

TEST BIOTECH

Testbiotech e. V.
Institut für unabhängige
Folgenabschätzung in
der Biotechnologie



Die unkontrollierte Ausbreitung gentechnisch veränderter Organismen – eine Übersicht über aktuelle Fälle und neue Risiken durch die Synthetische Biologie

Andreas Bauer-Pankus, Sylvia Hamberger,
Mirjam Schumm & Christoph Then 2015
www.testbiotech.org

mit Unterstützung der

**grassroots
foundation**

Die unkontrollierte Ausbreitung gentechnisch veränderter Organismen –
eine Übersicht über aktuelle Fälle und neue Risiken durch die Synthetische Biologie

Andreas Bauer-Pankus, Sylvia Hamberger, Mirjam Schumm & Christoph Then 2015
mit Unterstützung der Grassroots-Foundation

Layout & Titelgrafik: Claudia Radig-Willy
unter Verwendung von Grafiken von Fotolia

Impressum

Testbiotech

Institut für unabhängige Folgenabschätzung in der Biotechnologie

Frohschammerstr. 14

D-80807 München

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

Fax: +49 (0) 89 359 66 22

info@testbiotech.org

www.testbiotech.org

Geschäftsführer: Dr. Christoph Then

Inhaltsverzeichnis

Zusammenfassung	4
1. Einleitung	6
2. Neue Hinweise auf die Ausbreitung von Transgenen in bereits bekannten Fällen	9
2.1 Mexiko: Gentechnisch veränderte Mais und Baumwolle	9
2.2 Südkorea: Gentechnisch veränderte Mais, Baumwolle und Soja	11
2.3 Schweiz: Gentechnisch veränderter Raps	12
2.5 China: Gentechnisch veränderter Reis	15
3. Weitere Fälle der Verbreitung von Transgenen und Mängel der Regulierung	17
3.1 Transgene Bäume: Kiefern (USA)	17
3.2 Herbizidtolerante Gräser (USA)	18
3.3 Herbizidtolerante Luzerne (USA)	19
3.4 Weißer Mais (Philippinen)	20
3.5 Mais (Südafrika)	20
3.6 Gentechnisch veränderte Tiere: Moskitos (Brasilien und Panama)	21
4. Zukünftige Fälle und neue Gentechnik-Verfahren	23
4.1 Bt-Auberginen (Indien und Bangladesch)	23
4.2 Gentechnisch veränderte Bäume: Eukalyptus (USA/Brasilien)	24
4.3 Gentechnisch veränderte Tiere: Lachs (Kanada/Panama)	26
4.4 Gentechnisch veränderte Tiere: Olivenfliegen (Europa)	27
4.5 Synthetische Biologie und Synthetische Gentechnik	28
5. Diskussion	32
5.1 Was können wir aus diesen Fällen lernen?	32
5.2 Neue Risiken bedürfen einer zusätzlichen Regulierung	34
6. Schlussfolgerungen und Forderungen	35
Quellen	36

Zusammenfassung

Dieser Bericht gibt einen aktuellen Überblick über Fälle der unkontrollierten Ausbreitung gentechnisch veränderter Organismen, die sich unabhängig von ihrer beabsichtigten Nutzung in der Umwelt verbreiten und vermehren können. Dadurch kann es zu einer dauerhaften Ausbreitung der transgenen Pflanzen und Tiere sowie der neu eingeführten DNA in natürlichen Populationen kommen.

Im „Atlas der unkontrollierten Verbreitung gentechnisch veränderter Pflanzen“ (Bauer-Panskus et al., 2013 a, b) haben wir an Fallbeispielen aufgezeigt, dass transgenen Nutzpflanzen der dauerhafte Sprung in die Umwelt - in natürliche Pflanzenpopulationen - bereits gelungen ist. Der vorliegende Bericht dokumentiert neue Erkenntnisse in Zusammenhang mit diesen bereits bekannten Fällen. Diese betreffen China (Reis), Mexiko (Mais und Baumwolle), Japan (Raps) Südkorea (Baumwolle und Mais) und die Schweiz (Raps).

Neue Beispiele unkontrollierter Ausbreitungen von Transgenen in der Umwelt betreffen weitere transgene Nutzpflanzen, Gräser, Bäume und - erstmals - transgene Tiere: Kiefern (USA), herbizidresistente Gräser (USA), Luzerne (USA), Mais auf den Philippinen und in Südafrika sowie gentechnisch veränderte Mücken (Brasilien und Panama). Dabei ist zu beachten, dass erhebliche Unsicherheiten über das tatsächliche Ausmaß der Verbreitung in der Umwelt bestehen, weil es oft an geeigneten Überwachungssystemen mangelt.

Weitere zukünftige Fälle könnten Bt-Auberginen (Indien/Bangladesch), gentechnisch veränderten Lachs (Nordamerika), Olivenfliegen (Europa) und Eukalyptusbäume (Brasilien) betreffen.

Zusätzlich drohen in der Zukunft erhebliche Risiken durch neue Verfahren der Synthetischen Gentechnik. Mithilfe neuer gentechnischer Verfahren können Organismen mit sogenannten „Gene-Drives“ ausgestattet werden. Die Vererbungsmechanismen sind bei diesen Organismen so verändert, dass sich synthetische Gene wesentlich schneller in natürlichen Populationen ausbreiten.

Die hier dokumentierten Fälle sind auch in Zusammenhang mit einem Aufruf des Büros des Übereinkommens über die biologische Vielfalt (Convention on Biological Diversity, CBD) relevant, das nach Informationen über eine ungewollte grenzüberschreitende Ausbreitung gentechnisch veränderter Organismen und nach möglichen Schutzmechanismen fragt, um negative Auswirkungen für Mensch und Umwelt zu vermeiden.¹ Es besteht kein Zweifel daran, dass viele der hier dokumentierten Fälle das Potenzial für eine spontane, unkontrollierte Ausbreitung über staatliche Grenzen hinweg aufweisen. Zudem bestehen erhebliche Langzeitriskiken in Bezug auf den Erhalt der biologischen Vielfalt.

Die Folgen einer Freisetzung gentechnisch veränderter Organismen, deren Ausbreitung nicht kontrolliert werden kann, lassen sich nicht verlässlich prognostizieren, müssten in einem derartigen Fall doch bei einer Risikoabschätzung evolutionäre Dimensionen berücksichtigt werden. Evolutionäre Prozesse führen aber dazu, dass sich auch Ereignisse mit geringer Wahrscheinlichkeit realisieren können (siehe auch Breckling, 2013). Das macht eine verlässliche Risikoabschätzung unmöglich. Im Hinblick auf das Vorsorgeprinzip muss daher jegliche Freisetzung gentechnisch veränderter Organismen, deren Ausbreitung nicht kontrolliert werden kann, verhindert werden.

Das technische Potenzial der Synthetischen Biologie und der Synthetischen Gentechnik (genome editing) machen das Problem deutlicher denn je. Die Anzahl der verschiedenen gentechnisch veränderten

¹ <https://www.cbd.int/doc/notifications/2015/ntf-2015-002-bs-en.pdf>

Organismen, die freigesetzt werden, könnte in den nächsten Jahren dramatisch ansteigen. Damit steigt auch die Wahrscheinlichkeit negativer Konsequenzen, die Risiken erreichen eine neue Qualität – vor allem wenn die Ausbreitung der Organismen nicht kontrolliert werden kann.

Uns ist keine allgemein verbindliche internationale Gesetzgebung bekannt, die geeignet wäre, die Freisetzung gentechnisch veränderter oder synthetischer Organismen zu verbieten, wenn deren räumliche und zeitliche Kontrolle nicht gewährleistet ist und sich diese auch spontan über Landesgrenzen ausbreiten können. Das existierende Regelwerk scheint nicht hinreichend, um einen unkontrollierten Gen-Austausch zwischen gentechnisch veränderten oder synthetischen Organismen und den natürlichen Populationen zu verhindern.

Wir stehen vor einer grundlegenden Weichenstellung. Es kann keinen Zweifel daran geben, dass die biologische Vielfalt im Zeitalter des „Anthropozäns“ durch menschliche Aktivitäten bereits erheblich beeinträchtigt ist. Gen-Austausch zwischen Wildpopulationen und transgenen Organismen - beziehungsweise Organismen, die mithilfe von Synthetischer Biologie hergestellt werden - bedeuten eine neue Dimension der Gefährdung für die Biodiversität und die Zukunft des Planeten. Werden die Freisetzungen von nicht kontrollierbaren gentechnisch veränderten Organismen nicht gestoppt, müssen alle nachfolgenden Generationen mit neuen Unwägbarkeiten, Risiken und Langzeitfolgen leben, die derzeit oft durch kurzfristiges Gewinnstreben oder mangelnde politische Regulierung verursacht werden.

Es gibt daher einen dringlichen Bedarf für nationale und internationale politische Initiativen. Ausgehend von den Empfehlungen von Bauer-Panskus et al. (2013) schlagen wir vor, internationale Regulierungen zu etablieren, die es ermöglichen, Freisetzungen gentechnisch veränderter oder synthetischer Organismen zu verbieten, falls

- sie sich unkontrolliert verbreiten können, sobald sie vorgesehene Sicherheitsbarrieren überwinden,
- unklar ist, ob die jeweiligen Organismen sich bei Bedarf tatsächlich innerhalb planbarer Zeiträume wieder aus der Umwelt entfernen lassen,
- bereits bekannt ist, dass die Organismen sich unkontrolliert ausbreiten und persistieren können.

1. Einleitung

Seit dem Beginn von Anbau und Freisetzung gentechnisch veränderter Organismen in der Landwirtschaft gibt es die Befürchtung, dass sich transgene Pflanzen unkontrolliert verbreiten und in Wildpopulationen einkreuzen können. Im Jahr 2013, haben wir bereits einen Überblick über dokumentierte Fälle gegeben, in denen gentechnisch veränderte Pflanzen den Sprung vom Acker geschafft haben und sich in der Umwelt etablieren konnten (Bauer-Panskus et al., 2013 a, b).

Diese Publikation umfasste Beispiele für folgende gentechnisch veränderte Pflanzen:

- › Weißes Straußgras in den USA
- › Baumwolle in Mexiko
- › Mais in Mexiko
- › Raps in Kanada, USA, Japan, Australien und Europa
- › Virusresistente Papaya in Thailand
- › Pappeln in China
- › Bt-Reis in China

Die Fallstudien behandelten insbesondere spontane Auswilderungen gentechnisch veränderter Pflanzen sowie die Gen-Übertragung in natürliche Populationen und in regionale Landsorten.

In Nord- und Mittelamerika muss man inzwischen davon ausgehen, dass Transgene bei Arten wie Straußgras, Raps, Baumwolle sich dauerhaft oder zumindest über einen nicht eingrenzbaeren Zeitraum in der Umwelt und in natürlichen Populationen ausbreiten können.

Die Ursachen sind unterschiedlich: Zusätzlich zum kommerziellen Anbau und zu Freisetzungsversuchen zeigen einige Studien, dass die Ausbreitung von Transgenen auch über den Import keimfähiger Körnern für die Verarbeitung in Futter- und Lebensmitteln möglich ist.

In diesem ersten Überblick werden verschiedene Empfehlungen für politische Initiativen gemacht. So wird gefordert,

- › Maßnahmen zu ergreifen, um die weitere Ausbreitung der gentechnisch veränderten Organismen zu stoppen;
- › umfassende Regulierungen zu verabschieden, um das Vorsorgeprinzip zu stärken;
- › die Freisetzung gentechnisch veränderter Organismen vorsorglich zu verbieten, wenn sie nicht wieder aus der Umwelt entfernt werden können.

Um diese Empfehlungen zu unterstreichen, haben 2014 mehrere Umweltorganisationen einen Aufruf an die Vertragsstaaten des internationalen Cartagena-Protokolls des Übereinkommens über die biologische Vielfalt gerichtet, die Ausbreitung gentechnisch veränderter Organismen in der Umwelt zu stoppen.²

2 www.stop-the-spread-of-transgenes.org/

Dokumentation: Text des NGO-Aufrufs aus dem Jahr 2014 an die Vertragsstaaten des Übereinkommens über die Biologische Vielfalt (CBD) und des Cartagena-Protokolls über die biologische Sicherheit

Stoppt die unkontrollierte Ausbreitung gentechnisch veränderter Organismen!

Verschiedene Beispiele für die unkontrollierte Ausbreitung gentechnisch veränderter Pflanzen in der Umwelt sind bereits dokumentiert: Baumwolle in Mexiko, Raps in Nordamerika, Japan, Australien und der Schweiz sowie Gräser in den USA. Darüber hinaus wurden wiederholt Transgene in regionalen oder ursprünglichen Sorten gefunden, so zum Beispiel in mexikanischem Mais und in Reis aus China. Dieser Trend, der immer häufiger zu einer unkontrollierten Ausbreitung in der Umwelt führt, gibt auch Anlass zur Sorge, wenn es um neue Entwicklungen wie die Freisetzung gentechnisch veränderter Bäume, Fische und Insekten sowie die Herausforderungen durch die Synthetische Biologie geht.

Gentechnische Veränderungen und Synthetische Biologie bedeuten einen radikalen Bruch mit dem, was über die Leitplanken der Vererbung, der Gen-Regulierung und des Austauschs von genetischer Information bekannt ist. Die Fähigkeit von Lebewesen, sich im Rahmen von evolutionären Mechanismen und den natürlichen Grundlagen der Vererbung weiterzuentwickeln, kann als ein wesentlicher Aspekt des Schutzes der biologischen Vielfalt angesehen werden. Wie man sich darum bemüht, die Ökosysteme vor dem Eintrag langlebiger giftiger Stoffe zu schützen, so muss auch die Umwelt vor einer unkontrollierten Ausbreitung synthetischer oder gentechnisch veränderter Organismen geschützt werden. Über kurz oder lang haben diese Organismen die Fähigkeit zur Vermehrung, sich auf unvorhersehbare Weise zu verändern und mit anderen Organismen in Wechselwirkung zu treten, wodurch sie zu einem erheblichen Risiko für die ökologischen Systeme und deren Stabilität werden können.

Damit besteht das Risiko, dass wir die ursprüngliche biologische Vielfalt der Nutzpflanzen nicht erhalten können, weil sich die Entwicklungsdynamik in wilden Populationen und den ursprünglichen Sorten verändert. Wir können uns hier nicht auf Gen-Banken verlassen, in denen nur ein kleiner Teil der tatsächlichen biologischen Vielfalt erhalten werden kann, die in den Ursprungsregionen und Zentren der biologischen Vielfalt vorhanden ist.

Aus Sicht des Gesetzgebers ist eine räumliche und zeitliche Kontrolle über gentechnisch veränderte Organismen zwingend erforderlich. Dies ist eine unverzichtbare Voraussetzung für jede seriöse Risikobewertung: Es ist nicht möglich, belastbare Aussagen über die Folgen der Freisetzung technisch veränderter Organismen zu machen, wenn sie sich in der Umwelt ausbreiten und Teil evolutionärer Prozesse werden. Zudem verlangt Artikel 17 des internationalen Cartagena-Protokolls (Bestandteil des Übereinkommens über die biologische Vielfalt), dass das Risiko für eine unbeabsichtigte Ausbreitung gentechnisch veränderter Organismen über die Landesgrenzen ausgeschlossen oder zumindest minimiert wird. Die steigende Zahl von Fällen unkontrollierter Ausbreitung gentechnisch veränderter Organismen verstärkt aber das Risiko einer grenzüberschreitenden Ausbreitung erheblich. →

1. Einleitung

Schließlich kann das Vorsorgeprinzip nur dann umgesetzt werden, wenn gentechnisch veränderte Organismen im Notfall auch wieder aus der Umwelt entfernt werden können. Das aber ist unmöglich, sobald sich die Organismen z. B. in natürlichen Populationen verbreiten oder sich im Saatgut anreichern.

