

Stellungnahme des Einzelsachverständigen

Prof. Dr. Stephan Clemens

für die 38. Sitzung

des Ausschusses für Ernährung und Landwirtschaft

öffentliche Anhörung zu:

- Antrag der Fraktion der FDP

Chancen neuer Züchtungsmethoden erkennen -

Für ein technologieoffenes Gentechnikrecht

BT-Drucksache 19/10166

- Antrag der Fraktion BÜNDNIS 90/DIE GRÜNEN

Agrarwende statt Gentechnik - Neue Gentechniken

im Sinne des Vorsorgeprinzips regulieren und

ökologische Landwirtschaft fördern

BT-Drucksache 19/13072

am Montag, dem 4. November 2019,

12:30 Uhr

Marie-Elisabeth-Lüders-Haus,

Adele-Schreiber-Krieger-Str. 1, 10117 Berlin,

Anhörungssaal 3.101



**UNIVERSITÄT
BAYREUTH**

Prof. Dr. Stephan Clemens
Lehrstuhl für Pflanzenphysiologie
Universitätsstr. 30
95440 Bayreuth (Briefpost/letters)
95447 Bayreuth (Paketpost/parcels)
Telefon: ++49-(0)921-552630
Telefax: ++49-(0)921-552642
e-mail: stephan.clemens@uni-bayreuth.de

Bayreuth, den 23. Oktober 2019

Als unabhängiger, in der Grundlagenforschung tätiger Wissenschaftler nehme ich Stellung zu den Anträgen:

- a. „Chancen neuer Züchtungsmethoden erkennen – Für ein technologieoffenes Gentechnikrecht“ der FDP-Bundestagsfraktion (Drucksache 19/10166); und
- b. „Agrarwende statt Gentechnik – Neue Gentechniken im Sinne des Vorsorgeprinzips regulieren und ökologische Landwirtschaft fördern“ der Fraktion BÜNDNIS 90/DIE GRÜNEN (Drucksache 19/13072).

Praktisch alle von Menschen angebauten Nutzpflanzen sind, unabhängig davon, welche Art der Landwirtschaft betrieben wird, Produkte der Auslese und Züchtung durch den Menschen. Grundlage der Auslese ist die genetische Variation. Diese besteht z.B. aus durch Mutationen verursachten Modifikationen in der Sequenz von Genen oder der Zusammensetzung von Chromosomen, sowie in durch Rekombination während der sexuellen Reproduktion hervorgebrachten Veränderungen in der Kombination von Genvarianten (Allelen). Durch Züchtung versucht der Mensch, die Wahrscheinlichkeit des Auftretens günstiger Allel-Kombinationen zu erhöhen. Vielfach ist die zur Verfügung stehende genetische Variation durch massive, ungerichtete Mutagenese mittels harter Strahlung oder DNA-schädigender Chemikalien erhöht worden. Mutationen haben meistens negative Konsequenzen, können jedoch in seltenen Fällen auch in neuen, günstigen Eigenschaften resultieren. Solche vorteilhaften Mutationsereignisse sind selektiert, und damit viele neue Kultivare generiert worden. Die "IAEA/FAO mutant variety database" listet über 2500 aus Mutagenese-Programmen stammende Varietäten der wichtigsten Nutzpflanzen auf (Parry et al., 2009).

Neue Methoden wie die Gen- oder Genom-Editierung mittels CRISPR-Cas bieten zusätzliche Möglichkeiten, für die Züchtung nutzbare genetische Variation zu erhalten. Meist werden dabei einzelne DNA-Basenpaare an einer vorherbestimmten Stelle im Genom spezifisch eingefügt, entfernt oder ersetzt. Dies hat u.a. deshalb so viel Potential, weil viele vom Menschen selektierte Eigenschaften auf kleinsten genomischen Veränderungen solcher Art beruhen. Dazu zählen etwa der Verlust der natürlichen Samenausbreitung oder der Fähigkeit, giftige Bitterstoffe zu bilden, ebenso wie die Synthese von für den Menschen attraktiven Farben. Möhren z.B. sind deshalb orange, weil ein molekularer Schalter, der normalerweise die Synthese von Carotinoiden in der Wurzel unterdrückt, defekt ist.

