigenschaften	Schnellere Keimlingsentwicklung	Zhou J, Wang G, Liu Z. Efficient genome editing of wild strawberry genes, vector development and validation. Plant Biotechnol J. 2018;166:1292. doi:10.1111/pbi.12922.	JKI, Modrzejewski et al. 2019
Weizen	CRISPR/Cas9 SDN1 CRISPR/Cas9 SDN1 CRISPR/Cas9 SDN1	Ertragssteigerung	Größere Körner, höheres Korngewicht, höheres Tausendkorngewicht	Wang W, Pan Q, He F, Akhunova A, Chao S, Trick H, Akhunov E. Transgenerational CRISPR-Cas9 Activity Facilitates Multiplex Gene Editing in Allopolyploid Wheat. The CRISPR Journal. 2018a;1:65–74. doi:10.1089/crispr.2017.0010. Wang W, Simmonds J, Pan Q, Davidson D, He F, Battal A, et al. Gene editing and mutagenesis reveal inter-cultivar differences and additivity in the contribution of TaGW2 homoeologues to grain size and weight in wheat 2018. doi:10.1007/s00122-018-3166-7. Zhang Y, Li D, Zhang D, Zhao X, Cao X, Dong L, et al. Analysis of the functions of TaGW2 homoeologs in wheat grain weight and protein content traits. The Plant Journal. 2018;94:857–66. doi:10.1111/tpj.13903	JKI, Modrzejewski et al. 2019 (Wang et al. 2018a, Zhang et al. 2018)
Weizen	CRISPR/Cas9 SDN1	Ertragssteigerung	Höhere Kornanzahl pro Ähre, erhöhtes Korngewicht pro Ähre	Zhang Z, Hua L, Gupta A, Tricoli D, Edwards KJ, Yang B, Li W. Development of an Agrobacterium-delivered CRISPR/Cas9 system for wheat genome editing 2019. doi:10.1111/pbi.13088.	JKI

Tabelle A2: Übersicht über Modifikationen der Lebens- und Futtermittelqualität.

Pflanzenart	Technik	Merkmalskategorie	Merkmal	Literaturquelle	Zuordnung des Anwendungsstatus durch:
Alfalfa	TALENs SDN1	Produktqualität	Verringerter Ligningehalt	United States Department of Agriculture (USDA). 2017. https://www.aphis.usda.gov/biotechnology/downloads/reg_loi/17-038- 02_air_inquiry_cbidel.pdf. Accessed 25 Aug 2018.	In USA nicht reguliert, JKI, Modrzejewski et al. 2019
Hirse	CRISPR/Cas9 SDN1	Produktqualität	Verbesserte Verdaulichkeit des Korneiweiß und veränderter Lysingehalt	Li AX, Jia SG, Yobi A, Ge ZX, Sato SJ, Zhang C, et al. Editing of an Alpha-Kafirin Gene Family Increases Digestibility and Protein Quality in Sorghum. 0032-0889. 2018;177:1425–38. doi:10.1104/pp.18.00200.	JKI
Kartoffel	TALENs SDN1	Produktqualität	Nicht bräunende Kartoffel	United States Department of Agriculture (USDA). 2016. https://www.aphis.usda.gov/biotechnology/downloads/reg_loi/16-090- 01_air_inquiry_cbidel.pdf. Accessed 25 Aug 2018.	In USA nicht reguliert, JKI, Modrzejewski et al. 2019
Kartoffel	TALENs SDN1	Produktqualität	Reduzierte Schwarzfleckigkeit	United States Department of Agriculture (USDA). 2016. https://www.aphis.usda.gov/biotechnology/downloads/reg_loi/16-320-01_air_inquiry.pdf. Accessed 25 Aug 2018.	In USA nicht reguliert, JKI, Modrzejewski et al. 2019
Kartoffel	TALENs SDN1	Produktqualität	Reduzierung schädlicher Inhaltsstoffe (Glycoalkaloide)	Sawai S, Ohyama K, Yasumoto S, Seki H, Sakuma T, Yamamoto T, et al. Sterol side chain reductase 2 is a key enzyme in the biosynthesis of cholesterol, the common precursor of toxic steroidal glycoalkaloids in potato. Plant Cell. 2014;26:3763–74. doi:10.1105/tpc.114.130096.	JKI, Modrzejewski e tal. 2019
Kartoffel	CRISPR/Cas9 SDN1	Produktqualität	Vollständige Beseitigung von Glycoalkaloiden (bitterer Geschmack)	Nakayasu M, Akiyama R, Lee HJ, Osakabe K, Osakabe Y, Watanabe B, et al. Generation of α-solanine-free hairy roots of potato by CRISPR/Cas9 mediated genome editing of the St16DOX gene. Plant Physiol Biochem 2018. doi:10.1016/j.plaphy.2018.04.026.	JKI, Modrzejewski et. al 2019
Leindotter	CRISPR/Cas9 SDN1	Produktqualität	Höherer Ölsäure- und α-Linolensäuregehalt	Ozseyhan ME, Kang J, Mu X, Lu C. Mutagenesis of the FAE1 genes significantly changes fatty acid composition in seeds of Camelina sativa. Plant Physiol Biochem. 2018;123:1–7. doi:10.1016/j.plaphy.2017.11.021.	JKI, Modrzejewski et al. 2019, Eckerstorfer et al. 2019

Pflanzenart	Technik	Merkmalskategorie	Merkmal	Literaturquelle	Zuordnung des Anwendungsstatus durch:
			Höherer Ölsäuregehalt, geringerer Fettsäuregehalt Höherer Ölsäuregehalt, geringerer Fettsäuregehalt Reduzierter Ölgehalt Höherer Ölsäuregehalt, geringerer Fettsäuregehalt	Jiang WZ, Henry IM, Lynagh PG, Comai L, Cahoon EB, Weeks DP. Significant enhancement of fatty acid composition in seeds of the allohexaploid, Camelina sativa, using CRISPR/Cas9 gene editing. Plant Biotechnol J. 2017;15:648–57. doi:10.1111/pbi.12663. Morineau C, Bellec Y, Tellier F, Gissot L, Kelemen Z, Nogué F, Faure J-D. Selective gene dosage by CRISPR-Cas9 genome editing in hexaploid Camelina sativa. Plant Biotechnol J. 2017;15:729–39. doi:10.1111/pbi.12671. Aznar-Moreno JA, Durrett TP. Simultaneous Targeting of Multiple Gene Homeologs to Alter Seed Oil Production in Camelina sativa. Plant Cell Physiol. 2017;58:1260–7. doi:10.1093/pcp/pcx058. Rothamsted Research. 2019. https://gmoinfo.jrc.ec.europa.eu/ gmp_report.aspx?CurNot=B/GB/19/R08/01. Accessed 28 Oct 2019.	
Mais	CRISPR/Cas9 SDN1	Produktqualität	Wachsmais, veränderte Stärkezusammensetzung	United States Department of Agriculture (USDA). 2015. https://www.aphis.usda.gov/biotechnology/downloads/reg_loi/15-352- 01_air_inquiry_cbidel.pdf. Accessed 25 Aug 2018. Qi X, Le Dong, Liu C, Mao L, Liu F, Zhang X, et al. Systematic identification of endogenous RNA polymerase III promoters for efficient RNA guide-based genome editing technologies in maize. The Crop Journal. 2018;6:314–20. doi:10.1016/j.cj.2018.02.005.	In USA nicht reguliert, JKI, Modrzejewski et al. 2019
Mais	CRISPR/Cas9 SDN1	Produktqualität	Erhöhter Zuckergehalt in Körnern	Dong L, Qi X, Zhu J, Liu C, Zhang X, Cheng B, et al. Supersweet and waxy: meeting the diverse demands for specialty maize by genome editing. 1467-7644 2019. doi:10.1111/pbi.13144.	JKI
Mais	CRISPR/Cas9 SDN1	Produktqualität	Verringerter Gehalt an Phytinsäure	Liang Z, Zhang K, Chen K, Gao C (2014) Targeted mutagenesis in Zea mays using TALENs and the CRISPR/Cas system. J Genet Genomics 41:63–68	Misrah et al. 2018, Eckerstorfer et al. 2019

Pflanzenart	Technik	Merkmalskategorie	Merkmal	Literaturquelle	Zuordnung des Anwendungsstatus durch:
Mais	Meganucleases SDN1	Produktqualität	Höherer Stärkegehalt in Bllättern und Stengeln	https://www.aphis.usda.gov/biotechnology/downloads/reg_loi/15-078-02_air_inquiry.pdf	Modrzejewski et al. 2019
Pilz	CRISPR/Cas9 SDN1	Produktqualität	Nicht bräunender Pilz	United States Department of Agriculture (USDA). 2015. https://www.aphis.usda.gov/biotechnology/downloads/reg_loi/15-321-01_air_inquiry.pdf. Accessed 25 Aug 2018.	In USA nicht reguliert, JKI, Modrzejewski et al. 2019
Raps	CRISPR/Cas9 SDN1	Produktqualität	Veränderte Fettsäurezusammensetzung	Okuzaki A, Ogawa T, Koizuka C, Kaneko K, Inaba M, Imamura J, Koizuka N. CRISPR/Cas9-mediated genome editing of the fatty acid desaturase 2 gene in Brassica napus. Plant Physiol Biochem 2018. doi:10.1016/j.plaphy.2018.04.025.	JKI, Modrzejewski et al. 2019
Reis	TALENs SDN1 CRISPR/Cas9 SDN1	Produktqualität	Duftreis	Shan Q, Zhang Y, Chen K, Zhang K, Gao C. Creation of fragrant rice by targeted knockout of the OsBADH2 gene using TALEN technology. Plant Biotechnol J. 2015;13:791–800. doi:10.1111/pbi.12312. Shen L, Hua Y, Fu Y, Li J, Liu Q, Jiao X, et al. Rapid generation of genetic diversity by multiplex CRISPR/Cas9 genome editing in rice. Sci China Life Sci. 2017;60:506–15. doi:10.1007/s11427-017-9008-8.	JKI, Modrzejewski et al. 2019, Eckerstorfer et al. 2019
Reis	CRISPR/Cas9 SDN1	Produktqualität	Veränderter Stärkegehalt (erhöhter Amylosegehalt)	Sun Y, Jiao G, Liu Z, Zhang X, Li J, Guo X, et al. Generation of High-Amylose Rice through CRISPR/Cas9-Mediated Targeted Mutagenesis of Starch Branching Enzymes. Front Plant Sci. 2017;8:1–15. doi:10.3389/fpls.2017.00298.	JKI, Es et al. 2019, Misrah et al. 2018, Modrzejewskiet al. 2019, Eckerstorfer et al. 2019
Reis	CRISPR/Cas9 SDN1	Produktqualität	Veränderter Stärkegehalt (erhöhter Amylosegehalt)	Han Y, Luo DJ, Usman B, Nawaz G, Zhao N, Liu F, Li RB. Development of High Yielding Glutinous Cytoplasmic Male Sterile Rice (Oryza sativa L.) Lines through CRISPR/Cas9 Based Mutagenesis of Wx and TGW6 and Proteomic Analysis of Anther. Agronomy-Basel. 2018;8. Fei YY, Yang J, Wang FQ, Fan FJ, Li WQ, Wang J, et al. Production of Two Elite Glutinous Rice Varieties by Editing Wx Gene. Rice Sci. 2019;26:118–24. doi:10.1016/j.rsci.2018.04.007.	JKI

Pflanzenart	Technik	Merkmalskategorie	Merkmal	Literaturquelle	Zuordnung des Anwendungsstatus durch:
				Pérez L, Soto E, Farré G, Juanos J, Villorbina G, Bassie L, et al. CRISPR/Cas9 mutations in the rice Waxy/GBSSI gene induce allele-specific and zygosity-dependent feedback effects on endosperm starch biosynthesis 2019. doi:10.1007/s00299-019-02388-z.	
Reis	CRISPR/Cas9 SDN1	Produktqualität	Reduzierung gesundheitsschädlicher Inhaltsstoffe (Arsengehalt)	Ye Y, Li P, Xu T, Zeng L, Cheng D, Yang M, et al. OsPT4 Contributes to Arsenate Uptake and Transport in Rice. Front. Plant Sci. 2017;8:311. doi:10.3389/fpls.2017.02197. Wang F-Z, Chen M-X, Yu L-J, Xie L-J, Yuan L-B, Qi H, et al. OsARM1, an R2R3 MYB Transcription Factor, Is Involved in Regulation of the Response to Arsenic Stress in Rice. Front Plant Sci. 2017;8:1868. doi:10.3389/fpls.2017.01868.	JKI, Modrzejewski et al. 2019
Reis	CRISPR/Cas9 SDN1	Produktqualität	Veränderte Fettsäurezusammensetzung	Abe K, Araki E, Suzuki Y, Toki S, SAIKA H. Production of high oleic/low linoleic rice by genome editing. Plant Physiol Biochem 2018. doi:10.1016/j.plaphy.2018.04.033.	JKI, Modrzejewski et al. 2019
Reis	CRISPR/Cas9 SDN1	Produktqualität	Reduzierung gesundheitsschädlicher Inhaltsstoffe (Cäsiumgehalt)	Nieves-Cordones M, Mohamed S, Tanoi K, Kobayashi NI, Takagi K, Vernet A, et al. Production of low-Cs+ rice plants by inactivation of the K+ transporter OsHAK1 with the CRISPR-Cas system. Plant J. 2017;92:43–56. doi:10.1111/tpj.13632.	JKI, Modrzejewski et al. 2019
Reis	CRISPR/Cas9 SDN1	Produktqualität	Reduzierung gesundheitsschädlicher Inhaltsstoffe (Cadmiumgehalt in Pflanzen)	Tang L, Mao B, Li Y, Lv Q, Zhang L, Chen C, et al. Knockout of OsNramp5 using the CRISPR/Cas9 system produces low Cd-accumulating indica rice without compromising yield. Sci Rep. 2017;7:14438. doi:10.1038/s41598-017-14832-9.	JKI, Modrzejewski et al. 2019
Reis	CRISPR/Cas9 SDN1	Produktqualität	Wachsreis	Zhang J, Zhang H, Botella JR, Zhu J-K. Generation of new glutinous rice by CRISPR/Cas9-targeted mutagenesis of the Waxy gene in elite rice varieties. J Integr Plant Biol. 2018;60:369–75. doi:10.1111/jipb.12620.	JKI, Modrzejewski et al. 2019

Pflanzenart	Technik	Merkmalskategorie	Merkmal	Literaturquelle	Zuordnung des Anwendungsstatus durch:
Salat	CRISPR/Cas9 SDN1	Produktqualität	Erhöhter Ascorbinsäuregehalt (Vitamin C), verbesserte Toleranz gegenüber Oxidationsstress	Zhang HW, Si XM, Ji X, Fan R, Liu JX, Chen KL, et al. Genome editing of upstream open reading frames enables translational control in plants. Nat Biotechnol. 2018;36:894- +. doi:10.1038/nbt.4202.	JKI
Salat	CRISPR/Cas9 SDN1	Produktqualität	Verlangsamte Bräunung der Blätter	Intrexon better DNA. APHIS-Am I Regulated. https://www.aphis.usda.gov/biotechnology/downloads/reg_loi/18-243-01_a4_air_cbidel.pdf.	JKI
Sojabohne	TALENs SDN1	Produktqualität	Hoher Ölsäuregehalt, geringer Linolsäuregehalt	United States Department of Agriculture (USDA). 2014. https://www.aphis.usda.gov/biotechnology/downloads/reg_loi/cellectis_air_fad2k0_soy_cbidel.pdf. Accessed 25 Aug 2018. United States Department of Agriculture (USDA). 2015. https://www.aphis.usda.gov/biotechnology/downloads/reg_loi/15-071-01air.pdf. Demorest ZL, Coffman A, Baltes NJ, Stoddard TJ, Clasen BM, Luo S, et al. Direct stacking of sequence-specific nuclease-induced mutations to produce high oleic and low linolenic soybean oil. BMC Plant Biol. 2016;16:225–32. doi:10.1186/s12870-016-0906-1. Haun W, Coffman A, Clasen BM, Demorest ZL, Lowy A, Ray E, et al. Improved soybean oil quality by targeted mutagenesis of the fatty acid desaturase 2 gene family. Plant Biotechnol J. 2014;12:934–40. doi:10.1111/pbi.12201.	JKI, Misrah et al. 2018 Modrzejewski et al. 2019, Eckerstorfer et al. 2019
Sojabohne	CRISPR/Cas9 SDN1	Produktqualität	Hoher Ölsäuregehalt, geringer Linolsäuregehalt	Al Amin N, Ahmad N, Wu N, Pu X, Ma T, Du Y, et al. CRISPR-Cas9 mediated targeted disruption of FAD2-2 microsomal omega-6 desaturase in soybean (Glycine max.L) 2019. doi:10.1186/s12896-019-0501-2.	JKI

Pflanzenart	Technik	Merkmalskategorie	Merkmal	Literaturquelle	Zuordnung des Anwendungsstatus durch:
Tomate	CRISPR/Cas9 SDN1	Produktqualität	Kernlose Früchte	Klap C, Yeshayahou E, Bolger AM, Arazi T, Gupta SK, Shabtai S, et al. Tomato facultative parthenocarpy results from SlAGAMOUS-LIKE 6 loss of function. Plant Biotechnol J. 2017;15:634–47. doi:10.1111/pbi.12662. Ueta R, Abe C, Watanabe T, Sugano SS, Ishihara R, Ezura H, et al. Rapid breeding of parthenocarpic tomato plants using CRISPR/Cas9. Sci Rep. 2017;7:507. doi:10.1038/s41598-017-00501-4.	JKI, Misrah et al. 2018, Modrzejewski et al. 2019, Eckerstorfer et al. 2019
Tomate	CRISPR/Cas9 SDN1	Produktqualität	Erhöhung gesundheitsfördernder Inhaltsstoffe (Erhöhter GABA-Gehalt)	Lee J, Nonaka S, Takayama M, Ezura H. Utilization of a Genome-Edited Tomato (Solanum lycopersicum) with High Gamma Aminobutyric Acid Content in Hybrid Breeding. J. Agric. Food Chem. 2018;66:963–71. doi:10.1021/acs.jafc.7b05171. Nonaka S, Arai C, Takayama M, Matsukura C, Ezura H. Efficient increase of ɣ-aminobutyric acid (GABA) content in tomato fruits by targeted mutagenesis. Sci Rep. 2017;7:7057. doi:10.1038/s41598-017-06400-y.	JKI, Modrzejewski et al. 2019
Tomate	CRISPR/Cas9 SDN1	Produktqualität	Erhöhung gesundheitsfördernder Inhaltsstoffe (Erhöhter Lycopin-Gehalt)	Li X, Wang Y, Chen S, Tian H, Fu D, Zhu B, et al. Lycopene Is Enriched in Tomato Fruit by CRISPR/Cas9-Mediated Multiplex Genome Editing. Front. Plant Sci. 2018;9:179. doi:10.3389/fpls.2018.00559.	JKI, Modrzejewski et al. 2019
Tomate	CRISPR/Cas9 SDN1	Produktqualität	Längere Lagerung bei Zimmertemperatur	Yu Q-h, Wang B, Li N, Tang Y, Yang S, Yang T, et al. CRISPR/Cas9-induced Targeted Mutagenesis and Gene Replacement to Generate Long-shelf Life Tomato Lines. Sci Rep. 2017;7:818. doi:10.1038/s41598-017-12262-1.	JKI, Modrzejewski et al. 2019
Tomate	CRISPR/Cas		Höherer Gehalt an gamma-Aminobuttersäure (GABA)	Li, Rui, Li, Ran, Li, X., Fu, D., Zhu, B., Tian, H., Luo, Y., Zhu, H., 2018. Multiplexed CRISPR/Cas9-mediated metabolic engineering of γ-aminobutyric acid levels in Solanum lycopersicum. Plant Biotechnol. J. 16, 415–427.	Es et al. 2019

Pflanzenart	Technik	Merkmalskategorie	Merkmal	Literaturquelle	Zuordnung des Anwendungsstatus durch:
Weizen	CRISPR/Cas9 SDN1	Produktqualität	Längere Samenruhe (verhindert Keimung vor der Ernte)	Abe F, Haque E, Hisano H, Tanaka T, Kamiya Y, Mikami M, et al. Genome-Edited Triple-Recessive Mutation Alters Seed Dormancy in Wheat. Cell Rep. 2019;28:1362- 1369.e4. doi:10.1016/j.celrep.2019.06.090.	
Weizen	TALENs SDN1	Produktqualität	Erhöhter Nährwert	United States Department of Agriculture (USDA). 2017. https://www.aphis.usda.gov/biotechnology/downloads/reg_loi/17-038-01_air_inquiry_cbidel.pdf .	In USA nicht reguliert JKI, Modrzejewski et al. 2019
Weizen	CRISPR/Cas9 SDN1	Produktqualität	Reduzierter Glutengehalt	Sánchez-León S, Gil-Humanes J, Ozuna CV, Giménez MJ, Sousa C, Voytas DF, Barro F. Low-gluten, nontransgenic wheat engineered with CRISPR/Cas9 2018. doi:10.1111/pbi.12837.	JKI, Modrzejewski et al. 2019, Eckerstorfer et al. 2019
Weizen (Durum)	CRISPR/Cas9 SDN1	Produktqualität	Reduzierter Glutengehalt	Sánchez-León S, Gil-Humanes J, Ozuna CV, Giménez MJ, Sousa C, Voytas DF, Barro F. Low-gluten, nontransgenic wheat engineered with CRISPR/Cas9 2018. doi:10.1111/pbi.12837.	JKI, Modrzejewski et al. 2019, Eckerstorfer et al. 2019

Tabelle A3: Übersicht über Modifikationen biotischer Stresstoleranz.

