

„... weit jenseits aller Kontrolle und Vorhersage“ Die Konvergenz von Gentechnik und KI: Risiken für die biologische Vielfalt

„... weit jenseits aller Kontrolle und Vorhersage“

Die Konvergenz von Gentechnik und KI: Risiken für die biologische Vielfalt

www.testbiotech.org | Januar 2026

Autoren: Matthias Juhas, Andreas Bauer-Panskus und Christoph Then

Wir danken der Umweltstiftung Greenpeace,
deren Unterstützung dieses Projekt ermöglicht hat.



UMWELTSTIFTUNG | GREENPEACE

Impressum

Testbiotech e.V.

Institut für unabhängige Folgenabschätzung
in der Biotechnologie

Frohschammerstr. 14

D-80807 München

Tel.: +49 (0) 89 358 992 76

info@testbiotech.org

www.testbiotech.org

Geschäftsführer: Dr. Christoph Then

Grafiken: Timo Zett

Layout: Claudia Radig-Willy

Inhaltsverzeichnis

Zusammenfassung	4
1. Einleitung	7
2. Die Konvergenz von Gentechnik und KI	8
3. KI und NGT-Pflanzen	9
4. KI und NGT-Wirbeltiere	11
5. KI, NGT-Insekten und Gene Drives	13
6. KI, gentechnisch veränderte Mikroorganismen und Viren	14
7. Spotlight: Eingriffe in die Genregulation	15
8. Risiken für die Umwelt	18
9. Patente	23
10. Die Diskussion um die Regulierung von NGT-Pflanzen in der EU	24
11. Globaler Wettstreit	26
12. Risiken eindämmen	29
Quellen	31

Zusammenfassung

Die Konvergenz von künstlicher Intelligenz (KI) und Gentechnologie bzw. Synthetischer Biologie findet in Fachkreisen derzeit viel Aufmerksamkeit. Sie verspricht nicht nur großen Nutzen, sondern birgt auch hohe Risiken. Dabei finden vor allem die Fragen von ‚Biosecurity‘, also der absichtlichen (böswilligen) Gefährdung der menschlichen Gesundheit große Beachtung. Fragen zu ‚Biosafety‘, also den Risiken für die Umwelt und die Biodiversität, bleiben bisher weitgehend unbeachtet.

Möglich wurde die Konvergenz von KI und Gentechnik v.a. durch zwei technologische Entwicklungen: Zum einen wurden in den letzten Jahrzehnten große Mengen an Genomdaten digitalisiert und in Datenbanken verfügbar gemacht. Diese riesigen Mengen an molekulargenetischen Informationen können jetzt mithilfe von KI in kurzen Zeiträumen durchsucht und als Grundlage für das Design neuer Genvarianten und Genkombinationen genutzt werden. Zum anderen wurde es durch die Werkzeuge der Neuen Gentechnik (NGT) möglich, fast jedes Gen in jeder Lebensform gentechnisch zu verändern. Hier ist insbesondere die ‚Gen-Schere‘ CRISPR/Cas zu nennen, die es ermöglicht, neue Genvarianten und Genkombinationen, die mithilfe von KI designt werden, auch experimentell zu erproben.

Was diese Konvergenz so brisant macht, ist die rasante und parallele Entwicklung der beiden Hochtechnologien. Die Geschwindigkeit der technischen Entwicklung wird dabei keineswegs alleine durch bewusste Entscheidungen gesteuert, sondern ergibt sich ganz wesentlich aus den Synergien der unterschiedlichen technischen Entwicklungen, die oft weder gewollt noch vorhersehbar sind. Im Ergebnis entstehen so vielfältige Konvergenzen und Synergien zwischen den Anwendungen der Gentechnik und der KI, die sich nur zum Teil vorhersagen oder planen lassen – und zu großen Sprüngen in der Entwicklung führen können. Diese sich selbst verstärkende Eigendynamik bewirkt gleichzeitig, dass die Möglichkeiten zur Kontrolle drastisch ins Hintertreffen geraten.

Durch machtpolitische Strategien und Rivalität zwischen den USA, China und der EU wird die Dynamik weiter befeuert. Speziell die USA und China sehen sich rund um die Konvergenz von KI und Gentechnik in einem politischen und wirtschaftlichen Wettstreit, der für technologische Überlegenheit, Wohlstand, Sicherheit und militärische Vormacht entscheidend sein soll. Aber auch die EU setzt mit neuen biotechnologischen Initiativen bis hin zur geplanten Deregulierung von NGT-Pflanzen deutliche Signale. Bedingt durch die Rivalität zwischen den geopolitischen Machtblöcken besteht die Gefahr, dass die Risiken von Freisetzungen gentechnisch veränderter Organismen aus strategischen Gründen wissentlich in Kauf genommen werden, um den Wettbewerb um KI und Gentechnik zu ‚gewinnen‘. Es ist zu befürchten, dass sich Gesetzgeber weitgehend aus ihrer Verantwortung für die Wahrung des Schutzes von Mensch und Umwelt zurückziehen und diese den freien Kräften des Marktes überlassen. Auch in der EU drohen sich libertäre Vorstellungen durchzusetzen, die einen angeblichen technischen Fortschritt zum Maß aller Dinge erklären und gerade im Bereich von KI und Biotechnologie jegliche Regulierung ablehnen.

In diesem Bericht stehen die Risiken für die Umwelt und die Biodiversität im Fokus. Gerade in disruptiven Zeiten, in denen die Welt zunehmend von Polarisierungen zwischen großen Machtblöcken geprägt ist, dürfen die Folgen technischen Handelns für die Umwelt und deren Auswirkungen für kommende Generationen nicht außer Acht gelassen werden. Die hier vorgestellten Beispiele reichen von insektengiftigem KI-Mais über Versuche, das Mammut wiederzubeleben, bis hin zu Insekten, Mikroorganismen und Viren. Zwar ist es richtig, dass sich manche dieser Veränderungen auch im Rahmen der Evolution ereignen könnten. Aber das macht sie keineswegs ‚sicher‘: die Konvergenz von KI und Gentechnik ermöglicht sehr viele dieser genetischen Veränderungen in extrem kurzen Zeiträumen. Zudem erlaubt die Neue Gentechnik

nicht nur die Nachahmung natürlicherweise vorkommender Genvarianten sondern kann weit darüber hinausgehen. Oft reichen schon wenige Veränderungen in regulatorischen Einheiten aus, um einzigartige Kombinationen von genetischen Veränderungen zu erzielen, die zuvor nicht existierten und mit konventioneller Zucht nicht erreicht werden können. Geradezu diesem Zweck wird oft auch KI eingesetzt. Zudem wird die Bandbreite der betroffenen Arten stark erweitert, bis hin zu nicht-domestizierten Arten.

In ihrer Gesamtheit ermöglicht die Neue Gentechnik einen weit größeren Eingriff in die Merkmale der Arten und ihrer Ökosysteme, als durch Züchtung und evolutive Prozesse auch nur ansatzweise zu erwarten wäre. Überspitzt gesagt: Die Gentechnik kann bei allen Arten alles gleichzeitig geschehen lassen. Dagegen realisiert sich im Laufe der Evolution nur eine bestimmte Auswahl von Eigenschaften, die sich in der Regel erst nach sehr langen Zeiträumen manifestiert und eine gegenseitige Anpassung durch Ko-Evolution ermöglicht.

Im Ergebnis haben Freisetzungen von Organismen aus Neuer Gentechnik das Potenzial, die Ökosysteme zu gefährden und zu einer neuen Ursache für das Artensterben zu werden. Deswegen ist es wichtig, dass die Risikoforschung ausgeweitet und die geltende Zulassungsverordnung entsprechend angepasst werden. Doch insbesondere bei NGT-Pflanzen droht der Gesetzgeber eine ganz andere Richtung einzuschlagen.

Die geplante Deregulierung von sogenannten NGT-I-Pflanzen würde zu deren beschleunigter Zulassung und Freisetzung in die Umwelt führen – ohne Risikobewertung, Rückverfolgbarkeit und Überwachung. Mehr als 90 Prozent aller NGT-Pflanzen würden in diese Kategorie fallen. Darunter sind schon jetzt viele gentechnisch veränderte Pflanzen, die sich in ihren Merkmalen stark von denen unterscheiden, die aus konventioneller Züchtung bekannt sind. Zu diesen Merkmalen gehören beispielsweise Veränderungen in der Zusammensetzung von Pflanzeninhaltsstoffen, verfrühter Zeitpunkt der ersten Blüte, erhöhte Fitness und Veränderungen der Wechselwirkungen zwischen Pflanzen und Mikroorganismen. Dies betrifft auch in diesem Bericht vorgestellte NGT-Pflanzen, die insektengiftig sind oder deren Blütenform an die Bestäubung durch Roboter angepasst wurde.

Betroffen sind auch Pflanzenarten, die in der Umwelt überdauern, sich vermehren und ausbreiten können. Beispiele in den Datenbanken umfassen auch einheimische Wildpflanzen wie Ackerhellerkraut, Acker-schmalwand, Alpenkresse, Borstenhirse, Glockenblumen, Enzian, Fuchsschwanz, Leindotter, Senf, Raps, Pappeln, Rutenhirse, Walderdbeeren, Weidelgras und andere mehrjährige Gräser.

Darüber hinaus würde eine Beschleunigung der Freisetzungen (einschließlich experimenteller Freisetzungen) zu einem erhöhten Risiko der Kontamination des Saatguts von Ackerpflanzen wie Mais, Reis, Soja und Weizen führen. Wie entsprechende Datenbanken zu NGT-Anwendungen zeigen, können auch Gemüsearten wie Brokkoli, Blumenkohl, Chili, Gurken, Auberginen, Salat und Tomaten von Saatgut-Kontaminationen betroffen sein.

Folgende Umweltrisiken, die von NGT-Pflanzen ausgehen, sind in der wissenschaftlichen Literatur bereits beschrieben: Auswirkungen veränderter Inhaltsstoffe auf Bestäuber, Pflanzenschädlinge und die Nahrungsnetze, erhöhtes invasives Potenzial, Schwächung natürlicher Pflanzenpopulationen, Ausbreitung von Pathogenen, Gefährdung von Ernten, Insektengiftigkeit, Veränderung der Zusammensetzung von Bodenorganismen mit unerwünschten Folgen und die Gefährdung geschützter Arten.

Die unkontrollierte Ausbreitung von NGT-Pflanzen kann dazu führen, dass neue Genvarianten über Jahre, Jahrhunderte oder sogar 'für immer' in der Umwelt fortbestehen und sich negativ auf die Nahrungsmittelproduktion, die Ökosysteme und die heimische Artenvielfalt auswirken.

6 | Die Konvergenz von Gentechnik und KI: Risiken für die biologische Vielfalt

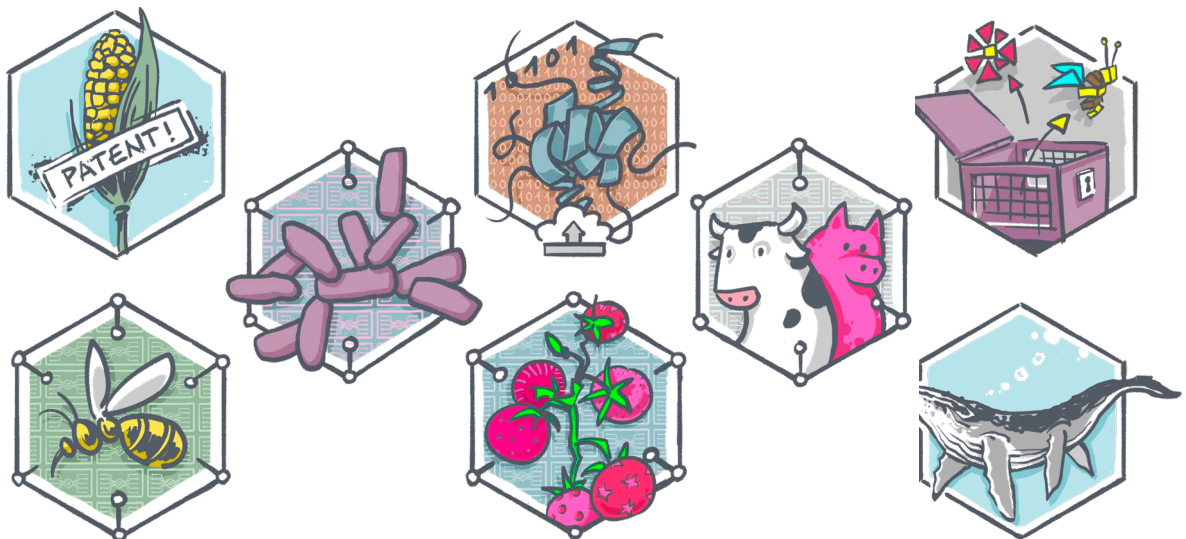
Zusammenfassung

Nach der Deregulierung von NGT-Pflanzen ist außerdem zu befürchten, dass bald darauf auch eine Abschwächung der Schutzvorschriften für NGT-Tiere und NGT-Mikroorganismen folgen könnte.

Auch missbräuchliche Anwendungen können nicht ausgeschlossen werden. Unter diesen Voraussetzungen gehen Aspekte von Biosecurity und Biosafety Hand in Hand und können nicht vollständig getrennt betrachtet werden.

Testbiotech schlägt, in Anlehnung an Veröffentlichungen und Vorschläge weiterer ExpertInnen, einen Zehn-Punkte-Plan vor, um die Risiken der Entwicklung einzudämmen:

1. Risikoforschung fördern
2. Internationale Kontrollmechanismen vereinbaren
3. Zugang zu besonders sensiblen Informationen und Werkzeugen regulieren
4. Expertise in der Zivilgesellschaft aufbauen
5. Einfluss der Industrie zurückdrängen
6. Staatliche Kapazitäten zum Schutz von Mensch und Umwelt ausbauen
7. Internationale Zusammenarbeit stärken
8. Vorsorgeprinzip stärken
9. Anreize für ethisch problematische Forschung senken
10. Technikfolgenabschätzung ausbauen



1. Einleitung



Anwendungen von künstlicher Intelligenz (KI) sind im Alltagsgebrauch angekommen, nicht nur im privaten Bereich, sondern auch in Wirtschaft und Wissenschaft. Ein Forschungszweig, in dem sich der Einsatz von KI ganz besonders auswirkt, ist die Gen- und Biotechnologie. Hier spricht man von einer (Super-)Konvergenz der Hochtechnologien, die u.a. Medizin, Tier- und Pflanzenzucht und Landwirtschaft betrifft.

Diese Konvergenz von KI und Gen- bzw. Biotechnologie findet in Fachkreisen viel Aufmerksamkeit, da sie nicht nur großen Nutzen verspricht, sondern auch ein erhebliches Risikopotenzial birgt. So schreiben die KI-Experten Suleyman und Bhaskar in ihrem Buch „The Coming Wave“ (2023, Seite 13): *„Die kommende Welle wird durch zwei zentrale Technologien bestimmt: künstliche Intelligenz (KI) und synthetische Biologie. Zusammen werden sie ein neues Zeitalter für die Menschheit einläuten und Wohlstand und Überschuss schaffen, wie es sie noch nie gegeben hat. Doch ihre rasante Verbreitung droht auch eine Vielzahl bössartiger Akteure in die Lage zu versetzen, Disruptionen, Instabilität und sogar Katastrophen unvorstellbaren Ausmaßes auszulösen.“*¹

Dabei finden vor allem Fragen zu ‚Biosecurity‘, also der absichtlichen (böswilligen) Gefährdung der menschlichen Gesundheit, Beachtung. So warnen ExpertInnen in einem Bericht der Nuclear Threat Initiative, NTI (eigene Übersetzung): *„Mithilfe von KI-gestützten biologischen Werkzeugen könnten Krankheitserreger entwickelt werden, die gefährlicher sind als die, die in der Natur vorkommen, oder die Menschen mit dem aktuellen wissenschaftlichen Kenntnisstand selbst entwickeln können – wie zum Beispiel Krankheitserreger, die virulenter sind oder sich leichter zwischen Menschen übertragen lassen. Auch wenn der Zeitrahmen noch unklar ist, könnte dieses Missbrauchsszenario in den nächsten Jahren eintreten, wenn nicht genug Schutzmaßnahmen für KIxBio [Künstliche Intelligenz kombiniert mit Biotechnologie] entwickelt werden.“*²

Speziell die USA und China sehen sich rund um die Konvergenz von KI und Gentechnik in einem politischen und wirtschaftlichen Wettstreit um technologische Überlegenheit, Wohlstand, Sicherheit und militärische Vormacht. In einem Bericht der ‚US National Security Commission on Emerging Biotechnology‘ (NSCEB, 2025) heißt es dazu dramatisch zugespitzt (eigene Übersetzung): *„Nun stehen die Vereinigten Staaten zum ersten Mal in der jüngeren Geschichte im Wettbewerb mit einem Rivalen um eine neue Form der Technik, die enormen Wohlstand schaffen wird, aber in den falschen Händen auch zur Entwicklung mächtiger Waffen genutzt werden könnte. Länder, die den Innovationswettlauf gewinnen, gewinnen in der Regel auch tatsächliche Kriege. (...)“*

Chinas jüngste Erfolge in zentralen Bereichen der Biotechnologie, darunter KI-gestützte Plattformen für die Arzneimittelforschung und die biologische Fertigung, deuten darauf hin, dass sie uns bald überholen könnten. Und wenn das geschieht, werden die Vereinigten Staaten möglicherweise nie wieder aufholen können. In früheren Generationen hatten wir vielleicht Jahrzehnte Zeit, um unseren Vorsprung zu halten, aber jetzt beträgt das Zeitfenster zum Handeln nur noch wenige Jahre.“

Im hier vorliegenden Bericht stehen die Risiken für die Umwelt und die Biodiversität (= Biosafety) im Fokus, die in der Diskussion bisher wenig Beachtung finden. Im Bereich technischer Innovationen ist allgemein anerkannt, dass diese auch mit zerstörerischen (disruptiven) Auswirkungen auf das Bestehende einhergehen. Im Bereich der Gentechnik bedeutet das aber, dass diese zerstörerischen Auswirkungen unsere natürlichen Lebensgrundlagen betreffen können. Deswegen muss dem Schutz der Lebensgrundlagen und der heimischen Artenvielfalt eine hohe Priorität eingeräumt werden.

