

Öffentliche Bekanntmachung nach § 12 GenTVfV i.V.m. § 10 Abs. 7 und 8 BImSchG

Der Philipps-Universität Marburg ist auf Antrag vom 12.05.2025 mit nachfolgendem Bescheid gemäß § 9 Abs. 3 des Gesetzes zur Regelung der Gentechnik (GenTG) am 1.12.2025 die Durchführung einer weiteren gentechnischen Arbeit der Sicherheitsstufe 3 genehmigt worden.

Gemäß § 12 der Verordnung über Antrags- und Anmeldeunterlagen und über Genehmigungs- und Anmeldeverfahren nach dem Gentechnikgesetz (Gentechnik-Verfahrensverordnung – GenTVfV) und § 10 Abs. 7 und 8 Bundes-Immissionsschutzgesetz (BImSchG) wird die Genehmigung hiermit öffentlich bekannt gemacht.

Die Betreiberin hat der Veröffentlichung des Genehmigungsbescheids im Internet i.S.d. 10 Abs. 8 BImSchG wirksam widersprochen. Es wird daher entschieden, dass der Bescheid in der Behörde eingesehen werden kann. Die Frist für diese Einsichtnahme beginnt vom Tage nach der Bekanntmachung und dauert zwei Wochen. Mit dem Ende der Einsichtnahmefrist gilt der Bescheid gegenüber Dritten als zugestellt.

I. Der verfügende Teil der Genehmigung regelt:

1. Das Vorhaben der
Philipps-Universität Marburg
Biegenstr. 10
35037 Marburg

- im Folgenden Betreiberin genannt –
gerichtet auf

die die Durchführung einer weiteren gentechnischen Arbeit der Sicherheitsstufe 3 in einer gentechnischen Anlage der Sicherheitsstufe 4 wird nach Maßgabe der in Abschnitt II. aufgeführten Unterlagen und der in Abschnitt III. enthaltenen Nebenbestimmungen genehmigt.

1. In der gentechnischen Anlage UMR122 ist die Durchführung der folgenden gentechnischen Arbeiten zulässig:

- (a) Erweiterung der gentechnischen Arbeiten gem. des Genehmigungsbescheids des Regierungspräsidiums Gießen vom 07.10.2020, Az. IV44-53r 30.03 UMR104.11.12:
„Untersuchungen zum Replikationszyklus des Severe acute respiratory syndrome Coronavirus (SARS-CoV)-2 in eukaryontischen Zellen mit Hilfe von rekombinant hergestellten Viren“
- (b) Erweiterung der gentechnischen Arbeiten gem. des Genehmigungsbescheids des Regierungspräsidiums Gießen vom 17.02.2022, Az. IV44-53r 30.03 UMR104.11.13:
„Untersuchungen zum Replikationszyklus des Severe acute respiratory syndrome Coronavirus (SARS-CoV)-2 in eukaryontischen Zellen mit Hilfe von rekombinant hergestellten Viren: Transfektion infizierter Zellen“

unter Verwendung der folgenden

Spenderorganismen und übertragene Bereiche

- *Aequorea victoria* (Kristallquelle)
Es liegen die Gene für das GFP und seine Derivate vor
- *Branchiostoma lanceolatum* (Lanzettfischchen)
Es liegen die Gene für das mNeonGreen-Protein und seine Derivate vor
- *Discosoma* sp. (Seeanemone)
Es liegen die Gene für das DsRed-Protein und seine Derivate vor
- *Gaussia princeps* (Ruderfußkrebs)
Es liegt das Luziferase-Gen vor.
- *Photinus pyralis* (Leuchtkäfer)

Es liegt das Luziferase-Gen vor

- *Renilla reniformis* (Seefeder)
Es liegt das Luziferase-Gen vor
- Mensch, Affe, Maus, Hamster, Fledertiere
Es liegen Gene potenzieller Wirtsfaktoren vor
- *Streptococcus pyogenes*
Es liegt das Gen der Cas9-Endonuklease vor
- *Indiana vesiculovirus* (VSV)
Es liegt der für das G-Protein kodierende Nukleinsäureabschnitt vor
- *Human immunodeficiency virus 1* (HIV-1)
Es liegen der 5'- und 3'-long terminal repeat (LTR), das Verpackungssignal sowie die für Gag/Pol, Rev und Tat kodierenden Nukleinsäureabschnitte vor
- *Betacoronavirus pandemicum*, Virus SARS-CoV-2
früher: Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus
- *Betacoronavirus pandemicum*, Virus SARS-CoV
früher: Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus
Es liegt die cDNA des Gesamtgenoms vor.
- *Betacoronavirus camelii*
früher: Middle East respiratory syndrome-related coronavirus, MERSCoV
Es liegt die cDNA des Gesamtgenoms vor

Empfängerorganismen:

- *Escherichia coli* K12-Derivate
- *S. cerevisiae*, haploider Laborstamm VL6-48N
- *Etablierte, ggf. rekombinante Säugerzelllinien*, wie z. B. 293, 293T, 293, ACE2, A549, HuH7, Calu-3, BHK-21, NIH/3T3, Vero, Vero E6, Eh-lung, Eh-nep, EpoNi/22.1, TB 1 Lu, RhiLu, RoNi, ACE2
- Primäre Zellen und Organoide des Menschen (HBV', HCV, HIV) oder aus Mäusen, Hamstern, Frettchen (von Tieren aus veterinärmedizinisch kontrollierten Beständen) und Fledertieren (RABV)