Pflanzenart	Technik	Merkmalskategorie	Merkmal	Literaturquelle	Zuordnung des Anwendungsstatus durch:
Gerste	CRISPR/Cas9 SDN1	Virusresistenz	Resistenz gegen Wheat Dwarf Virus	Kis A, Hamar E, Tholt G, Ban R, Havelda Z. Creating highly efficient resistance against wheat dwarf virus in barley by employing CRISPR/Cas9 system. 1467-7644. 2019;17:1004–6. doi:10.1111/pbi.13077.	JKI
Gurke	CRISPR/Cas9 SDN1	Virusresistenz	Immunität gegen Cucumber-Vein-Yellowing-Virusinfektion (Ipomovirus) und Resistenz gegen Potyviren, Zucchini Yellow Mosaic Virus und Papaya Ring Spot Mosaic Virus-W.	Chandrasekaran J, Brumin M, Wolf D, Leibman D, Klap C, Pearlsman M, et al. Development of broad virus resistance in non-transgenic cucumber using CRISPR/Cas9 technology. Mol Plant Pathol. 2016;17:1140–53. doi:10.1111/mpp.12375.	JKI, Es et al. 2019, Khatodia et al. 2017, Modrzejewski et al. 2019, Eckerstorfer et al. 2019

Pflanzenart	Technik	Merkmalskategorie	Merkmal	Literaturquelle	Zuordnung des Anwendungsstatus durch:
Kartoffel	CRISPR/Cas9 SDN1	Virusresistenz	Resistenz gegen Potato Virus Y (PVY)	Makhotenko AV, Khromov AV, Snigir EA, Makarova SS, Makarov VV, Suprunova TP, et al. Functional Analysis of Coilin in Virus Resistance and Stress Tolerance of Potato Solanum tuberosum using CRISPR-Cas9 Editing. Dokl Biochem Biophys. 2019;484:88–91. doi:10.1134/S1607672919010241.	JKI
Kartoffel	CRISPR/Cas13a SDN1	Virusresistenz	Resistenz gegen Potato Virus Y (PVY)	Zhan X, Zhang F, Zhong Z, Chen R, Wang Y, Chang L, et al. Generation of virusresistant potato plants by RNA genome targeting 2019. doi:10.1111/pbi.13102.	JKI
Mais	CRISPR/Cas9 (Cisgenesis) SDN3	Pilzresistenz	Resistenz gegen Blattfleckenkrankheit (Northern Leaf Blight)	United States Department of Agriculture (USDA). 2017. https://www.aphis.usda.gov/biotechnology/downloads/reg_loi/17-076-01_air_inquiry_cbidel.pdf. Accessed 25 Aug 2018.	JKI, Modrzejewski et al. 2019
Raps	CRISPR/Cas9 SDN1	Pilzresistenz	Resistenz gegen Sclerotinia sclerotiorium	Sun QF, Lin L, Liu DX, Wu DW, Fang YJ, Wu J, Wang YP. CRISPR/Cas9-Mediated Multiplex Genome Editing of the BnWRKY11 and BnWRKY70 Genes in Brassica napus L. Int J Mol Sci. 2018;19.	JKI
Reis	CRISPR/Cas9 SDN1	Pilzresistenz	Resistenz gegen Reisbräune	Wang F, Wang C, Liu P, Lei C, Hao W, GAO Y, et al. Enhanced Rice Blast Resistance by CRISPR/Cas9-Targeted Mutagenesis of the ERF Transcription Factor Gene OsERF922. PLoS ONE. 2016;11:e0154027. doi:10.1371/journal.pone.0154027.	JKI, Es et al. 2019, Misrah et al. 2018, Eckerstorfer et al. 2019
Reis	CRISPR/Cas9; SDN1	Pilzresistenz	Resistenz gegen Reisbräune, früheres Ährenschieben	Zhou XC, Jiang GH, Yang LW, Qiu L, He P, Nong CX, et al. Gene diagnosis and targeted breeding for blast-resistant Kongyu 131 without changing regional adaptability. J Genet Genomics. 2018;45:539–47. doi:10.1016/j.jgg.2018.08.003. Li S, Shen L, Hu P, Liu Q, Zhu X, Qian Q, et al. Developing disease-resistant thermosensitive male sterile rice by multiplex gene editing 2019. doi:10.1111/jipb.12774.	JKI

Pflanzenart	Technik	Merkmalskategorie	Merkmal	Literaturquelle	Zuordnung des Anwendungsstatus durch:
Reis	CRISPR/Cas9; SDN1	Bakterienresistenz	Resistenz gegen Bakterienbrand	Zhou J, Peng Z, Long J, Sosso D, Liu B, Eom J-S, et al. Gene targeting by the TAL effector PthXo2 reveals cryptic resistance gene for bacterial blight of rice. Plant J. 2015;82:632–43. doi:10.1111/tpj.12838. Zhou X, Liao H, Chern M, Yin J, Chen Y, Wang J, et al. Loss of function of a rice TPR-domain RNA-binding protein confers broad-spectrum disease resistance. Proc Natl Acad Sci U S A. 2018;115:3174–9. doi:10.1073/pnas.1705927115. Liao Y, Bai Q, Xu P, Wu T, Guo D, Peng Y, et al. Mutation in Rice Abscisic Acid2 Results in Cell Death, Enhanced Disease-Resistance, Altered Seed Dormancy and Development. Front. Plant Sci. 2018;9:1248. doi:10.3389/fpls.2018.00405.	In USA nicht reguliert JKI, Misrah et al. 2018, Modrzejewski et al. 2019, Eckerstorfer et al. 2019
Reis	TALENs SDN1	Bakterienresistenz	Resistenz gegen Bakterienbrand	Blanvillain-Baufumé S, Reschke M, Solé M, Auguy F, Doucoure H, Szurek B, et al. Targeted promoter editing for rice resistance to Xanthomonas oryzae pv. oryzae reveals differential activities for SWEET14-inducing TAL effectors. Plant Biotechnol J. 2017;15:306–17. doi:10.1111/pbi.12613. United States Department of Agriculture (USDA). 2014. https://www.aphis.usda.gov/biotechnology/downloads/reg_loi/air_isu_ting_rice.pdf. Accessed 25 Aug 2018. Wang J, Tian D, Gu K, Yang X, Wang L, Zeng X, Yin Z. Induction of Xa10-like Genes in Rice Cultivar Nipponbare Confers Disease Resistance to Rice Bacterial Blight. Mol Plant Microbe Interact. 2017;30:466–77. doi:10.1094/MPMI-11-16-0229-R. Li S, Shen L, Hu P, Liu Q, Zhu X, Qian Q, et al. Developing disease-resistant thermosensitive male sterile rice by multiplex gene editing 2019. doi:10.1111/jipb.12774.	In USA nicht reguliert JKI, Modrzejewski et al. 2019

Pflanzenart	Technik	Merkmalskategorie	Merkmal	Literaturquelle	Zuordnung des Anwendungsstatus durch:
				Xie C, Zhang G, Zhang Y, Song X, Guo H, Chen X, Fang R. SRWD1, a novel target gene of DELLA and WRKY proteins, participates in the development and immune response of rice (Oryza sativa L.). Science Bulletin. 2017;62:1639–48. doi:10.1016/j.scib.2017.12.002.	
Reis	TALENs SDN1	Bakterienresistenz	Resistenz gegen das Pathogen Xoc RS105	Cai L, Cao Y, Xu Z, Ma W, Zakria M, Zou L, et al. A Transcription Activator-Like Effector Tal7 of Xanthomonas oryzae pv. oryzicola Activates Rice Gene Os09g29100 to Suppress Rice Immunity. Sci Rep. 2017;7:5089. doi:10.1038/s41598-017-04800-8.	JKI, Misrah et al. 2018, Modrzejewski et al. 2019
Reis	CRISPR/Cas9 SDN1	Virusresistenz	Resistenz gegen das Reis-Tungro-sphärische Virus	Macovei A, Sevilla NR, Cantos C, Jonson GB, Slamet-Loedin I, Čermák T, et al. Novel alleles of rice eIF4G generated by CRISPR/Cas9-targeted mutagenesis confer resistance to Rice tungro spherical virus. Plant Biotechnol J. 2018;47:417. doi:10.1111/pbi.12927.	JKI, Modrzejewski et al. 2019
Reis	CRISPR/Cas13a SD	Virusresistenz	Resistenz gegen den schwarzgestreiften Reiszwergvirus (Southern Rice Black-streaked Dwarf Virus SRBSDV)	Zhang T, Zhao YL, Ye JJ, Cao X, Xu CH, Chen B, et al. Establishing CRISPR/Cas13a immune system conferring RNA virus resistance in both dicot and monocot plants. 1467- 7644. 2019;17:1185–7. doi:10.1111/pbi.13095	JKI
Tomate	CRISPR/Cas9 SDN1	Pilzresistenz	Resistenz gegen Mehltau	Nekrasov V, Wang C, Win J, Lanz C, Weigel D, Kamoun S. Rapid generation of a transgene-free powdery mildew resistant tomato by genome deletion. Sci Rep. 2017;7:482. doi:10.1038/s41598-017-00578-x.	JKI, Misrah et al. 2018, Modrzejewski et al. 2019, Eckerstorfer et al. 2019
Tomate	CRISPR/Cas9 SDN1	Virusresistenz	Resistenz gegen Tomato Yellow Leaf Virus	Mahfouz M, Tashkandi M, Ali Z, Aljedaani F, Shami A. Engineering resistance against Tomato yellow leaf curl virus via the CRISPR/Cas9 system in tomato 2017. doi:10.1101/237735.	JKI, Modrzejewski et al. 2019
Tomate	CRISPR/Cas9 SDN1	Bakterienresistenz	Krankheitsresistenz gegen verschiedene Pathogene einschließlich P. syringae, P. capsici und Xanthomonas spp.	Toledo Thomazella DP de, Brail Q, Dahlbeck D, Staskawicz BJ. CRISPR-Cas9 mediated mutagenesis of a DMR6 ortholog in tomato confers broad-spectrum disease resistance. 2016:1–23. doi:10.1101/064824.	JKI, Es et al. 2019, Modrzejewski et al. 2019

Pflanzenart	Technik	Merkmalskategorie	Merkmal	Literaturquelle	Zuordnung des Anwendungsstatus durch:
Tomate	CRISPR/Cas9 SDN1	Bakterienresistenz	Resistenz gegen Blatt- und Fruchtfleckenkrankheit	Ortigosa A, Gimenez-Ibanez S, Leonhardt N, Solano R. Design of a bacterial speck resistant tomato by CRISPR/Cas9-mediated editing of SlJAZ2. 1467-7644. 2019;17:665– 73. doi:10.1111/pbi.13006.	JKI
Wein	CRISPR/Cas9 SDN1	Pilzresistenz	Resistenz gegen Grauschimmelfäule	Wang X, Tu M, Wang D, Liu J, Li Y, Li Z, et al. CRISPR/Cas9-mediated efficient targeted mutagenesis in grape in the first generation. Plant Biotechnol J. 2018;16:844–55. doi:10.1111/pbi.12832.	JKI, Modrzejewski et al. 2019
Weizen	TALENs SDN	Pilzresistenz	Resistenz gegen Mehltau	Wang Y, Cheng X, Shan Q, Zhang Y, Liu J, Gao C, Qiu J-L. Simultaneous editing of three homoeoalleles in hexaploid bread wheat confers heritable resistance to powdery mildew. Nat Biotechnol. 2014;32:947–51. doi:10.1038/nbt.2969.	JKI, Misrah et al. 2018, Eckerstorfer et al. 2019
Weizen	TALENs SDN1	Pilzresistenz	Resistenz gegen Mehltau	United States Department of Agriculture (USDA). 2015. https://www.aphis.usda.gov/biotechnology/downloads/reg_loi/15-238-01_air_inquiry_cbidel.pdf. Accessed 25 Aug 2018.	Modrzejewski et al. 2019
Weizen	CRISPR/Cas9 SDN1	Pilzresistenz	Resistenz gegen Mehltau	Zhang Y, Bai Y, Wu G, Zou S, Chen Y, Gao C, Tang D. Simultaneous modification of three homoeologs of TaEDR1 by genome editing enhances powdery mildew resistance in wheat. Plant J. 2017;91:714–24. doi:10.1111/tpj.13599.	JKI, Misrah et al. 2018, Modrzejewski et al. 2019
Zitrone	CRISPR/Cas9	Bakterienresistenz	Resistenz gegen Zitruskrebs	Jia H, Zhang Y, Orbović V, Xu J, White FF, Jones JB, Wang N (2017) Genome editing of the disease susceptibility gene CsLOB1 in citrus confers resistance to citrus canker. Plant Biotechnol J 15:817–823	Misrah et al. 2018, Modrzejewski et al. 2019, Eckerstorfer et al. 2019

Tabelle A4: Übersicht über Modifikationen zur Erzeugung von Herbizidresistenz

Pflanzenart	Technik	Merkmalskategorie	Merkmal	Literaturquelle	Zuordnung des Anwendungsstatus durch:
Flachs	CRISPR/Cas9 SDN1	Herbizidresistenz	Herbizidresistenz	Sauer NJ, Narváez-Vásquez J, Mozoruk J, Miller RB, Warburg ZJ, Woodward MJ, et al. Oligonucleotide-Mediated Genome Editing Provides Precision and Function to Engineered Nucleases and Antibiotics in Plants. Plant Physiol. 2016;170:1917–28. doi:10.1104/pp.15.01696.	JKI, Modrzejewski et al. 2019, Eckerstorfer et al. 2019
Kartoffel	CRISPR/Cas9, TALENs SDN2	Herbizidresistenz	Herbizidresistenz	Butler NM, Baltes NJ, Voytas DF, Douches DS. Geminivirus-Mediated Genome Editing in Potato (Solanum tuberosum L.) Using Sequence-Specific Nucleases. Front Plant Sci. 2016;7:1–13. doi:10.3389/fpls.2016.01045	JKI, Modrzejewski et al. 2019, Eckerstorfer et al. 2019
Mais	CRISPR/Cas9 SDN1, SDN2, SDN3	Herbizidresistenz	Herbizidresistenz	Svitashev S, Young JK, Schwartz C, Gao H, Falco SC, Cigan AM. Targeted Mutagenesis, Precise Gene Editing, and Site-Specific Gene Insertion in Maize Using Cas9 and Guide RNA. Plant Physiol. 2015;169:931–45. doi:10.1104/pp.15.00793. Svitashev S, Schwartz C, Lenderts B, Young JK, Mark Cigan A. Genome editing in maize directed by CRISPR-Cas9 ribonucleoprotein complexes. Nat Commun. 2016;7:1–7. doi:10.1038/ncomms13274.	JKI, Es et al. 2019, Khatodia et al. 2016, Modrzejewski et al. 2019, Eckerstorfer et al. 2019
Mais	ZFN SDN3	Herbizidresistenz	Herbizidresistenz	Ainley WM, Sastry-Dent L, Welter ME, Murray MG, Zeitler B, Amora R, et al. Trait stacking via targeted genome editing. Plant Biotechnol J. 2013;11:1126–34. doi:10.1111/pbi.12107	JKI, Modrzejewski et al. 2019, Eckerstorfer et al. 2019
Mais	ODM	Herbizidresistenz	Herbizidresistenz	Zhu T, Peterson DJ, Tagliani L, St. Clair G, Baszczynski CL, Bowen B. Targeted manipulation of maize genes in vivo using chimeric RNA/DNA oligonucleotides. Proc. Natl. Acad. Sci. 1999;96:8768–73. doi:10.1073/pnas.96.15.8768. Zhu T, Mettenburg K, Peterson DJ, Tagliani L, Baszczynski CL. Engineering herbicide-resistant maize using chimeric RNA/DNA oligonucleotides. Nat Biotechnol. 2000;18:555–8. doi:10.1038/75435	JKI, Modrzejewski et al.
Raps	ODM	Herbizidresistenz	Herbizidresistenz	Gocal GFW, Schöpke C, Beetham PR. Oligo-Mediated Targeted Gene Editing. In: Advances in New Technology for Targeted Modification of Plant Genomes; 2015. p. 73–89. doi:10.1007/978-1-4939-2556-8_5.	JKI, Modrzejewski et al. 2019, Eckerstorfer et al. 2019

Pflanzenart	Technik	Merkmalskategorie	Merkmal	Literaturquelle	Zuordnung des Anwendungsstatus durch:
				Ruiter R, van den Brande I, Stals E, Delauré S, Cornelissen M, D'Halluin K. Spontaneous mutation frequency in plants obscures the effect of chimeraplasty. Plant Mol Biol. 2003;53:675–89. doi:10.1023/b:plan.0000019111.96107.01	
Reis	CRISPR/Cas9 SDN2	Herbizidresistenz	Herbizidresistenz	Li J, Meng X, Zong Y, Chen K, Zhang H, Liu J, et al. Gene replacements and insertions in rice by intron targeting using CRISPR-Cas9. NAT.PLANTS. 2016;2:1–6. doi:10.1038/nplants.2016.139 Sun Y, Zhang X, Wu C, He Y, Ma Y, Hou H, et al. Engineering Herbicide-Resistant Rice Plants through CRISPR/Cas9-Mediated Homologous Recombination of Acetolactate Synthase. Mol Plant. 2016;9:628–31. doi:10.1016/j.molp.2016.01.001. Butt H, Eid A, Ali Z, Atia MAM, Mokhtar MM, Hassan N, et al. Efficient CRISPR/Cas9-Mediated Genome Editing Using a Chimeric Single-Guide RNA Molecule. Front Plant Sci. 2017;8:1441. doi:10.3389/fpls.2017.01441	JKI, Misrah et al. 2018 Modrzejewski et al. 2019, Eckerstorfer et al. 2019
	TALENs SDN2		Herbizidresistenz	Wang M, Liu Y, Zhang C, Liu J, Liu X, Wang L, et al. Gene editing by co-transformation of TALEN and chimeric RNA/DNA oligonucleotides on the rice OsEPSPS gene and the inheritance of mutations. PLoS ONE. 2015;10:e0122755. doi:10.1371/journal.pone.0122755	JKI, Modrzejewski et al. 2019, Eckerstorfer et al. 2019
	ODM		Herbizidresistenz	Okuzaki A, Toriyama K. Chimeric RNA/DNA oligonucleotide-directed gene targeting in rice. Plant Cell Rep. 2004;22:509–12. doi:10.1007/s00299-003-0698-2.	JKI, Modrzejewski et al. 2019
	BE		Herbizidresistenz	Shimatani Z, Kashojiya S, Takayama M, Terada R, Arazoe T, Ishii H, et al. Targeted base editing in rice and tomato using a CRISPR-Cas9 cytidine deaminase fusion. Nat Biotechnol. 2017;35:441–3. doi:10.1038/nbt.3833 Shimatani Z, Fujikura U, Ishii H, Matsui Y, Suzuki M, Ueke Y, et al. Inheritance of co-edited genes by CRISPR-based targeted nucleotide substitutions in rice. Plant Physiol Biochem 2018. doi:10.1016/j.plaphy.2018.04.028	JKI, Modrzejewski et al. 2019, Eckerstorfer et al. 2019

Pflanzenart	Technik	Merkmalskategorie	Merkmal	Literaturquelle	Zuordnung des Anwendungsstatus durch:
				Li C, Zong Y, Wang YP, Jin S, Zhang DB, Song QN, et al. Expanded base editing in rice and wheat using a Cas9-adenosine deaminase fusion. Genome Biol. 2018;19.	
Sojabohne	CRISPR/Cas9 SDN2	Herbizidresistenz	Herbizidresistenz	Li Z, Liu Z-B, Xing A, Moon BP, Koellhoffer JP, Huang L, et al. Cas9-Guide RNA Directed Genome Editing in Soybean. Plant Physiol. 2015;169:960–70. doi:10.1104/pp.15.00783.	JKI, Es et al. 2019, Modrzejewski et al. 2019
Sojabohne	CRISPR/Cas9 SDN3	Herbizidresistenz	Herbizidresistenz	Chilcoat D, Liu Z-B, Sander J. Use of CRISPR/Cas9 for Crop Improvement in Maize and Soybean. Prog Mol Biol Transl Sci. 2017;149:27–46. doi:10.1016/bs.pmbts.2017.04.005	JKI, Modrzejewski et al. 2019
Tomate	CRISPR/Cas9 SDN1	Herbizidresistenz	Herbizidresistenz	Danilo B, Perrot L, Mara K, Botton E, Nogue F, Mazier M. Efficient and transgenefree gene targeting using Agrobacterium-mediated delivery of the CRISPR/Cas9 system in tomato. Plant Cell Rep. 2019;38:459–62. doi:10.1007/s00299-019-02373-6	JKI
Weizen	BE	Herbizidresistenz	Herbizidresistenz	Zhang R, Liu JX, Chai ZZ, Chen S, Bai Y, Zong Y, et al. Generation of herbicide tolerance traits and a new selectable marker in wheat using base editing. Nat Plants. 2019;5:480–5. doi:10.1038/s41477-019-0405-0.	JKI
Mais	ODM	Herbizidresistenz	Herbizidresistenz	Zhu T, Peterson DJ, Tagliani L, St. Clair G, Baszczynski CL, Bowen B. Targeted manipulation of maize genes in vivo using chimeric RNA/DNA oligonucleotides. Proc. Natl. Acad. Sci. 1999;96:8768–73. doi:10.1073/pnas.96.15.8768. Zhu T, Mettenburg K, Peterson DJ, Tagliani L, Baszczynski CL. Engineering herbicide-resistant maize using chimeric RNA/DNA oligonucleotides. Nat Biotechnol. 2000;18:555–8. doi:10.1038/75435	JKI, Modrzejewski et al.
Raps	ODM	Herbizidresistenz	Herbizidresistenz	Gocal GFW, Schöpke C, Beetham PR. Oligo-Mediated Targeted Gene Editing. In: Advances in New Technology for Targeted Modification of Plant Genomes; 2015. p. 73–89. doi:10.1007/978-1-4939-2556-8_5.	JKI, Modrzejewski et al. 2019, Eckerstorfer et al. 2019

Pflanzenart	Technik	Merkmalskategorie	Merkmal	Literaturquelle	Zuordnung des Anwendungsstatus durch:
				Ruiter R, van den Brande I, Stals E, Delauré S, Cornelissen M, D'Halluin K. Spontaneous mutation frequency in plants obscures the effect of chimeraplasty. Plant Mol Biol. 2003;53:675–89. doi:10.1023/b:plan.0000019111.96107.01	
Reis	CRISPR/Cas9 SDN2	Herbizidresistenz	Herbizidresistenz	Li J, Meng X, Zong Y, Chen K, Zhang H, Liu J, et al. Gene replacements and insertions in rice by intron targeting using CRISPR-Cas9. NAT.PLANTS. 2016;2:1–6. doi:10.1038/nplants.2016.139 Sun Y, Zhang X, Wu C, He Y, Ma Y, Hou H, et al. Engineering Herbicide-Resistant Rice Plants through CRISPR/Cas9-Mediated Homologous Recombination of Acetolactate Synthase. Mol Plant. 2016;9:628–31. doi:10.1016/j.molp.2016.01.001. Butt H, Eid A, Ali Z, Atia MAM, Mokhtar MM, Hassan N, et al. Efficient CRISPR/Cas9-Mediated Genome Editing Using a Chimeric Single-Guide RNA Molecule. Front Plant Sci. 2017;8:1441. doi:10.3389/fpls.2017.01441	JKI, Misrah et al. 2018 Modrzejewski et al. 2019, Eckerstorfer et al. 2019
	TALENs SDN2	Herbizidresistenz	Herbizidresistenz	Wang M, Liu Y, Zhang C, Liu J, Liu X, Wang L, et al. Gene editing by co-transformation of TALEN and chimeric RNA/DNA oligonucleotides on the rice OsEPSPS gene and the inheritance of mutations. PLoS ONE. 2015;10:e0122755. doi:10.1371/journal.pone.0122755	JKI, Modrzejewski et al. 2019, Eckerstorfer et al. 2019
	ODM	Herbizidresistenz	Herbizidresistenz	Okuzaki A, Toriyama K. Chimeric RNA/DNA oligonucleotide-directed gene targeting in rice. Plant Cell Rep. 2004;22:509–12. doi:10.1007/s00299-003-0698-2.	JKI, Modrzejewski et al. 2019
	BE	Herbizidresistenz	Herbizidresistenz	Shimatani Z, Kashojiya S, Takayama M, Terada R, Arazoe T, Ishii H, et al. Targeted base editing in rice and tomato using a CRISPR-Cas9 cytidine deaminase fusion. Nat Biotechnol. 2017;35:441–3. doi:10.1038/nbt.3833 Shimatani Z, Fujikura U, Ishii H, Matsui Y, Suzuki M, Ueke Y, et al. Inheritance of co-edited genes by CRISPR-based targeted nucleotide substitutions in rice. Plant Physiol Biochem 2018. doi:10.1016/j.plaphy.2018.04.028	JKI, Modrzejewski et al. 2019, Eckerstorfer et al. 2019

Pflanzenart	Technik	Merkmalskategorie	Merkmal	Literaturquelle	Zuordnung des Anwendungsstatus durch:
				Li C, Zong Y, Wang YP, Jin S, Zhang DB, Song QN, et al. Expanded base editing in rice and wheat using a Cas9-adenosine deaminase fusion. Genome Biol. 2018;19.	
Sojabohne	CRISPR/Cas9 SDN2	Herbizidresistenz	Herbizidresistenz	Li Z, Liu Z-B, Xing A, Moon BP, Koellhoffer JP, Huang L, et al. Cas9-Guide RNA Directed Genome Editing in Soybean. Plant Physiol. 2015;169:960–70. doi:10.1104/pp.15.00783.	JKI, Es et al. 2019, Modrzejewski et al. 2019
Sojabohne	CRISPR/Cas9 SDN3	Herbizidresistenz	Herbizidresistenz	Chilcoat D, Liu Z-B, Sander J. Use of CRISPR/Cas9 for Crop Improvement in Maize and Soybean. Prog Mol Biol Transl Sci. 2017;149:27–46. doi:10.1016/bs.pmbts.2017.04.005	JKI, Modrzejewski et al. 2019
Tomate	CRISPR/Cas9 SDN1	Herbizidresistenz	Herbizidresistenz	Danilo B, Perrot L, Mara K, Botton E, Nogue F, Mazier M. Efficient and transgenefree gene targeting using Agrobacterium-mediated delivery of the CRISPR/Cas9 system in tomato. Plant Cell Rep. 2019;38:459–62. doi:10.1007/s00299-019-02373-6	JKI
Weizen	BE	Herbizidresistenz	Herbizidresistenz	Zhang R, Liu JX, Chai ZZ, Chen S, Bai Y, Zong Y, et al. Generation of herbicide tolerance traits and a new selectable marker in wheat using base editing. Nat Plants. 2019;5:480–5. doi:10.1038/s41477-019-0405-0.	JKI

Tabelle A5: Übersicht über Modifikationen industrieller Merkmale.

