



TC/38/14 – CAJ/45/5

ORIGINAL: englisch

DATUM: 27. März 2002

**INTERNATIONALER VERBAND ZUM SCHUTZ VON PFLANZENZÜCHTUNGEN**  
GENEVE

**TECHNISCHER  
AUSSCHUSS**

**Achtunddreißigste Tagung  
Genf, 15.-17. April 2002**

**VERWALTUNGS- UND  
RECHTSAUSSCHUSS**

**Fünfundvierzigste Tagung  
Genf, 18. April 2002**

*AD-HOC-UNTERGRUPPE TECHNISCHER UND JURISTISCHER  
SACHVERSTÄNDIGER FÜR BIOCHEMISCHE UND MOLEKULARE VERFAHREN  
("DIE BMT-ÜBERPRÜFUNGSGRUPPE")*

*Vom Verbandsbüro erstelltes Dokument*

*Hintergrund*

1. Dieses Dokument erläutert die Entwicklungen, die als Reaktion auf einen Vorschlag der Arbeitsgruppe für biochemische und molekulare Verfahren und insbesondere für DNS-Profilierungsverfahren (nachstehend "die BMT") eintraten, eine Sitzung einer Gruppe technischer und juristischer Sachverständiger zur Prüfung bestimmter wichtiger Fragen bezüglich biochemischer und molekularer Verfahren einzuberufen.
2. Auf der sechzigsten Tagung der BMT vom 1. bis 3. März 2000 in Angers, Frankreich, vertrat die BMT die Ansicht, daß es eine Reihe von Problemen juristischer oder grundsätzlicher Natur im Zusammenhang mit diesem Verfahren gebe, die von einer besonderen Arbeitsgruppe erörtert werden sollten.
3. Der Technische Ausschuss (nachstehend "der TC") prüfte diesen Vorschlag der BMT und entschied, das Verbandsbüro (nachstehend "das Büro") zu ersuchen, Maßnahmen zu treffen und mit den Vorsitzenden des Verwaltungs- und Rechtsausschusses (nachstehend "der CAJ") und der BMT bezüglich der Möglichkeit, eine Untergruppe juristischer und technischer Sachverständiger einzusetzen, Verbindung aufzunehmen (vgl. Dokument TC/36/11, Absatz 123).

4. Auf seiner zweiundvierzigsten Tagung vom 23. und 24. Oktober 2000 stellte der Vorsitzende des CAJ fest, daß ein Konsens für die Einsetzung einer *Ad-hoc*-Untergruppe technischer und juristischer Sachverständiger für biochemische und molekulare Verfahren (nachstehend “die BMT-Überprüfungsgruppe”), wie von der BMT angeregt, vorhanden sei. Die vom Büro in Dokument CAJ/43/3 festgelegte Aufgabendefinition wurde vom CAJ auf seiner dreiundvierzigsten Tagung vom 5. April 2001 gebilligt und ist in Kasten 1 wiedergegeben.

#### **KASTEN 1**

##### **AUFGABENDEFINITION DER *AD-HOC*-UNTERGRUPPE TECHNISCHER UND JURISTISCHER SACHVERSTÄNDIGER FÜR BIOCHEMISCHE UND MOLEKULARE VERFAHREN (“BMT-ÜBERPRÜFUNGSGRUPPE”)**

1. Die [BMT-Überprüfungsgruppe] sollte die vom Technischen Ausschuß aufgrund der Arbeiten der BMT und der Untergruppen für Arten vorgeschlagenen möglichen Modelle für die Anwendung biochemischer und molekularer Verfahren bei der Prüfung der Unterscheidbarkeit, der Homogenität und der Beständigkeit in bezug auf folgende Aspekte beurteilen:

a) Vereinbarkeit mit dem UPOV-Übereinkommen und

b) potentieller Einfluß auf die Wirksamkeit des Schutzes im Vergleich zu dem durch die derzeitigen Prüfungsverfahren gewährten Schutz und Beratung darüber, ob dies die Wirksamkeit des Schutzes nach dem UPOV-System aushöhlen könnte.

2. Die [BMT-Überprüfungsgruppe] kann bei der Durchführung ihrer Beurteilung nach ihrem Ermessen spezifische Aspekte gegebenenfalls an den [Verwaltungs- und Rechts-] Ausschuß oder den Technischen Ausschuß zur Abklärung oder zur weiteren Information weiterleiten.

3. Die [BMT-Überprüfungsgruppe] teilt dem [Verwaltungs- und Rechts-] Ausschuß seine Beurteilung, wie in Absatz 1 dargelegt, mit. Diese Beurteilung ist für den Standpunkt des [Verwaltungs- und Rechts-] Ausschusses jedoch nicht verbindlich.

5. Auf seiner siebten Tagung vom 21. bis 23. November 2001 in Hannover, Deutschland, vertrat die BMT die Ansicht, daß es wichtig sei, daß die BMT-Überprüfungsgruppe Modelle für die Verwendung biochemischer und molekularer Verfahren bei der DUS-Prüfung prüfe und Empfehlungen zur Annehmbarkeit dieser Modelle abgebe, bevor die technischen Aspekte weiter untersucht werden. Die BMT schlug vor, Empfehlungen aufgrund ausgewählter Vorschläge einzuholen, die in den *Ad-hoc*-Untergruppen (nachstehend “die artenspezifischen Untergruppen”) entwickelt und auf der siebten Tagung der BMT erörtert wurden.

6. Im Bewußtsein dessen, daß diese Frage von Bedeutung ist und daß die UPOV-Ausschüsse in der Lage sein müssen, den an diesen Verfahren Mitwirkenden fristgerechte Anleitung zu geben, hielten die Vorsitzenden des TC, des CAJ und der BMT es für

angebracht, vor den nächsten Tagungen des TC und des CAJ eine Sitzung der BMT-Überprüfungsgruppe einzuberufen.

7. Die von den Vorsitzenden des CAJ, des TC und der BMT vorgeschlagene Zusammensetzung der BMT-Überprüfungsgruppe, die nach Maßgabe der auf das Rundschreiben U 3178 eingegangenen Antworten geändert wurde, sieht folgendermaßen aus:

Vorsitzender: Herr Rolf Jördens (Büro)

Mitglieder: Frau Nicole Bustin (FR)  
Herr Michael Camlin (GB)  
Herr Doug Waterhouse (AU)  
Frau Julia Borys (PL)  
Herr Joël Guiard (FR)  
Frau Adelaida Harries (AR)  
Herr Michael Köller (DE)  
Herr Mike Wray (GB)

Sachverständige: Frau Françoise Blouet (FR)  
Herr Robert Cooke (GB)  
Herr Ben Vosman (NL)

Beobachter: Gemeinschaftliches Sortenamt (CPVO)  
Internationaler Verband der Pflanzenzüchter für den Schutz von Pflanzenzüchtungen (ASSINSEL)  
Internationale Gemeinschaft der Züchter vegetativ vermehrbarer Zier- und Obstpflanzen (CIOPORA)

Büro: Herr Peter Button  
Frau Yolanda Huerta  
Herr Makoto Tabata

8. Die BMT-Überprüfungsgruppe wird in der obenerwähnten Zusammensetzung in der Woche der Tagungen des TC und des CAJ im April 2002 zusammentreten.

#### *Von der BMT-Überprüfungsgruppe zu prüfende Modelle*

9. Wie oben erläutert, ist die BMT der Ansicht, daß es wichtig ist, daß die BMT-Überprüfungsgruppe Modelle für die Verwendung biochemischer und molekularer Verfahren bei der DUS-Prüfung prüft und Empfehlungen zur Annehmbarkeit dieser Modelle abgibt, bevor die technischen Aspekte weiter untersucht werden. Sie hält dafür, daß die Empfehlungen aufgrund der in den artenspezifischen Untergruppen entwickelten Modelle und der auf der siebten Tagung der BMT erörterten spezifischen Vorschläge einzuholen sind.

