

Pilotprojekt zum Monitoring gentechnisch veränderter Pflanzen (GVP)

Endbericht des Öko-Instituts e. V. zum
F & E-Vorhaben 299 89 406 (UFOPLAN)
an das UFT Bremen

Freiburg, Februar 2001

Ruth Brauner
Benno Vogel,
Michaela Mutschler
Wolfgang Falk
Alexandra Baier
Beatrix Tappeser

Öko-Institut e.V.
Geschäftsstelle Freiburg
Postfach 6226
D-79038 Freiburg
Tel.: 0761-4 52 95-0

Pilotprojekt zum Monitoring gentechnisch veränderter Pflanzen (GVP)

**Endbericht des Öko-Instituts e. V. zum
F & E-Vorhaben 299 89 406 (UFOPLAN)
an das UFT Bremen**

Ruth Brauner, Benno Vogel, Michaela Mutschler, Wolfgang Falk,
Alexandra Baier, Beatrix Tappeser

Öko-Institut (Institut für Angewandte Ökologie)
Freiburg, Februar 2001

Büro Darmstadt
Elisabethenstr. 55-57
D-64283 Darmstadt
Tel. 06151-8191-0
Fax 06151-8191-33

Geschäftsstelle Freiburg
Binzengrün 34 a
D-79114 Freiburg
Tel. 0761-45295-0
Fax 0761-475437
<http://www.oeko.de/>

Büro Berlin
Novalisstr. 10
D-10115 Berlin
Tel. 030-280-486-80
Fax 030-280-486-88

INHALTSVERZEICHNIS:

1. EINLEITUNG.....	7
2. OFFENE FRAGEN UND GRENZEN EINES MONITORINGANSATZES FÜR GENTECHNISCH VERÄNDERTE PFLANZEN	10
3. HERBIZIDRESISTENTER RAPS	13
3.1. EFFEKTE AUFGRUND VON GENFLUSS UND VERBREITUNG DER TRANSGENEN PFLANZEN	14
3.1.1. <i>Pollendrift</i>	14
3.1.1.1. Hybridisierung.....	15
3.1.1.1.1. Hybridisierung Raps-Raps.....	17
3.1.1.1.1.1. Mehrfachresistenter Raps.....	18
3.1.1.1.2. Hybridisierung mit anderen Brassicaceen.....	20
3.1.1.1.2.1. Hybridisierung Raps-Brassicaceen.....	23
3.1.1.1.2.2. Hybridisierung Brassicaceen-Raps.....	24
3.1.1.1.2.3. Hybridisierung Brassicaceen-Brassicaceen.....	25
3.1.2. <i>Horizontaler Gentransfer</i>	25
3.1.2.1. Effekte aufgrund von Horizontalem Gentransfer über isolierte/freie DNA.....	26
3.1.2.1.1. Horizontaler Gentransfer im Medium Wasser.....	28
3.1.2.2. Effekte aufgrund von Horizontalem Gentransfer aus Pflanzenmaterial in Organismen	28
3.1.3. <i>Samenverbreitung</i>	29
3.1.3.1. Durchwuchs.....	30
3.1.3.2. Verschleppung und Transportverluste.....	31
3.2. EFFEKTE AUF BIOTIK, DIVERSITÄT UND ÖKOLOGIE	32
3.2.1. <i>Beikrautfreie oder –arme HR-Rapsbestände</i>	33
3.2.1.1. Wirkungen beikrautarmer oder –freier Rapsfelder auf herbivore Organismen	34
3.2.1.2. Wirkungen beikrautarmer oder –freier Rapsfelder auf Zoophage	36
3.2.1.3. Wirkungen beikrautarmer oder –freier Rapsfelder auf die Avifauna.....	38
3.2.1.4. Wirkungen beikrautarmer oder –freier Rapsfelder auf Säuger.....	39
3.2.1.5. Wirkungen beikrautarmer oder –freier Rapsfelder auf Phytophage an Raps.....	39
Exkurs: Phytophage an Raps:.....	40
Exkurs: Rapspilze:.....	41
Exkurs: Antagonisten der Rapsphytophagen:	42
Exkurs: Nahrungsketten:.....	42
3.2.1.6. Wirkungen beikrautarmer oder –freier Rapsfelder auf Antagonisten von Phytophagen	43
3.2.2. <i>Breitbandherbizidwirkung auf Fauna</i>	45
3.2.2.1. Breitbandherbizidwirkungen auf ‚Nützlinge‘	45
3.2.2.1.1. Folgen der Breitbandherbizidwirkungen auf ‚Nützlinge‘	47
3.2.2.2. Wirkung von Breitbandherbiziden auf Säuger.....	48
3.2.2.3. Wirkung von Breitbandherbiziden auf das Bodenleben.....	49
3.2.2.4. Breitbandherbizidwirkungen auf Wasserinsekten.....	50
3.2.3. <i>Effekte aufgrund der Veränderungen im Rapsgenom</i>	53
3.3. EFFEKTE AUF MIKROORGANISMEN	53
3.4. EFFEKTE AUF DIE ABIOTIK.....	55
3.4.1. <i>Erosion</i>	55
4. BT-MAIS.....	56

4.1.	EFFEKTE AUFGRUND VON GENFLUSS UND VERBREITUNG DER TRANSGENEN PFLANZEN	60
4.2.	EFFEKTE AUF BIOTIK, DIVERSITÄT UND ÖKOLOGIE	61
4.2.1.	Effekte auf Zielorganismen und nachfolgende Wirkungsketten.....	61
4.2.2.	Effekte auf Nichtzielorganismen.....	64
4.2.2.1.	Wirbellose.....	64
	Exkurs: Herbivore Insekten an Mais	65
4.2.2.2.	Wirbeltiere	77
4.2.2.3.	Effekte auf das Bodenleben	79
4.2.2.4.	Effekte auf Gewässerorganismen.....	80
4.3.	EFFEKTE AUF MIKROORGANISMEN	82
4.4.	EFFEKTE AUF DIE ABIOTIK.....	83
5.	VIRUSRESISTENTE ZUCKERRÜBEN	85
5.1.	EFFEKTE AUFGRUND VON GENFLUSS UND VERBREITUNG DER TRANSGENEN PFLANZEN	86
5.1.1.	Eigenschaften der Zuckerrübe.....	86
5.1.2.	Unkrautrüben	91
5.1.3.	Verwilderung	94
5.1.4.	Auskreuzung.....	98
5.1.4.1.	Auskreuzung von transgenen Zuckerrüben auf Wildrüben (<i>B. vulgaris</i> ssp. <i>maritima</i>).....	98
5.1.4.1.1.	Auskreuzung von transgenen Wildrüben auf nicht-transgene oder andere transgene Zuckerrüben....	101
5.1.4.2.	Auskreuzung von transgenen Zuckerrüben auf Unkrautrüben.....	103
5.1.4.3.	Auskreuzung von transgenen Zuckerrüben auf verwilderte Rüben.....	104
5.1.4.4.	Auskreuzung von transgenen Zuckerrüben auf andere Varietäten von <i>Beta vulgaris</i> ssp. <i>vulgaris</i>	105
5.1.5.	Rekombination	108
5.1.6.	Heterologe Enkapsidierung.....	112
5.1.7.	Synergismen	114
5.2.	EFFEKTE AUF BIOTIK, DIVERSITÄT UND ÖKOLOGIE	116
5.2.1.	Effekte auf Nichtzielorganismen.....	116
5.2.1.1.	Wirkungen auf bestäubende Insekten	117
5.2.1.2.	Wirkung auf phytophage Wirbellose.....	117
5.2.1.3.	Wirkung auf ‚Nützlinge‘ und andere Arthropoden.....	118
5.2.1.4.	Wirkung auf wildlebende Wirbeltiere.....	119
5.2.1.5.	Effekte auf Bodentiere.....	120
5.3.	EFFEKTE AUF MIKROORGANISMEN	122
6.	KARTOFFELN MIT VERÄNDERTER STÄRKEZUSAMMENSETZUNG.....	124
6.1.	EFFEKTE AUFGRUND VON GENFLUSS UND VERBREITUNG DER TRANSGENEN PFLANZEN	126
6.1.1.	Verwilderung	126
6.1.2.	Vertikaler Gentransfer.....	127
6.1.2.1.	Hybridisierung.....	127
6.1.2.2.	Auskreuzung.....	127
6.1.3.	Durchwuchs.....	128
6.2.	EFFEKTE AUF BIOTIK, DIVERSITÄT UND ÖKOLOGIE	130
6.2.1.	Phytophage und Phytopathogene	130
6.2.1.1.	Pathogene.....	130
6.2.1.2.	Insekten	132
6.2.1.3.	Nematoden.....	133
6.2.1.4.	Weich- und Wirbeltiere.....	134
6.2.1.5.	‚Nützlinge‘	134
6.2.1.6.	Ackerbeikrautgesellschaften	136

6.3.	EFFEKTE AUF MIKROORGANISMEN	137
6.3.1.	<i>Horizontaler Gentransfer: Kanamycinresistenz</i>	137
6.3.2.	<i>Effekte auf Mikroorganismengemeinschaften</i>	138
6.4.	EFFEKTE AUF DIE ABIOTIK.....	139
7.	WIRKUNGEN VON GENTECHNISCHEN EINGRIFFEN IN PFLANZEN, DIE SICH NICHT KONKRET IN URSACHE-WIRKUNGSKETTEN DARSTELLEN LASSEN	140
8.	HORIZONTALER GENTRANSFER	144
9.	EFFEKTE AUF DIE LANDWIRTSCHAFTLICHE PRAXIS	149
10.	EFFEKTE AUF FLÄCHEN, DIE BEREITS GANZJÄHRIG MIT BREITBANDHERBIZIDEN BEHANDELT WERDEN	156
11.	LITERATUR	157

ANHANG:

- Tabellen:

Tabelle 1: Übersicht über alle Hypothesen, die zugeordneten ökologischen Parameter und die jeweiligen Erhebungsorte

Tabelle 4: European Lepidoptera - Potentially Vulnerable to Toxic GM Maize Pollen

Tabelle 5: Lepidoptera in Germans - Potentially Vulnerable to Toxic GM Maize Pollen

- Abbildungen:

Abbildung 1: HR-Raps – Effekte aufgrund von Genfluss und Verbreitung der transgenen Pflanzen

Abbildung 2: HR-Raps – Effekte auf Biotik, Diversität und Ökologie

Abbildung 3: HR-Raps – Effekte auf Mikroorganismen und Abiotik

Abbildung 4: Bt-Mais – Genfluss und Effekte auf Biotik, Diversität und Ökologie

Abbildung 5: Bt-Mais – Effekte auf Mikroorganismen und Abiotik

Abbildung 6a: Virusresistente Zuckerrüben - Effekte aufgrund von Genfluss und Verbreitung der transgenen Pflanzen, Teil I

Abbildung 6b: Virusresistente Zuckerrüben - Effekte aufgrund von Genfluss und Verbreitung der transgenen Pflanzen, Teil II

Abbildung 7: Virusresistente Zuckerrüben – Effekte auf Organismen

Abbildung 8: Stärkeveränderte Kartoffel

1. EINLEITUNG

Gegenstand des F & E-Vorhabens ist die konzeptionelle Entwicklung eines Monitorings von Umweltwirkungen transgener Kulturpflanzen. Neben einer Betrachtung möglicher Effekte gentechnisch veränderter Pflanzen und der Erarbeitung von geeigneten Beobachtungsparametern sollen im Projekt geeignete methodische Instrumentarien skizziert und Grundlagen für die Einbeziehung der Parameter in bestehende beziehungsweise in in Entwicklung befindliche Umweltbeobachtungsprogramme erarbeitet werden.

Das Öko-Institut evaluiert in diesem Kontext gentechnikspezifische Ursache-Wirkungshypothesen exemplarisch für herbizidresistenten Raps, Bt-Mais, virusresistente Zuckerrüben und stärkeveränderte Kartoffeln und leitet von diesen potentiellen Wirkungspfaden Beobachtungsparameter ab. Dabei liegt der Schwerpunkt der Betrachtung auf möglichen gentechnikspezifischen Effekten und Ursache-Wirkungsbeziehungen für herbizidresistenten Raps und Bt-Mais.

Die vom Öko-Institut aus den Wirkungsketten abgeleiteten Parameter werden im Laufe der zukünftigen Arbeiten mit Methoden hinterlegt sowie für ein letztendliches Monitoringkonzept gewichtet.

In dieser Studie werden zunächst offene Fragen dargestellt, die sich bei der Betrachtung möglicher Effekte gentechnisch veränderter Pflanzen in Hinblick auf ein Monitoring ergeben (Kap. 2).

Die Kapitel 3 bis 6 stellen die spezifischen Ursache-Wirkungshypothesen beziehungsweise zum Teil -hypothesenkomplexe für herbizidresistenten Raps, Bt-Mais, virusresistente Zuckerrüben und stärkeveränderte Kartoffeln dar. Die textlichen Erläuterungen wurden zum Teil mit Graphiken (s. Anhang, Abb. 1-8) illustriert. Die Nummerierung in den Graphiken entspricht dabei der Hypothesennummerierung im Text. In den Schaubildern finden sich die Hypothesen in Kästen mit durchbrochener Linie, während die Parameter mit durchgezogenen Linien umrandet sind. Nicht alle Graphiken können die komplexen Wechselwirkungen, die im Text dargestellt werden, wiedergeben. Letztendlich sind daher die im Text genannten Wechselwirkungen teilweise vollständiger.

Im Anschluss an die Kapitel zu den exemplarisch ausgewählten transgenen Kulturarten werden in Kapitel 7 mögliche Effekte gentechnisch veränderter Pflanzen angesprochen, die nicht als direkte Ursache-Wirkungsketten bezogen auf die neu integrierten Eigenschaften der transgenen Kulturpflanzen gefasst werden können.

Ebenso wie die in Kapitel 7 angesprochenen Effekte beschreibt Kapitel 8 ein Phänomen, welches nicht an eine bestimmte Kulturart oder Eigenschaftsveränderung gebunden ist: Das Auftreten horizontalen Gentransfers kann beim Anbau transgener Pflanzen allgemein ökosystemare Effekte zur Folge haben. Daher erfolgt hier eine allgemeine Übersicht zur Thematik.

Kapitel 9 befasst sich mit Effekten auf die landwirtschaftliche Praxis im Falle des Anbaus transgener Kulturpflanzen. Mit einem Nebenaspekt, der zunächst einmal auch nicht ökologische, relevante

Effekte beleuchtet, befasst sich das Kapitel 10, in dem mögliche Effekte auf Flächen, auf denen bereits heute ganzjährig Breitbandherbizid eingesetzt werden, betrachtet werden.

Bei der Betrachtung der dargestellten Wirkungsketten ist zu beachten, dass die Wirkungsketten häufig nur in einer Richtung von den Ursachen zu den Parametern gelesen werden können, da die meisten Parameter in natürlichen Beziehungsgeflechten auch unter dem Einfluss anderer, nicht gentechnikspezifischer Wirkungsketten stehen können. An den Stellen, wo ein direkter Rückschluss von den Parametern zu den hier genannten Ursachen erlaubt sein kann, ist dies im Text vermerkt. Die entsprechenden Hypothesen sind gekennzeichnet *.

Darüber hinaus ist eine eindeutige Zuordnung von beobachteten Effekten zu Ursachen nur längerfristig auf der Grundlage vergleichender Erhebungen möglich, beziehungsweise muss über Zeitreihen bei gleichzeitiger Erhebung anderer möglicher Einflussfaktoren statistisch abgesichert werden.

Als eine Hilfestellung für eine Interpretation, Auswertung oder Einordnung der Wirkungsparameter im Rahmen eines Monitorings von gentechnisch veränderten Pflanzen erscheint es sinnvoll, einige Parameter als Hintergrundinformation aufzunehmen, auch wenn diese nicht direkt in Wirkungsketten eingebunden sind. Sie werden in der Folge als *Hilfsparameter* bezeichnet.

In erster Linie werden jedoch *ökologische Parameter* (Wirkungsparameter) vorgeschlagen, die den Kern des Monitorings gentechnisch veränderter Pflanzen bilden sollen.

Die *ökologischen Parameter* wurden auf verschiedener Grundlage hergeleitet, welches eine dementsprechende Kategorisierung der *ökologischen Parameter* nach sich zog:

Manche Parameter lassen sich direkt aus vorliegenden Untersuchungen und beobachteten Effekten ableiten und auf dieser Grundlage konkret fassen. Diese Parameter werden als *sichere Parameter (sP)* bezeichnet.

Für eine Vielzahl möglicher Effekte liegen nur Hinweise zu Wirkungen auf Organismengruppen oder Kompartimente der Landschaft vor. Um hier handhabbare, konkrete Parameter für ein Monitoring zu gewinnen, müssen unter pragmatischen Gesichtspunkten, wie beispielsweise dem Vorhandensein einer Erhebungsmethodik, spezifische Parameter sozusagen als Stellvertreter aus diesen Organismengruppen oder Kompartimenten der Landschaft ausgewählt werden. Bei diesen sogenannten *pragmatisch abgeleiteten Parametern (paP)*, für die auf ein bewährtes Methodenrepertoire und damit auch Parameterrepertoire zurückgegriffen werden kann, kann es sich jedoch letztendlich herausstellen, dass sie nicht immer die geeignetsten ‚Stellvertreterparameter‘ waren. Zum Teil muss hier im Folgenden auch noch ein Fragezeichen (?) anstelle von konkreten ‚pragmatisch abgeleiteten Parametern‘ stehen, da nicht überall geeignete Parameter abgeleitet werden konnten oder dies sinnvollerweise im Zuge der Recherche zu bestehenden Erhebungsmethoden erfolgen muss.

Die dritte Kategorie sind sogenannte *Verdachtsparameter (VP)*. Hier werden Parameter zu potentiellen Wirkungen zusammengefasst, die sich nicht in konkreten Ursache-Wirkung-Parameter-

Ketten darstellen lassen (s. insbesondere Kap. 7) oder wo Wirkungsketten nicht auf bereits beobachteten Effekten basieren, sondern aus bekannten ökologischen Zusammenhängen abgeleitet werden.

Daneben ergeben sich auch Hinweise auf nicht ökologische Effekte im Kontext des Anbaus gentechnisch veränderter Pflanzen. Solche Parameter können als *sonstige Parameter* bezeichnet werden und betreffen insbesondere agrarökonomische Aspekte (s. Kap. 9).

Aufgrund der Einteilung in sichere Parameter, pragmatisch abgeleitete Parameter und Verdachtsparameter kann eine *Priorisierung der Parametervorschläge* erfolgen. Dies sollte allerdings nicht dazu führen, dass im Rahmen eines Monitorings nur sichere Parameter erhoben werden, da dies der Aufgabenstellung des Monitorings, erwartete, aber auch unerwartete Umweltwirkungen transgener Kulturpflanzen zu beobachten, zuwiderliefe.

Eine Einordnung von Parametern als primär zu untersuchende Parameter bietet sich dort an, wo Parameter mehrfach auftreten, da sie jeweils in verschiedenem Kontext relevant sind.

Die Parameter sollen in den nachfolgenden Räumen beobachtet werden:

betroffenes Zielagrarsystem	möglicherweise betroffenes Nichtziel-agrarsystem	möglichst nicht betroffenes Nichtziel-agrarsystem Referenzfläche	möglicherweise betroffenes Nichtziel-Nichtagrarökosystem	möglichst nicht betroffenes Nichtziel-Nichtagrar-ökosystem Referenzfläche
Acker mit GVP	Acker ohne GVP		Ackerrain	nicht landwirtschaftlich genutzte Fläche

In Tabelle 1 im Anhang ist zusammengefasst, welcher Parameter für welchen Raum zur Erhebung vorgeschlagen wird.

Bislang wurde an die Parameter noch nicht das Kriterium der Erhebbarkeit gelegt. In dieser Studie sollen zunächst ungeachtet der Realisierbarkeit des Monitorings Grundlagen auf der Ebene der Ökologie sowie wissenschaftlich-fachliche Anforderungen an das Programm zusammengestellt werden. Eine Einengung auf das Machbare und eine Priorisierung kann erst in einem späteren Stadium des Projektes erfolgen. Dennoch sind bereits dieser hier gelieferten Übersicht über mögliche Umweltwirkungsketten aufgrund des Anbaus transgener Kulturpflanzen Grenzen aufgrund des verfügbaren, bislang nur fragmentarischen ökologischen Wissens gesetzt (s. auch folgendes Kapitel).

2. OFFENE FRAGEN UND GRENZEN EINES MONITORINGANSATZES FÜR GENTECHNISCH VERÄNDERTE PFLANZEN

Die Entwicklung von Konzepten zu einer ökologischen Dauerbeobachtung oder einem Monitoring ökologisch begründeter Effekte steckt allgemein noch in den Anfängen.

Im Zuge der Recherchen für ein Monitoring gentechnisch veränderter Pflanzen wurde deutlich, dass die Erkenntnismöglichkeiten eines solchen Monitorings in hohem Maße von den verfügbaren Kenntnissen zur Ökologie und ökologischen Zusammenhängen abhängig ist. Aufgrund der gegebenen Begrenzungen im Erkenntnisstand in der experimentellen und theoretischen Ökologie ergeben sich sowohl Begrenzungen für die Vorschläge zu einem Monitoring als auch für seine Durchführung und Auswertung. An vielen Stellen bestehen Wissenslücken, die von der Grundlagenforschung geschlossen werden müssen. Bezüglich der Biotik sind insbesondere die Bereiche Fauna und Boden zu nennen, in denen noch erheblicher Forschungsbedarf besteht.

Der für die Entwicklung eines Monitorings als Grundlage nicht immer zufriedenstellende Erkenntnisstand zu ökologischen Zusammenhängen hat seine Ursache sicherlich zu einem großen Teil in der Komplexität des natürlichen Wirkungsgefüges.

Diese Komplexität hat wiederum Rückwirkungen auf ein Monitoring zu ökologischen Effekten und setzt diesem Grenzen:

Vor allem biologische Parameter und insbesondere Organismen sind nicht unabhängige sondern abhängige Parameter, die von vielfältigen Faktoren beeinflusst werden können. Organismen reagieren auf eine Mischung und ein Zusammenspiel von interagierenden Faktoren, die durch das reine Beobachten der Organismen nicht erfassbar sind. Wenn Organismen als Parameter gewählt werden, sind daher möglicherweise Veränderung zu erkennen, jedoch nicht unbedingt ihre Ursachen.

Das heisst für die Beobachtung von ökologischen Effekten im Rahmen eines Monitorings, dass in diesen komplexen ökologischen Wirkungsgefügen selten ein direkter monokausaler Rückschluss von Effekten auf die Ursachen möglich ist.

Für die nachfolgend dargestellten Ursache-Wirkungsketten und –hypothesen bedeutet dies, dass zumeist nur die Ursachen, also die Anfänge der Wirkungsketten gentechnikspezifisch sind, nicht jedoch die ganzen Ketten. Der konkrete Bezug von beobachteten Effekten zurück zum Beginn einer Wirkungskette nimmt ab, je mehr Stufen die Kette enthält und je weiter man sich aus den relativ überschaubaren Zielökosystemen der gentechnisch veränderten Kulturpflanzen in großflächige, auch nicht landwirtschaftlich genutzte Landschaftsräume begibt.

Wenn Organismen als Parameter gewählt wurden, so ist zudem zu bedenken, dass Organismen einwirkende Faktoren über Zeit und Raum akkumulieren können. Veränderungen sind zum Teil erst nach dem Einwirken einer ganzen Summe von Einflüssen zu registrieren.

Die vorgeschlagenen Parameter sollen ermöglichen, festzustellen, ob die aufgestellten Wirkungshypothesen zutreffen oder nicht. Wenn die Daten, die zu den Parametern im Rahmen des Monitorings erhoben werden, Effekte anzeigen, so kann damit die zugehörige Hypothese bestätigt werden, falls den beobachteten Effekten keine anderen Ursachen zu Grunde liegen. Wenn anhand der Parameter keine Effekte beobachtet werden, so bedeutet dies jedoch noch keine Falsifizierung der Hypothesen.

Um die Komplexität von Beziehungsgeflechten und die bestehenden Zusammenhänge in den möglicherweise vom Anbau gentechnisch veränderter Pflanzen beeinflussten Ökosystemen möglichst gut abbilden und verstehen zu können, müssten idealerweise möglichst viele Parameter und vor allem ‚Hilfsparameter‘, die als Hintergrundinformation helfen sollen, Daten zu Wirkungsparameter auszuwerten und zu interpretieren, beobachtet werden.

Insgesamt scheint nicht nur im Kontext möglicher Effekte gentechnisch veränderter Pflanzen eine allgemeine ökosystembezogene Umwelt-Dauerbeobachtung in Ergänzung zu allen bislang erhobenen, chemischen, physikalischen etc. Messreihen dringend wünschenswert.

Mit einer solchen allgemeinen Umweltbeobachtung könnten auch Effekte, die aufgrund von ‚Sprüngen‘ in den Wirkungsketten erst am Ende einer Wirkungskette sichtbar werden, beobachtbar werden. Denn nicht immer zeigen sich auf jeder Ebene von Wirkungsketten Effekte, zum Teil verhalten sich einzelne Glieder der Kette unauffällig.

Untersuchungen von HILBECK et al. (1998 und 1999) weisen beispielsweise darauf hin, dass einzelne Glieder von Nahrungsketten übersprungen werden, Effekte aber beim nächsten Glied der Nahrungskette auftreten können (s. Kap. 4.2.2.1).

Denkbar ist gerade in Nahrungsketten auch die Akkumulation von Stoffen oder Wirkungen auf höheren Ebenen der Nahrungsnetze.

Besondere Schwierigkeiten bei der konkreten Beschreibung und der Benennung möglichst konkreter Parameter bestehen für das Kompartiment Boden. Bislang sind sehr wenige Effekte nachgewiesen, gleichzeitig stehen Bodenleben und bodenchemische sowie –physikalische Größen in einem sehr komplexen Wirkungsgefüge. Böden stellen bezüglich des Erkenntnisstandes noch in weiten Teilen eine ‚black box‘ dar. So ist beispielsweise nur etwa 1% der Bodenmikroflora charakterisiert (TORSVIK et al. 1990).

Um dennoch möglicherweise auftretende Effekte beobachten zu können, kann hier am ehesten mit einer pragmatischen Parameterauswahl vorgegangen werden: Dort, wo Parameter mit einer eindeutig reproduzierbaren, validierten Methodik erhoben werden können, sollten sie in ein Monitoring bezüglich der Effekte des Anbaus gentechnisch veränderter Pflanzen einbezogen werden. Bei solchen

Parametern handelt es sich dann entweder um ‚Hilfsparameter‘ oder um ‚pragmatisch abgeleitete Parameter‘.

Grundsätzlich wird vorgeschlagen, auf möglichst unbeeinflussten Referenzflächen Vergleichserhebungen zu allen Parametererhebungen durchzuführen.

Bezüglich der Betrachtung von Bodenparametern wird sich jedoch das Problem stellen, dass vergleichbare Standorte, die sich nur dadurch unterscheiden, dass an einem Standort gentechnisch veränderte Kulturpflanzen angebaut werden, während am Vergleichsstandort die nicht veränderte Ausgangslinie angebaut wird, kaum zu finden sein werden.

Wenn exakte räumliche Parallelen nicht möglich sind, so kann möglicherweise ein paralleler Trendvergleich auf vielen Standorten einen Kompromiss darstellen.

Bei allen Erhebungen und zu allen Untersuchungsflächen sollten als Hintergrundinformationen möglichst umfassend Umwelt- und gegebenenfalls Anbaubedingungen festgehalten werden. Dies gilt insbesondere, wenn zwischen den Beobachtungs- und den Referenzflächen Unterschiede bei den Umwelt- und gegebenenfalls Anbaubedingungen vorliegen (versch. Drillzeitpunkt, Wetterbedingungen etc.). Durch die Erfassung der Begleitumstände der Parametererhebungen soll die Gefahr einer Missinterpretation beobachteter Effekte minimiert werden. (Beispiel: In Jahren oder Gebieten mit ungewöhnlich ungünstigen Witterungsbedingungen zu den Erhebungsterminen der Parameter, sollte die Witterung als Einflussfaktor in die Datenauswertung einbezogen werden können.)

Über diese Studie hinaus seien ferner kurz weitere offene Fragen im Kontext des Monitorings von gentechnisch veränderten Pflanzen angesprochen:

Zu den Fragen, wo die Baseline zum Vergleich bei möglicherweise beobachtbaren Effekten gesetzt werden soll, wie Effekte zu bewerten sind und wo gegebenenfalls Schadensschwellen liegen oder wann Abbruchkriterien greifen sollten, fehlt es trotz gesetzlicher Rahmenvorgaben bislang an vielen Stellen an konkreten, allgemein anerkannten Bewertungsmaßstäben und an Praxiserfahrung.

3. HERBIZIDRESISTENTER RAPS

Bisher werden im Ackerbau in Deutschland nicht selektive Herbizide / Breitbandherbizide nur vor der Aussaat oder dem Auflaufen der Kulturpflanzen gespritzt, um die Konkurrenz durch Wildkräuter für die nachfolgend aufwachsenden Kulturen zu minimieren. Da konventionelle Kulturpflanzen auch Schaden durch das Breitbandherbizid nehmen würden, ist bislang eine Breitbandherbizidapplikation im Nachauflauf nicht möglich.

Um unerwünschte Ackerwildkräuter in Rapskulturen wirksam auch nach dem Auflaufen der Kulturfrucht nach dem Schadschwellenprinzip bekämpfen zu können, wurden verschiedene herbizidresistente Rapslinien (HR-Raps) entwickelt. Bei Anbau dieser Linien können Breitbandherbizide über die gesamte Vegetationsperiode zum Einsatz kommen.

Als Vorteil der Herbizidresistenztechnik wird angeführt, dass die in Kombination mit der Herbizidresistenztechnik verwendeten Herbizide geringere Human- und Ökotoxizität aufweisen, als die bislang verwendeten Herbizide, und dass nur im Bedarfsfall gespritzt werden soll. Ob sich die Applikationsmengen von Herbiziden mit der Nutzung der Herbizidresistenztechnik, wie von den Herbizidresistenz-Saatgutgebern versprochen, reduzieren, ist umstritten und wird sich erst im Laufe der Zeit zeigen. Daher ist auch der Herbizideinsatz ein Parameter, der zu beobachten ist, zumal ein möglichst minimaler Herbizideinsatz Ziel jeder auf Nachhaltigkeit ausgerichteten Landwirtschaft ist. Die Herbizide, die hauptsächlich zusammen mit der Herbizidresistenztechnik verwendet werden, sind die nicht-selektiv wirkenden Herbizide Glufosinat (L-Phosphinothricin; Handelsnamen Basta bzw. Liberty), Glyphosat (Handelsname Round-up) (MEYER et al. 1998) und Bromoxynil.

Die herbizide Wirkung von Basta/Glufosinat beruht auf der Hemmung der Aktivität des Enzyms Glutaminsynthetase, einem Schlüsselenzym des Aminosäurestoffwechsels und der Ammoniumassimilation der Pflanzen, so dass deren Stoffwechsel letal gestört wird.

Zur Vermittlung der Glufosinat-Toleranz wurde zum Beispiel für Basta-resistenten Raps von AgrEvo das folgende Transgen in den Raps eingefügt (AGREVO 1996): eine Kopie des *pat*-Gens aus *Streptomyces viridochromogenes*, das für eine Phosphinothricin-Acetyltransferase (PAT) kodiert und durch einen 35S-Promotor und den 35S-Terminator aus dem Blumenkohlmosaikvirus (CaMV = cauliflower mosaic virus) reguliert wird. Das *pat*- und das *bar*-Gen vermittelt Toleranz gegen das Herbizid Glufosinat indem die Phosphinothricin-Acetyltransferase die Acetylierung von Glufosinat-Ammonium, dem aktiven Bestandteil der Glufosinat-Herbizide, katalysiert. Durch die Acetylierung verliert Glufosinat-Ammonium seine herbizide Wirkung und kann nicht mehr die für die Pflanzen tödliche Ammonium-Akkumulation bewirken (RÖVER et al. 2000).

Resistenz gegenüber Glyphosat wird vermittelt, indem ein Gen des Bodenbakteriums *Agrobacterium* sp. CP4 in das Genom der Pflanzen integriert wird. Es führt zur Synthese des Enzyms EPSPS (= 5-Enolpyruvylshikimat-3-Phosphat Synthase). Das pflanzeigene EPSPS wird in Pflanzen durch Glyphosat gehemmt, was zum Tod der Pflanze führt. Dagegen ist die EPSPS aus *Agrobacterium* sp. CP4 gegen Glyphosat tolerant (PADGETTE et al. 1996).

Aufgrund dieser Wirkungsweise sind sowohl Pflanzen, die homozygot die Herbizidresistenzgene tragen, als auch heterozygote Pflanzen herbizidresistent.

Bei allen nachfolgend aufgeführten Ursache-Wirkungs-Beziehungen ist die grundlegende Ursache der Anbau von herbizidresistentem Raps.

Eine Übersichten zu den Wirkungsketten zum herbizidresistenten Raps stellen die Abbildungen 1 bis 3 im Anhang dar.

3.1. EFFEKTE AUFGRUND VON GENFLUSS UND VERBREITUNG DER TRANSGENEN PFLANZEN

In Abbildung 1 im Anhang sind die nachfolgend beschriebenen Wirkungshypothesen und -ketten zu Genfluss und Verbreitung der transgenen Pflanzen graphisch zusammengefasst.

3.1.1. Pollendrift

Angaben über die Entfernungen eines Pollentransports von Rapspollen schwanken stark. Die Ausbreitungsmöglichkeiten von Pollen divergieren beispielsweise abhängig von der Feldgröße, der Lage des Feldes, der Windrichtung und -geschwindigkeit, den Wetterbedingungen, der Pollenmenge, der jahreszeitlich wechselnden Bestäuberdichte und -aktivität sowie -vielfalt (wiederum abhängig zum Beispiel vom Klima, umgebenden Strukturen/Habitaten etc.). Der Pollentransport scheint auch abhängig von der jeweiligen Linie sowie dem Standort und der Jahreszeit zu sein (RAYBOULD & GRAY 1993). Die Vielfalt der Möglichkeiten des Pollentransports und damit auch die Unvorhersagbarkeit der Pollenverbreitung diskutieren TREU & EMBERLIN (2000) ausführlich.

Bei Versuchen zur Windverbreitung von Rapspollen wurde von einem 38 ha großen Rapsschlag bei Windgeschwindigkeit von durchschnittlich 4 m/s in 2 km Entfernung noch ein Pollenniederschlag von im Mittel rund 650 Pollenkörnern pro m²/h festgestellt (ULRICH et al. 1998). TREU & EMBERLIN (2000) fanden Hinweise auf Rapspollentransport durch Wind bis zu 3 km und weisen darauf hin, dass bei einer Verfrachtung des Pollens in höhere Luftschichten und Windgeschwindigkeiten von über 10 m/s theoretisch ein Transport über mehr als 800 km binnen 24 Stunden möglich ist.

Für die insekteninduzierte Fremdbestäubung ist in Großbritannien die Honigbiene hauptverantwortlich (TREU & EMBERLIN 2000). Neben der Honigbiene als Maisblütenbesucher wurden im Rahmen eines Begleitforschungsvorhabens in Deutschland Haarmücken, Rapsglanzkäfer und Kohlschotenrüssler als dominante Pollenvektoren ausgemacht (MENZEL & MATHES 1999). Solitärbiene haben Sammelradien bis 800 m und Hummeln sogar bis 4 km (ULRICH et al. 1998). Da Bienen während ihrer Nahrungssammlung durchschnittlich eine Entfernung von 2 km zurücklegen, muss mit einer Verteilung des Pollens über mindestens 4 km gerechnet werden. Unter Umständen fliegen Bienen aber auch weiter, Entfernungen bis zu 5 km wurden dokumentiert. Rapsglanzkäfer (*Meligethes aeneus*) legen nach Untersuchungen von ULRICH et al. (1998) mindestens 800 m

zurück. Den Käfern haften im Mittel 90 Rapspollen an. Besonders häufig wechseln die Bestäuber zwischen den Schlägen, wenn ein Schlag bereits verblüht ist.

Vergleiche der Pollengröße transgenen und nicht transgenen Sommerrapses ergaben, dass die Pollen des transgenen Rapses kleiner und leichter waren, als die Pollenkörner, mit denen sie verglichen wurden. Da jedoch keine isogenen Linien getestet wurden, bleibt unklar, ob die Gewichtsunterschiede übliche Linienunterschiede waren oder im Zusammenhang mit der gentechnischen Veränderung stehen (ULRICH et al. 1998). Hier ist Forschungsbedarf gegeben.

Die Versuche verdeutlichen jedoch, dass nicht vom Pollen einer spezifischen Rapslinie auf Rapspollen allgemein geschlossen werden darf und für jede Linie neu die Verbreitungsmöglichkeiten des Pollens überprüft werden müssen, da das Pollengewicht Rückwirkungen auf den Pollentransport z. B. durch Wind haben kann. Hier stellt sich die Frage, wieweit auch die Pollengröße und die Oberflächenbeschaffenheit des Pollens eine Rolle spielen.

Die Lebensdauer von Rapspollen wird von TREU & EMBERLIN (2000) mit maximal einer Woche angegeben.

Für ein Monitoring wichtige Daten wie Pollengewicht, Pollengröße und Oberflächenbeschaffenheit des Pollens sollten in der Produktbeschreibung jedes angebotenen Saatguts enthalten sein.

Hypothese 3.1.1: Pollen von Rapspflanzen werden durch den Wind oder Insekten über Entfernungen von mindestens 5 km transportiert.

Parameter zu H3.1.1:

- Pollendeposition in verschiedenen Entfernungen (bis mindestens 5 km Umkreis) zum Feld (aus Wind- und Insektenverfrachtung) (sP)

Hilfsparameter zu H3.1.1:

- Größe der Anbaufläche
- Kantenlänge der Anbaufläche
- Erfassung der umgebenden Biotopstruktur
- Hauptwindrichtung
- Exposition des Feldes

3.1.1.1. Hybridisierung

Brassica napus ist selbstfertil. Da die Narbe jedoch drei Tage vor bis drei Tage nach der Anthere reif sein kann, ist auch eine Fremdbestäubung möglich. Rapsblüten sind sogar durch weitere Merkmale wie leuchtende Farbe, Nektarien, starken Duft und nach außen offene Antheren auf eine Fremdbestäubung, insbesondere durch Insekten, eingerichtet. Neben der Insektenbestäubung tritt in vermutlich begrenztem Umfang auch Windbestäubung auf (GERDEMANN-KNÖRCK & TEGEDER 1997, TREU & EMBERLIN 2000). Die Fremdbefruchtungsrate scheint sehr variabel zu sein und wird bei NEEMANN & SCHERWAB (1999) mit 2-90 % beziehungsweise durchschnittlich mit 20-30 %

angegeben. Die Fremdbestäubungsrate scheint stark witterungs- und linienabhängig zu sein. Entsprechende Angaben sollten daher bei der Produktbeschreibung je Linie von den Herstellern geliefert werden.

GERDEMANN-KNÖRCK & TEGEDER (1997) geben beobachtete Auskreuzungsraten unter Feldbedingungen bei Raps mit 10 bis 47 % an. Der Vergleich der Versuche verschiedener Arbeitsgruppen macht deutlich, dass die ermittelten Auskreuzungsraten in hohem Maße vom Versuchsdesign abhängig sind (SCHEFFLER et al. 1993, FELDMANN 1997, TIMMONS et al. 1995). BECKER et al. (1992) stellten fest, dass die Auskreuzungsraten innerhalb einer Rapslinie an fünf verschiedenen Standorten zwischen 12 und 47 % variierten. Ferner stellten sie fest, dass die durchschnittlichen Auskreuzungsraten auch innerhalb einer Pflanze je nach Ort der Infloreszenzen unterschiedlich sind: Blüten an der Spitze von Rapspflanzen zeigten eine Auskreuzungsrate von 11 %, während die Rate an tiefer liegenden Blüten der gleichen Pflanze bei 39 % lag. Eine Zusammenstellung diverser Ergebnisse unter verschiedenen Versuchsbedingungen findet sich bei RÖVER et al. (2000, S. 89).

In Versuchen des Scottish Crop Research Institute wurde die regionale Verteilung von Rapspollen in benachbarte Felder unter möglichst realistischen landwirtschaftlichen Bedingungen getestet. In einem Bereich von 70 km² wurden an 52 Stellen männlich-sterile Fangpflanzenkolonien während der Blütezeit aufgestellt. Diese befanden sich in einem Abstand zwischen null und 4.000 m von transgenen Anpflanzungen. Insgesamt wurde eine Region ausgewählt, in der ein großer Teil der landwirtschaftlichen Fläche mit konventionellem Raps bebaut wird. Bei allen Fangpflanzen konnte eine Einkreuzung von transgenen Pollen festgestellt werden, deren Häufigkeit mit der Entfernung abnahm. Auch in noch größeren Entfernungen wurde eine große Variabilität in der Einkreuzungshäufigkeit festgestellt (z. B. zwischen 13 % und 57,9 % in einer Entfernung von 500 m) (THOMPSON et al. 1999). Die Autoren schlussfolgern aus diesen Ergebnissen, dass es ein kontinuierliches Netzwerk von Kreuzhybridisierungen zwischen Rapspflanzen in jeder Anbauregion auch über größere Entfernungen gibt.

In weiteren Versuchen im Vereinigten Königreich wurde wiederum der Genfluss zwischen transgenen und konventionellen Rapslinien untersucht. Es wurden zwei Glufosinat-resistente Winterrapslinien und eine Glyphosat-resistente Winterrapslinie getestet. Parallel dazu waren fünf nicht-transgene, kommerzielle Sorten in den Versuch integriert. Die Begleituntersuchungen wurden an vier verschiedenen Orten durchgeführt. Genfluss von transgenen zu nicht-transgenen Sorten wurde an drei Versuchsvarianten dokumentiert. Die Häufigkeit der Einkreuzung nahm allgemein mit der Entfernung ab, zeigte aber große Variabilität bezogen auf die nicht-transgenen Sorten. Vor allem die Sorte Synergy war auch in größerer Entfernung noch sehr ‚empfindlich‘ für Fremdpollen. Doppelt tolerante Hybride gegen Glufosinat und Glyphosat wurden an allen Standorten gefunden (SIMPSON et al. 1999).

PFEILSTETTER et al. (1999) weisen darauf hin, dass sich die Auskreuzungsraten außerhalb der transgenen Felder mit der Größe des Feldes erhöhen können. Auch die Größe der potentiellen Akzeptorfläche (d. h. der Bestand an Raps oder anderen zur Hybridisierung mit Raps fähigen

Brassicaceen) ist vermutlich relevant. Ferner scheint die Auskreuzungsrate abhängig vom Mengenverhältnis der transgenen zu den nicht-transgenen Pflanzen zu sein.

Um nur Sortenreinheit zu erreichen ist in Deutschland für konventionellen Raps eine Isolierdistanz von 100 bzw. 200 m für die Produktion zertifizierten bzw. Basissaatguts vorgeschrieben (GERDEMANN-KNÖRCK & TEGEDER 1997). Diese reicht jedoch nach den hier ausgewerteten Studien nicht aus, um eine Auskreuzung zu verhindern.

Die dargestellten Ergebnissen zeigen, dass eine Hybridisierung von Raps mit potentiellen Hybridisierungspartnern über mindestens 4 km direkt möglich, und über weitere Entfernungen nicht unwahrscheinlich ist.

Hypothese 3.1.1.1: In einem Umkreis von 5 km um transgene Rapspflanzen findet regelmäßig eine Hybridisierung mit potentiellen Hybridisierungspartnern statt.

Parameter zu H3.1.1.1:

- Häufigkeit von erfolgreichen Einkreuzungsereignissen in 5 km Umkreis um transgene Rapsfelder
* (sP)

Hilfsparameter:

- Felder gleicher Feldfrucht (konventionell und transgen) in mindestens 5 km Umkreis um transgene Rapsfelder
- Potentielle Hybridisierungspartner im Umkreis von 5 km zu transgenen Rapspflanzen

3.1.1.1.1. Hybridisierung Raps-Raps

Aufgrund der vorhandenen Auskreuzungsmöglichkeiten von HR-Raps in konventionelle Rapsbestände kann auch die Eigenschaft der Herbizidresistenz auf die Samen (gehört schon zur F1-Generation, hat bei Einkreuzung nicht die Eigenschaften der Ausgangspflanze) konventioneller Rapsbestände übertragen werden. Dies wurde spätestens im Sommer 2000 eindrucksvoll durch den Anbau konventionellen Sommerrapses mit einem wechselnden Anteil von HR-Saatgut aus kanadischer Produktion in mehreren europäischen Ländern gezeigt. Das Saatgut war vermutlich durch Pollenflug verunreinigt.

Um eine Aus- bzw. Einkreuzung von transgenen Eigenschaften wie beispielsweise der Breitbandherbizidresistenz in konventionelle Rapsbestände zu verhindern, müssen voraussichtlich staatliche Regelung für den Anbau und ein Anbaumanagement getroffen werden. Das bedeutet einen Eingriff in die Entscheidungsfreiheit der Landwirte und verursacht einen hohen organisatorischen und finanziellen Aufwand.

Doch selbst wenn in der Nähe eines konventionellen Rapsfeldes keine transgenen Rapsfelder sein sollten, kann eine Einkreuzung der transgenen Eigenschaften durch wild wachsenden transgenen Raps oder transgene Rapspflanzen, die beispielsweise nach Transportverlusten aufwuchsen (s. a. Kap. 3.1.3.2), erfolgen.

Ein besonders hohes Einkreuzungspotential besteht beim Auftreten von transgenem Durchwuchsrap aus Rapsanbau früherer Jahre, da in diesem Fall die transgenen und die konventionellen Rapspflanzen in unmittelbarer Nachbarschaft zueinander stehen können (HOMMEL & PALLUTT 2000).

Hypothese 3.1.1.1.1a: Aufgrund von Auskreuzung reifen in konventionellen Rapsbeständen und Unkrautrapssbeständen transgene Rapssamen.

Parameter zu H3.1.1.1.1a:

- Auftreten von HR-Rapskörnern in konventionellem Erntegut (*)¹ (sP)

Hypothese 3.1.1.1.1b: In konventionellem Saatgut treten transgene Eigenschaften auf.

Parameter zu H3.1.1.1.1b:

- Nachweis der transgenen Genkonstrukte für Herbizidresistenz in konventionellem Raps * (sP)
- HR-Verunreinigungen in konventionellem Saatgut (*) (sP)

Hilfsparameter:

- Durchwuchs herbizidresistenter Rapses auf Felder, auf denen nie HR-Raps angebaut wurde (s. auch 3.1.3.1) (*)
- HR-Raps außerhalb von Kulturflächen (*)

3.1.1.1.1.1. Mehrfachresistenter Raps

Bereits seit 1998 sind aus den USA Fälle bekannt, in denen herbizidresistenter Raps Probleme in Feldern macht, in denen er gar nicht ausgesät wurde, also wahrscheinlich durch Pollenübertragung von anderen Felder einkreuzte.

Werden verschiedene transgene Rapslinien angebaut, die jeweils gegen andere Herbizide resistent sind, können sich die Herbizidresistenzgene in einzelnen Rapspflanzen akkumulieren (SCHÜTTE et al. 2000).

Aus Kanada wurde Anfang 2000 der Fund von dreifach resistenten Rapspflanzen aus Alta im Bundesstaat Alberta gemeldet (Western Producer, Saskatchewan, Canada vom 10. Februar 2000). Auch aus Alberta/USA wurde dreifachresistenter Raps bekannt. Er entstand dadurch, dass ein Landwirt verschiedene Sorten HR-Raps, die mit unterschiedlichen Herbiziden (Roundup, Liberty, Pursuit) behandelt wurden, in direkter Nähe zueinander angepflanzt hatte. Ein Jahr später, als Weizen angebaut wurde, machte Ausfallraps den weiteren Feldbau schwierig. Durch Kreuzung mit anderen HR-Rapspflanzen waren innerhalb von drei Jahren dreifach resistente (Roundup, Liberty, Pursuit)

¹ (*) bedeutet, dass der Rückschluss auf die gentechnische Veränderung als Ursachen nur erlaubt ist, falls die auftretenden Herbizid-Resistenzen nicht durch eine natürliche Mutation entstanden sind. Zur Überprüfung ist ein Screening des Genoms der fraglichen Pflanzen oder Pflanzenteile auf transgene Sequenzen für die HR-Eigenschaft notwendig.

Pflanzen entstanden. Letztendlich konnte dieser Super-HR-Raps nur noch mit 2,4-Dichlorphenoxyessigsäure (2,4-D) erfolgreich bekämpft werden (<http://www.producer.com/articles/20000210/news/20000210news01.html>, andere Quelle zur Zeit nicht bekannt).

Laut HEAP (zit. in GENET-news, 2000) hat jedoch Ackersenf (*Sinapis arvensis*) Resistenz gegen 2,4-Dichlorphenoxyessigsäure entwickelt. Da dieser mit Raps kreuzbar ist (s. u.), besteht die Gefahr, dass auch Raps diese Resistenz erlangt. Mehrfach resistenter Ausfallraps wäre dann nicht mehr chemisch zu bekämpfen (THE GLOBE AND MAIL, 12.06.2000, zitiert in GENET 2-Plants, 21.06.2000, www.gene.ch, andere Quelle zur Zeit nicht bekannt).

Aufgrund dieser Erfahrung müssten Landwirte in Zukunft genau beachten, welche HR-Sorte angebaut wird und mit welchem Herbizid gespritzt wird. Dennoch wird es nach den bisherigen Erfahrungen keine ausreichende Abstände zwischen den Feldern geben können, die vollständig das Entstehen von mehrfachresistenten Pflanzen, wie es in Amerika der Fall war, verhindern können.

Auf alle Flächen, die mit Breitbandherbiziden behandelt werden, würden für komplementären herbizidresistenten Ausfall- oder Durchwuchsraps, beziehungsweise entsprechend resistente Wildkräuter ein deutlicher Selektionsvorteil bestehen. Einem Überdauern und Vermehren der Resistenzgene wird damit der Weg bereitet. Nicht nur die landwirtschaftlichen Flächen wären dabei betroffen, sondern auch Ackersäume und andere, den mit den Herbiziden behandelten Feldern benachbarte Ökosysteme, da bei Ausbringung von Herbiziden immer eine gewisse Verdriftung stattfindet. Auf allen Flächen, auf denen das Breitbandherbizid ausgebracht ist, haben alle resistenten Kultur- und Wildpflanzen einen deutlichen Konkurrenzvorteil gegenüber nicht-transgenen oder –hybriden, also nicht resistenten Pflanzen.

Wie schon in der Vergangenheit belegt, können sich herbizidresistente Wildkräuter sehr rasch ausbreiten (DARMENCY & GASQUEZ 1983). In den Gebieten, wo eine entsprechende Ausbreitung stattfindet, kann es zu einer Veränderung der Artenzusammensetzung kommen. Veränderungen in Populations- oder Artbeständen wären nicht nur auf Pflanzenpopulationen beschränkt, sondern würde auch die mit den Pflanzen vergesellschaftete Insektenfauna betreffen.

Untersuchungen an herbizidresistenten Wildkräutern, die in der Vergangenheit durch klassische Selektion aufgrund massiver Anwendung eines bestimmten Herbizids entstanden sind, weisen ebenfalls auf die Bedeutung eines selektiven Vorteils dieser Eigenschaft für Wildkrautpopulationen hin. Die Folgen waren auch in diesem Fall nicht nur auf die Ackerfläche beschränkt (MAYER et al. 1995). So hat sich triazinresistenter Knöterich (*Polygonum lapathifolium*) vom Ursprungsort aus sehr stark und rasch ausgebreitet (DARMENCY et al. 1981). Entsprechend der enormen Samenmenge, die von diesen Pflanzen in Maisäckern ausgingen, breitete sich das Wildkraut in Privatgärten und auf Ruderalflächen aus und wurde bald 10 bis 20 km entfernt in Ruderalhabitaten gefunden, die es bisher nicht besiedelt hatte (DARMENCY 1994). Auch ein triazinresistentes einjähriges Rispengras (*Poa annua*) konnte den Zentralstreifen einer Stadtstraße besiedeln (DARMENCY & GASQUEZ 1983). Nach erfolgreicher Etablierung vollzog sich die Verbreitung auch

ohne weiteren Herbizideinsatz, also ohne Selektionsvorteil. Damit sind auch Verschiebungen oder gar Verdrängungsprozesse in den bisherigen Vegetationsbeständen möglich.

Hypothese 3.1.1.1.1.a: Bei Anbau verschiedener transgener Rapslinien mit Resistenzen gegen verschiedene Breitbandherbizide entsteht mehrfachresistenter Raps.

Hypothese 3.1.1.1.1.b: Herbizidresistenter und insbesondere mehrfachresistenter Raps hat einen Selektionsvorteil an Standorten, an denen Breitbandherbizidapplikation erfolgt.

Hypothese 3.1.1.1.1.c: Nach erfolgreicher Etablierung von herbizidresistentem Raps als wildlebende Art erfolgt die Verbreitung auch ohne weiteren Herbizideinsatz, also ohne Selektionsvorteil.

Parameter zu H3.1.1.1.1.a, b und c:

- Vorkommen und Bestandsentwicklung mehrfachresistenten Rapses * (sP)

3.1.1.1.2. Hybridisierung mit anderen Brassicaceen

Ergebnisse von Kreuzungsexperimenten belegen, dass ein von Raps ausgehender Genfluss in Wildkrautpopulationen stattfinden kann. Potentielle Hybridisierungspartner von *Brassica napus* finden sich hierbei nicht nur in der Gattung *Brassica* sondern auch in der weiteren Familie der Kreuzblütler. Die potentiellen Hybridisierungspartner von Raps sind Wildkräuter, die wahrscheinlich alle in hohem Maße fremdbefruchtet werden. Diese hohe Fremdbefruchtungsrate erleichtert nach DARMENCY (1994) die Verbreitung von Transgenen aus Raps in die verwandten Beikräuter.

Da sich Raps auch außerhalb von Feldern etablieren kann, sind Kreuzungen auch mit solchen Arten möglich, die normalerweise nicht in Feldnähe auftreten.

Für Winterraps ist prinzipiell die Auskreuzung in andere Winterrapsbestände wahrscheinlich, da in Rapsanbaugebieten meist eine hohe Dichte an Winterrapsfeldern vorliegt. Sommerrapsfelder liegen dagegen oft zerstreuter, sodass hier die Wahrscheinlichkeit höher ist, dass sich der Sommerraps in andere Kreuzblütler auskreuzt. Eine Voraussetzung für eine Hybridisierung ist die Überschneidung des Blühzeitraums (GERDEMANN-KNÖRCK & TEGEDER 1997) wobei zu beachten ist, dass der Zeitpunkt von Blühbeginn und Blühdauer stark witterungs- und temperaturabhängig, sowie abhängig vom Keimungszeitpunkt, der Höhenstufe, der Region etc. ist. In der Regel blüht Raps in Deutschland in den Monaten April und Mai (OBERDORFER 1990). Allerdings sieht man verwilderten Raps fast über die ganze Vegetationsperiode in Blüte. So gibt auch OBERDORFER (1990) ergänzend zur Hauptblütezeit im April-Mai eine Blütezeit bis September an. Da eine Verzweigung des Haupttriebes von Raps erst nach Blühbeginn einsetzt, haben die Seitentriebe einen Entwicklungsrückstand gegenüber dem Haupttrieb. Damit erstreckt sich die Gesamtblühdauer einer Pflanze je nach Witterungs- und Standortbedingungen über einen Zeitraum von drei bis fünf Wochen (MÄNNER

2000). Daher können Angaben zu den wahrscheinlichsten Zeitpunkten von Hybridisierungen und damit auch zu Auskreuzungswahrscheinlichkeiten kaum gemacht werden.

Winterraps blüht normalerweise gleichzeitig mit *Brassica rapa* und *Brassica oleracea*. Sommerraps hat eine Blühzeitüberschneidung mit vielen Arten.

Unter Freilandbedingungen wurde eine Hybridisierung von transgenem Raps mit Rübsen (*Brassica rapa*), Sareptasenf (*Brassica juncea*), Schwarzem Senf (*Brassica nigra*), Grausenf (*Hirschfeldia incana*, synonym *Brassica adpressa*), Hederich (*Raphanus raphanistrum*) und Ackersenf (*Sinapis arvensis* = *Brassica kaber*) belegt (ECKELKAMP et al. 1997a, CHÈVRE et al. 1999).

Rübsen (*Brassica rapa*, *Brassica campestris*):

MIKKELSEN et al. (1996) fanden, dass herbizidtoleranter Raps unter Freilandbedingungen spontan mit Rübsen (*Brassica rapa* ssp. *campestris*) hybridisieren kann. In nur zwei Generationen führte diese Auskreuzung zu fertilen, transgenen, herbizidtoleranten Nachkommen mit Wildpflanzeigenschaften (s. auch SNOW & JØRGENSEN 1999). Da Rübsen erstens sowohl landwirtschaftlich angebaut werden, als auch auf Ruderalplätzen oder als Wildkraut auf Feldern auftreten kann (GERDEMANN-KNÖRCK & TEGEDER 1997, PETERSEN & HURLE 1998), zweitens Raps und Rübsen eine sehr enge genetische Verwandtschaft aufweisen (FISCHBECK 1998) und drittens Rübsen Fremdbefruchter ist (MÄNNER 2000), ist die Hybridisierung mit transgenem Raps sehr wahrscheinlich.

Rübsen scheint als Kreuzungspartner wiederum Sareptasenf zu haben.

Sareptasenf (*Brassica juncea*):

Auch Sareptasenf tritt auf Ruderalplätzen oder als Wildkraut auf Feldern auf (GERDEMANN-KNÖRCK & TEGEDER 1997). Ferner wird er häufig als Zwischenfrucht angebaut. Eine Hybridisierung zwischen transgenen Ausfall- und Ruderalrapspopulationen mit Sareptasenf beschreiben SCHEFFLER & DALE (1994).

Grausenf (*Hirschfeldia incana*, synonym *Brassica adpressa*):

EBER et al. (1994) und DARMENCY (1994) wiesen unter natürlichen Bedingungen eine Hybridisierung zwischen männlich sterilem Raps und *Hirschfeldia incana* nach. Die gut lebensfähigen Hybride waren in der Regel triploid. Von LEFOL et al. (1996) wurde nachgewiesen, dass Kreuzungen zwischen herbizidresistentem Raps und *H. incana* auch spontan auf dem Feld vorkommen. Die Hybriden entwickelten sich vegetativ sogar besser als *H. incana*, ihre Fitness war insgesamt jedoch geringer. CHADOEUF et al. (1998) wiesen für die Samen der Hybriden nach, dass sie auch über mehrere Jahre keimfähig bleiben.

Ackersenf (*Sinapis arvensis*):

Aus Hybridisierungen von Raps mit Ackersenf (*Sinapis arvensis*) können ebenfalls lebensfähige Hybride hervorgehen. In Versuchen in England und Frankreich wurde die prinzipielle Möglichkeit der Hybridisierung zwischen Raps und Ackersenf bestätigt, allerdings konnten hier nur Hybride erzielt werden, wenn *Brassica napus* den weiblichen Part darstellte (MOYES et al. 1999). PASCHER et al. (2000) stufen *Sinapis arvensis* neben Raps als eine der vier Arten ein, für die in Österreich die höchste Hybridisierungswahrscheinlichkeit mit Raps gegeben ist.

Weißer Senf (*Sinapis alba*):

Für Großbritannien wurde auch die Hybridisierungsmöglichkeit von Weißem Senf mit Raps experimentell bestätigt (RAYBOULD & GRAY 1993).

Hederich (*Raphanus raphanistrum*):

EBER et al. (1994) wiesen unter natürlichen Bedingungen eine Hybridisierung zwischen männlich sterilem Raps und *Raphanus raphanistrum* nach. Die Hybride waren in der Regel gut lebensfähig. Laut einer weiteren Veröffentlichung dieser Arbeitsgruppe (CHÈVRE et al. 1997) ist auch männlich fertiler Raps mit *Raphanus raphanistrum* kreuzbar. Die Hybride der vierten Generation können eine dem Wildkraut vergleichbaren Wuchs und eine ähnliche Chromosomenzahl besitzen. Bei Rückkreuzungsexperimenten mit *R. raphanistrum* erwiesen sich die Nachkommen ebenfalls als fertil (CHÈVRE et al. 1997). Auch für die Hybride von Raps mit Hederich wiesen CHADOEUF et al. (1998) nach, dass ihre Samen über mehrere Jahre keimfähig bleiben.

Schmalblatt-Doppelrauke (*Diplotaxis tenuifolia*):

Die Schmalblatt-Doppelrauke, eine Art mäßig trockener Ruderalstellen, die besonders auf Bahnanlagen zu finden ist (ROTHMALER 1990), gehört aufgrund von molekulargenetischen Analysen und Stammbaumanalysen neben Raps selbst zu den vier Arten, für die in Österreich die höchste Hybridisierungswahrscheinlichkeit mit Raps gegeben ist (PASCHER et al. 2000). Nach dem britischen DEPARTMENT OF THE ENVIRONMENT, TRANSPORT AND REGIONS (1999) wurde die Hybridisierung mit Raps bereits nachgewiesen.

Hundssenf (*Erucastrum gallicum*):

In Kanada wird die Kreuzung von Raps mit Hundssenf (*Erucastrum gallicum*) mit besonderer Aufmerksamkeit untersucht (WARWICK & WALL 1998). Hybridbildung mit Raps als weiblichem Teil führte im Gewächshaus zu starken, sehr fruchtbaren Pflanzen, die aller Voraussicht nach im Feld gute Überlebensmöglichkeit haben. Untersuchungen zu weiteren Rückkreuzungsgenerationen waren 1999 nach DOWNEY noch nicht abgeschlossen.

Salatrauke (*Eruca sativa*):

Die Wahrscheinlichkeit eines Genflusses von Raps zur Salatrauke (*Eruca sativa*) wird in der Schweiz für hoch gehalten (JACOT 1994). Nach DEPARTMENT OF THE ENVIRONMENT, TRANSPORT AND REGIONS (1999) gelang bereits die Hybridisierung mit Raps per Hand.

Nach SCHÜTTE (1998a) muss mit einer möglichen Kreuzung mit weiteren Raukenarten wie beispielsweise *Sisymbrium*-Arten gerechnet werden.

Ferner ist theoretisch auch die Hybridisierung mit *Raphanus sativus* (Radieschen) möglich (GERDEMANN-KNÖRCK & TEGEDER 1997). Mit *Brassica oleracea* (Gemüse-Kohl) gelang die Kreuzung per Hand (RAYBOULD & GRAY 1993). Gleiches gilt für *Diplotaxis muralis*, die Mauer-Doppelrauke (DEPARTMENT OF THE ENVIRONMENT, TRANSPORT AND REGIONS 1999).

Eine Hybridisierung mit *Brassica rapa* und *Brassica oleracea* ist nicht nur mit in Kulturen angebauten Pflanzen dieser Arten möglich, sondern auch außerhalb der landwirtschaftlichen Fläche,

da sowohl Rübsen als auch Gemüse-Kohl zumindest auf den britischen Inseln auch außerhalb von Kulturlächen persistente Bestände bilden (RAYBOULD 1995).

Forschungsergebnisse von HILL (1999) zeigen, dass Hybridisierungsereignisse mit (wild)en Verwandten öfter stattfinden als zuvor angenommen.

Zur Auskreuzung auf (wilde) Raps-Verwandte können Bienen/Insekten beitragen. Ein Forscherteam konnte bei Bienen, die eine Stunde Pollen gesammelt hatten, 10 verschiedene Taxa feststellen, eine andere Gruppe dokumentierte 28 verschiedene Taxa bei den von ihnen untersuchten Insekten (RAMSEY et al. 1999, MENZEL & MATHES 1999).

Zur Etablierung und den Überlebensbedingungen von Hybriden mit transgenen Pflanzen liegen allerdings bei weitem noch nicht ausreichende Informationen vor (VAN RAAMSDONK & SCHOUTEN 1997).

Der Fremdbestäubungsanteil der potentiellen Kreuzungspartner des Raps ist ein wichtiger Faktor, der die Wahrscheinlichkeit einer Auskreuzung mitbestimmt. Hier sind Grundlagen- und Begleitforschung notwendig.

Hypothese 3.1.1.1.2a: Eine Hybridisierung zwischen Raps und anderen Brassicaceen findet statt.

Parameter zu H3.1.1.1.2a:

- Bildung von keimungsfähigen und fertilen Hybridsamen (sP)
- Bestand von Hybriden aus Raps und Brassicaceen (sP)

Aus den obigen Untersuchungen im Kontext der unter 3.1.1.1.1.1 beschriebenen Szenarien ergibt sich:

Hypothese 3.1.1.1.2b: Herbizidresistenzgene breiten sich im Genpool der Brassicaceen aus.

Parameter zu H3.1.1.1.2b:

- Häufigkeit des Auftretens von Herbizidresistenzgenen bei Brassicaceen * (sP)

3.1.1.1.2.1. Hybridisierung Raps-Brassicaceen

Der Anbau von breitbandherbizidresistentem Raps bringt eine neue Möglichkeit der Resistenzbildung bei einigen Brassicaceen-Wildkräutern mit sich. Eine Herbizidresistenz kann nicht mehr nur auf dem klassischen Weg der Mutationen oder der Einkreuzung natürlich mutierter Gene entstehen. Auch durch die Übertragung der Herbizidresistenz vermittelnden Genkonstrukte von gentechnisch veränderten Kulturpflanzen mittels Einkreuzung können nun manche Brassicaceen diese Eigenschaft erlangen.

Als Folge können breitbandherbizidresistente Brassicaceen zum Teil mit Breitbandherbiziden nicht mehr bekämpft werden. Resistente Brassicaceen finden sich voraussichtlich nicht nur in naturnahen Flächen, in denen kein Herbizid-Selektionsdruck herrscht, sondern auch in Raps und in anderen

Kulturen. Insbesondere unter Anwendung des Herbizides, gegen das sie resistent sind, haben sie einen Selektionsvorteil. Wie oben bereits erwähnt, können sich herbizidresistente Pflanzen nach erfolgreicher Etablierung auch ohne weiteren Herbizideinsatz, also ohne Selektionsvorteil, ausbreiten. Eine Verschiebung der bisherigen Konkurrenzsituation wäre die Folge.

An Bahndämmen (Kap. 10), Straßenbahnstrecken und weiteren Ruderalflächen, die mittels Herbiziden beikrautfrei gehalten werden sollten, wären breitbandherbizidresistente Brassicaceen aufgrund ihres Selektionsvorteils mit sehr großer Wahrscheinlichkeit zu finden und hätten hier Orte, von denen aus sie sich weiter ausbreiten könnten.

So wie bereits dreifachresistenter Raps aufgetreten ist, ist das Auftreten dreifachresistenter Brassicaceen, die potentielle Kreuzungspartner des Rapses sind, nur eine Frage der Zeit.

Das ökologische Verhalten von Hybriden sollte Gegenstand von Grundlagen- und Begleitforschung sein.

Hypothese 3.1.1.1.2.1: Infolge der Einkreuzung von Transgenen aus Raps treten breitbandherbizidresistente Brassicaceen auf.

Parameter zu H3.1.1.1.2.1:

- Bestandsentwicklung von HR-Brassicaceen auf Ackerstandorten und in anderen Biotopen (*) (sP)
- Bestandsentwicklung von mehrfach HR-Brassicaceen auf Ackerstandorten und in anderen Biotopen (*) (sP)

Hilfsparameter:

- Erfassung der Bestände und Bestandsentwicklung der möglichen Kreuzungspartner von Raps (*Brassica rapa*, *Brassica juncea*, *Brassica nigra*, *Hirschfeldia incana*, *Raphanus raphanistrum* und *Sinapis arvensis* sowie *Sinapis alba*, *Diplotaxis tenuifolia*, *D. muralis*, *Erucastrum gallicum*, *Eruca sativa*, *Raphanus sativus* und *Brassica oleracea*)
- Erfassung der Blühzeitpunkte potentieller Kreuzungspartner (*Brassica rapa*, *Brassica juncea*, *Brassica nigra*, *Hirschfeldia incana*, *Raphanus raphanistrum* und *Sinapis arvensis* sowie *Sinapis alba*, *Diplotaxis tenuifolia*, *D. muralis*, *Erucastrum gallicum*, *Eruca sativa*, *Raphanus sativus* und *Brassica oleracea*)

3.1.1.1.2.2. Hybridisierung Brassicaceen-Raps

Auch eine Auskreuzung des Resistenzmerkmals von hybriden Wildkräutern zurück in Raps beispielsweise in konventionelle Rapsbestände ist möglich. Damit besteht also ein doppeltes Einkreuzungsrisiko für konventionellen Raps: eine Übertragung der HR ist sowohl direkt durch HR-Raps als auch indirekt über Wildkräuter, die durch Kreuzung mit HR-Raps resistent geworden sind, möglich.

Hypothese 3.1.1.1.2.2: Transgene kreuzen aus Brassicaceen in diverse Rapsbestände wie z. B. konventionelle Rapsfelder ein.

Parameter zu H3.1.1.1.2.2:

- Molekulargenetischer Nachweis der transgenen Genkonstrukte für Herbizidresistenz in konventionellem Raps * (sP)
- HR-Verunreinigungen in konventionellem Saatgut (*) (sP)
- Auftreten von HR-Rapskörnern in konventionellem Erntegut (*) (sP)

3.1.1.1.2.3. Hybridisierung Brassicaceen-Brassicaceen

Von den durch Kreuzung mit HR-Raps resistent gewordenen Brassicaceen ist eine Auskreuzung der Herbizidresistenz auf andere Brassicaceen, die sich nicht direkt mit Raps kreuzen lassen, möglich. Damit ist das Spektrum der Brassicaceen, die Merkmale aus gentechnisch verändertem Raps erlangen können, nicht nur auf die Arten begrenzt, die als natürliche Kreuzungspartner des Rapses unter Feldbedingungen bekannt sind. Bislang scheint sich jedoch keine Arbeitsgruppe mit der Thematik der Auskreuzung über Transferbrücken zu beschäftigen. Hier sind Grundlagen- und Begleitforschung notwendig.

Hypothese 3.1.1.1.2.3: Über die Kreuzungspartner des Rapses als Transferbrücken gelangen Transgene auch in weitere Brassicaceen.