¹ Synthetische Biologie ist hier ein Synonym für verschiedene Anwendungen von Gen- und Biotechnologie.

² <https://www.nti.org/analysis/articles/statement-on-biosecurity-risks-at-the-convergence-of-ai-and-the-life-sciences>

2. Die Konvergenz von Gentechnik und KI

Eine wichtige Voraussetzung für Synergien zwischen Gen- bzw. Biotechnologie und künstlicher Intelligenz ist die umfangreiche Digitalisierung von Genomdaten. Diese sind mittlerweile in großen Datenbanken verfügbar und umfassen die vollständige Sequenzierung der Genome vieler Arten, ebenso wie umfangreiche Daten zu Proteinen und anderen biologisch aktiven Molekülen bzw. Stoffwechselprodukten. In diesem Zusammenhang werden auch sogenannte Pangenom-Datenbanken erstellt, in denen alle bekannten Genvarianten innerhalb einer Art und zum Teil auch von verwandten Arten gespeichert werden. Einige dieser Datenbanken enthalten auch Informationen über die jeweiligen Mikrobiome (also die mit Pflanzen und Tieren assoziierten Mikroorganismen), die einen Einfluss auf deren Gesundheit, Reaktionen auf Stressfaktoren und Ertrag haben (siehe z.B. Liu et al., 2025). Und diese Digitalisierung der belebten Natur ist längst nicht abgeschlossen. So schlägt die *US National Security Commission on Emerging Biotechnology* beispielsweise vor, die digitale Erfassung der biologischen Vielfalt in den Nationalparks bis hin zu privaten Gärten zu einem Schwerpunkt künftiger Forschungsprojekte zu machen (NSCEB, 2025).

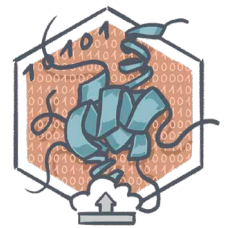


Mithilfe von KI ist es möglich, die riesigen Mengen an molekulargenetischen Informationen in kurzen Zeiträumen zu durchsuchen und als Grundlage für das Design neuer Genvarianten und Genkombinationen zu nutzen (generative KI).

Eine weitere wesentliche Voraussetzung für die Nutzung von generativer KI im Rahmen der Gentechnik sind neue Werkzeuge, die es erlauben, fast jedes Gen in jeder Lebensform gentechnisch zu verändern. Hier ist insbesondere die ‚Gen-Schere‘ CRISPR/Cas zu nennen, die es ermöglicht, neue Genvarianten und Genkombinationen, die mithilfe von KI designt werden, auch experimentell zu erproben.

Einen detaillierten Überblick über die parallele Entwicklung von KI und Neuer Gentechnik (NGT bzw. Genome Editing) geben Li et al. (2025). Nach ihrer Darstellung kumulierten die Technologien erstmals 2013 in der Entwicklung von speziellen Gen-Scheren. Es folgte eine Fülle von speziellen KI-Algorithmen und -Plattformen, mit denen u.a. bestimmte Gene lokalisiert, regulatorische Elemente identifiziert, bestimmte Genvarianten entdeckt, sowie die Folgen gentechnischer Eingriffe und die Kombination mehrerer Genveränderungen vorhergesagt werden können.

Das bekannteste Beispiel für die Konvergenz von Biotechnologie und KI ist das Programm ‚AlphaFold‘, das von DeepMind (Google) entwickelt wurde. Dieses Programm kann erstmals die dreidimensionale Struktur von Proteinen vorhergesagen, auch wenn dazu noch keine experimentellen Daten vorliegen. Damit wird ein jahrzehntealtes Problem in der Forschung teilweise gelöst: Zwar kann aus Genomdaten die Abfolge von Aminosäuren abgeleitet werden, die die Grundlage für die Synthese der Proteine sind. Doch die komplexe Faltung der Proteine, also ihre tatsächliche dreidimensionale Struktur, konnte daraus bislang nicht vorhergesagt werden. Mit ‚AlphaFold‘ ist das jetzt möglich. Die Software bietet damit auch eine Grundlage für viele kommerzielle Anwendungen, darunter auch die Entwicklung neuer Enzyme für Gen-Scheren (Fei et al., 2025).



2025 gelang es zum ersten Mal, funktionsfähige Viren mithilfe von KI herzustellen (King et al., 2025). Mit den Versuchen wurde gezeigt, dass KI dazu genutzt werden kann, funktionsfähige Virusformen zu designen, die so bisher nicht in der Natur vorkommen. Die KIs wurden mit DNA existierender Bakteriophagen so trainiert, dass auch komplexe Interaktionen zwischen Genen und deren Regulation berücksichtigt wurden. Mithilfe von KI können also ganze biologische Systeme resynthetisiert werden und neuartige Eigenschaften entstehen.



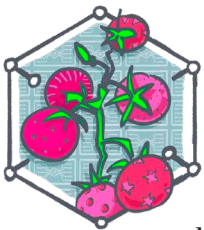
Was die Konvergenz so brisant macht, ist die rasante Entwicklung innerhalb der beiden Hochtechnologien.

Deren Geschwindigkeit und Richtung wird keineswegs alleine durch bewusste Entscheidungen gesteuert, sondern ergibt sich ganz wesentlich aus den Synergien der unterschiedlichen technischen Entwicklungen, die oft weder gewollt noch vorhersehbar sind. So war zum Zeitpunkt, als zum ersten Mal Genomdaten in großem Umfang digitalisiert wurden, noch nicht wirklich absehbar, dass diese Daten irgendwann einmal mit spezialisierten Programmen generativer KI verwertet werden können, um daraus bspw. neue gentechnisch veränderte Organismen zu designen. Und auch ein anderes Beispiel wurde bereits genannt: KI kann nicht nur dazu verwendet werden, um Aufbau und Funktionsweise existierender Proteine zu analysieren, sondern auch, um neue Enzyme wie bspw. noch effektivere Gen-Scheren zu entwickeln (Fei et al., 2025).

Welches große Potenzial insbesondere generative KI hat, große Teile der Arbeitsabläufe bei der Anwendung der Neuen Gentechnik zu automatisieren, zeigt CRISPR-GPT, das von mehreren US-Universitäten und Google DeepMind entwickelt wurde (Qu et al., 2025). Dieser ‚Large-language-model‘-Agent soll bei der Auswahl von Zielgenen und geeigneten CRISPR/Cas-Varianten helfen und eine verbesserte Zielgenauigkeit ermöglichen. Außerdem macht er Vorhersagen über mögliche Nebenwirkungen und fertigt die entsprechenden Versuchsprotokolle an.

Im Ergebnis entstehen so vielfältige Konvergenzen und Synergien zwischen den Anwendungen der Gentechnik und KI, die sich nur zum Teil vorhersagen oder planen lassen – und zu großen Sprüngen in der Entwicklung führen können. Gleichzeitig bewirkt diese enorme Dynamik aber auch, dass die Möglichkeiten zur Kontrolle dieser Entwicklung aktuell drastisch ins Hintertreffen geraten.

3. KI und NGT-Pflanzen



Die rasante technische Entwicklung führt zu vollmundigen Ankündigungen auch im Bereich der Pflanzenzucht. Hohe Erwartungen werden geschürt, die Rede ist bspw. von einer ‚AI-Driven Revolution in Designed Plant Breeding‘ (eigene Übersetzung): *„Die Zukunft der Pflanzenzüchtung entwickelt sich in Richtung größerer Präzision, Effizienz und Nachhaltigkeit. Züchtung 5.0 steht für die Speerspitze der zukünftigen Pflanzenzüchtung und revolutioniert diesen Bereich durch innovative Technologien und Methoden wie Genom-Editierung, künstliche Intelligenz und Big-Data-Analyse, die die Integration und Bearbeitung genetischer Informationen ermöglichen. Dies wird revolutionäre Veränderungen für die globale Landwirtschaft mit sich bringen, die Produktivität der Lebensmittelproduktion steigern, die Lebensmittelqualität verbessern und die Widerstandsfähigkeit gegenüber dem Klimawandel fördern.“* (Fang, 2024).

Dabei geht es vielfach um die Optimierung gentechnischer Anwendungen, die Auswahl von Zielgenen sowie um bessere Vorhersagen der veränderten Eigenschaften auf Grundlage genomischer Daten – auch im Rahmen der konventionellen Zucht (Feng et al., 2024; Farooq et al., 2024; Chen et al., 2025).

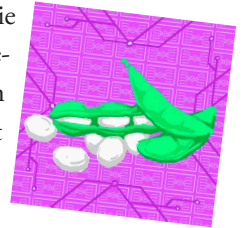
KI wird bei der Planung von Gentechnik-Experimenten an Pflanzen inzwischen oft routinemäßig eingesetzt. Allerdings gibt es bisher nur wenige Beispiele für NGT-Pflanzen, bei deren Entwicklung die KI eine entscheidende Rolle spielte. Ein Beispiel dafür sind Pappeln, bei denen verschiedene Genkombinationen im Hinblick auf den Ligningehalt des Holzes durch einen KI-Algorithmus bewertet wurden. Dabei wurden aus rund 70.000 möglichen Strategien für die mehrfache Veränderung von 21 Genen des Ligninstoffwechsels sieben Strategien ausgewählt, die zur gentechnischen Veränderung von bis zu sechs Genen führte. Mithilfe von CRISPR/Cas und KI wurden so 163 (verschiedene) NGT-Pappeln mit sehr niedrigem Ligningehalt erzeugt, die sich besser für die Holzverarbeitung eignen sollen (Sulis et al., 2023).

Ein anderes Beispiel ist herbizidresistenter Reis, bei dessen Herstellung KI eingesetzt wurde, um die Übertragung



besonders langer Genabschnitte zu erleichtern. Die KI soll helfen, derartige Insertionen effektiver und ohne ungewollte Nebeneffekte vorzunehmen (Sun et al., 2025).

Neben Programmen, die auf das Genom der Pflanzen abzielen, gibt es auch Algorithmen, die Interaktionen von Pflanzen mit ihrer Umwelt besser abschätzbar machen sollen. So bieten bestimmte Versionen von ‚AlphaFold‘ auch Möglichkeiten, die Wechselwirkungen zwischen Pflanzen und Pathogenen auf der Grundlage von molekularen Strukturen vorherzusagen (Homma et al., 2023; Homma et al., 2024; Veeraganti Naveen Prakash et al., 2024). ‚AlphaFold‘ kann auch dazu verwendet werden, die Funktion von Proteinen in Pflanzen zu verändern, beispielsweise um den Ölgehalt in NGT-Sojabohnen zu beeinflussen (Wang et al., 2025a).



In einer Publikation chinesischer WissenschaftlerInnen (Xie et al., 2025) wird gezeigt, dass die Blütenarchitektur von Tomaten und Soja durch NGTs so verändert werden kann, dass eine Bestäubung durch Roboter möglich wird. Tomaten und Sojabohnen haben Blüten, die eine Bestäubung durch Fremdbestäubung kaum zulassen, sodass Selbstbestäubung die Regel ist. Das Ziel der NGT-Forschung war es, den Aufbau der Blüten so zu verändern, dass zum Zwecke der Züchtung eine Fremdbestäubung möglich wird. Die Blüten wurden so manipuliert, dass der weibliche Stempel freigelegt wird und die männlichen Staubblätter (die Pollen produzieren) steril werden. Diese Veränderung der Morphologie der Blüten soll sie für eine schnelle Bestäubung durch Roboter zugänglich machen, die wiederum mit künstlicher Intelligenz trainiert werden.

Möglich wurde dies durch Veränderungen von DNA-Sequenzen, die die Entwicklung der Blüten steuern. Zur Auswahl der Zielsequenzen wurden spezielle Datenprogramme genutzt, danach wurden mehrere Deletionen und Inversionen mit Hilfe von CRISPR Enzymen vorgenommen. Die Gesamtzahl der Veränderungen wurde auf einem niedrigen Niveau gehalten (unterhalb des im Annex I des Deregulierungsvorschlags erlaubten Schwellenwerts von 20). Der resultierende Genotyp und Phänotyp ist bei diesen Pflanzenarten bisher unbekannt. Hervorstehende Stempel bzw. Narben kommen auch bei wilden Verwandten der Tomate vor. Diese Merkmale werden jedoch durch andere Genvarianten verursacht und sehen auch anders aus. Daher müssen diese Pflanzen als ‚neu für die Umwelt‘ betrachtet werden. Die NGT-Pflanzen könnten in erster Linie in der Pflanzenzüchtung in Gewächshäusern verwendet werden, sie wurden jedoch auch bereits im Freiland getestet.

Unter anderem in China wird der Einsatz von KI und Gentechnik in der Pflanzenzüchtung systematisch gefördert. Dort wurden mehrere ‚Multiomics‘-Datenbanken – also Daten zu DNA (Genom), RNA (Transkriptom), Proteinen (Proteom) und Stoffwechselprodukten (Metabolom) – für verschiedene Pflanzen wie Mais, Salat, Soja und Kürbisse entwickelt, die systematisch erweitert werden (Zhang, 2025). Diese Daten ermöglichen die Identifizierung von Genfunktionen und -netzwerken, die an wichtigen Pflanzeigenschaften beteiligt sind. Zudem werden in Feldversuchen systematisch Daten über Interaktionen mit der Umwelt erhoben.

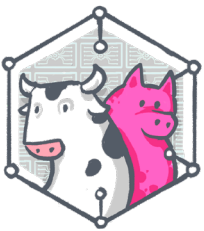
In einem Beitrag über die Zukunft der Maiszüchtung, an dem neben chinesischen auch europäische und US-amerikanische WissenschaftlerInnen beteiligt waren (Liu et al., 2025), wird die Zukunft des ‚intelligenten Mais‘ beschworen. Bei dessen Produktion sollen generative KI und Gentechnik kombiniert werden. Dazu sollen Datenbanken mit Informationen verwandter Arten (Pangenom) und beteiligter Mikrobiome (Hologenom) ausgewertet und nutzbar gemacht werden. Die ForscherInnen behaupten (eigene Übersetzung): *„Durch die Integration dieser beiden Komponenten – präzise Vorhersagen von Merkmalen direkt aus Genomdaten und präzises molekulares Design mit gezielten Ergebnissen – wird die intelligente Züchtung noch praktikabler werden, was zu einem ganzheitlichen, datengestützten und vorausschauenden Ansatz führen wird. Während systembasierte Ansätze die Grundlage für das Verständnis biologischer Komplexität geschaffen haben, integriert das Zeitalter des intelligenten Designs KI- und molekulare Designtechnologien, um die Präzision der Züchtung zu beschleunigen*

und zu verbessern. Wir gehen davon aus, dass die intelligente Maiszüchtung, die diese Fortschritte integriert, in den kommenden Jahrzehnten zu einem schnellen, präzisen und programmierbaren Modell werden wird.“

Die Entwicklung in der Pflanzenzucht wird aus dieser Perspektive längst nicht mehr alleine durch den Zugriff auf genetische Ressourcen, Züchtung und Biotechnologie definiert, sondern durch deren Kombination mit spezifischen KI-Programmen. Eine Gefahr dabei ist, dass traditionelle Methoden der klassischen Züchtung immer weiter ins Hintertreffen geraten. Nicht weil sie tatsächlich weniger effektiv bei der Züchtung neuer Sorten sind, sondern weil sich das Umfeld der Züchtung unter dem Einfluss finanzieller Interessen verändert, die mit Big Data, Hightech, Großkapital und auch staatlichen Interessen einhergehen. Dies kann den Wettbewerb in der Pflanzenzüchtung erheblich verzerren und möglicherweise auf bestimmte technologische Pfade verengen, die nicht unbedingt die am besten geeigneten sind.

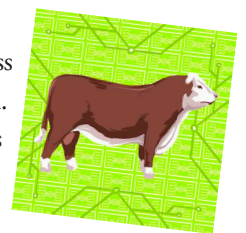
Es sollte nicht übersehen werden, dass der kombinierte Einsatz von KI und Gentechnik bisher vor allem für Firmen, Investorengruppen, Technologie-ExpertInnen und Patentanwaltskanzleien interessant ist, während wir ‚unser täglich Brot‘ der traditionellen Zucht verdanken. Alles, was diese bisherigen Methoden der Züchtung in Zukunft erschweren oder gar verhindern könnte, sollte uns alarmieren.

4. KI und NGT-Wirbeltiere



Im Vergleich zu Pflanzen sind aktuell nur wenige Publikationen zu KI und Gentechnik in der Tierzucht zu finden. Im Vordergrund stehen derzeit Programme zur Auswertung von Daten aus der konventionellen Zucht (Adebayo et al., 2024). Dabei soll insbesondere die Vorhersage von bestimmten Merkmalen auf Grundlage genomischer Daten verbessert werden. Auch hier gibt es große Datenbanken zu genetischen Informationen verschiedener Tierarten (Gao et al., 2023)³. Diese werden unter anderem zur Zucht von Rindern (Xu et al., 2025; Liu et al., 2022), Schweinen (García-Vázquez, 2024) und Geflügel (Bani Saadata et al., 2024; Li et al., 2024) oder auch in der Aquakultur bei Fischen (Li et al., 2025) und Garnelen (Nguyen et al., 2022) genutzt. Ähnlich wie bei Pflanzen sollen hier auch deren Mikrobiome miteinbezogen werden (Nguyen, 2024).