10. Der nachstehende Abschnitt faßt die von den artenspezifischen Untergruppen erarbeiteten Modelle und die von der BMT zur Prüfung durch die BMT-Überprüfungsgruppe angeregten Vorschläge zusammen. Diese Anregungen wurden vom entsprechenden Verbandsmitglied zu vollständigen Vorschlägen weiterentwickelt und sind in der Anlage enthalten.

Modell für die mögliche Einführung molekularer Verfahren:

Unterscheidbarkeit, einschließlich “Vor-Screening”

Option 1: Molekulare Merkmale als Prädiktoren für herkömmliche Merkmale

a) Verwendung molekularer Merkmale, die direkt mit den herkömmlichen Merkmalen verbunden sind (genspezifische Marker)

*Die artenspezifischen Untergruppen stellten fest, daß molekulare Marker, die direkt mit den herkömmlichen Merkmalen verbunden sind, für die Prüfung der herkömmlichen Merkmale, die nicht übereinstimmend oder ohne weiteres im Feld erfaßt werden können oder besondere zusätzliche Vorkehrungen erfordern (z.B. Krankheitsresistenzmerkmale), zweckdienlich sein können.*

*Die BMT-Überprüfungsgruppe legte einen spezifischen Vorschlag zur Prüfung der Annehmbarkeit genspezifischer Marker für die Voraussage einzelner phänotypischer Merkmale vor. Das durch genetische Modifizierung eingeführte Merkmal der Herbizidtoleranz soll als Beispiel genannt werden. Die Empfehlung müßte darauf beruhen, daß es eine zuverlässige Verbindung zwischen dem Marker und der Ausprägung des Merkmals gibt. Bei der Prüfung dieses Vorschlags soll die BMT-Überprüfungsgruppe ersucht werden, eine Empfehlung zur Annehmbarkeit der sich aus den verschiedenen Markern, die für dieselbe Ausprägung eines Merkmals entwickelt wurden, ergebenden Unterschiede abzugeben.*

*Vgl. Anlage: Vorschlag 1.*

b): Verwendung eines Satzes molekularer Merkmale, die für die Schätzung eines herkömmlichen Merkmals zuverlässig verwendet werden können, beispielsweise die Loci quantitativer Merkmale

*Die artenspezifischen Untergruppen prüften einen Vorschlag zur Voraussage des Unterschieds bei herkömmlichen Merkmalen durch eine lineare Funktion eines Satzes molekularer Merkmale.*

*Die BMT vertrat die Ansicht, daß ein Vorschlag aufgrund dieses Ansatzes nicht im jetzigen Zeitpunkt vorgelegt werden sollte, betonte jedoch, daß die Arbeiten an diesem Ansatz im Gange seien.*

Option 2: Kalibrieren von Schwellenniveaus für molekulare Merkmale gegen den Mindestabstand bei herkömmlichen Merkmalen

*Die artenspezifischen Untergruppen entwickelten diese Option mit dem Ziel sicherzustellen, daß es keine nennenswerte Verschiebung bei den durch herkömmliche Merkmale gemessenen typischen Mindestabständen geben wird. Sie stellten jedoch fest, daß das Fehlen einer deutlichen Verbindung zwischen den Abständen bei molekularen Markern und den Unterschieden bei herkömmlichen Merkmalen dazu führen würde, daß geprüft werden müsse, wie potentiell verschiedene Entscheidungen über die Unterscheidbarkeit zu behandeln sind. Der Rahmen für eine Einflussanalyse wurde entwickelt: der Vergleich der Entscheidungen nach herkömmlichen Merkmalen mit jenen anhand molekularer Merkmale und die Analyse der verschiedenen Entscheidungen aufgrund molekularer Merkmale über den Wert des Schutzes. Der Schlüssel ist die Frage, ob Sortenpaare, die bei Verwendung herkömmlicher Merkmale nicht unterscheidbar sind, im Falle der Verwendung molekularer Merkmale als unterscheidbar beurteilt würden und ob diese Entscheidungen für die Aufrechterhaltung des Schutzwertes annehmbar wären.*

*Die BMT regte an, daß aufgrund der Informationen über Mais, Raps und Rose spezifische Vorschläge für dieses Modell vorgelegt werden sollten. Diese Vorschläge würden eher auf einer Schätzung des genetischen Abstandes als auf einem Ansatz nach Merkmalen beruhen und zur Anwendung bei der Verwaltung von Vergleichssammlungen vorgelegt werden.*

*Vgl. Anlage: Vorschläge 2 bis 4.*

Option 3: Entwicklung eines neuen Systems

*Die artenspezifischen Untergruppen vertraten die Ansicht, daß dieser Ansatz bedeuten würde, daß deutliche Unterschiede bei molekularen Merkmalen als Schwellenniveaus für die Beurteilung der Unterscheidbarkeit angesehen würden. Sie merkten an, daß der Einfluß des neuen Systems im Vergleich zum bestehenden System analysiert werden müsse, z. B. mittels einer Überprüfung der möglichen Unterschiede bei den Entscheidungen.*

*Die BMT regte an, daß aufgrund des Vorschlags der artenspezifischen Untergruppe für Rose und der verfügbaren Informationen über Weizen spezifische Vorschläge für dieses Modell vorgelegt werden sollten. Diese Option wird auf der gleichen Verwendung molekularer Merkmale wie nichtmolekularer Merkmale beruhen.*

*Vgl. Anlage: Vorschläge 5 und 6.*

11. Die BMT-Überprüfungsgruppe wird die sechs in der Anlage dieses Dokuments dargelegten einzelnen Vorschläge prüfen und Empfehlungen abgeben aufgrund bestimmter Annahmen über Informationen, die bezüglich der Arten, die in den Beispielen verwendet werden, noch nicht verfügbar sind. Der Stellvertretende Generalsekretär wird dem TC und dem CAJ auf deren Tagungen im April 2002 über diese Empfehlungen mündlich Bericht erstatten.

*12. Der TC wird ersucht, die Empfehlungen der BMT-Überprüfungsgruppe zu prüfen und dem CAJ seine Meinung darzulegen.*

*13. Der CAJ wird ersucht, die Empfehlungen der BMT-Überprüfungsgruppe und die Meinung des TC zu prüfen.*

*14. Der TC und der CAJ werden ersucht, das Büro aufzufordern, ein Dokument mit den Empfehlungen der BMT-Überprüfungsgruppe sowie den Meinungen des TC und des CAJ zur Verbreitung an die Mitglieder der Technischen Arbeitsgruppen zu erstellen.*

[Anlage folgt]

ANLAGE

VORSCHLAG 1

*Von Sachverständigen aus Frankreich ausgearbeitet*

OPTION 1 a) für einen durch genetische Modifizierung eingeführten genspezifischen Marker für Herbizidtoleranz

*Anmerkung*

Option 1: Molekulare Merkmale als Prädiktoren für herkömmliche Merkmale

- a) Verwendung molekularer Merkmale, die direkt mit herkömmlichen Merkmalen verbunden sind (genspezifische Marker)

Vorschlag

1. Eine Sorte wird durch Einführung eines Gens für die Toleranz gegenüber dem Herbizid “Formel X” genetisch modifiziert. Sorten mit diesem Gen werden nicht geschädigt, wenn sie mit Formel X besprüht werden; Sorten ohne dieses Gen werden hingegen stets abgetötet, wenn sie mit diesem bestimmten Herbizid behandelt werden. Die Toleranz gegenüber der Formel X, die in Feldprüfungen durch Besprühen von Parzellen untersucht wurde, ist ein akzeptiertes DUS-Merkmal und kann zur Begründung der Unterscheidbarkeit von Sorten verwendet werden.

2. Es wird vorgeschlagen, daß das Merkmal “Toleranz gegenüber der Formel X” geprüft werden sollte, indem eine Prüfung auf Vorhandensein eines mit dem Gen *verbundenen* molekularen Markers durchgeführt wird, anstatt die Sorten im Feld zu besprühen (dies ist bei der Standard-DUS-Prüfung schwer durchzuführen). Dieser Marker befindet sich auf einem Teil des Gen-“Konstrukts”. Das Gen-“Konstrukt” umfaßt alle Elemente die während der genetischen Modifizierung in die Pflanze eingeführt werden, und enthält außer dem Gen selbst zusätzliche Elemente für die Regulierung des Gens, wenn es in der Pflanze ist. Der Markerlocus kann sich im Gen, teilweise auf dem Gen oder außerhalb des Gens selbst befinden.

