



Bernd Müller-Röber, Mathias Boysen, Lilian Marx-Stölting, Angela Osterheider (Hrsg.)

Grüne Gentechnologie

Aktuelle wissenschaftliche, wirtschaftliche und gesellschaftliche Entwicklungen ;
Themenband der interdisziplinären Arbeitsgruppe Gentechnologiebericht

3., völlig Neubearb. und erg. Aufl. – Dornburg, 2013
(Forschungsberichte / Interdisziplinäre Arbeitsgruppen der Berlin-Brandenburgischen
Akademie der Wissenschaften ; 31)

Persistent Identifier: [urn:nbn:de:kobv:b4-opus-26320](https://nbn-resolving.org/urn:nbn:de:kobv:b4-opus-26320)

Die vorliegende Datei wird Ihnen von der Berlin-Brandenburgischen Akademie der Wissenschaften unter einer
Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 3.0 Germany (cc by-nc-sa 3.0) Licence
zur Verfügung gestellt.



Grüne Gentechnologie

Aktuelle wissenschaftliche, wirtschaftliche und gesellschaftliche Entwicklungen

Interdisziplinäre Arbeitsgruppen
Forschungsberichte

Herausgegeben von der
Berlin-Brandenburgischen Akademie der Wissenschaften

Band 31

Mitglieder der interdisziplinären Arbeitsgruppe „Gentechnologiebericht“
Bernd Müller-Röber (Sprecher), Ferdinand Hucho (stellv. Sprecher), Nediljko Budisa, Boris Fehse,
Jürgen Hampel, Kristian Köchy, Jens Reich, Hans-Jörg Rheinberger, Hans-Hilger Ropers,
Jochen Taupitz, Jörn Walter

Grüne Gentechnologie

Aktuelle wissenschaftliche, wirtschaftliche und gesellschaftliche Entwicklungen

Themenband der interdisziplinären Arbeitsgruppe Gentechnologiebericht

Bernd Müller-Röber, Mathias Boysen, Lilian Marx-Stölting,
Angela Osterheider (Hrsg.)



Diese Publikation erscheint mit Unterstützung der Senatsverwaltung für Wirtschaft, Technologie und Forschung des Landes Berlin und des Ministeriums für Wissenschaft, Forschung und Kultur des Landes Brandenburg.

Der Verlag sowie die Autorinnen und Autoren haben alle Sorgfalt walten lassen, um vollständige und akkurate Informationen in diesem Buch zu publizieren. Der Verlag übernimmt weder Garantie noch die juristische Verantwortung oder irgendeine Haftung für die Nutzung dieser Informationen, für deren Wirtschaftlichkeit oder fehlerfreie Funktion für einen bestimmten Zweck. Ferner kann der Verlag für Schäden, die auf einer Fehlfunktion von Programmen oder Ähnliches zurückzuführen sind, nicht haftbar gemacht werden. Auch nicht für die Verletzung von Patent- und anderen Rechten Dritter, die daraus resultieren. Eine telefonische oder schriftliche Beratung durch den Verlag über den Einsatz der Programme ist nicht möglich. Der Verlag übernimmt keine Gewähr dafür, dass die beschriebenen Verfahren, Programme usw. frei von Schutzrechten Dritter sind. Die Wiedergabe von Gebrauchsnamen, Handelsnamen, Warenzeichnungen usw. in diesem Buch berechtigt auch ohne besondere Kennzeichnung nicht zu der Annahme, dass solche Namen im Sinne der Warenzeichen- und Markenschutz-Gesetzgebung als frei zu betrachten wären und daher von jedermann benutzt werden dürfen. Der Verlag hat sich bemüht, sämtliche Rechteinhaber von Abbildungen zu ermitteln. Sollte dem Verlag gegenüber dennoch der Nachweis der Rechtsinhaberschaft geführt werden, wird das einfache branchenübliche Honorar gezahlt.

Bibliografische Information der Deutschen Bibliothek

Die Deutsche Bibliothek verzeichnet diese Publikation in der Deutschen Nationalbibliografie; detaillierte bibliografische Daten sind im Internet über <http://dnb.ddb.de> abrufbar.

Alle Rechte vorbehalten

1. Auflage 2007
2. überarbeitete Auflage 2007
3. völlig neubearbeitete und ergänzte Auflage 2013

Herausgeberin der Reihe: Berlin-Brandenburgische Akademie der Wissenschaften (BBAW)

Verlegerische Betreuung: Forum W – Wissenschaftlicher Verlag, Dornburg

Satz: Petra Florath, Berlin

Das Werk einschließlich aller seiner Teile ist urheberrechtlich geschützt. Jede Verwertung außerhalb der engen Grenzen des Urheberrechtsgesetzes ist ohne Zustimmung des Verlages unzulässig und strafbar. Das gilt insbesondere für Vervielfältigungen, Übersetzungen, Mikroverfilmungen und die Einspeicherung und Verarbeitung in elektronischen Systemen.

Printed in Germany

ISBN 978-3-940647-05-4

Vorwort

Die sogenannte grüne Gentechnik, also der Einsatz gentechnischer Verfahren in der Pflanzenzüchtung, gehört zu den umstrittensten Anwendungen der Gentechnologie. Dieser in Deutschland und Europa überwiegenden Ablehnung steht jedoch eine äußerst dynamische Entwicklung der Pflanzenforschung gegenüber. Dabei werden viele neue Verfahren genutzt und neuartige Anwendungen entwickelt, die über die Erzeugung klassischer transgener Pflanzen hinausgehen. Offen bleibt dabei die Frage, ob diese Neuerungen in Zukunft möglicherweise besser von den Bürgerinnen und Bürgern akzeptiert werden.

Die von Ferdinand Hucho 2002 initiierte interdisziplinäre Arbeitsgruppe „Gentechnologiebericht“ der Berlin-Brandenburgischen Akademie der Wissenschaften (BBAW) publiziert seit dem Jahr 2005 regelmäßig Berichte über unterschiedliche Anwendungen der Gentechnologie in Deutschland. Mit ihren systematischen Arbeiten will die Arbeitsgruppe zu mehr Transparenz im öffentlichen Diskurs beitragen. Ihr Anliegen ist ein langfristiges und unabhängiges Monitoring dieser Hochtechnologie.

Mit dem vorliegenden Themenband „Grüne Gentechnologie“ bietet die interdisziplinäre Arbeitsgruppe „Gentechnologiebericht“ eine Übersicht über neue Entwicklungen dieses Bereiches: Der Band liefert in seiner 3., völlig neubearbeiteten und ergänzten Auflage eine umfassende Darstellung des aktuellen Forschungsstands sowie eine interdisziplinäre Analyse, die neben naturwissenschaftlichen und ökonomischen Gesichtspunkten auch politische, rechtliche und ethische Aspekte aufgreift. Außerdem wurden Debattenbeiträge zum Thema „Herausforderung Welternährung. Welche Pflanzenforschung brauchen wir?“ aufgenommen. Die inhaltliche Auseinandersetzung mit dem Thema wird abgerundet durch die Darstellung von Indikatoren, mit denen aktuelle Entwicklungen und Trends im Kontext der grünen Gentechnologie abgebildet und im Vergleich zu früheren Auflagen fortgeschrieben werden.

Namentlich gekennzeichnete Beiträge geben nicht unbedingt die Meinung der Herausgeber oder der Arbeitsgruppe wieder. Die interdisziplinäre Arbeitsgruppe „Gentechnologiebericht“

verantwortet gemeinsam die in Kapitel 1 vorgestellten Kernaussagen und Handlungsempfehlungen. Sie stellen die Meinung der Arbeitsgruppe dar, welche nicht unbedingt von allen Mitgliedern der BBAW vertreten wird; die Akademie steht jedoch hinter der Qualität der geleisteten Arbeit.

Ein herzlicher Dank gebührt Silke Domasch, die das Buchprojekt in vielerlei Hinsicht organisatorisch und administrativ begleitete, sowie Anja Hümpel und Martin Schmidt für das akribische Korrekturlesen des gesamten Manuskripts. Ein großer Dank geht außerdem wieder an Petra Florath, die das Buch mit seinen zahlreichen Abbildungen gesetzt und für den Druck vorbereitet hat.

Die interdisziplinäre Arbeitsgruppe „Gentechnologiebericht“ wird ihr Monitoring auch in den kommenden Jahren fortsetzen; in Vorbereitung sind der Dritte Gentechnologiebericht sowie ein Themenband zur Epigenetik.

Bernd Müller-Röber

Sprecher der interdisziplinären Arbeitsgruppe „Gentechnologiebericht“ der BBAW

Berlin, im März 2013

Inhalt

Zusammenfassung	11
Interdisziplinäre Arbeitsgruppe „Gentechnologiebericht“	
1. Kernaussagen und Handlungsempfehlungen	23
Bernd Müller-Röber, Mathias Boysen, Lilian Marx-Stölting, Angela Osterheider	
2. Einleitung und methodische Einführung	29
2.1 Grüne Gentechnologie – eine Einführung	29
2.2 Problemfelder und Indikatoren im Bereich der grünen Gentechnologie	32
Bernd Müller-Röber, Lilian Marx-Stölting, Jonas Krebs	
3. Stand der Wissenschaft und der Technik	39
3.1 Einleitung	39
3.2 Neue Züchtungsmethoden	40
3.3 Wichtige Hilfstechnologien und -wissenschaften	60
3.4 Praktische Anwendungen und Züchtungsziele	78
3.5 Fazit	93
Mathias Boysen, Gerd Spelsberg, Heike Baron	
4. Mögliche Auswirkungen auf Gesundheit und Umwelt	95
4.1 Sicherheitsbewertung in der EU	95
4.2 Gesundheitliche Effekte	96
4.3 Ökologische Effekte	99

Mathias Boysen, Gerd Spelsberg, Heike Baron

5. Ökonomischer Nutzen der grünen Gentechnologie	107
5.1 Weltweiter Anbau gentechnisch veränderter Pflanzen	107
5.2 Anbau gentechnisch veränderter Pflanzen in den USA	112
5.3 Anbau gentechnisch veränderter Pflanzen in Deutschland und Europa	115
5.4 Anbau gentechnisch veränderter Pflanzen in Indien	119
5.5 Langfristiger Betrachtungshorizont: Resistenzen, Koexistenz und Markttrennung	123

Mathias Boysen, Gerd Spelsberg, Heike Baron

6. Politischer Rahmen der grünen Gentechnologie in Deutschland und der EU	127
6.1 Freisetzungsversuche mit gentechnisch veränderten Pflanzen	127
6.2 Zulassung von gentechnisch veränderten Pflanzen, Lebens- und Futtermitteln	128
6.3 Regeln für die Nutzung zugelassener gentechnisch veränderter Pflanzen, Lebens- und Futtermittel	131

Mathias Boysen, Gerd Spelsberg, Heike Baron

7. Ethische Bewertung der grünen Gentechnologie	143
7.1 Grundlage ethischer Ansätze	143
7.2 Argumentationstypen ethischer Bewertung	145
7.3 Schlussüberlegungen	150

Mathias Boysen, Gerd Spelsberg, Heike Baron

8. Gesellschaftliche Resonanz auf die grüne Gentechnologie	153
9. Debattenbeiträge: Herausforderung Welternährung. Welche Pflanzenforschung brauchen wir?	157
9.1 Was sagt der Weltagrарbericht über zukünftige Forschungsrichtungen und Investitionen in der Landwirtschaft? (Hans Rudolf Herren)	159
9.2 Die Zukunft der Pflanzenforschung. (Mögliche) Antworten auf die konkreten Herausforderungen (Bernd Müller-Röber)	166

9.3 Welternährung. Grundlagen für die Lösung eines vielseitigen Problems (Michael Krawinkel)	171
9.4 Wege zu einer nachhaltigen und wissensbasierten Umgestaltung des Agrarsektors (Helmut Born)	177
Angela Osterheider, Lilian Marx-Stölting	
10. Daten zu ausgewählten Indikatoren	181
10.1 Einführung und Übersicht	181
10.2 Daten zu Akzeptanz, Forschungs- und Wissenschaftsstandort Deutschland, Koexistenz und Haftungsfragen, Realisierung wissenschaftlicher Zielsetzungen, Sicherheitsforschung und -prüfung, Stand der Kommerzialisierung	188
10.3 Zusammenfassung	245
11. Anhang	247
11.1 Literatur	247
11.2 Abbildungen und Tabellen	280
11.3 Autorinnen und Autoren	281

Zusammenfassung

Kein anderer Aspekt der Gentechnologie ist in Deutschland – wie in ganz Europa – so umstritten wie die Züchtung und die Nutzung von gentechnisch veränderten Pflanzen. Der Gentechnikeinsatz bei Pflanzen berührt unser grundsätzliches Verständnis der Natur und unser Verhältnis zu unserer Umwelt auf grundlegende Art und Weise. So wurde der Konflikt um die grüne Gentechnologie zu einem klassischen Stellvertreterkonflikt für gesamtgesellschaftliche Richtungsdebatten, etwa über die Zukunft der Landwirtschaft, der Ernährung sowie einer gerechteren Art des Wirtschaftens. Ihre Akzeptanz bei Verbraucherinnen und Verbrauchern ist hierzulande weiterhin gering. Inzwischen findet in Deutschland auch kein Anbau gentechnisch veränderter Pflanzen mehr statt. Dennoch sind diese global gesehen auf dem Vormarsch. Außerdem entwickelt sich die grüne Gentechnik im Bereich der Forschung, Entwicklung und Anwendung rasant weiter. Dazu gehört auch die Erforschung einer Vielzahl neuer Methoden, die nicht mehr auf die Erzeugung klassischer transgener Pflanzen abzielen.

Mit der 3. völlig neubearbeiteten und ergänzten Auflage des Themenbands „Grüne Gentechnologie“ bietet die interdisziplinäre Arbeitsgruppe „Gentechnologiebericht“ ein Monitoring im Sinne einer Übersicht über relevante neue Entwicklungen des Gebietes.

Dem Themenband vorangestellt sind die Kernaussagen und Handlungsempfehlungen, welche die interdisziplinäre Arbeitsgruppe „Gentechnologiebericht“ der Berlin-Brandenburgischen Akademie der Wissenschaften gemeinsam verantwortet (Kapitel 1). Nach inhaltlicher und methodischer Einführung (Kapitel 2) wird zunächst der aktuelle Sachstand von Wissenschaft und Technik dargestellt (Kapitel 3). Hier werden neben neuen Züchtungsmethoden wichtige Hilfstechnologien und -wissenschaften sowie praktische Anwendungen und Züchtungsziele beschrieben. Im nächsten Kapitel werden sowohl mögliche Auswirkungen auf Gesundheit und Umwelt (Kapitel 4) also auch die ökonomischen Potenziale der grünen Gentechnologie (Kapitel 5) diskutiert. Fokussiert wird darüber hinaus der politische Rahmen der grünen Gentechnologie in Deutschland und der EU (Kapitel 6). Die verschiedenen Argumentations-

typen, die für die ethische Bewertung der grünen Gentechnologie eine wichtige Rolle spielen, werden in Kapitel 7 vorgestellt. Die gesellschaftliche Resonanz auf die grüne Gentechnik wird ebenfalls näher beleuchtet (Kapitel 8). Einen direkten Blick auf die wissenschaftliche Kontroverse bietet das neunte Kapitel. Es dokumentiert eine Abendveranstaltung der Vereinigung Deutscher Wissenschaftler e.V. (VDW) und der interdisziplinären Arbeitsgruppe „Gentechnologiebericht“ der Berlin-Brandenburgischen Akademie der Wissenschaften (BBAW) zum Thema „Herausforderung Welternährung. Welche Pflanzenforschung brauchen wir?“ Den Abschluss (Kapitel 10) bildet die Aktualisierung der im Gentechnologiebericht 2005 erstmalig vorgestellten und im Themenband Grüne Gentechnologie 2006/2007 sowie im Zweiten Gentechnologiebericht 2009 fortgeschriebenen Indikatoren, die einen konzentrierten wie vertiefenden Blick auf die Entwicklung der grünen Gentechnologie in den letzten Jahren ermöglichen.

Kapitel 2: Einleitung und methodische Einführung (Bernd Müller-Röber, Mathias Boysen, Lilian Marx-Stöltzing, Angela Osterheider)

Ziel dieses Themenbandes ist ein aktuelles Monitoring der grünen Gentechnologie. Als Grundlage nutzt die interdisziplinäre Arbeitsgruppe „Gentechnologiebericht“ dabei den sozialwissenschaftlich-motivierten Ansatz einer Problemfeld- und Indikatoren-Analyse. In einem ersten Schritt wird die Komplexität der Debatten in verschiedene Problemfelder strukturiert. Hinter diesen Problemfeldern stehen Themenkomplexe, die im Bereich der grünen Gentechnologie eine wichtige Rolle spielen und die in Deutschland öffentlich diskutiert werden. In einem zweiten Schritt werden diesen Problemfeldern Indikatoren zugeordnet. Dabei handelt es sich um empirisch ermittelbare Größen, die als zentrales Instrument der Analyse inhaltlich mit einem Problemfeld verknüpft sind und zu dessen objektiver Beschreibung herangezogen werden können. Auf diese Weise werden verschiedene Aspekte eines Problemfeldes mit messbaren Daten belegt. Durch die langfristige Dokumentation lässt sich so Auskunft über die Entwicklung des Feldes geben. Damit leistet der Themenband einen Beitrag zur objektiven und kontinuierlichen Beobachtung der Entwicklung der Gentechnologie in Deutschland. Allerdings lassen sich nicht zu allen Problemfeldern passende Indikatoren erstellen oder konkrete Daten finden. In solchen Fällen wird auf die qualitative Beschreibung des Problemfeldes im Themenband zurückgegriffen.

Für die Diskussion um die grüne Gentechnologie sind viele übergeordnete Themen relevant. Dazu gehören etwa Fragen nach der Art und Weise, wie wir in Deutschland Landwirt-

schaft betreiben, Lebensmittel herstellen, uns ernähren oder wie international mehr Gerechtigkeit oder eine andere Art des Wirtschaftens erreicht werden könnten. Daher sind für die Auseinandersetzung mit der grünen Gentechnologie sowohl der technische als auch der problemorientierte Themenzugang gleichermaßen relevant. Da jedoch das Monitoring der Gentechnologie zentrale Aufgabe der Berichtsarbeit der interdisziplinären Arbeitsgruppe „Gentechnologiebericht“ ist, liegt der Fokus dieses Themenbandes explizit auf der Darstellung und Diskussion der grünen Gentechnologie selbst.

Kapitel 3: Stand der Wissenschaft und Technik (Bernd Müller-Röber, Lilian Marx-Stöltzing, Jonas Krebs)

Betrachtet man den aktuellen Stand der technologischen Entwicklung der grünen Gentechnik und ihrer Anwendungen, fällt die große Bandbreite neuer Entwicklungen auf. Bislang lassen sich die erheblichen Fortschritte in der Forschung jedoch nicht in gleichem Maße auch für die praktische Anwendung bis zur Marktreife von Produkten beobachten, da Entwicklungsprozesse einerseits sowie Zulassungen andererseits sehr lange dauern. Global beherrschen noch immer klassische transgene Pflanzen (bei denen artfremde DNA ins Pflanzengenom integriert wurde) mit Herbizidtoleranz und Insektenresistenz den Anbau, der weltweit weiter zugenommen hat. Auch der Anbau von gentechnisch veränderten Pflanzen (gv-Pflanzen) mit mehreren veränderten Merkmalen („stacked traits“, oft Herbizidtoleranz und Insektenresistenz) nimmt zu.

Die Erkenntnisse und neuen Methoden der Gentechnik werden jedoch bereits seit langem intensiv in Forschung und Pflanzenzüchtung genutzt. Die prominentesten Beispiele, anhand derer die dynamische Entwicklung der grünen Gentechnologie veranschaulicht werden kann, werden von den Autorinnen und Autoren in diesem Kapitel vorgestellt.

Hierzu gehören beispielsweise sogenannte cisgene Pflanzen, bei denen zwar die gleichen Methoden wie zur Erzeugung transgener Pflanzen verwendet werden, hierfür aber nur arteigenes genetisches Material (oder das von kreuzbaren nahen Verwandten) benutzt wird. Beim auch als „Präzisionszüchtung“ bezeichnetem Smart Breeding (Selection with Markers and Advanced Reproductive Technologies) wird die Anwesenheit erwünschter Genvarianten mit molekularbiologischen Methoden getestet. So können Pflanzen für die Weiterzüchtung ausgewählt und der Züchtungsprozess beschleunigt werden, ohne dass die so gezüchteten Pflanzen selbst gentechnisch verändert werden. Beim TILLING (Targeting Induced Local Lesions In Genomes) werden durch bestimmte Reize Mutationen in arteigenen Genen ausgelöst. Dann werden in

einem mehrstufigen Verfahren und verschiedenen genetischen Screenings Pflanzen mit erwünschten Merkmalen für die weitere Züchtung ausgewählt. Vorgestellt werden in diesem Kapitel aber auch Fortschritte im Bereich der Veränderung des Genoms von Plastiden, beispielsweise Chloroplasten (Plastidentransformation), die Auslösung von Mutationen durch Oligonukleotide (Chimeraplastenttechnologie), die Kombination mehrerer Merkmale („trait stacking“), die Nutzung niedermolekularer Moleküle für die Aufklärung der Funktion von Proteinen und Signaltransduktionswegen („chemical genetics“) sowie die Nutzung kleiner RNAs zur sequenzspezifischen Genstilllegung (RNA-Interferenz und Mikro-RNAs).

Die bedeutenden Fortschritte der Pflanzenbiotechnologie wurden erst durch die Entwicklung verschiedener Hilfstechnologien und -wissenschaften ermöglicht. Insbesondere die Sequenzierung von Pflanzengenomen durch neue Sequenzierverfahren („next generation sequencing“) ermöglichten die kostengünstige und schnelle DNA-Entschlüsselung sowie genomweite Screenings, also die systematische Untersuchung des gesamten Genoms im Hinblick auf bestimmte Fragestellungen. Ein weiteres Beispiel sind die Entwicklung und Nutzung neuer selektierbarer Marker für die Pflanzenzüchtung. Solche Marker sind notwendig, um nach der DNA-Übertragung diejenigen Pflanzen zu identifizieren, bei denen das genetische Konstrukt erfolgreich ins Genom eingebaut wurde (Selektion). Dabei kommt der Entwicklung markerfreier transgener Pflanzen, bei denen die selektierbaren Marker nachträglich wieder entfernt wurden, eine wachsende Bedeutung zu. Wichtig sind darüber hinaus aber auch die umfassende Untersuchung von Stoffwechselprodukten und Proteinen („metabolomics“ und „proteomics“) von Pflanzen, neue Detektionsmethoden für genetisch modifizierte Organismen (GMO), die Nutzung umfassender Datenbanken sowie die Forschungsbereiche Systembiologie und Epigenetik.

Zu den praktischen Anwendungen und Züchtungszielen der grünen Gentechnologie gehören Pflanzen für die Biomasseproduktion oder die Produktion pharmakologisch wirksamer Stoffe, Pflanzen mit den Eigenschaften Stresstoleranz und Schädlingsresistenz, die Anreicherung von Pflanzen mit bestimmten Nährstoffen (Biofortifizierung) sowie die systematische Erfassung phänotypischer Merkmale von Pflanzen (Phänotypisierung). In Deutschland ist auch die Sicherheitsforschung ein zentraler Bestandteil der Forschung.

Die Vielfalt der neuen Methoden und ihre bisherigen Erfolge deuten auf eine auch in den kommenden Jahren zunehmende Bedeutung gentechnologischer Verfahren für die Pflanzenzüchtung hin. Ob die neuen Ziele und Wege aber auch in Deutschland zu einer besseren Verbraucherakzeptanz führen werden, bleibt offen.

Kapitel 4: Mögliche Auswirkungen auf Gesundheit und Umwelt (Mathias Boysen, Gerd Spelsberg, Heike Baron)

Generell benötigen alle gv-Pflanzen in der EU eine Zulassung, wenn sie als Lebens- und Futtermittel genutzt werden sollen. Für die dabei vorgeschriebene Sicherheitsbewertung ist die European Food Safety Authority (EFSA) zuständig. Diese wird von Kritikerinnen und Kritikern als industrienah kritisiert, ohne jedoch der Wissenschaftlichkeit der Expertisen eine konkrete Fehlerhaftigkeit nachzuweisen. Die Abschätzung möglicher gesundheitlicher Gefahren erfolgt durch vergleichende Analysen zwischen der gv-Pflanze und der unveränderten Ausgangspflanze (Prinzip der substanziellen Äquivalenz). Mögliche Allergene oder toxische Wirkungen werden ebenso untersucht wie die pflanzenspezifische Nährstoffzusammensetzung. Obwohl die Möglichkeit der Verbreitung von Antibiotikaresistenzgenen durch horizontalen Gentransfer als niedrig eingestuft wird, werden in kommerziellen Sorten nur Resistenzen gegen Antibiotika von geringer Relevanz für die Medizin als Marker zugelassen. Außerdem können Markergene, wie etwa solche für Antibiotikaresistenzen, inzwischen nach erfolgreicher Transformation wieder entfernt werden

Die wissenschaftliche Auswertung zahlreicher Fütterungsstudien mit gentechnisch veränderten Nutzpflanzen konnte bislang keine negativen Effekte belegen. Anderslautende Studien wurden innerhalb der wissenschaftlichen Community aus methodischen Gründen heftig kritisiert, in der Öffentlichkeit aber dennoch rezipiert und als Beweis für negative gesundheitliche Effekte wahrgenommen.

Ökologische Effekte lassen sich aufgrund ihrer Komplexität nur schwer und nicht vollständig abschätzen. Dies ist ein grundsätzliches Problem technischer Innovationen im Freiland und nicht nur bei der Gentechnik so. Zu bedenken sind im Kontext der Gentechnik insbesondere die Probleme der unbeabsichtigten Verbreitung transgener Pflanzen, also Auswilderung und Auskreuzung, mögliche negative Auswirkungen auf Nicht-Zielorganismen und auf die Artenvielfalt sowie das Auftreten resistenter Unkräuter und Schädlinge. Die Verwilderung von Nutzpflanzen gilt jedoch in den meisten Fällen als unwahrscheinlich, da die angebauten Sorten spezifisch für die Bedingungen der Agraranbausysteme gezüchtet wurden, die außerhalb dieser Systeme nicht gegeben sind. Auch die Auskreuzung stellt bislang in Europa und den USA kein vordringliches Problem dar, da sich der Anbau auf Arten konzentriert, die hier keine wilden Verwandten haben. In den Ländern Mittelamerikas ist das Auskreuzen jedoch ein großes Problem, da dies die Herkunftsregion von Mais ist und es dort kreuzbare Wildformen gibt. Mögli-

che negative Wirkungen auf Nicht-Zielorganismen und die Artenvielfalt werden hauptsächlich bei Bt-Pflanzen befürchtet. In die Schlagzeilen gerieten besonders Auswirkungen auf Schmetterlinge oder Bienen sowie mögliche Änderungen in der Zusammensetzung eines Ökosystems, etwa infolge des Wegfalls eines Schädling oder Unkrauts. Derartige Sicherheitsbedenken führten in Deutschland 2009 zum Verbot der transgenen Bt-Maissorte MON 810. Das Auftreten resistenter Unkräuter und Schädlinge stellt eines der größten Probleme des bisherigen Anbaus von gv-Pflanzen dar. Es gibt jedoch verschiedene Strategien des Resistenzmanagements, um dies nach Möglichkeit zu verhindern, herauszuzögern oder angemessen damit umzugehen. Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler fordern immer wieder, zur Schädlings- und Unkrautbekämpfung nach dem Prinzip des integrierten Pflanzenschutzes vorzugehen und verschiedene Methoden zu kombinieren: Fruchtfolgen, biologische Schädlingsbekämpfung und, als eine Maßnahme unter mehreren, auch insekten- oder herbizidresistente Nutzpflanzen.

Für die Bewertung von gv-Pflanzen und ihrem konkreten Gefährdungspotenzial sind Einzelfallprüfungen von zentraler Bedeutung. Pauschalurteile werden der Komplexität der Landwirtschaft, den verschiedenen Methoden sowie der Vielfalt der Einsatzmöglichkeiten der grünen Gentechnik nicht gerecht. Die ökologische Bewertung einer gv-Sorte hängt nicht nur vom transgenen Merkmal und der Pflanzenart, sondern auch von der Anbauregion und der landwirtschaftlichen Praxis ab.

Kapitel 5: Ökonomischer Nutzen der grünen Gentechnologie (Mathias Boysen, Gerd Spelsberg, Heike Baron)

In der Debatte über die grüne Gentechnologie gehört ihr ökonomischer Nutzen zu den zentralen Fragen, wobei die Bewertung bei Befürwortern und Kritikern sehr unterschiedlich ausfällt. Mathias Boysen, Gerd Spelsberg und Heike Baron bieten eine Übersicht über verschiedene ökonomische Aspekte und nehmen insbesondere die USA, Europa und Deutschland als Regionen mit einer stark technologisierten Agrarproduktion, sowie Indien, als Schwellenland mit einer zumeist traditionellen Landbewirtschaftung, in den Blick.

Der weltweite Anbau gentechnisch veränderter Pflanzen steigt seit Jahren an und dient als zentrale Argumentation für deren wirtschaftlichen Erfolg. Dabei haben sich aber nicht alle gv-Pflanzen auf dem Markt durchsetzen können und nur wenige Nutzpflanzenarten haben einen signifikanten Flächenanteil, hauptsächlich Soja, Raps, Mais und Baumwolle. Kommerziell angebaut werden fast ausschließlich Pflanzen mit Herbizidtoleranz, Insektenresistenz oder einer

Kombination beider Merkmale („stacked traits“). Sowohl der Anstieg der Anbaufläche transgener Nutzpflanzen als auch verschiedene Studien deuten darauf hin, dass mit Hilfe der Gentechnik entwickelte Sorten ökonomische Vorteile für Landwirtinnen und Landwirte bieten, und dies auch in Entwicklungsländern. Die Abschätzung der ökonomischen Vorteile ist jedoch schwierig, da Phänomene wie das Auftreten von Resistenzen bei Unkräutern oder Schädlingen und Maßnahmen zu deren Management in die Berechnung einbezogen werden müssen. Für den deutschen Kontext müssen auch Kosten zur Einhaltung der Koexistenz und möglicherweise Schadenersatz einkalkuliert werden, sodass die Situation für Landwirte grundsätzlich anders ist als etwa in den USA. Auch Kosten der Markttrennung sind zu berücksichtigen.

In der EU waren im Herbst 2012 nur drei gv-Pflanzen für den Anbau zugelassen, von denen nur eine, der insektenresistente Mais MON 810, tatsächlich in einigen Mitgliedsstaaten, insbesondere Spanien, angebaut wird. Für den internationalen Handel problematisch ist die asynchrone Zulassung von gv-Pflanzen in den USA und Europa, die für den Import von Futtermitteln eine besondere Rolle spielt. In den USA werden deutlich mehr gv-Pflanzenlinien (Events) angebaut als in Europa als Lebens- und Futtermittel zugelassen sind. Chargen, die in der EU nicht zugelassene GVO enthalten, sind hier nicht verkehrsfähig, was zu einer Verknappung der Futtermittel und damit zu deutlichen Preissteigerungen für die Tierhaltung in der EU führen könnte.

Kapitel 6: Politischer Rahmen der grünen Gentechnologie in Deutschland und der EU (Mathias Boysen, Gerd Spelsberg, Heike Baron)

Gegenstand dieses Kapitels sind die rechtlichen und politischen Rahmenbedingungen in Deutschland und der EU. In der EU ist jede absichtliche Freisetzung eines gentechnisch veränderten Organismus in die Umwelt genehmigungspflichtig (EU-Freisetzungsrichtlinie 2001/18/EG). Dies betrifft sowohl Freisetzungsversuche als auch die kommerzielle Nutzung.

Jede Freisetzung wird fallweise („case by case“) geprüft und in der Regel nur mit bestimmten Auflagen genehmigt, die schrittweise („step by step“) gelockert werden. Die Öffentlichkeit muss über alle Freisetzungsvorhaben informiert werden. Die Zahl der Freisetzungsversuche mit gv-Pflanzen ist in Deutschland und der EU seit mehreren Jahren rückläufig.

Bei der Zulassung für eine kommerzielle Nutzung (Inverkehrbringen) wird nach verschiedenen Anwendungszielen unterschieden (EU-Verordnung 1829/2003): Zulassung für den Anbau in der EU, Zulassung als vermehrfähiger GVO, Zulassung als (nicht vermehrfähiger)

fähiges) Lebens- und Futtermittel, welches aus einem GVO hergestellt ist. Zulassungsfähig sind GVO oder GVO-Produkte nur, wenn sie nach dem derzeitigen Stand des Wissens genauso sicher sind wie ein konventionelles Vergleichsprodukt. Zulassungen zum Inverkehrbringen sind in der EU grundsätzlich auf zehn Jahre begrenzt, können jedoch erneuert werden.

Darüber hinaus gibt es Regeln für die Nutzung zugelassener gv-Pflanzen, Lebens- und Futtermittel. Diese betreffen Wahlfreiheit und Schwellenwerte, die Kennzeichnung von gentechnisch veränderten Lebensmitteln (Kennzeichnungspflicht), die Kennzeichnung „ohne Gentechnik“ (Positivkennzeichnung), die Kennzeichnung von Saatgut sowie die Ermöglichung der Koexistenz verschiedener landwirtschaftlicher Systeme durch Schwellenwerte, Mindestabstände und Haftungsregelungen.

Der Grundsatz der Wahlfreiheit gilt als politisch allgemein akzeptiert und ist auch im Recht verankert: Unabhängig von Sicherheitsaspekten sollen Konsumentinnen und Konsumenten, aber auch Landwirtinnen und Landwirte und Lebensmittelhersteller zwischen Produkten mit und ohne Gentechnik wählen können. Unterschiedliche landwirtschaftliche Systeme mit und ohne Gentechnik sollen dauerhaft nebeneinander bestehen, was nur durch eine strikte Trennung der Systeme über die gesamte Warenkette vom Saatgut bis zum Endprodukt sowie eine Kennzeichnung möglich ist. Als gentechnisch veränderte Lebensmittel werden Lebensmittel bezeichnet, die aus gentechnisch veränderten Pflanzen, Tieren oder Mikroorganismen bestehen, diese enthalten oder aus diesen hergestellt sind.

Kapitel 7: Ethische Bewertung der grünen Gentechnologie (Mathias Boysen, Gerd Spelsberg, Heike Baron)

Der Einsatz der Gentechnologie bei Pflanzen wirft – wie andere Techniken auch – verschiedene ethische Fragen auf, die sehr unterschiedliche Bereichsethiken berühren, etwa die Natur- oder Ökoethik, die Wissenschaftsethik, Technikethik, Sozial- und Gesellschaftsethik oder die Wirtschaftsethik. Verschiedene Argumentationsstränge bilden dabei ein komplexes Geflecht. Dabei sind vier Argumentationstypen ethischer Bewertung in der Auseinandersetzung um die Gentechnik besonders wichtig und werden hier von den Autoren auf den Kontext der grünen Gentechnik übertragen. Dabei stehen deontologische und teleologische Argumentationsformen, Menschenwürde und Würde der Kreatur, biokonservative und bioliberaler Grundhaltungen sowie die Abgrenzung von natürlich versus künstlich einander gegenüber. Die Analyse zeigt, dass sich spezifische Grundhaltungen von Individuen direkt auf die individuelle Bewer-

tung von Einzelfragen zur grünen Gentechnik auswirken. Außerdem wird in Debatten über die grüne Gentechnik der jeweiligen Gegenseite häufig eine „Anti-Moral“ unterstellt. Befürworter unterstellen Gegnern, sie seien gegen die Möglichkeiten zur Beseitigung von Mangelernährung, gegen wirtschaftlichen Wohlstand, gegen Aufklärung und Fortschritt. Andersherum unterstellen die Gegner den Befürwortern, sie strebten die schrankenlose Verfügbarkeit über die Natur an, seien von Profitdenken geleitet und würden potenzielle Risiken der Technologie einfach negieren. Die jeweils andere Position wird verzerrt oder überhaupt nicht wahrgenommen. Eine angemessene Auseinandersetzung mit der grünen Gentechnologie sollte die Anerkennung gleichzeitig möglicher und wertvoller, wenn auch verschiedener ethischer Bewertungen zulassen und die Reichweite der angewandten ethischen Prinzipien für konkrete Anwendungen klären.

Kapitel 8: Gesellschaftliche Resonanz auf die grüne Gentechnologie (Mathias Boysen, Gerd Spelsberg, Heike Baron)

Die grüne Gentechnik stößt in der Bevölkerung immer noch auf große Ablehnung. Die von zahlreichen Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftlern vertretene Auffassung, dass ihr Einsatz unter bestimmten Bedingungen sinnvoll sein kann, steht unter Rechtfertigungsdruck. Studien, die mögliche Gefahren und negative Folgen beschreiben, werden in der Öffentlichkeit sehr viel stärker rezipiert als solche, die gentechnisch veränderten Pflanzen Unbedenklichkeit für Gesundheit und Umwelt attestieren. Dabei stellen diese negativen Berichte oft Minderheitenpositionen innerhalb des wissenschaftlichen Diskurses dar. Die zahlreichen Studien, die gv-Pflanzen Unbedenklichkeit für Gesundheit und Umwelt bescheinigen, stehen häufig unter dem Generalverdacht, im Interesse der Industrie erstellt worden zu sein. Die große Bereitschaft, selektiv negativen Berichten zu glauben, lässt sich möglicherweise dadurch erklären, dass die grüne Gentechnik in Europa zum Symbol negativer Aspekte der modernen, industrialisierten Landwirtschaft geworden ist und sie als ein weiterer Schritt in eine insgesamt als falsch empfundene Richtung gesehen wird. Die starren Fronten in der Diskussion um die grüne Gentechnik verhindern eine ergebnisoffene und produktive Debatte darüber, wie im globalen Maßstab genügend Lebensmittel umweltverträglich und gerecht produziert werden können und welche Rolle technologische Ansätze dabei spielen sollten.

Kapitel 9: Debattenbeiträge: Herausforderung Welternährung. Welche Pflanzenforschung brauchen wir? (Hans Rudolf Herren, Bernd Müller-Röber, Michael Krawinkel, Helmut Born)

Einen direkten Blick auf die wissenschaftliche Kontroverse bietet die Dokumentation einer Abendveranstaltung der Vereinigung Deutscher Wissenschaftler e.V. (VDW) und der interdisziplinären Arbeitsgruppe „Gentechnologiebericht“ der BBAW vom 08.07.2010 zum Thema „Herausforderung Welternährung. Welche Pflanzenforschung brauchen wir?“ Mit dem Thema Welternährung diskutieren die vier Beiträge von Hans Rudolf Herren, Bernd Müller-Röber, Michael Krawinkel sowie Helmut Born ein zentrales Thema der Weltpolitik sowie eine wichtige Zielvorstellung der grünen Gentechnologie. Sie thematisieren vor diesem Hintergrund die Frage nach den Möglichkeiten und Grenzen der molekularen Pflanzenforschung, die sowohl Befürworter als auch Gegner der Gentechnik beschäftigt. Inhaltlich nähern sich die vier Beiträge dem Thema Welternährung aus unterschiedlichen Perspektiven. Besonders kontrovers diskutiert wird hierbei der Beitrag, den der Einsatz der Gentechnik in der Pflanzenzüchtung leisten kann.

Hans Rudolf Herren stellt die Ergebnisse des Weltagrarberichtes vor, den ein Gremium aus 400 Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftlern zur Beantwortung der Zukunftsfragen der Landwirtschaft verfasst hat. Demnach wird ein massiver Wandel der landwirtschaftlichen Produktion unausweichlich sein. Das Gremium hat sieben zentrale Punkte auf dem Weg zu mehr Nachhaltigkeit und Zukunftsfähigkeit der Landwirtschaft vorgestellt: 1) die Unterstützung von Familienbetrieben, 2) ein verbesserter Zugang zu Produktionskapital, 3) eine Verbesserung des Marktzugangs sowie der Infrastrukturen und Institutionen, 4) Energie- und Wassereffizienz, 5) eine Analyse aller Sektoren in Bezug auf die Biotechnologie, 6) die Förderung verantwortungsvoller Regierungen und des Fairen Handels sowie 7) Investitionen in langfristige Lösungen. Bei der Umsetzung muss aber der Vielfalt der Agrarsysteme in den fünf Weltregionen sowie der Größe und Produktionssystemen der Betriebe Rechnung getragen werden.

Nach Bernd Müller-Röber bietet die moderne Pflanzenzüchtung eine Bandbreite an Technologien, um auch in Zukunft Sorten zu züchten, die den Anforderungen einer intensivierten Pflanzenproduktion genügen. Welche Technologie in der Züchtung zum Einsatz kommt, sollte dabei von Fall zu Fall entschieden werden. Als Pflanzenmolekularbiologe stellt er in seinem Beitrag dar, welche Funktion diese Forschungsrichtung in Bezug auf den Erkenntnisgewinn über Pflanzen und für die Anwendung in der Pflanzenzüchtung erfüllt. Die züchterische Anpassung von Pflanzen an immer wieder veränderte Umwelten hält er dabei für essenziell. Er

plädiert dafür, das umfangreiche Methodenspektrum der modernen Pflanzenzüchtung – nach sinnvoller Einzelfallprüfung – auch zu nutzen.

Michael Krawinkel unterstreicht die Vielseitigkeit der Ursachen für Unterernährung. Aus seiner Sicht ist der Mangel an Nahrungsmitteln lokal und regional – und so müssen auch die Strategien zur Überwindung angelegt sein. Eine reine Steigerung der globalen Produktion reicht nicht. Er kontrastiert technologische und soziale Lösungen, wobei er letzteren ein besonderes Gewicht zuschreibt, obwohl er das Potenzial der Pflanzenforschung durchaus anerkennt. Für eine erfolgreiche und gesunde Ernährungssicherung muss daher neben den Nahrungsmitteln auf Bildung und Gesundheit gesetzt werden.

Im Beitrag von Helmut Born werden zunächst der BioÖkonomieRat und seine Arbeit eingeführt. Es wird prognostiziert, dass sich die Bioökonomie langfristig zu einer tragenden Säule moderner Volkswirtschaften entwickeln könnte. Ziel ist dabei die Sicherstellung der Lebensgrundlagen angesichts der Ressourcenknappheit, inklusive der Erzeugung von Nahrung, Energie sowie biobasierten Roh- und Wirkstoffen. Die Biotechnologie wird dabei als einer von mehreren Bestandteilen gesehen. Darüber hinaus unterstreicht Born die Wichtigkeit der grünen Gentechnik für die Forschung. Laut Helmut Born dürfen vorhandene Forschungskapazitäten in Deutschland nicht ungenutzt bleiben. Innovative, auch systemische Ansätze in der Forschung müssen über den Bereich Pflanze hinaus größere Kreisläufe berücksichtigen.

Kapitel 10: Daten zu ausgewählten Indikatoren (Angela Osterheider, Lilian Marx-Stölting)

Zielsetzung des Gentechnologieberichts und seiner Themenbände ist es, die Entwicklungen auf dem Gebiet der Gentechnologie langfristig, indikatorenbasiert und interdisziplinär zu betrachten. Ein Werkzeug hierzu ist die Ermittlung von Problemfeldern und deren Ausleuchtung mit Hilfe von Indikatoren. Diese werden anhand standardisierter Datenblätter dargestellt. Eine Vielzahl der in diesem Kapitel aufgeführten Datenreihen sind Fortschreibungen der seit dem Ersten Gentechnologiebericht veröffentlichten Zahlen. Es steht jedoch nicht für alle aufgeführten Problemfelder und Indikatoren in diesem Themenband zur grünen Gentechnologie ausreichend Datenmaterial zur Verfügung beziehungsweise ist öffentlich einsehbar. Einschlägige Daten und darauf basierende Indikatoren liegen für diesen Themenband insbesondere zu den Problemfeldern *Akzeptanz, Forschungs- und Wissenschaftsstandort Deutschland, Stand der Kommerzialisierung* sowie *Realisierung wissenschaftlicher Zielsetzungen* vor. Da viele Problemfelder eng miteinander verzahnt sind, können jedoch einzelne Indikatoren zur Beschreibung mehrerer

Problemfelder eingesetzt werden. Abschließend ergibt sich in der Zusammenschau folgendes aktuelles Bild auf dem Gebiet der grünen Gentechnologie:

- ▶ Die Anzahl der Freisetzungsversuche und die der Freisetzungsorte ist in Deutschland im Berichtszeitraum seit einigen Jahren stetig gesunken (Indikator Grüne Gentechnik GG-03).
- ▶ Gv-Sorten hatten, solange der Anbau in Deutschland stattgefunden hat, einen nur sehr geringen Anteil an der landwirtschaftlichen Nutzfläche in Deutschland (zwischen 0,98 % und <0,1 %)(GG-15). Eine anteilmäßige Veränderung der Anbauflächen einzelner Arten durch den Anbau gentechnisch veränderter Sorten findet daher nicht statt (GG-13 und GG-14).
- ▶ Weltweit gesehen steigt der Umsatz gentechnisch veränderten Saatgutes im selben Zeitraum deutlich an (GG-04). Auch der Flächenanteil gentechnisch veränderter Pflanzen an der weltweit verfügbaren Anbaufläche ist angestiegen (GG-05). Ein Zuwachs ist sowohl bei Baumwolle, Mais, Raps als auch bei Soja zu verzeichnen.
- ▶ In der EU sind derzeit nur sehr wenige Traits für den Anbau zugelassen (GG-01).
- ▶ Die Zulassungen pro Unternehmen in Europa sind auf wenige Unternehmen konzentriert (GG-22).
- ▶ Die Anzahl der Patentanmeldungen unter deutscher Beteiligung ist nach unseren Recherchen leichten Schwankungen unterworfen, liegt aber in der Gesamtschau auf einem konstanten Niveau (GG-09). Dies gilt auch für die Anzahl der patentanmeldenden Unternehmen und öffentlichen Einrichtungen im Bereich grüner Gentechnologie (GG-10).
- ▶ Die Forschung auf dem Gebiet der grünen Gentechnologie wird auch weiterhin öffentlich gefördert (GG-06).
- ▶ Die Akzeptanz und Bewertung der grünen Gentechnologie kann auch weiterhin als eher negativ gesehen werden (GG-17).
- ▶ Die Zahl der „gentechnikfreien“ Regionen ist im Berichtszeitraum nur leicht angestiegen (GG-18).

1. Kernaussagen und Handlungsempfehlungen

Technologieentwicklung und -anwendung

Der weltweite und stetig zunehmende Anbau gentechnisch veränderter (transgener) Sorten konzentriert sich weiterhin auf die vier Nutzpflanzenarten Soja, Mais, Baumwolle und Raps, sowie auf die Merkmale Schädlingsresistenz und Herbizidtoleranz. Von dem Anbau transgener Sorten können die Landwirtinnen und Landwirte dann profitieren, wenn sich Verluste durch einen Schädlingsbefall reduzieren beziehungsweise Kosten des Unkrautmanagements senken lassen. Diverse Studien zeigen übereinstimmend, dass derzeit trotz höherer Saatgutkosten in der Regel ökonomische Vorteile für die Landwirtinnen und Landwirte bestehen.

Das Forschungsgebiet der grünen Gentechnik entwickelt sich international unverändert äußerst dynamisch, und Forscherinnen und Forscher arbeiten gegenwärtig an gentechnisch veränderten Pflanzen der zweiten und dritten Generation. So werden Kulturpflanzen mit Hilfe etablierter gentechnischer Verfahren entwickelt, die eine verbesserte Toleranz gegenüber Umweltstress – zum Beispiel Trockenheit – besitzen.

Flankiert werden diese Arbeiten durch eine umfassende Bestandsaufnahme der zellbiologischen und physiologischen Abläufe (beispielsweise Transkriptom-, Proteom- und Metabolomforschung) und die vollständige Sequenzierung einer wachsenden Anzahl von Pflanzengenomen. Darüber hinaus werden immer häufiger an unterschiedliche ökologische Nischen angepasste Varietäten einer Art oder durch Züchtung etablierte Pflanzen auf der Genomebene sequenziert. Durch vergleichende Analysen und mit starker Unterstützung durch die Bioinformatik werden zunehmend Genvarianten (Allele) mit definierten biologischen Funktionen assoziiert. Verstärkt und international an unterschiedlichen Standorten werden neue Techniken für die Analyse des pflanzlichen Wachstums (z. B. bildgebende Verfahren) entwickelt und eingesetzt. Damit wird es möglich, die Bedeutung von Genen und Allelen für das Wachstum und die Biomasseakkumulation zunehmend besser zu verstehen, was wiederum der Pflanzenzucht zugute kommt.

Die Beiträge der Gentechnologie zur modernen Pflanzenzüchtung reichen weit über die Herstellung transgener Pflanzen hinaus. Gentechnische Verfahren haben wesentlich dazu beigetragen, das Wissen über einzelne Gene und ihre Bedeutung für den Phänotyp zu erweitern und die Smart Breeding-Technologie (Präzisionszüchtung) zu etablieren. Dieses Verfahren gewinnt für die Entwicklung neuer Sorten zunehmend an Bedeutung. Allerdings ist es auf kreuzbare Arten beschränkt. Insbesondere bei Pflanzen, die zur Herstellung von Grundstoffen für die Industrie (Plant-Made-Industrials) oder von Pharmazeutika (Plant-Made-Pharmaceuticals) dienen, sind Transgentechnologien notwendig. Ansätze zur verbesserten Verwendung pflanzlicher Biomasse können von der Kombination der verschiedenen Techniken profitieren.

Diese und andere zukunftsorientierte Anwendungen der grünen Gentechnik, wie eine verbesserte Nährstoffzusammensetzung und -nutzungseffizienz oder die Optimierung von Kulturpflanzen für den Anbau in sogenannten Drittwelt- und Schwellenländern sollten in Deutschland öffentlich gefördert und weiterentwickelt werden.

Forschungsförderung in Deutschland

Für diese Ziele fehlte in Deutschland lange Zeit eine konsistente Politik: Während das Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) technologische Entwicklungen und die Sicherheitsforschung förderte, bremste das Bundesministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz (BMELV) die konkrete Anwendung von Ergebnissen. Mögliche Innovationspotenziale für die Landwirtschaft blieben ungenutzt. Mit der im Jahr 2010 gemeinsam von BMBF und BMELV aufgelegten Nationalen Forschungsstrategie Bioökonomie 2030¹ zeichnet sich jedoch eine deutliche Verbesserung dieser Situation ab.

Die drohende Abkopplung der deutschen Forschung von internationalen Forschungsprogrammen zur grünen Gentechnik auf der Ebene der Anwendungsforschung gilt es ebenso zu verhindern wie die weitere Abwanderung der gewerblichen Forschung und der Nachwuchswissenschaftlerinnen und Nachwuchswissenschaftler ins Ausland, welches den dauerhaften Verlust wissenschaftlicher Expertise bedeutet.

Das wissenschaftliche und personelle Know-how auf dem Gebiet der grünen Gentechnologie muss als Motor zukünftiger Innovationen langfristig in Deutschland gesichert werden. Auch für die

¹ www.bmbf.de/pub/biooekonomie_kurzfassung.pdf [02.03.2012].

Risikobewertung gentechnisch veränderter Pflanzen, die aus anderen Regionen der Welt in die EU und nach Deutschland eingeführt werden, ist sicherzustellen, dass weiterhin hinreichend ausgebildetes Personal zur Verfügung steht.

Für die Entwicklung neuer gentechnisch veränderter Sorten und für die ökologische Sicherheitsforschung, bei der Deutschland zu den führenden Ländern gehört, sind Freilandexperimente unabdingbar. Die Zerstörung von genehmigten Freilandversuchen ist weder ein legitimes Mittel des Protestes noch rechtsstaatlich tolerierbar.