Parameter zu H3.1.1.1.2.3:

- Bildung von keimungsfähigen und fertilen Hybridsamen bei den möglichen Kreuzungspartnern der Rapskreuzungspartner (Arten = ?) (*) (VP)
- Bestandsentwicklung von HR-Brassicaceen auf Ackerstandorten und in anderen Biotopen (*) (VP)
- Bestandsentwicklung von mehrfach HR-Brassicaceen auf Ackerstandorten und in anderen Biotopen (*) (VP)

Hilfsparameter:

- Erfassung der Bestände und Bestandsentwicklung der möglichen Kreuzungspartner der Rapskreuzungspartner (Arten = ?)
- Erfassung der Blühzeitpunkte potentieller Kreuzungspartner der möglichen Kreuzungspartner der Rapskreuzungspartner (Arten = ?)

3.1.2. Horizontaler Gentransfer

Im folgenden wird nur spezifisch für breitbandherbizidtoleranten Raps der potentielle horizontale Transfer des Herbizidresistenzgens betrachtet. Da jedoch nie allein das Gen für die gewünschte Eigenschaft übertragen wird, enthalten transgene Kulturpflanzen in der Regel auch weitere

Endbericht: Monitoring gentechnisch veränderter Pflanzen

Gensequenzen beispielsweise für Marker sowie Regulationseinheiten und sonstige pflanzliche Sequenzen. Auf entsprechende Sequenzen wird in Kapitel 8 näher eingegangen. Je nach Rapslinie (z. B. mit gentechnisch eingebauten Antibiotikaresistenzgenen) müssen dementsprechend zu allen Parametern, die hier nur herbizidresistenzgenspezifisch gefasst sind, ergänzend weitere linienspezifische und damit genkonstruktsspezifische Parameter hinzugefügt werden.

3.1.2.1. Effekte aufgrund von Horizontalem Gentransfer über isolierte/freie DNA

Wenn totes Pflanzenmaterial (nach dem Absterben der Pflanze und einzelner Pflanzenteile oder auch durch die kontinuierlichen Zellverluste beim Wurzelwachstum) verrottet, wird die DNA aus den Zellen entlassen. Auch beim Anbau von HR-Raps gelangt also bereits in der Wachstumsphase der Pflanze und wenn das Pflanzengewebe zersetzt wird DNA in den Boden. Die freie DNA kann mehrere Monate aktiv bleiben (PAGET & SIMONET 1994, SMALLA 1995) und ist insbesondere adsorbiert an Bodenbestandteile stabiler als zum Teil angenommen (ECKELKAMP et al. 1997b, WACKERNAGEL & LORENZ 1994). Viele Mikroorganismen sind unter bestimmten Wachstumsbedingungen in der Lage, freie mikrobielle DNA auch in adsorbiertem Zustand aus der Umgebung aufzunehmen und stabil weiterzuvererben (ECKELKAMP et al. 1998, VOGEL & TAPPESER 2000) (s. Kap. 8).

In Pflanzen klonierte Gene sind im Gegensatz zu pflanzeigenen Genen häufig mit Regulationssequenzen kombiniert, die nicht nur in Pflanzen, sondern auch in Mikroorganismen funktionieren. Die rekombinanten Herbizidresistenzgene stammen im allgemeinen aus Mikroorganismen und entsprechen oft in ihrer Struktur mikrobiellen Genen. Daher könnten zumindest manche Transgene leichter aus Pflanzen auf Mikroorganismen übertragen werden als pflanzeigene Gene.

Das Breitbandherbizid BASTA hat eine antimikrobielle Wirkung (SANDERMANN 1994). Wenn Bakterien, Hefen und Pilze aus dem Boden DNA, die für eine Bastaresistenz codiert, aufnehmen, in ihre DNA einbauen und das Gen exprimieren, können die veränderten, nun bastaresistenten Organismen, die normalerweise sensibel auf Herbizide reagieren, beim Einsatz von Basta einen Konkurrenzvorteil aufgrund des Selektionsdrucks haben (ECKELKAMP et al. 1997b). Bei bisherigen Untersuchungen zum horizontalen Gentransfer wurde allerdings kaum die Rolle des Selektionsdrucks beachtet, was jedoch für eine Risikoanalyse essentiell wäre (HEINEMANN 1997).

Durch Herbizideinsatz kann sich für die Organismen, die empfindlich gegen die Herbizide sind, die Aufnahmekompetenz für DNA erhöhen. So beobachteten KLINGMÜLLER & RIEDER (1994) dass Herbizidapplikation im Feld die Gentransferrate zwischen *Pseudomonas*-Stämmen erhöhte und nahmen an, dass diese Erhöhung auf die Herbizidspritzung als Stressfaktor zurückzuführen war. Einige Bakterienarten erweisen sich insbesondere bei exponentiellem Wachstum als kompetent für die DNA-Aufnahme. Exponentielles Wachstum kann besonders bei guter Nährstoffversorgung auftreten (SMALLA et al. 2000) und wäre damit auf Ackerstandorten durchaus zu erwarten.

Selektionsdruck und damit eine veränderte Konkurrenzsituation für veränderte Organismen mit neuen Gensequenzen und Eigenschaften können eine Veränderung des Gefüges der Bodenflora und -fauna mit sich bringen. Veränderte Bestände bei den Bodenmikroorganismen können sich auf das Bodenleben allgemein und die Bodenqualität auswirken. Der Gesamtbestand an Bodenorganismen ist allerdings bislang mangels Methodik und Wissen noch nicht erfassbar.

Nach dem derzeitigen Stand der Nachweismethodenentwicklung und Forschung ist horizontaler Gentransfer schwer nachzuweisen. Daher können Parameter zu dieser Wirkungskette aus pragmatischen Überlegungen nicht als prioritär zu untersuchende Parameter vorgeschlagen werden.

Eine Veränderung im Bestand der Organismen kann auch zu Veränderungen im Bodenchemismus und in der physikalischen Beschaffenheit von Böden führen.

Hypothesenkomplex 3.1.2.1a: Transgene Rapsgene werden von Bakterien aufgenommen, ins Genom integriert und exprimiert.

Parameter zu H3.1.2.1a:

- Bodenorganismen mit eingebautem HR-Gen (* direkter Ursachen-Rückschluss erlaubt, falls die eingebaute Gensequenz der Sequenz in gentechnisch veränderten HR-Kulturpflanzen entspricht) (sP)
- Bodenorganismen mit exprimiertem HR-Gen (* direkter Ursachen-Rückschluss erlaubt, falls die eingebaute Gensequenz der Sequenz in gentechnisch veränderten HR-Kulturpflanzen entspricht) (VP)

Hypothesenkomplex 3.1.2.1b: Die Expression von Herbizidresistenzgenen in Bakterien verschafft diesen bei Herbizideinsatz einen Konkurrenzvorteil und hat Effekte auf die Zusammensetzung der Bodenmikroorganismenpopulationen.

Parameter zu H3.1.2.1b:

- Zusammensetzung der Bodenmikroorganismenpopulationen (?) (VP)

Hypothesenkomplex 3.1.2.1c: In Böden mit herbizidresistenten Bakterien treten Veränderungen beim Bodenleben allgemein, bei der Bodenqualität sowie im Bodenchemismus und in der physikalischen Beschaffenheit von Böden auf.

Parameter zu H3.1.2.1c:

- Untersuchung der Bodenmikroorganismengemeinschaft vor und während des Anbaus transgener Kulturpflanzen mit empfindlichen Methoden (T-RFLP, BIOLOG oder PCR) im Vergleich zu benachbarten, nicht transgenen Anbauflächen (VP)
- Bodenchemische und bodenphysikalische Parameter, beispielsweise der Bodendauerbeobachtungsflächen (BDF) (VP)

Hilfsparameter:

- Nachweis rekombinanter DNA im Boden (qualitativ und quantitativ)

3.1.2.1.1. Horizontaler Gentransfer im Medium Wasser

Es ist vorstellbar, dass aus dem Boden nackte DNA (auch an Bodenpartikel gebunden) in Gewässer und deren Sedimente ausgetragen wird. Auch hier kann sie durch horizontalen Gentransfer von Mikroorganismen aufgenommen und eingebaut werden.

Wenn nun auch die Herbizide bzw. ihre Wirkstoffe in die Gewässer gelangen, haben entsprechende Organismen gegebenenfalls einen Selektionsvorteil, falls trotz des Verdünnungseffektes im Wasser ausreichend hohe Herbizidkonzentrationen auftreten. In der weiteren Folge könnte eine Veränderung des Gefüges der Gewässerflora und -fauna eintreten.

Wie bereits beschrieben, steckt die Forschung und die Nachweismethodik zum horizontalen Gentransfer schon im Boden noch in einem frühen Stadium. Für den Gewässerbereich liegen hier bislang keinerlei Forschungsergebnisse vor. Somit soll hier nur auf die potentielle Möglichkeit eines horizontalen Gentransfers im Medium Wasser hingewiesen werden.

3.1.2.2. Effekte aufgrund von Horizontalem Gentransfer aus Pflanzenmaterial in Organismen

Aus Pflanzenteilen, die von Tieren oder Menschen aufgenommen werden, können ganze DNA-Sequenzen in den Verdauungstrakt der Organismen gelangen. Da hier die DNA nicht wie zunächst angenommen sofort abgebaut wird, kann auch hier ein Transfer der DNA in Bakterien und Pilze vorkommen (ECKELKAMP et al. 1997a, MERCER et al. 1999).

Für das *pat*-Gen (Glufosinat-Resistenz) liegen seit dem Jahr 2000 Hinweise vor, dass horizontaler Gentransfer von DNA aus Pollen in Mikroorganismen im Bienendarm stattfinden kann (bislang unveröffentlichte Studie, SÜDDEUTSCHE ZEITUNG 25. Mai 2000).

Hypothese 3.1.2.2a: Horizontaler Gentransfer von transgenen Sequenzen in Mikroorganismen findet im Verdauungsapparat von Herbivoren statt.

Parameter zu H3.1.2.2a:

- Nachweis von Mikroorganismen mit eingebauter und exprimierter HR-Sequenz im Darm herbivorer Säuger an Raps (Feldmäuse, Rehe, Muffelwild, Hase), deren Lebensraum im Bereich von HR-Rapsfeldern liegt (* direkter Ursachen-Rückschluss erlaubt, falls die eingebaute Gensequenz der Sequenz in gentechnisch veränderten HR-Kulturpflanzen entspricht) (sP)

Organismen im Verdauungsapparat von Herbivoren, die über horizontalen Gentransfer beispielsweise die Eigenschaft der Antibiotikaresistenz erworben haben, können beim Einsatz von

Medikamenten und damit bei Selektionsdruck einen Konkurrenzvorteil haben. Veränderungen in der Darmflora von Tier und Mensch könnten die Folge sein.

In erster Linie handelt es sich hier um ein gesundheitlich relevantes Szenario. Daher werden hier keine Parameter vorgeschlagen.

Die *Hypothesen* wären:

Im Verdauungsapparat von Herbivoren, erwerben Organismen über horizontalen Gentransfer Eigenschaft transgener Organismen wie zum Beispiel Antibiotikaresistenz.

Beim Einsatz von Medikamenten bei Herbivoren, die transgenen Raps mit einem Antibiotikaresistenzgen zu sich genommen haben, treten Veränderungen in der Darmflora auf.

3.1.3. Samenverbreitung

Raps stammt ursprünglich aus Südwesteuropa oder mediterranen (GERDEMANN-KNÖRCK & TEGEDER 1997) und ist an unsere mitteleuropäischen Klimabedingungen gut angepasst. Mit seinem hohen Reproduktionspotential, seinem Wachstumsverhalten und seiner Keimungsökologie ähnelt Raps einem Ackerwildkraut (SCHLINK 1994).

Rapssamen bleibt bei normal trockener Lagerung mindestens 2 Jahre keimfähig, kann aber vermutlich aufgrund einer sekundären Keimruhe/Dormanz eventuell sogar bei ungünstigen Temperatur-, Licht- oder Wasserverhältnissen bis zu 15 Jahre keimfähig im Boden überdauern (GERDEMANN-KNÖRCK & TEGEDER 1997).

Wenn der Samen nicht zu wasserhaltig ist, kann Winterrapssamen selbst bei -20°C überdauern (GERDEMANN-KNÖRCK & TEGEDER 1997).

Die Möglichkeiten einer permanenten Etablierung von Raps außerhalb der Kulturfleichen in Mitteleuropa werden unterschiedlich beurteilt. Oft wird von einem ephemeren Charakter der Population ausgegangen. Beständige Populationen, beispielsweise entlang von Straßen oder Eisenbahnlinien, werden häufig durch eine stete Zufuhr an Samen aus Transportverlusten und/oder Störungen des Habitats erklärt (CRAWLEY et al. 1993). Es scheint bislang so, als ob Raps in natürlichen Biotopen wenig konkurrenzfähig ist. Für Ruderalstandorte, gestörte Flächen und Gärten gibt es aber immer wieder Hinweise auf eine dauerhafte Verwilderung und Persistenz von Raps (ADOLPHI 1995).

Hypothese 3.1.3: Raps bildet dauerhafte wilde Populationen.

Parameter zu H3.1.3:

- Rapsvorkommen in Ackerrainen, an Wegesrändern sowie in anderen Nichtkulturbiotopen über die gesamte Vegetationsperiode: Kartierung aller Rapsvorkommen außerhalb von Rapsfeldern zur Beobachtung gegebenenfalls auftretender Persistenz und Ausbreitung (VP)

3.1.3.1. Durchwuchs

Nach PEKRUN et al. (1998) bleiben auf Rapsfeldern pro Hektar zwischen 20 und über 700 kg (im Schnitt 200 – 300 kg) Samen der Ernte liegen. Wenn davon nur 10 % der Samen eine sekundäre Dormanz entwickeln, befindet sich mehr keimfähiger Raps auf dem Feld, als bei einer gewöhnlichen Aussaat ausgebracht würde. Die auf dem Feld verbleibenden Samen können im folgenden Jahr als Durchwuchsraps auflaufen. LUTMAN (1993) berichtet von 10.000 Ausfallsamen pro m². In Norddeutschland ist ein Durchwuchs von 400 Pflanzen/m² nicht ungewöhnlich (GERDEMANN-KNÖRCK & TEGEDER 1997). Optimale Aussaatmengen liegen bei nur 60 bis 90 Samen pro m² (MÄNNER 2000).

In Europa kann Raps bei Mais und Zuckerrüben Durchwuchsprobleme verursachen (PETERSEN & HURLE 1998). Durchwuchsraps hat in Nachfolgekulturen ‚Unkrauteigenschaften‘ und muss für optimale Erträge entfernt werden. Wenn es sich beim Durchwuchsraps um herbizidresistenten Raps handelt, so ist eine Bekämpfung mit dem Herbizid, gegen das der Raps resistent ist, nicht möglich. Hier müsste beispielsweise wieder das konventionelle Mittel der Bodenbearbeitung oder ein anderes Herbizid eingesetzt werden.

Verstärkt wird die Durchwuchsproblematik, wenn auch die Folgekultur resistent gegen das selbe Herbizid wie die vorhergehende oder eine frühere Kultur, also gegen den Durchwuchsraps ist (PETERSEN & HURLE 1998). Wenn nun mit dem Komplementärherbizid gespritzt wird, gegen das die aktuelle Kulturpflanze, aber auch der Durchwuchsraps resistent sind, kann der herbizidresistente Durchwuchsraps zum Problemunkraut werden.

Durch nicht oder schwer bekämpfbaren Durchwuchs in Folgekulturen können Landwirten Ertragseinbußen entstehen. Zusätzliche Spritzungen mit anderen Herbiziden können notwendig werden, welches die Gesamtaufwandmengen der Herbizide letztendlich erhöhen kann.

In Kanada gab es im Jahr 2000 bereits mindestens einen Fall, in dem die Firma Monsanto einem Landwirt eine Entschädigung für den entstandenen Mehraufwand in Folge des Auftretens von Durchwuchsraps zahlte (Agnat Mailout Aug. 14/00, nach The Globe and Mail).

Es ist auch mit einem Genfluss von breitbandherbizidresistentem Raps zu Raps ohne Herbizidresistenz zwischen verschiedenen Feldern beziehungsweise zwischen verschiedenen transgenen Raps-Kulturen mit verschiedenen Resistenzen zu rechnen (s. Kap. 3.1.1.1.1). Für Kanada wurde folgende Hochrechnung aufgestellt: Bei einem Genfluss von 0,4 %, einer Ernte von 1400 kg/ha (Ø in Kanada) und einem Ernteverlust von 5 % bleiben dennoch 70.000 Hybrid-Samen pro Hektar auf dem (Empfänger-)Feld (das entspricht 7 Samen/m²). Die meisten davon sterben aufgrund der Boden- und Kulturbedingung oder sie keimen und erfrieren im Winter. Dennoch verbleiben bei diesen Mengenverhältnissen immer einige Samen bzw. Pflanzen, auf dem Feld die die Herbizidresistenz tragen (DOWNEY 1999).

FISCHBECK (1998) meint, dass sich aus den Druschverlusten bei der Rapsernte möglicherweise ein höheres Risiko für eine unkontrollierte und auch dauerhafte Verbreitung von ‚neuen‘ Genen aus gentechnisch verändertem Raps (in diesem Fall *pat*-Gen) ergibt, als es durch Pollenflug je erwartet werden kann.

Hypothese 3.1.3.1a: In Nachfolgekulturen von herbizidresistentem Raps tritt herbizidresistenter Durchwuchsrap auf.

Parameter zu H3.1.3.1a:

- Anzahl der HR-Rapspflanzen pro m² in der Nachfolgekultur (sP)
- Anzahl der HR-Rapspflanzen pro m² in der HR-Nachfolgekultur (*) (sP)

Hypothese 3.1.3.1b: Herbizidresistenter Durchwuchsrap führt in nachfolgenden Kulturen zu einem zusätzlichen Herbizideinsatz.

Parameter zu H3.1.3.1b:

Die nachfolgenden agronomischen Parameter können möglicherweise über Fragebögen erhoben werden und sollten nicht Inhalt des gentechnikspezifischen Monitorings sein.

- Art des Herbizideinsatzes (welche Mittel und Wirkstoffe) (VP)
- Menge des Herbizideinsatzes (Menge Wirkstoff) (VP)
- Zeitpunkt des Herbizideinsatzes (VP)
- Ursache des Herbizideinsatzes (Beikrautauflaufen, Durchwuchsrap oder Durchwuchs anderer herbizidresistenter Kulturpflanzen oder Beikräuter) (VP)

3.1.3.2. Verschleppung und Transportverluste

Tier und Mensch tragen oft unbeabsichtigt zur Verbreitung von Pflanzen bei. Samen werden in Fell, Kot, in Bodenpartikeln und als Anhaftungen verschleppt oder bewusst transportiert, vergraben und zum Teil verloren. Besonders Mäuse tragen zur Ausbreitung von Kulturpflanzen bei (MÄNNER 2000).

Auch bei der Ernte von transgenem Raps und dessen Transport (zumeist auf offenen Wagen) kommt es wie bei jedem Raps zu Verlusten. Bereits SEBALD & SEYBOLD (1982) wiesen auf verwilderten Raps entlang von Bahnlinien, Autobahnen und anderen Transportwegen hin. CRAWLEY & BROWN (1995) beobachteten an einer Autobahn entlang der Spur, die in Richtung einer rapsverarbeitenden Fabrik führte signifikant größere Rapsbestände als entlang der Gegenrichtung. Herbizidresistenter Raps an Wegesrändern kann somit im Folgejahr aufwachsen und zum Teil sogar durch Herbizidverdriftung von den benachbarten Feldern einen Konkurrenzvorteil gegenüber der sonstigen Flora haben.

Durch Transportverluste und Verschleppung entsteht ein erweiterter Radius, in dem transgener herbizidresistenter Raps in den Jahren nach seinem Anbau aufwachsen kann.

Als weitere Folge ist der Auskreuzungsradius (Kreuzung mit verwandten Brassicaceen und konventionellem Raps oder Raps mit Resistenz gegen ein anderes Herbizid) erweitert und unabhängig vom Anbaufeld (Wechselwirkung mit 3.1.1.1).

Hypothese 3.1.3.2a: Nicht ausgesäter Raps tritt nicht nur in der Nähe von Rapsfeldern, sondern über Transport durch Mensch und Tier auch in großen Entfernungen zu Rapsfeldern auf.

Parameter zu H3.1.3.2a:

- Bestandsentwicklung von HR-Raps außerhalb des Feldes (*) (sP)

Hypothese 3.1.3.2b: Ausfallraps erweitert den Auskreuzungsradius von transgenem Raps.

Parameter zu H3.1.3.2b:

- Molekulargenetischer Nachweis der transgenen Genkonstrukte für Herbizidresistenz in konventionellem Raps und Brassicaceen in Nicht-Anbaugebieten von transgenem Raps * (VP)

3.2. EFFEKTE AUF BIOTIK, DIVERSITÄT UND ÖKOLOGIE

Abbildung 2 im Anhang beinhaltet die Wirkungshypothesen und –ketten zu Effekten auf Biotik, Diversität und Ökologie die nachfolgend erläutert werden.

Durch den Anbau breitbandherbizidresistenten Rapses können entsprechende Rapsfelder effizienter und auch noch später im Jahr mit Hilfe von Breitbandherbiziden beikrautfrei gehalten werden, als konventionelle Rapsfelder.

Wie bei jedem Herbizideinsatz verdriftet auch beim Einsatz von Breitbandherbiziden je nach Witterungsbedingungen und Spritztechnik ein Teil des Herbizids. Aufgrund des durch Breitbandherbizidresistenz ermöglichten späteren Spritzzeitpunktes können Breitbandherbizide auch noch eingesetzt werden, wenn der Raps bereits aufgewachsen ist. Das bedingt eine Änderung der Spritzhöhereinstellung. Bei einer höheren Spritzhöhe wäre es plausibel, wenn zumindest an den Feldrändern eine höhere Spritzmittelabdrift erfolgt, als dies bei niedrigeren Spritzhöhe der Fall ist.

Damit erfolgt nicht nur eine Beeinflussung der Feldflora. Auch die Ökosysteme der Ackerraine und Saumbiotop können vergleichsweise stärker beeinflusst werden. Daher wäre es ergänzend zu den im Folgenden gemachten feldbezogenen Parametervorschlägen denkbar, alle feldbezogenen Beikrautflora- und Fauna-Parameter auch in den Ackerrainen und Saumbiotopen zu beobachten. Hier kann jedoch das Finden geeigneter Vergleichsflächen als Referenzflächen problematisch sein.

Hypothese 3.2: Beim Einsatz von Breitbandherbiziden in breitbandherbizidresistenten Kulturen im Nachauflauf erfolgt eine stärkere Spritzmittelabdrift, als beim Einsatz von Breitbandherbiziden vor Auflaufen der Kulturpflanzen.

Parameter zu H3.2:

- Breitbandherbizideintrag in die Umgebung transgener HR-Kulturen (verschiedene Abstände) im Vergleich zu nicht transgenen Kulturen (sP) *

Hilfsparameter:

- Applikationszeitpunkte
- Applikationsmenge/definierter Fläche
- verwendetes Herbizid
- Spritzhöhereinstellung

3.2.1. Beikrautfreie oder –arme HR-Rapsbestände

Sinn und Zweck der Breitbandherbizide ist das Abtöten möglichst aller Beikräuter. Durch den Einsatz von Breitbandherbiziden fallen in HR-Rapsäckern voraussichtlich viele Beikräuter aus. In England wurde beobachtet, dass durch den Einsatz konventioneller Herbizide ein inkonsistentes Ergebnis bei der Beikrautbekämpfung erzielt wurde. Die Anzahl der Beikräuter schwankte stark, der Spritzerfolg war somit nicht immer zufriedenstellend. Dagegen wurde beim Einsatz von Breitbandherbiziden ein konstantes Ergebnis der Reduktion der Beikräuter auf eine geringe Zahl erzielt (JOHNSON 2000).

Das Ausmaß des Artenrückgangs oder der Verschiebungen innerhalb der Ackerbegleitflora ist voraussichtlich abhängig vom Umfang des Anbaus der Kulturpflanzen mit Breitbandherbizidresistenz und der Intensität des mit der Herbizidresistenztechnik auch im Nachauflauf ermöglichten Einsatzes der Breitbandherbizide. Neben dem Rückgang der Begleitflora auf dem Feld ist auch mit einer umfassenden Reduktion der Bestände der Samenbanken von Ackerwildkräutern im Boden zu rechnen. Auch hier hängt das Ausmaß der Änderungen vom Ausmaß des Einsatzes von Herbizidresistenz-Kulturen ab.

Von Herbizidresistenz-Raps-Kulturen dürften nach MEYER et al. (1998) insbesondere Winterannuelle betroffen sein.

Bedeutende Beikräuter in Rapsfeldern:

(nach PETERSEN & HURLE 1998, SCHUSTER & DIEPENBROCK 1997, Nomenklatur nach OBERDORFER 1990, die mit ° gekennzeichneten Arten sind in Fruchtfolgekulturen mit Mais und Zuckerrüben identisch)

Ausfallgetreide wie *Hordeum vulgare* (Mehrzeilige Gerste), *Alopecurus myosuroides*° (Acker-Fuchsschwanz), *Anthemis cotula* (Stinkende Hundskamille), *Apera spica-venti* (Gewöhnlicher Windhalm), *Barbarea* spp. (Barbara-Kraut), *Bromus* spp. (Trespen-Arten), *Capsella bursa-pastoris* (Hirtentäschel), *Carduus crispus* (Krause Distel), *Centaurea cyanus* (Kornblume), *Chenopodium album* (Weißer Gänsefuß), *Conium maculatum* (Schierling), *Cirsium arvense*° (Acker-Kratzdistel), *Descurainia sophia* (Sophienkraut), *Elymus repens*° (Kriechende Quecke), *Fumaria officinalis* (Gebräuchlicher Erdrauch), *Galium aparine*° (Klettenlabkraut), *Geranium* spp. (Storchschnabel-Arten), *Lactuca serriola* (Kompaß-Lattich), *Lamium* spp.°: *L. amplexicaule* (Stängelumfassende Taubnessel), *L. hybridum* (Bastard-Taubnessel), *L. purpureum* (Rote Taubnessel), *Lapsana communis* (Rainkohl), *Lycopsis arvensis* (Acker-Krummhals), *Matricaria perforata*° (= *M. inodora*) (Geruchlose Kamille), *M. recutita*° (= *M. chamomilla*)

Endbericht: Monitoring gentechnisch veränderter Pflanzen

(Echte Kamille), *Myosotis arvensis* (Acker-Vergißmeinnicht), *Papaver rhoeas* (Klatsch-Mohn), *Phacelia tanacetifolia* (Rainfarn-Phacelie), *Poa annua* (Einjähriges Rispengras), *Polygonum* spp. (Knöterich), *Rumex crispus* (Krauser Ampfer), *Sisymbrium* spp.: *S. officinale* (Weg-Rauke), *S. altissimum* (Riesen-Rauke), *S. loeselii* (Loesels Rauke), *Stellaria media*^o (Vogelmiere), *Thlaspi arvense* (Acker-Hellerkraut), *Veronica* spp.^o: *V. arvensis*^o (Acker-Stiefmütterchen), *V. agrestis* (Acker-Ehrenpreis), *V. opaca* (Glanzloser Ehrenpreis), *Veronica persica* (Persischer Ehrenpreis), *V. polita* (Glänzender Ehrenpreis)

Außerdem sind regelmäßig auch Verwandte des Rapses in Rapsfeldern anzutreffen: *Brassica rapa* (Rübsen), *Raphanus raphanistrum* (Hederich), *Sinapis alba* (Weißer Senf), *Sinapis arvensis* (Acker-Senf) (PETERSEN & HURLE 1998, SCHUSTER & DIEPENBROCK 1997).

Neunzig von ungefähr 250 Ackerwildkräutern sind Rote-Liste-Arten der BRD. Die Hälfte davon ist in Getreide-Wildkrautgesellschaften zu finden, ein Viertel davon in Hackfrucht-Wildkrautgesellschaften, also potentiell in Rapskulturen (DIETZ et al 1993). Allerdings gehören die oben aufgelisteten bedeutenden Raps-Beikräuter nicht zu den Rote-Liste-Arten.

Hypothesenkomplex 3.2.1: Der Einsatz von breitbandherbizidresistenten Kulturpflanzen mit dem entsprechenden Komplementärherbizid im Nachauflauf hat Veränderungen in der Beikrautflora der Äcker und ihren Samenbanken zu Folge.

Parameter zu H3.2.1:

- Bestandszahlen der Beikrautflora (Artenzahl, Artenhäufigkeit) auf HR-Raps-Feldern und geeigneten Vergleichsflächen mit konventionellem Raps mit und ohne Herbizideinsatz zum jeweils gleichen Zeitpunkt (sP)
- Samenbanken Beikrautflora im Boden (sP)

3.2.1.1. Wirkungen beikrautarmer oder –freier Rapsfelder auf herbivore Organismen

Wildkräuter stellen den Lebensraum für ‚Nützlinge‘ und indifferente Arten dar, mindern den Monokulturcharakter, aber sind auch Neben- und Zwischenwirt für Krankheitserreger und ‚Schädlinge‘ der Kulturpflanzen (DIETZ et al. 1993).

An und von vielen Pflanzen leben (oft artspezifisch) viele Tierarten:

Beispielsweise leben an *Cirsium arvense* 80, an *Poa annua* 41, an *Chenopodium* spp. 51, an *Polygonum aviculare* 40 und an *Stellaria media* 36 Tierarten (DIETZ et al. 1993). Von diesen direkten Pflanzenkonsumenten führen vielfältige, bislang unüberschaubare Nahrungsnetze über Sekundär- und weitere Konsumenten bis hin zu Destruenten. Für diese breit aufgefächerten Wirkungsketten ist es kaum möglich eine Auswahl einzelner besonders geeignete Parameter fachlich zu begründen. Optimalerweise wäre die gesamte Biotik zu betrachten. Da der Gesamtartenbestand jedoch in vielfältige Wirkungsketten eingebunden ist und damit eine Vielzahl anderer Ursachen für

Änderungen relevant sein können, werden hier keine allgemeinen Biodiversitätsparameter vorgeschlagen. Im Kontext des Monitorings von gentechnisch veränderten Pflanzen zeigt sich damit jedoch ebenso wie in anderen Sachzusammenhängen, dass eine allgemeine kontinuierliche faunistische und floristische Bestandserfassung in Deutschland äußerst wünschenswert und erforderlich wäre.

Insgesamt spielen sowohl Artendiversität als auch Struktureichtum eine wichtige Rolle für die Ökosystemfunktionen. Ein Verlust dieser vermindert die Prädations- und Parasitierungsraten und kann somit zu ‚Schädlingsproblemen‘ führen (THIES et al. 1997).

Von den vielen pflanzenfressenden Tierarten, die in Kulturpflanzenbeständen und Ackerrandstreifen vorkommen, schädigt nur ein geringer Anteil die Kulturpflanzen. In Mitteleuropa gibt es beispielsweise etwa 850 Blattlausarten, von denen die meisten monophag sind und Wildpflanzen besiedeln. Sie stellen somit keine Gefahr für die Kulturpflanzen dar. Vielmehr werden durch sie natürliche Antagonisten aller Blattläuse, also auch solcher, die ‚Kulturschädlinge‘ sind, gefördert (LETHMAYER 1996, HOLTZ 1988).

Monophage Herbivore, die nur eine Wildkrautwirtspflanze haben, sind beim Ausfall ihrer Wirtspflanze gefährdet (FRITZ-KOEHLER 1996). Falls die Monophagen bereits im Rapsfeld existierten, werden sie mit hoher Wahrscheinlichkeit nicht überleben, da der Aktionsradius vieler Insekten im Bereich von wenigen 10 bis 100 m liegt. Ein Ausweichen der Monophagen auf Felder mit Beikräutern oder andere Bereiche ist daher unwahrscheinlich. Daher sollten entsprechende Artparameter (s. Parameter zu nachfolgender Hypothese) zunächst auf den Feldern, auf denen gentechnisch veränderte Pflanze angebaut werden, und in deren Umgebung erhoben werden. Bei einem großflächigen Anbau von gentechnisch veränderten Pflanzen sollte die Erhebung dieser Artparameter auch überregional erfolgen.

Beispielhaft sollen einige monophage Coleopteren und deren Wirtspflanzen (Beikräuter in Rapsfeldern) genannt werden (FRITZ-KÖHLER 1996):

- *Ceutorhynchus gerhardti* an *Thlaspi arvense*
- *Omphalapion hookeri* und *Microplontus edentulus* an *Matricaria perforata*
- *Longitarsus pellucidus* und *L. longipennis* an *Convolvulus arvensis*
- *Lixus vilis* und *Hypera dauci* an *Erodium cicutarium*
- *Ceutorhynchus plumbeus* an *Erysimum cheiranthoides*
- *Rhinoncus inconspectus* an *Polygonum amphibium*
- *Hermaeophaga cicatrix* und *Kalcapion semivittatum* an *Mercurialis annua*

Um eine pragmatische Konkretisierung der Parameter vorzunehmen, können die Arten, die Monophage bedeutender Rapsbeikräuter (s. Kap. 3.2.1) sind als Erhebungsparameter genutzt werden.

Die Distelblattlaus (*Aphis cirsiacanthoidis*) ernährt sich von *Carduus*- und *Cirsium*-Arten und ist stark an diese gebunden (KNAUER 1993). Durch den Einsatz von Breitbandherbiziden kann die Acker-Kratzdistel (*Cirsium arvense*) nicht mehr in und seltener in direkter Nachbarschaft zu

breitbandherbizidresistenten Rapsfeldern aufwachsen. Für die Distelblattlaus gibt es keine Alternativnahrung in solchen Rapsfeldern. Sie wird beim Einsatz von Breitbandherbiziden ausfallen.

Hypothese 3.2.1.1: In HR-Kulturen ändert sich der Bestand an Monophagen der in konventionellen Feldern auftretenden Beikräuter.

Parameter zu H3.2.1.1:

- Bestandsentwicklung von Monophagen an bedeutenden Beikräutern in HR-Rapsfeldern und vergleichbaren konventionellen Rapsbeständen mit und ohne Herbizideinsatz (*Ceutorhynchus gerhardti*, *Omphalapion hookeri*, *Microplontus edentulus*, *Rhinoncus inconspicuosus*, *Aphis cirsiacanthoidis*) (paP)

3.2.1.2. Wirkungen beikrautarmer oder –freier Rapsfelder auf Zoophage

Durch den Einsatz von Breitbandherbiziden auf HR-Rapsfeldern, den Ausfall bestimmter Wildkräuter und die Reduktion daran lebender und indirekt davon abhängiger Insekten („Nützlinge“) können auch Zoophage negativ beeinflusst werden. Für diese reduziert sich das Nahrungsangebot.

Insektivore Vögel, die auf Äckern zu finden sind, sind beispielsweise die Goldammer (*Emberiza citrinella*) und der Feldsperling (*Passer montanus*). Diese ernähren sich unter anderem von Schwebfliegen („Nützlinge“) (TSCHARNTKE 1998) (s. auch Kap. 3.2.1.6). Diese Arten können für eine Beobachtung vorgeschlagen werden. Insgesamt ist es jedoch recht schwierig, geeignete Vogelarten als Monitoring-Parameter im Kontext gentechnisch veränderter Pflanzen vorzuschlagen. Die Problematik der begrenzten eindeutigen Aussagekraft von organismenbezogenen Parametern allgemein wurde bereits in Kapitel 2 benannt.

Vögel werden vielfach für gute Landschafts-Bioindikatoren gehalten (STEIOF 1983). Einen konkreten Bezug von Effekten auf die Avifauna aufgrund des Einsatzes der Gentechnik in der Landwirtschaft abzubilden, könnte sich jedoch schwierig gestalten. Zum einen sind Vögel sehr mobile Arten, die hoch in den Nahrungsketten stehen. Dass heisst, sie sind selten nur bestimmten Biotopen und nie kleinräumig begrenzten Lokalitäten wie beispielsweise einzelnen Äckern zuzuordnen und sie haben für die Nahrungswahl in der Regel ein weites Spektrum. Ferner hängt ihr Vorkommen oft vom Vorkommen einer Vielzahl verschiedener Strukturen ab. Effekte auf der Ebene der Vögel können damit sehr viele Ursachen haben und ein kausaler Rückschluss zum Anbau von gentechnisch veränderten Pflanzen wird, selbst wenn er zulässig wäre, nur sehr schwer beweisbar sein. Zum zweiten ist die Auswahl geeigneter Monitoring-Arten unter den Vögeln zum derzeitigen Zeitpunkt aufgrund des vorliegenden Wissensstandes nur eingeschränkt möglich. Gentechnikspezifisch liegen keinerlei Überlegungen zu geeigneten Monitoring-Arten vor.

Wenn auch avifaunistische Monitoring-Parameter erwünscht sind, kann nur auf Arten, die in anderem Kontext vorgeschlagen wurden zurückgegriffen werden. So schlägt JEDICKE (2000) die Feldlerche (*Alauda arvensis*) als Biodiversitäts-Indikator für „Kultursteppe“, also intensiv genutzte Agrarräume vor.

FLADE (1994) schlägt für verschiedene Landschaftstypen Leitarten vor, die sich durch einen besonders hohen ‚Treuegrad‘ für den jeweiligen Landschaftstyp auszeichnen müssen. Für den Landschaftstyp ‚landwirtschaftliche Flächen‘ können die folgenden insektivoren Vogelarten als Leitarten gelten und möglicherweise auch für ein Monitoring geeignet sein: Die Grauammer (*Miliaria calandra*) bevorzugt als Nestlingsnahrung vor allem Insekten. Da sie sich auch von Getreide- und Kräutersamen ernährt, kann sie vom Anbau von breitbandherbizidresistentem Raps und den damit verbundenen beikrautarmen Feldern doppelt betroffen sein (s. u.). Ähnliches gilt für den Ortolan (*Emberiza hortulana*). Deutschland hat eine besondere Verantwortung für die Erhaltung des Ortolans, da dieser in die EU Vogelschutz-Richtlinie (VoR) aufgenommen wurde. Zu seinen Beständen sollten daher in Zukunft regelmäßig aktualisierte Zahlen vorliegen. Als weitere Art der VoR eignet sich die Großtrappe (*Otis tarda*) zwar an sich gut als Monitoringart der weiträumigen, offenen Agrarlandschaft, wird hier allerdings aufgrund ihrer Seltenheit in Deutschland mit kaum mehr lebensfähigen Populationen nicht als Parameter vorgeschlagen. Auf Bestandszahlen der Naturschutzbehörden sollte aber auch hier zurückgegriffen werden können. Unter den Insektivoren sowie den sich von anderen Tieren ernährenden Vögeln könnten sich auch Brachpieper (*Anthus campestris*), Neuntöter (*Lanius collurio*) und Raubwürger (*Lanius excubitor*) aufgrund ihrer Ernährungsweise für ein Monitoring eignen. Sie sind unseres Erachtens aber nicht ausreichend an den Lebensraum Acker gebunden.

Auch insektivore Kleinsäuger, wie beispielsweise Spitzmäuse und Maulwürfe, können von einem Rückgang an Wildkräutern auf Äckern betroffen sein. Da Kleinsäuger aber einen größeren Aktionsradius als viele kleinere Tiere haben, beschränkt sich ihre Nahrungssuche selten auf einzelne Felder. Auch wenn Spitzmäuse und Maulwürfe (*Talpa europaea*) sich ausschließlich insektivor ernähren, bietet sich ihnen ein breites Insektenspektrum als Nahrungsgrundlage. Daher ist fraglich, ob eine Beobachtung der Kleinsäuger im Rahmen eines Monitorings von gentechnisch veränderten Pflanzen eindeutig Effekte anzeigen kann.

Als Prädator, der sehr hoch in der Nahrungskette steht, könnten für die Äcker der Lössbörde die Bestände des Schwarzmilans (*Milvus migrans*) (Art der VoR) (FLADE 1994) beobachtet werden.

Zu all diesen Organismen, die viele Faktoren integrieren können, ist zu bedenken, dass maximal ihre Anwesenheit eine Aussage über ausbleibende, sichtbare Effekte auf diese Organismen ermöglicht. Ihre Abwesenheit oder Populationsveränderungen unter ihnen können nicht als spezifische Effekte für den Einsatz der Gentechnik bei Kulturpflanzen gewertet, sondern höchstens als Anlass zu einer Ursachenforschung genommen werden.

Als Parameter sollen hier nur wenige Arten vorgeschlagen werden, da alle hier genannten Zoophagen aufgrund ihrer Mobilität und ihres großen Aktionsradius in ihrer Ernährung nicht auf Äcker beschränkt bleiben müssen und damit eine potentielle Reduktion der Ackerfauna durch Nahrungssuche in anderen Bereichen kompensiert werden kann.

Hypothese 3.2.1.2: Aufgrund von Nahrungsketteneffekten treten im Umfeld von HR-Kulturen Veränderungen in Populationen von Zoophagen auf.

Parameter zu H3.2.1.2:

- Bestandserhebungen Zoophage (Artmächtigkeiten) im Umfeld von HR-Rapsfeldern und von konventionellen Rapsfeldern mit und ohne Herbizideinsatz (*Emberiza citrinella*, *Passer montanus*, *Alauda arvensis*, *Miliaria calandra*, *Emberiza hortulana*, *Milvus migrans*, *Talpa europaea* und Spitzmäuse [auch Gesamtartenzahl]) (paP)

3.2.1.3. Wirkungen beikrautarmer oder –freier Rapsfelder auf die Avifauna

Durch das Spritzen von HR-Rapsfeldern mit Breitbandherbiziden nehmen die Bestände von *Polygonum spec.*, *Chenopodium spec.* und *Stellaria media* ab. Von den Samen dieser und anderer Wildkräuter ernährt sich das Rebhuhn (*Perdix perdix*) (KNAUER 1993). Tauben (*Columba spp.*) und Feldsperlinge (*Passer montanus*) fressen Samen von *Raphanus raphanistrum* (ECKELKAMP et al. 1997b).

Eine britische Modellrechnung enthält deutliche Hinweise, dass durch beikrautfreie oder –arme Felder Bestände an beikrautsamenfressenden Vögeln, wie beispielsweise der Feldlerche (*Alauda arvensis*) weiter und verstärkt rückläufig sein können (WATKINSON et al. 2000).

Wildkräuter tragen zur Attraktivitätsverteilung in Feldern bei (PRESCHER & BÜCHS 1996). Bei Ausfall der Wildkräuter nach BASTA-Behandlung konzentrieren sich die Vögel auf Rapssamen. Allgemein scheint Wildgeflügel generell Insekten und Wildkrautsamen den Feldfruchtsamen vorzuziehen. Wenn jedoch weniger Wildkrautsamen und Insekten zur Verfügung stehen, weicht das Geflügel auf die Feldfrucht aus (MANSFELD 1957, zitiert in MÄNNER 2000). Alternativ wäre denkbar, dass die Feldflur an wildkrautsamenfressenden Tieren verarmt.

FLADE (1994) schlägt als pflanzensamenfressende Leitarten zu landwirtschaftlichen Flächen, wie offenen Feldern und halboffenen Feldfluren, den Ortolan (*Emberiza hortulana*) und die Grauammer (*Miliaria calandra*) vor (s. o.).

Ferner sind hier Wirkungen durch den Ausfall von oder Veränderungen in Nahrungsketten zu beachten (s. o.: insektivore Vögel), wodurch sich auch Änderungen in der Nahrungsverfügbarkeit für Vögel ergeben (s. 3.2.1.2). Die Avifauna kann also über verschiedene Wirkungsketten vom Anbau breitbandherbizidresistenten Rapses betroffen sein.

Im Kapitel 3.2.1.2 wurde allerdings bereits die Problematik der Nutzung von Vögeln (als sehr mobile und hoch in der Nahrungskette stehende Organismen) als Parameter diskutiert. Dennoch seien sie hier als Parameter vorgeschlagen. Bei einer Auswertung von Daten im Rahmen eines Monitorings sollten bei den Vögeln jedoch ihre hohe Stellung in der Nahrungskette und ihre Mobilität bedacht, und daher keine monokausalen Schlüsse gezogen werden.

Hypothese 3.2.1.3a: Veränderungen in der Beikrautflora von HR-Kulturen haben Effekte auf die phytophage Avifauna zur Folge.

Parameter zu H3.2.1.3a:

- Bestände beikrautsamenfressender Vögel (*Perdix perdix*, *Columba* spp., *Passer montanus*, *Alauda arvensis*, *Emberiza hortulana*, *Miliaria calandra*) (paP)

Hypothese 3.2.1.3b: Beim Ausfall von Beikräutern in HR-Rapsfeldern weichen phytophage Vögel auf die Kulturpflanze als Nahrung aus.

Parameter zu H3.2.1.3b:

- Vogelfraß an HR-Raps im Vergleich zu konventionellen Rapsfeldern mit und ohne Herbizideinsatz (VP)

3.2.1.4. Wirkungen beikrautarmer oder –freier Rapsfelder auf Säuger

Außer Arthropoden und Vögeln ernähren sich auch Säuger von Wildgräsern und -kräutern. Bei Ausfall dieser durch Einsatz von Breitbandherbiziden gehen Säuger, die auch Rapssamen fressen, wie beispielsweise Feldhasen und Rehe (ECKELKAMP et al. 1997b, KNAUER 1993), verstärkt auf Raps über. Wenn Säuger HR-Raps zu sich nehmen, kann es aufgrund von Positions- und Pleiotropeeffekten und damit einhergehenden Inhaltsstoffveränderungen beim Raps auch zu unerwarteten, beispielsweise ernährungsphysiologischen Effekten bei den Säugern kommen (s. Kap. 7).

Das Nahrungsspektrum von Hase und Reh ist insgesamt jedoch recht breit (auch Früchte, Zweige, Sträucher, Bäume, Moose, Flechten). Da diese Tiere viel mobiler als beispielsweise Insekten sind, ist fraglich, ob eine Anpassung ihres Fraßverhaltens merkliche Veränderungen darstellen wird. Daher werden hier zunächst keine Parameter zu Wirkungen auf Säuger vorgeschlagen. (s. auch Kap. 3.2.2.2)

3.2.1.5. Wirkungen beikrautarmer oder –freier Rapsfelder auf Phytophage an Raps

Oft werden Insekten von Beikräutern und nicht etwa von den Kulturpflanzen angezogen. Werden die Beikräuter entfernt, wenn bereits andere Pflanzen als Alternative auf dem Feld stehen, so gehen die Herbivoren auf die Kulturpflanze über, so beispielsweise Blattkäfer in Rapsbeständen (KNAUER 1993).

Beikräuter erhöhen die Pflanzenvielfalt, dadurch kommt es zu einer Attraktivitätsverteilung. Der Einzelbefall der Pflanzen durch Herbivore wird so verringert.

Insgesamt ist in Monokulturen die Zahl der Schadinsekten pro Einheitsfläche und pro Kulturpflanze größer als in Polykulturen (CRAWLEY, zitiert in MÜHLENBERG & SLOWIK 1997). Grund dafür ist möglicherweise die erhöhte Auffälligkeit der Nutzpflanzen in Monokulturen, da Alternativen fehlen. Die Phytophagen müssen sich auf die Nutzpflanzen konzentrieren. Außerdem sind in Polykulturen wegen der verschiedenen Nektarquellen mehr Räuber und Parasiten vorhanden. Zusätzlich herrscht

in Monokulturen auf Grund des Mikroklimas eine erhöhte Fertilität und geringere Sterberate der Schadinsekten (da diese besonders gut an die Monokultur angepasst sind) (MÜHLENBERG & SLOWIK 1997).

Phytophage an Raps fressen außer an Raps auch an anderen Kräutern. So frisst zum Beispiel der Rapsglanzkäfer (*Meligethes aeneus*) auch an *Erysimum cheiranthoides*, *Galeopsis tetrahit*, *Sonchus arvensis*, *Sinapis alba*, *S. arvensis* und *Brassica rapa* (FREI & MAHNHART 1992). Der Große Rapsstängelrüssler (*Ceutorhynchus napi*) ist an *Raphanus raphanistrum* zu finden; der Gefleckter Kohltriebrüssler (*Ceutorhynchus pallidactylus*) ernährt sich auch an *Sisymbrium officinale* (FRITZ-KÖHLER 1996). Die Mehligke Kohlblattlaus (*Brevicoryne brassicae*) lebt neben Raps auch an *Brassica rapa* (FREI & MAHNHART 1992).

Andere *Ceutorhynchus*-Arten sind an vielen weiteren Beikräutern zu finden, beispielsweise an *Capsella bursa-pastoris*, *Erysimum cheiranthoides*, *Raphanus raphanistrum*, *Thlaspi arvense* und *Sisymbrium officinale* (FREI & MAHNHART 1992). Da diese *Ceutorhynchus*-Arten oligophag oder teilweise auch polyphag sind, wäre vorstellbar, daß die *Ceutorhynchus*-Arten, die an den genannten Beikräutern leben, auch an Raps vorkommen (SACHS et al. 1991).

Beim Wegfall der genannten Beikräuter (durch Behandlung mit Breitbandherbiziden), an denen die Phytophagen neben dem Raps leben, würden die Organismen auf die Rapspflanzen ausweichen. Besonders Insekten sind aufgrund ihres begrenzten Aktionsradius meist auf wenige hundert Meter in ihrer Mobilität beschränkt. Der Einzelbefall der Kulturpflanzen könnte sich erhöhen, was zu größeren Schäden in den Rapsfeldern führen würde. Eine Verteilung der Phytophagen auf mehrere Pflanzenarten wäre nicht mehr möglich.

Hypothese 3.2.1.5: In beikrautarmen Feldern konzentrieren sich Phytophage auf die Kulturpflanzen.

Parameter zu H3.2.1.5:

- Befall durch polyphage Phytophage an HR-Raps im Vergleich mit konventionellem Raps mit und ohne Herbizideinsatz (*Meligethes aeneus*, *Ceutorhynchus napi*, *C. pallidactylus*, *Brevicoryne brassicae*) (sP)

Exkurs: Phytophage an Raps:

Phytophage Insekten an Raps nach WAHMHOF 2000, CHINERY 1987, THIES et al. 1997:

- *Meligethes aeneus* (Rapsglanzkäfer, Fam. *Nitidulidae*): Käfer überwintert in Waldböden, Hauptnahrung Pollen und Nektar, dabei werden die Knospen angefressen, Eiablage in Antheren von Knospen, Larve frisst ebenfalls Pollen, Larven lassen sich zu Boden fallen, Verpuppung im Boden, Winterlager. Wird von *Tersilochus heterocerus*, *Phradis interstitialis*, *Phradis morionellus* (alle drei Fam. *Ichneumonidae*) parasitiert.
- *Psylliodes chrysocephala* (Rapserrdfloh, Fam. *Chrysomelidae*): Winterbrüter, erst im September fliegen junge Käfer in die Rapsfelder ein, Reifungsfraß, Eiablage in den Boden nahe von Rapspflanzen bis April, Larven wandern zu Rapspflanzen, minieren in Blattstielen, Larven des 2.

und 3. Stadiums können bis zum Vegetationskegel vordringen und so Pflanze zum Absterben bringen, Verpuppung im Boden, Jungkäfer in Juni/Juli, fressen an Schoten und Stängeln. Der Rapserdflöhen ist der Wegbereiter für Infektionen mit *Phoma lingam*, der Wurzelhals- und Stängelnekrose.

- *Ceutorhynchus napi* (Großer Rapsstängelrüssler; Fam. *Curculionidae*): Larve miniert im Stängel, Käfer überwintert im Boden des Rapsfeldes, Reifungsfraß (ca. 9 d), Eiablage unterhalb der Blütenknospe direkt in Stängel, führt zu Wuchskrümmungen und Rissbildungen im Stängel, Verpuppung im Boden, schlüpft im folgenden Frühjahr.
- *Ceutorhynchus pallidactylus* (Gefleckter Kohltriebrüssler, Fam. *Curculionidae*): Larve Minierfraß im Stängel, Käfer überwintert an Waldrändern und Feldrainen, Reifungsfraß (ca. 28 d), Eiablage blattunterseits in Blattmittelrippe, Larven minieren zunächst in Blättern, dann im Stängelmark, Verpuppung im Boden, schlüpft noch im Sommer, Winterlager. Wird von *Tersilochus obscurator* (Fam. *Ichneumonidae*) parasitiert.
- *Ceutorhynchus assimilis* (Kohlschotenrüssler, Fam. *Curculionidae*): Eiablage in Schote, Larven fressen in 3-5 Wochen 3-6 Samenkörner, Verpuppung im Boden, Jungkäfer überwintern in Streuschicht. Wird von *Trichomalus perfectus* (Fam. *Pteromalidae*), *Eurytoma curculionum* (Fam. *Eulophidae*) parasitiert.
- *Ceutorhynchus quadridens* (Kohltriebrüssler)
- *Dasineura brassicae* (Kohlschotenmücke, Fam. *Cecidomyiidae*): Die Einbohrlöcher des Kohltriebrüsslers werden von der Kohlschotenmücke zur Eiablage genutzt. Die Eier werden in Schoten abgelegt, Larven saugen an Schotenwänden und Samenanlagen, Schoten platzen vorzeitig auf. Wird von *Chalcidoidea* gen. sp. (ÜFam. *Chalcidoidea*), *Prototrupoidea* gen. sp. parasitiert.
- *Brevicoryne brassicae* (Mehlige Kohlblattlaus, Fam. *Aphididae*/Röhrenläuse): im Frühjahr und Sommer auf Kohl häufig, verursachen große Schäden, bleiben in milden Wintern aktiv, meist Ei zur Überwinterung, Frühjahrsgeneration: flügellose Weibchen, Jungfernzeugung, später mehr geflügelte Tiere.

Exkurs: Rapspilze:

Pilze an Raps nach KOEHLIN 1999, ULRICH et al. 1998, SACHS et al. 1991:

- *Sclerotinia sclerotiorum* (Rapskrebs): im Rapsstängel; befällt neben Brassicaceen auch Leguminosen, Solanaceen, Chenopodiaceen, Apiaceen
- *Leptosphaeria maculans* / *Phoma lingam* (Wurzelhals- und Stängelfäule oder -nekrose): befällt auch viele andere Brassicaceen
- *Plasmodiophora brassicae* (Kohlhernie): infizieren Wurzeln der Rapspflanzen
- *Alternaria* spp. (Rapsschwärze): befällt Schoten
- *Verticillium dahliae* (Rapswelke): Rapsgewebe
- *Botrytis cinerea* (Grauschimmelfäule) erst Blatt, dann auch Stängel, Seitentriebe, Schoten
- *Cylindrosporium concentricum* (Weißfleckenkrankheit) v. a. in Gebieten mit intensivem Rapsanbau

Exkurs: Antagonisten der Rapsphytophagen:

Häufige natürliche Feinde von Herbivoren sind Spinnen, Laufkäfer (*Carabidae*) und Kurzflügler (*Staphylinidae*) (GEROWITT & WILDENHAYN 1997).

- Spinnenarten in Rapsfeldern:

Fam. *Liniphiidae* (Baldachinspinnen): *Bathypanthes gracilis*, *Lepthypanthes tenuis*, *Meioneta rurestris*

Fam. *Erigonidae* (Zwergspinnen): *Erigone atra*, *Oedothorax apicatus*

- Laufkäferarten in Rapsfeldern:

Fam. *Carabidae*: *Amara ovata*, *Trechus quadristriatus*, *Platynus melanarius*, *Amara similata*, *Bembidion obtusum*

- Kurzflügelkäfer:

Fam.: *Staphylinidae*, v.a. UFam.: *Aleocharinae*

Tachyporus hypnorum, *Ocypus similis*

Exkurs: Nahrungsketten:

(PRESCHER & BÜCHS 1998, PRESCHER & BÜCHS 1999, KNAUER 1993, KOECHLIN 1999, THIES et al. 1997, <http://www.gwdg.de/~svidal/ulber/ulber.html>)

Die folgenden Nahrungsketten sind gesichert nachgewiesen. Sie stellen jedoch nur Ausschnitte dar. Größere Prädatoren (z. B. Vögel, insektivore Säuger) sind von den letztgenannten Gliedern abhängig, hier ist es jedoch in diesem Rahmen nicht weiter möglich, konkrete eindeutige Nahrungsketten nachzuzeichnen.

- Raps \wedge Blattläuse \wedge Larven und Imagines der *Coccinellidae* (Marienkäfer)

- Raps \wedge Blattläuse \wedge u. a. *Trachyporus hypnorum* (Fam. *Staphylinidae*/Kurzflügler)

- Raps \wedge *Dasineura brassicae*, *Phytozoma rufipes* (Kohlschotenmücke und Blattminierfliege) \wedge *Hybotidae* (Imagines; *Diptera*, *Empididae*/Tanzfliegen)

- Raps \wedge *Dasineura brassicae* (Kohlschotenmücke) \wedge *Pseudotorymus brassicae*, *Tetrastichus brevicornis* (Erzwespen) und *Aphanogmus abdominalis*, *Ceraphron serraticornis* (Zehrwespen)

- Raps \wedge Larven von *Delia brassicae* (Kleinen Kohlfliege) \wedge Larven der *Muscidae* (Echte Fliegen, Ordn. *Diptera*)

- Raps \wedge Pupaen von *Delia brassicae* (Kleine Kohlfliege) \wedge Larve *Aleochara bipustulata* (Fam. *Staphylinidae*)

- Raps \wedge Eier von *Delia brassicae* (Kleine Kohlfliege) \wedge Gatt. *Trechus*, *Bembidion* (Fam. *Carabidae*) sowie Unterfam *Aleocharinae* (Kurzflügelkäfer)

- Raps \wedge *Ceutorhynchus napi* (Rapsstängelrüssler) \wedge *Conidiobolus coronatus* (Pilz) und *Tersilochus fulvipes* (Schlupfwespe)

- Rapsstängel \wedge Larve von *Psylliodes chrysocephalus* (Rapsdflöhen) \wedge *Tersilochus microgaster* (Schlupfwespe, Ordn. *Hymenoptera*) und parasitische Nematoden

- Rapsstängel \wedge Larve *Ceutorhynchus napi* (Rapsstängelrüssler) \wedge *Tersilochus moderator* und *Tersilochus fulvipes* (Schlupfwespen, Ordn. *Hymenoptera*)
- Rapsstängel \wedge *Ceutorhynchus pallidactylus* (Rüsselkäfer) \wedge *Tersilochus obscurator* (Schlupfwespe)
- Rapsblüten \wedge *Meligethes aeneus* (Rapsglanzkäfer) \wedge *Tersilochus heterocerus*, *Phradis interstitialis* und *Phradis morionellus* (alle drei Schlupfwespen)
- Rapspollen \wedge Larve von *Meligethes aeneus* (Rapsglanzkäfer) \wedge *Coccinella septempunctata* und *Malachius* spp. (Marienkäfer, *Coccinellidae*)
- Rapspollen \wedge Larve von *Meligethes aeneus* (Rapsglanzkäfer) \wedge Larven *Hemerobius* spp. (Fam. *Hemerobiidae*, Ordn. *Planipennia*)
- Rapspollen \wedge Larve von *Meligethes aeneus* (Rapsglanzkäfer) \wedge *Diospius capito* (Brackwespe) und Gatt. *Isurgus* (Fam. *Ichneumonidae*, Schlupfwespen)
- Rapspollen \wedge Imagines von *Meligethes aeneus* (Rapsglanzkäfer) \wedge *Nosema melingethi* (*Protozoa*, *Microspora*/Kleinsporentiere)
- Rapsschoten \wedge Eier von *Dasineura brassicae* (Kohlschotenmücke) \wedge *Platygaster oebbalus* (Fam. *Platygasteridae*, Zehrwespen)
- Rapsschoten \wedge *Dasineura brassicae* (Kohlschotenmücke, *Cecidomyiidae*/Gallmücken) \wedge *Chalcidoidea* gen. sp. (Erzwespen) und *Prototrupoidea* gen. sp. (*Hymenoptera*)
- Rapsschoten \wedge *Ceutorhynchus assimilis* (Rapsschotenrüssler) \wedge *Trichomalus perfectus* (Erzwespe, *Pteromalidae*) und *Eurytoma curculionum* (Erzwespe, *Eulophidae*)
- Rapssamen \wedge Larve von *Dasineura brassicae* (Kohlschotenmücke) \wedge *Platygaster tisas*, *P. oebbalus* (Fam. *Platygasteridae*)
- Wurzeln Kulturpflanzen \wedge *Delia radicum* (Kleine Kohlflye, *Anthomyiidae*) \wedge Prädatoren der Eier der *Anthomyiidae* sind Gatt. *Trechus*, *Bembidion* (Laufkäfer) sowie UFam. *Aleocharinae* (Kurzflügelkäfer)

3.2.1.6. Wirkungen beikrautarmer oder –freier Rapsfelder auf Antagonisten von Phytophagen

Antagonisten von Phytophagen, wie beispielsweise von Blattläusen, sind oft weniger spezialisiert als ihre Beute. Das heißt, die Antagonisten können sich von verschiedenen Arten (herbivore Arten an Beikräutern und am Raps) ernähren.

Günstige Vermehrungsbedingungen für Rapsphytophage liegen unter anderem besonders dann vor, wenn kaum/keine Antagonisten vorkommen oder die Nischen für die Phytophagen nicht bereits anderweitig besetzt sind.

Die Situation, dass wenige Antagonisten für Rapsphytophage auftreten, kann eintreten, wenn kaum Wildkräuter in den Äckern vorkommen und somit viele nicht kulturschädigende Phytophage ausfallen. Als Folge haben beispielsweise natürliche Antagonisten aller beikrautspezifischen Blattläuse, wie Schwebfliegenlarven (*Syrphidae*) und Antagonisten anderer Phytophagen weniger Nahrung. Monophage Phytophage an Beikräutern können aber nicht nur eine zusätzliche Nahrung für

die oligophagen Antagonisten darstellen, und damit ihre Vermehrung und die Prädation der Phytophagen an Kulturpflanzen begünstigen, sie stellen auch in Zeiten, in denen die Rapsphytophagen noch nicht als Nahrung zur Verfügung stehen, eine Nahrungsquelle für die oligophagen Antagonisten dar und halten diese damit in den Kulturen.

Im oben beschriebenen Fall der Distelblattlaus (s. Kap. 3.2.1.1) und ihrer Antagonisten, der Schwebfliegen, kann ein noch verstärktes Problem auftreten: Die Imagines der Schwebfliegen ernähren sich von Nektar und Pollen, und sie sind aufgrund des Baus ihrer Mundwerkzeuge auf Korbblütler (z. B. *Cirsium arvense* und *Matricaria*-Arten) angewiesen (KNAUER 1993). Durch den „doppelten“ Nahrungsmangel, sowohl während der Larvalentwicklung (Blattläuse als Nahrung) als auch als Imagines, kann sich die Anzahl dieser Blattlaus-Antagonisten in beikrautfreien Rapsfeldern verringern. Nach Durchsicht der Literatur können keine einzelnen Schwebfliegenarten als Parameter zu Beobachtung vorgeschlagen werden.

Auffällig ist, dass besonders viele Schlupfwespen (Fam. *Ichneumonidae*, Ordn. *Hymenoptera*) als Prädatoren von Rapsphytophagen in Frage kommen (FREI & MAHNHART 1992). In der Literatur werden *Tersilochus fulvipes*, *Tersilochus microgaster*, *Tersilochus obscurator*, *Tersilochus heterocerus*, *Phradis interstitialis* und *Phradis morionellus* sowie die Gattung *Isurgus* als Prädatoren von Rapsphytophagen genannt (s. Exkurs: Nahrungsketten).

Schlupfwespen sind häufig an folgenden Beikräutern zu finden: *Brassica rapa*, *Capsella bursa-pastoris*, *Erysimum cheiranthoides*, *Fumaria officinalis*, *Knautia arvensis* (Schlupfwespen sind hier häufigste Insektengruppe), *Matricaria recutita*, *Melandrium album*, *Sinapis alba*, *S. arvensis*, *Solanum nigrum*, *Sonchus arvensis*, *Stellaria media*, *Thlaspi arvense*, *Veronica spec.* und *Viola arvensis* (ohne nähere Artnennung der Schlupfwespen in FREI & MAHNHART 1992). Von diesen Beikrautarten gehören *Capsella bursa-pastoris*, *Fumaria officinalis*, *Matricaria recutita*, *Stellaria media*, *Thlaspi arvense* und *Veronica* spp. zu den bedeutenden Beikräutern in Rapsfeldern (s. o., Kap. 3.2.1).

Durch die beschriebenen Wechselwirkungen können Antagonistenpopulationen durch die Reduktion der Zahlen von Beikrautkonsumenten zumindest stark geschwächt werden oder Antagonisten müssen sogar neu von außen einwandern. In letztgenanntem Fall ist dies um so schwerer, je größer ein Feld ist, beziehungsweise je größer der Abstand von der Feldmitte zu Wild-Pflanzengesellschaften ist. Eine geringere Anzahl der Antagonisten kann sich wiederum auf die Anzahl der Rapskonsumenten auswirken. Falls sich diese stark vermehren und ausbreiten können, kann dies zu neuen ‚Schädlingskalamitäten‘ führen, zumindest solange, bis sich ein neues Gleichgewicht zwischen Antagonisten und Rapsphytophagen eingestellt hat.

Die nachfolgend vorgeschlagenen Parameterarten, die gegebenenfalls Effekte beikrautarmer oder –freier Rapsfelder auf Antagonisten von Rapsphytophagen abbilden sollen, wurden so ausgewählt, dass sie potentielle Effekte über die gesamte Vegetationsperiode abbilden können.

Auch bei der Betrachtung von Antagonistenbeständen ist zu bedenken, dass diese Populationen nicht nur auf Veränderungen aufgrund des Anbaus herbizidresistenten Rapses reagieren können, sondern insgesamt in ein multikausales komplexes Wirkungsgefüge eingebunden sind. Es bleibt wie bei fast

allen Parametern zu Organismen die Frage, wie zwischen ‚normalen‘ Populationsveränderungen und Effekten aufgrund des Anbaus gentechnisch veränderter Pflanzen differenziert werden kann. Ein Ansatz wäre die parallele Parameterbeobachtung in möglichst vergleichbaren konventionellen Rapsbeständen.

Hypothese 3.2.1.6: In beikrautarmen Kulturen sind die Populationen oligo- und polyphager Antagonisten geschwächt.

Parameter zu H3.2.1.6:

- Bestandsentwicklung von Antagonisten (Schwebfliegenlarven – *Syrphidae* sowie *Tersilochus fulvipes*, *Tersilochus microgaster*, *Tersilochus obscurator*, *Tersilochus heterocerus*, *Phradis interstitialis*, *Phradis morionellus* u. Arten der Gattung *Isurgus*) von Phytophagen in HR-Rapsfeldern, in vergleichbaren konventionellen Rapsbeständen mit und ohne Herbizideinsatz sowie in den Ackerrainen (paP)
- Verhältnis von Antagonisten zu Phytophagen (*Dasineura brassicae* versus *Hybotidae*; *D. brassicae* versus *Pseudotorymus brassicae*, *Tetrastichus brevicornis*, *Aphanogmus abdominalis*, *Ceraphron serraticornis*; Puparien von *Delia brassicae* versus Larven von *Aleochara bipustulata*; *Ceutorhynchus napi* versus *Tersilochus fulvipes*; Larve von *Psylliodes chrysocephalus* versus *Tersilochus microgaster*; Larve *Ceutorhynchus napi* versus *Tersilochus moderator*, *Tersilochus fulvipes*; *Meligethes aeneus* versus *Tersilochus heterocerus*, *Phradis interstitialis*, *P. morionellus*; Larve von *Meligethes aeneus* versus *Coccinella septempunctata*, *Malachius* spp., *Diospius capito*, Arten der Gatt. *Isurgus*; Eier von *Dasineura brassicae* versus *Platygaster oebbalus*; Larve von *Dasineura brassicae* versus *Platygaster tisas*, *P. oebbalus*; Eier von *Delia radicum* versus Arten der Gatt. *Trechus*, *Bembidion* u. UFam. *Aleocharinae*) in HR-Rapsfeldern, in vergleichbaren konventionellen Rapsbeständen mit und ohne Herbizideinsatz sowie in den Ackerrainen (paP)

Hilfsparameter:

- Phytophagenbefall auf HR-Raps und im Vergleich dazu auf Flächen mit konventionellem Raps mit und ohne Herbizideinsatz

3.2.2. Breitbandherbizidwirkung auf Fauna

Der Anbau von herbizidresistentem Raps, wodurch das Spritzen mit Breitbandherbiziden auch im Nachauflauf in den Kulturen möglich ist, hat auch direkte Wirkungen auf die Tierwelt.

3.2.2.1. Breitbandherbizidwirkungen auf ‚Nützlinge‘

Das Spritzen von Breitbandherbiziden wirkt auf ‚Nützlinge‘, besonders Spinnen und Milben. In HR-Rapsfelder ist die Verwendung von Breitbandherbiziden später im Jahr möglich, als es bei der

Verwendung konventionellen Saatgutes ist. Daher können die Breitbandherbizide später im Jahr auch auf ‚Nützlinge‘, die sich entwickelt haben, wirken.

Bodenlaufkäfer meiden mit Herbiziden behandelte Felder (EDWARDS et al. 1999), sind jedoch gleichzeitig wertvolle Antagonisten von phytophagen Organismen an Raps (s. Kap. 3.2.1.5, Exkurs Antagonisten).

Untersuchungen ergaben, dass nach Spritzen mit BASTA stark erhöhte Mortalitätsraten für die Blattlausräuber *Harmonia axyridis* und *Semiadalia undecantotata*, für Sackspinnen (*Chiracantium mildei*) und für Raubmilben (*Amblyseius potentillae*, *Phytoseiulus persimilis*, *Thyphlodromus pyri*) zu beobachten sind. Außerdem sind *Coccinella septempunctata* und *Aleochara bilineata* (Staphylinidae) durch eine Reduktion der Fraßleistung um 25 bis 50% stark beeinträchtigt (MEYER & WOLTERS 1998). Das Spritzen mit Roundup beeinträchtigte eine parasitierende Wespenart, eine Raubbienenart und Marienkäfer. Im Laborversuch starben 50 % der Raubmilben (ECKELKAMP & WEBER 1996).

Coccineliden fressen sowohl Larven der Rapsglanzkäfer als auch Blattläuse (PRESCHER & BÜCHS 1998). Sie sind vor allem an *Papaver rhoeas* zu finden (FREI & MAHNHART 1992). Der Klatschmohn ist ebenfalls ein Beikraut in Rapsfeldern (PETERSEN & HURLE 1998) und würde bei Breitbandherbizidbehandlung aus den Feldern verschwinden. Damit gehören die Coccineliden zu den doppelt beeinträchtigten ‚Nützlingen‘ (Reduktion der Fraßleistung als direkte Reaktion auf Herbizid + Fehlen des Mohns). Als Folge könnten sich wiederum die genannten, von ihnen bislang vertilgten ‚Schädlinge‘ stärker vermehren, als dies bei einem natürlichen Gleichgewicht mit den Gegenspielern zu erwarten wäre.