Viele Limitationen der herkömmlichen Züchtung können durch CRISPR-Cas überwunden werden. Nachteilige Mutationen können entfernt werden („Rewilding“ von Nutzpflanzen, Palmgren et al 2015) oder es können sehr viel leichter günstige Eigenschaften auch in Arten mit mehr als 2 Kopien jedes Chromosoms, etwa dem hexaploiden Brotweizen, verändert werden. Zudem kann Züchtung enorm beschleunigt werden, da einmal entdeckte vorteilhafte Mutationen sehr schnell in andere Kultivare übertragen werden können, ohne durch sehr langwierige und viel weniger kontrollierte, mehrfache Rückkreuzungen gehen zu müssen, welche außerdem viel größere genetische Veränderungen verursachen.

Um das Potential mit einem Beispiel zu illustrieren: Quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) ist eine Pflanze, die vor allem auf den Hochebenen der Anden angebaut wird. Die Suche nach Gluten-freiem Getreideersatz und der ernährungsphysiologische Wert haben die Popularität von Quinoa in Europa und Nordamerika in den letzten Jahren sprunghaft ansteigen lassen. Um den gestiegenen Bedarf zu decken, wäre eine Ausdehnung der Anbauggebiete wünschenswert. Zudem hat Quinoa das Potential, auch auf marginalen Böden, die für andere Nutzpflanzen nicht verwendet werden können, gute Erträge zu ermöglichen. Quinoa ist jedoch eine tetraploide Pflanze, die züchterisch bisher kaum erschlossen ist. Damit sind einer weitergehenden Nutzung enge Grenzen gesetzt.

Eine erwünschte Eigenschaft bei Quinoa ist „sweet quinoa“. Damit ist die stark verringerte Akkumulation von Saponinen in der Samenschale von Quinoa gemeint. Saponine sind typische Sekundärstoffe, die von Pflanzen z.B. zur Abwehr von Fraßfeinden gebildet werden, allerdings auch auf den Menschen toxisch wirken können. Einige Quinoa-Sorten sind bekannt, die deutlich weniger Saponine aufweisen. Im Zuge der 2017 veröffentlichten Sequenzierung des Genoms von Quinoa hat man ein Gen identifiziert, dessen Inaktivierung dazu führt, dass die Saponin-Biosynthese in den Samenschalen nicht mehr angeschaltet wird. Zwei unterschiedliche Mutationsereignisse sind in verschiedenen „sweet quinoa“-Sorten gefunden worden: der Austausch einer DNA-Base oder Insertionen. In beiden Fällen ist das betreffende Gen TSARL1 nicht mehr funktional (Jarvis et al., 2017). Die Übertragung der Eigenschaft „sweet quinoa“ auf weitere Sorten könnte also vermutlich durch die Veränderung einer DNA-Base erreicht werden. Alternativ wäre ungerichtete Mutagenese durch Bestrahlung oder DNA-schädigende Chemikalien eine Option. Hier würden allerdings auch hunderte bis tausende zusätzlicher Mutationen auftreten, deren Konsequenzen kaum abzuschätzen sind. Ebenso könnte in einer aufgrund der Tetraploidie allerdings extrem langwierigen Züchtung versucht werden, diese Eigenschaft zu verbreiten.

Hier nun einige Anmerkungen zu Forderungen und Begründungen (*Zitate kursiv*) in den beiden Anträgen:

Drucksache 19/10166

„Da keine Fremdgene eingeschleust werden, wird diese naturidentische Methode in Ländern wie den USA, Kanada, Argentinien und Japan nicht als klassische Gentechnik reguliert. Entsprechende Produkte werden als nicht gentechnisch verändert eingestuft und in Verkehr gebracht.“

Hier wie generell in I. beschreibt der Antrag zutreffend die aktuelle Situation. Zuständige Behörden in den angesprochenen Ländern haben sich die Frage gestellt: ist die durch Editierung erzielte genetische Veränderung von einer zufällig auftretenden Mutation zu unterscheiden? Diese Frage ist mit Nein beantwortet worden, also wird auch nicht anders reguliert als bei Pflanzen, die eine zufällige genetische Veränderung tragen, also herkömmlich gezüchtete Pflanzen.

„Die Bundesregierung soll sich für die Etablierung eines abgestuften Risikoklassifizierungsverfahrens einsetzen“

Ein Vorschlag aus der Wissenschaft sieht vor, die Veränderung einzelner Buchstaben der DNA, welche von zufällig auftretenden Mutationen nicht zu unterscheiden sind, anders zu betrachten als die Einführung ganzer Gene.