Da alle gentechnisch veränderten Organismen ein Risiko für Mensch und Umwelt sein können, verlangen wir insbesondere ein Verbot der Freisetzung, des Imports und des kommerziellen Anbaus gentechnisch veränderter Organismen, wenn

- › sich gentechnisch veränderte Organismen unkontrolliert verbreiten können, sobald sie Sicherheitsbarrieren überwinden;
- › sie sich bei Bedarf nicht wieder aus der Umwelt entfernen lassen;
- › bereits bekannt ist, dass die Organismen persistieren und sich unkontrolliert ausbreiten können;
- › ihre Freisetzung zu einer Anreicherung in lokalen Sorten und im Genpool unserer Nutzpflanzen in den Zentren der biologischen Vielfalt führen kann.

Jüngst hat das Sekretariat des Übereinkommens über die biologische Vielfalt (Convention on Biological Diversity, CBD), einen Aufruf gestartet, Informationen bereitzustellen bezüglich

tatsächlicher Fälle unbeabsichtigter grenzüberschreitender Ausbreitung und zu Fallstudien in Bezug auf existierende Mechanismen für Notfallmaßnahmen bei einer unkontrollierten Ausbreitung gentechnisch veränderter Organismen, die wahrscheinlich einen erheblichen negativen Effekt auf die Bewahrung und die nachhaltige Nutzung der biologischen Vielfalt haben, unter Berücksichtigung möglicher gesundheitlicher Risiken, einschließlich von Informationen über Schnellwarnmechanismen und Überwachungssystemen.³

Mit diesem Bericht beabsichtigen wir, entsprechende Informationen bereitzustellen und eine aktuelle Übersicht über tatsächliche, potenzielle und zukünftige Fälle einer unkontrollierten Ausbreitung gentechnisch veränderter Organismen zu geben.

³ <https://www.cbd.int/doc/notifications/2015/ntf-2015-002-bs-en.pdf>

2. Neue Hinweise auf die Ausbreitung von Transgenen in bereits bekannten Fällen

Nachdem 2013 ein erster globaler Überblick gegeben wurde (Bauer-Panskus et al., 2013 a, b), wird hier über neue Erkenntnisse zu einigen der bereits bekannten Fälle berichtet. Diese betreffen China (Reis), Mexiko (Mais und Baumwolle), Japan (Raps) Südkorea (Baumwolle und Mais) und die Schweiz (Raps).

2.1 Mexiko: Gentechnisch veränderte Mais und Baumwolle



a) Bisherige Erkenntnisse: Mais

Mexiko ist Herkunfts- und Vielfaltszentrum der Kulturpflanze Mais (*Zea mays*). Die Präsenz von transgenem Mais in Mexiko wurde durch eine Studie von Wissenschaftlern der Universität von Berkeley bekannt, die transgene Konstrukte in traditionellen Maissorten in Sierra Juárez (Bundesstaat Oaxaca) im Südosten von Mexiko fanden (Quist & Chapela, 2001). Die Ergebnisse wurden von anderen Wissenschaftlern bestätigt (Piñeyro-Nelson et al., 2009; Serratos-Hernández et al., 2007; Dyer et al., 2009; Mercer und Wainwright, 2008). Eine NAFTA-Kommission stellte fest (CEC, 2004), dass Maisimporte aus den USA für das Vorkommen von transgenem Mais verantwortlich waren. US-Mais wurde als Nahrungsmittelhilfe eingeführt, aber weder als gentechnisch verändert gekennzeichnet noch so verarbeitet, dass er nicht mehr keimfähig ist. Aller Wahrscheinlichkeit nach wurde der importierte Mais von mexikanischen Bauern als Saatgut genutzt und fand so seinen Weg in das traditionelle Landwirtschaftssystem, das auf dem Tausch von Saatgut basiert (Dyer et al., 2009). Allerdings wurde das tatsächliche Ausmaß der Präsenz von Transgenen in mexikanischem Mais bislang nur ungenügend untersucht.



b) Bisherige Erkenntnisse: Baumwolle

Mexiko ist eines der Herkunftszentren der Baumwollpflanze. Die wild wachsende Art ist die Grundlage für fast alle heute angebaute kommerziellen Baumwollsorten. Populationen der wilden Baumwolle (*G. hirsutum*) treten vor allem in den Küstenregionen der südlichen Bundesstaaten Mexikos auf. In einer vor Kurzem erschienenen Publikation wird die Wildart als eine wichtige Quelle für die Erweiterung der genetischen Basis für die Zucht beschrieben (Coppens d'Eeckenbrugge et al., 2014) Wegier et al. (2011) zeigten jedoch, dass transgene Konstrukte aus gentechnisch veränderter Baumwolle in diese wilden Baumwollpopulationen eingekreuzt sind, obwohl kommerziell angebaute transgene Baumwolle fast ausschließlich in Nord- und Mittelmexiko kultiviert wird. Die Anbauggebiete liegen mehrere Hundert Kilometer von den Gebieten mit der wilden Baumwolle entfernt.

In jeder vierten Probe ließen sich eines oder mehrere transgene Konstrukte nachweisen, insgesamt war rund die Hälfte der Wildpopulationen von einer transgenen Einkreuzung betroffen. In mehreren Proben wurden sogar mehrere gentechnische Konstrukte mit bis zu vier Transgenen gefunden, auch solche, die in keiner der weltweit auf dem Markt verfügbaren gentechnisch veränderte Baumwollsorten

2. Neue Hinweise auf die Ausbreitung von Transgenen in bereits bekannten Fällen

vorkommen. Als mögliche Ursache dieser Ausbreitung gelten Transporte ungemahlener Baumwollsaamen aus den USA. US-Baumwollsaatgut wird vor dem Export nach Mexiko nicht gemahlen und bleibt somit keimfähig. Trotzdem sind die Gründe für die Ausbreitung noch nicht vollständig verstanden.

c) Neue Erkenntnisse

Im Jahr 2015 erschien ein Bericht in einer mexikanischen Zeitung,⁴ der anhand von Dokumenten mehrerer mexikanischer Behörden⁵ umfangreiche Transportverluste von transgenem Mais und Baumwolle über mehrere Jahre hinweg aufzeigte. Allein zwischen 2010 und 2013 wurden demnach Verluste von etwa 800 Tonnen transgenem Mais und transgener Baumwolle in Chihuahua, Guanajuato und Veracruz gemeldet. Ursache für alle diese Fälle waren Unfälle, z. B. das Entgleisen von Zügen.

Tabelle 1: Gemeldete Fälle von Verlusten von transgenem Mais und Baumwolle in Mexiko von 2010 bis 2013 (Quelle: Contralinea).

Jahr	Bundesstaat	Verluste (Tonnen)	Pflanzenart	Company
2010	Veracruz	631	Mais	CPIngredientes
2010	Guanajuato	20	Mais	Almidones Mexicanos
2010	Guanajuato	20	Mais	Almidones Mexicanos
2011	Chihuahua	86,32	Baumwolle	Monsanto, Bayer
2012	Guanajuato	41,5	Mais	Monsanto
2012	Chihuahua	4	Baumwolle	Monsanto
2013	Chihuahua	?	Baumwolle	?

Insgesamt meldeten Unternehmen dabei den Verlust von 712,5 Tonnen gentechnisch veränderter Maiskörner und 90,32 Tonnen gentechnisch veränderter Baumwollsaamen.

Laut den für die biologische Sicherheit zuständigen Behörden wurden Biosicherheitsmaßnahmen durchgeführt, um die Ausbreitung von transgenem Material zu stoppen, in der Regel in Form von Beobachtung und der Entfernung von Durchwuchs. Anhand der verfügbaren Informationen ist allerdings die Dauer der Überwachungszeit nicht ersichtlich. Es bleibt auch unklar, ob die Behörden in allen Fällen von unbeabsichtigtem Verlust benachrichtigt wurden. Es gibt zudem keine Informationen über frühere Vorfälle von Zugentgleisungen bzw. die bei diesen Vorfällen ergriffenen Maßnahmen. In Ermangelung weiterer Informationen über die oben beschriebenen Transportverluste - vor allem von transgener Baumwolle (siehe Wegier et al., 2011) - sind Transportverluste eine wahrscheinliche Quelle für die Präsenz von Transgenen in Mexiko.

4 <http://contralinea.info/archivo-revista/index.php/2015/01/18/trasnacionales-liberan-por-accidente-800-toneladas-detrasgenicos/>

5 Comisión Intersecretarial de Bioseguridad de los Organismos Genéticamente Modificados (Cibiogem), Instancia del Poder Ejecutivo federal integrada por los titulares de las secretarías de Agricultura, Ganadería, Desarrollo Rural, Pesca y Alimentación (Sagarpa); Medio Ambiente y Recursos Naturales (Semarnat); Salud; Educación Pública; Hacienda y Crédito Público, y Economía, así como por el director general del Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (Conacyt)

2.2 Südkorea: Gentechnisch veränderte Mais, Baumwolle und Soja

a) Bisherige Erkenntnisse

Ein Zeitungsartikel berichtete im Jahr 2013, dass das südkoreanische Nationale Institut für Umweltforschung (NIER) in verschiedenen Teilen des Landes Pflanzen auf die Präsenz von Transgenen getestet hatte (Jeong-su, K., 2013). Im Jahr 2012 nahm das Institut 626 Proben von Soja-, Raps-, Mais- und Baumwollpflanzen in der Nähe von Häfen und Fabriken, in denen importierte gentechnisch veränderte Pflanzen verarbeitet werden. Proben wurden auch auf landwirtschaftlichen Betrieben und an Straßenrändern genommen. Dabei wurden 42 Proben aus 19 Regionen positiv auf die Präsenz von Transgenen getestet. Maispflanzen waren am häufigsten betroffen. Laut dem Bericht wurden, neben Einzelpflanzen, auch ganze Populationen von transgenen Pflanzen in der Nähe der landwirtschaftlichen Betriebe gefunden. Bereits in früheren Studien waren gentechnisch veränderte Pflanzen in der Nähe von Importhäfen gefunden worden (Lee et al, 2009; Park et al., 2010). Jüngere Analysen zeigen, dass einige der Pflanzen von epigenetischen Veränderungen betroffen sind, die auf mögliche unerwünschte Nebeneffekte der Gentransformation hindeuten (Waminal et al., 2013).



b) Neue Erkenntnisse

Nach Angaben der koreanischen Presse wurden im Jahr 2013 weitere Tests durch das Nationale Institut für Umweltforschung (NIER) durchgeführt. Die Analysen ergaben, dass 21 Proben aus 18 Regionen (von insgesamt 521 Proben) positive Befunde aufwiesen.⁶

Die meisten positiven Proben (neun) wurden in der Nähe von tierhaltenden Betrieben gefunden. Gentechnisch veränderte Pflanzen traten auch entlang von Transportrouten (sechs) und in der Nähe von Futtermittelwerken (drei) auf. Der NIER-Bericht kommt zu dem Schluss, dass die Präsenz transgener Pflanzen wahrscheinlich auf den Import von Mais und Baumwolle zurückzuführen ist, die auf dem Weg zu den Fabriken und landwirtschaftlichen Betrieben verschüttet wurden.

Beim aktuellen Informationsstand bleibt allerdings unklar ist, ob Genfluss in Wildformen der betroffenen Kulturpflanzen stattfindet, ob die Populationen persistent sind oder sich aufgrund von ständigen Transportverlusten etabliert haben. Das Beispiel Südkorea, zeigt die vom Anbau unabhängige Etablierung gentechnisch veränderter Pflanzen in der Umwelt. Davon sind sogar verschiedene Pflanzenarten betroffen.

6 http://english.hani.co.kr/arti/english_edition/e_national/675062.html

Findings of GMO crops growing in local ecosystems

Data: National Institute of Ecology GMO Environmental Risk Assessment Team

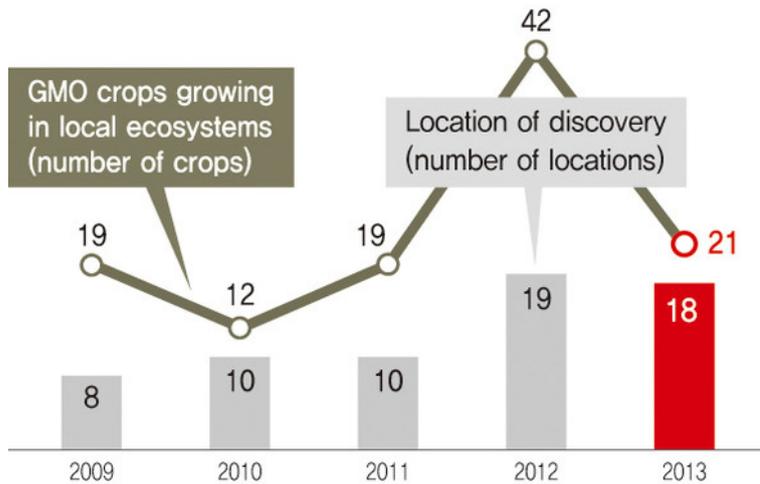


Abbildung 1: Gentechnisch veränderte Pflanzen in lokalen Ökosystemen in Südkorea 2009 – 2013 (Quelle: Hankyoreh, NIER)

2.3 Schweiz: Gentechnisch veränderter Raps



a) Bisherige Erkenntnisse

In der Schweiz wurde eine empirische Studie über Transportverluste von gentechnisch verändertem Raps durchgeführt (Schönenberger & D'Andrea, 2012). Dabei wurde in Proben die Präsenz eines Enzyms nachgewiesen, das Pflanzen tolerant gegenüber Herbiziden mit dem Wirkstoff Glyphosat macht. Die hohe Anzahl positiver Proben war insofern bemerkenswert, weil die Einfuhr von transgenem Raps in der Schweiz seit 2008 verboten ist. Die Ergebnisse ließen den Schluss zu, dass transgene Rapspflanzen entlang von Eisenbahnstrecken für längere Zeit überleben konnten, da umfangreiche Glyphosat-Spritzaktionen entlang der Bahndämme selektive Vorteile verschafften. Eine weitere Studie (Hecht et al., 2013) bestätigte diese Ergebnisse und identifizierte Ladeterminale und Bahnhöfe als besondere Risikobereiche.



b) Neue Erkenntnisse

In einer neuen Veröffentlichung (Schulze et al., 2014) wurde verwilderter gentechnisch veränderter Raps (Event GT73, Monsanto) an Bahnlinien und in Hafengebieten in der Schweiz gefunden. Dabei wurden erstmals auch glufosinatesistente Pflanzen der Linien MS8xRF3, MS8 und RF3 (der Firma Bayer) festgestellt. Analysen zeigten zudem Auskreuzungen des GT73-Raps in zwei nicht-gentechnisch veränderte Rapspflanzen. Schulze et al. fanden allerdings keine Auskreuzung von Transgenen in verwandte Wildarten der Rapspflanze.

Eine kürzlich durchgeführte Nachfolgestudie von Schulze et al. (2015) untersuchte die möglichen Quellen für die Präsenz von herbizidtolerantem Raps entlang der Transportrouten in der Schweiz. Die Analysen zeigten Spuren der Raps-Events GT73, MS8 x RF3, MS8 und RF3 als Verunreinigung in Lieferungen von Hartweizen aus Kanada.

Den dargestellten Ergebnissen sollte sorgfältig nachgegangen werden, da sie möglicherweise weitreichende Konsequenzen für die Regulierung gentechnisch veränderter Pflanzen haben:

In der Studie wurden nur Spuren (durchschnittlich 0,005 %) von gentechnisch verändertem Raps in kanadischem Hartweizen gefunden. Dieser geringe Anteil liegt unterhalb 0,1% und damit unterhalb des Grenzwertes, ab dem das Referenzlabor der Europäischen Union Verunreinigungen für statistisch hinreichend nachweisbar hält. Das bedeutet, dass manche Verunreinigungen bei Importen von Lebens- und Futtermitteln wahrscheinlich nicht erkannt werden und das Entkommen von Rapsamen (oder von anderem transgenem Saatgut) in die Umwelt eine allgegenwärtige und ständige Quelle des unbeabsichtigten Freisetzung transgener Pflanzen werden kann.

Die Ergebnisse zeigen zudem, dass – insbesondere im Fall von Raps – nicht nur Pflanzenarten, bei denen transgene Linien auf dem Markt sind, routinemäßig auf die Präsenz gentechnischer Konstrukte getestet werden müssten.