Annahmen, die im Vorschlag aufzustellen sind

3. Folgende Annahmen werden aufgestellt:

- a) Die DUS-Prüfung

Es wird angenommen, daß die Prüfung des Markers im gleichen Umfang wie die Feldprüfung durchgeführt wird, d. h. die gleiche Anzahl Einzelpflanzen über die gleiche Anzahl Jahre und mit den gleichen Kriterien für die Unterscheidbarkeit, die Homogenität und die Beständigkeit.

b) Zuverlässigkeit der Verbindung

Es wird angenommen, daß die Verbindung zwischen dem Marker und dem Gen überprüft würde, um sicherzustellen, daß der Marker ein verlässlicher Prädiktor für die Toleranz gegenüber der Formel X ist. Diese Überprüfung wäre notwendig, um beispielsweise sicherzustellen, daß der Marker nicht vom Gen getrennt wird und daß das Vorhandensein des Gens noch immer zur Toleranz gegenüber der Formel X führt.

c) Entwicklung verschiedener molekularer Marker für dasselbe Gen

Es wäre möglich, verschiedene Genkonstrukte zu entwickeln, die die Toleranz gegenüber der Formel X enthalten, und getrennte molekulare Marker für diese einzelnen Genkonstrukte zu identifizieren, die sämtlich mit genau demselben Gen für die Toleranz gegenüber der Formel X verbunden wären. Wenn alle verschiedenen Marker für dasselbe Gen als verschiedene Methoden für die Prüfung *desselben vorhandenen phänotypischen Merkmals* akzeptiert würden, wäre die Prüfung des Vorgehens gleich. Nach Option 1, "Molekulare Merkmale als Prädiktoren der herkömmlichen Merkmale", muß auf der Grundlage gearbeitet werden, daß die Marker einem herkömmlichen, d. h. bestehenden, akzeptierten Merkmal entsprechen. Daher wird angenommen, daß verschiedene Marker für dasselbe Gen als verschiedene Methoden für die Prüfung desselben Merkmals behandelt würden, d. h. der Toleranz gegenüber der Formel X.

d) Verschiedene Gene, die eine Toleranz gegenüber demselben Herbizid erzeugen

Es wäre möglich, verschiedene Gene zu entwickeln, die die Toleranz gegenüber der Formel X übertragen. Im einfachsten Fall könnte dies gleich angesehen werden wie verschiedene Marker für dasselbe Gen, d. h. die verschiedenen Gene mit ihren entsprechenden Markern würden als verschiedene Methoden für die Prüfung desselben Merkmals, d. h. der Toleranz gegenüber der Formel X, angesehen. Die verschiedenen Gene hätten jedoch vermutlich einen verschiedenen chemischen Mechanismus für die Erzeugung der Toleranz gegenüber der Formel X. So werden die aus den verschiedenen Genen erzeugten chemischen Substanzen verschieden sein, und diese verschiedenen chemischen Substanzen könnten in einigen Fällen die Grundlage für die Begründung der Unterscheidbarkeit bilden. Dennoch wäre es nach Option 1 zunächst notwendig, die chemischen Bestandteile als UPOV-Merkmale zu akzeptieren, bevor die mit diesen potentiellen Merkmalen verbundenen molekularen Marker akzeptiert werden. Dies wiederum wäre ein getrennter Vorschlag. Daher wird angenommen, daß verschiedene Gene als verschiedene Methoden für die Prüfung desselben Merkmals, d. h. der Toleranz gegenüber der Formel X, behandelt werden.

e) Verschiedene Genkonstrukte, die dieselbe Herbizidtoleranz erzeugen, jedoch mit einer verschiedenen Ausprägungskontrolle

Es ist auch möglich, daß verschiedene Genkonstrukte entwickelt werden könnten, die dasselbe Gen für die Toleranz gegenüber der Formel X enthalten, jedoch eine unterschiedliche Kontrolle haben. Die Kontrollelemente können beispielsweise dazu führen, daß die Toleranz gegenüber der Formel X nur in bestimmten Entwicklungsstadien eingeschaltet wird. Der Einfachheit halber wird bei der Prüfung dieses Vorschlags angenommen, daß die verschiedenen Marker, die mit verschiedenen Kontrollelementen für dasselbe Gen verbunden sind, sämtlich als verschiedene Methoden für die Prüfung desselben Merkmals der Toleranz gegenüber der Formel X behandelt würden. Es wird jedoch auch angenommen, daß diese Frage zu einem späteren Zeitpunkt weiter untersucht würde.

Vereinbarkeit mit dem UPOV-Übereinkommen

*4. Die BMT-Überprüfungsgruppe wird ersucht zu prüfen, ob dieser Vorschlag mit dem UPOV-Übereinkommen in Widerspruch stände.*

Potentieller Einfluß

5. Im Basisvorschlag und aufgrund der Annahmen in Abschnitt 2 Buchstaben a bis e hätte es den Anschein, daß der potentielle Einfluß auf die Wirksamkeit des Schutzes im Vergleich zu dem von der “derzeitigen” Prüfungsmethode (d. h. die Feldprüfung auf Toleranz gegenüber der Formel X) gewährten Schutz gleich null sein sollte, weil die Ergebnisse der DUS-Prüfung ungeachtet dessen, ob die Feldprüfung oder die Prüfung des Markers angewandt würde, stets gleich wären.

*6. Aufgrund der in Absatz 3 dargelegten Annahmen wird die BMT-Überprüfungsgruppe ersucht, den potentiellen Einfluß dieses Vorschlags auf die Wirksamkeit des Schutzes im Vergleich zu dem von der derzeitigen, im Vorschlag betrachteten Prüfungsmethode gewährten Schutz zu prüfen und mitzuteilen, ob dies die Wirksamkeit des Schutzes nach dem UPOV-System aushöhlen könnte.*



## VORSCHLAG 2

*Von Sachverständigen aus Frankreich ausgearbeitet*

(“OPTION 2” für Raps)

Option 2: Kalibrieren der Schwellenniveaus für molekulare Merkmale gegen den Mindestabstand bei herkömmlichen Merkmalen

### Vorschlag

1. Option 2 beruht auf dem Kalibrieren der Schwellenniveaus für molekulare Merkmale gegen die Schwellenniveaus bei herkömmlichen Merkmalen, die hauptsächlich auf den in Frankreich über Mais, Raps und Rose erlangten Auskünften beruhen. In diesem bestimmten Vorschlag beruhen die Schwellenniveaus bei den herkömmlichen Merkmalen eher auf einer globalen Schätzung des Abstandes als auf einem Vorgehen nach Merkmalen, und der Vorschlag wird auf die “Verwaltung von Vergleichssammlungen” angewandt. In diesem Kontext umfaßt der Begriff “Verwaltung von Vergleichssammlungen” insbesondere die Selektion der allgemein bekannten Sorten, die aufgrund eines Vergleichs harmonisierter Beschreibungen für die Prüfung der Unterscheidbarkeit von den Anbauprüfungen ausgeschlossen werden können. Ein Schlüsselaspekt des Prozesses der Eliminierung allgemein bekannter Sorten vor der Anbauprüfung ist, daß die Schwelle für die Entscheidung, welche Sorten mit Sicherheit ausgeschlossen werden können (d. h. aufgrund der Beschreibungen unterscheidbar sind), mit einer angemessenen Sicherheitsmarge festgesetzt werden können, weil jene Sorten, die nicht eliminiert werden, jedoch tatsächlich unterscheidbar sind, anläßlich der Anbauprüfung entdeckt werden. Diese Schwelle mit einer Sicherheitsmarge wird in diesem Dokument als “Unterscheidbarkeitsschwelle plus” bezeichnet. In diesem Vorschlag besteht das Ziel darin, eine Unterscheidbarkeitsschwelle plus für molekulare Merkmale zu entwickeln.