Pflanzenart	Technik	Merkmalskategorie	Merkmal	Literaturquelle	Zuordnung des Anwendungsstatus durch:
Kartoffel	CRISPR/Cas9 SDN1	Produktqualität	Verbesserte Stärkequalität	Andersson M, Turesson H, Nicolia A, Fält A-S, Samuelsson M, Hofvander P. Efficient targeted multiallelic mutagenesis in tetraploid potato (*Solanum tuberosum*) by transient CRISPR-Cas9 expression in protoplasts. Plant Cell Rep. 2017;36:117–28. doi:10.1007/s00299-016-2062-3.	JKI, Es et al. 2019, Modrzejewski et al. 2019, Eckerstorfer et al. 2019

Pflanzenart	Technik	Merkmalskategorie	Merkmal	Literaturquelle	Zuordnung des Anwendungsstatus durch:
				Veillet F, Chauvin L, Kermarrec MP, Sevestre F, Merrer M, Terret Z, et al. The Solanum tuberosum GBSSI gene: a target for assessing gene and base editing in tetraploid potato 2019. doi:10.1007/s00299-019-02426-w. Kusano H, Ohnuma M, Mutsuro-Aoki H, Asahi T, Ichinosawa D, Onodera H, et al. Establishment of a modified CRISPR/Cas9 system with increased mutagenesis frequency using the translational enhancer dMac3 and multiple guide RNAs in potato. Sci Rep-Uk. 2018;8.	
Löwenzahn	CRISPR/Cas9	Wachstumseigenschaften	Höhere Biomasse der Wurzeln, Pfahlwurzeln, erhöhter Kautschuk- und Inulingehalt	Wieghaus A, Prufer D, Gronover CS. Loss of function mutation of the Rapid Alkalinization Factor (RALF1)-like peptide in the dandelion Taraxacum koksaghyz entails a high-biomass taproot phenotype. Plos One. 2019;14	JKI
Rutenhirse	CRISPR/Cas9 SDN1	Produktqualität	Reduktion von Lignin	Park J-J, Yoo CG, Flanagan A, Pu Y, Debnath S, Ge Y, et al. Defined tetra-allelic gene disruption of the 4-coumarate:coenzyme A ligase 1 (Pv4CL1) gene by CRISPR/Cas9 in switchgrass results in lignin reduction and improved sugar release. Biotechnol Biofuels. 2017;10:284. doi:10.1186/s13068-017-0972-0.	JKI, Modrzejewski et al. 2019
Tabak	CRISPR/Cas9 SDN1	Produktqualität	Reduzierter Nikotingehalt	Schachtsiek J, Stehle F. Nicotine-free, Non-transgenic Tobacco (Nicotianatabacum l.) Edited by CRISPR-Cas9. 1467-7644 2019. doi:10.1111/pbi.13193	JKI
Tabak	Meganucleases SDN1	Produktqualität	Reduzierter Nikotingehalt	United States Department of Agriculture (USDA). 2011. https://www.aphis.usda.gov/biotechnology/downl oads/reg_loi/17-126-01_air_inquiry.pdf.	Modrzejewski et al. 2019

Pflanzenart	Technik	Merkmalskategorie	Merkmal	Literaturquelle	Zuordnung des Anwendungsstatus durch:
Zuckerrohr	TALENs SDN1	Produktqualität	Erhöhte Bioethanolausbeute	Jung JH, Altpeter F. TALEN mediated targeted mutagenesis of the caffeic acid Omethyltransferase in highly polyploid sugarcane improves cell wall composition for production of bioethanol. Plant Mol Biol. 2016;92:131–42. doi:10.1007/s11103-016- 0499-y. Kannan B, Jung JH, Moxley GW, Lee S-M, Altpeter F. TALEN-mediated targeted mutagenesis of more than 100 COMT copies/alleles in highly polyploid sugarcane improves saccharification efficiency without compromising biomass yield. Plant Biotechnol J. 2018;16:856–66. doi:10.1111/pbi.12833.	JKI, Modrzejewski et al. 2019, Eckerstorfer et al. 2019

Tabelle A6: Übersicht über Modifikationen abiotischer Stresstoleranz.

Pflanzenart	Technik	Merkmalskategorie	Merkmal	Literaturquelle	Zuordnung des Anwendungsstatus durch:
Kartoffel	CRISPR/Cas9 SDN1	Salztoleranz	Salztoleranz	Makhotenko AV, Khromov AV, Snigir EA, Makarova SS, Makarov VV, Suprunova TP, et al. Functional Analysis of Coilin in Virus Resistance and Stress Tolerance of Potato Solanum tuberosum using CRISPR-Cas9 Editing. Dokl Biochem Biophys. 2019;484:88–91. doi:10.1134/S1607672919010241	JKI
Mais	CRISPR/Cas9 SDN1	Trockentoleranz	Trockentoleranz	Njuguna E, Coussens G, Aesaert S, Neyt P, Anami S, van Lijsebettens M. Modulation of energy homeostasis in maize and Arabidopsis to develop lines tolerant to drought, genotoxic and oxidative stresses. AF 2018. doi:10.21825/af.v30i2.8080.	JKI, Modrzejewski et al. 2019
Mais	CRISPR/Cas9 SDN3	Trockentoleranz	Trockentoleranz	Chilcoat D, Liu Z-B, Sander J. Use of CRISPR/Cas9 for Crop Improvement in Maize and Soybean. Prog Mol Biol Transl Sci. 2017;149:27–46. doi:10.1016/bs.pmbts.2017.04.005 Shi J, Gao H, Wang H, Lafitte HR, Archibald RL, Yang M, et al. ARGOS8 variants generated by CRISPR-Cas9 improve maize grain yield under field drought stress conditions. Plant Biotechnol J. 2017;15:207–16. doi:10.1111/pbi.12603	JKI, Es et al. 2019, Misrah et al. 2018, Eckerstorfer et al. 2019

Pflanzenart	Technik	Merkmalskategorie	Merkmal	Literaturquelle	Zuordnung des Anwendungsstatus durch:
Reis	CRISPR/Cas9 SDN1	Salztoleranz	Salztoleranz	Duan Y-B, Li J, Qin R-Y, Xu R-F, Li H, Yang Y-C, et al. Identification of a regulatory element responsible for salt induction of rice OsRAV2 through ex situ and in situ promoter analysis. Plant Mol Biol. 2016;90:49–62. doi:10.1007/s11103-015-0393-z. Zhang AN, Liu Y, Wang FM, Li TF, Chen ZH, Kong DY, et al. Enhanced rice salinity tolerance via CRISPR/Cas9-targeted mutagenesis of the OsRR22 gene. Mol Breeding. 2019;39.	JKI, Modrzejewski et al. 2019, Eckerstorfer et al. 2019
Sojabohne	CRISPR/Cas9 SDN1	Trocken- und Salztoleranz	Trocken- und Salztoleranz	United States Department of Agriculture (USDA). 2017. https://www.aphis.usda.gov/biotechnology/downloads/reg_loi/17-219-01_air_inquiry.pdf. Accessed 25 Aug 2018.	In USA nicht reguliert JKI, Modrzejewski et al. 2019
Weizen	CRISPR/Cas9 SDN1	Trockentoleranz	Trockentoleranz	Kim D, Alptekin B, Budak H. CRISPR/Cas9 genome editing in wheat. Funct Integr Genomics. 2018;18:31–41. doi:10.1007/s10142-017-0572-x.	JKI, Modrzejewski et al. 2019

Tabelle A7: Übersicht über Modifikationen von züchtungsrelevanten Merkmalen.

Pflanzenart	Technik	Merkmalskategorie	Merkmal	Literaturquelle	Zuordnung des Anwendungsstatus durch:
Gerste	CRISPR/Cas9	Keimungsverhalten	Erhöhung der Dormanz	Lawrenson T, Shorinola O, Stacey N, Li C, ØstergaardL, Patron N, Uauy C, Harwood W (2015) Induction of targeted, heritable mutations in barley and Brassica oleracea using RNA-guided Cas9 nuclease. Genome Biol 1–13	Misrah et al. 2018
Kartoffel	CRISPR/Cas9 SDN1	Wachstumseigenschaften	Selbstkompatible Kartoffeln	Ye MW, Peng Z, Tang D, Yang ZM, Li DW, Xu YM, et al. Generation of selfcompatible diploid potato by knockout of S-RNase. Nat Plants. 2018;4:651–4. doi:10.1038/s41477-018-0218-6. Enciso-Rodriguez F, Manrique-Carpintero NC, Nadakuduti SS, Buell CR, Zarka D, Douches D. Overcoming Self-Incompatibility in Diploid Potato Using CRISPR-Cas9. Front Plant Sci. 2019;10.	JKI

Pflanzenart	Technik	Merkmalskategorie	Merkmal	Literaturquelle	Zuordnung des Anwendungsstatus durch:
Mais	CRISPR/Cas9 SDN1	Wachstumseigenschaften	Männliche Sterilität	Xie K, Wu S, Li Z, Zhou Y, Zhang D, Dong Z, et al. Map-based cloning and characterization of Zea mays male sterility33 (ZmMs33) gene, encoding a glycerol-3-phosphate acyltransferase. Theor Appl Genet. 2018;131:1363–78. doi:10.1007/s00122-018-3083-9. Chiou WY, Kawamoto T, Himi E, Rikiishi K, Sugimoto M, Hayashi-Tsugane M, et al. LARGE GRAIN Encodes a Putative RNA-Binding Protein that Regulates Spikelet Hull Length in Rice. Plant Cell Physiol. 2019;60:503–15. doi:10.1093/pcp/pcz014 Li J, Zhang H, Si X, Tian Y, Chen K, Liu J, et al. Generation of thermosensitive male sterile maize by targeted knockout of the ZmTMS5 gene. J Genet Genomics. 2017;44:465–8. doi:10.1016/j.jgg.2017.02.002. Chen RR, Xu QL, Liu Y, Zhang JJ, Ren DT, Wang GY, Liu YJ. Generation of Transgene-Free Maize Male Sterile Lines Using the CRISPR/Cas9 System. Front Plant Sci. 2018;9.	JKI, Modrzejewski et al. 2019, Eckerstorfer et al. 2019
Mais	TALENs SDN1	Wachstumseigenschaften	Haploideninduktion	Kelliher T, Starr D, Richbourg L, Chintamanani S, Delzer B, Nuccio ML, et al. MATRILINEAL, a sperm-specific phospholipase, triggers maize haploid induction. Nature. 2017;542:105–9. doi:10.1038/nature20827	JKI, Modrzejewski et al. 2019, Eckerstorfer et al. 2019
Mais	CRISPR/Cas9 SDN1	Wachstumseigenschaften	Haploideninduktion	Kelliher T, Starr D, Su XJ, Tang GZ, Chen ZY, Carter J, et al. One-step genome editing of elite crop germplasm during haploid induction. Nat Biotechnol. 2019;37:287-+.doi:10.1038/s41587-019-0038-x. Wang BB, Zhu L, Zhao BB, Zhao YP, Xie YR, Zheng ZG, et al. Development of a Haploid-Inducer Mediated Genome Editing System for Accelerating Maize Breeding. Mol Plant. 2019;12:597–602. doi:10.1016/j.molp.2019.03.006 Zhong Y, Liu C, Qi X, Jiao Y, Wang D, Wang Y, et al. Mutation of ZmDMP enhances haploid induction in maize 2019. doi:10.1038/s41477-019-0443-7.	JKI

Pflanzenart	Technik	Merkmalskategorie	Merkmal	Literaturquelle	Zuordnung des Anwendungsstatus durch:
Reis	CRISPR/Cas9 SDN1	Wachstumseigenschaften	Männliche Sterilität	Lee S-K, Eom J-S, Hwang S-K, Shin D, An G, Okita TW, Jeon J-S. Plastidic phosphoglucomutase and ADP-glucose pyrophosphorylase mutants impair starch synthesis in rice pollen grains and cause male sterility. J Exp Bot. 2016;67:5557–69. doi:10.1093/jxb/erw324. Li Q, Zhang D, Chen M, Liang W, Wei J, Qi Y, Yuan Z. Development of japonica Photo-Sensitive Genic Male Sterile Rice Lines by Editing Carbon Starved Anther Using CRISPR/Cas9. J Genet Genomics. 2016;43:415–9. doi:10.1016/j.jgg.2016.04.011 Shi QS, Wang KQ, Li YL, Zhou L, Xiong SX, Han Y, et al. OsPKS1 is required for sexine layer formation, which shows functional conservation between rice and Arabidopsis. 0168-9452. 2018;277:145–54. doi:10.1016/j.plantsci.2018.08.009. Xie Y, Niu B, Long Y, Li G, Tang J, Zhang Y, et al. Suppression or knockout of SaF/SaM overcomes the Sa-mediated hybrid male sterility in rice. J Integr Plant Biol. 2017;59:669–79. doi:10.1111/jipb.12564 Zhou H, He M, Li J, Chen L, Huang Z, Zheng S, et al. Development of Commercial Thermo-sensitive Genic Male Sterile Rice Accelerates Hybrid Rice Breeding Using the CRISPR/Cas9-mediated TMS5 Editing System. Sci Rep. 2016;6:1–12. doi:10.1038/srep37395 Zou T, He Z, Qu L, Liu M, Zeng J, Liang Y, et al. Knockout of OsACOS12 caused male sterility in rice. Mol Breeding. 2017;37:437. doi:10.1007/s11032-017-0722-9. Zou T, Xiao Q, Li W, Luo T, Yuan G, He Z, et al. OsLAP6/OsPKS1, an orthologue of Arabidopsis PKSA/LAP6, is critical for proper pollen exine formation. Rice (N Y). 2017;10:615. doi:10.1186/s12284-017-0191-0. Barman HN, Sheng ZH, Fiaz S, Zhong M, Wu YW, Cai YC, et al. Generation of a new thermo-sensitive genic male sterile rice line by targeted mutagenesis of TMS5 genethrough CRISPR/Cas9 system. Bmc Plant Biol. 2019;19	JKI, Misrah et al. 2018, Modrzejewski et al. 2019, Eckerstorfer et al. 2019

Pflanzenart	Technik	Merkmalskategorie	Merkmal	Literaturquelle	Zuordnung des Anwendungsstatus durch:
				Shen L, Dong GJ, Zhang Y, Hu GC, Zhang Q, Hu GL, et al. Rapid Creation of New Photoperiod-/Thermo-Sensitive Genic Male-Sterile Rice Materials by CRISPR/Cas9 System. Rice Sci. 2019;26:129–32. doi:10.1016/j.rsci.2018.12.006	
Reis	CRISPR/Cas9 SDN1	Wachstumseigenschaften	Asexuelle Reproduktion	Khanday I, Skinner D, Yang B, Mercier R, Sundaresan V. A male-expressed rice embryogenic trigger redirected for asexual propagation through seeds. Nature. 2019;565:91-+. doi:10.1038/s41586-018-0785-8.	JKI
Weizen	CRISPR/Cas9 SDN1	Wachstumseigenschaften	Männliche Sterilität	Singh M, Kumar M, Albertsen MC, Young JK, Cigan AM. Concurrent modifications in the three homeologs of Ms45 gene with CRISPR-Cas9 lead to rapid generation of male sterile bread wheat (Triticum aestivum L.). Plant Mol Biol. 2018;97:371–83. doi:10.1007/s11103-018-0749-2 Okada A, Arndell T, Borisjuk N, Sharma N, Watson-Haigh NS, Tucker EJ, et al. CRISPR/Cas9-mediated knockout of Ms1 enables the rapid generation of male-sterile hexaploid wheat lines for use in hybrid seed production 2019. doi:10.1111/pbi.13106.	JKI

Tabelle A8: Übersicht über Modifikationen verschiedener anderer Merkmale.

Pflanzenart	Technik	Merkmalskategorie	Merkmal	Literaturquelle	Zuordnung des Anwendungsstatus durch:
Kohl	CRISPR/Cas9 SDN1	Wachstumseigenschaften	Selbstkompatibilität, männliche Sterilität	Ma CF, Zhu CZ, Zheng M, Liu MC, Zhang DJ, Liu BL, et al. CRISPR/Cas9-mediated multiple gene editing in Brassica oleracea var. capitata using the endogenous tRNA-processing system. Hortic Res-England. 2019;6.	JKI
Mais	ZFN SDN3	Produktqualität, Herbizidtoleranz	Reduzierte Phytatproduktion, Herbizidresistenz	United States Department of Agriculture (USDA). 2010. https://www.aphis.usda.gov/biotechnology/downloads/reg_loi/DOW_Email_%20to_Susan_%20Kohler_032010.pdf..	In USA nicht reguliert JKI, Modrzejewski et al. 2019, Eckerstorfer et al. 2019

Pflanzenart	Technik	Merkmalskategorie	Merkmal	Literaturquelle	Zuordnung des Anwendungsstatus durch:
				Shukla VK, Doyon Y, Miller JC, DeKelver RC, Moehle EA, Worden SE, et al. Precise genome modification in the crop species Zea mays using zinc-finger nucleases. Nature. 2009;459:437–41. doi:10.1038/nature07992	
Physalis	CRISPR/Cas9 SDN1	Wachstumseigenschaften, Ertragssteigerung	Kompakteres Wachstum, erhöhte Blütenproduktion, größere Früchte	Lemmon ZH, Reem NT, Dalrymple J, Soyk S, Swartwood KE, Rodriguez-Leal D, et al. Rapid improvement of domestication traits in an orphan crop by genome editing. Nat Plants. 2018;4:766–70. doi:10.1038/s41477-018-0259-x.	JKI
Reis	CRISPR/Cas9	Wachstumseigenschaften	Heterozygotie, Pflanzen, die sich klonal über Samen fortpflanzen	Wang C, Liu Q, Shen Y, Hua YF, Wang JJ, Lin JR, et al. Clonal seeds from hybrid rice by simultaneous genome engineering of meiosis and fertilization genes. Nat Biotechnol. 2019;37:283-+. doi:10.1038/s41587-018-0003-0.	JKI
Wilde Tomate	CRISPR/Cas9 SDN1	Wachstumseigenschaften, Ertragssteigerung, Produktqualität	Tageslängensensibilität, Sprossarchitektur, Blüten- und Fruchtproduktion, höheres Vitamin-C-Level	Li TD, Yang XP, Yu Y, Si XM, Zhai XW, Zhang HW, et al. Domestication of wild tomato is accelerated by genome editing. Nat Biotechnol. 2018;36:1160-+. doi:10.1038/nbt.4273	JKI
Wilde Tomate	CRISPR/Cas9 SDN1	Wachstumseigenschaften, Ertragssteigerung, Produktqualität	Veränderte Fruchtform, kompaktere Pflanzen, mehr Früchte, größere Früchte, Erhöhung gesundheitsfördernder Inhaltsstoffe (erhöhter Lycopingehalt)	Zsögön A, Czermák T, Naves ER, Notini MM, Edel KH, Weinl S, et al. De novo domestication of wild tomato using genome editing 2018. doi:10.1038/nbt.4272.	JKI, Eckerstorfer et al. 2019

Tabelle A9: Übersicht über Modifikationen bei Zierpflanzen.

Pflanzenart	Technik	Merkmalskategorie	Merkmal	Literaturquelle	Anmerkung (bzgl. Anwendungs- bzw. Forschungsstatus)
Blaue Prunkwinde (*Ipomoea nil*)	CRISPR/Cas9 SDN1	Wachstumseigenschaften	Veränderte Blütenfarbe, (Anthocyanin biosynthesis and white flowers) (Altered petal color)	Watanabe K, Kobayashi A, Endo M, Sage-Ono K, Toki S, Ono M. CRISPR/Cas9- mediated mutagenesis of the dihydroflavonol-4-reductase-B (DFR-B) locus in the Japanese morning glory Ipomoea (Pharbitis) nil. Sci Rep. 2017;7:10028. doi:10.1038/s41598-017-10715-1. Watanabe K, Oda-Yamamizo C, Sage-Ono K, Ohmiya A, Ono M. Alteration of flower colour in Ipomoea nil through CRISPR/Cas9-mediated mutagenesis of carotenoid cleavage dioxygenase 4. Transgenic Res. 2017;27:25–38. doi:10.1007/s11248-017-0051- 0.	JKI, Ahn et al. 2020
Blaue Prunkwinde (*Ipomoea nil*)	CRISPR/Cas9 SDN1	Wachstumseigenschaften	Veränderte Blütenfarbe	Shibuya K, Watanabe K, Ono M. CRISPR/Cas9-mediated mutagenesis of the EPHEMERAL1 locus that regulates petal senescence in Japanese morning glory. Plant Physiol Biochem 2018. doi:10.1016/j.plaphy.2018.04.036	JKI, Ahn et al. 2020
Orchidee (*Dendrobium officinale*)	CRISPR/Cas9 SDN1	Produktqualität	Reduktion von Lignozellulose (Verholzung)	Kui L, Chen H, Zhang W, He S, Xiong Z, Zhang Y, et al. Building a Genetic Manipulation Tool Box for Orchid Biology: Identification of Constitutive Promoters and Application of CRISPR/Cas9 in the Orchid, Dendrobium officinale. Front Plant Sci. 2016;7:2036. doi:10.3389/fpls.2016.02036	JKI

Pflanzenart	Technik	Merkmalskategorie	Merkmal	Literaturquelle	Anmerkung (bzgl. Anwendungs- bzw. Forschungsstatus)
Orchidee (*Dendrobium officinale*)	CRISPR/Cas	Ligningehalt	Lignozellulose-biosynthese	Chao, Y.T.; Chen, W.C.; Chen, C.Y.; Ho, H.Y.; Yeh, C.H.; Kuo, Y.T.; Su, C.L.; Yen, S.H.; Hsueh, H.Y.; Yeh, J.H.; et al. Chromosome-level assembly, genetic and physical mapping of Phalaenopsis aphrodite genome provides new insights into species adaptation and resources for orchid breeding. Plant Biotechnol. J. 2018, 16, 2027–2041.	Ahn et al. 2020
Petunie (*Petunia hybrida*)	CRISPR/Cas9 SDN1	Wachstumseigenschaften	Längere Blühdauer der einzelnen Blüten, Blütenblattseneszenz	Xu J, Kang BC, Naing AH, Bae SJ, Kim JS, Kim H, Kim CK. CRISPR/Cas9-mediated editing of 1-aminocyclopropane-1 carboxylate oxidase1 (ACO1) enhances Petunia flower longevity. 1467-7644 2019. doi:10.1111/pbi.13197	JKI, Ahn et al. 2020
Orchidee (*Phalaenopsis equestris*)	CRISPR/Cas	Blütenentwicklung	Blütenbildung und -entwicklung	Tong, C.G.; Wu, F.H.; Yuan, Y.H.; Chen, Y.R.; Lin, C.S. High-efficiency CRISPR/Cas-based editing of Phalaenopsis orchid MADS genes. Plant Biotechnol. J. 2020, 18, 889–891.	Ahn et al. 2020
Lilie (*Lilium longiflorum, Lilium Pumilum*)	CRISPR/Cas	Albino	Albino Phänotyp	Yan, R.; Wang, Z.; Ren, Y.; Li, H.; Liu, N.; Sun, H. Establishment of efficient genetic transformation systems and application of CRISPR/Cas9 genome editing technology in Lilium pumilum DC. Fisch. and Lilium longiflorum White Heaven. Int. J. Mol. Sci. 2019, 20, 2920.	Ahn et al. 2020
Petunia (*Petunia hybrida*)	CRISPR/Cas		Defiziente Stickstoffassimilation	Subburaj, S.; Chung, S.J.; Lee, C.; Ryu, S.M.; Kim, D.H.; Kim, J.S.; Bae, S.; Lee, G.J. Site-directed mutagenesis in Petunia × Hybrida protoplast system using direct delivery of purified recombinant Cas9 ribonucleoproteins. Plant Cell Rep. 2016, 35, 1535–1544.	Ahn et al. 2020

Pflanzenart	Technik	Merkmalskategorie	Merkmal	Literaturquelle	Anmerkung (bzgl. Anwendungs- bzw. Forschungsstatus)
Petunia (*Petunia hybrida*)	CRISPR/Cas	Albino	Albino Phänotyp	Zhang, Y.; Liang, Z.; Zong, Y.; Wang, Y.; Liu, J.; Chen, K.; Qiu, J.L.; Gao, C. Efficient and transgene-free genome editing in wheat through transient expression of CRISPR/Cas9 DNA or RNA. Sci. Rep. 2016, 7, 12617.	Ahn et al. 2020
Petunia (*Petunia hybrida*)	CRISPR/Cas		Selbstinkompatibilität	Sun, L.; Kao, T.H. CRISPR/Cas9-mediated knock-out of PiSSK1 reveals essential role of S-locus F-box protein-containing SCF complexes in recognition of non-self S-RNases during cross-compatible pollination in self-incompatible Petunia inflata. Plant Reprod. 2018, 31, 129–143.	Ahn et al. 2020

Annex 2

Die nachstehende Tabelle stellt die Informationen zu den gefundenen Patentschriften dar: Angeführt sind die Art der CRISPR-Anwendung, der Titel und die Anmelder der gelisteten Patentschriften, die Nationalität des Anmelders, die jeweiligen Erfinder:innen sowie das erstes Prioritätsdatum der Patentfamilie sowie die Prioritätsanmeldungen, Publikationsnummern und das Publikationsdatum der untersuchten Patentschrift. Wo verfügbar wurde in der Regel das jeweilige WIPO (WO) bzw. EP-Dokument (EP) benutzt. B-Schriften sind mit (B) gekennzeichnet. Wenn keine nationalen Anmeldungen für die weltweite Geltung gemacht wurden, ist das mit der Anmerkung: „not worldwide" kenntlich gemacht. Angegeben ist auch die in den Beispielen verwendete Pflanzenart sowie ob Sequenzinformationen zur genetischen Veränderung im Patent zu finden sind und wenn ja, welche.