Da es zahlreiche NGT-Anwendungen an Nutztieren gibt (siehe Testbiotech, 2025a), ist zu erwarten, dass die Konvergenz von KI und Gentechnik in Zukunft auch hier noch stärker zum Tragen kommen wird. So wird in der Rinderzucht beispielsweise die Kombination bestimmter Gensegmente untersucht, was zu einem ‚ultimativen Genotypen‘ führen soll (Hayes et al., 2023). Daten für eine mögliche Veränderung der Genregulation bei Schweinen und Rindern finden besonderes Interesse (Liu et al., 2022; Teng et al., 2024). Die Universität von Edinburgh (Roslin Institute) ist an Projekten zur Rinderzucht beteiligt, die u.a. von der Gates-Stiftung gefördert werden⁴ und bei denen KI dazu eingesetzt wird, um u.a. regulatorische Genvarianten zu identifizieren, die sich auch für NGT-Anwendungen eignen könnten (Zhao et al., 2024). Dazu wurden KI-Strategien entwickelt, die sich sowohl bei Rindern als auch bei anderen Arten einsetzen lassen. Die AutorInnen schreiben (eigene Übersetzung): *„Mit der zunehmenden Verfügbarkeit hochwertiger Trainingsdaten wird erwartet, dass sich die Leistungsfähigkeit von Nutztiermodellen bei der Priorisierung neuartiger funktioneller Varianten weiter verbessert und letztlich auch fortschrittliche Züchtungsansätze optimiert werden.“*



Wohin die Reise gehen kann, zeigen Publikationen und Patentanträge der US-Firma Colossal Biosciences, die

³ Siehe auch: www.animalgenome.org/tools/SNPnmids/; <https://azifi.tz.agrar.uni-goettingen.de/agreg-snpdb/>

⁴ www.research.ed.ac.uk/en/projects/artificial-intelligence-accelerated-genomic-improvement-in-lmic-1



ausgestorbene Wirbeltiere wie Wollmammuts, Schattenwölfe, Dodos und Tasmanische Tiger wieder ‚zum Leben erwecken‘ will. Was die Firma aber tatsächlich mithilfe von Gentechnik und KI kreiert (oder kreieren will), sind gentechnisch veränderte und zumindest teilweise auch zum Patent angemeldete Tiere wie Asiatische Elefanten mit Mammuteigenschaften, Grauwölfe mit Eigenschaften des ‚Schattenwolfes‘, südamerikanische Laufvögel mit Eigenschaften des Moas und Beutelmäuse mit ‚Wollmammutfell‘. Voraussetzungen für diese Projekte sind Genomdaten und die Analyse komplexer Genomnetzwerke. Dafür nutzt Colossal nach eigenen Angaben auch KI-Programme⁵. Auch chinesische WissenschaftlerInnen betonen die Rolle, die KI bei der Wiederherstellung oder dem Re-Design des Erbguts ausgestorbener Arten spielen kann (Wang et al., 2025b). Laut deren Einschätzung soll es dabei v.a. um die Entdeckung und Veränderung regulatorischer Elemente und die De-novo-Konstruktion synthetischer DNA-Sequenzen – bis hin zu ganzen Chromosomen – auf der Grundlage von fossilem Erbgut gehen.

Was diese Experimente (abgesehen von einem Medienhype) letztlich genau erreichen können, ist unklar. In keinem Fall werden sie zur Wiederbelebung ausgestorbener Arten führen. Stattdessen handelt es sich um tiefe Eingriffe in das Genom heute existierender Arten. Oft wird dabei vor allem die Expression (Aktivität) arteigener Gene verändert, um beispielsweise Mäuse mit extrem langem Fell zu erhalten, das dem von Wollmammuts ähneln soll (Chen et al., 2025).



Die Grenzen zwischen Menschen und anderen Wirbeltieren sind aus der Sicht der Biologie, der Labortechniken und der KI-Programme oft nur graduell. Verfahren und KI-Programme, die bei Mäusen oder Grauwölfen funktionieren, könnten auch bei Menschen erprobt werden. So hat George Church, Mitbegründer von Colossal Biosciences, schon vor mehr als 10 Jahren auch über die ‚Wiederauferstehung‘ des Neandertalers nachgedacht (eigene Übersetzung): *„Eine neuere Technik, die derzeit in meinem Labor in Harvard entwickelt wird, wird es uns ermöglichen, praktisch jedes ausgestorbene Tier wieder zum Leben zu erwecken, dessen Genom bekannt ist oder aus fossilen Überresten rekonstruiert werden kann, darunter auch das Wollhaarmammut, die Wandertaube und sogar der Neandertaler. (...)“*

Die Genomsequenz sowohl des Wollhaarmammuts als auch des Neandertalers wurde weitgehend rekonstruiert; die genetischen Informationen, die diese Tiere definieren, existieren, sind bekannt und in Computerdatenbanken gespeichert.“ (Church & Regis, 2012).

Auch umgekehrt gilt: KI-Programme, die für den medizinischen Einsatz entwickelt wurden, wie etwa zur Auswertung regulatorischer DNA-Sequenzen, lassen sich bspw. auch für die gentechnische Veränderung anderer Wirbeltiere nutzen (Gosai et al., 2023; Teng et al., 2024).



⁵ <https://colossal.com/colossals-dire-wolf-and-woolly-mammoth-project-leverages-ai-to-advance-species-revival/>

5. KI, NGT-Insekten und Gene Drives

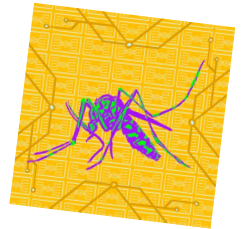


Verschiedene Datenbanken bieten inzwischen die Möglichkeit, das Erbgut zahlreicher Insektenarten zu durchsuchen, bspw. das der Taufliege (*Drosophila melanogaster*), von bestimmten Fraßinsekten (wie des Rotbraunen Reismehlkäfers, *Tribolium castaneum*) oder von Mückenarten wie der Ägyptischen Tigermücke *Aedes aegypti*. Durchsucht und bearbeitet werden diese Genomdaten mithilfe von KI-Programmen, um

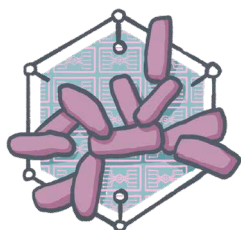
- Zielgene zu finden, die sich bei Schädlingen als Angriffspunkte für insektengiftige RNA eignen (Chen et al., 2024, Xu et al., 2024),
- regulatorische Sequenzen zu identifizieren, mit denen in die Genregulierung eingegriffen (Asma & Halfon 2021) oder gezielt die Expression bestimmter Gene verstärkt werden kann (de Almeida et al., 2024, Tashkiran et al., 2022),
- das Ergebnis des Einsatzes von CRISPR/Cas vorab abzuschätzen (Zhang et al., 2024).

KI ist auch im Spiel bei Versuchen, den Vorgang der gentechnischen Veränderung durch automatisierte Mikroinjektion von Insekten- oder Fischeiern per Robotik zu entwickeln (Alegria et al., 2024).

Für bestimmte Insektenarten werden mithilfe von Neuer Gentechnik zudem sogenannte ‚Gene Drives‘ entwickelt. NGT-Organismen mit Gene Drives könnten mit dem Ziel freigesetzt werden, natürliche Populationen direkt in der Umwelt gentechnisch zu verändern (‚Outdoor-Gentechnik‘, siehe Testbiotech, 2024; Heinemann et al., 2025). Durch die Gene Drive-Methode werden gentechnisch veränderte Organismen erzeugt, mit deren Hilfe sich die künstlichen Genkonstrukte in den nachfolgenden Generationen deutlich schneller verbreiten, als bei normaler Vererbung. Auf diese Weise sollen bspw. Mückenpopulationen, die den Malaria-Erreger übertragen oder als Schädlinge in der Landwirtschaft gelten, ausgerottet oder in ihren Eigenschaften entsprechend verändert werden. Gene Drives wurden auch für Nagetiere und Pflanzen entwickelt. In diesem Zusammenhang kann KI u.a. eingesetzt werden, um die Auswirkungen auf die Zielpopulationen abzuschätzen (Allegretti et al., 2025) oder geeignete Zielgene zu identifizieren, die mithilfe der Gene Drives verändert werden sollen (D’Amato et al., 2023; Anderson et al., 2024, Champer et al., 2021; Collier et al., 2024, Gonzales et al., 2025; Verkuil et al., 2024).



6. KI, gentechnisch veränderte Mikroorganismen und Viren



Auch wenn nur ein kleiner Teil der Mikroorganismen, die bspw. die Böden besiedeln, bekannt ist, gibt es doch große Mengen von Genomdaten in speziellen Datenbanken.⁶ Entsprechend vielfältig ist hier der mögliche Einsatz von KI-Programmen, mit denen auch Wechselwirkungen zwischen verschiedenen Spezies analysiert und ggf. neue Kombinationen designt werden können.

Hefen, Cyanobakterien sowie *Pseudomonas* und *E. coli* gehören zu den am häufigsten herangezogenen Einzellern, wenn es um den Einsatz von KI zur Veränderung durch NGTs geht (Feng et al., 2021; Dallo et al., 2025). Die Anwendungen umfassen die Erforschung von Stoffwechselnetzwerken (Miao et al., 2023), Eingriffe in die Genregulation (Seo et al., 2023; Lei et al., 2025), die Erhöhung bestimmter Stoffwechselprodukte (Su et al., 2025; Zhang et al., 2020; Fontana et al., 2023), das Ausschalten von Genfunktionen (Yu et al., 2024), das Abtöten bestimmter Bakterienpopulationen (Rottinghaus et al., 2022) und Interaktionen von Mikrobiomen im Darm (Westfall et al., 2021) oder im Wurzelbereich (García-Tomsig et al., 2021; Roghair Stroud 2024). In der US-Landwirtschaft werden NGT-Bakterien seit einigen Jahren als Düngemittel zur Verbesserung der Nährstoffaufnahme bei Nutzpflanzen kommerziell vermarktet (Wen et al., 2021; Miklau et al., 2024). Unter anderem durch den Einsatz von KI und NGTs will sich auch der Bayer-Konzern durch eine Kooperation mit Ginkgo Bioworks (unter dem Namen ‚Joyn Bio‘) in dieser ‚Biologicals‘-Branche etablieren. Sie geben an, dass sie in ihren Datenbanken mehr als 300.000 agronomisch relevante Bakterienstämme mit mehr als 2,7 Milliarden Metagenom-Datensätzen abrufen können.⁷

2025 gelang es erstmals, funktionsfähige Viren mithilfe von KI zu entwickeln (King et al., 2025). Dabei entstanden bisher unbekannte Viren-Varianten, die auf Bakterien spezialisiert sind, sogenannte Bakteriophagen. Diese KI-Viren sind in manchen ihrer Eigenschaften ihren Ausgangsformen, den Bakteriophagen Φ X174, überlegen. Im Versuch wurden nicht nur einzelne DNA-Abschnitte verändert, sondern das gesamte Erbgut neu designt.



Bakteriophagen sind dafür bekannt, dass sie Bakterien nutzen, um sich zu vermehren. Die befallenen Bakterien gehen zugrunde, dabei entsteht die nächste Generation der Viren, die dann erneut Bakterien befallen können. Manche Bakteriophagen werden deswegen als möglicher Ersatz für Antibiotika genannt, um besonders resistente Keime zu bekämpfen. Hier könnte theoretisch ein künftiger Nutzen aus den aktuellen Versuchen hervorgehen. Entscheidend ist aber, dass hier erstmals gezeigt wurde, dass KI dazu genutzt werden kann, funktionsfähige Virusformen zu designen, die so bisher nicht in der Natur vorkommen. Die KIs ‚Evo 1‘ und ‚Evo 2‘ wurden mit fast drei Millionen Genomen von existierenden Bakteriophagen so trainiert, dass auch komplexe Interaktionen zwischen Genen und deren Regulation berücksichtigt wurden. Mithilfe von KI können also ganze biologische Systeme resynthetisiert werden und mit neuartigen Eigenschaften versehen werden.

Das Erbgut von Phagen ist vergleichsweise klein, deswegen werden sie schon seit mehreren Jahren für Versuche zur Synthese ganzer Genome genutzt. Doch bisher waren diese im Hinblick auf neu designte Viren wenig erfolgreich. Unter Anleitung gelang es ‚Evo 1‘ und ‚Evo 2‘ aber, Bakteriophagen mit biologischen Eigenschaften zu kreieren, die sich von denen der Ausgangsformen unterscheiden und trotzdem funktionsfähig sind. Einige der neu designten Virusvarianten können sich nicht nur mithilfe von Bakterien erfolgreich vermehren, sondern auch Resistenzen überwinden und sich mit höherer Effektivität ausbreiten.

6 Siehe bspw.: <https://allthebacteria.org/>; <https://wdcm.org/>; <https://bacteria.ensembl.org/index.html>

7 <https://ag.ginkgo.bio/tech-ag-biologicals>;
<https://www.cropsscience.bayer.us/news-press/crop-protection/bayer-and-ginkgo-bioworks-unveil-joint-venture-joyn-bio-and-establish-operations-in-boston-and-west-sacramento>

7. Spotlight: Eingriffe in die Genregulation

Eingriffe in die Genregulation, zum Teil euphemistisch als ‚fine tuning‘ bezeichnet, haben bei NGT-Pflanzen und -Tieren aktuell Konjunktur. Tatsächlich aber können auf diese Weise drastische Veränderungen der Eigenschaften von Arten erzielt werden, die deutlich über das hinausgehen, was sonst durch konventionelle Züchtung erreichbar wäre – und das, ohne dass zusätzliche Gene eingefügt werden.

Der Ansatz, die Genregulation zu verändern, fußt auf den Erkenntnissen der Entwicklungsbiologie (Ontogenese – die Entstehung des Organismus aus einer Zelle) und den Grundlagen der Evolution (Phylogenese – die Entwicklung der Arten). Wichtig ist dabei, dass das Erscheinungsbild von Organismen und Arten keineswegs nur davon abhängt, welche Gene sie in ihrem Erbgut tragen, sondern auch davon, wie diese reguliert werden. Anschaulich gemacht werden kann das u.a. anhand der Entwicklung des menschlichen Körpers: Die Organe mit all ihren komplexen Unterschieden basieren auf denselben genetischen Grundlagen, die sich erst durch die unterschiedliche Genregulation unterschiedlich ausprägen. Ähnlich anschaulich: die Entwicklung der Wale, die in ihrem Skelett noch die rudimentären Anlagen für hintere Extremitäten zeigen. Diese Rudimente sind ein Beispiel aus der Evolution dafür, wie stark die Merkmale der Arten über die Regulation der genetischen Anlagen beeinflusst werden können.



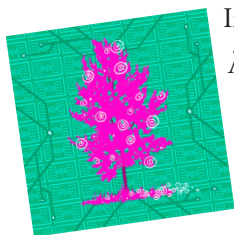
In der Genregulation zeigt sich der Einfluss der Zellen: Diese bestimmen darüber, wie die Gene abgelesen werden. Die Erkenntnisse über die aktive Rolle der Zellen als organisierende Ebene der Erbinformation sind in den letzten Jahrzehnten deutlich gewachsen (siehe z.B. Ball, 2023). Dabei spielen vielfältige genetische Veranlagungen zur Produktion biologisch aktiver Moleküle (wie RNA oder Transkriptionsfaktoren) eine entscheidende Rolle, die steuernd in die Gennetzwerke eingreifen. Andere Mechanismen der Genregulation sind nicht genetisch verankert, sondern epigenetisch: Über biochemische Mechanismen können die Zellen die Genaktivität so auch kurz- bis mittelfristig in Reaktion auf Umwelteinflüsse verändern. Nur im Zusammenspiel dieser komplexen Organisationsebenen ist ein Organismus entwicklungs- und lebensfähig.

Um diese Komplexität funktionsfähig zu erhalten, sind stabilisierende Faktoren nötig. Die Entwicklung der Arten unterliegt bestimmten Einschränkungen und wird von Mechanismen beeinflusst, die sowohl deren weitere Anpassung ermöglichen als auch den Erhalt der Artmerkmale schützen. Diese ‚flexiblen Leitplanken‘, die von der Evolution hervorgebracht wurden, können auf der Ebene der Zellen, der Organismen und der Arten beschrieben werden (siehe z.B. Lala et al., 2024). Sie sind wichtige Ergebnisse der seit über vier Milliarden Jahren stattfindenden Evolution und Ko-Evolution. Die Neue Gentechnik kann auf der molekularen Ebene viele dieser flexiblen Leitplanken überwinden und erhält daraus ihr großes Potenzial zur gentechnischen Veränderung von Organismen.

Dieses technische Potenzial wird u.a. in der medizinischen Forschung deutlich: Hier wird versucht, aus einzelnen embryonalen Stammzellen ganze Organe zu züchten, die dann für Transplantationen genutzt werden sollen. Der Schlüssel dazu ist die Manipulation der Genregulation. KI soll helfen herauszufinden, welche regulatorischen Elemente entscheidend sind und wie diese verändert werden können, so dass die Organe im Labor gezüchtet werden können. Dafür werden spezielle KI-Programme entwickelt, wie ‚CellCartographer‘ (Appleton et al., 2025) oder ‚Malinois‘ (Ventimiglia and Zelezniak, 2024; Gosai et al., 2024).

Derartige Programme könnten auch für andere Zwecke eingesetzt werden. Ein Beispiel sind die bereits erwähnten ‚Wiederauferstehungs‘-Projekte mit ‚Wollmammuts‘ oder ‚Schattenwölfen‘, bei denen neue Eigenschaften auch ohne das Einfügen zusätzlicher Gene erzielt werden können (siehe auch Wang et al., 2025b). Diese Überlappungen zwischen medizinischen Anwendungen beim Menschen und Eingriffen in das Erbgut

von Schattenwolf & Co. spiegeln sich auch auf der Ebene der beteiligten WissenschaftlerInnen: So ist der Genetiker Georg Church sowohl an der Entwicklung der KI-Programme für die medizinische Forschung (Appleton et al., 2025; Jung et al., 2021) als auch als Gründungsmitglied an Colossal Biosciences beteiligt. Interessanterweise gehört er zudem zu den UnterzeichnerInnen des eingangs erwähnten Aufrufs der Nuclear Threat Initiative zu den Risiken im Bereich Biosecurity.



Ähnlich stellt sich die Situation bei Pflanzen dar: Eine Auswertung von Pangenom-Daten bei Mais zeigte, dass die Unterschiede zwischen verschiedenen Maissorten zu großen Teilen auf die Genregulation zurückzuführen sind (Engelhorn et al., 2025). Veränderungen regulatorischer Elemente spielen folglich auch bei NGT-Pflanzen eine herausragende Rolle. Ein Beispiel ist die ‚GABA-Tomate‘: Japan erteilte 2021 weltweit die erste Zulassung für eine CRISPR-Pflanze. Die extrem hohen Werte an Gamma-Aminobuttersäure (GABA) in den Tomatenfrüchten wurde durch kleine Eingriffe in regulatorische Einheiten erreicht, die laut den AutorInnen mit Zufallsmutagenese nicht möglich waren (Nonaka et al., 2017). GABA soll schlaffördernd und blutdrucksenkend wirken. Ein weiteres Beispiel sind NGT-Pappeln, die schon nach nur vier Monaten Lebenszeit blühen können, während das normalerweise erst nach rund sieben bis zehn Jahren zu beobachten ist. Auch hier genügte kleine Eingriffe in die Genregulation der Pflanzen (Ortega et al., 2023). Ein anderes Beispiel ist NGT-Salat, bei dem der Gehalt an Vitamin C (Ascorbinsäure) so stark erhöht wurde, dass er sogar tolerant gegen Herbizide wie Paraquat wird (Zhang, et al., 2018; Testbiotech, 2025b). Auch der erwähnte insektengiftige KI-Mais und die NGT-Pflanzen, deren Blütenform an die Bestäubung durch Roboter angepasst wurde, gehören zu diesen Beispielen.