#### *Messung des Abstandes bei herkömmlichen Merkmalen*

2. Der erste Schritt besteht darin zu prüfen, wie der Abstand zwischen Sorten unter Verwendung herkömmlicher Merkmale zu messen ist. Dieser Vorschlag beruht auf einem Vorgehen mittels des Einsatzes der von Frankreich entwickelten Computersoftware GAÏA (vgl. Dokument TWA/30/15). Dieser Ansatz besteht in der Schätzung des phänotypischen Unterschieds zwischen zwei Sorten, die auf der Addition der für die verschiedenen Merkmale erfaßten Unterschiede beruht. Jeder erfaßte Unterschied wird vom Pflanzensachverständigen nach dem Wert des Unterschieds und der Zuverlässigkeit jedes Merkmals gewichtet.

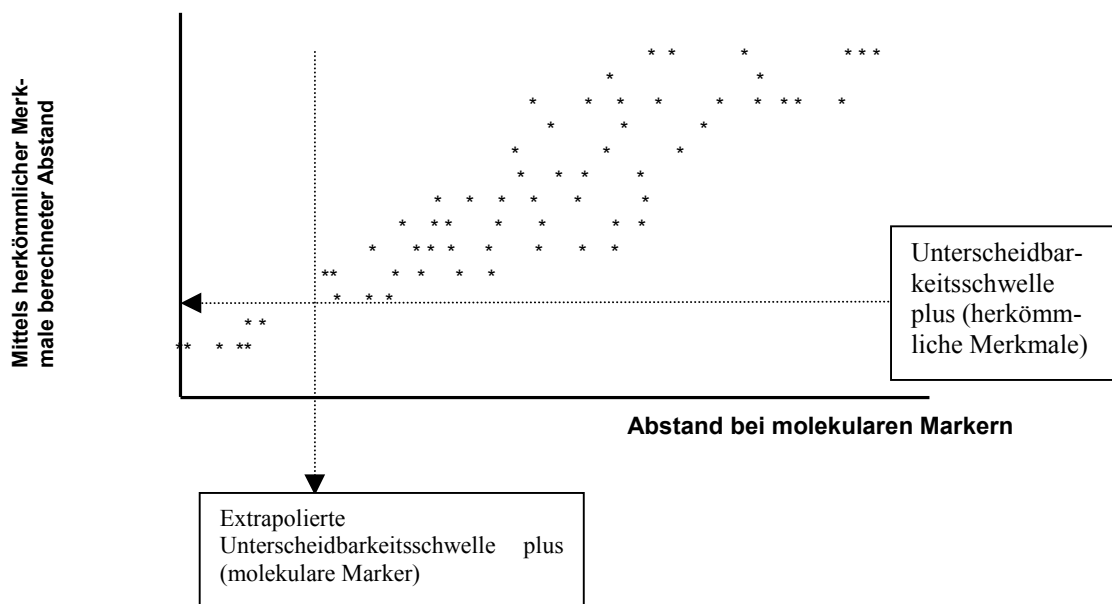
#### *Messung der Unterschiede bei molekularen Merkmalen*

3. Der Unterschied zwischen Sorten aufgrund von Informationen aus molekularen Markern wird in dieser Option durch die Verwendung der Rogers’schen Unterschiede berechnet.

*Kalibrieren der Schwellenniveaus für molekulare Merkmale gegen den Mindestabstand bei herkömmlichen Merkmalen*

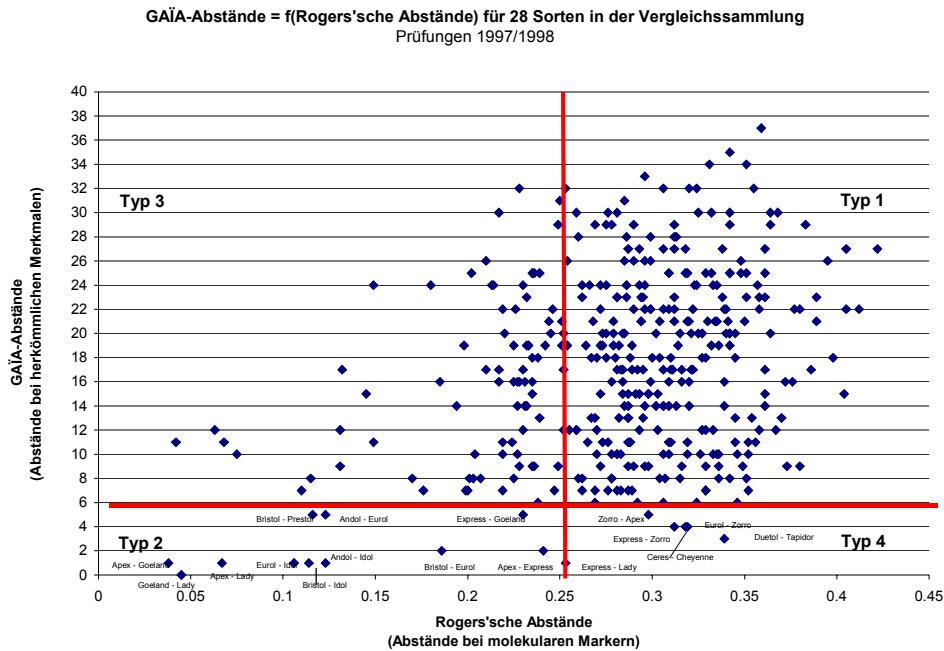
4. Das Kalibrieren der Schwellenniveaus für Unterschiede bei molekularen Merkmalen gegen die Unterschiede bei herkömmlichen Merkmalen wäre direkt, wenn es eine starke Korrelation zwischen den beiden Arten der Messung der Unterschiede zwischen Sorten gäbe. In dieser Situation sähe ein Diagramm der verschiedenen Methoden wie Abbildung 1 aus. Die Unterscheidbarkeitsschwelle plus bei molekularen Markern könnte aus der Unterscheidbarkeitsschwelle plus bei herkömmlichen Merkmalen so extrapoliert werden, daß gleiche Entscheidungen getroffen würden, ungeachtet dessen, welche Methode für die Prüfung der Sortenunterschiede verwendet wurde.

**ABBILDUNG 1**



5. Im Falle von Raps ist die Korrelation jedoch weniger gut, wie aus Abbildung 2 hervorgeht. Es ist festzustellen, daß es, wo immer die Unterscheidbarkeitsschwelle plus für die molekularen Marker angesetzt wird, je nach der für die Berechnung der Unterschiede verwendeten Methoden einige Sorten mit verschiedenen Entscheidungen geben würde. Die Auswirkungen dieser Situation werden im Abschnitt "Potentieller Einfluß" untersucht.

## ABBILDUNG 2



### Annahmen, die im Vorschlag aufzustellen sind

#### 6. Folgende Annahmen werden aufgestellt:

##### a) Homogenität und Beständigkeit

Die Voraussetzungen der Homogenität und der Beständigkeit für die molekularen Marker wurden in diesem Vorschlag nicht entwickelt. Aus den verfügbaren Informationen geht jedoch hervor, daß die Variabilität für molekulare Merkmale innerhalb von Sorten höher zu sein scheint, als die bei herkömmlichen Merkmalen erfaßte Variabilität. Es wird angenommen, daß die aufgrund der molekularen Marker berechneten Unterschiede zwischen Sorten der Variation innerhalb von Sorten in vollem Umfang Rechnung tragen. Außerdem wird angenommen, daß geeignete Homogenitätsniveaus für molekulare Marker entwickelt werden könnten, ohne daß die Sorten im allgemeinen homogener sein müßten. Diese Annahme beruht darauf, daß molekulare Marker für die Begründung einer auf dem genetischen Abstand beruhenden "Unterscheidbarkeitsschwelle plus" bei der Verwaltung von Vergleichssammlungen und nicht für die Beurteilung der Unterscheidbarkeit durch ein Vorgehen nach Merkmalen verwendet würden.