Intensiver geforscht werden sollte auch in Bezug auf die Vermischung in Kanada, da es verschiedene Ursachen für das Vorkommen von Rapskörnern in Lieferungen von Hartweizen geben kann. Zum Beispiel könnte es Durchwuchs-Raps in Getreidefeldern geben, oder eine Kontamination könnte auch durch Beimischung in Getreidesilos erfolgen.

c) Neue wissenschaftliche Erkenntnisse in Bezug auf die Persistenz von Raps in der Umwelt

Transgener Raps hat ein hohes Potential für Überdauerung und Ausbreitung in der Umwelt. Grund dafür sind die biologischen Eigenschaften der Pflanze, wie z. B. weite Auskreuzungsdistanzen, Pollentransfer durch bestäubende Insekten und durch Wind, lange Überdauerungsfähigkeit der Samen im Boden. Zudem kann Raps mit vielen anderen Brassica-Arten, von denen einige als Unkräuter gelten, hybridisieren. Laut Gressel (2015) stellt transgene Herbizidresistenz ein großes Risiko für die weitere Verbreitung dar wenn sie in unkrautartige Verwandte einkreuzt. Genfluss von Raps auf verwandte Spezies wurde kürzlich unter anderem von Garnier et al. (2014) und Liu et al. (2013) untersucht. Beide Studien unterstreichen den Aspekt der Unsicherheit in der Risikobewertung solcher Pflanzen. Nach Wang et al. (2013) kann z. B. EPSPS-Überexpression in Rapspflanzen die Ausprägung der Glyphosatresistenz in Unkräutern fördern und diesen dadurch Fitnessvorteile verschaffen.

Verwilderte Rapspflanzen und deren Persistenz in der Umwelt sind auch Gegenstand aktueller wissenschaftlicher Studien. Nach Banks (2014) hat sich Ruderalraps in Schottland so weiträumig ausgebreitet, dass er mittlerweile fester Bestandteil der Landschaft geworden ist.

It has become part of the native weed and wildflower community, but to date has had no major ecological impact. The long term demographic changes in feral oilseed rape that were found in the 11 year study could not have been predicted from the initial early years when there were few populations or from prior estimates of risk carried out at small spatial scales.

2.4 Japan: Gentechnisch veränderter Raps



a) Bisherige Erkenntnisse

Obwohl kein transgener Raps in Japan angebaut wird, werden dort gentechnisch veränderte Rapspflanzen gefunden, deren Präsenz auf Importe zurückgeführt wird. Die ersten Studien über Funde von transgenem Raps in Japan wurden 2005 veröffentlicht (Saji et al., 2005). Dabei wurden transgene Pflanzen, die resistent gegen Glyphosat oder Glufosinat waren, in der Nähe von Häfen wie Kashima, Chiba, Nagoya und Kobe gefunden, sowie entlang von Transportrouten in der Nähe von Industrieanlagen, wo Raps verarbeitet wird. Folgestudien zeigten, dass Ruderalpopulationen auch entlang anderer Transportrouten (Nishizawa et al., 2009) und in Gebieten in der Nähe von anderen großen Häfen (wie Shimizu, Yokkaichi, Mizushima, Hakata oder Fukushima) auftreten (siehe zum Beispiel Kawata et al., 2009; Mizuguti et al., 2011).



Darüber hinaus kamen Mizuguti et al. (2011) zu dem Schluss, dass Rapspopulationen in der Lage sind, sich über längere Zeiträume zu erhalten. Analysen zufolge steigt der Anteil von transgenem Raps der Ruderalpopulationen stetig. Im Jahr 2008 erwiesen sich 90 Prozent aller in der Nähe des Hafens Yokkaichi getesteten Pflanzen als gentechnisch verändert. Die ersten transgenen Hybridpflanzen, eine Kreuzung aus *B. napus* und *B. rapa*, wurden ebenfalls in Yokkaichi gefunden (Aono et al., 2011). Aono et al. (2006) wiesen auch herbizidtolerante transgener Rapspflanzen nach, die in Folge von Hybridisierung tolerant gegen die beiden Herbizide Glyphosat und Glufosinat waren.

b) Neue Erkenntnisse

Eine Studie, die mit Unterstützung von japanischen Behörden (Katsuta et al., 2015) durchgeführt wurde, untersuchte Veränderungen in der Verteilung der Rapspopulationen und das Auftreten von gentechnisch veränderten Rapspflanzen in der Nähe von Häfen zwischen den Jahren 2006 und 2011. Dabei wurden gentechnisch veränderte *B. napus*-Pflanzen in Gebieten rund um 10 der 12 untersuchten Häfen gefunden. Allerdings variierte der Anteil von transgenem Raps an den Rapspopulationen nach Jahr und Standort. Der Umfang einiger Populationen erhöhte oder verringerte sich, so dass kein allgemeiner Trend festgestellt werden konnte.

An einigen Standorten blieben die Populationen von gentechnisch veränderten Pflanzen stabil, obwohl keine weiteren Importe erfolgt waren. Im Gegensatz zu anderen Autoren wie Schafer et al. (2011) und Aono et al. (2011) konnten die Autoren keine Kreuzungen zwischen genetisch veränderten *B. napus* und der eng verwandten Art *B. rapa* finden. Auch Kreuzungen zwischen *B. juncea* und *B. napus* wurden nicht beobachtet. Die Autoren schlossen daraus, dass gentechnisch veränderter Raps in Japan bislang kein Anzeichen für Invasivität zeigt.

Die Autoren gehen allerdings nicht den Hinweisen aus früheren Untersuchungen nach, die auf eine veränderte Biologie der transgenen Rapspflanzen hindeuten. Laut Forschungsergebnissen aus Japan könnten sich zum Beispiel die Eigenschaften von verwilderten, herbizidresistenten Rapspflanzen unter

dem Einfluss der klimatischen Bedingungen geändert haben. So waren einige der untersuchten Pflanzen größer als normal. Zudem waren sie mehrjährig geworden (Kawata et al., 2009). Dies stellt eine massive Veränderung der Biologie der Pflanzen dar. Alle übrigen der in Japan angebaute Brassica-Arten sind lediglich einjährig. Mehrjährige Formen von Raps könnten erhebliche Auswirkungen auf die Populationsdynamik haben, da eine höhere Wahrscheinlichkeit für die Verbreitung von genetischem Material besteht, da die Pflanzen über längere Zeiträume überdauern. Dies könnte als Faktor betrachtet werden, der auf eine höhere Fitness hinweist. Die Autoren gingen auch auf andere Publikationen nicht ein, die zum Beispiel zeigen, dass Raps in Schottland bereits zu einem Teil der nativen Unkraut- und Wildblumenflora geworden ist (Banks, 2014). Die genannte Studie steht in Widerspruch zu einigen allgemeinen Annahmen von Katsuta et al. über die Biologie von *B. napus*. Zudem: Obwohl weitere Daten veröffentlicht wurden, wurde die Datenerhebung bereits 2011 beendet. Daher können neuere Entwicklungen bei Persistenz oder Invasivität aus der Veröffentlichung nicht abgeleitet werden.

2.5 China: Gentechnisch veränderter Reis



a) Bisherige Erkenntnisse

In China gibt es bislang keinen kommerziellen Anbau von gentechnisch verändertem Reis. Dennoch werden in der EU seit dem Jahr 2005 verschiedene transgene Reislinien in Importen aus China gefunden. In den meisten Fällen handelt es sich dabei um die Bt-Reislinien Bt63 und KeFeng6. Bt63 wurde erstmals in Freilandversuchen um das Jahr 2000 angebaut. Vermutlich verkauften Wissenschaftler einer staatlichen Universität in der Region Hubei den Bt-Reis ohne offizielle Genehmigung an Bauern aus der Region (Greenpeace, 2005 a, b). Im Jahr 2011 fanden deutsche Behörden Spuren von nicht zugelassenem transgenem Reis in 16 von 561 Proben in importierten Lebensmitteln aus China (BVL, 2012). Interessanterweise zeigt die Analyse einer Kontaminationsdatenbank, dass Reis die höchste Zahl von Kontaminationsfällen aller Pflanzenarten in den Jahren 1997 bis 2013 verursacht hat (Anteil rund ein Drittel aller Funde), obwohl offiziell in keinem Land der Welt gentechnisch veränderter Reis kommerziell angebaut wurde (Price & Cotter, 2015). Für viele dieser Vorfälle sind Kontaminationen mit Bt63-Reis aus China verantwortlich.



b) Neue Erkenntnisse

Die bisherigen Ergebnisse wurden durch Berichte von Journalisten und die Ergebnisse staatlicher Kontrollen im Jahr 2014 untermauert. Laut den Untersuchungsergebnissen wurde gentechnisch veränderter Reis auf Märkten in zwei südlichen Provinzen (Hubei und Hunan) verkauft. Entsprechende Vorwürfe wurden zunächst von einem TV-Netzwerk erhoben. Sie wurden durch Nachforschungen des Pekinger Entry-Exit Inspection and Quarantine Bureau bestätigt, nachdem in Proben aus beiden Provinzen transgene Pflanzen entdeckt wurden.⁷

7 www.globalvoicesonline.org/2014/07/28/chinas-state-media-reveals-unapproved-genetically-modified-rice-is-on-the-market/; <http://www.scmp.com/news/china/article/1560737/genetically-modified-rice-found-sale-wuhan-supermarket>

c) Neue wissenschaftliche Erkenntnisse in Bezug auf Genfluss bei Reis

Mehrere neuere Studien zeigen bei Reis nach wie vor zahlreiche Unklarheiten in Bezug auf Genfluss und Persistenz. So zeigte eine neue Publikation, dass die Pollenflugdistanz bislang unterschätzt wurde. Pu et al. (2014) stellten bei Feldstudien in China fest, dass Insekten, insbesondere Honigbienen, von Reis-pflanzen angezogen werden und fruchtbaren Pollen über weite Strecken transportieren. Andere Publikationen erforschten den Genfluss von Reis zu unkrautartigem wilden und zeigten hier ein beträchtliches Risiko für die Verbreitung von Transgenen.

In Regionen, in denen vor allem Saatgut aus der eigenen Ernte ausgebracht wird, konnten zum Beispiel Serrat et al. (2013) zeigen, dass ein hohes Risiko für das Auftreten von gentechnisch verändertem roten unkrautartigem Wildreis bestand, der sich von Jahr zu Jahr ausbreitete.

Zuletzt fanden Yang et al. (2014) heraus, dass die Einkreuzung von Transgenen (Bt-Genen) in Unkraut-Reis die Vererbungsmuster der hybriden Nachkommen erheblich verändern kann. Die Autoren schlossen daraus, dass Transgene, die Selektionsvorteile liefern (wie Bt-Gene, besonders bei hohem Schädlingsbefall), evolutionäre Auswirkungen auf Hybrid-Nachkommen haben können.

3. Weitere Fälle der Verbreitung von Transgenen und Mängel der Regulierung

In einzelnen Ländern ist keine Regulierung vorgesehen

In Staaten wie den USA gibt es bereits zum jetzigen Zeitpunkt Unsicherheiten über die aktuelle und zukünftige Präsenz bestimmter gentechnisch veränderter Organismen (GVO) in der Umwelt, denn die Gentechnik-Rechtsvorschriften in den USA sind lückenhaft. So werden bestimmte Eigenschaften gentechnisch veränderter Organismen von diesen Vorschriften ausgenommen. Für diese Eigenschaften verlangen die zuständigen Behörden keine Risikobewertung. Zudem muss der Antragsteller nicht öffentlich bekannt geben, ob Feldversuche durchgeführt werden und welche Gene in den Pflanzen verwendet werden

Die Lücken im US-Regulierungssystem wurden im Jahr 2010 bekannt, als das Unternehmen Scotts das US-Landwirtschaftsministerium (USDA) davon überzeugte, eine von der Firma entwickelte glyphosat-tolerante Wiesenrispengras nicht unter staatlicher Überwachung zu stellen (Waltz, 2011). Das Landwirtschaftsministerium verlangt eine Regulierung von transgenen Pflanzen nur dann, wenn beim Herstellungsprozess „Pflanzenschädlinge“ – nach Auslegung der US-Behörden ist damit genetisches Material von Bakterien und Viren gemeint – verwendet werden.⁸

In den letzten Jahren hat das USDA Ausnahmegenehmigungen für verschiedene transgene Pflanzen erteilt. Camacho et al. (2014) und Ledford (2013) geben einen Überblick über gentechnisch veränderte Pflanzen, die nicht den US-Regulierungsvorschriften unterstellt sind. Mit dem Fehlen staatlicher Überwachung liegen auch keinerlei öffentlichen Informationen vor, ob die Pflanzen Feldversuche durchlaufen haben oder sich bereits auf dem Markt befinden.

3.1 Transgene Bäume: Kiefern (USA)



Im Januar 2015 wurde bekannt, dass das US-Landwirtschaftsministerium eine von dem US-Unternehmen ArborGen entwickelte gentechnisch veränderte Baumart nicht regulieren wird. Die Loblolly genannte Kiefernart *Pinus taeda* (Weihrauch-Kiefer) von ArborGen wurde mit genetischem Material aus einer anderen Kiefernart (*Pinus radiata*), den Bakterien *E. coli* und *Liquidambar styraciflua* und der Pflanzenart *Arabidopsis thaliana* produziert.⁹ Den vorliegenden Informationen zufolge soll die von ArborGen entwickelte Kiefernart eine höhere Holzdichte aufweisen.



Die Kiefern können nun in Feldversuchen angebaut und ohne weitere staatliche Regulierung oder eine Umweltverträglichkeitsprüfung in den Handel gebracht werden. Die „Loblolly-Pine“ ist in den USA weit verbreitet und die wirtschaftlich wichtigste Nutzholz liefernde Baumart in den südöstlichen Bundesstaaten der USA. Eine Verbreitung in umliegende natürliche Wälder wird unvermeidlich sein, wenn die gentechnisch veränderten Bäume kommerzialisiert werden. Dieses Szenario wird durch

⁸ www.centerforfoodsafety.org/press-releases/3713/new-genetically-engineered-tree-to-avoid-federal-oversight-completely

⁹ www.aphis.usda.gov/wps/portal/?1dmy&urile=wcm:path:/aphis_content_library/sa_our_focus/sa_biotechnology/sa_regulations/ct_reg_loi

3. Weitere Fälle der Verbreitung von Transgenen und Mängel der Regulierung

wissenschaftliche Publikationen wie die von Williams et al. (2006) untermauert, die zeigten, dass die Wahrscheinlichkeit der Ausbreitung transgener Kiefernnsamen über Entfernungen von mehr als 1 km nahezu 100 % beträgt. Kiefern sind dafür bekannt, dass sie ihre Pollen mit dem Wind über viele Kilometer verbreiten können.

3.2 Herbizidtolerante Gräser (USA)



Außer den von ArborGen entwickelten Kiefern gibt es auch andere Fälle gentechnisch veränderter Pflanzen, die in den USA nicht von Regulierungsmaßnahmen betroffen sind. Aufschluss hierüber geben Dokumente auf der USDA-Seite „Regulated Letters of Inquiry“.¹⁰ So zeigen die dort veröffentlichten Briefwechsel, dass Scotts Miracle-Gro mehrere transgene Graslinien entwickelt hat, die laut USDA nicht unter die Aufsicht der Behörde fallen:



- gentechnisch veränderter Rohrschwengel (*Festuca arundinacea*), der kürzer, dicker und von dunklerem Grün als konventionelle Sorten ist. Das genetische Material stammt aus verschiedenen nicht genannten Pflanzen und wurde mittels „Gen-Kanone“ erzeugt. Nach Angaben des Unternehmens muss das Gras weniger oft gemäht und gedüngt werden. Die Linie ist zudem resistent gegen Glyphosat (Waltz, 2015);
- gentechnisch verändertes St. Augustine-Gras (*Stenotaphrum secundatum*) und Wiesenrispengras (*Poa pratensis*), die ebenfalls von kürzerem Wuchs, dicker, von dunklerem Grün und glyphosatresistent sind.