Pflanzen, die einfache, gezielt mit CRISPR-Cas erzeugte Veränderungen enthalten und in die keine fremden Gene eingefügt wurden, sind von Pflanzen konventioneller Züchtung nicht zu unterscheiden und genauso sicher.

„(...) Übergang zu einem produktorientierten Zulassungsverfahren“

Bisher ist es so, dass einige Methoden und Praktiken ohne ausreichende sachliche Grundlage per se als riskant und andere als per se nicht riskant eingestuft werden. Stattdessen sollte eine Risikobewertung und Zulassung auch unabhängig von verwendeten Methoden erfolgen. Es gibt z.B. Risiken, die von Praktiken der ökologischen Landwirtschaft ausgehen, wie etwa der Düngung mit tierischen Exkrementen, welche zur Belastung von Lebensmitteln mit pathogenen Mikroorganismen führen kann (s. das Beispiel EHEC-Ausbruch 2011).

„(...) Freisetzungsversuche, die für die praktische Forschung unerlässlich sind, weitgehend in Deutschland möglich zu machen.“

Das hier angesprochene Problem wird in Deutschland bisher kaum beachtet und auch die Bemühungen der Deutschen Forschungsgemeinschaft sind leider ohne Erfolg geblieben. Freisetzungsversuche sind durch nicht auf Evidenz basierende Regulierung und politisch motivierten Vandalismus schon vor langer Zeit praktisch unmöglich gemacht worden. Dies trifft insbesondere die Grundlagenforschung. Durch das faktische Freisetzungsverbot wird nicht nur die vom Grundgesetz garantierte Forschungsfreiheit ohne Grund eingeschränkt, sondern es wird auch das dringend benötigte Verständnis biologischer Mechanismen behindert. Viele grundlegende Erkenntnisse in der ökologischen Forschung, z.B. zur Interaktion von Pflanzen mit Bestäubern oder zum pflanzlichen Immunsystem, sind mit gentechnisch veränderten Pflanzen außerhalb Europas erarbeitet worden.

Drucksache 19/13072

„Dabei können jedoch auch ungewollte Veränderungen am Erbgut, an Proteinen oder an der RNA stattfinden (so genannte On-und Offtarget-Effekte).“

Mehrfach ist die Rede von den sogenannten „Off-target-Effekten“. Diese sind bei CRISPR-Cas viel geringer als bei der ungerichteten Mutagenese oder auch der Rekombination, die bei jeder normalen Kreuzung passiert. Damit ist nicht begründbar, warum diese Effekte mit besonderen Risiken behaftet sein sollten. Bisher liegt der Unterschied darin, dass bei herkömmlichen Methoden nicht nach Off-target-Effekten gesucht wird, während das bei der Genom-Editierung selbstverständlich ist.

Die Spezifität von CRISPR-Cas ist schon jetzt sehr hoch, wie Genomsequenzierungen gezeigt haben. Zudem ist sie durch Modifikationen des Cas9-Proteins bereits mehrfach gesteigert worden. Ein ganz frisches Beispiel für eine technische Weiterentwicklung ist das sogenannte „Prime Editing“, das vor wenigen Tagen in Nature veröffentlicht wurde (Anzalone et al., 2019).

„Zur Klimaanpassung gewünschte Eigenschaften wie Trockenheits- und Salztoleranz oder gutes Wachstum auf nährstoffarmen Böden lassen sich mit modernen konventionellen Züchtungsmethoden wie Smart Breeding nach bisheriger Erfahrung besser erreichen als mit Gentechnik“.

Hier und an mehreren anderen Stellen wird angenommen, dass Entweder-oder-Entscheidungen getroffen werden müssen, ohne zu bedenken, dass Genom-Editierung gerade der konventionellen Züchtung zusätzliche Möglichkeiten bietet und auch die ökologische Landwirtschaft bereichern könnte.