##### b) Anwendung des Vorschlags

Wie in der Einleitung erläutert, wird dieser Vorschlag auf der Grundlage vorgelegt, daß er lediglich für die Festsetzung einer "Unterscheidbarkeitsschwelle plus" bei der Verwaltung von Vergleichssammlungen verwendet würde.

##### c) Zuverlässigkeit der Verfahren

Es wird angenommen, daß die Verfahren alle üblichen Anforderungen für alle bei der DUS-Prüfung zu verwendenden Merkmale erfüllen würden und daß sie insbesondere überprüft würden, um sicherzustellen, daß sie hinreichend stabil und wiederholbar sind.

Vereinbarkeit mit dem UPOV-Übereinkommen

*7. Die BMT-Überprüfungsgruppe wird ersucht zu prüfen, ob dieser Vorschlag in Widerspruch zum UPOV-Übereinkommen stünde.*

Potentieller Einfluß

8. Das Diagramm in Abbildung 2 zeigt auf, wie sich dieser Vorschlag auf die Wirksamkeit des Schutzes auswirken könnte. Die Situation läßt sich wie folgt zusammenfassen:

	Unterscheidbarkeit plus (herkömmliche Merkmale)	Unterscheidbarkeit plus (molekulare Marker)
Typ 1	Ja	Ja
Typ 2	Nein	Nein
Typ 3	Ja	Nein
Typ 4	Nein	Ja

9. Die Ergebnisse bei den Typen 1 und 2 hätten keinen Einfluß auf die Wirksamkeit des Schutzes, weil das Ergebnis bei beiden verwendeten Methoden gleich ist.

10. Die Ergebnisse bei Typ 3 hätten ebenfalls keinen Einfluß auf die Wirksamkeit des Schutzes, weil festgestellt würde, daß die Sorten bei Verwendung herkömmlicher Merkmale in der Anbauprüfung unterscheidbar sind.

11. Die Ergebnisse bei Typ 4 könnten einen Einfluß auf die Wirksamkeit des Schutzes ausüben, weil sie zu Sorten führen könnten, die als unterscheidbar angesehen würden, die zuvor jedoch nicht als unterscheidbar angesehen wurden. Die Bestimmung dessen, ob die Ergebnisse bei Typ 4 die Wirksamkeit des Schutzes nach dem UPOV-System aushöhlen könnte, würde eine Analyse dieser Fälle erfordern.

12. Zurzeit sind Fälle vom Typ 4 bei Raps bekannt (Beispiele können angeführt werden). Diese Fälle beziehen sich jedoch nur auf Sortenpaare, die in einer Anbauprüfung als unterscheidbar festgestellt wurden. Die Situation, bei der sich unterschiedliche Entscheidungen über die Unterscheidbarkeit ergäben, kann nur untersucht werden, wenn die Sorten bei der Anbauprüfung in bezug auf die Unterscheidbarkeit zurückgewiesen werden. Dies würde die Analyse der in der Vergangenheit in bezug auf die Unterscheidbarkeit zurückgewiesenen Sortenpaare erfordern oder, falls dieses Material nicht verfügbar ist, ein System, bei dem die beiden Systeme auf die Kandidatensorten in Echtzeit "parallel angewandt werden". Es wäre sodann möglich festzustellen, ob derartige Fälle eintreten und ob sie die Wirksamkeit des Schutzes aushöhlen würden. Sollte die Ansicht herrschen, daß diese Fälle die Wirksamkeit des Schutzes aushöhlen, könnte sodann entschieden werden, ob eine hinreichend hohe Schwelle festgesetzt werden könnte, um diese Fälle zu eliminieren, ohne den Nutzen des Vorgehens für die Verwaltung der Vergleichssammlungen zu verlieren.

13. Es sollte anerkannt werden, daß die in den Absätzen 10 und 11 betrachteten Fallstudien möglicherweise keine vollständige Einschätzung des potentiellen Einflusses bieten können, da

die Züchter im Rahmen des bestehenden Systems der DUS-Prüfung arbeiten würden. Ferner sollte beispielsweise auch in Betracht gezogen werden, ob es nach dem vorgeschlagenen neuen System, falls es akzeptiert wird, leichter wäre, Sorten ausschließlich aus vorhandenen geschützten Sorten zu selektionieren. Sollte dies der Fall sein, könnten die "Züchter" veranlaßt werden zu versuchen, neue Sorten auf diese Weise zu selektionieren, während es nach dem bestehenden System keinen Anreiz hierfür gäbe, weil die Sorten nicht als unterscheidbar angesehen würden. Diese Situation könnte mit größerer Wahrscheinlichkeit eintreten, wenn die Homogenitätskriterien für molekulare Marker niedriger als jene für herkömmliche Merkmale wären.

*14. Aufgrund der in Absatz 6 erwähnten Annahmen wird die BMT-Überprüfungsgruppe ersucht, den potentiellen Einfluß dieses Vorschlags auf die Wirksamkeit des Schutzes im Vergleich zu dem von den derzeitigen Prüfungsmethoden gewährten Schutz zu prüfen und mitzuteilen, ob dies die Wirksamkeit des Schutzes nach dem UPOV-System aushöhlen könnte.*

VORSCHLAG 3

*Von Sachverständigen aus Frankreich ausgearbeitet*

(“OPTION 2” für Mais)

<p><u>Option 2</u>: Kalibrieren der Schwellenniveaus für molekulare Merkmale gegen den Mindestabstand bei herkömmlichen Merkmalen</p>
---

Dieser Vorschlag für Mais wird auf der gleichen Grundlage wie Vorschlag 2 (Option 2 für Raps) beruhen. Die Sachverständigen aus Frankreich werden die über Mais erlangten Informationen auf der Tagung darlegen.

VORSCHLAG 4

*Von Sachverständigen aus Frankreich ausgearbeitet*

(“OPTION 2” für Rose)

<p><u>Option 2</u>: Kalibrieren der Schwellenniveaus für molekulare Merkmale gegen den Mindestabstand bei herkömmlichen Merkmalen</p>
---

Dieser Vorschlag für Rose wird auf der gleichen Grundlage wie Vorschlag 2 (Option 2 für Raps) beruhen. Die Sachverständigen aus Frankreich werden die über Rose erlangten Informationen auf der Tagung darlegen.

## VORSCHLAG 5

*Von Sachverständigen aus den Niederlanden ausgearbeitet*

(“OPTION 3” für Rose)

<u>Option 3</u> : Entwicklung eines neuen Systems
---

### Vorschlag

1. Dieser Vorschlag beruht darauf, daß ein Satz molekularer Merkmale in derselben Weise wie bestehende nichtmolekulare Merkmale verwendet würde.

2. Aus einer Studie an 76 Sorten von Rose ging hervor, daß all diese Sorten, mit Ausnahme der durch Mutation entstandenen Sortenpaare, durch die Verwendung einer begrenzten Anzahl molekularer Marker unterschieden werden konnten. Bei der Prüfung der Einzelpflanzen einer Anzahl Sorten stellte sich ferner heraus, daß alle homogen waren. Die betreffenden STMS-Marker (“Sequence Tagged Micro-Satellite” (sequenzmarkierter Mikrosatellit)) suchen bestimmte Wiederholungssequenzen in der Pflanzen-DNS. An diesen Markerloci wird die DNS der Pflanze vergrößert, und die sich ergebenden Fragmente werden auf ein Gel gegeben, das einen Satz von Banden oder Scheitelwerten erzeugt, die jedem Fragment entsprechen. Verschiedene Banden- oder Scheitelwertmuster aus denselben Markern geben die Unterschiede in den Markerloci an. Es ist anzumerken, daß es nicht wahrscheinlich ist, daß diese Sequenzen mit den in den Prüfungsrichtlinien vorhandenen Merkmalen verbunden sind, und sie sollten als Indikatoren für Strukturunterschiede bei der Pflanzen-DNS angesehen werden.