Risikoabschätzung

Abstrakte Einwände gegen die Sicherheit der grünen Gentechnik können nicht als zentrales Argument gegen den Einsatz der Transformationstechnik bei Pflanzen herangezogen werden. Potenzielle gesundheitliche Risiken werden zu Recht für jeden Einzelfall im Rahmen der verbindlichen Zulassung intensiv überprüft. Nach über einem Jahrzehnt ihrer Nutzung existiert kein Beleg dafür, dass zugelassene transgene Pflanzen besondere negative gesundheitliche Wirkungen besitzen. Anders lautende öffentliche Berichte konnten einer wissenschaftlichen Prüfung nicht standhalten. Mögliche ökologische Effekte sind wie bisher im Rahmen der Zulassung von gentechnisch veränderten Pflanzen am Einzelfall zu überprüfen. Einerseits muss hierbei ausgeschlossen werden, dass ihr Anbau nicht zur Verschärfung der ökologischen Probleme der heute üblichen Landwirtschaftspraxis führt. Andererseits wäre es falsch, die Möglichkeiten von gentechnisch veränderten Pflanzen zur Verbesserung der Umweltwirkung im landwirtschaftlichen Anbau unberücksichtigt zu lassen, die sie nachweislich gegenüber den konventionellen Anbaumethoden besitzen können (z. B. eine Insektizideinsparung). Der Gefahr der Verbreitung von Herbizidtoleranzen bei Unkräutern beziehungsweise von Resistenzen bei Schädlingen muss mit einem adäquaten Resistenzmanagement begegnet werden.

Die umfangreiche wissenschaftliche Überprüfung möglicher Risiken durch die Europäische Behörde für Lebensmittelsicherheit (EFSA) hat sich bewährt, und der wissenschaftlichen Qualität der Expertise ist keine konkrete Fehlerhaftigkeit vorzuwerfen. Das in der EU gültige Vorsorgeprinzip sollte nicht dazu missbraucht werden, den Einsatz von gentechnisch veränderten Pflanzen ohne konkrete wissenschaftliche Hinweise auf eine Gefährdung von Natur oder Mensch einzuschränken. Wissenschaftliche Expertise und politische Entscheidung müssen transparent unterschieden werden.

Anbau

Lebensmittelherstellerinnen und -hersteller sowie Lebensmittelhandel bieten aufgrund der verbreiteten öffentlichen Vorbehalte und wegen des organisierten gesellschaftlichen Drucks in Europa gegenwärtig fast keine Lebensmittel an, bei denen der Einsatz von GVO ausgewiesen ist. Die Durchsetzung der Gentechnik im Lebensmittelbereich hängt sicher auch von der weiteren Entwicklung der Produkte der grünen Gentechnik und dem Produktbedarf ab.

In Deutschland werden, anders als in vielen Ländern weltweit, gentechnisch veränderte Sorten in den nächsten Jahren keinen nennenswerten Anteil am Anbau einnehmen. Gleichzeitig findet die Gentechnik im Lebensmittelbereich sehr wohl auch in Deutschland Anwendung, zum Beispiel in Form von Lebensmittelzusatzstoffen aus gentechnisch veränderten Mikroorganismen oder als Futtermittel aus gentechnisch veränderten Pflanzen.

Kennzeichnung und Koexistenz

Eine einheitliche Regelung der Kennzeichnung existiert derzeit nach EU-Recht nicht und ist zu fordern.

Solange der Einsatz gentechnisch veränderter Pflanzen in der Europäischen Union grundsätzlich erlaubt bleibt, müssen Regeln der Koexistenz von gentechniknutzenden und gentechnikfreien Produktionsformen etabliert werden. Diese Regeln sollten nicht zu einem De-facto-Verbot der Gentechniknutzung durch die Hintertür führen. Da sich gentechnisch veränderte Pflanzen weltweit etabliert haben, ist keine 100 %ige Garantie realisierbar, dass Produkte während der Wertschöpfung nicht mit der Gentechnik in Berührung gekommen sind. Vor diesem Hintergrund sind Schwellenwerte beim Saatgut erforderlich, die sich an der technisch sicheren Nachweisbarkeit orientieren und von einer positiven Sicherheitsüberprüfung durch die EFSA abhängen.

Umgekehrt darf die Regelung der Koexistenz von gentechniknutzenden und gentechnikfreien Produktionsformen auch nicht dazu führen, dass es zu einer De-facto-Verdrängung gentechnikfreier Landwirtschaft auf dem Wege einer schleichend zunehmenden Kontamination mit gentechnisch veränderten Pflanzen kommt.

Patentierung

Weltweit besitzen gentechnisch veränderte Pflanzen eine wachsende Bedeutung. Trotz des höheren Preises für das Saatgut können auch gerade Kleinbäuerinnen und Kleinbauern in Schwellenländern vom Anbau gentechnisch veränderter Sorten profitieren. Eine Abhängigkeit der

Landwirtinnen und Landwirte von einem einzigen Saatgutanbieter sollte jedoch vermieden werden. Allerdings bedeuten Lizenzen, die die Nutzung der Vorjahresernte zur Aussaat (Nachbau) einschränken, als solche keine höhere Abhängigkeit im Vergleich zu den vielfach eingesetzten konventionellen Hybridsorten. *Für die Zukunft muss außerdem sichergestellt bleiben, dass Patente allein auf Erfindungen erhoben werden dürfen, nicht aber auf die bloße Gensequenz, die auch in traditionellen Sorten enthalten ist.*

Eine ihre Marktstellung ausnutzende Unternehmenspolitik – so unbestritten nachteilig sie für Landwirtinnen und Landwirte sowie Verbraucherinnen und Verbraucher sein könnte – sollte nicht einer Technologie per se angelastet werden.

Landwirtinnen und Landwirte sollten auch in Zukunft die faire Wahlmöglichkeit behalten, Sorten anzubauen, die ohne Gentechnik hergestellt wurden.

Ethische Bewertung

Wie die Risikobewertung auch, darf die ethische Bewertung der grünen Gentechnologie keinesfalls pauschal bleiben, sondern muss sich auf den jeweiligen Einzelfall, den Anwendungskontext und das einschlägige Faktenwissen beziehen.

Bernd Müller-Röber, Mathias Boysen, Lilian Marx-Stölting, Angela Osterheider

2. Einleitung und methodische Einführung

2.1 Grüne Gentechnologie – eine Einführung

Der Einsatz der Gentechnologie in der Pflanzenzüchtung, das heißt die Veränderungen des pflanzlichen Genoms mit den modernen Mitteln der Molekularbiologie, stellt seit Jahrzehnten eine der am meisten umstrittenen technologischen Innovationen überhaupt dar. Bei dem öffentlich ausgefochtenen Streit geht es jedoch nicht allein um die Diskussion der technischen Methoden der Genomveränderung von Pflanzen. Es geht vielmehr auch um die Art und Weise, wie wir in Deutschland Landwirtschaft betreiben, wie wir unsere Lebensmittel herstellen und wie wir uns ernähren. Die grüne Gentechnik ist außerdem Gegenstand der Globalisierungskritik mit ihrer Forderung nach mehr internationaler Gerechtigkeit und einer insgesamt anderen Art des Wirtschaftens; weitere Themen ließen sich nennen.

Auf grundlegende Weise berührt der Gentechnikeinsatz bei Pflanzen unser grundsätzliches Verständnis gegenüber der Natur und allem Lebendigen. Vor diesem Hintergrund ist der Konflikt um die grüne Gentechnik eine Chiffre und ein klassischer Stellvertreterkonflikt für gesamtgesellschaftliche Richtungsdebatten. Über die grüne Gentechnik wird nicht nur in den Wissenschaftsrubriken der Zeitungen berichtet, sondern sie findet immer wieder ihren Weg auf die Titelseiten und in die Hauptnachrichten. Und entsprechend wenig verwunderlich ist es, dass die grüne Gentechnik auch für politische Parteien ein Thema ist.

In der öffentlichen Diskussion wird dabei häufig von Chancen und Risiken der Gentechnik gesprochen. Dieser Dualismus verdeckt jedoch, dass immer bestimmte Personen von Vorteilen profitieren oder von Nachteilen betroffen sind und dass eine Chancen-Risiko-Abwägung für jedes Individuum unterschiedlich ausfällt. Des Weiteren bleiben Alternativen unberücksichtigt, die vielleicht das gleiche Ziel auf anderem Wege umsetzen. Spätestens hier ist die Schwelle zu den gesamtgesellschaftlichen Diskussionen erreicht, in die der Einsatz der Gentechnik bei der Veränderung pflanzlichen Erbguts eingebettet ist; tatsächlich verlaufen die Übergänge fließend.

Ohne Frage sind sowohl der technische als auch der problemorientierte Themenzugang¹ gleichermaßen relevant für die Auseinandersetzung mit der grünen Gentechnik. Vor diesem Hintergrund flankiert die Arbeitsgruppe ihre Berichte mit öffentlichen Veranstaltungen zu übergreifenden Themen. Dies erfolgt in Kooperation mit anderen Institutionen, so im Juli 2010 mit der Vereinigung Deutscher Wissenschaftler e.V. unter der Fragestellung „Herausforderung Welternährung. Welche Pflanzenforschung brauchen wir?“ Die Vorträge hierzu sind in Kapitel 10 dieses Bandes und auf der Homepage der Arbeitsgruppe² dokumentiert.

Die Arbeitsgruppe kann in ihrer Berichtsarbeit solche wie andere übergeordnete Themen (s.o.) nur benennen und bestenfalls anschnitten. Eine umfangreiche Darstellung solcher Themenfelder würde zwangsläufig den selbst gewählten Fokus dieses Themenbandes verschieben, der explizit auf der Darstellung und Diskussion der grünen Gentechnologie selbst liegt.

Unterschiede zur klassischen Züchtung

Was passiert auf der technischen Ebene beim Einsatz der Gentechnik in der Pflanzenzüchtung? Kulturpflanzen besitzen in der Regel ein Genom von 30.000 bis 60.000 einzelnen Genen, die immer paarweise in Allelen vorliegen, die zu gleichen Teilen von den beiden Elternpflanzen ererbt werden (MPIZ, 2000). Seitdem die Menschen Ackerbau betreiben, selektieren die Bauern die Samen jener Pflanzen für die nächste Aussaat, die den größten Ertrag zeigen oder andere gewünschte Eigenschaften aufweisen. Seit etwa 100 Jahren wird diese Form der Weiterentwicklung der Nutzpflanzen durch eine gezielte Kreuzung ersetzt, die eine Verbesserung bestimmter Eigenschaften bewirkte. Seit ihren Anfängen wurde diese Pflanzenzüchtung kontinuierlich weiterentwickelt. Aktuelle Formen sind die Hybridzüchtung, bei der reinerbige Zuchtlinien (Inzuchtlinien) gekreuzt werden und bei der der Heterosis-Effekt³ zu besonders

1 Bei einem technikorientierten Themenzugang steht eine bestimmte Technologie im Vordergrund einer Analyse, hier die grüne Gentechnologie. Bei einem problemorientierten Themenzugang steht hingegen ein bestimmtes Problem im Mittelpunkt (etwa die Ernährung einer wachsenden Weltbevölkerung), für das verschiedene Lösungsmöglichkeiten in den Blick genommen werden (neben der grünen Gentechnologie also beispielsweise auch der ökologischen Landbau oder konventionelle Ertragssteigerungsmethoden). Die Gentechnologieberichte folgen durch ihren Fokus auf Gentechnologie tendenziell eher einem technikorientierten Themenzugang. Dabei wird jedoch versucht, auch die problemorientierte Sichtweise einzubeziehen.

2 www.gentechnologiebericht.de [13.01.2013].

3 Als Heterosis-Effekt bezeichnet man die besondere Leistungsfähigkeit von Hybriden.

hohen Erträgen führt, sowie die Mutagenesezüchtung, bei der gewünschte Eigenschaften durch zufällige Veränderungen des Genoms zum Beispiel durch den Einsatz von Strahlung erzeugt werden.

In all diesen Fällen wird das Genom der Nutzpflanzen verändert. Gleichzeitig handelt es sich nicht um Gentechnologie im eigentlichen Sinne, bei der mittels molekularbiologischer Verfahren gezielt in das Genom von Pflanzen eingegriffen wird. Diese spezielle Disziplin ist relativ jung; die erste transgene Pflanze, bei der artfremde DNA in das Pflanzengenom integriert wurde, ist datiert auf das Jahr 1983. Das seitdem in der Forschung gewonnene Wissen wurde nicht nur für die Entwicklung transgener Pflanzen genutzt, sondern schuf gleichzeitig neue Möglichkeiten für die Züchtung: Bei der Marker-gestützten Züchtung und beim SMART Breeding wird gezielt nach Genen gesucht, die in durch Züchtung selektierten Pflanzen gewünschte Merkmale steuern (vgl. Müller-Röber et al., 2009:241).

Hat man Gene von einem Organismus auf einen anderen übertragen, so spricht man von gentechnisch veränderten Organismen (GVO) beziehungsweise gentechnisch veränderten Pflanzen (gv-Pflanzen oder GVP). Das Ziel des Gentechnikeinsatzes in der Pflanzenzüchtung besteht – wie in der klassischen Züchtung – darin, bestimmte Merkmale von Nutzpflanzen zu verbessern. Neu ist die Möglichkeit, Gene von außerhalb des Genpools einer Pflanzenfamilie stabil in das Genom der Zielpflanze einzubringen (Event) und Nutzpflanzen mit bisher nicht vorhandenen Merkmalen (Traits) zu entwickeln. Die Begriffe Trait und Event werden häufig synonym verwendet, meinen aber unterschiedliche Aspekte. Dies wird bei sogenannten „stacked events“ deutlich: Zwei verschiedene Events (z. B. der Transfer zweier Gene, die die Information für Bt-Proteine aus dem Bakterium *Bacillus thuringiensis* tragen) verschaffen hier der Pflanze jeweils separat das gleiche Merkmal (Insektenresistenz). Von sogenannten „stacked traits“ spricht man, wenn zwei Events unterschiedliche Merkmale vermitteln (z. B. Insektenresistenz und Herbizidtoleranz) (siehe Kapitel 3.2.6). Das gentechnisch veränderte Saatgut wird aus der ursprünglichen, gentechnisch veränderten Pflanzenlinie abgeleitet; hierbei wird das mit Hilfe der Gentechnik vermittelte Merkmal auf die konventionellen Saatgutlinien durch Kreuzung übertragen. Die normale Saatgutzüchtung findet bis zu diesem Zeitpunkt parallel statt. Auf diese Weise entstehen unterschiedliche gentechnisch veränderte Saatgutsorten, die auf dasselbe Event zurückzuführen sind. Die heutige Pflanzenbiotechnologie geht jedoch über die Erzeugung transgener Pflanzen hinaus. Es haben sich in den letzten Jahren sowohl neue Züchtungsmethoden, als auch wichtige Hilfstechnologien und -wissenschaften entwickelt, die eine

rasante Entwicklung der grünen Gentechnologie begleiten, die im Zentrum dieses Themenbandes steht.

Ziel dieses Themenbandes ist ein möglichst umfassendes Monitoring im Sinne einer Übersicht über relevante Entwicklungen, die im aktuellen Berichtszeitraum (2009 bis 2013) stattgefunden haben. Nach einer Einführung in den aktuellen Stand von Wissenschaft und Technik (Kapitel 3) werden mögliche Auswirkungen auf Gesundheit und Umwelt (Kapitel 4), der ökonomische Nutzen der grünen Gentechnologie (Kapitel 5), ihr politischer Rahmen (Kapitel 6), die ethische Bewertung (Kapitel 7) und die gesellschaftliche Resonanz (Kapitel 8) diskutiert. Daran schließen Debattenbeiträge zum Thema „Herausforderung Welternährung. Welche Pflanzenforschung brauchen wir?“ an (Kapitel 9). Kapitel 10 ist dann der konkreten Darstellung der zu den Problemfeldern und Indikatoren gehörenden Daten im Bereich der grünen Gentechnologie gewidmet, die im Folgenden vorgestellt werden.

2.2 Problemfelder und Indikatoren im Bereich der grünen Gentechnologie

Das langfristige Monitoring der interdisziplinären Arbeitsgruppe „Gentechnologiebericht“ beinhaltet, Daten zu den vielfältigen Fragen und Aspekten aufzuarbeiten, die mit dem Thema grüne Gentechnologie direkt oder indirekt verbunden sind. Mittels eines Satzes von Indikatoren soll eine systematische Erfassung bisweilen widersprüchlicher, oft unvollständiger oder zerstreuter Einzeldaten und Informationen zur grünen Gentechnologie erreicht werden. Der einzelne Indikator muss dabei in den Kontext einer übergeordneten Fragestellung gesetzt werden, damit er entsprechend seiner Aufgabenstellung der Beurteilung beziehungsweise Interpretation komplexer Sachverhalte dienen kann. Zu diesem Zweck wurde ein sozialwissenschaftlich motivierter Ansatz entwickelt, der es ermöglicht, systematisch „zu den Entwicklungen in der Gentechnologie und zu deren Implikationen in wissenschaftlicher, ökonomischer, ökologischer, ethischer, politischer und gesellschaftlicher Hinsicht Stellung zu nehmen“ (Hucho et al., 2005:17).⁴ Diese sogenannte Problemfeld- und Indikatoren-Analyse bildet das zentrale Instru-

4 Folgende Ausführungen orientieren sich maßgeblich an den folgenden bisherigen Publikationen der Arbeitsgruppe: Hucho et al. (2005); Boysen/Kölsch (2006); Domasch/Boysen (2007); Müller-Röber et al. (2009); Fehse/Domasch (2011) und Köchy/Hümpel (2012).

ment, um Aussagen über die Bedeutung der grünen Gentechnologie in Deutschland herauszuarbeiten.

Zunächst wurden die Problemfelder aufgrund theoretischer Überlegungen sowie auf Basis der unmittelbaren öffentlichen Diskussionen definiert. Bei den Problemfeldern handelt es sich um Teilaspekte der grünen Gentechnologie. Ihre definitorische Abgrenzung folgt dabei primär methodischen Erfordernissen, die komplex verwobenen Problemsichten zu strukturieren, und ist nicht als dogmatisches Fixum zu verstehen sind.

Nicht zu allen Problemfeldern lassen sich konkrete Daten finden oder passende Indikatoren erstellen. Umso wichtiger ist es, zumindest einen Gesamtüberblick über alle Teilaspekte beziehungsweise Problembereiche des Themengebiets grüne Gentechnologie zu gewinnen, um die einzelnen Problemfelder übergeordneten Dimensionen zuzuordnen. Dies leistet die Abbildung 1 (S. 36). Hierin werden die Problemfelder in Bezug zu vier Leitdimensionen gesetzt, die vergleichbar einem Koordinatensystem einen Orientierungsrahmen geben. Dieses Vorgehen macht erstens transparent, dass die Problemfelder sowohl inhaltliche Verbindungen zu übergeordneten Sachgebieten haben, die Bedeutung für jedes einzelne Problemfeld besitzen, als auch untereinander Querbezüge und Schnittmengen aufweisen. Ferner macht die äquivalente schematische Aufarbeitung anderer Themengebiete der Gentechnologie (Stammzellforschung, Gendiagnostik, Gentherapie, etc.) diese untereinander besser vergleichbar. Das Vorgehen ermöglicht drittens, die zunächst aus der allgemeinen öffentlichen Diskussion abgeleiteten Problemfelder auf Vollständigkeit zu überprüfen und so eine übergeordnete, gesamtgesellschaftliche Sicht zu erfassen. Insofern korreliert die Positionierung der Problemfelder innerhalb der Leitdimensionen, die eine Bedeutungsgleichrangigkeit aller Problemfelder impliziert, nicht zwangsweise mit jeweils fachwissenschaftlichen Perspektiven oder ihrer medialen Präsenz.

Bei der Ableitung der Problemfelder aus der öffentlichen Diskussion und Risikowahrnehmung ist zu beachten, dass jene Risiken, die Menschen am meisten ängstigen und empören, nicht unbedingt den Risiken entsprechen müssen, durch die sie statistisch am stärksten real betroffen sind. Laien und Massenmedien zeichnen andere Bilder der „Risikowirklichkeit“ als Expertinnen und Experten, und die öffentliche Risikowahrnehmung entspricht in vielen Fällen nicht der wissenschaftlichen Risikoeinschätzung (siehe Kapitel 4 und 8).

Die vier gewählten Leitdimensionen sind „Ökonomie“, „Soziales“, „Wissenschaft“ und „Ökologie“. Da sich die grüne Gentechnologie als innovatives Forschungsfeld in vielen Fällen – neben bereits seit Jahren etablierten Anwendungen – unverändert im Übergangsstadium vom Forschungslabor in die landwirtschaftliche Produktion befindet, bildet der Bereich „Wissenschaft“ eine zentrale Leitdimension, dessen Bedeutung über die einer Triebkraft für technische Innovationen hinaus reicht. Die Bereiche „Ökonomie“ und „Soziales“ bilden zwei Standarddimensionen bei der deskriptiven Einteilung komplexer Entwicklungen und verdeutlichen, dass technische Neuerungen stets in ökonomischen wie sozialen Wechselwirkungen stehen. Der Bereich „Ökologie“ wurde als Leitdimension ausgewählt, da gentechnisch veränderte Pflanzen wie alle selbstständig vermehrungsfähigen Organismen in offenen Systemen sehr weitreichende Konsequenzen bewirken können. „Ökologie“ wurde anstelle einer Leitdimension „Ethik“ gewählt, die die Arbeitsgruppe bei den sonstigen Gentechnologie-Themen bevorzugt.

Ethische Aspekte können – einer 3D-Darstellung ähnelnd – als eine parallele Ebene über dem gesamten Problemfelder-Leitdimensionen-Komplex gedacht werden. Dies unterstreicht, dass jede Art von Bewertung auf divergierenden Grundüberzeugungen und Wertorientierungen fußt, entsprechend derer einzelne Aspekte als problematisch oder unproblematisch erscheinen. Eine weitere Parallelebene formt der Bereich „Politik/Recht“, der aufgreift, dass Politik und Recht Antworten für die Fragestellungen der Problemfelder erbringt und gleichzeitig damit einen Handlungsrahmen festlegt. Aus Gründen der Anschaulichkeit der Grafik werden beide Bereiche statt in einer dreidimensionalen Ansicht als besondere Problemfelder definiert, die jeweils mit den anderen Problemfeldern in direkter Verbindung stehend gesehen werden müssen.

Die Indikatoren bilden das zentrale Instrument, mit dem die Problemfelder operationalisiert und ausgemessen werden (siehe Kapitel 10). Sie werden im Folgenden als empirisch direkt ermittelbare Größen verstanden; sie geben Auskunft über beziehungsweise Hinweise zu einem Sachverhalt, der selbst nicht direkt ermittelbar ist. Die Indikatoren bilden zum einen statistische Maßzahlen ab, die eine Abbildung gesellschaftlicher beziehungsweise gesellschaftspolitisch relevanter Sachverhalte darstellen sollen (Glatzer, 2002; Hartmann, 2002); zum anderen ermöglichen sie die Früherkennung wie auch die kontinuierliche Beobachtung zeitlicher Entwicklungen. Die Erarbeitung, Verortung und Bewertung von Indikatoren unterliegt dabei stets einer Interpretationsleistung, das heißt Indikatoren sind als solche ihrerseits theoretische Konstrukte, mit denen versucht wird, komplexe Phänomene objektivierbar machen. Sie können dennoch als

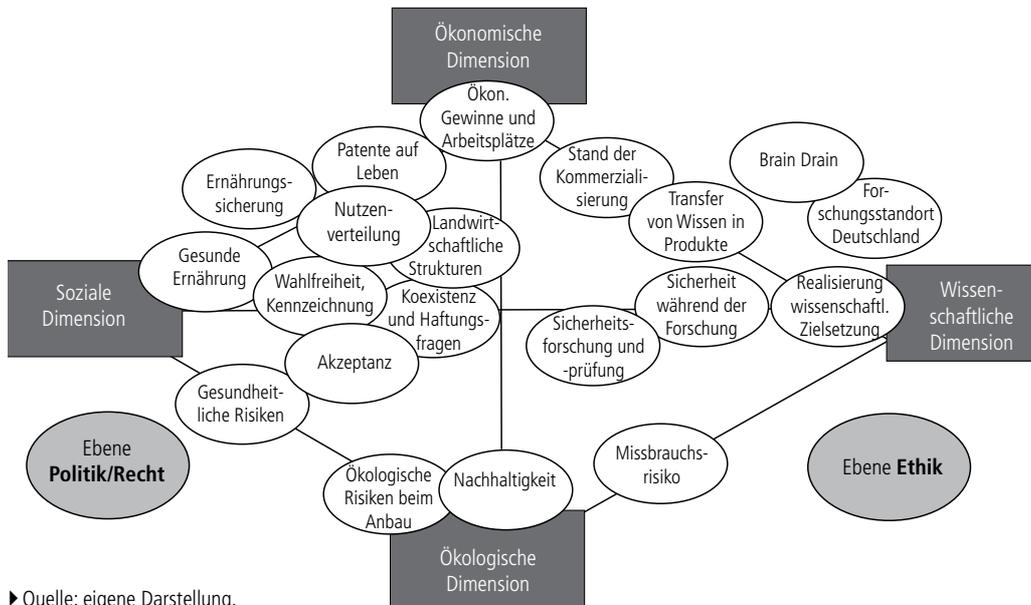
Grundlage für die Bewertung der verhandelten Phänomene angesehen werden, da sie mehr als eine subjektive (individuelle) Wahrnehmung sind (Meyer, 2004:2).⁵

Die Beschreibung eines Problemfeldes mit Hilfe von Indikatoren ist das erklärte Ziel und die besondere Leistung des Gentechnologieberichtes. Dieser theoretische Ansatz hat in seiner konkreten Anwendung zwei Grenzen: Einmal lassen sich für bestimmte Problemfelder wenig bis keine messbaren Kenngrößen festlegen, so dass auf die gängigen qualitativen Beschreibungen zurückgegriffen werden muss. Des Weiteren sind nicht zwangsweise Daten für alle theoretisch entwickelten Indikatoren auffind- beziehungsweise erhebbar. Die Berücksichtigung einzelner Indikatoren hängt maßgeblich von folgenden Kriterien ab: statistische Sicherheit, Differenziertheit, zeitlich und räumlich hohe Auflösung, methodisch saubere und nachvollziehbare sowie kostengünstige Erhebung und Eindeutigkeit (Hucho et al., 2005:19f.).

Als ein weiteres Problem erweist sich die Kontinuität der erhobenen Daten und ihre interne Vergleichbarkeit. Da primär auf extern erhobene und aufbereitete Daten zurückgegriffen wird, kann kein Einfluss auf deren Kategorisierung oder auf Modus und Intervall ihrer Erhebung genommen werden. Das heißt, selbst wenn eine Datenbank über einen langen Zeitraum jährlich Daten erhebt oder aufbereitet, tritt beispielsweise durch technische Weiterentwicklungen zuweilen eine Änderung in der Kategorisierung auf. Solche Veränderungen innerhalb der relevanten Quelldaten machen eine Fortschreibung Indikatoren-relevanter Daten oft sehr zeitaufwändig, manchmal sogar unmöglich. Trotz dieser Restriktionen ermöglichen die Indikatoren grundsätzlich eine systematische Aufschlüsselung der komplexen wissenschaftlichen, rechtlichen, sozialen und ökologischen Aspekte. Denn zunächst wird prinzipiell immer versucht, für sämtliche Indikatoren entsprechende Daten zu finden. Erst in der laufenden Arbeit kann dann entschieden werden, inwieweit eine Quelle verlässliche – und idealiter fortlaufende – Daten liefert. Für welche Problemfelder welche Indikatoren gefunden und aufbereitet werden können, hängt entscheidend von solchen Faktoren ab. Abbildung 1 zeigt die Problemfelder im Bereich der grünen Gentechnologie.

5 Weitere Ausführungen zur Entwicklung und Systematik von Indikatoren machen u. a. Rademacher et al. (1998) sowie Statistisches Bundesamt (2000).

Abbildung 1: Problemfelder zur grünen Gentechnologie im Spannungsfeld der Leitdimensionen



Die in Abbildung 1 dargestellten Problemfelder werden in Tabelle 1 in Kapitel 10 detailliert beschrieben und eingegrenzt. Des Weiteren werden dort die spezifischen Indikatoren mit den jeweiligen Problemfeldern verknüpft.

Für die qualitative Erschließung des Themenkomplexes der grünen Gentechnologie wurden schwerpunktmäßig folgende Problemfelder aufgegriffen und in den nachfolgenden Textbeiträgen beschrieben:

- ▶ Brain Drain (siehe Beitrag von Boysen et al., Kapitel 5.3)
- ▶ Ethik (siehe Beitrag von Boysen et al., Kapitel 7)
- ▶ Ernährungssicherung (siehe Beiträge von Herren, Müller-Röber, Krawinkel und Born, Kapitel 9)
- ▶ Gesunde Ernährung (siehe Beiträge von Müller-Röber et al., Kapitel 3.4.5, sowie von Herren, Müller-Röber, Krawinkel und Born, Kapitel 9)
- ▶ Gesundheitliche Risiken (siehe Beitrag von Boysen et al., Kapitel 4)
- ▶ Koexistenz und Haftungsfragen (siehe Beitrag von Boysen et al., Kapitel 5.5 und 6.3.5)

- ▶ Ökologische Risiken (siehe Beitrag von Boysen et al., Kapitel 4.3)
- ▶ Ökonomische Gewinne und Arbeitsplätze (siehe Beitrag von Boysen et al., Kapitel 5)
- ▶ Realisierung wissenschaftlicher Zielsetzungen (siehe Beitrag von Müller-Röber et al., Kapitel 3)
- ▶ Rechtsrahmen (siehe Beitrag von Boysen et al., Kapitel 6)
- ▶ Sicherheitsforschung (siehe Beiträge von Müller-Röber et al., Kapitel 3.4.7, und von Boysen et al., Kapitel 4)
- ▶ Transfer von Wissen in Produkte (siehe Beitrag von Müller-Röber et al., Kapitel 3)
- ▶ Wahlfreiheit und Kennzeichnung (siehe Beitrag von Boysen et al., Kapitel 6.3)

Das Problemfeld *Missbrauchsrisiko*, welches sich auf den bewussten Missbrauch der grünen Gentechnologie bezieht, wurde der Vollständigkeit halber aufgenommen, wird jedoch im Rahmen dieses Bandes nicht diskutiert. Auch dem Problemfeld *Sicherheit während der Forschung* sowie der Patentierungsproblematik sind keine eigenen Beiträge gewidmet, da deren umfassende Darstellung den Rahmen dieses Buches sprengen würde.⁶

Die qualitativen Beschreibungen der Problemfelder in den verschiedenen Textkapiteln werden um quantitative Aussagen ergänzt. Diese werden in oben beschriebener Form mittels Indikatoren aufbereitet und anhand standardisierter Datenblätter vorgestellt (siehe Beitrag von Osterheider/Marx-Stöltzing, Kapitel 10). Für die quantitative Beschreibung der grünen Gentechnik mittels Indikatoren zeigten sich folgende Problemfelder als geeignet:

- ▶ Stand der Kommerzialisierung
- ▶ Forschungs- und Wissenschaftsstandort Deutschland
- ▶ Realisierung wissenschaftlicher Zielsetzungen
- ▶ Sicherheitsforschung und -prüfung
- ▶ Akzeptanz bei Verbrauchern und Landwirten
- ▶ Koexistenz und Haftungsfragen

Wesentliche Ergebnisse der Indikatorenerhebung werden in Kapitel 10.3 zusammengefasst.

6 Zur öffentlichen Diskussion um sogenannte „Patente auf Leben“ siehe: www.transgen.de/recht/patente/ [11.01.2013].

Bernd Müller-Röber, Lilian Marx-Stölting, Jonas Krebs

3. Stand der Wissenschaft und der Technik

3.1 Einleitung

Die Pflanzenzüchtung und -biotechnologie sind Schlüsseltechnologien zur Ernährungssicherung einer wachsenden Weltbevölkerung. Im Berichtszeitraum (2007 bis 2012) differenzierte sich das Feld sowohl bei den Anwendungen wie bei den Forschungsprojekten weiter aus und es konnten deutliche Fortschritte, insbesondere bei neuen Züchtungsmethoden, gemacht werden, welche durch eine rasante Entwicklung bei wichtigen Hilfstechnologien ermöglicht wurden. Wichtige Züchtungsziele und praktische Anwendungen sind in greifbare Nähe gerückt. Eine weltweit dynamische Entwicklung steht in deutlichem Kontrast zur Wahrnehmung der grünen Gentechnik in der deutschen und europäischen Öffentlichkeit (siehe Kapitel 10, Indikatoren GG 17-19) sowie zur Gestaltung der politischen Rahmenbedingungen in Deutschland und der EU (siehe Kapitel 6).

Das vorliegende Kapitel soll eine Übersicht über die Bandbreite dieser Entwicklungen geben und deren Bedeutung an ausgewählten Beispielen demonstrieren. Der Fokus liegt dabei auf der Erläuterung grundlegender Methoden, Anwendungen und Ziele, um eine Gesamtschau des Bereichs zu ermöglichen. Da die einzelnen Themen bei einem so angelegten Überblick weder im Detail, noch in der eigentlich nötigen wissenschaftlichen Vollständigkeit erläutert werden können, sind zu jedem Thema weiterführende Literaturdaten angegeben, die eine vertiefende Beschäftigung ermöglichen.¹

1 Die angegebene Literatur ist über die Suchmaschine „PubMed“ auffindbar, einer umfangreichen Literaturdatenbank im Bereich biologischer und biomedizinischer Forschung (www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/ [11.05.2012]), wo englischsprachige Zusammenfassungen kostenlos einsehbar sind. Viele der angegebenen Artikel sind kostenlos über die PubMed-Seite oder auf den Internetseiten der wissenschaftlichen Zeitschriften erhältlich oder lassen sich über Universitätsbibliotheken bestellen. Dies ermöglicht eine eigenständige, vertiefende Betrachtung der angegebenen Themen.

Bislang lassen sich die rasanten Fortschritte in der Forschung jedoch nicht in gleichem Maße für die praktische Anwendung bis zur Marktreife von Produkten beobachten. Dies liegt auch daran, dass es sehr lange dauert, bis ein Produkt marktreif und für die Vermarktung zugelassen ist. In globaler Perspektive beherrschen immer noch klassische transgene Pflanzen mit Herbizidtoleranzen und Insektenresistenzen den Anbau, der weltweit auch im Berichtszeitraum weiter zugenommen hat (vgl. Kapitel 5 sowie Kapitel 10, Indikatoren GG 04 und 05). Die am häufigsten angebaute gv-Pflanze² wies 2011, im 16. Jahr des kommerziellen Anbaus von Biotech-Pflanzen, nach wie vor Herbizidtoleranzen auf (59 %, ISAAA, 2012:6). Insbesondere sogenannte „stacked traits“ (siehe hierzu Kapitel 3.2.6), also Pflanzen mit mehr als einer gentechnischen Modifikation, wurden verstärkt nachgefragt. Ihr Anteil an allen angebaute transgenen Pflanzen stieg nach Angaben des International Service for the Acquisition of Agri-Biotech Applications (ISAAA) 2011 auf circa 25 %.³ Reine Insektenresistenzen lagen hinter „double“ und „triple stacked traits“ auf dem dritten Platz (15 %) (ISAAA, 2012).⁴

Auch wenn kein europäisches Land zu den Top 10 der Anbauländer gehört (angeführt von USA, Brasilien, Argentinien, Indien und Kanada), ist die grüne Gentechnik in Form von gentechnisch veränderten Futtermitteln auch in Europa präsent (vgl. Kapitel 6 und 10, Indikator GG 20).

3.2 Neue Züchtungsmethoden

Der Einsatz gentechnischer Verfahren und molekularer Marker spielt in der modernen Pflanzenzüchtung seit langem eine wichtige Rolle. Dabei kommen ganz unterschiedliche Methoden zum Einsatz. Neben den klassischen Methoden der Modifikation des Kerngenoms mittels des Bakteriums *Agrobacterium tumefaciens* bzw. der biolistischen Transformation (siehe hierzu Müller-Röber et al., 2009:242), die immer noch die überwiegend genutzten Verfahren der Transformation sind (Barampuram/Zhang, 2011), gibt es eine Vielzahl weiterer Methoden,

2 Die Abkürzung „gv“ steht für „gentechnisch verändert“.

3 Die hier angeführten Daten der ISAAA sind der Studie „Global Status of Commercialized Biotech/GM Crops 2011“ entnommen (www.isaaa.org [11.05.2012]). Sie konnten von uns nicht unabhängig überprüft werden.

4 Bei den Insektenresistenzen handelt es sich immer noch in erster Linie um Pflanzen, die Endotoxine aus *Bacillus thuringiensis* (Bt-Toxine) enthalten. Eine Übersicht über die historische Entwicklung, den aktuellen Sachstand sowie kommerzielle Angebote bieten Sanahuja et al. (2011). Eine Zusammenfassung von Studien zur Wirkung solcher Pflanzen auf Nicht-Zielorganismen geben Yu et al. (2011).

zum Beispiel mittels Viren, Nukleinsäure-Injektion, chemischer Reize oder Liposomen (Müller-Röber et al., 2009:243).⁵ Eine Übersicht über aktuelle Fortschritte der Pflanzentransformation bieten Barampuram und Zhang (2011). Im Folgenden sollen alternative Züchtungsmethoden vorgestellt werden, welche einerseits Erkenntnisse und Methoden der Gentechnik nutzen, andererseits über die klassischen transgenen Pflanzen hinausgehen.

3.2.1 Cisgene und intragene Pflanzen

Cisgene Pflanzen sind Pflanzen, die zwar mit gentechnischen Methoden hergestellt wurden, für deren Herstellung jedoch auf arteigenes genetisches Material (bzw. das von kreuzbaren nahen Verwandten) zurückgegriffen wurde. Wichtig ist dabei die Beschränkung auf zu transferierende DNA-Abschnitte aus kreuzbaren Pflanzen, sodass die Neukombination der Erbinformation, anders als bei transgenen Pflanzen, welche DNA aus nicht kreuzbaren Arten und nicht pflanzlichen Organismen enthalten, theoretisch auch auf natürlichem Wege erreichbar wäre. Der Vorteil gegenüber konventioneller Züchtung liegt dabei darin, dass nur das gewünschte Gen oder eine gewünschte regulatorische Region der DNA aus der Spenderpflanze in die Zielpflanze eingebracht wird, nicht jedoch Gene, die unerwünschte Effekte wie etwa bitteren Geschmack oder geringes Wachstum vermitteln. Im Gegensatz dazu werden bei der Kreuzung mit einer Wildpflanze regelmäßig unerwünschte Erbinformationen in die Kulturpflanze eingebracht, die dann arbeits- und zeitintensiv durch Rückkreuzung mit Hochleistungssorten wieder entfernt werden müssen. Auch die positiven Eigenschaften der Zielsorte bleiben im Allgemeinen erhalten. Gegenüber transgenen Pflanzen haben cisgene Pflanzen den Vorteil, dass keine weiten Artgrenzen überschritten werden. Auch die Gefahr, dass das neu eingebrachte Gen auskreuzen könnte, sich also unkontrolliert in der Natur verbreitet, ist dabei weniger problematisch, da es sich ja bereits im Genpool der jeweiligen Art befindet und nicht neu hinzugefügt wurde.

Es gibt daher Vorschläge, cisgene Pflanzen von der strengen Regulierung, wie sie für transgene Pflanzen gilt, auszunehmen.⁶ Da jedoch die Methodik ihrer Erzeugung bis auf die Her-

5 Die homologe Rekombination, also der gezielte Austausch genetisch sehr ähnlicher DNA-Abschnitte, scheint auch weiterhin für die Pflanzenzüchtung nur begrenzt nutzbar zu sein. Bei der Plastidentransformation ist sie möglich (siehe Kapitel 3.2.5).

6 Wie cisgene Pflanzen langfristig rechtlich im Vergleich zu transgenen Pflanzen zu behandeln sind, ist derzeit noch offen und wird aktuell diskutiert. Sollten sie als gentechnisch veränderte Organismen eingestuft und hinsichtlich Freisetzungen, Zulassung, Sicherheitsnachweis und Kennzeichnung so bewertet werden wie diese, könnten sie auch denselben Akzeptanzproblemen begegnen.

kunft des Gens mit der Erzeugung transgener Pflanzen identisch ist, was auch die Unvorhersagbarkeit des Integrationsortes und damit das theoretisch mögliche Auftreten unvorhergesehener Effekte beinhaltet, ist die Technologie nicht unumstritten. Die Cisgenetik könnte möglicherweise für die Pflanzenbiotechnologie in Deutschland (und Europa) richtungsweisend werden, da transgene Pflanzen auf Grund der sehr geringen öffentlichen Akzeptanz so gut wie nicht (bzw. nur in wenigen Ländern der EU) angebaut werden (siehe Kapitel 8 und Kapitel 10) und die Akzeptanz cisgener Pflanzen derzeit höher zu sein scheint als die transgener Sorten. Während nur 33 % der Befragten europäischen Konsumenten transgene Äpfel befürworteten, waren es bei cisgenen Äpfeln 55 % (Gaskell et al., 2010). Die Cisgenese wird auch als „Neue Generation“ der Herstellung gentechnisch modifizierter Pflanzen bezeichnet (z. B. Vanblaere et al., 2011).

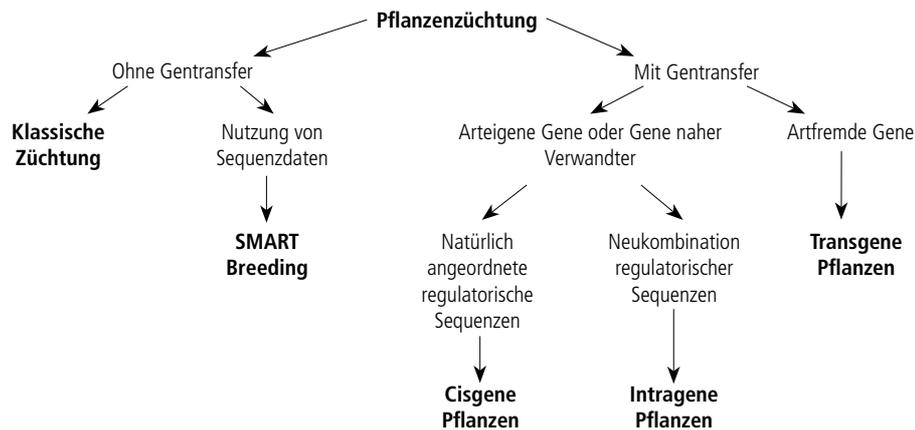
Auf die grundlegenden biologischen Prinzipien der Cisgenetik und ihre potenziellen Vorteile gegenüber der Herstellung transgener Pflanzen wurde bereits im Zweiten Gentechnologiebericht (Müller-Röber et al., 2009) sowie im Themenband Grüne Gentechnologie von 2007 (Müller-Röber et al., 2007) ausführlich eingegangen.⁷ Für die Verwendung von neuen Genkombinationen, welche in vitro durch die Neuordnung arteigener funktioneller Elemente (wie etwa Promotoren, kodierende Regionen oder terminale Regionen)⁸ als Konstrukt entstanden sind, wurde der Begriff der Intragenese dem der Cisgenese gegenübergestellt (Nielsen, 2003; Rommens, 2004; beschrieben in Holme, 2012).⁹ Zu den Begrifflichkeiten und verschiedenen Methoden moderner Pflanzenzüchtung siehe Abbildung 1.

7 Allgemeinverständliche Informationen zur Cisgenetik finden sich auch unter www.cisgenesis.com [06.03.2012].

8 Die hier aufgeführten funktionellen Elemente sind DNA-Abschnitte, welche Beginn und Stärke der Genexpression determinieren (Promotoren), die genetische Information für Proteine tragen (kodierende Regionen) und Stoppsignale umfassen (Terminatoren).

9 Eine Übersicht über die Nutzung cisgener Pflanzen bieten Orzaez et al. (2010).

Abbildung 1: Methoden der Pflanzenzüchtung mit und ohne Gentransfer



SMART Breeding, Cis- und Intragenetik ergänzen das Spektrum molekulargenetischer Verfahren in der Pflanzenzüchtung ▶ Quelle: eigene Abbildung.

Bisher werden weltweit keine cisgenen Pflanzen auf dem Markt angeboten. Es gibt jedoch inzwischen einige weit entwickelte Projekte, welche zeigen, dass die neuen Konzepte prinzipiell funktionieren. Deren Funktionalität wird nun in Freilandversuchen systematisch überprüft.¹⁰ Zulassungsanträge für eine kommerzielle Nutzung stehen jedoch noch aus.

Im Rahmen des Forschungsprogramms DuRPh (Durable Resistance against Phytophthora) am Plant Research International (PRI) Forschungsinstitut in Wageningen in den Niederlanden wird daran gearbeitet, drei verschiedenen Kartoffelsorten (Aveka, Désirée und Première) durch die simultane Insertion von drei bis vier arteigenen Genen die Resistenz gegenüber *Phytophthora infestans*, dem Erreger der Kraut- und Knollenfäule, zu verleihen.¹¹ Dabei wird kein Markergen (Antibiotikum- oder Herbizidresistenzgen) zur Selektion der modifizierten Pflanzen verwendet, da die Resistenz der Kartoffel gegenüber dem Krankheitserreger selbst als Selektionsmarker genutzt werden kann.¹² Labortests wurden bereits 2006 durchgeführt, im April 2008 begannen

10 www.biosicherheit.de/aktuell/1416.pflanzenforschung-europa-gentechnik-freisetzung.html [26.10.2012].

11 Konventionelle Kartoffelfelder müssen in den Niederlanden ca. 10 bis 15 mal jährlich mit Fungiziden behandelt werden, wofür schätzungsweise 20 % der Produktionskosten verwendet werden müssen. Vor diesem Hintergrund wurde das Forschungsprojekt DuRPh 2006 für zehn Jahre begonnen (www.durph.wur.nl/UK/Why+DuRPh/ [09.03.2012]).

12 www.durph.wur.nl/UK/ [06.03.2012].

Feldstudien in Wageningen und De Krim in den Niederlanden, 2012 wurden entsprechende Kartoffeln auch in Irland getestet.¹³ Im Januar 2009 wurden in „Potato World“ erste Ergebnisse der Studien präsentiert, welche den Erfolg des Projekts aufzeigen.¹⁴ Um der unerwünschten Entstehung von Resistenzen auf Seiten des Krankheitserregers zu begegnen, wird im Projekt auch die Entwicklung austauschbarer Gen-Kassetten angestrebt, die die Züchtung immer neuer cisgener Pflanzen in Analogie zu den jährlich wechselnden Grippe-Impfstoffen bei Menschen ermöglicht.¹⁵

Mit dem Ziel, Entwicklungsländer, die Kartoffeln als eine Hauptnahrungsquelle nutzen (vor allem in Ostafrika und Ostasien), durch neue cisgene Kartoffelsorten mit Resistenzen gegenüber Pathogenen zu versorgen, unterzeichneten Vertreter der Plant Science Group der Universität Wageningen (Niederlande), des International Potato Center (IPC, Peru) und der Cornell University (USA) am 08.09.2009 entsprechende Kooperationsverträge.¹⁶

Andere Forschungsprojekte zu cisgenen Kartoffeln haben sich bisher nicht sichtbar durchgesetzt. War die Forschungsabteilung des amerikanischen Lebensmittelherstellers J.R. Simplot im Jahr 2007 noch sehr an der Entwicklung cisgener Kartoffeln interessiert, um beispielsweise den Gehalt an Allergenen oder Acrylamid zu reduzieren¹⁷ (Auflistung in Rommes, 2007), so erscheinen heute auf den Internetseiten des Unternehmens keine Informationen mehr über cisgene Ansätze.¹⁸

Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler der Universität Wageningen, der Eidgenössischen Technischen Hochschule Zürich (ETH Zürich) sowie des Bundesforschungsinstituts für Kulturpflanzen in Dresden haben cisgene Apfelsorten entwickelt, die resistent gegenüber dem Apfelschorf sind, der durch den Pilz *Venturia inaequalis* hervorgerufen wird (Joshi et al., 2011; Vanblaere et al., 2011). Dabei wurden verschiedene Konstrukte, welche die zwei Gene *HcrVf1*

13 www.biosicherheit.de/aktuell/1416.pflanzenforschung-europa-gentechnik-freisetzung.html [24.08.2012]. Hier findet sich eine kurze Übersicht über Freisetzungsversuche in Europa.

14 www.durph.wur.nl/NR/rdonlyres/2EA064B2-60FC-4E7C-B7D9-C850BCEBBF0E/92541/PotatoWorldaboutDuRPh.pdf [06.03.2012].

15 www.durph.wur.nl/UK/Approach+and+Background/Resistance+management/ [09.03.2012].

16 Zur Kooperation siehe www.durph.wur.nl/UK/newsagenda/news/DuRPh_project_initiates_international_collaboration.htm [06.03.2012].

17 Acrylamid ist unerwünscht, da es bei sehr hohen Verarbeitungstemperaturen, etwa beim Frittieren, in gesundheitlich problematische Stoffe umgewandelt werden kann.

18 www.simplot.com/company/index.cfm [06.03.2012].

und *HcrVf2* sowie (in verschiedenen Konstrukten) unterschiedliche Promotoren, kodierende Regionen und Terminatoren umfassen, aus einem Wildapfel (*Malus floribunda* 821) in die Kulturapfelsorte „Gala“ eingeführt. Da sowohl Konstrukte mit den natürlichen regulatorischen Sequenzen als auch in vitro neu zusammengesetzte Konstrukte eingesetzt wurden, handelt es sich streng genommen sowohl um cisgene als auch um intragene Apfelsorten (Erläuterung der Begriffe siehe oben und Joshi, 2011). Wichtig für die Definition (und für die höhere Akzeptanz von cisgenen Pflanzen) ist auch der Verzicht auf den Einsatz von zusätzlichen Markergenen wie Antibiotikaresistenzen oder Herbizidtoleranzen, da die so erzeugten Pflanzen damit auch artfremde DNA enthalten würden und als transgen einzustufen wären (Vanblaere et al., 2011).

Steven Strauss et al. von der Oregon State University (USA) ist es bei Pappeln gelungen, durch cisgene Veränderungen in den Stoffwechsel des Pflanzenhormons Gibberellin einzugreifen, wodurch sowohl die Wachstumsrate, als auch die Morphologie und Holzeigenschaften von Keimlingen beeinflusst werden (Han et al., 2011).

An der Universität Kopenhagen (Dänemark) wurden von Kichey et al. (2009) cisgene Ansätze verfolgt, um den Stickstoffhaushalt der Gerste zu optimieren und die Stickstoffnutzungseffizienz zu erhöhen.¹⁹ Dabei wurden die Gene einer cytosolischen Isoform der Glutamin-Synthetase (GS1) sowie des in der Vakuolenmembran lokalisierten Proteins TIP2 inklusive ihrer Promotorsequenzen in die Gerstensorte „Golden Promise“ eingeführt (Kichey et al., 2009).

Holme et al. (2012) berichteten kürzlich von der Entwicklung wirksamer Methoden zur Herstellung markerfreier, cisgener Gerste und der erfolgreichen Züchtung einer cisgenen Gerstenlinie mit erhöhter Phytase-Aktivität. Phytasen sind Enzyme (Biokatalysatoren), die Phytinsäure abbauen und bioverfügbare Phosphate, insbesondere aus den Phytinsäure-reichen Samen, freisetzen. In traditionellen Gerstesorten ist die Phytaseaktivität sehr gering. Eine durch cisgene Verfahren erzielte Erhöhung der Phytasemenge könnte möglicherweise über die Erhöhung der Bioverfügbarkeit von Phosphat bei damit gefütterten Tieren den Zusatz von Phosphaten in Futtermitteln reduzieren oder ersetzen (Holme et al., 2012).

19 <http://escholarship.org/uc/item/0xn9c24x> [14.03.2012].