Nach Waltz (2015) befinden sich Wiesenrispengras und St. Augustine-Gras derzeit im Stadium von Feldversuchen. Scotts Rohrschwengel-Sorten werden derzeit in Gewächshäusern getestet.

Wissenschaftliche Erkenntnisse besagen, dass ein Entweichen transgener Grassorten unvermeidlich scheint. So gilt beispielsweise das Wiesenrispengras als invasive Art mit Unkrauteigenschaften. Eine kürzlich veröffentlichte Studie beschreibt den Invasionsprozess in den USA und zeigt, dass die Wiesenrispe sich als dominante Spezies in einigen Prärien in den nördlichen Great Plains sowie in North und South Dakota etabliert hat (DeKeyser et al., 2015).

¹⁰ http://www.aphis.usda.gov/wps/portal/?1dmy&urile=wcm:path:/aphis_content_library/sa_our_focus/sa_biotechnology/sa_regulations/ct_reg_loi

3.3 Herbizidtolerante Luzerne (USA)



Herbizidtolerante Luzerne, die gegen Herbizide mit dem Wirkstoff Glyphosat resistent ist, wurde in den USA im Jahr 2011 in den Handel gebracht. Im Jahr 2013 wurde sie laut der Industrie-Lobbygruppe ISAAA auf über 750.000 Hektar angebaut.¹¹ Obwohl bekannt ist, dass Luzerne eine Hochrisikopflanze im Hinblick auf Unkrauteigenschaften und Persistenz in der Umwelt ist, gibt es noch keine empirischen Studien über das mögliche Entkommen der Transgene von Anbauflächen in die Umwelt. Die Ergebnisse der vom US-Landwirtschaftsministerium durchgeführten Untersuchungen über die Effekte transgener Luzerne auf Landschaftsebene sind noch nicht veröffentlicht.¹² Die vorliegenden Studien zeigen jedoch, dass die Biologie von Luzerne einen Verwilderungsprozess begünstigen kann. Bagavathiannan & Van Acker (2009) wiesen diesbezüglich unter anderem auf folgende Eigenschaften der Pflanze hin:

„high genetic diversity, perenniality, quick regrowth potential, persistence, symbiotic nitrogen fixation, deep tap root system, drought and cold tolerance, and seed dormancy. With these traits, alfalfa is equipped to invade and dominate unmanaged habitats. Feral alfalfa populations can and will act as bridges for long-distance gene flow and facilitate the adventitious presence of novel traits in the environment.“

Es bleibt daher eine offene Frage, ob und wie eine unkontrollierte Ausbreitung transgener Luzerne in die Umwelt unterbunden werden kann.

Ein möglicher Genfluss zu verwandten Wildarten ist für Nordamerika unwahrscheinlich, da keine sexuell kompatiblen wilden Verwandten von Luzerne existieren. Laut einer offiziellen Risikobewertung aus Kanada gilt dies jedoch nicht für andere Regionen der Welt wie Europa, Asien, den Nahen Osten und Nordafrika. In diesen Regionen gibt es eine Vielzahl wilder Verwandter von *Medicago sativa* sowie anderer mehrjähriger *Medicago*-Arten. Eine Einkreuzung von transgener Luzerne in wilde Verwandte ist hier leicht möglich.¹³



11 www.isaaa.org/resources/publications/biotech_crop_annual_update/download/biotech-crop-annual-update-alfalfa.pdf

12 www.ars.usda.gov/research/projects/projects.htm?accn_no=424252

13 www.inspection.gc.ca/plants/plants-with-novel-traits/applicants/directive-94-08/biology-documents/medicago-sativa-l/eng/1330981151254/1330981232360#b7

3.4 Weißer Mais (Philippinen)



Gentechnisch veränderter Mais, der gegenüber Herbiziden resistent gemacht wurde und Insektengift produziert, wird auf den Philippinen seit 2002 angebaut. Viele Landwirte auf den Philippinen verwenden die Ernte auch als Saatgut. Deswegen können sich die Transgene in den regionalen Sorten anreichern, sobald ein Genaustausch stattgefunden hat. Tatsächlich wurden bei einer Untersuchung von Greenpeace in vielen traditionellen Sorten von weißem Mais entsprechende Kontaminationen gefunden. (Greenpeace, 2013).



Weißer Mais ist nach Reis eine der wichtigsten Nahrungspflanzen auf den Philippinen. Es ist das Grundnahrungsmittel für etwa 20 Prozent der Bevölkerung, vor allem in südlichen Regionen der Visayas und von Mindanao. Analysen von Proben, die auf einem Markt in Mindanao gekauft wurden, zeigten mit bis zu 40 Prozent Einkreuzungen von zwei verschiedenen Varianten von Gentechnik-Mais.

Ein Grund für diese großflächige Kontamination ist das Versagen der Behörden bei der Registrierung der gentechnisch veränderten Sorten, die kommerziell gehandelt werden. Die Landwirte können aufgrund unzureichender Informationen oft nicht erkennen, welche Sorten gentechnisch verändert sind. Zudem ist die Gesetzgebung unzureichend, um die regionalen Landsorten zu schützen. Greenpeace warnt deswegen, dass auch der Anbau von sogenanntem „Golden Rice“ auf den Philippinen zu einer großflächigen Kontamination regionaler Reissorten führen wird, für die die Philippinen ein Zentrum der biologischen Vielfalt sind.

3.5 Mais (Südafrika)



Die Persistenz von Transgenen in informellen Saatgut-Tauschsystemen in Südafrika wurde vor Kurzem festgestellt und beschrieben. Südafrika ist dabei ein Beispiel für eine Tradition, in der die Wiedernutzung von Saatgut und Saatguttausch üblich sind. Dies kann zur Ausbreitung und Persistenz von Transgenen in Mais auf lokaler oder regionaler Ebene beitragen.



Gentechnisch veränderter Mais wurde in Südafrika im Jahr 1997 eingeführt. Iversen et al. (2014) analysierten in einer kürzlich erschienenen Studie Transgene in Maispflanzen (Blätter) und Saatgutchargen in einem Dorf, wo über mehrere Jahre insektenresistenter Bt-Mais angebaut worden war. Transgenes Material wurde dabei in nur einer der 796 Blattproben gefunden. Allerdings wurden in zwei (10 %) der Saatgutchargen Gene des Bt-Mais MON810 festgestellt. Diese Ergebnisse deuten darauf hin, dass Verunreinigungen durch MON810-Mais unbeabsichtigt ein fester Bestandteil des lokalen Mais-Saatgutes geworden sind. Laut der Studie hatten die betroffenen Bauern in beiden Fällen keine Kenntnis von der Präsenz des Gentechnik-Mais in ihrem Saatgut. Die Autoren folgerten, dass Bt-Mais sich außerhalb des offiziellen Saatgutmarktes unkontrolliert verbreitet:

3. Weitere Fälle der Verbreitung von Transgenen und Mängel der Regulierung

that transgenes are mixed into seed storages of small-scale farming communities where recycling and sharing of seeds are common, i.e. spread beyond the control of the formal seed system.

Die Autoren stellten zudem fest, dass die Bedingungen in Südafrika typisch für Staaten des globalen Südens sind. Kennzeichen dafür ist ein hoher Anteil an kleinbäuerlicher Landwirtschaft, der das Management von transgenen Pflanzen aus verschiedenen Gründen zu einer sehr schwierigen Aufgabe macht.

... fields of different farmers are close together, informal practices of seed recycling and sharing are more common, several different varieties of maize are commonly planted together, and the small fields make it comparatively more inconvenient to include buffer zones between non-GM and GM crops.

Aufgrund der geringen Stichprobengröße ist die Aussagekraft dieser Studie allerdings begrenzt. Die Ergebnisse müssten daher durch Studien in größerem Maßstab bestätigt werden. Dennoch entsprechen die Ergebnisse Modellen für eine mögliche Ausbreitung und Persistenz von Transgenen in kleinbäuerlichen Strukturen, die zum Beispiel durch Aheto et al. (2011) dargestellt wurden. Dort wird gezeigt, dass gentechnisch veränderte Organismen auch dann in Kulturpflanzen überdauern können, wenn deren Zulassung abgelaufen ist oder zurückgezogen wurde. Aheto et al. (2013) folgern, dass die Einführung transgener Pflanzen in kleinbäuerliche Agrarsysteme in Afrika aus ökologischer Perspektive zu einer unkontrollierbaren großflächigen Verbreitung und Überdauerung solcher Pflanzen führen wird.

... from an ecological perspective, introduction of GM crops would lead to uncontrolled large-scale spread and persistence of transgenes within the small-scale agricultural systems in Africa with unpredictable recombination and evolution in crop meta-population.

3.6 Gentechnisch veränderte Tiere: Moskitos (Brasilien und Panama)



Die gentechnisch veränderten männlichen Stechmücken „OX513A“ von Oxitec sollen sich mit weiblichen Tieren in den Wildpopulationen paaren und so Nachwuchs hervorbringen, der im Larvenstadium stirbt. Dazu sollen Millionen von Gentechnik-Mücken freigesetzt werden, um die natürlichen Populationen so weit wie möglich zu reduzieren. Die Mücken, die bei den Experimenten freigesetzt werden, gehören zur Spezies *Aedes aegypti* (Gelbfiebermücke oder ägyptische Tigermücke), die unter anderem Dengue Fieber übertragen kann. Diese Oxitec-Mücken sind gentechnisch so verändert, dass sie im Larvenstadium sterben, wenn sie keinen Zugang zum Antibiotikum Tetracyclin bekommen, das als chemischer Botenstoff nötig ist, um das Überleben der Tiere im Labor zu ermöglichen.

Es gibt jedoch mehrere Mechanismen, die den Tieren ermöglichen, in der Umwelt zu überleben:¹⁴ Auch im Labor überleben etwa 3 % der Nachkommen der Oxitec-Moskitos bis zur adulten Phase, obwohl sie keinen Zugang zu Tetracyclin hatten (Phuc et al., 2007). Wurden sie mit Katzenfutter gefüttert, das



¹⁴ Die folgenden Informationen stammen von der NGO GeneWatch UK (GeneWatch UK, 2014).

3. Weitere Fälle der Verbreitung von Transgenen und Mängel der Regulierung

Hühnerfleisch mit Rückständen des Antibiotikums enthielt, stieg die Überlebensrate auf bis zu 15-18 %. Oxitec hielt diese Informationen zunächst zurück,¹⁵ gab später aber in einer Publikation eine Überlebensrate von 18 % für Larven an, die Zugang zu Katzenfutter hatten (Massonnet-Bruneel et al., 2013). Es gibt eine Reihe von Studien, die zeigen, dass sich *Aedes aegypti* auch in Tanks vermehren können, die mit Antibiotika wie Tetracyclinen verunreinigt sind.¹⁶ Auch der Zugang zu Lebensmittelresten, die Fleisch mit Antibiotikarückständen enthalten, können die Überlebensrate von transgenen *Aedes aegypti* stark erhöhen.

Oxitec verwendet für ihre Mücken zucht im Labor ein Futter, das 30 µg/ml Tetracyclin enthält. Auch die Tetracyclin-Derivate Oxytetracyclin (OTC) und Doxycycline (DOX, es wird zur Vorbeugung von Malaria verwendet) können es den Moskitos ermöglichen, sich fortzupflanzen. Oxytetracyclin wurde in Konzentrationen von mehr als 500 µg/g in Tierkot und Doxycycline bis zu 78516,1 µg/kg (Trockengewicht) in Kot von Masthähnchen gemessen, was sehr wahrscheinlich mehr als genug ist, um das Überleben der Mücken zu ermöglichen, weil die tödlichen Gene deaktiviert werden.¹⁷ Das Problem, dass sich die gentechnisch veränderten Stechmücken in Gebieten fortpflanzen können, die mit Tetracyclinen belastet sind, wurde weder bei der Risikoabschätzung in Brasilien noch in Panama berücksichtigt.

Der Prozentsatz der überlebenden Mücken könnte sich erhöhen, wenn die Mücken eine Resistenz gegenüber den tödlichen Genen entwickeln (Alphey et al., 2011). Ist die Überlebensrate erhöht, sinkt der Erfolg bei der Verringerung der Populationen, und die gentechnisch veränderten Mücken können in den Wildpopulationen überleben.

Die Freisetzungen von Oxitec starteten in Brasilien 2011 und 2014 in Panama. In Brasilien wurden auch kommerzielle Freisetzungen genehmigt, obwohl die Ergebnisse aus den vorangegangenen Feldversuchen nicht publiziert wurden. Zudem wurden die Bestimmungen des Cartagena-Protokolls des Übereinkommens über die biologische Vielfalt verletzt: Weder Brasilien noch Panama haben das Biosafety Clearing House über die Freisetzungen informiert.

15 GeneWatch, Friends of the Earth, Third World Network PR: „Company conceals evidence that genetically modified mosquitoes may have high survival rate in wild (12th January 2012)“, [www.genewatch.org/article.shtml?als\[cid\]=492860&als\[itemid\]=569476](http://www.genewatch.org/article.shtml?als[cid]=492860&als[itemid]=569476)

16 Zu den Quellen siehe GeneWatch UK, 2014.

17 zu den Quellen siehe GeneWatch UK, 2014

4. Zukünftige Fälle und neue Gentechnik-Verfahren

Die folgenden Kapitel geben einen Überblick über weitere zu erwartende Fälle. Diese betreffen Bt-Auberginen (Indien/Bangladesch), gentechnisch veränderten Lachs (Nordamerika), Olivenfliegen (Europa) und Eukalyptusbäume (Brasilien). Die Beispiele sind mit Sicherheit nicht erschöpfend. Es gibt zudem viele Unsicherheitsfaktoren. So werden die beschriebenen Mängel bei Überwachung und Regulierung auf die weitere Entwicklung erheblichen Einfluss haben. Zum Beispiel könnten der sogenannte „Goldene Reis“ oder gentechnisch veränderte Pappeln in China (siehe Then & Hamberger, 2010) eine große Bedeutung für die weitere Ausbreitung von Transgenen in der Umwelt erlangen. Auch können zum Beispiel spezielle gentechnisch veränderte Gräser und Algen, die zur Energieproduktion genutzt werden sollen, zu einer weiteren Quelle der Ausbreitung von Transgenen werden (Then et al., 2010).

Zusätzlich drohen in der Zukunft erhebliche Risiken durch neue Verfahren der Synthetischen Gentechnik. Mithilfe neuer gentechnischer Verfahren können Organismen mit sogenannten „Gene-Drives“ ausgestattet werden. Die Vererbungsmechanismen sind bei diesen Organismen so verändert, dass sich synthetische Gene wesentlich schneller in natürlichen Populationen ausbreiten.

4.1 Bt-Auberginen (Indien und Bangladesch)



Die Aubergine (*Solanum melongena*) wurde in Südostasien aus der Wildart *Solanum incanum* domestiziert. Das primäre Vielfaltszentrum liegt in der indo-burmesischen Region, wo auch halb domestizierte

Sorten und auch unkrautartige Verwandte vorkommen. Diversifizierung führte zu der Entwicklung mehrerer Sekundär-Diversitätszentren (Hurtado et al., 2015).

In Indien wurde die Vermarktung von Bt-Auberginen im Jahr 2009 genehmigt. Aufgrund von öffentlichem Widerstand wurde diese Vermarktung jedoch wieder gestoppt, und ein Zulassungs-Moratorium verhängt. Allerdings wurden im Jahr 2014 Freisetzungsvorhaben zugelassen.¹⁸ Da Indien ein Vielfaltszentrum für diese Pflanzenarten darstellt, gibt es Be-

denken, dass transgene Sorten zu Auskreuzungen in traditionelle Sorten und wilde oder unkrautartige verwandte Arten führen werden.

Obwohl Untersuchungen des Potenzials für Pollenfluss von Kulturpflanze zu Wildformen rar sind, bestätigt eine aktuelle Studie, dass Hybridisierung zwischen Kultur- und Wild-Aubergine in Südindien möglich ist. In den Pflanzen vorhandene Transgene können sich demnach in benachbarten Populationen der Wild-Aubergine verbreiten (Davidar et al. 2015).