Ein Problem: In vielen Fällen wirken sich die Eingriffe in die Genregulation auf mehrere Funktionen gleichzeitig aus, die sich in ihrer Wirkung oft gegenseitig beeinflussen. Ein Beispiel sind kleine RNA-Sequenzen (Micro-RNA bzw. miRNA), die parallel in die Regulation mehrerer Genfunktionen eingreifen können, indem sie deren Genaktivität hemmen. Durch die fein abgestimmte Genregulation in den Zellen bewirkt die Hemmung bestimmter Gene oft auch die Überaktivität anderer Gene.

Die miRNA MiR529a im Reis ist bspw. an der Regulierung von fünf Transkriptionsfaktoren (Proteine, die ihrerseits die Genaktivität beeinflussen) beteiligt, die Einfluss auf Wuchshöhe, Architektur der Pflanzen, sowie Anzahl und Größe der Körner haben (Yan, et al., 2021). Vielversprechend erscheint daher die gentechnische Veränderung dieser miRNA, deren Funktion durch die bisherigen Methoden der Züchtung kaum zu beeinflussen ist. Doch weil diese kleinen Moleküle an so vielen und für die Pflanzen lebenswichtigen Prozessen beteiligt sind, werden bei gentechnischen Eingriffen oft schwere Nebenwirkungen beobachtet (siehe auch Yadav et al., 2023).



Aufgrund der Komplexität der sich gegenseitig beeinflussenden Netzwerke erhofft man sich Unterstützung von der KI: Es gibt bereits eine Fülle von KI-Programmen, um regulatorische Einheiten zu identifizieren und ein Design für deren gezielte Veränderung zu entwerfen. Neben den erwähnten KI-Programmen aus der medizinischen Forschung (‚Malinois‘, Gosai et al., 2023 und 2024; ‚CellCartographer‘, Appleton et al., 2025), gibt es Entsprechendes auch für Pflanzen (z.B. ‚FloraBert‘, Levy et al., 2022), Insekten (z.B. ‚REDfly/SCRMshaw‘, Asma & Halfon, 2021) und Mikroorganismen (z.B. ‚PromoGen‘, Xia et al., 2024). Dabei lassen sich die jeweiligen Algorithmen auch artübergreifend einsetzen. Dies wird ausdrücklich in den jeweiligen Publikationen betont (eigene Übersetzungen):

- *„In diesem Artikel beschreiben und implementieren wir ein Modell namens FloraBERT, das implizit regulatorische Motive aus Promotoren in nahezu allen öffentlich zugänglichen sequenzierten Pflanzengenomen lernt“ (Levy et al., 2022)*
- *„Zusammengefasst bieten wir einen verallgemeinerbaren Ansatz, um CREs⁸ vorausschauend zu entwickeln und zeigen die erforderlichen Kenntnisse auf, um einen regulatorischen Code zu schreiben, der für den Einsatz in vivo bei allen Wirbeltieren geeignet ist“ (Gosai et al., 2023)*
- *„Wir (...) konzentrieren uns auf zwei von uns entwickelte Tools, REDfly und SCRMshaw. Diese Ressourcen können zu einer leistungsstarken Kombination zusammengefügt werden, um die Annotation von Insektenregulatoren für eine Vielzahl von Arten zu erleichtern, wobei die Genauigkeit derjenigen anderer modernster Methoden entspricht oder diese sogar übertrifft“ (Asma & Halfon, 2021)*
- *„Wir haben hier PromoGen entwickelt, eine Sammlung von Nukleotid-Sprachmodellen zur Erstellung artspezifischer funktioneller Promotoren für Dutzende von Arten, effizient in Bezug auf Daten und Parameter.“ (Xia et al., 2024)*

Für die Bewertung der Risiken von Organismen, deren Genregulation mit gentechnischen Eingriffen verändert wurde, ist wichtig zu verstehen, dass sich manche dieser Veränderung auch im Rahmen der Evolution ereignen könnten. Aber das macht sie keineswegs ‚sicher‘: die Konvergenz von KI und Gentechnik ermöglicht sehr viele dieser genetischen Veränderungen in extrem kurzen Zeiträumen. In ihrer Gesamtheit stellt dies einen weit größeren Eingriff in die Merkmale der Arten und ihre Ökosysteme dar, als durch Züchtung und evolutive Prozesse auch nur ansatzweise zu erwarten wäre. Überspitzt gesagt: Die Gentechnik kann alles gleichzeitig bei allen Arten geschehen lassen, während im Laufe der Evolution nur eine bestimmte Auswahl von Eigenschaften realisiert wird, die sich in der Regel erst nach sehr langen Zeiträumen manifestiert und eine gegenseitige Anpassung durch Ko-Evolution ermöglicht. Freigesetzte Organismen aus Neuer Gentechnik haben deswegen das Potenzial, ganze Ökosysteme durcheinanderzubringen und zu einer neuen Ursache für das Artensterben zu werden.

8 Cis-regulatorische Elemente (CRE) sind Regionen nicht-kodierender DNA, die die Transkription bzw. Expression benachbarter Gene regulieren.

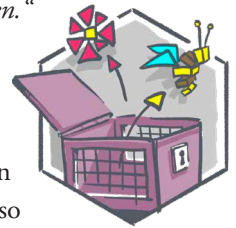
8. Risiken für die Umwelt



Vor dem Hintergrund der Konvergenz von KI und NGTs bei Pflanzen, Tieren und Mikroorganismen muss dem Vorsorgeprinzip wesentlich mehr Gewicht eingeräumt werden. Insbesondere bei NGT-Organismen, die in der Umwelt überdauern und Merkmale aufweisen, die innerhalb der Art bisher nicht vorhanden sind, geht es um langfristige Risiken, die vorab kaum spezifiziert werden können. Die Interaktionen mit der Umwelt hängen von zu vielen Faktoren ab.

Diese Sorge um die langfristigen Folgen für die biologische Vielfalt wird auch von den KI-Experten Suleyman und Bhashkar (2023, Seite 137) angesprochen: „*Neue Formen der Autonomie haben das Potenzial, eine Reihe neuartiger, schwer vorhersehbarer Effekte hervorzubringen. Prognosen darüber, wie sich maßgeschneiderte Genome verhalten werden, sind unglaublich schwierig. Wenn Forscher einmal Keimbahngene einer Spezies verändert haben, könnten sich diese Veränderungen in lebenden Wesen möglicherweise über Jahrtausende hinweg bemerkbar machen, weit jenseits aller Kontrolle und Vorhersage. Sie könnten sich über zahllose Generationen hinweg ausbreiten. Wie sie sich weiterentwickeln oder in diesen langen Zeiträumen mit anderen Veränderungen interagieren, ist zwangsläufig unklar – und entzieht sich der Kontrolle. Synthetische Organismen gewinnen buchstäblich ein Eigenleben.*“

In Bezug auf die Risiken spielt auch das Tempo der Entwicklungen eine große Rolle. Abhängig von der Entwicklungsgeschwindigkeit, der Eingriffstiefe und dem Umfang der Freisetzung von NGT-Organismen könnten Kippunkte erreicht werden, die die Nahrungsnetze und Ökosysteme erheblich stören. Ab einem bestimmten Ausmaß der Freisetzung von Organismen, die nicht im Rahmen der Ko-Evolution aneinander angepasst sind, könnten sich die Interaktionen in den Ökosystemen so stark verändern, dass das System als Ganzes erheblich beeinträchtigt wird und sich weitere negative synergetische Wechselwirkungen ergeben, die zu einem weitgehenden Zusammenbruch führen könnten. Daher bedarf es zusätzlich zur Risikoprüfung einzelner NGT-Organismen auch einer Technikfolgenabschätzung, die systemische und langfristige Risiken, die über die bestimmter Organismen hinausgehen, in den Blick nimmt.



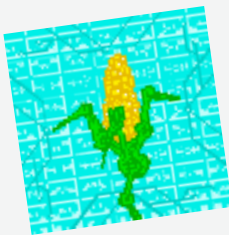
8.1. Ausgestorbene Arten



Längst nicht alle Umweltrisiken, die aus der Konvergenz von KI und Gentechnik/NGT entstehen können, sind offensichtlich bzw. überhaupt schon absehbar (sog. ‚unknown unknowns‘). In einigen Fällen liegen sie aber auf der Hand: Entkäme der ‚Schattenwolf‘ in die natürlichen Populationen der Grauwölfe, könnte er sich dort auch fortpflanzen. Da er größer und stärker ist als seine natürlichen Artgenossen, hätten er und seine Nachkommen einen Fitnessvorteil und könnten die natürlichen Populationen verdrängen. Dies hätte erhebliche Folgen – nicht nur für die geschützte Wolfsart, sondern auch für die Ökosysteme und möglicherweise die Menschen, wenn die gentechnischen Veränderungen auch zu einem veränderten Jagdverhalten führen. Auch zunächst unerwartete Folgen könnten mittelfristig auftreten. Wären die Gentechnik-Tiere z.B. anfälliger für Krankheiten, könnte sich auch dieses Merkmal zusammen mit den Wölfen ausbreiten und so zu einem zusätzlichen Risiko für den Fortbestand der Art werden. So könnten die Projekte von Colossal Biosciences genau das Gegenteil von dem erreichen, was angeblich angestrebt wird: Statt zu einer Wiederbelebung ausgestorbener Arten zu führen, würde der Fortbestand der heute existierenden Arten gefährdet.

8.2. NGT-Pflanzen

Ein anderes Beispiel, bei dem die Risiken auf der Hand liegen, ist ein insektengiftiger KI-Mais (siehe Kasten). Die hier veränderten regulatorischen Elemente sind Teil des fein abgestimmten Netzwerks von Wechselwirkungen innerhalb des Genoms und der Zellen, das es Pflanzen ermöglicht, sich gegen Schadinsekten zu verteidigen. Diese Netzwerke haben sich aus evolutionären Prozessen entwickelt und sind auch an der Reaktion der Pflanzen auf andere Umweltfaktoren beteiligt, wie dem Auftreten von Krankheitserregern oder Veränderungen des Klimas, sowie an Interaktionen mit anderen Arten, wie bspw. Bestäubern und Bodenorganismen. Diese aus evolutionären Prozessen entstandenen Wechselwirkungen können erheblich gestört werden, wenn in ihrer Genexpression ‚falsch getunte‘ Gentechnik-Pflanzen in die Umwelt gelangen. Ihre veränderten Eigenschaften könnten die aufeinander abgestimmten Ökosystemfunktionen, die Nahrungsnetze und die biologische Vielfalt dauerhaft gefährden (Juhas et al., 2025).

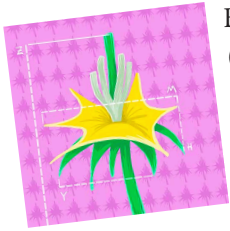


2025 wurde erstmals gezeigt, dass es mit einem öffentlich zugänglichen KI-Tool (ChatGPT 4o) möglich ist, den genetischen Bauplan für eine insektizide Maispflanze zu entwerfen, die mit Neuer Gentechnik realisierbar wäre. (Juhas et al., 2025). Insektizide Pflanzen können nicht nur für die anvisierten Schädlingsarten giftig sein, sondern auch ernsthafte Risiken für Nichtzielorganismen, die Nahrungsnetze, die Funktionen der Ökosysteme und die biologische Vielfalt darstellen. Die Anzahl der notwendigen genetischen Veränderungen ist gering (unter 20), trotzdem ist die spezielle Genkombination nicht mit den Mitteln der konventionellen Zucht erreichbar. Laut einem aktuellen Vorschlag der EU zur künftigen Regulierung von NGT-Pflanzen, müssen Pflanzen, die bekannte Insektizide produzieren (oder gegen Herbizide resistent gemacht sind), einer Umweltrisikoprüfung unterzogen werden. Es herrscht hier Einigkeit darüber, dass zumindest einige Pflanzen, obwohl sie nur geringfügige gentechnische Veränderungen aufweisen (NGT-1 Kriterien, s.u.), dennoch einer Umweltverträglichkeitsprüfung bedürfen. Übersehen wird dabei aber, dass viele andere NGT-Pflanzen, die ebenfalls nur eine geringe Anzahl gentechnischer Veränderungen aufweisen, mit erheblichen Risiken für Bestäuber und andere nützliche oder geschützte Insekten einhergehen können. Darunter sind NGT-Pflanzen mit einer veränderten Zusammensetzung ihrer Inhaltsstoffe (Koller et al., 2024) oder veränderten Blüten (Testbiotech, 2026). Laut dem vorliegenden Deregulierungsvorschlag müsste jedoch für keine dieser NGT-Pflanzen eine Umweltrisikoprüfung durchgeführt werden.

Darüber hinaus können die Pflanzengesundheit und die Ernährungssicherheit beeinträchtigt werden, wenn Pflanzen nicht mehr in der Lage sind, so auf die Umwelt zu reagieren oder mit ihr zu interagieren wie bislang. Wenn NGT-Pflanzen zum Beispiel Krankheitserregern und/oder extremeren Klimabedingungen ausgesetzt sind, schneiden die ‚falsch getunten‘ Pflanzen möglicherweise erheblich schlechter ab. Die Verstärkung bestimmter Stoffwechselkreisläufe geht oft auf Kosten anderer biologischer Funktionen und kann so zu einer Schwächung der Pflanzen führen.

Die Umweltrisiken von NGT-Pflanzen müssen deswegen auf mehreren Ebenen untersucht werden, darunter auch die Folgen für die Pflanzengesundheit, die Giftigkeit der Pflanzen und ihrer Abbauprodukte (auch nach der Ernte) für nützliche Insekten oder Würmer, für Bestäuber und das Bodenleben. Auch Tiere wie bspw.

Vögel, die Insekten fressen, welche sich von NGT-Pflanzen ernähren, müssen berücksichtigt werden (siehe Testbiotech, 2025c).



Besondere Sorgfalt erfordert die Risikoprüfung von NGT-Pflanzen, deren Blüten manipuliert wurden (Testbiotech, 2026). Dies betrifft auch die Pflanzen mit ‚Roboter-Blüten‘ (Xie et al., 2025). Bei diesen Pflanzen wurde die Architektur der Blüten durch NGTs so verändert, dass eine Bestäubung durch Roboter möglich wird. Dabei zeigten einige Blüten zwar freiliegende Stempel, sie bildeten aber gleichzeitig auch fruchtbaren Pollen aus, d.h. sie waren nicht, wie beabsichtigt, männlich steril. Derartige NGT-Pflanzen könnten sich schneller ausbreiten und leichter kreuzen. Dabei kann es durch spontanes ‚Stacking‘ auch zur gleichzeitigen Ausbildung von mehreren NGT-Eigenschaften in einer NGT-Pflanze kommen. Wenn ähnliche Forschungen mit Arten durchgeführt werden, die in der Umwelt überdauern und sich vermehren können, kann dies die Wechselwirkungen der NGT-Pflanzen mit der Umwelt erheblich verändern. Beispielsweise werden viele NGT-Anwendungen zunächst an der Modellpflanze Ackerschmalwand getestet, bevor sie bei anderen Pflanzenarten eingeführt werden. Natürlicherweise zeigt die Ackerschmalwand, ähnlich wie Tomaten, nur eine geringe Kreuzungsfähigkeit. Eine Veränderung dieser Blüheigenschaften könnte NGT-Ackerschmalwand zu einem schädlichen Unkraut oder einer invasiven Art machen. Da mit der Ackerschmalwand verwandte Arten weltweit und in verschiedenen Ökosystemen mit regionalen genomischen Variationen vorkommen (siehe beispielsweise Bastias et al., 2024), könnte dies zu weitreichenden Konsequenzen für die Umwelt führen.

Auch die bereits erwähnten Pappeln, deren Ligninkonzentration dank KI und NGTs stark reduziert wurde (Sulis et al., 2023), müssen einer Risikobewertung unterzogen werden: Es ist unklar, welche Auswirkungen diese genetischen Veränderungen auf die Interaktionen der Bäume mit anderen Arten oder ihre Reaktionen auf Umweltstress während ihrer gesamten Lebensdauer haben werden. Die aktuell vorliegenden Daten stammen von wenige Monate jungen Bäumen. Auffällig ist, dass einige der Bäume ein höheres Holzvolumen bei gleichzeitig verminderter Ligninkonzentration aufweisen. Dies ist ein Anzeichen für unbeabsichtigte Veränderungen – die hier veränderten Gene beeinflussen demnach wohl mehrere Stoffwechselkreisläufe.

Pappeln wachsen natürlicherweise in sensiblen Ökosystemen. Zu ihnen gehört auch die geschützte Schwarzpappel (*Populus nigra*). Würde den NGT-Bäumen der Sprung in diese natürlichen Populationen gelingen (durch Pollen, Samen, Stecklinge oder abgebrochene Äste), wäre deren Rückholbarkeit ein ernsthaftes Problem und u.U. unmöglich, da Pappeln Millionen von Pollen und Samen produzieren (siehe auch: FGU, 2024). Die NGT-Pappeln zeigen, ähnlich wie transgene Pflanzen, Merkmale, die über die typischen Eigenschaften der Art hinausgehen. Wie sich diese Veränderungen auf die natürlichen Populationen und deren Interaktionen mit anderen Arten über die gesamte Lebenszeit der Bäume auswirken, ist nicht verlässlich vorhersagbar. Die langfristigen Auswirkungen hängen von zu vielen Faktoren wie den Wechselwirkungen im Genom und mit der Umwelt ab.