Es ist in der Tat richtig, dass viele wichtige Eigenschaften genetisch komplex und zudem durch Umweltfaktoren beeinflusst sind. Deshalb stellt z.B. die Züchtung von Pflanzen mit höherer Trockenstresstoleranz weiterhin eine große Herausforderung dar. Es wird hier Bezug genommen auf ein Programm des CIMMYT, dem „International Maize and Wheat Improvement Center“ in Mexiko. Ein Blick auf die Position des CIMMYT zur Genom-Editierung (<https://www.cimmyt.org/wp-content/uploads/2016/04/CIMMYT-Position-Statement-on-Novel-Genome-Editing-Technologies-17Dec2017.pdf>) zeigt sehr deutlich die Problematik einer zu simplen Weltsicht, die nur das Entweder-oder kennt. Das CIMMYT als wichtiges, öffentlich finanziertes Institut für die Züchtung von Nutzpflanzen, betreibt die Anwendung von CRISPR-Cas, „um Veränderungen in der existierenden DNA-Sequenz zu erreichen, die dem Hinzufügen oder Entfernen einzelner Buchstaben bei der Revision eines Textdokuments ähnlich sind. Solche Veränderungen der DNA passieren oft spontan. Da spontane Veränderungen jedoch zufällig sind, passieren präzise erwünschte Veränderungen womöglich nicht oder werden nicht gefunden. Genom-Editierung führt Veränderungen präzise ein. Damit vergrößert sich die Chance, eine vorteilhafte Eigenschaft wie Krankheitsresistenz zu erhalten. Genom-Editierung wird seit 15 Jahren aktiv betrieben, aber die Einfachheit und hohe Effizienz des vor kurzem gefundenen CRISPR-Cas-Systems macht Genom-Editierung nun zu einem praktikablen Ansatz, um Nahrungsmittelproduktion und –sicherheit zu fördern“ (eigene Übersetzung von „to edit and make changes in the existing DNA sequence in ways that are comparable to changing, inserting or deleting letters to revise a text document. Such changes in DNA often happen spontaneously, but because spontaneous changes occur randomly, precise desirable changes may never occur or might not be recognized or selected. Genome editing technologies do this precisely, increasing the chance to generate and identify a favorable characteristic such as disease resistance. Genome editing technologies have been pursued actively for over 15 years, but the simplicity and high effectiveness of the recently identified CRISPR-Cas9 system mean that genome editing can finally be a practical way for enhancing food production and food quality“).

Mit anderen Worten: es ist ganz selbstverständlich, dass eine neue Methode dem vorhandenen Repertoire hinzugefügt wird, um züchterische Erfolge zu erzielen. Die CIMMYT-Position: „Genom-Editierung kann Pflanzenzüchtung beschleunigen und so mithelfen, die Herausforderungen der nachhaltigen Steigerung der globalen landwirtschaftlichen Produktivität zu bestehen. Weil Genom-Editierung präzise und kleine Veränderungen in der DNA eines einzelnen Gens setzt, kann sie für die gegenüber der herkömmlichen Züchtung und Selektion effizientere Verbesserung spezifischer Eigenschaften beliebter Varietäten genutzt werden“ (eigene Übersetzung von „Genome editing can accelerate plant breeding, thus helping to meet the challenges of sustainably increasing the productivity of global agriculture. Because genome editing makes a precise and small change in the DNA of a single gene, it can be used to improve specific traits in popular varieties more efficiently than conventional cross-breeding and selection.“)

Es ist nicht sinnvoll, verschiedene Strategien zu diskutieren als würden sie sich gegenseitig ausschließen. Warum soll kein Nebeneinander oder gar Miteinander von neuen Züchtungsmethoden und Agrarökologie möglich sein? Auch die Agrarökologie könnte von gezielt verbesserten Sorten stark profitieren. Organische Landwirtschaft z.B. könnte nach Erhöhung der Krankheitsresistenz durch Genom-Editierung den gefährlichen Einsatz giftiger Kupferpräparate für die Schädlingsbekämpfung reduzieren (zum durch diese Praktiken verursachten Gesundheitsrisiko s. eine Veröffentlichung der European Food Safety Authority: Arena et al., 2018).

„(...) ist auch die Vorstellung, Hunger und Mangelernährung mit den neuen gentechnischen Methoden auszurotten, illusorisch.“

So würde das Ziel in der Wissenschaft nicht formuliert. Es geht darum, durch die Nutzung einer zufällig entdeckten molekularbiologischen Technik mit großem Potential (hier gibt es einen Konsens in der Wissenschaft) Beiträge für eine nachhaltige Bekämpfung von Hunger und Mangelernährung zu leisten.