Patente, die technische Weiterentwicklungen betreffen, sind dunkelblau unterlegt, mit hellblau sind spezielle Entwicklungsprojekte gekennzeichnet. Gelb-hinterlegte Anwendungen betreffen in-vitro-Anwendungen, Zuchtarbeiten sind in rosa dargestellt, die CRISPR-Verfahren zwar als Möglichkeit erwähnen, aber nicht beschreiben.

Tabelle A10: Ergebnisse der Patentrecherche.

Art der Anwendung	Titel	Anmelder	Nationalität Anmelder	Erfinder:in	Prioritäts-datum	Prioritäts-anmeldungen	Publikations-nummern	Publikations-datum	Pflanzen-art	Sequenzin-formation
Technical improve-ments	Targeted genome optimization in plants	BAYER CROP-SCIENCE	BELGIUM	D'HALLUIN Katelijn	2016-09-23	2016EP-0190292	WO2018054911 UY37414	29.03.2018	Model plant Rice	
Plant breeding (me-tabolic changes)	Cannabis plants having modified expression of ALS synthase	TWEED	CANADA	BOUDKO Ekaterina Al-exandra SHIPLEY Thomas, IV JOHNSON Douglas	2015-05-28	2015US-62167462 2016WO-IB00814	CA2986666 WO2016189384 AU2016269328 IL255900 IN201717041927 KR20180021718 CN107846861 BR112017025388 EP3302033	01.12.2016	Hemp	

Art der Anwendung	Titel	Anmelder	Nationalität Anmelder	Erfinder:in	Prioritäts-datum	Prioritäts-anmeldungen	Publikations-nummern	Publikations-datum	Pflanzen-art	Sequenzin-formation
Plant breeding (rice, fertility)	Breeding method for prolongation of rice fertility stage	ANHUI ACADEMY AGRICULTURAL SCIENCES	CHINA	QIN RUIYING YANG JIANBO WEI PENGCHENG LI LI MA HUI LI HAO YANG YACHUN NI JINLONG NI DAHU SONG FENGSHUN LU XUZHONG	2014-05-16	2014CN-0209121	CN104004782	08.06.2016 B	Rice	
Plant breeding (rice, haploid breeding)	Breeding method for preparing closed glume pollination rice material	ANHUI ACADEMY AGRICULTURAL SCIENCES	CHINA	NI DAHU YANG JIANBO WEI PENGCHENG MA HUI LI HAO LI LI NI JINLONG LU XUZHONG SONG FENGSHUN YANG YACHUN	2014-05-16	2014CN-0209551	CN103981211 not worldwide	06.07.2016 B	Rice	
Plant breeding (rice, metabolic changes)	Breeding method capable of changing glume color of rice varieties with yellow glume to brownness	ANHUI ACADEMY AGRICULTURAL SCIENCES	CHINA	WEI PENGCHENG YANG JIANBO LI LI SONG FENGSHUN MA HUI NI JINLONG QIN RUIYING LI HAO LU XUZHONG YANG YACHUN	2014-05-16	2014CN-0210447	CN103981212	01.06.2016 B	Rice	

Art der Anwendung	Titel	Anmelder	Nationalität Anmelder	Erfinder:in	Prioritäts-datum	Prioritäts-anmeldungen	Publikations-nummern	Publikations-datum	Pflanzen-art	Sequenzin-formation
Plant breeding (rice, metabolic changes)	Method for directionally editing chaff-color-determining gene OsCHI for creating brown-chaff rice material	ANHUI ACADEMY AGRICULTURAL SCIENCES	CHINA	YANG YACHUN YANG JIANBO WEI PENGCHENG LI HAO NI DAHU NI JINLONG SONG FENGSHUN LU XUZHONG LI LI MA HUI	2014-05-16	2014CN-0209304	CN104017821	06.07.2016 B	Rice	
Technical improvements	Backbone plasmid vector and application thereof	ANHUI ACADEMY AGRICULTURAL SCIENCES	CHINA	WEI PENGCHENG YANG JIANBO QIN RUIYING LI LI LI HAO MA HUI LU XUZHONG YANG YACHUN NI DAHU NI JINLONG SONG FENGSHUN	2014-05-23	2014CN-0225914	CN103981216	22.06.2016 B	Rice, wheat, corn, barley, Chinese sorghum or oat etc., is preferably paddy rice	
Technical improvements (rice)	Backbone plasmid carrier for genetic engineering and application thereof	ANHUI ACADEMY AGRICULTURAL SCIENCES	CHINA	QIN RUIYING YANG JIANBO LI LI WEI PENGCHENG LI HAO YANG YACHUN NI DAHU NI JINLONG SONG FENGSHUN LU XUZHONG MA HUI	2014-05-23	2014CN-0225911	CN103981215	29.06.2016	Rice	

Art der Anwendung	Titel	Anmelder	Nationalität Anmelder	Erfinder:in	Prioritäts-datum	Prioritäts-anmeldungen	Publikations-nummern	Publikations-datum	Pflanzen-art	Sequenzin-formation
Technical improvements (rice)	Method for deleting selection marker gene of transgenic rice	ANHUI ACADEMY AGRICULTURAL SCIENCES	CHINA	LI JUAN YANG JIANBO QIU CHUNHONG WEI PENGCHENG MA HUI LI LI YANG YACHUN LI HAO QIN RUIYING	2015-05-18	2015CN-0253826	CN104846010	06.07.2018 B	Rice	
Plant breeding (stress tolerance)	Rice cadmium-tolerant gene OsGSTU37 and application thereof	ANHUI ACADEMY AGRICULTURAL SCIENCES	CHINA	QIN RUIYING YANG JIANBO LI LI YANG YACHUN WEI PENGCHENG LI HAO LI JUAN XU RONGFANG	2016-04-19	2016CN-0249072	CN105755021	13.07.2016	Rice	
Technical improvements	Codon vegetalization-transformed LbCpf1 gene and application thereof	ANHUI ACADEMY AGRICULTURAL SCIENCES	CHINA	LI HAO YANG JIANBO WEI PENGCHENG YANG YACHUN XU RONGFANG LI JUAN LI LI	2016-11-08	2016CN-0979713	CN106591335	26.04.2017	Rice	
Technical improvements (rice, Cpf1 nuclease)	Backbone plasmid vector used for genetic engineering and application thereof	ANHUI ACADEMY AGRICULTURAL SCIENCES	CHINA	QIN RUIYING YANG JIANBO XU RONGFANG YANG YACHUN LI JUAN LI HAO LI LI	2016-11-08	2016CN-0997402	CN106755059	18.02.2020 B	Rice	
Plant breeding (rice, plant crossing)	Method for improving and utilizing key genes of wild rice	ANHUI ACADEMY AGRICULTURAL SCIENCES	CHINA	YANG JIANBO LI HAO WEI PENGCHENG LI LI YANG YACHUN LI JUAN QIN RUIYING XU RONGFANG NI DAHU	2016-12-20	2016CN-1181610	CN106701820	24.05.2017	Rice	

Art der Anwendung	Titel	Anmelder	Nationalität Anmelder	Erfinder:in	Prioritäts-datum	Prioritäts-anmeldungen	Publikations-nummern	Publikations-datum	Pflanzen-art	Sequenzin-formation
Technical improvements	Method for improving genome editing efficiency	BEIJING DBN TECHNOLOGY	CHINA	YANG JINXIAO XU WEN ZHANG CHENGWEI	2016-12-27	2016CN-1223218	CN106755075	31.05.2017	Model plant Arabidopsis	
Technical improvements	Method for improving genome editing efficiency	BEIJING DBN TECHNOLOGY	CHINA	YANG JINXIAO XU WEN ZHANG CHENGWEI	2016-12-27	2016CN-1223253	CN106701817	24.05.2017	(Rice)	
Technical improvements	Method for improving genome edition efficiency	BEIJING DBN TECHNOLOGY	CHINA	YANG JINXIAO XU WEN ZHANG CHENGWEI	2016-12-27	2016CN-1223315	CN106676129	17.05.2017	(Rice)	
Plant breeding (cotton, stature/architecture)	sgRNA for promoting development of cotton lateral root and application thereof	BIOTECHNOLOGY RESEARCH INSTITUTE - CHINESE ACADEMY OF AGRICULTURAL SCIENCES	CHINA	ZHANG RUI MENG ZHIGANG GUO SANDUI WANG YANLING LIANG CHENGZHEN ZHU TAO WANG YUAN	2017-04-24	2017CN-0269809	CN107043775	16.06.2020 B	Cotton	
Plant breeding (tomato, virus resistance)	Method for culturing Lycopersicon esculentum Mill. capable of resisting TYLCV virus, carrier and applications of carrier	CHENGDU YINONG AGRICULT. TECHNOL. SAAS BIOTECH & NUCLEAR TECHNOL. RESEARCH INSTITUTE	CHINA	CHEN KEGUI PENG MEIFANG GAO YONGFENG FAN XIAOLI NA SHUNGUI	2016-06-29	2016CN-0514184	CN106119278	21.02.2020 B	Tomato	
Technical improvements	Gene site-directed mutation vector as well as construction method and application thereof	CHINA AGRICULT. UNIVERSITY	CHINA	JIANG LINJIAN CHEN QIJUN NI HANWEN XU YONG CHEN YIYU WANG ZHIPING	2016-12-30	2016CN-1255076	CN106834341	16.06.2020 B		

Art der Anwendung	Titel	Anmelder	Nationalität Anmelder	Erfinder:in	Prioritätsdatum	Prioritätsanmeldungen	Publikationsnummern	Publikationsdatum	Pflanzenart	Sequenzinformation
Plant breeding (maize, haploid breeding)	Maize female haploid major inducible gene and application thereof (Haploid breeding)	CHINA AGRICULT. UNIVERSITY	CHINA	CHEN SHAOJIANG LIU CHENXU DONG XIN XU XIAOWEI LI LIANG ZHONG YU CHEN CHEN	2017-01-13	2017CN-0024320	CN106701803	08.03.2019 B	Maize	Yes
Plant breeding (maize, haploid production)	Method for inducing and producing corn female parent haploid	CHINA AGRICULTURAL UNIVERSITY	CHINA	CHEN SHAOJIANG LIU CHENXU ZHONG YU CHEN CHEN	2017-01-13	2017CN-0028339	CN108192912	07.05.2019 B	Maize	Yes
Plant breeding (maize haploid breeding)	Maize female parent haploid major effect inducing gene and application	CHINA AGRICULT. UNIVERSITY	CHINA	CHEN SHAOJIANG LIU CHENXU DONG XIN XU XIAOWEI LI LIANG ZHONG YU CHEN CHEN	2017-01-13	2017WO-CN71079	WO2018129704	19.07.2018	Maize	Yes
Plant breeding (maize, metabolic changes)	Cloning and application of maize kernel carotenoid defect gene SCD	CHINA AGRICULT. UNIVERSITY	CHINA	YANG XIAOHONG ZHANG LILI LI JIANSHENG ZHANG YIRONG	2017-08-23	2017CN-0728636	CN107418971	01.12.2017	Maize	Yes
Technical improvements (knockout)	Establishment and application of plant multi-gene knockout vector	CHINA NATIONAL RICE RESEARCH INSTITUTE	CHINA	WANG KEJIAN WANG CHUN SHEN LAN FU YAPING YAN CHANGJIE	2015-08-09	2015CN-0485573	CN105112435	27.11.2018 B	Rice	
Technical improvements (CAS9 variant)	Plant Cas9 variant protein VQR as well as encoding gene and application thereof	CHINA NATIONAL RICE RESEARCH INSTITUTE	CHINA	WANG KEJIAN HU XIXUN WANG CHUN FU YAPING LIU QING JIAO XIAOZHEN	2016-03-01	2016CN-0113183	CN105543195 not worldwide	04.05.2016	Model plant Rice	

Art der Anwendung	Titel	Anmelder	Nationalität Anmelder	Erfinder:in	Prioritäts-datum	Prioritäts-anmeldungen	Publikations-nummern	Publikations-datum	Pflanzen-art	Sequenzin-formation
Technical improvements (CAS9 variant)	Plant Cas9 variant protein VRER as well as encoding gene and application thereof (Waxy phenotype rice)	CHINA NATIONAL RICE RESEARCH INSTITUTE	CHINA	WANG KEJIAN HU XIXUN WANG CHUN FU YAPING LIU QING JIAO XIAOZHEN	2016-03-01	2016CN-0115904	CN105543196	04.05.2016	Model plant Rice	
Plant breeding (rice, stress tolerance)	Paddy citrate lyase gene ACL1, encoded protein and application thereof	CHINA NATIONAL RICE RESEARCH INSTITUTE	CHINA	GAO ZHENYU QIAN QIAN RUAN BANPU REN DEYONG GUO LONGBIAO HU JIANG ZHANG GUANGHENG ZENG DALI	2017-08-16	2017CN-0699520	CN107384947 not worldwide	24.11.2017	Rice	Yes
Plant breeding (rice, flowering time)	Application of OsCOL15 gene in regulation of heading stage of paddy rice	CHINA NATIONAL RICE RESEARCH INSTITUTE	CHINA	CAO LIYONG WU WEIXUN CHENG SHIHUA ZHANG YINGXIN ZHAN XIAODENG SHEN XIHONG YU PING CHEN DAIBO LIU QUN'EN	2017-09-15	2017CN-0837761	CN107400672	21.08.2020 B	Rice	Yes
Technical improvements (maize)	Method for site-directed mutation of maize gene by means of CRISPR/Cas9 system	CHINA NATIONAL SEED	CHINA	HU YANLIN YANG QIAO WANG WENSHU XU JIETING TANG TONG HUANG LEI KUANG LE ZUO DAN TANG YI ZHOU QIAN ZHOU ZHENGJIAN LIU TAO ZHANG WANGGEN MA CHONGLIE CHENG XIONGYING	2016-02-02	2016CN-0074115	CN107022562	08.08.2017	Maize	

Art der Anwendung	Titel	Anmelder	Nationalität Anmelder	Erfinder:in	Prioritäts-datum	Prioritäts-anmeldungen	Publikations-nummern	Publikations-datum	Pflanzen-art	Sequenzin-formation
Plant breeding (maize, male steril-ity)	Artificially-created male sterile line for maize and high-efficient transfer breeding method	CHINESE ACADEMY OF AGRICULTURAL SCIENCES	CHINA	XIE CHUANXIAO ZHANG CONGXING LIU CHANGLIN HUANG CHANGLING LIU FANG QI XIANTAO WANG XIPING	2017-04-07	2017CN-0223233	CN106929532	24.09.2019 B	Maize	Yes
Technical improve-ments (carnation)	Cas9 mediated carnation gene ed-iting carrier and application	FLOWER RESEARCH INSTITUTE OF YUNNAN ACAD OF AGRICULTURAL SCIENCES	CHINA	ZHOU XUHONG ZHU JIANKANG SU YAN WANG JIHUA LI SHUYING TIAN MIN ZHAO DANDAN	2016-05-18	2016CN-0333623	CN105838733 not worldwide	10.08.2016	Model plant Carnation (Dianthus carryophyl-lus)	
Plant breeding (rice, stature/ architec-ture)	Method for fixed point knockout of second exon of rice OsPDCD5 gene by using CRISPR/Cas9 sys-tem	FUDAN UNIVERSITY	CHINA	LUO XIAOJIN DONG XIANXIN YANG JINSHUI SUN FAN JIANG LING	2016-01-05	2016CN-0004499	CN106939316	11.08.2020 B	Rice	Yes
Plant breeding (rice, kernel weight)	Application of gene OsARF4 in controlling grain length and thou-sand grain weight of rice	FUDAN UNIVERSITY	CHINA	LIU JIANXIANG LU SUNJIE	2016-06-16	2016CN-0430815	CN105950633	03.05.2019 B	Rice	Yes
Technical improve-ments	Construction method of homol-ogous repair vec-tor based on CRISPR/Cas9 sys-tem	GUANGDONG UNIVERSITY OF PETROCHEMIC AL TECHNOL.	CHINA	OUYANG LEJUN LI LIMEI XU XIRONG LIU YALI LIU JINGJU LIANG YUHUA	2017-10-20	2017CN-0981059	CN107937427	20.04.2018	Model plant Arabidopsis	

Art der Anwendung	Titel	Anmelder	Nationalität Anmelder	Erfinder:in	Prioritäts-datum	Prioritäts-anmeldungen	Publikations-nummern	Publikations-datum	Pflanzen-art	Sequenzin-formation
Plant breeding (rice, yield)	Method for preparing rice mutant OsPIL15 based on CRISPR/Cas9 technology and application	HENAN AGRICULTURAL UNIVERSITY	CHINA	DU YANXIU JI XIN ZHAO QUANZHI YAN YUN SUN HONGZHENG ZHANG JING LI JUNZHOU PENG TING	2017-05-25	2017CN-0380845	CN107164401	15.09.2017	Rice	Yes
Plant breeding (tomato, shelf life)	Of tomato gene editing vectors and their applications Cas9 mediated (increased storage stability)	HORTI-CULTURE INSTITUTE OF XINJIANG ACADEMY OF AGRICULTURAL SCIENCE	CHINA	LI NING WANG BOKE TANG YAPING YANG SHENGBAO YANG TAO YU QINGHUI	2017-07-05	2017CN-0540810	CN107312793 not worldwide	03.11.2017	Tomato	Yes
Technical improvements (cotton)	Method for editing cotton genes	HUAZHONG AGRICULTURAL UNIVERSITY	CHINA	JIN SHUANGXIA ZHANG XIANLONG ZHANG JUN WANG PENGCHENG Xian-Long Zhang LIANG SIJIA SUN LIN	2016-12-20	2016CN-1188402	CN108203714	26.06.2018	Model plant cotton	
Plant breeding (rice, haploid breeding)	Method for site-directed mutation of rice CENH3 gene by using CRISPR/Cas9 technology	HUAZHI RICE BIO TECHNOLOGY	CHINA	SHEN QIAN LI JIMING XU RAN	2016-12-30	2016CN-1265178	CN106755077	31.05.2017	Rice	Yes
Plant breeding (fragant rice. metabolic changes)	Paddy rice BADH2 gene site-directed mutagenesis method through using CRISPR/Cas9 technology	HUAZHI RICE BIO TECHNOLOGY	CHINA	SHEN QIAN LI JIMING XU RAN	2016-12-30	2016CN-1265175	CN106676130	17.05.2017	Rice	Yes

Art der Anwendung	Titel	Anmelder	Nationalität Anmelder	Erfinder:in	Prioritäts-datum	Prioritäts-anmeldungen	Publikations-nummern	Publikations-datum	Pflanzen-art	Sequenzin-formation
Technical improvements (rice)	Rice efficient conversion vector pCXUN-Cas9-sgRNA and construction method thereof	HUAZHONG AGRICULTURAL UNIVERSITY	CHINA	ZHAO YUNDE WANG RONGCHEN ZHANG TAO HE YUBING	2016-08-07	2016CN-0639854	CN107686845	13.02.2018	Model plant rice	
Plant breeding (fragant rice, metabolic changes)	Method for acquiring aromatic rice strain by targeting Badh2 gene via CRISPR/Cas9 gene editing technology	HUBEI UNIVERSITY	CHINA	JU CHAOMING DENG YAN XU GUOCHENG WU WENHUA	2015-11-28	2015CN-0856814	CN105505979 not worldwide	20.04.2016	Rice	No
Plant breeding (rice, metabolic changes)	Targeting vector and method for modifying non-glutinous rice line into glutinous line based on CRISPR/Cas9 technology	HUBEI UNIVERSITY	CHINA	JU CHAOMING WU XINGCHAO DENG YAN DU XUEZHU XU GUOCHENG	2016-06-07	2016CN-0403848	CN106119275 not worldwide	16.11.2016	Rice	Yes
Plant breeding (rice, male sterility)	Construction method and application of rice engineering maintainer line	HUNAN HYBRID RICE RESEARCH CENTER	CHINA	SONG SHUFENG LI XINQI LI LI ZHANG DABING FU XIQIN YUAN DINGYANG YUAN LONGPING	2015-05-18	2015CN-0253259	CN104846009	13.02.2018 B	Rice	No
Technical improvements	Method for realizing site-specific integration of exogenous gene of plant genome	HUNAN HYBRID RICE RESEARCH CENTER	CHINA	SONG SHUFENG LI XINQI LI LI ZHANG DABING FU XIQIN YUAN DINGYANG YUAN LONGPING	2016-07-27	2016CN-0602370	CN106244621	21.12.2016	Model plant Rice	

Art der Anwendung	Titel	Anmelder	Nationalität Anmelder	Erfinder:in	Prioritätsdatum	Prioritätsanmeldungen	Publikationsnummern	Publikationsdatum	Pflanzenart	Sequenzinformation
Plant breeding (rice, seed quality)	Method for cultivating low-cadmium-accumulation indica rice variety	HUNAN HYBRID RICE RESEARCH CENTER	CHINA	TANG LI ZHAO BINGRAN LYU QIMING SHAO YE LI YAOKUI MAO BIGANG	2016-08-25	2016CN-0725564	CN106544357	21.08.2018 B	Rice	Yes
Plant breeding (rice, fertility)	Method for cultivating rice common nuclear sterile lines	HUNAN HYBRID RICE RESEARCH CENTER	CHINA	YUAN DINGYANG DUAN MEIJUAN YU DONG SUN ZHIZHONG TAN YANNING SUN XUEWU YUAN GUANGJIE YUAN GUILONG ZHAO BINGRAN MAO BIGANG SHAO YE LI XINQI YUAN LONGPING	2017-01-09	2017CN-0014870	CN106701818	24.04.2020 B	Rice	Yes
Plant breeding (fertility)	Creation method and application of rice ordinary nuclear sterile line	HUNAN HYBRID RICE RESEARCH CENTER	CHINA	LI LI SONG SHUFENG LI YIXING WANG TIANKANG LI XINQI YUAN DINGYANG Li Jianwu	2017-06-07	2017CN-0420838	CN107245495 CN107667853	13.10.2017 23.06.2020 B	Rice	Yes
Plant breeding (rice, herbicide tolerance)	Removable system farming planting of the rice field or gu miao and weed method of shattering (HR rice)	HUNAN HYBRID RICE RESEARCH CENTER	CHINA		2017-11-20	2017CN-1157798	CN107926552	09.08.2019 B	Rice	No
Technical improvements (tea tree)	Establishment method of caffeine synthetase CRISPR/Cas9 genome editing vector	HUNAN AGRICULTURAL UNIVERSITY	CHINA	LIU SHUOQIAN TANG YUWEI TIAN NA LIU LIPING WANG RUOXIAN LIANG HENG	2016-04-22	2016CN-0254568	CN105821075 not worldwide	12.09.2017 B	Tea tree	