3.2.2 Plastidentransformation

Die Veränderung des Genoms von Plastiden (Chloroplasten und nicht-grüne Plastiden),²⁰ auch als Transplastomtechnologie bezeichnet, besitzt gegenüber der gentechnischen Veränderung des Kerngenoms wesentliche Vorteile:²¹ 1) Da Plastiden in den meisten Pflanzenarten mütterlich vererbt werden und somit nicht mit dem männlichen Pollen verbreitet werden, gelangt das Transgen in der Regel nicht ungewollt in die Umwelt (Transgene Confinement).²² Da sich dabei Auskreuzungen zwischen genetisch veränderten Pflanzen und konventionellen Varietäten oder nah verwandten Arten vermeiden lassen, ist die Transplastomtechnologie von besonderem Interesse. 2) Da jede Zelle viele Plastiden enthält und jedes Plastid viele Genome, lassen sich die von den eingebrachten Genen kodierten Proteine oft in großer Menge herstellen (hohe Protein-expressionsstärke). 3) Es lassen sich mehrere Gene in sogenannten Operons (funktionellen Einheiten) co-exprimieren. 4) „Gene Silencing“-Effekte treten vermutlich kaum auf, da die Expression von plastidären Genen im Gegensatz zu Genen im Zellkern insensitiv gegenüber einer DNA-Methylierung zu sein scheint (Ahlert et al., 2009). 5) Ein weiterer Vorteil liegt darin, dass die für die Transformation eingesetzte DNA nicht zufällig in das Plastidengenom (Plastom) integriert wird, sondern mittels homologer Rekombination (Rekombination an DNA-Stellen mit ähnlicher DNA-Sequenz), sodass der Integrationsort bekannt ist und unbeabsichtigte Positionseffekte reduziert werden (Day/Goldschmidt-Clermont, 2011). Vorteile der Plastidentransformation wurden bereits im Ersten Gentechnologiebericht (Hucho et al., 2005) beschrieben; inzwischen ist sie zu einer Technologie mit unterschiedlichen Anwendungen gereift. Für einen Vergleich der Vor- und Nachteile von Plastiden- und Kerntransformation siehe Meyers et al. (2010). Die historische Entwicklung der Chloroplastentransformation wurde von Wang et al. (2009) zusammengefasst. Eine Übersicht über aktuelle Entwicklungen wird bei Maliga und Bock (2011) gegeben. Die Bedeutung der Plastidentransformation für die Erforschung von

20 Chloroplasten sind Zellorganellen von Grünalgen und Höheren Pflanzen, die Photosynthese betreiben. Neben den grün gefärbten Chloroplasten gibt es jedoch auch weitere Plastiden, wie die farblosen Leukoplasten oder die rot oder orange gefärbten Chromoplasten. Die Grenzziehung ist dabei fließend, da die unterschiedlichen Plastiden unter bestimmten Bedingungen ihre Zusammensetzung und damit Farbe ändern können.

21 Zu Vorteilen siehe etwa Lössl/Waheed (2011).

22 Um zu verhindern, dass ein Transgen in die Umwelt gelangt, gibt es einerseits physikalische Maßnahmen („transgene containment“, etwa Gewächshäuser, räumliche Trennung der Felder) oder biologische Maßnahmen („transgene confinement“), wie etwa Terminatorgene, welche die Fortpflanzungsfähigkeit verhindern, oder auch die Plastidentransformation.

Nachtschattengewächsen, die eine bedeutende Rolle für die menschliche Ernährung spielen (z. B. Kartoffel, Tomate, Aubergine etc.), diskutieren Venkatesh und Park (2012).

Die Methode der Wahl für die Plastidentransformation ist die biolistische Methode (Maliga/Bock, 2011). Eine grundsätzliche Schwierigkeit besteht jedoch darin, uniforme Populationen transformierter Plastiden in einer Pflanze zu erhalten (ebd.). Dies wird mit verschiedenen Marker-Selektionsschritten erreicht (vgl. Kapitel 3.3.4). Für eine Zusammenstellung von in Plastiden genutzten Markersystemen und ihre Entfernung nach der Selektion siehe Day und Goldschmidt-Clermont (2011).

Für die Grundlagenforschung wird die Technologie insbesondere für die gezielte Ausschaltung von Plastidengen („knockout“), zum Austausch von Plastidengen mit mutierten Allelen sowie zur Einführung von Transgenen zur Übertragung neuer Funktionen genutzt (Maliga/Bock, 2011). Damit kann die biologische Bedeutung ausgewählter DNA-Sequenzen untersucht werden; auch lassen sich die für eine optimale Produktion von Proteinen notwendigen Parameter im Detail ermitteln.

Bis heute sind mehr als 40 verschiedene Transgene stabil in Plastidengenome integriert und exprimiert worden. Dabei überwiegt die Transformation des Chloroplastengenoms; der Einbau von Fremd-DNA in nicht-grüne Plastiden (wie Leukoplasten, Amyloplasten, Etioplasten oder Chromoplasten) ist technisch noch immer problematisch und verläuft bisher nicht routinemäßig. Beispielhaft sei hier die Transformation von nicht-grünen Plastiden in der Tomate genannt, die mit einem Eingriff in den Carotenoid-Stoffwechselweg einherging und Früchte mit erhöhtem Provitamin A (β -Carotin)-Gehalt erzeugte (Apel/Bock, 2009).

Die Plastidentransformation besitzt ein breites Spektrum an Anwendungen in der grünen Biotechnologie und umfasst die Steigerung der Toleranz gegenüber abiotischem Stress (z. B. Trockenheit und Salz), die Verbesserung agronomischer Eigenschaften (Herbizid- und Insektizidresistenzen) sowie cytoplasmatische Sterilität (Wang et al., 2009). Als Beispiel für agronomische Eigenschaften sind transplastome Reispflanzen zu nennen, die das veränderte *Bacillus thuringiensis* Toxin Cry1Ac exprimieren und eine erhöhte Resistenz gegenüber drei Schädlingen aufweisen (Kim et al., 2009).

Des Weiteren findet die Transplastomtechnologie einen Einsatz in der Produktion von pharmakologisch relevanten Proteinen (Plant-made-Pharmaceuticals, PMPs, vgl. Kapitel 3.4.2) sowie technischen Enzymen. Interessanterweise hat das Interesse an mittels Transplastomtechnologie erzeugten PMPs in den letzten Jahren im Vergleich zur Verbesserung agronomischer

Eigenschaften stark zugenommen. Für die Herstellung von PMPs bietet sich einerseits die Produktion in Pflanzen, aus denen dann die Wirkstoffe isoliert werden müssen, oder die Produktion essbarer Impfstoffe an. Die Entwicklung essbarer Impfstoffe ist jedoch mit großen Schwierigkeiten verbunden (siehe Kapitel 3.4.2), weshalb die anfänglichen großen Erwartungen bislang nicht erfüllt werden konnten.

Ein Schwerpunkt der Forschung liegt demnach auf der Herstellung von Impfstoffen, sowohl für virale (z. B. Hepatitis, Gebärmutterhalskrebs, Pocken) als auch für bakterielle Erkrankungen (z. B. Cholera, Diphtherie, Keuchhusten und Tetanus). Eine detaillierte Übersicht über diesen dynamischen Bereich bieten Lössl und Waheed (2011). Es befinden sich jedoch derzeit nur sehr wenige PMPs in klinischen Studien (siehe Kapitel 3.4.2) und darunter befindet sich derzeit noch kein in Chloroplasten produziertes Vakzin (Lössl/Waheed, 2011). Jedoch wurden bereits im Jahr 2011 27 verschiedene Impfantigene von 17 verschiedenen Krankheiten in Chloroplasten exprimiert und teilweise im Tierversuch getestet (Lössl/Waheed, 2011).²³ Dabei fällt auf, dass sich die überwiegende Mehrheit der Publikationen auch im Berichtszeitraum auf die Modellpflanze Tabak beziehen. Aufgrund von toxischen Alkaloiden im Tabak eignet er sich jedoch nicht für die orale Impfung. Kommerzielle Anwendungen der Plastidentransformation sind bislang noch in der Entwicklung, ein kommerzieller Anbau solcher Pflanzen erfolgt derzeit nicht (Maliga/Bock, 2011). „Proofs of principle“ liegen in Tabak für eine Vielzahl unterschiedlicher Anwendungen vor. Die Übertragung der beim Tabak gesammelten Erkenntnisse auf andere Arten ist schwierig. Zwar konnte die Methode dem Prinzip nach bei vielen verschiedenen Nutzpflanzen etabliert werden (z. B. Raps, Zuckerrübe, Baumwolle), reproduzierbare Transformationsprotokolle gibt es jedoch nur für wenige Pflanzen, unter anderem für Tomate, Petunie, Kartoffel, Soja, Salat und Kohl (Maliga/Bock, 2011) und ein besonders effizienter Einsatz ist bisher nur in Tabak möglich. Für die kommerzielle Nutzung ist es problematisch, dass weit verbreitete Nutzpflanzen wie Mais, Weizen und Reis mit der Methode bislang nicht reproduzierbar transformiert werden können (ebd.).

Ein Beispiel für die Vermarktung von Methoden zur Produktion von therapeutischen Proteinen in transplastomen Pflanzen liefert die 1999 in Deutschland gegründete und 2006 von

23 Zu den pharmakologisch relevanten Proteinen, die im Berichtszeitraum mittels Transplastomtechnologie in Pflanzen exprimiert wurden, gehören beispielsweise das HIV-1 p24 Antigen, das Vaccinia Hüllprotein A27L, human insulin like growth factor-1 und human beta-site APP cleaving enzyme.

Bayer aufgekaufte Firma Icon Genetics, die Chloroplasten zur Produktion von Impfstoffen und Pharmazeutika nutzt und Methoden der Plastidentransformation anbietet.²⁴

Eine interessante Weiterentwicklung der Transplastomtechnologie stellt die Entwicklung von induzierbaren Expressionssystemen dar, welche das Transgen nur bei Anwesenheit eines bestimmten Reizes exprimieren, etwa während einer bestimmten Reifephase oder nach der Ernte. Diese Methoden könnten Verbraucher vor dem unfreiwilligen Verzehr pharmakologisch aktiver Proteine schützen. Eine Übersicht über induzierbare Systeme bieten Lössl und Waheed (2011).

Da Mitochondrien anders als Chloroplasten bisher einer direkten Transformation kaum zugänglich sind (mit Ausnahmen von bestimmten Hefen und Algen),²⁵ wird an der indirekten genetischen Manipulation von Mitochondrien durch die Aufnahme von tRNA-ähnlichen, veränderten RNAs gearbeitet (Val et al., 2011). Es konnte gezeigt werden, dass ein „knockdown“ im Sinne eines gezielten Ausschaltens mitochondrialer RNA möglich ist (ebd.). Bisher wird das Verfahren jedoch nur zur Erforschung der Mitochondrien-Genetik genutzt (ebd.).

3.2.3. SMART Breeding und Genomische Selektion

Das auch als „Präzisionszüchtung“ bekannte SMART Breeding (Selection with Markers and Advanced Reproductive Technologies) ist eine inzwischen etablierte Methode, um die Anwesenheit einzelner Gene und Genvarianten in Kreuzungsnachkommen mit molekularbiologischen Methoden zu testen. Beim SMART Breeding werden Pflanzen mit den erwünschten Genvarianten miteinander gekreuzt und anhand von molekularen Markern auf der Genomebene für die Weiterzüchtung ausgewählt. Das Verfahren wurde im Zweiten Gentechnologiebericht ausführlich dargestellt (Müller-Röber et al., 2009:245-250). Eine Variante von zunehmender Bedeutung stellt die genomische Selektion (Genomic Selection, GS) dar, bei der sehr viele, über das gesamte Genom verteilte Marker parallel untersucht werden, um den züchterischen Wert einer Pflanze abzuschätzen. Hierzu werden Einzelnukleotid-Polymorphismen (Single Nucleotide Polymorphisms, SNPs)²⁶ als Marker verwendet, die sich sehr leicht zum Beispiel mittels DNA-Chips erfassen lassen.

24 www.icongenetics.com/html/tech3_2.htm [30.07.2012].

25 z. B. in *Saccharomyces cerevisiae*, *Candida glabrata* und *Chlamydomonas reinhardtii* (Val et al., 2011).

26 Bei Einzelnukleotid-Polymorphismen handelt es sich um Basenaustausche der DNA-Sequenz (Mutationen), sodass verschiedene Zustandsformen (Allele) des betreffenden Gens vorliegen.

Die kontinuierlich fallenden Kosten für Informationen, die durch DNA-Marker gewonnen werden können, haben den Einsatz der GS in den letzten Jahren finanziell attraktiv gemacht. Da gewünschte pflanzliche Eigenschaften, wie ein verbesserter Ertrag und eine höhere Toleranz gegenüber (a-)biotischem Stress sehr komplex sind und im Regelfall nicht von einzelnen Genen gesteuert werden, ist die traditionelle markerassoziierte Selektion (MAS) für entsprechende Vorhersagen ungeeignet, da diese sich auf bestimmte, mit einem Merkmal in Verbindung gebrachte Gene konzentriert. Im Gegensatz dazu werden bei der GS möglichst viele (sämtliche) über das gesamte Genom verteilte Markerinformationen genutzt und mit entsprechenden Eigenschaften verknüpft, womit weitaus genauere Züchtungsvorhersagen und die Berechnung von Züchtungswerten („genomic estimated breeding values“, GEBVs/genomgestützte Zuchtwertschätzung) möglich sind.²⁷ Einen Überblick über die Entwicklung der GS und ihre Chancen in der Pflanzenzucht geben Jannink et al. (2010), verschiedene Modelle zu ihrer Umsetzung Heslot et al. (2012), einen Vergleich zwischen Hochdurchsatz-Phänotypisierung (s. u.) und genomischer Selektion bieten Cabrera-Bousquet et al. (2012). Empirische Studien zur GS im Großmaßstab werden für Pflanzen durchgeführt; so publizierten beispielsweise Zhao et al. (2012) Studien zur Genauigkeit genomischer Selektion in Mais-Populationen. Ihr erfolgreicher Einsatz konnte in der Viehzucht bereits bestätigt werden; hier hat schon 2009 der Test von rund 38.000 Markerpositionen in Zuchtbullen zu einer Vorhersagegenauigkeit von Charaktereigenschaften von bis zu 80 % geführt (Van Raden et al., 2009; für eine aktuelle Übersicht siehe Perez-Cabal et al., 2012). Diese hohen Züchtungswerte könnten es bald möglich machen, dass Elitelinien nicht mehr durch phänotypische, sondern nur noch durch genotypische Eigenschaften ausgewählt werden, was zu einer Beschleunigung und Kosteneinsparung der Züchtung beitragen dürfte. So wird beispielsweise an der Entwicklung von für die genomische Selektion von Gerste und Weizen geeigneten Markern geforscht (Poland et al., 2012). In einem Verbundprojekt der KWS SAAT AG (Einbeck) und der LTZ GmbH (Cuxhaven) werden momentan in Anlehnung an die Rinderzucht genomische Zuchtwerte für Mais mittels GS entwickelt.²⁸ GS

27 „Genomic estimated breeding values“ sind Bewertungen, die durch mathematische Berechnungen den einzelnen Haplotypen oder auch dem erwarteten Phänotyp der Pflanze zugeordnet werden können und die dann zur Grundlage der Zuchtentscheidungen herangezogen werden.

28 www.synbreed.tum.de/index.php?id=29&L=1 [23.03.2012].

ist auch bei Pflanzen von großem Interesse, die lange Generationszyklen haben, wie zum Beispiel Apfel.

3.2.4 TILLING

Gerade in der aktuellen Debatte um die gescheiterte Einführung der gentechnisch veränderten Kartoffel Amflora des Unternehmens BASF²⁹ gewinnt die Züchtungsmethode TILLING (Targeting Induced Local Lesions In Genomes) wieder an Bedeutung. Mit dieser Methode ist es dem Fraunhofer-Institut für Molekularbiologie und Angewandte Ökologie (Aachen) in Zusammenarbeit mit den Firmen Bioplant (Ebster) und Emslandstärke (Emlichheim) gelungen, eine Amylose-freie Kartoffel herzustellen, die in ihren Eigenschaften der Amflora-Kartoffel ähnelt, jedoch nicht als gentechnisch verändert gilt (Muth et al., 2008). Den Grund hierfür stellt die Tatsache dar, dass beim TILLING kein fremdes Gen eingeführt wird, sondern durch bestimmte physikalische und chemische Reize Mutationen in den arteigenen Genen ausgelöst werden. Die „TILLING-Kartoffel“ darf auch von Rechts wegen unbegrenzt auf deutschen Äckern angebaut werden. Im Oktober 2009 wurden erstmals 200 Tonnen in den Fabriken der Emsland Group verarbeitet. Der Konzern ist Deutschlands größter Kartoffelstärkeproduzent.³⁰

Beim Vergleich mit der Gentechnik zeigen sich aber auch die Grenzen der TILLING-Methode. Durch die Behandlung der Pflanzen mit mutagenen Chemikalien entsteht eine Vielzahl von Punktmutationen, die über das gesamte Genom verteilt sind. Dies hat zur Folge, dass viele Gene betroffen sind und in ihrer Funktion beeinträchtigt werden. Die behandelten Pflanzen können somit auch erwünschte Eigenschaften, etwa Ertrags- und Leistungsfähigkeit, verlieren. In diesen Fällen müssen Züchter daher nach der Mutagenese Pflanzen mit der erwünschten Punktmutation im Zielgen erst mit Hochleistungssorten rückkreuzen, um wieder ertragreiche Pflanzen zu erhalten. Diese Prozedur benötigt in der Regel mehrere Jahre.

Eine weitere Beschränkung der TILLING-Methode bildet die Tatsache, dass nur Eigenschaften verändert werden, die auf den pflanzeigenen Genen beruhen. Eine Insektenresistenz wie bei gentechnisch veränderten Bt-Pflanzen kann nicht erzeugt werden. Bei einigen Pflanzen-

29 Im Januar 2012 kündigte die BASF den Rückzug ihrer Pflanzenbiotechnologie-Abteilungen aus Europa sowie die Einstellung der Entwicklung und der Vermarktung aller Produkte an, die allein für den europäischen Markt bestimmt waren, darunter auch der Amflora-Kartoffel. Begründet wurde dies mit der geringen Akzeptanz der grünen Gentechnik in Europa (www.transgen.de/aktuell/1658.doku.html [27.04.2012]).

30 www.fraunhofer.de/presse/presseinformationen/2009/12/super-kartoffel.jsp [14.03.2012].

arten fehlen entsprechende Gene für Resistenzen gegen Pilzkrankheiten oder Dürretoleranz, zwei wichtigen Züchtungszielen. Auch die Einführung neuer Stoffwechselwege zur Produktion neuer Inhaltsstoffe ist mit TILLING nicht zu erreichen.

Für Pflanzenzüchter ist TILLING ein wichtiges Werkzeug geworden, um weitere Züchtungsfortschritte realisieren zu können. Das Bundesforschungsministerium fördert seit 2004 mit „GABI-Till“³¹ die Weiterentwicklung dieser Methode bei den Kulturpflanzen Gerste, Raps, Roggen und Zuckerrübe. In den USA haben sich Unternehmen wie Arcadia Biosciences auf TILLING spezialisiert. In der Entwicklung befinden sich weltweit salzresistente Tomaten, dürre resistente Sojabohnen, länger haltbare Erdbeeren, glutenfreier Weizen oder pilzresistente Gerste.³²

Im Untersuchungszeitraum wurden zum Beispiel TILLING-Populationen für Tomate (Minoia et al., 2010), Speiserübe (Stephenson et al., 2010), Reis (Morita et al., 2009), Gerste (Gottwald et al., 2009), Weizen (Dong et al., 2009; Slade et al., 2012), Sojabohne (Cooper et al., 2008) und Hirse (Blomstedt et al., 2012) ausführlich beschrieben.

Das TILLING beruht auf klassischer Mutagenese (der Erzeugung von Mutationen im Genom), verfügbaren Sequenzdaten sowie dem Hochdurchsatzscreening auf SNPs in einer Zielsequenz (vgl. Kapitel 3.3.2). Mittels TILLING können eine Vielzahl von Allelen erzeugt werden: etwa knockout-Mutationen (welche zur Ausschaltung bestimmter Gene führen) oder gain-of-function-Mutationen (die eine verstärkte Aktivität bewirken). Eine Übersicht über verschiedene TILLING-Methoden bieten Kurowska et al. (2011). Als Mutagen wird häufig EMS (Ethylmethansulfonat) eingesetzt, welches falsche Basenpaarungen in der DNA verursacht und zu G/C-zu-A/T-Transitionen führt. Die Mutationen sind stabil, was ein Vorteil gegenüber anderen Methoden wie etwa RNA-Interferenz (vgl. Kapitel 3.2.8) darstellt. TILLING wird auch als „Nicht-GMO-Technologie“ angesehen und soll eine Alternative zu transgenen Pflanzen darstellen. Um die konkrete Anwendung der Methode deutlich zu machen, sollen hier kurz die wichtigsten Schritte beschrieben werden:

Nach der Erzeugung von Mutanten im Saatgut (Generation M0), der Aussaat (Generation M1) und erneuten Samenernte wird der daraus gezogenen M2-Generation DNA extrahiert und Mutationen in einer Zielsequenz detektiert. Nach der anschließenden Wiederaussaat (Generation M3) wird der Phänotyp der Pflanzen untersucht und mit dem Genotyp in Verbindung

31 www.gabi-till.de [14.03.2012].

32 www.arcadiabio.com [14.03.2012].

gebracht. Die Samen werden aufbewahrt und bei Interesse am Phänotyp wieder ausgesät (Kurowska et al., 2011). Entspricht der Phänotyp den Erwartungen, ist das Züchtungsziel erreicht.

Eine Übersicht über TILLING-Populationen für verschiedene Modell- und Nahrungspflanzen sowie über verschiedene, öffentlich zugängliche TILLING-Plattformen und -Dienstleistungen bieten Kurowska et al. (2011).

Die Informationen der M2 Generation müssen in Datenbanken gespeichert und zugänglich gemacht werden. Eine zentrale Rolle spielen beim TILLING Anwendungen der Bioinformatik, um die gewaltigen anfallenden Datenmassen zu bewältigen und auszuwerten. Die relevanten Bioinformatik-Werkzeuge werden ebenfalls in Kurowska et al. (2011) vorgestellt.

Eine neue, schnellere und billigere Weiterentwicklung der TILLING-Methode ist das sogenannte „individualized TILLING“ oder auch iTILLING (Bush/Krysan, 2010). Dabei wird die M2-Generation auf Mikrotiterplatten mit 96 Vertiefungen („96-well plates“) gepflanzt (eine Pflanze pro Vertiefung) und im Hochdurchsatzverfahren analysiert. Nur vielversprechende Pflanzen werden dann ausgesät. Damit soll jede Wissenschaftlerin und jeder Wissenschaftler einen iTILLING-Screen in weniger als vier Monaten durchführen können. Als Test wurde iTILLING bei der Modellpflanze *Arabidopsis thaliana* (Ackerschmalwand) eingesetzt (Bush/Krysan, 2010). Ob diese Methode sich durchsetzen wird, bleibt abzuwarten. Als De-TILLING (Deletion TILLING) wird die Anwendung der TILLING-Methode zur Identifizierung von knockout-Mutanten mit Deletionen in bestimmten Zielregionen bezeichnet (Rogers et al., 2009). Eine schon ältere Abwandlung des TILLING ist das EcoTILLING, wobei natürliche Populationen statt mit Mutagenen behandelte Ausgangsmaterial liefern. Dies kann etwa für die Suche nach natürlich vorkommenden Virusresistenzen genutzt werden (Kurowska et al., 2011).

3.2.5 Chimeraplastentechnologie

Die Mutagenese mittels RNA/DNA-Oligonukleotiden wird auch als Chimeraplasten-Technologie bezeichnet (Müller-Röber et al., 2009:249). Die im kommerziellen Umfeld als Rapid Trait Development System (RTDS) bezeichnete Methode ist eine relativ neue und noch in der Entwicklung befindliche Technik zur genetischen Manipulation von Pflanzen, die von der Firma CIBUS entwickelt wird.³³ Es handelt sich um eine durch Oligonukleotide ausgelöste Mutagenese. Sie soll präziser sein als Zufallsmutagenese, aber ohne das permanente Einbringen

33 www.cibus.com/rtds.php [14.03.2012].

artfremder DNA auskommen. Dabei wird das zelleigene DNA-Reparatursystem zur gezielten Änderung von genetischen Sequenzen genutzt. Chemisch synthetisierte DNA/RNA-Oligonukleotide mit der gewünschten Sequenz werden in die Zelle eingebracht, wo sie sich an ihre komplementären genomischen Sequenzen auf der DNA anlagern, sodass falsch gepaarte Basenpaare entstehen („mismatched base pairs“). Das zelluläre Reparatursystem erkennt diese „Fehler“ und ersetzt, deletiert oder insertiert die einzelnen falsch gepaarten Nukleotide des Gens. Das so veränderte Gen wird also an derselben Stelle im Genom und mit denselben regulatorischen Sequenzen exprimiert wie die ursprüngliche Form. Sollte die Technik halten, was die Firma auf ihrer Homepage verspricht, würde dies zwei Probleme transgener Pflanzen umgehen: die zufällige Integration von transgenen Konstrukten ins Genom sowie mögliche Positionseffekte und die damit verbundenen, potenziellen Risiken. Ob die hohen Erwartungen gerechtfertigt sind, ist jedoch weiterhin offen, da es bislang nur sehr wenige Publikationen hierzu gibt. Involvierte Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler weisen jedoch bereits darauf hin, dass die technologiebasierte strenge Regulierung gentechnisch veränderter Pflanzen in der EU auf derart erzeugte Pflanzen nicht angewandt werden sollte (Breyer et al., 2009).

3.2.6 „Trait stacking“

In den letzten Jahren hat der Anbau von gv-Pflanzen mit mehreren veränderten Merkmalen („stacked traits“) schnell zugenommen (Que et al., 2010). Die meisten dieser Pflanzen sind durch Kreuzung unterschiedlicher transgener Pflanzen mit jeweils eigenen, agronomisch relevanten Eigenschaften („events“) entstanden. Eine Übersicht über „stacked trait“ Produkte, Technologien und künftige Herausforderungen bieten Que et al. (2010). Pflanzen, deren kombinierte Merkmale durch Kreuzung entstanden sind, nennt man auch „breeding stacks“. Zu dieser Gruppe gehören alle heute angebaute Pflanzen mit „stacked traits“ (ebd.). Vorteile dieser Methode sind die Flexibilität in der Neukombination, gute Effizienz und teilweise niedrigere Hürden bei der Zulassung der so entstandenen Pflanzen.³⁴ Durch Auswahl geeigneter Sorten können schnell an lokale Bedingungen angepasste, neue Sorten entwickelt werden. Der Nachteil liegt jedoch darin, dass die Einkreuzung mehrerer Merkmale zeitintensiv und teuer ist.

³⁴ In den USA benötigt eine Kreuzung aus zwei zugelassenen Events keine weitere Zulassung. In der EU hingegen ist eine eigene Zulassung als neuer gentechnisch veränderter Organismus (GVO) notwendig.

Eine neue Entwicklung ist die Herstellung von großen „Transgen-Bausteinen“ („transgene arrays“) *in vitro*, die auch als „molecular stacks“ bezeichnet werden, und ihre Einbringung in Pflanzen (Que et al., 2010). Dabei werden mehrere Genexpressionskassetten (definierte Abschnitte mit den gewünschten Genen und regulatorischen Regionen, welche die Expression sicherstellen sollen) in die Zielpflanze eingebracht. Dabei ist es auch möglich, verschiedene kodierende Sequenzen hinter eine einzige Promoterregion zu setzen, sodass die entsprechenden Proteine gemeinsam exprimiert werden. Diese Entwicklung steht jedoch vor einer Reihe von Schwierigkeiten. Dazu gehört die erhebliche Größe der DNA-Konstrukte und die damit verbundene Schwierigkeit ihrer Herstellung, der nötige Transfer in die Zellen, die Kontrolle ihrer Expression durch starke Promotoren, die Stabilität der Expression, der Vererbung *in vivo* et cetera. Mehrere Firmen sind an der Entwicklung neuer gene stacking-Technologien beteiligt (ebd.).

Eine mögliche Lösung für manche dieser Probleme könnte in der Verwendung von künstlich hergestellten und nicht in das Pflanzengenom integrierenden Minichromosomen („engineered plant minichromosomes“ oder auch „plant artificial chromosomes“ genannt) liegen. Eine Übersicht über die historische Entwicklung und Möglichkeiten dieser Methode bieten Gaeta und Krishnaswamy (2011), Dhar et al. (2011) sowie Gaeta et al. (2012).

Wie gv-Pflanzen mit kombinierten Merkmalen regulatorisch behandelt werden sollen und ob sie ebenso streng getestet werden sollen wie andere gv-Pflanzen, auch wenn sie durch konventionelle Kreuzung zwischen zwei bereits getesteten Linien entstehen, ist umstritten (siehe etwa Pilancinski et al., 2011).

Gerade beim „gene stacking“ kommt der Markerentfernung eine besondere Bedeutung zu (siehe Kapitel 3.3.4), da die Verwendung verschiedener Marker in aufeinanderfolgenden Selektionsschritten sonst zu einer Anreicherung der Marker im Genom führt (Tuteja et al., 2012). Das Ausschneiden des Markergens kann die Wiederverwendung dieses Markers im nächsten Selektionsschritt ermöglichen, was ein Vorteil ist, da die für eine bestimmte Pflanze verwendbaren Marker in der Regel begrenzt sind (ebd.). Die Markerentfernung ist somit nicht nur den Sorgen der Bevölkerung und den Anforderungen der Regulierungsorgane geschuldet, sondern dient auch der Überwindung einer technischen Hürde bei der Entwicklung von „stacked traits“. Dabei ist eine Schwierigkeit, dass das Auftreten unvorhergesehener (pleiotroper) Effekte mit der Zahl übertragener Gene und Marker tendenziell zunimmt (ebd.).

3.2.7 „Chemical genetics“

„Chemical genetics“ beschreibt ein relativ neues Arbeitsgebiet in den molekularbiologisch orientierten Wissenschaften. Dabei werden niedermolekulare, bioaktive Moleküle („small molecules“) verwendet, um die zelluläre Funktion von Proteinen zu verändern und damit die biologische Rolle dieser Zielproteine aufzudecken. Die kleinen Moleküle können Naturstoffe oder chemisch synthetisierte Verbindungen sein. In Verbindung mit modernen „Omics“-Ansätzen, wie etwa Hochdurchsatz-Screenings, „next generation sequencing“, Phänotypisierung und dem Einsatz von molekularbiologischen Datenbanken wird auch der Begriff „chemical genomics“ verwendet (Hicks/Raikhel, 2012).

Vom Prinzip her erlauben kleine Moleküle eine schnelle, kontrollierte und reversible Änderung von biologischen Funktionen, ihre Verwendung kann daher andere und oft komplementäre Informationen zu klassischen genetischen Studien liefern. Kleine Moleküle können aber auch Einschränkungen von genetischen Ansätzen umgehen, wie Letalität, funktionelle Redundanz oder pleiotrope Effekte, die man oft in genetischen Mutanten findet.³⁵ Aufgrund komplexer Vorgänge wie beispielsweise das alternative Splicing von prä-mRNAs und die posttranslationale Modifikation von Proteinen übersteigt die Anzahl der Proteine, die mögliche Angriffspunkte kleiner Moleküle sein können, die Anzahl der Gene im Organismus. Daher kann eine größere Zahl unterschiedlicher Phänotypen erzeugt werden. Mit kleinen Molekülen kann die Aktivität von Proteinen reversibel verändert werden, sodass *in vivo* und in Echtzeit Phänotypen generiert werden können, die über eine dauerhafte genetische Änderung nicht möglich wären (Hicks/Raikhel, 2012).

Ein weiterer Vorteil der Behandlung von Zellen und Organismen mit kleinen Molekülen ist dabei die große zeitliche Flexibilität. Viele Stoffwechselforgänge laufen in Pflanzen sehr schnell ab. So können Pflanzenhormone ihre Wirkung in Minuten bis Stunden entfalten. Kleine Moleküle erlauben es, diese Prozesse in Echtzeit zu unterbrechen. Die bioaktiven, kleinen Moleküle werden zugefügt und oft sehr schnell in die Zellen transportiert, wo sie beobachtbare Effekte

35 Von Letalität spricht man, wenn eine genetische Mutation tödlich wirkt. Wenn dies zum Beispiel in der Embryonalentwicklung geschieht, können Wirkungen auf den adulten Organismus nicht erforscht werden, weil der Organismus dieses Stadium nie erreicht. Kleine Moleküle können stattdessen in jedem Lebensalter verabreicht werden, sodass auch solche Effekte untersucht werden können. Funktionell redundante Mutationen sind solche, deren Effekte durch andere Mutationen oder Stoffwechselwege kompensiert werden können. Von pleiotropen Effekten spricht man, wenn eine Mutation mehrere Merkmale beeinflusst.

(zelluläre Phänotypen) hervorrufen. Moleküle, die leicht ausgewaschen werden, können auch reversible Prozesse beobachtbar machen. Auf diese Weise werden schnell ablaufende Prozesse einer Untersuchung zugänglich.

Tabelle 1: Vorteile kleiner Moleküle

rasche und reversible Wirkung
die Möglichkeit zeit- und konzentrationsabhängiger Untersuchungen
Unterscheidung zwischen verschiedenen Proteinen, die vom selben Gen stammen
Untersuchung embryo-letaler Wirkstoffe

► Quelle: eigene Darstellung.

Ein typisches Projekt der „chemical genetics“ hat drei Phasen und umfasst die Entwicklung eines Assays im Kleinformat (z. B. in einer Mikrotiter-Platte), ein anschließendes Screening nach der gewünschten Komponente und schließlich die phänotypische Charakterisierung und die Identifizierung des Zielproteins (Tóth/van der Hoorn, 2010). Dabei werden Substanz-Bibliotheken³⁶ mit definierten, kleinen Molekülen (allgemeine oder bereits vorselektierte) in einem ersten Screen auf der zellulären Ebene zu Pflanzenzellen gegeben und die resultierenden Veränderungen im Phänotyp dokumentiert (diese werden beispielsweise mit dem Mikroskop gesichtet). Es folgt die Charakterisierung der Moleküle, die dann zur Generierung von Phänotypen auf der Organismenebene herangezogen werden (indem Setzlinge mit dieser Substanz behandelt werden). Dies wird auch als „micro-to-macro“-Ansatz bezeichnet. Er erlaubt es, einen direkten Zusammenhang zwischen subzellulären Vorgängen und Phänotypen auf der Ebene des Organismus herzustellen (Hicks/Raikhel, 2012). Außerdem wird nach der zugehörigen Zielstruktur gesucht, um so neue Stoffwechsel- oder Signalwege aufzudecken. Auf diese Weise werden Proteinfunktionen direkt für die Untersuchung zugänglich.

Limitierender Faktor ist bisher die Phänotypisierung. Besonders die mikroskopiebasierte automatische Phänotypisierung auf der intrazellulären Ebene, etwa zur Echtzeit-Untersuchung

³⁶ Eine Bibliothek ist in diesem Zusammenhang eine große Sammlung verschiedener, definierter kleiner Moleküle, die allgemein oder thematisch eingegrenzt sein können (z. B. auf Chemikalien, die bei Arabidopsis bioaktiv wirken). Eine Übersicht verfügbarer Bibliotheken kommerzieller und öffentlicher Einrichtungen bieten Hicks/Raikhel (2012).

von Vesikeln und Organellen, ist ein Engpass für den Einsatz kleiner Moleküle. Hier muss die Technologie noch weiterentwickelt werden.³⁷ Mit der Weiterentwicklung von automatisierten Methoden und der Datenverarbeitung bieten sich schon jetzt völlig neue Möglichkeiten, wie etwa die Untersuchung ganzer Netzwerke. So wurden bereits recht umfangreiche Protein-Protein-Interaktionsnetzwerke in Pflanzen identifiziert (Arabidopsis Interactome Mapping Consortium, 2011; Mukhtar et al., 2011).

Gerade in den Pflanzenwissenschaften ist der experimentelle Ansatz der „chemical genetics“ auf Resonanz gestoßen, was in der steigenden Anzahl der publizierten Screens mit chemischen Bibliotheken deutlich wird (Tóth/van der Hoorn, 2010). So konnten beispielsweise mit Hilfe der „chemical genetics“ der Signaltransduktionsweg für das Pflanzenhormon Abscisinsäure untersucht und mögliche Rezeptoren identifiziert werden (Park et al., 2009). Die LATCA library (Library of AcTive Compounds in Arabidopsis), die von Sean Cuttler und Kollegen erstellt wurde, umfasst 3.600 Substanzen, darunter Herbizide, Pflanzenhormone und gängige Inhibitoren, sowie 1.600 Komponenten, die das Wachstum von Hefen inhibieren.³⁸ Durch Screenings mit dieser Bibliothek konnte beispielsweise die Substanz Sulfamethoxazol identifiziert werden, die Arabidopsis eine erhöhte Toleranz gegenüber den Schäden des Bakterium *Pseudomonas syringae* verleiht (Schreiber et al., 2008). Bisher wird die Technologie überwiegend für Screenings verwendet, die auf Hormone bezogen sind, aber eine starke Ausbreitung des Anwenderspektrums ist denkbar. Öffentlich nutzbare Datenbanken wie ChemMine³⁹ ermöglichen einen schnellen Informationsaustausch und den Aufbau kooperativer Wissenschaftlernetzwerke.

3.2.8 RNA-Interferenz und Micro-RNAs

RNA-Interferenz (RNAi) ist ein sequenzspezifischer Mechanismus der Genstilllegung „gene silencing“, der durch kleine RNAs (sog. „small interfering RNAs“, siRNAs) moderiert wird,⁴⁰ die sich an Boten-RNAs (mRNAs) anlagern und zu deren Abbau führen oder deren Translation blockieren. RNAi ist ein natürlicher Mechanismus, der in allen höheren Organismen zur Genregulation sowie zur Abwehr von Krankheitserregern beiträgt (Jagtap et al., 2011). Die Ent-

37 Einen ersten Schritt in diese Richtung entwickelten Salomon et al. (2011).

38 <http://cutlerlab.blogspot.de/2008/05/latca.html> [02.04.2012].

39 <http://bioweb.ucr.edu/ChemMineV2/> [30.03.2012].

40 Inzwischen wurden weitere kleine RNAs entdeckt, die für die epigenetische Regulierung eine Rolle spielen.

deckung von RNAi gilt als Durchbruch für die Verbesserung von Pflanzeigenschaften. Ein Beispiel für ihren Einsatz ist die Nutzung von RNAi zur Etablierung der Resistenz gegen Pflanzenparasiten (Runo, 2011; Runo et al., 2011). Eine Übersicht über die Nutzung von RNAi für die Pflanzenbiotechnologie bieten Jagtap et al. (2011). Es besteht die Hoffnung, dass RNAi-Strategien in der Öffentlichkeit besser akzeptiert werden könnten als bisherige transgene Pflanzen, da sie zu einer spezifischeren, dominanten und sequenzbasierten Genregulierung genutzt werden könnten (Jagtap et al., 2011). Ein Beispiel für eine am Verbraucher orientierte Entwicklungsrichtung ist die Unterdrückung der Expression von bekannten Lebensmittel-Allergenen, zum Beispiel in Äpfeln, Tomaten und Erdnüssen (ebd.). Weitere Anwendungen sind Änderungen des Pflanzenaufbaus, biotische und abiotische Stresstoleranz, verbesserte Inhaltsstoffe, Reduzierung von Giftstoffen, verlängerte Haltbarkeit, verändertes Aussehen, Entwicklung männlich-steriler Linien, kernlose Früchte sowie sekundäre Metabolite (für eine detaillierte Übersicht siehe Jagtap et al., 2011).⁴¹

Eine weitere Klasse von kleinen RNAs stellen die sogenannten Mikro-RNAs (miRNAs) dar. Der Kenntnisstand über die elementare regulatorische Bedeutung von miRNAs hat im Berichtszeitraum beträchtlich zugenommen. Einen Überblick über die Entwicklung der Forschungsarbeiten auf dem Gebiet geben unter anderem Chen (2009) und Xie et al. (2010a; 2012). Zahlreiche Datenbanken und Online-Tools sind entstanden, um beispielsweise Zielgene von pflanzlichen miRNA vorauszusagen (Bonnet et al., 2010) oder Expressionsprofile, Sekundärstrukturen und Sequenzinformationen von miRNAs zugänglich zu machen (Zhang et al., 2009). Bereits 2009 waren miRNAs in mehr als 120 Pflanzenarten beobachtet worden (ebd.), darunter zum Beispiel Arabidopsis, Reis, Weizen, Soja, Mais, Pappel und Sojabohne (ebd.). Auch die Bandbreite der aufgedeckten physiologischen Prozesse, die durch miRNAs reguliert werden, hat stark zugenommen. So wurde die Rolle von miRNAs in der Keimzellentwicklung (Le Trionnaire/Twell, 2010; Le Trionnaire et al., 2011), im Zellzyklus (Chen et al., 2010), bei der DNA-Methylierung (Wu et al., 2010) und der Wurzelentwicklung (Meng et al., 2010) aufgedeckt. Weitere Funktionen wurden etwa am Beispiel Reis untersucht und beschrieben (Jeong et al., 2011).

41 Aktuelle Studien deuten darauf hin, dass durch doppelsträngige RNA (dsRNA) induziertes „gene silencing“ im Gegensatz zu RNAi zu einem zelltypspezifischen silencing führen kann (Zhang/Galbraith, 2012).

Eine wesentliche Neuerung war die Entwicklung künstlicher Mikro-RNAs (artificial micro RNAs, amiRNAs), die am Max-Planck-Institut für Entwicklungsbiologie Tübingen unter Detlef Weigel vorangetrieben wurde. Dabei werden in vitro erzeugte genspezifische miRNA-Vorläufer mittels Transformation in Pflanzen eingebracht wo sie zu einem Abbau des entsprechenden Zieltranskripts führen. Diese Methode hat sich als Alternative zu den bisherigen Methoden für eine Gensuppression (Antisense-RNA und RNAi) etabliert und besitzt gegenüber diesen den Vorteil einer oft höheren Spezifität beim Abbau der Zieltranskripte. Für die Konstruktion der amiRNAs wird ein Online-Tool angeboten, der „Web MicroRNA Designer“.⁴² Die Nutzung des amiRNA Systems war zunächst auf Arabidopsis beschränkt (Schwab et al., 2006). Inzwischen ist die Verwendung auch in zahlreichen anderen Pflanzenarten etabliert, so beispielsweise in Reis, dem Moos *Physcomitrella patens* und der Grünalge *Chlamydomonas reinhardtii*. Einen Überblick über den Einsatz des amiRNA-Systems in Pflanzen geben Sablok et al. (2011). Eine vereinfachte Methode zur Herstellung von amiRNAs wurde kürzlich von Wang et al. (2012) publiziert.

3.3 Wichtige Hilfsttechnologien und -wissenschaften

Die rasanten Fortschritte in der Pflanzenbiotechnologie wurden erst durch die Entwicklung verschiedener Technologien und neuer Forschungsbereiche möglich, die daher in diesem Zusammenhang auch als Hilfsttechnologien oder -wissenschaften bezeichnet werden können. Diese Bezeichnung soll jedoch keinesfalls darüber hinwegtäuschen, dass es sich um eigenständige Entwicklungsfelder handelt, die auch in zahlreichen anderen Kontexten (z. B. in der medizinischen Forschung oder der industriellen Biotechnologie) von großer Relevanz sind.

3.3.1 Genomsequenzierung

Die rasante Entwicklung auf dem Gebiet der Sequenzierungstechnik (Second und Third Generation Sequencing; siehe Kapitel 3.3.2) und die damit verbundenen fallenden Kosten der Sequenzierung haben in den letzten Jahren zu einer enormen Zunahme an sequenzierten Genomen geführt. Im Untersuchungszeitraum wurden Genomsequenzen zahlreicher Pflanzen veröffentlicht, darunter Pflanzen, die als Modellorganismen dienen, wie die Pappel für Bäume

42 <http://wmd3.weigelworld.org/cgi-bin/webapp.cgi> [20.04.2012].

oder *Brachypodium distachyon* für Gräser, aber auch zahlreiche Nutzpflanzen wie Hirse, Wein oder Mais. Hirse ist von großem agrarischem und wirtschaftlichem Interesse, da sie sich durch ihre hohe Trockentoleranz auszeichnet und für die Kultur zur anschließenden Bioethanolproduktion beispielsweise nur ein Drittel der im Falle von Mais erforderlichen Menge an Wasser benötigt.⁴³ Mit Soja, Mais, der Ölpalme *Elaeis guineensis* und der Rapspflanze *Brassica napus* sind erstmals auch Pflanzen sequenziert worden, deren Genomgröße jenseits der Gigabasen-Grenze liegt.

Viele Genome Höherer Pflanzen, die Menschen als Hauptnahrungsquellen dienen, sind bereits sequenziert worden oder stehen kurz vor der Komplettierung. Forscher der Universität von Arizona (USA) präsentierten im November 2009 bereits eine erste Version des Maniok-Genoms.⁴⁴ Auch das Genom der Tomate (*Solanum lycopersicum*) (Tomato Genom Consortium, 2012) wurde inzwischen sequenziert.⁴⁵ Von der Sequenzierung des Tomatengenoms verspricht man sich einen großen Erkenntnisgewinn über die gesamte Familie der Nachtschattengewächse, zu denen auch die Kartoffel, Tabak, Pfeffer und Aubergine zählen. Die Sequenzierung des Zuckerrübengenoms (*Beta vulgaris*) zur Erstellung einer physikalischen Karte des Genoms wurde vom Max-Planck-Institut für Molekulare Genetik (Berlin), der Universität Bielefeld und drei industriellen Partnern (KWS SAAT AG, Strube Research, Syngenta) vorangetrieben und inzwischen erfolgreich abgeschlossen (Dohm et al., 2012).⁴⁶ Neben ihrer wirtschaftlichen Bedeutung ist auch die geringe Verwandtschaft zu den bisher sequenzierten Pflanzenarten interessant, da neue Erkenntnisse über die Familien gewonnen werden können.⁴⁷

Im Jahr 2011 gelang dem internationalen Kartoffel-Konsortium (The international Potato Genome Sequencing Consortium, PGSC)⁴⁸ aus fast 100 Wissenschaftlerinnen und Wissen-

43 www.genomeweb.com/sequencing/researchers-sequence-sorghum-genome [20.03.2012].

44 www.pressebox.de/pressemeldungen/roche-diagnostics-gmbh/boxid/303238 [20.03.2012].

45 Für die Tomate siehe The Tomato Genome Consortium (2012) sowie www.zeit.de/wissen/umwelt/2012-05/tomate-genom-sequenzierung [24.08.2012], <http://mips.helmholtz-muenchen.de/plant/tomato/index.jsp> [20.03.2012].

46 www.bmbf.de/press/3222.php [07.05.2012]. Weitere Informationen zum Projekt und zur Genetik der Zuckerrübe siehe <http://bvseq.molgen.mpg.de/publications.shtml> [07.04.2012].

47 Zur Erstellung des Referenzgenoms der Zuckerrübe siehe auch www.pflanzenforschung.de/journal/landwirtschaft/die-entschlüsselung-der-suessen [07.05.2012]; www.gabi.de/projekte-alle-projekte-neue-seite-144.php [24.04.2012].

48 www.potatogenome.net/index.php/Introduction [07.05.2012].

schaftlern an 29 internationalen Forschungseinrichtungen auch die Sequenzierung des wichtigen Kartoffelgenoms.⁴⁹

Darüber hinaus wurden im Untersuchungszeitraum große Fortschritte bei der Sequenzierung der Genome weiterer wichtiger Nahrungspflanzen wie Weizen und Apfel gemacht.⁵⁰ Eine Übersicht über den Stand der Sequenzierung von Pflanzengenomen bietet das US-amerikanische National Center for Biotechnology Information (NCBI).⁵¹

EST-Sequenzierung

Neben der Sequenzierung von Genomen spielt auch die Sequenzierung von EST „expressed sequence tag“-Klonen weiterhin eine große Rolle. ESTs sind kurze DNA-Sequenzen (ca. 100–800 Basenpaare lang), die mit im Vergleich zur Genomsequenzierung relativ geringem Aufwand durch die Ansequenzierung von cDNAs gewonnen werden, welche durch reverse Transkription von mRNA erzeugt werden. Damit ermöglichen sie die Untersuchung von exprimierten Genen. Sie können mittels bioinformatischer Methoden und Sequenzvergleichen in Datenbanken interpretiert werden. Gerade im Fall von Organismen, deren Genomgröße oder -komplexität eine vollständige Sequenzierung erschwert, dienen ESTs der schnellen Identifikation von Genen. Tabelle 2 gibt einen Überblick über die Anzahl sequenzierter ESTs von wichtigen Modell- und Kulturpflanzen, deren vollständige Genomsequenz zumeist noch nicht vorliegt.

49 www.pflanzenforschung.de/journal/aktuelles/kartoffelgenom-sequenziert [07.05.2012].

50 www.biotechnologie.de/BIO/Navigation/DE/root,did=116664.html [07.05.2012].

51 www.ncbi.nlm.nih.gov/genomes/PLANTS/PlantList.html#top [20.03.2012]. Übersichtliche Auflistungen bieten auch die Webseiten http://genomeevolution.org/wiki/index.php/Plant_Genome_Statistics und http://genomeevolution.org/wiki/index.php/Sequenced_plant_genomes [17.09.2012].

Tabelle 2: Anzahl verfügbarer EST-Sequenzen ausgewählter Pflanzen in GenBank (Stand: 01.03.2012)

Organismus	Anzahl ESTs
<i>Triticum aestivum</i> (Weizen)	1.073.877
<i>Hordeum vulgare</i> (Gerste)	501.838
<i>Panicum virgatum</i> (Switchgrass, Rutenhirse)	720.590
<i>Phaseolus coccineus</i> (Feuerbohne)	391.150
<i>Physcomitrella patens</i> (Blasenmützenmoos)	362.131
<i>Pinus taeda</i> (Weihrauch-Kiefer)	328.662
<i>Malus x domestica</i> (Apfelbaum)	324.742
<i>Nicotiana tabacum</i> (Tabak)	334.384
<i>Picea glauca</i> (Weiß-Fichte)	313.110
<i>Solanum lycopersicum</i> (Tomate)	297.142
<i>Medicago truncatula</i> (Fass-Klee)	269.238
<i>Gossypium hirsutum</i> (Baumwolle)	297.239
<i>Lotus japonicus</i> (Hornklee)	242.432
<i>Solanum tuberosum</i> (Kartoffel)	249.761
<i>Citrus sinensis</i> (Valencia Orange)	213.830
<i>Vigna unguiculata</i> (Kuhbohne)	187.487
<i>Brassica rapa</i> ssp. <i>pekinensis</i> (Chinakohl)	169.703
<i>Helianthus annuus</i> (Sonnenblume)	133.698
<i>Citrus clementina</i> (Mandarine)	118.365
<i>Coffea arabica</i> (Kaffee)	174.275
<i>Eucalyptus grandis</i> (Eukalyptus)	42.576

Quelle: www.ncbi.nlm.nih.gov/dbEST/dbEST_summary.html [20.03.2012]. Zu diesem Zeitpunkt betrug die Anzahl der Einträge in der EST-Datenbank 72.098.708.

Über EST-Sequenzierung gewonnene Informationen werden auch für die Züchtung von trockenstresstoleranten Pflanzen (vgl. Kapitel 3.4.3) herangezogen (z. B. Blair et al., 2011, für die Bohne).