3. Die Homogenität der Bandenmuster für alle Pflanzen innerhalb eine Sorte bedeutet, daß es möglich wäre, die Sorten aufgrund eines einzigen Bandenunterschieds zu unterscheiden. Ein derartiger Unterschied könnte sich jedoch aus einer einzigen Mutation, d. h. durch Zufall, ergeben. Aus diesem Grund wird vorgeschlagen, daß Sorten nur dann als deutlich unterscheidbar angesehen würden, wenn es drei Banden-/Scheitelwertunterschiede zwischen den Sorten gibt.

4. Folgendes System wird vorgeschlagen:

Schritt 1: Verwendung eines festen Satzes von sieben STMS-Markern (Satz 1) zur Prüfung von zwei Pflanzen der Kandidatensorte, um festzustellen, ob sie von allen übrigen Sorten deutlich unterscheidbar ist.

Weist die Kandidatensorte bei Verwendung des ersten Markersatzes mindestens 3 Banden-/Scheitelwertunterschiede gegenüber allen übrigen Sorten auf, würde sie als unterscheidbar angesehen. Sie würde sodann in einer Feldprüfung angebaut, um die Homogenität und Beständigkeit für das entsprechende nichtmolekulare Merkmal zu prüfen. In anderen Fällen oder bei fehlenden Werten käme Schritt 2 zur Anwendung.



Schritt 2: Wird die Kandidatensorte bei Verwendung des Markersatzes 1 als nicht unterscheidbar angesehen, wird sie anhand eines zweiten, verschiedenen Satzes von sieben STMS-Markern (Satz 2) geprüft.

Weist die Kandidatensorte bei kombinierter Verwendung beider Markersätze mindestens drei Banden-/Scheitelwertunterschiede gegenüber allen übrigen Sorten auf, würde sie als unterscheidbar angesehen. Sie würde sodann in einer Feldprüfung angebaut, um die Homogenität und Beständigkeit für die entsprechenden nichtmolekularen Merkmale zu prüfen. In anderen Fällen oder bei fehlenden Werten für mehr als einen Markersatz käme Schritt 3 zur Anwendung.

Schritt 3: Würde die Kandidatensorte bei Verwendung beider Markersätze als nicht unterscheidbar betrachtet, ist es wahrscheinlich, daß sie eine vorhandene Sorte oder mit einer bestehenden Sorte genetisch eng verwandt wäre, z. B. aus einer Mutation entstanden. Derartige Kandidatensorten würden in die Anbauprüfung einbezogen, um nebst der Homogenität und der Beständigkeit die Unterscheidbarkeit unter Verwendung nichtmolekularer Merkmale zu prüfen.

Annahmen, die im Vorschlag aufzustellen sind

5. Folgende Annahmen werden aufgestellt:

a) Die DUS-Prüfung

Es wird angenommen, daß die Feldprüfung mit der gleichen Anzahl Pflanzen wie heute durchgeführt wird. Lediglich zwei Pflanzen wären für die Prüfung mit STMS-Markern notwendig, weil abweichende Sorten in der späteren Feldprüfung festgestellt würden. Dies kann angenommen werden, weil die Wahrscheinlichkeit, daß eine Mutation an einem Markerlocus auftritt und in den nichtmolekularen Merkmalen nicht zu sehen ist, äußerst gering ist.

b) Zuverlässigkeit der Verfahren

Es wird angenommen, daß die STMS-Marker alle üblichen Anforderungen für alle bei der DUS-Prüfung zu verwendenden Merkmale erfüllen würden und daß sie insbesondere überprüft würden, um sicherzustellen, daß sie hinreichend stabil und wiederholbar sind.

c) Homogenität

Es wird angenommen, daß die in der ersten Studie festgestellte Situation bezüglich der Homogenität der vorhandenen Sorten stabil wäre, wenn sie an der gesamten Sortensammlung geprüft würde, oder daß es nur ganz gelegentliche einmalige Bandenunterschiede innerhalb der Sorten gäbe.

Vereinbarkeit mit dem UPOV-Übereinkommen

*4. Die BMT-Überprüfungsgruppe wird ersucht zu prüfen, ob dieser Vorschlag mit dem UPOV-Übereinkommen in Widerspruch stände.*

Potentieller Einfluß

7. Dieser Vorschlag könnte einen potentiellen Einfluß auf die Wirksamkeit des Schutzes ausüben, falls Sorten, die unter Verwendung der bestehenden Merkmale in den Prüfungsrichtlinien nicht als unterscheidbar angesehen worden wären, aufgrund dieses Vorgehens als unterscheidbar angesehen würden. Die erste Studie deutet darauf hin, daß dies unwahrscheinlich ist, weil die ähnlichsten Sorten, die nach dem bestehenden System als unterscheidbar angesehen werden (d. h. Sortenpaare, die aus einer Mutation entstanden sind), bei der Verwendung der beiden STMS-Markersätze *nicht* als unterscheidbar angesehen werden.

8. Es wird oben erwähnt, daß das Risiko einer Mutation besteht und daß dies eine “unterscheidbare” Sorte aus einer vorhandenen Sorte erzeugen könnte, falls die Mutation auf dem STMS-Markerlocus auftritt. Dieses Risiko wird jedoch im Vorschlag dadurch reduziert, daß Unterschiede bei drei Banden verlangt werden, um eine Sorte unter Verwendung von STMS-Markersätzen als unterscheidbar ansehen zu können. Dies würde voraussetzen, daß drei getrennte Mutationen auftreten, und zwar alle innerhalb der Markerloci. Wird die Rate der Mutation als 1 zu 10 000 angenommen, beträgt die Wahrscheinlichkeit, eine Pflanze mit drei Mutationen zu finden, 1 zu 10 000<sup>3</sup>, d. h. 1 zu 1 000 000 000 000, und die Tatsache, daß diese drei Mutationen an Markerloci auftreten müßten, würde die Möglichkeit des Aussortierens dieser Varianten unwirtschaftlich machen.

*9. Aufgrund der in Absatz 5 dargelegten Annahmen wird die BMT-Überprüfungsgruppe ersucht, den potentiellen Einfluß dieses Vorschlags auf die Wirksamkeit des Schutzes im Vergleich zu dem von der derzeitigen Prüfungsmethode gewährten Schutz zu prüfen und mitzuteilen, ob dies die Wirksamkeit des Schutzes nach dem UPOV-System aushöhlen könnte.*

## VORSCHLAG 6

*Von Sachverständigen aus dem Vereinigten Königreich ausgearbeitet*

(“OPTION 3” für Weizen)