Je später im Jahr Breitbandherbizide verwandt werden können, desto später kann die Regeneration der Nützlingspopulationen erfolgen.

Weiter können sich die Rapskonsumenten durch die Reduktion der ‚Nützlinge‘ vermehrt ausbreiten, sodass der Rapsertag reduziert sein kann (s. auch Kap. 3.2.1).

Hypothese 3.2.2.1: In HR-Kulturen hat das Spritzen mit Breitbandherbiziden direkte Wirkungen auf ‚Nützlinge‘.

Parameter zu H3.2.2.1:

- Artenzahl und Artmächtigkeiten von ‚Nützlingen‘, insbesondere *Harmonia axyridis*, *Semiadalia undecantotata*, *Chiracantium mildei*, *Amblyseius potentillae*, *Phytoseiulus persimilis*, *Thyphlodromus pyri*, *Coccinella septempunctata*, *Aleochara bilineata* und Wespen sowie Bodenlaufkäfer in HR-Rapsfeldern und vergleichbaren konventionellen Rapsfeldern mit und ohne Herbizideinsatz (paP)

Hilfsparameter:

- Phytophagenbefall auf HR-Raps und im Vergleich dazu auf Flächen mit konventionellem Raps mit und ohne Herbizideinsatz

3.2.2.1.1. Folgen der Breitbandherbizidwirkungen auf ‚Nützlinge‘

Veränderungen in Nützlingspopulationen setzen sich wiederum in der Nahrungskette fort.

Durch die direkt toxische Wirkung auf Arthropoden sind indirekt auch insektivore Kleinsäuger, wie beispielsweise Spitzmäuse, Wühlmäuse und Fledermäuse betroffen. Erhebungen zu Fledermäusen können eventuell aus dem Natura 2000-Netzwerk-Monitoring genutzt werden, da in diesem Kontext zumindest die Bestände der in Deutschland vorkommenden Arten *Rhinolophus blasii*, *Rhinolophus euryale*, *Barbastella barbastellatus*, *Miniopterus schreibersi*, *Myotis bechsteini*, *Myotis dasycneme*, *Myotis emarginatus* und *Myotis myotis* (Arten des Anhangs II der FFH-Richtlinie) beobachtet werden müssen. Allerdings sind die Arten in ihrem Jagdverhalten kaum an Ackerstandorte gebunden. Am geeignetsten aufgrund des genutzten Lebensraums kann *Miniopterus schreibersi* sein, da sie über offenem Gelände auf Nahrungssuche geht. Diese Art kommt allerdings in Deutschland nur in der Oberrheinebene vor (BROHMER et al. 1988).

Bei großflächigem Einsatz von breitbandherbizidresistenten Kulturpflanzen und nachfolgenden Effekten auf die Populationen zoophager Organismen und auf Nahrungsketten, können sich auch Auswirkungen auf große Prädatoren wie Fuchs, Dachs, Marder und Raubvögel ergeben. Die Bestandszahlen dieser Prädatoren sind allerdings auch von vielen anderen Faktoren abhängig, so dass vergleichsweise ein Nahrungsrückgang, der über Nahrungsketten durch Breitbandherbizideinsatz hervorgerufen wird, möglicherweise in den Hintergrund tritt².

Von den Vögeln, die FLADE (1994) als Leitarten für landwirtschaftliche Flächen vorschlägt, kann der Neuntöter (*Lanius collurio*) mit seinem Nahrungsspektrum von Insekten bis zu Kleinsäugetieren und Kleinvögeln am ehesten als Parameter vorgeschlagen werden. Raubvögel und andere Räuber werden hier aufgrund ihres sehr großen Aktionsradius nicht als Parameter benannt.

Hypothese 3.2.2.1.1: Effekte auf Nützlingspopulationen in HR-Kulturen aufgrund des Spritzmitteleinsatzes setzen sich wiederum in der Nahrungskette fort.

Parameter zu H3.2.2.1.1:

- Bestand der insektivoren Kleinsäuger Spitzmäuse (Arten = ?) und Maulwurf (*Talpa europaea*) als Prädatoren der ‚Nützlinge‘ in HR-Rapsfeldern und vergleichbaren konventionellen Rapsfeldern mit und ohne Herbizideinsatz (paP)
- Bestand Neuntöter im Umfeld von HR-Rapsfeldern und vergleichbaren konventionellen Rapsfeldern mit und ohne Herbizideinsatz (paP)

² Am Beispiel Fuchs soll verdeutlicht werden, welche weiteren, die Populationen beeinflussenden Faktoren zu beachten wären: Abschussraten, Tollwut, Fuchsbandwurm, Empfindlichkeit gegen Nässe, Kälte, Infektionskrankheiten, natürliche Feinde (Luchs, Wolf und Steinadler fehlen heute in Deutschland) (home.snafu.de/l.moeller/Wild/Fuchs.html).

3.2.2.2. Wirkung von Breitbandherbiziden auf Säuger

Wie bei konventionellen Pflanzen bleibt auch von aufgespritztem Breitbandherbizid ein persistenter Rückstand in den Pflanzen erhalten. Durch das Pflanzenwachstum wird dieser verdünnt (ULRICH et al. 1998). Der spätere Applikationszeitpunkt hat einen geringeren Verdünnungseffekt in der Pflanze (Raps sowie nicht bekämpfbare, verbleibende Beikräuter) zur Folge.

Nach ULRICH et al. (1998) gibt es zum Teil Hinweise, dass Herbizid-Wirkstoffe und ihre Metabolite in transgenen Pflanzen stärker als in Herbizid-sensitiven Pflanzen akkumuliert werden. Daraus wird gefolgert, dass eine späte ebenso wie eine überhöhte Applikation vermieden werden sollte. Allerdings ermöglicht die HR-Technik ja gerade auch eine spätere Herbizidapplikation. Da noch kaum Daten zu dieser Thematik vorliegen, besteht hier weiterer Forschungsbedarf.

Wenn sich in herbizidresistenten Kulturen die Herbizide allerdings über einen längeren Zeitraum in der Vegetationsperiode und zudem zusätzlich stärker akkumulieren, können Herbivore stärkere Belastungen mit Herbiziden erfahren. Zu den herbivoren Säugern an Raps gehören Feldmäuse, Rehe, Muffelwild und Hase (MÄNNER 2000).

Säuger zeigen Reaktionen auf Glyphosat und Glufosinat. Ratten reagierten auf die Inhalation von Glufosinat mit verminderter Aktivität, Gleichgewichtsstörungen, Krämpfen, Speichel- und Tränenfluss und Piloerektion (OHNESORGE 1994).

Bei Kaninchen wirkt Glyphosat negativ auf die Spermienqualität und das Körpergewicht (YOUSEF 1995 zit. in ECKELKAMP & WEBER 1996). Bei großflächigem Einsatz kann dies wiederum einen Nahrungsrückgang für Prädatoren bedeuten.

Auch auf den Menschen zeigt Glyphosat deutliche Auswirkungen. Freiwillige Testpersonen zeigten nach oraler Einnahme Übelkeit, Erbrechen, abdominale Schmerzen und Ulzerationen im Mundraum und Rachen (OHNESORGE 1994).

Als Metabolite von Glyphosat nennt SANDERMANN (1994) Aminomethyl-Phosphonsäure (AMPA), AMPA-haltige, unlösliche Konjugate unbekannter Struktur und Phosphonolipide. Von Phosphinothricin, also Basta beziehungsweise Liberty sind als Metabolite ein N-Acetyl-Derivat und 3-Methylphosphinico-Propionsäure bekannt, 4 Methylphosphinico-2-hydroxy-Buttersäure gehört wahrscheinlich ebenso zu den Metaboliten (SANDERMANN 1994). Auch diese könnten verstärkt von Herbivoren aufgenommen werden.

(s. auch Effekte auf Säuger in Kap. 3.2.1.4)

Hypothese 3.2.2.2: Breitbandherbizide wirken bei ihrer Anwendung in HR-Kulturen direkt auf Säuger.

Parameter zu H3.2.2.2:

- Bestandsentwicklung der feldnahen Populationen von Feldmäusen, Feldhasen, Rehen und Muffelwild als Raps-Herbivoren (Parameter mit niedriger Priorität, da solche größeren Herbivoren sehr mobil sind und unterschiedlichste Effekte verschiedener Ursachen auf sie wirken) (VP)

- Belastung der Herbivoren mit den Wirkstoffen der Breitbandherbizide und ihren Abbauprodukten (Aminomethyl-Phosphonsäure (AMPA), AMPA-haltige unlösliche Konjugate, Phosphonolipide, N-Acetyl-Derivat, 3-Methylphosphinico-Propionsäure, 4-Methylphosphinico-2-hydroxy-Buttersäure) (paP) *

Hilfsparameter:

- Herbizidrückstände an und in Rapspflanzen zu verschiedenen Zeitpunkten und nach verschiedenen Applikationszeiten (und eventuell –mengen)

3.2.2.3. Wirkung von Breitbandherbiziden auf das Bodenleben

Applizierte Breitbandherbizide gelangen und verbleiben nicht ausschließlich auf den Zielpflanzen, sondern gelangen auch in den Boden. Hier hängt es sehr stark von der Bodenzusammensetzung sowie von Witterungsbedingungen, dem Bodenleben und dem eingesetzten Herbizid ab, in welchem Maße und wie schnell das Herbizid umgewandelt, abgebaut, weitertransportiert oder gebunden wird. So besitzt z. B. Glyphosat eine höhere Affinität zu organischer Bodensubstanz als Glufosinat (ULRICH et al. 1998).

Hypothese 3.2.2.3a: Bei einer verstärkten Nutzung von Breitbandherbiziden aufgrund des Einsatzes der HR-Technik gelangen verstärkt Breitbandherbizide in den Boden.

Parameter zu H3.2.2.3.a:

- Breitbandherbizide und ihre Metabolite im Boden (quantitative und qualitative Erfassung) (je HR-Raps-Standort zu untersuchen, da Böden äußerst vielfältig sind, gleichzeitig müssen weitere bodenchemische und eventuell -physikalische Parameter als Hilfsparameter erhoben werden, um die Bindungsfähigkeit bzw. Nachweisbarkeit der gesuchten Stoffe abschätzen zu können) (sP) *

Untersuchungen zum Einfluss von Komplementärherbizide auf das Bodenleben zeigen bislang sehr uneinheitliche Ergebnisse (ULRICH et al. 1998). Dies ist aufgrund der bislang bei weitem nicht bekannten Vielfalt der Prozesse in Böden und ihres Bodenlebens nicht verwunderlich.

Es gibt jedoch deutliche Hinweise, dass sich der Einsatz von Breitbandherbiziden auf das Bodenleben auswirken kann. Dabei ist sowohl die Makrofauna als auch die Mikrofauna betroffen.

Innerhalb der Fauna spielen die Regenwürmer eine entscheidende Rolle. Für diese ist Glufosinat direkt toxisch, wenn auch weniger stark als für Arthropoden (PFANZAGL 1999).

Wirkungen auf Mikroorganismen werden in Kapitel 3.3 näher beleuchtet.

Wenn Effekte auf Mikroorganismen im Boden auftreten sollten, so gehen davon sehr wahrscheinlich auch Effekte auf die Populationen der Bodenmeso- und makrofauna aus.

Hypothesenkomplex 3.2.2.3b: Veränderte Breitbandherbizidkonzentrationen im Boden nehmen Einfluss auf das Bodenleben und damit auch auf andere Bodenparameter.

Endbericht: Monitoring gentechnisch veränderter Pflanzen

Parameter zu H3.2.2.3b:

- Untersuchung der Bodenmikroorganismengemeinschaft mit empfindlichen Methoden (T-RFLP, BIOLOG oder PCR) im Vergleich zu benachbarten nicht transgenen Anbauflächen (VP)
- Bestandsentwicklung der Regenwürmer in Böden mit und ohne HR-Kulturen (sP)
- Bodenchemische und bodenphysikalische Parameter, beispielsweise der Bodendauerbeobachtungsflächen (BDF) (VP)

3.2.2.4. Breitbandherbizidwirkungen auf Wasserinsekten

Beim Einsatz von Breitbandherbiziden wird genauso wie bei herkömmlichen Herbiziden ein Teil des Herbizids durch den Regen ausgewaschen. Glufosinat zeigt während der Vegetationsperiode im Boden einen schnelleren Abbau als die meisten herkömmlichen Herbizide (Glufosinat: Einstufung 5 = sehr hoch, auf einer Skala 1-5). Glyphosat wird mittel bis schnell abgebaut (3-4), zeigt damit jedoch eine langsamere Abbaubarkeit als 70% der 1992 für Herbizide zugelassenen Wirkstoffe (MEYER & WOLTERS 1998).

Jedoch ist durch die Breitbandherbizidresistenztechnik ein späterer Applikationszeitpunkt eines Breitbandherbizides als bei konventionellem Saatgut möglich. In unserer Klimazone fällt zu einem solchen späteren Spritzzeitpunkt durchschnittlich mehr Regen. Starkregenereignisse sind eher zu erwarten. AUERSWALD (1996) stellt für eine Verschiebung des Spritzzeitpunktes um nur 15 Tage im Zeitraum März bis Mai fest, dass die Wahrscheinlichkeit, dass in den für eine Auswaschung kritischen zwei Wochen nach einer Pestizidapplikation ein erosiver Regen fällt, um 27% zunimmt. Betrachtet man eine Auswertung von Niederschlagsdaten aus 20 bayerischen und baden-württembergischen meteorologischen Messstationen über mehr als 20 Jahre (AUERSWALD 1996, S. 21/22) so zeigt sich, dass die Eintrittswahrscheinlichkeit eines erosiven Regens von März bis in den Juli weiterhin zunimmt. Durch den im Nachauflauf, also später im Jahr möglichen Applikationszeitpunkt, kann das Breitbandherbizid daher stärker als bei seiner Applikation im Voraufbau ausgewaschen werden.

Grundwasser- und Gewässerbelastungen können die Folge sein.

Ferner sind bei einer späteren Herbizidapplikation die Pflanzen bereits größer. Daher verbleibt mehr Herbizid direkt auf den Kulturpflanzen. Von Pflanzen ist das Abwaschen der Herbizide leichter als aus dem Boden. Auch die Wildkräuter sind zu einem späteren Applikationszeitpunkt größer, so dass zu ihrer Bekämpfung höhere Aufwandmengen der Herbizide notwendig werden (AUERSWALD 1996). Kombiniert mit häufigerem Starkregen kann dies zu verstärktem Austrag des Herbizides, insbesondere über oberirdisch abfließendes Wasser führen.

Hypothesenkomplex 3.2.2.4a: Im Zuge der Anwendung der Breitbandherbizidresistenztechnik bei Kulturpflanzen nimmt die Auswaschung von Breitbandherbiziden in Gewässer und das Grundwasser zu.

Parameter zu H3.2.2.4a:

- Gehalt an Breitbandherbizid-Wirkstoffen in Gewässern und Grundwasser (eventuell Daten aus Kläranlagen verfügbar?) (* falls nur auf HR-Kulturpflanzenfeldern Breitbandherbizide zum Einsatz kommen sollten, ist ein Rückschluss auf die Ursachen HR-Kultur u. Auswaschung möglich) VP

Durch den später möglichen Applikationszeitpunkt des Breitbandherbizids kann eine Auswaschung in Gewässer wahrscheinlicher werden. Dies kann direkt von der Pflanze und vom Feld oder aus dem Boden geschehen. Glyphosat kann zwar an Bodenpartikel gebunden werden, kann aber durch Abschwemmung in Flüsse und andere Gewässer gelangen (ECKELKAMP & WEBER 1996). OHNESORGE (1994) stellt fest, dass Breitbandherbizide teilweise stärker löslich sind, als selektiv wirkende Herbizide. Von WILKE (1994) wird die Löslichkeit von Glufosinat als sehr stark (1370g/lH₂O) angegeben.

Die Persistenz von Glyphosat ist in Wasser geringer als im Boden, Glyphosat kann aber bis zu 60 Tage nachgewiesen werden. Eine Aufnahme durch Wasserorganismen ist somit möglich. Aquatische Organismen akkumulieren in der Regel Pestizide wesentlich stärker als terrestrische Organismen (AUERSWALD 1996).

Bislang werden eine Vielzahl verschiedener Herbizide und damit verschiedener Wirkstoffe in die Gewässer eingetragen. Falls durch die HR-Technik eine Konzentration auf einige wenige Breitbandherbizide, die mit dieser Technik kompatibel sind, erfolgt, verengt sich das Wirkungsspektrum der Stoffe, die in Gewässer gelangen, während der Flächenanteil eines Wassereinzugsgebietes, der mit dem gleichen Mittel behandelt wird, ansteigt (AUERSWALD 1996). Die Wirkstoffe der Breitbandherbizide können also in bislang nicht erreichten Konzentrationen eingetragen werden.

Ob die Gesamtmenge der eingesetzten Herbizide beim Anbau herbizidresistenter Pflanzen, wie von den anbietenden Unternehmen angegeben, wirklich sinkt, ist weiterhin nachzuprüfen. Bezüglich glyphosatoleranten Sojabohnen deuten Glyphosat-Verbrauchszahlen zum Anbaujahr 1999 in den USA allerdings darauf hin, dass der Glyphosatverbrauch in den transgenen Sojabohnenkulturen sogar zugenommen hat (BENBROOK 1999).

Glyphosat kann auf Wasserinsekten wie Daphnien und Mückenlarven tödlich sowie auf Fische direkt toxisch wirken (ECKELKAMP & WEBER 1996). Auch BASTA ist für Fische und Fischnährtiere giftig. Übliche Testorganismen für Gewässer sind die Regenbogenforelle und der Karpfen (BBA 1997). BASTIAN (1987) stellte Wirkungen von Basta auf die Arten *Daphnia magna*, *Gammarus fossarum* (Flohkrebs), *Drusus annulatus* (Köcherfliege) und *Ecdyonurus dispar* (Eintagsfliege) fest. Ihre Bestände könnten somit als Parameter für Gewässer herangezogen werden.

Die Kombination der oben angeführten Sachverhalte kann zu Artenverschiebungen innerhalb der Gewässer führen.

Hypothesenkomplex 3.2.2.4b: Ein verstärkter Breitbandherbizideintrag in Gewässer wirkt sich auf die Populationen von Wasserorganismen aus.

Parameter zu H3.2.2.4b:

- Bestandsentwicklung von Wasserorganismenpopulationen (*Daphnia magna*, *Gammarus fossarum*, *Drusus annulatus* und *Ecdyonurus dispar* sowie Mückenlarven und Fische z. B. Regenbogenforelle und Karpfen) in HR-Raps-nahen Gewässern (paP)

Da Daphnien, Mückenlarven und Fische Nahrung von Wasservögeln sind, kann sich diese Wirkungskette wiederum in der Nahrungskette fortsetzen.

Unter Hinweis auf die oben erwähnten Vorbehalte bei der Nutzung von Vögeln als Parameter (s. Kap. 3.2.1.2) können für Fließgewässer nach FLADE (1994) die nachfolgende Arten der Avifauna als Objekte für ein Monitoring vorgeschlagen werden: Die Gebirgsstelze (*Motacilla cinerea*), die mit kleinen Wirbellosen, die am und im Wasser leben (z. B. Insekten aller Entwicklungsstadien, vor allem *Dipteren* sowie Flohkrebse, kleinen Spinnen und Mollusken) ein recht breites Nahrungsspektrum hat; der Flussregenpfeifer (*Charadrius dubius*), der sich in erster Linie von Insekten unter anderem des Spülsaums ernährt; die Wasserramsel (*Cinclus cinclus*), deren bevorzugte Nahrung am und im Wasser lebende Tiere wie Würmer, Arthropoden und Weichtiere sind; die Teichralle (*Gallinula chloropus*), die sowohl pflanzliche als auch tierische Nahrung aufnimmt. Bei all diesen Arten könnten sich Effekte auf das Gewässerleben akkumulieren – sie könnten aber auch durch Verdünnungseffekte in der Nahrungskette gerade bei diesen Organismen nicht beobachtbar sein. Von seiner Ernährung (Insekten-Imagines, bes. *Coleopteren*, *Dipteren* sowie Wasserspinnen und andere kleine Wirbellose) und seiner ‚Treue‘ zu Gewässern wäre auch der Flussuferläufer (*Actitis hypoleucos*) als Monitoringorganismus geeignet. Er ist allerdings mit 200 bis 400 Brutpaaren bereits heute in Deutschland recht selten und daher nur bedingt geeignet. Auch der Eisvogel (*Alcedo atthis*) erscheint aufgrund seiner Lebensweise und Ernährung (Kleinfische, Wasserinsekten, Kaulquappen, kleine Amphibien) als Monitoring-Organismus geeignet. Die hohen natürlichen Populationsschwankungen, die aufgrund seiner Empfindlichkeit gegen harte Winter auftreten können, machen den Eisvogel allerdings nicht zum optimalen Parameter.

Hypothese 3.2.2.4c: Über Nahrungsketteneffekte hat ein verstärkter Breitbandherbizideintrag in Gewässer Einfluss auf höhere Organismen wie beispielsweise Vögel, die an Gewässern leben.

Parameter zu H3.2.2.4c:

- Bestandsentwicklung der Populationen von an Gewässern nahrungssuchenden Vögeln wie Gebirgsstelze, Flussregenpfeifer, Wasserramsel und Teichralle (VP)

3.2.3. Effekte aufgrund der Veränderungen im Rapsgenom

In Kapitel 7 werden Positions- und Pleiotropieeffekten, die aufgrund eines transgenen Eingriffs ins Genom von Organismen auftreten können, näher erörtert.

Möglich sind veränderte Eigenschaften und Stoffzusammensetzungen der gentechnisch veränderten Pflanzen sowie Effekte auf Konsumenten. Koevolutionsprozesse und biochemische Interaktionen oder Symbiosen, die bislang vielleicht noch nicht einmal bekannt sind, können beeinflusst werden.

Besonders über sekundäre Pflanzeninhaltsstoffe gibt es noch sehr wenig Wissen, doch scheinen sie an vielen Wechselwirkungen wie zum Beispiel spezifischen biochemischen Interaktion zwischen Pflanzen und Insekten beteiligt zu sein (VAN DEN DAELE et al. 1996).

An Raps direkt fressen neben der Feldlerche (*Alauda arvensis*) verschiedene Tauben (*Columba* spp.), Enten, Schwäne (*Cygnus* spp.) und Kraniche (*Grus grus*) (MÄNNER 2000) sowie Fasan (*Phasianus colchicus*), Elster (*Pica pica*), Haussperling (*Passer domesticus*), Feldsperling (*Passer montanus*), Buchfink (*Fringilla coelebs*), Grünfink (*Chloris chloris*), Goldammer (*Emberiza citrinella*), Bachstelze (*Motacilla alba*) und Bluthänfling (*Acanthis cannabina*). Darüber hinaus wurden Pickbewegungen bei Krähen (Rabenkrähe, *Corvus corone* und Saatkrähe, *C. frugelegus*) beobachtet (ECKELKAMP et al. 1997b). Graugans (*Anser anser*) und Saatgans (*Anser fabalis*) sind insbesondere im Herbst- und Frühjahrszug in Rapsfeldern zu finden (MÄNNER 2000). Falls sich durch den gentechnischen Eingriff Veränderungen bei den Pflanzeninhaltsstoffen ergeben, können solche Veränderungen Effekte bei den Rapskonsumenten zur Folge haben.

Auch Säuger wie beispielsweise Feldhasen und Rehe gehören zu den Rapskonsumenten.

Abgesehen von Bestandsbeobachtungen zu den oben genannten Arten könnten aufgrund der bislang fehlenden Spezifizierung potentieller Effekte keine konkreten Parameter vorgeschlagen werden. Da die genannten Arten sich nicht ausschließlich von Raps ernähren und aufgrund ihrer Mobilität nicht auf einen kleinräumigen Nahrungserwerb angewiesen sind, werden hier zunächst keine Parameter vorgeschlagen. Viele der genannten Arten werden bereits in anderen Zusammenhängen zur Beobachtung vorgeschlagen.

3.3. EFFEKTE AUF MIKROORGANISMEN

In Abbildung 3 im Anhang sind die nachfolgend erläuterten Wirkungshypothesen und -ketten zu Effekten auf Mikroorganismen graphisch dargestellt.

Breitbandherbizide gelangen nicht ausschließlich auf die Zielpflanzen und verbleiben nicht ausschließlich auf den Zielpflanzen, sondern gelangen auch in den Boden. Hier hängt es sehr stark von der Bodenzusammensetzung sowie von Witterungsbedingungen, dem Bodenleben und dem eingesetzten Herbizid ab, in welchem Maße und wie schnell das Herbizid umgewandelt, abgebaut, weitertransportiert oder gebunden wird (ULRICH et al. 1998; s. Kap. 3.2.2.3).

Mikroorganismen spielen eine entscheidende Rolle für die Bodenfruchtbarkeit (ECKELKAMP et al. 1997b). Auf Nichtzielorganismen wurden nach ULRICH et al. (1998) bei ordnungsgemäßer

Anwendung von Glufosinat bisher keine negativen Auswirkungen nachgewiesen. In Laborversuchen wurden allerdings Wachstumshemmungen durch Glufosinat-Wirkung auf *Sinorhizobium melliloti*, *Pseudomonaden* und *Agrobacterien* sowie die Abnahme der gesamten Pilz- und Bakterienzahlen nachgewiesen. Auch MALKOMES (1988) stellte fest, dass in Böden, die mit Basta inkubiert wurden, die Zellzahlen von aeroben und anaeroben Bakterien sowie Actinomyceten und Pilzen um 17% bis 42 % im Vergleich zu Kontrollen abnahmen. AHMAD & MALLOCH (1995) stellten ähnliche Effekte fest. Allerdings gibt es keine Untersuchungen zu Diversität und Zusammensetzung der Mikroorganismen.

Die im Folgenden als Parameter vorgeschlagenen Arten sind pragmatische Vorschläge, die aus bisher erfolgten Untersuchungen abgeleitet wurden.

Glufosinat-resistente Luzernepflanzen bilden in sterilem Boden weniger Knöllchen als konventionelle Pflanzen (ULRICH et al. 1998).

BASTA hemmt die Knöllchenbildung von Fabaceen und die Stickstofffixierung von in Kultur genommenen Bakterien. Auch auf Mykorrhiza-Pilze wirkt Glyphosat toxisch (ESTOK et al. 1989, CHAKRAVARTY & CHATARPAUL 1990, CHAKRAVARTY & SIDHU 1987, HERBICIDE FACTSHEET 1995). All dies kann eine Änderung der Bodenqualität mit sich bringen.

Das Bodenleben kann ferner indirekt beeinflusst werden, indem der Boden aufgrund des Ausfalls eines Großteils der Beikräuter (s. Kap. 3.2.1) anders durchwurzelt wird, als Böden eines konventionellen Rapsfeldes. Da die Wurzeln aller Pflanzen in einer steten Wechselbeziehung mit dem umgebenden Boden stehen, sind auch hier Wirkungen auf die Bodenflora und -fauna zu erwarten.

Hypothese 3.3: Aufgrund des Breitbandherbizideinsatzes in HR-Kulturen treten Veränderungen bei den Mikroorganismengemeinschaften im Boden auf.

Parameter zu H3.3:

- Artbestand der Boden-Mikroorganismen im Boden von HR-Rapsfeldern (z. B. *Sinorhizobium melliloti*, *Pseudomonaden*, *Agrobacterien*) im Vergleich zu vergleichbaren Böden (gleiche Bodenart, Bodentyp etc.) ohne Breitbandherbizid-Behandlung (paP)
- Individuenzahlen der Bodenflora und -fauna pro Art (*Actinomyceten*, Pilze) im Vergleich zu vergleichbaren Böden ohne Breitbandherbizid-Behandlung mit und ohne Herbizideinsatz (z. B. nach Methodik beschrieben bei AHMAD & MALLOCH 1995) (sP)
- Aktivität der Bodenflora und -fauna im Vergleich zu vergleichbaren Böden ohne Breitbandherbizid-Behandlung mit und ohne Herbizideinsatz (VP)
- Bestand freilebender Stickstoff-Fixierer im Vergleich zu vergleichbaren Böden ohne Breitbandherbizid-Behandlung mit und ohne Herbizideinsatz (VP)

3.4. EFFEKTE AUF DIE ABIOTIK

Abbildung 3 im Anhang enthält nicht nur Wirkungshypothesen und –ketten zu Effekten auf Mikroorganismen sondern auch zur Abiotik.

Der Anbau von Kulturpflanzen mit einer Resistenz gegen Breitbandherbizide ermöglicht, die transgenen Kulturen dauerhaft nahezu beikrautfrei zu halten.

Wildkräuter schützen allerdings auch vor Bodenerosion, Verbessern die Tragfähigkeit des Bodens, fördern die Bodenstruktur und –gare und beeinflussen den Nährstoffhaushalt (Minderung der Nitratauswaschung) (DIETZ et al. 1993).

3.4.1. Erosion

Durch den Einsatz von Breitbandherbiziden kann die Bodenbedeckung lichter als in konventionellen Rapsbeständen sein, wenn kaum Wildkräuter aufkommen. Andererseits kann eine stärkere Bodenbedeckung auftreten, wenn Beikräuter relativ spät und somit zu einem Zeitpunkt, wenn sie bereits mehr Pflanzenmasse bilden konnten, totgespritzt werden und sie anschließend den Boden bedecken. Welcher Effekt eintritt, hängt stark davon ab, zu welchen Zeitpunkten Landwirte Herbizide einsetzen werden.

Falls die Gesamtbodenbedeckung vergleichsweise abnimmt, ist verstärkte Rillen- und Flächenerosion möglich. Bei Regenerosion werden vor allem die oberen Millimeter abgetragen, die besonders viel Herbizid gebunden haben (AUERSWALD 1996).

Eine stark reduzierte Bodenbedeckung in Kombination mit einem späteren Spritzzeitpunkt (s. auch Kap. 3.2.2.4) und der damit einhergehenden höheren Gefahr erosiver Regenfälle in Zeiten, in denen die Spritzmittel noch wirksam in erodierbaren Bodenschichten sind, kann den Austrag des Herbizides von den Feldern erhöhen (AUERSWALD 1996).

Hypothese 3.4.1: Mit der Beeinflussung der Bodenbedeckung im Zuge der Anwendung der HR-Technik bei Kulturpflanzen kann eine Veränderung bei der Erosionswahrscheinlichkeit einhergehen.

Parameter zu H3.4.1:

- Bodenabtrag durch Wind und Wasser (VP)
- Gehalt an Breitbandherbizid-Wirkstoffen in Gewässern und Grundwasser (eventuell Daten aus Kläranlagen verfügbar?) (* falls nur auf HR-Kulturpflanzenfeldern Breitbandherbizide zum Einsatz kommen sollten, ist ein Rückschluss auf die Ursachen HR-Kultur u. Auswaschung möglich) VP

Hilfsparameter:

- Grad der Bodenbedeckung in HR- und konventionellen Kulturen im Laufe der Vegetationsperiode

Endbericht: Monitoring gentechnisch veränderter Pflanzen

4. BT-MAIS

Die nachfolgenden Ausführungen konzentrieren sich beispielhaft insbesondere auf die Maislinie Bt176.

Übersichten zu den hier dargestellten Wirkungshypothesen und -ketten zum Anbau von Bt-Mais finden sich in den Abbildungen 4 und 5 (s. Anhang). Dabei fasst Abbildung 4 mögliche Effekte aufgrund von Genfluss und zu Biotik, Diversität und Ökologie zusammen, während in Abbildung 5 die Überlegungen zu Effekten auf Mikroorganismen und Abiotik graphisch dargestellt sind.

Im Maisanbau, insbesondere zur Produktion von Körnermais, stellt der Maiszünsler (*Ostrinia nubilalis*) in einigen Gegenden Deutschlands, insbesondere Baden-Württemberg und dem Oderbruch, aber auch in Teilen von Rheinland-Pfalz, Hessen und Bayern einen bedeutenden ‚Schädling‘ dar. KLUGE et al. (1999) weisen als potentiell sehr stark gefährdete Befallsgebiete die Rheinebene auch in Nordrhein-Westfalen, weite Strecken des sachsen-anhaltinischen Elbtales, Gebiete an der Saale, zwischen Saale und Elbe und einen Teil des Elbtales in Sachsen aus. Alle drei bis fünf Jahre erreicht der Maiszünsler Populationsdichten, die zu wirtschaftlichen Schäden in Maisbeständen führen. In Deutschland hat der Maiszünsler jährlich nur eine Generation (KLUGE et al. 1999), während er in wärmeren Regionen mehrerer Generationen im Jahr haben kann (z. B. bis zu sechs in China und Ägypten). Beim Anbau von Silomais besitzt der Maiszünsler in Deutschland keine Bedeutung, da sich zum Erntezeitpunkt die Raupen noch nicht vollständig entwickelt haben (ATTIA 1985).

Der Maiszünsler tritt in Deutschland nicht erst seit dem Anbau von Mais auf. Seine ursprünglichen Wirtspflanzen sind Hirsen, Beifuß, Brennessel, Knötericharten und andere krautige Pflanzen mit dickem Stängel (KLUGE et al. 1999). Der Maiszünsler hat ein breites Wirtsspektrum. 200 Wirtspflanzen aus 40 Familien sind bekannt (ANDOW & HUTCHINSON 1998, BARTSCH & SCHUPHAN 2000).

Die Raupen bohren sich nach einigen Tagen der Entwicklung in den Stängel. Aufgrund der verminderten Standfestigkeit des Mais durch die Fraßgänge insbesondere älterer Larven und aufgrund von Sekundärinfektionen kann der Stängel abknicken. Hinzu kommen Fraßschäden an Blättern und Kolben. Die Fraßstellen sind günstige Eintrittsstellen für andere Krankheitserreger (z. B. *Fusarium*). Die Raupen des Maiszünslers verpuppen sich im Mai, schlüpfen im Juni und legen die Eier an der Unterseite der mittleren und unteren Maisblätter ab. Eine Woche nach der Eiablage schlüpft die neue Larve. Die Raupen überwintern in Ernterückständen (KLÖPFFER et al. 1999). Zu den natürlichen Feinden des Maiszünslers gehören Mäuse und Rabenvögel sowie Endoparasiten und sowie insbesondere Arthropoden (nähere Angaben s. Kap. 4.2).

‚Konventionell‘ lässt sich der Maiszünsler durch das Unterpflügen von Stroh, Pheromonfallen, *Trichogramma* (Parasitoid), chemische Bekämpfungsmittel und *Bacillus thuringiensis*-Präparate bekämpfen. Problematisch bei der chemischen Bekämpfung und *Bacillus thuringiensis*-Präparaten ist, dass sie nur dann wirksam sind, wenn die Raupe nicht bereits im Stängel ist (KLÖPFFER et al. 1999). Damit ist der Maiszünsler nur kurze Zeit äußerlich mit B.t.-Präparaten zu bekämpfen.

Bacillus thuringiensis ist ein sporenbildendes Bodenbakterium. Von *Bacillus thuringiensis* wird während der Sporulation nicht das aktive Toxin produziert, sondern Proteinkristalle, die mehrere verschiedene, insektenpathogene δ -Endotoxine in einer inaktiven Protoxinform enthalten können. Nicht alle δ -Endotoxinvarianten wirken auf die gleichen Organismen. Damit bestimmt die Zusammensetzung der δ -Endotoxine die Spezifität der B.t.-Stämme (VILLIGER 1999). Darüber hinaus gibt es viele verschiedene *B. thuringiensis* Stämme, die jeweils verschiedene δ -Endotoxinvarianten bilden. Die verschiedenen Toxinvarianten haben jeweils spezifische Wirkungen gegen bestimmte Insektengruppen, beispielsweise mit Wirkungen auf Käfer, Schmetterlinge, Dipteren oder speziell Mücken bzw. auf Teilgruppen dieser (KOECHLIN 1999).

Zunächst liegen nur die Proteinkristalle vor. Wenn diese in das basische Darmmilieu eines Insektes gelangen, werden sie zum Teil aufgelöst und inaktive Protoxine werden freigesetzt. Nun können Proteasen angreifen, die bewirken, dass die Protoxine in aktive Toxine überführt werden und an spezifische Rezeptoren im Mitteldarm der Insekten binden können. Durch die Bindung entstehen Ionenkanäle in der Darmwand, was letztendlich zur Zellauflösung und zum Tod des Insekts führt (VILLIGER 1999).

Die Spezifität des Toxins für verschiedene Organismengruppen scheint von der Enzymausstattung des Verdauungstraktes und den Rezeptoren der Organismengruppen abzuhängen. Nur wo das jeweilige Protoxin gespalten werden kann, kann das Toxin letztendlich wirksam werden.

Bisher wurden B.t.-Präparate insbesondere in der ökologischen und auch in der konventionellen Landwirtschaft eingesetzt. Das Sporenpräparat wurde auf die Pflanzen gestäubt oder gespritzt, um als Schädling betrachtete herbivore Organismen abzutöten. Entsprechende Präparate können nur wirksam sein, solange die Phytophagen sich außerhalb der Pflanze befinden. Ferner hat das Toxin eine zeitlich begrenzte Wirkungsdauer, da es durch Umwelteinflüsse wie zum Beispiel durch UV-Strahlung zerstört wird (BHATIA et al. 2000).

Um einen besseren Maiszünsler-Bekämpfungserfolg in der Maispflanze zu erreichen, wird in der Sortenentwicklung mittels Gentechnik seit einiger Zeit an Bt-Mais gearbeitet, der das Toxin aus *Bacillus thuringiensis*-Stämmen kontinuierlich in den Pflanzenzellen bildet und sich somit von alleine mit einem eigenproduzierten Gift gegen seine Phytophagen ‚wehrt‘.

Das dazu eingebaute Genkonstrukt enthält beispielsweise bei der Linie Bt 176 insbesondere zwei Kopien des *cryIA(b)*-Gens, welches für das δ -Endotoxin aus *B. thuringiensis* ssp. *kurstaki* Stamm HD 1-9 codiert und vor allem auf Schmetterlingsarten (Ordnung *Lepidoptera*) tödlich wirkt (ECKELKAMP et al. 1998, MUNKVOLD et al. 1997).

Die Expression von *cryIA(b)* in den verschiedenen Pflanzenteilen hängt von den jeweiligen Genpromotoren ab, die verwendet werden. Üblich sind zwei verschiedene Kombinationen (MUNKVOLD et al. 1997):

- ein Phosphoenolpyruvatcarboxylase (PEPC)-Promotor für eine Expression im grünen Gewebe und ein kalziumabhängiger Protein-Kinase-Promotor für eine pollenspezifische Expression (Transformation 176)
- ein CaMV 35S-Promotor, wodurch das Gens in allen Pflanzenteilen exprimiert wird (z. B. Transformationen MON810, BT11).

Ferner gehört zum gentechnisch eingefügten Genkonstrukt bei Bt 176 das konstitutiv exprimierte *bar*-Gen (Glufosinat-Resistenz) unter der Regulation des CaMV 35S-Promotors (auch in Bakterien aktiv) und ein *amp*-Gen (Ampicillin-Resistenz) unter der Regulation eines bakteriellen Promotors. Die Expression des CryIA(b)-Toxins fällt bei Bt 176 nach der Pollination stark ab. In Maiskörnern wird das Gift nicht exprimiert (KLÖPFER et al. 1999).

Bislang ist die Toxinexpression je nach Maislinie in verschiedenen Teilen der Pflanzen unterschiedlich. MEISE et al. 2000 stellten für drei Sorten der gentechnisch veränderten Maislinie Bt-176 fest, dass die Expression des Toxingens in den Pollen und Blättern am höchsten war. In den Blattachsen schien die Expression bereits geringer zu sein, da junge Maiszünsler-Larven bei Fraß an den Blattachsen keine 100 %ige Mortalität mehr zeigten. Zumindest nur sehr gering scheint die Konzentration des Toxins in den Kolben, den Lieschblättern (Hüllblätter der Kolben) und der Seide zu sein. HUGGER (1998) gibt für Bt-176 folgende Bt-Protein-Konzentrationen an:

Tabelle 2: Bt-Protein-Konzentrationen in der Pflanze für Event 176 nach Novartis Seeds 1997 [ppb]				
Organ	Wachstumsstadium			
	Keimling	Blüte	Kornreife	Abreife
Blatt	865	1440	460	126
Wurzel	<8	<8	<8	<8
Pollen	-	1835	-	-
Korn	-	-	<5	<5

Bei der Betrachtung der spezifischen, neuen Eigenschaften und Effekte von gentechnisch hergestelltem Bt-Mais, ist zu bedenken, welchen qualitativen Unterschied Bt-Mais im Vergleich zu herkömmlichem Mais mit gegebenenfalls der Anwendung von B.t.-Sporenpräparaten darstellt.

Um wirksam zu werden, muss das B.t.-Protoxin konventioneller Präparate zunächst einmal gelöst werden. Dagegen liegt das Toxin in transgenen Bt-Pflanzen bereits in gelöster Form in den Pflanzenvakuolen vor.

Für die Bt-Mais-Linien werden bei der Zusammenstellung der eingebauten Genkonstrukte die natürlichen Gene in der Regel verkürzt und in ihrer Nukleotidabfolge abgeändert, um ihre Aktivität in Pflanzen zu erhöhen, beziehungsweise um das Bakteriengen überhaupt dem Genexpressionsapparat und den physiologischen Bedingungen einer Pflanze anzupassen (VILLIGER 1999). Die eingebauten DNA-Sequenzen codieren gewöhnlich nicht mehr für das Protoxin, sondern direkt für das Toxin (oder ein unwesentlich längeres Protein). Die gentechnische Anpassung („Vereinfachung“) der B.t.-

Gene kann die Eigenschaften der Toxine verändern, zumal selbst Änderungen in der proteolytischen Aktivierung von B.t.-Toxinen konventioneller Präparate bereits Veränderungen des Wirkungsspektrums verursachen (HAIDER 1986). Das von der verkürzten DNA-Sequenz codierte Toxin hat potentiell einen größeren Wirkungsbereich und kann damit auf eine größere Gruppe von Organismen wirken, als konventionelle B.t.-Präparate. Der organismenspezifische Prozess der Toxinaktivierung entfällt. Arten, denen die Fähigkeit zur Protoxinspaltung natürlicherweise fehlt, können nun mit dem aktiven Toxin konfrontiert werden. Auf welche Organismen sich das Wirkungsspektrum der Giftstoffe gegenüber der traditionellen B.t.-Nutzung erweitert, lässt sich kaum voraussagen (VILLIGER 1999).

Konventionelle B.t.-Präparate werden in der Regel nur im Bedarfsfall und zum Zeitpunkt des Auftretens des Maiszünslers, beziehungsweise nach der Beobachtung des Befalls angewandt. Dagegen wird das Toxin im Bt-Mais während der gesamten Vegetationsperiode und in jedem Jahr auch unabhängig von Maiszünslerbefall gebildet. Damit kann das Toxin nicht nur auf den Maiszünsler und die empfindlichen Arten, die zum Zeitpunkt des Auftretens des Maiszünslers auf der Pflanze präsent sind, wirken, sondern auch auf alle anderen Herbivoren und andere Entwicklungsstadien von Organismen, die im Laufe der Vegetationsperiode an den Bt-Maispflanzen fressen (VILLIGER 1999). Die Wirksamkeit von konventionellen B.t.-Präparaten nimmt unter natürlichen Bedingungen rasch ab. So inaktiviert Sonnenlicht das Toxin. Damit ist die Wirkungsdauer nach der Applikation von Sporenpräparaten begrenzt, während Bt-Pflanzen kontinuierlich und in der Pflanze geschützt das Toxin produzieren (VILLIGER 1999).

Durch die Nutzung ausgewählter B.t.-Toxine für transgene Bt-Maislinien aus dem breiten Spektrum der verschiedenen, natürlich vorkommenden B.t.-Toxin-Varietäten erfolgt eine Konzentration auf wenige Toxine.

Die nachfolgend genannten Parameter beziehen sich nicht auf eine ökologische Wirkungshypothese, sondern sollen der Erfassung grundlegender Gegebenheiten bei Bt-Mais dienen. Es sind Hilfsparameter, die bereits von den Anbietern der Maislinien für die Produktbeschreibung erhoben werden sollten. Es ist jedoch zu überlegen, ob diese Parameter auch ins Monitoring einzubeziehen sind, da sich die mit diesen Parametern beobachteten Eigenschaften möglicherweise unter anderen als den zur Produktbeschreibung untersuchten Bedingungen ändern könnten, bzw. Abweichungen unter extremen (Klima- o. ä.) Bedingungen auftreten können.

(Hilfs-) Parameter:

- Grad (qualitativ und quantitativ) der Genexpression des Transgens in Maiswurzeln, -stängeln, -blättern, -fahnen, -pollen und -früchten sowie ihren Hüllblättern zu verschiedenen Lebens/Wachstums-Stadien der Pflanzen
- Toxinkonzentration in den Maiswurzeln, -stängeln, -blättern, -fahnen, -pollen und -früchten sowie ihren Hüllblättern zu verschiedenen Lebens-/Wachstums-Stadien der Pflanzen

4.1. EFFEKTE AUFGRUND VON GENFLUSS UND VERBREITUNG DER TRANSGENEN PFLANZEN

Mais hat in Mitteleuropa keine Kreuzungspartner, auf die eine Übertragung der Bt-Gensequenz durch einfache Kreuzung möglich wäre. Daher ist ein Genfluss über Artgrenzen hinweg nicht zu erwarten.

Auch hat Mais in Mitteleuropa (nicht Südeuropa) ein nur sehr geringes Überdauerungs- und Verwildierungspotential, da er zum Beispiel nicht winterhart ist und die Samen frostempfindlich sind. Somit gibt es bei Mais zumindest unter den klimatischen Bedingungen in Deutschland keine Hinweise auf eine Durchwuchsproblematik (NEEMANN & SCHERWAB 1999).

Allerdings hat Mais eine Fremdbefruchtungsrate von 95%. Hauptsächlich erfolgt die Fremdbestäubung über Windbestäubung. Mais hat im Schnitt pro Blüte 10.000 Pollen, pro Blütenstand ca. 18 Mio. Pollenkörner (DÜLL & KUTZELNIGG 1994) oder sogar bis zu 50 Mio. nach MILLER (1985), welche mit 0,25 µg relativ schwer sind (DÜLL & KUTZELNIGG 1994). Trotz der für eine Windbestäubung relativ großen Größe des Pollens von circa 100 µm ist das Entfernungspotential der Windverfrachtung beachtlich. Der Pollen wird bodennah mindestens 800 m weit getragen (TREU & EMBERLIN 2000). Auch für den Maispollen scheint seine Verbreitungsmöglichkeit und seine Überlebensfähigkeit sehr stark von den jeweils aktuellen und standortabhängigen Witterungsbedingungen abhängig zu sein (EMBERLIN et al. 1999). EMBERLIN et al. (1999) geben an, dass Maispollen, der mindestens circa 24 Stunden (andere Studien variieren in dieser Angabe von wenigen Minuten bis zu mehreren Tagen; auch hier in Abhängigkeit von den Witterungsbedingungen) bestäubungsfähig bleibt. Sie berechneten, dass Maispollen selbst unter normalen Witterungsbedingungen mit aufsteigenden Windströmungen noch als bestäubungsfähiger Pollen mindestens 180 Kilometer weit transportiert werden kann. Zum Pollentransport in höheren Luftschichten besteht Forschungsbedarf. Trotz der vornehmlichen Windbestäubung sprechen EMBERLIN et al. (1999) von einer beachtlichen Maispollenmenge, die von Bienen (z. T. Honigbienen) auch über mehrere Kilometer transportiert wird. Isolierabstände, wie sie von ZSCHEISCHLER et al. (1990, zit. in NEEMANN & SCHERWAB 1999) für die Trennung von Zucker- und Futtermais empfohlen werden, – konkret sind das 300 m – erscheinen aufgrund der vorliegenden Erkenntnisse inzwischen als ungeeignet (RÖVER et al. 2000).

Durch Pollenflug und Insektenbestäubung kann nach diesen Angaben auch über beachtliche Entfernungen die Befruchtung von nicht gentechnisch veränderten Sorten erfolgen. Zwar werden zumeist Hybridmaissorten angebaut, die somit nicht aus Samen nachgebaut werden, sodass nach einer Auskreuzung in Nachbarbestände kaum mit einer weiteren Ausbreitung der Transgene gerechnet werden muss. Dennoch ist die ungewünschte Kontamination von Saatgut sowie von Lebens- und Futtermitteln möglich (Auskreuzung des Bt-Merkmals in Maiskörner von Nachbarbeständen). Besonders relevant dürfte dies für den Bereich des ökologischen Landbaus

sein. Aber auch viele konventionell arbeitende Betriebe möchten oder müssen zum Teil zur Absatzsicherung garantieren, dass ihr Erntegut gentechnikfrei ist.

Hypothese 4.1: Über Wind- und Insektenbestäubung werden Transgene in die Früchte von Beständen nicht transgenen Maises eingetragen.

Parameter zu H4.1:

- Menge des Polleneintrags aus transgenen Maisfeldern bis zu 4 km Entfernung von transgenen Maisfeldern (sp) *
- Transgene in Früchten von Bt-Mais-freien Feldern (sP) *

Hilfsparameter:

- Abstand zum nächsten potentiellen Aus-/Einkreuzungsfeld
- Größe der Anbaufläche
- Kantenlänge der Anbaufläche

Parameter zu möglichen ökonomischen Folgen (s. auch Kap. 9)

- Umsatzeinbußen oder Vermarktungsprobleme für Landwirte, die Gentechnikfreiheit garantieren wollen oder ökologisch wirtschaften

4.2. EFFEKTE AUF BIOTIK, DIVERSITÄT UND ÖKOLOGIE

4.2.1. Effekte auf Zielorganismen und nachfolgende Wirkungsketten

Bt-Mais exprimiert ein für den Maiszünsler (*Ostrinia nubilalis*) giftiges Protein. Fressen Zünslerlarven an Bt-Mais, kann dies, je nach Dosis, letale Folgen haben (KLÖPFFER et al. 1999).

Da der Maiszünsler jedoch nicht am Ende einer Nahrungskette steht, können auch über ihn indirekt Nichtzielorganismen von Bt-Mais beeinflusst sein.

Laboruntersuchungen von HILBECK et al. (1998) ergaben, dass auch die Fraßfeinde des Maiszünslers, nämlich Florfliegenlarven (*Chrysoperla carnea*), nach Fraß von Bt-vergifteten Maiszünslern (und Bt-gefütterten Raupen des afrikanischen Baumwollwurms, *Spodoptera littoralis*) starben.

Auch Parasitoide von Maiskonsumenten können durch den Anbau von Bt-Mais betroffen sein. Versuche zeigten eine erhöhte Mortalität und verkürzte Lebensdauer für Brackwespen (*Meteorus laeviventris*), die sich als Parasiten in B.t.-behandelten Wirtslarven (Raupen von *Agrotis ypsilon*, *Noctuidae*, Eule) entwickelten und auch mit B.t.-Toxinen gefüttert wurden (HAFEZ et al. 1997).

Parasitoide reagieren auf B.t.k.-Präparate (konventionelle Präparate mit dem Toxin aus *Bacillus thuringiensis* subsp. *kurstaki*). Neun Arten der Ordnung *Hymenoptera* zeigten erhöhte Mortalität,

verringerte Lebensdauer, geringere Parasitierungs- oder verringerte Schlupf- oder Vermehrungsraten. Diese Effekte sind jedoch nur teilweise direkt auf das Toxin zurückzuführen, indirekt sind die Parasitoide durch das verringerte Nährstoffangebot infizierter Wirte beeinflusst.

Bei den Effekten auf Zielorganismen und die nachfolgenden Nahrungsketten ist gentechnikspezifisch gegenüber der konventionellen Nutzung von B.t.-Präparaten die höhere und kontinuierlich präsente Toxinmenge in transgenen Kulturen zu bedenken (s. Kap. 4).

Als Prädatoren von Maiszünslereiern werden von DEML & DETTNER (1998) die Blumenwanze *Orius insidiosus* (Nymphen und Adulte), *Coccinelliden* (Larven und Adulte, speziell die Art *Coleomegilla maculata*) und Florfliegen (Larven) genannt, als Parasitoide der Larven *Macrocentrus grandii* (Braconide) und *Eriborus terebrans* (Ichneumonide). ATTIA (1985) beobachtete, dass Maiszünslergelege von den Imagines und Larven der Marienkäferarten *Prophylaea quatuordecimpunctata*, *Coccinella septempunctata* und *Adalia bipunctata* angegriffen und ausgesaugt werden. Auch Ohrwürmer der Art *Forficula auricularia* fressen Maiszünslergelege.

ATTIA (1985) benennt als Prädatoren des Maiszünslers allgemein Blumenwanzen (*Anthocoridae*). Im Labor ließ sich auch die Bodenwanze *Ischudemus sabuleti* Fall. als Prädatör des Maiszünslers beobachten. Die Schwebfliege *Epistrophe balteata* trat nur als effektiver Prädatör auf, wenn sie die Maiszünslerlarven in den Bohrgängen der Larven angriffen.

KLUGE et al. (1999) benennen als Antagonisten der Junglarven des Maiszünslers neben *Coccinelliden* und *Chrysopidenlarven* auch Spinnen. Unter den Wirbeltieren gehören zu den natürlichen Feinden des Maiszünslers Mäuse und Rabenvögel (HUGGER, Reg.-Präs FR, pers. Mitteilung, August 2000).

Versuche zu räuberischen und Nichtziel-Arthropoden (s. auch Kap. 4.2.2) von FLEXNER et al. (1986) zeigten folgende Ergebnisse: *Apis mellifera*, die Honigbiene reagierte auf *B.t.* var. *kurstaki*-Präparate mit 40 bis 100 % Mortalität, die Brackwespe *Bracon brevicornis* reagierte auf *B.t.* var. *thuringiensis*-Präparate mit 10 bis 40 % Mortalität, ebenso die Erzwespe *Tetrastichus evonymellae* als Reaktion auf *B.t.* var. *kurstaki*-Präparate. Für die Florfliege wurde schon in diesen Versuchen eine hohe Empfindlichkeit festgestellt.

Hypothese 4.2.1a: Fraßfeinde, Parasiten und Parasitoide von Zielorganismen des Bt-Toxins in Bt-Mais werden durch den Konsum von Beuteorganismen an Bt-Mais geschädigt, was sich auf ihre Gesamtpopulationen auswirkt.

Parameter zu H4.2.1a:

- Populationsentwicklung möglicherweise beeinflusster Nichtzielorganismen, z. B. die Blumenwanze *Orius insidiosus* (Nymphen und Adulte) sowie Blumenwanzen (*Anthocoridae*)

allgemein, Coccinelliden (Larven und Adulte, speziell die Arten *Coleomegilla maculata*, *Prophylaea quatuordecimpunctata*, *Coccinella septempunctata*, *C. undecimpunctata* und *Adalia bipunctata*), Florfliegen (*Chrysoperla carnea*, Larven und Adulte), *Macrocentrus grandii* (Braconide), *Meteorus laeviventris* (Brackwespe), *Eriborus terebrans* (Ichneumonide), Ohrwürmer der Art *Forficula auricularia*, die Bodenwanze *Ischudemus sabuleti*, die Schwebfliege *Epistrophe balteata*) sowie Spinnen- und weitere Hymenopterenarten, z. B. der Erzwespen (?) und Mäuse und Raben von vergleichbaren Feldern mit gentechnisch veränderten und nichttransgenen Sorten (z. T. sP, z. T. paP s. o.)

Mit dem Einsatz konventioneller Insektizide werden nie alle Schadorganismen erfasst. Beim Einsatz dauerhaft Insektizid produzierender Pflanzen sollten optimalerweise alle Zielschadinsekten über einen längeren Zeitraum gänzlich ausfallen. Das bedeutet für die Antagonisten, dass sie in diesen Feldern keine Lebensgrundlage mehr haben, während die Antagonisten beim konventionellen Spritzen immer noch in kleinen Populationen erhalten bleiben. In der Folge kann sich die Antagonisten-/Prädatorenpopulation bei einem erneuten Schädlingsbefall, zum Beispiel aufgrund von Resistenzentwicklung (s. Kap. 9), schlechter wieder aufbauen.

Bei der Beobachtung der Antagonistenbestände für ein Monitoring muss bedacht werden, dass die Antagonisten auch von diversen anderen Faktoren (Klima, ihren Prädatoren etc.) beeinflusst werden, beobachtbare Bestandveränderungen also nicht auf den Einsatz gentechnisch veränderter Organismen zurückzuführen sein müssen.

Die Wirkung von Bt-Mais auf den Maiszünsler kann weitere Folgen haben:

Wie bei jedem Ausfall einer Organismengruppe über eine ganze Vegetationsperiode wird auch durch den Ausfall einer Konsumentenart oder -gruppe am Mais eine ökologische Nische frei, die von anderen Organismengruppen (herbivoren Insekten) besetzt werden kann, die bisher nicht so konkurrenzstark waren. Wenn diese bisher als ‚Pflanzenschädlinge‘ unbedeutenden Phytophagen sich nun mangels Konkurrenz mehr ausbreiten können als zuvor, können sie eventuell eine Schwelle überschreiten, ab der sie nun als ‚Schädlinge‘ relevant werden, während sie in kleinen Populationszahlen keine großen Schäden anrichten konnten (SCHÜTTE & RIEDE 1998, HOFFMAN 1990). Beim Einsatz von konventionellen, selektiv wirkenden Insektiziden trat dieser Effekt bereits auf. Auch insektenresistente Bt-Toxin-bildende Pappeln wiesen in China nach 2 Jahren Fraßschäden auf, die von bis dato als unbedeutend eingestuften Insekten verursacht wurden (EWALD & HAN 1999). Im Zuge von Untersuchungen im Rahmen des ‚Biovigilance‘-Projektes zum Monitoring gentechnisch veränderter Pflanzen in Frankreich traten 1999 in den Bt-Mais-Feldern im Vergleich zu den nicht-Bt-Mais-Feldern vermehrt Thripse auf (CHAT-LOCUSSOL 2000). Nach einem solchen einmaligen Ereignis wäre das Ableiten von Schlüssen voreilig, das Phänomen gilt es jedoch zu beobachten. SCHMITZ et al. (2000) sehen Getreidehähnchen (*Eulema*) als potentielle Sekundärschädlinge.

ATTIA (1985) benennt als bedeutende Maisphytophage neben dem Maiszünsler die Fritfliege (*Oscinella frit*), die Gammaeule (*Phytometra gamma*) und die seit 1960 in Deutschland beobachtete Maisblattlaus (*Rhopalosiphum maidis*). Auch weitere Blattlausarten befallen Maispflanzen.

Hypothese 4.2.1b: In und um Bt-Maisbestände verändert sich der Populationsbestand von ‚Sekundärschädlingen‘.

Parameter zu H4.2.1b:

- Bestände von ‚Sekundärschädlingen‘ in Bt-Maisfeldern im Vergleich zu konventionellen Maisfeldern: z. B. Thripse, *Eulema*-Arten, *Oscinella frit*, *Phytometra gamma*, *Rhopalosiphum maidis* (paP)

4.2.2. Effekte auf Nichtzielorganismen

Der Anbau von Bt-Mais bedingt die permanente (z. T. in der Quantität im Verlauf der Vegetationsperiode und nach Pflanzenteilen unterschiedliche) Expression des Toxins in den Pflanzen unabhängig vom Eintritt eines Insektenbefalls. Phytophage Organismen am Mais nehmen damit das Toxin direkt mit ihrer Nahrung auf. Davon können möglicherweise nektarsaugende Insekten und vor allem ansonsten am Mais fressende Organismen direkt betroffen sein. Bisher wurde im Phloem noch kein Toxin, das von Bt-Pflanzen exprimiert wird, nachgewiesen (HILBECK et al. 2000), sodass bislang kein Hinweis vorliegt, dass stechend-saugende Organismen über die direkte Bt-Toxin-Aufnahme aus dem Phloem betroffen wären.

Ein wichtiger Vorbehalt gegenüber Bt-Mais bezieht sich auf sein Potential, nicht nur Zielorganismen, sondern auch Nichtzielorganismen zu schädigen. So kann Bt-Mais auch auf solche Organismen wirken, die selbst das Protoxin nicht in Toxin umbauen können und somit von normalen B.t.-Präparaten nicht betroffen sind. Ferner wirkt es auch auf solche Organismen, die zu einem Zeitpunkt im Maisbestand vorkommen, zu dem konventionelle B.t.-Präparate normalerweise nicht eingesetzt werden.

Die Tatsache, dass es Hinweise darauf gibt, dass Wirkungen noch über 2 Jahre feststellbar bleiben (NEEMANN & SCHERWAB 1999), lässt das Szenario der permanenten Expression des Toxins noch bedenklicher erscheinen.

4.2.2.1. Wirbellose

Direkt phytophage Organismen können zum Teil durch das B.t.-Toxin geschädigt werden. In diesem Falle sind nachfolgend auch die Fraßfeinde und die anschließenden Nahrungsketten durch die Dezimierung der Phytophagenpopulation betroffen.

In der Regel sind die Effekte eines Toxins abhängig von der Dosis. Damit sind die Effekte einer möglicherweise großflächigen und kontinuierlichen B.t.-Toxin-Bildung in Mais schwer abschätzbar. Für konventionelle B.t.-Präparate ist bekannt, dass sie direkt oder indirekt (über den Rückgang von Beuteorganismen) auf *Syrphus corollae* (Schwebfliege), *Syrphus vitripennis* (Schwebfliege, Blattlausräuber), *Aleochara bilineata* (Kurzflügelkäfer, in Kartoffelbeständen), *Myzus persicae* (Grüne Pfirsichblattlaus), *Typhlodromus* (= *Metaseiulus*) *occidentalis* (Raubmilbe), *Xylocoris flavipes* (Blumenwanze), Laufkäfer der Gattung *Pterostichus* wirken (DEML & DETTNER 1998). Dementsprechend könnten diese Organismen auch für ein Bt-Mais-Monitoring genutzt werden, da durch die permanente Bt-Toxin-Expression bei diesen B.t.-Toxin-empfindlichen Organismen Effekte beobachtbar sein könnten.

DEML & DETTNER (1998) schlagen als möglicherweise zu beobachtende Nichtzielorganismen bei Bt-Mais mit dem *cryIA(b)*-Gen *Homoeosoma nebulellum* als minierenden Zünsler sowie aus der Gruppe der Minierer *Hydroecia micacea* (Schmetterling), *Agriotes lineatus* (Käfer) und *Oscinella frit* (Halmfliege, *Chloropidae*, evtl. auch als Zielorganismus zu betrachten) vor. Potentiell betroffene beißend-kauende Nichtzielorganismen wären *Autographa gamma*, *Spodoptera exigua*, *Heliothis armerigera* (Schmetterlinge), *Oulema melanopus* (Käfer) und *Forficula auricularia* (Ohrwurm) sowie unter den Saugern *Macrosiphum avenae*, *Apis fabae* (Blattläuse), *Lygus pratensis* (Wanze) und *Limothrips denticornis* (Thrips).

DEML & DETTNER (1998) betrachten auch Raupen der Wickler und Erdräupen als potentiell von Bt-Toxinen von Bt-Mais betroffene Organismen.

Eine umfassende Zusammenstellung bekannter Mais-Konsumenten nach DEML & DETTNER (1998, S. 6ff) ist im nachfolgenden Exkurs ‚Herbivore Insekten an Mais‘ dargestellt.

Exkurs: Herbivore Insekten an Mais

Übersicht aus DEML & DETTNER 1998

1. Bisher bekannte Schadinsektenarten (BASEDOW 1983, HOFFMANN & SCHMUTTERER 1983, CARTER 1984, SPAAR et al. 1989):

1.1. beißend-kauende Mundwerkzeuge:

a) an der Pflanzenoberfläche fressend:

ORTHOPTERA (Larven + Adulte):

Gryllotalpa gryllotalpa (L.) (= *G. vulgaris* Latr.; Maulwurfsgrille) (polyphag) (CHIANG 1978, REH 1980)

DERMAPTERA:

Forficula auricularia L. (Ohrwurm) (polyphag) (REH 1980)

COLEOPTERA:

Larven ("Engerlinge") von *Melolontha melolontha* (L.) und *M. hippocastani* (F.) (Maikäfer), *Amphimallon solstitialis* (L.) (Junikäfer), *Anomala aenea* de G. (Julikäfer), *Phyllopertha horticola* (L.) (Gartenlaubkäfer) (alle: Scarabaeidae) (polyphag)

Larven und Adulte von *Oulema melanopus* (L.) (Rothalsiges Getreidehähnchen) und *O. lichenis* (Voet.) (Blaues Getreidehähnchen) (REH [1980] fand jedoch keine Fraßschäden durch *O. melanopus*)

Zabrus tenebrioides Goeze (Getreidelaufkäfer)

Cassida nebulosa L. (Nebliger Schildkäfer) (ist jedoch nach eigenen Recherchen bereits seit Jahrzehnten nicht mehr auf Mais oder Rüben in Erscheinung getreten und sollte daher aus der Liste gestrichen werden)

Tanymecus dilaticollis Gyll. (Maisrüssler)

Sitona lineatus (Blattrandkäfer) (REH 1980)

Crepidodera ferruginea (Scop.) (Rotbrauner Getreideerdflöhen)

Phyllotreta vittula (Redt.) (Gelbstreifiger Getreideerdflöhen)

P. nemorum (REH 1980; unsichere Angabe, da keine Fraßbeobachtung vorliegt)

Chaetocnema aridula (Gyll.) (Halmerdflöhen)

C. hortensis (Geoffr.) (Gartenerdflöhen)

LEPIDOPTERA (Raupen):

Agrotis spp. (z. B. *A. [= Scotia] segetum* und *A. ipsilon*), *Euxoa* spp. ("Erdräupen";

Noctuidae) (polyphag); *A. ipsilon* wandert auch jährlich aus Süden ein (KOCH 1988)

Heliothis armigera (Hübner) (Noctuidae) (polyphag) (auch in CARTER & HAEGREAVES 1987)

Spodoptera exigua (Hübner) (Zuckerrübenmotte; Noctuidae) (polyphag) (auch in CARTER 1994); jährlich einwandernd (KOCH 1988)

Autographa (= *Phytometra* [*Plusia*]) *gamma* (L.) (Gammaeule; Noctuidae) (polyphag) (auch in ATTIA 1985); jährlich einwandernd (KOCH 1988)

Luperina testacea (Noctuidae)

Apatele rumicis (Ampfereule; Noctuidae) (REH 1980)

Clepsis spectrana (Tortricidae) (polyphag) (REH 1980)

DIPTERA (Larven):

Schnaken, z. B. *Tipula paludosa* Mg. (Wiesen-/Sumpfschnake) (polyphag)

Haarmücken

Haarfußwurzelfliegen

Kammschienenwurzelfliegen

b) "minierend" i. w. S. (temporär im Inneren oder dicht umgeben von Pflanzenteilen lebend):

COLEOPTERA (Larven):

Agriotes spp., z. B. *A. lineatus* (L.) (Saatschnellkäfer) und *A. obscurus* (L.) (Düsterer Humusschnellkäfer), *Athous* spp., *Corymbites* spp., *Melanotus* spp. ("Drahtwürmer"; Elateridae) (polyphag)

LEPIDOPTERA (Raupen):

Ostrinia (= *Pyrausta*) *nubilalis* (Hübner) (Maiszünsler; Pyralidae) (polyphag)

Homoeosoma nebulellum (Hbn.) (Sonnenblumenmotte; Pyralidae)

Apamea sordens (Hufn.) (Queckeneule; Noctuidae)
Mesapamea secalis (Noctuidae)
Mythimna unipuncta (Noctuidae)
Sesamia cretica Led. (Hirsestengelbohrer; Noctuidae)
S. nonagrioides (Noctuidae)
Hydroecia micacea (Esp.) (Markeule/Kartoffelbohrer; Noctuidae) (polyphag)
Cnephasia alticolana (Herrich-Schäffer) (= *C. wahlbomiana* L. = *C. virgaureana*; Schattenwickler; Tortricidae) (polyphag)
C. purmiciana Zell. (Getreidewickler; Tortricidae)
C. longana (Haw.) (Ährenwickler; Tortricidae) (polyphag)
Sitotroga cerealella (Oliv.) (Getreidemotte/Französische Kornmotte; Gelechiidae) (oligophag; v. a. Vorratsschädling) (JACOBS & RENNER 1988)

DIPTERA (Larven):

Oscinella frit (L.) (Fritfliege) (oligophag)
O. pusilla (CHIANG 1978, REH 1980)
Phorbia (= *Hylemya*) *platura* (CHIANG 1978, REH 1980)
Elachiptera cornuta (Halmfliege) (CHIANG 1978)
Hydrellia griseola (Fall.) (Gerstenminierfliege)
Geomyza tripunctata (Fall.) (CHIANG 1978) und andere, nicht bestimmte Minierfliegen

1.2. Saugende Mundwerkzeuge:

THYSANOPTERA:

Limothrips denticornis (Hal.) (Bezahnter Getreideblasenfuß)
Haplothrips aculeatus (Fabr.) (Gemeiner Getreideblasenfuß)
außerdem eine Reihe weiterer Thripse

HOMOPTERA:

Zikaden, verschiedene Arten (z. B. Gattung *Cicadida*); Fam. Delphacidae und Jassidae (REH 1980)
Macrosiphum (*Sitobion*) *avenae* (F.) (= *Sitobion granarium* Kirby; Große Getreideblattlaus) (oligophag)
Rhopalosiphum padi (L.) (Hafertraubenkirschenblattlaus) (oligophag)
R. maidis (Fitch) (Maisblattlaus)
Metopolophium dirhodum (Walker) (Bleiche Getreideblattlaus) (oligophag)
Aphis fabae Scop. (Schwarze Bohnenblattlaus)
Byrsocrypta personata C. Björn. (Wurzellaus)
B. gallarum (CHIANG 1978)
weitere, nicht bestimmte Blattlausarten

HETEROPTERA:

Lygus pratensis (L.) (Gemeine Wiesenwanze)

L. rugulipennis (Popp.) (Trübe Feldwanze)
Calocoris norvegicus (Gmel.) (Zweipunktige Wiesenwanze)
 verschiedene andere Wanzenarten

2. Weitere europäische Herbivore nach CHIANG (1978), welche aber zumindest für Deutschland auf Mais keine Bedeutung zu haben scheinen:

BLATTFRESSER:

Melanogryllus desertus (Orth.)
Chaetocnema tibialis (Col.)
C. pulicaria (Col.)
Lethrus apterus (Col.)
Loxostege stricticalis
Pyroderces rileyi (Lep., Cosmopterygidae)
Spodoptera (= *Laphygma*) *exempta* (Lep., Noctuidae)

MINIERER:

Chilo zonellus (Lep., Crambidae)
Diatraea grandiosella (Lep., Pyraidae)
D. crambidoides (Lep., Pyralidae)

SAUGER:

Myzus spp. (Hom.)