3.3.2 „Next generation sequencing“

Mit den technischen Fortschritten, die in den letzten Jahren auf dem Gebiet der Mikrofluidik, Nanotechnologie und Informatik gemacht wurden, kamen auch innovative Sequenzierungstechnologien mit einer wesentlich höheren Geschwindigkeit und höherem Durchsatz auf den Markt. Dabei werden generell alle neuen Verfahren, die sich von der herkömmlichen Sanger-Technologie unterscheiden, als „next generation sequencing“ (NGS), bezeichnet; hierzu gehören unter anderem die kommerziellen Technologien der Roche/454,⁵² der Solexa/Illumina,⁵³ und der Applied Biosystems SOLiD-Sequenzierung.⁵⁴ Diese Methoden werden auch als „zweite Generation“ bezeichnet, da es inzwischen noch neuere Entwicklungen gibt (Thudi et al., 2012). Zu den Methoden der sogenannten „dritten Generation“ „third generation sequencing“ (TGS) oder auch „next-next-generation sequencing“ (NNGS)) wird unter anderem das PacBio RS-Verfahren gezählt (Pacific Biosciences mit SMRT® Technologie, Single Molecule, Real-Time), das die Sequenzanalyse auf Einzelmolekülebene ermöglicht.⁵⁵ Mit der Entwicklung des Ion Torrent (Life Technologies)⁵⁶ wurde die DNA-Sequenzierung auf Basis der Halbleitertechnologie Realität. Eine Übersicht über Sequenzieretechnologien, wie sie unter anderem in der Pflanzengenomik eingesetzt werden, bieten Thudi et al. (2012). Basierend auf der Ion Torrent Technologie entwickelte Life Technologies das Analysegerät „Ion Proton“, das im Frühjahr 2012 auf den Markt kam und mit dem nach Angaben der Firma ein menschliches Genom innerhalb eines Tages für 1.000 US \$ sequenzierbar sein soll. Noch günstiger und schneller soll die Analyse einzelner Moleküle mittels der Nanopore-Technologie (GridION und MinION) der Firma Oxford Nanopore Technologies sein.⁵⁷ Die im Februar 2012 vorgestellte MinION-Technologie ist

52 www.454.com/ [08.05.2012].

53 www.illumina.com/ [27.04.2012].

54 www.appliedbiosystems.com/absite/us/en/home/applications-technologies/solid-next-generation-sequencing.html [27.4.2012])

55 www.pacificbiosciences.com/products [20.03.2012].

56 www.iontorrent.com/ [20.03.2012].

57 www.nanoporetech.com/ [23.03.2012].

ein Sequenziergerät von der Größe eines USB-Sticks, das für unter 900 US\$ vermarktet werden soll und das man zum Einlesen der Ergebnisse direkt an den USB-Port eines Computers anschließen kann. Es soll die Sequenzierung eines Humangenoms in 15 Minuten erlauben.⁵⁸

„Next generation sequencing“ stellt eine Plattform-Technologie dar, die für ganz unterschiedliche Anwendungsbereiche eine Rolle spielt. In Pflanzen wurde die NGS Technologie bereits für zahlreiche Anwendungen genutzt, wie der Entwicklung von SNP-Markern in Arten mit bekannter Genomsequenz wie *Arabidopsis* (Weber et al., 2007) aber auch in Arten mit anfänglich unbekanntem Referenzgenom wie Eukalyptus (Novaes et al., 2008).⁵⁹ Eine Übersicht über NGS-Anwendungen in der Pflanzenbiotechnologie liefern Egan et al. (2012). Mit Hilfe des NGS konnten auch für weniger populäre Nutzpflanzen hinreichende genomische Ressourcen zur Verfügung gestellt werden (Varshney et al., 2009). Auch das Studium von sehr großen Pflanzengenomen wird dadurch möglich (Kelly/Leitch, 2011). Außerdem kann mittels NGS gezielt nach Genen gesucht werden, die dann zur Verbesserung von Nutzpflanzen oder Mikroorganismen genutzt werden können (transgene, cisgene oder intragene Pflanzen) (Schneeberger/Weigel, 2011).

Auf dem Gebiet der Genexpressionsanalyse entwickelt sich NGS durch stetig fallende Kosten zur Methode der Wahl; so wurden unter anderem umfangreiche Transkriptomanalysen in der Wiederauferstehungspflanze *Craterostigma plantagineum* (Rodriguez et al., 2010) oder Weintraube (Bellin et al., 2009) durchgeführt. Im Lippenblütler *Salvia sclarea* wurde die NGS-Technologie verwendet, um eine Transkriptomanalyse des Blütenkelches durchzuführen (Legrand et al., 2010). Die Fortschritte im „next generation sequencing“ ermöglichen nun auch die Rekonstruktion vollständiger⁶⁰ Transkriptome mit einer auch als „deep RNA sequencing“ (RNA-seq) bezeichneten Methode, sogar ohne verfügbares Referenzgenom (Martin/Wang, 2011). Dabei müssen jedoch die vielen Milliarden oft sehr kurzen RNA-seq Sequenzen zu einem Transkriptom zusammengesetzt werden. Verschiedene Methoden hierzu beschreiben Martin und Wang (2011).

Aber auch auf dem wachsenden Forschungsfeld der Epigenetik bzw. Epigenomik spielt NGS eine große Rolle, auch speziell für die Pflanzen-Epigenetik. Lister et al. haben beispielsweise

58 www.nanoporetech.com/news/press-releases/view/39 [23.03.2012].

59 Inzwischen liegen Eukalyptus-Referenzgenomsequenzen vor: www.phytozome.net/eucalyptus.php [07.05.2012].

60 Mit herkömmlichen Methoden konnten oft nur Teil-Transkriptome erstellt werden (Martin/Wang, 2011).

schon 2008 mit Hilfe des NGS basengenau die DNA-Methylierung des Blüten-Epigenoms in *Arabidopsis* analysiert (eine Übersicht über epigenetische Varianten von *Arabidopsis* geben Schmitz/Ecker, 2012). Eine Zusammenfassung der Analysen genomweiter DNA-Methylierungsmuster durch NGS geben Schmitz und Zhang (2011). Aufgrund der zunehmenden Wichtigkeit epigenetischer Forschung wurde das Thema Epigenetik im Berichtszeitraum als eigenständiges Thema der IAG Gentechnologiebericht aufgenommen⁶¹ und wird daher an dieser Stelle nicht ausführlich beschrieben.⁶²

Weitere aktuelle Anwendungen der NGS-Technologie in der Pflanzenforschung und -züchtung von verschiedenen Arten sind in Varshney und May (2012), Bräutigam und Gowik (2010) und Egan (2012) dargestellt.

NGS-Technologien werden auch zur Bestimmung von Quantitative Trait Loci (QTL) genutzt. QTL sind Chromosomen-Regionen, die einen nachgewiesenen Einfluss auf quantitative phänotypische Merkmale haben. Durch Korrelationen können so Kandidatengene mit Einfluss auf die entsprechenden Merkmale identifiziert werden. Werden die Chromosomen-Regionen mit mRNA-Profilen in Verbindung gebracht, spricht man von expression Quantitative Trait Loci (eQTL)-Analysen.⁶³ QTL-Analysen werden mit einer Vielzahl von Individuen durchgeführt. Dabei werden genetische Marker mit der Ausprägung eines Merkmals korreliert. Als Marker dienen Polymorphismen (Sequenzvariationen).⁶⁴ Bei genomweiten QTL-Studien verwendet man viele verschiedene Marker, die möglichst gleichmäßig über das gesamte Genom verteilt sind.

61 So ist für den nächsten Gentechnologiebericht (2013) ein eigenständiges Kapitel sowie für 2014 ein Themenband zur Epigenetik geplant. Außerdem hat die IAG „Gentechnologiebericht“ am 16.04.2012 einen Workshop zum Thema mit namhaften Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftlern durchgeführt. Ein weiterer Workshop zum Thema „Neue Genomik und Krankenversorgung“ sowie ein Diskussionsabend zum Thema „Schicksal Gendiagnostik“ wurden am 10.09.2012 angeboten.

62 Für Übersichtsarbeiten zu epigenetischen Regulierungen und transgenerationaler Vererbung bei Pflanzen siehe Hauser et al. (2011), zu DNA-Methylierungen bei Pflanzen siehe Vanyushin/Ashkapin (2011). Natürlich vorkommende epigenetische Variationen in Wildpopulationen von Pflanzen sind das Thema eines Übersichtsartikels von Richards (2011).

63 Für eine Übersicht siehe Druka et al. (2010).

64 Als Polymorphismen bezeichnet man Sequenzvariationen, die innerhalb einer Population häufiger als in einem Prozent der Bevölkerung auftreten. Sind die Genvarianten seltener, spricht man von Mutationen. Für die QTL-Analysen nutzt man insbesondere SNP-, RFLP- und STR-Polymorphismen. SNPs (Single Nucleotide Polymorphisms) sind Einzelnukleotidaustausche, bei denen nur ein einziges Nukleotid verändert ist. Als RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism oder Restriktionsfragmentlängenpolymorphismus) bezeichnet man den mit einer bestimmten Methode, die auf dem Schneiden genomischer DNA mittels Restriktionsenzymen beruht, erhobenen genetischen Fingerabdruck. STR (Short Tandem Repeats) sind Wiederholungen kurzer Basenpaar-Muster, die sich von Individuum zu Individuum unterscheiden.

QTL-Analysen wurden zum Beispiel für die Biofortifizierung (Anreicherung von Mikro-nährstoffen) von Maiskörnern durchgeführt (vgl. Kapitel 3.4.5) (Simic et al., 2012). Dabei wurden QTL für den Gehalt an Phosphor (P), Eisen (Fe), Zink (Zn) und Magnesium (Mg) in Maiskörnern detektiert. Ziel dieser Forschung ist die Züchtung von Maispflanzen mit optimierten Gehalten an bioverfügbaren Mineralien in den Körnern als Beitrag zur Linderung von Mangelernährung (s. u.) (Simic et al., 2012).

Weitere Beispiele sind die Erforschung von QTL zur Trockentoleranz von Maispflanzen (Rahman et al., 2011) oder auch zur Ertragssteigerung von Reis (siehe Miura et al., 2011 für eine Übersicht).

3.3.3 Metabolitenprofile und Proteomics

Die Bedeutung der umfassenden Analyse von Stoffwechselprodukten (Metabolomics) in Pflanzen hat in den letzten Jahren beträchtlich an Bedeutung gewonnen und sich neben der Analyse der Gesamtheit aller Gene (Genomics), Transkripte (Transcriptomics) und Proteine (Proteomics) fest etabliert. Dabei sind vor allem integrative Ansätze in den Vordergrund gerückt, die eine gemeinsame Betrachtung der verschiedenen Daten ermöglichen. Einen Überblick über die Integration der verschiedenen „Omics“-Daten („integrative omics“) bieten Fukushima et al. (2009), Choi und Pavelka (2011) sowie Langridge und Fleury (2011).⁶⁵ Der Zuwachs an Publikationen zum Thema Metabolitenanalyse in Pflanzen hat sich weiter verstärkt: Wurden im Jahr 2006 bei PubMed noch 73 Veröffentlichungen aufgelistet (Stichworte „plant metabolite profiling“), so waren es im Jahr 2009 bereits 98. 2012 führt die Suche mit denselben Stichworten zu 652 Einträgen.⁶⁶ Zahlreiche Publikationen beschreiben dabei methodische Optimierungen,⁶⁷ eine Übersicht bieten Okazaki und Saito (2012). Eine interessante Entwicklung im Berichtszeitraum ist die Messung von Metaboliten in einzelnen Geweben (Moco et al., 2009) oder sogar einzelnen Zellen der Pflanze (Shrestha/Vertes, 2009), welche durch ein Herausschneiden entsprechender Zellen mittels Laser („laser dissection“) erreicht werden kann, sowie Verfahren, die die Verteilung von Metaboliten in Pflanzen bis hin zu Einzelzellen zugänglich machen (Lee et

65 Ricoch et al. (2011) bieten eine Übersicht über die Nutzung von Transkriptomik, Proteomik und Metabolomik zur Bewertung gentechnisch veränderter Pflanzen im Hinblick auf die Effekte der genetischen Veränderung mit Relevanz für die Sicherheitsbewertung.

66 www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed [23.04.2012].

67 z. B. Kaspar et al. (2011) und Kim (2011).

al., 2012).⁶⁸ Die Zielsetzungen des Einsatzes von Metabolitenmessungen sind sehr vielseitig. Eine tabellarische Übersicht der verschiedenen Anwendungsbereiche inklusive Literaturangaben bieten Okazaki und Saito (2012). So können etwa Fragestellungen der funktionellen Genomik und der Quantitativen Genetik⁶⁹ bearbeitet werden. Steinfath et al. (2010) berichten von der Möglichkeit, Metabolitenprofile als Biomarker für die Vorhersage von Phänotypen zu verwenden. Desweiteren ist es möglich, transgene von nicht-transgenen Pflanzen auf Grund ihrer Metabolitenprofile zu unterscheiden und Metabolom-Informationen zur Beurteilung der substantziellen Äquivalenz transgener und konventioneller Pflanzen sowie zur Sicherheitsbeurteilung heranzuziehen (Garcia-Canas et al., 2011). Auch Stressantworten bei Pflanzen können so untersucht werden (Okazaki/Saito, 2012). Als Beispiele für die praktische Relevanz der Metabolitenprofile seien folgende Publikationen genannt:

Dobson et al. (2010) analysierten Metabolitenprofile verschiedener Kartoffelgenotypen, um Aussagen über deren Knollenqualität und ihre Eignung für Züchtungsprogramme machen zu können.

Hou et al. (2010) verglichen Metabolitenprofile verschiedener Echinacea-Pflanzen miteinander, um die Klassifizierung ihrer Arten zu bestätigen und Aussagen über deren spezifische entzündungshemmende Inhaltsstoffe machen zu können.

Fujimura et al. (2011) untersuchten mittels Metabolomanalyse die Beziehung zwischen dem Metabolom und gesundheitsfördernden Eigenschaften von grünem Tee.

Ebenfalls von wachsender Bedeutung ist das Gebiet der Proteomics. Hier wurde mit der International Plant Proteomics Organization (INPPO) im Januar 2011 eine neue internationale Organisation zur Förderung der Proteomik gegründet,⁷⁰ die nur ein Jahr später bereits mehr als 500 Mitglieder hatte (Agrawal et al., 2012). Die Katalogisierung der Gesamtheit der Proteine und die Zuordnung ihrer funktionellen Relevanz verfolgt dabei mehrere Ziele (Auflistung übersetzt und ergänzt aus Agrawal und Rakwal (2011):⁷¹

68 Eine Übersicht über Metabolomik bei einzelnen Zellen bietet Svatos (2011).

69 So haben zum Beispiel Carreno-Quintero et al. (2012) mittels QTL-Analysen (vgl. Kapitel 3.3.2) eine Beziehung zwischen Primärmetabolismus und der Qualität von Kartoffelknollen aufgedeckt.

70 www.inppo.com [23.04.2011].

71 Agrawal/Rakwal (2011) haben einen ausführlichen Übersichtsartikel über die Proteomik am Beispiel Reis verfasst, der jedoch auch allgemeine Prinzipien der Proteomforschung beschreibt. Eine Übersicht zur Erforschung von Proteinkomplexen und post-translationalen Modifikationen in Pflanzen bieten Remmerie et al. (2011).

- ▶ Identifizierung neuer, auch seltener Proteine,
- ▶ Quantifizierung der Proteinmengen,
- ▶ Untersuchung von Proteinantworten auf biotischen oder abiotischen Stress,⁷²
- ▶ Proteinlokalisierung in der Zelle,
- ▶ Validierung früher erstellter Proteome und Identifizierung von falsch-positiven Proteinen,
- ▶ Entdeckung potenzieller Biomarker für Gewebe, Organe, Organellen,
- ▶ Entdeckung von Biomarkern für Screenings transgener Pflanzen und ihre Sicherheitsbewertung.

3.3.4 Selektierbare Marker

In der Vergangenheit wurde zum Nachweis erfolgreicher Integration eines DNA-Konstruktes ins Pflanzengenom auf mit dem Konstrukt eingebrachte Markergene wie etwa Antibiotikaresistenzgene zurückgegriffen. Da die gesundheitliche Unbedenklichkeit dieser Marker jedoch umstritten war (vgl. Kapitel 4.2), werden derzeit überwiegend andere Marker verwendet, etwa Herbizidtoleranzen.

Die Anzahl an selektierbaren Markern, die nicht auf einer Antibiotikum- oder Herbizidresistenz beruhen, hat im Untersuchungszeitraum beträchtlich zugenommen. Inzwischen sind für Pflanzen bereits mehr als 50 Markergene beschrieben worden. Einen Überblick über Selektionssysteme bei der Pflanzentransformation geben etwa Tuteja et al. (2012), Rosellini (2011) und Manimaran et al. (2011).

In einer Vielzahl von Publikationen wird ein sichtbares Selektionsverfahren verwendet, das auf der Akkumulation von Flavonoiden (Anthocyanen) beruht. Diese wird durch die erhöhte Expression eines Transkriptionsfaktors aus der sogenannten MYB-Familie hervorgerufen und resultiert in einer rötlichen Färbung der entsprechenden Gewebe. Gao et al. (2011) verwendeten das *MYB12* Gen aus *Arabidopsis*, um transformierte Koleoptilen⁷³ in Weizen zu markieren. Auch in der Süßkartoffel (*Ipomoea batatas*) wurde das MYB/Anthocyansystem verwendet, jedoch wurden hier das arteigene Gen *IbMYB1* und endogene Promotorsequenzen verwendet

72 Als Beispiel für abiotischen Stress sei die Erforschung von Änderungen in Pflanzenproteomen als Reaktion auf Salzstress genannt (Sobhanian et al., 2011).

73 Als Koleoptile bezeichnet man die das Keimblatt umgebende Schutzhülle bei Süßgräsern.

und damit ein intragenischer Ansatz entwickelt (Kim et al., 2010). Kortstee et al. (2011) setzten Anthocyane zur visuellen Selektion von Apfel-, Erdbeer- und Kartoffelpflanzen ein.

Auch in der Modellpflanze *Arabidopsis* wurden verschiedene Ansätze verfolgt, unter anderem auch solche, bei denen nur arteigene DNA-Sequenzen für das Markersystem verwendet wurden. Ahmad et al. (2009) führten eine zusätzliche Kopie des Acetolaktatsynthase-Gens (*ALS*) inklusive seiner eigenen flankierenden regulatorischen Elemente in das *Arabidopsis*genom ein, was zu einer erhöhten Toleranz gegenüber dem Herbizid Imazapyr führte.

In anderen Ansätzen werden metabolische Gene als Selektionsmarker verwendet, die in Biosynthesewege der Pflanze eingreifen und damit eine Selektion transformierter Pflanzen oder Zellen ermöglichen. So wurde in Tabakchloroplasten das Gen für die feedback-insensitive Anthranilat-Synthase α -Untereinheit eingebracht, woraufhin transplastomen Pflanzen eine Resistenz gegenüber dem Tryptophan-Analogon 7-Methyl-DL-Tryptophan beziehungsweise dem Indol-Analogon 4-Methylindol verliehen wurde (Barone et al., 2009). Für eine Übersicht über selektierbare Marker und Marker-Entfernung in Plastiden siehe Day und Goldschmidt-Clermont (2011). In einem weiteren Beispiel wurde in *Arabidopsis* durch Transformation das Gen für das Enzym Lysin-Racemase eingebracht, das es transformierten Pflanzen ermöglicht, auf Medien mit dem toxischen Substrat L-Lysin zu überleben, welches durch das Enzym in die nicht-toxische Isoform D-Lysin überführt wird (Chen et al., 2010). Song et al. (2010) verwendeten das Mannose-6-Phosphat-Reduktasegen (*M6PR*) aus Sellerie (*Apium graveolens*) als Selektionsmarker – sowohl für positive als auch für negative Selektion. Bei der Mannose-sensitiven Art *Arabidopsis thaliana* führte das Einschleusen des Gens zu einer erhöhten Mannosetoleranz.

Shimada et al. (2010) entwickelten unter dem Namen FAST (Fluorescence-Accumulating Seed Technology) ein Markersystem für *Arabidopsis*. Dabei wird eine Fusion aus einem Fluoreszenzprotein (GFP oder RFP) und einem Ölkörper-Membranprotein im Samen exprimiert, wodurch transformierte Samen leicht durch fluoreszenzmikroskopische Sichtung identifiziert werden können. Die Zeit zur Erzeugung homozygoter transgener Linien soll sich damit von 7,5 auf 4 Monate verkürzen lassen. OsFAST, eine optimierte Version dieser Technologie, wurde für den Einsatz bei Reis adaptiert (Shimada et al., 2011).

Neben der Verwendung alternativer Markergene kommt auch der Erzeugung markerfreier transgener Pflanzen eine steigende Bedeutung zu. Hierbei wird das verwendete Selektionsmarkergene durch unterschiedliche Mechanismen nach erfolgter Transformation wieder aus dem Genom entfernt. Zumeist erfolgt die Entfernung des Markers über den Einsatz einer Rekombination.

binase. Li et al. (2010) erzeugten markerfreie transgene Maispflanzen mit einer erhöhten Salztoleranz, bei der das Na^+/H^+ -Antiporter gen *NHX1* aus Arabidopsis in das Maisgenom integriert wurde. Das Selektionsmarker gen *ALS*⁷⁴ wurde dabei von FRT-Sequenzen flankiert und mittels der Rekombinase FLP aus dem Genom entfernt. Eine verbesserte FLP-Rekombinase (FLPe) wurde von Akbudak und Srivastava (2011) in Reis getestet (s. u.).

López-Noguera et al. (2009) erzeugten markerfreie transgene Aprikosenbäume unter Verwendung des MAT-Systems (multi-auto-transformation), welches die Verwendung des Gens *ipt*⁷⁵ mit dem Rekombinase-System R/RS zur Entfernung des Marker gens kombiniert. PCR-Analysen brachten hierbei zum Vorschein, dass das Marker gen nach einem Jahr vollständig aus dem Genom aller transgenen Linien entfernt worden ist. Dieselbe Methode benutzten Khan et al. (2011) zur Erzeugung markerfreier transgener Tomaten.⁷⁶

Petolino et al. (2010) verfolgten in Tabak einen Ansatz, bei dem das verwendete Marker gen von Erkennungssequenzen einer Zinkfinger nuklease (ZFN) flankiert wurde. Durch Kreuzung solch einer veränderten Pflanze mit einer zweiten Tabakpflanze, die das Gen der entsprechenden ZFN exprimiert, konnte das Marker gen entfernt werden. In 35 % der Pflanzen der ersten Generation nach der Kreuzung war das Marker gen nicht mehr vorhanden. Für die Nutzung von Zinkfinger nukleasen zur gezielten Genom-Modifizierung wurde die Plattform CoDA (Context-Dependent Assembly) entwickelt und in Zebrafischen, Soja und Arabidopsis getestet (Sander et al., 2011). Sie soll Genom-weite oder an verschiedenen Stoffwechselwegen gleichzeitig ansetzende Modifikationen erlauben.

In Reis wurde das Cre/Lox Rekombinase-System⁷⁷ verwendet, um transgene Reispflanzen zu erzeugen, die durch die Expression des Agglutinin gens *ASAL* aus Knoblauch eine erhöhte Resistenz gegenüber Heuschrecken besitzen (Sengupta et al., 2010). Eine verbesserte FLP-Rekombinase (FLPe) wurde von Akbudak und Srivastava (2011) genutzt, um Marker gene aus transgenen Reispflanzen zu entfernen, deren Transgen-Orte durch Cre/Lox-vermittelte, orts-

74 Das *ALS* Gen kodiert das Enzym Acetolaktatsynthase (s.o.).

75 Dieses Gen kodiert das Enzym Isopentenyltransferase.

76 Eine anschaulich bebilderte Erläuterung dieser und anderer Methoden bieten Tudja et al. (2012).

77 Das Cre/Lox-System ist eine in Tierversuchen seit langem bewährte Methode, um Gensequenzen gezielt an bestimmten Genorten und in bestimmten Geweben auszuschneiden und zu entfernen. Die Cre-Rekombinase ermöglicht die Neuverknüpfung von DNA an spezifischen Erkennungssequenzen, die zuvor in das Genkonstrukt eingebaut wurden. Die anderen hier vorgestellten Methoden funktionieren auf ähnliche Weise.

spezifische Genintegration erzeugt wurden. Derzeit befindet sich jedoch noch keine so erzeugte markerfreie transgene Nutzpflanze auf dem Markt (ebd.).⁷⁸ Eine tabellarische Übersicht über die Entwicklung markerfreier Pflanzen mit Angaben der Publikationen (Stand: 2011, mehr als hundert Publikationen seit 1985) bieten Tuteja et al. (2012). Das nachträgliche Ausschneiden von Markern wird besonders für die Weiterentwicklung von „stacked traits“ eine wichtige Rolle spielen (siehe Kapitel 3.2.6).

Ein neuer Weg der zielgerichteten Genomänderung ergibt sich durch die sogenannten TALEs („transcription activator-like effectors“). Diese haben spezielle Strukturen inklusive einer DNA-Bindedomäne und können mit nutzerdefinierter Sequenzspezifität als ortsspezifische Transkriptionsaktivatoren eingesetzt werden. Darüber hinaus können sie durch Verknüpfung mit aktiven Bereichen von Enzymen unterschiedlicher Funktionen sequenzspezifisch eingesetzt werden. So entstehen beispielsweise durch Fusion von TALEs mit einer Schnittfunktionseinheit („cleavage domain“) der FokI Nuklease⁷⁹ sogenannte TALE-Nukleasen (TALENs). TALENs generieren gezielt Doppelstrangbrüche im Genom, die durch Reparaturmechanismen dann gezielte Genomänderungen erzeugen. TALENs werden als eine Möglichkeit zur Erzeugung nicht-transgener, aber genetisch modifizierter Organismen gesehen. Eine Übersicht über die Nutzung dieser Technologie für die Erzeugung genetisch modifizierter Nutzpflanzen bieten Mahfouz und Li (2011). Zur Methodik der Erzeugung sequenzspezifischer TALE-basierter Transkriptionsregulatoren sowie TALENs zur Genommodifikation siehe Li et al. (2012).

3.3.5 Datenbanken

Der exponentielle Anstieg an biologischen Daten auf Gebieten wie Genomsequenzen, Metabolitendaten oder Expressionsanalysen in den letzten Jahren ging einher mit der rasanten Entwicklung immer umfangreicherer Datenbanken. Da deren Zahl im Untersuchungszeitraum steil angestiegen ist, kann hier kein umfassender Überblick geboten werden. Stattdessen werden einige Datenbanken exemplarisch vorgestellt. Für einen detaillierten Überblick sei auf die Übersichtsartikel von Mochida und Shinozaki (2010; 2011) verwiesen. Die Notwendigkeit

78 Es gibt jedoch einen gv-Mais LY038 mit erhöhtem Lysingehalt, der in mehreren Ländern zugelassen ist und dessen *nptII*-Markergen mit dem Cre/Lox-System entfernt wurde. Der Zulassungsantrag in der EU wurde jedoch zurückgezogen. www.transgen.de/zulassung/gvo/85.doku.html [24.08.2012]; [http://cera-gmc.org/index.php?evidcode\[\]=LY038&auDate1=&auDate2=&action=gm_crop_database&mode=Submit](http://cera-gmc.org/index.php?evidcode[]=LY038&auDate1=&auDate2=&action=gm_crop_database&mode=Submit) [24.08.2012].

79 Als Nukleasen bezeichnet man Enzyme, die Nukleinsäuren abbauen.

solcher Datenbanken zur Handhabung der Datenmengen soll folgendes Beispiel verdeutlichen: Bestand die Kollektion von „expressed sequence tags“ (ESTs) des Weizens im Jahr 1999 noch aus sechs Klonen, so waren es Ende 2007 bereits über eine Millionen (Matthews et al., 2009).⁸⁰ Auch für die Pflanzen Arabidopsis, Reis und Mais sind bereits Sequenzdaten von jeweils über eine Millionen ESTs vorhanden. Schon Anfang Oktober 2010 waren Genomsequenzen von 19 Pflanzenarten verfügbar⁸¹ und die Zahl ist seither weiter angestiegen.⁸² Viele pflanzliche Genome stehen kurz vor der Entschlüsselung.⁸³ Ein wichtiger Meilenstein stellt die im Frühjahr 2012 publizierte Genomsequenz der Tomate dar, an deren Erarbeitung über 300 Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler aus über 90 Institutionen beteiligt waren (Tomato Genome Consortium, 2012).

Den oben erwähnten Gebieten entsprechend können auch die Datenbanken funktionell unterschieden werden. Einen Überblick geben Matthew et al. (2009) sowie Mochida und Shinozaki (2010; 2011). Eine primäre Quelle für Gensequenzen aller Organismen liefern beispielsweise die Genbanken des National Centre for Biotechnology Information (NCBI),⁸⁴ des European Molecular Biology Laboratory-European Bioinformatics Institute (EMBL-EBI)⁸⁵ oder die DNA Data Bank of Japan (DDBJ).^{86 87}

Für pflanzliche Genome haben sich die Datenbanken des Institute for Genome Research (TIGR)⁸⁸ und PlantGDB⁸⁹ etabliert, die neben der Bereitstellung von DNA-Sequenzen auch

80 Eine umfassende Analyse aller bekannten ~1 Mio. Weizen-ESTs publizierten Manickavelu et al. (2012). Eine auf das Weizen-genom spezialisierte Datenbank ist: www.wheatgenome.org [19.03.2012].

81 www.pflanzenforschung.de/journal/aktuelles/herausforderungen-bei-der-genomsequenzierung-von-pflanzen [19.03.2012].

82 Eine Übersicht über 31 verschiedene Pflanzengenome bietet www.phytozome.net/ [20.3.2012].

83 Eine Übersicht über die rasch ansteigende Zahl sequenzierter Genome inklusive Literaturzitate bietet http://genomeevolution.org/wiki/index.php/Sequenced_plant_genomes [19.03.2012]. Für eine Übersicht über Datenbanken zu verschiedenen Modellorganismen siehe www.arabidopsis.org/portals/genAnnotation/other_genomes/index.jsp [20.03.2012] und www.shigen.nig.ac.jp/wgr/top/top.jsp [20.03.2012].

84 www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/ [19.03.2012].

85 www.ebi.ac.uk [19.03.2012].

86 www.ddbj.nig.ac.jp [19.03.2012].

87 Die MetaCyc Datenbank (<http://metacyc.org/> [20.03.2012]) enthält Informationen zu mehr als 1.800 Stoffwechselwegen und Enzymen aus 30.000 Publikationen. Die damit verbundene BioCyc-Datenbank (<http://biocyc.org> [20.03.2012]) ist eine Sammlung organismusspezifischer Stoffwechselweg/Genom-Datenbanken, welche das komplette Genom sowie rechnergestützt auf Grundlage von MetaCyc vorhergesagte Stoffwechselwege enthält (Caspi et al., 2012).

88 <http://plantta.jcvi.org/> [19.03.2012].

89 www.plantgdb.org/ [19.03.2012].

umfangreiche Applikationen zur Genanalyse anbieten, wie komparative Studien zwischen Arten. Andere Pflanzendatenbanken sind auf spezielle Arten fokussiert: The Arabidopsis Information Resource (TAIR)⁹⁰ beispielsweise auf die Modellpflanze *Arabidopsis thaliana*, Gramene⁹¹ auf Gräser und GrainGenes⁹² auf Getreidepflanzen wie Weizen, Gerste und Roggen.⁹³

Andere Datenbanken sind thematisch spezialisiert, wie Datenbanken zu Transkriptionsfaktoren. Als Beispiele seien genannt:

- ▶ Die „Plant Transcription Factor Database“ (PlnTFDB)⁹⁴ ist eine integrative Datenbank, die sämtliche Transkriptionsfaktoren und andere transkriptionelle Regulatoren (TRs) in Pflanzenarten umfasst, deren Genome vollständig sequenziert und annotiert sind (Pérez-Rodríguez et al., 2010).
- ▶ Die „LegumeTFDB“⁹⁵ beschränkt sich auf Transkriptionsfaktoren der drei Leguminosen Sojabohne, Lotus und Medicago, erlaubt aber auch Vergleiche zu anderen Arten wie Arabidopsis, Pappel und Reis (Mochida et al., 2009).

Neue, im Untersuchungszeitraum entstandene Datenbanken und Online-Werkzeuge sind unter anderem folgende:

- ▶ „Virtual Plant“⁹⁶ ist eine Softwareplattform, die es Forschern ermöglichen soll, biologische Hypothesen aufzustellen. Die Plattform verknüpft dabei Daten zur Genannotierung und funktioneller Kategorisierung, Microarray-Daten und Daten zu biochemischen Stoffwechselwegen und regulatorischen Interaktionen miteinander und ermöglicht es, komplexe biologische Zusammenhänge visuell darzustellen (Katari et al., 2010).
- ▶ Die „Chloroplast Function Database“⁹⁷ ist eine umfangreiche Datenbank zur Kollektion von mehr als 3.000 Ds/Spm-Transposon und T-DNA Insertionsmutanten für kernkodierte

90 www.arabidopsis.org [19.03.2012].

91 www.gramene.org [19.03.2012].

92 <http://wheat.pw.usda.gov> [19.03.2012].

93 Für Expressionsanalysen kann auch die Datenbank „Genevestigator“ genutzt werden: www.genevestigator.com [12.04.2013].

94 <http://plntfdb.bio.uni-potsdam.de/v3.0/> [19.03.2012].

95 <http://legumetfdb.psc.riken.jp/> [19.03.2012].

96 www.virtualplant.org/ [19.03.2012].

97 <http://farge.psc.riken.jp/chloroplast/> [19.03.2012].

Chloroplastenproteine. Eine Identifikation von Mutanten ist nicht nur über den Gencode möglich, sondern auch über beschriebene Phänotypen (Myouga et al., 2010).

- ▶ „SoyBase“⁹⁸ ist eine vom US Landwirtschaftsministerium (USDA) ins Leben gerufene Datenbank, die genetische (mehr als 1.000 QTL) und genomische (mehr als 1,4 Millionen Nukleotide und ESTs) Informationen der Sojabohne verknüpft. Daneben werden eine Reihe von Analyse- und Data-Mining-Tools angeboten (Grant et al., 2010).
- ▶ Mit dem Ziel, pathogenetische Komponenten von bakteriellen Pflanzenschädlingen besser zu verstehen und neue landwirtschaftlich einsetzbare Bakterizide zu entwickeln, wurde die Datenbank „DIGAP“⁹⁹ geschaffen. Sie umfasst die vollständig sequenzierten und neu annotierten Genome von 28 Phytopathogenen (Gao et al., 2010).
- ▶ Druka et al. (2008) entwarfen eine Datenbank zur systembiologischen Analyse der Gerste, welche Daten zu Phänotypen, Genexpression und Genotypen vereint und in das öffentlich zugängliche „GeneNetwork“¹⁰⁰ integriert. „GeneNetwork“ ermöglicht das Überprüfen von genetischen Hypothesen, wie den Zusammenhang bestimmter Genexpressionsstärken und resultierenden Phänotypen.
- ▶ „ChlamyCyc“¹⁰¹ ist eine systembiologische integrative Datenbank für die Grünalge *Chlamydomonas reinhardtii*, welche als wichtiger eukaryotischer Modellorganismus zur Analyse von Photosynthese und Pflanzenwachstum dient. Die Datenbank umfasst 250 Stoffwechselwege mit Informationen zu assoziierten Genen, Enzymen und anderen Komponenten (May et al., 2009).

Weitere Datenbanken entstanden im Untersuchungszeitraum beispielsweise für Kaffeegewächse (Plechakova et al., 2009), Waldbäume (Wegrzyn et al., 2008), Nachtschattengewächse (D’Agostino et al., 2009), Gräser (Yilmaz et al., 2009) und Pappel (Sjödin et al., 2009), aber auch für pflanzliche microRNAs (Zhang et al., 2010) und pflanzliche Hormone (Peng et al., 2009; Jiang et al., 2011). Die Entstehung zahlreicher neuer Datenbanken hängt auch mit der Erschließung neuer „Omics“-Ebenen in den letzten Jahren zusammen, wie das Interaktom (das

98 <http://soybase.org> [19.03.2012].

99 <http://ibi.hzau.edu.cn/digap/> [19.03.2012].

100 www.genenetwork.org [19.03.2012].

101 <http://chlamycyc.mpimp-golm.mpg.de> [19.03.2012].

Netzwerk der Protein-Interaktionen), das Epigenom (die Gesamtheit der epigenetischen Modifikationen) und das Hormonom (Phytohormon-vermittelte Zellkommunikation). Mochida und Shinozaki (2010; 2011) bieten eine detaillierte Übersicht zu Datenbanken aller zugänglichen Ebenen: Genom/Epigenom, Transkriptom, Proteom/Interaktom, Metabolom/Hormonom, Phenom. Diese Entwicklung wäre ohne die Entwicklung unter anderem des „next generation sequencings“ (siehe Kapitel 3.3.2) sowie rasanten Fortschritten in der Bioinformatik nicht möglich gewesen.

3.3.6 GMO-Detektionsmethoden

Die rechtlichen Regulierungen zu Zulassung, Anbau, Kennzeichnung und Inverkehrbringung von GMO (Kapitel 6) und ihre Überwachung setzen funktionierende analytische Detektionsmethoden voraus, mit denen gentechnische Veränderungen nachgewiesen werden können. Da es sich um ein eigenes Forschungsgebiet mit verschiedenen Methoden handelt, würde eine ausführliche Darstellung den Rahmen dieses Buches sprengen. Aktuelle Informationen liefert die Homepage des Institutes for Health and Consumer Protection (IHCP) des Joint Research Centres der European Commission, wo im Europäischen Referenzlabor für gentechnisch veränderte Nahrungs- und Futtermittel (European Reference Laboratory for GM Food and Feed, EURL-GMFF) Testmethoden untersucht und validiert werden.¹⁰² Einen Überblick über aktuelle Entwicklungen in diesem Zusammenhang bieten Querci et al. (2010) und Ujhelyi et al. (2012). Dabei lässt sich eine Tendenz zu zunehmend komplexeren Detektionsmethoden feststellen. Statt ein oder einige wenige Merkmale zu testen, gewinnen Hochdurchsatz-Methoden an Bedeutung, bei denen eine Vielzahl von Zielstrukturen gleichzeitig detektiert werden können (Querci et al., 2010).¹⁰³

3.3.7 Systembiologie

Die Systembiologie bei Pflanzen hat das Ziel, diese in ihrer Gesamtheit zu verstehen, wobei mit einer Kombination von Methoden der Genetik, Molekularbiologie, Zellbiologie, Physik und Bioinformatik versucht wird, regulatorische Prozesse auf allen Ebenen, vom Genom über das

102 http://ihcp.jrc.ec.europa.eu/our_activities/gmo/gmo_analysis [07.04.2012].

103 Ausführliche Erläuterungen und Hintergrundinformationen enthält auch der Report der European Commission (2008), abrufbar unter: http://ihcp.jrc.ec.europa.eu/our_activities/gmo/general_info/JRC_GMO_detection_2011.pdf [07.05.2012].

Proteom und Metabolom in das Gesamtbild zu integrieren. Hierzu werden umfangreiche Datensammlungen zu Expressions-, Protein- und Metabolitenprofilen genutzt. Wie bereits im Zweiten Gentechnologiebericht (Müller-Röber et al., 2009) beschrieben, wurden in Deutschland seit 2007 systembiologische Arbeiten an Algen, Moosen und Höheren Pflanzen im Rahmen der Initiative „Forschungseinheiten der Systembiologie – FORSYS“ im Förderprogramm „Biotechnologie – Chancen nutzen und gestalten“ des BMBF gefördert.¹⁰⁴ Im Programm FORSYS wurden vier sogenannte FORSYS-Zentren (in Freiburg, Heidelberg, Magdeburg und Potsdam) mit einer Gesamtsumme von 45 Millionen € für den Zeitraum von 2007 bis 2011 gefördert. Zusätzlich wurde 2007 vom BMBF komplementär die Maßnahme „FORSYS-Partner“ ins Leben gerufen, bei der Kollaborationen mit externen Forschern sowie Nachwuchsgruppen gefördert wurden (FORSYS Collaborations and FORSYS Junior Scientist Groups). Obwohl der Förderzeitraum von FORSYS am 31.12.2011 endete, wird ein Teil der im Rahmen von FORSYS-Partner geförderten Projekte auch in 2012 weitergefördert.¹⁰⁵ Außerdem fördert das BMBF systembiologische Projekte nun durch das Nachfolgeprogramm „e:Bio-Innovationswettbewerb Systembiologie“.¹⁰⁶ Einen aktuellen Überblick über Aktivitäten auf dem Gebiet der Systembiologie in Deutschland bietet die Systembiologie-Homepage,¹⁰⁷ auf der verschiedene Projekte beschrieben sind. Insgesamt sind die Arbeiten auf dem Gebiet der Pflanzensystembiologie derzeit eher der Grundlagenforschung zuzurechnen und es bleibt weiterhin abzuwarten, welche ihrer Ergebnisse für die zukünftige Pflanzenbiotechnologie nutzbar werden.

3.3.8 Epigenetik

Die grüne Gentechnik umfasst auch Anwendungen, welche sich mit anderen Forschungsgebieten überschneiden. So sind Pflanzenforscherinnen und -forscher maßgeblich an der Weiterentwicklung der Forschung zur Epigenetik beteiligt. Aufgrund der zunehmenden Wichtigkeit epigenetischer Forschung wurde das Thema Epigenetik im Berichtszeitraum als eigenständiges

104 www.bmbf.de/press/1851.php [14.03.2012].

105 www.forsys.net/joomla/ [12.12.2012].

106 www.bmbf.de/foerderungen/15679.php [12.12.2012].

107 www.systembiologie.de/ [14.03.2012].

Thema der IAG „Gentechnologiebericht“ aufgenommen¹⁰⁸ und wird daher an dieser Stelle nicht ausführlich beschrieben.¹⁰⁹ Außerdem gibt es Schnittmengen mit dem Forschungsgebiet der Synthetischen Biologie. Da die IAG „Gentechnologiebericht“ zu beiden Themen eigenständige Themenbände beziehungsweise Kapitel im Dritten Gentechnologiebericht herausbringen wird, werden sie im Rahmen dieses Buches nur angesprochen (vgl. Kapitel 3.3.2), nicht aber in ihrer Breite vorgestellt und diskutiert.

3.4 Praktische Anwendungen und Züchtungsziele

Ebenso wie die verwendeten Methoden haben sich auch die Züchtungsziele ausdifferenziert. Ein zunehmend wichtiges Ziel ist die Erforschung der Widerstandsfähigkeit gegen abiotischen Stress, zum Beispiel Trockentoleranz, und eine erhöhte Wassernutzungseffizienz sowie die Salztoleranz. Weitere Forschungsziele betreffen Insektenresistenzen, Pathogenresistenzen (Viren, Pilze), Unempfindlichkeit gegenüber niedrigen und hohen Temperaturen, verbesserte Nährstoffnutzung, Ertragssteigerung sowie Qualitätsverbesserungen für die Bereitstellung von Rohstoffen, Medikamenten, Biotreibstoffen und die Biofortifizierung.

3.4.1 Pflanzen für die Biomasseproduktion

Unter dem Stichwort „Biomasseproduktion“ werden im Zusammenhang mit der Gentechnik Anstrengungen unternommen, Pflanzen für die Herstellung von Treibstoffen oder anderen wichtigen Rohstoffen für die Industrie nutzbar zu machen. Das Interesse, Pflanzen für die Gewinnung von Treibstoff (Biodiesel, Bioethanol) zu nutzen, hat im Untersuchungszeitraum sowohl in Deutschland, als auch weltweit stark zugenommen, was an dem exponentiellen Anstieg an Publikationen auf dem Gebiet deutlich wird. So finden sich bei einer Suche in PubMed im Jahr 2006 nur 33 Publikationen unter den Suchbegriffen „biofuel“ und „plant“ (sieben davon Reviews), während es 2009 bereits 248 (44 Reviews) Publikationen waren und 2011 schon

108 So ist für den nächsten Gentechnologiebericht ein eigenständiges Kapitel sowie für 2014 ein Themenband zur Epigenetik geplant. Außerdem hat die IAG „Gentechnologiebericht“ am 16.04.2012 einen Workshop zum Thema mit namhaften Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftlern durchgeführt.

109 Für Übersichtsarbeiten zur epigenetischen Regulierungen und transgenerationaler Vererbung bei Pflanzen siehe Hauser et al. (2011), zu DNA-Methylierungen bei Pflanzen siehe Vanyushin/Ashkapin (2011). Natürlich vorkommende epigenetische Variationen in Wildpopulationen von Pflanzen sind das Thema eines Übersichtsartikels von Richards (2011).

552 (45 Reviews).¹¹⁰ Vor allem die Ethanolgewinnung der sogenannten zweiten Generation, das heißt die Produktion von Ethanol aus lignocellulosehaltigen Rohstoffen, wächst in ihrer Bedeutung.¹¹¹ Diese Nutzung von lignocellulosehaltigen¹¹² Rohstoffen soll die Gewinnung von Energie auch aus solchen Pflanzen oder Pflanzenteilen ermöglichen, die für Menschen nicht essbar sind, zum Beispiel Stroh, Holz, Gräser oder Papierabfälle. Eine Übersicht über verschiedene mögliche Substrate und ihre bioenergetische Verwertung liefen Chandel und Singh (2011) sowie Byrt et al. (2011). Der enzymatische Aufschluss von Lignocellulose ist jedoch noch immer eine große Herausforderung; hierfür ist eine Vielzahl an enzymatischen Aktivitäten (unter anderem Glucanasen, Glucosidasen oder Xylanasen) notwendig. Kommerziell erhältliche lignocellulolytische Enzymmischungen enthalten mitunter mehr als 80 verschiedene Enzymaktivitäten (Nagendran et al., 2009; Banerjee et al., 2010a). Zahlreiche Forschungsgruppen konzentrieren sich deshalb auf die Generierung synthetischer Enzymmischungen zur Konversion von Biomasse (z. B. beschrieben in Banerjee et al., 2012, Banerjee et al., 2010b und Elkins et al., 2010).

Als neue Entwicklung mit Blick auf einen verbesserten Aufschluss und die dadurch ermöglichte bessere Nutzbarkeit von Lignocellulose sei der Einsatz von ionischen Flüssigkeiten („ionic liquids“, ILs) erwähnt.¹¹³ Ionische Flüssigkeiten enthalten nur Ionen (geladene Teilchen), sind also flüssige Salze¹¹⁴ (im Gegensatz zu in Wasser gelösten Salzen). Die kristalline Struktur der Cellulose macht es möglich, dass Lignocellulose in ionischen Flüssigkeiten (anders als in wässrigen Phasen) vollständig gelöst werden kann, was die weitere Prozessierung wesentlich vereinfacht. Dies liegt daran, dass die darin enthaltenen Ionen die Bildung von Kristallgittern erschweren und so zur Auflösung der Struktur der Cellulose führen (Wang et al., 2012). Das Ausgangsmaterial kann ganz unterschiedlich sein, als Beispiele seien Reis-Stroh (Nguyen et al., 2010; Fu/Mazza, 2011) oder auch das Gräsergewächs Rutenhirse (engl. Switchgrass, *Panicum*

110 Recherche am 16.03.2012.

111 Als erste Generation wird die Gewinnung aus zuckerreichen Rohstoffen wie Zuckerrohr und stärkereichen Rohstoffen wie Mais bezeichnet. Bei der ersten Generation von Biotreibstoffen wird nur ein kleiner Teil der Pflanze für die Energiegewinnung verwendet. Dabei wurde jedoch die Konkurrenz der Energiepflanzen mit Nahrungsmittelpflanzen kritisiert (siehe z. B. Banerjee, 2011). Bei der zweiten Generation kann fast die gesamte Pflanze genutzt werden, auch verholzte Teile. Die dritte Generation (Gewinnung aus Algen und Cyanobakterien) weist eine auf die Fläche bezogene höhere Biomasseproduktivität im Vergleich zu den beiden früheren Generationen auf.

112 „Lignocellulosehaltig“ bedeutet, dass die Pflanzen oder Teile davon verholzt sind.

113 Eine Übersicht hierzu liefern Wang et al. (2012).

114 Per Definition sind ILs flüssige Salze mit einem Schmelzpunkt unter 100°C (Wang et al., 2012).

virgatum) (Zhao et al., 2010) genannt. In engem Zusammenhang dazu steht die Entwicklung von Enzymen, die auch in nicht-wässrigen Phasen eine ausreichende Aktivität besitzen (Bose et al., 2010; 2012; Wang et al., 2011).

Andere Ansätze zielen darauf, mit gentechnischen Methoden die hochkomplexe Zusammensetzung des Lignins *in vivo* (d.h. in der Pflanze) zu verändern, um damit einen vereinfachten späteren Abbau zu ermöglichen (Vanholme et al., 2008; Simmons et al., 2010). Die veränderte Expression von Genen der Ligninbiosynthese wird sogar als Schlüsseltechnologie diskutiert, um die lignocellulolytische Ethanolgewinnung wirtschaftlich zu machen (Harfouche et al., 2010). Grabber et al. (2010) führten in Experimenten eine künstliche Lignifizierung der Zellwände in Zellsuspensionszellen von Mais durch, um den Prozess der Ligninbildung besser zu verstehen und Einfluss auf dessen Zusammensetzung zu nehmen. Weitere Versuche hierzu wurden von Tobimatsu et al. (2012) publiziert. Allgemeine analytische Methoden zur Erfassung von biomasserelevanten Komponenten wurden in Hames (2009), Sluiter et al. (2010a; b), sowie Rabemanolontsoa et al. (2011) zusammengefasst.

In den letzten Jahren wurde eine Vielzahl unterschiedlicher Pflanzen als Ausgangsmaterial für die Biomasseproduktion erforscht, darunter Gräser, Nahrungspflanzen und Algen. So wird beispielsweise Rutenhirse (Switchgrass) wegen ihres schnellen Wachstums und der geringen Ansprüche an den Boden als potenzieller Rohstoff für die Bioethanolproduktion betrachtet (Parrish/Fike, 2009). Aber auch die verstärkte Nutzung von Mais und Hirse (Salas et al., 2009; Vermerris, 2011) und Algen (Grobbelaar, 2010) zur Biomasseproduktion sowie die Nutzung von Cyanobakterien für die direkte Produktion von Bioethanol (für eine Übersicht siehe Quintana et al., 2011 und Robertson et al., 2011) werden immer stärker diskutiert. Auch von Firmen wird mit Hochdruck an der Verwertung von Algen und Cyanobakterien geforscht, die auch als Quelle einer „dritten Generation regenerativer Energien“ bezeichnet werden, da sie im Vergleich zu Pflanzen der ersten und zweiten Generation auf die Fläche bezogen eine erhöhte Biomasseproduktivität aufweisen. Beispiele hierfür sind etwa die US-Biotech-Firmen Joule Unlimited¹¹⁵ oder Bio Architecture Lab (BAL).¹¹⁶ Die Nutzbarmachung von Bäumen für die Energiegewinnung wird in Harfouche et al. (2011) beschrieben.¹¹⁷

115 www.bw.jouleunlimited.com/ [16.03.2012].

116 www.ba-lab.com/ [16.03.2012].

117 Der BioÖkonomierat hat Empfehlungen zur nachhaltigen Nutzung von Bioenergie veröffentlicht: www.biooekonomierat.de/

Neben der Gewinnung von Bioethanol wird pflanzliche Biomasse aber auch für die Gewinnung einer Reihe weiterer organischer Moleküle verwendet (zusammengefasst in Marshall/Alaimo, 2010). Darüber hinaus wird weiterhin an der Entwicklung von Biorohstoffen und Chemikalien gearbeitet, wie beispielsweise durch transgene Pflanzen erzeugte Seide, Kollagen, neuartige Kohlenhydrate und Biopolymere als Ersatz für die ölbasierte Kunststoffproduktion (Börnke/Broer 2010).¹¹⁸ Eine ausführliche Darstellung dieses Themenkomplexes bietet der Sammelband von Mittal (2011).

Wirtschaftliche Aspekte wie Logistik, Infrastruktur und Prozessierungskosten bei der Nutzung von Biomasse für die Ethanolgewinnung werden unter anderem von Sokhansanj und Hess (2009), Pham et al. (2010), Judd et al. (2012) und Erdei et al. (2012) diskutiert. Wirtschaftlich rentabel ist momentan nur die Gewinnung von Bioethanol aus Maisstärke und Rohrzucker.

Für die Erzeugung von Ölsamen für die Bioenergiegewinnung (sowie für die Ernährung) wird auch auf die Plastiden-Transformation gesetzt (siehe Kapitel 3.2.2) (Rogalski/Carrer 2011). Wie die Erkenntnisse der Pflanzengenomik (vgl. Kapitel 3.3.1) und der neuen Sequenzieretechniken (Kapitel 3.3.2) in die Entwicklung effizienterer Bioenergiepflanzen einfließen, erläutert Vermerris (2011) am Beispiel Mais, Zuckerrübe und Hirse.