Aus aktuellen Datenbanken geht hervor⁹, dass neben Pappeln und Ackerschmalwand auch an vielen weiteren Arten mit NGTs experimentiert wird, die in der Umwelt überdauern, sich vermehren und ausbreiten können – darunter auch andere in der EU heimische Wildpflanzen. Unter anderem sind hier Leindotter, Fuchschwanz, Senf, Raps, Ackerhellerkraut, Weidelgras, Rutenhirse und Walderdbeeren zu nennen. Andere Quellen nennen auch Alpenkresse, Apfelbäume, Borstenhirse, Glockenblumen, Enzian und Zwenken (Hodaei & Werbrouck, 2023; Raheena et al., 2025). Die unkontrollierte Ausbreitung von NGT-Pflanzen in diesen Arten

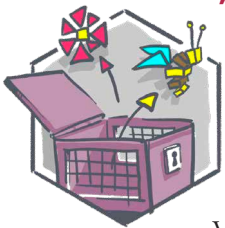
9 z.B. <https://www.eu-sage.eu/>

kann dazu führen, dass neue Genvarianten über Jahre, Jahrhunderte oder sogar ‚für immer‘ in der Umwelt fortbestehen und sich negativ auf die Nahrungsmittelproduktion, die Ökosysteme und die heimische Artenvielfalt auswirken.

Darüber hinaus sind auch dauerhafte Kontaminationen des Saatguts von (in den Datenbanken genannten) Ackerpflanzen wie Reis, Mais, Sojabohnen und Weizen wahrscheinlich. Die Kontamination von Saatgut könnte auch Gemüse wie Brokkoli, Blumenkohl, Chili, Gurken, Auberginen, Salat und Tomaten betreffen.

Folgende Umweltrisiken, die von von NGT-Pflanzen ausgehen, sind in der wissenschaftlichen Literatur bereits beschrieben: Auswirkungen veränderter Inhaltsstoffe auf Bestäuber, Pflanzenschädlinge und die Nahrungsnetze, erhöhtes invasives Potential, Schwächung natürlicher Pflanzenpopulationen, Ausbreitung von Pathogenen, Gefährdung von Ernten, Insektengiftigkeit, Veränderung der Zusammensetzung von Bodenorganismen mit unerwünschten Folgen und die Gefährdung geschützter Arten (siehe ANSES, 2024; Bohle et al., 2023; Eckersdorfer & Heissenberger, 2023, Testbiotech, 2025 und 2026; Mundorf et al., 2025; Juhas et al., 2025; Kawall 2021; Koller et al., 2024; Koller 2025; FGU 2024; FGU 2025).

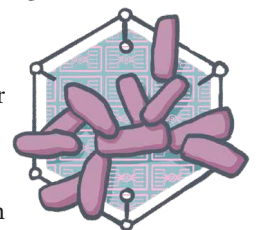
8.3. ‚Outdoor Gentechnik‘



Besonders bedenklich sind in diesem Zusammenhang Pläne, gentechnisch veränderte Organismen mit dem Ziel freizusetzen, natürliche Populationen direkt in der Umwelt gentechnisch zu verändern (‚Outdoor-Gentechnik‘, siehe Testbiotech, 2024; Heinemann et al., 2025). Zu diesem Zweck werden u.a. Gene Drives entwickelt, die es ermöglichen, dass sich die künstlichen Genkonstrukte deutlich schneller ausbreiten als bei normaler Vererbung. Ziel ist die Dezimierung, Ausrottung oder gentechnische Veränderung bestimmter Arten, die als Schädlinge gelten oder Krankheiten übertragen. Gene Drives können in natürlichen Populationen u.a. eine mutagene Kettenreaktion auslösen, die dazu führt, dass sich die betroffenen Populationen selbst ausrotten (Gantz & Bier, 2015). Mittels KI wird u.a. versucht, die Auswirkungen auf die jeweiligen Populationen besser abschätzen zu können. Doch mit oder ohne KI bleibt beim Einsatz dieser Verfahren ein erhebliches Restrisiko. Werden Gene-Drive-Organismen freigesetzt, ist es nicht unwahrscheinlich, dass nachfolgende Generationen ungewollte Eigenschaften aufweisen, die im Labor nicht zu beobachten waren (Then et al., 2020). Kommt es zu ungewollten Entwicklungen, könnte es in vielen Fällen keine ausreichenden Möglichkeiten für Kontrollen oder die Rückholung der Gentechnik-Organismen geben.

8.4. Wechselwirkungen von Bakterien und Pflanzen

Ähnlich problematisch ist die Freisetzung von gentechnisch veränderten Mikroorganismen. Auch hier mangelt es oft an verlässlichen Kriterien für eine robuste Risikoabschätzung (Mikau et al., 2024). Ein Problem ist, dass sich die Vermehrung und Ausbreitung von Mikroorganismen kaum kontrollieren lässt. So stellte sich bei Untersuchungen von transgenen Pflanzen heraus, dass sich deren Eigenschaften über Mikroorganismen teilweise auf andere Pflanzen übertragen lassen (Garcia-Pichel et al., 2025). Ausgangspunkt waren transgene Pflanzen, die über ihre Wurzeln einen Stoff ausscheiden, der vermehrt Bakterien anlocken soll, mit dem Ziel, die Zusammensetzung des Mikrobioms an den Wurzeln zu verändern und damit das Wachstum der Pflanzen zu verstärken. Überraschenderweise wiesen in der Nähe wachsende Pflanzen der gleichen Art, die nicht gentechnisch verändert waren, auch einen verbesserten Wuchs auf. Die Analyse zeigte, dass sich bei diesen Kontrollpflanzen die Zusammensetzung des Mikrobioms ebenfalls verändert hatte. Das veränderte Mikrobiom beeinflusste aber nicht nur die Nährstoffversorgung der Pflanzen, sondern gab zusätzlich auch Signalstoffe an die Pflanzen ab, die in deren Genregulation eingriffen und so den Phänotyp der



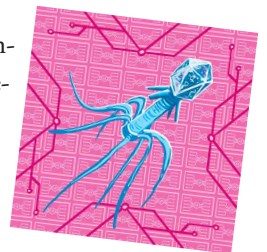
Pflanzen veränderten. Die AutorInnen (Garcia-Pichel et al., 2025) erwähnen auch das Risiko für die Umwelt (eigene Übersetzung): „Insbesondere deutet dieser Befund daraufhin, dass der Genotyp einer Pflanze die Expression des Genotyps einer anderen Pflanze erheblich verändern kann, was wichtige Überlegungen für den Einsatz transgener Pflanzen aufwirft. Konkret bedeutet dies, dass ein Teil der Vitalität transgener Pflanzen dazu verwendet werden könnte, das Wachstum benachbarter Pflanzen zu unterstützen, darunter möglicherweise auch unerwünschte Arten.“

Diese Wechselwirkung zwischen transgenen und Kontrollpflanzen hätte wohl auch eine KI kaum vorhersagen können. Generell können KI-Algorithmen nur dann verlässliche Prognosen erstellen, wenn es dafür eine ausreichende Datengrundlage gibt. So bestehen bspw., was das Verständnis von Interaktionen unter sich stetig ändernden Umweltbedingungen betrifft, für KI-Programme viele (zumindest bisher) unüberwindbare Hürden. Das kann banale Ursachen haben: Beispielsweise hat die Firma Bayer auch nach über 25 Jahren des Anbaus von insektengiftigem Gentechnik-Mais in Spanien es nicht für nötig gehalten, verlässliche Daten über die Gefährdung geschützter Insekten und die Entstehung von Resistenzen bei den Schädlingen zu liefern (EFSA, 2025). Gentechnisch veränderte Pflanzen oder Mikroorganismen, die mithilfe von KI entwickelt wurden und bspw. für landwirtschaftliche Zwecke genutzt werden sollen, sind für Mensch, Umwelt und Ernährungssicherheit gleichermaßen mit Gefahren behaftet, wenn sie vor der Freisetzung nicht ausreichend auf Risiken untersucht wurden. Dabei geht es nicht nur um die Risiken einzelner Organismen, sondern um die Entwicklung und deren Geschwindigkeit, die Vielfalt der neuen Merkmale, die Anzahl der freigesetzten Organismen und die Bandbreite der betroffenen Arten in ihrer Gesamtheit (Koller et al., 2023).

8.5. KI-Viren

Auch missbräuchliche Anwendungen können nicht ausgeschlossen werden. Unter diesen Umständen gehen Biosecurity und Biosafety Hand in Hand und können nicht vollständig getrennt betrachtet werden.

Eindeutig zu erkennen ist das Problem im Falle der bereits erwähnten KI-Viren (King et al., 2025). Zum einen können sich Bakteriophagen beständig weiterentwickeln, neue Eigenschaften erwerben und bspw. auch Bakterien abtöten, die für Menschen, Tiere oder Pflanzen lebensnotwendig sind. Zum anderen könnte das Vorgehen auf Viren angewandt werden, die gefährliche Krankheiten verbreiten. Zwar wurde in diesem Fall die KI vorsichtshalber nicht mit Daten humanpathogener Viren trainiert. Rein technisch betrachtet scheint der Ansatz aus diesen Versuchen aber ebenso auf für Menschen gefährliche Viren übertragbar. Denkbar ist auch die Schaffung völlig neuer Viren. Der Gefahr der Entwicklung böswilliger Anwendungen oder auch der militärischen Nutzung ist die Menschheit mit diesen Experimenten ein großes Stück nähergekommen.



9. Patente



Bei der Patentierung im Bereich der Gentechnik werden nicht nur Patente auf die jeweiligen Verfahren erteilt, sondern auch auf die daraus resultierenden Pflanzen, Tiere und Mikroorganismen.

Der zunehmende Einsatz der KI zum Design von Gentechnik-Organismen eröffnet jetzt eine neue, zusätzliche Dimension exklusiver Schutzrechte. Auch hier werden nicht nur die KI-Programme selbst beansprucht, sondern auch die daraus resultierenden Organismen, und das unabhängig davon, um welche konkreten Eigenschaften es geht. Ein extremes Beispiel ist ein Patentantrag des US-Unternehmens Inari, das auch an der Entwicklung der generativen KI ‚FloraBert‘ beteiligt ist. Im internationalen Patentantrag WO2023250505 wird die Nutzung von DNA-Varianten, wie sie in allen Pflanzenarten vorkommen können und die Genaktivität regulieren, beansprucht. Dabei erhebt die Firma keinen Anspruch auf ein bestimmtes Merkmal oder eine bestimmte Pflanzenart, sondern auf die Verwendung einer unbegrenzten Anzahl von DNA-Sequenzen, die für die Genregulation in Pflanzen entscheidend sind. Damit versucht die Firma, genetische Informationen, die für alle ZüchterInnen – auch für die konventionelle Züchtung – wichtig sind, zu ihrer Erfindung zu erklären. Das Patent beansprucht alle Pflanzen, die mithilfe der KI entwickelt wurden und entsprechende Gen-Sequenzen enthalten – auch dann, wenn sie nicht gentechnisch verändert, sondern mit konventionellen Verfahren gezüchtet wurden.

Die Firma Pioneer (eine Tochter von Corteva) hat ein KI-Programm zum Patent angemeldet, mit dem die Eigenschaften von Pflanzen, Tieren und Mikroorganismen gleichermaßen designt werden können (WO 2024006802). Eigentlich dient die im Patent beschriebene KI dazu, die Funktion der Gen-Scheren wie bspw. CRISPR/Cas zu optimieren. Dabei sollen die Erfolgsaussichten für die Veränderung bestimmter Gene analysiert und die Gen-Scheren entsprechend angepasst werden. Einige der Patentansprüche sind aber so formuliert, dass alleine schon der Einsatz der KI als Züchtungsmethode gelten würde. Damit könnten auch alle mit diesen Programmen ‚bearbeiteten‘ Organismen als patentierte ‚Erfindung‘ gelten.

Im Ergebnis droht ein undurchdringliches Patentedickicht: Neben den Patenten auf die jeweiligen gentechnischen Verfahren wären u.a. Saatgut oder landwirtschaftliche Nutztiere zusätzlich von Patenten auf die digitale Verarbeitung genetischer Daten betroffen. Das könnte die Vormachtstellung von großen Firmen weiter stärken. Corteva (ehem. DowDuPont) ist schon jetzt führend bei Patentanträgen auf NGT-Pflanzen. Letztlich bedroht diese Überpatentierung auch die biologische Vielfalt in den Agrarsystemen.



10. Die Diskussion um die Regulierung von NGT-Pflanzen in der EU

Freisetzungen von Organismen aus Neuer Gentechnik haben ein erhebliches Potenzial, die Ökosysteme zu gefährden und zu einer neuen Ursache für das Artensterben zu werden. Die Konvergenz von KI und Gentechnik erhöht dieses Potential drastisch. Deswegen ist es wichtig, dass die Risikoforschung und Gentechnikgesetze entsprechend ausgeweitet bzw. angepasst werden. Doch insbesondere bei NGT-Pflanzen droht der Gesetzgeber eine ganz andere Richtung einzuschlagen. Die aktuellen technischen Entwicklungen zeigen, dass der EU-Vorschlag für die künftige Regulierung von NGT-Pflanzen unzureichend und bereits wissenschaftlich überholt ist, noch bevor er in Kraft treten könnte (siehe auch Testbiotech, 2025c). Herzstück der von der EU vorgeschlagenen Deregulierung ist Annex I, in dem definiert wird, welche NGT-Pflanzen konventionellen Pflanzen gleichgestellt werden sollen.¹⁰ Darin wird ein Schwellenwert für die Anzahl der ‚erlaubten‘ genetischen Veränderungen eingeführt, wodurch die Zulassung von NGT-Pflanzen ohne Prüfung der Umweltrisiken ermöglicht werden soll. Die Pflanzen würden als sog. ‚NGT-I-Pflanzen‘ eingestuft. Nach aktuellen Schätzungen würden mehr als 90 Prozent aller NGT-Pflanzen in diese Kategorie fallen. Ausgenommen wären lediglich transgene Pflanzen sowie NGT-Pflanzen, die bekannte Insektengifte produzieren oder herbizidresistent sind.

Kurz gesagt geht es um einen ‚magischen Schwellenwert‘ von 20 Mutationen pro Chromosomensatz.¹¹ Jede einzelne dieser Mutationen kann bis zu 20 veränderte Nukleotide sowie Deletionen und Inversionen ohne Größenbeschränkung umfassen.

Die Folge wäre, dass für NGT-Pflanzen mit Veränderungen unterhalb dieses Schwellenwerts keine obligatorische Umweltrisikobewertung erforderlich wäre. Auch gäbe es keine Anforderungen an Methoden zur Rückverfolgung der Pflanzen oder zur Kennzeichnung von Lebensmitteln. Darüber hinaus würden hybride Nachkommen, die von ZüchterInnen erzeugt werden oder durch Genaustausch entstehen, keinen weiteren Bewertungs- oder Zulassungsverfahren unterliegen. In Summe ist dies eine substantielle Aufweichung der bestehenden Gentechnikgesetzgebung¹², weshalb man von einer weitreichenden Deregulierung sprechen muss.

Wie von Vogel (2025), Mundorf et al. (2025) und Juhas et al. (2025) gezeigt wurde, könnte dieser gesetzliche Rahmen von einer KI als eine Art ‚Gestaltungsspielraum‘ genutzt werden, um NGT-Pflanzen zu entwickeln, die zwar unterhalb der vorgesehenen Schwellenwerte liegen, aber gleichzeitig neue, risikobehaftete Eigenschaften aufweisen und sich deutlich von Pflanzen aus konventioneller Züchtung unterscheiden. Insbesondere durch Eingriffe in die Genregulation ist das relativ einfach. Dies zeigt auch das Beispiel des KI-Mais mit insektiziden Eigenschaften (Juhas et al., 2025) oder Tomaten und Soja mit an Roboterbestäubung angepassten Blüten (Xie et al., 2025).

Eine gesetzliche Verankerung der oben genannten Kriterien könnte so dazu führen, dass auch mithilfe von KI große Gruppen von NGT-Pflanzen mit einem breiten Spektrum an nicht bewerteten Risiken auf den Markt gebracht und in die Umwelt freigesetzt werden könnten. Zu den Risiken gehören darüber hinaus auch die unbeabsichtigten Effekte, die durch den Einsatz der NGT-Werkzeuge verursacht werden.

Schon jetzt gibt es viele Beispiele für gentechnisch veränderte Pflanzen, die als NGT-I eingestuft würden, sich aber in ihren Merkmalen stark von denen unterscheiden, die aus konventioneller Züchtung bekannt sind.

10 https://www.keine-gentechnik.de/fileadmin/user_upload/20251210Draft_agreement-NGT-VO_2023_0226_COD_.pdf

11 Pflanzen haben oft mehrere Chromosomensätze wie bspw. Weizen mit 6 bzw 8 Chromosomensätzen. Entsprechend höher ist die Anzahl der zugelassenen genetischen Veränderungen.

12 <https://eur-lex.europa.eu/eli/dir/2001/18/oj>

Wie zahlreiche wissenschaftliche Veröffentlichungen zeigen, gibt es tatsächlich keinen ‚magischen Schwellenwert‘ für die Anzahl der Mutationen, ab dem von risikofreien NGT-Effekten auszugehen ist: Insektengiftige NGT-I-Pflanzen (Juhas et al., 2025) oder Tomaten mit ‚Robotorblüten‘ (Xie et al., 2025) sind bei weitem nicht die einzigen, die als NGT-I vermarktet werden könnten und mit Umweltrisiken einhergehen. Veränderungen in der Zusammensetzung von Pflanzeninhaltsstoffen (Kawall, 2021; Koller et al., 2024), verfrühter Zeitpunkt der ersten Blüte (Ortega et al., 2023), erhöhte Fitness (Koller et al., 2024) und Veränderungen der Wechselwirkungen zwischen Pflanzen und Mikroorganismen (Yan et al., 2022) sind weitere Beispiele für NGT-I-Anwendungen, die in jedem Fall eine genaue Risikoprüfung durchlaufen müssten.

Daher wird für NGT-Pflanzen ein Regulierungskonzept ohne Schwellenwerte benötigt. Stattdessen ist ein fallspezifischer Vergleich von NGT-Pflanzen und konventionell gezüchteten Sorten auf Basis molekularer Charakterisierung erforderlich. Dieser Vergleich sollte beabsichtigte und unbeabsichtigte Veränderungen berücksichtigen. Die zukünftige Regulierung muss wissenschaftlich gut begründet sein und eine fallweise Risikobewertung, Rückverfolgbarkeit und Überwachung beinhalten, um die Zukunft der Lebensmittelproduktion und den Schutz der biologischen Vielfalt zu sichern (siehe z.B. ANSES, 2024).