Weitere Vorschläge zu Testorganismen, die direkt von dem Toxin im Mais oder über ihre Nahrungskette vom Toxin betroffen sein können, liegen von JEPSON et al. (1994) vor (s. Tabelle 3).

Die Untersuchungen von HILBECK et al. (1998 u. 1999) (s. o.) weisen darauf hin, dass auch einzelne Glieder der Nahrungskette übersprungen werden können, die Effekte dann aber beim nächsten Glied der Nahrungskette wieder auftreten können. So starben Florfliegenlarven (*Chrysoperla carnea*) nach Fraß des afrikanischen Baumwollwurms (*Spodoptera littoralis*), der Bt-Baumwolle gefressen hatte, obwohl dieser durch das Bt-Toxin nicht vergiftet wurde. Dies zeigt, dass Wirkungsketten und Nahrungsketten auch weiter betrachtet werden müssen, selbst wenn in einem Kettenglied keine Wirkungen sichtbar werden. Das macht ein Monitoring im Freiland, wo eine Vielzahl weiterer Einflüsse wirksam werden, jedoch sehr kompliziert (s. auch Kap. 2).

Weitere konkrete Hinweise zu Effekten auf Arten, die sich von Maiskonsumenten, die keine Effekte auf Bt-Mais-Konsum zeigen, ernähren (also entsprechend den Florfliegenlarven nach Verzehr des afrikanischen Baumwollwurms), gibt es für Deutschland bislang nicht. Hier müssten also weite Nahrungsketten beobachtet werden. Das erscheint im Rahmen eines Monitorings anhand von konkreten Parametern nicht möglich. Die Möglichkeit solcher Effekte sollte aber bei der Betrachtung der Ergebnisse allgemeiner Biodiversitätsbeobachtungen berücksichtigt werden.

Tabelle 3:Bt-test systems currently established (by use in official procedures) in or under development: **PProd** primary producers; **H** herbivores; **P/P** predators/parasites; **D/S(fa)** decomposers/saprophytes – micro/meso/macrofauna; **D/S(fl)** decomposers/saprophytes – micro/meso/macrofauna; **NMicro** nutrient microcycling. Also (in parentheses) organisms, or processes, recognized as being suitable for testing purposes or as being particularly representative of the soil ecosystem; aus: JEPSON et al. (1994)

Processes	Test system	Processes	Test system
Carbon cycle	NMicro	Isopoda (C)	D/S(fa)
soil respiration	D/S(fl)	(Oniscus asellus)	H, D/S(fa)
litterbag test	NMicro	(Triconiscus pusillus)	H, D/S(fa)
cotton strip test	NMicro	(Porcellio scaber)	H, D/S(fa)
dehydrogenase	D/S(fl)	(Trachelipus rathkii)	H
(microbial biomass)	D/S(fl)	Acarina (C/N)	P/P,D/S(fa)
(glutamic acid degradation)	D/S(fl)	(Hypoaspis aculeifer)	D/S(fa)
(¹⁴ C- acetate mineralization)	D/S(fl)	(Platynothorus peltifer)	D/S(fa)
(¹⁴ C- chloroform mineralization)	D/S(fl)	(Adoristris ovatus)	D/S(fa)
(¹⁴ C- benzoate mineralization)	D/S(fl)	Amblyseius finlandicus	D/S(fa)
(¹⁴ C- chlorophenol mineralization)	D/S(fl)	A. potentillae	D/S(fa)
Nitrogen cycle	Nmicro	Thyphlodromus pyri	P/P,D/S(fa)
symbiotic nitrogen fixation	Nmicro	Phytoseiulus persimilis	P/P
aerobic heterotrophic nitrogen fixation	D/S(fl)	Collembola (C)	D/S(fa)
blue-green algae	Pprod	Folsomia candida	D/S(fa)
ammonification	Nmicro	(Folsomia fimetaria)	D/S(fa)
nitrification	Nmicro	(Onychiurus armatus)	D/S(fa)
denitrification	Nmicro	(Tullbergia krausbaueri)	D/S(fa)
urease	Nmicro	(Orchesella cincta)	D/S(fa)
Phosphate cycle	NMicro	Arachnida (P)	P/P,D/S(fa)
phosphatase	NMicro	(Oedothorax apicatus)	P/P
Sulphur cycle	NMicro	Erigone atra	P/P
arylsulphatase	NMicro	Lepthyphantes tenuis	P/P
Soil microorganisms	D/S(fl), NMicro	Diplopoda (P)	P/P,D/S(fa)
saprotrophic fungi	D/S(fl), NMicro	(Glomeris marginata)	D/S(fa)
(actinomycetes)	D/S(fl), NMicro	(Cylidroiulus sylvanus)	D/S(fa)
(phycomycetes)	D/S(fl), NMicro	Coleoptera (P)	P/P
(basidiomycetes)	D/S(fl), NMicro	Aleochara bilineata	P/P
(zygomycetes)	D/S(fl), NMicro	Poecilus (Pterostichus) cupreus	P/P
Ectomycorrhiza	[D/S(fl)], NMicro	Bembidion lampros	P/P
VA mycorrhiza	NMicro	Agonum dorsale	P/P
Bacteria	D/S(fl), NMicro	Coccinella septempunctata	P/P
		(Gastrophysa polygoni)	H
Invertebrates	D/S(fa)	Diptera(P)	P/P
Protozoa (C)	D/S(fa)	Syphus corollae	P/P
(Colpoda cucullus)	D/S(fa)	Hemiptera (P)	P/P
Nematoda (C)		Anthocoris nemorum	P/P
(Plectus parientinus)	D/S(fa)	Hymenoptera (P)	P/P
Oligochaeta (C)	D/S(fa)	Encarsia formosa	P/P
(Enchytraeus albidus)	D/S(fa)	Diaretiella rapae	P/P
(E. cf. globuliferus)	D/S(fa)	Coccigomimus turionellae	P/P
Eisenia fetida	D/S(fa)	Phygadeuon trichops	P/P
(Aporrectodea caliginosa)	D/S(fa)	Neuroptera (P)	P/P
(Lumbricus rubellus)	D/S(fa)	<i>Chrysoperla carnea</i>	P/P
(L. terrestris)	D/S(fa)		

Hypothesenkomplex 4.2.2.1a: Das Bt-Toxin aus Bt-Mais beeinflusst die Bestände phytophager und stechend-saugender Organismen an Mais und von Prädatoren phytophager Organismen an Mais.

Parameter zu H4.2.2.1a:

- Bestände phytophager und stechend-saugender Organismen an Mais und von Prädatoren phytophager Organismen an Mais im Vergleich Bt-Mais mit konventionellem Mais (*Chrysoperla carnea*, *Syrphus corollae*, *Syrphus vitripennis*, *Aleochara bilineata*, *Myzus persicae*, *Typhlodromus occidentalis*, *Xylocoris flavipes*, Laufkäfer der Gattung *Pterostichus*, *Homoeosoma nebulellum*, *Hydroecia micacea*, *Agriotes lineatus*, *Oscinella frit*, *Autographa gamma*, *Spodoptera exigua*, *Heliothis armerigera*, *Oulema melanopus*, *Forficula auricularia*, *Macrosiphum avenae*, *Apis fabae*, *Lygus pratensis*, *Limothrips denticornis*) (paP)

Mit der Produktion des Bt-Toxins durch die Maispflanze selbst, wird das Toxin-Gen von manchen Bt-Mais-Linien auch in den Pollen exprimiert. Allerdings ist zu beachten, dass es hier große Unterschiede (je nach den verwendeten Promotoren und ihrer Aktivität in den Pollen) zwischen verschiedenen Bt-Mais-Linien gibt. Je nach Linie werden verschiedene Toxinmengen in den Pollen produziert (s. auch Kap. 4).

Nach NOWAKOWSKI & MORSE (1982) produzieren verschiedene Zuckermaissorten über 70 kg Pollen pro ‚acre‘ (4.046,8 m², also circa 175 kg Pollen pro ha).

Von den Toxinen können Pollen fressende Insekten direkt betroffen sein.

SCHMITZ et al. (2000) gehen davon aus, dass Arten der *Stenodema* (Fam. der *Miridae*, Weichwanzen), *Orius* (Fam. der *Anthocoridae*, Blumenwanzen), *Cantharidae* (Weichkäfer) und *Syrphidae* (Schwebfliegen) Pollen fressen und ziehen eine Maispollenaufnahme von Arten der *Apidae* (Bienen) sowie Arten der *Tenthredinidae* (Echte Blattwespen), *Muscidae* (Echte Fliegen) und *Stratiomyidae* (Waffenfliegen) in Betracht.

Nach DÜLL & KUTZELNIGG (1994) gehören Bienen zu den Maispollenkonsumenten. Für Honigbienen ist Mais eine wichtige Pollenquelle. Mit dem Bt-Mais-Pollen nehmen nun die Bienen das Toxin auf. FLEXNER et al. (1986) beobachteten zwischen 40 und 100 % Mortalität bei der Honigbiene, *Apis mellifera* als Reaktion auf *B.t.* var. *kurstaki*-Präparate.

In einem Fütterungsexperiment wurden für Bienen-Larven keine negativen Effekte festgestellt. Bei näherer Betrachtung des Versuchsdesigns wird jedoch deutlich, dass dies unter den gegebenen Versuchsbedingungen kaum möglich war: an Larven wurde nicht-vorverdauter Pollen verfüttert, obwohl Larven unter natürlichen Bedingungen nur mit Pollen gefüttert werden, der zuvor von den Arbeiterinnen vorverdaut wurde (HILBECK et al. 2000).

Hypothese 4.2.2.1b: Pollenfressende Insekten werden durch das Bt-Toxin aus Bt-Maispollen geschädigt.

Parameter zu H4.2.2.1b:

- Populationsgrößen pollenfressender Insekten, beispielsweise Arten der Apoidae (Bienen, insbes. die Honigbiene *Apis mellifera*), *Stenodema* (Fam. der *Miridae*, Weichwanzen), *Orius* (Fam. der *Anthocoridae*, Blumenwanzen), *Cantharidae* (Weichkäfer), *Syrphidae* (Schwebfliegen) sowie Arten der *Tenthredinidae* (Echte Blattwespen), *Muscidae* (Echte Fliegen) und *Stratiomyidae* (Waffenfliegen), auf Anbauflächen mit Bt-Mais im Vergleich zu Anbauflächen mit konventionellem Mais (paP)

Auch wenn Bienen beim hauptsächlichen Windbestäuber Mais eine untergeordnete Bestäuberrolle spielen (sie den Maispollen aber sehr wohl als wichtige Nahrungsquelle nutzen, s. o.), so sind sie doch für andere Kultur- und Wildpflanzen als Bestäuber sehr wichtig. Sollten die Bienenbestände durch Bt-Mais-Anbau beeinflusst werden, könnte dies Auswirkungen auf die Samenproduktion anderer Pflanzen und damit auf weitere Nahrungsketten haben. Allerdings sollte nicht nur die Honigbiene als Parameter herangezogen werden, da ihr Vorkommen und ihre Lebensbedingungen dem zusätzlichen Faktor ‚Mensch‘ unterliegen und Honigbienen damit keine Landschaftsraumbindung wie wild lebende Arten zeigen.

Hypothese 4.2.2.1c: Bei großflächigem Bt-Mais-Anbau wirken sich Effekte auf Bestäuber auch auf die erfolgreiche Bestäubung und damit die Samenproduktion anderer insektenbestäubter Pflanzen aus.

Parameter zu H4.2.2.1c:

- Bestäuberdichte in Gebieten mit großflächigem Bt-Maisanbau im Vergleich zu landwirtschaftlich genutzten Regionen ohne Bt-Maisanbau (VP)

Durch die Dezimierung der Bienen- oder anderer pollenfressender Insektenpopulationen könnten in der Folge auch deren Fraßfeinde durch Nahrungsmangel betroffen sein. Monophage und oligophage Prädatoren sind dadurch besonders stark betroffen. Zum Beispiel ernährt sich der Bienenwolf (*Philanthus triangulum*), eine Grabwespe, ausschließlich von Honigbienen. Die Art wäre potentiell besonders stark von Bestandsveränderungen der Honigbiene betroffen.

Ferner ernähren sich auch Spinnen (z. B. Netzspinnen, aber auch andere Spinnen), Wespen, Hornissen sowie im Winter Spitzmäuse anteilig von Bienen (<http://www.bienen-netz.de/Wissen/seite-f.htm>). Wie sich hier bereits zeigt, können sich Toxineffekte auf einzelne Arten in der Nahrungskette fortsetzen. Eine Anreicherung der Toxine innerhalb der Nahrungskette scheint zwar eher unwahrscheinlich, die Auswirkungen können jedoch subletal sein oder sich in einem veränderten Fortpflanzungserfolg der Tiere zeigen (TRAXLER et al. 2000).

Hypothese 4.2.2.1d: Effekte auf Bienen oder andere pollenfressende Insekten können sich in der Nahrungskette bei deren Prädatoren fortsetzen.

Parameter zu H4.2.2.1d:

- Bestandsentwicklung der Prädatoren der pollenfressenden Insekten (z. B. Netzspinnen, Bienenwolf, weitere Wespen, Hornissen) in der Umgebung von Anbauflächen mit Bt-Mais im Vergleich zu Anbauflächen mit konventionellem Mais (VP)

Nicht jeder Organismus, der Pollen aufnimmt, tut dies absichtlich. Neben den Tieren, die Pollen als Nahrung nutzen, wie zum Beispiel den Bienen, können auch eine Vielzahl von Organismen Pollen unbeabsichtigt mit ihrer eigentlichen Nahrung aufnehmen. Hierbei wird es sich besonders um solche Organismen handeln, die in oder in der Nähe von Maisfeldern an anderen Pflanzenteilen fressen, auf die durch den Wind Pollen gestäubt wurde. Eine Beeinflussung kann damit auch in benachbarten Pflanzenbeständen, deren oberirdische Teile mit transgenem Pollen bestäubt sind, erfolgen.

Aufgrund des Wirkungsspektrums des B.t.-Toxins ist hier insbesondere an oberirdisch an Pflanzen fressende Insekten, wie Käfer (DEML & DETTNER 1998, ATTIA 1985) und Schmetterlingslarven zu denken.

In Laborversuchen konnten direkte Effekte auf Arthropoden nachgewiesen werden. LOSEY et al. (1999) und HANSEN JESSE & OBRYCKI (2000) fanden bei Larven des Monarchfalters (*Danaus plexippus*) eine erhöhte Mortalität, wenn man diese mit Blättern, auf die Pollen von Bt-Mais aufgetragen war, beziehungsweise die mit Pollen unter natürlichen Bedingungen bestäubt waren, fütterte.

Es wird oft kritisiert, dass die Versuche, die Effekte auf Nichtziel-Lepidopteren zeigen, überwiegend unter Laborbedingungen stattfanden. Versuche, die ausschließlich im Freiland durchgeführt wurden, liegen zu der Problematik jedoch (noch) nicht vor. Die Versuche von LOSEY et al. (1999) und HANSEN JESSE & OBRYCKI (2000) weisen darauf hin, dass es Effekte von Bt-Maispollen auf Schmetterlingslarven geben kann und dass weitere Untersuchungen geboten sind, um Wirkungen abschätzen und bewerten zu können. Auch Untersuchungen am Schwalbenschwanz (*Papilio machaon*) in den USA zeigten in Labor-Fütterungsexperimenten mit Bt-176-Mais (Sorte Max 454, Novartis) letale Wirkungen von Bt-Pollen für Larven (WRIGHT et al. 2000). Anschließend wurde jedoch mit denjenigen Bt-Mais-Pollen, bei denen Effekte im Labor auftraten, im Freiland nicht weitergearbeitet, so dass die Autoren schlussfolgern konnten, dass unter den beobachteten Freilandbedingungen keine Effekte beobachtet werden konnten (WRIGHT et al. 2000). Zur Fortführung dieser Untersuchungen wären insbesondere Effekte des im Labor für Schwalbenschwanzlarven letalen Pollens der Maisvarietät Max 454 von Novartis unter Freilandbedingungen zu untersuchen. Hinzu kommt, dass der Schwalbenschwanz bei großflächigem Maisanbau dem Pollen stärker ausgesetzt sein könnten, als der Monarch-Falter, da sich Schwalbenschwänze zu Balzzwecken an optisch markanten Stellen sammeln ("hill-topping") (<http://www.photographers-experience.ch/images/archiv/butterfly/schwalbenschwanz.htm>).

Bei den möglichen Effekten auf Schmetterlinge ist zu beachten, dass Schmetterlinge nicht direkt in den Maisfeldern leben müssen, damit ihre Larven in die Gefahr geraten, Bt-Maispollen mit ihrer

pflanzlichen Nahrung aufzunehmen. An die Felder schließen sich oft Wiesen, Hecken und Wälder an. Schmetterlinge, die dort leben, können auch durch den Anbau von Bt-Mais betroffen sein.

Greenpeace International veröffentlichte im Herbst 2000 im Internet eine Liste von 150 potentiell vom Bt-Mais-Anbau betroffenen Schmetterlingen in ganz Europa (s. Tab 4 im Anhang, ergänzt). In der Liste sind nur solche Arten aufgeführt, deren Larven aufgrund ihres Auftretens und Fraßverhaltens in den Monaten Juni, Juli, August Pollen aufnehmen könnten. DÜLL & KUTZELNIGG (1994) geben den Blühzeitraum für Mais mit Juli bis November an. Da Mais jedoch in der Regel im August geerntet wird und um auch in Jahren, in denen Mais außergewöhnlich früh blüht, Effekte zu erfassen, scheint der Zeitraum Juni bis August sinnvoll gewählt. Ein Abgleich mit aktuellen Schmetterlingsdaten für Deutschland (GAEDICKE & HEINICKE 1999) zeigt, dass die meisten der aufgelisteten Arten auch in Deutschland in den Bt-Mais-Anbaugebieten vorkommen (s. Tab. 4 im Anhang).

Da aufgrund begrenzter Ressourcen für ein Monitoring nicht alle Arten als Parameter herangezogen werden können, musste eine pragmatische Eingrenzung der Liste auf wenige Parameterarten erfolgen. Hier wurden einerseits diejenigen Arten nicht berücksichtigt, die nur im Juni Pollen aufnehmen könnten, da aufgrund der Blütezeit von Mais in Deutschland ab Juli für solche Arten das Risiko der Aufnahme von Bt-Maispollen gering sein dürfte. Ferner bleiben alle Arten unberücksichtigt, die nicht in den Hauptbefallsregionen des Maiszündlers auftreten. Dennoch bleibt noch eine Vielzahl (121) potentiell relevanter Arten. Für eine pragmatische Eingrenzung der Liste wurde ferner Arten, deren Larven sich in erster Linie auf Pflanzen der Wälder, Gebüsche, Moore, Heiden und Trockenrasen ernähren oder die sich in diesen Biotoptypen vornehmlich aufhalten, nicht weiter berücksichtigt, da solche Biotope seltener den nährstoffintensiven Maisfeldern einer intensiven Landwirtschaft benachbart vorkommen.

Die Tabelle 5 enthält alle verbleibenden Arten. Jene Arten, deren Larven sich insbesondere auf Pflanzen wie *Urtica* und *Rumex* oder diversen Gräsern - also verbreiteten Pflanzen der (nährstoffbeeinflussten) Ackerraine - ernähren, sind hervorgehoben (*kursiv*) und werden hier als Parameter vorgeschlagen: *Timandra griseata*, *Lycaena phlaeas*, *Abrostola trigemina*, *Apamea monoglypha*, *Lacanobia oleracea*, *Melanchra persicariae*, *Mythimna pallens*, *Mythimna comma*, *Peridroma saucia*, *Trachea atriplicis*, *Aglais urticae*, *Inachis io* und *Vanessa atalanta*. (Für eine weitere oder andere Eingrenzung müssten Lepidopterenspezialisten herangezogen werden.) Weiterhin denkbar wäre, auch diejenigen Arten als Parameter auszuwählen, deren Larven an Raps und Zuckerrübe und deren Kreuzungspartnern fressen, da sie beispielsweise über Positions- und Pleiotropieeffekte bei jenen Pflanzen doppelt vom Anbau gentechnisch veränderter Pflanzen betroffen sein könnten. Für eine letztendliche Auswahl von Monitoringarten wäre auch zu beachten, zu welchen Arten bereits aus bestehenden Erhebungsprogrammen Daten vorliegen.

Über die Schmetterlinge hinaus wurden für eine Reihe weiterer Tiere Untersuchungen gemacht, um abzuschätzen, ob für sie der unabsichtliche Verzehr von Bt-Maispollen negative Wirkungen zur Folge hat. Bei genauerer Betrachtung erweisen sich jedoch viele Studien z. B. zu Wasserflöhen,

Springschwänzen, Honigbienenlarven, Florfliegen und Regenwürmern vom Versuchsdesign her so angelegt, dass Effekte gar nicht auftreten konnten (HILBECK et al. 2000).

In anderen Versuchen zeigten sich bei Springschwänzen beim Verzehr von Bt-Maispollen bei hohen Toxin-Konzentrationen negative Effekte (EPA 1995; s. auch Kap. 4.2.2.3). Es ist möglich, dass auch bei niedrigeren Konzentrationen negative Wirkungen auftreten.

Effekte auf einzelne Organismengruppen können sich wiederum in der Nahrungskette fortsetzen, so dass erneut auf die oben genannten zum Teil insektivoren Vögel der Feldfluren (Grauammer und Ortolan) verwiesen sei (s. auch folgendes Kapitel).

Hypothesenkomplex 4.2.2.1e: Es treten toxische Effekte von Bt-Maispollen bei Organismen auf, die Pollen unbeabsichtigt aufnehmen, und diese Effekte setzen sich in der Nahrungskette fort.

Parameter zu H4.2.2.1e:

- Bestandsentwicklung oberirdisch an Pflanzenteilen fressender Käfer in der Nähe von Bt-Maisfeldern (VP)
- Bestandsentwicklung der in Begleitbiotopen vorkommenden Falter, die zur Pollenreife des Mais Larvenstadien aufweisen im Vergleich zur Umgebung konventioneller Maisfelder (*Timandra griseata*, *Lycaena phlaeas*, *Abrostola trigenina*, *Apamea monoglypha*, *Lacanobia oleracea*, *Melanchra persicariae*, *Mythimna pallens*, *Mythimna comma*, *Peridroma saucia*, *Trachea atriplicis*, *Aglais urticae*, *Inachis io*, *Vanessa atalanta*) (paP)
- Bestände der potentiellen Fraßfeinde dieser Falter: Grauammer, Ortolan (VP)

Hilfsparameter:

- Distanz des Pollentransportes von Bt-Mais (s. auch Kap. 4.1)

Durch eine mögliche Veränderung von Inhaltsstoffen oder Stoffwechselwegen aufgrund von Positions- und Pleiotropieeffekten (s. auch Kap. 7) im Bt-Mais wäre denkbar, dass Insekten, Schnecken und andere Tiere ihre Nahrungsgewohnheiten ändern. Dies könnte wiederum Auswirkungen auf deren Fraßfeinde, beispielsweise Vögel (s. o. und folgendes Kapitel), haben (TRAXLER et al. 2000).

Kommt es tatsächlich zu Änderungen im sekundären Pflanzenstoffwechsel, so können dadurch auch Interaktionen zwischen Pflanze und Parasitoiden der Phytophagen gestört werden. So scheiden beispielsweise einige Pflanzen ätherische Öle oder andere Stoffe aus, wenn sie von Phytophagen befallen werden. Diese Stoffe ziehen wiederum die Feinde der Phytophagen an. Entsprechende Systeme können durch die gentechnischen Veränderungen beeinflusst und gestört werden.

Da zu entsprechenden Wechselwirkungen kaum Untersuchungen vorliegen, sollen hier keine Hypothesen abgeleitet werden.

4.2.2.2. Wirbeltiere

Zu den direkten Maiskonsumenten zählen unter den Vögeln Fasane, Eichelhäher, Saatkrähen, Haustauben, Turteltauben sowie in ortsnahen Lagen Haussperlinge und bei den Säugern das Reh, gelegentlich oder auch regelmäßig das Muffelwild und der Hase. Auch Wildschweine konsumieren insbesondere in waldarmen Gegenden Mais. Als Omnivore besteht ihr Nahrungsspektrum ferner in ausgeprägtem Maße aus Kleintieren, Insekten und Würmern (MÄNNER 2000). Damit könnten Wildschweine über diverse Quellen mit dem Bt-Toxin oder Effekten des Bt-Mais-Anbaus konfrontiert sein. Bislang liegen keine Untersuchungen zu Effekten auf Wildschweine vor. Daher wäre es spekulativ, Effekte bei physiologischen Merkmalen oder im Verhalten zu vermuten. Hier müssten zunächst Untersuchungen durchgeführt werden. Daher wird hier zunächst nur der Parameter Bestandszahlen des Wildschweins vorgeschlagen. Da es hier vermutlich keine genauen und schon gar nicht bundesweit einheitlichen Erhebungen gibt, wird alternativ der pragmatisch gewählte Parameter Abschussraten des Wildschweins vorgeschlagen, da entsprechende Daten vergleichsweise einfach aus Jagdstatistiken zu ermitteln sein dürften. Da jedoch eher physiologische Effekte als gleich durchschlagende Effekte auf die gesamten Bestände zu erwarten sind, ist zu überlegen, den Parameter nur mit sekundärer Priorität zu betrachten.

Der Nachweis der Aufnahme von transgenem Pflanzenmaterial durch Wirbeltiere kann möglicherweise durch eine Untersuchung des Kots der Wirbeltiere auf transgene Sequenzen erfolgen.

Hypothese 4.2.2.2a: Veränderungen im Mais aufgrund des gentechnischen Eingriffs sowie das Toxin im Bt-Mais haben Effekte auf maiskonsumierende Wirbeltiere.

Parameter zu H4.2.2.2a:

- Bestandsentwicklung maisfressender Wirbeltiere (Fasane, Eichelhäher, Saatkrähen, Haustauben, Turteltauben, Haussperlinge, Rehe, Muffelwild und Hase) (VP)
- Bestandszahlen oder Abschussraten des Wildschweins (VP)

Hilfsparameter:

- Nachweis der Bt-Toxin-Gensequenz in den Ausscheidungen von Wirbeltieren

Als bienenfressender Vogel kann der Bienenfresser (*Merops apiaster*) von Nahrungsketteneffekten betroffen sein (HEINZEL et al. 1988). Dieser kommt in Deutschland nur in einigen besonders warmen Gegenden, insbesondere am Kaiserstuhl vor, sein Hauptverbreitungsgebiet liegt im Mittelmeerraum. Andere Vögel, insbesondere verschiedene Meisenarten nutzen vor allem im Winter Bienen gelegentlich als Nahrungsquelle. Auch Spitzmäuse ernähren sich vor allem im Winter anteilig von Bienen (<http://www.bienen-netz.de/Wissen/seite-f.htm>).

Zoophage Vögel der Ackerlebensräume können indirekt vom Bt-Maisanbau über die Nahrungsketten betroffen sein. Als Parameter werden wie in Kapitel 3.2 die zum Teil insektivoren Arten Grauammer (*Miliaria calandra*) und Ortolan (*Emberiza hortulana*) vorgeschlagen.

Hypothesenkomplex 4.2.2.2b: Zoophage Vögel und Säuger sind über Veränderungen bei ihren Nahrungsorganismen oder durch eine Toxinakkumulation in der Nahrungskette von Bt-Mais-Anbau betroffen.

Parameter zu H4.2.2.2b:

- Bestandsveränderungen beim Bienenfresser (*Merops apiaster*) und weiteren insektenfressenden Vögeln wie z. B. Grauammer (*Miliaria calandra*) und Ortolan (*Emberiza hortulana*) in der Umgebung von Anbauflächen mit Bt-Mais im Vergleich zu Anbauflächen mit konventionellem Mais (VP)
- Bestandsentwicklung bei Spitzmäusen in Bt-Mais-Anbaugebieten (VP)

Durch die Insertion der eingebauten Gene bzw. Gensequenzen im Bt-Mais können andere Gene ge- oder zerstört sein. Regulationssequenzen können beeinflusst werden (KLÖPFFER et al. 1999). Falls eindeutige morphologische oder Fitness-Kennzeichen betroffen sind, so werden entsprechende Linien in der Sortenentwicklung sicherlich nicht weiter verfolgt. Sind aber unbekannte, als unbedeutend eingestufte oder nur zeitweilig aktive Funktionen verändert, können diese Veränderungen unbeobachtet bleiben oder keine Beachtung finden. Viele Mechanismen, Steuerungen und Wechselwirkungen innerhalb von Pflanzen sowie mit anderen Lebewesen sind jedoch noch gänzlich unbekannt. Wirkungen in diesen ‚Black Boxes‘, zum Beispiel von sekundären Pflanzeninhaltsstoffen sind daher kaum vorauszusagen, können aber ungeahnte Folgen haben. Über den sekundären Pflanzenstoffwechsel beispielsweise ist bisher zu wenig bekannt. Wenn sich jedoch phänologische, physiologische oder morphologische Änderungen ergeben, kann dies Effekte im gesamten Gefüge fein abgestimmter und in ihren Prozessen aufeinander eingespielter Ökosysteme haben (s. auch Kap. 7).

Jede Veränderung in der Genexpression gegenüber nicht transgenen Pflanzen durch die Insertion neuer Gensequenzen kann zu Veränderungen an irgendeiner Stelle des gesamten Maismetabolismus führen.

Durch unbekannte Wirkungen auf Regulation oder Ausbildung von Merkmalen der gentechnisch veränderten Pflanzen selbst könnten im Laufe der Evolution entstandene, noch unbekannte Interaktionen mit anderen Organismen gestört werden sowie andere Wirkungen auf Nichtzielorganismen eintreten.

Bei Änderungen in der Zusammensetzung von Inhaltsstoffen könnte in der Folge eine Bevorzugung oder Vermeidung von Mais durch Herbivore auftreten. Maiskörner werden von verschiedenen Vögeln, beispielsweise Rebhuhn (*Perdix perdix*), Wachtel (*Coturnix coturnix*), Taube (*Columba spec.*), Fasan (*Phasianus colchicus*), Rabenvögeln (*Corvus spec.*) und Lerche (*Alaudidae*)

gefressen (TRAXLER et al. 2000). Falls diese Arten aufgrund von Inhaltsstoffveränderungen Maiskörner meiden, müssen sie auf andere Nahrungsquellen ausweichen, sodass gegebenenfalls andere Samenbestände stärker dezimiert werden.

Die hier umrissenen denkbaren aber mangels konkreter Hinweise noch nicht näher fassbaren Effekte können derzeit nicht mit Parametern hinterlegt werden.

4.2.2.3. Effekte auf das Bodenleben

In Kapitel 4.4 wird darauf hingewiesen, dass durch die hohe Persistenz des Bt-Toxins und seine permanente Bereitstellung aus den Pflanzen (Exsudat aus Wurzeln und verrottendes Material) (Nichtziel-) Organismengruppen im Boden über lange Zeit mit hohen Dosen des Toxins konfrontiert werden können. Die Folgen für das Bodenleben sind noch unklar. Ergebnisse sind bisher uneinheitlich und uneindeutig. Gerade im Boden können beobachtbare Effekte eventuell auch nicht mit dem Toxin selbst, sondern mit anderen Änderungen im Metabolismus der gentechnisch veränderten Pflanze zusammenhängen. Für die Forschung besteht hier noch hoher Untersuchungsbedarf.

Das Bt-Toxin im Boden scheint Auswirkungen auf die Bodeninvertebraten zu haben. Unterirdisch mit dem Toxin in Berührung kommende Arthropoden können Schaden nehmen, insbesondere solche, die am Dekompositionsprozess beteiligt sind.

SAXENA et al. (1999) ließen Larven des Tabakwurms (*Manduca sexta*) auf einem Medium, das Wurzelabscheidungen von Bt-Mais enthielt, wachsen. Die Larven stellten ihre Fraßtätigkeit ein und starben nach 2-3 Tagen. Die Larven auf Medium ohne Bt-Mais-Wurzelexsudat entwickelten sich hingegen normal.

Durch hohe Toxinkonzentrationen im Boden konnte eine erhöhte Mortalität der Collembolen *Folsomia candida* nachgewiesen werden (EPA 1995). Aufgrund des Versuchsdesigns bleibt offen, ob nicht bereits bei deutlich niedrigeren Konzentrationen Effekte nachgewiesen werden könnten.

Neben Springschwänzen könnten auch Regenwürmer, Tipulidenlarven (Schnaken), Mollusken und Käfer und deren Larven durch das Toxin geschädigt werden. Zwar wurden bei Regenwürmern keine Effekte beobachtet, was aber seine Ursache in der Versuchsanlage haben kann (HILBECK et al. 2000). Invertebraten spielen eine wichtige Rolle bei der Regulation des Bestandes pflanzenschädigender Pilze. Pilzinfektionen der Maispflanze erfolgen hauptsächlich über die Wurzeln vom Boden her, aber auch durch Sporen über Wunden am Stängel oder den Blättern (KOECHLIN 1999). Mais ist besonders durch Aspergillus- und Fusarienbefall gefährdet (www.baselland.ch/docs/vsd/labor/aktuell/mais.htm).

Als weitere Folge können Fraßfeinde der Invertebraten durch Nahrungsreduktion beeinflusst werden. Die genannten Invertebraten sind vor allem als Nahrung für Drosseln und Lerchen (s. auch Kap. 3.2, potentiell doppelte Beeinflussung, bezüglich der Lerchen ist jedoch zu bedenken, dass die Bestände in Deutschland bereits zur Zeit rückläufig sind) wichtig. Durch Veränderungen des

Nahrungsangebots könnte der Lebensraum für diese Vögel an Qualität verlieren (TRAXLER et al. 2000). Auch hier sei wiederum auf die Fortsetzung von Effekten in Nahrungsketten (s. o.) verwiesen.

Hypothese 4.2.2.3: Durch die permanente Anwesenheit des Bt-Toxins in Böden von Bt-Kulturen wird das Bodenleben beeinflusst.

Parameter zu H4.2.2.3:

- Bestandsentwicklung von Regenwürmern und Mollusken sowie Arthropoden wie z. B. Springschwänzen, Tipulidenlarven und Käfern (und deren Larven) im Vergleich zu Anbauflächen mit konventionellem Mais (paP)
- Bestandsentwicklung von Bodenprädatoren (Spinnen, Käfer, insektivore Kleinsäuger wie der Maulwurf) im Vergleich zu Anbauflächen mit konventionellem Mais (VP)

Wenn sich Effekte auf das Bodenleben ergeben, so sind darauf aufbauend wiederum Effekte auf die Bodenchemie, bodenphysikalische Größen, Humifizierung und Bodenfruchtbarkeit zu erwarten (LABES et al. 1999; s. Kap. 4.3 und 4.4).

4.2.2.4. Effekte auf Gewässerorganismen

Aufgrund der Möglichkeit, dass ungewöhnlich viel Bt-Toxin in Böden gelangt, stellt sich die Frage, ob hier auch ein Austrag in Gewässer stattfindet. Unseres Wissens liegen hierzu bislang keinerlei Untersuchungen vor. Für den Fall eines Toxinaustrags in Gewässer ist mit einem Einfluss auf die dort lebenden Organismen zu rechnen. Auch über verdriftenden Pollen kann das Toxin in Gewässer gelangen.

Nach GLARE & O'CALLAGHAN (2000) haben bislang nur wenige Studien Effekte von B.t.-Toxinen auf Nichtzielorganismen in Gewässern untersucht. Von *Bacillus thuringiensis israelensis* ist bekannt, dass die von dieser Subspezies gebildeten Toxine Effekte auf *Nematocera* (Mücken), *Simuliidae* (Kriebelmücken), *Blephariceridae* (Netzmücken) und einige Chironomidenlarven (Zuckmücken) haben. *Chironomus plumosus* erwies sich als sensibel für Toxindosen, die über den auf Feldern gewöhnlich eingesetzten Dosen lagen. Unklar ist, ob und wenn ja in welchen Konzentrationen das verkürzte, aktive CryIA(b)-Toxin des Bt-Mais auch Wirkungen auf die für *B. t. israeliensis*-empfindlichen Organismengruppen haben kann. KREUTZWEISER et al. (1994) beobachteten in Felduntersuchungen, dass die Bestände von *Leuctra tenuis* (Ord. *Plecoptera*, Steinfliegen) auf *Bacillus thuringiensis kurstaki*-Applikation nach vier Tagen mit einem 70%igen Rückgang reagierten. Auch nach 18 Tagen war der Steinfliegenbestand noch deutlich, jedoch nicht signifikant geringer als im Referenzgewässer. Da diese Empfindlichkeit im Labor nicht belegt werden konnte, wurden Wechselwirkungen mit anderen Substanzen oder andere unbekannte Effekte als Ursache des Bestandseinbruchs angenommen. Zum Schicksal des Bt-Toxins in Gewässern und zu möglichen Effekten besteht demnach Forschungsbedarf.

Hypothese 4.2.2.4a: Beim großflächigen Anbau von Bt-Mais gelangen Bt-Toxine in Gewässer.

Parameter zu H4.2.2.4a:

- Bt-Toxine in Bt-maiskulturnahen und Bt-maiskulturfernen Gewässern (qualitative und quantitative Untersuchungen) (VP) *

Hypothese 4.2.2.4b: Bt-Toxine in Gewässern zeigen Wirkungen auf Gewässerlebewesen.

Parameter zu H4.2.2.4b:

- Bestandsentwicklung von *Nematocera*, *Simuliidae*, *Blephariceridae*, Chironomidenlarven (insbes. *Chironomus plumosus*) und *Leuctra tenuis* in Bt-maiskulturnahen und Bt-maiskulturfernen Gewässern (paP)

Wasserorganismen sind Nahrung von Wasservögeln. Daher kann sich diese Wirkungskette wiederum in der Nahrungskette fortsetzen.

Unter Hinweis auf die oben erwähnten Vorbehalte bei der Nutzung von Vögeln als Parameter (s. Kap. 3.2.1.2) können für Fließgewässer wie in Kapitel 3.2.2.4 nach FLADE (1994) die nachfolgende Arten der Avifauna als Objekte für ein Monitoring vorgeschlagen werden: Die Gebirgsstelze (*Motacilla cinerea*), die mit kleinen Wirbellosen, die am und im Wasser leben (z. B. Insekten aller Entwicklungsstadien, vor allem *Dipteren* sowie Flohkrebse, kleinen Spinnen und Mollusken) ein recht breites Nahrungsspektrum hat; der Flussregenpfeifer (*Charadrius dubius*), der sich in erster Linie von Insekten unter anderem des Spülsaums ernährt; die Wasserramsel (*Cinclus cinclus*), deren bevorzugte Nahrung am und im Wasser lebende Tiere wie Würmer, Arthropoden und Weichtiere sind; die Teichralle (*Gallinula chloropus*), die sowohl pflanzliche als auch tierische Nahrung aufnimmt. Bei all diesen Arten könnten sich Effekte auf das Gewässerleben akkumulieren – sie könnten aber auch durch Verdünnungseffekte in der Nahrungskette gerade bei diesen Organismen nicht beobachtbar sein. Von seiner Ernährung (Insekten-Imagines, bes. *Coleopteren*, *Dipteren* sowie Wasserspinnen und andere kleine Wirbellose) und seiner ‚Treue‘ zu Gewässern wäre auch der Flussuferläufer (*Actitis hypoleucos*) als Monitoringorganismus geeignet. Er ist allerdings mit 200 bis 400 Brutpaaren bereits heute in Deutschland recht selten und daher nur bedingt geeignet. Auch der Eisvogel (*Alcedo atthis*) erscheint aufgrund seiner Lebensweise und Ernährung (Kleinfische, Wasserinsekten, Kaulquappen, kleine Amphibien) als Monitoring-Organismus geeignet. Die hohen natürlichen Populationsschwankungen, die aufgrund seiner Empfindlichkeit gegen harte Winter auftreten können, machen den Eisvogel allerdings nicht zum optimalen Parameter.

Hypothese 4.2.2.4c: Über Nahrungsketteneffekte hat ein Toxineintrag in Gewässer Einfluss auf höhere Organismen wie beispielsweise Vögel, die an Gewässern leben.

Parameter zu H4.2.2.4c:

Endbericht: Monitoring gentechnisch veränderter Pflanzen

- Bestandsentwicklung der Populationen von an Gewässern nahrungssuchenden Vögeln wie Gebirgsstelze, Flussregenpfeifer, Wasserramsel und Teichralle (VP)

4.3. EFFEKTE AUF MIKROORGANISMEN

DONEGAN et al. zeigten 1995 dass Bt-Baumwolle die Zusammensetzung von Bodenmikroorganismenpopulationen veränderte. Bei Versuchen mit transgener Bt-Baumwolle wurde ein vorübergehender Anstieg der Gesamtzahl der Bodenbakterien und -pilze festgestellt. Dieser Effekt war möglicherweise jedoch nicht auf das Toxin selbst, sondern auf eine Nebenwirkung der gentechnischen Veränderung oder auf die Reduktion bakterien- und pilzfressender Mitglieder der Bodenkleinstlebewesen zurückzuführen, da diese auf das Toxin empfindlich reagieren (DONEGAN et al. 1995).

Verschiebungen innerhalb der Zusammensetzung der Bodenmikroflora können sich auf die Bodenfruchtbarkeit auswirken. Ferner können Änderungen im Bestand der bodenbürtigen Pilze auftreten, wenn ihre Konsumenten durch die Bt-Pflanzen beeinträchtigt sind. Damit kann wiederum ein verstärkter Pilzbefall, beispielsweise der Pflanzenwurzeln, einhergehen.

Zu beobachten wären die Veränderungen in der Zusammensetzung der Bodenmikroorganismen. Dies stellt jedoch ein schwieriges Unterfangen dar, da bisher nur etwa 1% der Bodenmikroflora überhaupt charakterisiert ist (TORSVIK et al. 1990). Auch die natürliche Funktion von B.t. im Boden ist kaum bekannt (KLÖPFFER et al. 1999).

ESCHER et al. (2000) untersuchten unter anderem die Anzahl der Mikroorganismenkolonien auf den Ausscheidungen des Detritophagen *Porcellio scaber* (*Isopoda*), nachdem dieser Bt-Maisblätter, beziehungsweise Blätter der korrespondierenden nicht-transgenen Maissorte gefressen hatte. Die AutorInnen weisen selbst darauf hin, dass die Zahl der Mikroorganismenkolonien noch keinen hohen Aussagewert hat und dass zum Beispiel die Aktivität der Organismen zu untersuchen wäre, um mehr über die Abläufe im Boden zu erfahren. Ferner merken sie an, dass *Porcellio scaber* kein typischer Zersetzer in Böden von Maisfeldern ist. Ein Ergebnis der Studie ist, dass das bakterielle Wachstum auf dem Kot von nicht mit Bt-Maisblättern gefütterten *B. scaber* bis zu 60% höher war, als das bakterielle Wachstum auf dem Kot von mit Bt-Maisblättern gefütterten *B. scaber*.

Dies kann ein Hinweis auf Effekte bei Zersetzungsprozessen von Bt-Pflanzen im Boden sein, Schlüsse lassen sich aus diesen Ergebnissen jedoch noch nicht ziehen. Die Studie zeigt eher den noch vorhandenen Forschungsbedarf zu Bodenprozessen allgemein und speziell in Bezug auf den Anbau gentechnisch veränderter Pflanzen auf.

Hypothese 4.3a: Im Zuge des Anbaus von Bt-Mais zeigen sich Effekte auf die Bodenmikroorganismen.

Parameter zu H4.3a:

- Biomasse im Boden (VP)

- Biodiversitätsspektren im Boden (VP)
- Gesamtzahl der Bodenbakterien und –pilze (sP)
- Aktivität der Bodenorganismengemeinschaft (VP)
- Bestand und Dichte typischer Zersetzer in Maisäckern (Art: ?) (VP)
- Aktivität typischer Zersetzer in Maisäckern (Art: ?) (VP)
- Nährstoffumsatz auf Anbauflächen mit Bt-Mais im Vergleich zu Anbauflächen mit konventionellem Mais (VP)
- Humuszusammensetzung: Anteile von Humin- und Fulvosäuren (VP)
- Bodennährstoffgehalt (VP)
- Bodennährstoffumsatz (VP)

Hypothese 4.3b: Effekte auf das Bodenleben wirken sich auf bodenchemische und bodenphysikalische Prozesse aus.

Parameter zu H4.3b:

- Bodenchemische und bodenphysikalische Parameter, beispielsweise der Bodendauerbeobachtungsflächen (BDF) (VP)

4.4. EFFEKTE AUF DIE ABIOTIK

Das Toxin des Bt-Maises kann auch im Wurzelbereich des Mais exprimiert werden (SAXENA et al. 1999) und kann über Wurzelexsudate (SAXENA & STOTZKY 2000) und verrottende Zellen der gesamten transgenen Bt-Pflanzen, beispielsweise über Ernterückstände, in den Boden gelangen. Im Gegensatz zum Einsatz konventioneller Präparate, bei dem in erster Linie nur die Protoxine in den Boden gelangen, gelangt durch Bt-176-Mais ein weitgehend aktiviertes CryIA(b)-Toxin in den Boden und kann dort wirksam werden (KLÖPFFER et al. 1999). Ferner gelangen wahrscheinlich aus dem gesamten Pflanzenmaterial bei Verrottungsprozessen Toxine in größerem Umfang als bei der Nutzung konventioneller Sporenpräparate in den Boden.

Im Boden können die Toxine an Tonminerale und Huminsäuren sowie Ton-Humin-Komplexe binden, wobei die Toxizität auch gebunden bestehen bleibt (CRECCHIO & STOTZKY 1998). Die Toxine sind durch die Bindung vor mikrobiellem Abbau geschützt (KOECHLIN 1999, KOSKELLA & STOTZKY 1997, SAXENA & STOTZKY 2000). Die Gifte können somit im Boden akkumulieren. Abbaupfade wären der mikrobielle Abbau, Abbau durch UV-Strahlung oder durch Verzehr durch ‚Schädlinge‘ (KLÖPFFER et al. 1999).

Inzwischen haben sich die B.t.-Toxine aber als langlebiger erwiesen, als bislang angenommen. Gereinigte *Bacillus thuringiensis* subsp. *kurstaki*-Toxine blieben bei einem Untersuchungszeitraum von 7,5 Monaten die ganze Zeit über aktiv (KLÖPFFER et al. 1999). Bislang erscheint es sehr schwer, die Folgen für die Bodenökologie und –chemie abzuschätzen oder gar eindeutige Ergebnisse zu liefern. Zu bedenken ist, dass sehr viele in Böden ablaufenden Prozesse auch mit dem Bodenleben

im Zusammenhang stehen. Auch hier ist der Wissensstand noch rudimentär. Es ist also noch dringend weiterer Forschungsbedarf gegeben.

Daher kann im Moment für ein Monitoring nur vorgeschlagen werden, im Vergleich zu konventionellen Maisbeständen auf möglichst vergleichbaren Standorten (bei Böden fast unmöglich, daher eher mehr als weniger Parallelen!) so viele Boden-Parameter wie eben möglich zu erheben. Dies kann beispielsweise in Anlehnung an die Erhebungen im Zuge von Bodendauerbeobachtungsflächen geschehen (s. Kap. 4.3).

Hypothese 4.4: Die verstärkte Anwesenheit des Bt-Toxins im Boden hat Effekte auf Bodenprozesse.

Parameter zu H4.4:

- Toxinkonzentrationen im Boden zu verschiedenen Zeiten der Vegetationsperiode (sP)
- Bodenchemische und bodenphysikalische Parameter, beispielsweise der Bodendauerbeobachtungsflächen (BDF) (VP)

5. VIRUSRESISTENTE ZUCKERRÜBEN

Die im folgenden behandelte transgene Zuckerrübe ist resistent gegenüber der durch das Aderngelbfleckigvirus (*beet necrotic yellow vein virus*, BNYVV, auch Adernvergilbungsvirus genannt) hervorgerufenen Wurzelkrankheit Rizomania (Viröse Wurzelbärtigkeit, «Wurzelsucht»), da sie das Hüllproteingen von BNYVV enthält.

BNYVV wird durch den weit verbreiteten Bodenzpilz *Polymyxa betae* übertragen. Der Pilz allein verursacht auch bei schwerem Befall nur schwache Nekrosen (OBERMEIER 1998). Erfolgt die Infektion jedoch zusammen mit BNYVV, so resultieren die schweren Symptome der Rizomania-Krankheit: Kümmerwachstum der unterirdischen Rübe, verstärkte, aber rasch verbräunende Seitenwurzeln sowie eine absterbende und vermorschende Hauptwurzel (SCHULTE-KAPPERT 1994). An den oberirdischen Teilen der Zuckerrübe treten unter Feldbedingungen nur gelegentlich Symptome, meist in Form von fleckigen Aufhellungen entlang der Blattadern auf (HÄNI et al. 1992). In den meisten Fällen ist die BNYVV-Infektion auf die Rübenkörper beschränkt. Nur selten erfolgt eine systemische Infektion.

Die Rizomania-Krankheit an der Zuckerrübe wurde erstmal in den 50er Jahren in Italien beobachtet. Seither hat sich die Krankheit kontinuierlich ausgebreitet und ist mittlerweile in fast allen Zuckerrübenanbaugebieten in Europa, Amerika und Asien zu finden (OBERMEIER 1998).

Mitte der 70er Jahre trat Rizomania auch in Deutschland auf (GERDEMANN-KNÖRCK & TEGEDER 1997), wobei die Krankheit zunächst vor allem in Süddeutschland vorkam. Mittlerweile sind auch die Anbaugebiete in West- und Norddeutschland in erheblichem Ausmaß mit Rizomania kontaminiert. 1994 wurde in den östlichen Bundesländern BNYVV zum ersten Mal nachgewiesen (KORELL et al. 1997). In Deutschland waren 1994 rund 25.000 Hektar mit BNYVV infiziert (SCHULTE-KAPPERT 1994).

Die durch BNYVV verursachten Ertragseinbußen können enorm sein und bis zu 80% betragen (SCHULTE-KAPPERT 1994). In Westeuropa waren 1992 etwa 10% der Anbauflächen mit Rizomania befallen (OBERMEIER 1998).

Eine Methode zur direkten Bekämpfung der Rizomania gibt es nicht (HÄNI et al. 1992). Eine Bekämpfung von *Polymyxa betae* und BNYVV mit chemischen Mitteln ist aufgrund wirtschaftlicher und ökologischer Erwägungen nicht empfehlenswert (OBERMEIER 1998). Auch pflanzenbauliche Maßnahmen zeigen keinen Erfolg. Eine kontrollierte Fruchtfolge zum Beispiel hilft deshalb nichts, weil *P. betae* sehr widerstandsfähige Dauersporen besitzt. In diesen Dauersporen kann BNYVV nach dem Zerfall der Wurzeln bis zu 15 Jahre im Boden überdauern und infektiös bleiben (OBERMEIER 1998).

Bisher lässt sich die Rizomania nur indirekt bekämpfen: indem die Ausbreitung von *P. betae* verhindert wird, und indem in den Befallsgebieten Rizomania-tolerante bzw. -resistente Sorten angebaut werden.

Seit mehreren Jahren wird die konventionelle Züchtung BNYVV-resistenter Zuckerrübensorten stark vorangetrieben und mittlerweile sind verschiedene tolerante und teilresistente Sorten auf dem

Markt (OBERMEIER 1998). Trotz der bisher erzielten Erfolge wurde mit Hilfe der konventionellen Züchtung noch kein Resistenzniveau erreicht, das auch bei schwerem Rizomaniabefall die Krankheit wirkungsvoll eindämmt (OBERMEIER 1998).

Seit 1992 werden in den USA und in Europa transgene Zuckerrüben, die das Hüllproteingen von BNYVV exprimieren, in Freilandversuchen getestet. Die Resultate dieser Versuche zeigen zwar eine Verringerung der BNYVV-Vermehrung, aber keine vollständige Immunität der transgenen Zuckerrüben gegenüber BNYVV (OBERMEIER 1998).

Verglichen mit anderen transgenen Kulturpflanzen, wie Raps oder Mais, ist die Zahl der Veröffentlichungen und Begleitforschungsprogramme, die sich mit der Freisetzung transgener Zuckerrüben beschäftigen, gering. Die vorhandenen Daten wurden zudem fast ausschließlich von zwei Arbeitsgruppen erarbeitet – der Arbeitsgruppe um Detlef Bartsch an der RWTH-Aachen sowie einer Arbeitsgruppe an der Biologischen Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft (BBA) in Braunschweig. Diese Daten bilden weitgehend die Basis für das folgende Monitoringkonzept und sind an verschiedenen Orten publiziert worden (BARTSCH et al. 2000a/b, BARTSCH et al. 1999a/b, BARTSCH & ELLSTRAND 1999, POHL-ORF et al. 1999a/b/c, BARTSCH & BRAND 1998, DIETZ-PFEILSTETTER & KIRCHNER 1998, DIETZ-PFEILSTETTER et al. 1998, POHL-ORF et al. 1998a/b, BARTSCH & SCHMIDT 1997, BARTSCH 1997, BARTSCH et al. 1996a/b, BARTSCH & POHL-ORF 1996, BARTSCH 1996, SCHMIDT & BARTSCH 1996, BARTSCH & HÜCKING 1995, BARTSCH et al. 1995, KOENIG et al. 1995, MAISS et al. 1994).

Die transgene Zuckerrübe enthält folgende Merkmale: die Sequenz der cDNA des Hüllproteingens von BNYVV, den 35S-Promotor des *cauliflower mosaic virus* (CaMV) sowie die Terminatorregion des Nopalinsynthasegens von *Agrobacterium tumefaciens*, ein *nptII*-Gen (Kanamycin-Resistenz) aus *E. coli* mit TR1-Promotor und der Terminatorregion des Octopinsynthasegens sowie ein *bar*-Gen aus *Streptomyces hygroscopicus* unter der Kontrolle des TR2-Promotors und der Terminatorregion des Gen 7 von *Agrobacterium tumefaciens* (Antrag auf Freisetzung der Pflanze vom 12. Oktober 1992).

5.1. EFFEKTE AUFGRUND VON GENFLUSS UND VERBREITUNG DER TRANSGENEN PFLANZEN

5.1.1. Eigenschaften der Zuckerrübe

Die Zuckerrübe ist streng vormännlich (DÜLL & KUTZELNIGG 1994) und damit vorwiegend fremdbefruchtet. Neben den üblichen selbstinkompatiblen Formen gibt es in einem gewissen Umfang immer auch selbstkompatible Individuen (GOLLMANN & PASCHER 1998, SUKOPP & SUKOPP 1993).

Zuckerrüben blühen unter den klimatischen Bedingungen Mitteleuropas in den Monaten Juli bis September, wobei sich die Blühdauer einer einzelnen Pflanze etwa über vier Wochen erstreckt

Endbericht: Monitoring gentechnisch veränderter Pflanzen

(ROTHMALER 1990). Die Menge der produzierten Pollen ist enorm. So schätzt man, dass pro Anthere rund 1.700 Pollenkörner vorhanden sind. Pro Blüte wären dies 8.500 Pollenkörner, und bei etwa 10.000 Blüten pro Zuckerrübenstaude ergäben sich schließlich fast eine Milliarde Pollen pro Pflanze (GERDEMANN-KNÖRCK & TEGEDER 1997). Die Verbreitung der Pollen erfolgt via Wind oder Insekten, wobei unklar ist, welcher Anteil wind- bzw. insektenverfrachtet wird. Allgemein nimmt man an, dass bei der Zuckerrübe der Wind die wichtigere Rolle bei der Pollenverbreitung spielt (GERDEMANN-KNÖRCK & TEGEDER 1997). Da die Zuckerrüben Nektar produzieren, werden sie jedoch auch von vielen verschiedenen Insekten besucht: 45 Insektenarten flogen in einer Untersuchung von FREE et al. (1975, zitiert in TREU & EMBERLIN 2000) die Blüten von Zuckerrüben an, wobei einzelne Individuen bis zu 5.000 Zuckerrübenpollen davontragen konnten. Die dabei am häufigsten an Zuckerrübenblüten beobachteten Insektenarten waren Schwebfliegen (*Syphidae*). Neuere Untersuchungen zeigen, dass Insekten eine wichtige Rolle beim Pollentransport spielen dürften – vor allem in den kommerziellen Anbaugebieten, wo normalerweise nur wenige Zuckerrübenpflanzen pro Feld zur Blüte gelangen und somit die Pollendichte gering ist (VIGOUROUX et al. 1999).

Die Verbreitung der Pollen via Wind ist sehr effizient. SMITH (1980, zitiert in GERDEMANN-KNÖRCK & TEGEDER 1997) konnte Pollen der Zuckerrübe noch fünf Kilometer vom Anbaugbiet entfernt nachweisen. Die in der Saatgutproduktion geforderten Isolationsabstände spiegeln die effiziente Windverbreitung zum Teil wider. In Frankreich ist eine Distanz von einem Kilometer vorgeschrieben (SANTONI & BERVILLÉ 1992). Auch die deutsche Saatgutverordnung fordert für die Herstellung von Basissaatgut eine Mindestentfernung von einem Kilometer zum nächsten Zuckerrübenanbaugbiet (GERDEMANN-KNÖRCK & TEGEDER 1997). Noch höher ist die geforderte Distanz in den USA. Dort muss die Produktion von Zuckerrübensaatgut mindestens 1,6 Kilometer vom nächsten Anbaugbiet stattfinden (GERDEMANN-KNÖRCK & TEGEDER 1997). In England wiederum werden Isolationsdistanzen zwischen einem und 3,2 Kilometern gefordert (TREU & EMBERLIN 2000).

Auch die Distanzen, die pollentragende Insekten zurücklegen, können beträchtlich sein. Solitärbienen zum Beispiel haben Sammelradien von bis zu 800 Metern und Hummeln sogar bis zu vier Kilometern (ULRICH et al. 1998).

Die oben dargestellten Daten geben einen Eindruck darüber, welche Distanzen Zuckerrübenpollen während einer Anbauphase zurücklegen können. Zusätzlich zu den genannten Daten sind jedoch auch Distanzen zu berücksichtigen, die sich über mehrere Anbaujahre hinweg über so genannte «green bridges» einstellen könnten. Ein eindruckliches Beispiel hierzu geben BARTSCH & SCHMIDT (1997), die an der italienischen Adriaküste den Genfluss von Zuckerrüben in Wildrüben untersuchten. Norditalien ist eines der wichtigsten Zuckerrübensaatgutproduktionsgebiete in Europa. Da die Zuckerrüben bei der Saatgutproduktion immer zur Blüte gelangen, fand in Norditalien wiederholt eine Introgression von Genen aus Kulturformen in Wildrüben statt (BARTSCH et al. 1999a). BARTSCH & SCHMIDT (1997) stellten in ihren Untersuchungen fest, dass Wildrüben auch dann noch Gene aus den Kulturformen enthalten können, wenn sie rund 30 Kilometer von den Züchtungsgegenden der Zuckerrübe entfernt liegen. Diese Introgression, so nimmt man an, hat via

Unkrautrüben stattgefunden, die als «green bridges» zwischen den Züchtungsgegenden und den Fundorten der Wildrüben vorkommen (POHL-ORF et al. 1999b). Diese Daten zeigen, dass Auskreuzungen – über mehrere Jahre hinweg betrachtet – auch noch in sehr großen Entfernungen stattfinden können.

Welche Auskreuzungsfrequenzen in welcher Entfernung zu erwarten sind, ist in verschiedenen Untersuchungen ermittelt worden. Tabelle 6 gibt die Daten aus vier solchen Untersuchungen wieder. Wie die Daten zeigen, nehmen die Auskreuzungsraten mit zunehmender Entfernung ab, wobei lokal zum Teil erheblich Schwankungen auftreten können. SCHÜTTE (1998a) nennt eine weitere, ältere Untersuchung, in der auch in einer Entfernung von 600 Metern noch eine Auskreuzungsfrequenz von 0.12 Prozent festgestellt wurde.

Tabelle 6: Experimentell ermittelte Auskreuzungsraten von Zuckerrüben in Abhängigkeit von der Entfernung zwischen Pollendonorpflanzen und Pollenakzeptorpflanzen. Die Versuche von BRANTS et al. (1993) und SAEGLITZ (1999) wurden mit transgenen Zuckerrüben durchgeführt.

Distanz (m)	Auskreuzungsrate (%)	BEMERKUNG ZUM VERSUCHSANSATZ	Quelle
< 1	0.8 - 3.8	Die Fläche um die Pollendonorpflanzen war mit Hanf bewachsen	DARK (1971, zitiert in SCHÜTTE 1998a)
10	0.25 - 0.4		
15	0.2 - 0.6		
20	0.04 - 0.13		
25	1		
30	0.02 - 0.05		
0-80	7.7	Abgemähte Fläche zwischen Pollendonor und -akzeptor	FREE (1970, zitiert in SCHÜTTE 1998a)
80-200	1.2		
> 200	0.3		
0	48	Männlich sterile Fangpflanzen	BRANTS et al. (1993, zitiert in RÖVER et al. 2000)
25	14		
50	5		
75	3		
100	3		
10	8 - 83	Mit Hanfstreifen als Pollenbarriere; männlich sterile Fangpflanzen	SAEGLITZ (1999, zitiert in RÖVER et al. 2000)
16	23 - 75		
50	0 - 23		
100	0 - 9		
200	0 - 40		
300	0		

Zuckerrübenpollen können, wie dargestellt, weite Distanzen zurücklegen. Eine Voraussetzung für eine erfolgreiche Hybridisierung ist damit gegeben. Da die kultivierten Zuckerrüben jedoch zweijährig sind und die Ernte bereits im ersten Jahr erfolgt, entstehen im kommerziellen Zuckerrübenanbau nur geringe Mengen Zuckerrübenpollen. Die Wahrscheinlichkeit einer erfolgreichen Hybridisierung mit potentiellen Kreuzungspartnern ist im kommerziellen Anbau daher geringer, jedoch nicht völlig

auszuschließen, da auch im kommerziellen Zuckerrübenanbau immer wieder einzelne Pflanzen (sogenannte Schosser) bereits im ersten Jahr blühen.

Einer der Gründe, der zur Bildung dieser Schosser führt, liegt in der Rückwärtsselektion (BARTSCH et al. 2000a, BOUDRY et al. 1993). Dabei können auf der Anbaufläche Zuckerrüben entstehen, die nach einer Kälteinduktion im Zwei- bis Vierblattstadium bereits im ersten Jahr blühen und Pollen bilden (BOUDRY et al. 1993). Ein anderer Grund liegt im Einkreuzen des für die Einjährigkeit verantwortlichen Gens. Dieses monogen-dominant vererbte Gen ist in Wild- und Unkrautrüben weit verbreitet (DESPLANQUE et al. 1999, siehe dazu Kapitel 5.1.2) und gelangt in den Saatgutproduktionsgebieten immer wieder in die Zuckerrüben (BOUDRY et al. 1993). Eine Einkreuzung dieses Gens ist möglich, da Zuckerrüben für die Saatgutproduktion zur Blüte gebracht werden und Wild- und Unkrautrüben in den Saatgutproduktionsgebieten Norditaliens und Südwestfrankreichs vorkommen. Die Bildung einjähriger Hybriden läßt sich in den Saatgutproduktionsgebieten nicht verhindern (SAAT & DE LAAT 1992). Mit dem Saatgut aus diesen Gebieten gelangen somit wiederholt einjährige, hybride Zuckerrüben in die Anbauggebiete Mittel- und Nordeuropas, wo sie als Schosser bereits im ersten Jahr blühen können.

Eine weitere Möglichkeit, wie es trotz der Zweijährigkeit der kultivierten Zuckerrüben zur Produktion von Pollen kommen kann, stellen schlecht gepflegte Rübenfelder dar. In solchen Felder können zweijährige Zuckerrüben oder deren Rübenköpfe nach der Ernte zurückbleiben. Diese Zuckerrüben bzw. Rübenköpfe können in milden Wintern überleben (POHL-ORF et al. 1998a) und im folgenden Jahr zur Blüte gelangen.

Wie oben dargestellt, kommt es bei der Saatgutproduktion und in weitaus kleinerem Umfang auch beim kommerziellen Zuckerrübenanbau zur Bildung von Pollen. Damit wird eine Hybridisierung möglich, wenn Kreuzungspartner der Zuckerrübe sympatrisch vorkommen. Die Zuckerrübe weist dabei verschiedene potentielle Auskreuzungspartner auf. Als erstes sind dabei Unkrautrüben und vorübergehend verwilderte Zuckerrüben (Ruderalrüben) zu nennen. Unkrautrüben kommen vor allem in den Anbaugebieten vor, wo Zuckerrüben in enger Fruchtfolge angebaut werden (GERDEMANN-KNÖRCK & TEGEDER 1997). Betroffen sind Anbauflächen in Deutschland, Spanien, Irland (BOUDRY et al. 1993), Belgien, Frankreich und England (SUKOPP & SUKOPP 1993), sowie in Österreich (GOLLMANN & PASCHER 1998) und der Schweiz (AMMANN et al. 2000). Verwilderte Zuckerrüben hat man in Österreich (GOLLMANN & PASCHER 1998), in der Schweiz (LAUBER & WAGNER 1996), in England (STACE 1997, zitiert in TREU & EMBERLIN 2000) und Frankreich (BOUDRY et al. 1993) beobachtet. Da es sich bei Unkrautrüben, Ruderalrüben und kultivierter Zuckerrübe um die gleiche Pflanzenart handelt, existieren keine Kreuzungsbarrieren. Auch zwischen den Varietäten der Kulturform *Beta vulgaris* ssp. *vulgaris* besteht keine Barriere für einen Gentransfer (siehe Tabelle 7). Die Zuckerrübe kann mit Schnittmangold (*B. vulgaris* ssp. *vulgaris* var. *cicla*), Blattmangold (*B. vulgaris* ssp. *vulgaris* var. *flavescens*), Roten Beten (*B. vulgaris* ssp. *vulgaris* var. *vulgaris*), Gelben Beten (*B. vulgaris* ssp. *vulgaris* var. *lutea*) und Futterrüben (*B. vulgaris* ssp. *vulgaris* var. *crassa*) fertile Nachkommen bilden (HOFFMANN & KÖHLER 2000,

GERDEMANN-KNÖRCK & TEGEDER 1997). Alle genannten Varietäten von *B. vulgaris* ssp. *vulgaris* kommen in Europa vor und werden je nach Region kommerziell oder in Privat- und Hausgärten angebaut. Zudem findet man die Varietäten auch vorübergehend auf Ruderalflächen und in gestörten Habitaten verwildert vor (GOLLMANN & PASCHER 1998, LAUBER & WAGNER 1996).

Tabelle 7: Varietäten der Kulturform von *Beta vulgaris* ssp. *vulgaris* und ihre Verbreitung in Europa (nach GERDEMANN-KNÖRCK & TEGEDER 1997)

Varietät	Trivialname	Verbreitung in Europa
<i>cicla</i>	Schnittmangold	Mittel-, West und Südeuropa
<i>flavescens</i>	Blattmangold	Mittel-, West und Südeuropa
<i>vulgaris</i>	Rote Bete	Mittel-, West und Südeuropa
<i>lutea</i>	Gelbe Bete	Mittel-, West und Südeuropa
<i>crassa</i>	Futterrübe	Ganz Europa
<i>altissima</i>	Zuckerrübe	Ganz Europa

Wie bei den Varietäten existieren auch innerhalb der Sektion *Beta* der Gattung *Beta* keine Kreuzungsbarrieren (OBERMEIER 1998, SCHÜTTE 1998a). Demnach kann die Zuckerrübe auch mit den in der Tabelle 8 aufgeführten Arten bzw. Unterarten fertile Nachkommen bilden. Von diesen Arten spielt für Deutschland vor allem die Wildrübe (Seemangold, *B. vulgaris* ssp. *maritima*) eine wichtige Rolle als möglicher Kreuzungspartner, da sie in räumlicher Nähe der Zuckerrübenanbaugebiete Mittel- und Nordeuropas vorkommt. Neben der Wildrübe kann selten auch die Dreigriffelige Wildrübe (*B. trigyna*) in diesen Gebieten vorkommen. So sind Fundorte aus Österreich (GOLLMANN & PASCHER 1998) und England (STACE 1997, zitiert in TREU & EMBERLIN 2000) bekannt. Ob eine Kreuzhybridisierung zwischen Zuckerrübe und Dreigriffeliger Wildrübe möglich ist, ist unklar. PASCHER et al. (1997) schließen eine Hybridisierung nicht völlig aus. Nach TREU & EMBERLIN (2000) ist die Wahrscheinlichkeit einer erfolgreichen Auskreuzung aus zwei Gründen gering. Erstens gehört die Dreigriffelige Wildrübe der Sektion *Corollinae* an, deren Vertreter sich nur schwer mit Arten der Sektion *Beta* kreuzen lassen. Und zweitens ist die Zuckerrübe diploid, die Dreigriffelige Wildrübe hingegen polyploid, was die Chance für die Bildung fertiler, hybrider Nachkommen verkleinert (TREU & EMBERLIN 2000). SCHÜTTE (1998a) zitiert zwei ältere Arbeiten von COONS (1975, 1954), wonach eine Hybridisierung zwischen Zuckerrübe und *B. trigyna* auch indirekt via eines Genfluss über die Wildrübe möglich sei. Zudem sei über diese Brücke auch ein Genfluss auf *B. procumbens* und *B. atrilifolia* möglich (COONS 1975, 1954, zitiert in SCHÜTTE 1998a). Die letzteren beiden Arten kommen in Mittel- und Nordeuropa jedoch nicht vor.

Tabelle 8: Arten und Unterarten der Sektion *Beta* der Gattung *Beta* und ihre Verbreitung in Europa (nach OBERMEIER 1998, GERDEMANN-KNÖRCK & TEGEDER 1997, SAAT & DE LAAT 1992).

Art / Unterart	Vorkommen in Europa
<i>B. vulgaris ssp. vulgaris</i>	Ganz Europa
<i>B. vulgaris ssp. maritima</i>	Küsten Europas (Mittelmeer, Atlantik, Nord- und Ostsee)
<i>B. vulgaris ssp. adanensis</i>	Türkei
<i>B. vulgaris ssp. orientalis</i>	?
<i>B. vulgaris ssp. lomatogonoides</i>	?
<i>B. vulgaris ssp. provulgaris</i>	Mittelmeergebiet, atlantische Küsten Europas und Nordseeküste
<i>B. macrocarpa</i>	Spanien, Griechenland, Sizilien
<i>B. patula</i>	Mittelmeergebiet, Westeuropa

5.1.2. Unkrautrüben

Unkrautrüben stellen nicht nur ein agronomisches Problem dar. Sie sind auch aus ökologischer Sicht - und damit für das ökologische Monitoring der transgenen rizomaniarésistenten Zuckerrübe - von Bedeutung, denn Unkrautrüben erhöhen die Wahrscheinlichkeit, dass Transgene auskreuzen und in Wildarten einkreuzen.