Art der Anwendung	Titel	Anmelder	Nationalität Anmelder	Erfinder:in	Prioritätsdatum	Prioritätsanmeldungen	Publikationsnummern	Publikationsdatum	Pflanzenart	Sequenzinformation
Plant Breeding (rice, gene flow)	Method for creating rice engineering maintainer lines preventive against gene flow and application of rice engineering maintainer lines (male sterile hybrid breeding)	HUNAN HYBRID RICE RESEARCH CENTER	CHINA	SONG SHUFENG LI XINQI LI LI ZHANG DABING FU XIQIN YUAN DINGYANG YUAN LONGPING	2015-07-16	2015CN-0417227	CN105063083	06.07.2018 B	Rice	Yes
Plant breeding (rice, seed quality)	Seed breeding method for reducing cadmium content in rice grains	HUNAN HYBRID RICE RESEARCH CENTER	CHINA	TANG LI ZHAO BINGRAN LI YAOKUI LYU QIMING SHAO YE MAO BIGANG HU YUANYI BANG YAN	2016-04-27	2016CN-0269268	CN105936907	12.12.2017 B	Rice	Yes
Plant breeding (rice, seed shattering)	Molecular improvement method for lowering rice grain seed holding	HUNAN HYBRID RICE RESEARCH CENTER	CHINA	SHENG XIABING SUN ZHIZHONG TAN YANNING YUAN DINGYANG DUAN MEIJUAN YU DONG YUAN GUANGJIE YUAN GUILONG	2016-07-22	2016CN-0587707	CN106191107	20.03.2020 B	Rice	Yes
Technical improvements	Large-scale genomic editing method suitable for a plant	Individual depositors	CHINA	QIAN YANGWEN	2017-06-19	2017CN-0466017	CN107365793	21.11.2017	Model plant rice, also soybean, tomato, corn, tobacco, wheat and sorghum	
Technical improvements (monocots)	Monocotyledon plant gene knockout vector based on CRISPR/Cas9 technology, and applications thereof	INNER MONGOLIA ZHONGKE ZHENGBIAO BIOTECHNOLOGY	CHINA	ZHANG YESHENG ZHANG RU HAO ZHIQIANG LI ZHEN	2015-04-03	2015CN-0156057	CN106167810 CN106434737	30.11.2016 22.02.2017	Model plant rice	

Art der Anwendung	Titel	Anmelder	Nationalität Anmelder	Erfinder:in	Prioritätsdatum	Prioritätsanmeldungen	Publikationsnummern	Publikationsdatum	Pflanzenart	Sequenzinformation
Plant breeding (rice, fertility / male sterility)	Method for preparing rice humidity and temperature sensitive type male sterile material and related gene	INSTITUTE OF BOTANY OF CHINESE ACADEMY OF SCIENCES	CHINA	QI XIAOQUAN ZHOU YUAN XUE ZHEYONG	2017-06-01	2017CN-0403388	CN107083397	14.04.2020 B	Rice	Yes
Technical improvements (soybean)	Construction of soybean CRISPR/Cas9 system and application of soybean CRISPR/Cas9 system in soybean gene modification	INSTITUTE OF CROP SCIENCE – CHINESE ACADEMY OF AGRICULTURAL SCIENCES	CHINA	HU ZHENG SUN XIANJUN SONG GUOHUA JIANG QIYAN ZHANG HUI	2014-12-04	2014CN-0730236	CN104450774	25.03.2015	Model plant soybean	
Plant breeding (rice, herbicide tolerance)	System for obtaining herbicide-tolerant rice by site-directed modifying ALS gene using CRISPR/Cas9 system and use thereof	INSTITUTE OF CROP SCIENCE - CHINESE ACADEMY OF AGRICULTURAL SCIENCES	CHINA	XIA LANQIN SUN YONGWEI ZHAO YUNDE MA YOUZHI WU CHUANYIN ZHANG XIN	2015-11-30	2015CN-0854747	WO2017092201 CN106811479	08.06.2017	Rice	Yes
Technical improvements (wheat)	Wheat TaAGO4a gene CRISPR/Cas9 (clustered regularly interspaced short palindromic repeats)/-CRISPR-associated protein 9) vector and application thereof	INSTITUTE OF CROP SCIENCE – CHINESE ACADEMY OF AGRICULTURAL SCIENCES	CHINA	LI AILI SONG GAOYUAN GENG SHUAIFENG JIA MEILING MAO LONG	2015-11-03	2015CN-0744334	CN105316327	29.01.2019 B	Wheat	
Technical improvements	Double (herbicide) resistance CRISPR/Cas9 carrier and application	INSTITUTE OF CROP SCIENCE – CHINESE ACADEMY OF AGRICULTURAL SCIENCES	CHINA	LIU JUN YU CHUNSHENG JI RONGHUAN LIU BIN ZHAO TAO LI HONGYU LIN CHENTAO	2015-12-24	2015CN-0992210	CN105543270	2016-05-04	Rice	

Art der Anwendung	Titel	Anmelder	Nationalität Anmelder	Erfinder:in	Prioritäts-datum	Prioritäts-anmeldungen	Publikations-nummern	Publikations-datum	Pflanzen-art	Sequenzin-formation
Technical improvements (maize)	Corn RNA polymerase III identification promoter and application thereof	INSTITUTE OF CROP SCIENCE – CHINESE ACADEMY OF AGRICULTURAL SCIENCES	CHINA	XIE CHUANXIAO QI XIANTAO LI XINHAI LIU CHANGLIN LIU WENGUO LU MING CHENG BEIJIU LIU FANG WANG HUI	2015-11-13	2015CN-0778495	CN106701754 not worldwide	11.06.2019	Model plant maize	
Technical improvements (maize)	Method for obtaining compact plant germplasm of maize through site-specific mutagenesis and application thereof	INSTITUTE OF CROP SCIENCE – CHINESE ACADEMY OF AGRICULTURAL SCIENCES	CHINA	XIE CHUANXIAO LI CHUXI LI XINHAI LIU CHANGLIN LIU FANG WANG HUI	2015-12-14	2015CN-0922653	CN106868036	02.07.2019 B	Model plant maize	
Plant breeding (maize, metabolic changes)	Method for creating seed property of glutinous corn by site-specific mutagenesis and application thereof (Waxy1 maize)	INSTITUTE OF CROP SCIENCE – CHINESE ACADEMY OF AGRICULTURAL SCIENCES	CHINA	XIE CHUANXIAO QI XIANTAO LIU CHANGLIN LIU FANG LIU WENGUO LU MING	2016-01-28	2016CN-0060095	CN107012163	24.09.2019 B	Maize	No
Plant breeding (rice, metabolic changes)	Method of increasing content of resistant starch in rice through genome editing and sgRNA special for same	INSTITUTE OF CROP SCIENCE – CHINESE ACADEMY OF AGRICULTURAL SCIENCES	CHINA	XIA LANQIN SUN YONGWEI	2016-08-23	2016CN-0705816	CN106086028	23.04.2019 B	Rice	No
Technical improvements (rice)	Application of CRISPR/nCas9 mediated site-directed base substitution in plant	INSTITUTE OF CROP SCIENCE – CHINESE ACADEMY OF AGRICULTURAL SCIENCES	CHINA	XIA LANQIN SUN YONGWEI ZHAO YUNDE LI JINGYING DU JINLU	2016-12-01	2016CN-1091107	CN107043779	12.05.2020 B	Model plant Rice	

Art der Anwendung	Titel	Anmelder	Nationalität Anmelder	Erfinder:in	Prioritäts-datum	Prioritäts-anmeldungen	Publikations-nummern	Publikations-datum	Pflanzen-art	Sequenzin-formation
Technical improvements	CRISPR-mediated rapid and effective crop site-specific gene fragment or allele replacement method and system	INSTITUTE OF CROP SCIENCE – CHINESE ACADEMY OF AGRICULTURAL SCIENCES	CHINA	XIA LANQIN LI JINGYING ZHAO YUNDE SUN YONGWEI ZHANG JIAHUI	2017-11-08	2017CN-1089532	CN107794276	13.03.2018	Model plant Rice	
Technical improvements (rice)	Site-directed modification method of rice genome	INSTITUTE OF GENETICS AND DEVELOPMENTAL BIOLOGY – CHINESE ACADEMY OF SCIENCES	CHINA	GAO CAIXIA SHAN QIWEI WANG YANPENG LI JUN CHEN KUNLING	2013-07-04	2013CN-0278482	CN103382468	29.04.2015 B	Model plant Rice	
Technical improvements (wheat)	Wheat genome site-specific modification method	INSTITUTE OF GENETICS AND DEVELOPMENTAL BIOLOGY – CHINESE ACADEMY OF SCIENCES	CHINA	GAO CAIXIA WANG YANPENG SHAN QIWEI CHEN KUNLING	2013-07-04	2013CN-0279303	CN103343120	04.03.2015 B	Model plant Wheat	
Technical improvements (maize)	Fixed-point modification method for corn genome	INSTITUTE OF GENETICS AND DEVELOPMENTAL BIOLOGY – CHINESE ACADEMY OF SCIENCES	CHINA	GAO CAIXIA LIANG ZHEN CHEN KUNLING	2013-11-28	2013CN-0625372	CN103667338	27.01.2016 B	Model plant Maize	
Plant breeding (wheat, fungal resistance)	Modified plants	INSTITUTE OF GENETICS AND DEVELOPMENTAL BIOLOGY – CHINESE ACADEMY OF SCIENCES	CHINA	GAO CAIXIA QIU JIN-LONG WANG YANPENG	2014-01-21	2014CN-0027631 2014CN-0520075 2014WO-CN80995	CN104789588 CA2937429 WO2015109752 AU2014378946 CN106164272 EP3097194 IN201617028083 US2017114361 EP3097194 CN104789588 AU2014378946	30.07.2015 WOA1	Wheat	Yes

Art der Anwendung	Titel	Anmelder	Nationalität Anmelder	Erfinder:in	Prioritätsdatum	Prioritätsanmeldungen	Publikationsnummern	Publikationsdatum	Pflanzenart	Sequenzinformation
Virus resistance	Method for increasing ability of plant to resist invading DNA virus	INSTITUTE OF GENETICS AND DEVELOPMENTAL BIOLOGY – CHINESE ACADEMY OF SCIENCES	CHINA	GAO, CAIXIA JI, XIANG ZHANG, HUAWEI	2015-03-12	2015CN-0107492 2016WO-CN76246	CA2979292 WO2016141893 CN105969792 AR103927 BR112017016423 AU2016228599 IN201737029075 KR20170126495 EP3269817	15.09.2016 WOA1	Tobacco	
Technical improvements	Method of applying non-genetic substance to perform site-directed reform of plant genome	INSTITUTE OF GENETICS AND DEVELOPMENTAL BIOLOGY – CHINESE ACADEMY OF SCIENCES	CHINA	GAO CAIXIA LIANG ZHEN WANG YANPENG SHAN QIWEI SONG QIANNA	2015-03-16	2015CN-0114017 2016WO-CN76244	CN105985943 CA2979290 WO2016155482 AR103926 BR112017016431 AU2016239037 IN201737029078 KR20170126502	06.10.2016 WOA1	Model plants wheat, tobacco, maize	
Plant breeding (maize, male-sterility)	Method for acquiring thermo-sensitive male sterile corn	INSTITUTE OF GENETICS AND DEVELOPMENTAL BIOLOGY – CHINESE ACADEMY OF SCIENCES	CHINA	GAO CAIXIA ZHANG HUAWEI LI JUN	2015-04-27	2015CN-0204544	CN106148392	23.11.2016	Maize	yes (sgRNA)
Plant breeding (rice, herbicide tolerance)	Method for obtaining glyphosate-resistant rice by site-directed nucleotide substitution	INSTITUTE OF GENETICS AND DEVELOPMENTAL BIOLOGY – CHINESE ACADEMY OF SCIENCES	CHINA	GAO CAIXIA LI JUN	2015-08-14	2015CN-0500930	WO2017028768 CN106467909 AR105713	23.02.2017 WOA1	Rice	
Technical improvements	A CRISPR/Cas9 System for highly efficient site-directed altering of plant genomes	INSTITUTE OF GENETICS AND DEVELOPMENTAL BIOLOGY – CHINESE ACADEMY OF SCIENCES	CHINA	XIE QI YAN LIUHUA WEI SHAOWEI YANG WEICAI LI HONGJU	2015-09-29	2015CN-0631450	CN105177038 WO2017054721	06.04.2017 WOA1	Model plant Arabidopsis	Yes

Art der Anwendung	Titel	Anmelder	Nationalität Anmelder	Erfinder:in	Prioritäts-datum	Prioritäts-anmeldungen	Publikations-nummern	Publikations-datum	Pflanzen-art	Sequenzin-formation
Plant Breeding (wheat, stature/ar-chitecture)	Transformation method for triti-cum aestivum	INSTITUTE OF GENETICS AND DEVELOPMEN-TAL BIOLOGY CHINESE ACADEMY OF SCIENCES	CHINA	GAO CAIXIA ZONG YUAN	2016-01-29	2016CN-0064340	CN107022564	13.12.2019 B	Wheat	Yes
Plant Breeding (wheat, yield)	Method for in-creasing wheat yield	INSTITUTE OF GENETICS AND DEVELOPMEN-TAL BIOLOGY CHINESE ACADEMY OF SCIENCES	CHINA	GAO CAIXIA ZHANG YI	2016-01-19	2016CN-0034819	CN106978436	06.09.2019 B	Wheat	Yes
Plant breeding (maize, fertility)	Plant male fertility-related protein, and coding gene and application thereof	INSTITUTE OF GENETICS AND DEVELOPMEN-TAL BIOLOGY CHINESE ACADEMY OF SCIENCES	CHINA	CHEN HUABANG ZHAO LI ZHANG HUA	2016-05-16	2016CN-0321598	CN105884874 WO2017121411	20.07.2017 WOA1	Maize	Yes
Plant breeding (stress tolerance)	Protein VPS23A re-lated to drought tolerance of plants, encoding gene of protein VPS23A and appli-cation	INSTITUTE OF GENETICS AND DEVELOPMEN-TAL BIOLOGY CHINESE ACADEMY OF SCIENCES	CHINA	XIE QI YU FEIFEI	2016-11-04	2016CN-0973639	CN106432449	26.07.2019 B	Arabidopsis	Yes
Technical improve-ments	A method for base editing in plants	INSTITUTE GENETICS AND DEVELOPMEN-TAL BIOLOGY CHINESE ACADEMY OF SCIENCES	CHINA	GAO CAIXIA ZONG YUAN	2016-11-14	2016CN-0998842	WO2018086623 CN108070611	17.05.2018 WOA1	R	Yes

Art der Anwendung	Titel	Anmelder	Nationalität Anmelder	Erfinder:in	Prioritätsdatum	Prioritätsanmeldungen	Publikationsnummern	Publikationsdatum	Pflanzenart	Sequenzinformation
Plant breeding (herbicide tolerance)	Creation of herbicide resistant gene and use thereof	INSTITUTE GENETICS AND DEVELOP. BIOLOGY CHINESE ACADEMY OF SCIENCES CHINA AGRICULT. UNIVERSITY	CHINA	GAO CAIXIA JIANG LINJIAN	2017-05-11	2017CN-0329242	WO2018205995	15.11.2018	Model plants Rice and wheat	Yes
Plant breeding (rice, yield)	Ideal strain-type gene NPT1 capable of controlling paddy rice stem coarseness, tillering number, seeds per ear, thousand seed weight and output and application thereof	INSTITUTE OF GENETICS AND DEVELOPMENTAL BIOLOGY CHINESE ACADEMY OF SCIENCES	CHINA	FU XIANGDONG WANG SHUANSUO WU KUN LIU QIAN YE YAFENG	2017-06-16	2017CN-0461754	CN107164347	29.09.2020 B	Rice	Yes
Technical improvements	Gene editing system and method of editing application thereof to the plant genome	INSTITUTE OF GENETICS AND DEVELOPMENTAL BIOLOGY – CHINESE ACADEMY OF SCIENCES	CHINA	HAN FANGPU FENG CHAO WANG RUI BO HAN YUAN JING ZHANG JING SU HANDONG LIU YALIN GUO XIANRUI	2017-07-21	2017CN-0599030	CN107338265	18.02.2020 B	Maize	Yes
Breeding (rice, fertility)	Application of rice ZYGO1 protein and encoding gene of rice ZYGO1 protein in regulation and control of pollen fertility	INSTITUTE OF GENETICS AND DEVELOPMENTAL BIOLOGY – CHINESE ACADEMY OF SCIENCES	CHINA	CHENG ZHUKUAN ZHANG FANFAN LI YAFEI TANG DING SHEN YI DU GUIJIE	2017-09-25	2017CN-0873344	CN107459564	12.12.2017	Rice	Yes

Art der Anwendung	Titel	Anmelder	Nationalität Anmelder	Erfinder:in	Prioritätsdatum	Prioritätsanmeldungen	Publikationsnummern	Publikationsdatum	Pflanzenart	Sequenzinformation
Plant breeding (rice, stress tolerance)	In regulating plant lodging properties and anti-IIP4 gene of a trait	INSTITUTE OF GENETICS AND DEVELOPMENTAL BIOLOGY – CHINESE ACADEMY OF SCIENCES	CHINA	ZHOU YIHUA ZHANG BAOCAI ZHANG DONGMEI	2017-11-23	2017CN-1183038	CN107904243	18.08.2020 B	Rice	Yes
Technical improvements (rice)	Artificial carrier system with site-specific mutagenesis and site-specific mutagenesis method	INSTITUTE OF PLANT PROTECTION – CHINESE ACADEMY OF AGRICULTURAL SCIENCES	CHINA	ZHOU HUANBIN YAN FANG	2017-05-26	2017CN-0383003	CN107177625	19.09.2017	Model plant Rice	Yes
Plant breeding (rice, fungal resistance)	Rice blast resistance gene piG3 and application thereof	INSTITUTE OF PLANT PROTECTION – CHINESE ACADEMY OF AGRICULTURAL SCIENCES	CHINA	KANG HOUXIANG DENG YUFEI WANG GUOLIANG	2017-10-13	2017CN-0951624	CN107523575	29.12.2017	Rice	Yes
Technical improvements – Building plant population	Plasmid vector and method for building plant population by using plasmid vector (OsMPK mutants)	INSTITUTE OF PLANT PROTECTION – CHINESE ACADEMY OF AGRICULTURAL SCIENCES	CHINA	ZHOU HUANBIN YAN YONGJIE YAN FANG	2017-12-08	2017CN-1294415	CN108034671	15.05.2018	Model plant Rice	Yes
Plant breeding (tomato, metabolic changes)	Preparation method of pink tomato material	INSTITUTE VEGETABLES AND FLOWERS – CHINESE ACADEMY OF AGRICULTURAL SCIENCES	CHINA	HUANG SANWEN ZHANG CHUNZHI SONG XIAOYAN LUN YAOYAO	2015-07-31	2015CN-0463523	CN104988160	01.05.2018 B	Tomato	No

Art der Anwendung	Titel	Anmelder	Nationalität Anmelder	Erfinder:in	Prioritäts-datum	Prioritäts-anmeldungen	Publikations-nummern	Publikations-datum	Pflanzen-art	Sequenzin-formation
Research (bacterial blight resistance)	Mutant plant and preparation method thereof	JIANGHAN UNIVERSITY	CHINA	GAO LIFEN ZHOU JUNFEI LI TIANTIAN PENG HAI LI LILI CHEN LIHONG	2017-08-03	2017CN-0656971	CN107604000	19.01.2018	Rice	Yes
Research (bacterial blight resistance)	Xa21 gene mutant plant and preparation method thereof	JIANGHAN UNIVERSITY	CHINA	GAO LIFEN ZHOU JUNFEI ZHU WENHUI PENG HAI ZHANG SHAN ZHANG WEI	2017-08-03	2017CN-0657433	CN107475285	15.12.2017	Rice	Yes
Research (bacterial blight resistance)	Mutant plant losing bacterial blight resistance and preparation method of mutant plant	JIANGHAN UNIVERSITY INSTITUTE OF GENETICS AND DEVELOPMENTAL BIOLOGY – CHINESE ACADEMY OF SCIENCES	CHINA	GAO LIFEN ZHU WENHUI ZHAI WENXUE LIU PENGCHENG	2017-08-03	2017CN-0657840	CN107557380	09.01.2018	Rice	Yes
Technical improvements	System for efficient screening of candidate sgRNAs for CRISPR/CAS9 gene editing system from plants and application	JIANGSU BEIRUILI BIOLOGICAL TECHNOL.	CHINA	ZHENG TIANHUI	2017-04-07	2017CN-0225082	CN107034229	11.08.2017	Model plants Arabidopsis and rice	Yes (target sequence)
Plant breeding (potato) / metabolic changes	Method for reducing content of amylose in plants and application	JIANGSU SANSHU BIOTECHNOLOGY	CHINA	ZHANG PENG WU YINLIANG ZHOU WENZHI	2017-06-07	2017CN-0423992	CN107119071 not worldwide	01.09.2017	Potato	Yes
Plant breeding (potato) / metabolic change	Method for increasing amylose content of plants and application	JIANGSU SANSHU BIOTECHNOLOGY	CHINA	ZHANG PENG WU YINLIANG ZHOU WENZHI	2017-06-22	2017CN-0482844	CN107058328 not worldwide	18.08.2017	Potato	Yes

Art der Anwendung	Titel	Anmelder	Nationalität Anmelder	Erfinder:in	Prioritäts-datum	Prioritäts-anmeldungen	Publikations-nummern	Publikations-datum	Pflanzen-art	Sequenzin-formation
Plant breeding (rice, male sterility)	Control rice male reproductive development gene and its application	JIANGXI ACADEMY OF AGRICULTURAL SCIENCES	CHINA	YANG PING CHEN CHUNLIAN XIONG YUNHUA HUANG YONGPING YIN JIANHUA LIU YAOGUANG	2017-08-29	2017CN-0759446	CN107446932	21.02.2020 B	Rice	Yes
Model plant (research, rice)	SgRNA for silencing rice catalase gene OSCAT2	JIANGXI AGRICULTURAL UNIVERSITY	CHINA	HU LIFANG HE HAOHUA LIU SHIQIANG ZHU CHANGLAN PENG XIAOSONG HE XIAOPENG FU JUNRU CHEN XIAORONG OUYANG LINJUAN BIAN JIANMIN SUN XIAOTANG XU JIE ZHOU DAHU	2015-11-27	2015CN-0848195	CN105255885	20.01.2016	Rice	Yes sgRNA sequence
Model plant (research, rice)	SgRNA for silencing rice catalase gene OSCAT3	JIANGXI AGRICULTURAL UNIVERSITY	CHINA	HU LIFANG LIU SHIQIANG HE HAOHUA ZHU CHANGLAN PENG XIAOSONG HE XIAOPENG FU JUNRU CHEN XIAORONG OUYANG LINJUAN BIAN JIANMIN SUN XIAOTANG XU JIE ZHOU DAHU	2015-11-27	2015CN-0859474	CN105255898	20.01.2016	Rice	Yes sgRNA sequence

Art der Anwendung	Titel	Anmelder	Nationalität Anmelder	Erfinder:in	Prioritäts-datum	Prioritäts-anmeldungen	Publikations-nummern	Publikations-datum	Pflanzen-art	Sequenzin-formation
Model plant (research, rice)	SgRNA for silent Oryza sativa L. catalase gene OSCAT1	JIANGXI AGRICULTURAL UNIVERSITY	CHINA	HU LIFANG HE HAOHUA LIU SHIQIANG ZHU CHANGLAN PENG XIAOSONG HE XIAOPENG FU JUNRU CHEN XIAORONG OUYANG LINJUAN BIAN JIANMIN SUN XIAOTANG XU JIE ZHOU DAHU	2015-11-27	2015CN-0848054	CN105296487	03.02.2016	Rice	Yes sgRNA sequence
Breeding (Rice, Male sterility)	Application of OsGA3ox1 gene to rice male sterile strain line creation	JIANGXI SUPER RICE RESEARCH AND DEVELOPMENT CENTER	CHINA	LONG QIZHANG WAN JIANLIN HUANG YONGLAN WANG HUIMIN TANG XIUYING LU MING	2017-07-03	2017CN-0531581	CN107227303	03.10.2017	Rice	Yes target site, mutation sequence
Plant breeding (seed dormancy)	Method for regulating plant seed dormancy time	NANJING AGRICULTURAL UNIVERSITY	CHINA	HUANG CHAOFENG ZHU HAIFENG XU DACHAO	2016-12-06	2016CN-1110981	CN106544347	10.05.2019 B	Model plant Arabidopsis	Yes
Epigenome editing	Method for epigenetically manipulating plant phenotypic plasticity	NANJING AGRICULTURAL UNIVERSITY	CHINA	QIANG SHENG XIE HONGJIE	2017-03-08	2017WO-CN75976	WO2018161921	13.09.2018	Model plant Rice and approx. 80 other plant species	Yes (target gene)
Technical improvements (knockout)	Enabling quick construction of a plant gene knockout vector pointing to a new reaction system	NANJING AGRICULTURAL UNIVERSITY	CHINA	WAN JIANMIN CHEN SAIHUA JIANG LING WANG YIHUA WANG DI ZHENG TIANHUI LI JINGFANG ZHAO ZHIGANG LIU YUQIANG	2017-05-08	2017CN-0316378	CN107254485	17.10.2017	Rice	Yes