„(...) die Stärkung des Vorsorgeprinzips“

Vorsorgeprinzip bedeutet nicht, auf technische Möglichkeiten prinzipiell zu verzichten, solange nicht jedes noch so hypothetische Risiko ausgeschlossen werden kann. Da jedes menschliche Tun - wie jedes menschliche Unterlassen - mit Risiken verbunden ist, wäre auch jede Nutzung einer neuen Technologie mit dem Verweis auf dieses Prinzip ausgeschlossen. Zur Würdigung des Vorsorgeprinzips gehört laut internationaler Vereinbarungen wie der Rio-Erklärung über Umwelt und Entwicklung aus dem Jahre 1992 auch, die Gefahren abzuschätzen, „wenn neue technologische Möglichkeiten nicht genützt werden“. (<https://www.mpg.de/13501764/positionspapier-genom-editierung-mpg-de.pdf>). Angesichts der dringend notwendigen Steigerung nachhaltiger Produktion von Nahrungsmitteln und der ebenso dringenden Beschleunigung der Züchtung, um mit klimatischen Veränderungen und ihren Folgen für die Produktivität Schritt halten zu können, ist zu prüfen, ob eine solche Verpflichtung zur Gefahrenabwehr nicht vorliegt. Nach meiner Überzeugung ist das so.

„(...) eine geeignete umfassende Risikobewertung im Rahmen des Zulassungsverfahrens für jeden einzelnen GVO beizubehalten“

Hier wird offenbar angenommen, dass die in Europa praktizierte Form der Risikobewertung für GVOs gelungen sei. Das ist jedoch mehr als fraglich. Wir müssen festhalten, dass die bisherige Praxis nicht evidenzbasiert ist und den Stand der Wissenschaft ignoriert. Stellvertretend für eine große Zahl ähnlicher Untersuchungen sei hier aus der Programmsynthese des in der Schweiz durchgeführten Nationalen Forschungsprogramms 59 zitiert. Dort heißt es:

„Keines dieser Forschungsprojekte konnte Umweltrisiken finden – auch keine für die Schweiz spezifischen –, die von der Grünen Gentechnik als solcher ausgehen. Ein Ergebnis, das im Einklang mit über 1000 Studien steht, die weltweit durchgeführt und im Rahmen des NFP 59 ausgewertet wurden. Zwar konnten in den seit mehr als 20 Jahren überall auf der Welt mit GVP durchgeführten Freilandversuchen vier negative Effekte identifiziert werden: Resistenzen bei Zielorganismen; Schädigung von Nichtzielorganismen; Einschränkungen der Biodiversität; Entstehung unerwünschter Unkräuter infolge übermäßigen Einsatzes von Herbiziden. Dies sind jedoch nicht typische Folgen der Gentechnik, sondern können genauso bei traditionell gezüchteten Pflanzen beziehungsweise bei nicht fachgerecht betriebener Landwirtschaft auftreten.“

Und weiter:

„Gentechnisch veränderte Pflanzen, die im Ausland kommerziell genutzt werden, haben alle intensive Sicherheitsbewertungen durchlaufen. Langzeitbeobachtungen und viele wissenschaftliche Studien konnten bisher keine negativen Effekte kommerziell genutzter GVP auf die Gesundheit von Menschen oder Tieren nachweisen. In bestimmten Fällen könnte der Einsatz gentechnisch veränderter Pflanzen sogar zur Vermeidung von Gesundheitsrisiken beitragen“

(Leitungsgruppe des NFP 59, Nutzen und Risiken der Freisetzung gentechnisch veränderter Pflanzen: Programmsynthese des Nationalen Forschungsprogramms 59, Bern 2012, http://www.snf.ch/SiteCollectionDocuments/Programmsynthese_NFP59_D.pdf).

Eine neue Technik in den Kontext einer offensichtlich gescheiterten Regulierung zu zwingen, wird angesichts der Potentiale der Genom-Editierung zu großen Schäden führen. In fast allen europäischen Ländern und, als Folge der europäischen Regulierungspraxis, auch in zahlreichen asiatischen und praktisch allen afrikanischen Ländern können Potentiale der gentechnischen Veränderung von Pflanzen nicht genutzt werden. Dies gilt selbst für humanitäre Projekte wie den „Golden Rice“, der nach allen vorliegenden Daten einen wichtigen Beitrag zur Bekämpfung des Vitamin A-Mangels leisten könnte. Gerade die Auswirkungen der europäischen Praxis auf andere Länder sollten reflektiert werden.