Seit den 70er Jahren stellen die so genannten ‚Unkrautrüben‘ ein zunehmendes Problem im europäischen Zuckerrübenanbau dar (HORNSEY & ARNOLD 1979), vor allem in Anbaugebieten, in denen Zuckerrüben in enger Fruchtfolge angebaut werden (s. o.; Anbauflächen in Deutschland, Spanien, Irland, Belgien, Frankreich, England, Österreich und der Schweiz).

Anders als die kultivierten Zuckerrüben sind Unkrautrüben einjährig und blühen daher bereits im ersten Jahr. Zudem bilden die im Bestand unregelmäßig oder nestförmig vorkommenden Unkrautrüben nur einen sehr kleinen, wenig zuckerhaltigen Rübenkörper aus (SUKOPP & SUKOPP 1993). Trotz dieser Unterschiede sind Zucker- und Unkrautrübenpflanzen äußerlich nicht zu unterscheiden. Da Zucker- und Unkrautrübe zur gleichen Pflanzenart gehören, verhindert die große Ähnlichkeit, die Unkrautrüben mit Herbiziden zu bekämpfen (VIGOUROUX et al. 1999). Entfernt werden können Unkrautrüben nur von Hand und erst dann, wenn spät in der Anbauphase ihre Blütenstände sichtbar werden (BARTSCH et al. 2000a). In den betroffenen Anbauflächen können die einjährigen Unkrautrüben die Qualität und Quantität der Erträge der Rübenfelder erheblich vermindern. Zudem erschweren sie das maschinelle Ernten der Zuckerrüben. In einigen Beständen sind die Unkrautrüben ein derart großes Problem, dass sie dort den Zuckerrübenanbau ernsthaft in Frage stellen oder sogar aus ökonomischen Gründen verunmöglichen (SUKOPP & SUKOPP 1993).

Die Ursache für das Unkrautrübenproblem ist die erworbene Einjährigkeit der Zuckerrüben. Diese unerwünschte Eigenschaft können die Zuckerrüben über zwei verschiedene Wege erlangen: Entweder durch die Einkreuzung von Genen aus wilden einjährigen Rüben oder durch einen

Rückschlag, der zum ursprünglichen einjährigen Verhalten der Wildrübe führt (BARTSCH et al. 2000a, BOUDRY et al. 1993, siehe Kapitel 5.1.1).

Die wichtigsten Zuckerrübensaatgutproduktionsgebiete befinden sich in Ostengland, in Südwestfrankreich und in Norditalien³ (BARTSCH 1996). In allen drei Gebieten kommen auch Wild- und Unkrautrübenpopulationen vor. Dort besteht die Möglichkeit, dass Gene aus diesen Populationen in das Zuckerrübensaatgut einkreuzen (und vice versa). Möglich ist die Einkreuzung deshalb, weil die Zuckerrüben für die Saatgutproduktion vernalisiert werden und somit zur Blüte gelangen. Finden Einkreuzungen statt, kann auch das «bolting»-Gen der Wild- und Unkrautrübenpopulationen in das Saatgut der Zuckerrüben gelangen. Das «bolting»-Gen ist verantwortlich für die Ausprägung der Ein- bzw. Zweijährigkeit der Zuckerrüben, wobei die Zweijährigkeit durch das b-Allel monogenetisch rezessiv vererbt wird (BOUDRY et al. 1993). Wildrüben zeigen einjährige (BB, Bb), zweijährige (bb) und perennierende Formen. Die Frequenzen der möglichen Allel-Kombinationen variieren dabei je nach geographischer Lage (SCHMIDT & BARTSCH 1996). Neben den Wildrüben ist die Einjährigkeit auch bei Unkrautrüben weit verbreitet. So fanden zum Beispiel BOUDRY et al. (1993) in nordfranzösischen Unkrautrübenpopulationen das dominante B-Allel für Einjährigkeit in einer Frequenz von 90%. Da die Einjährigkeit in den Wild- und Unkrautrübenpopulationen der Saatgutproduktionsgebiete weit verbreitet ist (DESPLANQUE et al. 1999), lässt sich eine Einkreuzung des B-Allels in das Saatgut von Zuckerrüben nicht verhindern. Dadurch enthält das Saatgut, das aus den Produktionsgebieten nach Deutschland gelangt, in gewissem Umfang immer auch Hybriden der ersten Filialgeneration zwischen Wild- und Kulturrüben (SUKOPP & SUKOPP 1993). Die einjährigen Hybriden gelangen somit über Samen in die Anbauggebiete, wo sie dann als Schosser bereits im ersten Anbaujahr zur Blüte und Samenbildung gelangen.

Der zweite Weg zur Einjährigkeit verläuft über eine sogenannte Rückwärtsselektion. In diesem Fall besitzen die Unkrautrüben einen bb-Genotyp und entstehen direkt auf der Anbaufläche aus den Zuckerrüben selbst, das heißt ohne vorherigen Genaustausch mit Wild- oder Unkrautrüben. Die Rückwärtsselektion verursacht, dass sich die Zuckerrübe zurück zum Verhalten der ursprünglichen wilden Rübe entwickelt (BARTSCH et al. 2000a). Das Resultat des genetischen Rückschlags sind Zuckerrüben, deren Zweijährigkeit leicht durch eine Kälteinduktion durchbrochen werden kann (BOUDRY et al. 1993). Herrschen während des Zwei- bis Vierblattstadiums Temperaturen zwischen 1 und 4°C, so werden die rückwärtsselektionierten Zuckerrüben zu Schossern vernalisiert, die bereits im ersten Jahr zur Blüte gelangen. In der heutigen Züchtungspraxis wird darauf geachtet, Zuckerrübensorten zu entwickeln, die eine geringe Schossneigung aufweisen (GERDEMANN-KNÖRCK & TEGEDER 1997).

Eine dritte Möglichkeit diskutieren HORNSEY & ARNOLD (1979) und NEEMANN & SCHWERWAB (1999). Sie gehen davon aus, dass mit dem Saatgut aus den Vermehrungsgebieten direkt auch Samen von einjährigen Unkrautrüben in die mitteleuropäischen Anbauggebiete gelangen können. Eine

³ Das Saatgut für den Zuckerrübenanbau in Deutschland wird überwiegend in Norditalien und Südwest-Frankreich produziert (MATZK 2000)

weitere Möglichkeit für das Auftreten von Unkrautrüben in den Anbauflächen ist folgende: Dort, wo bereits Unkrautrübenpopulationen bestehen, könnten deren Samen sich in neue Felder ausbreiten. Auf welchem Weg die Unkrautrüben auch entstehen, einmal auf dem Feld können sie innerhalb der vegetativen Zuckerrüben blühen und dabei eine grosse Menge Pollen produzieren. Die Anzahl der an einer Staude je Pflanze produzierten Pollen liegt nach Schätzungen bei fast einer Milliarde (GERDEMANN-KNÖRCK & TEGEDER 1997). Da Selbstbefruchtung in gewissem Umfang möglich ist (SUKOPP & SUKOPP 1993), kommt es nach der Blüte zur Bildung von Samen. Jede einzelne Pflanze kann dabei bis zu 20.000 Samen produzieren (BARTSCH 1996). Wenn die Unkrautrüben nicht zuvor entfernt werden, gelangen ihre Samen in den Ackerboden, wo sie Teil der Bodensamenbank werden und bis zu zehn Jahren überleben und keimfähig bleiben können (HAAS & WEBER 1993). Keimen die Samen wieder aus, so können sie in der nachfolgend angebauten Kulturart zum unerwünschten Beikraut werden. Besonders problematisch sind die Unkrautrüben, wenn sie in Zuckerrübenfeldern auftauchen. Denn dort können sie kaum bekämpft werden. Um dem Problem der Unkrautrüben zu begegnen, werden die Landwirte angehalten, schossende Rüben aus den Feldern zu entfernen. Werden die Schosser im kommerziellen Zuckerrübenanbau nicht rechtzeitig und regelmäßig entfernt, so können sich schnell stabile Unkrautrübenpopulationen entwickeln, wie es beispielsweise in Nordfrankreich (BOUDRY et al. 1993) und Belgien (BARTSCH et al. 1995) beobachtet wurde. Ein eindrückliches Beispiel aus Deutschland schildert BARTSCH (1996). Er beschreibt eine Unkrautpopulation in Eschweiler bei Aachen, die in nur zwölf Jahren – innerhalb einer dreijährigen Fruchtfolge und damit einem viermaligen Generationswechsel – von wenigen auf etwa 80.000 Pflanzen pro Hektar angewachsen ist.

Aufgrund der vorhandenen Datenbasis kann gefolgert werden, dass sich transgene rizomaniarésistente Zuckerrüben in der Hackunkrautgesellschaft von Fruchtfolgen mit Zuckerrüben als Unkrautrüben etablieren werden (BARTSCH et al. 1996b). Die Etablierung findet auch dann statt, wenn die Rizomaniarésistenz keinen Konkurrenzvorteil birgt, denn die Hauptursache für die Etablierung liegt in der Einjährigkeit der Unkrautrüben (BARTSCH 1996). Damit hängt das Ausmaß der Etablierung unter anderem davon ab, ob transgene Schosser regelmäßig und rechtzeitig aus den Zuckerrübenfeldern entfernt werden oder nicht. Auch wenn die Etablierung der transgenen Rizomaniarésistenz in Unkrautrüben zunächst unabhängig von der transgenen Eigenschaft ist, dürfte das Ausmaß der Etablierung erhöht sein, wenn die transgene Eigenschaft einen Fitnessvorteil bringt (BARTSCH et al. 1996b).

Unabhängig davon, ob der Anbau transgener rizomaniarésistenter Zuckerrüben das Unkrautrübenproblem verstärkt und damit vorrangig ökonomische Schäden verursacht, sollte die Etablierung der Rizomaniarésistenz in das ökologische Monitoring mit einbezogen werden. Denn das Ausmaß der Etablierung in den Hackunkrautgesellschaften beeinflusst die Wahrscheinlichkeit, mit der Auskreuzungen und Verwilderungen stattfinden und somit auch die Wahrscheinlichkeit, dass ökologische Wirkungen eintreten.

Hypothese 5.1.2: Rizomaniaresistente, transgene Zuckerrüben etablieren sich als Unkrautrüben in der Hackunkrautgesellschaft von Fruchtfolgen mit Zuckerrüben.

Parameter zu H5.1.2:

- Vorkommen von Rizomania-toleranten Schossern in transgenen Rübenfeldern (sP)
- Durchwuchs von Rüben in der Fruchtfolge (sP)

5.1.3. Verwilderung

Alle Kulturrüben (Zuckerrübe, Futterrübe, Rote Bete, Mangold) stammen von der Wildform *Beta vulgaris* ssp. *maritima* (L.) Arcang ab (OBERMEIER 1998, GERDEMANN-KNÖRCK & TEGEDER 1997). Die Zuckerrübe ist dabei eine noch relativ junge Kulturform. Entstanden ist sie Mitte des 18. Jahrhunderts. Damals selektionierten Züchter in Deutschland Rüben verschiedener Herkunft auf einen möglichst hohen Saccharosegehalt, wobei schließlich die «Weiße Schlesische Zuckerrübe» entstand (GERDEMANN-KNÖRCK & TEGEDER 1997). Diese Landsorte gilt als Ausgangssorte für alle heutigen Zuckerrübensorten (OBERMEIER 1998).

Da die Zuckerrüben ursprünglich aus mitteleuropäischen Wildrüben hervorgegangen sind, wird ihnen ein natürliches Potential zur Einbürgerung und Verbreitung zugeschrieben (RÖVER et al. 2000). Dass eine Verbreitung über die Anbauflächen hinaus möglich ist, zeigen die Meldungen von verwilderten Kulturformen der Rübe. So berichten zum Beispiel HORNSEY & ARNOLD (1979) von Zuckerrüben, die in verschiedenen europäischen Ländern an Straßenrändern und -mittelstreifen wachsen. Weitere Berichte zeigen, dass die kultivierten Formen von *Beta vulgaris* in Österreich (GOLLMANN & PASCHER 1998), in der Schweiz (LAUBER & WAGNER 1996), in England (STACE 1997, zitiert in TREU & EMBERLIN 2000) und Frankreich (BOUDRY et al. 1993) verwildert vorkommen. Obwohl die kultivierten Rübenformen – und damit auch die Zuckerrübe – wiederholt an Feldwegen, Feldrändern, Brachflächen, Schuttplätzen, Ruderalflächen und entlang von Straßen gefunden werden, sind bisher keine Berichte von verwilderten, außerhalb der Anbauflächen etablierten Zuckerrübenpopulationen bekannt. Eine dauerhafte Etablierung außerhalb der Ackerflächen scheint daher nicht stattgefunden zu haben. GOLLMANN & PASCHER (1998) gehen davon aus, dass sich verwilderte Zuckerrüben aufgrund ihrer Domestikationsmerkmale unter natürlichen Bedingungen nicht stabil etablieren können. Sie stufen die Zuckerrübe als konkurrenzschwach ein. Auch RÖVER et al. (2000) nehmen an, dass Zuckerrüben in naturnahen Habitaten nur eine geringe Konkurrenzkraft besitzen. Nach FREDSHAVN & POULSEN (1996) sind alle *Beta* Arten im Vergleich zu anderen Arten schwache Konkurrenten. Aufgrund dieser Konkurrenzschwäche finde man *Beta* Arten nur in Habitaten ohne Konkurrenten, wie zum Beispiel an Meeresküsten oder in landwirtschaftlich genutzten Feldern (FREDSHAVN & POULSEN 1996). Zusätzlich zur geringen Konkurrenzkraft benennt BARTSCH (1997) die Empfindlichkeit gegenüber zahlreichen Pflanzenpathogenen und Herbivoren als weitere Faktoren, die eine Verbreitung der Zuckerrübe ökologisch eingrenzt.

Die Verbreitung der Zuckerrüben erfolgt via Samen. Eine erste Ausbreitungsmöglichkeit stellt somit das Ausbringen des Saatguts dar, etwa durch Sämaschinen oder durch Kleinnager und Vögel, welche die Samen aufnehmen (MÄNNER 2000). Die zweite Möglichkeit stellen die samenbildenden Zuckerrüben dar. Da im Normalfall keine Samen gebildet werden, ist die Verbreitung von Zuckerrüben in andere Biotope stark eingeschränkt. Dennoch existieren verschiedene Möglichkeiten, wie trotz der Zweijährigkeit Samen entstehen können (siehe Kapitel 5.1.1).

Rübenköpfe, die nach der Ernte auf dem Feld zurückbleiben, stellen eine bisher nicht genannte Möglichkeit zur Samenbildung dar: Erfolgt eine maschinelle Rodung der Zuckerrübenfelder, können vereinzelt Rübenköpfe (das Epikotyl der Rüben) oberirdisch auf dem Acker zurückbleiben. Diese Rübenköpfe tragen die Knospenanlagen für die sich im zweiten Jahr bildenden Blütentriebe. Wenn solche Rübenköpfe nach der maschinellen Rodung zurückbleiben und den Winter auf dem Acker überleben, können sie im folgenden Jahr zur Blüte und Samenbildung gelangen (NEEMANN & SCHWERWAB 1999). Neben ganzen Rübenköpfen können auch Rübenstücke nach der Ernte im Acker verbleiben. Tragen diese Rübenstücke Sprossmeristeme, so können sich im Folgejahr daraus – wie bei den ganzen Rübenköpfen – blühende und schließlich samenbildende Pflanzen regenerieren (HAAS & WEBER 1993).

Eine weitere, eher seltene Möglichkeit, wie Samen im kommerziellen Zuckerrübenanbau entstehen können, sind nicht geerntete Felder. Dieser Sonderfall trat zum Beispiel nach der Wiedervereinigung in den neuen deutschen Bundesländern ein (BARTSCH 1996). Damals machte das Überschreiten der Rübenkontingente das Ernten der Felder in Einzelfällen unrentabel.

Anders als die rückwärtselektionierten Zuckerrüben müssen die im Feld zurückbleibenden Rübenköpfe und die nicht geernteten, zweijährigen Zuckerrüben vor der Blüte im folgenden Jahr den dazwischen liegenden Winter überleben können, damit es zur Ausbildung von Samen kommt. Einer der wichtigsten Faktoren für das Überleben und damit auch für die Samenbildung von Zuckerrüben ist somit die Kältetoleranz – zumindest unter den klimatischen Bedingungen in Mittel- und Nordeuropa. Bisher nahm man an, dass die Überlebenswahrscheinlichkeit von zweijährigen Zuckerrüben bei Temperaturen unter minus 5°C gegen Null sinkt. Neuere Untersuchungen widerlegen jedoch diese Annahmen und zeigen eine in milden Wintern unerwartet hohe Überlebensrate (POHL-ORF et al. 1998a). Gemäss POHL-ORF et al. (1999a/c) können Zuckerrüben auch Temperaturen von minus 10°C und tiefer überleben. Die Überlebenswahrscheinlichkeit scheint dabei unabhängig von den Temperaturminima zu sein, sondern vielmehr mit der Temperatursumme aller Werte kleiner 0°C zu korrelieren (POHL-ORF et al. 1998a). Diese neuen Resultate machen klar, dass zweijährige Zuckerrüben auch in Mittel- und Nordeuropa einen Winter überdauern können, wenn die Temperaturen im Durchschnitt nicht allzu tief sind.

Neben den oben dargestellten Möglichkeiten besteht schließlich noch ein weiterer Weg, der zur Ausbildung von Zuckerrübensamen während des Anbaus führt: In den Regionen, in denen die Produktion von Zuckerrübensaatgut erfolgt, kann es zur Bildung von Hybriden zwischen Wildrüben und den kommerziellen Zuchtlinien kommen (BOUDRY et al. 1993, SAAT & DE LAAT 1992; siehe dazu auch Kapitel 5.1.1). Dabei kann auch die in Wildrüben weit verbreite und dominant vererbte

Eigenschaft der Einjährigkeit in die Zuckerrüben einkreuzen. Die Bildung von Hybriden lässt sich in den Saatgutproduktionsgebieten (Südwestfrankreich, Norditalien, Ostengland) nicht verhindern. Daher gelangen mit dem Saatgut aus diesen Regionen immer wieder einjährige, hybride Zuckerrüben in die Anbauggebiete Mittel- und Nordeuropas, wo sie dann als Schosser bereits in der ersten Vegetationsperiode blühen. Mit der Bildung dieser Hybride besteht eine weitere Möglichkeit, dass es im kommerziellen Anbau zur Ausbildung von transgenen Hybridsamen kommt.

Die auf den verschiedenen Wegen entstandenen Samen können zur Verbreitung der Zuckerrüben in neue Biotope führen. Dazu stehen zwei Wege offen: So können die Samen einerseits direkt von der Zuckerrübenstaude in angrenzende Biotope gelangen oder sie können sich andererseits über die Bodensamenbank ausbreiten. Was den ersten Weg betrifft, so dürfte der Ausbreitungsradius vermutlich klein sein, da die Verbreitung der Zuckerrübensamen hauptsächlich durch die Schwerkraft erfolgt (HANCOCK et al. 1996). Doch Untersuchungen über die genaue Verbreitungsdistanz gibt es kaum, entsprechende Daten fehlen daher weitgehend (VAN RAAMSDONK & SCHOUTEN 1997). Eine der wenigen Angaben stammt aus Nordfrankreich und zeigt, dass die Zuckerrübensamen innerhalb 100 Meter von der Staude entfernt bereits auf dem Boden landen (VAN RAAMSDONK & SCHOUTEN 1997). Ungleich höher dürfte der Verbreitungsradius ausfallen, wenn man den Samentransport via Tiere berücksichtigt. So können zum Beispiel Samen, die am Fell eines Tieres haften bleiben, unter Umständen große Distanzen überbrücken. Ebenfalls um große Distanzen geht es, wenn man den zweiten Verbreitungsweg der Zuckerrübensamen betrachtet. Gelangen die Samen vor der Ernte der Rübenfelder in den Boden, so können sie mit der dem Erntegut anhaftenden Erde verbreitet werden. Bei der Ernte der Zuckerrüben werden etwa acht Gewichtsprozent Erde (dies entspricht etwa fünf Tonnen Erde pro Hektar) mitgeerntet und abtransportiert (HÄNI 1986).

Neben der räumlichen Distanz muss beim Samenausbreitungsweg über den Boden auch die zeitliche Dimension berücksichtigt werden. Zuckerrübensamen, die in die Böden gelangen, können dort bis zu zehn Jahre überleben und keimfähig bleiben (HAAS & WEBER 1993). Keimen diese Samen aus der Bodensamenbank aus, so können sie wieder zur Blüte und damit auch zur Samenbildung gelangen. Dadurch ist eine wiederholte Ausbreitung von einem Standort aus möglich. Stillgelegte oder schlecht gepflegte Zuckerrübenfelder sind Flächen, die diesen Vorgang besonders fördern. BARTSCH et al. (1996b) merken dazu an, dass junge Brachflächen zu den Flächen in den Zielökosystemen gehören, wo ein ungewolltes Überleben von Zuckerrüben realistisch geschehen kann. Aufgrund theoretischer Überlegungen stellen junge Brachen eine der günstigsten Ausgangssituationen für die langfristige Etablierung von Zuckerrüben außerhalb ihrer natürlichen Habitate dar (BARTSCH 1996).

Wie die oben dargestellten Daten zeigen, könnten sich transgene rizomaniarésistente Zuckerrüben über die Ackerfläche hinweg in fremde Biotope ausbreiten.

Wenn transgene rizomaniarésistente Zuckerrüben sich über die Anbaufläche hinaus ausbreiten, dürften sie wahrscheinlich zunächst in Ruderalvegetationen aufgefunden werden. Da Ruderalbiotope eine erhöhte Invasibilität besitzen, kommen dort im allgemeinen viele eingeschleppte und verwilderte Pflanzen vor (TRAXLER et al. 2000).

Hypothese 5.1.3a: Werden transgene rizomaniaresistente Zuckerrüben großflächig angebaut, breiten sie sich außerhalb der Anbaufläche aus.

Parameter zu H5.1.3a:

- Vorkommen von transgenen rizomaniaresistenten Zuckerrüben auf naheliegenden Ruderalflächen, auf Randstreifen, entlang der Transportwege zu Zuckerfabriken (sP) *

Hilfsparameter:

- Anzahl schossende transgene rizomaniaresistente Zuckerrüben (Unkrautrüben) in den Anbauflächen
- Anzahl schlecht gepflegter oder stillgelegter Zuckerrübenfelder

Verglichen mit nicht rizomaniaresistenten, verwilderten Zuckerrüben dürften transgene rizomaniaresistente Zuckerrüben überall dort einen Vorteil haben, wo der Boden mit BNYVV kontaminiert ist. Das zeigen die Versuche von BARTSCH et al. (1996a), in denen transgene rizomaniaresistente Zuckerrüben und deren untransformierte Ausgangslinien einer Konkurrenz durch *Chenopodium album*, einem Leitbeikraut der Ruderal- und Hackunkrautgesellschaften, unterworfen wurde. Die transgenen Zuckerrüben hatten dann einen signifikanten Vorteil, wenn die Versuche unter BNYVV-Befallsdruck durchgeführt wurden. Die verstärkte Durchsetzungskraft der transgenen Zuckerrüben war jedoch nicht höher als diejenige von herkömmlich gezüchteten Rizomania-toleranten Zuckerrüben (BARTSCH et al. 1996a).

Hypothese 5.1.3b: Transgene rizomaniaresistente Zuckerrüben können bevorzugt in mit BNYVV-kontaminierte Habitate einwandern.

Parameter H5.1.3b:

- Vorkommen transgener rizomaniaresistenter Zuckerrüben außerhalb der Anbauflächen (sP) *
- Vergleich der Verbreitung und Habitate verwilderter Zuckerrüben vor und nach dem Anbau transgener rizomaniaresistenter Zuckerrüben (VP)
- Durchwuchs in der Fruchtfolge auf Standorten mit Rizomaniabefall (sP)

Hilfsparameter:

- Vorkommen rizomaniabefallenen Standorte, die von den transgenen Zuckerrüben erreicht werden können
- Anzahl schossender transgener Zuckerrüben (Unkrautrüben) in den Anbauflächen

5.1.4. Auskreuzung

5.1.4.1. Auskreuzung von transgenen Zuckerrüben auf Wildrüben (*B. vulgaris* ssp. *maritima*)

Aufgrund der bisherigen Erfahrungen und Daten wird die Wahrscheinlichkeit eines Genflusses zwischen Zuckerrüben und Wildrüben als hoch eingestuft (RAYBOLD & GRAY 1993, DE VRIES et al. 1992, SAAT & DE LAAT 1992). So ist insbesondere aus den Saatgutproduktionsgebieten in Norditalien und Südwestfrankreich bekannt, dass eine Introgression von Kulturrübengen in Wildrüben und vice versa wiederholt stattfindet (BARTSCH et al. 1999a, BARTSCH & SCHMIDT 1997, BOUDRY et al. 1993, SANTONI & BERVILLÉ 1992). Zudem sind auch experimentell erfolgreiche Hybridisierungen zwischen transgenen Zuckerrüben und Wildrüben gelungen (BARTSCH & POHL-ORF 1996, FREDSHAVN & POULSEN 1996). Untersuchungen der hybriden Nachkommen zeigen dabei, dass die Ausprägung der Transgene (Rizomaniaresistenz und Herbizidresistenz) stabil ist und auch stabil weitervererbt wird (DIETZ-PFEILSTETTER & KIRCHNER 1998). Da Wild- und Zuckerrüben die gleiche Blütezeit aufweisen (HOFFMANN & KÖHLER 2000, GERDEMANN-KNÖRCK & TEGEDER 1997), findet überall dort ein Genfluss von Zuckerrüben in Wildrüben statt, wo die beiden Pflanzen innerhalb der Reichweite der Zuckerrübenpollen vorkommen.

Die Wildrübe ist in West- und Mitteleuropa entlang der Küsten des Atlantiks, der Nord- und Ostsee verbreitet und kommt dort bevorzugt an felsigen Deichen sowie sandigen und steinigen Stränden in den stickstoffreichen Spülsäumen der Wintersturmfluten vor (DRIEBEN et al. 2000a, SUKOPP & SUKOPP 1993). Neben diesen küstennahen Habitaten scheint die Wildrübe jedoch auch im Inland Populationen aufbauen zu können. Zumindest in Frankreich ist eine solche «Inland»-Population bekannt, wobei nicht auszuschließen ist, dass es sich dabei um Hybride zwischen Wildrüben und kultivierten Rüben handelt (DESPLANQUE et al. 1999).

Auch in Deutschland kommen Wildrüben in räumlicher Nähe zu Zuckerrübenanbaugebieten vor. Neben Helgoland sind mittlerweile mindestens 16 Wildrübenstandorte zwischen Fehmarn und Kiel bekannt (DRIEBEN et al. 2000a), wobei eine stetige Ausbreitung Richtung Westen zu beobachten ist. HOFFMANN & KÖHLER (2000) berichten von Wildrübenfundorten an der Nordsee. Das Vorkommen der Populationen ist zeitlich und räumlich stark wechselnd. Die Zahl der Individuen pro Standort ist sehr unterschiedlich und kann von wenigen bis zu 150 Exemplaren reichen (DRIEBEN et al. 2000a). Von den Wildrübenpopulationen an der deutschen Ostseeküste ist bekannt, dass sie teilweise direkt neben Zuckerrübenfeldern mit blühenden Schossern wachsen (BARTSCH 2000).

Aufgrund der dargestellten Daten ist eine Auskreuzung der transgenen Rizomaniaresistenz auf Wildrüben in Deutschland möglich. Ob ein solcher Gentransfer auch tatsächlich stattfinden wird, hängt unter anderem davon ab, ob transgene rizomaniaresistente Zuckerrüben in der Nähe der Wildrübenpopulationen angebaut werden. Nach NEEMANN & SCHWERWAß (1999) kommt Rizomania vor allem in den Böden der Zuckerrübenanbaugebiete Süddeutschlands vor. In den Rübenanbauflächen hingegen, die im Küstenbereich der Nord- und Ostsee liegen, spielt die

Viruskrankheit bisher keine Rolle. KORELL et al. (1997) berichten jedoch auch von norddeutschen Anbaugebieten, die erheblich mit Rizomania kontaminiert sind. Auch wenn diese Gebiete nicht in unmittelbarer Nähe der Wildrübenpopulationen liegen, kann aufgrund der weiten Pollenflugdistanz sowie dem Vorkommen von «green bridges» in Form von Unkraut- und Ruderalrüben eine Auskreuzung der transgenen Rizomaniaresistenz nicht ausgeschlossen werden. Zudem ist auch der Zuckerrübenanbau im benachbarten Dänemark in die Überlegungen mit einzubeziehen, deuten doch die genetischen Fingerabdrücke der deutschen Wildrüben darauf hin, dass die Einbürgerung und Ausbreitung über Samen aus dänischen Wildrübenpopulationen stattgefunden haben kann (DRIEBEN et al. 2000a). Würden also in Dänemark transgene rizomaniaresistente Zuckerrüben angebaut, so könnte dies zum Vorkommen von transgenen rizomaniaresistenten Wildrüben in Deutschland führen. Eine weitere Möglichkeit, die zur Einkreuzung der transgenen Rizomaniaresistenz in deutsche Wildrübenpopulationen führen könnte, ist folgende: Das Saatgut für die transgenen Zuckerrüben wird in Norditalien oder Südwestfrankreich produziert. Dort kommt es zu einer Auskreuzung des Transgens auf Wild- und Unkrautrüben. Aus diesen nun transgenen Populationen kann die Rizomaniaresistenz wiederum zurück in konventionelle Zuckerrübensorten gelangen, die man in diesen Gebieten vermehrt. Werden dann die kontaminierten, konventionellen Zuckerrübensorten in Norddeutschland angebaut, kann das Transgen schließlich in die Wildrüben gelangen.

Da eine Auskreuzung der Rizomaniaresistenz auf Wildrüben nicht zu verhindern ist, stellt sich die Frage, welche Konsequenzen diese Auskreuzung haben könnte. Virusresistenz gilt als ökologisch relevante Eigenschaft, die das Ausbreitungspotential von Pflanzen steigern könnte (TAPPESER et al. 2000). Überall dort, wo das Virus vorkommt, besitzen resistente Pflanzen gegenüber nicht resistenten einen Vorteil. Die Arbeitsgruppe um Detlef Bartsch ging deshalb der Frage nach, welche Rolle Rizomania in den natürlichen Habitaten der Wildrüben spielt. Wie die Resultate zeigen, kann man zumindest in Bodenproben der Wildrübenstandorte in Italien keine BNYV-Viren nachweisen (POHL-ORF et al. 1999b, SCHMIDT & BARTSCH 1996). Im Gewächshaus versuchte man zudem, Wildrüben unter solchen Bedingungen mit BNYVV zu infizieren, die in ihren natürlichen Habitaten vorliegen – das heißt vor allem unter den üblichen Salinitäten der küstennahen Standorte. Dabei stellte man fest, dass der Befall von BNYVV abhängig von der Salzkonzentration ist: Je höher der Salzgehalt war, desto schwächer war der Virusbefall (POHL-ORF et al. 1999c, 1998b, BARTSCH & BRANDT 1998). Zusammenfassend ergibt sich aus den bisherigen Untersuchungen nach POHL-ORF et al. (1999b) folgendes Bild: unter den habitatspezifischen Salinitäten kommt es nicht zu einer Infektion mit BNYVV und eine eingekreuzte Resistenz gegen Rizomania bringt daher in den Wildhabitaten keinen Selektionsvorteil. Insbesondere ohne den Faktor Salinität sollte dieses Szenario aber nicht völlig ausgeschlossen werden.

Wildrüben scheinen jedoch auch natürlicherweise mit BNYVV in Kontakt zu kommen. Diese Vermutung gründet sich darauf, dass Wildrüben Toleranzen oder Resistenzen gegen Rizomania besitzen können (SCHOLTEN & LANGE 2000, BARR et al. 1995, GEYL et al. 1995, WITHNEY 1989). Ob diese Resistenzen tatsächlich einen früheren Selektionsdruck widerspiegeln, ist unklar (BARTSCH

et al. 1996). Wenn jedoch das BNYVV unter gewissen Bedingungen einen Selektionsdruck auf Wildrüben ausüben könnte, dann könnte wiederum auch die Auskreuzung der transgenen Virusresistenz einen Vorteil bringen. Andererseits: wenn Wildrüben bereits natürlicherweise resistent gegen Rizomania sein können, welchen Effekt kann dann das Einkreuzen der transgenen Resistenz in diesen Fällen haben? DIETZ-PFEILSTETTER & KIRCHNER (1998) zeigten, dass sich BNYVV in transgenen Hybriden, die aus einer Kreuzung zwischen Rizomaniarresistenten Zuckerrüben und Wildrüben entstanden, weniger stark akkumulierte als in natürlicherweise resistenten Wildrüben. Ob diese Beobachtung ökologisch relevant ist, bleibt zu untersuchen. Klar ist auf jeden Fall, dass eine Einkreuzung des Resistenzgens in den natürlichen Wildhabitaten ökologische Auswirkungen haben könnte, in denen BNYVV vorkommt und empfindliche Wildrüben wachsen (BARTSCH 1997).

Was die deutschen Wildrübenpopulationen betrifft, so ist noch nicht untersucht worden, in welchem Ausmaß sie rizomaniarresistent sind und ob in ihren Habitaten BNYVV vorkommt.

Transgene rizomaniarresistente Wildrüben könnten nicht allein gegen BNYVV sondern auch gegen andere Viren resistent sein. Diese Überlegung gründet sich auf folgende Beobachtung: transgene Pflanzen, die das Hüllprotein eines Virus exprimieren, können unter Umständen dadurch auch eine Kreuzresistenz gegen eng oder entfernt verwandte Viren entwickeln (ANDERSON et al. 1989, STARK & BEACHY 1989). Wäre dies auch bei transgenen rizomaniarresistenten Wildrüben der Fall, könnten sie aus der Einkreuzung des BNYVV-Hüllproteingens einen Vorteil ziehen.

Langfristig betrachtet, könnte es in Wildrüben zu einem ‚stacking‘ von Transgenen kommen, wenn unterschiedliche transgene Zuckerrübenlinien angebaut werden. Dadurch könnten Wildrüben weitere, ökologisch relevante Transgene erhalten.

Schließlich sind immer auch Merkmale in die Überlegungen mit einzubeziehen, die auf pleiotropen Effekten des Genkonstruktes beruhen, und die das Ausbreitungsverhalten transgener Wildhybriden beeinflussen könnten (SCHMIDT & BARTSCH 1996).

Hypothese 5.1.4.1a: Werden transgene rizomaniarresistente Zuckerrüben angebaut, entstehen in den deutschen Wildrübenpopulationen transgene rizomaniarresistente Individuen.

Parameter H5.1.4.1a:

- Vorkommen des BNYVV-Hüllproteingens im Genom von Individuen der deutschen Wildrübenpopulationen (VP) *

Hilfsparameter:

- Anbaufläche der transgenen Zuckerrübe
- Anzahl transgener Schosser, die in den Anbauflächen zur Blüte gelangen
- Lage der Anbaufläche (windgeschützt oder windexponiert)
- Geographische Lage der Anbauflächen; Distanz zwischen Anbauflächen und Wildrübenpopulation

- Vorkommen von «green bridges» – Unkrautrüben und Ruderalrüben – zwischen Anbaubereichen und Wildrübenhabitaten; Vorkommen des Transgens in diesen Rüben.

Hypothese 5.1.4.1b: Entstehen transgene rizomaniarésistente Wildrüben (Kombination Wildmerkmale und Virusresistenz), so können sich diese verstärkt in neue Habitate ausbreiten, insbesondere in solche, in denen Rizomania auftritt.

Parameter zu H5.1.4.1b:

- Vergleich der Verbreitung der Wildrübenpopulationen vor und nach dem Einkreuzen der transgenen Rizomaniarésistenz (VP)

Hilfsparameter:

- Ausmaß der natürlichen Rizomaniarésistenz in den Wildrübenpopulationen vor dem Einkreuzen des Transgens.
- Vorkommen rizomaniabefallener Standorte, die von Wildrüben erreicht werden können.

Hypothese 5.1.4.1c: Entstehen transgene rizomaniarésistente Wildrüben, so weisen sie im Vergleich zu nicht transgenen Wildrüben einen Konkurrenzvorteil auf, wodurch sich die genetische Vielfalt innerhalb der Wildrübenpopulationen reduziert.

Parameter zu H5.1.4.1c:

- Vergleich der genetischen Vielfalt innerhalb der Wildrübenpopulationen vor der Entstehung transgener Wildrüben mit der genetischen Vielfalt nach der Entstehung. Beobachtung der Entwicklung der genetischen Vielfalt nach erstmaligem Fund einer transgenen Wildrübe (VP)
- Bestandsentwicklung von Wildrüben mit Transgensequenzen (VP)

Hilfsparameter:

- Grad der Verseuchung der Wildrübenhabitats mit BNYVV
- Ausmaß der natürlichen Rizomaniarésistenz der Wildrübenpopulationen

5.1.4.1.1. Auskreuzung von transgenen Wildrüben auf nicht-transgene oder andere transgene Zuckerrüben

Sind Transgene einmal in Wildrüben eingekreuzt, können sie von dort aus wieder in schossende Zuckerrüben gelangen (DRIEBEN et al. 2000a). Damit würden verstärkt Wildkrauteigenschaften in die Zuckerrüben eingekreuzt, was deren Konkurrenzkraft erhöhen könnte. Transgene Wildrüben könnten auf diesem Weg schneller ihre natürlichen Habitate verlassen als über Samenverbreitung.

In Südwestfrankreich existiert eine wildwachsende Rübenpopulation fernab von der Atlantik- und Mittelmeerküste. Erste Resultate deuten darauf hin, dass es sich bei diesen Wildrüben um Hybride zwischen Wild- und kultivierten Rüben handeln könnte (DESPLANQUE et al. 1999). Wie das Beispiel

zeigt, können Wildrüben beziehungsweise Hybride aus Wild- und kultivierten Rüben durchaus auch in anderen als ihren angestammten Habitaten Populationen aufbauen.

Hypothese 5.1.4.1.1a: Entstehen transgene rizomaniarésistente Wildrüben, so gelangt das Transgen via Pollen in herkömmliche Zuckerrübenbestände.

Parameter zu H5.1.4.1.1a:

- Vorkommen von Zuckerrüben, die das BNYVV-Hüllproteingen besitzen, in herkömmlichen Zuckerrübenfeldern (VP) *

Hilfsparameter:

- Anzahl transgener Wildrüben
- Distanz zwischen den Habitaten transgener Wildrüben und herkömmlichen Zuckerrübenfeldern
- Anzahl Schosser in den herkömmlichen Zuckerrübenfeldern
- Windrichtung
- Windstärke
- Vorkommen von ‚green bridges‘, die das BNYVV-Hüllproteingen besitzen.

Hypothesenkomplex 5.1.4.1.1b: Kreuzt das Transgen aus Wildrüben in herkömmliche, schossende Zuckerrüben ein, so erhalten die Hybriden einen Konkurrenzvorteil und können neue Gebiete erobern.

Parameter zu H5.1.4.1.1b:

- Vorkommen von transgenen Hybriden außerhalb der Anbaufläche (VP) *
- Vergleich der Anzahl verwilderter Rüben vor dem Anbau transgener rizomaniarésistenter Zuckerrüben mit der entsprechenden Anzahl nach dem Entstehen der Hybriden (VP) *

Langfristig betrachtet werden in Deutschland vermutlich mehrere, verschiedene transgene Zuckerrübenlinien angebaut werden. Damit bestünde die Möglichkeit, dass das BNYVV-Hüllprotein aus transgenen Wildrüben in diese transgenen Zuckerrüben gelangt.

Hypothese 5.1.4.1.1c: Entstehen transgene rizomaniarésistente Wildrüben, so kommt es in Norddeutschland zu einem ‚gene stacking‘ in Zuckerrüben.

Parameter zu H5.1.4.1.1c:

- Vorkommen von mehrfach transgenen Zuckerrüben, die durch ein ‚gene stacking‘ entstanden sind (VP) *

Hilfsparameter:

- Anzahl zugelassener und angebauter transgener Zuckerrübensorten
- Anbaufläche (Ort, ha) je transgener Zuckerrübenlinie
- Anzahl transgener rizomaniar resistenter Wildrüben
- Anzahl transgener Schosser innerhalb der Anbauflächen
- Größe der Anbaufläche mit transgenen Zuckerrüben
- Distanz zwischen den Habitaten transgener Wildrüben und transgener Zuckerrübenfelder
- Windrichtung
- Windstärke
- Vorkommen von «green bridges», die das BNYVV-Hüllproteingen besitzen.

5.1.4.2. Auskreuzung von transgenen Zuckerrüben auf Unkrautrüben

In Deutschland kommen Unkrautrübenpopulationen in unmittelbarer und mittelbarer Umgebung anderer Zuckerrübenanbauflächen vor (HOFFMANN & KÖHLER 2000). Untersuchungen von VIGOUROUX et al. (1999) zeigen, dass die geringe Pollenmenge vereinzelt auftretender transgener Schosserrüben in den Anbauflächen ausreicht, um mit den Unkrautrüben eines benachbarten Feldes hybride Nachkommen zu bilden. Die Auskreuzungsrate lag bei 0.8%.

Hypothese 5.1.4.2: Werden transgene rizomaniar resistente Zuckerrüben großflächig angebaut, so kreuzt das BNYVV-Hüllproteingen in bereits bestehende Unkrautrübenpopulationen ein.

Parameter zu H5.1.4.2:

- Vorkommen von Unkrautrüben, die das BNYVV-Hüllproteingen besitzen (VP) *

Hilfsparameter:

- Anzahl transgene Schosser innerhalb der Anbauflächen
- Anzahl schossender Unkrautrüben in der Anbaufläche
- Anzahl schossender, nicht transgener Unkrautrüben in benachbarten Anbauflächen, auf denen nicht transgene Zuckerrüben wachsen
- Distanz zwischen den verschiedenen Zuckerrübenfeldern
- Windrichtung
- Windstärke

Wie in Kapitel 5.1.1 dargestellt, können transgene Zuckerrüben auch dann entstehen, wenn in den Saatgutproduktionsgebieten der transgenen Sorte das dominante Gen für die Einjährigkeit aus Wildrüben in das Saatgut einkreuzt.

Es kann davon ausgegangen werden, dass sich die transgene Rizomaniarresistenz in Unkrautrübenpopulationen ausbreitet. Die Etablierung des Transgens erfolgt dabei auch dann, wenn das Transgen keine neuen ökologischen Vorteile aufweisen sollte. Denn der wichtigste Faktor für die

Endbericht: Monitoring gentechnisch veränderter Pflanzen

Etablierung ist, ob schossende Rüben regelmäßig aus den Anbauflächen entfernt werden (BARTSCH et al. 1996b; siehe auch Kapitel 5.1.2). Werden die Schosser jedoch nicht regelmäßig entfernt, so können unerwünschte Langzeiteffekte auftreten. Etablierte transgene Unkrautrübenpopulationen können eine permanente Quelle für die Verbreitung transgener Samen und Pollen darstellen.

5.1.4.3. Auskreuzung von transgenen Zuckerrüben auf verwilderte Rüben

Die Kulturformen von *B. vulgaris* ssp. *vulgaris* können vorübergehend auch außerhalb der Anbauflächen in naturnahen Habitaten vorkommen. Belegt sind solche Fälle zum Beispiel in Österreich und in der Schweiz (GOLLMANN & PASCHER 1998, LAUBER & WAGNER 1996). In den deutschen Floren (ROTHMALER 1990, OBERDORFER 1990, DÜLL & KUTZELNIGG 1994) finden sich keine Hinweise auf verwilderte Kulturformen der Rübe. Dass aber auch hierzulande mit Ruderalrüben zu rechnen ist, zeigen DRIEBEN et al. (2000b). Sie fanden nämlich bei der Kartierung der Wildrübenpopulationen an der Ostseeküste auch Ruderalrüben.

Mit dem Vorkommen von Ruderalrüben steht dem BNYVV-Hüllproteingen ein weiterer Verbreitungsweg offen. Die neu entstehenden transgenen Ruderalrüben können als ‚green bridges‘ für die weitere Verbreitung des Transgens wirken.

Wie in Kapitel 5.1.3 dargestellt, können transgene Ruderalrüben zudem dann entstehen, wenn sich transgene Zuckerrüben via Samen über die Ackergrenze hinweg ausbreiten.

Hypothese 5.1.4.3a: Werden transgene rizomaniarésistente Zuckerrüben großflächig angebaut, entstehen durch Auskreuzung transgene Ruderalrüben.

Parameter zu H5.1.4.3a:

- Vorkommen transgener rizomaniarésistenter Zuckerrüben außerhalb der Anbauflächen (VP) *

Hilfsparameter:

- Anzahl transgene Schosser innerhalb der Anbauflächen
- Vorkommen von Ruderalrüben
- Größe der Anbaufläche mit den transgenen Zuckerrüben
- Distanz zwischen den Standorten der Ruderalrüben und den transgenen Zuckerrübenfeldern
- Windrichtung
- Windstärke

Verglichen mit nicht rizomaniarésistenten Ruderalrüben dürften transgene rizomaniarésistente Zuckerrüben überall dort einen Vorteil haben, wo der Boden mit BNYVV kontaminiert ist. Das zeigen die Versuche von BARTSCH et al. (1996a). In diesen Versuchen wurden wie bereits erwähnt transgene rizomaniarésistente Zuckerrüben und deren untransformierte Ausgangslinien einer Konkurrenz durch *Chenopodium album*, einem Leitbeikraut der Ruderal- und Hackunkrautgesellschaften, unterworfen. Das Resultat: die transgenen Zuckerrüben hatten dann

einen signifikanten Vorteil, wenn die Versuche unter BNYVV-Befallsdruck durchgeführt wurden. Die verstärkte Durchsetzungskraft der transgenen Zuckerrüben war jedoch nicht höher als diejenige von herkömmlich gezüchteten Rizomania-toleranten Zuckerrüben (BARTSCH et al. 1996a).

Hypothesenkomplex 5.1.4.3b: Entstehen transgene rizomaniaresistente Ruderalrüben, so können sie in neue, mit BNYVV-kontaminierte Habitate einwandern und hier einen Selektionsvorteil haben.

Parameter H5.1.4.3b:

- Vorkommen transgener rizomaniaresistenter Ruderalrüben (VP) *
- Vergleich der Verbreitung der Ruderalrüben vor und nach der Einkreuzung der transgenen Rizomaniaresistenz (VP)

Hilfsparameter:

- Vorkommen rizomaniabefallener Standorte, die von den transgenen Ruderalrüben erreicht werden können

5.1.4.4. Auskreuzung von transgenen Zuckerrüben auf andere Varietäten von *Beta vulgaris* ssp. *vulgaris*

Auskreuzungen zwischen den Varietäten der Kulturform *Beta vulgaris* ssp. *vulgaris* sind möglich. Die Zuckerrübe kann mit Mangold, Rote Bete, Gelbe Bete und Futterrübe fertile Nachkommen bilden (BARTSCH et al. 2000a, GERDEMANN-KNÖRCK & TEGEDER 1997; siehe Tabelle 7). Experimentell wurden erfolgreich fertile, hybride Nachkommen aus transgenen Zuckerrüben und Mangold (DIETZ-PFEILSTETTER 1998) sowie aus transgenen Zuckerrüben und Rote Bete erzeugt (BARTSCH & POHL-ORF 1996). DIETZ-PFEILSTETTER et al. (1998) untersuchten transgene Zuckerrüben/Mangold-Hybriden. Diese Hybriden waren aus einer manuellen Kreuzung zwischen zwei homozygot transgenen rizomaniaresistenten Zuckerrübenlinien und Mangold entstanden. Wie sich zeigte, vererbten die F1-Hybriden das Transgen nach den Mendel'schen Regeln. Das Transgen erwies sich auch in F2-Pflanzen als stabil. Was sich hingegen als wenig stabil erwies, war die Expression des Transgens. Freisetzungsversuche zeigten nämlich, dass die Expression des Hüllproteingens stark von den Klimabedingungen abhängig war, und an heißen Tagen mit langer Sonnenscheindauer fast vollständig zum Erliegen kam (DIETZ-PFEILSTETTER et al. 1998). Auch POHL-ORF et al. (1999a, 1998a) untersuchten transgene Mangold/Zuckerrüben-Hybriden, die das BNYVV-Hüllproteingens exprimieren. Sie konnten in ihren Freilanduntersuchungen zeigen, dass die Hybriden milde Winter überleben können. Ein unerwarteter Effekt zeigte sich, als POHL-ORF et al. (1998a) die Schosserraten der transgenen Hybride mit denjenigen von nicht-transgenen Hybriden verglichen. Die Schosserrate der transgenen Hybride lag deutlich tiefer, als bei den nicht-transgenen Hybriden. Der Grund für den Unterschied, so vermutet man, liegt bei diffusen Nebeneffekten, das heißt pleiotropen Effekten des Transgens.

Wie Zuckerrüben werden auch Futterrüben in Deutschland großflächig angebaut. Obwohl der Futterrübenanbau insgesamt zurückgegangen ist (GERDEMANN-KNÖRCK & TEGEDER 1997), dürften Futterrüben innerhalb der Pollenreichweite von Zuckerrüben wachsen. Eine Auskreuzung der Rizomaniaresistenz ist damit möglich, sofern sich auf den Futterrübenflächen schossende Individuen befinden.

Über die Verbreitung der Varietäten Mangold, Rote Bete und Gelbe Bete in Deutschland ist wenig bekannt. Vermutlich werden sie nur regional kommerziell angebaut⁴. Orte, wo die Varietäten sicher vorkommen dürften, sind Privat- und Hausgärten. Unklar wiederum ist, ob die Varietäten in Deutschland wie in Österreich (GOLLMANN & PASCHER 1998) und der Schweiz (LAUBER & WAGNER 1996) gelegentlich verwildert vorkommen.

Wie die oben dargestellten Daten zeigen, ist eine Auskreuzung der Rizomaniaresistenz auf Mangold, Rote Bete, Gelbe Bete und Futterrübe möglich. Unklar bleibt, ob die bei den Hybriden unerwartet beobachteten Effekte – instabile Genexpression und tiefe Schosserrate – allgemein gültig sind oder nur in den jeweiligen Untersuchungsansätzen (z. B. Wahl einer ganz bestimmten Mangoldvarietät) eintreten. Über mögliche ökologische Effekte könnte hier nur spekuliert werden. Daher werden an dieser Stelle keine Hypothesen zu unerwarteten Effekten abgeleitet.

Hypothese 5.1.4.4a: Werden transgene rizomaniaresistente Zuckerrüben angebaut, entstehen via Auskreuzung transgene rizomaniaresistente, hybride Varietäten (Rote Bete, Gelbe Bete, Mangold und Futterrübe).

Parameter zu H5.1.4.4a:

- Vorkommen des BNYVV-Hüllproteingens im Genom von Individuen der Varietäten Rote Bete, Gelbe Bete, Mangold und Futterrübe (sP) *

Hilfsparameter:

- Anbaufläche der transgenen Zuckerrübe
- Anzahl transgener Schosser, die in den Anbauflächen zur Blüte kommen.
- Anzahl transgener «green bridges» – Unkraut- und Ruderalrüben, die aus früheren Auskreuzungen entstanden sind.
- Vorkommen von mit der Zuckerrübe blühsynchronen Mangold, Rote Bete, Gelbe Bete und Futterrüben innerhalb der Reichweite der Zuckerrübenpollen (fünf Kilometer bei Windverbreitung, mehrere Kilometer bei Verbreitung über «green bridges»).
- Windrichtung

⁴ Mangold wird in Deutschland vor allem in der Pfalz im Freiland angebaut (Prof. Noga, Institut für Obstbau und Gemüsebau der Rheinischen Friedrich-Wilhelms-Universität Bonn; persönliche Mitteilung, Januar 2001). Wie Mangold wird auch Rote Bete in Deutschland im Freiland angebaut, ein spezielles Anbaugebiet gibt es hier aber nicht. Vor einigen Jahren lag ein Schwerpunkt in Unterland bei Heilbronn. In erster Linie erfolgt der Anbau in Gemüsebaukleinbetrieben in ganz Deutschland (Herr Winkhoff, Gemüsebau im Zentralverband Gartenbau, persönliche Mitteilung, Januar 2001).

- Windstärke

Wenn eine Auskreuzung der Rizomaniaresistenz auf Varietäten von *Beta vulgaris* ssp. *vulgaris* stattfindet, stellt sich die Frage nach deren ökologischen Auswirkungen. Nach DAHM (1993) werden Mangold, Futterrübe und Rote Bete wie die Zuckerrübe von BNYVV befallen. Durch eine Einkreuzung der Rizomaniaresistenz könnten BNYVV-empfindliche Varietäten in denjenigen Gebieten einen Selektionsvorteil erhalten, in denen Rizomania auftritt. Ob dies der Fall ist, ist unklar. POHL-ORF et al. (1999b, 1998b) fanden in Konkurrenzversuchen mit *Chenopodium album* dann Vorteile für transgene rizomaniaresistente Mangold/Zuckerrüben-Hybriden gegenüber nicht transgener Hybriden, wenn ein starker Befallsdruck vorhanden war (POHL-ORF et al. 1998b).

Hypothese 5.1.4.4b: Entstehen transgene rizomaniaresistente Hybriden aus Zuckerrüben und den Varietäten Mangold, Rote Bete, Gelbe Bete oder Futterrübe, so können diese Hybride in Gebiete mit Rizomaniabefall einwandern.

Parameter zu H5.1.4.4b:

- Vorkommen transgener rizomaniaresistenter Hybriden aus Zuckerrüben und den Varietäten Mangold, Rote Bete, Gelbe Bete oder Futterrübe (VP) *
- Vergleich der Verbreitung der Varietäten vor und nach der Einkreuzung der transgenen Rizomaniaresistenz (VP)

Hilfsparameter:

- Ausmaß der natürlichen Rizomaniaresistenz der Varietäten
- Vorkommen rizomaniabefallener Standorte, die von den hybriden Varietäten erreicht werden können

Transgene Hybride, die aus einer Kreuzung zwischen transgenen rizomaniaresistenten Zuckerrüben und anderen Varietäten von *Beta vulgaris* ssp. *vulgaris* entstanden sind, könnten nicht allein gegen BNYVV sondern auch gegen andere Viren resistent sein. Diese Überlegung gründet sich auf folgende Beobachtung, die man bei anderen Hüllproteingen-exprimierenden Pflanzen gemacht hat: Transgene Pflanzen, die das Hüllproteingen eines Virus bilden, können unter Umständen dadurch auch eine Kreuzresistenz gegen eng oder entfernt verwandte Viren entwickeln (ANDERSON et al. 1989, STARK & BEACHY 1989) (s. Kap. 5.1.4.1). Wäre dies auch bei den oben genannten transgenen rizomaniaresistenten Hybriden der Fall, könnten sie aus der Einkreuzung des BNYVV-Hüllproteingens einen ökologischen Vorteil ziehen. Sie hätten dann nämlich in jenen Habitaten einen Selektionsvorteil, die von eng oder entfernt verwandten Viren von BNYVV kontaminiert sind.

Hypothese 5.1.4.4c: Entstehen transgene rizomaniaresistente Hybride aus Zuckerrüben und den Varietäten Mangold, Rote Bete, Gelbe Bete und Futterrübe, so entwickeln die Hybriden eine

Kreuzresistenz gegen andere Rübenviren, was ihnen in den Habitaten einen Vorteil verschafft, in denen entsprechende Viren vorkommen.

Parameter zu H5.1.4.4c:

- Vorkommen transgener rizomaniar resistenter Hybride aus Zuckerrüben und den Varietäten Mangold, Rote Bete, Gelbe Bete und Futterrübe mit Kreuzresistenz gegen andere Rübenviren (VP)
- Vergleich der Verbreitung der Varietäten vor und nach der Einkreuzung der transgenen Rizomaniarresistenz (VP)

Hilfsparameter:

- Vorkommen von Habitaten, in denen Rübenviren vorhanden sind

5.1.5. Rekombination

Die transgene rizomaniar resistente Zuckerrübe besitzt in ihrem Genom das Hüllproteingene von BNYVV und exprimiert auch die entsprechende mRNA. Diese viralen Sequenzen der transgenen Zuckerrübe könnten zur Entstehung eines neuen Pflanzenvirus führen, wenn ein anderer Rübenvirus die transgene Zuckerrübe infiziert und sich die Sequenzen des BNYVV-Hüllproteingens via Rekombination aneignet. Der durch die Rekombination entstandene, neue Virus könnte einen veränderten Infektionsverlauf aufweisen, ein verändertes Vektoren- und Wirtspflanzenspektrum besitzen oder eine gesteigerter Fitness haben.

Das oben beschriebene Szenario wird allgemein bei transgenen Pflanzen diskutiert, die virale Hüllproteingene exprimieren (SCHÜTTE et al. 2000, WEBER et al. 1998, JÄGER & WEBER 1993). Hüllproteine können je nach Virusart für die Verbreitung der Infektion in der Wirtspflanze oder auch für die Übertragung in andere Pflanzen (Vektor- und Wirtsspezifität) von Bedeutung sein (ECKELKAMP et al. 1997c).

Die Gründe, die für die Entstehung neuer Pflanzenviren sprechen, sind folgende:

Wie Sequenzvergleiche zwischen verschiedenen Virusisolaten zeigen, spielt Rekombination eine natürliche Rolle in der Evolution von Pflanzenviren (WEBER et al. 1998). Zudem hat man schon direkt bei mischinfizierten Pflanzen Rekombinationen zwischen zwei verschiedenen Viren beobachten können. Schließlich ist schon mehrfach experimentell nachgewiesen worden, dass auch in transgenen Pflanzen zwischen einem infizierenden Virus und den klonierten viralen Sequenzen Rekombinationen stattfinden können. Eine Übersicht der Daten geben TAPPESER et al. (2000), AAZIZ & TEPFER (1999), SCHÜTTE (1998b) und ECKELKAMP et al. (1997c). Weitgehend ungeklärt bleibt, wie häufig Rekombinationen bei natürlichen Mischinfektionen bzw. bei transgenen virusresistenten Pflanzen vorkommen (SCHÜTTE et al. 2000). Es gibt Hinweise darauf, dass Mischinfektionen verwandter Viren natürlicherweise nur sehr selten vorkommen (SCHIEMANN, pers. Mitteilung, Januar 2001). Insofern könnten die Rekombinationsmöglichkeiten in transgenen, virusresistenten Pflanzen erhöht sein.

Damit in den transgenen rizomaniarésistenten Zuckerrüben Rekombinationen stattfinden können, müssen die Pflanzen mit einem Rübenvirus infiziert werden. Die Datenbank «Plant Viruses Online» nennt 13 verschiedene Pflanzenvirenarten, die in Europa Zuckerrüben infizieren können (BRUNT et al. 1996; siehe Tabelle 9). Nach GÖKPINAR (1987) kann zudem auch das in der Datenbank nicht als Rübenvirus identifizierte Tabaknekrosevirus (TNV) Zuckerrüben befallen. Neben diesen Virenarten kommen zudem auch die verschiedenen Typen des BNYVV als mögliche Rekombinationspartner in Betracht (KOENIG & BÜTTNER 2000). In Europa gibt es drei Typen von BNYVV: den Typ A, B und P (KOENIG & LENNEFORS 2000). Der A-Typ kommt hauptsächlich in Südeuropa vor, wird aber auch in Nordwesteuropa gefunden. Der B-Typ ist vor allem in Deutschland und Frankreich dominant. Mischinfektionen der Typen A und B werden in zunehmenden Maße in den deutschen Rübenanbaugebieten beobachtet (KOENIG & BÜTTNER 2000). Ein bisher sehr beschränktes Verbreitungsgebiet hat der P-Typ. Er wurde in Europa bisher nur rund um die französische Stadt Pithiviers gefunden (KOENIG & LENNEFORS 2000). Gemäß den bisherigen Daten sollen sich die drei Typen in ihrer Pathogenität nicht unterscheiden (SCHOLTEN & LANGE 2000). Abweichungen gibt es hingegen in der Aggressivität, wobei der P-Typ das aggressivste Virus sein soll (SCHOLTEN & LANGE 2000, KOENIG & LENNEFORS 2000).

Da das Hüllproteingen der transgenen rizomaniarésistenten Zuckerrübe vom A-Typ stammt, sind Rekombinationen mit den B- und P-Typen prinzipiell möglich (KOENIG & BÜTTNER 2000).

Das BNYVV-Hüllproteingen wird in allen Geweben der transgenen Pflanze exprimiert. Daher ist die Wahrscheinlichkeit einer Rekombination in den transgenen Pflanzen höher, als bei natürlich vorkommenden Mischinfektionen in herkömmlichen Zuckerrüben. Der Grund liegt darin, dass die BNYVV-Infektionen in den meisten Fällen auf den Rübenkörper beschränkt ist und BNYVV nur selten in den oberirdischen Pflanzenteilen vorkommt (HILLMANN & SCHLÖSSER 1992). Mit der Expression in allen Geweben erhöht sich somit die Chance, dass Rübenviren mit dem BNYVV-Hüllproteingen in Kontakt kommen.

Tabelle 9: Rübenviren und ihre Gruppeneinteilung, Wirtspflanzen, Vektoren und Verbreitung (nach BRUNT et al. 1996, HAAS & WEBER 1993, HÄNI et al. 1992, GÖKPINAR 1987). Abkürzungen: BNYVV (*beet necrotic yellow vein virus*; Aderngelbfleckigkeitsvirus); BSBV (*beet soil borne virus*); BCV-1 (*beet 1 alphacryptovirus*); BCV-2 (*beet 2 alphacryptovirus*); BLCV (*beet leaf crinkle virus*; Rübenkräuselvirus); BtMV (*beet mosaic virus*); BYV (*beet yellows virus*; Nekrotisches Vergilbungsvirus); BPYV (*beet pseudo-yellows virus*); BYSV (*beet yellow stunt virus*); BMYV (*beet mild yellowing virus*; Mildes Vergilbungsvirus); BYNV (*beet yellow net virus*); BCTV (*beet curly top hybrigeminivirus*); TRV (*tobacco rattler tobnavirus*); ArMV (*arabis mosaic virus*); TNV (*tobacco necrosis virus*; Tabaknekrosevirus).

Virus	Virusgruppe	Wirtspflanzen	Vektor	Vorkommen
BNYVV	Furovirus	<i>Beta vulgaris</i> <i>Beta macrocarpa</i> <i>Spinacia oleracea</i>	Polymyxa betae	weltweit
BSBV	Furovirus	<i>Beta vulgaris</i>	Polymyxa betae	Deutschland, Schweden, Belgien,

				England
BCV-1	Alphacryptovirus	<i>Beta vulgaris</i> spp.	Pollen, Samen	Euroasien
BCV-2	Alphacryptovirus	<i>Beta vulgaris</i> spp.	Pollen, Samen	Euroasien
BLCV	Rhabdovirus	<i>Beta vulgaris</i>	<i>Piesma quadratum</i>	Eurasien
BtMV	Potyvirus	<i>Beta maritima</i> <i>Beta vulgaris</i> <i>Melilotus indicus</i> <i>Trifolium incarnatum</i> <i>Spinacia oleracea</i> <i>Chenopodium album</i> <i>Amaranthus retroflexus</i>	<i>Myzus persicae</i> <i>Aphis fabae</i>	weltweit
BYV	Closterovirus	<i>Beta vulgaris</i> spp.	<i>Myzus persicae</i>	weltweit
BPYV	Closterovirus	<i>Beta vulgaris</i> <i>Lactuca sativa</i> <i>Cichorium endiva</i> <i>Capsella bursa-pastoris</i> <i>Taraxacum officinale</i> <i>Conium maculatum</i>	<i>Trialeurodes vaporariorum</i>	Frankreich, Niederlande, Australien, USA, Japan
BYSV	Closterovirus	<i>Beta vulgaris</i> <i>Lactuca sativa</i> <i>Sonchus oleraceus</i>	<i>Myzus persicae</i> <i>Hyperozyus lactucae</i>	England, Schottland
BMYV	Luteovirus	Mehr als 150 Arten	<i>Myzus persicae</i> , <i>Aphis fabae</i> und andere Aphiden	weltweit
BYNV	Luteovirus	<i>Beta vulgaris</i>	<i>Myzus persicae</i>	Belgien, USA
BCTV	Hybrigemini-virus	<i>Beta vulgaris</i> <i>Spinacia oleracea</i> <i>Phaseolus vulgaris</i> <i>Linum</i> spp. <i>Capsicum</i> spp. <i>Lycopersicon esculentum</i> <i>Solanum tuberosum</i>	<i>Circulifer tenellus</i> <i>C. opacipennis</i>	Eurasien
TRV	Tobravirus	<i>Beta vulgaris</i> <i>Stellaria media</i> <i>Capsicum annuum</i> <i>Solanum tuberosum</i> <i>Nicotiana tabacum</i> <i>Narcissus pseudonarcissus</i>	<i>Paratrichodorus</i> spp. <i>Trichodorus</i> spp.	Eurasien
ArMV	Nepovirus	Über 40 Arten	<i>Xiphinema</i> spp. Samen	Europa, Asien, Afrika, USA
TNV	Nekrovirus	<i>Beta vulgaris</i> <i>Chenopodium amaranticolor</i> <i>Chenopodium quinoa</i> <i>Cucumis sativa</i> <i>Nicotiana tabacum</i> <i>Phaseolus vulgaris</i> <i>Tulipa gesneriana</i>	<i>Olpidium brassicae</i>	weltweit

Wenn die Möglichkeit einer Rekombination gegeben ist, stellt sich die Frage, welche Konsequenzen eine Rekombination mit dem klonierten BNYVV-Hüllproteinen haben könnte. Da aber bisher noch

nie derartige Rekombinationen beobachtet werden konnten, bleibt die Antwort spekulativ. Gemäß HAAS & WEBER (1993) kann das BNYVV-Hüllproteingen eine Rolle bei der Virusverbreitung innerhalb der Pflanze spielen. Demnach ist nicht auszuschließen, dass es nach einer Rekombination zu veränderten Infektionsverläufen kommen kann. Was die Vektorspezifität betrifft, scheint auch hier das BNYVV-Hüllproteingen eine Rolle zu spielen, wobei andere BNYVV-Proteine für eine effiziente Übertragung von der Pflanze auf den Vektor mitverantwortlich sind (RICHARDS & TAMADA 1992, TAMADA & KUSUME 1991, TAMADA & ABE 1989). Der Mechanismus der Übertragung von BNYVV-Viruspartikeln aus den Pflanzenzellen in den Vektor ist bisher jedoch nicht restlos aufgeklärt worden (OBERMEIER 1998). Wenn die in Tabelle 9 aufgelisteten Rübenviren sich das BNYVV-Hüllproteingen via Rekombination aneigenen, könnten diese anderen Rübenviren unter Umständen auf *Polymyxa betae*, den Vektor von BNYVV, übertragen werden⁵. Damit wiederum könnten sie in neue Wirtspflanzen gelangen. Über den Wirtsbereich von *P. betae* ist nur wenig bekannt. Allgemein wird angenommen, dass der Pilz nur einen engen, auf Kulturpflanzen und Beikräuter aus der Familie der *Chenopodiaceae* begrenzten Wirtsbereich aufweist (MIERSCH 1999). Doch es können auch Arten aus anderen Familien infiziert werden (Tabelle 10).

Tabelle 10: Wirtspflanzen von *Polymyxa betae* und BNYVV; kein Anspruch auf Vollständigkeit

Art	Trivialname	Quelle
<i>Beta vulgaris</i> ssp. <i>vulgaris</i>	Zucker-, Futterrübe, Mangold, Rote Bete	DAHM 1993
<i>Spinacia oleracea</i>	Spinat	DAHM 1993
<i>Asteraceae</i> ssp.		MIERSCH 1999
<i>Atriplex patula</i>	Gewöhnliche Melde	BARR & ASHER 1992
<i>Chenopodium album</i>	Weisser Gänsefuss	BARR & ASHER 1992
<i>Silene alba</i>	Weisse Waldnelke	BARR & ASHER 1992
<i>Stellaria media</i>	Vogelmiere	BARR & ASHER 1992
<i>Polygonum aviculare</i>	Vogel-Knöterich	KUTLUK et al. 2000
<i>Sonchus Asper</i>	Rauhe Gänsedistel	KUTLUK et al. 2000
<i>Descurainia sophia</i>	Sophienkraut	KUTLUK et al. 2000

Entstehen in den transgenen rizomaniarésistenten Zuckerrüben neue, rekombinante Viren, die auf *P. betae* übertragen werden, so können sie sich über die Ackergrenze hinweg ausbreiten. *P. betae* verbreitet sich über folgende Wege: durch an Landwirtschaftsmaschinen anhaftende Erde sowie über die Rübenwascherde (HÄNI et al. 1992), durch die Verbreitung infizierter Erde durch Tiere oder Windstöße sowie durch kontaminiertes Wasser, das zur Bewässerung verwendet wird (HENRY et al. 1995). *P. betae* kann dabei über längere Zeit hinweg infektiös bleiben. So können seine Dauersporen mindestens 15 Jahre im Boden überdauern (MIERSCH 1999).

In den bisherigen Untersuchungen, die mit transgenen rizomaniarésistenten Zuckerrüben durchgeführt worden sind, hat man keine Rekombinationen beobachten können (BARTSCH et al. 2000a). Ein

⁵ Neben BNYVV wird auch das Rübenvirus BSBV natürlicherweise von *P. betae* übertragen.

abschließende Beurteilung lassen diese Daten jedoch nicht zu. So sind Rekombination möglicherweise sehr seltene Ereignisse, deren Wahrscheinlichkeit in Laborversuchen und kurzfristigen Freilanduntersuchungen nur schwer zu erfassen ist. Zudem war die Auswahl der möglichen Rekombinationspartner in den bisher durchgeführten Versuchen beschränkt. Von den in Tabelle 9 aufgelisteten möglichen Partnern wurden nur folgende Viren mit einbezogen: BtMV, BSBV, TNV, BYV und BMYV (KOENIG et al. 1995). Was die anderen Rübenviren betrifft, sind unseres Wissens bisher keine Versuche durchgeführt worden. Zudem fehlen auch Untersuchungen zur Rekombination zwischen den verschiedenen Typen von BNYVV und dem klonierten BNYVV-Hüllproteingen.

Hypothese 5.1.5a: Werden transgene Rizomania-transgene Zuckerrüben großflächig angebaut, so entstehen neue, rekombinante Viren.