Vektoren:

- eukaryotische Expressionsvektoren, wie z. B. pCAGGS, pEGFP, pTM1, pcDNA3, pKAN, pCMV, pBS
- pX333. pSpCas9
- pUC57
- pCC1BAC, -his3
- pVC604
- pYAC4
- pCC1BACYAC
- *shuttle*-Vektor mit dem zusätzlichen Replikationsursprung oriV des Plasmids RK2
- psPAX2
- pMD2.G
- pINDUCER, pGIPZ
- pBAC-MERSCoV-FL

Gentechnisch veränderte Organismen (GVO)

- *E. coli* K12-Derivate
transformiert durch eines der genannten Plasmide einschließlich subgenomischer Nukleinsäureabschnitte der genannten Organismen
- *E. coli* K12-Derivate
transformiert durch die genannten Plasmide pBACMERS-CoV-FL oder pBAC-

SARSCoV-FL einschließlich der genomischen cDNA von SARS-CoV oder MERS-CoV (ggf. mutiert oder mit homologen subgenischen Nukleinsäureabschnitten und/oder mit Reportergen)

- S. cerevisiae, haploider Laborstamm VL6-48N
transfiziert mit der ggf. linearisierten Form von pCCIBACYAC, pYAC4 oder pVC604 einschließlich subgenomischer Nukleinsäureabschnitte von SARS-CoV-2 (ggf. mutiert und/oder mit Reportergen) und ggf. ko-transfiziert mit einer oder mehreren linearen cDNAs subgenomischer Nukleinsäureabschnitte von SARS-CoV-2 (ggf. mutiert und/oder mit Reportergen)
- S. cerevisiae, haploider Laborstamm VL6-48N
transfiziert mit pYAC4 oder pVC604 einschließlich der genomischen cDNA von SARS-CoV-2 (ggf. mutiert und/oder mit Reportergen)
- S. cerevisiae, haploider Laborstamm VL6-48N
transfiziert mit pCCIBACYAC einschließlich der genomischen cDNA von SARS-CoV-2 (ggf. mutiert und/oder mit Reportergen)
- rekombinante humane Zelllinie 293T
ko-transfiziert mit einem lentiviralen Transferplasmid einschließlich eines Nukleinsäureabschnitts für eine gegen ein zelluläres Gen gerichteten shRNA, sowie den unter 3.4.2.a. genannten Verpackungsplasmiden
- VSV-G-pseudotypisierte, replikationsdefekte Lentiviren
- Zelllinien, primäre Zellen und Organoide
transduziert mit aufgeführten GVO und/oder transfiziert mit einem der genannten eukaryotischen Expressionsvektoren einschließlich subgenomischer Nukleinsäureabschnitte der genannten Organismen oder einer gegen ein zelluläres Gen gerichteten siRNA
- Zelllinien
transfiziert mit der in vitro-transkribierten genomischen RNA von SARS-CoV-2 (ggf. mutiert und/oder mit Reportergen)
- rekombinante, replikationskompetente SARS-CoV-2-Viren
- Zelllinien, primäre Zellen und Organoide
infiziert mit aufgeführten GVO
- Infizierte Zelllinien, primäre Zellen und Organoide
transfiziert mit einem der genannten eukaryotischen Expressionsvektoren einschließlich subgenomischer Nukleinsäureabschnitte der genannten Organismen oder mit einer gegen ein zelluläres Gen gerichteten siRNA
- Zelllinien
transfiziert mit der in vitro-transkribierten genomischen RNA von SARS-CoV oder MERS-CoV (ggf. mutiert oder mit homologen subgenischen Nukleinsäureabschnitten und/oder mit Reportergen)
- Rekombinante, replikationskompetente SARS- oder MERS-CoV-Partikel
- Zelllinien, primäre Zellen und Organoide
infiziert mit aufgeführten GVO
- Infizierte Zelllinien, primäre Zellen und Organoide,
transfiziert mit einem der genannten eukaryotischen Expressionsvektoren, einschließlich subgenomischer Nukleinsäureabschnitte der genannten Organismen oder mit einer gegen ein zelluläres Gen gerichteten siRNA

2. Eine vorhabenbezogene Projektleiterin und ein stellvertretender vorhabenbezogener Projektleiter sowie ein Beauftragter für die Biologische Sicherheit (BBS) sind bestellt.

3. Die Genehmigung enthält Nebenbestimmungen zur Wahrung der gentechnikrechtlichen Belange.

II. Rechtsbehelfsbelehrung

Gegen diesen Bescheid kann innerhalb eines Monats nach Bekanntgabe Klage beim Verwaltungsgericht Gießen erhoben werden.

Gießen, 04.12.2025

Regierungspräsidium Gießen, Abteilung Umwelt
Im Auftrag
gez. Dr. Gerlach
Az.: IV44-53r30.03.UMR122.11.13