Art der Anwendung	Titel	Anmelder	Nationalität Anmelder	Erfinder:in	Prioritäts-datum	Prioritäts-anmeldungen	Publikations-nummern	Publikations-datum	Pflanzen-art	Sequenzin-formation
Plant breeding (aluminium tolerance)	Anti-aluminium toxicity gene, mutant, preparation method and application thereof	NANJING AGRICULTURAL UNIVERSITY	CHINA	HUANG CHAOFENG LIU SHUO	2017-06-20	2017CN-0470713	CN107164389	15.09.2017	Rice	Yes
Technical improvements (chinese cabbage)	Cabbage CRISPR/Cas9 gene editing system is set up and use thereof	NANJING AGRICULTURAL UNIVERSITY	CHINA	ZHANG CHANGWEI YANG YANG HOU XILIN LIU TONGKUN ZHANG RUJIA GAO LIWEI LI YING Xiao Dong WANG JIANJUN HU CHUNMEI	2017-10-12	2017CN-0949078	CN107557381	09.01.2018	Chinese cabbage	Yes
Plant breeding (metabolic changes)	Plant gene encoding a protein associated with the amylose synthesis and application of Du15	NANJING AGRICULTURAL UNIVERSITY	CHINA	WAN JIANMIN ZHANG WENWEI CAI YUE WANG YIHUA JIANG LING LIU XI LIU SHIJIA CHEN LIANGMING LIU YUQIANG WANG PENG YAN HAIGANG WANG LIANG	2017-11-27	2017CN-1204587	CN107759676	17.12.2019 B	Rice	Yes
Plant breeding (rice, metabolic changes)	Method for transforming rice into fragrant rice rapidly	NINGXIA ACADEMY OF AGRICULTURE AND FORESTRY SCIENCES	CHINA	WANG JIAN	2016-01-25	2016CN-0050032	CN105543228	04.05.2016	Rice	Yes (Target sequence)
Plant Breeding (rice, fertility)	Application of rice heading-date gene vector	NORTHEAST INSTITUTE GEO AND AGRO-ECOLOGY – CHINESE ACADEMY OF SCIENCES	CHINA	BU QINGYUN LI XIUFENG LIN JINGBO FANG JUN WANG ZHENYU	2016-11-17	2016CN-1009722	CN106636184 not worldwide	10.05.2017	Rice	Yes

Art der Anwendung	Titel	Anmelder	Nationalität Anmelder	Erfinder:in	Prioritäts-datum	Prioritäts-anmeldungen	Publikations-nummern	Publikations-datum	Pflanzen-art	Sequenzin-formation
Model plant (research, Arabidopsis)	Transcription repressor gene family and application thereof	NORTHEASTERN UNIVERSITY	CHINA	WANG SHUCAI TIAN HAINAN CHEN SIYU WANG TIANYA ZHENG KAIJIE LIU SHANDA LI DONGQIU	2016-11-20	2016CN-1032876	CN106754951 WO2018090873	24.05.2018 WOA1	Model plant Arabidopsis and tomato	Yes
Technical improvements (alfalfa)	Method for generating alfalfa genome edited homozygous plant	QINGDAO INSTITUTE OF BIOENERGY AND BIOPROCESS TECHNOLOGY – CHINESE ACADEMY OF SCIENCES	CHINA	FU CHUNXIANG ZHANG HAILING CAO YINGPING SHANG CHEN LI JIKAI WANG JIANLI SUN DEQUAN SHEN ZHONGBAO	2017-02-22	2017CN-0094428	CN106676131	17.05.2017	Model plant Alfalfa	Yes
Plant breeding (rice, seed quality)	Paddy pre-harvest sprouting related gene LOC_Os01g50420 and application thereof	RICE RESEARCH INSTITUTE OF GUANGDONG ACADEMY OF AGRICULT. SCIENCES	CHINA	MAO XINGXUE LIU BIN WANG FENG ZHANG JIANJUN LIU WUGE	2016-10-20	2016CN-0917208	CN106636126	10.05.2017	Rice	Yes
Plant Breeding (rice, seed dormancy)	Rice seed dormancy regulation gene OsMPK14 and application thereof	RICE RESEARCH INSTITUTE OF GUANGDONG ACADEMY OF AGRICULTURAL SCIENCES	CHINA	MAO XINGXUE LIU BIN WANG FENG ZHANG JIANJUN LIU WUGE	2017-11-20	2017CN-1153388	CN108047319	18.05.2018	Rice	Yes
Plant Breeding (rice, seed dormancy)	Paddy rice seed dormancy controlling gene OsMPK7 and applications thereof	RICE RESEARCH INSTITUTE OF GUANGDONG ACADEMY OF AGRICULTURAL SCIENCES	CHINA	MAO XINGXUE LIU BIN WANG FENG ZHANG JIANJUN LIU WUGE	2017-11-20	2017CN-1153430	CN107880099	06.04.2018	Rice	Yes

Art der Anwendung	Titel	Anmelder	Nationalität Anmelder	Erfinder:in	Prioritäts-datum	Prioritäts-anmeldungen	Publikations-nummern	Publikations-datum	Pflanzen-art	Sequenzin-formation
Plant breeding (rice, glume colour)	Vector sgRNA CRISPR/Cas9 relevant with character of rice reddish brown glume, vector construction and application	SAAS BIOTECHNOLOGY AND NUCLEAR TECHNOLOGY RESEARCH INSTITUTE	CHINA	PU ZHIGANG XIANG XIAOLI WANG PING	2017-08-16	2017CN-0702739	CN108034656	15.05.2018	Rice	Yes
Plant breeding (elimination of selection marker)	Method for knocking out hygromycin resistance genes in transgenic plants	SAAS BIOTECHNOLOGY AND NUCLEAR TECHNOLOGY RESEARCH INSTITUTE CHENGDU YINONG AGRICULT. TECHNOL.	CHINA	CHEN KEGUI PENG MEIFANG FAN XIAOLI	2017-12-29	2017CN-1472842	CN108220329	29.06.2018	Rice	Yes
Technical improvements (tomato)	Method for obtaining tomato genome fixed-point knockout mutant	SHANGHAI ACADEMY OF AGRICULTURE SCIENCES	CHINA	YANG XUEDONG ZHU WEIMIN YAN JUN ZHANG HUI LIU NA TIAN SHOUBEI	2016-04-19	2016CN-0241425	CN106086062 not worldwide	09.11.2016	Model plant tomato	
Plant Breeding (rice, stature/architecture)	Method for performing target knockout on paddy rice dwarfing gene SD1 by using CRISPR/Cas9 technology	SHANGHAI ACADEMY OF AGRICULTURE SCIENCES	CHINA	CHU HUANGWEI CAO LIMING	2017-02-16	2017CN-0082775	CN106957855	17.04.2020 B	Rice	Yes
Plant breeding (rice, metabolic changes)	Rice starch branching enzyme SBE3 genes of the artificial site-directed mutants and use thereof	SHANGHAI ACADEMY OF AGRICULTURE SCIENCES	CHINA	YANG RUIFANG ZHU HUIMING BAI JIANJIANG FANG JUN	2017-07-21	2017CN-0599347	CN107384946	24.11.2017	Rice	Yes

Art der Anwendung	Titel	Anmelder	Nationalität Anmelder	Erfinder:in	Prioritätsdatum	Prioritätsanmeldungen	Publikationsnummern	Publikationsdatum	Pflanzenart	Sequenzinformation
Plant breeding (rice, stress tolerance)	Rice salt-tolerant gene OsRR22 mutant, encoded amino acid sequence thereof, plant and making method of mutant	SHANGHAI AGROBIOLOGICAL GENE CENTER	CHINA	ZHANG ANNING LIU YI LIU GUOLAN KONG DEYAN LI TIANFEI YU XINQIAO LUO LIJUN	2017-09-30	2017CN-0937465	CN107828794	23.03.2018	Rice	Yes
Technical improvements	Method for plant genome site-directed modification	SHANGHAI INSTITUTE FOR BIOLOGICAL SCIENCES – CHINESE ACADEMY OF SCIENCES	CHINA	ZHU JIANKANG MAO YANFEI FENG ZHENGYAN ZHANG BOTAO	2013-07-16	2013CN-0299527 2013CN-0398734 2014CN-0334460 2014WO-CN82144	CN104293828 WO2015007194 US2016264982 CN106222197 CN104293828	22.01.2015	Model plant Arabidopsis	
Technical improvements (Cpf1)	Site-directed editing method for plant genome based on cpf1	SHANGHAI INSTITUTE FOR BIOLOGICAL SCIENCES CHINESE ACADEMY OF SCIENCES	CHINA	ZHU JIANKANG WANG MUGUI MAO YANFEI LU YUMING	2016-12-01	2016CN-1091649 2017CN-0061568	WO2018099475 CN108130342	14.07.2014 WOA1	Model plant Arabidopsis	
Technical improvements	Vector for plant genome site-directed base substitution	SHANGHAI INSTITUTE FOR BIOLOGICAL SCIENCES CHINESE ACADEMY OF SCIENCES	CHINA	ZHU JIANKANG LU YUMING	2016-12-02	2016CN-1180376	CN106609282 WO2018098935	07.06.2018 WOA1	Model plant rice	
Plant breeding (plant architecture)	Regulatory leaf inclination of F-BOX protein and application thereof	SHANGHAI INSTITUTE FOR BIOLOGICAL SCIENCES CHINESE ACADEMY OF SCIENCES	CHINA	XUE HONGWEI QU LI	2017-04-18	2017CN-0252678	CN108727479	02.11.2018	Model plant rice	

Art der Anwendung	Titel	Anmelder	Nationalität Anmelder	Erfinder:in	Prioritäts-datum	Prioritäts-anmeldungen	Publikations-nummern	Publikations-datum	Pflanzen-art	Sequenzin-formation
Plant breeding (rice, male sterility)	Application and fixed-point knock-out method of rice OsCSA gene	SHANGHAI JIAO TONG UNIVERSITY	CHINA	ZHANG DABING YUAN ZHENG LI QUANLIN LIANG WANQI CHEN MINGJIAO LUO ZHIJING	2016-03-16	2016CN-0151129	CN105671075	08.05.2020 B	Rice	No
Plant breeding (rice, male sterility)	Application of male-sterility gene OsGEN and method for restor-ing fertility	SHANGHAI JIAO TONG UNIVERSITY	CHINA	ZHANG DABING LIANG WANQI WANG CHONG YUAN ZHENG CHEN MINGJIAO LUO ZHIJING	2016-04-20	2016CN-0248513	CN105950651 not worldwide	21.09.2016	Rice	Yes
Plant breeding (rice, male sterility)	Application of male sterility gene OsDPW2 and rice sterility recovery method	SHANGHAI JIAO TONG UNIVERSITY	CHINA	LIANG WANQI ZHANG DABING XU DAWEI YUAN ZHENG CHEN MINGJIAO LUO ZHIJING	2016-05-27	2016CN-0362598	CN106011167	01.11.2019	Rice	Yes mutant site PCR primer
Molecule produc-tion	Carrot beta(1,2)xy-losetransferase gene full sequence and plasmid con-struction of CRISPR (clustered regu-larly interspaced short palindromic repeats)/CAS9 for dicotyledon trans-fection	SHANGHAI JIAO TONG UNIVERSITY	CHINA	LI DAWEI SUCHITRA KAMLE HU LINGYUN SU QIDA WU ZHENGHUA ZHOU BINGJIE SHREYOSHI BISWAS	2016-09-21	2016CN-0838271	CN106318934	05.06.2020	Carrot	Yes target site sequence
Plant breeding (rice, male sterility)	Site-directed gene knockout system and its use TMS10 rice	SHANGHAI JIAO TONG UNIVERSITY	CHINA	ZHANG DABING LIANG WANQI YU JUNPING YUAN ZHENG CHEN MINGJIAO LUO ZHIJING	2017-05-16	2017CN-0345610	CN107326042 not worldwide	07.11.2017	Rice	Yes

Art der Anwendung	Titel	Anmelder	Nationalität Anmelder	Erfinder:in	Prioritäts-datum	Prioritäts-anmeldungen	Publikations-nummern	Publikations-datum	Pflanzen-art	Sequenzin-formation
Model plant (re-search)	Specific targeting ILK2 sgRNA se-quences and their use of a gene of Arabidopsis thali-ana	SHANGHAI JIAO TONG UNIVERSITY	CHINA	ZUO KAIJING WANG JUN LÜ MENGLI	2017-05-19	2017CN-0361331	CN107236737	10.10.2017	Model plant Arabidopsis	Yes
Plant breeding (rice, male sterility)	Application of male sterility gene OsDPW3 and rice fertility restoration method	SHANGHAI JIAO TONG UNIVERSITY	CHINA	LIANG WANQI ZHANG DABING XU DAWEI YUAN ZHENG	2017-11-28	2017CN-1218585	CN108130328	08.06.2018	Rice	Yes
Plant breeding (maize, metabolic changes)	Maize transcrip-tion factor ZmbZIP 22 and application thereof	SHANGHAI UNIVERSITY	CHINA	SONG RENTAO LI CHAOBIN QI WEIWEI ZHU CHENGUANG	2017-04-18	2017CN-0251008	CN107298701	27.10.2017	Maize	Yes
Plant breeding (maize, metabolic changes)	Corn ZmbHLH 167 of a transcription factor and the use thereof	SHANGHAI UNIVERSITY	CHINA	SONG RENTAO FENG FAN QI WEIWEI ZHU CHENGUANG	2017-06-20	2017CN-0467168	CN107266541	20.10.2017	Maize	Yes
In vitro use (virus detection)	Specific RNA of the virus detection of Cucumber green mottle mosaic probe and its preparation method	SHENYANG AGRICULTURAL UNIVERSITY	CHINA	AN MENGNAN XIA BO XIA ZIHAO ZHAO XIUXIANG WU YUANHUA DONG YUNQI CHENG LU HOU HUIHUI	2017-08-30	2017CN-0761869	CN107365877	21.11.2017	Detection: Cucumber virus	
Technical improve-ments	Method for con-structing CRISPR/Cas9 vec-tor applied to plant	SICHUAN AGRICULTURAL UNIVERSITY	CHINA	TANG HAORU JIANG LEIYU CHEN QING CHEN PINWEN FENG CHEN YE YUNTIAN LI YALI ZHANG YUNTING XIAO JIE WANG XIAORONG	2017-01-18	2017CN-0035068	CN107058372	18.08.2017	CRISPR/Cas vector sys-tem	

Art der Anwendung	Titel	Anmelder	Nationalität Anmelder	Erfinder:in	Prioritätsdatum	Prioritätsanmeldungen	Publikationsnummern	Publikationsdatum	Pflanzenart	Sequenzinformation
Technical improvements (strawberry)	Construction method for CRISPR (Clustered regularly interspaced short palindromic repeats)/Cas9 carrier applied to strawberries	SICHUAN AGRICULTURAL UNIVERSITY	CHINA	TANG HAORU JIANG LEIYU CHEN QING XIAO JIE LI RUILING LI XIN WANG XIRAN YUE MAOLAN LIU YI WANG XIAORONG	2017-01-18	2017CN-0034569	CN106636192	31.05.2019	Model plant Strawberry	
Plant breeding (rice, stature/architecture)	Use of a rice plant OsKTN80b gene in reducing plant height	SICHUAN AGRICULTURAL UNIVERSITY	CHINA	Wang Yuping HU BINHUA LI SHIGUI ZHANG GUOHUA CHEN WEILAN TU, BIN WANG YUPING MA BINGTIAN	2017-08-09	2017CN-0674530	CN107312785	06.12.2019	Rice	Yes
Plant breeding (rice, yield)	Rice grain type associated protein and encoding gene thereof	SICHUAN AGRICULTURAL UNIVERSITY	CHINA	QIN PENG LI SHIGUI HU BINHUA ZHANG GUOHUA CHEN WEILAN TU BIN MA BINGTIAN WANG YUPING	2017-08-09	2017CN-0674542	CN107298702	23.10.2020	Rice	Yes
Plant breeding (rice, bacterial disease resistance)	Rice bacterial leaf blight resistance related gene OsABA2 and application thereof	SICHUAN AGRICULTURAL UNIVERSITY	CHINA	LIAO YONGXIANG XU PEIZHOU WU XIANJUN ZHANG HONGYU CHEN XIAOQIONG WANG WENMING WU TINGKAI PENG YONGBIN BAI QUE HE YAO	2017-09-07	2017CN-0801322	CN107475210	15.12.2017	Rice	Yes

Art der Anwendung	Titel	Anmelder	Nationalität Anmelder	Erfinder:in	Prioritätsdatum	Prioritätsanmeldungen	Publikationsnummern	Publikationsdatum	Pflanzenart	Sequenzinformation
Plant breeding (rice, plant fertility)	Water degradation-associated protein and its encoding gene spikes top	SICHUAN AGRICULTURAL UNIVERSITY	CHINA	PENG YONGBIN HOU FEIXUE BAI QUE XU PEIZHOU WU XIANJUN ZHANG HONGYU CHEN XIAOQIONG LIAO YONGXIANG GU CHAOJIAN HAN XIAOXING	2017-12-04	2017CN-1254920	CN107857804	30.03.2018	Rice	Yes
Plant breeding (rice, plant fertility)	Water-degradation-associated protein kinase and its encoding gene spikes top	SICHUAN AGRICULTURAL UNIVERSITY	CHINA		2017-12-04	2017CN-1257204	CN107937363	09.06.2020	Rice	Yes Target site sequence
Plant breeding (rice, male sterility)	Method for acquiring temperature-sensitive sterile line by performing site-directed mutagenesis on RNase ZS1	SOUTH CHINA AGRICULTURAL UNIVERSITY	CHINA	ZHOU HAI ZHUANG CHUXIONG CHEN LIANG LI JING JIANG DAGANG	2014-09-24	2014CN-0496037	CN104293827	21.01.2015	Rice	Yes mutated sequence
Plant breeding (rice, male sterility)	Method for obtaining temperature-sensitive sterile line by performing site-specific mutagenesis on P/TMS12-1 through CRISPR (clustered regularly interspaced short palindromic repeats)/Cas9 system	SOUTH CHINA AGRICULTURAL UNIVERSITY	CHINA	ZHUANG CHUXIONG ZHOU HAI HUANG ZHIFENG JIANG DAGANG LI JING	2015-01-06	2015CN-0009526	CN104651392	31.07.2018	Rice	Yes mutated sequence

Art der Anwendung	Titel	Anmelder	Nationalität Anmelder	Erfinder:in	Prioritäts-datum	Prioritäts-anmeldungen	Publikations-nummern	Publikations-datum	Pflanzen-art	Sequenzin-formation
Plant breeding (rice, yield)	Rice thousand kernel weight gene tgw6 mutant as well as preparation method and application thereof	SOUTH CHINA AGRICULTURAL UNIVERSITY	CHINA	WANG JIAFENG HUANG CUIHONG GUO TAO LUO WENLONG CHEN ZHIQIANG WANG HUI	2015-07-28	2015CN-0450316	CN105063061	30.10.2018	Rice	Yes
Plant breeding (rice, yield)	Rice thousand kernel weight gene TGW6 guided RNA target sequence and application thereof	SOUTH CHINA AGRICULTURAL UNIVERSITY	CHINA	WANG JIAFENG YANG GUILI GUO TAO HUANG MING LIU YONGZHU CHEN ZHIQIANG WANG HUI	2015-07-28	2015CN-0450692	CN105063026	18.11.2015	Rice	Yes
Virus resistance	Method for improving RNA virus resistance of plants (CMV resistance)	SOUTH CHINA AGRICULTURAL UNIVERSITY	CHINA	ZHANG TONG ZHOU GUOHUI	2017-03-24	2017CN-0182462	CN106939317	11.07.2017	Model plant Arabidopsis	
Plant breeding (rice, plant crossing)	Method for creating hybrid compatible line between Asian cultivated rice and African cultivated rice and application of method	SOUTH CHINA AGRICULTURAL UNIVERSITY	CHINA	CHEN LETIAN LIU YAOGUANG XIE YONGYAO HUANG JIANLE	2017-04-05	2017CN-0216552	CN106967726	21.07.2017	Rice	Yes
Breeding (Rice, fertility)	Separation and cloning of alleles Sc-j and Sc-i of pollen fertility gene loca Sc of paddy rice hybrids, and application in seed breeding	SOUTH CHINA AGRICULTURAL UNIVERSITY	CHINA	LIU YAOGUANG	2017-06-21	2017CN-0476748	CN107164390	15.09.2017	Rice	Yes

Art der Anwendung	Titel	Anmelder	Nationalität Anmelder	Erfinder:in	Prioritäts-datum	Prioritäts-anmeldungen	Publikations-nummern	Publikations-datum	Pflanzen-art	Sequenzin-formation
Technical improvements (kiwifruit)	Based on a CRISPR/Cas9 kiwifruit AcPDS edit vector and its construction method and use of gene	SOUTH CHINA BOTANICAL GARDEN OF THE CHINESE ACADEMY OF SCIENCES	CHINA	WANG ZUPENG LIU YIFEI HUANG HONGWEN LI DAWEI ZHANG QIONG	2017-08-16	2017CN-0702395	CN107446924	2020-01-14 B	Model plant Kiwi	
Technical improvements (kiwifruit)	Based on a PTG-Cas9 kiwifruit gene AcPDS edit vector and its construction method and application	SOUTH CHINA BOTANICAL GARDEN OF THE CHINESE ACADEMY OF SCIENCES	CHINA	WANG ZUPENG LIU YIFEI HUANG HONGWEN LI DAWEI ZHANG QIONG	2017-08-16	2017CN-0702385	CN107603980	24.03.2020	Model plant Kiwi, Chinese gooseberry	
Technical improvements	Establishment method of CRISPR/Cas9 technology-mediated miR167 precursor sequence editing system	SOUTHWEST UNIVERSITY (CHONGQING CHINA)	CHINA	WANG XIAOKE JIANG DONG	2017-08-15	2017CN-0698186	CN107815463	20.03.2018		
Technical improvements (cabbage)	Multi-target sequence of an endogenous tRNA processing system based on the sgRNA expression vectors and their use in plant gene editing	SOUTHWEST UNIVERSITY (CHONGQING CHINA)	CHINA	SONG HONGYUAN MA CUNFA ZHU CHENCENG ZHENG MIN REN XUESONG SI JUN LI QINFEI	2017-08-01	2017CN-0647382	CN107475256	15.12.2017	Wild cabbage	Yes
Plant breeding (Rice, yield) RNAi application	Application of OsLAC13 and miR397a/b to breeding of rice high in seed-setting rate or yield	SUN YAT-SEN UNIVERSITY	CHINA	ZHANG YUCHAN YU YANG FENG YANZHAO YANG YUWEI CHEN YUEQIN	2016-10-19	2016CN-0913063	CN106480084	2020-04-17 B	Rice RNAi	