„Die Versprechungen der Gentechnik haben sich bisher nicht erfüllt.“

Es ist richtig, dass mit der bisher stark monopolisierten Grünen Gentechnik kaum mehr erreicht wurde als die drastische Verringerung des Pestizideinsatzes und bessere Verdienstmöglichkeiten für bäuerliche Betriebe ganz unterschiedlicher Größe, vor allem in sogenannten Entwicklungsländern (Klümper & Qaim, 2014). Allerdings ist zu fragen, warum bisher so wenige der sehr vielen im Labor-Maßstab entwickelten möglichen Produkte realisiert worden sind. Hier bietet sich ein Blick auf den „Golden Rice“ an. Mit diesem von zwei akademischen Arbeitsgruppen in Zürich und Freiburg betriebenen humanitären, nicht profitorientierten, Projekt ist das Ziel verfolgt worden, durch eine gentechnische Veränderung am Reis zu einer Bekämpfung des in einigen asiatischen Ländern verbreiteten Vitamin A-Mangels beizutragen. Dazu wurde Reis gentechnisch so verändert, dass er auch im Endosperm der Körner Provitamin A synthetisiert und nicht nur in den sonstigen Organen und Geweben. Die erzielten Gehalte könnten dort, wo Reis die wichtigste Kalorienquelle ist, Kinder ausreichend mit Provitamin A versorgen. Über mehr als zwei Jahrzehnte ist die Nutzung des „Golden Rice“ jedoch massiv und mit zum Teil illegalen Methoden verhindert worden.

Das ausgerechnet dieselben politischen Kräfte, welche durch die Bekämpfung des „Golden Rice“ und vieler anderer Projekte im universitären Umfeld beträchtliche Schuld auf sich geladen haben, der Gentechnik mangelnden Erfolg vorwerfen, ist aus meiner Sicht zynisch.

Sollten Sie beim Lesen über den Begriff „Schuld“ gestolpert sein: es ist, wie oben im Kontext des Vorsorgeprinzips angemerkt, dringend nötig, dass endlich auch für die Verhinderung der Nutzung einer Technik Verantwortung übernommen wird. Wer z.B. hat sich je dafür entschuldigt, dass er oder sie Diabetiker*innen die Anwendung von gentechnisch hergestelltem Humaninsulin mit Verweis auf ungeklärte (aber damals ebenfalls nicht plausible) ökologische und gesundheitliche Risiken vorenthalten wollte?

gez. Stephan Clemens

Zitierte Literatur

Anzalone AV, Randolph PB, Davis JR, Sousa AA, Koblan LW, Levy JM, Chen PJ, Wilson C, Newby GA, Raguram A, et al. 2019. Search-and-replace genome editing without double-strand breaks or donor DNA. *Nature* doi: 10.1038/s41586-019-1711-4.

Arena M, Auteri D, Barmaz S, Bellisai G, Brancato A, Brocca D, Bura L, Byers H, Chiusolo A, Marques DC, et al. 2018. Peer review of the pesticide risk assessment of the active substance copper compounds copper(I), copper(II) variants namely copper hydroxide, copper oxychloride, tribasic copper sulfate, copper(I) oxide, Bordeaux mixture. *EFSA Journal* 16: e05152.

Jarvis DE, Ho YS, Lightfoot DJ, Schmöckel SM, Li B, Borm TJA, Ohyanagi H, Mineta K, Michell CT, Saber N, et al. 2017. The genome of *Chenopodium quinoa*. *Nature* 542: 307–312.

Klümper W, Qaim M. 2014. A Meta-Analysis of the Impacts of Genetically Modified Crops. *PLoS ONE* 9: e111629.

Palmgren MG, Edenbrandt AK, Vedel SE, Andersen MM, Landes X, Østerberg JT, Falhof J, Olsen LI, Christensen SB, Sandøe P, et al. 2015. Are we ready for back-to-nature crop breeding? *Trends in Plant Science* 20: 155–64.

Parry MAJ, Madgwick PJ, Bayon C, Tearall K, Hernandez-Lopez A, Baudo M, Rakszegi M, Hamada W, Al-Yassin A, Ouabbou H, et al. 2009. Mutation discovery for crop improvement. *Journal of Experimental Botany* 60: 2817–2825.