Die Zustimmung zu dem vorliegenden Vorschlag würde zu einer beschleunigten Freisetzung von gentechnisch veränderten Pflanzen führen, zu denen auch einheimische Wildpflanzen wie Ackerhellerkraut, Ackerschmalwand, Alpenkresse, Borstenhirse, Glockenblumen, Enzian, Fuchsschwanz, Leindotter, Senf, Raps, Pappeln, Weidelgras, Rutenhirse, Walderdbeeren und Zwenken gehören (s.o.). Darüber hinaus würden beschleunigte (auch experimentelle) Freisetzungen die Kontamination des Saatguts von Acker- und Gemüsepflanzen wahrscheinlich machen.

Darunter sind NGT-Pflanzen

- die Risiken für die Nahrungskette und Bestäuber verursachen,
- die ein Potenzial zur Invasivität aufweisen,
- die nach einer Auskreuzung die natürlichen Populationen schwächen und
- die die Zusammensetzung von Bodenorganismen mit unerwünschten Folgen verändern können (siehe ANSES, 2024; Bohle et al., 2023; Eckerstorfer & Heissenberger, 2023, Testbiotech, 2025 und 2026; Mundorf et al., 2025; Juhas et al., 2025; Kawall, 2021; Koller et al., 2024; Koller, 2025; FGU, 2025; FGU, 2024)

Das Schadenspotenzial für Mensch und Umwelt könnte im Laufe der Zeit akkumulieren und sich ggf. dramatisch erhöhen, wenn immer mehr NGT-I-Pflanzen für den Anbau und/oder den Import in der EU zugelassen würden, ohne dass diese jemals einer Risikobewertung unterzogen worden wären. Es gäbe auch keine Möglichkeit, die genetische Stabilität der Pflanzen bei (hybriden) Nachkommen oder unter bestimmten Umweltbedingungen zu überprüfen.

Nach der Deregulierung von NGT-Pflanzen ist außerdem zu befürchten, dass bald darauf auch eine Abschwächung der Schutzvorschriften für NGT-Tiere und NGT-Mikroorganismen folgen könnte.

11. Globaler Wettstreit



Speziell die USA sehen die Konvergenz von KI und Gentechnik als von zentraler strategischer Bedeutung in Bezug auf die Rivalität mit China. Dabei thematisiert die US National Security Commission on Emerging Biotechnology (NSCEB, 2025) die Frage nach technologischer Vorherrschaft ebenso wie militärische Optionen und Befürchtungen (eigene Übersetzung):

„Wir treten in das Zeitalter der Biotechnologie ein, eine Zeit, in der die Biologie die Grundlage für Innovationen bildet. Von ertragreicheren Saatgutsorten und gezielten Krebstherapien bis hin zur Möglichkeit genetisch verbesserter Soldaten reicht der Einflussbereich der Biotechnologie weit über das Labor hinaus. Jeder strategische Sektor – darunter Verteidigung, Gesundheitswesen, Landwirtschaft, Energie und Fertigung – kann durch Biotechnologie vorangebracht, aber auch durch sie gefährdet werden. Dies sind nicht nur Fragen wissenschaftlicher Errungenschaften, sondern auch Fragen der nationalen Sicherheit, der Wirtschaftskraft und des globalen Einflusses.

Ein weiterer Rückstand würde eine globale Machtverschiebung zugunsten Chinas bedeuten und eine Reihe neuer strategischer Herausforderungen für die US-Regierung mit sich bringen:

- *Was würde es für die Weltordnung bedeuten, wenn China biologische Mittel entwickeln würde, um das menschliche Leben dramatisch zu verlängern oder die kognitiven Fähigkeiten zu verbessern?*
- *Wer wird die biologischen geistigen Eigentumsrechte (IP) kontrollieren, von nachhaltiger Energie bis hin zu fortschrittlicher Landwirtschaft, die sich im 21. Jahrhundert als ebenso wichtig erweisen könnten wie fossile Brennstoffe im 20. Jahrhundert?*
- *Welche Auswirkungen hätte es auf die globale Sicherheit, wenn ein Gegner Krankheitserreger entwickeln und gegen uns einsetzen würde?“*

Die Dringlichkeit wird mit teilweise fragwürdigen Argumenten unterstrichen und als alternativlos dargestellt: *„Unser Handlungsspielraum wird immer kleiner. Wir brauchen eine zweigleisige Strategie: Amerika muss schneller innovativ werden und China muss gebremst werden.“*

In eine ähnliche Richtung geht ein Bericht der National Academies of Sciences, Engineering, and Medicine (NASEM, 2025), der im Auftrag der NSCEB erstellt wurde (eigene Übersetzung): *„Die Empfehlungen zielen darauf ab, sicherzustellen, dass die Vereinigten Staaten weiterhin an der Spitze der biotechnologischen Innovation stehen und gleichzeitig vor den Risiken geschützt sind, die mit deren Missbrauch verbunden sind. Die Schaffung des BioCATALYST-Netzwerks ist für diese Vision von zentraler Bedeutung. Es bietet einen Entwurf für eine nationale Strategie, die die Verteidigungsfähigkeiten verbessert, Lieferketten sichert und die Vereinigten Staaten als weltweit führend in der verantwortungsvollen Entwicklung von KI-gestützten Biotechnologien positioniert.“*

Auch China sieht sich bei der Biotechnologie in einem strategischen Wettbewerb mit den USA. So vergleichen ExpertInnen, die an verschiedenen nationalen chinesischen Forschungseinrichtungen tätig sind, den Stand der Entwicklung im Bereich der Pflanzenzucht in China mit dem in den USA (Zhang et al., 2025). Auch sie betonen grundsätzliche strategische Fragen in der wirtschaftlichen Rivalität mit den USA. Dabei werden die USA im Hinblick auf Patente und konkrete Anwendungen derzeit noch im Vorteil gesehen. Diesen Status quo könnte ein nationaler Aktionsplan ändern (eigene Übersetzung): *„Basierend auf einer eingehenden Analyse des aktuellen Stands und der Herausforderungen der technologischen Entwicklung der chinesischen Saatgutindustrie schlagen wir strategische Ziele und Schlüsselaufgaben für Chinas neue Generation der KI- und Big-Data-gestützten intelligenten Züchtung vor. Diese Vorschläge zielen darauf ab, die Entwicklung eines intelligenten Züchtungssystems für Nutzpflanzen zu beschleunigen, das sich durch groß angelegtes Gen-Mining, effiziente Genmanipulation, gentechnisch veränderte Sortenentwicklung und systematisierte Biozüchtung auszeichnet. Diese Studie liefert eine theoretische Grundlage und praktische Leitlinien für die Entwicklung der Technologie der chinesischen Saatgutindustrie“*

Die Rivalitäten zwischen den USA und China haben auch Auswirkungen auf die Politik der EU. So will die Europäische Kommission mit ihrer im Juli 2025 vorgestellten Life-Sciences-Strategie weltweit führender Standort für Biotechnologie werden (Europäische Kommission, 2025). Ihrer Ansicht nach hinkt Europa derzeit weit hinterher: *„Die EU ist auf globaler Ebene einem harten Wettbewerb mit anderen Volkswirtschaften wie den USA und China ausgesetzt, wobei eine wachsende Innovationslücke und ein alarmierendes Versäumnis, Innovationen in Produkte oder Dienstleistungen umzusetzen, zu verzeichnen sind. Innovative Unternehmen haben Schwierigkeiten, in Europa zu expandieren. Auch die Lücke bei den Risikokapitalinvestitionen wird zunehmend größer. Diese negativen Trends deuten auf strukturelle Hindernisse hin, welche die Wertschöpfungsketten der Biowissenschaften in Europa beeinträchtigen. Fragmentierte Rahmenbedingungen für Forschung und Entwicklung, die begrenzte und oft verzögerte Valorisierung technologischer Durchbrüche und die unzureichende Nutzung von Daten und künstlicher Intelligenz (KI) schränken unser Potenzial ein.“* Zulassungsverfahren, wie sie derzeit für gentechnisch veränderte Organismen (GVO) gelten, werden als ein weiterer Engpass für die globale Wettbewerbsfähigkeit identifiziert: *„Selbst bei zentralisierten Ansätzen können langwierige Zulassungsverfahren im Rahmen von Rechtsvorschriften, die eine Zulassung vor dem Inverkehrbringen vorschreiben, um die Sicherheit für die menschliche Gesundheit und die Umwelt zu gewährleisten, die Markteinführung innovativer Produkte verzögern.“*

Der Ehrgeiz, im globalen Rennen um die Führung in der Biotechnologie aufzuholen, ist einer der Hauptgründe, wenn nicht der Hauptgrund, für den EU-Vorschlag zur Deregulierung von NGT-Pflanzen. Dort heißt es: *„Der Saatgutsektor der Union ist der weltweit größte Exporteur von Saatgut, und die Fähigkeit, innovative Technologien einzusetzen, ist eine Voraussetzung für die Aufrechterhaltung der Wettbewerbsfähigkeit auf dem Weltmarkt.“*¹³ Um den Handel mit Partnern wie den USA und südamerikanischen Staaten zu erleichtern, sollen in Zukunft nicht mehr einzelne Organismen auf Risiken geprüft werden, sondern Kategorien für große Gruppen von Organismen geschaffen werden, die dann pauschal beurteilt werden, bzw. sehr rasch und ohne Risikoprüfung in die Umwelt entlassen werden könnten. Ähnliche Ideen finden sich auch im Vorschlag der NSCEB (2025): Auch hier ist man der Ansicht, dass eine Einzelfallprüfung in Zukunft vermieden werden sollte, indem man einander ‚ähnliche‘ Produkte in Kategorien zusammenfasst.

Dabei kommen sachliche Argumente im Report der NSCEB zu kurz. Ein Beispiel: Gene Drives, die bei Mücken zum Einsatz kommen sollen, werden mit anderen Verfahren (ohne Gentechnik) zur Eindämmung von Mückenpopulationen auf eine Stufe gestellt. Außer Acht gelassen wird dabei, dass die Risiken von Gene Drives sehr stark davon abhängen, auf welche Weise sich diese in den natürlichen Populationen ausbreiten (siehe oben). Ein Vergleich oder gar eine Gleichsetzung mit anderen Verfahren, die dazu eingesetzt werden, Insektenpopulationen zu dezimieren, ist daher nicht möglich, da dadurch die gänzlich unterschiedlichen Risiken ausgeblendet würden.

Bedingt durch die Rivalität zwischen den geopolitischen Machtblöcken besteht die Gefahr, dass die Risiken von Freisetzungen gentechnisch veränderter Organismen aus strategischen Gründen in Kauf genommen werden, um den Wettbewerb um KI und Gentechnik zu ‚gewinnen‘. Es geht prioritär nicht um die tatsächlichen Vorteile der Organismen oder um den Schutz der Umwelt, sondern um machtpolitische Fragen, Technologiehoheit und generelle Wettbewerbs- und Profitinteressen.

Es besteht die Gefahr, dass sich Gesetzgeber weitgehend aus ihrer Verantwortung für die Wahrung des Schutzes von Mensch und Umwelt zurückziehen und diese den freien Kräften des Marktes überlassen. Auch in der EU dro-

13 <https://eur-lex.europa.eu/legal-content/DE/TXT/HTML/?uri=CELEX:52023PC0411>

hen sich libertäre Vorstellungen durchzusetzen, die einen angeblichen technischen Fortschritt zum Maß aller Dinge erklären und gerade im Bereich von KI und Biotechnologie jegliche Regulierung ablehnen. Nach Auffassung von Testbiotech muss insbesondere die EU weiterhin ihrer Verantwortung für Mensch und Umwelt gerecht werden, auch und gerade im Wettstreit mit anderen geopolitischen Machtblöcken. Ohne einen ausreichenden Schutz von Mensch und Umwelt birgt die Konvergenz von KI und Gentechnik das Risiko für eine globale Katastrophe.

2025 wurde der Nobelpreis für Wirtschaft an Philippe Aghion und Peter Howitt vergeben, die zu technischer Innovation und ‚kreativer Zerstörung‘ forschen. Im Bereich technischer Innovationen ist es also allgemein anerkannt, dass diese auch mit zerstörerischen (disruptiven) Auswirkungen auf bestehende Techniken und Wirtschaftssysteme einhergehen. Mit der Konvergenz von KI und Gentechnik, der Deregulierung der neuen Gentechnik und dem geopolitischen Wettbewerb zwischen den Machtblöcken besteht die Gefahr, dass dieses Konzept auch auf die Umwelt ausgeweitet wird. Das hätte fatale Folgen – auch und vor allem für kommende Generationen. Es darf nicht übersehen werden, dass im Bereich der Gentechnik dem Schutz der Lebensgrundlagen und der heimischen Artenvielfalt eine hohe Priorität eingeräumt werden muss. Wenn die ‚schöpferische Zerstörung‘ (ein Ausdruck des österreichischen Ökonomen Schumpeter) auf unsere Lebensgrundlagen ausgeweitet wird, zerstören wir auch unsere eigene Zukunft.

12. Risiken eindämmen



Suleyman und Bhaskar (2023) plädieren eindringlich dafür, die Risiken der Konvergenz von Gentechnik bzw. Synthetischer Biologie und KI zu kontrollieren und einzudämmen. Nur so könnten mögliche katastrophale Auswirkungen verhindert werden. Dabei müsse ein Wettlauf zwischen den Nationen möglichst vermieden werden, um auf internationaler Ebene zu tragfähigen Lösungen zu kommen. Auch in einem Editorial in der Fachzeitschrift *Nature* (2026) wird eine verstärkte globale Zusammenarbeit gefordert (eigene Übersetzung): *„KI ist potenziell eine transformative Technologie. Wir wissen jedoch nicht, wie sich dies manifestieren wird und welche Auswirkungen es haben wird. Viele Länder sind zu Recht vorsichtig und bewerten die Risiken, allerdings ist mehr Kohärenz in der Politikgestaltung erforderlich. Die Nationen sollten zusammenarbeiten, um Strategien zu entwickeln, die nicht nur die Entwicklung fördern, sondern auch Schutzmaßnahmen beinhalten. Möge 2026 das Jahr sein, in dem sich alle darauf einigen.“*^s

Suleyman und Bhaskar haben, wie viele andere ExpertInnen, vor allem die Risiken für die menschliche Gesundheit und Sicherheit (Biosecurity) im Fokus. In ihrem Buch präsentieren sie zehn Vorschläge, um die drohende Gefahr weltweit einzudämmen. Daran angelehnt stellt Testbiotech zehn Maßnahmen zur Diskussion, die insbesondere die Risiken für die Umwelt und die biologische Vielfalt (Biosafety) berücksichtigen:

1. Risikoforschung fördern

In Anwendungen von Gen- und Biotechnologien fließt sehr viel Geld. Dagegen gibt es kaum Investitionen in unabhängige Risikoforschung aus der Perspektive des Schutzes von Mensch und Umwelt. Damit fehlen WissenschaftlerInnen die notwendigen Anreize, um sich mit Forschung zur Vermeidung von Gefahren zu befassen. Das Resultat ist ein Ungleichgewicht in der Forschungslandschaft: Die Perspektive der AnwenderInnen und die Hoffnung auf potenziellen Nutzen dominieren, während die Perspektive der Schutzziele dramatisch unterrepräsentiert ist. Um diesen Mangel zu beheben, muss ein definierter Anteil der Fördermittel in Risikoforschung und Technikfolgenabschätzung investiert werden, die frei von Interessen an der Anwendung und Vermarktung sind.

2. Internationale Kontrollmechanismen vereinbaren

Insbesondere Maschinen zur künstlichen Synthese von DNA und RNA müssen zwingend Software enthalten, die die Überwachung der Synthese von pathogenem Material oder anderweitig risikobehafteter Sequenzen ermöglichen.

3. Zugang zu besonders sensiblen Informationen und Werkzeugen regulieren

Es ist erforderlich, dass der Zugang zu besonders risikobehafteten Technologien, Werkzeugen und genetischen Informationen, die für Missbrauch geeignet sind, reguliert und von geeigneten Bedingungen abhängig gemacht werden.

4. Expertise in der Zivilgesellschaft aufbauen

Empfohlen wird auch die Schaffung von Programmen für die interessierte Zivilgesellschaft („capacity building“), die einen sachkundigen und kritischen Umgang mit den wissenschaftlichen Grundlagen und damit der Technologie ermöglichen. Entsprechend geförderte Projekte müssen Nichtregierungsorganisationen auch in Eigenregie durchführen können.

5. Einfluss der Industrie zurückdrängen

Es braucht Forschungsanreize, die Nutzen für die Allgemeinheit fördern und die Entwicklung der Technologie von privatwirtschaftlichen Interessen entkoppeln. Entsprechende Forschungsprogramme sind unter Einbeziehung der Zivilgesellschaft zu erarbeiten.

6. Staatliche Kapazitäten zum Schutz von Mensch und Umwelt ausbauen

Behörden und ihre MitarbeiterInnen müssen personell, technisch und wissenschaftlich so ausgestattet sein, dass sie die aktuellen Entwicklungen bestmöglich bewerten und kontrollieren können sowie über die Kompetenzen verfügen, die Perspektive des Schutzes von Mensch und Umwelt konsequent zu vertreten.

7. Internationale Zusammenarbeit stärken

Maßnahmen zur Eindämmung einer ungehemmten Verbreitung (Proliferation) risikobehafteter Anwendungen müssen Gegenstand internationaler Verträge und Bestandteil der länderübergreifenden Zusammenarbeit von Behörden werden.

8. Vorsorgeprinzip stärken

Entscheidend ist, dass die Risiken, die mit dem Einsatz risikobehafteter Anwendungen einhergehen, offen kommuniziert werden. Sicherheitsfragen müssen fester Bestandteil von Forschungsprojekten sein. Unwägbarkeiten und Unsicherheiten bezüglich der Kontrolle oder Einschätzung von Risiken müssen dazu führen, dass risikoärmere Alternativen bevorzugt und unumkehrbare Prozesse vermieden werden. Für Projekte mit zu großen Unwägbarkeiten ist die Definition von Abbruchkriterien notwendig.