Art der Anwendung	Titel	Anmelder	Nationalität Anmelder	Erfinder:in	Prioritäts-datum	Prioritäts-anmeldungen	Publikations-nummern	Publikations-datum	Pflanzen-art	Sequenzin-formation
Plant breeding (rice, yield)	Application of gene miR408 and UCL in cultivating high-yielding rice (RNAi and CRISPR)	SUN YAT-SEN UNIVERSITY	CHINA	ZHANG JINPING LI QUANFENG ZHANG YUCHAN YU YANG FENG YANZHAO CHEN YUEQIN	2015-09-16	2015CN-0588379	CN105112422	08.11.2019 B	Rice	Yes
Plant breeding (pasture)	Perennial ryegrass breeding method based on CRISPR/Cas system	TIANJIN GSEE BIOTECHNO-LOGY	CHINA	GAO KUN	2015-10-22	2015CN-0695643	CN105219799	06.01.2016	English Ryegrass	No
Plant breeding (tobacco, aging)	Application of to-bacco NtNAC096 gene in control of tobacco aging	TOBACCO RESEARCH INSTITUTE – CHINESE ACADEMY OF AGRICULTURAL SCIENCES	CHINA	GUO YONGFENG LI WEI ZHANG ZENGLIN WANG WEIFENG GAO XIAOMING WANG XIAOXIA	2016-11-21	2016CN-1039068	CN106480067	08.03.2017	Tobacco	Yes
Technical improve-ments (rice)	Method for acquir-ing specific rice gene mutant and application thereof	UNIVERSITY BEIJING	CHINA	QU LIJIA MIAO JIN GUO DONGSHU ZHANG JINZHE HUANG QINGPEI QIN GENJI GU HONGYA KANG DINGMING	2013-09-12	2013CN-0415047	CN104450745	25.03.2015	Rice	Yes
Plant model (re-search, rice)	Method for direc-tionally knocking out miRNA (micro Ribonucleic Acid) of paddy rice	UNIVERSITY OF ELECTRONIC SCIENCE AND TECHNOLOGY CHINA	CHINA	ZHOU JIANPING ZHANG YONG ZHENG XUELIAN TANG XU CHENG YAN DENG KEJUN	2016-09-07	2016CN-0807153	CN106367435	08.11.2019 B	Rice	Yes
Technical improve-ments (Cpf1 nu-clease)	CRISPR/Cpf1 plant genome direc-tional modification function unit, car-rier comprising function unit, and application thereof	UNIVERSITY OF ELECTRONIC SCIENCE AND TECHNOLOGY OF CHINA	CHINA	ZHANG YONG TANG XU ZHENG XUELIAN DENG KEJUN ZHOU JIANPING	2017-01-11	2017CN-0019842	CN107012164	04.08.2017	Rice	Yes

Art der Anwendung	Titel	Anmelder	Nationalität Anmelder	Erfinder:in	Prioritäts-datum	Prioritäts-anmeldungen	Publikations-nummern	Publikations-datum	Pflanzen-art	Sequenzin-formation
Plant breeding (tomato, metabolic changes)	Construction of CRISPR/Cas9 system of tomato PSY 1 gene and application thereof	VEGETABLE RESEARCH INSTITUTE OF SHANXI ACADEMY OF AGRICULTURE SCIENCES	CHINA	CHENG YAN MA RONGLI JIAO YANSHENG QIAO NING LEI YANG	2016-10-21	2016CN-0918480	CN106636182	08.11.2019 B	Tomato	Yes Mutant site PCR primer
Technical improvements (wheat)	CRISPR/Cas9 system-based gene editing vector and application thereof	WEIMING XINGWANG SYSTEM CROP DESIGN FRONTIER LABORATOR.	CHINA	LI JIAN WANG ZHENG MA LIGENG DENG XINGWANG	2017-05-31	2017CN-0396445	CN107164402 not worldwide	16.10.2020 B	Model plant Wheat	
Research (large-scale screening of gene functions)	Method for rapidly establishing Cas9 dual-element expression carrier library of paired sg RNA	WUHAN BOTANICAL GARDEN CHINESE ACADEMY OF SCIENCES	CHINA	LI DAWEI WANG ZUPENG LIU YIFEI ZHONG CAIHONG HUANG HONGWEN	2017-10-24	2017CN-0999410	CN107893086	10.04.2018	Model plant Kiwi (berry)	
Plant breeding (gene selection)	Method for screening targeting gene edited plants	WUXI HUPPER BIOLOG SEEDS TECHNOLOGY RESEARCH INSTITUTE	CHINA	LI SHAN SHU QINGYAO	2015-10-14	2015CN-0663085	CN105256020	20.01.2016	Screening for mutations after genome editing	
Technical improvements	Method for screening rice plant subjected to targeted gene editing	WUXI HUPPER BIOLOG SEEDS TECHNOLOGY RESEARCH INSTITUTE	CHINA	LI SHAN SHU QINGYAO	2015-10-14	2015CN-0662736	CN105154566	05.06.2018	Model plant rice	
Technical improvements (cotton)	Cotton promoter GbU6-5PS and application	XINJIANG AGRICULTURAL UNIVERSITY	CHINA	LIU XIAODONG LI YUE LEI JIANFENG DAI PEIHONG LIU CHAO	2015-12-04	2015CN-0885425	CN105779449	27.11.2018 B	Model plant Cotton	

Art der Anwendung	Titel	Anmelder	Nationalität Anmelder	Erfinder:in	Prioritäts-datum	Prioritäts-anmeldungen	Publikations-nummern	Publikations-datum	Pflanzen-art	Sequenzin-formation
Technical improvements (cotton)	Cotton promoter GbU6-7PS and application	XINJIANG AGRICULTURAL UNIVERSITY	CHINA	LI YUE LIU XIAODONG LEI JIANFENG LIU CHAO DAI PEIHONG	2015-12-04	2015CN-0885400	CN105779448	27.11.2018 B	Model plant Cotton	
Plant breeding (nut grass)	Construction and application of clone and expression vector of cyperus esculentus pepc gene	XIN JIANG UNIVERSITY	CHINA	JING SIQUN TU YIJUN GUO GAI	2017-09-30	2017CN-0923662	CN107760663	06.03.2018	Chufa	No
Plant breeding (rice, yield)	Artificial fixed-point rice dense and erect panicle (DEP1) gene mutant body and application thereof	YUNNAN NABO BIOTECHNOLOGY	CHINA	ZHANG YESHENG ZHANG RU DONG YANG	2016-08-01	2016CN-0615347	CN106434688 not worldwide	22.02.2017	Rice	Yes
Plant breeding (rice, yield)	Rice grain number per ear Gn1a gene artificial site-directed mutant and application thereof	YUNNAN NABO BIOTECHNOLOGY YUNNAN UNIVERSITY	CHINA	ZHANG YESHENG ZHANG RU HUANG GUANGFU HU FENGYI	2016-08-01	2016CN-0615319	CN106011150 not worldwide	12.10.2016	Rice	Yes
Plant breeding (tobacco, metabolism)	Tobacco polyphenol oxidase gene NtPPO1 and site-directed mutagenesis method and application thereof	YUNNAN INSTITUTE OF TOBACCO AGRICULTURE SCIENCE	CHINA	YAO HENG YANG DAHAI BAI GE XIE HE XIAO BINGGUANG LI YONGPING	2017-11-21	2017CN-1165423	CN107653256	02.02.2018 B	Tobacco	Yes
Plant breeding (rice, stress tolerance)	Rice cyclin OsCYCP4;4 application and method for improving rice tolerance to low phosphate stress	ZHEJIANG ACADEMY OF AGRICULTURAL SCIENCES	CHINA	YI KEKE DENG MINJUAN WANG FANG	2016-01-04	2016CN-0004852	CN105524153	27.11.2018 B	Rice	No

Art der Anwendung	Titel	Anmelder	Nationalität Anmelder	Erfinder:in	Prioritätsdatum	Prioritätsanmeldungen	Publikationsnummern	Publikationsdatum	Pflanzenart	Sequenzinformation
Plant breeding (rice, stress tolerance)	Application of paddy rice cyclin OsCYCP4;2 and method for improving paddy rice performance on resisting low phosphorous stress	ZHEJIANG ACADEMY OF AGRICULTURAL SCIENCES	CHINA	DENG MINJUAN YI KEKE WANG FANG	2016-01-04	2016CN-0003021	CN105566467	19.10.2018	Rice	No
Plant breeding (rice, stress tolerance)	Application of rice cell cycle protein OsCYCP4;1 and method for improving deficient phosphorus stress resistance of rice	ZHEJIANG ACADEMY OF AGRICULTURAL SCIENCES	CHINA	YI KEKE DENG MINJUAN WANG FANG	2016-01-04	2016CN-0005538	CN105504033	20.11.2018 B	Rice	No
Plant breeding (tomato, metabolic changes)	Creating a pink fruit of a tomato gene editing CRISPR/Cas9 system using the method	ZHEJIANG ACADEMY OF AGRICULTURAL SCIENCES	CHINA	CHENG YUAN WAN HONGJIAN ZHOU GUOZHI YAO ZHUPING WANG RONGQING RUAN MEIYING LI ZHIMIAO YE QINGJING YANG YUEJIAN	2017-08-24	2017CN-0734041	CN107312795	03.11.2017	Tomato	No
Plant breeding (Myriophyllum, mineral nutrition)	Method of improving phosphorus-enriching ability of aquatic plant	ZHEJIANG GREEN VICTORIA ENVIRONMENTAL TECHNOL.	CHINA	XU TING QIAN WEIQIANG SHOU LU LI YUCAI ZHOU QI ZHANG HAIYANG	2017-03-09	2017CN-0138564	CN106868040	20.06.2017	Water milfoil	No

Art der Anwendung	Titel	Anmelder	Nationalität Anmelder	Erfinder:in	Prioritätsdatum	Prioritätsanmeldungen	Publikationsnummern	Publikationsdatum	Pflanzenart	Sequenzinformation
Model plant (research, rice)	Gene editing method for knocking out rice MIRNA393b stem-loop sequences with application of CRISPR (clustered regularly interspersed short palindromic repeat)-Cas9 system	ZHEJIANG UNIVERSITY	CHINA	BIAN HONGWU HAN NING GUO FU FANG KE YANG YINONG ZHU MUYUAN	2016-02-15	2016CN-0085619	CN105647962 not worldwide	08.06.2016	Rice	Yes mutant sequence
Plant breeding (plant crossing, male sterility)	Plant hybridization system and application thereof	ZHEJIANG UNIVERSITY	CHINA	ZHANG XIANWEN WANG DONGFANG ZHENG TING SHEN ZHICHENG	2016-08-28	2016CN-0748791	CN106350536	25.01.2017	Rice, maize	No
Technical improvements (rice)	Smearing agent and application thereof in screening rice T0 transgenic mutant plant	ZHEJIANG UNIVERSITY	CHINA	LU HAIPING SHU QINGYAO	2016-12-29	2016CN-1247205	CN106636188	10.05.2017	Rice (screening method)	Yes
Model plant (research, barley)	Method for applying CRISPR/Cas9 system for knockout of key gene HPT in VE synthesis pathway of barley	ZHEJIANG UNIVERSITY	CHINA	BIAN HONGWU ZENG ZHANGHUI LIU CUICUI HAN NING ZHU MUYUAN	2017-03-29	2017CN-0194580	CN106906240	30.06.2017	Barley	Yes
Technical improvements	Recombinant vector and non-GMO gene editing plant screening method	ZHEJIANG UNIVERSITY ZHEJIANG ZHIJIANG SEEDS	CHINA	SHU QINGYAO LU HAIPING DENG LI LIU SONGMEI	2016-07-26	2016CN-0597205	CN106222193	02.09.2019 B	Model plant rice	No
Plant breeding (rice, pest resistance)	Application of rice gene CYP71A1 and 5-hydroxytryptamine in regulating and controlling pest resistance of rice plant	ZHEJIANG UNIVERSITY ZHEJIANG ZHIJIANG SEEDS	CHINA	LU HAIPING SHU QINGYAO FU HAOWEI LOU YONGGEN YE GONGYIN ZHANG WEIZHANG	2017-07-07	2017CN-0550995	CN107217061	09.07.2019 B	Rice	Yes

Art der Anwendung	Titel	Anmelder	Nationalität Anmelder	Erfinder:in	Prioritätsdatum	Prioritätsanmeldungen	Publikationsnummern	Publikationsdatum	Pflanzenart	Sequenzinformation
Technical improvements	Recombinant vector and non-GMO gene editing plant screening method	ZHEJIANG ZHIJIANG SEEDS	CHINA	SHU QINGYAO LU HAIPING DENG LI LIU SONGMEI	2016-07-26	2016CN-0597205	CN106222193	20.09.2019 B	Model plant Rice	No
Model plant (research, tobacco)	Tobacco auxin transport protein NtPIN4 and application thereof	ZHENGZHOU TOBACCO RESEARCH	CHINA	XIE XIAODONG YANG JUN WEI PAN CAI LIANHE LI ZEFENG LUO CHAOPENG ZHANG JIANFENG WU MINGZHU LI FENG WANG ZHONG	2017-07-06	2017CN-0547705	CN107177603	19.09.2017	Model plant Tobacco	Yes
Technical improvements – identifying homozygous mutant	Method for identifying homozygous mutant edited by genome	ZHENGZHOU TOBACCO RESEARCH INSTITUTE OF CNTC HENAN UNIVERSITY	CHINA	WANG RAN MIAO YUCHEN GUO JINGGONG LI KUN JIN LIFENG WEI PAN WANG ZHONG QI CHAOYA ZHANG LIN LI FENG	2017-12-15	2017CN-1351623	CN108220328	29.06.2018	Model plants Tobacco, Arabidopsis	
Plant breeding (grain yield)	Methods for increasing grain yield	INSTITUTE OF GENETICS AND DEVELOPMENTAL BIOLOGY – CHINESE ACADEMY OF SCIENCES ANDREA WILLIAMS	CHINA – UNITED KINGDOM	DUAN PENGGEN XU JINSONG LI YUNHAI	2017-03-24	2017WO-CN78137	WO2018172785	27.09.2018	Rice	Yes

Art der Anwendung	Titel	Anmelder	Nationalität Anmelder	Erfinder:in	Prioritätsdatum	Prioritätsanmeldungen	Publikationsnummern	Publikationsdatum	Pflanzenart	Sequenzinformation
Technical improvements	Methods and compositions of anti-CRISPR proteins for use in plants	DUPONT NUTRITION BIOSCIENCES UNIVERSITE LAVAL	DENMARK - CANADA	CHRISTOPHE FREMAUX PHILIPPE HORVATH DENNIS A ROMERO ALEXANDER HYNES SYLVAIN MOINEAU GENEVIÈVE ROUSSEAU JOSHUA YOUNG MARIE-LAURENCE LEMAY	2017-04-24	2017US-62488969 2017US-62488981 2017US-62510896 2017US-62510914	WO2018197520	01.11.2018	Wide range of mono and dicotyledonous plants indicated	
Technical improvements	Methods and constructs for targeted nucleic acid edit in plants	KWS SAAT	GERMANY	MARKUS NIESSEN HINRICH HARLING SUSANA MARTIN-ORTIGOSA CORINNA STREITNER NADINE SCHUMANN ERIK JONGEDIJK	2015-05-19	2015DE-10006335	DE102015006335 AR104702 AR105760	24.11.2016	Wide range of mono and dicotyledonous plants indicated	
Technical improvements (gRNA delivery)	Methods and constructs for targeted nucleic acid edit in plants	KWS SAAT	GERMANY	MARKUS NIESSEN HINRICH HARLING SUSANA MARTIN-ORTIGOSA CORINNA STREITNER NADINE SCHUMANN ERIK JONGEDIJK	2015-11-05	2015DE-10014252	DE102015014252	11.05.2017	Virus vectors for various plant species (tobacco, maize)	
Technical improvements	Hybrid nucleic acid sequences for genome engineering	KWS SAAT	GERMANY	AARON HUMMEL	2016-06-01	2016US-62344109	WO2017207589	07.12.2017	Transformation of maize tassels	
Plant breeding (virus resistance)	Conferring resistance to geminiviruses in plants in alternative manner to gene drive, using CRISPR/Cas systems	KWS SAAT	GERMANY	AARON HUMMEL DEREK GRAHAM BARTLEM	2016-12-20	2016US-62436792	WO2018115202	28.06.2018	Model plant Tobacco (geminivirus resistance)	Yes
Technical improvements	Use of CRISPR/Cas endonucleases for plant genome engineering	KWS SAAT	GERMANY	AARON HUMMEL ZARIR VAGHCHHIPAWALA	2017-05-03	2017US-62500639	WO2018202800	08.11.2018	Model plant Maize	

Art der Anwendung	Titel	Anmelder	Nationalität Anmelder	Erfinder:in	Prioritäts-datum	Prioritäts-anmeldungen	Publikations-nummern	Publikations-datum	Pflanzen-art	Sequenzin-formation
Technical improvements	Improved genome editing in plant cells	RWTH AACHEN UNIVERSITY	GERMANY	BORTESI LUISA SRUTHY MARIA FISCHER RAINER SACK MARKUS ZISCHEWSKI JULIA	2017-04-18	2017EP-0166753	EP3392339 WO2018192961	24.10.2018 EP	Model plants Tobacco, tomato, petunia	Yes
Technical improvements	Nucleic acid constructs for genome editing	DANZIGER INNOVATIONS	ISRAEL	VAINSTEIN ALEXANDER MARTON IRA HONIG ARIK MARHEVKA ELENA	2014-11-27	2014US-62085292 2015US-15531436 2015WO-IL51150	CA2968808 WO2016084084 KR20170081268 IL252556 IN201727022350 US2017260536 EP3224363 JP2017535296	02.06.2016	Model plant Tobacco	
Technical improvements	Plant genome editing method	KANEKA	JAPAN	HAMADA HARUYASU NAGIRA YOZO MIKI RYUJI TAOKA NAOAKI IMAI RYOZO	2016-05-13	2016JP-0097465	WO2017195906 JP2017205104	16.11.2017	Model plants wheat, soybean, rice, apple, potato, maize, barley	
Technical improvements (monocots)	Method for converting monocot plant genome sequence in which nucleic acid base in targeted DNA sequence is specifically converted, and molecular complex used therein	KOBE NATIONAL UNIVERSITY	JAPAN	NISHIDA KEIJI SHIMATANI ZENPEI KONDO AKIHIKO	2015-11-27	2015JP-0232379 2016JP-0134613	WO2017090761 BR112018010681	01.06.2017	Model plant Rice	Yes target site sequence
Technical improvements	Cas protein expression cassette	NAGOYA UNIVERSITY	JAPAN	HIGASHIYAMA TETSUYA TSUTSUI HIROKI	2016-09-02	2016JP-0171590	WO2018043219	24.06.2019	Model plant Arabidopsis	No

Art der Anwendung	Titel	Anmelder	Nationalität Anmelder	Erfinder:in	Prioritäts-datum	Prioritäts-anmeldungen	Publikations-nummern	Publikations-datum	Pflanzen-art	Sequenzin-formation
Technical improvements	Method for producing genome-edited plants using plant virus vectors	NATIONAL AGRICULTURE AND FOOD RESEARCH ORGANIZATION	JAPAN	ISHIBASHI WADA SEIICHI TOKI	2017-02-15	2017JP-0025976	WO2018151155	23.08.2018	Model plant Tobacco	
Technical improvements	Method of modifying genome of dicotyledonous plant	NATIONAL UNIVERSITY UNIVERSITY TSUKUBA UNIVERSITY KOBE UNIVERSITY	JAPAN	HIROSHI EGAKI KENJI MIURA TAKESHI YAMAMOTO KEIJI NISHIDA AKIHIKO KONDO	2017-02-06	2017JP-0019921	WO2018143477	25.04.2019	Model plant Arabidopsis	
Technical improvements	Method for producing whole plants from protoplasts	INSTITUTE FOR BASIC SCIENCE UNIVERSITY SEOUL NATIONAL R&DB FOUNDATION ADVANCED INSTITUTE OF CONVERGENCE TECHNOLOGY (AICT)	KOREA	KIM JIN SOO KIM JUNGEUN CHOE SUNGHWA WOO JE WOOK KWON SOON IL	2015-10-06	2015KR-0140314	WO2017061805 WO2017061806 KR20170041641 KR20170041640	13.04.2017	Model plants Lettuce, cabbage	
Molecule production	Glycoengineered Arabidopsis plants for production of plant-made pharmaceuticals and Method for production of plant-made pharmaceuticals using Glycoengineered Arabidopsis plants	SEOUL NATIONAL UNIVERSITY INDUSTRY FOUNDATION G FLAS LIFE SCIENCES	KOREA	CHOE SUNG HWA PARK SL KI CHOI SUN MEE	2016-11-28	2016KR-0159681	KR20180060318	07.06.2018	Model plant Arabidopsis	Yes

Art der Anwendung	Titel	Anmelder	Nationalität Anmelder	Erfinder:in	Prioritätsdatum	Prioritätsanmeldungen	Publikationsnummern	Publikationsdatum	Pflanzenart	Sequenzinformation
Technical improvements	CRISPR Plant genome deletion or replacement methods based on CRISPR-harboring Agrobacterium or transfection agents	SEOUL NATIONAL UNIVERSITY INDUSTRY FOUNDATION G FLAS LIFE SCIENCES	KOREA	PARK JONG JIN CHEON JI NYEONG CHOE SUNG HWA	2017-04-20	2017KR-0050756	KR20180117785	30.10.2018		
Plant breeding (metabolic change)	Oleic acid-enriched plant body having genetically modified fad2 and production method therefore	TOOLGEN	KOREA	KIM SEOKJOONG KOO OKJAE JUNG MIN HEE KIM YESEUL	2016-12-22	2016US-62438018	WO2018117377 KR20180073430	28.06.2018	Soybean	No
Research (gene screening, stress tolerance)	Screening method for genes of cold stress resistance	UNIVERSITY SOGANG RESEARCH FOUNDATION	KOREA	CHO SUNG KYUNG YU SI IN LEE BYEONG HA	2016-10-11	2016KR-0131495	KR20180040116	18.06.2019 B	Model plant Arabidopsis	Yes
Technical improvements	Method for targeted DNA alteration in plant cells	KEYGENE	NETHERLANDS	BUNDOCK PAUL KETELAARS-BONNÉ ANITA	2016-06-20	2016NL-2016998	WO2017222370	28.12.2017	Model plant Tomato	
Technical improvements (Cpf1)	Method for targeted alteration of duplex DNA	KEYGENE	NETHERLANDS	BUNDOCK PAUL	2016-12-22	2016NL-2018049	WO2018115390	2018-06-746	Model plant Tomato	No
Technical improvements	Methods of targeted genetic alteration in plant cells	KEYGENE	NETHERLANDS	BUNDOCK PAUL	2016-12-22	2016NL-2018047	WO2018115389	28.06.2018	Model plant Tomato	
Technical improvements	Methods of targeted genetic alteration in plant cells	KEYGENE	NETHERLANDS	BUNDOCK PAUL	2017-02-15	2017NL-2018381	WO2018149915	23.08.2018	Model plant Tomato	Yes (Als1&2)
Plant breeding (metabolic change)	Carbohydrate producing plant material	Individual depositors	SWEDEN	SUN CHUANXIN	2017-03-31	2017CA-2962852 2017US-62479374	WO2018182493	04.10.2018	Model plant Barley	PCR primer sequences

Art der Anwendung	Titel	Anmelder	Nationalität Anmelder	Erfinder:in	Prioritätsdatum	Prioritätsanmeldungen	Publikationsnummern	Publikationsdatum	Pflanzenart	Sequenzinformation
Plant breeding (potato, metabolic changes)	Amylopectin potato starch with improved stability against retrogradation and improved freeze and thaw stability	LYCKEBY STARCH	SWEDEN	HOFVANDER PER ANDERSSON MARIETTE SAMUELSSON MATHIAS STÅHL ÅKE	2016-05-03	2016SE-0050598	SE1650598 WO2017192095	09.11.2017	Potato	Yes Target sequences
Technical improvements (multiplexing)	Targeted viral-mediated plant genome editing using CRISPR/Cas9	KING ABDULLAH UNIVERSITY OF SCIENCE AND TECHNOLOGY	SAUDI ARABIA	MAHFOUZ MAGDY M ALI ZAHIR	2014-06-12	2014US-62011124 2014US-62014309 2015US-15317283 2015WO-IB01202	WO2015189693 US2017114351	17.12.2015	Model plant Tobacco	Yes Target sequences
Virus resistance (tobacco, tomato)	Method of inhibiting plant virus pathogen infections by CRISPR/Cas9-mediated interference	KING ABDULLAH UNIVERSITY OF SCIENCE AND TECHNOLOGY	SAUDI ARABIA	MAHFOUZ MAGDY MAHMOUD ALI ZAHIR	2015-05-18	2015US-62162856	WO2016185411	24.11.2016	Tobacco, tomato	PCR primer sequences
Plant breeding (wheat, male-sterility)	Wheat	ELSOMS DEVELOPMENT	UNITED KINGDOM	ANTHONY GORDON KEELING MATTHEW JOHN MILNER	2016-07-29	2016GB-0013156	GB201613156 GB2552657	07.02.2018	Wheat	Yes
Technical improvements	Methods for genetic modification of plants	CERES	USA	PENNELL ROGER I HAMILTON RICHARD LIANG DELIN	2015-12-02	2015US-62261944	WO2017096237	08.06.2017	Model plant Maize (and Sorghum bicolor, Triticum aestivum, or Oryza sativa)	
Technical improvements	Methods and materials for high throughput testing of mutagenized allele combinations	CERES	USA	PENNELL ROGER I HAMILTON RICHARD LIANG DELIN	2016-02-12	2016US-62294539	WO2017139309	17.08.2017	Model plant Rice, maize	