Eine weitere Studie (Mutegei et al., 2015) untermauert die Bedeutung der Wild-Aubergine für die zukünftige Züchtungsarbeit. Sie hat laut den Autoren wegen ihrer Bedeutung für die zukünftige Züchtung einen hohen Schutzwert. Die Pflanze

ranks high among crops whose wild gene pools are underrepresented in ex situ collections and warrant urgent conservation.



¹⁸ Siehe auch: www.hindustantimes.com/india-news/govt-allows-field-trials-for-gm-mustard-brinjal/article1-1279197.aspx

4. Zukünftige Fälle und neue Gentechnik-Verfahren

Obwohl der Anbau von Bt-Auberginen in Indien nicht erlaubt ist, besteht der Verdacht, dass Saatgut von Bt-Auberginen aus Bangladesch in den indischen Bundesstaat Bengal geschmuggelt und dort von Landwirten angebaut wird.¹⁹ In Bangladesch wurde der Anbau von Bt-Auberginen (Event EEI, Handelsname BARI Bt Begun-1, -2, -3 und -4) im Jahr 2013 genehmigt. Auch Bangladesch gilt als ein Herkunftszentrum der Auberginen. Die Vielfaltszentren der Pflanze umfasst ganz Südostasien bis hin zu den Philippinen. Auch dort wurden etwa im Jahr 2010 Feldversuche mit Bt-Auberginen gestartet (Samuels, 2012).

4.2 Gentechnisch veränderte Bäume: Eukalyptus (USA/Brasilien)



Es gibt bislang zwei bedeutende Fälle von Freisetzung gentechnisch veränderter Eukalyptusbäume, einen in Brasilien und einen in den USA.

Im April 2015 genehmigte die zuständige brasilianische Behörde CTNBio die kommerzielle Nutzung einer von der Firma Futuragene hergestellten transgene Eukalyptuslinie.²⁰ Die Bäume wurden so verändert, dass sie höhere Fasererträge erzielen sollen.

Die Entscheidung der Behörde wurde auch deswegen kritisiert, weil die Vertragsstaaten der CBD in einer Konferenz im Jahr 2008 in einem Beschluss²¹, entschieden hatte, dass insbesondere bei transgenen Bäumen das Vorsorgeprinzip angewendet werden sollte.

Die CTNBio ignorierte die Entscheidung der CBD und erklärte:

*Trans-boundary movement of transgenic eucalyptus plantlets or seeds is highly improbable and accidental seed propagation elsewhere is even more improbable... Therefore the release of this GM tree is solely a Brazilian question and no other country or group of countries has the right to interfere in our decision.*²²

Im Gegensatz zu Brasilien haben US-Behörden die Vermarktung gentechnisch veränderter Eukalyptusbäume noch nicht gestattet. Allerdings werden in südlichen US-Bundesstaaten seit mehreren Jahren großflächige Freisetzungsversuche durchgeführt. Dabei handelt es sich um sogenannten frosttoleranten Eukalyptus (FTE) der Firma ArborGen. Das Unternehmen hat im Jahr 2013 einen Antrag auf Deregulierung des Produkts eingereicht, in dem erklärt wird:

FTE lines [...] were developed by the introduction of the Crepeat Binding Factor (CBF2) gene from Arabidopsis into a fast growing but freeze susceptible commercial hybrid genotype of E. grandis x E. urophylla. The potential for reduced growth by overexpression of CBF genes in the FTE lines has been significantly mitigated by the use of a cold-inducible promoter that limits the expression of the CBF gene under conditions where this would not be desirable. In addition to the CBF2 gene, these FTE lines contain a



19 www.business-standard.com/article/news-ians/commercial-bt-brinjal-seeds-infiltrating-bengal-from-bangladesh-114110501181_1.html

20 <http://labiotech.eu/futuragenes-genetically-modified-eucalyptus-approved-in-brazil/>

21 <https://www.cbd.int/decision/cop/?id=11648>

22 <http://stopgetrees.org/wednesday-email-from-ctnbio-member-paulo-paes-de-andrade/>

*selectable marker used extensively in plant transformation and a gene expression cassette that prevents pollen development. This pollen control cassette provides an additional level of confinement by restricting gene flow from the FTE lines.*²³

Die Ausbreitung und Persistenz von Eukalyptusbäumen wird in der Regel dadurch begrenzt, dass die Bäume nicht frosttolerant sind. Dagegen wurden die Eukalyptusbäume in diesem Fall mit einem klaren Fitnessvorteil ausgestattet. Der Anbau dieser Bäume könnte sich auf den ganzen Südosten sowie den Nordwesten der USA ausdehnen.²⁴

Die Bäume wurden zwar gentechnisch so verändert, dass eine unkontrollierte Verbreitung von genetischem Material in die Umwelt begrenzt werden soll, aber angesichts der Lebensdauer der Bäume ist es unklar, ob diese mittels Gentechnik eingebauten Mechanismen langfristig sicher genug sein werden und die funktionelle genetische Stabilität des entsprechenden Konstrukts in allen Bäumen erhalten bleibt.

Biologie von Eukalyptus

Die Gattung Eukalyptus gehört zur Familie der Myrtaceae. Es existieren etwa 500 Arten, von denen die meisten in Australien heimisch sind. Eukalyptus ist der häufigste Plantagenbaum weltweit, der in Regionen wie Nord- und Südamerika, Europa, Afrika, dem Nahen Osten, China und Indien kultiviert wird. Die wichtigsten Arten sind *Eucalyptus grandis*, *E. urophylla*, *E. pellita*, *E. globulus*, *E. nitens*, *E. dunnii*, *E. camaldulensis*, *E. tereticornis* und *E. saligna* sowie mehrere Hybriden wie *E. urophylla* x *E. grandis*.

Viele Arten sind eng verwandt und können miteinander hybridisieren. Auch von Langstreckenverbreitung über mehrere Kilometer hinweg wurde berichtet (Beispiele dafür werden diskutiert in OECD, 2014). So wiesen Ashton und Sandiford (1988) beispielsweise natürliche Fr-Hybride zwischen *E. regnans* und *E. macrorhyncha* in Waldgebieten nach, die sich mehr als fünf Kilometer entfernt von den nächsten Vorkommen von *E. regnans* befanden. Eukalyptusarten werden vor allem von Vögeln, Insekten und Säugetieren bestäubt, was eine Verbreitung über lange Distanzen begünstigt. Die wichtigsten Bestäuber von Eukalyptus sind Bienen, Fliegen und Käfer (OECD, 2014).

Das Potenzial von Eukalyptus, sich über Plantagen hinaus in der Umwelt zu verbreiten oder sogar als invasive Art aufzutreten, wurde in der Literatur häufig diskutiert. Der Atlas invasiver Pflanzenarten der USA zählt sechs Eukalyptusarten als invasive Art in Naturgebieten auf:²⁵

<i>Tasmanian bluegum</i>	<i>Eucalyptus globulus</i> Labill.
<i>redbox</i>	<i>Eucalyptus polyanthemus</i> Schauert
<i>swampmahogany</i>	<i>Eucalyptus robusta</i> Sm.
<i>black peppermint</i>	<i>Eucalyptus salicifolia</i> (Sol.) Cav.
<i>forest redgum</i>	<i>Eucalyptus tereticornis</i> Sm.

In einer brasilianischen Studie wurden die Fähigkeiten zur Invasivität von *E. grandis* und *E. grandis* x *E. urophylla* untersucht. Als Ergebnis sah man bei den genannten Arten kein Risiko für die heimische

23 <http://www.noticeandcomment.com/Petition-for-Determination-of-Non-regulated-Status-for-Freeze-Tolerant-Hybrid-Eucalyptus-Lines-fn-21240.aspx>

24 Center for Food Safety: Genetically Engineered Trees: The New Frontier of Biotechnology. <http://www.centerforfoodsafety.org/reports/2637/genetically-engineered-trees-the-new-frontier-of-biotechnology>

25 www.invasiveplantatlas.org/trees.html

4. Zukünftige Fälle und neue Gentechnik-Verfahren

Vegetation (da Silva et al., 2011). Neuere wissenschaftliche Untersuchungen zeigen aber eine hohe Unsicherheit in Bezug auf das Risiko, dass die transgenen Bäume in Wildpopulationen entkommen:

- Catry et al. (2015) zeigten eine massive Dominanz von *Eucalyptus globulus* in Portugal. Verwilderte Bäume wurden in 60 % der Proben und in allen untersuchten Naturräumen gefunden.
- Costa e Silva et al. (2014) zeigten, dass Genfluss über weite Distanzen zwischen Populationen von *Eucalyptus globulus* in Tasmanien zu Heterosiseffekten führte. Die Autoren schlossen: *heterosis derived from long-distance pollinations may be sufficient to counter local mal-adaptation, at least in the first generation.*
- Für die USA zeigten Lorentz & Minogue (2014), dass die existierenden Modelle zur Vorhersage der Wahrscheinlichkeit von Invasivität bei Eukalyptus zu keinen eindeutigen Ergebnissen führen.
- Für Florida zeigen Daten von Lorentz und Minogue (2015), dass sich Eukalyptus unter bestimmten Bedingungen innerhalb oder in der Nähe von Plantagen etablieren kann. Demnach sind *E. grandis* und *E. camaldulensis* in einigen Regionen Floridas bereits heimisch geworden und zeigen ein hohes Risiko für invasives Verhalten.

4.3 Gentechnisch veränderte Tiere: Lachs (Kanada/Panama)



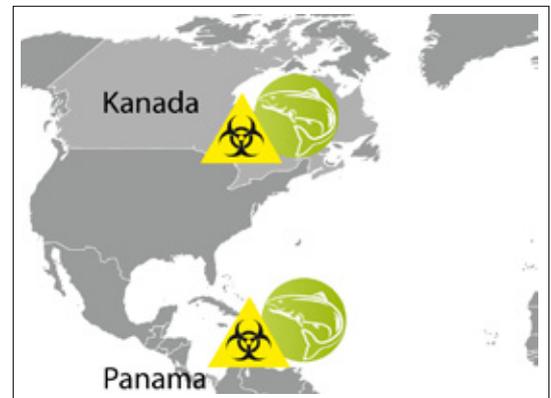
Mit Fremdgenen für Wachstumshormone manipulierter Atlantiklachs (*Salmo salar*) der Firma Aquabounty Technologies ist eine der ersten transgenen Tierarten, die für den kommerziellen Einsatz in Betracht kommt (AquAdvantage-Lachs). Dieser gentechnisch veränderte Lachs befindet sich in Nordamerika kurz vor der Kommerzialisierung.

Der Lachs wurde mit einem zusätzlichen Gen aus dem Pazifischen Chinook-Lachs ausgestattet, das den Wachstumshormon-Haushalt reguliert, sowie einem Promotor aus dem Meeresschellfisch. Diese Gene ermöglichen es den Fischen,

das ganze Jahr über zu wachsen, und nicht nur im Frühjahr und Sommer. Der Zweck der gentechnischen Veränderung besteht darin, die Geschwindigkeit, mit der der Fisch wächst, zu steigern, ohne dass sich dabei die Endgröße der Fische ändert. Die mögliche Zulassung dieses gentechnisch veränderten Lachses gibt Anlass zur Sorge, dass die Fische aus den Zuchtstationen entkommen und ernste Schäden an Wildlachspopulationen und Ökosystemen anrichten könnten.

Nach Angaben von Aquabounty wird das Unternehmen verschiedene Sicherheitsmaßnahmen ergreifen, die ein Entweichen der transgenen Fische verhindern sollen. So will Aquabounty zum Beispiel lediglich sterile weibliche Fische produzieren. Zudem will das Unternehmen die Gentechnik-Lachse in einem komplexen Verfahren bis zur Marktreife behandeln:

Zunächst sollen die Eier in einer Aquabounty-Zuchtstation auf der Prince-Edward-Insel in Kanada ausgebrütet werden. Im nächsten Schritt sollen die Fische in einer auf dem Festland in Panama aufgebauten Zuchtstation gemästet und verarbeitet und schließlich in die USA verschifft werden.



Allerdings zeigte die Risikobewertung der US Food and Drug Administration (FDA), dass die Behauptung von Aquabounty, nur sterile weibliche Fische einzusetzen, teilweise unrichtig ist. Laut den Daten der Behörde könnten bis zu 5 % der Fische fruchtbar und reproduktionsfähig sein.²⁶

Eine Studie kanadischer Wissenschaftler aus dem Jahr 2011 kam zudem zu dem Ergebnis, dass transgener Atlantik-Lachs sich im Fall des Entkommens fortpflanzen und sein Genmaterial erfolgreich an Wildlachse weitergeben könnte (Moreau et al., 2011).

Eine weitere Publikation von Sundström et al. (2014) zeigte, dass transgene Fische erhebliche Effekte auf Ökosysteme haben würden. Nach Aussagen der Forscher würden die gentechnisch veränderten Lachse Überleben und Wachstum von Populationen, mit denen sie sich kreuzen würden, vor allem dann empfindlich stören, wenn sie zunächst in den Zuchtbecken heranwachsen könnten und vor ihrem Entkommen unter Zuchtbedingungen ihr volles Wachstumspotenzial realisieren.

4.4 Gentechnisch veränderte Tiere: Olivenfliegen (Europa)



2013 und 2015 stellte die Firma Oxitec einen Antrag, gentechnisch veränderte Olivenfliegen (*Bactrocera oleae*) in einem Freilandversuch in Spanien (Katalonien) zu testen.²⁷ Die Oxitec-Fliegen sind mit synthetischer DNA ausgestattet, die aus einer Kombination des Erbguts von Meeresorganismen, anderer Insekten, Bakterien und Viren besteht. Die gentechnisch veränderten männlichen Insekten sollen sich mit den weiblichen Fliegen in den natürlichen Populationen paaren und so ihr künstliches Erbgut verbreiten. Im Ergebnis soll die natürliche Population der Olivenfliege reduziert und vielleicht sogar ausgerottet werden. Ähnliche Gentechnik-Insekten wurden von Oxitec auch mit der Mittelmeer-Fruchtfliege und der Kohlmotte geschaffen.²⁸



Abb 2: Olivenproduktion in der ökologischen Landwirtschaft in Griechenland mit Olivenfliegen-Falle (Foto: Testbiotech).

Verläuft alles, wie von Oxitec geplant, kann es zu einer erheblichen Reduzierung der gesamten Art kommen. Dies kann zu einer Beeinträchtigung der biologischen Vielfalt mit massiven Auswirkungen auf die Stabilität der Ökosysteme, die Umwelt und die Landwirtschaft führen. Zudem gibt es eine hohe Wahrscheinlichkeit, dass die künstlichen Gene dauerhaft in den natürlichen Populationen überdauern werden.

26 U.S. Food and Drug Administration Center for Veterinary Medicine. „Draft Environmental Assessment: AquAdvantage Salmon“. May 4, 2012 (published December 26, 2012), page 86.

27 http://gmoinfo.jrc.ec.europa.eu/gmo_report.aspx?CurNot=B/ES/15/06

28 www.oxitec.com/agriculture/our-solution/

4. Zukünftige Fälle und neue Gentechnik-Verfahren

Olivenfliegen gelten als eine Art, die sich in geeigneten Lebensräumen rasch verbreitet. Nach ausreichend langer Zeit könnten sich die Gentechnik-Fliegen in der gesamten Mittelmeerregion wiederfinden, in all den Regionen, in denen die Fliege auch natürlich vorkommt. Die Fliegen könnten also auch die Grenzen von Staaten überqueren und mit einer großen Vielfalt von Umweltbedingungen in Kontakt kommen. Ihre künstlichen Gene könnten in unterschiedliche genetische Hintergründe eingekreuzt (es gibt genetische Unterschiede zwischen den Olivenfliegen in verschiedenen Regionen) und Stressfaktoren wie dem Klimawandel ausgesetzt werden. Während Oxitec behauptet, dass Insekten im Labor genetisch stabil vermehrt werden können, kann niemand die genetische Stabilität und das Langzeitverhalten der Insekten vorhersagen, nachdem sie erst einmal freigesetzt wurden.