<u>Option 3: Entwicklung eines neuen Systems</u>
--

### Vorschlag

1. Dieser Vorschlag beruht darauf, daß ein Satz molekularer Marker bei Weizen verwendet würde, um i) die Vergleichssammlung zu erweitern und zu organisieren, und ii) die Kandidatensorten vor der Feldprüfung auszusortieren.
2. Zur Zeit bestehen in verschiedenen Ländern erhebliche Diskrepanzen bei der Bildung von Vergleichssammlungen, und es herrscht die Ansicht, daß das Vorhandensein einer Datenbank von DNS-Profilen von Sorten, die wie in diesem Vorschlag eingesetzt würde, diese Situation verbessern und den Nutzen des Züchterrechts erhöhen würde.
3. Endgültige Entscheidungen über die Unterscheidbarkeit von Kandidatensorten könnten aufgrund des Aussortierens unter Verwendung molekularer Marker oder, falls dies nicht schlüssig ist, aufgrund eines reduzierten Satzes bestehender nichtmolekularer Merkmale, die in Feldprüfungen erfaßt werden, getroffen werden.
4. Aus einer Studie an 40 Sorten von Weizen ging hervor, daß all diese Sorten mit Ausnahme eines Schwesternlinienpaares anhand von acht Mikrosatellitenmarkern (einfache Sequenzwiederholung (Simple Sequence Repeats, SSR)) unterschieden werden konnten. Mikrosatelliten sind hoch polymorphe, doppelt wiederholte DNS-Sequenzen mit einer Basis-Wiederholungseinheit (oder Kernsequenz) von 2 bis 8 Basenpaaren (z. B. GA, CTT und GATA). Der bei Mikrosatelliten festgestellte Polymorphismus ist auf Variationen bei der Vervielfältigungszahl der Basis-Wiederholungseinheit zurückzuführen. Bei verschiedenen Pflanzenarten wurde nachgewiesen, daß für zahlreiche Mikrosatelliten bei verschiedenen Sorten mehrfache derartige Variationen (“Allele”) vorhanden sind, die sich aus diesen Unterschieden bei der Vervielfältigungszahl ergeben. Mikrosatelliten können als sequenzmarkierte Loci (STMS) analysiert werden, die die Verwendung von Paaren von DNS-Primern (kurze Sequenzen) erfordern, die den Mikrosatelliten seitlich begrenzen. Die Verwendung dieser Primerpaare in einer Polymerase-Kettenreaktion (Polymerase Chain Reaction, PCR) vergrößert die Mikrosatellitenregion. Verschiedene Allele des Mikrosatellitenstandortes (“Locus”) können dann getrennt und anhand der Elektrophorese oder sonstiger analytischer Verfahren sichtbar gemacht werden.
5. Es ist anzumerken, daß es unwahrscheinlich (jedoch nicht unmöglich) ist, daß diese Mikrosatellitensequenzen mit den bestehenden UPOV-Merkmalen verbunden sind. Sie können jedoch kartiert und ihre Erbanlagen bei Kreuzungen verfolgt werden. Die Ausprägung der Allele, beispielsweise als Banden auf einem Gel, wird von der Umwelt oder dem Entwicklungsstadium der Pflanze nicht beeinflusst.
6. Es ist bekannt, daß alle acht SSR mit verschiedenen Chromosomenloci dem Weizengenom zugeordnet sind und zuverlässig und mehrfach geprüft werden können.

7. Die Homogenität der 40 Sorten bezüglich der Loci der acht SSR wurde untersucht. Eine vorläufige Analyse zeigte auf, daß die Homogenität der Bandenmuster für alle Pflanzen innerhalb einer Sorte von der Sorte und dem molekularen Marker abhängen. Bei 15 der 40 Sorten wurden bei 48 Pflanzen für alle acht SSR keine abweichenden Bandenmuster festgestellt. Weitere acht Sorten wiesen bei 48 Pflanzen lediglich eine Abweichung auf, während zwei Sorten eine Einzelpflanze mit verschiedenen Allelen an zwei Loci hatten. Diese Analyse ist noch zu fertigzustellen, wird jedoch letzten Endes einen Hinweis auf die Homogenität vorhandener, geschützter Sorten an diesen Loci geben, d. h. darauf, was von den Weizenzüchtern zur Zeit ohne besonderen Aufwand erzielt wird, um die Sorten von diesen Merkmalen zu reinigen.

8. Folgendes System wird vorgeschlagen:

Schritt 1: Eine Kandidatensorte wird von der Prüfungsbehörde entgegengenommen. Sie wird dann anhand eines vereinbarten, festen Satzes von acht SSR-Markern im Profil dargestellt.

Schritt 2: Die erste DNS-Profilinformation wird verwendet, um zu bestimmen, ob die Kandidatensorte deutlich von den allgemein bekannten Sorten unterscheidbar ist und/oder zu bestimmen, von welchen Sorten sie nicht deutlich unterscheidbar ist (gemäß der nachstehenden vereinbarten Grundlage).

Schritt 3: Kann die Kandidatensorte anhand dieses Markersatzes deutlich unterschieden werden, wird sie als unterscheidbar angesehen. Eine Grundlage für die Unterscheidbarkeit könnte das Auftreten eines verschiedenen Allels an einem Markerlocus sein, für das die Kandidatensorte und die Vergleichssorte hinreichend homogen sind. Es ist jedoch möglich, daß eine strengere Anforderung (z. B. verschiedene Allele an mehr als einem Locus, d. h. Unterschiede in mehr als einem Marker) angewandt werden könnte ("Unterscheidbarkeit plus"), obwohl dies selbstverständlich die Unterscheidungskraft des Markers reduzieren würde.

Schritt 4: Das Homogenitätsniveau wird auf dem zur Zeit bei geschützten Sorten festgestellten Niveau beruhen (vgl. Absatz 7), was wiederum die Anzahl der zu analysierenden Einzelpflanzen bestimmen wird. Wird der Ansatz "Unterscheidbarkeit plus" gewählt, werden die Homogenitätskriterien in der gleichen Weise angepaßt werden müssen. Pflanzen, bei denen der Unterschied geringer war als derjenige, der zur Begründung der Unterscheidbarkeit verwendet wird, würden zum Zwecke der Prüfung der Homogenität nicht als Varianten angesehen.

Schritt 5: Kandidatensorten, die für keinen der acht Marker hinreichend homogen sind, werden keiner weiteren Prüfung unterzogen und erhalten den Schutz nicht.

Schritt 6: Kann die Kandidatensorte nicht deutlich von allen allgemein bekannten Sorten unterschieden werden, werden die Sorten, von denen sie (gemäß einem vereinbarten Kriterium) nicht unterscheidbar ist, für die Aufnahme in die Feldprüfung selektiert.

Schritt 7: Der Prozeß wird für alle Kandidatensorten wiederholt, und die Feldprüfung wird dann so geplant, daß ähnliche Sorten nahe beieinander angebaut werden, d. h. daß Vergleiche zwischen den ähnlichsten Gruppen von Kandidaten-/Vergleichssorten

ohne weiteres vorgenommen werden können. Bei der Planung könnten auch die Auskünfte des Züchters im Fragebogen verwendet werden.

Schritt 8: Alle Kandidatensorten werden in Feldprüfungen angebaut, um die Homogenität und Beständigkeit der entsprechenden, nichtmolekularen Merkmale zu überprüfen.

Schritt 9: Die in den Feldprüfungen erfaßten Merkmale würden einen reduzierten Satz der zur Zeit erfaßten Merkmale umfassen, beispielsweise aufgrund ihrer Unterscheidungskraft oder ihres Mangels an Umweltinteraktion oder ihrer Zweckmäßigkeit für Beschreibungszwecke (einschließlich der Zertifizierung).

Schritt 10: Ist die Begründung der Unterscheidbarkeit noch immer schwierig, könnten zusätzliche Merkmale in einer besonderen Prüfung verwendet werden. Diese Merkmale müßten dieselben Kriterien erfüllen wie bestehende Merkmale.

Schritt 11: Die Sortenbeschreibung würde sowohl aus dem DNS-Profil als auch aus den in der Feldprüfung erfaßten Merkmalen bestehen.

Annahmen, die im Vorschlag aufzustellen sind

9. Folgende Annahmen werden aufgestellt:

a) Die DUS-Prüfung

Es wird angenommen, daß die Niveaus für die Verwendung der SSR-Marker vereinbart würden (vgl. Absatz 7, sowie 8, Schritte 2 bis 4). Die Homogenitäts- und Beständigkeitsniveaus für die Markerdaten würden wie in Absatz 7 aufgrund dessen bestimmt, was zur Zeit erreichbar ist. Es ist nicht notwendig, die Markerdaten in mehr als einem Jahr zu prüfen. Es würden dieselben Niveaus wie heute für die Feldprüfungen mit den zur Zeit verwendeten Kriterien für die Homogenität und die Beständigkeit gelten.

b) Zuverlässigkeit der Verfahren

Es wird angenommen, daß die SSR-Marker alle üblichen Anforderungen für alle bei der DUS-Prüfung zu verwendenden Merkmale (siehe "Allgemeine Einführung") erfüllen würden, einschließlich der Notwendigkeit, daß sie hinreichend stabil und wiederholbar sind.

c) Der Markersatz

Der Satz von acht SSR-Markern, der für die Schaffung der Datenbank und die Prüfung der Kandidatensorten verwendet wird, wäre 'fest'. Sollten jedoch im Laufe der Zeit verbesserte und/oder zusätzliche Marker verfügbar werden, könnte der ursprüngliche Markersatz erhöht werden oder andernfalls könnten weniger nützliche Marker ersetzt werden. All diese zusätzlichen Marker müßten auf die gleiche Weise wie der ursprüngliche Satz von acht Markern geprüft werden.

d) Homogenität

Es wird angenommen, daß die in der ersten Studie an 40 Sorten festgestellte Situation, insbesondere hinsichtlich der Homogenität vorhandener Sorten, im großen und ganzen für alle vorhandenen, geschützten Sorten bezeichnend ist.

e) Datenbank von DNS-Profilen

Es wird angenommen, daß eine geeignete Datenbank geschaffen und aufrechterhalten werden kann, die die DNS-Profile der allgemein bekannten Sorten enthält, die vermutlich auch aufgeteilt wäre, beispielsweise nach dem Ursprung der Sorte und/oder agrarklimatischen Gebieten.