3.4.2 Plant-Made Pharmaceuticals (PMPs)

Die Technologie, pharmakologisch wirksame Stoffe von Pflanzen synthetisieren zu lassen („plant-made-pharmaceuticals“, PMPs), ist in den letzten Jahren bedeutend vorangeschritten und wird weiterhin in einer Vielzahl von akademischen Instituten als auch in Biotechnologieunternehmen verfolgt. Pflanzen werden zur Herstellung von Antikörpern und therapeutischen Proteinen genutzt (Thomas et al., 2011). Sie haben gegenüber anderen Produktionssystemen (z. B. Bakterien, tierischen Zellkulturen) verschiedene Vorteile: Sie übertragen keine menschlichen Pathogene, weisen eine hohe Leistungsfähigkeit und Lagerungsfähigkeit auf,¹¹⁹ sind

files/downloads/120120/BioOekonomierat-Empfehlungen-Bioenergie.pdf [19.03.2012]. Auch die Nationale Akademie der Wissenschaften Leopoldina hat eine Stellungnahme zum Thema publiziert: www.leopoldina.org/uploads/tx_leopublication/201207_Bioenergie_Stellungnahme_kurz_de_en_Okt2012.pdf [27.11.2012].

118 So wird 2012 in Deutschland eine Kartoffel auf Versuchsfeldern getestet, die durch ein aus Cyanobakterien stammendes Gen zur Produktion von Bioplastik genutzt werden kann. www.transgen.de/pflanzenforschung/nachwachsende_rohstoffe/1017.doku.html [20.03.2012].

119 Gerade bei Impfstoffen können Pflanzen einen großen Vorteil bieten, wenn für Lagerung und Transport keine lückenlose Kühlkette mehr benötigt wird (Penney et al., 2011).

skalierbar und kosteneffizient. Herausforderungen, an denen intensiv geforscht wird, sind die Glycosylierungsmuster von Proteinen,¹²⁰ Produktionssteigerungen sowie die Produktionssysteme selbst. Ein Produktionssystem ist die zur Herstellung von PMPs genutzte Plattform, kann also eine Pflanze auf dem Feld sein, wie Tabak, verschiedene Getreide- und Gemüsesorten; aber auch geschlossene Systeme basierend auf kultivierten Pflanzenzellen werden erforscht. Ein Beispiel für letztere ist die Produktion des Enzyms Taligurase alfa (ein Pflanzen-Analogon des bei Menschen vorkommenden Enzyms Glucocerebrosidase, das für die Therapie von Morbus Gaucher eingesetzt wird) in Karottenzellen (Shaaltiel et al., 2007) durch die israelische Firma Protalix. Durch die Produktion in Fermentern fielen die regulatorischen Hürden im Vergleich zu transgenen Pflanzen deutlich geringer aus, sodass nach Angaben der Firma bereits im Februar 2012 erfolgreich abgeschlossene Phase III-Studien¹²¹ vorlagen.¹²²

Mehrere pflanzenproduzierte Impfstoffe haben bereits die klinischen Phasen II und III beim Menschen durchlaufen,¹²³ weitere sind in Planung. Einen historischen Überblick geben unter anderem Tiwari et al. (2009) und Tacket (2009), den aktuellen Sachstand erläutern zum Beispiel Peters und Stoger (2011), Thomas et al. (2011) und Obembe et al. (2011). Eine ausführliche Beschreibung der Pflanzenarten und -systeme, die zur Expression von Impfstoff-Antigenen verwendet werden, ist in Rybicki (2009) dargestellt. Die ursprüngliche Vision von essbaren Impfungen, für die lediglich das Impfantigen enthaltene Obst verzehrt werden müsste, hat sich auf Grund des geringen Impfantigengehalts, der fehlenden Standardisierbarkeit der Dosis sowie der mangelnden Impfantigenstabilität aber auch wegen der Schwierigkeit einer zielgenauen Verteilung als schwer umsetzbar erwiesen, sodass nun Alternativen erforscht wer-

120 Als „Glycosylierungsmuster“ bezeichnet man die Modifizierung von Proteinen mit verschiedenen Zuckeranhängen, die bei unterschiedlichen Organismen verschieden ausfallen können und die für die Produktion von PMPs an die menschlichen Muster angepasst werden müssen.

121 Bei der Arzneimittelentwicklung durchlaufen neue Wirkstoffe verschiedene klinischen Testphasen, die auf den Erkenntnissen aus Grundlagenforschung, Wirkstoffidentifizierung und Labor-Tests (inklusive Tierversuchen) aufbauen. In Phase I werden sie erstmals an Menschen (in der Regel gesunden Personen) getestet und Verhalten sowie unerwünschte Reaktionen des Körpers werden dokumentiert. In Phase II geht es um die Erhebung von Daten zu Effizienz, Sicherheit und Dosierung des Medikaments an einer relativ kleinen Zahl Probanden. Phase III soll den Nachweis der Wirksamkeit des Medikaments erbringen und umfasst eine große Anzahl Probanden, um statistisch aussagekräftige Daten zu erhalten. Nach erfolgter Zulassung können weitere Daten erhoben und Studien durchgeführt werden, was auch als Phase IV bezeichnet werden kann.

122 www.protalix.com/product-development/taliglucerase-alfa.asp [19.03.2012].

123 Es befinden sich derzeit mehr als 15 verschiedene PMPs in klinischen Studien. www.vfa.de/de/wirtschaft-politik/positionen/biopharmazeutika.html [19.03.2012].

den (siehe hierzu etwa die Übersichtsartikel von Thomas et al., 2011 oder Mason/Herbst-Kralovetz, 2012).

Das Potenzial von PMPs wurde sehr beeindruckend deutlich, als es 2009 gelang, in weniger als einem Monat nach der Veröffentlichung der H1HA Sequenz des Schweinegrippevirus H1N1 das Protein durch transiente Expression in der Wild-Tabakart *Nicotiana benthamiana* zu synthetisieren (D'Aoust et al., 2010). Dies stellt die schnellste Produktion eines Impfstoffes dar, die jemals bei einer Pandemie oder auch einer saisonalen Grippe erreicht wurde.

Bislang gibt es weltweit noch keine Zulassung für den kommerziellen Anbau einer PMP-produzierenden Pflanze für den Einsatz in der Humanmedizin.¹²⁴ Die oben erwähnte Taligurase alfa produzierende Pflanze könnte als eine der ersten zugelassenen werden (Thomas et al., 2011). Ein weiteres möglicherweise bald zugelassenes Pflanzentherapeutikum könnte das von der Firma SemBioSys in der Öldistel produzierte Insulin SBS-1000 sein (Sparrow/Twyman, 2009). Die vollständigen klinischen Studien der Phase I und II wurden im Juni 2009 präsentiert und haben gezeigt, dass sich SBS-1000 äquivalent zu Eli Lilly's Humulin® R verhält, einem weit verbreitetem humanen Insulin.¹²⁵ Des Weiteren entwickelte SemBioSys das Pharmazeutikum Apo AIMilano® zur Behandlung von Herzgefäßkrankheiten.¹²⁶ Bis Mai 2012 wurden schon über zweihundert Anträge auf Freisetzung von PMPs-produzierenden Pflanzen gestellt, davon die ersten in den USA bereits 1991.¹²⁷ In den USA wurde im Mai 2012 auch der erste mittels einer gentechnisch veränderten Pflanze hergestellte pharmazeutische Wirkstoff zugelassen. Aber auch europäische Firmen sind intensiv mit der Entwicklung von PMPs beschäftigt.¹²⁸

Aber auch für andere Krankheiten wie Alzheimer, Krebs, Hepatitis oder die Gaucher Krankheit, aber auch für Karies und Diarrhoe werden weltweit PMPs entwickelt (Spök et al., 2008; Thomas et al., 2011). Die Gewinnung von humanem Serum Albumin (HSA) aus Reis ist chinesischen Forschern bereits gelungen (He et al., 2011). HSA ist für zahlreiche medizinische Anwendungen wichtig und konnte bisher nur aus Blutspenden gewonnen werden.

124 Das erste PMP für die Impfung von Tieren wurde von Dow AgroSciences hergestellt und Anfang 2006 in den USA zugelassen. Siehe Thomas et al., 2011 oder www.biosicherheit.de/fokus/483.pharmapflanzen-stand.html [19.03.2012].

125 www.sembiosys.com/Products/Diabetes.aspx [19.03.2012].

126 www.sembiosys.com/Products/Stroke.aspx [19.03.2012].

127 www.biosicherheit.de/fokus/483.pharmapflanzen-stand.html [24.08.2012].

128 www.biosicherheit.de/fokus/483.pharmapflanzen-stand.html [24.08.2012].

Es ist wahrscheinlich, dass PMPs in den kommenden Jahren zunächst in erster Linie für den Bereich der Veterinärmedizin zugelassen und erprobt werden, um Erfahrungen mit der Technologie zu sammeln (Thomas et al., 2011).

Kritik an PMPs wird vor allem in Bezug auf die Möglichkeit der Auskreuzung von Pharmapflanzen geäußert, die dazu führen könnte, dass Nicht-Betroffene pharmakologisch wirkende Pflanzenbestandteile zu sich nehmen und es zu unbeabsichtigten Überdosierungen kommen könnte. Aber auch die anderen gegen transgene Pflanzen vorgebrachten Argumente (siehe Kapitel 4 und 7) werden im Zusammenhang mit Pharmapflanzen geäußert. Eine Lösungsmöglichkeit bietet die Nutzung geschlossener Systeme wie Zellkulturen in Fermentern (siehe oben), eine weitere die Chloroplastentransformation (siehe Kapitel 3.2.2).

Im Zusammenhang mit der medizinischen Nutzung von Pflanzen seien auch zwei weitere Anwendungen der Gentechnik erwähnt: Das „Medicinal Genome Project“ dient der Erforschung der Genome von medizinischen Heilpflanzen, die in der chinesischen Medizin eine wichtige Rolle spielen (Chen et al., 2011).¹²⁹ Als „Nutraceuticals“ bezeichnet man Nahrungsmittel mit gesundheitsfördernden Eigenschaften. Dies können auch gentechnisch modifizierte Lebensmittel sein. Der Übergang zur Biofortifizierung von Lebensmitteln ist dabei fließend. Darunter fällt die Nährstoffanreicherung in den essbaren Pflanzenteilen, einem prominenten Ziel gentechnischer Modifikationen von Pflanzen, das besonders im Zusammenhang mit der Welternährung häufig in Debatten zur Gentechnik diskutiert wird (siehe Kapitel 3.4.5).

3.4.3 Stresstoleranz am Beispiel Trockenstress

Trockenheit gehört zu den stärksten Umweltstressen für die globale Landwirtschaft. Wegen der immer wieder durch Dürren ausgelösten Hungersnöte und des in vielen Regionen knappen Wassers ist die Widerstandsfähigkeit von Pflanzen gegen abiotischen Stress wie Wassermangel und hohem Salzgehalt von Böden ein sehr wichtiges Züchtungsziel. Dabei werden unterschiedliche Wege gegangen. Ein Weg liegt darin, Schutzmechanismen und damit in Zusammenhang stehende Gene von Organismen, die gut an Trockenheit angepasst sind, zu identifizieren und mittels gentechnischer Methoden auf Nutzpflanzen zu übertragen.

Für die gentechnische Züchtung trockenintoleranter Pflanzen wurden in den letzten Jahren Regulatoren und Kandidatengene identifiziert, deren Modifizierung zu erhöhter Trockentole-

129 <http://medicinalplantgenomics.msu.edu/objectives.shtml> [27.04.2012].

ranz führen könnte (Yang et al., 2011). Bisher handelt es sich jedoch überwiegend um Studien mit Modellpflanzen wie der Ackerschmalwand (*Arabidopsis thaliana*). Die so entdeckten Gene können nach Yang et al. (2011) drei Kategorien zugeordnet werden: 1) Stress-responsiven Transkriptionsregulatoren (z. B. DREB1, AREB, NF-YB). 2) Post-transkriptionellen RNA- oder Proteinmodifikationen wie Phosphorylierungen/Dephosphorylierungen (z. B. durch SnRK2, ABI1) und Anhängen lipophiler Gruppen (z. B. ERA1). 3) Vor osmotischem Stress schützender Metabolismus (z. B. mit kleinen Metaboliten) oder molekulare Chaperone (z. B. CspB).

Doch auch wenn es bereits erste Erfolge in der Züchtung trockenoleranter Nutzpflanzen gibt (z. B. bei Reis, Mais und Raps), stellt die Umsetzung der Erkenntnisse für die praktische Anwendung in der Landwirtschaft noch eine große Herausforderung dar.¹³⁰ Da Trockentoleranz ein sehr komplexes Merkmal ist und es Vernetzungen mit anderen Stressantworten gibt, könnte es für künftige Untersuchungen sinnvoll sein, mehrere Stressfaktoren, wie etwa extreme Temperaturen oder Salzgehalt, gemeinsam zu untersuchen (Yang et al., 2011).

Ein wichtiger Forschungszeitweig auf dem Weg zu trockenoleranten Pflanzen, der zunehmend ins Blickfeld von Pflanzenzüchtern kommt, beschäftigt sich mit dem Wurzelwachstum unter Trockenstress (Bengough et al., 2011; Lopes et al., 2011). Kontinuierliches Wurzelwachstum ist nötig, damit die Pflanze effektiv mit Wasser und mineralischen Nährstoffen aus dem Boden versorgt wird. Paradoxiertweise wird das Wachstum der Wurzel bei Wassermangel gehemmt, möglicherweise, um Nährstoffe und Wasser für das an der Wurzelspitze gelegene Meristem einzusparen, damit bei erneuter Bewässerung ein schnelles Wachstum von der Spitze aus stattfinden kann (Fan et al., 2006). Für Pflanzen, deren Wurzeln tiefer in den Boden wachsen, könnte diese Wachstumshemmung bei Wassermangel jedoch negative Auswirkungen haben. Hier wäre es von Vorteil, wenn die Wurzel die oberen, trockenen Schichten des Bodens verlässt und tiefer in den Boden eindringt, um eventuelle Wasserquellen zu erschließen (Neumann, 2008). Daher ist die Selektion, Züchtung und Erzeugung von Sorten, die ihr Wurzelwachstum in tiefen Böden unter Trockenstress beibehalten, von großem Interesse (ebd.).¹³¹ In der Modell-

130 Eine Übersicht über den aktuellen Stand der gentechnischen Züchtung trockenoleranter Pflanzen bieten Yang et al. (2011). Die Nutzung der gewonnenen Erkenntnisse für die Landwirtschaft ist das Thema eines Übersichtsartikels von Deikman et al. (2012).

131 Einen Überblick über Parameter, die in der Wurzel als Folge von trockenen Böden gemessen werden können, und über den Einfluss des Klimawandels auf das Wurzelwachstum geben Whitmore/Whalley (2009). Verschiedene Methoden zur Untersuchung des Wurzelwachstums bei Pflanzen stellen Tracy et al. (2011) vor.

pflanze *Arabidopsis thaliana* (Ackerschmalwand) wurde die Wurzelelongation als Parameter für die Identifizierung von Mutanten genutzt, die eine veränderte Toleranz gegenüber Trocken- oder Salzstress besitzen (Lee/Zhu, 2009).¹³² Valente et al. (2009) berichteten jedoch, dass eine erhöhte Dürretoleranz nicht zwangsläufig mit einem erhöhtem Wurzelwachstum einhergeht. Bei Überexpression eines bestimmten Proteins (ER-luminales Bindeprotein, BiP) in Sojabohne und Tabak wiesen die gentechnisch modifizierten Pflanzen unter Trockenstress eine verzögerte Blattseneszenz sowie ein geringeres Wurzelwachstum auf. Eine Übersicht über Forschungsansätze zum Wurzelwachstum unter Stressbedingungen bieten Bengough et al. (2011).

In zahlreichen Veröffentlichungen der letzten Jahre konnte gezeigt werden, dass das Einbringen einzelner (fremder) Gene in Pflanzen zu einer erhöhten Trocken- und Salzstresstoleranz führen kann (Bengough et al., 2011). Ein Beispiel: Um das Potenzial des halophilen Grases *Aeluropus litoralis* für den Einsatz in der grünen Gentechnik zur Verbesserung der Salz- und Trockentoleranz zu überprüfen, isolierten Ben Saad et al. (2010) ein Zinkfinger-Gen aus dieser Pflanze und übertrugen es in Tabak, was zu einer erhöhten Stresstoleranz führte. Das aus dem Gras isolierte und *AISAP* genannte Stresstoleranz-Gen erhöhte auch die Stresstoleranz von Reispflanzen, die mit diesem Gen transformiert worden waren (ebd.). Als weiteres Beispiel kann die Wassermelone (*Citrullus lanatus*) als wichtige Modellpflanze zur Erforschung der Trockentoleranz bei Pflanzen dienen. Die Wildform besitzt die Fähigkeit, bei Wassermangel ihr hoch entwickeltes Wurzelsystem in sehr tiefe Regionen des Bodens zu dirigieren. Interessanterweise ist diese Fähigkeit bei der domestizierten Wassermelonenart verloren gegangen. Protokolle für die Transformation von Wassermelone wurden beschrieben, so dass es möglich ist, die molekularen Grundlagen für diesen Sachverhalt besser zu untersuchen.

Trotz der großen Komplexität des Phänomens Trockentoleranz werden einige transgene Linien trockenoleranter Nutzpflanzen bereits in Freilandversuchen getestet.¹³³ Besonders weit sind die Entwicklungen von Mais und Weizen. Ab 2013 soll trockenoleranter Mais in den USA kommerziell erhältlich sein.¹³⁴ Er wurde dort zum Anbau zugelassen und ist das Ergebnis einer

132 Ein Beispiel ist die *hos5-1* Mutante, die auch unter Normalbedingungen einen Phänotyp (u. a. eine stark verkürzte Primärwurzel) besitzt, wie sonst Pflanzen, die unter osmotischem Stress stehen.

133 www.transgen.de/pflanzenforschung/klimawandel/1600.doku.html [07.05.2012]. Auf der Homepage von Transgen (www.transgen.de [07.05.2012]) lassen sich mit dem Suchbegriff „Trockentoleranz“ ausführliche Informationen über trockenolerante Pflanzen und ihren Anbau finden.

134 www.transgen.de/pflanzenforschung/klimawandel/1600.doku.html [24.04.2012].

2007 begonnenen Kooperation von Monsanto und BASF. Von den dabei entwickelten Genkonstrukten werden einige für das humanitäre Projekt „Water efficient maize for Africa“ (WEMA) zur Verfügung gestellt.¹³⁵ Die intensiven Forschungsaktivitäten gehen jedoch weltweit weiter. Im besonders von Dürreperioden betroffenen Australien werden beispielsweise transgene, trocken-tolerante Weizensorten erforscht.¹³⁶ In einem Verbundprojekt zwischen Pakistan und den USA (Pakistan-US Science and Technology Cooperation Program) werden ebenfalls verschiedene transgene Weizenlinien in Freilandversuchen auf eine erhöhte Trockentoleranz getestet.¹³⁷ In Kanada führt der Bayer-Konzern Freilandversuche mit gentechnisch verändertem Raps durch, parallel wird auch in Mais, Reis und Baumwolle getestet.¹³⁸ Im Dezember 2009 schlossen die Konzerne Bayer CropScience und FuturGene ein Lizenzabkommen über Trockenheitstoleranz bei Baumwolle. Damit soll die Entwicklung und Markteinführung von stresstoleranten Baumwollpflanzen wesentlich vorangetrieben werden.¹³⁹ Bereits im September 2009 hatte Bayer CropScience ein ähnliches Lizenzabkommen mit dem kanadischen Unternehmen Performance Plants Inc. (Kingston, Kanada) geschlossen.¹⁴⁰ Auch in Argentinien wird mit trocken-tolerantem Mais, Weizen und Soja geforscht.¹⁴¹ Mit der zunehmenden Marktreife trocken-toleranter Nutzpflanzen ist also in den kommenden Jahren zu rechnen. Da Trockentoleranz jedoch ein sehr komplexes Phänomen ist, für das die Veränderung mehrerer Gene und/oder Mechanismen gleichzeitig nötig sein könnte, muss die Praxistauglichkeit noch nachgewiesen werden (Deikman et al., 2012).

135 Das Projekt WEMA wird von der African Agricultural Technology Foundation (AATF) organisiert und von der Bill and Melinda Gates Foundation und der Howard G. Buffett Foundation finanziert. www.transgen.de/pflanzenforschung/klimawandel/1600.doku.html [24.04.2012].

136 In Australien werden seit 2007 Freilandversuche mit trockenresistentem Weizen durchgeführt. Dabei wurde jeweils eines von 15 mit Trockentoleranz in Verbindung gebrachten Genen aus Arabidopsis, Mais, Hefe und Moos in Weizen transformiert. Von 24 getesteten Linien konnte in sieben Linien ein erhöhter Ertrag unter Trockenstress erzielt werden, bei zwei Linien übertraf der Ertrag den der nicht veränderten Ausgangspflanze sogar um 20 %. Mit der Markteinführung solcher Linien ist jedoch erst in 5 bis 10 Jahren zu rechnen. www.biosicherheit.de/forschung/getreide/583.trockentoleranter-weizen-versprechendergebnisse.html [24.04.2012].

137 http://sites.nationalacademies.org/PGA/dsc/pakistan/PGA_052870 [24.03.2012].

138 www.bayercropscience.com/bcsweb/cropprotection.nsf/id/DE_20061031?open&l=DE&ccm=500020870 [24.04.2012].

139 www.bayercropscience.com/bcsweb/cropprotection.nsf/id/DE_20091203?open&l=DE&ccm=500020840 [24.04.2012].

140 www.bayercropscience.com/bcsweb/cropprotection.nsf/id/DE_20090901_2?open&l=DE&ccm=500020840 [24.04.2012].

141 www.ipsnews.net/2012/03/argentina-responds-to-climate-challenge-with-transgenic-seeds/ [24.8.2012].

3.4.4 Schädlingsresistenzen

Ein weiteres wichtiges Züchtungsziel bleiben Schädlingsresistenzen. Während Insektenresistenzen durch Einschleusung von Genen des Bakteriums *Bacillus thuringiensis* (Bt-Toxine) insbesondere bei Mais und Baumwolle bereits seit langem etabliert sind, wird nun zunehmend auch an alternativ vermittelten Insektenresistenzen geforscht, wie Proteinase-Inhibitoren, um den Proteinstoffwechsel der Insekten zu unterbinden, oder Lectinen, die eine Schutzfunktion gegen Herbivore haben.¹⁴² Auch an der Nutzung biochemischer Duftstoffe (Pheromone) zur Abwehr von Blattläusen wird geforscht.¹⁴³ Neben Insektenresistenzen wird auch die Vermittlung von Pilzresistenzen intensiv erforscht, wie beispielsweise gegenüber *Phytophthora infestans*, dem Erreger der Kraut- und Knollenfäule bei der Kartoffel, *Fusarium* beim Weizen und Mehltau bei der Weinrebe.¹⁴⁴ Trotz intensiver Anstrengungen gibt es bislang jedoch noch keine anwendungsreifen, pilzresistenten Sorten.¹⁴⁵

3.4.5 Biofortifizierung

Mikronährstoffe wie Vitamine (organisch), Mineralien (anorganisch) und Spurenelemente sind für die menschliche Ernährung essenziell, da sie nicht selbst hergestellt werden und nur über die Nahrung aufgenommen werden können. Doch in Ländern mit Mangelernährung, wo die Ernährung oft über ein Hauptnahrungsmittel wie Reis oder Mais erfolgt, kommt es zu Mangelerscheinungen, da diese Nahrungsmittel oft nicht ausreichend Mikronährstoffe enthalten. Um diesem Mangel entgegenzuwirken, wird an der sogenannten Biofortifizierung, also der Anreicherung dieser Pflanzen mit essenziellen Nährstoffen, geforscht. Das prominenteste Beispiel ist der „Goldene Reis“, der bereits 1999 von Ingo Potrykus et al. entwickelt wurde, um dem Vitamin-A-Mangel zu begegnen (Potrykus, 2012). Er enthält eine Vorstufe des Provitamins A und soll 2013/2014 auf den Philippinen angebaut werden (Potrykus, 2012:87).¹⁴⁶ Eine Übersicht über das Thema bieten Beyer (2010) und Potrykus (2012). Auch an der Entwicklung von „Goldenen Kartoffeln“ wird geforscht (Diretto et al., 2010).

142 www.biosicherheit.de/lexikon/795.insektenresistenz.html [27.11.2012].

143 Am Rothamsted Research Institute wurde Weizen entwickelt, der über Pheromone Blattläuse abwehren kann. www.transgen.de/datenbank/pflanzen/78.weizen.html [03.12.2012].

144 www.biosicherheit.de/lexikon/737.pilzresistenz.html [27.11.2012].

145 www.biosicherheit.de/lexikon/737.pilzresistenz.html [27.11.2012].

146 Der Anbau für die Philippinen ist für Frühjahr 2013 geplant, Bangladesh folgt voraussichtlich im Herbst 2013, Indien 2014,

Grundlage der Biofortifizierung mittels gentechnischer Methoden ist die zunehmende Kenntnis auf dem Gebiet der „nutritional genomics“ sowie der genetischen Erforschung von biochemischen Synthesewegen (Vitamine) und der Aufnahme und Verwertung von Mineralien (Beyer, 2010). Oft sind die Nährstoffe innerhalb einer Pflanze enthalten, jedoch nicht gleichmäßig verteilt (etwa im Blatt, aber nicht im Samenkorn; z. B. beim Reis).

Mais ist eines der Hauptnahrungsmittel in vielen sogenannten Entwicklungsländern, in denen Eisenmangelanämie als Folge von mangelndem bioverfügbarem Eisen (Fe) auftritt. Daher wird auch die Biofortifizierung von Mais entweder durch Konzentrations- oder Bioverfügbarkeitserhöhung von Eisen in Maiskörnern avisiert (Lungaho et al., 2011; Simic et al., 2012). Die Ergebnisse deuten darauf hin, dass dies mit Phänotypisierungs-Werkzeugen und konventionellen Züchtungsmethoden möglich sein könnte. Es wurden bereits erfolgreiche QTL-Analysen für Gene, welche die Konzentration von Phosphor (P), Eisen (Fe), Zink (Zn) und Magnesium (Mg) in Mais beeinflussen, durchgeführt (Simic et al., 2012). Es ist inzwischen auch gelungen, mittels „multigene engineering“ gleich drei verschiedene metabolische Stoffwechselwege zu verändern und dadurch Maiskörner mit höherem Gehalt an Carotinoiden, Folat und Ascorbat¹⁴⁷ zu entwickeln (Farré et al., 2011).

Weitere Beispiele sind die Anreicherung von Folat in Reis (Storozhenko et al., 2007) sowie aktuelle Forschungen zur Biofortifizierung von Reis, Maniok, Hirse und Banane.¹⁴⁸

Vietnam 2015, Indonesien und China 2016 (Potrykus, 2012). Ob dieser Zeitplan eingehalten werden kann, bleibt abzuwarten.
147 Salze der Folsäure und der Ascorbinsäure.

148 www.grandchallenges.org [07.05.2012]. Zum Thema ethische Aspekte und öffentliche Akzeptanz der grünen Gentechnik vor dem Hintergrund des Welternährungsproblems siehe etwa Marx-Stöltig, 2012. www.grandchallenges.org/ImproveNutrition/Challenges/NutrientRichPlants/Pages/default.aspx [07.05.2012].

3.4.6 „Plant phenotyping“

Die Phänotypisierung von Pflanzen („plant phenotyping“) ist ein neuer Schwerpunkt innerhalb der Pflanzenforschung, der die Genomik mit der Pflanzenökophysiologie und Agrarwissenschaft verbindet.¹⁴⁹ Dabei geht es um die „quantitative Analyse pflanzlicher Strukturen und Funktionen“, mit dem Ziel, Grundlagenwissen in die Praxis der Landwirtschaft und die ökologische Forschung einzubringen.¹⁵⁰ Als Phänotyp bezeichnet man den funktionellen Pflanzenkörper, der aus einem Zwischenspiel von genetischem Hintergrund und Umwelteinflüssen während des Pflanzenwachstums entsteht. Die Phänotypisierung, also die systematische Erfassung phänotypischer Merkmale, stellte bisher einen Flaschenhals der funktionellen Genomik dar, da sie sehr zeitaufwändig ist.¹⁵¹ Eine Übersicht über Technologien, die diese Engstelle überwinden sollen („phenomics“) bieten Furbank und Tester (2011). Neu ist dabei die Entwicklung automatisierter (rechnergestützter) Bild- und Datenanalysen von Pflanzen-Phänotypen, welche die Phänotypisierung hochdurchsatzfähig macht. Ein Beispiel ist die Entwicklung einer Phänotypisierungsmethode mit einer neuen bildgebenden Software-Plattform (Clark et al., 2011) zur Erforschung der dreidimensionalen Architektur von Wurzelsystemen (Zhu et al., 2011).¹⁵² Die bildgebenden Verfahren werden ergänzt durch vielfältige Methoden der molekularen und biochemischen Phänotypisierung, die umfangreiche Informationen auf der Transkript-, Protein- und Metabolitenebene liefern (vgl. Kapitel 3.3.3).¹⁵³ Cabrera-Bosquet et al. (2012) bieten eine vergleichende Auseinandersetzung mit den konvergierenden Technologien Hochdurchsatz-Phänotypisierung und genomische Selektion.

Das Projekt EPPN (European Plant Phenotyping Network)¹⁵⁴ ist ein neues Netzwerk von 14 Projektpartnern, welches die Untersuchung von genetischen Ressourcen im Hinblick auf ihre Interaktion mit der Umwelt ermöglichen soll, mit dem Ziel der Entwicklung nachhaltiger Pflanzenproduktion.¹⁵⁵ Das Projekt läuft bis 2015 und beschäftigt sich insbesondere mit der

149 www.plant-phenotyping-network.eu/eppn/home [27.03.2012].

150 www2.fz-juelich.de/icg/icg-3/Phaenotypisierung [27.03.2012].

151 www2.fz-juelich.de/icg/icg-3/Phaenotypisierung [27.03.2012].

152 Ein Marktführer auf dem Gebiet der automatisierten Phänotypisierung (z.B. Scanalyzer 3D Plant Phenomics) ist das deutsche Unternehmen LemnaTec. www.lemnatec.com/product/scanalyzer-3d-plant-phenotyping [17.09.2012].

153 www.iff.fraunhofer.de/de/geschaeftsbereiche/biosystems-engineering/leistungen.html [27.03.2012].

154 www.plant-phenotyping-network.eu/eppn/home [27.03.2012].

155 http://cordis.europa.eu/fetch?CALLER=DE_NEWS&ACTION=D&RCN=34386 [27.30.2012].

quantitativen Analyse von pflanzlichen Phänotypen. Die Leitung des wissenschaftlichen Konsortiums liegt beim Forschungszentrum Jülich in Deutschland.¹⁵⁶

3.4.7 Sicherheitsforschung

Für die kritische Haltung der europäischen Bevölkerung gegenüber der grünen Gentechnik spielen Sicherheitsbedenken und wahrgenommene Risiken eine sehr wichtige Rolle (zur Sicherheitsdiskussion, vgl. Kapitel 4). Zu unterscheiden sind dabei: 1) Risiken im Sinne möglicher Gefahren für die Umwelt. Hierzu gehören Auswirkungen auf Nicht-Zielorganismen und auf Ökosysteme, Folge- und Anwendungsprobleme wie Auskreuzen bzw. Verbreitung von veränderten Genen auf andere Lebewesen, Resistenzbildungen, Entstehung von Superunkräutern und Biodiversitätsverlust. Dabei wird vor einer prinzipiellen Unberechenbarkeit und Irreversibilität der Gentechnik gewarnt. 2) Risiken für die Gesundheit. Zu den diskutierten Gesundheitsrisiken gehören neuartige Allergien, möglicherweise in GVO enthaltene toxische Produkte sowie durch horizontalen Gentransfer vermittelte Antibiotika-Resistenzen. 3) Risiken für den ökologischen Landbau. Dabei geht es um die Möglichkeit der Koexistenz von gentechnikfreier und gentechniknutzender Landwirtschaft, um Haftungsfragen sowie die Wahlfreiheit für Landwirte. 4) Verbraucherschutz (Kennzeichnung und Wahlfreiheit für Verbraucher) sowie 5) sozioökonomische Auswirkungen. Diskutiert werden Folgen für soziale und wirtschaftliche Strukturen der Landwirtschaft, das Patentrecht sowie die damit verbundene Abhängigkeit der Landwirte von Konzernen.

Vermutlich gerade auch wegen der großen Vorbehalte der Bevölkerung ist die biologische Sicherheitsforschung zu gentechnisch veränderten Pflanzen in Deutschland zentraler Bestandteil der Forschung.¹⁵⁷ So förderte etwa das BMBF entsprechende Untersuchungen bereits seit 1979¹⁵⁸ (siehe Kapitel 10, Indikatoren GG 06 und 08). Nach Angaben des BMBF liefern die bisherigen Forschungsergebnisse keine Belege für ökologische Schäden durch den Anbau von gv-Pflanzen.¹⁵⁹ Auch Wissenschaftsorganisationen betonen die Potenziale der grünen Gentechnik und gehen von der Möglichkeit erfolgreichen Risikomanagements aus, mit dem möglichen

156 www2.fz-juelich.de/icg/icg-3/Phaenotypisierung [27.03.2012].

157 Eine Übersicht über Projekte und ihre Ergebnisse bietet die Internetplattform des Bundesministeriums für Bildung und Forschung (BMBF) unter www.biosicherheit.de/ [11.05.2012].

158 www.bmbf.de/press/2098.php [11.05.2012].

159 [www.m4.de/pressemitteilungen/details/2592.html?tx_biomdatabaseconnection_pressreleases\[is_search\]=](http://www.m4.de/pressemitteilungen/details/2592.html?tx_biomdatabaseconnection_pressreleases[is_search]=) [11.05.2012].

Problemen begegnet werden könnte.¹⁶⁰ Ein Beispiel hierfür ist eine Broschüre der DFG zum Thema.¹⁶¹ Auch die Nationale Akademie der Wissenschaften Leopoldina, die Deutsche Akademie der Technikwissenschaften acatech und die Berlin-Brandenburgische Akademie der Wissenschaften (für die Union der Deutschen Akademien der Wissenschaften) haben sich in einer gemeinsamen Stellungnahme vom 13.10.2009 für eine neue, offenere Politik gegenüber der grünen Gentechnik ausgesprochen.¹⁶² Es lässt sich daher feststellen, dass eine Mehrheit der Pflanzenforscherinnen und -forscher die grüne Gentechnik für ein geeignetes Werkzeug für die Pflanzenzüchtung hält. Dennoch bleibt die Sicherheitseinschätzung umstritten und die positive Bewertung des Problemlösungspotenzials wird nicht von allen Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftlern geteilt.¹⁶³ So wird etwa kritisiert, die Risikoabschätzung sei unzureichend und es würden nicht die richtigen Experimente durchgeführt.¹⁶⁴ Eine Übersicht über die Literatur zur Sicherheitsabschätzung bieten Domingo und Bordonaba (2011).¹⁶⁵ Eine Auswertung wissenschaftlicher Studien bietet die Europäische Kommission (2010).¹⁶⁶

Die EU-Kommission hat kürzlich beschlossen, das Zulassungsverfahren für gentechnisch veränderte Lebens- und Futtermittel, welches bisher an Leitlinien der Europäischen Behörde für Lebensmittelsicherheit (EFSA) orientiert war, gesetzlich zu regeln. Dabei sollen Fütterungsversuche verpflichtend werden.¹⁶⁷

160 Siehe hierzu die Studie „Grüne Gentechnik“ der DFG (2011). www.dfg.de/download/pdf/dfg_magazin/forschungspolitik/gruene_gentechnik/broschuere_gruene_gentechnik.pdf [11.05.2012].

161 Die Broschüre wurde von einigen Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftlern kritisiert, da sie bestimmte kritische Forschungsvorhaben und Ergebnisse nicht ausreichend berücksichtigt und gewürdigt habe. Auch diese Kritik wurde wiederum kritisiert. Dies zeigt, dass trotz einer deutlichen Tendenz zur Befürwortung transgener Pflanzen keine Einigkeit in der Sicherheitsbewertung unter Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftlern vorliegt.

162 www.leopoldina.org/de/politik/empfehlungen-und-stellungnahmen/nationale-empfehlungen/gruene-gentechnik.html [11.05.2012].

163 Der Verein Deutscher Wissenschaftler sieht die grüne Gentechnik deutlich kritischer. www.vdw-ev.de [11.05.2012]. Angemahnt wird vor allem eine Technikentwicklung im „inter- und transdisziplinären Diskurs [...]“, der der Tatsache Rechnung trägt, dass die Forschungsziele in einem gesellschaftlichen Kontext stehen“. www.vdw-ev.de/images/stories/vdwdokumente/aktuelles/stellungnahme_agrarforschung.pdf [24.08.2012].

164 www.zeit.de/wissen/umwelt/2012-02/gruene-gentechnik-debatte-gastbeitrag [11.05.2012].

165 Eine sehr kritische, jedoch wissenschaftlich umstrittene Perspektive zur Sicherheitsforschung bieten auch Seralini et al. (2011).

166 http://ec.europa.eu/research/biosociety/pdf/a_decade_of_eu-funded_gmo_research.pdf [27.11.2012].

167 www.biosicherheit.de/aktuell/1414.zulassungsverfahren-gentechnik-fuetterungsstudien.html [11.05.2012]. Ob das Verfahren akzeptiert und in Kraft treten wird, ist derzeit noch offen.

3.5 Fazit

Die Vielfalt der vorgestellten Methoden und Anwendungen sowie die im Berichtszeitraum erzielten Erfolge deuten darauf hin, dass die Bedeutung der Gentechnologie und molekularer Analyseverfahren für die Pflanzenzüchtung auch in den kommenden Jahren erheblich weiter wachsen wird. Wie sich diese Entwicklung auf den kommerziellen Anbau in Deutschland auswirken wird, ist jedoch zum jetzigen Zeitpunkt unklar. Viele der neuen Züchtungsmethoden werden als weniger problematische und besser akzeptierte Alternativen zur „klassischen“ Gentechnik und den damit hergestellten transgenen Pflanzen gesehen und sind mit der Hoffnung verbunden, dass sie die ablehnende Haltung der europäischen Bevölkerung gegenüber der grünen Gentechnik ändern könnten. Ob die neuen Ziele und Wege tatsächlich zu einer besseren Akzeptanz bei Verbraucherinnen und Verbraucher führen können, bleibt jedoch offen.

Mathias Boysen, Gerd Spelsberg, Heike Baron

4. Mögliche Auswirkungen auf Gesundheit und Umwelt

4.1 Sicherheitsbewertung in der EU

Generell benötigen alle gentechnisch veränderten Pflanzen in der EU eine Zulassung, wenn sie als Lebens- und Futtermittel genutzt werden sollen. Da hinsichtlich der Pflanzenart und des Insertionsortes der transferierten DNA gravierende Unterschiede existieren, wird jede einzelne gentechnisch veränderte Pflanze separat begutachtet. Die Antragsteller führen die vorgeschriebenen Studien zu möglichen Gesundheits- und Umweltrisiken durch und reichen die Ergebnisse bei der European Food Safety Authority (EFSA) ein, die auf dieser Grundlage über die Zulassung entscheidet. Ein umfangreiches Leitliniendokument der EFSA, das regelmäßig aktualisiert wird, schreibt vor, welche Daten und Angaben der Zulassungsantrag enthalten muss. Außerdem ist ein Nachzulassungsmonitoring vorgeschrieben, das es ermöglichen soll, langfristige, unbekannte Auswirkungen des Anbaus und Verzehrs einer gentechnisch veränderten Sorte aufzudecken.

Während der europäische Gesetzgeber und die für die Sicherheitsbewertung zuständige EFSA die gegenwärtigen Untersuchungen zur Risikobewertung als angemessen und ausreichend erachten, werden von anderer Seite eine Reihe von Kritikpunkten erhoben. Gefordert werden unter anderem deutlich umfangreichere Untersuchungen zu möglichen Umwelt- und Gesundheitsschäden und die Durchführung unabhängiger Studien (Testbiotech, 2012).

Andererseits ist mit Blick auf die Mutagenesezüchtung die Verhältnismäßigkeit bereits der gegenwärtig einzuhaltenden Zulassungsstandards zu hinterfragen, da hier Veränderungen des Pflanzengenoms mit Hilfe mutagener Substanzen per Zufall ausgelöst werden und Sekundäreffekte ebenso wahrscheinlich wie bei transgenen Pflanzen auftreten können. Weltweit wurden in den vergangenen 70 Jahren mit dieser Methode über 2.300 Sorten entwickelt (Ahloowalia, 2004), die weder hinsichtlich der vorliegenden Mutationen molekular charakterisiert noch auf Sekundäreffekte untersucht wurden.

Die EFSA und ihre Mitglieder stehen in der Kritik, nicht ausreichend kritisch gegenüber der Industrie zu agieren, weil ihre bisherigen Empfehlungen hinsichtlich einer Zulassung der zur Überprüfung anstehenden, gentechnisch veränderten Sorten immer positiv ausgefallen sind und weil bekannt wurde, dass einzelne Mitglieder vor, während oder nach ihrer EFSA-Tätigkeit für die Industrie gearbeitet haben. Derartige Vorwürfe sind als stark politisch motiviert zu bezeichnen, da allein das Ergebnis der wissenschaftlichen Bewertung in Frage gezogen wird, statt der wissenschaftlichen Qualität der Expertise eine konkrete Fehlerhaftigkeit nachzuweisen.

4.2 Gesundheitliche Effekte

Die Abschätzung möglicher gesundheitlicher Gefährdungen erfolgt durch vergleichende Analysen, bei der eine gentechnisch veränderte Pflanze mit der unveränderten Ausgangspflanze verglichen wird (Prinzip der substanziellen Äquivalenz). Diesem Vorgehen liegt zugrunde, dass eine absolute Sicherheit bei Lebensmitteln nicht möglich ist: Viele traditionelle Lebensmittelpflanzen enthalten toxische, allergene oder unverträgliche Substanzen; gleichzeitig haben die Menschen langjährige Erfahrung im sicheren Umgang mit ihnen entwickelt.¹

Im Rahmen der Zulassung von gentechnisch veränderten Pflanzen wird überprüft, inwieweit Proteine, die durch den Transfer von DNA in der Pflanze neu gebildet werden, Allergien auslösen können. Aufgrund des Fehlens direkter Testmethoden, muss man bei der Sicherheitsabschätzung auf indirekte Untersuchungen zurückgreifen (z. B. Vergleich mit Eigenschaften bekannter Allergene, Abbaubarkeit in Verdauungsstudien).

Ebenfalls wird untersucht, inwieweit das neu gebildete Protein toxische Wirkungen aufweist. Hierzu gehört unter anderem ein Abgleich der Sequenz des Proteins mit denen bekannter toxischer Proteine (Sequenz-Homologien), die Kontrolle möglicher post-translationaler Veränderungen des Proteins sowie eine Reihe von spezifischen Toxizitätstests in Tierversuchen, die ursprünglich für Pflanzenschutzmittel und Zusatzstoffe entwickelt wurden.

Neben dem neu eingeführten Protein werden auch mögliche Veränderungen in der Zusammensetzung der pflanzenspezifischen Makro- und Mikronährstoffe analysiert, die über die Variationsbreite hinausgehen, die aufgrund unterschiedlicher Anbaubedingungen (Boden,

1 Vgl. hierzu auch „Grundsätze der Abschätzung möglicher gesundheitlicher Wirkungen gentechnisch veränderter Organismen“, Gutachten von Dr. Susanne Stirn im Auftrag der BBAW, 2007.

Wetter etc.) auftreten. Grundlage sind Consensus-Dokumente der Organisation for Economic Cooperation and Development OECD (2007), die die natürliche Variationsbreite für die Hauptinhaltsstoffe bei wichtigen Nahrungsmittelpflanzen auflisten. Veränderungen bei bestimmten Inhaltsstoffen sollen Hinweise auf unbeabsichtigte Modifikationen im Stoffwechsel der Pflanze geben. Solche können auftreten, wenn transferierte Proteine den Stoffwechsel der Pflanze verändern oder falls die Insertion der neuen DNA die ursprüngliche Pflanzen-DNA an Stellen unterbricht, die den Stoffwechsel regulieren.

Ein gesondertes Thema bilden die Antibiotikaresistenzgene, die als sogenannte Markergene genutzt werden. Theoretisch könnten diese Gene auf Bodenbakterien und auch auf Bakterien, die Krankheiten auslösen, übertragen werden; aus diesem Grund gab es Proteste dagegen, dass 2010 die Amflora-Kartoffel von BASF zugelassen wurde, die ein Antibiotikaresistenzgen enthält. Die Wahrscheinlichkeit eines solchen horizontalen Gentransfers wird aber als extrem niedrig eingeschätzt (Brigulla/Wackernagel, 2010). Trotzdem sind vorsorglich bei gentechnisch veränderten Sorten, die kommerziell angebaut werden sollen, nur Antibiotikaresistenzgene zugelassen, die für die Medizin von geringer Bedeutung sind, weil Resistenzen gegen die entsprechenden Antibiotika ohnehin schon weit verbreitet sind. Inzwischen wurden verschiedene Methoden entwickelt, mit denen man Markergene nach erfolgreicher Transformation wieder entfernen kann. Eine Möglichkeit bietet der Ansatz der homologen Rekombination (siehe Kapitel 3.3.4).

4.2.1 Fütterungsstudien mit gentechnisch veränderten Nutzpflanzen

Fütterungsstudien mit Versuchstieren sind zwar bisher nicht zwingend vorgeschrieben, in der Regel werden aber entsprechende Versuchsergebnisse eingereicht, wenn die Zulassung einer gentechnisch veränderten Sorte als Lebens- und Futtermittel in der EU beantragt wird.

In diesem Zusammenhang sorgte der französische Wissenschaftler Gilles-Eric Séralini zweimal für Schlagzeilen, indem er die Herausgabe entsprechender Studiendaten der Firma Monsanto juristisch erzwang, die Daten mit anderen statistischen Methoden auswertete und seine Ergebnisse als Beweis für die Gesundheitsschädlichkeit der verfütterten Maissorten interpretierte (Séralini et al., 2007; de Vendômois et al., 2009). Seine Untersuchungen wurden von Greenpeace in Auftrag gegeben und finanziert. Séralini fand bei den Versuchstieren statistisch signifikante Veränderungen an Leber und Nieren. In beiden Fällen setzte die EFSA Experten ein, die die Ergebnisse erneut prüften und zu dem Schluss kamen, die gefundenen Unterschiede und Auffälligkeiten seien biologisch nicht relevant und Séralinis Untersuchungen methodisch

fehlerhaft (EFSA, 2007; 2010). In der Stellungnahme von 2007 sprach sich die EFSA allerdings für die Entwicklung eines harmonisierten Verfahrens zur statistischen Auswertung von Fütterungsstudien aus. Nach Plänen der EU-Kommission sollen Fütterungsstudien in Zukunft zur Pflicht werden.

Unabhängig von den Zulassungsverfahren hat es zahlreiche Forschungsprojekte gegeben, in denen gentechnisch veränderte Pflanzen an Versuchstiere verfüttert wurden. Im Frühjahr 2012 stellte ein internationales, EU-gefördertes Forschungskonsortium seine Ergebnisse vor und teilte mit, es gebe keine Hinweise auf eine Gesundheitsgefährdung. Die Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler hatten Langzeit-Fütterungsversuche mit Schweinen, Lachsen und Mäusen durchgeführt, die teilweise über die gesamte Lebensdauer der Tiere gingen. Weder bei den Versuchstieren, noch bei ihren Nachkommen zeigten sich negative Veränderungen im Stoffwechsel (Walsh et al. 2011a; b, Campbell et al., 2011).

Auch eine Metastudie von 2011 (Snell et al., 2011) kam zu dem Schluss, es gebe keine Hinweise auf eine gesundheitliche Gefährdung. In der Metastudie wurden 24 Langzeit-Fütterungsstudien mit gentechnisch veränderten Pflanzen ausgewertet, von denen 22 an öffentlichen Forschungseinrichtungen durchgeführt worden waren. Die Autorinnen und Autoren der Metastudie schreiben, es habe nur in Ausnahmefällen statistisch signifikante Unterschiede zwischen Test- und Kontrollgruppen gegeben und diese seien von den Studienleitern als biologisch nicht relevant eingestuft worden.

Für die öffentliche Wahrnehmung des Themas spielen einige Studien eine große Rolle, die als Beweis für eine Gesundheitsgefährdung durch gentechnisch veränderte Pflanzen präsentiert wurden. Das jüngste Beispiel ist eine Untersuchung von Gilles-Eric Séralini (2012): Ratten, die über ihre gesamte Lebensspanne mit dem herbizidresistenten Mais NK 603 der Firma Monsanto gefüttert wurden, entwickelten Krebs sowie Leber- und Nierenschäden. Unter Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftlern löste diese Studie heftige Kritik aus, unter anderem deshalb, weil der eingesetzte Rattenstamm für seine hohe Rate an spontanen Krebserkrankungen bekannt ist und weil die Versuchsgruppen zu klein waren, um statistisch abgesicherte Aussagen machen zu können (MacKenzie, 2012). Auch die EFSA, das Bundesinstitut für Risikobewertung und das Bundesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit wiesen Séralinis Schlussfolgerungen als wissenschaftlich unhaltbar zurück (BfR, 2012; BVL, 2012; EFSA, 2012). Einige ältere Fütterungsstudien, die eine Gesundheitsgefährdung durch gentechnisch veränderte Pflanzen belegen sollten (Ewen/Pusztai, 1999; Ermakova, 2009; Velimirov et al., 2008), waren und

sind in Fachkreisen ebenfalls sehr umstritten und nur teilweise in Fachzeitschriften mit „peer review“ veröffentlicht.

4.3 Ökologische Effekte

Ökologische Zusammenhänge sind aufgrund ihrer Komplexität sehr schwierig und nicht vollständig *ex ante* abzuschätzen; dies gilt allerdings nicht nur für gentechnisch veränderte Sorten, sondern für alle technischen Innovationen in den offenen Agrarsystemen. Da in Deutschland und Europa bislang kaum gentechnisch veränderte Sorten kommerziell angebaut werden, liegen entsprechend wenige Erkenntnisse über deren ökologische Wirkungen vor. Das Gros der Untersuchungen bilden somit Laborstudien und Feldversuche.²

Ausnahmslos muss für jede gentechnisch veränderte Pflanze vor ihrer Zulassung zum Anbau eine ökologische Risikoabschätzung als Einzelfallprüfung durchgeführt werden. So erfolgt das Ausbringen einer gentechnisch veränderten Pflanze zunächst in geschlossenen Systemen (Gewächshaus) und dann räumlich und zeitlich begrenzt unter besonderen Auflagen im Freien (Freisetzungsversuche). Nach der Zulassung einer gentechnisch veränderten Pflanze ist in der EU außerdem das bereits erwähnte Nachzulassungsmonitoring vorgeschrieben.

4.3.1 Auswilderung und Auskreuzung

Als die ersten gentechnisch veränderten Pflanzen kommerziell angebaut wurden, war eine der größten Befürchtungen, es könnte zu einer Verbreitung der Transgene in Wildpopulationen, zu unvorhersehbaren Auswirkungen auf Ökosysteme und zu der Entstehung neuer, nicht mehr kontrollierbarer Unkräuter kommen. Prinzipiell könnte eine gentechnisch veränderte Pflanze durch Samen auswildern und sich in Pflanzengesellschaften außerhalb des Agrarökosystems ansiedeln, oder das mit Hilfe der Gentechnik übertragene Merkmal könnte auf verwandte Wildarten auskreuzen (vertikaler Gentransfer).

Die Verwilderung von Nutzpflanzen gilt in den meisten Fällen als unwahrscheinlich, da die angebauten Sorten spezifisch für die Bedingungen der Agraranbausysteme gezüchtet wurden, die außerhalb dieser Systeme nicht gegeben sind. Eine Ausnahme ist Raps, der leicht auswildert

2 Weitere Informationen bei Hucho et al. (2005:324–334).

und relativ problemlos außerhalb von Ackerflächen überleben kann. Raps besitzt einen sehr leichten Pollen, der mit dem Wind über weite Entfernungen ausgetragen wird (Norris/Sweet, 2002), und seine Samen können jahrelang im Boden überdauern. Im Norden der USA wurden 2011 weit entfernt von Raps-Anbaugebieten verwilderte gentechnisch veränderte Rapspflanzen gefunden (Schafer et al., 2011).