Die negativen wirtschaftlichen Auswirkungen der Versuche könnten erheblich sein. Die Larven der Olivenfliege ernähren sich von den Früchten des Olivenbaums. Es würde für ökologisch produzierende Olivenbauern unmöglich sein, die Oxitec-Fliegen von ihren Flächen fernzuhalten. In ihren Produkten könnten sich dann auch die gentechnisch veränderten Fliegenlarven finden und dadurch Absatzmärkte verloren gehen. Unter extremen Bedingungen könnte auch die gesamte Olivenproduktion in der Mittelmeerregion von einer Verbraucherablehnung betroffen sein.

Die Gentechnik-Fliegen bergen nicht nur ein erhebliches ökologisches Risiko, sondern geben auch Anlass zu ethischen Fragen wie: Dürfen wir aus wirtschaftlichem Interesse Organismen in die Umwelt entlassen, die dafür gemacht sind, möglicherweise eine ganze Art auszulöschen?

4.5 Synthetische Biologie und Synthetische Gentechnik

Neue Methoden der Synthetischen Gentechnik (Genome Editing) wie CRISPR (Clustered Regularly Interspaced Short Palindromic Repeats) in Kombination mit DNA-Synthese ermöglichen die Herstellung von neuen Gentechnik-Organismen mit synthetischer DNA innerhalb kürzerer Zeiträume als bisher. Gleichzeitig können mit diesen Technologien radikalere Veränderungen im Erbgut vorgenommen werden, als bisher möglich war. Es ist sehr wahrscheinlich, dass in naher Zukunft mehr und mehr dieser Organismen in immer kürzeren Zeitabständen freigesetzt werden sollen. Damit erhöht sich auch die Wahrscheinlichkeit eines Gen-Austauschs mit der belebten Umwelt.

Nukleasen sind Eiweiße (Enzyme), mit denen die DNA aufgetrennt werden kann – man nennt sie deswegen auch Gen-Scheren. Solche Gen-Scheren gibt es schon länger, allerdings konnte man die DNA damit nur an relativ wenigen Stellen „schneiden“. In den letzten Jahren wurden verschiedene neue Nukleasen entwickelt, die einen zielgerichteten Ein- oder Umbau von DNA an jeder beliebigen Stelle des Erbguts ermöglichen sollen. Der aktuelle Star unter den Nukleasen ist CRISPR-Cas. CRISPR (Clustered Regularly Interspaced Short Palindromic Repeats) ist eine Art Gen-Sonde, bestehend aus RNA, mit der eine bestimmte Stelle in der DNA angesteuert werden kann. RNA ist in der Lage, die Bausteine der DNA sozusagen spiegelbildlich abzubilden. Über die spezifische RNA-Sequenz kann das CRISPR-Cas-System auf ein Ziel „programmiert“ werden.

Die eigentliche „Gen-Schere“ ist das Enzym Cas, das mit der RNA zu einem Komplex verbunden ist. Einer oder beide Stränge der DNA können „aufgeschnitten“ werden. Bei der Reparatur durch die zelleigenen Mechanismen entstehen an der fraglichen Stelle oft Mutationen. So können beispielsweise Gene stillgelegt werden. Mithilfe des CRISPR-Cas-Systems kann außerdem zusätzliche (im Labor synthetisierte) DNA in das Erbgut der Zellen eingebaut werden. Das Cas-Enzym kann auch die biologische Aktivität von Genen blockieren, ohne dass es zu einem „Schneiden“ der DNA kommt. Das System ist überraschend einfach und effizient zu handhaben. Die Entdeckung der Anwendungsmöglichkeiten des CRISPR-Cas-Systems liegt erst etwa zwei bis drei Jahre zurück, die Zahl von Publikationen hat seither rasch zugenommen. Inzwischen gibt es bereits die ersten kommerziellen Anwendungen bei Versuchstieren. Auch andere Gen-Scheren wie TALEN (Transcription Activator-Like Effector Nucleases) und Zink-Finger-Nukleasen funktionieren nach ähnlichen Prinzipien, sind aber schwieriger zu handhaben. Obwohl die Gen-Scheren bereits vielfach Anwendung finden, ist ihre genaue Funktionsweise im Detail noch nicht bekannt.

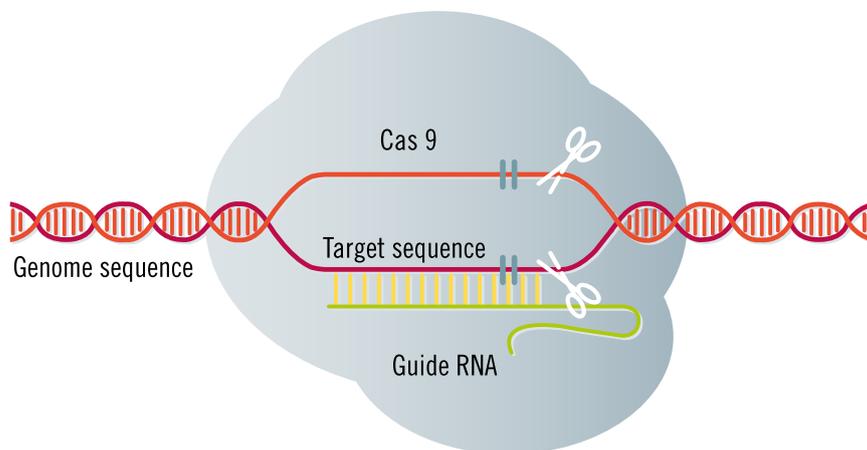


Abb 3: CRISPR/Cas: Die Nuklease CRISPR (Clustered Regularly Interspaced Short Palindromic Repeats) kann so konstruiert werden, dass sie eine bestimmte Stelle im Erbgut ansteuern kann, die mithilfe einer RNA-Sonde identifiziert wird. Sie wird mit einem Enzym kombiniert, das die DNA an einer bestimmten Stelle „schneiden“ kann, um Gene stillzulegen oder auch zusätzliche synthetische DNA einzufügen.

4. Zukünftige Fälle und neue Gentechnik-Verfahren

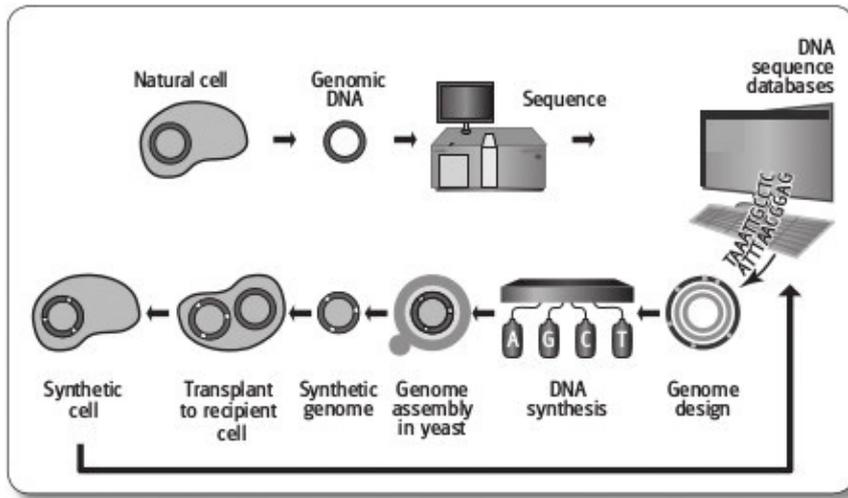


Abb 4: Abbildung 30: DNA-Analyse und DNA-Synthese gehen Hand in Hand. Quelle: US Presidential Commission for the study of bioethical issues (überarbeitete Version aus „Handbuch Agro-Gentechnik“, C. Then, Oekom Verlag 2015).

Einige dieser Organismen können völlig neue genetische Eigenschaften aufweisen, die keine natürliche Vorlage haben. Andere können in ihrem Genom auch unverändert erscheinen, obwohl ihre DNA ganz oder teilweise durch synthetische DNA ersetzt wurde. 2010 wurde der Öffentlichkeit ein Mikroorganismus vorgestellt, dessen DNA vollständig im Labor resynthetisiert wurde (Gibson et al., 2010). 2014 wurde in einer Publikation gezeigt, dass man ein ganzes Chromosom der Hefe ausgetauscht hat (Annaluru et al., 2014).

Zudem kann man mit den Methoden der Synthetischen Biologie nicht nur die Struktur der DNA verändern, sondern auch die Häufigkeit der Vererbung. Sogenannte „Gene-Drives“ verändern die Vererbungsmechanismen der manipulierten Organismen so, dass sich synthetische Gene sich schneller in den natürlichen Populationen ausbreiten (Gantz & Bier, 2015). Normalerweise dauert es relativ lange, bis sich eine genetische Veränderung in einer ganzen Population ausbreitet. Anders ist das bei den Nachkommen mit „Gene-Drives“: Hier sollen alle Nachkommen die gentechnische Veränderung aufweisen. Dieses Verfahren der Synthetischen Gentechnik basiert auf der Anwendung von „CRISPR“, einer sogenannten DNA-Schere (Nuklease), die es ermöglicht, dass sich eine gentechnische Veränderung in jeder Generation auch auf das Partner-Chromosom überträgt. Im Ergebnis wird sich die neue Gen-Information damit wesentlich schneller in einer Population verbreiten (Gantz & Bier, 2015; Ledford, 2015).

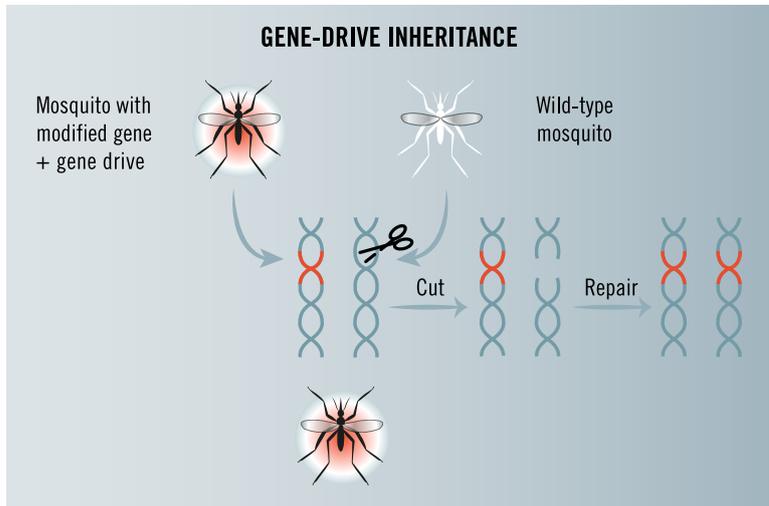


Abb 5: Gene-Drive (Mutagenic Chain Reaction) basiert auf Verfahren der Synthetischen Gentechnik und „CRISPR“, die es ermöglichen, dass sich eine gentechnische Veränderung in jeder Generation auch auf das Partner-Chromosom überträgt. Im Ergebnis wird sich die neue Gen-Information damit wesentlich schneller in einer Population verbreiten. (adaptiert nach Ledford, 2015)

Diese Experimente haben unter Wissenschaftlern heftige Reaktionen hervorgerufen (Ledford, 2015). Auch die Wissenschaftler, die das Experiment durchführten (Gantz & Bier 2015), stellen die Frage nach möglichen Umweltschäden, falls die Technologie zur Anwendung kommen sollte. Beim derzeitigen Stand des Wissens kann keine belastbare Aussage darüber gemacht werden, wie sich Organismen mit Gene-Drives nach einer Freisetzung tatsächlich verhalten würden. Jegliche Risikoabschätzung würde notwendigerweise ganz erheblich darunter leiden, dass es hier aufgrund der Komplexität substanzielle Grenzen des Wissens geben muss (siehe Boeschen et al, 2006). Auf der anderen Seite gibt es keine ausreichend zuverlässige Möglichkeit, Organismen, die mit einem Gene-Drive ausgestattet sind, wieder unter Kontrolle zu bringen, sobald sie einmal freigesetzt sind.

Dies bedeutet auch neue Herausforderungen für die internationale Gesetzgebung: Derzeit gibt es keine international bindende Gesetzgebung, die dazu dienen könnte, ein Verbot der Freisetzung derartiger Organismen zu unterbinden. Gleichzeitig könnten sich diese Organismen weit über jede Landesgrenze ausbreiten. Dieses Problem wurde auch in einem Editorial vom 6. August 2015 in dem internationalen Wissenschaftsmagazin Nature angesprochen:²⁹

Neu an dieser Sache ist CRISPR. Das fügt der Debatte eine neue Dimension hinzu, weil es die Herstellung von Organismen mit Gene-Drive wesentlich vereinfacht und deren mögliche Freisetzung dramatisch beschleunigen könnte – unabsichtlich oder absichtlich. Forscher und ihre Geldgeber sollten das zur Kenntnis nehmen, und Bemühungen, die möglichen ökologischen Konsequenzen zu verstehen, müssen daher eine hohe Priorität bekommen. Der Gesetzgeber und die Öffentlichkeit müssen mit der rasanten Entwicklung von CRISPR Schritt halten, wir dürfen jetzt keine Zeit verlieren. (Übersetzung durch Testbiotech)

29 www.nature.com/news/driving-test-1.18118?WT.ec_id=NATURE-20150806&spMailingID=49256879&spUserID=MjA1NTM1NDgzNQs2&spJobID=740835078&spReportId=NzQwODM1MDc4So

5. Diskussion

Dieser Bericht liefert eine zusätzliche Evidenz über die unkontrollierte Ausbreitung gentechnisch veränderter Organismen. Zieht man die bereits dokumentierten Fälle in Betracht (Bauer-Panskus et al., 2013 a, b), sind jetzt bereits bei mehreren Arten (wie Baumwolle, Gräser, Mais, Raps und Reis) Auskreuzungen von Transgenen in natürliche Populationen und/oder in regionale Sorten in den Zentren der biologischen Vielfalt dokumentiert. Dies führt zu einer Persistenz gentechnisch veränderter Pflanzen in der Umwelt unabhängig davon, zu welchem Verwendungszweck sie ursprünglich angebaut wurden.

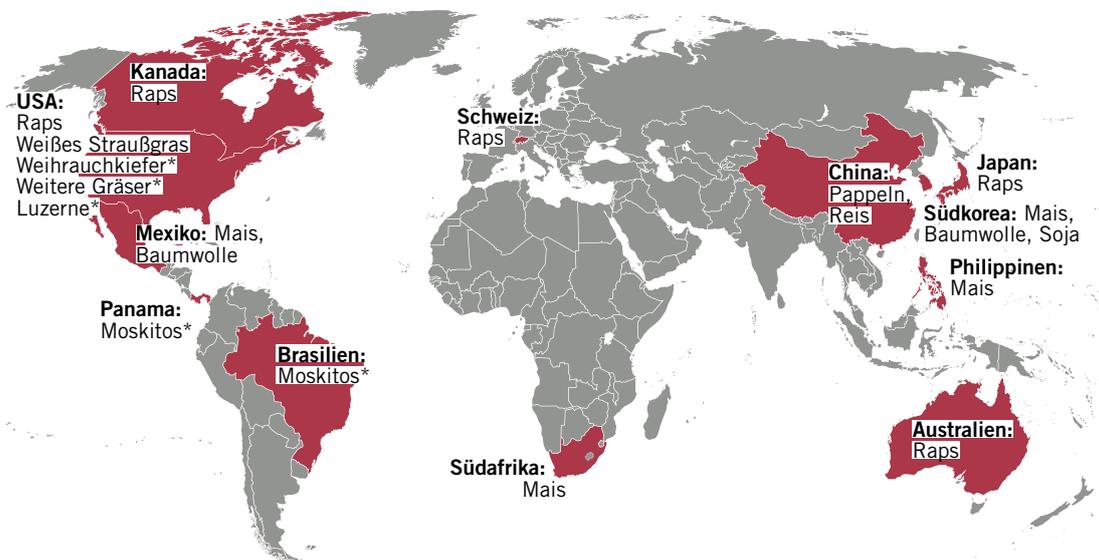


Abb. 6: Überblick über dokumentierte Fälle von unkontrollierter Verbreitung gentechnisch veränderter Organismen (* = fehlende staatliche Regulierung bzw. fehlende wissenschaftliche Daten)

Zudem sind verschiedene Fälle gentechnisch veränderter Pflanzen dokumentiert, die angebaut werden oder demnächst angebaut werden könnten und zu weiterer Ausbreitung in der Umwelt führen könnten. Da es erhebliche Mängel bei der Überwachung gibt, kann in einigen Fällen durchaus eine Einkreuzung von Transgenen in Wildpopulationen bereits unbemerkt stattgefunden haben.