9. Anreize für ethisch problematische Forschung senken

Um ethisch problematische Anreize zu vermeiden, dürfen keine Patente auf Erfindungen erteilt werden, die den Schutz menschlicher Embryonen gefährden oder mit Experimenten an leidensfähigen Tieren einhergehen. Auch für Freisetzungen von gentechnisch veränderten Organismen, die mit hohen Risiken für die Umwelt verbunden sind, dürfen keine kommerziellen Anreize geschaffen werden. Um den Verwertungsdruck, der mit der Laufzeit von Patenten einhergeht, einzudämmen, müssen für ‚Patente auf Leben‘ besonders hohe ethische und rechtliche Hürden gelten.

10. Technikfolgenabschätzung ausbauen

Die Konvergenz von (generativer) KI und (Neuer) Gentechnik kann zu einer erheblichen Beschleunigung der aktuellen Entwicklung führen und eine neue technologische Welle mit vielfältigen Disruptionen, Instabilitäten und sogar Katastrophen auslösen. Daher bedarf es einer Technikfolgenabschätzung, die systemische und langfristige Risiken, die über jene einzelner Produkte hinausgehen, in den Blick nimmt. Auch sollten gerade im Bereich Gentechnik und Umwelt die jeweiligen Anwendungen auf Nützlichkeit und Notwendigkeit geprüft werden. Die Fähigkeiten und Möglichkeiten der Gesellschaft, die langfristigen Folgen von neuen Risikotechnologien vorherzusagen, müssen verbessert werden.

Quellen

- Adebayo O.M., Popoola M.A., Kuusu D.J.** (2024) Application of bioinformatics in animal breeding and genetics: A review. *Adv Anim Genet.* 12(2):205-218. <https://doi.org/10.1109/SEB4SDG60871.2024.10629845>.
- Alegria A.D., Joshi A.S., Mendana J.B., Khosla K., Smith K.T., Auch B., Donovan M., Bischof J, Gohl D.M., Kodandaramaiah S.B.** (2024) High-throughput genetic manipulation of multicellular organisms using a machine-vision guided embryonic microinjection robot. *Genetics.* 226(4):iyae025. <https://doi.org/10.1093/genetics/iyae025>.
- Allegretti Y.H., Sun W., Champer J.** (2025) A simulation-based deep learning framework for spatially explicit malaria modeling of CRISPR suppression gene drive mosquitoes, *bioRxiv*. <https://doi.org/10.1101/2025.03.10.642387>.
- Anderson M.A.E., Gonzalez E., Edgington M.P., Ang J.X.D., Purusothaman D.K., Shackelford L., Nevard K., Verkuijl S.A.N., Harvey-Samuel T., Leftwich P.T., Esvelt K., Alphey L.** (2024) A multiplexed, confinable CRISPR/Cas9 gene drive can propagate in caged *Aedes aegypti* populations. *Nat Commun.* 15(1):729. <https://doi.org/10.1038/s41467-024-44956-2>.
- ANSES** (2024) Risques et enjeux socio-économiques liés aux plantes NTG, Avis de l'Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation, de l'environnement et du travail relatif aux méthodes d'évaluation des risques sanitaires et environnementaux et des enjeux socio-économiques associés aux plantes obtenues au moyen de certaines nouvelles techniques génomiques (NTG) (Saisine n° 2021-SA-0019). Maisons-Alfort : Anses, 324 p, <https://www.anses.fr/fr/system/files/BIORISK2021SA0019Ra.pdf>
- Appleton E., Tao J., Liu S., Glass C., Fonseca G., Church G.** (2025) Machine-guided cell-fate engineering. *Cell Rep.* 44(6):115726. <https://doi.org/10.1016/j.celrep.2025.115726>.
- Asma H. & Halfon, M.S.** (2021) Annotating the Insect Regulatory Genome. *Insects* 12(7), 591. <https://doi.org/10.3390/insects12070591>.
- Ball P.** (2023) *How Life Works*, Picador
- Bani Saadata H., Vaez Torshizi R., Manafiazar G., Masoudi A.A., Shahinfar S.** (2024) Comparing machine learning algorithms and linear models for detecting significant SNPs for genomic evaluation of growth traits in F2 chickens. *Sci Rep.* 14:2828. <https://doi.org/10.1038/s41598-024-53166-1>.
- Bastias C.C., Estarague A., Vile D., Gaignon E., Lee C.R., Exposito-Alonso M., Violle C., Vasseur F.** (2024) Ecological trade-offs drive phenotypic and genetic differentiation of *Arabidopsis thaliana* in Europe. *Nat Commun.* 15(1):5185. <https://doi.org/10.1038/s41467-024-49267-0>.
- Bohle F., Schneider R., Mundorf J., Zühl L., Simon S., and Engelhard M.** (2024) Where does the EU-path on new genomic techniques lead us?. *Front Genome Ed.* 6: 1377117. <https://doi.org/10.3389/fgeed.2024.1377117>.
- Champer S.E., Oakes N., Sharma R., García-Díaz P., Champer J., Messer P.W.** (2021) Modeling CRISPR gene drives for suppression of invasive rodents using a supervised machine learning framework. *PLoS Comput Biol* 17(12): e1009660. <https://doi.org/10.1371/journal.pcbi.1009660>.
- Cheng H., Xu L., Jia C.** (2024) Characterization of double-stranded RNA and its silencing efficiency for insects using hybrid deep-learning framework. *Brief Funct Genomics.* 23(6):858-865. <https://doi.org/10.1093/bfpg/ela027>.
- Chen G., Hao F., Sun X.** (2025) Artificial intelligence-driven gene editing and crop breeding: Technological innovations and application prospects, *Advances in Resources Research* 5(1):235-254. https://doi.org/10.50908/arr.5.1_235.
- Chen R., Srirattana K., Coquelin M.L., Vilar Sampaio R., Wilson R., Ganji R., Weston J., Ledesma A., Beebe J., Sullivan J., Qin Y., Chao C., Papizan J., Mastracci A., Bhide K., Mathews J., Oglesby R., Menon, M., van der Valk T., Bow A., Cantarel B.L. James M., Kehler J., Dalén L., Lamm B., Church G.M., Shapiro B., Abrams M.E.** (2025) Multiplex-edited mice recapitulate woolly mammoth hair phenotypes, *bioRxiv*. <https://doi.org/10.1101/2025.03.03.641227>.

- Church G. & Regis E.** (2012) *Regenesi*, how synthetic biology will reinvent nature and ourselves. Basis Books, New York.
- Collier T.C., Lee Y., Mathias D.K., López Del Amo V.** (2024) CRISPR-Cas9 and Cas12a target site richness reflects genomic diversity in natural populations of *Anopheles gambiae* and *Aedes aegypti* mosquitoes. *BMC Genomics*. 25(1):700. <https://doi.org/10.1186/s12864-024-10597-4>.
- Dallo T., Krishnakumar R., Kolker S.D., Ruffing A.M.** (2023) High-Density Guide RNA Tiling and Machine Learning for Designing CRISPR Interference in *Synechococcus* sp. PCC 7002. *ACS Synth Biol*. 12(4):1175-1186. <https://doi.org/10.1021/acssynbio.2c00653>.
- D'Amato R., Taxiarchi C., Galardini M., Trusso A., Minuz R.L., Grilli S., Somerville A.G.T., Shittu D., Khalil A.S., Galizi R., Crisanti A., Simoni A., Müller R.** (2024) Anti-CRISPR *Anopheles* mosquitoes inhibit gene drive spread under challenging behavioural conditions in large cages. *Nat Commun*. 15(1):952. <https://doi.org/10.1038/s41467-024-44907-x>.
- de Almeida B.P., Schaub C., Pagani M., Secchia S., Furlong E.E.M., Stark A.** (2024) Targeted design of synthetic enhancers for selected tissues in the *Drosophila* embryo. *Nature* 626, 207-211. <https://doi.org/10.1038/s41586-023-06905-9>.
- Eckerstorfer M. & Heissenberger A.** (2023) *New Genetic Engineering - Possible Unintended Effects*. Verlag Arbeiterkammer Wien. <https://emedien.arbeiterkammer.at/resolver?urn=urn:nbn:at:at-akw:g-6550206>
- EFSA, European Food Safety Authority** (2025) Assessment of the 2023 post-market environmental monitoring report on the cultivation of genetically modified maize MON 810 in the EU, *EFSA Journal*, 23(8), e9613. <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2025.9613>.
- Engelhorn J., Snodgrass S.J., Kok A., Seetharam A.S., Schneider M., Kiwit T., Singh A., Banf M., Doan D.T.H., Khaipho-Burch M., Runcie D.E., Sánchez-Camargo V.A., Bader R., Vladimir Torres-Rodriguez J., Sun G., Stam M., Fiorani F., Beier S., Schnable J.C., Bass H.W., Hufford M.B., Stich B., Frommer W.B., Ross-Ibarra J., Hartwig T.** (2025) Genetic variation at transcription factor binding sites largely explains phenotypic heritability in maize. *Nat Genet* 57, 2313-2322. <https://doi.org/10.1038/s41588-025-02246-7>.
- Europäische Kommission** (2025) Den Standort Europa wählen für Biowissenschaften - Eine Strategie, um Europa bis 2030 zum weltweit attraktivsten Standort für Biowissenschaften zu machen, COM(2025) 525 final, <https://eur-lex.europa.eu/legal-content/DE/TXT/PDF/?uri=CELEX:52025DC0525>.
- Fang J.** (2024). Breeding 5.0: AI-driven revolution in designed plant breeding. *Mol. Plant Breed*. 15(1): 27–33. <https://doi.org/10.5376/mpb.2024.15.0004>.
- Farooq M.A., Gao S., Hassan M.A., Huang Z., Rasheed A., Hearne S., Prasanna B., Li X., Li H.** (2024) Artificial intelligence in plant breeding. *Trends Genet*. 40(10):891-908. <https://doi.org/10.1016/j.tig.2024.07.001>.
- Fei H., Li Y., Liu Y., Wei J., Chen A., Gao C.** (2025) Advancing protein evolution with inverse folding models integrating structural and evolutionary constraints. *Cell*. 188(17):4674-4692.e19. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2025.06.014>.
- Feng H., Guo J., Wang T., Zhang C., Xing X.H.** (2021) Guide-target mismatch effects on dCas9-sgRNA binding activity in living bacterial cells. *Nucleic Acids Res*. 49(3):1263-1277. <https://doi.org/10.1093/nar/gkaa1295>.
- Feng W., Gao P., Wang X.** (2024) AI breeder: Genomic predictions for crop breeding. *New Crops* 1,100010. <https://doi.org/10.1016/j.ncrops.2023.12.005>.
- FGU** (2024) First-time flowering in poplars: minor genomic changes using new genomic techniques can change species-specific characteristics. *Background Project Genetic Engineering and the Environment*. https://fachstelle-gentechnik-umwelt.de/wp-content/uploads/Backgrounder_poplar_22_01_24.pdf.

- FGU (2025) Environmental risk scenarios linked to NGT rice with modified flavone biosynthesis
https://fachstelle-gentechnik-umwelt.de/wp-content/uploads/FGU_Factsheet_NGT_rice.pdf.
- Fontana J., Sparkman-Yager D., Faulkner I., Cardiff R., Kiattisewee C., Walls A., Primo T.G., Kinnunen P.C., Garcia Martin H., Zalatan J.G., Carothers J.M.** (2024) Guide RNA structure design enables combinatorial CRISPRa programs for biosynthetic profiling. *Nat Commun.* 15(1):6341. <https://doi.org/10.1038/s41467-024-50528-1>.
- Fu J., Zheng S., Fan L., Zheng X., Qian Q.** (2025) Breeding 5.0: Artificial intelligence (AI)-decoded germplasm for accelerated crop innovation. *J Integr Plant Biol.* 00: 1–13. <https://doi.org/10.1111/jipb.70008>.
- Gantz V. M. & Bier E.** (2015) The mutagenic chain reaction: A method for converting heterozygous to homozygous mutations. *Science* 348:442–444. <https://doi.org/10.1126/science.aaa5945>.
- Gao Y., Jiang G., Yang W., Jin W., Gong J., Xu X., Niu X.** (2023) Animal-SNPAtlas: a comprehensive SNP database for multiple animals. *Nucleic Acids Res.* 51(D1):D816–D826. <https://doi.org/10.1093/nar/gkac954>.
- Garcia-Pichel F., Farias J., Fernandes V., Roush D., Swenson T.L., Kosina S.M., Northen T.R., Cao H., Jaunin S., Kandel R., Gaxiola R.** (2025) Swift microbiome-mediated phenotype transfer from transgenic plants. *J Environ Qual.* 1–15. <https://doi.org/10.1002/jeq2.70070>.
- García-Tomsig N.I., Robledo M., diCenzo G.C., Mengoni A., Millán V., Peregrina A., Uceta A., Jiménez-Zurdo J.I.** (2021) Pervasive RNA Regulation of Metabolism Enhances the Root Colonization Ability of Nitrogen-Fixing Symbiotic α -Rhizobia. *mBio.* 13(1):e03576–21. <https://doi.org/10.1128/mbio.03576-21>.
- García-Vázquez F.A.** (2024) Artificial intelligence and porcine breeding. *Anim Reprod Sci.* 269:107538. <https://doi.org/10.1016/j.anireprosci.2024.107538>.
- Gonzalez E., Anderson M.A.E., Ang J.X.D., Nevard K., Shackleford L., Larrosa-Godall M., Leftwich P.T., Alphey L.** (2025) Optimization of SgRNA expression with RNA pol III regulatory elements in *Anopheles stephensi*. *Sci Rep.* 15(1):13408. <https://doi.org/10.1038/s41598-025-98557-0>.
- Gosai S.J., Castro R., Fuentes N., Butts J.C., Kales S., Noche R.R., Mouri K., Sabeti P.C., Reilly S.K., Tewhey R.** (2023) Machine-guided design of synthetic cell type-specific cis-regulatory elements, *bioRxiv*. <https://doi.org/10.1101/2023.08.08.552077>.
- Gosai S.J., Castro R.I., Fuentes N., Butts J.C., Mouri K., Alasoadura M., Kales S., Nguyen T.T.L., Noche R.R., Rao A.S., Joy M.T., Sabeti P.C., Reilly S.K., Tewhey R.** (2024) Machine-guided design of cell-type-targeting cis-regulatory elements. *Nature.* 634(8036):1211–1220. <https://doi.org/10.1038/s41586-024-08070-z>.
- Hayes B.J., Chen C., Powell O., Dinglasan E., Villiers K., Kemper K.E., Hickey L.T.** (2023) Advancing artificial intelligence to help feed the world. *Nat Biotechnol.* 41(9):1188–1189. <https://doi.org/10.1038/s41587-023-01898-2>.
- Heinemann J.A., Hiscox T.C., Zanatta C.B., Kurenbach B., Walker S., McCabe A.W., Hoepers A.M., Agapito-Tenfen S.Z.** (2025) Genome editing outside of controlled facilities: A review of plausible futures and risks. *Ecotoxicol Environ Saf.* 309:119565. <https://doi.org/10.1016/j.ecoenv.2025.119565>.
- Hodaei A. & Werbrouck S.P.O.** (2023) Unlocking Nature’s Clock: CRISPR Technology in Flowering Time Engineering. *Plants.* 12(23):4020. <https://doi.org/10.3390/plants12234020>.
- Homma F., Huang J., van der Hoorn R. A. L.** (2023) AlphaFold-Multimer Predicts Cross-Kingdom Interactions at the Plant-Pathogen Interface. *Nat Commun* 14(1):6040. <https://doi.org/10.1038/s41467-023-41721-9>.
- Homma F., Lyu J., van der Hoorn R.A.L.** (2024). Using AlphaFold Multimer to Discover Interkingdom Protein–Protein Interactions. *The Plant Journal* 120(1):19–28. <https://doi.org/10.1111/tpj.16969>.

- Juhás M., Rodekóhr B., Bauer-Panskus A., Then C.** (2025) Combining AI and new genomic techniques to ‘fine-tune’ plants: challenges in risk assessment. *Front. Plant Sci.* 16:1677066. <https://doi.org/10.3389/fpls.2025.1677066>.
- Jung S., Appleton E., Ali M., Church G.M., Del Sol A.** (2021) A computer-guided design tool to increase the efficiency of cellular conversions. *Nat Commun.* 12(1):1659. <https://doi.org/10.1038/s41467-021-21801-4>.
- Kawall K.** (2021) Genome-edited *Camelina sativa* with a unique fatty acid content and its potential impact on ecosystems. *Environ Sci Eur*, 33(1), 1-12. <https://doi.org/10.1186/s12302-021-00482-2>
- King S.H., Driscoll C.L Li D.B., Guo D., Merchant A.T., Brixi G., Wilkinson M.E., Hie B.L.** (2025) Generative design of novel bacteriophages with genome language models. *bioRxiv*. <https://doi.org/10.1101/2025.09.12.675911>.
- Koller F.** (2025) The Potential of NGTs to Overcome Constraints in Plant Breeding and Their Regulatory Implications. *Int J Mol Sci*, 26(23), 11391. <https://doi.org/10.3390/ijms262311391>.
- Koller F., Cieslak M., Bauer-Panskus A.** (2024) Environmental risk scenarios of specific NGT applications in Brassicaceae oilseed plants. *Environ Sci Eur*, 36(1), 189. <https://doi.org/10.1186/s12302-024-01009-1>.
- Koller F., Schulz M., Juhás M., Bauer-Panskus A., Then, C.** (2023) The need for assessment of risks arising from interactions between NGT organisms from an EU perspective. *Environ Sci Eur*, 35(1), 27. <https://doi.org/10.1186/s12302-023-00734-3>.
- Lala K., Uller T., Feiner N., Feldman M.W. Gilbert S.F** (2024) *Evolution Evolving: The Developmental Origins of Adaptation and Biodiversity*, Princeton University Press, <https://www.evolutionevolving.org/book>
- Lei X., Wang X., Chen G., Liang C., Li Q., Jiang H., Xiong W.** (2025) Combining diffusion and transformer models for enhanced promoter synthesis and strength prediction in deep learning. *mSystems* 10:e00183-25. <https://doi.org/10.1128/msystems.00183-25>.
- Levy B., Xu Z., Ni S., Zhao L., Kremling K., Altman R., Wong P., Tanner C.** (2022) FloraBERT: cross-species transfer learning with attention-based neural networks for gene expression prediction. *Research Square*, <https://doi.org/10.21203/rs.3.rs-1927200/v1>.
- Li X., Chen X., Wang Q., Yang N.** (2024) Integrating bioinformatics and machine learning for genomic prediction in chickens. *Genes*. 15(6):690. <https://doi.org/10.3390/genes15060690>.
- Li Z., Khan W.U., Bai G., Dong C., Wang J., Zhang Y., Wang C., Zhang H., Wang W., Luo M., Chen F.** (2025) From Code to Life: The AI-Driven Revolution in Genome Editing. *Adv Sci (Weinh)*. 12(30):e17029. <https://doi.org/10.1002/advs.202417029>.
- Li H., Zhang C., Wen H., Qi X., Dong Y., Liu C., Zhang Y., Niu C., Li Y.** (2025) Genetic basis analysis and genome prediction of swimming performance traits in juvenile spotted sea bass (*Lateolabrax maculatus*). *Aquaculture* 598, 741962. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2024.741962>.
- Liu S., Gao Y., Canela-Xandri O., Wang S., Yu Y., Cai W., Li B., Xiang R., Chamberlain A.J., Pairo-Castineira E., D’Mellow K., Rawlik K., Xia C., Yao Y., Navarro P., Rocha D., Li X., Yan Z., Li C., Rosen B.D., Van Tassel C.P., Vanraden P.M., Zhang S., Ma L., Cole J.B., Liu G.E., Tenesa A., Fang L.** (2022) A multi-tissue atlas of regulatory variants in cattle. *Nat Genet.* 54(9):1438-1447. <https://doi.org/10.1038/s41588-022-01153-5>.
- Liu H.J., Liu J., Zhai Z., Dai M., Tian F., Wu Y., Tang J., Lu Y., Wang H., Jackson D., Yang X., Qin F., Xu M., Fernie A.R., Zhang Z., Yan J.** (2025) Maize2035: A decadal vision for intelligent maize breeding. *Mol Plant*. 18(2):313-332. <https://doi.org/10.1016/j.molp.2025.01.012>.
- Miao R., Jahn M., Shabestary K., Peltier G., Hudson E.P.** (2023) CRISPR interference screens reveal growth-robustness tradeoffs in *Synechocystis* sp. PCC 6803 across growth conditions. *Plant Cell*. 35(11):3937-3956. <https://doi.org/10.1093/plcell/koad208>.