Die Auskreuzung gentechnisch übertragener Merkmale auf Wildpflanzen stellt derzeit in Europa und Nordamerika kein vordringliches Problem dar. In Europa beschränkt sich der Anbau gentechnisch veränderter Pflanzen auf den Anbau von Mais in Spanien und Portugal, und Mais hat in Europa keine wilden Verwandten. In den USA gibt es für die hauptsächlich angebauten, gentechnisch veränderten Kultursorten Mais und Soja keine verwandten Arten und bei Baumwolle existieren sie nur lokal begrenzt (National Research Council, 2010). Für Raps gibt es in Europa und Nordamerika zwar eine Reihe wilder Verwandter, mit denen er sich prinzipiell kreuzen könnte. Feldversuche ergaben jedoch, dass solche Kreuzungen nur selten stattfinden und noch seltener Nachkommen hervorbringen, die ebenfalls vermehrungsfähig sind (Saure et al., 1999).

Anders ist die Situation in den Ländern Mittelamerikas, der Herkunftsregion von Mais. In Mexiko wurde der Anbau von gentechnisch verändertem Mais 1998 verboten, um eine Auskreuzung auf Landrassen und wilde Verwandte zu verhindern. Trotzdem wurden transgene DNA-Sequenzen, die nur aus Maissorten der Firma Monsanto stammen konnten, 2001 und 2009 in mexikanischen Landrassen nachgewiesen (Piñeyro-Nelson et al., 2009). Mögliche Gründe dafür sind der Import oder der illegale Anbau von transgenem Mais. Es gibt aber bislang keine Anzeichen, dass die Transgene sich dauerhaft im Genpool der Landrassen etabliert haben, geschweige denn, dass die Landrassen in ihrem Bestand gefährdet sind oder dass andere ökologische Veränderungen stattgefunden haben. Im Oktober 2009 wurden zwei Genehmigungen für den Versuchsanbau von transgenem Mais auf knapp 13 Hektar erteilt.

Eine Auswilderung oder eine Auskreuzung auf Wildarten ist nicht automatisch gleichzusetzen mit einer Veränderung des ökologischen Gleichgewichts, geschweige denn mit einer konkreten Beeinträchtigung von Tier- oder Pflanzenpopulationen. Erst wenn die betreffenden Pflanzen invasives Potenzial entwickeln, also Pflanzengesellschaften dominieren oder sogar andere Arten verdrängen, werden sie zu einer Gefahr für die Biodiversität. Das setzt aber voraus, dass das neue Gen beziehungsweise die neue Eigenschaft ihnen einen Selektionsvorteil verschafft. Bisher sind derartige Fälle nicht berichtet worden. Das Auftreten herbizidresistenter

Unkräuter beim Anbau gentechnisch veränderter Nutzpflanzen ist auf andere Ursachen zurückzuführen (vgl. Kapitel 4.3.3).

4.3.2 Nicht-Zielorganismen und Artenvielfalt

Ein Großteil der gentechnisch veränderten Pflanzen, die kommerziell angebaut werden, produziert sogenannte Bt-Proteine, die selektiv bestimmte Schädlinge töten. Hier ist zu untersuchen, inwieweit neben dem Zielorganismus andere Organismen betroffen sind, die beispielsweise den Pollen oder Pflanzenteile fressen. Dieses Problem stellt sich auch außerhalb des Ackerbereichs, wenn Pollen, die das Bt-Protein enthalten, durch Wind oder Bienen ausgetragen werden.

Hinsichtlich der Möglichkeit der Schädigung von Nicht-Ziel-Organismen durch Bt-Pflanzen existiert eine Vielzahl von Untersuchungen. Hier ist die Differenzierung zwischen Labor- und Freilandstudien angezeigt, da vom Bt-Protein tangierte Organismen in der Natur normalerweise geringeren Mengen an Bt-Protein ausgesetzt sind als im Labor, etwa weil sie alternative Nahrungsquellen besitzen, auf die sie ausweichen können, oder es existieren Refugien, über die Verluste bei Populationen ausgeglichen werden können.

Zahlreiche Studien befassen sich mit den möglichen Effekten von Bt-Maissorten, die eine Resistenz gegen bestimmte Schmetterlinge aufweisen, auf andere Schmetterlingsarten. Eine Meta-Studie von 2010 kritisierte, es gebe dazu insgesamt zu wenige Untersuchungen und die vorhandenen Untersuchungen würden sich fast ausschließlich auf Nordamerika beschränken (Lang/Otto, 2010). Aktuelle Studien in Europa weisen auf ein jeweils sehr geringes Risiko für die untersuchten Schmetterlingsarten hin (Perry et al., 2010; Perry et al., 2012; Schuppener et al., 2012). Diese Studien berücksichtigen nicht nur mögliche Schäden durch die Aufnahme von Bt-Mais, sondern auch die Wahrscheinlichkeit, mit der die Nichtziel-Schmetterlinge in ihrem natürlichen Lebensraum schädigende Mengen von Bt-Mais aufnehmen.

Besondere öffentliche Aufmerksamkeit genießen ferner mögliche Negativeffekte auf Bienen. Eine Meta-Studie von 25 Untersuchungen (Duan et al., 2008) kam zu dem Schluss, dass die in gentechnisch veränderten Pflanzen eingesetzten Bt-Proteine keine negativen Wirkungen auf Bienen zeigen. In einer Studie von 2007 wurde dagegen die hohe Konzentration von Bt-Pollen aus gentechnisch verändertem Mais mit einer gesteigerten Anfälligkeit der Bienen für Krankheitserreger in Verbindung gebracht (Kaatz, 2007). Neuere Fütterungsversuche mit Bienenlarven zeigen aber, dass Bienen durch Pollen von Bt-Mais nicht beeinträchtigt werden (Hendriksma et al., 2012).

Ebenfalls Gegenstand von Untersuchungen ist die Wirkung von Bt-Proteinen auf die Bodenmikrobiologie und die im Boden lebenden Kleinstlebewesen: Da die Proteine auch in den Wurzeln der Pflanzen enthalten sind, könnten Bodenorganismen negativ betroffen sein. In Langzeituntersuchungen über mehrere Jahre, bei denen der Einfluss dreier Bt-Mais-Sorten mit den Bt-Proteinen Cry1Ab und Cry3Bb1 auf Regenwürmer überprüft wurde, konnte kein schädigender Effekt festgestellt werden. Zugleich geben die Autorinnen und Autoren jedoch zu bedenken, dass die Ergebnisse nicht auf alle Standorte weltweit übertragen werden können, da global unterschiedliche Arten von Regenwürmern in Maisfeldern vorkommen können (Zeilinger et al., 2010).

Neben direkten Auswirkungen auf Nicht-Zielorganismen sind auch indirekte Auswirkungen auf die Artenzusammensetzung im Ökosystem möglich, etwa wenn infolge des Wegfalls eines Schädlings oder eines Unkrauts die Anzahl der Organismen, die sich davon ernähren, ebenfalls abnimmt (Jasinski et al., 2004; Wolfenbarger et al., 2008; Gatehouse et al., 2011). Verschiedene Meta-Studien zeigen, dass der Anbau von Bt-Pflanzen die Artenvielfalt weniger beeinträchtigt als der konventionelle Maisanbau mit Insektiziden (Marvier et al., 2007; Wolfenbarger et al., 2008; Naranjo, 2009).

Anders ist die Situation beim Anbau herbizidresistenter Pflanzen, einem relativ jungen Konzept zur Unkrautbekämpfung, das es erlaubt, jederzeit während der Wachstumsphase ein Totalherbizid auszubringen, ohne dass die Nutzpflanze geschädigt wird. Die Bekämpfung von Unkräutern steht in einem grundsätzlichen und unvermeidbaren Widerspruch zur Förderung der Artenvielfalt. Die britische Studie „Farm Scale Evaluations“ untersuchte diverse gentechnisch veränderte, herbizidtolerante Pflanzen in einem umfangreichen Freilandversuch und zeigte, dass die Zahl der Nutzinsekten sowie der Vögel, die sich normalerweise von den Samen der dezimierten Wildkräuter ernähren, zurückging (Firbank et al., 2003). Eine dänische Studie hatte allerdings zuvor gezeigt, dass es ohne größere Ertragseinbußen möglich ist, die Dosis des Herbizids und den Zeitpunkt des Ausbringens so zu wählen, dass nicht alle Unkräuter verschwinden und die Biodiversität des Agrarökosystems wenig beeinträchtigt wird (Elmegaard/Pedersen, 2001; Strandberg/Pedersen, 2002).

In Nord- und Südamerika hat der Anbau herbizidtoleranter Nutzpflanzen dazu geführt, dass ein großer Teil der landwirtschaftlichen Flächen kaum oder gar nicht mehr umgepflügt werden muss, um Unkräuter zu bekämpfen (Bonny, 2008; Trigo et al., 2009); stattdessen werden die Unkräuter nur noch mit Herbiziden bekämpft. Auf dem ersten Blick erscheint das als

eine zusätzliche ökologische Belastung. Der reduzierte Pfluggebrauch verringert jedoch die Bodenerosion und den Austrag von Nährstoffen und chemischer Pflanzenschutzmittel durch Regenwasser; gleichzeitig sinkt entsprechend die Verschmutzung von Gewässern (National Research Council, 2010). Brookes und Barfoot (2012) machen außerdem darauf aufmerksam, dass durch die verringerte Bodenbearbeitung mehr Kohlenstoff im Boden gebunden bleibt und die CO₂-Emissionen geringer ausfallen.

Eine Meta-Studie von 2011 kam zu dem Schluss, dass die derzeit angebauten gentechnisch veränderten Pflanzen insgesamt die negativen Auswirkungen der Landwirtschaft auf die Biodiversität verringert haben (Carpenter, 2011).

Verbot von MON 810 in Deutschland

Vier Jahre nach dem kommerziellen Anbaubeginn der ersten gentechnisch veränderten Pflanze in Deutschland wurde der Anbau der einzigen zugelassenen Sorte MON 810 verboten. Das zuständige Bundesministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz begründete das Verbot im April 2009 mit neuen wissenschaftlichen Erkenntnissen und machte damit den „safeguard clause“ geltend, der bei neuen Sicherheitsbedenken nationale Verbote durch EU-Mitgliedsländer erlaubt. Konkret wurde das Verbot mit sechs Studien begründet, die die Wirkung von MON 810 auf Nicht-Zielorganismen untersuchten; jedoch waren hiervon nur zwei zu diesem Zeitpunkt aktuell. Untersucht wurden Effekte von MON 810-Pollen auf Köcherfliegenlarven von *Lepidostoma liba* und *Hydropsyche borealis* (Rosi-Marshall et al., 2007), auf Wasserflöhe der Art *Daphnia magna* (Bohn et al., 2008), auf die Schnecke *Helix aspersa* (Kramarz et al., 2007), auf den Zweipunktmarieknäfer *Adalia bipunctata* (Schmidt et al., 2009) sowie die generelle Risikoexposition durch die Verbreitung von Maispollen (Hofmann, 2007; Hofmann et al., 2009). Nicht beteiligt war die Zentrale Kommission für die Biologische Sicherheit (ZKBS), ein Expertengremium, das dem Bundesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit (BVL) bei fachlichen Stellungnahmen zuarbeitet. In ihrer fachlichen Stellungnahme von 2009 kam die ZKBS „...unter Berücksichtigung aller zur Verfügung stehenden wissenschaftlichen Informationen und dem Grundsatz der Vorsorge folgend zu dem Schluss, dass der Anbau der Maislinie MON 810 kein Risiko für die Umwelt darstellt“ (BVL, 2009).³ Eine erneute

³ Einen guten Überblick über die wissenschaftliche Kontroverse gibt ein Artikel von Albrecht und Stollorz in der Frankfurter Allgemeinen Sonntagszeitung (FAS, 2009).

Sicherheitsbewertung durch die EFSA ergab ebenfalls, dass MON 810 als unbedenklich für Mensch, Tier und Umwelt anzusehen ist (EFSA, 2009a).

4.3.3 Resistente Unkräuter und Schädlinge

Etwa seit 2005 mehren sich Berichte, wonach der großflächige Anbau der derzeit angebauten gentechnisch veränderten Nutzpflanzen die Entstehung resistenter Schädlinge und Unkräuter nach sich gezogen und in einigen Fällen die Ausbreitung vorher unbedeutender Schädlinge begünstigt hat, mit dem Ergebnis, dass vermehrt Insektizide und Herbizide eingesetzt werden. Ein erhöhter Einsatz von Pflanzenschutzmitteln hat immer auch Auswirkungen auf das jeweilige Agrarökosystem.

Wann immer Schädlinge mit einem bestimmten Wirkstoff bekämpft werden, entwickeln sie früher oder später Resistenzen. Diese Entwicklung kann man verlangsamen, aber nicht völlig verhindern. Als 1996 in den USA erstmals gentechnisch veränderte Bt-Pflanzen angebaut wurden, die Proteine bilden, welche bestimmte Schadinsekten abtöten, rechneten Agrarwissenschaftlerinnen und Agrarwissenschaftler von Anfang an mit Resistenzbildungen. Die ersten Bt-resistenten Schädlinge wurden zwischen 2003 und 2006 auf Baumwollfeldern im Südosten der USA gefunden (Tabashnik, 2008).

Um die Entwicklung resistenter Schädlinge beim Anbau von Bt-Pflanzen aufzuhalten, ist die „high dose/refuge“-Strategie weltweit anerkannt: In Anbaugebieten mit Bt-Pflanzen werden sogenannte Refugienflächen mit konventionellen Pflanzen angelegt. Die dort lebenden Schädlinge können sich mit resistent gewordenen Tieren aus den Bt-Feldern paaren und Nachkommen hervorbringen, die nicht oder nur schwach resistent sind. Gleichzeitig werden Pflanzen angebaut, deren Gehalt an Bt-Protein so hoch ist, dass sie auch noch Schadinsekten abtöten, die eine schwache Resistenz entwickelt haben. Eine Meta-Studie kam zu dem Schluss, dass sich bis 2011 weltweit in nur drei Fällen Bt-resistente Schädlingspopulationen entwickelt hatten und dass in diesen Fällen die „high dose/refuge“-Strategie nicht konsequent angewendet wurde (Huang et al., 2011). Seit 2011 häufen sich Funde von Bt-resistenten Maisschädlingen im Mittleren Westen der USA. Auch hier kritisieren Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler das bisherige Resistenzmanagement (z. B. Gassmann et al., 2011).

Mehrfach wurde berichtet, dass durch den Anbau von Bt-Pflanzen zwar zunächst der jeweilige Hauptschädling erfolgreich bekämpft werden konnte, dass sich aber daraufhin andere, vorher unbedeutende Schädlinge ausbreiten konnten (Wang et al., 2008; Lu et al., 2010; Dor-

hout/Rice, 2010). Dieses Problem der sogenannten Sekundärschädlinge ist nicht spezifisch für den Anbau gentechnisch veränderter Pflanzen, vielmehr ist es bei der Schädlingsbekämpfung seit langem bekannt.⁴

Herbizidresistente Unkräuter treten seit den 1970er Jahren auf. Die Online-Datenbank der „Weed Science Society of America“ listet über 200 Unkrautarten weltweit auf, die gegen rund 20 verschiedene Wirkstoffarten resistent geworden sind. Der Grund dafür ist in jedem Fall der Einsatz eines Herbizidwirkstoffes über einen längeren Zeitraum, oft über Jahre. Dadurch werden die Unkräuter einem hohen Selektionsdruck ausgesetzt. Früher oder später treten in den Unkrautpopulationen einzelne Pflanzen auf, die zufällig eine höhere Resistenz gegen das Herbizid besitzen; sie sind dann gegenüber anderen Pflanzen erheblich im Vorteil und können sich massiv vermehren.

Gentechnisch veränderte Nutzpflanzen, die gegen den Wirkstoff Glyphosat resistent sind, werden in Nord- und Südamerika großflächig in Monokulturen angebaut. Wenn ein Fruchtwechsel stattfindet, dann häufig mit Feldfrüchten, die ebenfalls gegen Glyphosat resistent sind, beispielsweise werden im Süden der USA häufig glyphosatresistente Soja und Baumwolle im Wechsel angebaut. Durch den permanenten hohen Selektionsdruck haben sich dort inzwischen eine Reihe glyphosatresistenter Unkräuter entwickelt (Benbrook, 2012), die sich teilweise so massiv ausgebreitet haben, dass ganze Felder aufgegeben werden mussten. Die Saatgutfirmen empfehlen den Landwirten, andere Herbizide einzusetzen, darunter auch ältere wie Dicamba und 2,4-D, die höhere Risiken für Umwelt und Gesundheit bergen, und entwickeln neue gentechnisch veränderte Sorten, die gegen diese Herbizide resistent sind (Duke/Powles, 2009).

Die hier skizzierten Entwicklungen wurden durch den großflächigen Anbau gentechnisch veränderter Nutzpflanzen vorangetrieben; dennoch wäre es verkürzt, den Einsatz der Gentechnik als alleinige Ursache zu sehen. Die Mechanismen der Resistenzbildung sind im Wesentlichen die gleichen, die auch schon vor dem Anbau gentechnisch veränderter Pflanzen zu der Entstehung zahlreicher insektizidresistenter Schädlinge und herbizidresistenter Unkräuter geführt haben. Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler fordern immer wieder, die Schädlings- und Unkrautbekämpfung nicht auf eine einzige Maßnahme zu verengen, sondern nach dem Prinzip des integrierten Pflanzenschutzes vorzugehen, also verschiedene Methoden zu kom-

4 Johannes Jehle, Leiter des Instituts für biologischen Pflanzenschutz des Julius-Kühn-Instituts, im Interview mit bioSicherheit. www.biosicherheit.de/aktuell/1181.phaenomen-alt-pflanzenschutz.html [24.02.2013].

binieren wie etwa Fruchtfolgen, biologische Schädlings- und Unkrautbekämpfung und – als eine Maßnahme unter mehreren – insekten- oder herbizidresistente Nutzpflanzen (z. B. Porter et al., 2012).

4.3.4 Bewertungskonzepte

Im Fazit sind die Wichtigkeit einer Einzelfallprüfung und die Fehlerhaftigkeit pauschaler Urteile zu betonen. Die ökologische Bewertung einer gentechnisch veränderten Sorte hängt nicht nur vom transgenen Merkmal und der Pflanzenart, sondern auch von der Anbauregion und der landwirtschaftlichen Praxis ab.

Bereits ohne den Anbau gentechnisch veränderter Pflanzen stellt die Landwirtschaft per se einen massiven Eingriff in die natürliche Tier- und Pflanzenwelt dar. Dieser seit Jahrtausenden stattfindende Eingriff hat sich durch die Intensivlandwirtschaft in den letzten 50 Jahren deutlich verschärft und zu einem massiven Artenrückgang geführt. Die ökologische Beurteilung von gentechnisch veränderten Sorten kann dementsprechend verschiedene Vergleichsebenen nutzen (Dale et al., 2002; Carpenter, 2011) und sich an der bestehenden konventionellen Landwirtschaft oder an den Zielsetzungen des ökologischen Landbaus orientieren.

Neben der Wahl der Bezugsebene ist auch die Definition eines ökologischen Schadens umstritten. Geht man von der klassischen Formel „Eintrittswahrscheinlichkeit x Schadenshöhe“ aus, läge ein Schaden erst vor, wenn beispielsweise eine Wildpopulation nachweislich in ihrem Bestand sinkt. Vorstellbar wäre es im Sinne des Vorsorgeprinzips allerdings auch, den ökologischen Schaden bereits zu konstatieren, wenn theoretische, wissenschaftlich fundierte Belege über die potenzielle Gefährlichkeit der Pflanze vorliegen (BfN, 2008). Auf dieser Überlegung bauen Abstandsregeln des Anbaus von gentechnisch veränderten Sorten gegenüber Naturschutzflächen auf. In beiden Konzepten spielt das Ziel, die Eintrittswahrscheinlichkeit zu senken, eine zentrale Rolle;⁵ während das zweite Konzept jedoch eine Eintrittswahrscheinlichkeit nahe Null verlangt, besitzt das erste einen gewissen Spielraum bis hin zum realen Auftreten eines als geringfügig bewerteten Schadens.

5 Vertiefende Darstellung zur Bewertung von Eintrittswahrscheinlichkeiten und daraus folgender Effekte: Andow/Hilbeck, 2004.

Mathias Boysen, Gerd Spelsberg, Heike Baron

5. Ökonomischer Nutzen der grünen Gentechnologie

In der Debatte über die grüne Gentechnologie gehört ihr ökonomischer Nutzen zu den zentralen Fragen. Wie in anderen Feldern fällt die Bewertung hierbei sehr unterschiedlich aus. Für die einen gilt die Gentechnologie als Schlüsseltechnologie der Agrarwirtschaft und als essenziell für den Erhalt ihrer Wettbewerbsfähigkeit. Kritikerinnen und Kritiker bezweifeln hingegen den ökonomischen Vorteil gentechnisch veränderter Pflanzen für Landwirte (Sprenger, 2008) und fordern eine grundsätzlich andere Ausrichtung der heutigen Landwirtschaft, die hohe Erträge mit einem zu hohen Energie- und Stoffeinsatz erkaufe, der langfristig an Grenzen stoße (ISTAAD, 2009).

Das folgende Kapitel gibt einen Überblick über verschiedene ökonomische Aspekte und nimmt insbesondere die USA, Europa und Deutschland als Regionen mit einer stark technologisierten Agrarproduktion sowie Indien, als Schwellenland mit einer zumeist traditionellen Landwirtschaft, in den Blick.

5.1 Weltweiter Anbau gentechnisch veränderter Pflanzen

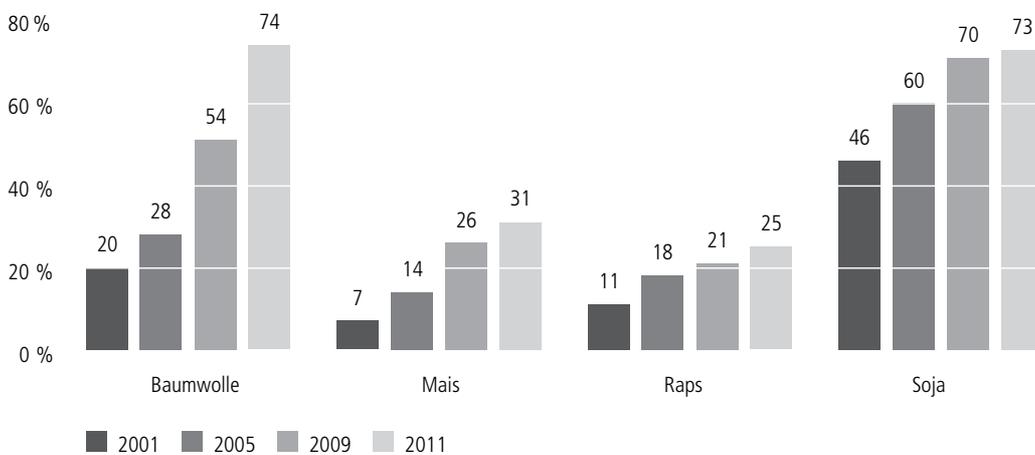
5.1.1 Entwicklung der Anbauflächen seit 1996

Das Anwachsen der weltweiten Anbauflächen gentechnisch veränderter Pflanzen dient als zentrale Argumentation für deren wirtschaftlichen Erfolg. Tatsächlich sind die Anbauflächen seit 1996, als erstmals gv-Pflanzen ausgesät wurden, rasch angestiegen; allein zwischen 2009 bis 2011 weltweit von 134 auf 160 Millionen Hektar. Auch die Zahl der Landwirtinnen und Landwirte, die transgene Pflanzen nutzen, wuchs in diesem Zeitraum auf 16,7 Millionen an (James, 2005; 2009; 2011). Zum Vergleich: Die als Ackerland genutzte Fläche in Deutschland beträgt rund zwölf Millionen Hektar, also ein Drittel der Gesamtfläche von circa 36 Millionen Hektar. Gentechnisch veränderte Nutzpflanzensorten zeigen sich demnach zumindest in einigen Ländern wirtschaftlich durchsetzungsfähig gegenüber konventionellen Sorten.

Nicht alle zugelassenen gentechnisch veränderten Pflanzen haben sich jedoch auf dem Markt durchsetzen können. Beispielsweise konnte die so genannte „FlavrSavr“-Tomate, die in Deutschland Ende der 1990er Jahre zu einem Symbol für „Genfood“ wurde und bei der durch eine Unterdrückung des Pektinabbaus das Reifen verzögert wird, die Erwartungen nicht erfüllen. Sie wird seit einigen Jahren ebenso wenig angebaut wie verschiedene gv-Kartoffellinien mit Virus- und Schädlingsresistenzen („New Leaf“). Wie bei konventionellen Sorten müssen sich selbstverständlich auch gentechnisch veränderte in Konkurrenz zu anderen durchsetzen.

Trotz des starken Flächenanstiegs erreichen gentechnisch veränderte Sorten nur bei vier Nutzpflanzenarten – Soja, Raps, Mais und Baumwolle – signifikante Flächenanteile.¹ Für Weizen und Reis, neben Mais weltweit die wichtigsten Nahrungspflanzen, sind bis 2011 keine Flächen mit gv-Sorten zu verzeichnen. Im Jahr 2009 wurde der Anbau von gentechnisch verändertem Reis in China zugelassen, bisher wurde diese Sorte jedoch noch nicht kommerziell angebaut (James, 2011).

Abbildung 1: Anteile gentechnisch veränderter Sorten an weltweiten Anbauflächen von Soja, Raps, Mais und Baumwolle



Quelle: Siehe Indikatorenblatt GG-05, (James, 2011, www.transgen.de [24.02.2013]).

¹ In den letzten Jahren ist noch die Zuckerrübe hinzugekommen. Hier erreichen gv-Sorten einen Anteil von etwa 10 % der Welt-Zuckerrübenproduktion (James, 2011).

5.1.2 Entwicklung nach Traits

Herbizidtoleranz und Insektenresistenz entsprechen dem Konzept der ersten Generation grüner Gentechnik, das auf die Veränderungen agronomischer Merkmale (Input-Merkmale) abzielt. Weltweit besaßen im Jahr 2011 59 % (93,9 Mio. ha) der angebauten gentechnisch veränderten Sorten eine Herbizidtoleranz, 15 % (23,9 Mio. ha) eine Insektenresistenz und 26 % (42,2 Mio. ha) gleichzeitig beide Merkmale („stacked traits“) (James, 2011).

Die „stacked traits“ beschränken sich nicht allein auf die Kombination von Herbizidtoleranz und Insektenresistenz, sondern können auch in einer gv-Pflanze Resistenzen gegen unterschiedliche Insekten(gruppen) beziehungsweise verschiedene Varianten des Bt-Proteins sowie Toleranzen gegen verschiedene Herbizid-Wirkstoffe vereinen (siehe Kapitel Kapitel 3.2.6). Den „stacked traits“ wird ein wachsender Marktanteil prognostiziert.

5.1.3 Ökonomische Vorteile auf Betriebsebene: Insektenresistenz und Herbizidtoleranz

Unter der Prämisse, dass der einzelne Landwirt seine Anbauentscheidung souverän unter einer Kosten-Nutzen-Optimierung für seinen Betrieb trifft, indiziert der Anstieg der Anbaufläche transgener Nutzpflanzen, dass mit Hilfe der Gentechnik entwickelte Sorten ökonomische Vorteile für Landwirtinnen und Landwirte bieten (vgl. auch Menrad et al., 2003).

In einer Metastudie fasst Carpenter (2010) die fachlichen Publikationen zusammen, die die durch den Anbau transgener Sorten induzierten ökonomischen Auswirkungen auf landwirtschaftliche Betriebe analysiert haben.²

- ▶ Beim Vergleich der Erträge aus dem Anbau konventioneller und gentechnisch veränderter Sorten weisen von 168 Einzelergebnissen 124 einen Vorteil für die Nutzer aus. In 32 Fällen zeigt sich kein Unterscheid und 13 Ergebnisse indizieren einen Nachteil bei der Adaption der gentechnisch veränderten Sorten. Alle negativen Resultate stammen aus den ersten Jahren der Kommerzialisierung gentechnisch veränderter Sorten in den jeweiligen Ländern.
- ▶ Auch bei einer Gesamtbetrachtung der ökonomischen Faktoren auf landwirtschaftlicher Betriebsebene weisen von 98 Einzelergebnissen 71 einen positiven Effekt für die Landwirtinnen und Landwirte nach, elf einen neutralen und 16 einem negativen Effekt. Interessant

² Basis sind Umfragen unter Farmerinnen und Farmern. Erfasst wurden 49 Studien, die einem Peer-Review-Verfahren unterlagen. Eine einzelne Studie kann mehrere Teilergebnisse umfassen.

ist, dass in 45 Fällen eine Reduktion der Insektizidmenge³ festgestellt wurde, während in keinem Fall die Nutzerinnen und Nutzer insektenresistenter Pflanzen mehr Insektizide verwenden mussten.

- ▶ Landwirtinnen und Landwirte in Entwicklungsländern konnten durchschnittlich eine größere Ertragssteigerung realisieren als Landwirtinnen und Landwirte in den Industriestaaten, obwohl die gentechnisch veränderten Sorten ursprünglich für die Agrarwirtschaft der Industrieländer entwickelt wurden. Dies kann damit zusammenhängen, dass Landwirte in den Entwicklungsländern vor Einführung gentechnisch veränderter Sorten nur begrenzten Zugang zu effizienten Technologien der Schädlings- und Unkrautbekämpfung besaßen. Dies erklärt auch, warum Ertragssteigerungen für Nutzpflanzen mit Herbizidtoleranz nachgewiesen wurden, obwohl das eingeführte Merkmal nicht auf eine Verbesserung des Ertrages zielte, sondern lediglich den Wechsel der genutzten Herbizide vorsah.

Eine globale Abschätzung des ökonomischen Vorteils der Nutzung gentechnisch veränderter Sorten legen Brookes und Barfoot (2012) vor. Insgesamt errechnen die Autoren, bezogen auf die Zeitspanne von 1996 bis 2010, eine Summe von 78,4 Milliarden US\$ an zusätzlichem Einkommen für die Landwirtinnen und Landwirte. Den größten Anteil daran haben herbizidresistente Soja-Sorten (28,4 Mrd. US\$), gefolgt von insektenresistenter Baumwolle (24,4 Mrd. US\$) und insektenresistentem Mais (19 Mrd. US\$). Deutlich geringer ist das Einkommensplus der Landwirte bei herbizidresistenten Sorten von Mais, Raps und Baumwolle (2,7 Mrd. US\$, 2,7 Mrd. US\$, 1,1 Mrd. US\$). Virusresistente Papaya- und Kürbis-Sorten und herbizidtolerante Zuckerrüben erbringen als weitere Anwendungen 301,5 Millionen US\$.

- ▶ Die auffällig hohe Einkommenssteigerung durch gentechnisch veränderte Sojasorten wird durch Produktionskosteneinsparungen (kein bzw. weniger Pflügen, geringere Anzahl von Applikationen und somit eine Reduktion der Arbeits- und Maschinenkosten) und auf die zusätzliche zweite Anbausaison in Teilen Südamerikas zurückgeführt. Hierbei wird Soja im direkten Anschluss an Weizen angebaut, wobei die Herbizidtoleranz eine unmittelbare Aussaat nach dem Herbizideinsatz auf dem abgeernteten Feld ermöglicht; dieser ersetzt den

3 Gemessen als Menge der aktiven Wirkstoffe. Die verwendeten Wirkstoffe werden zudem als weniger toxisch eingestuft als die, welche sie ersetzen.

Pflugeinsatz als Unkrautbekämpfungsstrategie. Diese Umstellung besitzt außerdem positive Effekte auf die Bodenfruchtbarkeit und die CO₂-Bilanz. Weltweit stieg das Farm-Einkommen durch den Anbau von herbizidtoleranten gv-Sojasorten in den Jahren 1996 bis 2010 insgesamt um rund 28 Milliarden US\$, das höchste Einkommensplus wurde für die USA ermittelt (12 Mrd. US\$), gefolgt von Argentinien (11 Mrd. US\$) und Brasilien (4 Mrd. US\$) (Brookes/Barfoot, 2012).

- ▶ Der ökonomische Vorteil der insektenresistenten Bt-Baumwolle resultiert im Wesentlichen aus der Kombination von höheren Erträgen und einer Verringerung des Insektizidbedarfs. Durchschnittlich stieg in den Jahren 1996 bis 2010 das Einkommen weltweit insgesamt um rund 24 Milliarden US\$. Die höchste Steigerung wird für China und Indien verzeichnet (11 Mrd. US\$ bzw. 9 Mrd. US\$) (Brookes/Barfoot, 2012).
- ▶ Bei insektenresistenten Maissorten lag der Einkommenszuwachs weltweit auf der Farmebene im selben Zeitraum bei rund 19 Milliarden US\$. Der höchste Zugewinn wurde für die USA ermittelt (16 Mrd. US\$) (Brookes/Barfoot, 2012).

Die Gegenüberstellung nach Traits zeigt, dass insektenresistente Sorten einerseits ein größeres Einkommensplus pro Hektar aufweisen. Andererseits besitzen in der Gesamtsumme herbizidtolerante Sorten aufgrund ihrer größeren Anbauflächen einen größeren Anteil am globalen Einkommenszuwachs für die Landwirte. In diesen Berechnungen unberücksichtigt sind Vorteile durch Convenience-Effekte. Hierzu gehören die größere Flexibilität und die Zeitersparnis beim Anbau. Für diese mittelbaren ökonomischen Vorteile errechnet eine Studie von Marra und Piggott (2006) beim Anbau Glyphosat-toleranter Sorten einen geldwerten Vorteil von 12 US\$/ha. Für insektenresistenten Mais in den USA beziffert eine Studie von Alston et al. (2002) den zusätzlichen geldwerten Vorteil gegenüber konventionellen Sorten auf 10,32 US\$/ha. Eine Umfrage unter Soja-Farmern in den USA ermittelt bei Kultivierung von herbizidtoleranten Sorten einen Einkommenszuwachs von durchschnittlich 14.500 US\$ pro Jahr und Haushalt, da durch die größere Flexibilität und die Zeitersparnis zusätzlich Arbeiten außerhalb des Betriebes übernommen werden können (Fernandez-Conrejo et al., 2005).

5.2 Anbau gentechnisch veränderter Pflanzen in den USA

In den USA wurde bereits 1996 mit dem Anbau gentechnisch veränderter Sorten begonnen, daher existiert für die USA die größte Anzahl an wissenschaftlichen Fallstudien bezüglich wirtschaftlicher Effekte. Derzeit sind 91 gentechnisch veränderte Pflanzen (Events) zum Anbau in den USA zugelassen.⁴

In Übereinstimmung mit den Metastudien von Brookes und Barfoot (2009) und Carpenter (2010) gelangt auch die Metastudie der National Academy of Sciences (National Research Council, 2010) zu dem Ergebnis, dass US-Landwirte generell vom Anbau gentechnisch veränderter Kulturpflanzen profitieren konnten. Kritikerinnen und Kritiker der grünen Gentechnik verweisen dagegen auf Studien von Benbrook (2003; 2009; 2012).⁵ Diese weisen nach einem Abfallen des Herbizideinsatzes in den ersten Jahren ihres Anbaus seit 2001 einen deutlichen Anstieg in den USA aus. Als Grund wird das vermehrte Auftreten von resistenten Unkräutern angegeben. Infolgedessen sind von 1996 bis 2011 insgesamt 239.000 Tonnen zusätzliche Herbizide zum Einsatz gekommen (Benbrook, 2012).

Voreilig wäre es, aus dem Anwachsen der eingesetzten Herbizidmenge automatisch einen ökonomischen Nachteil für die Landwirtinnen und Landwirte abzuleiten. Denn für eine Bewertung der Wirtschaftlichkeit ist nicht die absolute Menge der Herbizide, sondern deren Preis entscheidend. Tatsächlich benennt Benbrook die fallenden Preise für das Herbizid Glyphosat, das in Kombination mit den weit verbreiteten Roundup-Ready-Sorten eingesetzt wird, als wesentlichen Grund für den Anstieg der Anwendungsmenge (Benbrook, 2003). Während ältere Studien⁶ teilweise keine signifikanten Veränderungen der Profitabilität bei herbizidtolerantem Soja oder sogar eine Verschlechterung ausweisen, ist aufgrund des Preisverfalls bei Glyphosat seit 2001 eine deutliche Verbesserung festzustellen; Brookes und Barfoot (2012) taxieren den Mehrerlös durch herbizidtolerantes Soja im Zeitraum 1998 bis 2000 auf cirka 19 US\$/ha, der

4 United States Department of Agriculture. www.aphis.usda.gov/biotechnology/not_reg.html [12.10.2012].

5 Die von Benbrook 2009 veröffentlichte Studie wurde u. a. von Greenpeace, der Union of Concerned Scientists und dem Organic Center finanziert.

6 Überblick siehe Institute for Prospective Technological Studies: Economic Impact of Dominant GM Crops Worldwide: a Review. European Commission, Directorate-General, Joint Research Centre. http://ec.europa.eu/food/food/biotechnology/evaluation/docs/economic_impact_of_gm_crops_jrc.pdf [09.09.2010].

auf bis zu 60 US\$/ha im Zeitraum 2001 bis 2007 anwächst, danach jedoch wieder auf rund 28 US\$/ha in 2010 abnimmt.

Resistenzen gegen Herbizide bei Unkräutern

Das grundsätzliche Problem einer Zunahme von Resistenzen bei Unkräutern gegenüber den in Kombination mit gv-Pflanzen eingesetzten Herbiziden wie Glyphosat wird von Brookes und Barfoot (2012) bestätigt.⁷ Dass solche Resistenzen auftreten, ist aus dem chemischen Pflanzenschutz bekannt und nicht spezifisch für gentechnisch veränderte Sorten. Dennoch begünstigt das neuartige Unkrautregulierungskonzept das Auftreten und die Verbreitung von resistenten Unkräutern, da es einen großflächigen, oft mehrjährigen Anbau von Pflanzenarten führt, die alle gegen dasselbe Herbizid widerstandsfähig sind.

Bei der Frage, wie mit diesem Problem umzugehen ist, unterscheiden sich die Antworten deutlich: Benbrook (2009) favorisiert grundsätzlich ein Unkrautmanagement ohne den Einsatz von Herbiziden. Die National Academy of Sciences (National Research Council, 2010) warnt vor den möglichen Konsequenzen eines weiträumigen und langfristigen Einsatzes desselben Herbizids. Sie empfiehlt ein regelmäßiges Wechsel des Unkrautmanagements und damit die Verwendung unterschiedlicher Herbizidwirkstoffe. Brookes und Barfoot (2012) stellen den ökologischen Nutzen der herbizidtoleranten Sorten gegenüber konventionellen Anbauformen heraus, indem sie auf die Reduktion der CO₂-Emissionen durch die Etablierung des pfluglosen Anbaus beziehungsweise der Direktsaat verweisen. Außerdem wird betont, dass dem Anstieg des Glyphosatverbrauchs ein Rückgang bei Herbiziden mit hoher Umwelttoxizität gegenüber steht.

Trotz des vermehrten Auftretens von herbizidresistenten Unkräutern stieg der Anteil gentechnisch veränderter Sojasorten in den USA kontinuierlich von 81 % im Jahr 2003 auf 89 % im Jahr 2006 an, aktuell liegt der Anteil bei 94 % (James, 2011). Bei Mais erreichte der Anteil gentechnisch veränderter Sorten im Anbaujahr 2011 88 % (ebd., 2011). Bei Baumwolle lag der Anteil an gentechnisch veränderten Sorten 2011 bei 90 % (ebd., 2011). Innerhalb nur weniger Jahre (erster Anbau 2007) erreichten gentechnisch veränderte Zuckerrüben mit einer Toleranz

7 www.weedscience.org [08.10.2012].

gegen das Herbizid Roundup in den USA einen Anbauanteil von 95 % (475.000 ha) in 2011 (James, 2011).⁸

Unstrittig ist, dass bei Soja, Baumwolle, Mais und seit neuestem bei Zuckerrüben Gentechniktraits, wie beispielsweise die Glyphosat-Toleranz bei Sojasorten, mittlerweile zum Standard avanciert sind. Dies erschwert den direkten Vergleich zwischen Nutzung und Nichtnutzung gentechnisch veränderter Sorten: Unter anderem ist davon auszugehen, dass auf den verbleibenden Anbauflächen ohne gentechnisch veränderte Kulturen der Schädlings- beziehungsweise der Unkrautbefall eher gering ist, so dass die betreffenden Traits hier keinen gravierenden Vorteil bringen. Auch die offiziellen Agrarstatistiken der USA unterscheiden beim Pflanzenschutzmitteleinsatz nicht, ob gentechnisch veränderte oder konventionelle Sorten angebaut wurden. Infolgedessen muss auf Schätzungen zurückgegriffen werden: Benbrook (2012) rechnet, gestützt auf eigene Annahmen, Zahlen aus der allgemeinen Agrarstatistik auf Anbauformen ohne und mit gentechnisch veränderten Pflanzen um. Außerdem schätzt er auf Grundlage älterer Daten die Herbizidmengen auch für solche Jahre, für die keine Angaben in den Statistiken vorhanden sind. Für die Jahre 1996 bis 2011 gibt Benbrook (2012) einen Anstieg der Pflanzenschutzmengen (sowohl Insektizide als auch Herbizide) um 183.000 Tonnen an. Andere Autoren wie Brookes und Barfoot (2012), die sich bei ihrer Schätzung auf Angaben von landwirtschaftlichen Beratern beziehen, haben eine deutliche Reduktion der Pflanzenschutzmittel ermittelt. Danach liegen die Einsparungen für die ein Jahr kürzere Zeitspanne von 1996 bis 2010 bei 246.000 Tonnen in Relation zu den zu erwartenden Mengen, die beim Anbau ausschließlich konventionelle Sorten ausgebracht worden wären (Brookes et al. 2012).⁹

Resistenzen der Schädlinge gegen Bt-Pflanzen

Analog zu herbizidresistenten Unkräutern warnt Benbrook (2009) vor dem Auftreten resistenter Schädlingspopulationen beim Anbau insektenresistenter Pflanzen und prognostiziert einen Anstieg der erforderlichen Insektizide. Wie die Herausbildung von herbizidresistenten Unkräutern ist das Entstehen insektizidresistenter Schädlingspopulationen aus der konventionellen Landwirtschaft bekannt. Um die Entstehung von Resistenzen zu verhindern oder zu erschwe-

8 Hierbei handelt es sich um eine Entwicklung der deutschen KWS mit Monsanto. Nach langen gerichtlichen Auseinandersetzungen sind diese gv-Zuckerrüben seit 2012 wieder ohne Auflagen zugelassen.

9 Ein direkter Vergleich der Daten ist aufgrund der unterschiedlichen Berechnungsmethoden nur schwer möglich.

ren, ist ein bestimmter Anteil an Refugienflächen, auf denen Sorten ohne Insektenresistenz angebaut werden (z. B. 20 % bei Bt-Mais), von der amerikanischen Umweltbehörde EPA verbindlich vorgeschrieben. Die Kontrolle obliegt den Saatgutaniëtern (Agriculture Online, 02.10.2006; 07.06.2010).

Weitere Maßnahmen zur Vermeidung von Resistenzen sind ein jährlicher Fruchtwechsel, hohe Toxin-Dosierungen (konventionell wie transgen) und „stacked traits“, bei denen zwei oder mehr Varianten des Bt-Proteins die Resistenz gegen denselben Schädling vermitteln. Solche Maßnahmen erschweren zwar die Resistenzbrechung, doch der Wettlauf zwischen Schädlingen und ihrer adäquaten Abwehr wird damit nicht beendet. In Teilen der USA, wo solche Maßnahmen nicht ausreichend durchgeführt wurden, sind bereits resistente Schädlinge (Maiswurzelbohrer) aufgetreten (Gassmann et al. 2011).

5.3 Anbau gentechnisch veränderter Pflanzen in Deutschland und Europa

In der Europäischen Union sind im Herbst 2012 nur drei gentechnisch veränderte Pflanzen für den Anbau zugelassen. Nur eine davon, der insektenresistente Mais MON 810 von Monsanto wird tatsächlich in einigen EU-Mitgliedsstaaten angebaut.

Nach einem langen Zulassungsverfahren mit kontroversen wissenschaftlichen und politischen Diskussionen¹⁰ wurde im März 2010 die von BASF Plant Science entwickelte gv-Kartoffel „Amflora“ für den Anbau zugelassen. Amflora ist ausschließlich für eine industrielle Verwendung vorgesehen¹¹ und soll kostengünstig Amylopektinstärke für technische Anwendungen in der Papier-, Garn- oder Klebstoffindustrie bereitstellen. Im ersten Zulassungsjahr wurde sie in Deutschland auf 15 Hektar angebaut, sowie in Schweden auf 80 Hektar und in Tschechien auf 150 Hektar, im zweiten Anbaujahr 2011 betrug die Anbaufläche in Deutschland 2 ha, in Schweden 15 ha, in Tschechien wurde Amflora nicht weiter angebaut (James, 2011). Die Flä-

10 Das Zulassungsverfahren für die Amflora-Kartoffel dauerte insgesamt 13 Jahre. Umstritten war vor allem das bei der Entwicklung der Kartoffel verwendete Antibiotikaresistenz-Marker-Gen nptII. Zur Diskussion um Amflora siehe etwa <http://amflora.basf.com> oder Bund für Umwelt und Naturschutz Deutschland (BUND). www.bund.net/bundnet/themen_und_projekte/gentechnik/kommerzieller_anbau/deutschland/amflora Ferner eine Kurzdarstellung der Parteipositionen. Unter: www.agrarheute.com/index.php?redid=329989 [alle Links: 15.10.2012].

11 Da Vermischungen mit als Lebensmittel genutzten Kartoffeln nicht sicher ausgeschlossen werden können, besitzt Amflora auch eine Zulassung als Lebensmittel.

chen dienen überwiegend der Saatgutvermehrung. Anfang 2012 stellte BASF die weitere Entwicklung ein und gab die Markteinführung in Europa auf. Das Unternehmen begründete diesen Schritt damit, dass in weiten Teilen Europas es bei der Mehrheit der Verbraucher, Landwirte und Politiker an Akzeptanz für die Pflanzenbiotechnologie fehle.¹²

Die dritte bereits 1995 für den Anbau zugelassene gv-Pflanze ist der herbizidtolerante Mais T25 von Bayer CropScience. Diese wurde jedoch nie kommerziell angebaut.

Insektenresistenter Mais MON 810 in Deutschland

Die erste Zulassung des Bt-Mais MON 810 ist in der EU datiert auf das Jahr 1998.¹³ Nach einem umfangreichen Erprobungs- und Praxisanbau in Deutschland erhielten fünf Sorten des insektenresistenten Mais hier im Jahr 2006 erstmals die Sortenzulassung.¹⁴ Das Standortregister des Bundesamtes für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit (BVL) weist für 2005, als erstmals alle Flächen mit gv-Pflanzen dort registriert werden mussten, eine Anbaufläche von 342 Hektar aus. Diese wuchs bis 2008 auf 3.173 Hektar an (0,15 % der gesamten Maisfläche in Deutschland). Als im April 2009 der Anbau von MON 810 in Deutschland verboten wurde, lagen die für die bevorstehende Anbausaison gemeldeten Flächen unter dem Niveau des Vorjahres.¹⁵

MON 810 besitzt eine Resistenz gegen den Maiszünsler, der sich in den letzten Jahren von Süddeutschland über ganz Deutschland ausgebreitet hat und mittlerweile (2012) in allen Bundesländern – mit Ausnahme der Stadtstaaten Berlin, Bremen und Hamburg – auftritt. Die

12 Pressemitteilung der BASF vom 16.01.2012. www.basf.com/group/pressemitteilungen/P-12-109 [24.02.2013].

13 Ein ausführliches, aktuelles Dossier über MON 810 bietet VIB (2010).

14 Wie alle neuen Sorten müssen auch jene, die aus gentechnisch veränderten Pflanzen abgeleitet wurden und hierfür die Zulassung erlangt haben, eine Sortenzulassung durchlaufen. Prüf Aspekte sind die Homogenität, Unterscheidbarkeit, Beständigkeit der Merkmale und der landeskulturelle Wert. Hinter Letzterem verbirgt sich die Anforderung, dass die Sorte in ihrer Gesamtheit der wertbestimmenden Eigenschaften besser abschneidet, als sonst verfügbare Sorten. Die hierfür erforderlichen Wertprüfungen finden über zwei bis drei Jahre an unterschiedlichen Standorten statt. Aus der gentechnisch veränderten Pflanzenlinie, die ursprünglich geschaffen wurde (Event), werden durch Einkreuzung verschiedene Sorten abgeleitet, die für unterschiedliche Standorte geeignet sind. Beispielsweise wird MON 810 weltweit unter sehr unterschiedlichen Bedingungen angebaut, allein der Deutsche Sortenkatalog kennt elf Sorten, die von der Ursprungslinie MON 810 abgeleitet wurden. Viele dieser Sorten werden nicht direkt von Monsanto, sondern von unabhängigen Saatgutfirmen produziert, die hierfür Lizenzgebühren entrichten.

15 Nach dem Standortregister des BVL. www.bvl.bund.de/cln_027/nn_491658/DE/06_Gentechnik/07_Standortregister/gentechnik_standortregister_node.html_nnn=true [20.09.2010].

Rentabilitätsgrenze einer Schädlingsbekämpfung wird durch den Befallsdruck bestimmt, unterhalb einer gewissen Befallsrate wird der Ertragsausfall hingenommen.

Zu den Strategien der Schädlingsbekämpfung gehören ackerbauliche Maßnahmen, der Einsatz chemischer oder biologischer Pflanzenschutzmittel und biologische Verfahren (Trichogramma-Schlupfwespen)^{16 17} sowie der Anbau von gentechnisch veränderten Bt-Maissorten, die gegen den Maiszünsler resistent sind. Die Maßnahmen haben jeweils Vor- und Nachteile: Boden- und Witterungsverhältnisse erlauben nicht immer eine effiziente Bodenbearbeitung, die zudem ein gemeinsames Vorgehen der Landwirtinnen und Landwirte einer Region erfordert. Das Versprühen von Pflanzenschutzmitteln ist nur in einem schmalen Zeitfenster von Beginn des Falterflugs bis zur Eiablage wirksam, gleiches gilt für die biologische Schädlingsbekämpfung¹⁸. Der Einsatz von Bt-Mais ist erst bei einem relativ hohem Schädlingsbefallsdruck wirtschaftlich: Geringere Kosten der Schädlingsbekämpfung und weniger schädlingsbedingte Ertragsausfälle stehen einem höheren Preis für das Saatgut entgegen.

Insektenresistenter Mais MON 810 in Spanien/EU

In Spanien wird insektenresistenter Bt-Mais MON 810 seit 1998 angebaut. Seit dem Anbaujahr 2006 macht seine Anbaufläche inzwischen cirka 30 % (2012: 116.000 ha) der spanischen Mais-Anbaufläche aus.¹⁹ Alle Anbauflächen liegen in Regionen mit einem mittleren bis hohem Befallsdruck. In den ersten Anbaujahren haben spanische Landwirtinnen und Landwirte ihren Ertrag um durchschnittlich 6,3 % mit dem Anbau des Bt-Maises steigern können. Den Preisaufschlag für das Saatgut konnten sie durch Einsparungen bei den Insektiziden ausgleichen, so dass sich ihr wirtschaftliches Ergebnis bei hohem Befallsdruck im Saldo um durchschnittlich 12,9 % (5,5 %– 32,5 %) verbessert hat (Brookes, 2002).

Spanien ist das einzige Land der EU, in dem gentechnisch veränderte Pflanzen im großen Stil angebaut werden. Allein auf Spanien entfallen rund 85 % der EU-Anbauflächen mit gentechnisch veränderten Pflanzen.