Diese Liste der Fälle ist keineswegs vollständig: So können zum Beispiel Gräser und Algen, die zur Energieproduktion genutzt werden sollen, zu einer weiteren Quelle der Ausbreitung von Transgenen werden.

5.1 Was können wir aus diesen Fällen lernen?

Offensichtlich haben etliche der dokumentierten Fälle ein erhebliches Potenzial zur spontanen und auch grenzüberschreitenden Ausbreitung. Was folgt daraus an Risiken für die biologische Vielfalt? Grundsätzlich sind die langfristigen Schäden für Ökosysteme nur schwer oder gar nicht vorhersagbar. Eine Möglichkeit zur Folgenabschätzung ergibt sich aus dem Vergleich mit dem Verhalten nichtheimischer Spezies (Neophyten) in der Umwelt. Es ist bekannt, dass man in diesem Zusammenhang oft nicht verlässlich vorhersagen kann, welcher Organismus sich letztlich invasiv verhalten wird (BfN, 2005).

Im Fall gentechnisch veränderter Organismen ist es nötig, die Ausbreitung von zusätzlich inserierter (artfremder oder künstlicher) DNA innerhalb des Genpools einer Art abzuschätzen, die bereits an ihre

Umgebung angepasst ist. Die Dynamik der Ausbreitung dieser genetischen Information innerhalb bereits etablierter Arten und deren Auswirkungen können sich von der Ausbreitung neuer Arten innerhalb bestehender Ökosysteme erheblich unterscheiden.

Zudem kommt bei der Gentechnik die Frage der genetischen Stabilität und Funktionalität innerhalb der Arten hinzu: Anders als bei den Neophyten tragen die gentechnisch veränderten Pflanzen oft ein technisches DNA-Konstrukt (u. a. mit zusätzlichen Promotoren) in sich, das nicht der natürlichen Gen-Regulation in den Pflanzenzellen unterliegt. Das kann dazu führen, dass es in Reaktion auf die Umwelt zu unerwarteten Effekten in den Pflanzen kommt, wodurch erhebliche Gefahren für die Umwelt und bei landwirtschaftlichen Produkten auch für die menschliche Gesundheit entstehen.

Als mögliche Risiken müssen hier u. a. die Ausbreitung von Pflanzenkrankheiten (falls Gentechnik-Pflanzen oder ihre Kreuzungspartner für bestimmte Schädlinge anfälliger werden), unerwünschte Veränderungen in den Inhaltsstoffen (falls es wegen der zusätzlichen DNA zu unerwarteten Reaktionen auf Umwelteinflüsse kommt) oder eine erhöhte Invasivität berücksichtigt werden. Sind unsere Nutzpflanzen von diesen Auswirkungen betroffen, können sich dramatische Gefährdungen für die Ernährungssicherheit ergeben.

Bei einer Risikoabschätzung müssten in diesen Fällen evolutionäre Dimensionen berücksichtigt werden. Evolutionäre Prozesse führen unter anderem dazu, dass sich auch Ereignisse mit geringer Wahrscheinlichkeit realisieren können (siehe auch Breckling, 2013). Beispielsweise könnte die Auskreuzungshäufigkeit sich durch den Klimawandel oder andere Umweltveränderungen erhöhen.

Es gibt beispielsweise Fälle, die zeigen, dass Hybride zwischen gezüchteten Pflanzen und wilden Populationen eine erhöhte Fitness unter Stressbedingungen zeigen können. In der Konsequenz lassen sich die Folgen von Freisetzungen, die räumlich und zeitlich nicht kontrolliert werden können, nicht verlässlich prognostizieren. Diese Probleme werden in dem bereits erwähnten Aufruf thematisiert, in dem die Mitgliedsländer des CBD aufgefordert werden, Maßnahmen gegen die grenzüberschreitende Ausbreitung transgener Pflanzen zu ergreifen (www.stop-the-spread-of-transgenes.org/). In diesem Aufruf wird auch auf einen erheblichen Bedarf an gesetzgeberischen Aktionen hingewiesen:

Aus Sicht des Gesetzgebers ist eine räumliche und zeitliche Kontrolle über gentechnisch veränderte Organismen zwingend erforderlich. Dies ist eine unverzichtbare Voraussetzung für jede seriöse Risikobewertung: Es ist nicht möglich, belastbare Aussagen über die Folgen der Freisetzung technisch veränderter Organismen zu machen, wenn sie sich in der Umwelt ausbreiten und Teil evolutionärer Prozesse werden.

(...) das Vorsorgeprinzip nur dann umgesetzt wird, wenn gentechnisch veränderte Organismen im Notfall auch wieder aus der Umwelt entfernt werden können. Das aber ist unmöglich, sobald sich die Organismen z. B. in natürlichen Populationen verbreiten oder sich im Saatgut anreichern.

5.2 Neue Risiken bedürfen einer zusätzlichen Regulierung

Das technische Potenzial der Synthetischen Biologie und der Synthetischen Gentechnik (Genome Editing) macht den Bedarf an neuen gesetzlichen Regelungen deutlicher denn je. Im Hinblick auf den Schutz der biologischen Vielfalt muss man davon ausgehen, dass die Anzahl der verschiedenen gentechnisch veränderten Organismen, die in den nächsten Jahren freigesetzt werden, dramatisch zunehmen kann. Dadurch werden auch die Risiken für die Umwelt erheblich größer werden – nicht nur statistisch. Ohne Zweifel ist es mit erheblichen Schwierigkeiten verbunden, eine Risikoabschätzung an Organismen durchzuführen, deren Genom auf komplexe Art und Weise verändert wurde. Die biologischen Eigenschaften dieser Organismen können mit denen der natürlichen Lebensformen nur schwer verglichen werden. Das hat zur Folge, dass es nicht möglich ist, eine verlässliche Risikoabschätzung über die Langzeitfolgen vorzunehmen, insbesondere wenn die Ausbreitung der Organismen in der Umwelt räumlich und zeitlich nicht kontrollierbar ist.

Uns ist aber keine allgemein verbindliche internationale Gesetzgebung bekannt, die geeignet wäre, die Freisetzung gentechnisch veränderter oder synthetischer Organismen zu verbieten, wenn deren räumliche und zeitliche Kontrolle nicht gewährleistet ist und sich diese beispielsweise spontan über Landesgrenzen ausbreiten können. Eine derartige Gesetzgebung wäre allerdings dringend nötig: So könnten zum Beispiel die Risiken von Fliegen mit einem Gene-Drive auf der Grundlage lückenhafter Daten von den nationalen oder regionalen Behörden unterschiedlich bewertet werden, während die Fliegen sich nach einer Freisetzung über alle Landesgrenzen hinweg ausbreiten könnten.

6. Schlussfolgerungen und Forderungen

Es kann keinen Zweifel daran geben, dass die biologische Vielfalt im Zeitalter des „Anthropozäns“ durch menschliche Aktivitäten bereits erheblich beeinträchtigt ist. Gen-Austausch mit transgenen Organismen oder mit Organismen, die mithilfe von Synthetischer Biologie hergestellt wurden, bedeuten eine neue Qualität der Risiken für die Biodiversität.

Die einzige Möglichkeit, mit diesen Risiken umzugehen, ist eine Stärkung des Vorsorgeprinzips. Wie man versucht, Ökosysteme grundsätzlich vor dem Eintrag langlebiger chemischer Stoffe zu schützen, die in der Umwelt akkumulieren können, so sollten wir die ökologische und evolutionäre Integrität (Pimentel et al., 2000) dadurch schützen, dass wir eine unkontrollierte Verbreitung gentechnisch produzierter und synthetischer Organismen in der Umwelt verhindern.

Derzeit sind aber die bestehenden internationalen gesetzlichen Rahmenbedingungen nicht ausreichend, um einen Gen-Austausch zwischen gentechnisch veränderten Organismen und natürlichen Populationen tatsächlich zu verhindern bzw. ihm vorzubeugen. Im Ergebnis brauchen wir wesentlich stärkere gesetzliche Vorschriften, die es ermöglichen, die Freisetzung synthetischer oder transgener Organismen zu untersagen, deren Ausbreitung räumlich und zeitlich nicht kontrolliert werden kann und die sich sogar über Landesgrenzen ausbreiten können.

Wir sehen daher einen dringenden Handlungsbedarf. Ausgehend von den Empfehlungen von Bauer-Panskus et al. (2013) schlagen wir ein internationales Regelwerk vor, das es möglich macht, die Freisetzung transgener oder synthetischer Organismen zu verbieten, falls:

- › sich gentechnisch veränderte Organismen unkontrolliert verbreiten können, sobald sie vorgesehene Sicherheitsbarrieren überwinden;
- › unklar ist, ob die jeweiligen Organismen sich bei Bedarf tatsächlich innerhalb planbarer Zeiträume wieder aus der Umwelt entfernen lassen;
- › bereits bekannt ist, dass die Organismen sich unkontrolliert ausbreiten und persistieren können.

Zudem sollten Maßnahmen ergriffen werden, um die weitere Ausbreitung der gentechnisch veränderten Organismen soweit möglich zu stoppen oder wenigstens zu begrenzen. Dringlich erscheint auch ein Verbot des Anbaus gentechnisch veränderter Pflanzen in den Regionen, in denen die Pflanzen über das Saatgut in kleinbäuerliche Agrarsysteme geraten können und die Landwirte damit ungewollt zu einer unkontrollierbaren großflächigen Verbreitung und Überdauerung der Pflanzen in den Agrarsystemen beitragen.

Quellen

- Aheto, D. W., Reuter, H., Breckling, B.** (2011) A modeling assessment of gene flow in smallholder agriculture in West Africa. *Environmental Sciences Europe*, 23(1): 1-10.
<http://link.springer.com/article/10.1186/2190-4715-23-9>
- Aheto, D.W., Böhn, T., Breckling, B., van den Berg, J., Ching, L.L., et al.** (2013) Implications of GM crops in subsistence-based agricultural systems in Africa. In: Breckling B, Verhoeven R, editors. *GM Crop Cultivation - Ecological Effects on a Landscape Scale*. Frankfurt: Peter Lang. pp. 93–103. <http://genok.no/wp-content/uploads/2013/04/Aheto-et-al-2013-Implications-of-GM-crops-in-subsistence-farming-Africa-GMLS.pdf>
- Alphey, N., Bonsall, B., Alphey, A.** (2011) Modelling resistance to genetic control of insects. *Journal of Theoretical Biology*, 270: 42-55. <http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0022519310006016>
- Anonymous** (2015) Brazil approves transgenic eucalyptus. *Nature Biotechnology*, 33: 577.
<http://www.nature.com/nbt/journal/v33/n6/full/nbt0615-577c.html>
- Annaluru, N., Muller, H., Mitchell, L. A., Ramalingam, S., Stracquadio, G., Richardson, S. M., ... & Linder, M. E.** (2014). Total synthesis of a functional designer eukaryotic chromosome. *Science*, 344(6179), 55-58.
<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4033833/>
- Aono, M., Wakiyama, S., Nagatsu, M., Nakajima, N., Tamaoki, M., Kubo, A., Saji, H.** (2006) Detection of feral transgenic oilseed rape with multiple-herbicide resistance in Japan. *Environmental Biosafety Research*, 5(2): 77-87.
- Aono, M., Wakiyama, S., Nagatsu, M., Kaneko, Y., Nishizawa, T., Nakajima, N., Tamaoki, M., Kubo, A., Saji, H.** (2011) Seeds of a possible natural hybrid between herbicide-resistant *Brassica napus* and *Brassica rapa* detected on a riverbank in Japan. *GM Crops*, 2(3): 201-10.
- Ashton, D.H. & Sandiford, E.M.** (1988) Natural Hybridisation between *Eucalyptus regnans* F. Muell. and *E. macrorhyncha* F. Muell. in the Cathedral Range, Victoria. *Australian Journal of Botany*, 36: 1-22.
<http://www.publish.csiro.au/?paper=BT9880001>
- Bagavathiannan, M. V., & Van Acker, R. C.** (2009). The biology and ecology of feral alfalfa (*Medicago sativa* L.) and its implications for novel trait confinement in North America. *Critical Reviews in Plant Sciences*, 28(1-2), 69-87. <http://www.tandfonline.com/doi/abs/10.1080/07352680902753613>
- Banks, G.** (2014) Feral oilseed rape populations within a Scottish landscape: implications for GM coexistence and environmental risk assessment (Doctoral dissertation, University of Dundee).
<http://ethos.bl.uk/OrderDetails.do?uin=uk.bl.ethos.613607?>
- Bauer-Panskus, A., Breckling, B., Hamberger, S., Then, C.** (2013a) Cultivation-independent establishment of genetically engineered plants in natural populations: current evidence and implications for EU regulation, *Environmental Sciences Europe* 2013, 25:34. www.enveurope.com/content/25/1/34
- Bauer-Panskus, A., Hamberger, S., Then, C.** (2013b) Transgene Escape –Global atlas of uncontrolled spread of genetically engineered plants, *Testbiotech*, <http://www.testbiotech.org/en/node/944>
- BfN** (2005) Gebietsfremde Arten: Positionspapier des Bundesamtes für Naturschutz. BfN-Skripten, 128.
<https://www.bfn.de/fileadmin/MDDB/documents/service/skript128.pdf>
- Boesch, S., Kastenhofer, K., Marschall, L., Rust, I., Soentgen, J., Wehling, P.** (2006) Scientific Cultures of Non-Knowledge in the Controversy over Genetically Modified Organisms (GMO). *The Cases of Molecular Biology and Ecology*, *GAIA* 15/4: 294 – 301.
<http://www.ingentaconnect.com/content/oekom/gaia/2006/00000015/00000004/art00012>