- Miklau M., Burn S.-J., Eckerstorfer M., Dolezel M., Greiter A., Heissenberger A., Hörtenhuber S., Zollitsch W., Hagen K.** (2024) Horizon scanning of potential environmental applications of terrestrial animals, fish, algae and microorganisms produced by genetic modification, including the use of new genomic techniques. *Front. Genome Ed.* 6:1376927. <https://doi.org/10.3389/fgened.2024.1376927>.
- Mundorf, J., Simon, S., and Engelhard, M.** (2025). The European Commission's regulatory proposal on new genomic techniques in plants: a focus on equivalence, complexity, and artificial intelligence. *Environ Sci Eur* 37, 143. <https://doi.org/10.1186/s12302-025-01199-2>.
- NASEM, National Academies of Sciences, Engineering, and Medicine** (2025) Strategic Report on Research and Development in Biotechnology for Defense Innovation, <https://nap.nationalacademies.org/catalog/27971/strategic-report-on-research-and-development-in-biotechnology-for-defense-innovation>.
- Nature Editorial** (2026) Let 2026 be the year the world comes together for AI safety. *Nature* 649 (7). <https://doi.org/10.1038/d41586-025-04106-0>.
- Nguyen N.H.; Vu N.T.; Patil S.S.; Sandhu K.S.** (2022) Multivariate genomic prediction for commercial traits of economic importance in Banana shrimp *Fenneropenaeus merguensis*. *Aquaculture* 555, 738229. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2022.738229>.
- Nguyen N.H.** (2024) Genetics and genomics of infectious diseases in key aquaculture species. *Biology* 13(1), 29. <https://doi.org/10.3390/biology13010029>.
- Nonaka S., Arai C., Takayama M., Matsukura C., Ezura H.** (2017) Efficient increase of γ -aminobutyric acid (GABA) content in tomato fruits by targeted mutagenesis, *Sci Rep*, 7: 7057. <https://doi.org/10.1038/s41598-017-06400-y>.
- NSCEB, National Security Commission on Emerging Biotechnology** (2025) Charting the Future of Biotechnology - An action plan for American security and prosperity, <https://www.biotech.senate.gov/press-releases/nsceb-publishes-final-report>.
- Ortega M.A., Zhou R., Chen M.S.S., Bewg W.P., Simon B., Tsai C.J.** (2023) In vitro floral development in poplar: insights into seed trichome regulation and trimonoecy. *New Phytol*, 237(4): 1078-1081. <https://doi.org/10.1111/nph.18624>.
- Qu Y., Huang K., Yin M., Zhan K., Liu D., Yin D., Cousins H.C., Johnson W.A., Wang X., Shah M., Altman R.B., Zhou D., Wang M., Cong L.** (2025) CRISPR-GPT for agentic automation of gene-editing experiments. *Nat Biomed Eng.* <https://doi.org/10.1038/s41551-025-01463-z>.
- Raheena K.T., Uthup T.K., Athira P.V., Prabhakaran D., Vinod A., Rekha K.** (2025) Manipulation of floral senescence through gene editing: prospects for ornamental and cut flowers. *Plant Growth Regul*, 105:1911-1926. <https://doi.org/10.1007/s10725-025-01391-7>.
- Roghair Stroud M.N., Vang D.X., Halverson L.J.** (2024) Optimized CRISPR Interference System for Investigating *Pseudomonas* allopuntida Genes Involved in Rhizosphere Microbiome Assembly. *ACS Synth Biol.* 13(9):2912-2925. <https://doi.org/10.1021/acssynbio.4c00312>.
- Rottinghaus A.G., Vo S., Moon T.S.** (2023) Computational design of CRISPR guide RNAs to enable strain-specific control of microbial consortia. *Proc Natl Acad Sci U S A.* 120(1):e2213154120. <https://doi.org/10.1073/pnas.2213154120>.
- Seo E., Choi Y.N., Shin Y.R., Kim D., Lee J.W.** (2023) Design of synthetic promoters for cyanobacteria with generative deep-learning model. *Nucleic Acids Res.* 51(13):7071-7082. <https://doi.org/10.1093/nar/gkad451>.
- Su C., Tuan N.Q., Li W.H., Cheng J.H., Jin Y.Y., Hong S.K., Lee H., Qader M., Klein L., Shetye G., Pauli G.F., Flanzblau S.G., Cho S.H., Zhao X.Q., Suh J.W.** (2025) Enhancing rufomycin production by CRISPR/Cas9-based genome editing and promoter engineering in *Streptomyces* sp. *MJM3502. Synth Syst Biotechnol.* 10(2):421-432. <https://doi.org/10.1016/j.synbio.2025.01.002>.

- Suleyman M. & Bhaskar M. (2023) *The Coming Wave*, Penguin Random House.
- Sulis D.B., Jiang X., Yang C., Marques B.M., Matthews M.L., Miller Z., Lan K., Cofre-Vega C., Liu B., Sun R., Sederoff H., Bing R.G., Sun X., Williams C.M., Jameel H., Phillips R., Chang H.M., Peszlen I., Huang Y.Y., Li W., Kelly R.M., Sederoff R.R., Chiang V.L., Barrangou R., Wang J.P. (2023) Multiplex CRISPR editing of wood for sustainable fiber production. *Science*. 381(6654):216-221. <https://doi.org/10.1126/science.add4514>.
- Sun C., Li H., Liu Y., Li Y., Gao R., Shi X., Fei H., Liu J., Liang R., Gao C. (2025) Iterative recombinase technologies for efficient and precise genome engineering across kilobase to megabase scales. *Cell*. 188(17):4693-4710.e15. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2025.07.011>.
- Taskiran I.I., Spanier K.I., Dickmanken H., Kempynck N., Pančiková A., Ekşi E.C., Hulselmans G., Ismail J.N., Theunis K., Vandepoel R., Christiaens V., Mauduit D., Aerts S. (2024) Cell-type-directed design of synthetic enhancers. *Nature* 626(7997):212-220. <https://doi.org/10.1038/s41588>.
- Teng J., Gao Y., Yin H., Bai Z., Liu S., Zeng H., Bai L., Cai Z., Zhao B., Li X., Xu Z., Lin Q., Pan Z., Yang W., Yu X., Guan D., Hou Y., Keel B.N., Rohrer G.A., Lindholm-Perry A.K., Oliver W.T., Ballester M., Crespo-Piazuelo D., Quintanilla R., Canela-Xandri O., Rawlik K., Xia C., Yao Y., Zhao Q., Yao W., Yang L., Li H., Zhang H., Liao W., Chen T., Karlskov-Mortensen P., Fredholm M., Amills M., Clop A., Giuffra E., Wu J., Cai X., Diao S., Pan X., Wei C., Li J., Cheng H., Wang S., Su G., Sahana G., Lund M.S., Dekkers J.C.M., Kramer L., Tuggle C.K., Corbett R., Groenen M.A.M., Madsen O., Gòdia M., Rocha D., Charles M., Li C.J., Pausch H., Hu X., Frantz L., Luo Y., Lin L., Zhou Z., Zhang Z., Chen Z., Cui L., Xiang R., Shen X., Li P., Huang R., Tang G., Li M., Zhao Y., Yi G., Tang Z., Jiang J., Zhao F., Yuan X., Liu X., Chen Y., Xu X., Zhao S., Zhao P., Haley C., Zhou H., Wang Q., Pan Y., Ding X., Ma L., Li J., Navarro P., Zhang Q., Li B., Tenesa A., Li K., Liu G.E., Zhang Z., Fang L. (2024) A compendium of genetic regulatory effects across pig tissues. *Nat Genet*. 56(1):112-123. <https://doi.org/10.1038/s41588-023-01585-7>.
- Testbiotech** (2026) Manipulated flowering in NGT plants: A crack in ecosystems, <https://www.testbiotech.org/publikation/manipulated-flowering-in-ngt-plants-a-crack-in-ecosystems/>.
- Testbiotech** (2025a) Einsatz der Neuen Gentechnik bei landwirtschaftlich genutzten Wirbeltieren: eine kritische Bewertung, <https://www.testbiotech.org/publikation/einsatz-der-neuen-gentechnik-bei-landwirtschaftlich-genutzten-wirbeltieren-eine-kritische-bewertung/>.
- Testbiotech** (2025b) 'Technical-tuning' of NGT plants shows: There is no magic threshold for the number of mutations to conclude on risks. <https://www.testbiotech.org/publikation/technical-tuning-of-ngt-plants/>.
- Testbiotech** (2025c) KI entwirft Bauplan für insektengiftige NGT-Pflanzen. <https://www.testbiotech.org/publikation/ki-entwirft-bauplan-fuer-insektengiftige-NGT-i-pflanzen/>.
- Testbiotech** (2024) Was macht das Mammut auf dem Mars? <https://www.testbiotech.org/publikation/was-macht-das-mammut-auf-dem-mars/>.
- Then C. Kawall K., Valenzuela N. (2020) Spatio-temporal controllability and environmental risk assessment of genetically engineered gene drive organisms from the perspective of EU GMO Regulation. *Integr Environ Assess Manag*. 16(5), 555-568. <https://doi.org/10.1002/ieam.4278>.
- Veeraganti Naveen Prakash C., Sivaramakrishnan M., Goel S., Porwal V., Kumar Amrate P., Kumar Shrivastava M., Chandrasekar B. (2024) Proteome Analysis of Soybean Root Apoplast Combined with AlphaFold Prediction Reveal Macrophomina phaseolina Infection Strategies and Potential Targets for Engineering Resistance, *bioRxiv*. <https://doi.org/10.1101/2024.12.29.630648>.
- Ventimiglia L.N. & Zelezniak A. (2025) Programming of synthetic regulatory DNA for cell-type targeting in humans. *Mol Cell*. 85(2):205-207. <https://doi.org/10.1016/j.molcel.2024.12.019>.

- Verkuijl S.A.N., Del Corsano G., Capriotti P., Yen P.S., Inghilterra M.G., Selvaraj P., Hoermann A., Martinez-Sanchez A., Ukegbu C.V., Kebede T.M., Vlachou D., Christophides G.K., Windbichler N.** (2025) A suppression-modification gene drive for malaria control targeting the ultra-conserved RNA gene mir-184. *Nat Commun.* 16(1):3923. <https://doi.org/10.1038/s41467-025-58954-5>.
- Vogel B.** (2025) When chatbots breed new plant varieties. <https://www.saveourseeds.org/publications/when-chatbots-breed-new-plant-varieties>.
- Wang J., Zhang L., Wang S., Wang X., Li S., Gong P., Bai M., Paul A., Tvedt N., Ren H., Yang M., Zhang Z., Zhou S., Sun J., Wu X., Kuang H., Du Z., Dong Y., Shi X., Li M., Shukla D., Yan L., Guan Y.** (2025a) AlphaFold-Guided Bespoke Gene Editing Enhances Field-Grown Soybean Oil Contents. *Adv Sci* 12, 2500290. <https://doi.org/10.1002/advs.202500290>.
- Wang S., Li W., Feng G.** (2025b) De-extinction and beyond: trait design powered by generative AI. *Trends in Biotechnol.* <https://doi.org/10.1016/j.tibtech.2025.09.015>.
- Wen A., Havens K.L., Bloch S.E., Shah N., Higgins D.A., Davis-Richardson A.G., Sharon J., Rezaei F., Mohiti-Asli M., Johnson A., Abud G., Ane J.M., Maeda J., Infante V., Gottlieb S.S., Lorigan J.G., Williams L., Horton A., McKellar M., Soriano D., Caron Z., Elzinga H., Graham A., Clark R., Mak S.M., Stupin L., Robinson A., Hubbard N., Broglie R., Tamsir A., Temme K.** (2021) Enabling Biological Nitrogen Fixation for Cereal Crops in Fertilized Fields. *ACS Synth Biol.* 10(12):3264-3277. <https://doi.org/10.1021/acssynbio.1c00049>.
- Westfall S., Carracci F., Estill M., Zhao D., Wu Q.L., Shen L., Simon J., Pasinetti G.M.** (2021) Optimization of probiotic therapeutics using machine learning in an artificial human gastrointestinal tract. *Sci Rep.* 11(1):1067. <https://doi.org/10.1038/s41598-020-79947-y>.
- Xia Y., Du X., Liu B., Guo S., Huo Y.X.** (2024) Species-specific design of artificial promoters by transfer-learning based generative deep-learning model. *Nucleic Acids Res.* 52(11): 6145-6157. <https://doi.org/10.1093/nar/gkae429>.
- Xie Y., Zhang T., Yang M., Lyu H., Zou Y., Sun Y., Xiao J., Lian W., Tao J., Han H., Xu C.** (2025) Engineering crop flower morphology facilitates robotization of cross-pollination and speed breeding. *Cell.* 188(21):5809-5830.e27. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2025.07.028>.
- Xu L., Zheng J., Zhou Y., Jia C.** (2024) dsRNAPredictor-II: An improved predictor of identifying dsRNA and its silencing efficiency for *Tribolium castaneum* based on sequence length distribution. *Methods.* 232:129-138. <https://doi.org/10.1016/j.ymeth.2024.11.007>.
- Xu Y., Song L., Wei Z., Li G.** (2025) Application of gene editing technology in cattle genetic breeding, *Agriculture Communications* 3(2):100086. <https://doi.org/10.1016/j.agrcom.2025.100086>.
- Yadav B., Majhi A., Phagna K., Meena M.K., Ram H.** (2023) Negative regulators of grain yield and mineral contents in rice: potential targets for CRISPR-Cas9-mediated genome editing. *Funct Integr Genomics.* 23(4):317. <https://doi.org/10.1007/s10142-023-01244-4>.
- Yan Y., Wei M., Li Y., Tao H., Wu H., Chen Z., Li C., Xu J.H.** (2021) MiR529a controls plant height, tiller number, panicle architecture and grain size by regulating SPL target genes in rice (*Oryza sativa* L.). *Plant Sci.* 302:110728. <https://doi.org/10.1016/j.plantsci.2020.110728>.
- Yan D., Tajima H., Cline L.C., Fong R.Y., Ottaviani J.I., Shapiro H.Y., Blumwald E.** (2022) Genetic modification of flavone biosynthesis in rice enhances biofilm formation of soil diazotrophic bacteria and biological nitrogen fixation. *Plant Biotechnol J.* 20(11):2135-2148. <https://doi.org/10.1111/pbi.13894>.
- Yu Y., Gawlitt S., de Andrade E Sousa L.B., Merdivan E., Piraud M., Beisel C.L., Barquist L.** (2024) Improved prediction of bacterial CRISPRi guide efficiency from depletion screens through mixed-effect machine learning and data integration. *Genome Biol.* 25(1):13. <https://doi.org/10.1186/s13059-023-03153-y>.

Zhang H., Si X., Ji X., Fan R., Liu J., Chen K., Wang D., Gao C. (2018) Genome editing of upstream open reading frames enables translational control in plants. *Nat Biotechnol*, 36(9): 894-898. <https://doi.org/10.1038/nbt.4202>.

Zhang J., Petersen S.D., Radivojevic T., Ramirez A., Pérez-Manríquez A., Abeliuk E., Sánchez B.J., Costello Z., Chen Y., Fero M.J., Martin H.G., Nielsen J., Keasling J.D., Jensen M.K. (2020) Combining mechanistic and machine learning models for predictive engineering and optimization of tryptophan metabolism. *Nat Commun*. 11(1):4880. <https://doi.org/10.1038/s41467-020-17910-1>.

Zhang G., Xie H., Dai X. (2024) DeepIndel: An Interpretable Deep Learning Approach for Predicting CRISPR/Cas9-Mediated Editing Outcomes. *Int J Mol Sci*. 25(20):10928. <https://doi.org/10.3390/ijms252010928>.

Zhang Y., Huang G., Zhao Y., Lu X., Wang Y., Wang C., Guo X., Zhao C. (2025) Revolutionizing Crop Breeding: Next-Generation Artificial Intelligence and Big Data-Driven Intelligent Design, *Engineering* 44, 245–255, <https://doi.org/10.1016/j.eng.2024.11.034>

Zhao R., Owen R., Marr M., Siddharth J., Chue Hong N., Talenti A., Hassan M.A., Prendergast J.G.D. (2024) The potential of regulatory variant prediction AI models to improve cattle traits, *bioRxiv*. <https://doi.org/10.1101/2024.08.01.606140>.