Parameter zu H5.1.5a:

- Rübenviren, die das klonierte BNYVV-Hüllproteingen in ihrem Genom aufweisen (VP) *

Hilfsparameter:

- Anzahl der transgenen Zuckerrüben, die von Rübenviren befallen sind
- Auftreten ungewöhnlicher oder ungewöhnlich starker Krankheitssymptome bei den transgenen Zuckerrüben

Hypothese 5.1.5b: Entstehen neue, rekombinante Viren, so können diese ihren Wirtskreis auf denjenigen von BNYVV ausweiten.

Parameter zu H5.1.5b:

- Auftauchen von rekombinanten Viren in Wirtspflanzen von *P. beta* und BNYVV, die das klonierte BNYVV-Hüllproteingen besitzen (VP) *

Hilfsparameter:

- Vergleich der Artenzahl der wilden BNYVV-Wirtspflanzen vor und dann ab Anbau der transgenen rizomaniaresistenten Zuckerrüben

5.1.6. Heterologe Enkapsidierung

In transgenen Pflanzen, die ein virales Hüllproteingen exprimieren, kann es zur heterologen Enkapsidierung kommen. Dabei wird die Nukleinsäure eines Virus, dessen Vermehrung durch das klonierte Hüllprotein nicht unterbunden wird, teilweise oder ganz durch das rekombinante Hüllprotein verpackt (WEBER et al. 1998).

Heterologe Enkapsidierung tritt natürlich bei Mischinfektionen verschiedener Viren auf, ist aber auch schon mehrfach bei virusinfizierten transgenen Pflanzen, die ein virales Hüllprotein bilden, beobachtet

Endbericht: Monitoring gentechnisch veränderter Pflanzen

worden (eine Übersicht der Daten geben: TAPPESER et al. 2000, SCHÜTTE 1998c und ECKELKAMP et al. 1997c).

Treten in transgenen Pflanzen heterologe Enkapsidierungen ein, so sind folgende Szenarien denkbar:

Veränderter Infektionsverlauf: Wenn das Hüllprotein eines organ- oder gewebsspezifischen Virus in einer transgenen Pflanze in allen Pflanzenteilen exprimiert wird, kann ein anderes Virus, dessen Infektion auf andere Gewebe oder Organe beschränkt ist, mit diesem Hüllprotein wechselwirken, mit dem es normalerweise nicht in Kontakt kommt. Dadurch könnte die Organ- oder Gewebsspezifität von Viren verändert oder aufgehoben werden, und es könnten neue Schadbilder resultieren (WEBER et al. 1998).

Veränderte Vektorübertragung und Wirtspflanzenkreise: In transgenen Pflanzen, die ein virales Hüllprotein produzieren, kann es zu einem Vektorwechsel kommen, der den betreffenden, neu ‚fremdverpackten‘ Viren Zugang zu neuen Wirtspflanzen verschaffen und die Epidemiologie einer durch diese Viren hervorgerufenen Krankheit beeinflussen könnte (WEBER et al. 1998).

BNYVV infiziert im allgemeinen nur den Rübenkopf und kommt daher mit anderen blattspezifischen Viren kaum in Berührung (HILLMANN & SCHLÖSSER 1992). Da die transgene Zuckerrübe das BNYVV-Hüllproteingen in allen Pflanzenteilen exprimiert, ergeben sich verglichen mit natürlichen Mischinfektionen häufiger Möglichkeiten zur heterologen Enkapsidierung (ECKELKAMP et al. 1997c).

In den bisher durchgeführten Versuchen mit transgenen rizomaniarésistenten Zuckerrüben konnten keine heterologen Enkapsidierungen festgestellt werden (KOENIG et al. 1995, MAISS et al. 1994). Dies könnte einerseits damit zusammenhängen, dass heterologe Enkapsidierungen bei BNYVV aufgrund seiner isolierten, taxonomischen Stellung relativ unwahrscheinlich sind. Andererseits könnte aber auch die Nachweisgrenze der verwendeten Methoden zu hoch sein, um sehr seltene Enkapsidierungen, die ebenfalls ökologische Folgen nach sich ziehen könnten, zu detektieren (ECKELKAMP et al. 1997c). Zudem ist anzumerken, dass die bisher durchgeführten Versuche von den in Tabelle 9 aufgelisteten Rübenviren nur folgende mit einbezogen haben: BtMV, BSBV, TNV, BYV und BMYV (KOENIG et al. 1995, MAISS et al. 1994).

Aufgrund der vorhandenen Datenbasis kann nicht abschließend beurteilt werden, ob in den transgenen rizomaniarésistenten Zuckerrüben heterologe Enkapsidierungen stattfinden können oder nicht.

Hypothese 5.1.6a: Werden transgene rizomaniarésistente Zuckerrüben großflächig angebaut, finden in virusinfizierten Pflanzen heterologe Enkapsidierungen statt.

Parameter zu H5.1.6a:

- Vorkommen von heterolog enkapsidierten Viren in den Geweben der transgenen Zuckerrübe (sP)

Hilfsparameter:

- Anzahl der transgenen Zuckerrüben, die von Rübenviren befallen sind
- Auftreten von ungewöhnlichen Krankheitssymptomen bei transgenen Zuckerrüben

Gemäß HAAS & WEBER (1993) kann das BNYVV-Hüllproteingen eine Rolle bei der Virusverbreitung innerhalb der Pflanze spielen. Demnach ist nicht ganz auszuschließen, dass es nach einer heterologen Enkapsidierung zu veränderten Infektionsverläufen und damit zu neuen Schadbildern kommen könnte.

Hypothese 5.1.6b: Entstehen in den transgenen rizomaniarésistenten Zuckerrüben heterolog enkapsidierte Viren, so weisen diese Viren einen neuen Infektionsverlauf auf.

Parameter zu H5.1.6b:

- Auftreten bisher unbekannter Schadbilder bei der transgenen Zuckerrübe (VP)

Hilfsparameter:

- Anzahl der transgenen Zuckerrüben, die von Rübenviren befallen sind
- Auftreten von ungewöhnlichen Krankheitssymptomen bei transgenen Zuckerrüben

Gemäß KOENIG et al. (1995) ist es unwahrscheinlich, dass es nach einer heterologen Enkapsidierung zu einer *P. betae*-Übertragung des enkapsidierten Virus kommt. Der Grund liege darin, dass das BNYVV-Hüllprotein nicht alleine für die *Polymyxa*-Übertragbarkeit verantwortlich sei, sondern zusätzlich andere BNYVV-Proteine vorhanden sein müssten (siehe dazu auch weiter oben). Nach OBERMEIER (1998) ist der Mechanismus der Übertragung von BNYVV-Viruspartikeln aus den Pflanzenzellen in den Vektor bisher jedoch nicht restlos geklärt.

Hypothese 5.1.6c: Entstehen in den transgenen rizomaniarésistenten Zuckerrüben heterolog enkapsidierte Viren, so gelangen diese in *Polymyxa betae*.

Parameter zu H5.1.6c:

- Vorkommen von ins BNYVV-Hüllprotein heterolog enkapsidierten Viren in *P. betae* (VP)

5.1.7. Synergismen

Aus natürlichen Mischinfektionen zweier Virusarten ist bekannt, dass es zu Synergismen zwischen den beiden Viren kommen kann. Dabei können diese Synergismen unter Umständen zu dramatischen Symptomverstärkungen führen (JÄGER & WEBER 1993).

Es gibt experimentelle Hinweise darauf, dass auch Hüllproteine bei Synergismen eine Rolle spielen (ECKELKAMP et al. 1997c). In transgenen Pflanzen könnten somit Synergismen zwischen dem klonierten Hüllprotein und infizierenden Viren auftreten. In welchem Ausmaß dies geschieht, ist kaum

Endbericht: Monitoring gentechnisch veränderter Pflanzen

untersucht worden. Bekannt sind Synergismen aus Fällen, wo Pflanzen mit viralen Replikase- oder Transportproteingenen transformiert worden sind (WEBER et al. 1998).

Bei Rübenviren ist zumindest von BCV-1 und BCV-2 bekannt, dass sie bei gleichzeitiger Infektion mit anderen Rübenviren Synergismen auslösen können (HENRY et al. 1995).

Da BNYVV im allgemeinen nur die Rübe infiziert und daher mit blattspezifischen Viren kaum in Berührung kommt (HILLMANN & SCHLÖSSER 1992), könnte es in den transgenen rizomaniarésistenten Zuckerrüben zu neuen, bisher unbeobachteten Interaktionen kommen.

Wenn es bei einer Virusinfektion von transgenen rizomaniarésistenten Zuckerrüben zu Synergismen mit dem BNYVV-Hüllproteingen kommen sollte, die dann zu verstärkten Krankheitssymptomen führen, so würde dies vor allem ein agronomisches bzw. ökonomisches Problem darstellen.

Aus ökologischer Sicht könnte folgendes Szenario relevant sein: Durch eine Auskreuzung gelangt das BNYVV-Hüllproteingen in Wildrübenpopulationen (siehe Kapitel 5.1.4.1). Dort verbreitet sich das Transgen in mehrere Individuen. Nach dieser Verbreitung des Transgens kommt es in der Wildrübenpopulation zu einer Virus-Epidemie. Das infizierende Virus würde alleine keine schweren Symptome verursachen, interagiert jetzt aber mit dem BNYVV-Hüllprotein. Diese Synergismen führen dazu, dass der Bestand der Wildrüben abnimmt und damit auch die genetische Vielfalt der Wildrübenpopulation reduziert wird.

Ein weiteres aus ökologischer Sicht relevantes Szenario: Beim Anbau der transgenen rizomaniarésistenten Zuckerrübe kommt es zu schweren Synergismen mit einem Insektenübertragenen Virus, das normalerweise keine Schäden verursacht. Da man die transgenen Zuckerrüben trotzdem weiterhin anbauen will, wird das insektenübertragene Virus mit Pestiziden bekämpft.

Hypothese 5.1.7a: Werden transgene rizomaniarésistente Zuckerrüben von anderen Rübenviren als BNYVV infiziert, kommt es zu Synergismen.

Parameter zu H5.1.7a:

- Auftauchen ungewöhnlicher bzw. ungewöhnlich starker Krankheitssymptome bei transgenen rizomaniarésistenten Zuckerrüben (VP)

Hilfsparameter:

- Ertragsausfälle im Zuckerrübenanbau, die von Virenbefall verursacht werden.

Hypothese 5.1.7b: Bei transgenen Wildrüben treten Synergismen auf, die Wirkungen auf den Wildrübenbestand haben

Parameter zu H5.1.7b:

- Bestandsentwicklung der Wildrüben (VP)

Hypothese 5.1.7c: Aufgrund neuartiger Schadensbilder in Folge von Synergismen werden zur Eindämmung insektenübertragener Viren verstärkt Pestizide eingesetzt

Parameter zu H5.1.7c:

- Pestizideinsatz (welche Mittel, Wirkstoffe und Mengen der Wirkstoff) in transgenen Zuckerrübenfeldern (VP)

Hilfsparameter:

- Gründe für den Pestizideinsatz

5.2. EFFEKTE AUF BIOTIK, DIVERSITÄT UND ÖKOLOGIE

5.2.1. Effekte auf Nichtzielorganismen

Einerseits könnten sich transgene rizomaniarésistente Zuckerrüben durch eine direkte Wirkung des exprimierten Hüllproteingens auf Nichtzielorganismen auswirken, andererseits durch indirekte Wirkungen, die ihre Ursache in pleiotropen oder Positionseffekten haben.

Organismen sind auch bisher direkt mit dem Hüllprotein des BNYVV in Kontakt gekommen. Die transgenen rizomaniarésistenten Zuckerrüben dürften nun jedoch die Anzahl dieser Organismen erhöhen. Der Grund ist folgender: Da sich eine BNYVV-Infektion in den meisten Fällen auf den Rübenkörper beschränkt und eine systemische Infektion normalerweise ausbleibt (HAAS & WEBER 1993), sind bisher vor allem Bodenlebewesen mit dem Hüllprotein des BNYVV in Kontakt gekommen. Mit der transgenen rizomaniarésistenten Zuckerrübe verändert sich nun die Situation: Da das Hüllproteing in der ganzen Pflanze gebildet wird, können nun auch andere Lebewesen wiederholt mit dem BNYVV-Hüllprotein in Kontakt kommen.

Wie sich transgene rizomaniarésistente Zuckerrüben auf Nichtzielorganismen auswirken, ist unseres Wissens bisher kaum untersucht worden. Bisher veröffentlicht wurden nur Untersuchungen der Arbeitsgruppe um Detlef Bartsch, die beobachtete, wie sich im Freiland rizomaniarésistente Zuckerrüben auf Bodentiere auswirken können (siehe Kapitel 5.2.1.5).

Aufgrund der schmalen empirischen Basis lässt sich heute nicht abschließend beurteilen, ob und auf welche Weise transgene rizomaniarésistente Zuckerrüben auf Nichtzielorganismen wirken können. Die Ableitung der Beobachtungsparameter erfolgt daher nicht anhand einer direkten Ursache-Wirkungshypothese, sondern anhand von allgemein bei Monitoringvorhaben berücksichtigten Parametern. Es handelt sich also um ‚Verdachtsparameter‘, die aber in Zukunft auch für andere transgene Zuckerrübenlinien relevant sein können.

5.2.1.1. Wirkungen auf bestäubende Insekten

Zuckerrübenblüten werden von einer Vielzahl von Insektenarten besucht. So konnten FREE et al. (1975, zitiert in TREU & EMBERLIN 2000) in ihren Untersuchungen 45 Insektenarten zählen. Die dabei am häufigsten beobachteten Insektenarten waren Schwebfliegen. Weitere Arten waren Honig- und Wildbienen.

Ein Einfluss auf Bestäuber ist nur dort möglich, wo Zuckerrübenpollen in großen Mengen produziert werden. Das betrifft vor allem Norditalien und Südwestfrankreich, wo das Zuckerrübensaatgut produziert wird. Nach BARTSCH (1996) existieren jedoch auch in Deutschland Zuckerrübensaatgutproduktionsgebiete. Das heisst regional könnte der Einfluss auf Bestäuber auch in Deutschland von Bedeutung sein. Und auch dort, wo transgene rizomaniarésistente Unkrautrübenpopulationen entstehen (siehe Kapitel 5.1.2), könnten Wirkungen auf Bestäuber stattfinden.

Hypothese 5.2.1.1: Bei blütenbesuchenden Insekten von transgenen rizomaniarésistenten Zuckerrüben in Saatgutvermehrungsgebieten sowie von transgenen Unkraut- und Hybridrüben treten neuartige Effekte auf.

Parameter zu H5.2.1.1:

- Abundanz und Verteilung der Blütenbesucher (Wild- und Honigbienen, Schwebfliegen) an transgenen rizomaniarésistenten Zuckerrüben in Saatgutvermehrungsgebieten sowie an transgenen Unkraut- und Hybridrüben (VP)

Hilfsparameter:

- Meldungen von Imkern über unbekannte, neu beobachtete Effekte bei Bienen

5.2.1.2. Wirkung auf phytophage Wirbellose

An Zuckerrüben ernähren sich eine Vielzahl von Phytophagen. Die wichtigsten sind in Tabelle 11 aufgeführt. Auch hier gibt es bislang keine Hinweise auf Effekte. Insbesondere Folgen von pleiotropen oder Positionseffekten (s. Kap. 7) sind jedoch nicht auszuschließen.

Hypothese 5.2.1.2: Der Anbau von transgenen rizomaniarésistenten Zuckerrüben wirkt sich auf phytophage Wirbellose aus.

Parameter zu H5.2.1.2:

- Abundanz und Verteilung der phytophagen Wirbellosen in der Anbaufläche (siehe Organismen Tabelle 11) (VP)

Tabelle 11: Phytophage Tiere an Zuckerrüben (nach GERDEMANN-KNÖRCK & TEGEDER 1997, HÄNI et al. 1992.)

Art	Trivialname	Kurzbeschreibung
<i>Clivina fossar</i>	Fingerkäfer	Lebt im Frühjahr, wenn es ausreichend feucht ist, in den oberen Schichten des Bodens. Von dort aus befällt er die jungen Zuckerrüben.
<i>Atomaria linearis</i>	Moosknopfkäfer	Überwintert in Pflanzenresten in Feldrainen und im Boden. Im Frühjahr beginnt der Käfer, in die Rübenfelder einzuwandern. Neben der Zuckerrübe sind auch Futterrübe, Spinat, Mangold, Rote Rübe und seltener auch Karotten und Melden Wirtspflanzen des Moosknopfkäfers.
<i>Heterodora schachtii</i>	Rübenzystenälchen	Die Larven schlüpfen im Sommer aus und wandern in die Wurzeln der Rüben ein. Der Fadenwurm befällt neben den Rüben auch Kreuzblütler. Neben der Zuckerrübe hat das Rübenzystenälchen folgende Wirtspflanzen: Futterrüben, Rote Rüben, Mangold, Spinat, Raps, Rübsen und andere Kreuzblütler und Gänsefußgewächse.
<i>Chaetocnema concinna</i> , <i>C. tibialis</i>	Rübenerdföhe	Die Flöhe fliegen Ende April in die Rübenfelder. <i>C. concinna</i> legt dort Eier an die Blätter, wo die Larven minieren. <i>C. tibialis</i> legt die Eier in den Boden, wo die Larven von den Rübenwurzeln leben. Neben der Zuckerrübe befallen die Rübenerdföhe auch Spinat, Rote Rüben und Mangold. Im allgemeinen ziehen die Flöhe einzelne Unkräuter wie Hohlzahn, Senf, Rapsdurchwuchs und Knöterich den Rüben vor.
<i>Aphis fabae</i>	Schwarze Rübenlaus	Die Entwicklung ist ähnlich wie bei der Pfirsichblattlaus. Ausser der Zuckerrübe befällt die Schwarze Rübenlaus auch folgende Wirtspflanzen: Futterrübe, Spinat, Mangold, Bohnen, Ackerbohnen sowie verschiedene Unkräuter und Meldenarten. Die natürlichen Feinde der Schwarzen Rübenlaus sind: Marienkäfer, Schlupfwespen, Larven von Schwebfliegen und Florfliegen.
<i>Onychiurus armatus</i>	Springschwanz	Der unterirdisch lebende Collembola befällt bei Nahrungsmangel die Wurzeln der keimenden Rüben. Schäden treten auch durch den Fraß an Samen auf.
<i>Agriotes</i> spp.	Drahtwürmer	Die Larven der Drahtwürmer verursachen ab ihrem zweiten Entwicklungsjahr Fraßschäden. So werden die Wurzeln junger Rüben teilweise oder ganz gefressen. Die Ertragsverluste sind besonders nach Grünlandumbruch und niederschlagsreichen Jahren sehr hoch.
<i>Blaniulus guttulatus</i>	Tausendfüßler	Fressen gelegentlich Rübensamen und -keimlinge.
<i>Pegomya betae</i>	Rübenfliege	Die Larven der Rübenfliege bohren sich in das Blattgewebe der Rüben ein, fressen dort zwei bis drei Wochen und verpuppen sich dann im Boden. Verschiedene Schlupf- und Brackwespen sind natürliche Feinde der Rübenfliege.
<i>Myzus persicae</i>	Grüne Pfirsichblattlaus	Die sich im Mai entwickelnden beflügelten Läuse befallen die Rübe und durchlaufen dort ungeschlechtlich mehrere Generationen.
<i>Blitophaga opaca</i> , <i>B. undata</i>	Rübenaaskäfer	Die Larven fressen grosse Löcher in die Rübenblätter.
<i>Cassida nebulosa</i>	Neblicher Schildkäfer	Lochfraß an den Rübenblättern
<i>Decoceras reticulatum</i>	Ackerschnecke	Schädigt Zuckerrüben, indem sie die Blätter abraspelt, so dass nur die starken Blattadern stehen bleiben.
<i>Tipula</i> spp	Erd- oder Wiesenschnakenlarven	

5.2.1.3. Wirkung auf ‚Nützlinge‘ und andere Arthropoden

Nach HÄNI et al. (1992) sind folgende ‚Nützlinge‘ natürliche Gegenspieler der Phytophagen an Zuckerrüben: Marienkäfer, Schlupfwespen, Brackwespen, Larven von Schweb- und Florfliegen. Neben diesen Arten können auch folgende, allgemein für naturschutzrelevante Erhebungen

Endbericht: Monitoring gentechnisch veränderter Pflanzen

empfohlene Arthropodengruppen in das Monitoring miteinbezogen werden (nach TRAXLER et al. 2000): Spinnen (*Araneae*), Laufkäfer (*Carabidae*), Tagfalter (*Rhopalocera*, *Hesperidae*, *Zygaenidae*), Heuschrecken (*Caelifera*, *Ensifera*) und Schwebfliegen (*Syrphidae*).

Hypothese 5.2.1.3: Der Anbau von transgenen rizomaniaresistenten Zuckerrüben wirkt sich über Nahrungsketteneffekte auf ‚Nützlinge‘ und andere Arthropoden in der Anbaufläche aus.

Parameter zu H5.2.1.3:

- Vergleich der Abundanz und Verteilung der natürlichen Gegenspieler der Phytophagen an Zuckerrüben in einem Feld, das mit transgenen rizomaniaresistenten Zuckerrüben bebaugt ist, mit den entsprechenden Daten eines Feldes, in dem herkömmliche Zuckerrüben wachsen (Marienkäfer, Schlupfwespen, Brackwespen, Larven von Schweb- und Florfliegen) (VP)
- Vergleich der Artenzahl in einem Feld, das mit transgenen rizomaniaresistenten Zuckerrüben bebaugt ist, mit der Artenzahl eines Feldes, in dem herkömmliche Zuckerrüben wachsen (Spinnen, Laufkäfer, Tagfalter und Heuschrecken) (VP)
- Vergleich der Individuenzahl in einem Feld, das mit transgenen rizomaniaresistenten Zuckerrüben bebaugt ist, mit der Individuenzahl eines Feldes, in dem herkömmliche Zuckerrüben wachsen (Spinnen, Laufkäfer, Tagfalter und Heuschrecken) (VP)

5.2.1.4. Wirkung auf wildlebende Wirbeltiere

Zuckerrübenfelder werden nicht allein von Arthropoden aufgesucht, sondern auch von Vögeln und Säugetieren. So zum Beispiel von der Waldmaus (*Apodemus sylvaticus*). Seit die Aussaat der Zuckerrüben mit pilliertem Saatgut erfolgt, ist die Waldmaus auch ökonomisch von Bedeutung. Sie wühlt das Saatgut entlang der Drillreihen aus dem Boden, knackt es und frisst dann den Keimling auf (MÄNNER 2000, HÄNI et al. 1992). Neben der Waldmaus frisst auch die Feldmaus (*Microtus arvalis*) an Zuckerrüben (HÄNI et al. 1992). Von größeren Wirbeltieren wie beispielsweise von Rehen, Hasen und Wildschweinen ist bekannt, dass sie Zuckerrüben fressen (MÄNNER 2000). Zudem können immer wieder auch Vögel, wie die Feldlerche oder die Wildgans in Zuckerrübenfeldern beobachtet werden (MÄNNER 2000). Effekte transgener Zuckerrüben auf Wirbeltiere wurden bislang nicht beschrieben. Die nachfolgende Hypothese gründet sich daher zunächst nur auf die Möglichkeit, dass Wirkungen aufgrund von ungewollten und unerwarteten Nebeneffekten der transgenen Veränderung wie pleiotropen und Positionseffekten auftreten.

Hypothese 5.2.1.4: Der Anbau von transgenen rizomaniaresistenten Zuckerrüben wirkt sich auf wildlebende Wirbeltiere aus.

Parameter zu H5.2.1.4:

- Vergleich der Populationsgrößen vor dem Anbau transgener rizomaniaresistenter Zuckerrüben mit den Populationsgrößen seit Anbaubeginn (Wald- und Feldmaus, Rehe, Hasen und Wildschweine, Feldlerche und Wildgans) (VP)

Hilfsparameter:

- Meldungen von Förstern und Landwirten über beobachtete Auffälligkeiten

5.2.1.5. Effekte auf Bodentiere

Die Arbeitsgruppe um Detlef Bartsch untersuchte im Freiland, wie sich transgene rizomaniaresistente Zuckerrüben auf Bodentiere auswirken. Sie verglich dabei die Artenvielfalt von Bodentieren zwischen den Flächen mit transgenen bzw. herkömmlichen Zuckerrüben und den umgebenden, landwirtschaftlich genutzten Flächen. Dabei konnten keine signifikanten Unterschiede festgestellt werden – weder in Bezug auf die Artenvielfalt, noch hinsichtlich des Auftretens einzelner Artengruppen (BARTSCH et al. 2000a). Da die Versuchsflächen mit den transgenen Pflanzen jedoch sehr klein waren, müssen diese Ergebnisse vorsichtig interpretiert werden (BARTSCH et al. 2000a). Damit kann auch nicht abschließend beurteilt werden, wie sich transgene rizomaniaresistente Zuckerrüben auf Bodentiere auswirken.

LABES et al. (1999) vertreten die Ansicht, dass Virusresistenzen, die durch den Einbau von viralen Hüllproteingenen in eine Wirtspflanze entstehen, im allgemeinen keinen Einfluss auf die Biozönose des Bodens haben. Als Grund nennen sie die theoretische Überlegung, dass Virusproteine außerhalb der Wirtszelle im Boden wahrscheinlich nicht aktiv sind, da sie ihre physiologische Aktivität innerhalb der Wirtspflanze entfalten.

Es ist jedoch zu bedenken, dass über den Anbau rizomaniaresistenter Zuckerrüben Virusproteine in bislang ungekannter Menge in den Boden gelangen.

Ferner sind sehr viele Prozesse im Boden noch nicht ausreichend verstanden.

Auch bei Wechselwirkungen mit Bodentieren können pleiotrope und Positionseffekte innerhalb der Zuckerrüben nachfolgende Wirkungen auslösen.

Hypothese 5.2.1.5: Der Anbau von transgenen rizomaniaresistenten Zuckerrüben wirkt sich auf Bodentiere aus.

Parameter zu H5.2.1.5:

- Vergleich der Artenvielfalt der Bodentiere, die in einem Feld mit transgenen rizomaniaresistenten Zuckerrüben gefunden werden mit der entsprechenden Artenvielfalt in einem Feld, das mit herkömmlichen Zuckerrüben bewachsen ist (Mikrofauna: *Testaceae*, *Ciliata*, *Nematoda*; Mesofauna: *Acari*, *Collembola*, *Enchytraidae*; Makrofauna: *Myriapoda*, *Lumbricidae*) (paP)
- Vergleich der Individuenzahl der Bodentiere, die in einem Feld mit transgenen rizomaniaresistenten Zuckerrüben gefunden werden mit der entsprechenden Individuenzahl in einem Feld, das mit herkömmlichen Zuckerrüben bewachsen ist (Mikrofauna: *Testaceae*,

Ciliata, Nematoda; Mesofauna: *Acari, Collembola, Enchytraidae*; Makrofauna: *Myriapoda, Lumbricidae*) (paP)

5.3. EFFEKTE AUF MIKROORGANISMEN

Ob und wie transgene rizomaniarésistente Zuckerrüben auf die Mikroorganismen des Bodens wirken, ist bisher kaum untersucht worden. Der einzige Aspekt, der gemäß der erhältlichen Publikationen bisher in Sicherheitsuntersuchungen berücksichtigt wurde, ist der horizontale Gentransfer (s. Kapitel 8). In diesen Untersuchungen konnte man feststellen, daß das BNYVV-Hüllproteing aus Blattmaterial und Rübenresten sowie aus Pollen in den Boden gelangen kann und dort auch noch nach mehreren Monaten nachweisbar bleibt (BARTSCH et al. 2000a). Dabei vermag sogar nackte DNA, die aus dem Zuckerrübenmaterial entlassen wird, lange im Boden zu verbleiben. Obwohl das BNYVV-Hüllproteing im Boden lange intakt bleibt, konnte in den bisherigen Untersuchungen nie ein horizontaler Gentransfer beobachtet werden (WACKERNAGEL et al. 1999, SMALLA & GEBHARD 1999).

Weitere Untersuchungen über einen möglichen Einfluss auf Bodenmikroorganismen sind uns nicht bekannt.

Aufgrund der schmalen empirischen Basis lässt sich keine abschließende Beurteilung machen, ob und wie transgene rizomaniarésistente Zuckerrüben wirken. Direkte Ursache-Wirkungshypothesen können anhand des verfügbaren Wissens nicht aufgestellt werden. Die Ableitung der Beobachtungsparameter erfolgt deshalb aufgrund der allgemein möglichen Ansätze eines Bodenmonitorings (nach HEISSENBERGER et al. 1999). Es handelt sich somit um „Verdachtsparameter“.

Hypothese 5.3a: Werden transgene rizomaniarésistente Zuckerrüben angebaut, so gelangt das BNYVV-Hüllproteing via horizontalen Gentransfer ins Genom von Bodenmikroorganismen.

Parameter zu H5.3a:

- Bodenmikroorganismen der Anbaufläche, die in ihrem Genom das BNYVV-Hüllproteing tragen (VP)

Hilfsparameter

- Vorkommen nackter DNA des BNYVV-Hüllproteings im Boden der Anbaufläche

Hypothese 5.3b: Der Anbau transgener rizomaniarésistenter Zuckerrüben führt zu einer Veränderung in der Artenzahl der Bodenmikroorganismen.

Parameter zu H5.3b:

- Vergleich der Artenzahl der Bodenmikroorganismen in einem Feld, das mit transgenen rizomaniarésistenten Zuckerrüben bewachsen ist, mit der entsprechenden Artenzahl eines herkömmlichen Zuckerrübenfeldes (VP)

Hypothese 5.3c: Der Anbau transgener rizomaniaresistenter Zuckerrüben führt zu einer Verschiebung in der Diversität der Bodenmikroorganismen.

Parameter zu H 5.3c:

- Vergleich der Individuenzahl der Bodenmikroorganismen in einem Feld, das mit transgenen rizomaniaresistenten Zuckerrüben bewachsen ist, mit der entsprechenden Zahl eines herkömmlichen Zuckerrübenfeldes (VP)

Hypothese 5.3d: Der Anbau der transgenen rizomaniaresistenten Zuckerrübe verändert die Aktivität von Bodenorganismengemeinschaften.

Parameter zu H 5.3d:

- Vergleich der Bodenatmung eines Feldes, das mit transgenen rizomaniaresistenten Zuckerrüben bewachsen ist, mit der Bodenatmung eines herkömmlichen Zuckerrübenfeldes (VP)
- Vergleich Bodenenzymatik/Stoffwechselaktivitäten eines Feldes, das mit transgenen rizomaniaresistenten Zuckerrüben bewachsen ist, mit der Bodenenzymatik/Stoffwechselaktivitäten eines herkömmlichen Zuckerrübenfeldes (VP)

6. KARTOFFELN MIT VERÄNDERTER STÄRKEZUSAMMENSETZUNG

Die Kartoffel (*Solanum tuberosum* L., Familie *Solanaceae*) ist eine einjährige, krautige, knollenbildende Kulturpflanze, die ihre Heimat und ihr Genzentrum in Südamerika (Anden) hat. Sie wurde im 16. Jhd. nach Europa eingeführt und ab Mitte des 18. Jhds. zunächst in Preußen großflächig angebaut. Die Kartoffel hat somit als Kulturpflanze ein großes Verbreitungsgebiet von tropischen über subtropische bis in gemäßigte Breiten (NEUROTH 1997).

In Deutschland betrug die Anbaufläche 1998 circa 300.000 ha, die Erntemenge über 11 Mio. t (STATISTISCHES BUNDESAMT 1998, zitiert in MÄNNER 2000). Aufgrund der hohen Stärkegehalte (12 – 20 %) finden die Knollen Verwendung zum Beispiel als Speisekartoffeln, kohlenhydratreiche Futtermittel, Rohstoffe für die Nahrungsmittelindustrie aber auch als Industriekartoffeln zur Stärke- und Alkoholherstellung. Von den 1997 in Deutschland gewonnenen 1,4 Mio. t Stärke stammten 36 % aus Kartoffeln. Stärke wird zur Herstellung von Papier und Pappe, Chemikalien, Pharmazeutika, Klebstoffen und Textilien sowie in chemisch modifizierter Form für die Produktion von Biokunststoffen (Folien, Tenside, Verpackungschips) genutzt (NEUROTH 1997).

Das Molekül der Stärke besteht aus einer Kette von Zuckereinheiten (Glukose) und ist damit ein Mehrfachzucker (Polysaccharid). Sie kommt in zwei Formen vor: der Amylose und dem Amylopektin. In beiden sind die Zuckereinheiten miteinander α -1,4-glykosidisch verknüpft. Das Amylopektin-Molekül verzweigt sich allerdings etwa alle 20 bis 30 Zuckereinheiten/Glukosereste durch eine α -1,6-glykosidische Verbindung (innere Vernetzung des Moleküls), während die Amylose unverzweigt ist. Durch die „Seitenäste“ ist Amylopektin besser löslich (PEERENBOOM 1996).

Da die Trennung von Amylose und Amylopektin mit herkömmlicher Technik sehr energieaufwendig und abwasserbelastend ist und es bisher noch nicht gelungen ist, mit züchterischen Methoden eine reine Amylose- oder reine Amylopektinvariante der tetraploiden Kartoffel zu erzeugen (PEERENBOOM 1996), ist eine Kartoffellinie mit einer einheitlichen Stärkezusammensetzung Ziel gentechnischer Veränderungen. Es wird sowohl in Richtung stark amylosehaltige (SCHWALL et al. 2000) als auch in Richtung amylosefreie Kartoffel geforscht (KRULL et al. 1995).

Grundsätzlich können die Mehrzahl der bisher entwickelten transgenen Kartoffellinien nach der Zielsetzung der genetischen Manipulation in drei Gruppen eingeteilt werden (nach STEUP et al. 1997):

1. Pflanzen mit **erhöhtem Expressionsniveau** einzelner oder mehrerer Proteine des Kohlenhydrat- bzw. Phosphatstoffwechsels
2. Pflanzen mit **vermindertem Expressionsniveau** einzelner oder mehrerer Proteine
3. Pflanzen mit **Expression eines qualitativ neuen**, bisher in der Kartoffel nicht enthaltenem Proteins.

Die in dieser Studie beispielhaft betrachtete amylosefreie Kartoffel (*amf*-Kartoffel) gehört zur zweiten der aufgeführten Gruppen. In der EU liegt derzeit ein Antrag auf Marktzulassung für eine stärkeveränderte Kartoffel der Firma Amylogene HB vor, über den noch nicht abschließend

Endbericht: Monitoring gentechnisch veränderter Pflanzen

entschieden wurde (EU Ziffer C/SE/96/3501; RKI). Ziel der gentechnischen Veränderung ist die Unterdrückung der Amylosebildung ($< 2\%$ Amylose) in Industriekartoffeln mittels 'Antisense-Technik' (Niederlande, MINISTERIE VAN VOLKSHUISVESTING RUIMTELIJKE ORDENING EN MILIEUBEHEER, Januar 2001).

Gentechnische Veränderung bei der *amf*-Kartoffel

In den Plastiden höherer Pflanzen kommen zwei Typen von Stärke-Synthasen vor, die Granula-gebundenen ('granule bound starch synthase', GBSS) und die löslichen ('soluble starch synthase', SSS) Enzymformen. Beide Typen liegen in Isoformen vor, die mit römischen Ziffern belegt werden (GBSSI und GBSSII) (STEUP et al. 1997).

Zur Inhibierung der GBSS wurde das für das Enzym (GBSS) kodierende Gen aus *Solanum tuberosum* in Antisense-Orientierung eingeführt. In den veränderten Pflanzen wird dadurch die Bildung einer Antisense-RNA bewirkt, die das endogene Transkript des jeweiligen Gens inaktiviert und so die Bildung des Enzyms verhindert. Die strukturell und damit auch funktionell modifizierte Stärke unterscheidet sich von normaler Kartoffelstärke im Amylosegehalt (RÖVER et al. 2000).

Die Inhibierung der GBSSI führte zu geringeren Amylosegehalten als die der GBSSII, was den Schluss zulässt, dass die GBSSII bei Kartoffeln nur einen geringen Beitrag zur Biosynthese der Stärkegranula leistet (EDWARDS et al. 1995 in STEUP et al. 1997). Die Wirksamkeit der GBSSI-Inhibierung dürfte von Positionseffekten bestimmt sein (STEUP et al. 1997).

Als Markergen wird meist das *nptII*-Gen eingesetzt, das eine Kanamycin- und Neomycinresistenz verleiht, so auch bei der Amylogene HB Kartoffel. Als konstitutiver Promotor der beantragten Kartoffellinie wurde pHoxwG (von pBIN19 abgeleitet) verwendet (Niederlande, MINISTERIE VAN VOLKSHUISVESTING RUIMTELIJKE ORDENING EN MILIEUBEHEER Januar 2001).

6.1. EFFEKTE AUFGRUND VON GENFLUSS UND VERBREITUNG DER TRANSGENEN PFLANZEN

In diesem Abschnitt werden die Wahrscheinlichkeit und eventuelle Folgen der Ausbreitung von Genkonstrukten und transgenen Kartoffeln diskutiert. Mögliche Effekte auf Mikroorganismen werden in einem späteren Abschnitt behandelt.

6.1.1. Verwilderung

Nach SWEET et al. (1999 zitiert in SCHÜTTE et al. 2000) ist das Verwilderungsrisiko bei Kartoffeln bislang gering. Die Kartoffel vermehrt sich zumeist vegetativ durch Sprossknollen, die am Ende der unterirdischen Ausläufer als Speicher- und Ausbreitungsorgane gebildet werden und die wie die Blätter frostempfindlich sind. Ein gesichertes Überdauern in Gebieten mit Frostereignissen ist daher nur tief im Boden möglich (TORGERSEN 1996).

Eine Ausbreitung der Kartoffel über Samen ist in Deutschland aus klimatischen Gründen wenig wahrscheinlich, da die Früchte in Mitteleuropa selten ausreifen. Eine Vermehrung durch Samen wird lediglich in der Züchtung praktiziert (NEEMANN & SCHERWAß 1999).

OBERDORFER (1994) gibt an, dass die Kartoffel gelegentlich an Schuttplätzen in *Sisymbrium*-gesellschaften verwildert. Der Verband *Sisymbrium officinalis* (Wegrauken-Gesellschaften) ist eine syntaxonomische Einheit, in der annuelle Ruderalgesellschaften nährstoff- und nitratreicher, offener Böden zusammengefasst sind. Nach SUKOPP & SUKOPP (1994) hingegen ist die spontane Bildung von unkrautartigen Verwilderungen der Kartoffel aus Deutschland nicht bekannt. In den Niederlanden (mit milderen Wintern) treten gelegentlich Kartoffelpflanzen außerhalb der Ackerflächen auf. Sie können sich dort aber nur begrenzte Zeit an Standorten wie Wegrändern, Ruderalflächen, Hängen oder Kanalufern etablieren (DEVRIES et al. 1992). Ebenso wird über unregelmäßige Etablierung in Großbritannien berichtet (STACE 1992).

Die Frostempfindlichkeit von Kartoffeln könnte sich bei transgenen Kartoffeln ändern, da die Inhibierung der GBSS ein Eingriff in den Kohlenhydratstoffwechsel ist. Ein veränderter Kohlenhydratstoffwechsel kann wiederum die Osmolarität des Zellsafts verändern. Ein Ansteigen des Anteils osmotisch aktiver Kohlenhydrate im Zellsaft hat in der Regel ein Absinken des osmotischen Wertes von Pflanzenzellen zur Folge. Eingriffe in den Kohlenhydrathaushalt sind daher in bezug auf ihre Bedeutung für die Frosthärte der Pflanzen zu prüfen, da sie unter Umständen deren Überwinterungsfähigkeit und somit deren Ausbreitungsmöglichkeiten beeinflussen können (HEERES et al. 1994, zitiert in NEEMANN & SCHERWAß 1999).

Eine Erhöhung der Konkurrenzkraft der Kartoffel auf nicht ackerbaulich genutzten Standorten aufgrund einer veränderten Stärkezusammensetzung lässt sich nach dem heutigen Stand des Wissens nicht zweifelsfrei prognostizieren, da einerseits eine höhere Überlebensfähigkeit der transgenen

Überdauerungsorgane noch nicht nachgewiesen wurde und sich andererseits aus der Veränderung dieser (einen) Eigenschaft (Stärkezusammensetzung) noch kein Vorteil der ausgewachsenen Pflanze in der Konkurrenz mit den Arten der Wildvegetation ableiten läßt. Es wäre also möglich, dass zwar vermehrt Kartoffelpflanzen auflaufen, dass sie sich aber nicht verstärkt durchsetzen können.

Hypothese 6.1.1: Eine Veränderung der Stärkezusammensetzung kann zu einer Erhöhung der Frosthärte der Überdauerungs- und Ausbreitungsorgane der Kartoffel und damit zu einer häufigeren Verwilderung bis hin zu einer Etablierung außerhalb von Anbauflächen führen.

Parameter zu H6.1.1:

- Bestand und Bestandsentwicklung von verwilderten transgenen Kartoffeln auf Ruderalstandorten in der Nähe von aktuellen und ehemaligen Anbauflächen transgener Kartoffeln und entlang der Transportwege zu den Verarbeitungsbetrieben (VP)
- Kartoffeldurchwuchs pro ha im Vergleich zu nicht transgenen Parzellen (VP)

6.1.2. Vertikaler Gentransfer

6.1.2.1. Hybridisierung

Nach bisherigem Wissen kann die Kartoffel ihr Gene nur an andere Kartoffelpflanzen weitergeben. Ein natürlicher Genaustausch zu den in Deutschland vorkommenden verwandten Wildpflanzen *Solanum nigrum* und *Solanum dulcamara* wurde bisher nicht beobachtet. Deshalb ist die Wahrscheinlichkeit für eine erfolgreiche Hybridisierung zwischen transgenen Kartoffeln und anderen *Solanum*-Arten für Deutschland äußerst gering (SCIENTIFIC COMMITTEE ON PLANTS 1998). Zwar werden in der wissenschaftlichen Risikodiskussion neben *S. nigrum* und *S. dulcamara* noch *S. nitidibaccatum*, *S. luteum* und *S. alatum* als potentielle Hybridisierungspartner genannt, doch wird auch hier festgehalten, dass man bisher noch nie natürlich entstandene Hybride gefunden hat (SUKOPP & SUKOPP 1994).

6.1.2.2. Auskreuzung

Die Blütezeit von Kartoffeln ist in Deutschland von Juni bis August/September. Bei freiem Abblühen geht ein Großteil der Samenbildung auf Selbstbestäubung zurück. Die Fremdbestäubung der nektarlosen Blüten durch Wind oder Insekten ist von geringer Bedeutung. Ein Großteil der Beeren wird in Deutschland noch vor Erreichen der Reife abgeworfen. Die Samenreife ist abhängig von den Umweltbedingungen. Einige Sorten sind steril (z. B. 'Bintje', 'Erstling', 'Krasava') (NEUROTH 1997).

Experimente zur Auskreuzungshäufigkeit und zur Ermittlung von Isolationsdistanzen mit gentechnisch veränderten Kartoffeln lieferten Ergebnisse zwischen 4,5 m (0,02 %) (TYNAN et al. 1990) und über

1000 m (31 %) (SKOGSMYR 1994), wobei die ungewöhnlich hohen und weitreichenden Auskreuzungsraten der zweiten Studie scharf kritisiert werden (CONNER & DALE 1996). Auskreuzungen in benachbarte Kartoffelfelder werden für Entfernungen bis mindestens 80 m als möglich eingestuft (SCHITTENHELM & HOEKSTRA 1995). Es fehlen jedoch Untersuchungsergebnisse, die nicht nur auf Untersuchungen mit räumlich eng begrenztem Forschungsmaßstab beruhen. Versuche mit anderen Feldfrüchten haben gezeigt, dass kleinflächige Versuche Unterschätzungen des Genflusses im Vergleich zu typischen Agrarflächen (andere Skala) zur Folge haben können. Es besteht Forschungsbedarf hinsichtlich größerer Versuchsflächen, verschiedener Witterungsverhältnisse (mehrere Beobachtungsjahre) und unterschiedlich fruchtbarer Sorten, um maximal mögliche Pollenverbreitung durch Wind oder Insekten abschätzen zu können (TREU & EMBERLIN 2000). Ein Pollentransport ist durch eine Insektenverbreitung über mehrere Kilometer möglich (s. auch Kap. 3.1.1).

Hypothese 6.1.2.2a: Durch Wind oder Insektenverbreitung von Pollen kommt es insbesondere bei großen transgenen Kartoffelanbauflächen zu einer Auskreuzung in benachbarte oder weiter entfernte Kartoffelfelder.

Parameter zu H6.1.2.2a:

- Transgene Genkonstrukte im Genom der Kartoffelsamen von Nachbarmfeldern im Umkreis von 1000 m um transgene Kartoffelfelder (sP) *

Wenn transgene Eigenschaften über einen Pollentransport in konventionelle Bestände einkreuzen und die aus dieser Kreuzung entstandenen Samen ausreifen und auflaufen, können transgene Durchwuchspflanzen auftreten. Ökologische Effekte von Kartoffeldurchwuchs werden unter Kapitel 6.1.3 und Kapitel 6.2.1.1 betrachtet.

Hypothese 6.1.2.2b: Durch eine Auskreuzung treten transgene Durchwuchspflanzen aus Samen auf Flächen mit konventionellen Sorten auf.

Parameter zu H6.1.2.2b:

- Transgenkonstrukte im Genom von Durchwuchspflanzen in bis zu 5 km Entfernungen zu transgenen Anbauflächen (VP) *

Hilfsparameter:

- Durchwuchs auf Flächen in bis zu 5 km Entfernungen zu transgenen Anbauflächen

6.1.3. Durchwuchs

Durchwuchs aus Samen ist in Deutschland bislang kein Problem, da Kartoffelsamen in Deutschland selten ausreifen und die Keimlinge aus Samen sehr empfindlich gegen Trockenheit,

Endbericht: Monitoring gentechnisch veränderter Pflanzen

Temperaturveränderungen oder Krankheitsbefall sind (LI 1983, BURTON 1989, zitiert in NEUROTH 1997). Durchwuchs aus Samen kann auch durch Pflegemaßnahmen nach der Ernte unterbunden werden, indem Sämlinge untergepflügt oder entwurzelt werden und dann in der Regel nicht überleben (NEUROTH 1997).

Nach der Ernte verbleiben insbesondere kleine Knollen im Feld (10.000-30.000 pro ha; PUTZ 1989 zitiert in NEUROTH 1997). Diese Knollen können in die Folgekultur durchwachsen und zu einem ‚Unkrautproblem‘ werden. CONNER (1996, zitiert in RÖVER et al. 2000) beobachtete bei Versuchen mit transgenen Kartoffeln auf neuseeländischen Versuchsflächen in den ersten zwei Folgejahren Durchwuchs. Die Kartoffeln im Durchwuchs werden in Deutschland in der Regel durch Frost, Dürre und die normale landwirtschaftliche Praxis abgetötet (SCP 1998).

Wenn die geringe Problematik des Kartoffeldurchwuchses vor allem auf die Frostempfindlichkeit zurückgeht, gilt es zu überprüfen, wie der gentechnische Eingriff diese Eigenschaft beeinflusst. Es ist bekannt, dass Eingriffe in den Kohlenhydratstoffwechsel die Osmolarität des Zellsafts verändern können, was wiederum einen Einfluss auf die Frostempfindlichkeit haben kann (VOGEL & TAPPESER 2000). Dies ist besonders für Anbauregionen mit milden Wintern von Interesse (vgl. dazu Winterhärtezonen nach ROLOFF & BÄRTELS 1996, zitiert in NEEMANN & SCHERWAß 1999).

Zur Änderung der Frosttoleranz durch Eingriffe in den Kohlenhydratstoffwechsel liegen nur wenige Untersuchungen vor. BECKER & ULRICH (1999) fanden in einer Untersuchung mit transgenen Kartoffeln mit erhöhter Akkumulation löslicher Zucker nur geringe Unterschiede bezüglich der Frosttoleranz der Knollen im Vergleich zu nicht-transgenen Linien. „Dabei zeichnete sich bei einer transgenen Linie eine gegenüber der Kontrolle verminderte Frosttoleranz ab.“ (BECKER & ULRICH 1999)

Dieser Hinweis, dass Änderungen im Kohlenhydratstoffwechsel zu Änderungen in der Frostresistenz führen können, und fehlende genauere Untersuchungen zur *amf*-Kartoffel lassen die folgende Hypothese zu:

Hypothesenkomplex 6.1.3: Änderungen der Stärkezusammensetzung führen zu Änderungen der Frostresistenz und damit zu verstärktem Auftreten von Durchwuchs.

Parameter zu H6.1.3:

- Kartoffeldurchwuchs pro ha im Vergleich zu nicht transgenen Parzellen (VP)
- Anzahl der Jahre mit Durchwuchs im Vergleich zu nicht transgenen Parzellen (VP)

6.2. EFFEKTE AUF BIOTIK, DIVERSITÄT UND ÖKOLOGIE

6.2.1. Phytophage und Phytopathogene

6.2.1.1. Pathogene

Die zahlreichen Pathogene der Kartoffel sind ausführlich bei NEUROTH (1997) zusammengestellt. Neben bakteriell verursachten Erkrankungen (wie Schwarzbeinigkeit, Knollnassfäule, Kartoffelschorf, Bakterienringfäule) und pilzlichen Erkrankungen (wie Kraut- und Knollenfäule, Wurzeltöterkrankheit, Trockenfäule, Dürrfleckenkrankheit, *Colletotrichum*-Welke, *Fusarium*-Welke, Grauschimmel, *Sclerotinia*-Stängelfäule, Kartoffelkrebs, Silberschorf) sind auch Virose häufig (Blattrollkrankheit, Y-Virus-Mosaik oder Strichelmosaik, A-Virus oder Kräuselmosaik, M-Virus oder Rollmosaik, X-Virus oder einfaches Mosaik, S-Virus-Krankheit, Pfropfenbildung der Kartoffel, Spindelknollenviroid).

Blattrollvirus, Y-Virus-Mosaik und A-Virus werden durch Blattläuse wie die Grüne Pflirsichblattlaus (*Myzus persicae*) und Kreuzdornlaus (*Aphis nasturtii*) übertragen. Die S-Virus- und M-Virus-Krankheit werden gelegentlich durch Blattläuse (sonst durch Wundkontakt) übertragen. Viren benötigen einen Übertragungsvektor. Veränderungen der Vektorenpopulationen haben somit auch Auswirkungen auf die Virose. Natürliche Feinde der Blattläuse sind zum Beispiel Marienkäfer oder Schlupfwespen (TEXAS A&M UNIVERSITY, DEPARTMENT OF ENTOMOLOGY, Januar 2001).

Die Pfropfenbildung wird vom Rattle- oder Tabakrattle-Virus ausgelöst; als Überträger fungieren freilebende Nematoden der Gattung *Trichodorus*. Das Spindelknollenviroid wird durch Insekten und Wundkontakt übertragen und ist im Gegensatz zu den anderen erwähnten Viren samenübertragbar.

Gegen eine Vielzahl der Viruskrankheiten und einige der bakteriellen und pilzlichen Erreger liegen resistente oder teilweise resistente Sorten vor (NEUROTH 1997). Durch den Eingriff ins Genom der Kartoffeln könnten bei transgenen Kartoffeln unerwartete, unbeabsichtigte Veränderungen, zum Beispiel aufgrund von Pleiotropie- oder Positionseffekten (s. Kap. 7) auch Wirkungen auf die Anfälligkeit der Kartoffeln gegenüber Krankheitserregern auftreten. Daher sollte bei jeder einzelnen transgenen Linie auf Anfälligkeit gegenüber Virose geachtet werden, um mögliche Effekte der transgenen Veränderungen auf die Schadensstärke formulieren und beobachten zu können.

Versuche zum Resistenzverhalten fructanbildender Kartoffeltransformanten gegenüber dem pilzlichen Schaderreger *Phytophthora infestans* deuten an, dass Modifikationen des Grundstoffwechsels durchaus zu Veränderungen ökologisch und ökonomisch bedeutender Anbaueigenschaften der Pflanzen wie zum Beispiel der Krankheitsanfälligkeit führen können (BECKER et al. 1998).

Hypothesenkomplex 6.2.1.1a: Durch Änderung der Stärkezusammensetzung ändert sich die Attraktivität der Kartoffeln für phytophage (Vektor-) Insekten (Blattläuse) und die Anfälligkeit für Schaderreger. Damit wird auch die Verbreitung von einigen Kartoffelkrankheiten beeinflusst.

Parameter zu H6.2.1.1a:

- Häufigkeit und Intensität des Auftretens von Krankheitsbefall bei transgenen und nicht-transgenen Kartoffeln gleicher Ausgangslinie (VP)

Hierbei handelt es sich um ein agronomisches Szenario. Wenn jedoch in der Folge zur Bekämpfung des Krankheitsbefalls mit einem veränderten Spritzmitteleinsatz reagiert wird, kann dieser Pestizideinsatz Auswirkungen auf das gesamte Agrarökosystem haben.

Hypothese 6.2.1.1b: Eine Veränderungen im Krankheitsbefall bei transgenen Kartoffeln im Vergleich zu konventionellen Linien hat einen veränderten Pestizideinsatz zur Folge.

Parameter zu H6.2.1.1b:

- Verbrauch von Spritzmitteln (welche Mittel, Wirkstoffe und Mengen der Wirkstoff, u. a. gegen *Phytophthora infestans* - Erreger der Kraut- und Knollenfäule) in transgenen Kartoffelfeldern im Vergleich zu konventionellen Feldern gleicher Ausgangslinie (VP)

Hilfsparameter:

- Gründe für den Pestizideinsatz

Ein geänderter Pestizideinsatz kann wiederum Effekte auf in Ackerstandorten beginnende Nahrungsketten und -netze haben. Zur Beobachtung von Effekten in Nahrungsketten sei auf die nachfolgenden Ausführungen und Parameter zu Organismen verwiesen.

Für alle Krankheiten gilt, dass erhöhter Durchwuchs zu einer erhöhten Verbreitung führt. Das heißt, wenn sich aufgrund des transgenen Eingriffs die Frostresistenz der auf dem Feld verbliebenen Kartoffelknollen beziehungsweise Samen ändert und es dadurch zu erhöhtem Durchwuchs (s. Kap. 6.1.3) in den Folgejahren kommt, können diese ‚Unkraut‘-Kartoffeln Wirte für Phytophage und Pathogene sein und somit den Effekt der mehrjährigen Kartoffelanbaupause verringern. Die Krankheitserreger können sich besser in den Feldern halten.

Hypothesenkomplex 6.2.1.1c: Eingriffe in den Kohlenhydrathaushalt der Kartoffel führen zu Veränderungen der Frostresistenz und damit zu erhöhtem Kartoffeldurchwuchs, was verstärkten Befall mit Krankheiten und damit erhöhten Pestizideinsatz zur Folge hat.

Parameter zu H6.2.1.1c:

- Kartoffeldurchwuchs im Vergleich zu konventionellen Feldern gleicher Ausgangslinie (VP)
- Pestizideinsatz im Vergleich zu konventionellen Feldern gleicher Ausgangslinie (VP)

Hierbei handelt es sich erneut um ein agronomisches Szenario, das über den Pestizideinsatz Auswirkungen auf das Agrarökosystem hat.

6.2.1.2. Insekten

Die Kartoffel wird von zahlreiche Insekten als Futterpflanze genutzt. Erdraupen (*Noctuidae*) wie zum Beispiel die Wintersaateule (*Agrotis segetum*) fressen an Blättern und Stängel (REMANE et al. 1986, INRA 2001). Blattläuse beeinflussen die Kartoffel zum einen durch direkten Fraß (Saftentzug) und zum anderen als Vektoren für Viren. Folgende Arten kommen in Betracht: Grüne Pflirschlaus (*Myzus persicae*), Kreuzdornlaus (*Aphis nasturtii*), Faulbaumlaus (*Aphis frangulae*). Als weitere ‚Schädlinge‘ werden Engerlinge (Larven des Maikäfers *Melolontha melolontha*) und Schnellkäfer (*Agrotis* spp.) (NEUROTH 1997) sowie Wanzen (*Lygus pabulinus*, *L. pratensis*, *L. rugulipennis*, *Calocoris norvegicus* u. a.) und Zikaden (*Empoasca flavescens*, *E. decipiens*, *Eupteryx atropunctata* u. a.) aufgeführt (BAYER VITAL GMBH Januar 2001).

Veränderungen des Kohlenhydratstoffwechsels führen zu veränderten Inhaltsstoffen und damit eventuell zu Änderungen der Attraktivität der Kartoffelpflanzen für Phytophage, was sich auf die Nahrungskette auswirken kann.

Hypothesenkomplex 6.2.1.2a: Durch Änderung des Kohlenhydratstoffwechsels ändert sich die Attraktivität der Kartoffelpflanzen für Phytophage, wodurch sich deren Bestände ändern.

Parameter zu H6.2.1.2a:

- Bestandsentwicklung von Phytophagen (*Agrotis segetum*, *Myzus persicae*, *Aphis nasturtii*, *Aphis frangulae*, Larven des Maikäfers *Melolontha melolontha*, *Agrotis* spp., *Lygus pabulinus*, *L. pratensis*, *L. rugulipennis*, *Calocoris norvegicus*, *Empoasca flavescens*, *E. decipiens*, *Eupteryx atropunctata*) in transgenen und nicht transgenen Kartoffelfeldern gleicher Ausgangslinie (VP)

Hypothese 6.2.1.2b: Veränderung in den Phytophagen-Populationen auf Kartoffeln wirken sich auf die nachfolgenden Nahrungsketten aus.

Parameter zu H6.2.1.2b:

- Bestandsentwicklung der Prädatoren von Phytophagen (z. B. Blattläusen) wie beispielweise Coccinelliden (z. B. *Coccinella septempunctata*) in transgenen und nicht transgenen Kartoffelfeldern gleicher Ausgangslinie (paP)

Der Kartoffelkäfer (*Leptinotarsa decemlineata*) (ursprünglich aus Nordamerika) hatte früher als Wirtspflanze *Solanum rostratum* und andere Wildarten und ist dann auf Kartoffel als Haupt-Wirtspflanze übergewechselt. Er ist in alle weltweiten Kartoffelanbaugebiete verschleppt worden (DÜLL & KUTZELNIGG 1994). Die Larven und Käfer fressen zusätzlich an Blättern von Tomaten und anderen Nachtschattengewächsen (CHINERY 1987).

Änderungen im Kohlenhydrathaushalt könnten zum Beispiel auch durch unerwartete Effekte im pflanzlichen Stoffwechsel Auswirkungen auf phytophage ‚Schädlinge‘ haben und damit sowohl auf Nahrungsketten im Agrarökosystem, als auch auf die landwirtschaftliche Schädlingsbekämpfung wirken. ‚Nützlinge‘, die den Kartoffelkäfer in Europa entscheidend dezimieren, werden in der Literatur nicht genannt (SKORUPINSKI 1996). Für Nordamerika wird von Vögeln, prädatorischen Käfern (*Podisus maculiventris*, *Perillus bioculatus*, Marienkäfer), Schwebfliegen und einem Pilz als Antagonisten des Kartoffelkäfers berichtet (OHIO STATE UNIVERSITY COLUMBUS Januar 2001).

Hypothesenkomplex 6.2.1.2c: Durch Veränderung der Stärkezusammensetzung treten Auswirkungen auf Kartoffelkäferpopulationen auf. In der Folge ändern sich die Aufwandsmengen bei Pestiziden gegen den Kartoffelkäfer.

Parameter zu H6.2.1.2c:

- Kartoffelkäferbefall (Populationsdichte) auf transgenen Kartoffelfeldern im Vergleich zu nicht transgenen Kartoffelfeldern gleicher Ausgangslinie (VP)
- Unterschiede in den Aufwandsmengen für die ‚Schädlingsbekämpfung‘ (Insektizideinsatz) zwischen transgenen und nicht transgenen Anpflanzungen gleicher Ausgangslinie (VP)

6.2.1.3. Nematoden

Kartoffeln werden von verschiedenen Arten von Wurzelgallnematoden (*Meloidogyne*-Arten) befallen. Gelbe und weiße Kartoffelnematoden (*Globodera rostochiensis* und *G. pallida* ‚Kartoffelzystenälchen‘) befallen die Kartoffelwurzeln und führen zu schweren Schäden. Auch resistente Sorten werden befallen und geschädigt, lediglich die Zystenbildung mit Eiablage unterbleibt. Da Kartoffelnematoden bis zu 15 Jahre im Boden überdauern können und Nematizide die Nematoden in tieferen Bodenschichten nicht erreichen, ist Kartoffeldurchwuchs ein großes Problem. Kartoffelanbaupausen von mehreren Jahren (Fruchtfolge) haben den Effekt, die Nematoden ‚auszuhungern‘. Kartoffeldurchwuchs bietet den Nematoden eine dauerhafte Nahrungsgrundlage. Damit können die Durchwuchskartoffeln zu einer Vergrößerung der Nematodenpopulation führen. Das kann entweder steigenden Nematizidverbrauch oder erhöhte Ernteverluste bei erneutem Kartoffelanbau bzw. verlängerte Anbaupausen von Kartoffeln zur Folge haben (NEUROTH 1997).

Hypothese 6.2.1.3: Ein Eingriff in den Kohlenhydrathaushalt führt zu Veränderungen der Frostresistenz und damit zu erhöhtem Kartoffeldurchwuchs, was wiederum verstärkten Befall mit Kartoffelnematoden und damit Ernteeinbußen oder erhöhten Nematizideinsatz zur Folge hat.

Parameter zu H6.2.1.3:

- Kartoffeldurchwuchs im Vergleich zu nicht transgenen Flächen (VP)
- Schäden durch Kartoffelnematoden (VP)
- Nematizideinsatz bei erneutem Kartoffelanbau in der Fruchtfolge auf Flächen mit vorherigem transgenem Kartoffelanbau (im Vergleich zu nicht transgenen Flächen) (VP)

6.2.1.4. Weich- und Wirbeltiere

Als ‚Fraßschädlinge‘ werden in der Literatur Schnecken (Graue Ackerschnecke *Deroceras agreste*, Gartenwegschnecke *Arion hortensis*, verschiedene Gehäuseschnecken bes. *Helix hortensis*) und Wühl- bzw. Feldmaus (*Arvicola terrestris* bzw. *Microtus arvalis*) erwähnt. Mäuse sind starke Samenfresser und damit auch -verbreiter (Vorratshaltung). Regional beobachtet wurden Schädigungen durch Wildschweine (*Sus scrofa* L.), Rothirsch (*Cervus elaphus* L.), Damhirsch (*Cervus dama* L.) und Reh (*Capreolus capreolus* L.) durch Zertreten und Abfressen jungen Krauts und Knollen. Fasane und Wildgänse werden als seltene Besucher auf Kartoffelfeldern in der Literatur erwähnt (NEUROTH 1997, MÄNNER 2000).

Die Ausbreitung der Kartoffel durch Tiere über den Transport von Knollen ist unwahrscheinlich, da die Knollen nicht unbeschadet den Verdauungstrakt durchwandern und als keimfähige Knolle ausgeschieden werden können (obwohl die Knollen eine relativ geringe Verdaulichkeit haben). Wahrscheinlicher ist die Ausscheidung von intakten Samen nach Verzehr von Beeren (MÄNNER 2000).

Da die Kartoffel für die genannten Tieren nicht als bevorzugte Nahrungspflanze gilt, erscheinen sie als Monitoringorganismen wenig geeignet. Zu beobachten wäre eine Veränderung der Attraktivität der Kartoffeln infolge des transgenen Eingriffs.

Hypothesenkomplex 6.2.1.4: Durch die Veränderung des Stoffwechsels gewinnt oder verliert die transgene Kartoffel als Nahrungsquelle für Weichtiere, Vögel und Säugetiere an Bedeutung und wirkt sich darüber sowie über unerwartete Effekte auf deren Bestände aus.

Parameter zu H6.2.1.4:

- Bestandsentwicklung bei Fraßorganismen (z. B. *Deroceras agreste*) auf transgenen Kartoffelfeldern im Vergleich zu nicht transgenen Kartoffelfeldern gleicher Ausgangslinie (VP)

6.2.1.5. ‚Nützlinge‘

Insekten treten in zweifacher Funktion als ‚Nützlinge‘ auf. Zum einen als Bestäuber und zum anderen als Prädatoren oder Parasiten von ‚Schädlingen‘ (z. B. Blattläusen).

Die Blütezeit der Kartoffeln in Deutschland ist Juni (Frühkartoffeln) bis Anfang September (Spätkartoffeln), die Blühdauer der meisten deutschen Sorten beträgt 1 – 2 Wochen (NEUROTH 1997). Die Blüten sind nektarlos und deshalb nur "spärlich von Hummeln und Schwebfliegen

besucht", spontane Selbstbestäubung ist häufig, Zuchtformen sind aber meist steril (DÜLL & KUTZELNIGG 1994). Der Pollen verfügt über keinen Pollenkitt, so dass er staubartig aus den Antheren ausgestreut wird. Bei schweren Blütenbesuchern (Hummeln) biegen sich die Blüten so weit herab, dass der Pollen von oben auf den Blütenbesucher herabrieselt (BECKER et al. 2000). Aufgrund des fehlenden Pollenkitts kann *Solanum*-Pollen von vielen Bienenarten nur mit Hilfe sekundärer ‚Klebstoffe‘ (Nektar) transportiert werden. Daraus resultiert eine relative Unattraktivität der Blüten für blütenbesuchende Insekten, da zum Beispiel zum Pollensammeln ein gewisser Nektarvorrat mitgebracht werden muß (BECKER et al. 2000).

BECKER et al. (2000) beobachteten als Blütenbesucher: sechs Bienenarten (davon nur die Erdhummel, *Bombus terrestris* als konkrete Art benannt), zwei Schwebfliegenarten (*Syrphidae*), der Rapsglanzkäfer (*Meligethes aeneus*) und der Kartoffelkäfer (*Leptinotarsa decemlineata*). Die Individuendichte der Blütenbesucher lag zum Beispiel bei der Kartoffelsorte Likaria bei 550 Insekten/ha (Maximum 2950), bei der Sorte Désirée bei 390 Insekten/ha (Maximum 1870). Weitere beschriebene Blütenbesucher sind echte Fliegen (*Muscidae*), Wespen (*Vespidae*), Schmeißfliegen (*Calliphoridae*), Libellen (*Odonata*), Schmetterlinge und Motten (*Lepidoptera*) (BECKER et al. 2000).

NEUROTH (1997) gibt an, dass als Bestäuber im Freiland zum Beispiel die Hummel (*Bombus impatiens* Cresson; HØJLAND & POULSEN 1994), die nach dem Blütenbesuch oft mit reichlich Pollenstaub behaftet ist, sowie Rapsglanzkäfer beobachtet wurden. Als weitere Besucher von Kartoffelblüten wurden Bienen (*Apoidea* L.), Kohlweißlinge (*Pieris brassicae* L.), Vertreter der Schimmelkäfer (*Antherophagus pallens*), Tangfliegen (*Coelopa frigida* Fall.), Goldfliegen (*Lucilia caesar* L.) und *Cortophilia ciliatura* Rond. beobachtet (BECKER-DILLINGEN 1928 in NEUROTH 1997).

Laut MCPARTLAN & DALE (1994) sind Honigbienen unwichtig für die Pollenausbreitung, Hummeln sind die Hauptpollenverbreiter ('buzz pollination' - Pollenherausschleudern durch Vibration - und dadurch Selbstbestäubung). Im Gegensatz dazu beobachtete SKOGSMYR (1994) den Rapsglanzkäfer *Meligethes aeneus* als Hauptaubreiter, Hummeln und Schwebfliegen (*Diptera* spp.) spielten bei seinen Versuchen in Schweden eher eine kleinere Rolle. In der SKOGSMYR-Studie waren die Kartoffelplots die einzigen Nahrungspflanzen unter sonst anderen Feldfrüchten, die für die Käfer keinen Nahrungswert hatten. Die Pollenausbreitung hängt also zum Beispiel auch von der Hummelaktivität und den Nachbarfeldern im Betrachtungsjahr ab (TREU & EMBERLIN 2000).

BECKER et al. (2000) fanden bei ihren Untersuchungen zu stoffwechseleränderten Kartoffeln Auswirkungen auf Antherengewicht, Pollenkorngroße und -qualität, die sie aber aufgrund ungünstiger Umwelteinflüsse in der Vegetationsperiode nicht eindeutig den gentechnischen Veränderungen zuschreiben konnten. Sie weisen jedoch darauf hin, dass Folgeuntersuchungen zur Klärung dieser Fragen nötig wären. Untersuchungen über mögliche Folgen für Konsumenten von in der Qualität veränderten Pollen konnten nicht gefunden werden.

Hypothese 6.2.1.5a: Die Änderung des Kohlenhydratstoffwechsels hat Auswirkungen auf die Pollenproduktion (Veränderungen der Blühzeit, -dauer, Pollenmenge, -fertilität) und beeinflusst dadurch die Nützlingspopulationen.

Parameter zu H6.2.1.5a:

- Artensspektrum und Populationsbestand von Blütenbesucher transgener Kartoffelfelder im Vergleich zu nicht transgenen Kartoffelfeldern gleicher Ausgangslinie (VP)
- Populationsentwicklung von *Bombus terrestris* in Regionen mit großflächigem Anbau transgener Kartoffeln im Vergleich zu Regionen mit ausschließlich konventionellem Kartoffelanbau (paP)

Der Parameter

- Unterschiede in der Blütenphänologie bei transgenen Kartoffellinien im Vergleich zu nicht transgenen Kartoffellinien gleicher Ausgangslinie

sollte bereits über die Produktbeschreibung der Anbieter transgener Linien abgedeckt sein, ist aber möglicherweise unter verschiedenen Umweltbedingungen weiterhin auch im Monitoring zu beobachten und wir somit als Hilfsparameter vorgeschlagen.

Aufgrund der Hinweise, dass Qualitätsunterschiede zwischen Pollen transgener und nichttransgener Kartoffeln auftreten, sind nachfolgende Effekte auf Pollenkonsumenten möglich.

Hypothese 6.2.1.5b: Der Konsum gentechnisch veränderter Pollen hat Auswirkungen auf die Fitness der Pollenkonsumenten.

Parameter zu H6.2.1.5b:

- Populationsentwicklung von *Bombus terrestris* in Regionen mit großflächigem Anbau transgener Kartoffeln im Vergleich zu Regionen mit ausschließlich konventionellem Kartoffelanbau (paP)

Bei den höheren Tieren sind als Prädatoren Vögel zu erwähnen. Sie sind jedoch örtlich zu unstat und nicht eindeutig genug auf bestimmte an transgenen Kartoffeln fressende Insekten, Mäuse oder Weichtiere spezialisiert. Insofern werden Auswirkungen zunächst als eher unwahrscheinlich angesehen. Die Fitness von Feldvögeln sollte also nur bei gebietsweise flächendeckendem Anbau transgener Kartoffeln als Beobachtungsparameter aufgenommen werden.