Vereinbarkeit mit dem UPOV-Übereinkommen

*10. Die BMT-Überprüfungsgruppe wird ersucht zu prüfen, ob dieser Vorschlag mit dem UPOV-Übereinkommen in Widerspruch stände.*

Potentieller Einfluß

11. Ein bedeutender positiver Einfluß auf Wirksamkeit und Qualität des Schutzes wäre das Potential zur Aussortierung einer weit umfassenderen Vergleichssammlung. Es ist nunmehr eindeutig etabliert, daß die Vergleichssammlungen in bezug auf die Abdeckung der allgemein bekannten Sorten sehr unterschiedlich sind und daß die Umweltinteraktionen mit zahlreichen morphologischen Merkmalen die Wirksamkeit der veröffentlichten Beschreibungen gefährden (vgl. Dokument TWA/30/16). Dieser Vorschlag bietet Gelegenheit, beide Probleme anzugehen.

12. Das vorgeschlagene System könnte es möglicherweise erlauben, daß Sorten in einem einzigen Prüfungsjahr als unterscheidbar, homogen und beständig erklärt werden.

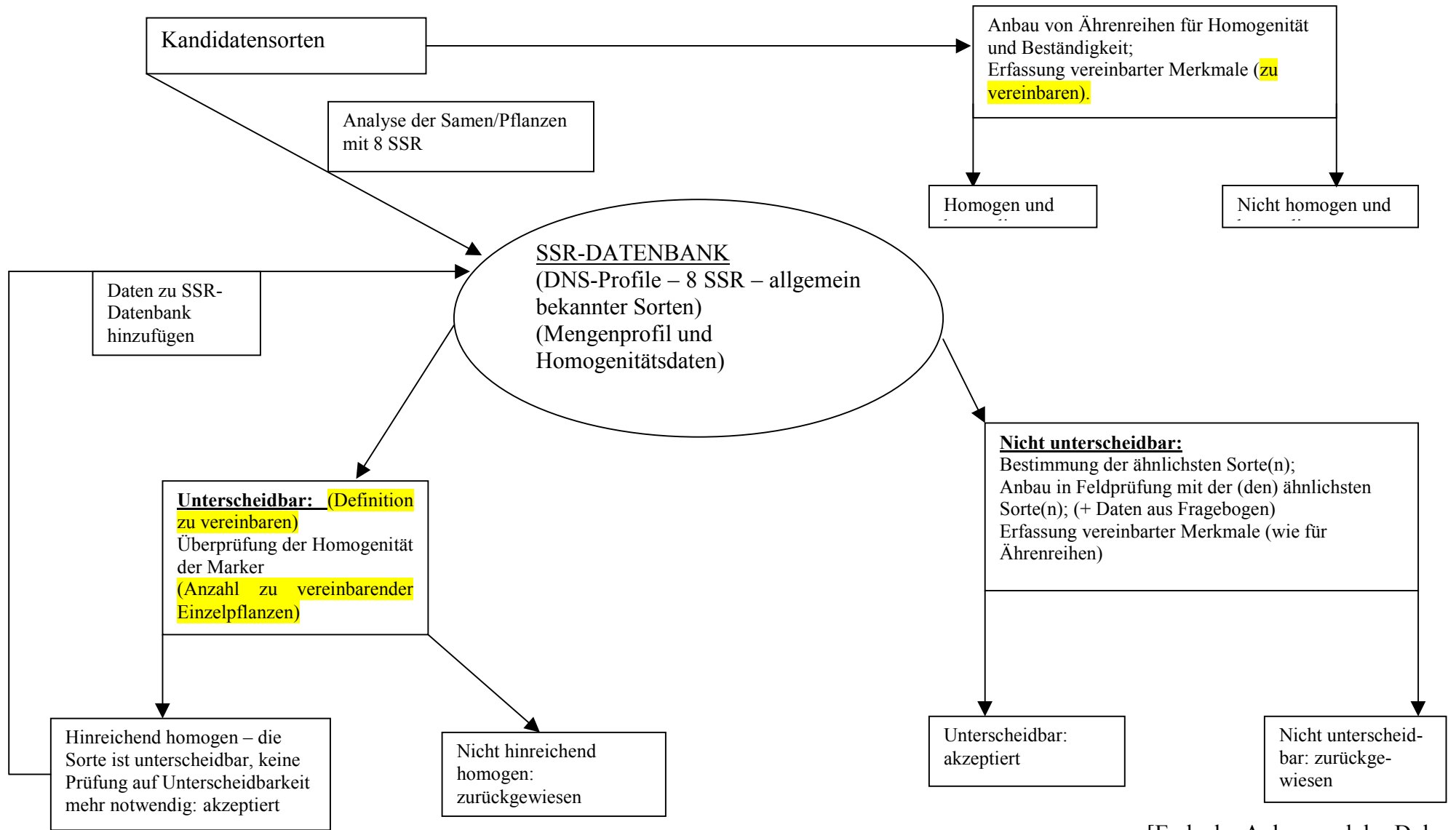
13. Dieser Vorschlag könnte in einer Hinsicht einen potentiellen negativen Einfluß auf die Wirksamkeit des Schutzes ausüben, wenn Sorten, die anhand herkömmlicher Merkmale nicht als unterscheidbar angesehen worden wären, bei der Anwendung dieses Vorgehens als unterscheidbar angesehen würden. Dies könnte anhand einer parallel verlaufenden Prüfung über eine vereinbarte Anzahl Jahre (oder wenn möglich rückwirkend) geprüft werden.

14. Würde ein Züchter versuchen, eine neue Sorte zu schaffen, indem er lediglich das Profil der molekularen Marker ändert, könnte dies aus der Beschreibung der Sorte ersichtlich werden (und könnte sodann voraussichtlich eine Untersuchung des möglichen Status als im wesentlichen abgeleitete Sorte auslösen).

15. Das Risiko, daß eine neue Sorte durch Selektion aus einer vorhandenen Sorte erzeugt wird, könnte auf ein Mindestmaß reduziert werden, indem Unterschiede an mehr als einem SSR-Locus verlangt werden, um eine Sorte als unterscheidbar ansehen zu können (vgl. Absatz 8, Schritte 3 und 4). In jedem Falle ist das Risiko bei diesem Vorschlag nicht größer als das zur Zeit bestehende Risiko. Dieser Vorschlag erhält die Verbindung zwischen der

Größe der Unterschiede, die für die Begründung der deutlichen Unterscheidbarkeits- und Homogenitätsniveaus erforderlich ist, aufrecht. Daher wäre es müßig, Teile einer hinreichend homogenen Sorte zu selektionieren und zu reinigen, weil eine derartige Sammlung von Pflanzen von der Ursprungsorte nicht deutlich unterscheidbar wäre.

*16. Aufgrund der in Absatz 9 dargelegten Annahmen wird die BMT-Überprüfungsgruppe ersucht, den potentiellen Einfluß dieses Vorschlags auf die Wirksamkeit des Schutzes im Vergleich zu dem von den derzeitigen Prüfungsmethoden gewährten Schutz zu prüfen und mitzuteilen, ob dies die Wirksamkeit des Schutzes nach dem UPOV-System aushöhlen könnte.*



[Ende der Anlage und des Dokuments]