16 Schlupfwespen der Gattung Trichogramma werden zu den Nützlingen gezählt und werden gezielt gegen eine Reihe von Schädlingen, vor allem schädliche Schmetterlingsarten, eingesetzt. Die Trichogramma-Schlupfwespen parasitieren die Eier des Schädlings, so dass sich dieser erst gar nicht mehr entwickeln kann.

17 www.transgen.de/anbau/btkonzept/667.doku.html [20.09.2010].

18 www.transgen.de/anbau/btkonzept/667.doku.html [20.09.2010].

19 www.transgen.de/anbau/eu_international/531.doku.html [23.10.2012].

Vergleich USA und Europa

Die US-amerikanischen Erfahrungen bei der landwirtschaftlichen Nutzung von gv-Pflanzen können nicht auf Europa übertragen werden. In Deutschland stehen dem realisierbaren Wettbewerbsvorteil spezifische finanzielle Nachteile gegenüber: zum Beispiel die Kosten zur Einhaltung der Koexistenz und das finanzielle Risiko, als Nutzer gentechnisch veränderter Sorten selbst beim Einhalten der vorgeschriebenen Maßnahmen zu Schadenersatz herangezogen werden zu können (siehe Kapitel 6). Der Deutsche Bauernverband rät den Landwirtinnen und Landwirten daher gegenwärtig vom Anbau gentechnisch veränderter Sorten ab (DBV, 25.11.2010). Aufgrund der anderen Landwirtschaftsstrukturen, der unverändert geringen öffentlichen Akzeptanz gentechnisch veränderter Pflanzen (die in der EU anders als in den USA zu kennzeichnen sind), der komplizierten Zulassung und der besonderen Vorschriften zur Koexistenz, bleibt ein ähnlich schneller Adaptionsprozess wie in den USA auch in der Zukunft unwahrscheinlich.

Das Problem asynchroner Zulassung beim Import von Futtermitteln

Die in den USA und Europa unterschiedlichen Rechtsvorschriften für die Zulassung und Nutzung von gv-Pflanzen wirken sich auch auf den transatlantischen Agrarhandel aus. Die EU führt jährlich 35 bis 40 Millionen Tonnen Sojabohnen und Sojaschrot ein, die überwiegend als Futtermittel verwertet werden. Die europäische Fleischerzeugung und Nutztierhaltung ist auf den Import eiweißreicher Futtermittel angewiesen.

Die nach Europa eingeführten Sojalieferungen stammen überwiegend aus Brasilien, USA und Argentinien, in denen großflächig gv-Sojabohnen angebaut werden. Bei der Erzeugung, aber auch bei Ernte und Transport sind „zufällige, technisch unvermeidbare“ GVO-Gehalte kaum zu vermeiden. Bleiben diese unter dem in der EU geltenden Schwellenwert von 0,9 % sind diese Lieferungen ohne Kennzeichnung verkehrsfähig. Auch Agrarrohstoffe aus Mais, Raps, Zuckerrüben und Baumwolle werden aus Nord- und Südamerika nach Europa eingeführt, wenn auch in deutlich geringeren Mengen als bei Soja.

In Nordamerika – und ähnlich auch in Südamerika – werden deutlich mehr gv-Pflanzenlinien (Events) angebaut als in Europa als Lebens- und Futtermittel zugelassen sind. In den USA sind 90 verschiedene gv-Pflanzen für den Anbau zugelassen, in Kanada 69 und in Brasilien 28. Die EU hat im April 2012 für 40 gv-Pflanzen eine Genehmigung als Lebens- und Futtermittel erteilt. 54 weitere Anträge warten bei der Europäischen Behörde für Lebensmittel-

sicherheit (EFSA) auf den Abschluss der Sicherheitsbewertung.²⁰ Bei elf weiteren ist diese abgeschlossen, ohne dass über deren Zulassung entschieden worden ist. Heute dauert eine Zulassung in der EU im Schnitt drei Jahre, in den USA wird das Verfahren weiter gestrafft und soll künftig weniger als ein Jahr betragen.

Die Folgen dieser asynchronen Zulassungspraxis werden daher weiter zunehmen. Nicht in der EU als Lebens- und Futtermittel zugelassene gv-Pflanzen dürfen nicht in die EU eingeführt werden. Für die EU gilt hier eine Null-Toleranz-Grenze,²¹ so dass Lieferungen selbst bei kleinsten GVO-Spuren in der EU nicht verkehrsfähig sind (Töpfer International, 2010). Nach einer Studie des niederländischen LEI-Instituts (Aramyan et al., 2009) kann die asynchrone Zulassungspraxis in den Erzeuger- und Empfängerländern zu einer Verknappung der Futtermittel und damit zu deutlichen Preissteigerungen für die Tierhaltung in der EU führen. Zum gleichen Ergebnis kommt eine Studie von Stein und Rodríguez-Cerezo (2009), die einen Blick darauf richtet, welche neuen gentechnisch veränderten Pflanzen bis 2015 voraussichtlich eine Zulassung erhalten.

5.4 Anbau gentechnisch veränderter Pflanzen in Indien

Indien ist in vielerlei Hinsicht ein Paradebeispiel für den öffentlichen Streit um den Einsatz gentechnisch veränderter Pflanzen. Im Zentrum steht dabei besonders die Frage, inwieweit der Einsatz von gv-Pflanzen Vorteile für Landwirtinnen und Landwirte in Ländern besitzt, in denen die Agrarstrukturen kleinbäuerlich geprägt und deutlich weniger technisiert sind als in den Industrieländern. Der Anbau gentechnisch veränderter Baumwolle mit Insektenresistenz in Indien begann im Jahr 2002 und verblieb bis 2004 auf relativ geringem Niveau unter 10 % der Baumwoll-Anbauflächen. In den beiden Folgejahren verdoppelten sich die Anbauflächen mit gentechnisch veränderter Bt-Baumwolle und erreichten 2011 einen Anteil von 88 % des Gesamtbaumwollanbaus (James, 2011).

20 Vgl. dazu auch Kapitel 6; siehe dazu transGEN-Datenbank Zulassungen. www.transgen.de/zulassung/gvo/ [24.02.2013].

21 Im November 2011 wurde für nicht zugelassene GVO eine Toleranzgrenze von 0,1 % eingeführt, die sich an der technischen Nachweisgrenze orientiert. Bei Lebensmitteln gilt jedoch weiterhin die absolute Nulltoleranz.

Aus einer siebenjährigen Untersuchung (2002 bis 2008) geht hervor, dass der Anbau von Bt-Baumwolle zu einer Ertragssteigerung von durchschnittlich 24 % führte, bedingt durch geringere Verluste durch Schädlinge (Kathage/Qaim, 2012). Der Anbau von Bt-Baumwolle führte zu einem Gewinnzuwachs um 50 % beziehungsweise zu einem Gewinn von 38 US\$/ha. Nach Brookes und Barfoot (2012) betrug der Einkommenszuwachs für die Landwirtinnen und Landwirte auf nationaler Ebene durch den Anbau von Bt-Baumwolle 2,5 Milliarden US\$ im Jahr 2010.

5.4.1 Prekäre Agrarstrukturen als Ursache von Selbsttötungen

Verschiedene Texte und Nachrichtenmeldungen bringen die wachsende Nutzung gentechnisch veränderter Sorten in Verbindung mit einem Anstieg von Selbstmorden unter indischen Kleinbäuerinnen und Kleinbauern (Sahai, 2005; The Independent, 05.10.2008; International Herald Tribune, 31.05.2006). Die hohe Zahl solcher Selbstmorde wird von der indischen Gentechnikkritikerin Vandana Shiva bereits vor dem Anbaubeginn gentechnisch veränderter Sorten als Ergebnis einer falschen Agrarstrukturpolitik thematisiert (Shiva et al., 2002). Hauptgrund ist vor allem die prekäre finanzielle Situation vieler indischer Kleinbauern, die ohne eigene Rücklagen Kredite zu überzogenen Zinsen aufnehmen müssen, um Investitionen in Maschinen oder den Kauf von Dünger, Pflanzenschutzmitteln und Saatgut finanzieren zu können.

Weitere Probleme der indischen Agrarstrukturen sind Mängel bei der Bewässerung, der Ausbildung der Landwirtinnen und Landwirte und das Fehlen staatlicher Sicherungssysteme. Vor diesem Hintergrund sind viele indische Landwirtinnen und Landwirte besonders verwundbar beim Ausbleiben von Regen oder bei Preisschwankungen ihrer Erzeugnisse. An den Agrarstrukturen und der Verwundbarkeit der Kleinbauern ändert der Einsatz gentechnisch veränderter Saatguts zunächst nichts. Potenziell höheren Flächenerträgen und geringeren Pestizidkosten stehen höhere Kosten beim Saatgut gegenüber, die vorab aufgebracht werden müssen. Selbst wenn die Ernteerträge durchschnittlich²² deutlich ansteigen, besteht hierfür keine Garantie, und auch die Abhängigkeit vom schwankenden Weltmarktpreis für Baumwolle bleibt prinzipiell bestehen.²³ Ferner müssen sekundäre Schädlinge wieder mit Pestiziden bekämpft werden.

22 Nicht nur für den Zeitverlauf, sondern auch für die unterschiedlichen Anbauregionen sind deutliche Schwankungen zu verzeichnen.

23 Zwischen 1987 und 2012 schwankte der Weltmarktpreis bei Baumwolle zwischen 35 und 113 US-Cents/Pound. www.indexmundi.com/commodities/?commodity=cotton&months=300 [09.10.2012].

Eine weitere Gefahr geht von Schädlingen aus, die gegen das Toxin in den insektenresistenten Pflanzen resistent geworden sind. Tatsächlich sind erste Resistenzen bei Schädlingen aufgetreten. Davon betroffen sind Sorten der Bt-Baumwolle Bollgard I; die neuere Sorte Bollgard II mit zwei verschiedenen Bt-Proteinen ist davon derzeit nicht betroffen.

Diese Faktoren sind bekannt und gelten nicht allein für den Baumwollanbau in Indien. Die Schlüsselfrage ist, inwieweit unter den Bedingungen der indischen Agrarstrukturen die Nutzung gentechnisch veränderter Sorten die Situation indischer Kleinbauern verbessert oder verschärft. Eine Antwort gibt hierauf eine Studie des International Food Policy Research Institutes, die den Zusammenhang zwischen den Selbstmorden und dem Anbau gentechnisch veränderter Baumwolle in Indien auf Basis der verfügbaren Daten wissenschaftlich untersucht (Gruère et al., 2008). Das Fazit hierin: Die Selbstmordrate indischer Bäuerinnen und Bauern steht in keinem direkten Zusammenhang zum Anbau gentechnisch veränderter Baumwollsorten; dem Anstieg der Selbstmorde in Indien insgesamt steht sogar ein sinkender Anteil von Selbsttötungen unter Landwirten gegenüber. Als Ursache der Selbstmorde werden die generellen Agrarstrukturen, hierbei vor allem das Kreditsystem sowie das Fehlen von Bewässerungssystemen in von Trockenheit betroffenen Regionen, benannt. Die Autorinnen und Autoren machen auch auf Probleme zu Beginn der Einführung gentechnisch veränderter Sorten aufmerksam: neben den Wetterbedingungen und den niedrigen Baumwollpreisen vor allem eine inadäquate Schulung und Anbaupraxis sowie der Einsatz von Sorten, die nicht für alle Standorte und Anbauweisen geeignet waren.²⁴ Trotz dieser Anfangsschwierigkeiten sehen die Autorinnen und Autoren die stetig gestiegenen Anbauquoten insektenresistenter Sorten in allen indischen Bundesstaaten als Beleg, dass selbst Kleinbauern in den am meisten von Selbstmorden betroffenen Provinzen in der Nutzung gentechnisch veränderter Sorten einen unmittelbaren Vorteil für sich sehen. Gerade Kleinbäuerinnen und Kleinbauern, welche den überwiegenden Anteil des Baumwollanbaus in Indien ausmachen, profitieren vom Anbau von Bt-Baumwolle (Kathage/Qaim, 2012).

24 Diese Erkenntnisse sind gerade für Entwicklungs- und Schwellenländer von großer Bedeutung, die die Einführung insektenresistenter Sorten überlegen bzw. vorbereiten.

5.4.2 Marktentwicklung für gentechnisch veränderte Sorten

Bei den angebauten Baumwollsorten handelte es sich zunächst in erster Linie um solche, die auf die Events Bollgard I (seit 2002) und Bollgard-II (seit 2006) des US-amerikanischen Konzerns Monsanto zurückgehen. Im Jahr 2009 kamen diese Sorten auf 71,4 % und 19,5 % der Anbaufläche für Bt-Baumwolle zum Einsatz. Seit 2006 wurden vier weitere Events anderer Firmen zum Anbau zugelassen, auf die davon abgeleiteten Sorten entfielen jedoch zusammen weniger als 1 % der Anbaufläche. Bemerkenswert ist daran, dass es sich dabei nicht um Großkonzerne aus Industriestaaten, sondern um vier indische Firmen handelt. Offenkundig wird die Gentechnologie in diesem Schwellenland auch von der eigenen Forschung und Entwicklung aufgegriffen. Abzuwarten bleibt, welchen Marktanteil die indischen Sortenentwicklungen erlangen.

Die Zahl der in Indien zugelassenen Bt-Baumwollsorten ist von drei Sorten im Jahr 2002 auf rund 880 Sorten im Jahr 2011 angestiegen (Kathage/Qaim, 2012).

Trotz des Erfolges der Bt-Baumwolle bleibt die Zukunft anderer gentechnisch veränderter Kulturarten in Indien abzuwarten. Im Februar 2010 entschied der zuständige indische Umweltminister den Anbau einer gentechnisch veränderten Aubergine (Brinjal) vorerst nicht zu gestatten und weitere unabhängige wissenschaftliche Untersuchungen über mögliche ökologische und gesundheitliche Langfristfolgen durchführen zu lassen. Zuvor hatte die zuständige indische Fachbehörde die Sicherheitsüberprüfung ohne Beanstandungen abgeschlossen.²⁵ Im Oktober 2012 wird ein Urteil des Obersten indischen Gerichtshofs zu Freilandversuchen mit gv-Pflanzen erwartet. Eine vom Gericht eingesetzte Kommission hat ein zehnjähriges Moratorium für solche Versuche empfohlen.²⁶

Wie bereits beim Einsatz der Bt-Baumwolle zeigen sich in der Kontroverse um insektenresistente Auberginen die klassischen Konfliktlinien bezüglich des Gentechnikeinsatzes bei Saatgut. Jenseits ökologischer, ökonomischer und gesundheitlicher Fragen lassen sich die Pro- und Kontra-Lager danach unterscheiden, welche unterschiedlichen Grundüberzeugungen über die ökologische, ökonomische und soziale Ausrichtung der Agrarproduktion vertreten werden. Während die eine Seite gentechnisch veränderte Sorten als Elemente einer grundsätzlich falschen Agrarstruktur bewertet und prinzipiell andere Anbauverfahren favorisiert, sind für die

25 www.transgen.de/aktuell/1156.doku.html [20.09.2010].

26 Indien: Der Streit um die Grüne Gentechnik spitzt sich zu. www.transgen.de/aktuell/1692.doku.html [25.10.2012].

andere Seite solche Sorten vorteilhafte technische Innovationen im Rahmen bestehender Anbaustrukturen. Die Frage des Einsatzes gentechnisch veränderter Sorten ist dabei letztlich eine Chiffre für den Grundsatzstreit um die „richtige“ Ausrichtung der Landwirtschaft.

5.5 Langfristiger Betrachtungshorizont: Resistenzen, Koexistenz und Markttrennung

Der ökonomische Nutzen gentechnisch veränderter Sorten wird durch langfristige Entwicklungen und äußere Faktoren mitbestimmt. Hierzu zählen Veränderungen bei Angebot, Nachfrage und Marktpreisen sowie der politische Rahmen. Eine wichtige Frage ist, ob die Bekämpfung von Schädlingen und Unkräutern auch auf längere Sicht effektiv funktioniert.

5.5.1 Kosten des Resistenzmanagements

In der Tat können statt der primären andere, zuvor weniger bedeutende Schädlinge zum Hauptproblem werden (Benett, 2005).²⁷ Weitere Probleme sind Schädlinge, die gegen das Bt-Toxin der gentechnisch veränderten Pflanzen resistent sind, oder herbizidresistente Unkräuter. Solche Resistenzprobleme bestehen zwar prinzipiell genauso in der konventionellen Landwirtschaft, allerdings verstärkt ein vermehrter Anbau von Nutzpflanzen mit demselben Wirkmechanismus gegen Unkräuter oder Schädlinge den Selektionsdruck und beschleunigt damit die Bildung von Resistenzen. Der ökonomische Vorteil wiederum hängt an der Wirksamkeit der Abwehrstrategie gegen Unkräuter oder Schädlinge. Falls Sorten ihren Vorteil einbüßen, müssen Landwirte die Möglichkeit behalten, auf andere Sorten – gentechnisch veränderte oder konventionelle – umzusteigen, möglichst ohne ökonomische Einbußen. Dies setzt funktionierende Märkte im Saatgutsektor voraus. Trotz der Firmenfusionen und -käufe auf dem Gebiet der Agrarchemie und der Saatgutproduktion haben Landwirtinnen und Landwirte gegenwärtig die Auswahl zwischen verschiedenen Anbietern.

Die Verhinderung der Resistenzbrechung gehört zu den indirekten Kosten, die Landwirte beim Anbau gentechnisch veränderter Sorten zu berücksichtigen haben. So wird in den USA

²⁷ Da die Insektenresistenz spezifisch gegen einen bestimmten Schädling wirkt, muss gegen die sekundären Schädlinge im Regelfall mit Insektiziden vorgegangen werden. Die Frage ist daher nicht, ob sie auftreten, sondern in welcher Intensität und ob die entsprechenden Bekämpfungskosten über den sonst üblichen liegen.

der Gefahr einer Resistenzbrechung bei Bt-Pflanzen durch ein adäquates Resistenzmanagement begegnet (Marquard/Durka, 2005). Dies bedeutet beispielsweise für Bt-Mais, dass nach Vorgabe der EPA mindestens ein Fünftel der Anbaufläche Refugien ohne Bt-Mais sein müssen, andernfalls verlieren Farmerinnen und Farmer ihre Erlaubnis zum Anbau der insektenresistenten Mais-Sorte.

5.5.2 Kosten der Koexistenz auf Anbauebene

In Deutschland müssen beim Anbau von gv-Pflanzen zur Einhaltung der Koexistenz bestimmte Sorgfaltspflichten und Maßnahmen, etwa Mindestabstände von Feldern mit gv-Pflanzen zu Feldern ohne gv-Pflanzen, eingehalten werden, was ebenfalls mit zusätzlichen Kosten verbunden ist. Damit sollen Einkreuzungen und Gehalte von GVO-Material in konventionelle, ohne Nutzung von gv-Pflanzen erzeugter Produkte minimiert werden. Diese gesetzlich fixierten Koexistenzregelungen bilden einen wesentlichen Unterschied zwischen den USA und Deutschland beziehungsweise der EU insgesamt.

Der gegenwärtige Rechtsrahmen in Deutschland weist die Koexistenzkosten auf der Erzeugungsebene hauptsächlich den Landwirtinnen und Landwirten zu, die gentechnisch veränderte Pflanzen anbauen. In den vor- und nachgelagerten Sektoren (Saatgut, Futtermittel, Verarbeitung und Handel) trägt die Wertschöpfungskette ohne Gentechnikeinsatz die Kosten (Wissenschaftlicher Beirat für Agrarpolitik, 2010).

Entscheidend für die Höhe der Koexistenzkosten auf der landwirtschaftlichen Betriebsebene sind die gesetzlich verankerten Schwellenwerte, also die zulässigen Höchstgrenzen für eine Auskreuzung transgenen Materials in Pflanzen auf Nachbarfeldern (DG Agri, 2000). Je niedriger der Schwellenwert, umso höher werden die Kosten, ihn einzuhalten. Koexistenzkosten entstehen dem Landwirt für Sicherheitsabstände und Pufferreihen, die Kontrolle des Durchwuchses, die Reinigung der Saatmaschinen, Erntemaschinen und Transportmittel sowie für allgemeine Managementkosten, etwa den gesetzlich vorgeschriebenen Eintrag in das Standortregister sowie die Informationspflichten gegenüber den Nachbarbetrieben.

Der Anteil der Koexistenzkosten ist in kleinteilig strukturierten landwirtschaftlichen Regionen mit kleinen Feldgrößen höher. In einzelnen Fällen können sie die mit dem Anbau von gv-Sorten möglichen Mehrerlöse überschreiten (Oehen/Stolze, 2009).

Eine weitere Frage ist, wer die Kosten trägt, wenn – trotz Einhaltung aller Koexistenzvorschriften – gentechnisch veränderte Sorten auf Nachbarfelder auskreuzen, so dass der Schwellenwert überschritten wird.

lenwert für GVO-Gehalte von 0,9 % im Erntegut überschritten wird. Dem Landwirt der hier von betroffenen Fläche kann ein ökonomischer Schaden entstehen, falls er seine Ernte nicht oder nur zu einem reduzierten Preis absetzen kann. Das deutsche Gentechnikgesetz sieht für einen solchen Fall eine gesamtschuldnerische und verschuldensunabhängige Haftung aller Landwirte vor, die gentechnisch veränderte Pflanzen anbauen (siehe Kapitel 6.3). Infolgedessen sind Nutzerinnen und Nutzer gentechnisch veränderter Sorten einem schwer kalkulierbaren Risiko ausgesetzt. Während Befürworterinnen und Befürworter des Anbaus gentechnisch veränderter Pflanzen die abschreckende Wirkung dieser Regelungen kritisieren, bemängeln Kritikerinnen und Kritiker, dass ausschließlich ökonomische Schäden ab dem Schwellenwert über 0,9 % abgedeckt sind. Unvorhergesehene ökologische Schäden werden vom Gentechnikgesetz ebenso wenig erfasst wie wirtschaftliche Schäden, die bei Einträgen unterhalb des Schwellenwerts auftreten (BVL, 2010), zum Beispiel wenn sich ein Landwirt vertraglich zur Einhaltung niedrigerer GVO-Gehalte verpflichtet hat.

5.5.3 Kosten der Markttrennung

Zu den skizzierten Kosten auf der Ebene der landwirtschaftlichen Produktion kommen die Kosten der Markttrennung und Kennzeichnung auf der Ebene der Verarbeitung und des Verkaufs gentechnisch veränderter Pflanzen hinzu (siehe Kapitel 6.3). In der EU ist für die Verarbeitung von Rohwaren bis hin zu Lebensmitteln ein umfangreiches und kostenaufwändiges Zertifizierungssystem erforderlich. Um Vermischungen zu vermeiden, müssen außerdem zwei getrennte Logistiksysteme vorgehalten werden, beispielsweise die separate Lagerung, der Transport und die Verarbeitung oder das Reinigen von Silos oder Verarbeitungsanlagen nach dem Durchsatz gentechnisch veränderter Pflanzen. Diese Kosten tragen alle Firmen der Produktions- und Warenketten beziehungsweise die Endverbraucherinnen und -verbraucher gemeinsam.

Mathias Boysen, Gerd Spelsberg, Heike Baron

6. Politischer Rahmen der grünen Gentechnologie in Deutschland und der EU

6.1 Freisetzungsversuche mit gentechnisch veränderten Pflanzen

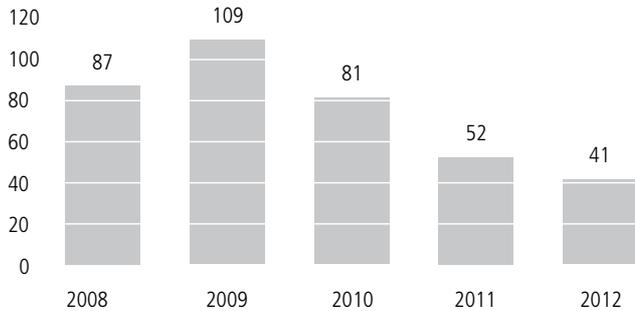
Nach den in der EU geltenden gemeinschaftlichen Rechtsvorschriften ist jede absichtliche Freisetzung eines gentechnisch veränderten Organismus in die Umwelt genehmigungspflichtig (EU-Freisetzung-Richtlinie 2001/18/EG (EU 2001b)). Das betrifft sowohl experimentelle Freilandversuche zu Forschungszwecken wie eine kommerzielle landwirtschaftliche Nutzung gentechnisch veränderter Pflanzen. Anträge zur Genehmigung von Freisetzungsversuchen („zu anderen Zwecken als dem Inverkehrbringen“) werden bei der zuständigen Behörde des EU-Staates gestellt, in dem die Freisetzung erfolgen soll. Anträge müssen unter anderem Informationen zum gentechnisch veränderten Organismus enthalten, zur eingeführten Gensequenz, zum Freisetzungszeitraum, zur Freisetzungsfläche sowie zur Entsorgung der gentechnisch veränderten Organismen. Auf der Basis des Antrages entscheidet die zuständige Behörde über dessen Annahme oder Ablehnung.

Jede Freisetzung eines GVO wird fallweise („case by case“) geprüft. Für die Freilandversuche mit neu entwickelten gv-Pflanzen, für deren Verhalten in der Umwelt noch keine spezifischen Erfahrungen vorliegen, erteilen die Behörden eine Genehmigung in der Regel unter Auflagen, etwa Zäune oder Netze, um Tiere abzuhalten, Abstandsflächen oder „Fängerpflanzen“, die Pollen sammeln. Später, wenn mehr Erfahrungen vorliegen, werden diese Auflagen schrittweise („step by step“) gelockert. Die Öffentlichkeit muss über alle Freisetzungsvorhaben informiert werden, Einzelpersonen oder Gruppen können innerhalb einer Frist Stellung beziehen.

Seit mehreren Jahren geht die Zahl der Freisetzungsversuche mit gv-Pflanzen sowohl in der gesamten EU wie auch in Deutschland zurück (siehe Abbildung 1 und 2).¹

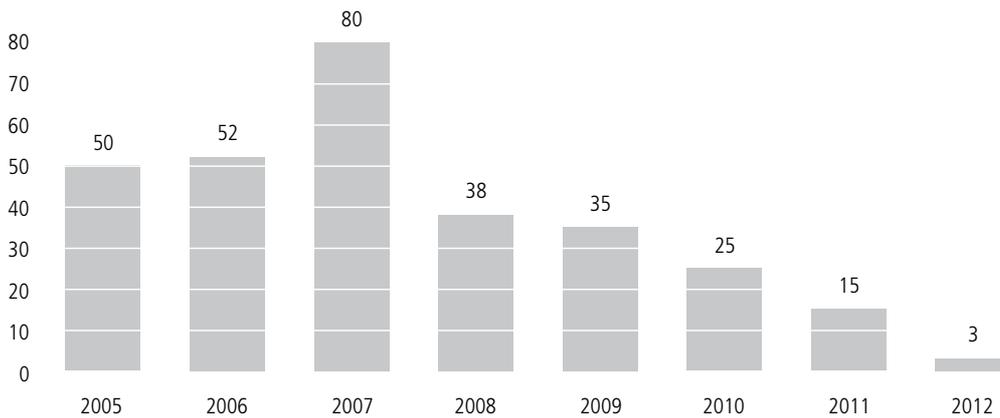
1 Joint Research Centre. Deliberate release into the environment of plants GMOs for any other purposes than placing on the market (experimental releases). http://gmoinfo.jrc.ec.europa.eu/gmp_browse.aspx; BVL, Standortregister. http://apps2.bvl.bund.de/stareg_web/showflaechen.do [beide Links: 24.02.2013].

Abbildung 1: Freisetzungen mit gv-Pflanzen in der EU 2008–2012



Anzahl der von den Mitgliedstaaten gemeldeten Anträge ▶ Quelle: JRC, Joint Research Centre; Stand: Juli 2012.

Abbildung 2: Freisetzungen gentechnisch veränderter Pflanzen in Deutschland



Anzahl Standorte nach dem Standortregister des BVL; Stand: Sommer 2012.

6.2 Zulassung von gentechnisch veränderten Pflanzen, Lebens- und Futtermitteln

Die Zulassung von GVO für eine kommerzielle Nutzung (Inverkehrbringen) wird in der EU-Verordnung (1829/2003) über gentechnisch veränderte Lebens- und Futtermittel geregelt (EU, 2003a). Dabei wird nach verschiedenen Anwendungszwecken unterschieden:

- ▶ Zulassung von gv-Pflanzen für den Anbau in der EU,²
- ▶ Zulassung als vermehrungsfähiger GVO (etwa Import von Maiskörnern oder Rapssaat in die EU),
- ▶ Zulassung als (nicht vermehrungsfähiges) Lebens- und Futtermittel, welches aus einem GVO hergestellt ist (im Folgenden als GVO-Produkt bezeichnet).

Grundsätzlich ist ein GVO oder ein GVO-Produkt nur dann zulassungsfähig, wenn es nach dem derzeitigen Stand des Wissens genau so sicher ist wie ein konventionelles Vergleichsprodukt – hinsichtlich des Verhaltens in der Umwelt, aber auch in Bezug auf die menschliche und tierische Gesundheit (siehe Kapitel 4). Bei den Zulassungsvoraussetzungen wird nicht zwischen einer Verwendung als Lebensmittel und der als Futtermittel unterschieden. Der Antragsteller muss geeignete, nach wissenschaftlichen Standards erhobene Daten vorlegen, die ausreichend sind, um eine Sicherheitsbewertung durchführen zu können.³

Zulassungen zum Inverkehrbringen von GVO und GVO-Produkten sind in der EU grundsätzlich auf zehn Jahre begrenzt. Eine Erneuerung ist möglich.

Anträge auf Inverkehrbringen von gentechnisch veränderten Pflanzen sind bei der zuständigen Behörde eines Mitgliedsstaates der EU beziehungsweise der Europäischen Behörde für Lebensmittelsicherheit (EFSA) einzureichen. Die Antragsunterlagen müssen Angaben zum gentechnisch veränderten Organismus und zu möglichen Auswirkungen auf die menschliche Gesundheit (bei Futtermitteln die Gesundheit von Tieren) sowie die Umwelt enthalten. Auf der Grundlage einer wissenschaftlichen Sicherheitsbewertung des für GVO zuständigen Expertengremiums erstellt die EFSA eine abschließende Stellungnahme, die neben der Sicherheitsbewertung Angaben zu einem für den jeweiligen GVO spezifischen, validierten Nachweisverfahren, zur Kennzeichnung und zum Nachzulassungsmonitoring enthält. Auf der Grundlage der EFSA-

2 Eine Zulassung einer gv-Pflanze für den Anbau kann auch nach der Freisetzung-Richtlinie 2001/18/EG erfolgen. Dabei wird der Antrag zunächst bei der zuständigen Behörde eines Mitgliedsstaates eingereicht, der ihn zusammen mit einem „Erstbericht“ an die EFSA weiterleitet. Zulassungsanforderungen und Entscheidungsfindung sind bei Verfahren nach 2001/18/EG und 1829/2003 gleich.

3 Die EFSA-Leitlinien für die Sicherheitsbewertung von gv-Pflanzen und den daraus hergestellten Lebens- und Futtermitteln wurde zuletzt 2008 überarbeitet (EFSA, 2008). Derzeit sind neue Leitlinien mit erweiterten Anforderungen in Vorbereitung. Diese sollen einen rechtsverbindlichen Status bekommen.

Stellungnahme arbeitet die EU-Kommission einen Entscheidungsvorschlag über den Antrag aus und leitet ihn an die Mitgliedstaaten weiter.

Zunächst im Ständigen Ausschuss für die Lebensmittelkette und Tiergesundheit oder später im „Beschwerdeausschuss“⁴ muss eine Entscheidung für oder gegen die Zulassung getroffen werden. In beiden Gremien sind alle Mitgliedsstaaten der EU vertreten, Entscheidungen erfolgen mit der sogenannten qualifizierten Mehrheit nach in den EU-Verträgen festgelegten Regeln. Wird eine solche Mehrheit nicht erreicht, setzt die Europäische Kommission ihren Entscheidungsvorschlag in Kraft. Dies war in der Vergangenheit der Regelfall.

Alle GVO-Zulassungen gelten unmittelbar und in allen EU-Mitgliedstaaten. Vor allem Anbauzulassungen von einzelnen gv-Pflanzen werden jedoch von einzelnen Mitgliedstaaten immer wieder außer Kraft gesetzt. Sie berufen sich dabei auf das Recht, nationale Schutzklauseln („safeguard clauses“) zu erlassen,⁵ sofern neue wissenschaftliche Erkenntnisse das Ergebnis der Sicherheitsbewertung und damit die Grundlage der erteilten Zulassung in Zweifel ziehen.

Hiervon wird von den Mitgliedsländern regelmäßig Gebrauch gemacht, auch Deutschland bei dem im April 2009 verhängten Verbot des Anbaus von MON 810. Die wissenschaftliche Überprüfung der geltend gemachten Bedenken obliegt der EFSA. Die Europäische Kommission hat bei wissenschaftlich unbegründeten Verboten das Recht, eine Aufhebung eines nationalen Bans zu beantragen. Die Entscheidung hierüber treffen die Mitgliedsländer im Ministerrat ebenfalls mit qualifizierter Mehrheit. So lehnte der Umweltministerrat im März 2009 den Antrag der Europäischen Kommission ab, das nationale Anbauverbot von MON 810 in Österreich und Ungarn aufzuheben; dieses bleibt damit in Kraft (ENS, 02.03.2009). In mehreren Fällen hat die EFSA die vorgebrachten wissenschaftlichen Begründungen für nationale Anbauverbote zurückgewiesen – exemplarisch etwa das Verbot für MON 810 in Frankreich (EFSA, 2012). Für eine Aufhebung der nationalen Verbote ist jedoch eine politische Mehrheit in den EU-Gremien erforderlich. Solange diese fehlt, sind die meisten nationalen Verbote entgegen der Stellungnahme der zuständigen wissenschaftlichen Fachbehörde weiterhin wirksam.

4 Im Vertrag von Lissabon ist das Verfahren, wie die Mitgliedsstaaten an den Entscheidungen der EU-Kommission mitwirken, geändert worden. Bei den Entscheidungen über GVO-Zulassungen ist an Stelle einer formellen Abstimmung im Ministerrat der „Beschwerdeausschuss“ getreten. Damit soll das Verfahren vereinfacht und abgekürzt werden. Auch im Beschwerdeausschuss (Appeal Committee) sind qualifizierte Mehrheiten der Mitgliedsstaaten erforderlich.

5 Nach Artikel 18 der Richtlinie 2002/53/EG (EU, 2002).

In einem Urteil vom September 2009 hat der Europäische Gerichtshof enge Grenzen für nationale Verbote von in der EU zugelassenen gv-Pflanzen gezogen. Danach sind Mitgliedsstaaten nur dann zum Erlass von „Sofortmaßnahmen“ berechtigt, wenn eine Situation vorliegt, „in der ein erhebliches Risiko bestehen kann, das offensichtlich die Gesundheit von Mensch und Tier oder die Umwelt gefährdet“ (EuGH, 2011). Solche Maßnahmen können, so der EuGH, „nur getroffen werden, wenn sie auf eine möglichst umfassende Risikobewertung unter Berücksichtigung der besonderen Umstände des konkreten Falles gestützt sind, die erkennen lassen, dass diese Maßnahmen geboten sind“ (ebd.). Bisher sind einmal verhängte nationale Verbote auf EU-Ebene nicht wieder aufgehoben worden, da dazu erforderliche politische Entscheidungen an den notwendigen qualifizierten Mehrheiten in der EU gescheitert sind.

Um den Mitgliedsstaaten einen größeren politischen Handlungsspielraum zu eröffnen, strebt die EU-Kommission seit 2009 an, die Möglichkeit nationaler Anbauverbote regulär zuzulassen. Im Oktober 2012 ist dieser Plan jedoch an der nicht ausreichenden Zustimmung der Mitgliedsstaaten gescheitert (EU, 2010b).

6.3 Regeln für die Nutzung zugelassener gentechnisch veränderter Pflanzen, Lebens- und Futtermittel

6.3.1 Wahlfreiheit und Schwellenwerte

Ein GVO oder ein GVO-Produkt darf in der EU nur dann auf den Markt, wenn es nach dem derzeitigen Stand des Wissens genau so sicher ist wie ein herkömmliches Vergleichsprodukt. Eine bestimmungsgemäße Nutzung eines zugelassenen Produktes – Ausbringung von gv-Saatgut, Anbau von gv-Pflanzen, Verzehr als Lebensmittel, Verwendung als Futtermittel oder nachwachsender Rohstoff – ist daher nicht mit besonderen Gefährdungen oder Beeinträchtigungen verbunden, wie sie nicht auch bei vergleichbaren herkömmlichen Produkten zu erwarten wären. Diesem Prinzip der vorsorgenden Gefahrenabwehr wird der politisch allgemein akzeptierte Grundsatz der Wahlfreiheit zur Seite gestellt. Entsprechend sind beim Umgang mit GVO-Produkten in der EU zahlreiche weitere Rechtsvorschriften zu beachten. Sie betreffen unter anderem die Kennzeichnung bei Lebensmitteln und die „gute fachliche Praxis“ beim Anbau von gv-Pflanzen (Koexistenz).

Unabhängig von Sicherheitsaspekten sollen Konsumentinnen und Konsumenten, aber auch Landwirte und Lebensmittelhersteller zwischen Produkten mit und ohne Gentechnik wählen

können. Wer keine gentechnisch veränderten Produkte will, hat darauf einen rechtlich verbrieften Anspruch. Daher sollen unterschiedliche landwirtschaftliche Systeme, ökologische, konventionelle mit und ohne Gentechnik, auf Dauer nebeneinander bestehen können, ohne ihren Grundcharakter zu verlieren. Über die gesamte Warenkette vom Saatgut bis zum Endprodukt ist eine Trennung der Systeme zu gewährleisten.

Da GVO unter natürlichen Bedingungen in einem offenen biologischen System genutzt werden, ist eine absolute Trennung unterschiedlicher landwirtschaftlicher Systeme nicht möglich. Zwar können gegenseitige Einträge und Vermischungen minimiert werden, grundsätzlich auszuschließen sind sie jedoch nicht.

Der Gesetzgeber – die Europäische Union – hat zwar die Wahlfreiheit als grundsätzliches Recht in den Rechtsvorschriften zur Gentechnik verankert, einen umfassenden Rechtsanspruch auf eine absolute GVO-Freiheit in Lebens- und Futtermitteln jedoch abgelehnt. Ein solcher Anspruch wäre nur erfüllbar, wenn in der gesamten EU die Nutzung von gv-Pflanzen im Freiland verboten und zudem die Einfuhr von Agrarrohstoffen aus Nicht-EU-Ländern eingestellt würde.⁶ Dies widerspräche dem politisch getroffenen Grundsatzbeschluss, GVO und GVO-Produkte zuzulassen.

Entsprechend greift die Wahlfreiheit in den europäischen Rechtsvorschriften erst ab einem politisch gesetzten Schwellenwert. Oberhalb des Schwellenwertes müssen GVO-Gehalte in Lebens- und Futtermitteln gekennzeichnet werden, auch wenn in der Zulassung keine besonderen Gefährdungen festgestellt wurden. Er ist deswegen nicht als Hinweis auf bestehenden Gefährdungen gemeint, wie dies bei Grenz- beziehungsweise Höchstwerten zum Beispiel für Pflanzenschutzmittel der Fall ist. Allerdings wird er häufig als Gefahrenhinweis verstanden.

EU-Parlament und Ministerrat haben sich für einen Schwellenwert von 0,9 % entschieden. GVO-Gehalte in Lebens- und Futtermitteln sind ohne Kennzeichnung hinzunehmen,

- ▶ sofern sie bezogen auf die jeweilige Zutat nicht mehr als 0,9 % betragen,
- ▶ sofern es sich um zufällige, technisch unvermeidbare Einträge⁷ handelt,

6 Die EU importiert jährlich 35 bis 40 Millionen Tonnen Sojarahstoffe vor allem aus Brasilien, USA und Argentinien. In allen Erzeugerländern werden nahezu flächendeckend gentechnisch veränderte Sojabohnen angebaut.

7 Der jeweilige Hersteller/Händler muss nachweisen, dass er sich aktiv um eine Vermeidung von GVO-Gehalten bemüht hat und es sich tatsächlich um zufällige, technisch unvermeidbare GVO-Anteile handelt.

- ▶ die betreffenden GVO in der EU als Lebens- und Futtermittel zugelassen sind und sie somit nach dem aktuellen Stand des Wissens als genau so sicher anzusehen sind wie konventionelle Vergleichsprodukte.

Für in der EU noch nicht als Lebens- und Futtermittel zugelassene GVO – deren Sicherheit nach europäischen Standards noch nicht nachgewiesen ist – gilt dagegen „Nulltoleranz“. Jeder Nachweis eines solchen GVO führt unabhängig von der Höhe des gemessenen Anteils zu einem Vermarktungsverbot des betreffenden Produkts.⁸

6.3.2 Kennzeichnung von gentechnisch veränderten Lebensmitteln

Als gentechnisch veränderte Lebensmittel werden Lebensmittel bezeichnet, die aus gentechnisch veränderten Pflanzen, Tieren oder Mikroorganismen bestehen, diese enthalten oder aus diesen hergestellt sind. Nicht die Lebensmittel selbst sind daher gentechnisch verändert, sondern die pflanzlichen Ausgangsprodukte, die für ein Lebensmittel verwendet wurden.

Kennzeichnungspflichtig sind verpackte oder unverpackte Lebensmittel, Zutaten und Zusatzstoffe:

- ▶ die ein GVO (vermehrungsfähiger, gentechnisch veränderter Organismus) sind, daraus bestehen oder diese enthalten,
- ▶ die aus GVO hergestellt wurden.
- ▶ Es ist unerheblich, ob der jeweilige GVO im Endprodukt nachweisbar ist oder nicht.

Im Kern gelten diese Regeln auch für Futtermittel, die in der Landwirtschaft oder der Tierhaltung verwendet werden. Zweck des in Europa geltenden Kennzeichnungskonzepts ist es, produktnah Informationen über die Anwendung der Gentechnik (GVO) anzubieten, unabhängig von der stofflichen Zusammensetzung des jeweiligen Lebensmittels. Damit soll dem Konsumenten ermöglicht werden, seine individuelle Bewertung der Gentechnologie in Kaufentscheidungen einfließen zu lassen. Mit der in der EU 2004 eingeführten prozessorientierten,

⁸ Bei Futtermitteln gilt seit 2011 für nicht zugelassene GVO eine „technische Nachweisgrenze“ von 0,1 %. www.transgen.de/aktuell/1626.doku.html [24.10.2012].

nicht an eine stoffliche Nachweisbarkeit geknüpften Kennzeichnung, ist der Schutz der Verbraucherinnen und Verbraucher vor Täuschung aufwändiger und schwieriger geworden.

Um die anwendungsbezogene Kennzeichnung kontrollieren zu können, müssen in der Lebensmittelwirtschaft geeignete, die gesamte Warenkette umfassende „Rückverfolgbarkeitssysteme“ vorhanden sein. Die Anforderungen sind in der EU gesetzlich vorgegeben (EU, 2003b):

- ▶ Jede/Jeder, der Zutaten oder Agrarrohstoffe aus GVO erzeugt oder mit ihnen handelt, ist verpflichtet, Informationen über alle in einem Lebensmittel oder Rohstoff vorhandenen GVO an die nachfolgende Verarbeitungsstufe weiterzuleiten.
- ▶ Die Unterlagen sind fünf Jahre aufzubewahren.
- ▶ Es soll jederzeit möglich sein, den Weg eines GVO von der Erzeugung bis zum Endprodukt („from farm to fork“) zu verfolgen.
- ▶ Mit der Zulassung erhält jeder GVO eine spezifische ID-Nummer, mit der er jederzeit identifiziert werden kann.
- ▶ Neben „zufälligen technisch unvermeidbaren“ GVO-Gehalten bis zu 0,9 % gibt es weitere GVO-Anwendungen, die von einer gesetzlichen Kennzeichnungspflicht ausgenommen sind:
- ▶ Zusatzstoffe, Aromen, Vitamine, Enzyme und andere Hilfsstoffe, die mit Hilfe gentechnisch veränderter Mikroorganismen hergestellt werden,
- ▶ tierische Lebensmittel wie Milch, Fleisch oder Eier, wenn die Tiere Futtermittel aus gv-Pflanzen erhalten haben.

Vor allem, dass die Verwendung von gv-Futterpflanzen – dem derzeit mengenmäßig bedeutendsten Anwendungsbereich der grünen Gentechnik in Europa – nicht zu einer Kennzeichnung der damit erzeugten tierischen Lebensmittel führt, ist immer wieder kritisiert worden. Eine umfassende Kennzeichnung sei „zwingend erforderlich, um die Wahlfreiheit für den Verbraucher zu gewährleisten“, so etwa ein Beschluss des Bundesrates (Bundesrat, 2010; Drucksache 440/10).⁹

9 [www.bundesrat.de/cln_236/nn_8336/SharedDocs/Drucksachen/2010/0401-500/440-10_28B_29,templated=raw,property=publicationFile.pdf/440-10\(B\).pdf](http://www.bundesrat.de/cln_236/nn_8336/SharedDocs/Drucksachen/2010/0401-500/440-10_28B_29,templated=raw,property=publicationFile.pdf/440-10(B).pdf) [24.02.2013].

Bisher sind jedoch alle Versuche gescheitert, eine Ausweitung der Kennzeichnungspflicht für gentechnisch veränderte Lebensmittel auf die Tagesordnung der Europäischen Politik zu setzen. Entsprechende Vorstöße der deutschen Bundesregierung fanden weder bei der EU-Kommission, noch bei den Mitgliedstaaten Unterstützung.¹⁰

In Deutschland wird die Einhaltung der rechtlichen Bestimmungen (Schwellenwerte und Dokumentationspflicht) durch die Lebensmittelüberwachungsbehörden der Bundesländer überwacht. Bisher wurden nur vereinzelt Verstöße gegen die Kennzeichnungsvorschriften aufgedeckt. Der Anteil der Befunde mit GVO unterhalb des Kennzeichnungsschwellenwertes dagegen ist relativ hoch: In den Jahren 2005–2011 waren in 20–25 % der untersuchten sojahlaltigen Lebensmittel GVO-Anteile unterhalb des Kennzeichnungsschwellenwertes von 0,9 % nachweisbar, bei maishaltigen Produkten lag die Quote bei 3 bis 5 %.¹¹

6.3.3 Kennzeichnung „ohne Gentechnik“

Seit dem 01.05.2008 sind in Deutschland besondere gesetzliche Bestimmungen in Kraft, die eine „Kennzeichnung ohne Anwendung gentechnischer Verfahren hergestellter Lebensmittel“ regeln. Das Gesetz wurde von der damaligen Regierungskoalition von CDU/CSU und SPD zusammen mit weiteren Änderungen des Gentechnik-Gesetzes beschlossen (EGGenTDurchfG (2004, geändert 2010). Damit sollte, so die politische Zielsetzung, auf dem indirekten Weg einer „Positivkennzeichnung“ insbesondere die Anwendung von Futtermitteln aus gentechnisch veränderten Pflanzen bei der Erzeugung tierischer Lebensmittel in die Wahlfreiheit der Konsumentin und des Konsumenten einbezogen werden.

Die Voraussetzungen, unter denen eine Kennzeichnung „ohne Gentechnik“ zulässig ist, sind bei tierischen Lebensmitteln wie Fleisch, Eiern oder Milch weniger streng als bei den übrigen Lebensmitteln. Vor allem bei den Futtermitteln stehen bestimmte Anwendungen einer „ohne Gentechnik“-Kennzeichnung nicht entgegen.

So ist der Einsatz von gv-Futterpflanzen bei „ohne Gentechnik“-Kennzeichnung nur im Rahmen bestimmter Fristen verboten. Bei Schweinen sind es etwa die letzten vier Monate vor der Schlachtung, bei milchproduzierenden Tieren die letzten drei Monate und bei Hühnern für die

10 www.transgen.de/aktuell/1202.doku.html [24.10.2012].

11 www.transgen.de/lebensmittel/ueberwachung/688.doku.html [23.10.2012].

Eierzeugung die letzten sechs Wochen. Vor diesen Fristen sind gv-Futterpflanzen erlaubt. „Zufällige, technisch unvermeidbare“ Gehalte von zugelassenen gv-Pflanzen in Futtermitteln unterhalb des Schwellenwertes von 0,9 % stehen einer „ohne Gentechnik“-Kennzeichnung und der damit erzeugten Lebensmittel ebenso wenig entgegen wie mit gentechnisch veränderten Mikroorganismen hergestellte Futtermittelzusätze, etwa Vitamine, Aminosäuren oder Enzyme.

Mit Ausnahme der Futtermittel sind bei Lebensmitteln die Anforderungen für eine „ohne Gentechnik“-Kennzeichnung strenger. So dürfen etwa Zutaten oder Zusatzstoffe aus gentechnisch veränderten Pflanzen grundsätzlich nicht verwendet werden, ebenso Zusatzstoffe, Vitamine, Aminosäuren, Aromen oder Enzyme, die mit Hilfe von gentechnisch veränderten Mikroorganismen hergestellt wurden. Ausgenommen sind gentechnisch hergestellte Zusatzstoffe, die nach der EU-Ökoverordnung zugelassen sind und für die keine „ohne Gentechnik“ hergestellten Alternativen erhältlich sind. Zufällige oder technisch unvermeidbare GVO-Gehalte sind bei „ohne Gentechnik“-Produkten nicht erlaubt. Im Rahmen der amtlichen Überwachung ist es jedoch gängige Praxis, Anteile unterhalb der technischen Bestimmungsgrenze von 0,1 % nicht weiter zu verfolgen, sofern es sich um zugelassene GVO handelt.

Bislang tragen vor allem tierische Lebensmittel mit einer geringen Verarbeitungstiefe wie Eier oder „weiße“ Milchprodukte das „ohne Gentechnik“-Siegel. Nach Angaben des „Verbandes Lebensmittel ohne Gentechnik“ (VLOG) haben bisher 100 Unternehmen eine Lizenz für das Siegel erhalten. Strittig ist, ob die Verbrauchererwartung für eine „ohne Gentechnik“-Kennzeichnung mit den tatsächlichen Kriterien für solche Produkte übereinstimmt. Nach einer Studie des Instituts für Agrarpolitik und Marktforschung der Universität Gießen versteht die Mehrheit der Deutschen den Begriff „ohne Gentechnik“ als umfassende Prozesskennzeichnung, wonach an keiner Stelle im Produktionsprozess die Gentechnik Anwendung findet (Herrmann et al., 2008). Insbesondere bei Futtermitteln treffen diese Erwartungen jedoch nicht zu.

6.3.4 Saatgut: Kennzeichnung und GVO-Anteile

Die Produktion von Saatgut findet wie der sonstige kommerzielle Anbau im Freien statt. Sollten in der Nachbarschaft gentechnisch veränderte Pflanzen angebaut werden, sind Auskreuzungen selbst unter großem Aufwand nicht auszuschließen. Zwar gibt es derzeit keinen kommerziellen Anbau gentechnisch veränderter Sorten in Deutschland, doch ein großer Teil des Saatguts wird in Ländern vermehrt, in denen gentechnisch veränderte Varietäten in großem Stil zum Einsatz gelangen.

Zwar hat die Europäische Kommission bereits im Jahr 2003 vorgeschlagen, Schwellenwerte für Saatgut differenziert nach Nutzpflanzenarten zu erlassen: zum Beispiel 0,3 % für Raps, 0,5 % für Kartoffel oder Mais und 0,7 % für Soja (EU, 2003d). Orientierungsmaßstab ist hierbei, dass die späteren Lebens- und Futtermittel unterhalb der Kennzeichnungsschwelle von 0,9 % verbleiben. Allerdings existieren in der EU bisher keine verbindlichen Festlegungen.