6.2.1.6. Ackerbeikrautgesellschaften

Besondere Auswirkungen auf Ackerbeikrautgesellschaften können aufgrund der gesichteten Literatur nicht erwartet werden.

6.3. EFFEKTE AUF MIKROORGANISMEN

Das Kompartiment Boden mit den Wechselwirkungen Pflanze/Mikroorganismen wird in der Literatur oftmals als 'black box' behandelt, da zum Beispiel nur 1 % der Mikroorganismen des Bodens charakterisiert sind (TORSVIK 1990). Insofern sind Untersuchungen, die auf die Auswirkungen gentechnischer Veränderungen auf Mikroorganismen abzielen, aufgrund methodischer Probleme schwierig und auch selten.

Thematisch von Interesse sind der horizontale Gentransfer (z. B. Verbreitung von Antibiotikaresistenzen) und mögliche Verschiebungen in der Zusammensetzung und des Leistungsspektrums der Mikroorganismengemeinschaft durch Änderungen der Stoffflüsse oder direkte Schädigungen (BECKER et al. 1998).

6.3.1. Horizontaler Gentransfer: Kanamycinresistenz

DE VRIES et al. (1998) zeigten in Untersuchungen mit T4-Lysozym-produzierenden Kartoffeln für die Rhizosphäre die Entlassung von rekombinanten Nukleotidsequenzen aus den Wurzeln. Ob diese DNA noch Transformationspotential für Bodenbakterien besitzt und welches Ausmaß ein solcher quantitativ vermutlich auf einem relativ niedrigen Niveau ablaufender Gentransfer hat, konnte nicht abschließend beurteilt werden (DE VRIES et al. 1998).

WIDMER et al. (1997) untersuchten die Persistenz des rekombinanten *nptII*-Gens (Neomycin Phosphotransferase II) abgestorbener transgener Kartoffel- und Tabakpflanzen unter Feldbedingungen. Etwa zwei Prozent der ursprünglichen Menge an *nptII*-DNA aus auf dem Feld verbliebenen Kartoffelstängeln und -blättern waren nach 137 Tagen noch nachweisbar (bei Knollenmaterial 0.5 % nach 137 Tagen). Untersuchungen von NIELSEN et al. (1997) weisen jedoch darauf hin, dass die Verfügbarkeit von im Boden frei werdender DNA für Transformationsprozesse durch die Wechselwirkung mit der Bodenmatrix innerhalb von wenigen Stunden stark absinkt. Das *nptII*-Gen, ein bakterielles Resistenzgen für bestimmte Aminoglykosidantibiotika wie zum Beispiel Kanamycin und Neomycin, wird als Selektionsmarker auch bei *amf*-Kartoffeln benutzt.

Die von der *nptII*-vermittelten Resistenz betroffenen Antibiotika sind in der Humanmedizin keine breit und in großen Mengen eingesetzten Antibiotika. Sie haben aber teilweise eine besondere Bedeutung als Mittel der Wahl bei Schwerstinfektionen in Kliniken (BAIER & TAPPESER 1999). Ansonsten findet es in der Veterinärmedizin Verwendung. Das *nptII*-Gen ist in Bakterien aus Klärschlamm und Schweinegülle weit verbreitet, während es in kultivierbaren kanamycinresistenten Bodenbakterien nicht gefunden wurde (SMALLA et al. 1993). In einigen Böden konnte *nptII*-DNA jedoch mittels der hochempfindlichen PCR (polymerase chain reaction)-Methode nachgewiesen werden (SMALLA et al. 1997), was auf das Vorhandensein dieses Resistenzgens in nicht kultivierbaren Bodenbakterien hindeutet.

Weitere Ausführungen zu horizontalem Gentransfer finden sich in Kapitel 8. Potentielle gesundheitliche Effekte sollen im Rahmen dieser Studie zum Monitoring nicht vertieft werden.

6.3.2. Effekte auf Mikroorganismengemeinschaften

Durch den kontinuierlichen Zellverlust der Wurzelspitzen beim Wachstum (ca. 5000 pro Tag; WHIPPS 1990 zitiert in BECKER et al. 2000) und die Lyse von Wurzelzellen gelangen nahezu alle in der Pflanze beziehungsweise der Wurzel gebildeten Stoffwechselprodukte in den Boden, wo sie größtenteils unmittelbar von den Rhizosphärenmikroorganismen aufgenommen und metabolisiert werden (BECKER et al. 2000).

BECKER et al. (2000) untersuchten transgene Kartoffeln mit verändertem Grundstoffwechsel. In ihren Untersuchungen zeigten sich nur schwache Einflüsse der transgenen Kartoffeln auf die Mikroflora der Rhizo- und Phyllosphäre. Bei heterotrophen Bakterien, die die allgemeine bakterielle Besiedlung widerspiegeln, war kein Einfluss feststellbar. Bei fluoreszierenden Pseudomonaden war der Sorteneinfluss größer, als der Einfluss der Transformation. Bei coryneformen Bakterien, Streptomyceten, pectinolytische Bakterien und Hefen wurde kein Einfluss beobachtet. Bei filamentbildenden Pilzen deutete sich eine höhere Besiedlungsdichte an (nicht signifikant). Die Heterogenität der bakteriellen Gemeinschaft deutete einen schwachen Einfluss der gentechnischen Veränderungen an, der jedoch unabhängig von der Art der Transformation war.

Obwohl kein Einfluss auf die Populationsdichte nachweisbar war, konnten mittels BIOLOG-Verfahren Wirkungen auf die ‚metabolischen Fingerprints‘ nachgewiesen werden. Diese Unterschiede deuteten auf qualitative Veränderungen in der kultivierbaren Mikroflora hin. Somit könnten also auch bei gleichbleibender Populationsdichte Wirkungen auf einzelne Gruppen der Mikroflora vorhanden gewesen sein (BECKER et al. 2000).

Diese Ergebnisse sind vor dem Hintergrund der Einjährigkeit der Versuche zu betrachten. So fanden SCHLOTER et al. (1999; pers. Mitteilung zitiert in BECKER et al. 2000) bei der Untersuchung der Bodenmikroflora von im Stärkemetabolismus veränderten Kartoffeln in zwei Untersuchungsjahren, wahrscheinlich in Abhängigkeit von den Witterungsbedingungen, einmal keine und einmal relativ deutliche Effekte auf die Mikroflora.

LUKOW et al. (2000) fanden zeitliche und räumliche Veränderungen der Mikroorganismengemeinschaft durch transgene Kartoffeln. Sie untersuchten transgene Barnase/Barstar Kartoffeln⁶ (Sorte 'Bintje') mit zwei Genkonstrukten. Im Gegensatz zur Ausgangssorte wurde bei den transgenen Proben eine deutliche Änderung der Bakteriengemeinschaft zum Ende der Vegetationsperiode gefunden (Änderungen bei mindestens zwei Bakteriengruppen). Räumliche Unterschiede gab es nur zwischen der konventionellen Ausgangssorte und jeweils der transgenen Linie. Ein Vergleich zwischen transgenen Linien zeigte keine Unterschiede. Mögliche Gründe werden nicht diskutiert, da die Veröffentlichung sich mit der kultivierungsunabhängigen Methode T-RFLP (terminal restriction fragment length polymorphism) befasst.

⁶ Barnase (bakterielle Ribonuklease) war mit dem *gst 1* Promotor verknüpft, um Hintergrundeffekte der Barnase in gesundem Gewebe zu vermeiden. Das Barstar-Gen verknüpft mit dem konstitutiven (in allen Pflanzenteilen/Geweben - im Unterschied zu zum Beispiel knollenspezifischen Promotoren) exprimierten viralen *CaMV 35S* Promotor.

Diese Ergebnisse lassen sich jedoch nicht unbedingt auf kohlenhydratveränderte Kartoffeln übertragen, da grundsätzlich – falls keine Positions- oder Pleiotropieeffekte auftreten – in Bezug auf die mikrobielle Zersetzung und Verwertung der Monomere festgestellt werden muss, dass Glucose der alleinige Baustein von sowohl Amylose als auch Amylopektion ist (LABES et al. 1999).

Da sich die organische Substanz der Ernterückstände und auf dem Feld verbleibenden Knollen von denen nicht gentechnisch hergestellter Kartoffeln chemisch unterscheidet (Amylopektin hat andere physikalisch/chemische Eigenschaften als Amylose), ist ein direkter Einfluss auf die Zusammensetzung der organischen Bodensubstanz denkbar (LABES et al. 1999).

Hypothesenkomplex 6.3.2: Die Veränderungen des Grundstoffwechsels führen zu veränderten Inhaltsstoffen, was sich über Wurzelausscheidungen und abgestorbene Zellen auf die Mikroorganismengemeinschaft und die Zusammensetzung der organischen Bodensubstanz auswirken kann.

Parameter zu H6.3.2:

- Untersuchung der Bodenmikroorganismengemeinschaft vor und während des Anbaus transgener Kartoffeln mit empfindlichen Methoden (T-RFLP, BIOLOG oder PCR) im Vergleich zu benachbarten nicht transgenen Anbauflächen (VP)
- Untersuchung der Ausbreitung von Genkonstrukten mittels empfindlicher Methoden (PCR) (VP)

6.4. EFFEKTE AUF DIE ABIOTIK

Da sich nach dem bisherigen Wissen durch den Eingriff in den Kohlenhydrathaushalt der Kartoffeln weder die Pflanzdichte noch der Beikrautbesatz ändert, ist nicht mit veränderter Erosion oder Auswaschungsdynamik zu rechnen. Lediglich ein stark veränderter Pestizideinsatz könnte sich auf die Bodenbedeckung oder die Chemikalienanreicherung beziehungsweise –auswaschung auswirken. Da gesicherte Erkenntnisse hierzu fehlen und der Pestizideinsatz schon mehrfach als Parameter aufgeführt wurde, wird an dieser Stelle darauf verzichtet eine Hypothese zu formulieren.

Veränderungen könnten sich bei abiotischen Bodenparametern ergeben, falls die Bodenorganismengemeinschaften beeinflusst werden sollten. Wie bei den anderen Kulturarten kann zur Beobachtung bislang unspezifischer Effekte auf die Bodenabiotik eine Beobachtung von bodenchemischen und –physikalischen Parametern entsprechend den Bodendauerbeobachtungsflächen (BDF) vorgeschlagen werden.

7. WIRKUNGEN VON GENTECHNISCHEN EINGRIFFEN IN PFLANZEN, DIE SICH NICHT KONKRET IN URSACHE-WIRKUNGSKETTEN DARSTELLEN LASSEN

Einige Effekte, die ein Eingriff ins Genom von Organismen haben kann, sind prinzipiell bekannt, können jedoch nicht direkt in eindeutige Wirkungen übertragen werden. Dies ist dadurch bedingt, dass man mit dem Einbau zusätzlicher Gene in das Genom der Organismen in deren Struktur und Organisation eingreift, ohne diese ausreichend zu kennen.

Andere, nicht in konkrete Wirkungsketten fassbare Effekte spielen sich möglicherweise auf der Landschaftsebene ab.

Positions- und Pleiotropieeffekte:

Positionseffekte sind solche Effekte, die aufgrund des Insertionsortes des neuen Genkonstrukts in das Pflanzengenom auftreten. Pleiotropieeffekte sind Effekte, die auftreten, weil ein Genprodukt Einfluss auf verschiedene Stoffwechselwege nehmen kann.

Bei der gentechnischen Entwicklung von herbizidresistentem Raps traten in der Anfangsphase der Linienentwicklung mehrfach Pleiotropieeffekten auf, die auf die Fitness und Produktivität der Pflanzen wirkten. Entsprechende Rapslinien wurden in der Folge nicht weiterverfolgt (ULRICH et al. 1998). Es ist jedoch zu erwarten, dass nicht jede unbeabsichtigte Veränderung während der Sortenentwicklung offensichtlich zu Tage tritt oder wahrgenommen wird, vor allem dann nicht, wenn keine agronomisch relevanten Eigenschaften betroffen sind.

Effekte, die zunächst unbedeutend wirken oder unbemerkt bleiben, können jedoch Wirkungen erzielen, die auch andere Organismen sowie ökologische Prozesse beeinflussen. Nachgewiesen sind zum Beispiel Stoffwechselverschiebungen, Fitnessveränderungen oder eine veränderte Stressreaktion (z. B. hitzeinduziertes Abschalten der Transgene) (BERGELSON et al. 1996, ENGEL et al. 1996, GERTZ et al. 1999).

Hypothese 7a: Bei transgenen Pflanzen treten unbeabsichtigte Eigenschaftsveränderungen auf, die auch Wechselwirkungen mit der Umwelt beeinflussen können.

Parameter zu H7a:

- Morphologische, physiologische oder phänologische Abweichungen der transgenen Pflanze von der nicht transgenen Ausgangslinie (konkrete Parameter = ?, ⁷ (VP))

⁷Als konkrete Parameter können nur allgemeine Fitnessparameter vorgeschlagen werden. Solche Parameter könnten zum Beispiel Dormanz, Überdauerungsfähigkeit, Frostempfindlichkeit, Keimungsrate, Keimungszeitpunkt, Keimlingsentwicklung, Überlebensrate, Pollenzahl, Pollenverbreitungsvermögen, Pollengewicht und –struktur, Entwicklungszyklus, -zeiten, Wachstumsgeschwindigkeit, Biomasseproduktion, Blühzeitpunkt (als

Effekte auf die genetische Diversität:

„Mit der Entwicklung der letzten 100 Jahre vom Anbau vieler verschiedener Landsorten und lokaler Varietäten zur Nutzung weniger moderner Hochleistungssorten ist eine starke Abnahme der genetischen Diversität verbunden. Denn mit der züchterischen Auslese ist unabdingbar eine Einschränkung der genetischen Vielfalt verbunden.“ (MEYER et al. 1998) Bereits heute ist infolge der Züchtung und insbesondere aufgrund der 00-Züchtung aus nur 2 Sommerrapssorten (Liho, Bronowski) die Variabilität innerhalb der Rapssorten gegenüber einer früheren Vielfalt stark verringert (GERDEMANN-KNÖRCK & TEGEDER 1997).

In der konventionellen Züchtung wird meist mit der Kreuzung verschiedener Linien und einer anschließenden Auslese gearbeitet. Dabei werden verschiedene, genetisch zum Teil sehr unterschiedliche Linien über eine längere Zeit weitergeführt, um diejenigen Linien mit den erwünschten Eigenschaften zu bonitieren. Auch verschiedene Linien mit unterschiedlicher genetischer Ausstattung können ausgewählt werden.

Die Grundlage der gentechnischen Linienentwicklung ist jeweils eine Linie mit einem Transgenkonstrukt. Damit kann langfristig eine weitere Konzentration auf wenige Sorten auf der Basis weniger Ausgangslinien und eines eingeschränkten ‚Gen-Pools‘ erfolgen (Sortenverengung).

Wenn sich die transgenen Linien im kommerziellen Anbau gegenüber den konventionellen Sorten durchsetzen oder zumindest einen hohen Marktanteil erreichen, kann eine weitere Verarmung der genetischen Vielfalt bei den Kulturpflanzen erfolgen. Auch die Züchtungsmöglichkeiten können dadurch langfristig eingeschränkt werden.

Eine Abnahme der genetischen Diversität in den Kulturpflanzenbeständen kann eine Vereinfachung der Anpassung von Konsumenten an die Kulturarten ermöglichen. Damit ginge möglicherweise ein erhöhtes Potential für Schäden in den Beständen einher.

Hypothese 7b: Mit dem Anbau transgener Pflanzen nimmt die Sortenverengung zu und die genetische Diversität bei Kulturarten ab.

Parameter zu H7b:

- Anbauflächen transgener Kulturpflanzen, differenziert nach den einzelnen Kulturpflanzen sowie Sorten und in Relation zu den jeweiligen konventionellen Sorten, Kulturpflanzen, zur gesamten landwirtschaftlichen Nutzfläche und zur Gesamtlandesfläche (VP)

Vergleichswerte könnten möglicherweise Daten aus phänologischen Gärten dienen), Blütenzahl, Samenproduktion [Anzahl, Zeitpunkt, Reife], Verhalten der normalerweise auf/an/mit den Pflanzen lebenden Arten wie Blütenbesuchern, ‚Fraßschädlinge‘ etc. sein. Es kann möglicherweise nicht ausreichen, diese Parameter nur in zeitlich eng begrenzten Untersuchungen der Begleitforschung zu betrachten. Da sich aufgrund wechselnder äußerer Bedingungen, wie Witterungsschwankungen und vor allem selten auftretenden Witterungsextremen manche Veränderungen nur unter besonderen Bedingungen und damit nur in manchen Jahren zeigen können.

Endbericht: Monitoring gentechnisch veränderter Pflanzen

- Anzahl angebauter Sorten einer Kulturart pro Raumeinheit (differenziert nach konventionellen und transgenen Sorten, innerhalb der transgenen Sorten differenziert nach transgenen Eigenschaften und nach eingebauten Genkonstrukten) (VP)
- genetische Diversität innerhalb aller transgenen Sorten einer Art (VP)

Effekte auf Landschaftsebene:

Der Anbau einiger gentechnisch veränderter Kulturpflanzen kann Effekte auf die Bestände anderer Pflanzen- und Tierarten haben (s. Kapitel 3 bis 6). Wirkungsketten zu Veränderungen in den Beständen verschiedener Arten wurden bereits näher betrachtet. Im Falle eines Rückgangs von Populationszahlen von Arten insbesondere der Kulturlandschaft nähme der Monotoniecharakter der Landschaft weiter zu, der Erholungswert der Kulturlandschaft dagegen ab.

8. HORIZONTALER GENTRANSFER

Unter horizontalem Gentransfer wird die Aufnahme artfremder DNA in einen Organismus verstanden. Für die Übertragung (transgener) DNA aus Pflanzen insbesondere auf Mikroorganismen kommt in erster Linie der Weg über Transformationsprozesse in Frage, das heißt, Mikroorganismen nehmen aus der Umgebung DNA auf. Bei der natürlichen Transformation wird freie DNA von kompetenten Bakterien in einzelsträngiger Form aufgenommen (SMALLA et al. 2000).

Damit pflanzliche Transgene erfolgreich auf Mikroorganismen übertragen werden, muss die pflanzliche DNA für Mikroorganismen verfügbar sein. Dazu muss die DNA über einen längeren Zeitraum außerhalb der Pflanzenzelle stabil und intakt bleiben, sie muss durch Mikroorganismen aufgenommen werden und schließlich ins Erbgut der Mikroorganismen integriert und dort exprimiert werden.

Verfügbarkeit von freier DNA für Mikroorganismen tritt durch pflanzliche Pathogene sowie durch die Freisetzung von DNA aus Pflanzengewebe im Boden oder in der Magen-Darm-Flüssigkeit von Mensch und Tier auf.

Bislang wird insbesondere die Rolle des horizontalen Gentransfers im Boden diskutiert.

Wenn Pflanzenmaterial (Absterben der Pflanze und einzelner Pflanzenteile, kontinuierliche Zellverluste beim Wurzelwachstum) verrottet, wird DNA aus den Zellen frei. Die freie DNA kann mehrere Monate aktiv bleiben (PAGET & SIMONET 1994, SMALLA 1995) und ist, insbesondere adsorbiert an Bodenbestandteile, stabiler als zum Teil angenommen (ECKELKAMP et al. 1997b, WACKERNAGEL & LORENZ 1994). Neben einigen anderen Faktoren beeinflusst vor allem die Zusammensetzung der Tonminerale im Boden, welche DNA-Mengen an Bodenpartikel adsorbieren und damit vor nukleolytischem Abbau durch bakterielle DNasen geschützt werden (SMALLA et al. 2000). So war zum Beispiel ein Antibiotikaresistenzgen aus transgenem Tabak noch ein Jahr nach dem Unterpflügen der Pflanzen im Boden vorhanden (PAGET & SIMONET 1994). SMALLA (1995) fand, dass die rekombinante DNA aus untergepflügten transgenen Zuckerrüben 18 Monate im Boden überdauern kann. Ein Versuch mit transgenem Mais zeigte, dass das *pat*-Gen (Glufosinat-Resistenz) noch nach sieben Monaten im Boden nachweisbar war. Wurde der transgene Mais kompostiert, konnte man die *pat*-DNA sogar 22 Monate nach Versuchsbeginn noch im Kompost finden (ERNST et al. 1996a, b). In neueren Kompostierungsversuchen war das rekombinante Gen (*pat*-Gen) aus transgenen, herbizidresistenten Maispflanzen jedoch nach acht Tagen der heißen Rottephase nicht mehr im Kompost nachweisbar (PETERS et al. 2000).

Die Forschungsergebnisse sind bezüglich der Kompostierung also sehr unterschiedlich. Bei Abbauprozessen im Boden kann jedoch auf keinen Fall immer von Bedingungen wie bei einer Kompostierung ausgegangen werden. Daher ist mit der Anwesenheit von Genkonstrukten aus gentechnisch veränderten Pflanzen im Boden zu rechnen.

Viele Mikroorganismen sind unter bestimmten Wachstumsbedingungen in der Lage, freie mikrobielle DNA auch in adsorbiertem Zustand zum Beispiel an Bodenpartikel aus der Umgebung aufzunehmen und stabil weiterzuvererben (ECKELKAMP et al. 1998, VOGEL & TAPPESER 2000). Nach SMALLA

et al. (2000) sind zur Zeit 40 Bakterienarten terrestrischer sowie aquatischer Habitate bekannt, die über Transformation DNA aufnehmen können.

In Pflanzen klonierte Gene sind im Gegensatz zu pflanzeigenen Genen häufig mit Regulationssequenzen kombiniert, die nicht nur in Pflanzen, sondern auch in Mikroorganismen funktionieren. Die rekombinanten Herbizidresistenzgene stammen im allgemeinen aus Mikroorganismen und entsprechen in ihrer Struktur oft mikrobiellen Genen. Daher könnten zumindest manche Transgene leichter aus Pflanzen auf Mikroorganismen übertragen werden als pflanzeigene Gene.

GEBHARD & SMALLA (1998) haben gezeigt, dass pflanzliche Transgene ins bakterielle Erbgut integriert werden können. Sie wiesen nach, dass Bakterien, die ein bestimmtes defektes Gen aufweisen, ein in Pflanzen eingefügtes homologes und intaktes Transgen durch Rekombination aufnehmen können. Entscheidend für die erfolgreiche Aufnahme war in diesem Fall, dass das defekte bakterielle Gen mit dem pflanzlichen Transgen homolog war. Da in anderen Untersuchungen, die mit Transgenen ohne Homologien arbeiteten, kein Gentransfer entdeckt werden konnte, wird vermutet, dass Transgene aus Kulturpflanzen nur mit sehr geringer Wahrscheinlichkeit auf Mikroorganismen übertragen werden. Allerdings ist zu berücksichtigen, dass häufig bakterielle Gene als Transgene in Pflanzen eingebracht werden und dass fast alle genutzten Vektoren über bakterielle Sequenzen verfügen. Bereits kurze, acht bis 20 Nukleotide lange homologe Abschnitte können bei manchen Bakterienarten ausreichen, damit Rekombination stattfindet (MATEOS et al. 1996, SHEN & HUANG 1986).

Auf der bislang vorhandenen Datenbasis, wird die Wahrscheinlichkeit eines horizontalen Transfers pflanzlicher Transgene auf Mikroorganismen in der Umwelt oft als gering eingeschätzt. Es ist jedoch zu betonen, dass diese Schlußfolgerung auf einer schmalen empirischen Basis erfolgt (NIELSEN et al. 1998). Die wenigen direkten Untersuchungen, die bisher zum horizontalen Gentransfer durchgeführt wurden, sind vermutlich nicht ausreichend, um eine adäquate Risikoabschätzung durchzuführen.

Im Rahmen eines Monitoring transgener Kulturpflanzen muss beobachtet werden, ob Genkonstrukte aus gentechnisch veränderten Pflanzen im Boden vorhanden sind. Um diese beobachten zu können, sollte eine qualitative Erfassung der in transgene Pflanzen eingebauten DNA-Sequenzen im Boden erfolgen. Um die Persistenz und den Abbau der Gensequenzen auch im jahreszeitlichen Verlauf zu beobachten, müssen entsprechende Erhebungsfrequenzen bestimmt werden.

Für die Beobachtung, ob horizontaler Gentransfer erfolgt, müssen Bodenmikroorganismen hinsichtlich der Integration und Expression der Transgene untersucht werden.

Hypothese 8a: Beim Anbau transgener Pflanzen gelangt das Transgen als freie DNA in den Boden.

Parameter zu H8a:

- Qualitative Erfassung der für gentechnisch veränderte Pflanzen genutzten DNA-Sequenzen im Boden im Jahresverlauf (sP) *

Hypothese 8b: Mikroorganismen nehmen über horizontalen Gentransfer rekombinante Gene auf und integrieren sie in ihr Genom.

Parameter zu H8b:

- Bodenmikroorganismen mit integrierten Transgenen, insbesondere auch Antibiotikaresistenzgenen (VP) *

Hypothese 8c: Über horizontalen Gentransfer in Mikroorganismen aufgenommene Gene werden von diesen nicht nur in ihr Erbgut integriert, sondern auch exprimiert.

Parameter zu H8c:

- Bodenmikroorganismen mit exprimierten Transgenen, insbesondere Antibiotikaresistenzgene (VP) *

In Diskussionen zum horizontalen Gentransfer pflanzlicher Transgene auf Mikroorganismen erhalten Antibiotikaresistenzgene eine besondere Aufmerksamkeit, da mit der Übertragung von diesen Genen gesundheitliche Risiken verbunden sein können: Die Antibiotikaresistenzgene könnten über horizontalen Gentransfer auf Bakterien übergehen und damit die Resistenzeigenschaften von pathogenen Keimen verstärken. Wie groß das Gesundheitsrisiko ist, wird kontrovers diskutiert (VOGEL & TAPPESER 2000).

In Böden kann der Transfer von Antibiotikaresistenzgenen zu unerwünschten Wirkungen führen. Da Böden natürlicherweise antibiotikaproduzierende Mikroorganismen enthalten, könnten durch horizontalen Gentransfer zum Beispiel ampicillinresistente Mikroorganismen einen Selektionsvorteil haben. Über antibiotikaproduzierende Mikroorganismen im Boden hinaus sind Abwässer und Gülle oft mit Antibiotika belastet (FRANKFURTER RUNDSCHAU 31.10.2000). All diese Faktoren (Selektionsdruck) könnten eine Verschiebung der Mikroorganismenpopulationen sowie Verschiebungen in den weiteren Nahrungsketten und eine Veränderung der Bodenfruchtbarkeit zur Folge haben.

Bisher gibt es für die Übertragung von Antibiotikaresistenzgenen auf Mikroorganismen im Freiland jedoch noch keine Nachweise. Unter Selektionsbedingungen wurde allerdings noch nicht geforscht. Für einen Nachweis der potentiell möglichen Verschiebungen bei der Bodenflora und -fauna wären umfangreiche Kartierungen und Erhebungen notwendig. Da jedoch bislang nur 1% der Bodenmikroorganismen charakterisiert sind (TORSVIK et al. 1990), lassen sich Populationschwankungen zur Zeit nur schwer feststellen.

Hypothese 8d: Das Auftreten von pestizid- oder antibiotikaresistenten Bakterien aufgrund von horizontalem Gentransfer führt aufgrund einer veränderten Konkurrenzsituation und geänderten Selektionsbedingungen zu Verschiebungen in Mikroorganismengemeinschaften im Boden.

Parameter zu H8d:

- Bestände der Bodenmikroorganismen (quantitativ und qualitativ) (?) (VP)

Hypothesenkomplex 8e: Effekte auf die Mikroorganismen haben Folgen für Bodeneigenschaften und das Bodenleben.

Parameter zu H8e:

- Nährstoffumsatz auf Anbauflächen mit transgenen Pflanzen im Vergleich zu Anbauflächen mit den nicht-transgenen Ausgangslinien (VP)
- allgemeine Bodenparameter, insbesondere zur Bodenchemie und zur physikalischen Beschaffenheit des Bodens (aus BDF) (VP)
- Bestand der Bodenflora und –mesofauna im Vergleich zu konventionellen Anbauflächen (?) (VP)
- Bestand Bodenprädatoren im Vergleich zu konventionellen Anbauflächen (?) (VP)

Nicht nur im Boden kann horizontaler Gentransfer stattfinden. Aus Pflanzenteilen wie Blättern oder Pollen, die von Herbivoren aufgenommen werden, können vollständige DNA-Sequenzen in den Verdauungstrakt von Organismen gelangen. Da dort die DNA nicht, wie zunächst angenommen, sofort abgebaut wird, kann im Verdauungstrakt von Organismen ein Transfer der DNA in Bakterien und Pilze vorkommen. Sowohl in der Mundhöhle als auch im Magen-Darm-Trakt von Mensch und Tier findet sich eine Vielzahl von Bakterien, die freilebende oder freie DNA aufnehmen können (MERCER et al. 1999, ECKELKAMP et al. 1997a).

Durch den Anbau von gentechnisch veränderten Kulturpflanzen können die eingebauten Genkonstrukte aus Pollen über Pollenfraß beispielsweise in den Darm von Bienen gelangen. Bakterien im Bienen Darm können durch horizontalen Gentransfer Gene aus dem Pollen der gentechnisch veränderten Kulturpflanzen in ihr Genom aufnehmen. Für das *pat*-Gen (Glufosinat-Resistenz) liegen seit dem Jahr 2000 Hinweise vor, dass genau dieser horizontaler Gentransfer stattfindet (bislang unveröffentlichte Studie, SÜDDEUTSCHE ZEITUNG 25. Mai 2000).

Herbivore und insbesondere Nutztiere, die beispielsweise mit Mais gefüttert werden, nehmen Phytomasse in größeren Mengen zu sich. Auch hier ist ein Gentransfer im Verdauungsapparat der Tiere auf Bakterien möglich. Bakterien, die auf diesem Weg die Eigenschaft einer Herbizid- oder Antibiotikaresistenz (Gene für diese Resistenzen werden oft als Markergene in den eingebauten Genkonstrukten verwendet) erwerben, können im Magen-Darm-Bereich ihrer Wirtsorganismen bei Kontakt mit Herbiziden oder Antibiotika einen Selektionsvorteil haben. Eine Veränderung der Darmflora von Organismen kann die Folge sein. Dies kann wiederum vielfältige physiologische Effekte auf die betroffenen Organismen und über Nahrungsketten und Ausscheidungsprodukte auch auf ihre Umwelt haben. Zu solchen unerwarteten und bislang nicht näher konkretisierbaren Effekten können derzeit keine Untersuchungsparameter vorgeschlagen werden.

Auch bei Bt-176-Mais spielt vor allem der horizontale Gentransfer des Ampicillin-Resistenzgens eine Rolle. Das β -Lactamasegen (bla) ist bakteriellen Ursprungs (*Salmonella paratyphi*) und wird durch einen bakteriellen Promotor gesteuert (ANTRAG 1994). Die Wahrscheinlichkeit der Integration und Expression in Bakterien ist dadurch erhöht.

β -Lactamase inaktiviert alle β -Lactam-Penicilline. Diese Antibiotika werden häufig bei Mensch und Tier gegen Infektionskrankheiten eingesetzt (KLÖPFER et al. 1999, HAPKE 1991). Gelangt das Ampicillinresistenzgen über horizontalen Gentransfer in Mikroorganismen und wird dort exprimiert, so werden β -Lactam-Antibiotika gegen diese Organismen unwirksam. Die medizinischen Folgen und auch die Folgen in der Nutztierhaltung sind nicht abzuschätzen (BAIER & TAPPESER 1999).

Die gesundheitlichen Aspekte, wie das Auftreten neuartiger oder verstärkter Resistenzen gegenüber Antibiotika bei Mensch und Tier stellen jedoch keine Aspekte eines Monitorings ökologischer Effekte dar und sollen daher in diesem Kontext nicht weiter verfolgt werden.

Hypothesenkomplex 8f: Im Verdauungsapparat von Herbivoren und Bestäubern nehmen Mikroorganismen über horizontalen Gentransfer Transgene aus transgenen Kulturpflanzen auf, integrieren sie in ihr Erbgut und exprimieren sie.

Parameter zu H8f:

- Nachweis von Transgenkonstrukten oder von Teilen der Konstrukte in Bakterien des Verdauungstraktes von Herbivoren oder Bestäubern (sP) *
- Bakterien mit exprimierten Genkonstrukten aus transgenen Pflanzen im Verdauungstraktes von Herbivoren oder Bestäubern (VP) *

Hilfsparameter:

- Nachweis der Transgenkonstrukte (qualitativ und quantitativ) in Futter- und Nahrungsmitteln wie z. B. Honig
- Nachweis der Transgenkonstrukte im Kot von Wildtieren

Hypothese 8g: Das Auftreten von pestizid- oder antibiotikaresistenten Bakterien aufgrund von horizontalem Gentransfer führt aufgrund einer veränderten Konkurrenzsituation und geänderten Selektionsbedingungen zu Verschiebungen in Mikroorganismengemeinschaften im Verdauungsapparat von herbivoren Organismen.

9. EFFEKTE AUF DIE LANDWIRTSCHAFTLICHE PRAXIS

Im Zuge des Anbaus gentechnisch veränderter Pflanzen ist mit Effekten auf die landwirtschaftliche Praxis zu rechnen.

Hinweise zu solchen Effekten ergaben sich an vielen Stellen der Recherche zu einem Monitoring gentechnisch veränderter Pflanzen und sollen hier im Überblick genannt werden. Allerdings ist zu beachten, dass es sich bei den im Folgenden beschriebenen Effekten und Parametern nicht um Bestandteile eines Monitorings zu ökologischen Effekten handeln kann. Hier ist vielmehr eine Schnittstelle zur agrarökonomischen Überwachung und Effizienzkontrolle zu sehen.

Aber auch in erster Linie agronomische Aspekte können zum Teil wiederum Effekte in den Naturhaushalt hinein auslösen. So können veränderte Ertragszahlen und damit zum Teil verändertes Aufwuchsverhalten (auch andere Pflanzenhöhe, -dichte etc.) Rückwirkungen auf das gesamte Ökosystem (andere Organismen, chemische und physikalische Größen, Nährstoffgehalte etc.) haben.

Viele hier vorgeschlagene Parameter können auch als ‚Hilfsparameter‘ für das Monitoring zweckdienliche Hintergrundinformationen darstellen.

Sehr oft fällt bei der Betrachtung der ökologischen Wirkungsketten als möglicher agronomischer Nebeneffekt eine Wirkung auf den Ertrag der Kulturpflanzen auf. Insbesondere aufgrund möglicher Effekte auf die Biodiversität sind über Veränderungen in Beständen oder Verhalten von Zoo- und Phytophagen vielfache Wechselwirkungen mit der Ertragsleistung der Kulturpflanzen möglich.

Auf die Ertragsleistung in Felder mit herbizidresistentem Raps sowie in anderen Kulturen bei und nach Anbau herbizidresistenten Rapses können sich insbesondere herbizidresistenter Durchwuchsrap und herbizidresistente Raps-Brassicaceen-Hybride auswirken. Nähere Angaben finden sich im Kapitel 3.1.1.1.

Einerseits können daraus Entschädigungsforderungen der Landwirte, die keinen breitbandherbizidresistenten Raps angebaut haben, ergeben. Andererseits, und um auch eine Durchwuchs- und Auskreuzungsproblematik möglichst zu beschränken, kann ein gezieltes Anbaumanagement mit Abstandsregelungen und einer Auskunftspflicht zum Sortenanbau notwendig werden. Das bedeutet einen Eingriff in die Entscheidungsfreiheit der Landwirte und macht einen hohen organisatorischen und finanziellen Aufwand notwendig.

Parameter zu diesem Themenkomplex wären:

- Ertragseinbußen durch HR-Brassicaceen in Kulturflächen / volkswirtschaftliche Schäden
- Entschädigungskosten für nicht bekämpfbaren Durchwuchs
- Kosten eines Anbaumanagements
- Realisierbarkeit und Realisierung/Umsetzungsgrad des Anbaumanagements

Eine Resistenzbildung bei den Zielorganismen des Bt-Mais ist ein möglicher unerwünschter Effekt beim Anbau von Bt-Mais:

Seit den 40er Jahren des 20. Jahrhunderts machen Resistenzentwicklungen bei „Schädlingen“ Probleme. Seither ist die Anzahl resistenter Insekten exponentiell gestiegen. Waren in den 40er Jahren nur 7 resistente Arten bekannt, so waren es in den 80ern schon 414 Arten und in den 90er Jahren 504. Die Dauer bis zur Entwicklung einer Resistenz ist mit der Anzahl der Generationen pro Jahr korreliert (SCHÜTTE & RIEDE 1998).

Etwa 40% der eingesetzten Pestizide sind Insektizide, die meisten davon werden weltweit gegen Lepidopteren eingesetzt (SCHÜTTE & RIEDE 1998).

Es gibt Toxin- und Sporenpräparate von *Bacillus thuringiensis*, die im Biolandbau schon seit Jahrzehnten eingesetzt werden. Diese Toxine sind UV-empfindlich und werden auf der Oberfläche der Pflanzen und des Bodens schnell zerstört. Resistenzen bei Insekten sind daher bislang nur in Einzelfällen aufgetreten.

Wenn Bt-Mais-Sorten auf dem Markt sind, werden diese voraussichtlich, wie die Erfahrungen aus den USA zeigen (anders als bislang die konventionellen Maiszünsler-Gegenmaßnahmen, die nur im Bedarfs-/Befallsfall Anwendung finden), vorsorglich angebaut, um einem möglichen Befall vorzubeugen. Beim Bt-Mais-Anbau wird damit prophylaktisch kontinuierlich das (zurechtgeschnittene, aktive) Bt-Toxin produziert und die Umwelt somit kontinuierlich mit dem Toxin konfrontiert. Dies kann auch über mehrere Jahre am gleichen Standort geschehen, da Mais selbstverträglich ist, also mehrere Jahre nacheinander auf dem gleichen Standort angebaut werden kann. Durch Bt-Pflanzen werden daher die Zielorganismen dem Giftstoff deutlich stärker ausgesetzt als durch *B. thuringiensis* Sporenpräparate. Ferner werden die Zielorganismen, wie oben erwähnt, nur einem kleinen Spektrum der an sich verfügbaren diversen B.t.-Gifte ausgesetzt (MELLON & RISSLER 1998).

Dem gegenüber steht der Maiszünsler, der sich durch eine hohe Anpassungsfähigkeit auszeichnet. Durch die permanente Expression des Gifts, den damit verbundenen hohen Selektionsdruck und durch die hohe Anpassungsfähigkeit des Maiszünslers sind für die Schadinsekten die Bedingungen gut, gegen die wenigen angebotenen Bt-Toxine in Bt-Pflanzen Resistenzen zu entwickeln.

Allerdings scheinen die Resistenzentwicklungen unterschiedlich wahrscheinlich und rasch zu verlaufen (KLÖPFFER et al. 1999).

Für den Maiszünsler wird bis zur Resistenzbildung ein Zeitraum von 2 Jahren ohne Resistenzmanagement und 10 Jahren mit Resistenzmanagement angenommen (KLÖPFFER et al. 1999). Mathematische Modelle gehen für Bt-Resistenzentwicklungen von 4-30 Jahren aus (TRAXLER et al. 2000). Zum Teil wird in der Resistenzentwicklung kein ökologisches Problem gesehen, da weiterhin chemische Insektizide zur Verfügung stünden. Diese Auffassung erscheint jedoch kontraproduktiv, da der Insektizideinsatz durch die gentechnische Veränderung eingeschränkt werden soll.

In den USA erwiesen sich 1996 die ersten kommerziell angebauten Bt-Baumwollpflanzen wider Erwarten auf einem Teil der Anbaufläche als nicht ausreichend resistent gegen einen der Baumwoll-

schädigenden Insekten. Es mussten zusätzliche Insektizide gespritzt werden und dennoch kam es zu Ernteverlusten. Solche Situationen einer unvollständigen Wirkung beschleunigen die Resistenzentwicklung bei den Schadinsekten (MACILWAIN 1996).

Bereits 1997 wurde der Environmental Protection Agency der USA von einer Koalition von Konsumenten, Umweltschützern und Biobauern vorsorglich für den Fall, dass gentechnisch veränderte Nutzpflanzen eine Resistenz der Zielorganismen provozieren, eine Klage angedroht (SCHWEIZERISCHE RÜCKVERSICHERUNGS-GESELLSCHAFT 1998).

Parameter zu diesem Szenario:

- Auftreten resistenter Zielorganismen
- agronomische Schäden im konventionellen Landbau aufgrund der Bt-Resistenz von Zielorganismen
- agronomische Schäden im Anbau transgener Bt-Sorten aufgrund der Bt-Resistenz von Zielorganismen
- agronomische Schäden im ökologischen Landbau aufgrund der Bt-Resistenz von Zielorganismen

Um eine Resistenzbildung zu verzögern oder gar zu vermeiden, gibt es etliche, zum Teil widersprüchliche Vorschläge zum „Resistenzmanagement“, jedoch bislang kein allgemein anerkanntes Konzept. Ein solches würde sehr detaillierte Anbauvorschriften für die Landwirte bedeuten.

In den USA ist der Anbau von Bt-Mais und Bt-Baumwolle bereits mit Resistenzmanagementauflagen verbunden, um das Risiko der Resistenzbildung zu verzögern (KOECHLIN 1999, KLÖPFFER et al. 1999). Nach der Refugienstrategie sollen um jedes Bt-Maisfeld Bt-freie Ausweichgebiete liegen. In diesen sollen Maiszünsler ohne Resistenz überleben. In den transgenen Maispflanzen soll eine hohe Toxinkonzentration vorhanden sein, damit auch noch Maiszünsler mit einem bereits in gewissem Umfang vorhandenen Resistenzniveau abgetötet werden. Die Maiszünsler aus den Refugien sind potentielle Fortpflanzungspartner für die Zünsler mit heterozygot rezessivem Resistenzallel. Eine Durchmischung des Erbguts würde die Wahrscheinlichkeit für Homozygote (Resistente) herabsetzen. Die Refugien müssen hierfür allerdings groß genug und geeignet strukturiert sein. Bt-haltige und Bt-freie Felder müssen nah beieinander liegen, damit eine Paarung der Maiszünsler aus den Bt-haltigen und Bt-freien Feldern stattfinden kann.

Es existieren jedoch auch Hinweise darauf, dass Maiszünsler die Resistenz dominant weitervererben können (HUANG et al. 1999). Damit wären die Refugienstrategie und auch andere Managementpläne hinfällig, da diese von einer rezessiven Vererbung ausgehen (KOECHLIN 1999). Zudem gibt es zumindest für *Pectinophora gossypiella*, einen Baumwoll-Phytophagen, Hinweise, dass Bt-resistente Organismen eine längere Entwicklungszeit bis zur Geschlechtsreife benötigen (LIU et al. 1999). Falls dies beim Maiszünsler auch der Fall ist, wären die Maiszünsler aus den Refugien keine potentiellen Fortpflanzungspartner für die resistenten Maiszünsler. Wenn sich die Entwicklungsphänologie der resistenten und nicht-resistenten Maiszünsler unterscheiden sollte, fände keine zufällige Paarung zwischen den beiden Gruppen statt und es träten schnell homozygot resistente

„Schädlinge“ auf. Auch die Ergebnisse von BOURGUET et al. (2000) weisen darauf hin, dass für ein Resistenzmanagement zunächst geklärt sein muss, ob ein ausreichender Austausch des genetischen Materials zwischen resistenten und nicht resistenten Maiszünlern erfolgt. Die Autoren stellten fest, dass Maiszünlern, die auf Hopfen (*Humulus lupulus*) und Beifuß (*Artemisia* sp.) als Wirtspflanzen gesammelt wurden aufgrund ihrer genetischen Ausstattung als eine Population zu betrachten waren, während im gleichen Gebiet auf Mais vorkommende Maiszünlern sich in ihrem genetischen Material von den Zünlern auf Hopfen und Beifuß unterschieden. Hier scheint also eine zumindest nur begrenzte Vermischung zu erfolgen. Somit kann auch für ein Resistenzmanagement eine Durchmischung des Genpools der Maiszünlern nicht automatisch angenommen werden.

In der EU-Kommission liegen Überlegungen zu der Maiszünlern-Bt-Resistenz-Thematik vor (http://europa.eu.int/comm/food/fs/sc/scp/out35_en.html).

Wenn staatliche Regelung für den Anbau und ein Anbaumanagement zum Beispiel in Form von Bt-freien Randstreifen getroffen würden, bedeutete dies einen hohen organisatorischen und finanziellen Aufwand.

Es bliebe abzuwarten, ob sich der Anbau von Bt-Mais wirtschaftlich lohnt, wenn für das Resistenzmanagement Bt-freie Rückzugsbereiche für den Maiszünlern geschaffen werden müssen, da entsprechende „Ackerrandstreifen“ voraussichtlich geringere Erträge bringen. Nach aktuellen Erhebungen werden in den USA die Auflagen zum Resistenzmanagement nicht vollständig eingehalten (NEW SCIENTIST, 05.02.2001), was die Erfolgchancen einer solchen Maßnahme verstärkt in Frage stellt.

Parameter:

- Kosten des Anbaumanagements
- Ertragseinbußen durch das Anbaumanagement
- Akzeptanz des Anbaumanagements
- Umsetzungsgrad des Anbaumanagements
- Erfolg des Anbaumanagements

Beim Einsatz herbizidresistenter Kulturpflanzen und der komplementären Breitbandherbizide wäre eine Resistenzbildung bei der Wildflora ein unerwünschtes Szenario.

Auch auf konventionellem Weg, also durch Mutationen entwickeln Pflanzen Resistenzen. Bei wiederholter Anwendung eines Spritzmittels (mehrfach im Jahr und/oder über mehrere Jahre) besteht die Möglichkeit, dass sich solche Pflanzen, in denen sich eine Resistenz gegen das Herbizid entwickelt hat, schnell ausbreiten, da sie einen Selektionsvorteil haben.

Für Glyphosat und Glufosinat wird die Gefahr der Resistenzbildung allerdings von BÖGER (1994) als gering eingeschätzt. Dennoch wurde 1996 zum ersten Mal eine Resistenz gegen Glyphosat bei *Lolium rigidum* (vielfach herbizidresistent) entdeckt (SCHÜTTE 1998b).

Erhöht wird das Risiko der Resistenzbildung durch die häufige Anwendung desselben Herbizids in der Fruchtfolge (SCHÜTTE 1998b). Dies ist dann möglich, wenn alle Kulturpflanzen in einer Fruchtfolge dieselbe eine Resistenz gegen das gleiche Herbizid aufweisen. Die Entwicklung von

herbizidresistenten Pflanzen konzentriert sich auf die Resistenz gegen einige wenige Herbizide. Das lässt die Steigerung des Einsatzes einiger weniger Komplementärherbizide erwarten. Damit wird es wahrscheinlich, dass sich spätestens bei einem großmaßstäblichen Anbau von herbizidresistenten Kulturpflanzen oder bei Fruchtfolgen mit mehreren Feldfrüchten mit Resistenz gegen das gleiche Herbizid (und somit immer wieder Behandlung mit dem selben Herbizid), herbizidresistente Wildkräuter verbreiten (gesteigerter Selektionsdruck durch Konzentration auf wenige Spritzmittel/Wirkstoffe) (VAN DEN DAELE et al. 1996). Es ist möglich, dass mit der Breitbandherbizidtechnik die bisherige Resistenzproblematik bei Herbiziden weit übertroffen wird.

In Fruchtfolgekulturen mit Mais und Zuckerrüben sind mindestens 33 Arten der Wildkräuter identisch mit denen in Rapsfeldern (WICKE, pers. Mitteilung, Oktober 2000). Bei ausschließlicher Verwendung nur eines Herbizids wird auf diese Arten ein hoher Selektionsdruck ausgeübt.

Wenn erst resistente Beikräuter entstanden sind, haben sie in den HR-Rapsfeldern mit ansonsten vermindertem Beikräuterbesatz aufgrund des Totalherbizideinsatzes einen Konkurrenzvorteil.

Somit kann auch die vielfach von den Anbietern herbizidresistenter Sorten versprochene Reduktion in den Aufwandmengen, die möglicherweise (s. auch Kap. 3.2.2.4) zunächst erzielt wird, ein sehr vorübergehendes Phänomen sein. Durch eine Resistenzentwicklung der Beikräuter würde die Applikation weiterer Herbizide notwendig.

Parameter zu diesem Szenario:

- Auftreten von Glyphosat- oder Glufosinatresistenz bei Beikräutern (* falls nur auf HR-Kulturpflanzenfeldern Breitbandherbizide zum Einsatz kommen sollten, ist ein direkter Rückschluss auf HR-Kulturen als Ursache erlaubt)

Hilfsparameter:

- Applikationszeitpunkte
- Applikationsmenge/definierter Fläche
- verwendetes Herbizid

Eine Modellrechnung zur Konzentration auf wenige Breitbandherbizide wird von PETERSEN & HURLE (1998) beschrieben. Wenn von einem Glyphosateinsatz auf nur 50% der Mais- Raps- und Zuckerrübenanbaufläche infolge des Anbaus glyphosatresistenter Sorten ausgegangen wird, könnte die jährlich verwendete Menge von Roundup auf 6.516 t ansteigen, was circa 16% der gesamten in Deutschland eingesetzten Herbizidmenge entspräche, zuzüglich der Mengen an Glyphosat, die in den nichtselektiven Einsatzbereichen aufgewandt wird. Letztendlich halten es PETERSEN & HURLE (1998) für möglich, dass in wenigen Jahren 20 bis 30% der gesamten ausgebrachten Herbizidmenge auf nur einen Wirkstoff entfallen.

Durch Glufosinat werden bereits jetzt nicht alle Beikräuter vernichtet. Bekannt ist, dass *Galium aparine*, *Equisetum* spp., *Viola arvensis*, *Polygonum convolvulus*, *Bromus* spp., *Elymus repens* sowie selbstverständlich glufosinatresistente Kulturpflanzen aus Ausfallsaatgut durch Glufosinat nicht

gut bekämpft werden können (HURLE 1994, SCHÜTTE et al. 1998). HOMMEL & PALLUTT (2000) fanden in glufosinatreisistenten Rapskulturen vor allem *Viola arvensis* und *Chenopodium album*, sowie nicht ganz so häufig *Capsella bursa-pastoris*, *Stellaria media*, *Lamium spp.*, *Myosotis arvensis*, *Polygonum spp.* und *Apera spica-venti*.

Amaranthus retroflexus kann vor allem im Zuckerrübenbau ein Problem darstellen, in Fruchtfolge kann der Rauhaarige Fuchsschwanz aber auch im Raps auftreten (HURLE 1994). Beim Spritzen mit Glufosinat haben diese Kräuter einen Konkurrenzvorteil und können sich weiter ausbreiten. Bei häufiger Anwendung des Herbizids ist mit einem Wandel in der Wildkrautflora hin zu solchen Arten zu rechnen, die schlecht von dem Herbizid erfasst werden.

Die Unsensibilität einiger Kräuter gegenüber Breitbandherbiziden ist nicht zwingend eine Reaktion auf den Herbizideinsatz, wird hier aber dennoch in die Ursache-Wirkungsketten gestellt, da das veränderte Konkurrenzgefüge durchaus auf den Spritzmitteleinsatz zurückzuführen ist.

Aufgrund möglicherweise geänderten Konkurrenzbedingungen speziell in herbizidresistenten Rapskulturen können sich auch neue technische Probleme bei der Ernte ergeben, falls sich breitbandherbizidunsensible Arten wie das Kleblabkraut (*Galium aparine*) verstärkt in den Anbauflächen ausbreiten.

Aus den USA wurden bereits Beikrautverschiebungen in herbizidresistenten Kulturen von Wissenschaftlern der Universität Tennessee beschrieben: Bei BXN-Baumwolle, bei der Butricil genutzt wird, zeigten sich Verschiebungen, bei denen bevorzugt Erdmandelgras, *Cassia obtusifolia*, Fuchsschwanz und besonders Palmer Amaranth auftraten. Bei diesen Gräsern wird häufig eine Mischung verschiedener Herbizide oder andere Alternativen notwendig, um sie zu kontrollieren. Bei Roundup Ready Baumwolle traten infolge der Beikrautverschiebung hauptsächlich Gelappte Karde, Nachtkerzengewächse, Dürrwurz und Knöterich auf. Des weiteren konnten sich verstärkt Wolfsmilchgewächse, stachelige Sida, Hanf, mexikanischer Klee, Windengewächse, Hühnerhirse, Passionsblume und Bermudagrass durchsetzen (The Globe and Mail, 12.06.2000, zitiert in GENET 2-Plants, 21.06.2000).

Neben möglichen wirtschaftlichen Konsequenzen aufgrund einer möglicherweise geänderten Beikrautproblematik und Veränderungen in der Bekämpfbarkeit von Beikräutern können aus dieser Situation auch ökologische Konsequenzen erwachsen. Durch eine Verschiebung der Beikrautflora ändert sich das gesamte ökologische Gefüge der Ackerbiozöten. Die Aspekte des Lebensraumverlustes von Arten der Fauna, die von potentiell im Bestand rückläufigen Pflanzen abhängen, wurde bereits beschrieben (s. Kap. 3.2.1). Aber auch durch eine verbesserte Konkurrenzsituation einiger Pflanzen ergeben sich Konsequenzen für das gesamte Artengefüge. Faunenelemente, die zum Beispiel an *Galium aparine*, *Equisetum spp.*, *Viola arvensis*, *Polygonum convolvulus*, *Bromus spp.* oder *Elymus repens* vorkommen, können im Bestand zunehmen. Insgesamt können sich also die bisher üblichen Artengefüge auf Äckern verschieben.

Als Parameter können beobachtet werden:

- Bestand *Galium aparine*, *Equisetum* spp., *Viola arvensis*, *Polygonum convolvulus*, *Bromus* spp., *Elymus repens* in HR-Rapsfelder und konventionellen Feldern mit und ohne Herbizideinsatz

10. EFFEKTE AUF FLÄCHEN, DIE BEREITS GANZJÄHRIG MIT BREITBANDHERBIZIDEN BEHANDELT WERDEN

Auf den Gleiskörpern der Bahn stellt Raps ein unerwünschtes und zum Teil auch den Bahnbetrieb störendes Wildkraut dar. Viele weitere Wildkräuter, die im Bahnbereich bekämpft werden (müssen), sind Brassicaceen. Zur Zeit arbeitet die Deutsche Bahn zur Bekämpfung von Wildkräutern im Gleisbereich insbesondere mit Glyphosat (SMOLKA & WEBER 2000). Alternative Verfahren kommen nach Angaben auf der UIC-Konferenz der europäischen Bahnen zur Vegetationskontrolle nur auf weniger als einem Prozent der Bahnstrecken in Europa zu Einsatz (ÖKO-INSTITUT 1999).

Falls im Zuge des Anbaus transgenen glyphosatresistenten Rapses auch herbizidresistenter Raps oder andere herbizidresistente Kreuzblütler außerhalb der Felder auftreten, sind solche und insbesondere mehrfach-herbizidresistente Raps- oder Hybridpflanzen mit Glyphosat nicht zu bekämpfen. Für die Bahn kann somit die Notwendigkeit der Wildkrautbekämpfung auf den Gleiskörpern eine neue Schwierigkeit darstellen, um Probleme im reibungslosen Bahnbetrieb durch schwer bekämpfbaren HR-Raps oder HR-Brassicaceen zu verhindern.

Aus ökologischer Sicht unerwünscht wäre, wenn erneut extreme Herbizide eingesetzt würden, die derzeit verboten sind (z. B. Diuron: tötet die Wurzeln aller Pflanzen ab, grundwasserbelastend). Gegebenenfalls müssten die Folgen des Einsatzes der Herbizide, die gegen glyphosatresistente Brassicaceen angewandt werden, auch in die ökologischen Betrachtungen einbezogen werden.

Parameter zu diesem Themenkomplex sind:

- Spritzerfolg von Glyphosat auf dem Bahndamm: Auftreten resistenter Brassicaceen
- Menge und Art der verwendeten Herbizide im Bahnbereich (Hilfsparameter)

11. LITERATUR

- AAZIZ, R. & TEPFER, M. (1999): Recombination in RNA viruses and in virus-resistant transgenic plants. *Journal of General Virology* 80: 1339 – 1346.
- ADOLPHI, K. (1995): Neophytische Kultur- und Anbaupflanzen als Kulturflüchtlinge des Rheinlandes. NARDUS Band 2, Martina Galunder-Verlag, Wiehl.
- AGREVO (1996): Antrag auf Inverkehrbringen von Glufosinate tolerantem, gentechnisch verändertem Raps (*Brassica napus*).
- AHMAD, I. & MALLOCH, D. (1995): Interaction of soil microflora with the bioherbicide phosphinothricin. *Agriculture, Ecosystems and Environment* 54: 165 – 174.
- AMMANN, K., JACOT, Y. & RUFENER AL MAZYAD, P. (2000): Weediness in the light of new transgenic crops and their potential hybrids. *Z. PflKrankh. PflSchutz Sonderh. XVII*: 19 – 29.
- ANDERSON, E. J., STARK, D. M., NELSON, R. S., POWEL, P. A., TUMER, T. E. & BEACHY, R. N. (1989): Transgenic plants that express the coat protein genes of tobacco mosaic virus or alfalfa mosaic virus interfere with disease development of some non-related viruses. *Phytopathology* 79: 1284 – 1290.
- ANDOW, D. & HUTCHINSON, W. (1998): Bt-corn resistance management. In: Now or Never. Serious new plans to save a natural pest control. MELLON, M. & RISSLER, J. (Hrsg.) Union of Concerned Scientists Cambridge, Massachusetts, p. 19-66
- ANTRAG (1994): Application for placing on the market a genetically modified plant (maize protecting itself against corn borers), submitted by Ciba-Geigy Limited, Schweiz.
- ATTIA, B. M. (1985): Ökologische Beziehungen zwischen Maisblattläusen, polyphagen Prädatoren und dem Maiszünsler *Ostrinia nubilalis* Hbn.. Dissertation Universität Hohenheim.
- AUERSWALD, K. (1996): Probleme der Bodenerosion – Auswirkungen des Anbaus von Kulturpflanzen mit gentechnisch erzeugter Herbizidresistenz auf das Ausmaß der Bodenerosion und der Pestizidabschwemmung. In: VAN DEN DAELE, W. PÜHLER, A., SUKOPP, H. (Hrsg.) (1996): Grüne Gentechnik im Widerstreit. VCH-Verlag, Weinheim 147-152.
- BAIER, A. & TAPPESER, B. (1999): Therapeutische Relevanz von Antibiotika in Zusammenhang mit der Nutzung von Antibiotikaresistenzgenen in transgenen Pflanzen. unveröffentlichtes Kurzgutachten im Auftrag des Bundesgesundheitsministeriums, Freiburg.
- BARR, K. J. & ASHER, M. J. C. (1992): The host range of *Polymyxa betae* in Britain. *Plant Pathology* 41: 64 – 68.
- BARR, K. J., ASHER, M. J. C. & LEWIS, B. G. (1995): Resistance to *Polymyxa betae* in wild Beta species. *Plant Pathology* 44: 301 – 307.

- BARTSCH, D. (1996): Welche unerwünschten Folgen für die Umwelt können durch gentechnisch veränderte Zuckerrüben hervorgerufen werden? In: BARTSCH, D. & HAAG, C. (Red.): Langzeitmonitoring von Umwelteffekten transgener Organismen. UBA-Texte 58/96, Umweltbundesamt, Berlin, S. 99 – 107.
- BARTSCH, D. (1997): Ecological impact of transgenic virus-resistance on crop, weed, and wild plant populations (due to potential alterations of plant invasiveness). In: TEPFER, M. & BALÁZS, E. (eds.): Virus-resistant transgenic plants: potential ecological impacts. Springer, Berlin, p. 107 – 113.
- BARTSCH, D. (2000): Ökologische Risiken bei Freisetzung transgener Pflanzen. www.rwth-aachen.de/bio5/Ww/AG-Bart.html
- BARTSCH, D., EMONDS, A., HAAG, C., MORAK, C., POHL-ORF, M. & SCHMIDT, M. (1995): Autecological biosafety research on transgenic sugar beet: seed emergence and competitiveness in the vegetation period 1994. Verhandlungen der Gesellschaft für Ökologie 24: 635 – 640.
- BARTSCH, D. & HÜCKING, C. (1995): Future aspects of ecological biosafety research. In: LANDSMANN, J. & CASPER, R. (eds.): Key Biosafety Aspects of Genetically Modified Organisms. Mitteilungen aus der Biologischen Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft 309: 71 – 79.
- BARTSCH, D. & POHL-ORF, M. (1996): Ecological aspects of transgenic sugar beet: Transfer and expression of herbicide resistance in hybrids with wild beets. Euphytica 91(1): 55 – 58.
- BARTSCH, D., SCHMIDT, M., POHL-ORF, M., HAAG, C. & SCHUPHAN, I. (1996a): Competitiveness of transgenic sugar beet resistant to beet necrotic yellow vein virus and potential impact on wild beet populations. Molecular Ecology 5: 199 – 205.
- BARTSCH, D., EMONDS, A., GLUTH, H., HAAG, C., MORAK, C., POHL-ORF, M. & SCHMIDT, M. (1996b): How will transgenic sugar beets behave in natural plant communities? In: SCHMIDT, E. R. & HANKELN, T. (eds.): Transgenic organisms and biosafety. Springer, Berlin, p. 319 – 329.
- BARTSCH, D. & SCHMIDT, M. (1997): Influence of sugar beet breeding on populations of *Beta vulgaris* ssp. *maritima* in Italy. Journal of Vegetation Science 8(1): 81 – 84.
- BARTSCH, D. & BRAND, U. (1998): Saline soil condition decreases rhizomania infection of *Beta vulgaris*. Journal of Plant Pathology 80: 219 – 223.
- BARTSCH, D. & ELLSTRAND, N. C. (1999): Genetic evidence for the origin of Californian wild beets (genus *Beta*). Theor. Appl. Genet. 99: 1120 – 1130.
- BARTSCH, D., LEHNEN, M., CLEGG, J., POHL-ORF, M., SCHUPHAN, I. & ELLSTRAND, N. C. (1999a): Impact of gene flow from cultivated beet on genetic diversity of wild sea beet populations. Molecular Ecology 8: 1733 – 1741.

- BARTSCH, D., CLEGG, J. & ELLSTRAND, N. C. (1999b): Origin of wild beet and gene flow between *Beta vulgaris* and *B. macrocarpa* in California. In: BRITISH CROP PROTECTION COUNCIL (ed.): Gene Flow and Agriculture – Relevance for Transgenic Crops, BCPC Symposium Proceedings no. 72, p. 269 – 274.
- BARTSCH, D. & SCHUPHAN, I. (2000): Monitoring the susceptibility of the European Corn Borer (*Ostrinia nubilalis*) against *Bacillus thuringiensis* toxins. Internet-Forum des RKI zum Monitoring gentechnisch veränderter Pflanzen, Session 1, August 2000 (http://www.rki.de/GENTEC/FORUM/FS1_2E.HTM)
- BARTSCH, D., DIETZ-PFEILSTETTER, A., KOENIG, R., SCHUPHAN, I., SMALLA, K. & WACKERNAGEL, W. (2000a): Wissenschaftliche Begleitung von Freilandversuchen mit Rhizomania-resistenten Zuckerrüben. In: SCHIEMANN, J. (Hrsg.): Biologische Sicherheitsforschung bei Freilandversuchen mit transgenen Organismen und anbaubegleitendes Monitoring, Proceedings zum BMBF-Statusseminar 29.-30. Juni 1999, Braunschweig, S. 65 – 76.
- BARTSCH, D., BRAND, U., MORAK, C., POHL-ORF, M. & SCHUPHAN, I. (2000b): Biosafety aspects of genetically engineered virus resistant plants: Performance of hybrids between transgenic sugar beet and Swiss chard as a model for gene flow consequences to wild beet. Ecological Applications., in press.
- BASEDOW, T. (1983): Getreide einschließlich Mais: Gliederfüßer, Weichtiere, Wirbeltiere. In: HEINZE, K. (ed.) Leitfaden der Schädlingsbekämpfung. 4. Aufl. Bd. III: Schädlinge und Krankheiten im Ackerbau, Wiss. Verlagsgesellschaft, Stuttgart, S. 25-53.
- BASTIAN, H.-V. (1987): Untersuchungen über die toxischen Wirkungen der Herbizide Basta (Glufosinat-Ammonium) und Aretit (Dinoseb-Acetat) auf Tiere im Süßwasser-Ökosystem. Dissertation an der Fakultät Biologie der Eberhard-Karls-Universität Tübingen, 130 S..
- BAYER VITAL GMBH, Leverkusen (Januar 2001)
http://agrar.bayervital.de/index.cfm?SEITEN_ID=13&Kategorie=Kartoffelbau
- BBA (1997): Verzeichnis zugelassener Pflanzenschutzmittel. Biologische Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft (BBA) Braunschweig (Hrsg.) (<http://www.bba.de>).
- BECKER, H. C., DAMGAARD, C., KARLSSON, B. (1992): Environmental variation for outcrossing rate in rapeseed (*Brassica napus*). Theor. Appl. Genet. 84: 303-306.
- BECKER, R., MARTY, B. & ULRICH, A. (1998): Experimentelle Verifizierung von Veränderungen risikorelevanter ökologischer Parameter bei transgenen Kartoffelpflanzen mit Veränderungen im Phosphat- und Kohlenhydratmetabolismus, Landesumweltamt Brandenburg (Hrsg.), ZALF e.V., Müncheberg.
- BECKER, R. & ULRICH, A. (1999): Untersuchungen zum Überdauerungs- und Keimungsverhalten von Vermehrungsorganen transgener Kartoffellinien mit erhöhter Akkumulation löslicher Zucker
- Endbericht: Monitoring gentechnisch veränderter Pflanzen

- und Entwicklung molekularbiologischer Methoden zu deren Identifizierung. Landesumweltamt Brandenburg (Hrsg.), ZALF e.V., Müncheberg.
- BECKER, R., AUGUSTIN, J., BEHRENDT, U., GRANSEE, A., HEDTKE, C., LÜTTSCHWAGER, D., MÜLLER, M. & ÜLRICH, A. (2000): Ökologische Begleitforschung zum Anbau von transgenen Kartoffeln mit Veränderungen im Grundstoffwechsel. ZALF e.V., Müncheberg, 96 S.
- BECKER-DILLINGEN, J. (1928): Handbuch des gesamten Pflanzenbaus einschließlich der Pflanzenzüchtung, Bd. 2 Handbuch des Hackfruchtbaues und Handelspflanzenbaues. Parey Verlag, Berlin: 231-354.
- BEHREND, S. (1975): Die wichtigsten Unkrautarten in Rübenbeständen auf verschiedenen Böden. Mitt. f. d. Landw., BASF, H.5.
- BENBROOK, C. (1999): Evidence of the magnitude and consequences of the Roundup Ready Soybean yield drag from university-based varietal trials in 1998. Ag BioTech InfoNet Technical Paper Number 1. www.
- BERGELSON, J., PURRINGTON, C. B., PALM, C. J., LOPEZ-GUTIERREZ, J.-C. (1996): Costs of resistance: a test using transgenic *Arabidopsis thaliana*. Proceedings of the Royal Society of London, B, 263: 1659–1663.
- BHATIA, J., GRANT, S. E. & POWELL, D. A. (2000): Background: Genetically-engineered Bt-containing field corn. Technical report No.11, July 21, 1999, updated Aug. 2000; aus Agnet Mailout 08.08.2000.
- BÖGER, P. (1994): Mögliche pflanzenphysiologische Veränderungen in herbizidresistenten und transgenen Pflanzen und durch den Kontakt mit Komplementärherbiziden. Gutachten erstellt im Auftrag der Abteilung „Normenbildung und Umwelt“, Forschungsschwerpunkt Technik-Arbeit-Umwelt, des Wissenschaftszentrums Berlin für Sozialforschung 1993, in: Verfahren zur Technikfolgenabschätzung des Anbaus von Kulturpflanzen mit gentechnisch erzeugter Herbizidresistenz, Heft 2, Berlin.
- BOUDRY, P., MÖRCHEN, M., SAUMITOU-LAPRADE, P., VERNET, P. H. & VAN DIJK, H. (1993): The origin and evolution of weed beets: consequences for the breeding and release of herbicide-resistant sugar beets. Theor Appl Genet 87: 471 – 478.
- BOURGUET, D., BETHENOD, T., TROUVÉ, C., VIARD, F. (2000): Host-plant diversity of the European corn borer *Ostrinia nubilalis*: what value for sustainable transgenic insecticidal Bt maize? Proceedings of the Royal Society, Series B 267: 1177 – 1184.
- BRANTS, I. BÜCHTER-LARSEN, K. & WATERS, S. (1993): Safety assessment of the deliberate release of two model transgenic plants, oilseed rape and sugar beet. BRIDGE First sectorial Meeting on Biosafety, Wageningen, December 6-9 1992, p. 38.
- BROHMER, P., TISCHLER, W., SCHAEFER, M. (1988): Fauna von Deutschland. Quelle & Meyer, Heidelberg, Wiesbaden.

- BRUNT, A. A., CRABTREE, K., DALLWITZ, M. J., GIBBS, A. J., WATSON, L. & ZURCHER, E. J. (eds.) (1996 onwards): Plant Viruses Online: description and lists from the VIDE database. Version: 16th January 1997. <http://biology.anu.edu.au/Groups/MES7vide/>
- BURTON, W. G. (1989): Listing of European cultivars. Identification criteria. I: The potato. Longman Scientific & Technical, Essex: 39-55.
- CARTER, D. J. (1984): Pest Lepidoptera of Europe, with special reference to the British Isles. Dr. W. Junk Publishers, Dordrecht.
- CARTER, D. (1994): Tag- und Nachtfalter. Ravensburger Buchverlag, Ravensburg.
- CARTER, D. J. & HARGREAVES, B. (1987): Raupen und Schmetterlinge Europas und ihre Futterpflanzen. Parey, Hamburg.
- CHADOEUF, R., DARMENCY, H., MAILLET, J., RENARD, M. (1998): Survival of buried seeds of interspecific hybrids between oilseed rape, hoary mustard and wild radish. Field Crops Research 58: 197-204.
- CHAKRAVARTY, P. & CHATARPUL, L. (1990): Nontarget effects of herbicides: I. Effect of glyphosate and hexazinone on soil microbial activity. Microbial population, and in-vitro growth of ectomycorrhizal fungi. Pestic. Sci. 28, 233-241.
- CHAKRAVARTY, P. & SIDHU, S. S. (1987): Effects of glyphosate, hexazinone and trichlorpyr on in-vitro growth of five species of ectomycorrhizal fungi. Eur. J. For. Path. 17, 204-210.
- CHAT-LOCUSSOL, I. (2000): Surveillance des Organismes Génétiquement Modifiés disséminés dans l'environnement. Bilan au 07/08/2000, Bureau Biovigilance et Expérimentation. (unveröffentlichte Zusammenstellung von Ergebnissen der ersten 3 Jahre des Biovigilance-Monitoring-Projektes in Frankreich).
- CHÈVRE, A. M., EBER, F., BARANGER, A. & RENARD, M. (1997): Gene flow from transgenic crops. Nature 389: 924.
- CHÈVRE, A. M., EBER, F., RENARD, M. & DARMENCY, H. (1999): Gene flow from oilseed rape to weeds. In: BRITISH CROP PROTECTION COUNCIL (ed.): Symposium Proceedings no. 72: Gene Flow and Agriculture – Relevance for Transgenic Crops.
- CHIANG, H. C. (1978): Pest management in corn. annu. Rev. Entomol. 23: 101-123.
- CHINERY, M. (1987): Pareys Buch der Insekten. Ein Feldführer der europäischen Insekten. Hamburg und Berlin. 328 S..
- CONNER, A. J. (1996): Biosafety assessment of transgenic potatoes: environmental monitoring and food safety evaluation. In: JONES, D. D. (Hrsg.): The biosafety results of field tests of genetically modified plants and microorganisms. Proceedings of the 3rd international Symposium. University of California, Oakland, USA: 245-262.