- Breckling, B.** (2013) Transgenic evolution and ecology are proceeding. In GM- Crop Cultivation-Ecological Effects on a Landscape Scale. Edited by Brecklin, B, Verhoeven R. Frankfurt: Peter Lang:130-135.
http://www.gmls.eu/beitraege/130_Breckling.pdf
- BVL** (2012) Gentechnisch veränderter Reis – Untersuchungsergebnisse der Lebensmittelüberwachung für das Jahr 2011. www.bvl.bund.de/DE/06_Gentechnik/04_Fachmeldungen/2012/gentechnik_gvo_reis_2011.html?nn=1471850
- Camacho, A., Van Deynze, A., Chi-Ham, C., Bennett, A.B.** (2014) Genetically engineered crops that fly under the US regulatory radar. *Nature biotechnology*, 32(11): 1087-1091.
www.nature.com/nbt/journal/v32/n11/full/nbt.3057.html
- Catry, F.X., Moreira, F., Deus, E., Silva, J.S., Águas, A.** (2015). Assessing the extent and the environmental drivers of *Eucalyptus globulus* wildling establishment in Portugal: results from a countrywide survey. *Biological Invasions*, 1-19. <http://link.springer.com/article/10.1007/s10530-015-0943-y>
- CEC** (2004) Maize and Biodiversity - The Effects of Transgenic Maize in Mexico: Key Findings and Recommendations, Article 13 Report. Commission for Environmental Cooperation of North America. <http://www3.cec.org/islandora/en/item/2152-maize-and-biodiversity-effects-transgenic-maize-in-mexico-key-findings-and-en.pdf>
- Coppens d'Eeckenbrugge, G., Lacape J.-M.** (2014) Distribution and Differentiation of Wild, Feral, and Cultivated Populations of Perennial Upland Cotton (*Gossypium hirsutum* L.) in Mesoamerica and the Caribbean. *PLoS ONE* 9(9): e107458.
<http://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0107458#pone-0107458-g008>
- Costa e Silva, J., Potts, B.M., Lopez, G.A.** (2014) Heterosis May Result in Selection Favouring the Products of Long-Distance Pollen Dispersal in *Eucalyptus*. *PLoS ONE* 9(4): e93811.
<http://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0093811>
- Davidar, P., Snow, A.A., Rajkumar, M., Pasquet, R., Daunay, M. C., Mutegi, E.** (2015) The potential for crop to wild hybridization in eggplant (*Solanum melongena*; Solanaceae) in southern India. *American journal of botany*, 102(1): 129-139. <http://www.amjbot.org/content/102/1/129.short>
- da Silva, P.H.M., Poggiani, F., Sebbenn, A.M., Mori, E.S.** (2011) Can *Eucalyptus* invade native forest fragments close to commercial stands?. *Forest ecology and management*, 261(11): 2075-2080.
<http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0378112711001435>
- DeKeyser, E. S., Dennhardt, L. A., & Hendrickson, J.** (2015). Kentucky bluegrass (*Poa pratensis* L.) Invasion in the Northern Great Plains: A Story of Rapid Dominance in an Endangered Ecosystem. *Invasive Plant Science and Management*. <http://www.wssajournals.org/doi/abs/10.1614/IPSM-D-14-00069.1>
- Dyer, G., Serratos-Hernández, A., Perales, H., Gepts, P., Piñeyro-Nelson, A., Chávez, A., Salinas-Arreortua, N., Yúnez-Naude, A., Taylor, J.E., Alvarez-Buylla, E.R.** (2009) Dispersal of transgenes through maize seed systems in Mexico. *PLoS One*, 4(5): e5734.
<http://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0005734>
- Gantz, V.M., & Bier E.** (2015). The mutagenic chain reaction: A method for converting heterozygous to homozygous mutations. *Science*, 348(6233), 442-444. www.sciencemag.org/content/348/6233/442.short
- GeneWatch UK** (2014) Failures of the transboundary notification process for living genetically modified insects. www.genewatch.org/uploads/f03c6d66a9b354535738483c1c3d49e4/CPB_insects_sub_Aug14_v2.pdf
- Gibson, D.G., Glass, J.I., Lartigue, C., Noskov, V.N., Chuang, R.Y., Algire, M.A., Benders, G.A., Montague, M.G., Ma, L., Moodie, M.M., Merryman, C., Vashee, S., Krishnakumar, R., Garcia, N.A., Pfannkoch, C.A., Denisova, E.A., Young, L., Qi, Z.Q., Segall-Shapiro, T.H., Calvey, C.H., Parmar, P.P., Hutchison, C.A., Smith, H.O., Venter, J.C.** (2010). Creation of a Bacterial Cell Controlled by a Chemically Synthesized Genome. *Science*, 329(5987): 52-56. <http://www.sciencemag.org/content/329/5987/52.short>

- Greenpeace** (2005a) Genetically engineered rice: illegal and unwanted in China. www.greenpeace.org.uk/media/reports/genetically-engineered-rice-illegal-and-unwanted-in-china
- Greenpeace** (2005b) Illegal GE rice contamination spreads to major Chinese city. http://www.greenpeace.org/eastasia/press/releases/food-agriculture/2005/20050613_ge_rice_gz_html/
- Greenpeace** (2013) White corn in the Philippines; Contaminated with Genetically Modified Corn Varieties, www.greenpeace.org/seasia/ph/PageFiles/566478/White-Corn-In-The-Philippines.pdf
- Gressel, J.** (2015) Dealing with transgene flow of crop protection traits from crops to their relatives. *Pest Management Science*, 71: 658–667. <http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1002/ps.3850/abstract>
- Hecht, M., Oehen, B., Schulze, J., Brodmann, P., Bagutti, C.** (2013) Detection of feral GT73 transgenic oilseed rape (*Brassica napus*) along railway lines on entry routes to oilseed factories in Switzerland. *Environmental Science and Pollution Research*: 1–11. <http://link.springer.com/article/10.1007/s11356-013-1881-9>
- Hurtado, M., Vilanova, S., Plazas, M., Gramazio, P., Fonseka, H.H., Fonseka, R., Prohens, J.** (2011) Diversity and relationships of eggplants from three geographically distant secondary centers of diversity. *PLoS one*, 7(7): e41748. <http://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0041748>
- Iversen M, Grønsberg IM, van den Berg J, Fischer K, Aheto DW, et al.** (2014) Detection of Transgenes in Local Maize Varieties of Small-Scale Farmers in Eastern Cape, South Africa. *PLoS ONE* 9(12): e116147. <http://www.plosone.org/article/info%3Adoi%2F10.1371%2Fjournal.pone.0116147>
- Jeong-su, K.** (2013) More genetically modified crops found growing in South Korea. The Hankyoreh, South Korea, 6.6.2013. www.hani.co.kr/arti/english_edition/e_business/590585.html
- Katsuta K., Matsuo K., Yoshimura, Y., Ohsawa, R.** (2015) Long-term monitoring of feral genetically modified herbicide-tolerant *Brassica napus* populations around unloading Japanese ports. *Breeding Science* 65:265-275
- Kawata, M., Murakami, K., Ishikawa, T.** (2009) Dispersal and persistence of genetically modified oilseed rape around Japanese harbors. *Environmental Science and Pollution Research*, 16(2): 120-126.
- Ledford, H.** (2013) US regulation misses some GM crops. *Nature*, 500: 389-390. <http://www.nature.com/news/us-regulation-misses-some-gm-crops-1.13580>
- Ledford, H.** (2015) CRISPR, the disruptor. *Nature*, 522: 20-24. <http://www.nature.com/news/crispr-the-disruptor-1.17673>
- Lee, B., Kim, C.G., Park, J.Y., Park, K.W., Kim, H.J., Yi, H., Jeong, S.C., Yoon, W.K., Kim, H.M.** (2009) Monitoring the occurrence of genetically modified soybean and maize in cultivated fields and along the transportation routes of the Incheon Port in South Korea. *Food Control*, 20(3): 250-254. <http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0956713508001230>
- Lorentz, K.A., & Minogue, P.J.** (2014) Exotic Eucalyptus plantations in the southeastern US: risk assessment, management and policy approaches. *Biological Invasions*, 17(6): 1581-1593. <http://link.springer.com/article/10.1007/s10530-015-0844-0>
- Lorentz, K.A., & Minogue, P. J.** (2015) Potential Invasiveness for Eucalyptus Species in Florida. *Invasive Plant Science and Management*, 8(1): 90-97. <http://www.bioone.org/doi/abs/10.1614/IPSM-D-14-00030.1?af=R>
- Lu, Y.L., Burgos, N.R., Wang, W.X., Yu, L.Q.** (2014) Transgene Flow from Glufosinate-Resistant Rice to Improved and Weedy Rice in China. *Rice Science*, 21(5): 271-281. <http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1672630813601973>
- Massonnet-Bruneel, B., Corre-Catelin, N., Lacroix, R., et al.** (2013) Fitness of Transgenic Mosquito *Aedes aegypti* Males Carrying a Dominant Lethal Genetic System. *PLoS ONE*. 8(5): e62711. www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3653897/

- Mercer, K.L., Wainwright, J.D.** (2008) Gene flow from transgenic maize to landraces in Mexico: an analysis. *Agriculture, Ecosystems and Environment*, 123(1-3): 109-115.
<http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0167880907001624>
- Mizuguti, A., Yoshimura, Y., Shibaike, H., Matsuo, K.** (2011) Persistence of feral populations of *Brassica napus* originated from spilled seeds around the Kashima seaport in Japan. *Japanese Agricultural Research Quarterly*, 45(2): 181-5.
- Moreau, D.T., Conway, C., Fleming, I. A.** (2011) Reproductive performance of alternative male phenotypes of growth hormone transgenic Atlantic salmon (*Salmo salar*). *Evolutionary applications*, 4(6): 736-748.
<http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/j.1752-4571.2011.00196.x/full>
- Mutegi, E., Snow, A.A., Rajkumar, M., Pasquet, R., Ponniah, H., Daunay, M.C., Davidar, P.** (2015) Genetic diversity and population structure of wild/weedy eggplant (*Solanum insanum*, *Solanaceae*) in southern India: Implications for conservation. *American journal of botany*, 102(1): 140-148.
<http://www.amjbot.org/content/102/1/140.short>
- Nishizawa, T., Nakajima, N., Aono, M., Tamaoki, M., Kubo, A., Saji, H.** (2009) Monitoring the occurrence of genetically modified oilseed rape growing along a Japanese roadside: 3- year observations. *Environmental Biosafety Research*, 8(1): 33-44.
- OECD** (2014) Consensus Document on the Biology of Eucalyptus. [http://www.oecd.org/officialdocuments/publicdisplaydocumentpdf/?cote=env/jm/mono\(2014\)27&doclanguage=en](http://www.oecd.org/officialdocuments/publicdisplaydocumentpdf/?cote=env/jm/mono(2014)27&doclanguage=en)
- Quist, D. & Chapela, I.H.** (2001) Transgenic DNA introgressed into traditional maize landraces in Oaxaca, Mexico. *Nature*, 414: 541-542.
- Park, K.W., Lee, B., Kim, C.G., Kim, D.Y., Park, J.Y., Ko, E.M., Jeong, S.C., Choi, K.F., Yoon, W.K., Kim, H.M.** (2010) Monitoring the occurrence of genetically modified maize at a grain receiving port and along transportation routes in the Republic of Korea. *Food Control*, 21(4): 456-461.
<http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0956713509002217>
- Phuc, H.K., Andreasen, M.H., Burton, R.S., Vass, C., Epton, M.J. et al.** (2007) Late-acting dominant lethal genetic systems and mosquito control. *BMC Biology*, 5: 11. <http://www.biomedcentral.com/1741-7007/5/11>
- Pimentel, D., Westra, L., & Noss, R.F.** (Eds.). (2000) *Ecological integrity: integrating environment, conservation, and health*. Island Press.
- Piñeyro-Nelson, A., Van Heerwaarden, J., Perales, H.R., Serratos-Hernández, J.A., Rangel, A., Hufford, M.B., Gepts, B., Garay-Arroyo, A., Rivera-Bustamante, R., Álvarez-Buylla, E.R.** (2009) Transgenes in Mexican maize: molecular evidence and methodological considerations for GMO detection in landrace populations. *Molecular Ecology*, 18(4): 750-761.
<http://onlinelibrary.wiley.com/enhanced/doi/10.1111/j.1365-294X.2008.03993.x/>
- Price, B., & Cotter, J.** (2014). The GM Contamination Register: a review of recorded contamination incidents associated with genetically modified organisms (GMOs), 1997-2013. *International Journal of Food Contamination*, 1(1), 5. <http://www.foodcontaminationjournal.com/content/1/1/5/abstract>
- Pu, D. Q., Shi, M., Wu, Q., Gao, M. Q., Liu, J. F., Ren, S. P., ... & Chen, X.X.** (2014) Flower-visiting insects and their potential impact on transgene flow in rice. *Journal of Applied Ecology*, 51(5), 1357-1365.
<http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/1365-2664.12299/abstract>
- Samuels, J.** (2012) Genetically engineered Bt brinjal and the implications for plant biodiversity—revisited. <http://www.greenpeace.org/seasia/ph/PageFiles/415937/GE-Bt-brinjal-revisited.pdf>
- Schafer, M.G., Ross, A.A., Londo, J.P., Burdick, C.A., Lee, E.H., Travers, S.E., Van de Water, P.K., Sagers, C.L.** (2011) The Establishment of Genetically Engineered Canola Populations in the U.S.. *PLoS ONE* 6(10):e25736.

Quellen

- Saji, H., Nakajima, N., Aono, M., Tamaoki, M., Kubo, A., Wakiyama, S., Hatase, Y., Nagatsu, M.,** (2005) Monitoring the escape of transgenic oilseed rape around Japanese ports and roadsides. *Environmental Biosafety Research*, 4(4): 217-222.
- Schoenenberger, N., & D'Andrea, L.** (2012) Surveying the occurrence of spontaneous glyphosate-tolerant genetically engineered *Brassica napus* L. (*Brassicaceae*) along Swiss railways. *Environmental Sciences Europe*, 24(1): 1-8. <http://link.springer.com/article/10.1186/2190-4715-24-23>
- Schulze, J., Frauenknecht, T., Brodmann, P., Bagutti, C.** (2014) Unexpected Diversity of Feral Genetically Modified Oilseed Rape (*Brassica napus* L.) Despite a Cultivation and Import Ban in Switzerland. *PLoS ONE* 9(12): e114477. <http://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0114477>
- Schulze, J., Brodmann, P., Oehen, B., & Bagutti, C.** (2015) Low level impurities in imported wheat are a likely source of feral transgenic oilseed rape (*Brassica napus* L.) in Switzerland. *Environmental Science and Pollution Research*, 1-7. <http://link.springer.com/article/10.1007/s11356-015-4903-y>
- Serrat, X., Esteban, R., Peñas, G., Català, M. M., Melé, E., & Messeguer, J.** (2013) Direct and reverse pollen-mediated gene flow between GM rice and red rice weed. *AoB Plants*, 5, plto50. <http://aobpla.oxfordjournals.org/content/5/plto50.long>
- Serratos-Hernández, J.A., Gómez-Olivares, J.L., Salinas-Arreortua, N., Buendía-Rodríguez, E., Islas-Gutiérrez, F., de-Ita, A.** (2007) Transgenic proteins in maize in the soil conservation area of Federal District, Mexico. *Frontiers in Ecology and the Environment*, 5(5): 247-252. www.esajournals.org/doi/abs/10.1890/1540-9295%282007%295%5B247:TPIMIT%5D2.o.CO;2
- Sundström, L.F., Vandersteen, W.E., Lóhms, M., Devlin, R.H.** (2014) Growth-enhanced coho salmon invading other salmon species populations: effects on early survival and growth. *Journal of applied ecology*, 51(1): 82-89. <http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/1365-2664.12185/abstract>
- Then, C. & Hamberger, S.,**(2010) Genetically engineered trees – a ticking “time bomb”? Report prepared by Testbiotech and Society for Ecological Research (Germany), www.testbiotech.de/sites/default/files/101207_testbiotech_pappeln_en.pdf
- Waltz, E.** (2011) GM grass eludes outmoded USDA oversight. *Nature biotechnology*, 29(9): 772-773. <http://www.nature.com/nbt/journal/v29/n9/full/nbt0911-772.html>
- Waltz, E.** (2015) Scotts' GM grass grows free from regulation. *Nature biotechnology*, 33(3), 223-223. <http://www.nature.com/nbt/journal/v33/n3/full/nbt0315-223.html>
- Waminal, N.E., Ryu, K.H., Choi, S.H., Kim, H.H.** (2013) Randomly Detected Genetically Modified (GM) Maize (*Zea mays* L.) near a Transport Route Revealed a Fragile 45S rDNA Phenotype. *PloS One*, 8(9): e74060. <http://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0074060>
- Wegier, A., Piñeyro-Nelson, A., Alarcón, J., Gálvez-Mariscal, A., Álvarez-Buylla, E.R., Piñero, D.** (2011) Recent long-distance transgene flow into wild populations conforms to historical patterns of gene flow in cotton (*Gossypium hirsutum*) at its centre of origin. *Molecular Ecology*, 20(19): 4182-4194. [www.onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/j.1365-294X.2011.05258.x/full](http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/j.1365-294X.2011.05258.x/full)
- Williams, C.G., LaDeau, S.L., Oren, R., Katul, G.G.** (2006) Modeling seed dispersal distances: implications for transgenic *Pinus taeda*. *Ecological Applications*, 16(1): 117-124. <http://www.esajournals.org/doi/abs/10.1890/04-1901>
- Yang, C., Wang, Z., Yang, X., LU, B. R.** (2014) Segregation distortion affected by transgenes in early generations of rice crop-weed hybrid progeny: Implications for assessing potential evolutionary impacts from transgene flow into wild relatives. *Journal of Systematics and Evolution*, 52(4), 466-476. <http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/jse.12078/abstract>