Art der Anwendung	Titel	Anmelder	Nationalität Anmelder	Erfinder:in	Prioritäts-datum	Prioritäts-anmeldungen	Publikations-nummern	Publikations-datum	Pflanzen-art	Sequenzin-formation
Plant breeding (sorghum)	Gene modification-mediated methods and compositions for generating dominant traits in eukaryotic systems	CHROMATIN	USA	NAIR RAMESH B LEE HYERAN	2014-01-30	2014US-61933582 2015US-14611168 2015US-62107336	WO2015117041 US2015291969	06.08.2015	Sorghum	Yes
Flowering time / pollination	Florigen pathway toolkit	COLD SPRING HARBOR LABORATOR.	USA	LIPPMAN ZACHARY SOYK SEBASTIAN PARK SOON-JU	2016-04-11	2016US-62321178	WO2017180474	22.11.2018	Tomato	
Technical improvements	Compositions and methods for generating weak alleles in plants	COLD SPRING HARBOR LABORATORY	USA	LIPPMAN, ZACHARY RODRIGUEZ-LEAL, DANIEL JACKSON, DAVID	2017-05-17	2017US-62507317	WO2018/213547	20.12.2018	Model plants Arabidopsis, tomato, maize	
Plant breeding (Solanaceae)	Mutations in mads-box genes and uses thereof	COLD SPRING HARBOR LABORATORY	USA	LIPPMAN, ZACHARY SOYK, SEBASTIAN LEMMON, ZACHARY, HARTFORD	2017-05-17	2017US-62507369	WO2018/213538	22.11.2018	Tomato	Yes
Plant breeding (fungal resistance)	Multimeric defensin proteins and related methods	DONALD DANFORTH PLANT SCIENCE CENTER	USA	SHAH DILIP M VELIVELLI SIVA LINGA SASANKA ISLAM KAZI TARIQUL	2016-03-11	2016US-62307205	WO2017156457	14.09.2017	Arabidopsis	Yes

Metabolic changes	Fad2 performance loci and corre-sponding target site specific bind-ing proteins capa-ble of inducing tar-geted breaks	DOW AGROSCIENCES SANGAMO BIOSCIENCES	USA	COGAN NOEL FORSTER JOHN HAYDEN MATTHEW SAWBRIDGE TIM SPANGENBERG GERMAN WEBB STEVEN R GUPTA MANJU AINLEY WILLIAM MICHAEL HENRY MATTHEW J MILLER JEFFREY C GUSCHIN DMITRY Y	2012-09-07	2012US-61697886 2013US-14019244 2013US-14019293 2013WO-US58283 2013WO-US58299 2016US-15292774	CA2884084 CA2883846 WO2014039692 WO2014039702 US2014090116 US2014090112 UY35021 UY35020 TW201414838 WO2014039702 AU2013312465 AU2013312465 AU2013312455 AR092480 AR092481 BR112015004980 BR112015004948 KR20150043538 KR20150043539 IL237537 IL237536 EP2893023 EP2892321 CN104780756 WO2014039692 JP2015527082 MX2015002990 CL2015000563 CL2015000561 JP2015529464 CN105025702 EP2892321 HK1212153 HK1213736 IN1672/DELNP/2015 IN1677/DELNP/2015 EP2893023 RU2015112584 RU2015112583 US9493779 US2017044559 BR112015004980 BR112015004948	21.11.2018 EP	Oilseed rape	Yes

Art der Anwendung	Titel	Anmelder	Nationalität Anmelder	Erfinder:in	Prioritäts-datum	Prioritäts-anmeldungen	Publikations-nummern	Publikations-datum	Pflanzen-art	Sequenzin-formation
Metabolic changes	Fad3 performance loci and corre-sponding target site specific bind-ing proteins capa-ble of inducing tar-geted breaks	DOW AGROSCIENCES SANGAMO BIOSCIENCES	USA	COGAN NOEL FORSTER JOHN HAYDEN MATTHEW SAWBRIDGE TIM SPANGENBERG GERMAN WEBB STEVEN R GUPTA MANJU AINLEY WILLIAM MICHAEL HENRY MATTHEW J MILLER JEFFREY C GUSCHIN DMITRY Y	2012-09-07	2012US-61697854 2013US-14019211 2013US-61820260 2013WO-US58267	CA2884162 WO2014039684 UY35019 US2015067921 AU2013312538 AR092478 BR112015004995 KR20150043540 IL237567 EP2893006 JP2015527081 CL2015000564 CN105264067 EP2893006 IN1674/DELNP/2015 RU2015112578 HK1217732 ZA201501395 BR112015004995	22.08.2018 EP B	Oilseed rape	Yes
Technical improve-ments (landing pad)	Engineered transgene integra-tion platform (etip) for gene targeting and trait stacking	DOW AGROSCIENCES	USA	COGAN NOEL FORSTER JOHN HAYDEN MATTHEW SAWBRIDGE TIM SPANGENBERG GERMAN WEBB STEVEN R GUPTA MANJU AINLEY W MIKE HENRY MATTHEW J MASON JOHN KUMAR SANDEEP NOVAK STEPHEN	2012-09-07	2012US-61697882 2013CN-80054103 2013US-14020575 2013WO-US58584	CA2883792 WO2014039872 US2014090113 TW201425580 AU2013312352 AR092479 BR112015004848 KR20150046345 IL237534 CL2015000565 EP2893025 CN104838001 JP2015531598 HK1211054 IN2249/DELNP/2015 EP2893025 RU2015112593 BR112015004848 CN104838001 CN107267524	13.03.2019 EP B	Model plants Oilseed rape, maize	

Art der Anwendung	Titel	Anmelder	Nationalität Anmelder	Erfinder:in	Prioritätsdatum	Prioritätsanmeldungen	Publikationsnummern	Publikationsdatum	Pflanzenart	Sequenzinformation
Model plant (research)	Soybean u6 small nuclear RNA gene promoters and their use in constitutive expression of small RNA genes in plants	DU PONT DE NEMOURS	USA	LI ZHONGSEN	2015-03-27	2015US-62139075 2016US-15558296 2016WO-US23374	CA2976387 WO2016160389 BR112017017260 IN201717036339 CN107567499 EP3274460 US2018057832 BR112017017260	16.10.2019 EP	Soybean	Yes
Technical improvements	Plant genome modification using guide RNA/Cas-Endonuclease systems and metjods of use	DUPONT PIONEER	USA	CIGAN ANDREW FALCO SAVERIO CARL GAO HUIRONG LI ZHONGSEN LIU ZHAN-BIN LYZNIK L ALEKSANDER SHI JINRUI| SVITASHEV SERGEI| YOUNG JOSHUA K	2013-08-22	US201361868706P 20130822 US201361882532P 20130925 US201461937045P 20140207 US201461953090P 20140314 US201462023239P 20140711 US2014051778W 20140820	CA2922089A1 EP3036332B1	24.06.2020 EP B	Model Plants Soybean, maize	Yes
Plant breeding	Agronomic trait modification using guide RNA/cas endonuclease systems and methods of use	DUPONT PIONEER	USA	SHI JINRUI GAO HUIRONG NIU XIAOMU	2014-07-11	2014US-62023239 2015US-15323772 2015WO-US40143	CA2954686 WO2016007948 BR112017000621 IN201717000109 CN106795524 US2017183677	14.01.2016	Maize	Yes
Plant breeding (herbicide resistance)	Compositions and methods for producing plants resistant to glyphosate herbicide	DUPONT PIONEER	USA	DJUKANOVIC VESNA JONES SPENCER CHARLES LIU ZHAN-BIN LASSNER MICHAEL LYZNIK LESZEK ALEKSANDER	2014-07-11	2014US-62023246 2015US-15325116 2015WO-US38767	CA2954626 WO2016007347 AU2015288157 BR112017000482 MX2017000422 IN201717001150 CN106687594 EP3166391 US2017306349 BR112017000482	14.01.2016	Maize, Soybean	Yes

Art der Anwendung	Titel	Anmelder	Nationalität Anmelder	Erfinder:in	Prioritäts-datum	Prioritäts-anmeldungen	Publikations-nummern	Publikations-datum	Pflanzen-art	Sequenzin-formation
Plant breeding (offspring selection)	Improved molecular breeding methods	DUPONT PIONEER	USA	COOPER MARK MESSINA CARLOS TECHNOW FRANK TOTIR LIVIU RADU	2014-10-27	2014US-62069007 2014US-62093713 2015US-15521816 2015WO-US43525	CA2963768 WO2016069078 AU2015339957 BR112017008957 CN107105624 US2017245446 EP3211989 CL2017001027 MX2017005424 BR112017008957	06.05.2016	Selection method	
Plant breeding (wheat, male sterility)	Restoration of male fertility in wheat	DUPONT PIONEER	USA	CIGAN ANDREW MARK SINGH MANJIT	2014-12-16	2014US-62092604 2015US-15536336 2015WO-US65768	CA2971425 WO2016100309 US2017369902	23.06.2016	Wheat	Yes
Technical improvements	Composition and methods for regulated expression of a guide RNA/cas endonuclease complex	DUPONT PIONEER	USA	CIGAN ANDREW MARK SVITASHEV SERGEI	2015-02-25	2015US-62120421 2016US-15545560 2016WO-US17937	CA2985991 WO2016137774 AU2016223151 BR112017018327 IN201717025359 CN107406858 EP3262176 US2018002715	01.09.2016	Maize	Yes
Plant breeding (plant stature / architecture) GM-maize application	Methods and compositions for modifying plant architecture and development	DUPONT PIONEER	USA	NIU XIAOMU PHILIPS JOANIE TRIMNELL MARY	2015-05-28	2015US-62167362 2016US-15577387 2016WO-US34534	CA2986781 WO2016191638 US2018162915	01.12.2016	Maize	
Plant breeding (maize, disease resistance) T-DNA insertion	Generating northern leaf blight resistant maize	DUPONT PIONEER	USA	GAO HUIRONG LI BAILIN MEELEY ROBERT B PERUGINI LEANDRO DANIEL TABOR GIRMA M	2016-10-13	2016US-62407867	WO2018071362	19.04.2018	Maize	Yes
Technical improvements	Restoring function to a non-functional gene product via guided cas systems and methods of use (CRISPR Cas delivery)	DUPONT PIONEER	USA	CIGAN ANDREW MARK SVITASHEV SERGEI	2015-10-20	2015US-62243719 2016US-62309033 2016US-62359254	WO2017070032 WO2017070029	27.04.2017	Maize (ALS, other maize genes)	Yes

Art der Anwendung	Titel	Anmelder	Nationalität Anmelder	Erfinder:in	Prioritäts-datum	Prioritäts-anmeldungen	Publikations-nummern	Publikations-datum	Pflanzen-art	Sequenzin-formation
Research (maize, regulation of gene expression)	Transcriptional ter-minators for gene expression in plants	DUPONT PIONEER	USA	ABBITT SHANE E KLEIN KARRI SELINGER DAVID	2016-11-29	2016US-62427491 2017US-62579253	WO2018102131	07.06.2018	Maize	Yes
Plant breeding (maize, herbicide tolerance)	Improved plant epsp synthases and methods of use	DUPONT PIONEER	USA	DONG YUXIA LU JIAN NG EMILY SIEHL DANIEL TAO YUMIN	2017-03-30	2017US-62478636	WO2018183050	12.09.2019	Maize	Yes
Technical improve-ments	Expression modu-lating elements and use thereof	DUPONT PIONEER	USA	ABBITT SHANE E FRANK MARY J GREENE THOMAS W KRISHNAMURTHY NANDINI RUPIPER ANDREW	2017-03-31	2017US-62479781	WO2018183878	04.10.2018	Maize	Yes
Plant breeding (Can-nabis, metabolic changes canna-binoids)	Plants and meth-ods for increasing and decreasing synthesis of canna-binoids	EBBU	USA	ROSCOW ROBERT F	2016-08-18	2016US-62376521 2016US-62385102 2016US-62416084 2016US-62416098 2016US-62429039 2016US-62429046 2016US-62429049	WO2018035450	22.02.2018	Hemp Genus Can-nabis)	No
Technical improve-ments	Novel plant cells, plants, and seeds	INARI AGRICULTURE	USA	NIU YAJIE SHULTZ RANDALL UNSON MARIA MARGARITA KOCK MICHAEL CASEY JOHN	2017-01-28	2017US-62451708 2017US-62451710 2017US-62452610 2017US-62477244 2017US-62480989 2017US-62510645 2017US-62523675 2017US-62530495 2017US-62530839 2017US-62531305	WO2018140899	02.08.2018	Model plants Maize, sug-arcane, po-tato	Yes
Technical improve-ments	Novel plant cells, plants, and seeds	INARI AGRICULTURE FLAGSHIP PIONEERING	USA	SHULTZ RANDALL CASEY JOHN MARTIN BARRY NIU YAJIE YU KRISTINE FISKE BRIAN	2016-11-04	2016US-62418078 2017US-62442601	WO2018085693	11.05.2018	Model plants Wheat, soy-bean, maize, to-bacco, soy-bean	Yes

Art der Anwendung	Titel	Anmelder	Nationalität Anmelder	Erfinder:in	Prioritäts-datum	Prioritäts-anmeldungen	Publikations-nummern	Publikations-datum	Pflanzen-art	Sequenzin-formation
Technical improvements / Multiplexing	Multiplex gene targeting in plants	Individual depositors	USA	HUMANES JAVIER GIL VOYTAS DANIEL F BALTES NICHOLAS J	2016-10-24	2016US-62411952	WO2018081081	03.05.2018	Wheat	Yes PCR primer sequence
Plant breeding (pennycress/oilseed plants, low erucic acid/metabolic changes)	Plants having increased oil quality	Individual depositors	USA	MARKS MICHAEL DAVID SEDBROOK JOHN C WYSE DONALD L DORN KEVIN	2017-01-27	2017US-62451467	WO2018140782	02.08.2018	Pennycress	Yes
Plant breeding (wheat, fungal resistance)	Genes and markers for increasing resistance to fusarium head blight disease and uses thereof	KANSAS STATE UNIVERSITY RESEARCH FOUND US DEPART. OF AGRICULT.	USA	SU ZHENQI BAI GUIHUA TIAN BIN TRICK HAROLD BERNARDO AMY	2016-03-31	2016US-62316342	WO2017173318	05.10.2017	Wheat (also rye, triticale, barley, and spelt)	Yes
Technical improvements	Crispr-systems for modifying a trait of interest in a plant	MASSACHUSETTS INSTITUTE OF TECHNOLOGY MIT BROAD INSTITUTE UNIVERSITY OF MINNESOTA PRESIDENT & FELLOWS OF HARVARD COLLEGE	USA	BELANTO JOSEPH JOHN STARKER COLBY GARRET VOYTAS DANIEL FRANCIS ABUDAYYEH OMAR GOOTENBERG JONATHAN ZHANG FENG	2016-12-09	2016US-62432543 2017US-62567959	WO2018107103	14.06.2018	Model plant Rice (also potato, tomato, maize, wheat, sorghum, soybean, cotton, barley, rye, oats, oilseed rape)	
Technical improvements (maize, tomato, soybean)	Compositions and methods for site directed genomic modification	MONSANTO TECHNOLOGY	USA	BROWER-TOLAND BRENT KOURANOV ANDREI Y KUEHN ROSEMARIE LAWRENCE RICHARD J NAGY ERVIN D RYMARQUIS LINDA VEENA VEENA	2014-02-27	2014US-61945700 2015US-15120110 2015WO-US18104	CA2940217 WO2015131101 CN106232803 EP3110945 US2017166912 EP3110945	03.09.2015 WO	Maize, tomato, soybean (also rice, wheat, turfgrass, cotton, oilseed rape)	Yes

Art der Anwendung	Titel	Anmelder	Nationalität Anmelder	Erfinder:in	Prioritätsdatum	Prioritätsanmeldungen	Publikationsnummern	Publikationsdatum	Pflanzenart	Sequenzinformation
Plant Breeding (maize, stature/ architecture)	Genome editing-based crop engineering and production of brachytic plants	MONSANTO TECHNOLOGY	USA	BARTEN TY CARGILL EDWARD J LAMB JONATHAN C LEMKE BRYCE M RYMARQUIS LINDA A YANG DENNIS H	2016-12-22	2016US-62438370	WO2018119225	28.06.2018	Maize	Yes
Technical improvements	DNA-free genome editing and selection methods in plants	NOBLE RESEARCH INSTITUTE	USA	WANG ZENGYU CHEN MIAO	2017-01-17	2017US-62447115 2018US-15873699	US20180201944 WO2018136547	26.07.2018	Model plant Tobacco (also Arabidopsis, tomato, Medicago, rice)	
Technical improvements	Gene targeting and genetic modification of plants via RNA-guided genome editing	PENN STATE RESEARCH FOUNDATION	USA	YANG YINONG XIE KABIN	2013-05-30	2013US-61828737 2014US-14291605	WO2014194190 US2015067922	04.12.2014	(Arabidopsis, Medicago, tomato, soybean, rice, sorghum, Brachypodium)	
Technical improvements (plastid transformation)	Compositions and methods for improving plastid transformation efficiency in higher plants	RUTGERS UNIVERSITY	USA	MALIGA PAL	2017-01-09	2017US-62444307	WO2018129564	12.07.2018	Model plant Arabidopsis	Yes
Technical improvements	Targeted mutagenesis and genome engineering in plants using RNA-guided cas nucleases	TWO BLADES FOUNDATION	USA	JONES JONATHAN D G KAMOUN SOPHIEN NEKRASOV VLADIMIR	2013-05-17	2013US-61824748	WO2014186686	08.01.2015	Model plants Tobacco, tomato	
Research	Hypersensitive aba receptors	UNIVERSITY OF CALIFORNIA	USA	CUTLER SEAN NUCCIO MICHAEL L QUE QUIDENG	2014-08-26	2014US-62042095 2014US-62098025 2015WO-US47020	CA2958767 WO2016033230 EP3194427 CN107207573 BR112017003528	03.03.2016 WO	Maize, wheat	Yes

Art der Anwendung	Titel	Anmelder	Nationalität Anmelder	Erfinder:in	Prioritätsdatum	Prioritätsanmeldungen	Publikationsnummern	Publikationsdatum	Pflanzenart	Sequenzinformation
Epigenome editing	Methods and compositions for targeting RNA polymerases and non-coding RNA biogenesis to specific loci	UNIVERSITY OF CALIFORNIA	USA	JACOBSEN STEVE E GALLEGO-BARTOLOMÉ JAVIER PAPIKIAN ASHOT	2016-05-27	2016US-62342814 2017US-62450504	WO2017205837	30.11.2017	Model plant Arabidopsis	
Haploid breeding	Induction of haploid plants using baby boom1 gene	UNIVERSITY OF CALIFORNIA	USA	KHANDAY IMTIYAZ SUNDARESAN VENKATESAN	2016-11-28	2016US-62427043	WO2018098420	31.05.2018	Rice	Yes
Plant breeding (resistance to nematodes)	Negative regulator of plant immunity against nematodes	UNIVERSITY OF CALIFORNIA	USA	KALOSHIAN ISGOUHI ALVES TEIXEIRA MARCELLA	2016-11-03	2016US-62417078 2017US-15799191	US20180119168	11.08.2020 B	Tomato, rice, peanut	Yes
Technical improvements	Targeted gene activation in plants	UNIVERSITY OF CALIFORNIA	USA	JACOBSEN STEVE PAPIKIAN ASHOT	2017-01-20	2017US-62448841	WO2018136783	26.07.2018	Modelplant Arabidopsis	
Research (Abscisic acid)	Hypersensitive aba receptors having modified pp2c-binding interfaces	UNIVERSITY OF CALIFORNIA	USA	CUTLER SEAN R	2017-02-10	2017US-62457301	WO2018148558	16.08.2018	no plant application	
Technical improvements	Gene editing and transgene free mutant plants	UNIVERSITY OF CALIFORNIA	USA	ZHAO YUNDE	2017-03-07	2017US-62468301	WO2018165249	13.09.2018	Model plant Arabidopsis	
Plant breeding (photosynthesis)	Transgenic plants with increased photosynthesis efficiency and growth	UNIVERSITY OF ILLINOIS UNIVERSITY OF CALIFORNIA	USA	LONG STEPHEN P KROMDIJK JOHANNES GLOWACKA KATARZYNA NIYOGI KRISHNA K LEONELLI LAURIE GABILLY STEPHANE T	2016-05-27	2016US-62342248	WO2017205834	30.11.2017	Model plant Tobacco (also maize, rice, sorghum, wheat, cassava, eucalyptus, poplar, cowpea)	Yes

Art der Anwendung	Titel	Anmelder	Nationalität Anmelder	Erfinder:in	Prioritätsdatum	Prioritätsanmeldungen	Publikationsnummern	Publikationsdatum	Pflanzenart	Sequenzinformation
Plant breeding (yield)	Compositions and methods for enhanced plant growth and seed yield	UNIVERSITY OF MASSACHUSETTS NORTH CAROLINA STATE UNIVERSITY	USA	SCHNELL DANNY J PAULOSE BIBIN SEDEROFF HEIKE DVORA MIA	2015-10-23	2015US-62245502	WO2017091309	03.08.2017	Camelina sativa	Yes
Virus resistance	Conferring resistance to geminiviruses in plants using CRISPR/Cas systems	UNIVERSITY OF MINNESOTA	USA	HUMMEL AARON W VOYTAS DANIEL F BALTES NICHOLAS	2013-09-30	2013US-61884236 2014US-15025690 2014WO-US58188	WO2015048707 US2016237451	21.05.2015	Tobacco, tomato	Yes
Technical improvements	Engineering plant genomes using CRISPR/Cas systems	UNIVERSITY OF MINNESOTA	USA	VOYTAS DANIEL F ATKINS PAUL BALTES NICHOLAS J	2014-03-14	2013US-61790694 2014US-14211712 2014WO-US28445 2015US-14629859	CA2906747 US2014273235 WO2014144155 US2015167000 AU2014227831 BR112015022522 CN105209624 EP2970997 MX2015011985 JP2016512048 IN6312/CHENP/2015 HK1214306 BR112015022522	18.09.2014 WO	Model plants Arabidopsis, tobacco	
Plant breeding (plant crossing, hybrids)	Transgene and mutational control of sexuality in maize and related grasses	YALE UNIVERSITY RHODE ISLAND COUNCIL ON POSTSECONDARY EDUCATION	USA	DELLAPORTA STEPHEN L HAYWARD ANDREW MORENO MARIA KAUSCH ALBERT MOTTINGER JOHN	2016-08-19	2016US-62377088	WO2018034984	22.02.2018	Maize, sorghum, rice	Yes
Plant breeding (metabolic change)	Transgenic land plants comprising enhanced levels of mitochondrial transporter protein	YIELD10 BIOSCIENCE	USA	PEOPLES OLIVER SNELL KRISTI MALIK MEGHNA AMBAVARAM MADANA	2017-02-22	2017US-62462074	WO2018156686	30.08.2018	Camelina sativa, soybean, oilseed rape, rice	Yes

Art der Anwendung	Titel	Anmelder	Nationalität Anmelder	Erfinder:in	Prioritäts-datum	Prioritäts-anmeldungen	Publikations-nummern	Publikations-datum	Pflanzen-art	Sequenzin-formation
Technical improvements	Methods and compositions for targeted gene modification	CIBUS EUROPE CIBUS	USA / NETHERLANDS	BEETHAM PETER R GOCAL GREGORY F W SCHOPKE CHRISTIAN SAUER NOEL PEARCE JAMES SEGAMI ROSA E MOZORUK JERRY	2013-03-15	2013US-61801333 2014US-61953333 2014US-62051579 2014US-62075811 2014US-62075816 2014WO-US29566 2015US-14777357 2015US-62133129 2015WO-US20622 2016US-15069885	US2017051296 US9957515	01.05.2018 US B	Flax (other oilseed plants and crops)	Yes