- CONNER, A. J. & DALE P. J. (1996): Reconsideration of pollen dispersal data from field trials of transgenic potatoes. *Theor. Appl. Genet.*, 92: 505-508.
- COONS, G. H. (1954): The wild species of *Beta*. *Amer. Soc.* 8(2):142 – 147.
- COONS, G. H. (1975): Interspecific hybrids between *Beta vulgaris* L. and the wild species of *Beta*. *Journal of the American Society of Sugar Beet Technologists* 18(4): 281 – 303.
- CRAWLEY, M. J., HAILS, R. S., REES, M., KOHN, D. & BUXTON, J. (1993): Ecology of transgenic oilseed rape in natural habitats. *Nature* 363: 620 – 623.
- CRAWLEY M. J. & BROWN S. L. (1995): Seed limitation and the dynamics of feral oilseed rape on the M25 motorway. *Proc. R. Soc. London B* 259: 49 – 54.
- CRECCHIO, C. & STOTZKY, G. (1998): Insecticidal activity and biodegradation of the toxin from *Bacillus thuringiensis* subsp. *kurstaki* bound to humic acids from soil. *Soil Biology and Biochemistry* 30 (4): 463-470.
- DAHM, H. H. (1993): Untersuchungen zur Resistenz von *Beta*-Rüben gegenüber *Polymyxa betae*, Vektor des *beet necrotic yellow vein virus* (BNYVV). Dissertation im Fachbereich Gartenbau der Universität Hannover.
- DARK, S. O. S. (1971): Experiments on the cross-pollination of sugar beet in the field. *Journal of the National Institute of Agricultural Botany* 12: 242 – 266.
- DARMENCY, H. (1994): The impact of hybrids between genetically modified crop plants and their related species: introgression and weediness. *Molecular Ecology* 3, 37-40.
- DARMENCY, H., COMPOINT, J.P., GASQUEZ, J. (1981): La résistance aux triazines chez *Polygonum lapathifolium*. *Comptes Rendus de L'Academie d'Agriculture de France*, 67,231-238.
- DARMENCY, H., GASQUEZ, J. (1983): Interpreting the evolution of a triazine-resistant population of *Poa annua*. *The New Phytologist*, 95, 299-304.
- DEML, R. & DETTNER, K. (1998): Wirkungen *Bacillus thuringiensis*-Toxin-produzierender Pflanzen auf Ziel- und Nichtzielorganismen – eine Standortbestimmung. UBA-Texte 36/98, Berlin, 120 S..
- DEPARTMENT OF THE ENVIRONMENT, TRANSPORT AND REGIONS (1999): Environmental Risks of Herbicide-Tolerant Oilseed-Rape. A Review of the PGS Hybrid Oilseed Rape. <http://www.detr.gov.uk/environment/acre/pgs/index.htm>.
- DESPLANQUE, B., BOUDRY, P., BROOMBERG, K., SAUMITOU-LAPRADE, P., CUGUEN, J. & VAN DIJK, H. (1999): Genetic diversity and gene flow between wild, cultivated and weedy forms of *Beta vulgaris* L. (Chenopodiaceae), assessed by RFLP and microsatellite markers. *Theor Appl Genet* 98: 1194 – 1201.

- DE VRIES, F. T., VAN DER MEIJDEN, R. & BRANDENBURG, W. A. (1992): A study of the real chances for spontaneous gene flow from cultivated plants to the wild flora of the Netherlands. Botanical Files, Gorteria Supplement 1: 1 – 100.
- DE VRIES, J., HARMS, K. & WACKERNAGEL, W. (1998): Untersuchungen zur Entlassung von T4-Lysozym und rekombinanter DNA aus transgenen, T4-Lysozym-produzierenden Kartoffeln. In: SCHIEMANN, J. (Hrsg.): Freisetzungsbegleitende Sicherheitsforschung mit gentechnisch veränderten Pflanzen und Mikroorganismen. Proceeding zum BMBF-Workshop 25.-26.Mai 1998 BBA Braunschweig: 45-57.
- DIETZ, A., NIEMANN, P., WENZEL, G., HEIDLER, G. & EGGERS, T. (1993): Aspekte des Anbaus herbizidresistenter Kulturpflanzen. Mitt. a. d. Biol. Bundesanstalt f. Land- und Forstwirtschaft. H. 286. Berlin.
- DIETZ-PFEILSTETTER, A. & KIRCHNER, M. (1998): Analysis of gene inheritance and expression in hybrids between transgenic sugar beet and wild beets. Molecular Ecology 7(12): 1693 – 7000.
- DIETZ-PFEILSTETTER, A., WEBER, A., BARG, E. & KIRCHNER, M. (1998): Untersuchungen zur Vererbung und Ausprägung von Transgenen in Zuckerrüben/Mangold-Hybriden (*Beta vulgaris* L.). Mitt. Biol. Bundesanst. Land-Forstwirtschaft. 357: 116 – 117.
- DONEGAN, K. K., PALM, C. J., FIELAND, V. J., PORTEOUS, L. A., GANIO, L. M., SCHALLER, D. L., BUCAO, L. Q. & SEIDLER, R. J. (1995): Changes in levels, species and DNA fingerprints of soil microorganisms associated with cotton expressing the *Bacillus thuringiensis* var. *kurstaki* endotoxin. Applied Soil Ecology 2: 111 – 124.
- DOWNEY, R. K. (1999): Gene flow and rape - the Canadian experience. In: Gene Flow and Agriculture. Symposium Proceedings No. 72. 109 - 116. Farnham.
- DRIEBEN, S., WEHRES, U. & BARTSCH, D. (2000a): Wildrübenpopulationen in Deutschland, ihre Bewertung für die Freisetzung transgener Zuckerrüben. www.dainet.de/genres/infos/wild_beet
- DRIEBEN, S., POHL-ORF, M. & BARTSCH, D. (2000b): Origin and diversity of Baltic sea beet populations (*Beta vulgaris* ssp. *maritima*) in Germany. www.dainet.de/genres/infos/wild_beet/beet_populations.htm
- DÜLL, R. & KUTZELNIGG, H. (1994): Botanisch-ökologisches Exkursionstaschenbuch, 5. Aufl. Quelle & Meyer, Heidelberg, Wiesbaden, 590 S.
- EBER, F., CHÈVRE, A. M., BARANGER, A., VALLÉE, P., TANGUY, X. & RENARD, M. (1994): Spontaneous hybridization between a male-sterile oilseed rape and two weeds. Theoretical & Applied Genetics, 88: 362-368.
- ECKELKAMP, C. & WEBER, B. (1996): Glyphosat-Applikation im Gleisbereich. Öko-Institut e.V.
- ECKELKAMP, C., JÄGER, M. & TAPPESER, B. (1997a): Verbreitung und Etablierung rekombinanter DNA in der Umwelt, UBA-Texte 51/98.

- ECKELKAMP, C., MAYER, M. & WEBER, B. (1997b): BASTA-resistenter Raps. Vertikaler und horizontaler Gentransfer unter besonderer Berücksichtigung des Standortes Wölfersheim-Melbach. Öko-Instituts-Schriftenreihe. Freiburg.
- ECKELKAMP, C., JÄGER, M. & WEBER, B. (1997c): Risikoüberlegungen zu transgenen virusresistenten Pflanzen. UBA-Texte 97/59, Umweltbundesamt, Berlin.
- ECKELKAMP, C., JÄGER, M., WEBER, B. (1998): Antibiotikaresistenzgene in transgenen Pflanzen, insbesondere Ampicillin-Resistenz in Bt-Mais. Öko-Institut e. V., Freiburg.
- EDWARDS, P. J., ABIVARDI, C. & RICHNER, W. (1999): The effects of alternative tillage systems on biodiversity in agroecosystems. In: WOOD, D. & LENNÉ, J. M. (Hrsg.): Agrobiodiversity: Characterization, utilization and management. S. 305-329.
- EDWARDS, A., MARSHALL, J., SIDEBOTTOM, C., VISSER, R. G. F., SMITH, A. M. & MARTIN, C. (1995): Biochemical and molecular characterization of a novel starch synthase from potato tubers. *Plant J.* 8(2): 283-294.
- EMBERLIN, J., ADAMS-GROOM, B., TIDMARSH, J. (1999): A report on the dispersal of maize pollen. Research paper im Internet: www.soilassociation.org.
- ENGEL, K. H., BLAAS, W. K., GABRIEL, B., BECKMAN, M. (1996): Modern biotechnology in plant breeding: Analysis of glycoalkaloids in transgenic potatoes. *Biotechnology for Improved Foods and Flavors* (Series: ACS Symposium Series) 637: 249 –260.
- EPA (1995): Pesticide fact sheet. *Bacillus thuringiensis* Cry (B) delta endotoxin and the genetic material necessary for its production (plasmid vector pCIB4431) in corn. US EPA, Office of Prevention, Pesticides and Toxic Substances, 8.10.1995. (www.epa.gov/oppbppd1/biopesticides/factsheets/fs006458t.htm)
- ERNST, D., KIEFER, E., DROUET, A. & SANDERMANN, H. (1996a): A simple method of DNA extraction from soil for detection of composite transgenic plants by PCR. *Plant Molecular Biology Reporter* 14: 143 – 148.
- ERNST, D., ROSENBROCK, H., KIEFER, E. & SANDERMANN, H. (1996b): Field studies with phosphinotricin-resistant transgenic plants: analysis of the pat-gene during senescence. In: GESELLSCHAFT FÜR PFLANZENZÜCHTUNG (Hrsg.): GPZ-Tagung Köln: 223 – 224.
- ESCHER, N., KÄCH, B., NENTWIG, W. (2000): Decomposition of transgenic *Bacillus thuringiensis* maize by microorganisms and woodlice *Porcellio scaber* (Crustacea: Isopoda). *Basic and Applied Ecology* 1: 161 – 169.
- ESTOK, D., FREEDMAN, B., BOYLE, D. (1989): Effects of the herbicides 2,4-D, glyphosate, hexazinone and trichlorpyr on the growth of three species of ectomycorrhizal fungi. *Bull. Environ. Contam. Toxicol.* 42, 835-839.

- EWALD, D. & HAN, Y. (1999): Freisetzungsversuche mit transgenen Pappeln in China. UBA-Fachgespräch „Freisetzung transgener Gehölze – Stand, Probleme, Perspektiven,, 20. & 21. Sept., Humboldt-Universität zu Berlin.
- FELDMANN, S. (1997): Begleituntersuchungen des Landes Niedersachsen zur Freisetzung gentechnisch veränderter, Herbizid-resistenter Rapspflanzen in Gehrden. Abstract und Vortrag anlässlich der Fachgespräche „Stand der Sicherheitsforschung zur Freisetzung gentechnisch veränderter Pflanzen,, 16. Dezember 1997 im Hanns-Lilje-Haus in Hannover.
- FISCHBECK, G. (1998): Einführung und Ergebnisse zur Pollen- und Samenverbreitung transgener Eigenschaften. In: FORBIOSICH: Gentechnik, Ökologie und Ernährung, VDBIOL-Forum München 1998, S. 5-8.
- FLADE, M. (1994): Die Brutvogelgemeinschaften Mittel- und Norddeutschlands. Eching, IHW-Verlag, 879 S.
- FLEXNER, J. L., LIGHTHART, B., CROFT, B. A. (1986): The effects of microbial pesticides on non-target, beneficial arthropods. *Agriculture, Ecosystems and Environment* 16: 203-254.
- FRANKFURTER RUNDSCHAU (31.10.2000): Arzneirückstände und Antibiotika im Abwasser. Artikel in der Frankfurter Rundschau vom 31.10.2000, Seite 7.
- FREDSHAVN, J. R. & POULSEN, G. S. (1996): Growth behaviors and competitive ability of transgenic crops. *Field Crop Research* 45: 11 – 18.
- FREE, J. B. (1970): *Insect pollination of crops*. Academic Press, London, New York.
- FREE, J. B., WILLIAMS, I. H., LONGDEN, P. C. & JONSSON, M. G. (1975): Insect pollination of sugar beet (*Beta vulgaris*) seed crops. *Annals of Applied Biology* 81: 127 – 134.
- FREI, G. & MANHART, C. (1992): Nützlinge und Schädlinge an künstlich angelegten Ackerkrautstreifen in Getreidefeldern. *Agrarökologie*, Bd. 4. Bern, Stuttgart, Wien.
- FRITZ-KÖHLER, W. (1996): Blatt- und Rüsselkäfer an Unkräutern. *Ökologie und Biogeographie in Mitteleuropa und Untersuchungen an ungespritzten Ackerrandstreifen*. *Agrarökologie* 19. Bern, Stuttgart, Wien.
- GAEDICKE, R. & HEINICKE, W. (Hrsg.) (1999): Verzeichnis der Schmetterlinge Deutschlands. *Entomologische Nachrichten und Berichte – Beiheft* 5, Dresden.
- GEBHARD, F. & SMALLA, K. (1998). Transformation of *Acinetobacter* sp. Strain BD413 by transgenic sugar beet DNA. *Applied and Environmental Microbiology* 64: 1550 – 1554.
- GENET-news (21.06.00): A new breed of superweed.
- GERDEMANN-KNÖRCK, M. & TEGEDER, M. (1997): Kompendium der für Freisetzungen relevanten Pflanzen; hier: *Brassicaceae*, *Beta vulgaris*, *Linum usitatissimum*. UBA Texte 38/97, Berlin.

- GEROWITT, B. & WILDENHAYN, M. (Hrsg.) (1997): Ökologische und ökonomische Auswirkungen von Extensivierungsmaßnahmen im Ackerbau. Ergebnisse des Göttinger INTEX-Projektes 1990-94. Göttingen.
- GERTZ, J. M. (JR.), VENCILL, W. K., HILL, N. S. (1999): Tolerance of transgenic soybean (*Glycine max*) to heat stress. British Crop Protection Conference, 15-18 November 1999: Weeds; Proceedings of an international conference, Brighton, 3: 835-840.
- GEYL, L., GARCIA HERIZ, M., VALENTIN, P., HEHN, A. & MERDINOGLU, D. (1995): Identification and characterization of resistance to rhizomania in an ecotype of *Beta vulgaris* subsp. *maritima*. Plant Pathology 44: 819 – 828.
- GLARE, T. R. & O'CALLAGHAN, M. (2000): *Bacillus thuringiensis*: Biology, Ecology and safety. John Wiley & Sons, LTD, Chichester, 350 S..
- GÖKPINAR, D. (1987): Untersuchungen über das Tabaknekrosevirus in Zusammenhang mit der Rizomania an Zuckerrüben. Wissenschaftlicher Fachverlag, Giessen.
- GOLLMANN, G. & PASCHER, K. (1998): Freisetzung gentechnisch veränderter Zuckerrüben: Einschätzung der Situation in Österreich. In: BUNDESKANZLERAMT SEKTION VI (Hrsg.): Ökologische Risikoabschätzung von gentechnisch veränderten Pflanzen. Forschungsberichte 10/98, Wien.
- HAAS, V. & WEBER, B. (1993): Gutachten zum Freisetzungsantrag: transgene Zuckerrüben. Öko-Institut e.V., Freiburg.
- HAIDER, M. Z., KNOWLES, B. H., ELLAR, D. J. (1986): Specificity of *Bacillus thuringiensis* var. *colmeri* insecticidal δ -endotoxin is determined by differential proteolytic processing of the protoxin. European Journal of Biochemistry 156: 531-540.
- HAFEZ, M., SALAMA, H. S., ABOUL-ELA, R., ZAKI, F. N., RAGAEI, M. (1997) *Bacillus thuringiensis* affecting the larval parasite *Meteorus laeviventris* Wesm. (Hym., Braconidae) associated with *Agrotis ypsilon* (Rott.) (Lep., Noctuidae) larvae. J. Appl. Ent. 121: 535-538.
- HANCOCK, J. F., GRUMET, R. & HOKANSON, S. C. (1996): The opportunity for escape of engineered genes from transgenic crops. HortScience 31(7): 1080 – 1085.
- HÄNI, F. (1986): Analyse ausgewählter landwirtschaftlicher Kulturen der Schweiz – Zuckerrüben. Landw. Forschung 3/4: 316 – 322.
- HÄNI, F., POPOW, G., REINHARD, H., SCHWARZ, A., TANNER, K. & VORLET, M. (1992): Pflanzenschutz im Integrierten Ackerbau. LmZ Verlag, Zollikofen.
- HANSEN JESSE, L. C. & OBRYCKI J. J. (2000): Field deposition of Bt transgenic corn pollen: lethal effects on the monarch butterfly, Oecologia (published online: 19. August 2000), 14 S.
- HAPKE, H.-J. (1991): Arzneimitteltherapie in der tierärztlichen Klinik und Praxis. Ferdinand Enke Verlag, Stuttgart.

- HEERES, P., VAN SWAAIJ, A. C., BRUINENBERG, P. M., KUIPERS, A. G. J., VISSER, R. G. F. & JACOBSEN, E. (1994): Biosafety aspects of field testing with transgenic amylose-free potatoes. In: JONES, D. D. (Hrsg.): The biosafety results of field tests of genetically modified plants and microorganisms. Proceedings of the 3rd international Symposium: 271-289.
- HEINEMANN, J. A. (1997): Assessing the risk of interkingdom DNA transfer. In: Nordic seminar on antibiotic resistance marker genes and transgenic plants. Norwegian Biotechnology Advisory Board (ed.), Oslo, p. 17-28.
- HEINZEL, H., FITTER, R. & PARLOW, J. (1988): Pareys Vogelbuch. Hamburg und Berlin.
- HEISSENBERGER, A., UNGER, G., WOTTAWA, A. & SCHMIDT, J. (1999): Möglichkeiten zum Monitoring des Einflusses transgener Pflanzen auf Bodenmikroorganismen. Reports R-160, Umweltbundesamt, Wien.
- HENRY, C. M., BARKER, I., PRATT, M. PEMBERTON, A. W., FARMER, M. J., COTTEN, J., EBBELS, D., COATES, D. & STRATFORD, R. (1995): Risks associated with the use of genetically modified virus tolerant plants. MAFF, London.
- HERBICIDE FACTSHEET 1995: Journal of Pesticide Reform 15 (4), 1995, S.14-20: Glyphosate, Part 2: Human exposure and ecological effects.
- HILBECK, A., BAUMGARTNER, M., FRIED, P. M. & BIGLER, F. (1998): Effects of transgenic *Bacillus thuringiensis* corn-fed prey on mortality and development time of immature *Chrysoperla carnea* (Neuroptera: Chrysopidae). Environmental Entomology 27(2): 480-487.
- HILBECK, A., MOAR, W. J., PUSZTAI-CAREY, M., FLIPPINI, A. & BIGLER, F. (1999): Prey-mediated effects of Cry1Ab toxin and protoxin and Cry2A protoxin on the predator *Chrysoperla carnea*. Entomologia Experimentalis et Applicata 91: 305-316.
- HILBECK, A., MEIER, M. S. & RAPS, A. (2000): Review on Non-Target Organisms and Bt-Plants. Report to Greenpeace International, Amsterdam, 77 S.
- HILL, J. E. (1999): Concerns about gene flow and the implications for the development of monitoring protocols. In: LUTMAN P. J. W.: Gene flow and Agriculture: Relevance of Transgenic Crops. BCPC Symposium Proceedings No. 72.
- HILLMANN, U. & SCHLÖSSER, E. (1992): Rizomania VIII. Titer des Aderngelbfleckungsvirus (BNYVV) in Teilen von Zuckerrüben. Med. Fac. Landbouww. Rijksuniv. Gent.
- HOFFMANN, C. A. (1990): Ecological risks of genetic engineering of crop plants. BioScience Vol. 40 No. 6, 434-436.
- HOFFMANN, G. M. & SCHMUTTERER, H. (1983): Parasitäre Krankheiten und Schädlinge an landwirtschaftlichen Kulturpflanzen. Ulmer, Stuttgart.
- HOFFMANN, M. & KÖHLER, W. (2000): Modellierung von Genfluss und Verwilderung bei transgenen Zuckerrüben (*Beta vulgaris* convar. Altissima DÖLL). In: SCHIEMANN, J. (Hrsg.): Endbericht: Monitoring gentechnisch veränderter Pflanzen

- Biologische Sicherheitsforschung bei Freilandversuchen mit transgenen Organismen und anbaubegleitendes Monitoring, Proceedings zum BMBF-Statusseminar 29.-30. Juni 1999, Braunschweig, S. 101 – 110.
- HØJLAND, J. G. & POULSEN, G. S. (1994): Five cultivated plant species: *Brassica napus* L. ssp. *napus* (rape), *Medicago sativa* L. ssp. *sativa* (Leucerne/Alfalfa), *Pisum sativum* L. ssp. *sativum* (Pea), *Populus* L. spp. (Poplars), *Solanum tuberosum* L. ssp. *tuberosum* (Potato), dispersal, establishment and interactions with the environment. The National Forest and Nature Agency, Kopenhagen: 81-94.
- HOLTZ, F. (1988): Zum Vorkommen von Blattläusen auf Wildpflanzen im Feldrand und Feldrain. Mitteilungen der Biologischen Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft Berlin-Dahlem. Heft 242, 77 - 84. Berlin.
- HOMMEL, B. & PALLUTT, B. (2000): Bewertung der Herbizidresistenz für den integrierten Pflanzenschutz im System einer 4-feldrigen Fruchtfolge mit Glufosinat-resistentem Raps und Mais. In: HAAS, H. U. & HURLE, K. (eds.) (2000): Beiträge zur 20. Deutschen Arbeitsbesprechung über Fragen der Unkrautbiologie und -bekämpfung vom 14. bis 16. März, Eugen Ulmer, Stuttgart-Hohenheim: 411-422.
- HORNSEY, K. G. & ARNOLD, M. H. (1979): The origin of weed beet. Ann. Appl. Biol. 92: 279 – 285.
- HUANG, F., BUSCHMAN, L. L., HIGGINS, R. A., MCGAUGHEY, W. H. (1999): Inheritance of resistance to *Bacillus thuringiensis* toxin (Dipel ES) in the European Corn Borer. Science 284, 965-967.
- HUGGER, H. (1998): Was ist von transgenen Maissorten zu erwarten? Mais 26 (3), S. 112-113.
- HURLE, K. (1994): Mögliche Veränderungen in der landwirtschaftlichen Praxis durch die HR-Technik. Verfahren zur Technikfolgenabschätzung des Anbaus von Kulturpflanzen mit gentechnisch erzeugter Herbizidresistenz, Heft 12. WZB. Berlin.
- INRA (INSTITUT NATIONAL DE LA RECHERCHE AGRONOMIQUE) (Januar 2001). <http://www.inra.fr/Internet/Produits/HYPPZ/CULTURES/6c---031.htm>
- JACOBS, W. & RENNER, M. (1988): Biologie und Ökologie der Insekten. 2. Aufl. Fischer, Stuttgart.
- JACOT, Y. (1994): A bibliographical study of gene flow between crops and wild relatives in Switzerland. In: FEDERAL OFFICE OF ENVIRONMENT, FORESTS AND LANDSCAPE (ed.): Gene transfer: Are Wild Species in danger? Environmental Documentation No. 12.
- JÄGER, M. & WEBER, B. (1993): Risikoaspekte gentechnisch erzeugter Virusresistenzen. Verhandlungen der Gesellschaft für Ökologie 22: 407 – 412.

- JEDICKE, E. (2000): Biodiversitäts-Indikatoren zur Bewertung von Nachhaltigkeit in Baden-Württemberg. Studie im Rahmen des Projektes „Statusbericht Nachhaltige Entwicklung in Baden-Württemberg“, Nr. 162.
- JEPSON, P. C., CROFT, B. A., PRATT, G. E. (1994): Test systems to determine the ecological risks posed by toxin release from *Bacillus thuringiensis* genes in crop plants. *Molecular Ecology* (1994) 3, 81-89.
- JOHNSON, B. (2000): A critical analysis of the field scale trials of herbicide tolerant oilseed rape in the UK. Vortrag beim EU Workshop: Monitoring of Environmental impacts of genetically modified plants, 9/10 November 2000, Berlin.
- KLINGMÜLLER, W. & RIEDER, G. (1994): Gentransfer bei Bakterien und Verhalten gentechnisch veränderter Bakterien im Boden und Wasser. Teilprojekt hier: A) Konjugativer Transfer gentechnisch veränderter Plasmide, B) Konjugativer Transfer gentechnisch veränderter Plasmide bei Freisetzungssimulation. In: *Biologische Sicherheit/Forschung Biotechnologie Band 3*, BMFT (Hrsg.), S. 83 – 105.
- KLÖPFER, W., RENNER, I., TAPPESER, B., ECKELKAMP, C. & DIETRICH, R. (1999): Life Cycle Assessment gentechnisch veränderter Produkte als Basis für eine Umfassende Beurteilung Möglicher Umweltauswirkungen. *Monographien des UBA Wien, Band 111*, Wien, 253 S.
- KLUGE, E., ENZIAN, S., GUTSCHE, V. (1999): Befallsatlas – Atlas der potentiellen Befallsgefährdung durch wichtige Schadorganismen im Ackerbau Deutschlands. BBA, Berlin, Braunschweig.
- KNAUER, N. (1993): Ökologie und Landwirtschaft. Situation - Konflikte - Lösungen. Stuttgart.
- KOCH, M. (1988): Wir bestimmen Schmetterlinge. 2. Aufl. Neumann-Neudamm, Melsungen.
- KOECHLIN, F. (Hrsg.) (1999): Zukunftsmodell Schweiz. Eine Landwirtschaft ohne Gentechnik? Blauen-Institut in Zusammenarbeit mit Forschungsinstitut für biologischen Landbau und Öko-Institut e.V. Basel.
- KOENIG, R. & BÜTTNER, G. (2000): Untersuchungen über den Einfluss von Zuckerrüben, die Genom-Teile des A-Typs des beet necrotic yellow vein virus (BNYVV) exprimieren, auf Populationen anderer BNYVV-Stämme und anderer Viren. In: SCHIEMANN, J. (Hrsg.): *Biologische Sicherheitsforschung bei Freilandversuchen mit transgenen Organismen und anbaubegleitendes Monitoring, Proceedings zum BMBF-Statusseminar 29.-30. Juni 1999*, Braunschweig, S. 31 – 36.
- KOENIG, R. & LENNEFORS, B.- L. (2000): Molecular analysis of European A, B and P type sources of Beet necrotic yellow vein virus and detection of the rare P type in Kazakhstan. *Archives of Virology* 145: 1561 – 1570.
- KOENIG, R., LESEMANN, D.- E. & MAISS, E. (1995): Attempts to detect heteroencapsidations or other non-intended side effects in transgenic sugarbeet expressing the coat protein gene of beet necrotic yellow vein virus (BNYVV). *Mitt. a. d. biol. Bundesanst.* 309: 31 – 38.

- KORELL, M., SCHITTENHELM, S. & WEIGEL, H.- J. (1997): Aufstellen von Kriterien für die nachhaltige Nutzung gentechnisch veränderter Kulturpflanzensorten. UBA Texte 88/97, Umweltbundesamt, Berlin.
- KOSKELLA, J. & STOTZKY, G. (1997): Microbial utilization of free and clay-bound insecticidal toxins from *Bacillus thuringiensis* and their retention of insecticidal activity after incubation with microbes. Applied and Environmental Microbiology 9 (63): 3561-3568.
- KREUTZWEISER, D. P., CAPELL, S. S., THOMAS, D. R. (1994): Aquatic insect responses to *Bacillus thuringiensis* var. *kurstaki* in a forest stream. Can. J. For. Res. 24: 2041-2049.
- KRULL, B., SALAMINI, F. & ROHDE, W. (1995): Genetic engineering of potato starch composition: inhibition of amylose biosynthesis in tubers from transgenic potato lines by the expression of antisense sequences of the gene for granule-bound starch sythase. J. Genet. & Breed. 49: 69-76.
- KUTLUK, N. D., ERKAN, S. & BİÇKEN, S. (2000): Weeds as hosts for Rhizomania's agent. Z. PflKrankh. PflSchutz Sonderh. XVII: 167 – 171.
- LABES, G., DANNEBERG, G. & SIMON, R. (1999): Abschätzung der Einwirkungen gentechnisch veränderter Kulturpflanzen auf den Boden, vor allem auf die organische Bodensubstanz als Träger der Lebensraumfunktion. UBA-Texte 34/99, Berlin.
- LAUBER, K. & WAGNER, G. (1996): Flora Helvetica. Verlag Paul Haupt, Bern.
- LEFOL, E., FLEURY, A. & DARMENCY, H. (1996): Gene dispersal from transgenic crops. II. Hybridization between oilseed rape and the wild hoary mustard. Sex Plant Reprod 9: 189-196.
- LETHMAYER, CH. (1996): Auswirkungen von Ackerkrautstreifen auf Schädlinge. Mitt. a. d. Biolog. Bundesanstalt. H. 321, S. 156. Berlin.
- LI, H. P. (1983): Prospects for the use of true seed grown potato. In: HOOKER, W. J. (Hrsg.): Research for potato in the year 2000. Proceedings International Congress. International Potato Center, Lima, Peru: 17-18.
- LIU, Y. B., TABASHNIK, B. E., DENNEHY, T. J., PATIN, A. L., BARLETT, A. C. (1999). Development time and resistance to Bt crops. Nature 400: 519.
- LOSEY, J. E., RAYOR, L. S. & CARTER, M. E. (1999): Transgenic pollen harms monarch larvae. Nature 399: 214.
- LUKOW, T., DUNFIELD, P. F., LIESACK, W. (2000): Use of the T-RFLP technique to assess spatial and temporal changes in the bacterial community structure within an agricultural soil planted with transgenic and non-transgenic potato plants. FEMS Microbiology Ecology 32: 241-247.
- LUTMAN, P. J. W. (1993): The occurrence and persistence of volunteer oilseed rape (*Brassica napus*). Aspects of Applied Biology 35: 29-43.
- MACILWAIN, C. (1996): Bollworms chew hole in gene-engineered cotton. Nature Vol. 382, S. 289.

- MAISS, E., KOENIG, R. & IESEMAN, D.- E. (1994): Heterologous encapsidation of viruses in transgenic plants and mixed infections. In: JONES, D. D. (ed.): Proceedings of the 3rd international symposium on the biosafety results of field tests of genetically modified plants and microorganisms, Monterey CA. University of California, Oakland, p. 129 – 139.
- MALKOMES, H.-P. (1988): Einfluß von Glufosinat-ammonium (Basta) und Glyphosat (Roundup) auf Bodenmikroorganismen und deren Aktivität. Zeitschrift f. Pflanzenkrankheiten u. Pflanzenschutz, Sonderheft 11: 277 – 286.
- MÄNNER, K. (2000): Haltbarkeit von pflanzlichen Verbreitungseinheiten nach Magen-Darm-Passage. UBA-Texte 19/00, Berlin.
- MANSFELD, K. (1957): Handbuch der Pflanzenkrankheiten. Tierische Schädlinge an Nutzpflanzen. Bd. V, Teil 2, Vertebrata – Vögel, 7-142.
- MATEOS, L. M., SCHÄFER, A., KALINOWSKI, J. MARTIN, J. F. & PÜHLER, A. (1996): Integration of narrow-host-range vectors from *Escherichia coli* into genomes of amino acid-producing *Corynebacteria* after intergeneric conjugation. Journal of Bacteriology 178: 5768 – 5775.
- MATZK, A. (2000). Erarbeitung von möglichen Forschungsansätzen für ein anbaubegleitendes Monitoring. In: SCHIEMANN, J. (Hrsg.): Biologische Sicherheitsforschung bei Freilandversuchen mit transgenen Organismen und anbaubegleitendes Monitoring, Proceedings zum BMBF-Statusseminar 29.-30. Juni 1999, Braunschweig, S. 275 – 294..
- MAYER, M., WURTZ, A., JÜLICH, R., ROLLER, G., TAPPESER, B. (1995): Anforderungen an die Überwachung von Freisetzungen gentechnisch veränderter Pflanzen und Mikroorganismen als Landesaufgabe im Rahmen des Vollzugs des Gentechnikgesetzes. Ministerium für Umwelt, Naturschutz und Raumordnung, Sachsen-Anhalt.
- MCPARTLAN, H. C. & DALE, P. J. (1994): An assessment of gene transfer by pollen from field-grown transgenic potatoes to non-transgenic potatoes and related species. Transgenic Research 3: 216-225.
- MEISE, T., LORENZ, N., LANGENBRUCH, G.-A. (2000): Resistenzlücken beim Bt-Mais? – Auswirkungen unterschiedlicher Toxinkonzentrationen in den Pflanzenteilen einer Bt-Mais-Linie auf die Überlebenschance von Maiszünsler-Larven (*Ostrinia nubilalis*). Mitt. Biol. Bundesanstalt Land-Forstwirtschaft. 376, S. 153.
- MELLON, M. & RISSLER, J. (Hrsg.) (1998): Now or never: Serious new plans to save a natural pest control. Union of Concerned Scientists Cambridge, Massachusetts.
- MENZEL, G. & MATHES, K. (1999): Risikobewertung und Monitoring der Umwelteffekte gentechnisch veränderter Nutzpflanzen – Untersuchungen zum vertikalen Gentransfer bei *Brassica napus* L. (Raps), Zeitschrift für Ökologie und Naturschutz 8, 157-162.

- MERCER, D. K., SCOTT, K. P., BRUCE-JOHNSON, W. A., GLOVER, L. A. & FLINT, H. J. (1999): Fate of Free DNA and Transformation of the Oral Bacterium *Streptococcus gordonii* DL1 by Plasmid DNA in Human Saliva, *Applied and Environmental Microbiology*, Vol. 65, S. 6-10.
- MEYER, H. & WOLTERS, V. (1998): Ökologische Auswirkungen des Einsatzes von Totalherbiziden in herbizidresistenten transgenen Kulturen. *Verhandl. d. Ges. f. Ökologie*, Bd. 28, 337 - 344. Stuttgart.
- MEYER, R., REVERMANN, C., SAUTER, A. (1998): Biologische Vielfalt in Gefahr? – Gentechnik in der Pflanzenzüchtung. Studie des Büros für Technikfolgen-Abschätzung beim Deutschen Bundestag (eds.), Rainer Bohn Verlag, Berlin.
- MIERSCH, U. (1999): Mikroskopische und biochemische Untersuchungen zur Resistenz von *Beta patellaris* gegenüber *Polymyxa betae* Keskin im Vergleich zur Zuckerrübensorte *Beta vulgaris* cv. Hilma. Dissertation der Fakultät III-Agrarwissenschaften I der Universität Hohenheim.
- MIKKELSEN, T. R., ANDERSEN, B. & JORGENSEN, R. B. (1996): The risk of crop transgene spread, *Nature* 380, 31.
- MILLER, P. D. (1985): Maize pollen: Collection and enzymology. In: SHERIDAN, W. F. (Hrsg.) (1985): Maize for biological research. A special publication of the plant molecular biology association, USA. Kapitel 45, S. 279 – 282.
- MINISTERIE VAN VOLKSHUISVESTING RUIMTELIJKE ORDENING EN MILIEUBEHEER (Januar 2001). http://www2.minvrom.nl/ggo/im_markt_lijst.html
- MOYES, C. L., LILLEY, J., CASAIS, C. & DALE, P. J. (1999): Gene flow from oilseed rape to *Sinapis arvensis*: variation at the population level. In: BRITISH CROP PROTECTION COUNCIL (ed.): Symposium Proceedings no. 72: Gene Flow and Agriculture – Relevance for Transgenic Crops.
- MÜHLENBERG, M. & SLOWIK, J. (1997): Kulturlandschaft als Lebensraum. Wiesbaden.
- MUNKVOLD, G. P., HELLMICH, R. L., SHOWERS, W. B. (1997): Reduced fusarium ear rot and symptomless infection in kernels of maize genetically engineered for european corn borer resistance. *Phytopathology* 87(10): 1071-1077.
- NEEMANN, G. & SCHERWAß, R. (1999): Materialien für ein Konzept zum Monitoring von Umweltwirkungen gentechnisch veränderter Pflanzen, UBA-Texte 52/99, Berlin.
- NEUROTH, B. (1997): Kompendium der für Freisetzen relevanten Pflanzen hier: Solanaceae, Poaceae, Leguminosae. UBA Berlin (Hrsg.), UBA-Texte 62/97, Berlin, 341 S.
- NEW SCIENTIST (05.02.2001): <http://www.newscientist.com/dailynews/dnarchive.html>.
- NIELSEN, K. M., VAN WEERELT, M. D. M., BERG, T. N., BONES, A. M., HAGLER, A. N. & VAN ELSAS, J. D. (1997): Natural transformation and availability of transforming DNA to *Acinetobacter calcoaceticus* in soil microcosms. *Appl. Environ. Microbiol.*, 63 (5): 1945-1952.

- NIELSEN, K. M., BONES, A. M., SMALLA, K. & VAN ELSAS, J. D. (1998): Horizontal gene transfer from transgenic plants to terrestrial bacteria – a rare event? FEMS Microbiology Reviews 22: 79 – 103.
- NOWAKOWSKI, J. & MORSE, R. A. (1982): The behavior of honey bees in sweet corn fields in New York State. American Bee Journal, January: 13-16.
- OBERDORFER, E. (1990): Pflanzensoziologische Exkursionsflora. Stuttgart.
- OBERDORFER, E. (Hrsg.) (1994): Pflanzensoziologische Exkursionsflora. 7. Aufl., Stuttgart, 1050 S.
- OBERMEIER, C. (1998): DNA-gestützte Nachweisverfahren für den virusübertragenden Bodenzpilz *Polymyxa betae* und ihr Einsatz im Rizomania-Resistenztest bei Zuckerrüben. Dissertation an der Technischen Universität Carolo-Wilhelmina, Braunschweig.
- OHIO STATE UNIVERSITY COLUMBUS (Januar 2001). <http://www.ag.ohio-state.edu/~ohioline/hyg-fact/2000/2204.html>
- OHNESORGE, F. K. (1994): Nutzpflanzen mit künstlicher Herbizidresistenz: Verbessert sich die Rückstandssituation? Toxikologische Aspekte. Gutachten erstellt im Auftrag der Abteilung „Normenbildung und Umwelt“, Forschungsschwerpunkt Technik-Arbeit-Umwelt, des Wissenschaftszentrums Berlin für Sozialforschung 1993, in: Verfahren zur Technikfolgenabschätzung des Anbaus von Kulturpflanzen mit gentechnisch erzeugter Herbizidresistenz, Heft 6, Berlin.
- ÖKO-INSTITUT (1999): Protokoll der 3. Akteurskonferenz zum Thema „Vegetationskontrolle im Gleisbereich“. <http://www.oeko-institut.org/indexb.html>.
- PADGETTE, S. R., TAYLOR, N. B., NIDA, D. L., BAILEY, M. R., MACDONALD, J., HOLDEN, L. R., FUCHS, R. L. (1996): The Composition of Glyphosate-Tolerant Soybean Seeds Is Equivalent to That of Conventional Soybeans. J. Nutr. 126: 702-716.
- PAGET, E. & SIMONET, P. (1994): On the track of natural transformation in soil. FEMS Microbiology Ecology 15: 109 – 118.
- PASCHER, K., GOLLMANN, G., ALBERT, R. & PAULUS, H. (1997): Ökologische Risikoabschätzung von Freisetzungen gentechnisch veränderter Organismen für die Spezielle Situation in Österreich. Forschungsberichte 4/97, Bundeskanzleramt Sektion VI, Wien.
- PASCHER, K., MACALKA-KAMPFER, S., REINER, H. (2000): Vegetationsökologische und genetische Grundlagen für die Risiko-Beurteilung von Freisetzungen von transgenem Raps und Vorschläge für ein Monitoring. Forschungsbericht im Auftrag des Bundesministeriums für soziale Sicherheit und Generationen, Sektion IX, Wien.
- PEERENBOOM, E. (1996): Die amylosefreie Kartoffel. Max-Planck-Institut für Züchtungsforschung (Hrsg.): MPIZ aktuell 1996/5, Köln. <http://www.mpiz-koeln.mpg.de/~rsaedler/MPIZaktuell/AKartoffel/AKartoffel.html>

- PEKRUN, C., LUTMAN, P. J. W., BAEUMER, K. (1998): Research on Volunteer Rape: a Review. *Pflanzenbauwissenschaften* 2 (2): 84-90.
- PETERS, S., KOSCHINSKY, S., TEBBE, C. C. (2000): Untersuchungen zum Gentransfer bei der Kompostierung gentechnisch veränderter herbizidresistenter Maispflanzen. UBA-Texte 11/00, Berlin.
- PETERSEN, J. & HURLE, K. (1998): Einführung von herbizidresistenten Sorten: Konsequenzen für die Unkrautbekämpfung. *Z. PflKrankh. PflSchutz. Sonderh. XVI*, 365-372.
- PFANZAGL, B. (1999): Begleituntersuchungen bei gentechnisch veränderten Pflanzen. Sicherheitsforschung, Ökologische Begleitforschung und Monitoring. Umweltbundesamt, Monographien Bd. 114. Wien.
- PFEILSTETTER, E., MATZK, A., SCHIEMANN, J., FELDMANN, S. D. (1999): Untersuchungen zum Auskreuzungsverhalten von Liberty-tolerantem Winterraps auf nicht-transgenen Raps. In: SCHIEMANN, J. (Hrsg.) (1999): Freisetzungsbegleitende Sicherheitsforschung mit gentechnisch veränderten Pflanzern und Mikroorganismen – Proceedings zum BMBF-Workshop 25. – 26. Mai 1998 BBA Braunschweig; Braunschweig: 175-183.
- POHL-ORF, M., BRAND, U., SCHUPHAN, I. & BARTSCH, D. (1998a): Untersuchungen zur Verbreitung von Fremdgenen in gentechnisch veränderten Pflanzen der Art *Beta vulgaris* L. – Monitoring in Agrar- und Küstenökosystemen. *Verhandlungen der Gesellschaft für Ökologie* 28: 327 – 336.
- POHL-ORF, M., BRAND, U., SCHUPHAN, I. & BARTSCH, D. (1998b): What makes a transgenic plant an invasive alien? – Genetically modified sugar beet and their potential impact on populations of the wild beet *Beta vulgaris* subsp. *maritima* Arcang. In: STARFINGER, U., EDWARDS, K., KOWARIK, I. & WILLIAMSON, M. (eds.): *Plant invasions: ecological mechanisms and human responses*. Backhuys Publishers, Leiden, p. 235 – 243.
- POHL-ORF, M., BRAND, U., DRIEBEN, S., HESSE, P., LEHNEN, M., MORAK, C., MÜCHER, T., SAEGLITZ, C., VON SOOSTEN, C. & BARTSCH, D. (1999a) Overwintering of genetically modified sugar beet, *Beta vulgaris* var. *altissima* Döll, as a source for dispersal of transgenic pollen. *Euphytica* 108: 181 – 186.
- POHL-ORF, M., BRAND, U., SCHUPHAN, I. & BARTSCH, D. (1999b): Der Einfluss gentechnisch erzeugter Rhizomania-Resistenz auf das ökologische Verhalten von Hybriden aus Kultur- und Wildrüben. In: SCHIEMANN, J. (Hrsg.): *Freisetzungsbegleitende Sicherheitsforschung mit gentechnisch veränderten Pflanzen und Mikroorganismen*. Proceedings zum BMBF-Workshop 25. - 26. Mai 1998, Braunschweig, S. 101 – 110.
- POHL-ORF, M., BRAND, U., SCHUPHAN, I. & BARTSCH, D. (1999c): Monitoring the environmental impact of transgenic sugar beet *Beta vulgaris* subspec. *vulgaris altissima* Döll – are we able to ask the right questions? In: AMMANN, K., JACOT, Y., SIMONSEN, V. & KIJELLSON, G. (eds.):

- Methods for risk assessment of transgenic plants III.: Ecological risks and aspects of transgenic plants. Birkhäuser, Basel, p. 21 – 26.
- PRESCHER, S. & BÜCHS, W. (1996): Auswirkungen abgestufter Extensivierungsmaßnahmen und selbstbegründender Dauerbrache im Ackerbau bei Fliegen (Dipteren, Brachycera) als Schaderreger, Prädatoren und Zersetzer. Mitt. a. d. Biolog. Bundesanstalt. H. 321, S. 165. Berlin.
- PRESCHER, S. & BÜCHS, W. (1998): Der Einfluß abgestufter Extensivierungsmaßnahmen im Raps- und Erbsenanbau auf nützliche Fliegen. Mitt. a. d. Biolog. Bundesanstalt. H. 357, S. 190 - 191. Berlin.
- PRESCHER, S. & BÜCHS, W. (1999): Fliegenzönosen (Diptera, Brachycera) aus abgestuft extensiv bewirtschafteten Raps- und Erbsenkulturen. Verhandlungen der Gesellschaft für Ökologie, Bd. 29, 265 - 269. Heidelberg, Berlin.
- PUTZ, B. (1989): Kartoffeln – Züchtung, Anbau, Verwertung. Behr's Verlag, Hamburg.
- RAMSEY, G., THOMPSON, C. E., NEILSON, S. & MACKAY, G. R. (1999): Honeybees as vectors of GM oilseed rape pollen. In :LUTMAN, P. J. W.: Gene flow and Agriculture: Relevance for Transgenic Crops. BCPC Symposium Proceedings No 72.
- RAYBOULD, A. F. (1995): Wild Crops. Encyclopedia of Environmental Biology, Volume 3: 551 – 565.
- RAYBOULD, A. F. & GRAY, A. J. (1993): Genetically modified crops and hybridization with wild relatives: a UK perspective. Journal of Applied Ecology 30 (2): 199-219.
- REH, P. (1980): Vergleichende Untersuchungen über die jahreszeitlichen Veränderungen der Fauna von Maisbeständen in der Oberrheinischen Tiefebene und auf der Filderebene, unter besonderer Berücksichtigung räuberischer Gegenspieler des Maiszüglers *Ostrinia nubilalis*. Diplomarbeit, Institut für Phytomedizin der Universität Hohenheim.
- REMANE, A., STORCH, V. & WELSCH, U. (1986): Systematische Zoologie. 3. Aufl., Gustav Fischer Verlag, Stuttgart u. a., 698 S.
- RKI (ROBERT KOCH-INSTITUT, Berlin) (JANUAR 2001). <http://www.rki.de> <http://yellow-fever.rki.de/GENTEC/INVERKEHR/INVKLIST.HTM>
- RICHARDS, K. E. & TAMADA, T. (1992): Mapping functions on the multipartite genome of beet necrotic yellow vein virus. Annu. Rev. Phytopathol 30: 291 – 313.
- ROLOFF, A. & BÄRTELS, A. (1996): Gehölze: Bestimmung, Herkunft und Lebensbereiche. Verlag Eugen Ulmer, Stuttgart, 694 S..
- RÖVER, M., ARNDT, N., POHL-ORF, M. (2000): Analyse der bei Freisetzung von gentechnisch veränderten Pflanzen (GVP) durchgeführten Sicherheitsmaßnahmen in Hinblick auf deren

- Effektivität und Ableitung von Empfehlungen für die künftige Vollzugsarbeit. UBA-Texte 03/00, Berlin.
- ROTHMALER, W. (1990): Exkursionsflora von Deutschland, Band 4, Kritischer Band. Hrsg.: SCHUBERT, R. & VENT, W., Berlin.
- SAAT, T. & DE LAAT, A. (1992): Behavior of engineered vs. Non-engineered plants in the environment: is there a difference? In: CASPER, R. & LANDSMANN, J. (eds.): Proceedings of the 2nd International Symposium on the biosafety results of field tests of genetically modified plants and microorganisms. Biologische Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft, Braunschweig.
- SACHS, E., HEROLD, H. & PLESCHER, A. (Hrsg.) (1991): Wichtige Krankheiten und Schädlinge an Kulturpflanzen in der ehemaligen DDR im Jahre 1990. Mitt. a. d. Biolog. Bundesanstalt. H. 268. Berlin.
- SAEGLITZ, C. (1999): Freisetzung transgener Zuckerrüben (*Beta vulgaris* var. *altissima*). Untersuchungen zur Auskreuzung durch Pollenflug. Diplomarbeit am Lehrstuhl für Biologie V. – Ökologie, Ökotoxikologie, Ökochemie – der RWT Aachen.
- SANDERMANN, H. (1994): Nutzpflanzen mit künstlicher Herbizidresistenz: Verbessert sich die Rückstandssituation? Biochemische Aspekte. Gutachten erstellt im Auftrag der Abteilung „Normenbildung und Umwelt“, Forschungsschwerpunkt Technik-Arbeit-Umwelt, des Wissenschaftszentrums Berlin für Sozialforschung 1993, in: Verfahren zur Technikfolgenabschätzung des Anbaus von Kulturpflanzen mit gentechnisch erzeugter Herbizidresistenz, Heft 6, Berlin.
- SANTONI, S. & BERVILLÉ, A. (1992): Extramarital sex amongst the beets – evidence for gene exchanges between sugar beet (*Beta vulgaris* L.) and wild beets: Consequences for transgenic sugar beets. *Plant Molecular Biology* 20(4): 578 – 580.
- SAXENA, D., FLORES, S. & STOTZKY, G. (1999): Transgenic plants: Insecticidal toxin in root exudates from Bt corn. *Nature* 402: S. 408.
- SAXENA, D. & STOTZKY, G. (2000): Insecticidal toxin from *Bacillus thuringiensis* is released from roots of transgenic Bt corn in vitro and in situ. *FEMS Microbiology Ecology* 33: 35-39.
- SCHEFFLER, J. A. & DALE, P. J. (1994): Opportunities for gene transfer from transgenic oilseed rape (*Brassica napus*) to related species. *Transgenic Research*, 3: 263–278.
- SCHEFFLER, J. A., PARKINSON, R. & DALE, P. 1993: Frequency and distance of pollen dispersal from transgenic oilseed rape (*Brassica napus*). *Transgenic research* 2, 356-364.
- SCHITTENHELM, S. & HOEKSTRA, R. (1995): Recommended isolation distances for field multiplication of diploid tuber-bearing *Solanum* species. *Plant Breeding* 114: 369-371.
- SCHLINK, S. 1994: Ökologie der Keimung und Dormanz von Körnerraps (*Brassica napus* L.) und ihre Bedeutung für eine Überdauerung der Samen im Boden. *Dissertationes Botanicae* 222.

- SCHMIDT, M. & BARTSCH, D. (1996): Zum Einfluß der Zuckerrüben-Saatgutproduktion auf Wildrüben – Ein Beitrag zur ökologischen Risikoabschätzung von gentechnisch veränderten Kulturpflanzen. Verhandlungen der Gesellschaft für Ökologie 26: 575 – 580.
- SCHMITZ, G., BARTSCH, D., MÜCHER, T. (2000): Ökologische Begleitforschung und Monitoring zum Anbau von transgenem Mais mit Bt-Toxinen: Ermittlung relevanter Nicht-Zielorganismen. Vortrag bei der 30. Jahrestagung der GFÖ, September 2000, Kiel
- SCHOLTEN, O.E. & LANGE, W. (2000): Breeding for resistance to rhizomania in sugar beet: A review. Euphytica 112: 219 – 231.
- SCHULTE-KAPPERT, E. (1994): Freilandversuche mit transgenen virusresistenten Zuckerrüben 1993. In: GEN SUISSE (Hrsg.): Gentechnisch veränderte Pflanzen: Folgen für die Landwirtschaft und Umwelt. Gen Suisse, Bern.
- SCHÜTTE, G. (1998a): Vertikaler Gentransfer. In: SCHÜTTE, G., HEIDENREICH, B. & BEUSMANN, V. (Hrsg.) (1998): Nutzung der Gentechnik im Agrarsektor, Band 1, S. 239 – 270. Umweltbundesamt, UBA Texte 47/98, Berlin.
- SCHÜTTE, G. (1998b): Risiken des Anbaus herbizidresistenter Pflanzen. In SCHÜTTE, G., HEIDENREICH, B. & BEUSMANN, V. (1998): Nutzung der Gentechnik im Agrarsektor der USA. Die Diskussion von Versuchsergebnissen und Szenarien zur Biosicherheit. Bd.2. UBA-Texte 47/98. 382-445.
- SCHÜTTE, G. (1998c): Risiken der Einführung transgener, virusresistenter Pflanzen. In: SCHÜTTE, G., HEIDENREICH, B. & BEUSMANN, V. (Hrsg): Nutzung der Gentechnik im Agrarsektor der USA. UBA Texte 47/98, Band 2, Umweltbundesamt, Berlin, S. 509 – 560.
- SCHÜTTE, G., HEIDENREICH, B. & BEUSMANN, V. (1998): Nutzung der Gentechnik im Agrarsektor der USA - Die Diskussion von Versuchsergebnissen und Szenarien zur Biosicherheit. UBA-Texte 47/98.
- SCHÜTTE, G. & RIEDE, M. (1998): *Bacillus thuringiensis*-Toxine in Kulturpflanzen. In: SCHÜTTE, G., HEIDENREICH, B. & BEUSMANN, V. (1998): Nutzung der Gentechnik im Agrarsektor der USA - Die Diskussion von Versuchsergebnissen und Szenarien zur Biosicherheit. UBA-Texte 47/98. Bd. II. 447- 508.
- SCHÜTTE, G. STIRN, S. & BEUSMANN, V. (2000): Sicherheitsforschung, Risikoabschätzung und Nachzulassungsmonitoring transgener Pflanzen. Büro für Technikfolgen-Abschätzung beim Deutschen Bundestag (TAB), Berlin.
- SCHUSTER, C. & DIEPENBROCK, W. (1997): To promote Familiarization with and Acceptance of Crops incorporating Transgenic Technology in modern Agriculture (FACTT). Standort Leipzig-Seehausen.

- SCHWALL, G. P., SAFFORD, R., WESTCOTT, R. J., JEFFCOAT, R., TAYAL, A., SHI, Y. C., GIDLEY, M. J. & JOBLING, S. A. (2000): Production of very-high-amylose potato starch by inhibition of SBE A and B. *Nat. Biotechnol.* 18 (5): 551-554
- SCHWEIZERISCHE RÜCKVERSICHERUNGS-GESELLSCHAFT (1998) Gentechnik und Haftpflichtversicherung. Die Macht der öffentlichen Wahrnehmung. Zürich.
- SCIENTIFIC COMMITTEE ON PLANTS (SCP) (1998): Opinion of the Scientific Committee on Plants regarding submission for placing on the market of genetically modified high Amylopectin potato cultivars apriori and apropos notified by Avebe (Notification C/NL/96/10) – SCP/GMO/044 – (Opinion adopted on October 2, 1998). http://europa.eu.int/comm/food/fs/sc/scp/out24_en.html
- SEBALD, O. & SEYBOLD, S. (1982): Beiträge zur Floristik von Südwestdeutschland VII. Jahreshefte der Gesellschaft für Naturkunde in Württemberg 137, Stuttgart: 99 – 116.
- SHEN, P. & HUANG, H. V. (1986): Homologous recombination in *Escherichia coli*: dependence on substrate, length and homology. *Genetics* 112: 441 – 457.
- SIMPSON, E. C., NORRIS, C. E., LAW, J. R., THOMAS, J. E. & SWEET, J. B. (1999): Gene flow in genetically modified herbicide tolerant oilseed rape (*Brassica napus*) in the UK. In: British Crop Protection Council (ed.): Symposium Proceedings no. 72: Gene Flow and Agriculture – Relevance for Transgenic Crops.
- SKOGSMYR, I. (1994): Gene dispersal from transgenic potatoes to conspecifics: a field trial. *Theor. Appl. Genet.*, 88: 770-774
- SKORUPINSKI, B. (1996): Gentechnik für die Schädlingsbekämpfung. Enke Verlag, Stuttgart, 357 S.
- SMALLA, K. (1995): Horizontal gene transfer from transgenic plants into plant associated microorganisms and soil microorganisms. In: BATS (ed.): Safety of transgenic crops. Environmental and agricultural considerations, p. 29 – 34. Proceedings Basel Forum on Biosafety, Basel.
- SMALLA, K., VAN OVERBEEK, L. S., PUKALL, R. & VAN ELSAS, J. D. (1993): Prevalence of nptII and Tn5 in kanamycin-resistant bacteria from different environments. *FEMS Microbiol. Ecol.*, 13: 47-58.
- SMALLA, K., WELLINGTON, E. & VAN ELSAS, J. D. (1997): Natural background of bacterial antibiotic resistance genes in the environment. In: Nordic Seminar on Antibiotic Resistance Marker Genes and Transgenic Plants, June 12-13, 1997 Oslo, Norway (Norwegian Biotechnology Advisory Board).
- SMALLA, K. & GEBHARD, F. (1999): Freisetzungsbegleitende Sicherheitsforschung: Persistenz transgener Zuckerrüben-DNA im Boden und horizontaler Gentransfer. In: SCHIEMANN, J. (Hrsg.): Freisetzungsbegleitende Sicherheitsforschung mit gentechnisch veränderten Pflanzen und Mikroorganismen. Proceedings zum BMBF-Workshop 25. – 26. Mai 1998, Braunschweig, S. 121 – 136.

- SMALLA, K., GEBHARD, F., HEUER, H. (2000): Antibiotika-Resistenzgene als Marker in gentechnisch veränderten Pflanzen – Gefahr durch horizontalen Gentransfer? Nachrichtenblatt des Deutschen Pflanzenschutzdienstes 52 (3): 62-68.
- SMITH, G. A. (1980): Sugarbeet. In: Hybridization of crop plants. Soc. Agron. Crop. Sci. Soc. Amer. 601 – 616.
- SMOLKA, S., WEBER, C. (2000) Pestizide gegen Missmanagement der Deutschen Bahn AG? Pestizid-Brief (September/Okttober 2000): 2 - 4.
- SNOW, A. A. & JØRGENSEN, R. B. (1999): Fitness costs associated with transgenic glufosinate tolerance introgressed from *Brassica napus ssp oleifera* (oilseed rape) into weedy *Brassica rapa*. In: British Crop Protection Council (ed.): Symposium Proceedings no. 72: Gene Flow and Agriculture – Relevance for Transgenic Crops.
- SPAAR, D., KLEINHEMPEL, H., FRITZSCHE, R. (1989): Getreide, Mais und Futtergräser. Reihe ,Diagnose von Krankheiten und Beschädigungen an Kulturpflanzen‘, Springer, Berlin.
- STACE, C.A. (1992): New Flora of the British Isles. Cambridge University Press, Cambridge.
- STACE, C. A. (1997): New Flora of the British Isles. Second Edition. Cambridge.
- STARK, D. M. & BEACHY, R. N. (1989): Protection against potyvirus infection in transgenic plants: evidence for broad spectrum resistance. Bio/Technology 7: 1257 – 1262.
- STATISTISCHES BUNDESAMT (1998): Land- und Forstwissenschaft, Fischerei. Reihe 3, Landwirtschaftliche Bodennutzung und pflanzliche Erzeugung. Metzer-Poeschel-Verlag, Stuttgart.
- STEIOF, K. (1983): Zur Eignung von Vögeln als Bioindikatoren für die Landschaftsplanung. Natur und Landschaft 9: 340 – 341.
- STEUP, M., KOCH, A., LORBERTH, R. & RITTE, G. (1997): Mögliche Veränderungen ökologischer Parameter in transgenen Kartoffelpflanzen mit Veränderungen im Phosphat- und Kohlenhydratmetabolismus. Studie der Universität Potsdam Institut für Biochemie und Molekulare Physiologie, Potsdam, 43 S.
- SÜDDEUTSCHE ZEITUNG 25. Mai 2000: Gentransfer im Bienendarm - Jenaer Wissenschaftler weisen nach, dass Mikroorganismen im Verdauungstrakt von Insekten Erbgut gentechnisch veränderter Pflanzen aufnehmen
- SUKOPP, U. & SUKOPP, H. (1993): Das Modell der Einführung und Einbürgerung nicht einheimischer Arten. GAIA 2(5): 267 – 288.
- SUKOPP, U. & SUKOPP, H. (1994): Ökologische Langzeiteffekte der Verwilderung von Kulturpflanzen. – (Verfahren zur Technikfolgenabschätzung des Anbaus von Kulturpflanzen mit gentechnisch erzeugter Herbizidresistenz, 4).- Technische Universität Berlin, Institut für Ökologie, Ökosystemforschung und Vegetationskunde, Berlin, 144 S.

- SWEET, J. B., NORRIS, C. E., SIMPSON, E. & THOMAS, J. E. (1999): BCPC Symposium Proceedings 72: Gene flow and agriculture: Relevancs for transgenic crops: 241-46.
- TAMADA, T. & ABE, H. (1989): Evidence that beet necrotic yellow vein virus RNA-4 is essential for efficient transmission by the fungus *Polymyxa betae*. Journal of General Virology 70: 3391 – 3398.
- TAMADA, T. & KUSUME, T. (1991): Evidence that the 75K readthrough protein of beet necrotic yellow vein virus RNA-2 is essential for transmission by the fungus *Polymyxa betae*. Journal of General Virology 72: 1497 – 1504.
- TAPPESER, B., ECKELCAMP, C. & WEBER, B. (2000): Untersuchungen zu tatsächlich beobachteten Effekten von Freisetzungen gentechnisch veränderter Organismen. Umweltbundesamt Wien.
- TEXAS A&M UNIVERSITY, DEPARTMENT OF ENTOMOLOGY (Januar 2001).
<http://entowww.tamu.edu/extension/bulletins/uc/uc-031.html>
- THIES, C., DENYS, C., TSCHARNTKE, T. & ULBER, B. (1997): Der Einfluß von Saumbiotopen und Ackerbrachen auf Schädlinge-Nützlings-Interaktionen im Raps (*Brassica napus ssp. oleifera*). Verhandlungen der Gesellschaft für Ökologie, Bd. 27, 393 - 398. Stuttgart.
- THOMPSON, C. E., SQUIRE, G., MACKAY, G. R., BRADSHAW, J. E., CRAWFORD, J. & RAMSAY, G. (1999): Regional patterns of gene flow and its consequence for GM oilseed rape. In: British Crop Protection Council (ed.): Symposium Proceedings no. 72: Gene Flow and Agriculture – Relevance for Transgenic Crops.
- TIMMONS, A. M., O'BRIEN, E. T., CHARTERS, Y. M., DUBBELS, S. J. & WILKINSON, M. J. (1995): Assessing the risk of wind polination from fields of genetically modified *Brassica napus ssp. oleifera*. Euphytica 85, 417-421.
- TORGERSEN, H. (1996): Ökologische Effekte von Nutzpflanzen – Grundlagen für die Beurteilung transgener Pflanzen? UBA Wien (Hrsg.), Monographien Bd. 74, Wien: 95-112.
- TORSVIK, V., GOSOYR, J., DAAL, F. L. (1990): High diversity in DNA of soil bacteria. Applied and Environmental Microbiology 56, 603-619.
- TRAXLER, A., HEISSENBERGER, A., FRANK, G., LETHMAYER, C. & GAUGITSCH, H. (2000): Ökologisches Monitoring von gentechnisch veränderten Organismen. Monographien Bd. 126. Umweltbundesamt. Wien.
- TREU, R. & EMBERLIN, J. (2000): Pollen dispersal in the crops Maize (*Zea mays*), Oil seed rape (*Brassica napus ssp. oleifera*), Potatoes (*Solanum tuberosum*), Sugar beet (*Beta vulgaris ssp. vulgaris*) and Wheat (*Triticum aestivum*) – Evidence from puplications, Soil Association from the National Pollen Research Unit, Worcester; Bristol. www.soilassociation.org

- TSCHARNTKE, T. (1998): Populationsdynamik in der Agrarlandschaft: Wechselwirkungen zwischen Lebensraum-Inseln. Schr.-R. f. Landschaftspfl. u. Natursch. H. 56, 121-146. Bonn-Bad Godesberg.
- TYNAN, J. L., WILLIAMS, M. K. & CONNER, A. J. (1990): Low frequency of pollen dispersal from field trial of transgenic potatoes. J. Gen. Breed., 44: 303-306.
- ULRICH, A., BECKER, R., HEDTKE, C., AUGUSTIN, C., GOTTWALD, R., HONERMEIER, B., LENTZSCH, P., PATSCHKE, K., ULRICH, K., WIRTH, S. (1998): Ökologische Auswirkungen der Einführung der Herbizidresistenz(HR)-Technik bei Raps und Mais - Gutachten des ZALF e.V. im Auftrag des Landesumweltamtes Brandenburg, Müncheberg.
- VAN DEN DAELE, W. PÜHLER, A., SUKOPP, H. (HRSG.) (1996): Grüne Gentechnik im Widerstreit. VCH-Verlag, Weinheim 147-152.
- VAN RAAMSDONK, L. W. D. & SCHOUTEN, H. J. (1997): Gene flow and establishment of transgenes in natural plant populations. Acta.Bot.Neerl. 46(1): 69 – 84.
- VIGOUROUX, Y., DARMENCY, H., GESTAT DE GARAMBE, T. & RICHARD-MOLARD, M. (1999): Gene flow between sugar beet and weed beet. In: BRITISH CROP PROTECTION COUNCIL (ed.): Gene Flow and Agriculture – Relevance for Transgenic Crops, BCPC Symposium Proceedings no. 72. p. 83 – 88.
- VILLIGER, M. (1999): Effekte transgener insektenresistenter Bt-Kulturpflanzen auf Nichtzielorganismen am Beispiel der Schmetterlinge. Studie herausgegeben vom WWF Schweiz, Zürich.
- VOGEL, B. & TAPPESER, B. (2000): Der Einfluß von Risikodiskussion und Risikoforschung auf die Genehmigungsverfahren zum Inverkehrbringen transgener Pflanzen. Gutachten für das Technikfolgenabschätzungsbüro des Deutschen Bundestages. Freiburg. 172 S..
- WACKERNAGEL, W. & LORENZ, M. (1994): DNA-Entlassung aus Bakterien, DNA-Überdauerung und genetische Transformation im natürlichen Lebensraum. In: FORSCHUNGSZENTRUM JÜLICH GMBH (Hrsg.): Biologische Sicherheit, Band 3, S. 9 - 34.
- WACKERNAGEL, W., BLUM, S. & MEIER, P. (1999): DNA-Entlassung aus transgenen Zuckerrüben während der Vegetations- und Überwinterungsphase und horizontaler Gentransfer im Boden. In: SCHIEMANN, J. (Hrsg.): Freisetzungsbegleitende Sicherheitsforschung mit gentechnisch veränderten Pflanzen und Mikroorganismen. Proceedings zum BMBF-Workshop 25. – 26. Mai 1998, Braunschweig, S. 111 – 120.
- WAHMHOF, W. (2000): Integrierter Rapsanbau. Untersuchungen zur Entwicklung integrierter Produktionsverfahren am Beispiel des Winterrapses (*Brassica napus* L.). Initiativen zum Umweltschutz, Bd. 16. Berlin.
- WARWICK, S.I. & WALL, D.A. (1998): The biology of canadian weeds. 108. *Erucastrum gallicum* (Willd.) O.E. Schulz. Canadian Journal of Plant Science 78(1): 155 – 165.
- Endbericht: Monitoring gentechnisch veränderter Pflanzen

- WATKINSON, A. R., FRECKLETON, R. P., ROBINSON, R. A. & SUTHERLAND, W. J. (2000): Prediction of Biodiversity Response to Genetically Modified Herbicide-Tolerant Crops. *Science* 2000 September 1; 289: 1554-1557.
- WEBER, B. E. G., JÄGER, M. & ECKELKAMP, C. (1998): Ökologische Risiken gentechnisch veränderter virusresistenter Pflanzen. *Verhandlungen der Gesellschaft für Ökologie* 28: 345 – 354.
- WHIPPS, J. M. (1990): Carbon Economy. In: J. M. LYNCH (Hrsg.): *The Rhizosphere*. AFRC Institute of Hort. Res. Littlehampton West Sussex, BN 17 6LP, UK, 458 S.
- WIDMER, F., SEIDLER, R. J., DONEGAN, K. K. & REED, G. L. (1997): Quantification of transgenic plant marker gene persistence in soil microcosms. *Mol. Ecol.*, 6: 1-7.
- WILKE, B.-M. (1994): Verhalten der Komplementärherbizide im Boden. Gutachten erstellt im Auftrag der Abteilung „Normenbildung und Umwelt“, Forschungsschwerpunkt Technik-Arbeit-Umwelt, des Wissenschaftszentrums Berlin für Sozialforschung 1993, in: *Verfahren zur Technikfolgenabschätzung des Anbaus von Kulturpflanzen mit gentechnisch erzeugter Herbizidresistenz*, Heft 7, Berlin.
- WITHNEY, E. D. (1989): Identification, distribution, and testing for resistance to rhizomania in *Beta maritima*. *Plant Disease* 73: 287 – 290.
- WRAIGHT, C. L., ZANGERI, A. R., CARROLL, M. J. & BERENBAUM, M. R. (2000): Absence of toxicity of *Bacillus thuringiensis* pollen to black swallowtails under field conditions. *Proceedings of the National Academy of Science USA* 97 (14): 7700-7703.
- YOUSEF, M. I., SALEM, M. H., IBRAHIM, M. Z., HELMI, S., SEEHY, M. A., BERTHEUSEN, K. (1995): Toxic effects of carbofuran and glyphosate on semen characteristics in rabbits. *J. Environ. Sci. Health*, 30: 513-534.
- ZSCHEISCHLER, J., EßLER, M., STAUDACHER, W., GROß, F., BURGSTALLER, G., STREYL, H., RECHMANN, T. (1990): *Handbuch Mais*. 4. Aufl. DLG-Verlag, Frankfurt.