In Deutschland führen die Behörden der Bundesländer vor der Aussaat systematische Kontrollen des Saatguts durch. Wiederholt wurden in Deutschland GVO-Gehalte im Saatgut nach dessen Aussaat unterhalb dieser Schwellenwerte und unterhalb der sogenannten technischen Nachweisbarkeitsgrenze von 0,1 % festgestellt. Die Maissorte NK 603 machte im Frühjahr 2010 bundesweit Schlagzeilen und war Gegenstand einer regen Berichterstattung, z. B. in DIE ZEIT (08.06.2010); die zuständigen Landesbehörden ordneten hier den Umbruch der betroffenen Felder an, um Auskreuzungen auszuschließen. Im letzten Jahr (2012) erklärte das Bundesverwaltungsgericht in Leipzig diese Praxis als rechtmäßig. Danach muss ausgebrachtes Saatgut grundsätzlich vernichtet werden, wenn darin Spuren von gentechnisch veränderten Pflanzen gefunden werden. Dies betrifft auch Befunde unterhalb der technischen Nachweisbarkeitsgrenze von 0,1 %, bei denen die Gefahr falscher Positivbefunde besteht oder lediglich Stäube von GVO statt vermehrungsfähiger Samen gefunden werden können. In Österreich wird dagegen eine GVO-Verunreinigung im Saatgut bis 0,1 % geduldet. Im Falle eines GVO-Nachweises werden die betreffenden Saatgutpartien nicht ausgeliefert, auch wenn die gemessenen GVO-Anteile unterhalb der technischen Nachweisgrenze von 0,1 % bleiben.

Der Anteil GVO-positiver Saatgutpartien ist gering. Bei Mais ist er von 3 % im Jahr 2003 auf 7 % im Jahr 2011 gestiegen, 2012 jedoch wieder auf unter 3 % gesunken. Bei Raps ist die Zahl der positiven Befunde bundesweit kontinuierlich gesunken. In den Jahren 2009 und 2011 war in keiner der untersuchten Proben gv-Raps enthalten. 2012 wurden in fünf Proben aus Baden-Württemberg geringe Spuren von gv-Raps festgestellt. Nach Angaben des Bundesverbands Deutscher Pflanzenzüchter (BDP) kamen die meisten der beanstandeten Saatgutpartien aus Ländern wie Österreich, Frankreich und Deutschland, in denen der Anbau von gv-Mais seit Jahren verboten ist. Für die Züchter deutet alles darauf hin, dass es sich um „Zufallsfunde“ handelt, die nicht zwingend auf vermehrungsfähiges Material zurückgehen¹².

12 Kontrollen bei Mais- und Rapssaatgut: Kaum Gentechnik-Funde. www.transgen.de/lebensmittel/ueberwachung/1233.doku.html [24.02.2013].

6.3.5 Koexistenz in der Landwirtschaft

Aus dem in der EU grundsätzlich anerkannten Prinzip der Wahlfreiheit leitet sich ab, den Anbau von gv-Pflanzen bestimmten Regeln zu unterwerfen, die eine Koexistenz verschiedener landwirtschaftlicher Systeme gewährleisten sollen. Eine Landwirtschaft, die gentechnisch veränderte Pflanzen anbaut, und eine Landwirtschaft, die diese nicht nutzt (konventioneller und ökologischer Anbau), sollen auf Dauer nebeneinander möglich sein, ohne ihren jeweiligen Grundcharakter zu verlieren.

Die Koexistenz in der Landwirtschaft und bei der Lebensmittelerzeugung verfolgt primär das Ziel einer Markttrennung, um Verbraucherinnen und Verbrauchern die Wahlfreiheit zu garantieren. Es zielt nicht darauf ab, bekannte gesundheitliche oder ökologische Risiken zu minimieren, denn ausschließlich zugelassene und in dieser Hinsicht überprüfte gentechnisch veränderte Nutzpflanzen dürfen in der EU angebaut werden.

Regelungen zur Sicherung der Koexistenz betreffen alle Stufen der landwirtschaftlichen Produktion: Saatgut-Erzeugung (Auskreuzung durch Pollenflug), den landwirtschaftlichen Anbau (Pollenflug, Durchwuchs zuvor angebaute gv-Pflanzen) sowie Ernte, Transport und Lagerung (Nutzung gleicher Maschinen, unzureichende Reinigung der Einrichtungen). Die Koexistenz umfasst auch die nachfolgenden Wertschöpfungsketten, also die der Lebensmittelverarbeitung und der Futtermittelverwertung.

Die Regeln zur Koexistenz auf der Anbauebene sollen dazu dienen, GVO-Einträge in konventionelle Produkte zu minimieren. Mögliche Schäden werden ausschließlich wirtschaftlich verstanden: Kommt es etwa durch Auskreuzungen in konventionellen Produkten zu GVO-Einträgen oberhalb des Kennzeichnungsschwellenwertes von 0,9 %, so sind die sich daraus ergebenden Vermarktungsverluste entschädigungspflichtig, zum Beispiel geringere Verkaufserlöse, weil die betroffenen, „ohne Gentechnik“ erzeugten Futter- oder Lebensmittel nun als „gentechnisch verändert“ zu kennzeichnen sind. Mögliche ökologische Schäden als Folge von GVO-Einkreuzungen in artverwandte Wildpflanzen fallen nicht unter die Koexistenz-Regelungen, sondern müssen bei der Sicherheitsbewertung und Zulassung berücksichtigt werden.

Wie der Schwellenwert selbst, sind die Koexistenzregeln als politischer Kompromiss und als Ausgleich divergierender Interessen zu verstehen; in Japan beispielsweise beträgt der Schwellenwert 5 %. Eine Null-Toleranz-Grenze (0,0 %-Anteil) würde de facto das Aus für jeglichen Anbau gentechnisch veränderter Pflanzen bedeuten.

EU-Leitlinien zur Koexistenz

In der EU sind Wahlfreiheit und Koexistenz in der Landwirtschaft zwar als Ziele rechtlich verbindlich vorgegeben, jedoch ist es den Mitgliedsstaaten überlassen, mit welchen nationalen Maßnahmen sie diese umsetzen und so dafür sorgen, „unbeabsichtigte GVO-Einträge in konventionellen und ökologischen Nutzpflanzen“ zu vermeiden. Die EU-Kommission hatte 2003 dazu erste Leitlinien vorgelegt. In der 2010 überarbeiteten Fassung (EU, 2010a) sind die Anforderungen verschärft und der Gestaltungsspielraum für nationale Koexistenz-Regelungen vergrößert worden.

Nach den derzeit aktuellen Leitlinien der Kommission sollen nationale Maßnahmen „angemessen“ sein, um unnötige Behinderungen von bestimmten Produktionssystemen zu vermeiden. Die Begrenzung der Vermischung von GVO- und Nicht-GVO-Produkten soll sich nicht mehr ausschließlich am Kennzeichnungsschwellenwert von 0,9 % orientieren, sondern nach den jeweiligen Markterfordernissen. Wenn in bestimmten Regionen oder Märkten bereits bei geringeren GVO-Einträgen wirtschaftliche Schäden auftreten – etwa bei entsprechenden Lieferantenverpflichtungen oder Anforderungen einer „ohne Gentechnik“-Kennzeichnung – können nationale Koexistenz-Maßnahmen so ausgestaltet werden, dass weitaus geringe GVO-Einträge zu erwarten sind. Dabei sollen regionale und lokale Besonderheiten berücksichtigt werden, etwa die Größe und geographische Verteilung der Felder, Fruchtfolgegewechsel, natürliche Faktoren mit Einfluss auf die Pollenverbreitung wie Topographie und Klima. Die Mitgliedsstaaten können den Anbau von gv-Pflanzen großflächig verbieten, wenn andere Koexistenzmaßnahmen zum Schutz der konventionellen beziehungsweise ökologischen Landwirtschaft als ungeeignet, nicht wirksam genug oder zu teuer angesehen werden.

Schwellenwerte und Mindestabstände

Eine wesentliche Koexistenzmaßnahme sind Mindestabstände zwischen Feldern mit gv-Pflanzen und dem nächstgelegenen Feld mit konventionellen Pflanzen der gleichen Kulturart. Bei ihrer Festlegung werden kulturartenspezifisch Erkenntnisse über die Ausbreitung und die Wahrscheinlichkeit einer Auskreuzung – in Abhängigkeit von der Entfernung zum Feld mit gentechnisch veränderten Pflanzen – berücksichtigt. Mindestabstände bedeuten dabei nicht, dass jenseits der festgelegten Entfernung keine Auskreuzungen mehr stattfinden. Die Wahrscheinlichkeit für nennenswerte Auskreuzungen ist jedoch gering, so dass im Bereich der Mindestabstände der 0,9 %-Schwellenwert in der Regel deutlich unterschritten wird.

Für Mais hat das Europäische Büro für Koexistenz (European Coexistence Bureau, ECoB) Daten aus zahlreichen Feldversuchen, Studien und Modellrechnungen ausgewertet. Unter der Voraussetzung, dass gv- und konventionelles Saatgut getrennt gelagert werden und Vermischungen auszuschließen sind, wird bei Körnermais ein Abstand von 15 bis 50 Metern, bei Silomais von 0 bis 25 Meter als ausreichend angesehen, um GVO-Einträge im Erntegut mit großer Wahrscheinlichkeit unter der 0,9 %-Schwelle zu halten. Wenn die GVO-Anteile unter 0,2 % bleiben sollen, empfiehlt der Bericht des European Coexistence Bureaus bei Körnermais Abstände von 85 bis 150 Metern und bei Silomais von 50 bis 65 Metern.

In einigen Regionen Europas mit einer kleinteiligen Landwirtschaft erscheinen die genannten Maßnahmen, insbesondere Mindestabstände, nicht praktikabel. Hier wäre es eine geeignete Alternative, regional nur gentechnisch veränderte oder keine gv-Pflanzen anzubauen.

Die in den einzelnen EU-Mitgliedstaaten geltenden Mindestabstände ergeben sich in erster Linie jedoch nicht aus wissenschaftlichen Erkenntnissen über Einkreuzungsraten und Ausbreitungsverhalten oder aus regional unterschiedlichen landwirtschaftlichen Strukturen, sie sind vor allem politisch festgelegt. Daher unterscheiden sich etwa die für Mais festgelegten Mindestabstände zwischen gentechnisch veränderten und konventionellen Kulturen stark: In den Niederlanden 25 m, Tschechien 70 m, Deutschland 150 m (bei ökologischem Landbau 300 m) oder Luxemburg 800 m (Biosicherheit, 2010a).¹³

Für Deutschland ist die Koexistenz im Gentechnikgesetz (GenTG, 2008; § 16) und in den ergänzenden Regelungen zur „Guten fachlichen Praxis“ (GenTPfEV, 2008) verankert. Diese umfassen allgemeine und kulturartenspezifische Vorschriften, bisher nur für Mais.

Haftungsfragen beim Anbau in Deutschland

Verstöße gegen die Koexistenzregelungen werden in Deutschland nach § 36a des Gentechnikgesetzes (GenTG, 2008) geahndet. Geregelt werden wirtschaftliche Schäden, wenn eine Landwirtin oder ein Landwirt durch Auskreuzung von gentechnisch veränderten Sorten aus einem benachbarten Feld seine eigenen Produkte nicht oder nur zu einem verringerten Preis verkaufen kann. Die Anbauer von gentechnisch veränderten Kulturen haften verschuldensunabhängig und gesamtschuldnerisch. Das heißt, selbst wenn alle Koexistenzregelungen eingehalten wurden,

¹³ Eine ausführliche Darstellung der Umsetzung von Koexistenzmaßnahmen in den EU-Mitgliedsländern bietet ein Bericht der Europäischen Kommission (EU, 2009a).

haften alle Landwirte, die für den Schaden in Frage kommen. Wirtschaftliche Verluste, die bei Einträgen unterhalb des gesetzlichen Schwellenwerts von 0,9 % auftreten, zum Beispiel bei der ökologischen Landwirtschaft, werden nicht ersetzt. Während der Deutsche Bauernverband diese Regelungen als unverhältnismäßig kritisiert (DBV, 2010), wird er vom Wissenschaftlichen Beirat für Agrarpolitik (2010) am BMELV unterstützt.

Eine alternative Lösung bestünde in einem Haftungsfond, wobei festzulegen wäre, wer in ihn einzahlt und inwieweit Geld vom Staat einfließt. Eine weitere Alternative wäre eine Versicherung, die Landwirte zu tragen hätten, die gentechnisch veränderten Pflanzen anbauen. Wegen der aktuellen Gesetzeslage erscheinen der Versicherungsbranche die Risiken jedoch nicht kalkulierbar, und es werden unverändert keine entsprechenden Policen angeboten. In Dänemark wiederum wird eine Hektar-abhängige Steuer von Landwirten erhoben, die transgene Sorten nutzen; mit dieser werden etwaige Schäden abgegolten und die finanziellen Risiken sind deswegen begrenzt. In allen vorgestellten Fällen ist der Anbau transgener Sorten mit Mehrkosten für den anbauenden Landwirt verbunden.¹⁴

14 Eine Übersicht über die unterschiedlichen Haftungsregelungen der EU Mitgliedstaaten ist im Bericht der Europäischen Kommission (EU, 2009b) nachzulesen.

Mathias Boysen, Gerd Spelsberg, Heike Baron

7. Ethische Bewertung der grünen Gentechnologie

Beim Streit um den Einsatz gentechnisch veränderter Sorten in der Landwirtschaft wird nicht selten der Vorwurf laut, dass ihr Einsatz unethisch sei. Doch auch die Befürworterinnen und Befürworter argumentieren zuweilen unmittelbar mit der Ethik. Tatsächlich durchziehen ethische Argumentationen sehr häufig die Diskussionen, ohne dass dies auf den ersten Blick deutlich wird, und verbergen sich hinter politischen oder weltanschaulichen Fragen. Ethische Aspekte sind jedoch keine Totschlagargumente, wie sie zuweilen Einsatz finden oder wirken mögen, sondern müssen sich genauso einer kritischen Reflexion stellen wie andere Aspekte des Gentechnikeinsatzes bei Pflanzen.

Das folgende Kapitel leitet zunächst mit einem Überblick ein, was grundsätzlich unter ethischen Argumentationen zu verstehen ist und welche Anforderungen an sie zu stellen sind. Hierauf basierend werden unterschiedliche Einzelaspekte der grünen Gentechnik verschiedenen Teil-ethiken zugeordnet. Abschließend werden vier ethische Argumentationstypen skizziert, die in der ethischen Debatte um den Einsatz der Gentechnik bei Pflanzen zu Tage treten.¹

7.1 Grundlage ethischer Ansätze

Die Ethik ist als philosophische Disziplin den Prinzipien des wissenschaftlichen Denkens verpflichtet, und ethische Bewertungen müssen mit einschlägigem Sachwissen verbunden werden. Der bloße Verweis auf ethische oder moralische Positionen kann somit nicht zur Begründung einer Ablehnung oder einer Zustimmung ausreichen. Moralische Wertungen sind ein normaler

¹ Die Ausführungen knüpfen an das Kapitel 7 „Querschnitt Ethik: Argumentative Dimensionen in der ethischen Bewertung der Gentechnologie“ im Zweiten Gentechnologiebericht an (Müller-Röber et al., 2009). Die Argumentationstypen basieren auf einem Gutachten von Nikolaus Knoepffler und Peter Kunzmann für die IAG „Gentechnologiebericht“ (2009) und werden hier auf den Themenbereich grüne Gentechnik angewandt.

Bestandteil des alltäglichen Lebens mündiger Menschen und können als Wertungen über richtiges/gutes und falsches/schlechtes Handeln aufgefasst werden; solche zunächst unreflektierten Wertungen kann man grob als „Moral“ bezeichnen.

Ethik dagegen kann man definieren als die bewusste Reflexion der Prinzipien guten und richtigen Handelns. Sie unterscheidet sich von der Moral, indem sie klare Kriterien anführt, nach denen Handlungen beurteilt werden können (Hucho et al., 2005:364). Auf diese Weise werden die im alltäglichen Leben versteckten Wertungen überhaupt erst transparent und damit für eine Bewertung ihrer Konsistenz, ihrer Plausibilität und ihres Geltungsbereichs zugänglich. In modernen pluralistischen Gesellschaften wird dieses Vorgehen aus zwei Gründen erschwert: Erstens teilen die Menschen nicht mehr dieselbe einheitliche Weltanschauung und es existieren höchst unterschiedliche moralische Grundüberzeugungen. Zweitens werden die Handlungsoptionen, die es zu beurteilen gilt, immer komplexer. Technische Entwicklungen, wissenschaftliche Befunde, wirtschaftliche Zusammenhänge, politische Interessen sowie rechtliche Steuerungsmechanismen können vom wertenden Individuum kaum noch überblickt werden.

Der Einsatz der Gentechnologie bei Pflanzen wirft – keineswegs ausschließlich, sondern wie andere Techniken ebenso – verschiedene Fragestellungen auf: Dürfen wir Pflanzen und Tiere beliebig nach unseren menschlichen Bedürfnissen verändern? Entstehen neue gefährliche Abhängigkeiten in der globalen Agrarwirtschaft? Nach welchem Maßstab werden ökologische Wirkungen beurteilt? Hierbei werden sehr unterschiedliche Bereichsethiken berührt:

- ▶ die Naturethik oder Ökoethik (z. B. beim Bewerten ökologischer Auswirkungen),
- ▶ die Wissenschaftsethik (z. B. beim Bewerten der grundsätzlichen Legitimität gentechnischer Forschung an Pflanzen und Tieren),
- ▶ die Technikethik (z. B. beim Abwägen gesundheitlicher oder ökologischer Risiken und Chancen),
- ▶ die Sozial- und Gesellschaftsethik (z. B. bei Bewertung von Fragen der Gesundheit, der Ernährungsstile oder der internationalen Gerechtigkeit),
- ▶ die Wirtschaftsethik (z. B. beim Bewerten der Patentierbarkeit von Leben oder wachsender wirtschaftlicher Konzentration und ökonomischen Abhängigkeiten).

Die verschiedenen Bereichsethiken greifen ebenso ineinander über, wie die unterschiedlichen Aspekte der grünen Gentechnik und oft lassen sich diese gleichzeitig verschiedenen Teil-Ethiken

zuordnen. Es handelt sich somit um ein komplexes, schwer zu durchdringendes Geflecht sich überkreuzender Argumentationsstränge. Eine zentrale Aufgabe der Ethik besteht an dieser Stelle darin, das Geflecht zu entwirren, indem wiederkehrende ethische Argumentationstypen herausgearbeitet werden. Im Folgenden werden vier Gruppen von Argumentationstypen (nach Knoepffler/Kunzmann, 2009) vorgestellt, die entweder einzeln oder zusammen auftreten können und die hier auf den Bereich der grünen Gentechnologie übertragen werden.

7.2 Argumentationstypen ethischer Bewertung

7.2.1 „Deontologische“ versus „teleologische“ Argumentationsformen

Als „teleologisch“ wird in der philosophischen Ethik die Bewertung einer Handlung hinsichtlich ihres Zieles beziehungsweise ihrer Folgen bezeichnet. Das Ziel, durch Handlungen größtmögliches Glück zu erreichen, bildet den Kern des Utilitarismus. Bei „deontologischen“ Argumentationsformen ist dagegen statt des Ergebnisses die Qualität der Handlung per se entscheidend. Eine Abwägung von Chancen und Risiken, beziehungsweise von Vor- und Nachteilen, erübrigt sich, sobald diese Wirkungen eine Handlung erfordern, die sich aus sich selbst verbietet (Reiss/Straughan, 1996). Ein Beispiel hierfür ist das Durchbrechen der Artschranken bei transgenen Pflanzen, das als grundsätzliches Ablehnungsargument dienen kann, das allen anderen Argumentationen übergeordnet wird (Altner, 1991). Eine Abwägung vorzunehmen, beziehungsweise diese in Erwägung zu ziehen, ist allerdings nicht per se mit einer Befürwortung der grünen Gentechnik zu verwechseln; nach Abwägung verschiedener Faktoren kann das Urteil auch ablehnend ausfallen.

Ein wichtiger Sonderfall sind „slippery-slope“-Argumente („schiefe Ebene“ oder „Dammbruch“), die häufig in öffentlichen Diskussionen eine Rolle spielen. Unabhängig von den unmittelbaren Folgen wird eine Handlung deswegen abgelehnt, weil diese die Tür öffnet für eine andere Handlung, die nicht erwünscht ist. Nicht selten wird dabei die Zwangsläufigkeit des Eintretens der unerwünschten Handlung unterstellt und die Diskussion verlagert sich auf die Frage, ob dieser Automatismus überhaupt besteht. Typischerweise kann man dies weder zweifelsfrei belegen, noch restlos widerlegen. Ein Beispiel für eine „Dammbruch“-Argumentation lässt sich bei der Debatte um Patente bei Pflanzen finden: Einige Kritikerinnen und Kritiker bewerten diese als Instrument der Konzerne, die gesamte Lebensmittelproduktion unter ihre Kontrolle zu bringen („Patente auf Lebensmittel“). Die Kritik richtet sich in diesem Moment

somit nicht länger auf das Saatgut (und die Rechte von Landwirtinnen und Landwirten), sondern fokussiert stattdessen auf das Recht auf Nahrung als unumstrittenes Menschenrecht. In dem dieses als gefährdet charakterisiert wird, bezieht die Positionierung gegen den Gentechnik-einsatz eine besondere Kraft und Legitimation. Dieses Beispiel leitet weiter zum nächsten Argumentationstyp:

7.2.2 Menschenwürde versus „Würde der Kreatur“

Die Gegenüberstellung von Menschenwürde und „Würde der Kreatur“ wirft die Grundfrage auf, ob die ethische Bewertung alle ethische Legitimität aus der Zuordnung zum Menschen bezieht oder ob eine ethische Bewertung auch dem nicht-menschlichen Leben eine sittliche Relevanz „gleichsam eigenen Rechts“ einzuräumen habe. Das Prinzip der Menschenwürde basiert auf zwei Grundsätzen: erstens der prinzipiellen Subjektstellung des Menschen, das heißt der Einzelne darf nicht für eine Gesamtheit oder sonstige Ziele geopfert werden. Zweitens besteht eine grundsätzliche Gleichheit aller Menschen, wonach jeder Mensch jedem Menschen die Anerkennung als gleich schuldet.

Die Menschenwürde wird zumeist bei medizinischen Anwendungen direkt ins Feld geführt. In Bezug auf die grüne Gentechnik ist diese ethische Argumentationsfigur enthalten, wenn die Ernährungssicherung in den unterentwickelten Ländern zur Sprache kommt. Interessanterweise nehmen sowohl Befürworter wie Gegner das Ernährungsargument für sich in Anspruch. Während beispielsweise die eine Seite die Zerstörung lokal angepasster kleinbäuerlicher Strukturen zugunsten von „cash-crops“ als Gefahr thematisiert, verweist die andere Seite auf Einkommenssteigerungen und das Potenzial, dass mit Hilfe der Gentechnik Sorten entwickelt werden können, die Kleinbäuerinnen und Kleinbauern bei der Sicherung ihrer Ernährung unmittelbar helfen.

Eine ganz andere Frage ist, ob und inwieweit der Außerhumanbereich ebenfalls eine Würde besitzt, die der Mensch zu achten habe (EKAH, 2008). Während bei Tieren dieser Gedanke mit Blick auf den Tierschutz bekannt ist, überrascht sie zunächst bei Pflanzen. Auftrieb erfuhr die Diskussion um eine pflanzliche Würde jedoch mit der Aufnahme „der Würde der Kreatur“ in die schweizerische Bundesverfassung im Jahr 1992. Doch auch danach bleibt die Frage, in welcher Form Pflanzen eine Würde besitzen könnten, schwierig zu beantworten. Schließlich, so ein gängiges Gegenargument, müsse sich der Mensch von etwas ernähren, um überleben zu können. Außerdem werde die Menschenwürde „entwertet“, wenn diese Kategorie im Außerhumanbereich angewendet würde.

Die grundsätzliche Zuerkennung von Würde meint jedoch nicht, dass hierbei automatisch dem gesamten Außerhumanbereich die gleiche Würde wie dem Menschen zuzuweisen ist. Notwendig sind Abstufungen: Dem Menschen könnte es zum Beispiel obliegen, den „Eigenwert“ der Lebewesen zu respektieren und Tieren gegenüber seinen Respekt in Handlungen und Haltungen (Kunzmann, 2007) zu wahren. Gleiches gilt möglicherweise auch für Pflanzen. Hieran lassen sich verschiedene Fragen anknüpfen: Gibt es so etwas wie die „Integrität“ von Organismen, in die der Mensch durch Zucht, aber eben auch durch die Gentechnik eingreift? Und existiert eine Grenze, ab der man eine „totale“ Instrumentalisierung von Pflanzen feststellen kann, die zumindest moralisch fragwürdig ist? Ein Beispiel ist die sogenannte „Terminator-Technologie“, die Pflanzen um die Möglichkeit zur Fortpflanzung bringt und damit um etwas, was Leben im Besonderen auszeichnet. Statt der sonst zumeist diskutierten Gefährdung der Rechte und Unabhängigkeit von Landwirtinnen und Landwirten steht somit der Eigenwert von Pflanzen im Mittelpunkt der Argumentation. Ähnlich verhält es sich bei Argumentationen, die Pflanzenarten ihrer selbst willen als schützenswert definieren; das Einbringen von Genen von außerhalb des artigen Genpools, also das Überschreiten von Artgrenzen wird demnach als Verwischen der genetischen Einzigartigkeit und als Grenzüberschreitung bewertet.² Allerdings muss bei jeder Grenzziehung auch hinterfragt werden, inwieweit Grenzüberschreitungen nicht auch durch andere Technologien erfolgen oder gar bereits erfolgt sind. Klassische Konterargumentationen der obigen Beispiele sind der Verweis auf kernlose Obstsorten als Ergebnis klassischer Züchtung, die Triticale als artgrenzenüberschreitende Verbindung aus Weizen und Roggen sowie der Befund, dass Artgrenzen auf genomischer Ebene keineswegs distinkt sind und sich beispielsweise in Pflanzen DNA von Bakterien und Viren finden lässt.

7.2.3 Biokonservativ versus bioliberal

Für alle Fragen, die mit der technischen Veränderung von „Leben“ zu tun haben, kann man zwei sich gegenüberstehende Prinzipien herausarbeiten (Irrgang, 2005): Auf der einen Seite steht das „biokonservative“ Prinzip des Bewahrens, das sich auf eine gute Ordnung in der Natur

2 Im organisch-biologischen Landbau resultiert aus der Ablehnung des Nichtnatürlichen das Verbot von transgenen Pflanzen, aber auch das Verbot von Kunstdüngern. Die biologisch-dynamische Landwirtschaft (z. B. der Demeter-Verband) lehnt zusätzlich die Verwendungen von Sorten ab, die mittels Protoplasten- oder Cytoplastenfusion entstanden sind, sowie Hybridsorten bei Getreide und Mais. www.bioland.de; www.demeter.de [09.09.2010].

beruft; diese gelte es zu schützen. Auf der anderen Seite steht das „bioliberaler“ Prinzip des Optimierens, nach dem der Mensch das Vorgefundene frei nach seinen Zielen gestalten dürfe. Beide Prinzipien rekurren bei der Bewertung genetischer Innovationen auf korrespondierende Welt- und Naturbilder (aus der Au, 2008). Diese werden selten selbst zum Gegenstand der Diskussion. Kockelkoren (2002) typisiert verschiedene Leitbilder, die unterschiedliche Einstellungen zum Mensch-Natur-Verhältnis widerspiegeln. Jeder Typus bildet einen eigenen Ausgangspunkt für die Bewertung einzelner Aspekte oder Merkmale gentechnisch veränderter Sorten (Herbizidtoleranz, Insektenresistenz, Patentierung, etc.). Herbizidtolerante Pflanzen werden beispielsweise vom Typus „Partizipant“ (Namen der Typen wie bei Kockelkoren, 2002) abgelehnt, weil generell das Miteinander von Unkräutern und Nutzpflanzen in der Landwirtschaft als Teil eines gesamten biologischen Systems erachtet wird; herbizidresistente gv-Pflanzen erscheinen in diesem Kontext als Teil eines falschen Ansatzes. Wer dagegen Unkräuter entsprechend des Typus „Herrscher“ als etwas bewertet, das entfernt werden muss, für den können gentechnisch veränderte Pflanzen sehr wohl eine Option darstellen. Die intermediären Typen „Bewahrer“ und „Partner“ wiederum würden nach ihrem Mensch-Natur-Verständnis herbizidtolerante Sorten weder prinzipiell unterstützen noch kategorisch ausschließen. Bemerkenswert ist, dass ein Leitbild-Typus nicht automatisch für Ablehnung oder Befürwortung des Gentechnikeinsatzes steht, sondern diesen vielmehr hinsichtlich jedes einzelnen Merkmals separat bewertet. Keiner der Typen ist hierbei zunächst per se „weniger ethisch“ als einer der anderen.

7.2.4 Natürlich versus künstlich

Üblicherweise wird die Unterscheidung „natürlich“ von „künstlich“ mit der Wertung verbunden, wonach das „Natürliche“ ein Wertvorteil besitzt: Trotz der Schwierigkeit, festzulegen, was genau „natürlich“ ist und worin die Abgrenzung zum „Künstlichen“ besteht, wird das „Natürliche“ per se als das Höherwertige, Richtige und Angemessene angenommen. Das „Künstliche“ erscheint gleichzeitig als unnatürlich oder widernatürlich.

Der Natur einen hohen sittlichen Wert beizumessen, geht auf eine lange Tradition zurück, in der Natur eine „gute Ordnung“ sehen zu wollen. Gut geheißen wird das, was da ist. Dies hat eine Wurzel im biblischen Schöpfungsdenken, das sich im Christentum mit entsprechenden Elementen (neu-) platonischen, aristotelischen und stoischen Denkens verbunden hat und das als Teil unserer Kulturgeschichte angesehen werden kann.

In der Gentechnik-Debatte liegen die Prinzipien der „Natürlichkeit“ und der biokonservativen Grundauffassung eng zusammen: Nur wer die „Natur“ für grundgütig erachtet, hält am Bestehenden als Maßstab für das Gute fest. Tatsächlich tritt dieses Doppelmotiv bei Hintergrundanalysen zur geäußerten Akzeptanz hinsichtlich grüner Gentechnik als wesentliches Ablehnungsmotiv in Erscheinung, es charakterisiert interessanterweise aber nur einen Teil der Ablehnerinnen und Ablehner. Der andere Teil lehnt die Gentechnologie wegen der derzeitig als unklar empfundenen Risiken ab (Nielsen, 1997). Die „bioliberalen“ Position beurteilt die Natur dagegen als zwiespältig und das Natürliche besitzt kein Eigengewicht als Maß für eine Wertung.

Der Vorwurf der „Unnatürlichkeit“ wird oft gegen einen Gentechnikeinsatz in der Züchtung erhoben. Nimmt man sich dieser Frage an, so wird schnell die Schwierigkeit deutlich, eine Grenze zwischen „natürlich“ und „künstlich“ bei der Züchtung festzulegen und diese Unterscheidung als Basis für ethische Bewertungen zu nutzen: Kultursorten unterscheiden sich bereits in erheblichem Maße von den in der Natur vorzufindenden Ausgangsarten und sind in erheblichem Maße durch den Menschen verändert worden. Eine Grenzziehung zwischen klassischer Züchtung als „natürlich“ und gentechnikunterstützter Züchtung als „künstlich“ ließe sich auch anhand des absoluten Grades der vorgenommenen genomischen Veränderungen nicht begründen. Eine qualitative Differenzierung erlaubt die artfremde Herkunft der DNA im Falle transgener Pflanzen: Legt man eine Artfremdheit der Erbinformation als Unterscheidungsmerkmal (künstlich versus natürlich) zu Grunde, wären cisgene Pflanzen als „natürlich“ zu definieren, da hier die für ihre Veränderung verwendete DNA aus dem Genpool der Art selbst stammt (wie im Falle der klassischen Züchtung). Von der reinen Intensität der Veränderung her betrachtet müsste Mutagenesezüchtung sogar noch nachdrücklicher abgelehnt werden. Ein anderes Maß der Differenzierung bietet die zeitliche Qualität, wenn man annimmt, dass das langsame Zeitmaß der „klassischen Züchtung“ eine wechselseitige Anpassung von Menschen und neu gezüchteter Pflanze zugelassen habe.

7.3 Schlussüberlegungen

In den öffentlichen Diskussionen oder bei einzelnen Statements zeigt sich sehr schnell, dass die vorgestellten Argumentationstypen oft miteinander verschränkt sind. Dabei wirken sich spezifische Grundhaltungen direkt auf die individuelle Bewertung von Einzelfragen zur Gentechnik aus (Eisner, 1998), ähnlich, wie dies bei den Leitbildern zum Mensch-Natur-Verständnis vorgestellt wurde.

Befürworter und Gegner nehmen in ethischen Diskussionen häufig für sich in Anspruch, die einzig wahre moralische Konzeption zur Bewertung der Gentechnik zu vertreten und unterstellen der jeweils anderen Position eine spezifische „Anti-Moral“. Dabei fallen nicht nur die Bewertungen unterschiedlich aus, sondern bezeichnenderweise werden oftmals auch unterschiedliche Themen zur Sprache gebracht. Während die Befürworterinnen und Befürworter der Entwicklung und Anwendung der Gentechnik vor allem Gesundheit, Vernunft und Wohlstand berücksichtigen, beziehen die Gegnerinnen und Gegner der Gentechnik vor allem die Themen Natur, Macht und Gefährdung in ihre Argumentation ein. Die Befürworter unterstellen den Gegnerinnen und Gegnern, sie seien gegen die Möglichkeiten zur Beseitigung von Mangelernährung, gegen wirtschaftlichen Wohlstand, gegen Aufklärung und Fortschritt. Andererseits unterstellen die Gegner den Befürwortern, sie strebten die schrankenlose Verfügung über die Natur an, seien von Profitdenken geleitet und würden potenzielle Risiken der Technologie einfach negieren. Die jeweils andere Position wird verzerrt oder kommt überhaupt nicht in den Blick.

Um unterschiedliche Beurteilungen vergleichen und produktiv diskutieren zu können, sind verschiedene Voraussetzungen notwendig. Der erste Schritt wäre, nicht von einer einzigen ethischen Bewertung zu sprechen, sondern mehrere, gleichzeitig mögliche und gleich wertvolle zuzulassen. Im zweiten Schritt wäre zu klären, welche Reichweite ethische Prinzipien haben beziehungsweise haben sollen. Möglicherweise widerspricht nicht allein die grüne Gentechnik den (möglicherweise sogar im Konsens) aufgestellten ethischen Prinzipien. Ein Beispiel hierfür ist die kritisierte Entwicklung fortpflanzungsunfähiger Sorten mit Hilfe der Gentechnik („Terminator-Technologie“) auf der einen Seite und die meist nicht kritisierten anderen Züchtungsmethoden mit dem selben Ergebnis (kernlose Nektarinen oder Weintrauben) auf der anderen Seite. Erst mit diesem zweiten Schritt wären ethische Bewertungen – wie eingangs als Ziel formuliert – vollständig auf die konkreten Sachfragen bezogen, und sie könnten somit eine wert-

volle Hilfestellung und einen Diskussionsbeitrag für die übergeordneten Fragen (s. u.) liefern, für die die gentechnisch veränderten Sorten letztendlich nur eine Antwort unter anderen bereit stellen. Entfällt diese Transformation auf die Ebene der übergeordneten Diskurse, bleibt ein ethisches Argument dem Vorwurf ausgesetzt, letztendlich instrumentell für oder gegen grüne Gentechnik in Position gebracht worden zu sein und sich damit selbst zu diskreditieren.

Dies bedeutet zugleich, dass auch die Sachdiskussionen auf dieser Ebene geführt werden müssen und nicht allein bei der für Laien schnell unverständlichen technischen und fachlichen Ebene verharren dürfen. Bei Themen wie gesunder Ernährung, Sicherung der Welternährung oder Ausrichtung der Landwirtschaft vermischen sich unvermeidlich praktisch-risikopolitische und politisch-weltanschauliche Debatten. Dies beinhaltet nicht nur eine Sicht darüber „wie die Welt ist“, sondern meist auch die Perspektive dazu, „wie die Welt sein sollte“; entsprechende ethische Positionen fließen ein. Eine ethische Reflexion kann dazu beitragen, dieses Geflecht zu entwirren. Ein Ergebnis kann dabei sein, dass der Blick auf die normative Vorstellung, das heißt wie die Welt sein sollte, bereits in der Vergangenheit erfolgte Grenzüberschreitungen offenbart. Dies muss keineswegs bedeuten, alle weitere Diskussion zu unterlassen, schließlich ersetzt das Faktische nicht automatisch das als richtig Erkannte. Allerdings ist der praktische Handlungsspielraum bei der Veränderung von etwas Etabliertem begrenzter, als bei der Handhabung von etwas Neuem. Genau hierin liegt ein Teil der Sprengkraft und der Widersprüchlichkeit des Streits um die grüne Gentechnik: Wir werden daran erinnert, dass bestimmte Entwicklungen in der Vergangenheit bereits erfolgt sind, die wir nicht wollen oder die wir zumindest mit Befremdung betrachten. Die Kritik an gentechnisch veränderten Sorten ist somit zum Teil eine nachgeholte ethische Auseinandersetzung mit Grenzüberschreitungen der Vergangenheit.

Mathias Boysen, Gerd Spelsberg, Heike Baron

8. Gesellschaftliche Resonanz auf die grüne Gentechnologie

Ende der 1990er Jahre, als die ersten gentechnisch veränderten Pflanzen angebaut wurden, gingen Politiker, Lebensmittelunternehmen und Verbraucher in Deutschland davon aus, dass die Nutzung gentechnisch veränderter Pflanzen eine ökonomische Realität sei und man lediglich Fragen von Wahlfreiheit, Kennzeichnung und Koexistenz klären müsse. Akzeptanzschwierigkeiten wurden erklärt mit dem noch fehlenden unmittelbaren Nutzen für die Verbraucher, mit Wissensdefiziten und mit der Angst vor möglichen Risiken. In den folgenden Jahren investierte die Politik in Projekte zur Information und Aufklärung und vor allem in die Sicherheitsforschung zu den Auswirkungen gentechnisch veränderter Pflanzen auf Gesundheit und Umwelt.

Rund 15 Jahre später gilt die Nutzung gentechnisch veränderter Pflanzen vielen als etwas moralisch Verwerfliches: gefährlich, unbeherrschbar, ohne Nutzen für die Gesellschaft und einzig im Interesse global agierender Konzerne. Diese Auffassung ist in der Gesellschaft und auch in der Politik inzwischen parteiübergreifend allgegenwärtig. Wer dagegen die Auffassung vertritt, dass es in Abhängigkeit von den Rahmenbedingungen sinnvoll sein kann, gentechnisch veränderte Pflanzen zu entwickeln und anzubauen, gerät unter Rechtfertigungsdruck. Das Etikett „Gentechnik“ genügt häufig schon, um ein Forschungsprojekt oder einen landwirtschaftlichen Betrieb zu diskreditieren.

Auch nach rund 20 Jahren internationaler Sicherheitsforschung lautet ein Hauptargument der gentechnikkritischen Seite immer noch, die Auswirkungen gentechnisch veränderter Pflanzen auf Umwelt und Gesundheit seien unabsehbar und man wisse viel zu wenig über mögliche Risiken. Seit Ende der 1990er Jahre wurden in den Medien und in der Öffentlichkeit eine Reihe von Berichten über mögliche Gefahren und negative Begleiterscheinungen diskutiert (z. B. Quist/Chapela, 2001; Rosi-Marshall et al., 2008; Séralini et al., 2012). Diese Berichte stellten innerhalb des wissenschaftlichen Diskurses oft Minderheitenpositionen dar und wurden von anderen Wissenschaftlern als fehlerhaft kritisiert. Dennoch wurden ihre Autoren in der

öffentlichen Diskussion überwiegend positiv als „whistleblower“ wahrgenommen. Die zahlreichen Studien, die gentechnisch veränderten Pflanzen Unbedenklichkeit für Gesundheit und Umwelt bescheinigen, wurden und werden dagegen von Medien und Öffentlichkeit kaum rezipiert: Sie stehen häufig unter dem Generalverdacht, im Interesse der Industrie erstellt worden zu sein.

Ähnlich ist die Situation bei Studien und Berichten zu den sozioökonomischen Folgen des Anbaus gentechnisch veränderter Pflanzen. Berichte, wonach Landwirte, etwa in Indien, in Abhängigkeit und Ruin geraten, werden häufig bereitwillig geglaubt, Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler, deren Forschungsergebnisse andere Schlussfolgerungen nahelegen (z. B. Kathage/Qaim, 2012), werden schnell der Industrienähe verdächtigt.

Die große Bereitschaft, selektiv den negativen Berichten über gentechnisch veränderte Pflanzen Glauben zu schenken, lässt sich möglicherweise damit erklären, dass die grüne Gentechnik in Europa zum Symbol negativer Aspekte der modernen Landwirtschaft geworden ist. Die Industrialisierung der Landwirtschaft hat in den letzten Jahrzehnten zu erheblichen Ertragssteigerungen geführt, zahlreiche Menschen vor dem Hungertod bewahrt und in Europa und Nordamerika für eine historisch neue, permanente Verfügbarkeit von Lebensmitteln gesorgt. Sie hat aber auch zur Zerstörung natürlicher Ökosysteme, zur Überdüngung von Gewässern und zur Auslaugung und Erosion von Böden geführt. Gleichzeitig ist die globale Produktion und Verteilung von Lebensmitteln durch große Gegensätze gekennzeichnet: Der Überproduktion und auch Überernährung in Industrieländern stehen vielfach Subsistenzwirtschaft und Hunger in Entwicklungsländern gegenüber. Schließlich findet sich Wissen und Können, das ehemals Landwirtinnen und Landwirten vorbehalten war - Züchtung, Saatgutvermehrung, Düngung, Pflanzenschutz – heute in privaten Firmen, die Profite erwirtschaften wollen und müssen. Industrieunternehmen im Agrar- und Lebensmittelbereich wie auch die zuständigen Überwachungsbehörden genießen kein uneingeschränktes Vertrauen in der Gesellschaft; gerade die Lebensmittelskandale der letzten Jahre haben den diffusen Verdacht genährt, dass im Agrar- und Lebensmittelbereich das auf den Markt kommt, was Firmeninteressen dient, ohne Rücksicht auf Umwelt und Gesundheit der Verbraucher.

Gentechnisch veränderte Nutzpflanzen werden von der Seite der Kritikerinnen und Kritiker als ein weiterer Schritt in eine insgesamt als falsch empfundene Richtung gesehen. Sie weisen darauf, dass es sich bei den bisher angebauten gentechnisch veränderten Pflanzen um „cash crops“ handelt, die nur für den Bedarf der Industrieländer angebaut werden, dass das

Saatgut von großen westlichen Firmen entwickelt und vertrieben wird, und dass im Zusammenhang mit dem Anbau dieser Pflanzen Probleme wie etwa die Entstehung resistenter Unkräuter und Schädlinge auftreten. Nichts von alledem ist spezifisch für gentechnisch veränderte Pflanzen; trotzdem sind sie in der Diskussion in Europa und gerade in Deutschland zum Sündenbock für die weiter oben angerissenen Kritikpunkte geworden.

In der gegenwärtigen Diskussion über Landwirtschaft und Lebensmittel wird der Einsatz von Hochtechnologien wie der Gentechnik entweder als grundsätzlich schädlich und überflüssig gesehen oder als absolut unverzichtbares Instrument im Kampf gegen den Welthunger dargestellt. Diese starren Fronten verhindern letztlich eine ergebnisoffene und produktive Debatte darüber, wie im globalen Maßstab genügend Lebensmittel umweltverträglich und gerecht produziert werden können und welche Rolle technologische Ansätze dabei spielen sollten.

9. Debattenbeiträge: Herausforderung Welternährung. Welche Pflanzenforschung brauchen wir?

Die Ernährung einer wachsenden Weltbevölkerung ist ein zentrales Thema der Weltpolitik. Mehr als eine Milliarde Menschen sind nach den Zahlen der Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO) gegenwärtig ohne ausreichende Nahrung. Zugleich war vor dem Beginn der Weltwirtschaftskrise 2008 ein massiver Preisanstieg für international gehandelte Lebensmittel zu beobachten. Die ertragreichen Landwirtschaften industrialisierter Länder beruhen guten Teils auf einem intensiven Einsatz fossiler Ressourcen. Dieser hohe Energieeinsatz kann jedoch für die Zukunft nicht automatisch als gegeben angenommen werden. Die Schlüsselbegriffe hierzu sind Multifunktionalität und Nachhaltigkeit.

Die Pflanzen- und Züchtungsforschung hat in den letzten Jahrzehnten zahlreiche Ergebnisse hervorgebracht. Diese waren aber oft nicht an die standörtlichen, wirtschaftlichen und sozialen Wirklichkeiten der nicht industrialisierten Länder, vor allem der kleinbäuerlichen Betriebe, angepasst. Besonders kontrovers diskutiert wird hierbei der Beitrag, den der Einsatz der Gentechnik in der Pflanzenzüchtung leisten kann.

In einer gemeinsamen Veranstaltung nahmen sich die interdisziplinäre Arbeitsgruppe „Gentechnologiebericht“ der Berlin-Brandenburgischen Akademie der Wissenschaften (BBAW) und die Vereinigung deutscher Wissenschaftler e.V. (VDW) 2010 diesem Thema an und diskutierten gemeinsam die zumeist unversöhnlich erscheinenden Standpunkte.¹ Die Veranstaltung und die Aufnahme der Beiträge in diesen Themenband sind ein Versuch, dem Ziel des Herausarbeitens unterschiedlicher Überzeugungen einerseits und dem Bau eines Fundamentes für einen möglichen Brückenschlag andererseits ein wenig näher zu kommen. Mit dem Thema

¹ Die Veranstaltung fand am 08.07.2010 unter dem Titel „Herausforderung Welternährung. Welche Pflanzenforschung brauchen wir?“ in der Hamburgischen Landesvertretung in Berlin statt; die Moderation der Abendveranstaltung lag bei Dr. Steffi Ober (VDW) und Dr. Mathias Boysen (BBAW). Eine Dokumentation des Abends ist auch online abrufbar unter: www.gentechnologiebericht.de/gen/termine-und-veranstaltungen [04.01.2013].

Welternährung diskutieren die Beiträge eine wichtige Zielvorstellung der grünen Gentechnologie und behandeln vor diesem Hintergrund die Frage nach den Möglichkeiten und Grenzen der molekularen Pflanzenforschung, die sowohl Befürworter als auch Gegner der Gentechnik beschäftigt.

Inhaltlich nähern sich die vier Beiträge dem Thema Welternährung aus unterschiedlichen Perspektiven:² Hans Rudolf Herren (Direktor des Millennium Instituts und Co-Präsident des Weltagrarberichts) wirft die im Weltagrarbericht behandelten Fragen auf, welche Verbesserungen nötig sind, um „Hunger und Armut zu vermindern, Nahrungsqualität und Gesundheit zu verbessern, die Lebensumstände auf dem Land zu verbessern und eine gerechte und nachhaltige Entwicklung zu fördern“ (Herren, Kapitel 9.1). Er stellt die im Weltagrarbericht vorgeschlagenen sieben Punkte zu einem Wandel der Landwirtschaft zu mehr Nachhaltigkeit vor. Dabei kritisiert er eine reine Symptombehandlung, zu der er auch die Gentechnik zählt, und fordert ein Umdenken und eine Hinwendung zu den Problemursachen.

Bernd Müller-Röber (Sprecher der IAG „Gentechnologiebericht“ der BBAW) stellt verschiedene Anwendungsfelder und Methoden moderner Pflanzenzüchtung vor und plädiert dafür, das umfangreiche Methodenspektrum auch zu nutzen (Kapitel 9.2). Die züchterische Anpassung von Pflanzen an immer wieder veränderte Umwelten hält er für essenziell. Gentechnik sieht er dabei nur als eine Technologie unter vielen, die jedoch in sinnvoller Weise nach Einzelfallprüfung eingesetzt werden sollte.

Michael Krawinkel (Justus-Liebig-Universität Gießen, VDW) unterstreicht die Vielseitigkeit der Ursachen für Unterernährung und stellt die Notwendigkeit in den Vordergrund, neben einer Produktionssteigerung von Nahrungsmitteln auch auf Bildung und Gesundheit zu setzen. Er kontrastiert technologische und soziale Lösungen, wobei er letzteren ein besonderes Gewicht zuschreibt, obwohl er das Potenzial der Pflanzenforschung durchaus anerkennt (Kapitel 9.3).

Im Beitrag von Helmut Born (Mitglied des BioÖkonomieRats, Generalsekretär des Deutschen Bauernverbands) wird zunächst der BioÖkonomieRat und seine Arbeit eingeführt. Es wird prognostiziert, dass sich die Bioökonomie langfristig zu einer tragenden Säule moderner Volkswirtschaft entwickeln könnte. Ziel ist dabei die Sicherstellung der Lebensgrundlagen angesichts der Ressourcenknappheit, inklusive der Erzeugung von Nahrung, Energie sowie bioba-

2 Die folgenden vier Beiträge sind die Transkriptionen der Vorträge der o.g. Veranstaltung.

sierten Roh- und Wirkstoffen. Die Biotechnologie wird dabei als einer von mehreren Bestandteilen gesehen. Darüber hinaus unterstreicht Born die Wichtigkeit der grünen Gentechnik für die Forschung (Kapitel. 9.4).

9.1 Was sagt der Weltagrarbericht über zukünftige Forschungsrichtungen und Investitionen in der Landwirtschaft? (Hans Rudolf Herren)³

Kurzzusammenfassung: Ein Gremium aus 400 Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftlern hat sich an die Beantwortung der Zukunftsfragen der Landwirtschaft gewagt und den Weltagrarbericht verfasst. Ein massiver Wandel der landwirtschaftlichen Produktion wird demnach unausweichlich sein. Auf dem Weg zu mehr Nachhaltigkeit und Zukunftsfähigkeit der Landwirtschaft sind sieben Punkte besonders zu beachten. Der Weltagrarbericht gliedert sich in einen globalen Bericht und fünf regionale Berichte; damit wird der Vielfalt der Agrarsysteme in den fünf Weltregionen Rechnung getragen. Landwirtschaft ist keinesfalls als einheitlich zu betrachten; man muss nicht nur nach Weltregion oder Land differenzieren, sondern zum Beispiel auch die Größe und Produktionssysteme der Betriebe berücksichtigen.

Internationale Bewertung der Agrarwissenschaft und Agrartechnologie für die weltweite Entwicklung

Welche Fragen sollten mit dem Weltagrarbericht beantwortet werden und welches Gremium hat sich mit deren Beantwortung beschäftigt? Die Autoren des Berichts waren über 400 internationale Wissenschaftler und Wissenschaftlerinnen aus allen Gebieten der Landwirtschaft, die von einem Gremium aus 60 Personen – 30 aus Regierungen, 30 aus der Wirtschaft und der Zivilgesellschaft – ausgewählt wurden. Wichtig war eine ausgewogene Referenzgruppe, die nicht nur den wissenschaftlich-technischen Aspekt, sondern auch das Wissen und die Erfah-

3 Dr. Hans Rudolf Herren ist Direktor des Millennium-Institutes bei Washington, D.C. (USA) und Präsident von Biovision. Er war stellvertretender Vorsitzender des IAASTD (International Assessment of Agricultural Knowledge, Science and Technology for Development), der 2008 einen Bericht über die Zukunft der globalen Landwirtschaft vorlegte. Er lebte und forschte lange Jahre in Afrika und leitete das Insektenforschungsinstitut icipe (African Insect Science for Food and Health). Für seine Arbeit zur biologischen Bekämpfung eines Schädlings an Maniok wurde er 1995 mit dem Welternährungspreis ausgezeichnet. Die von Herren gegründete Stiftung Biovision setzt sich für die Entwicklung, Verbreitung und Anwendung ökologischer Methoden ein, die zur nachhaltigen Verbesserung der Lebensbedingungen in Afrika führen und zugleich die Umwelt schonen.

rung im anwendungsbezogenen Bereich berücksichtigen würde. Nicht etwa ein Beraterkreis, der beauftragt wird, um einen Bericht zu verfassen, sondern eine Gruppe von Autoren, die ihr eigenes Erfahrungswissen niederschreibt.

Eine weitere Gruppe von über 800 Personen – Wissenschaftler, Politiker und Praktiker – hat daraufhin in elf Treffen ihre Fragen zusammengetragen. Bei diesem Gremium stand ebenfalls die Ausgewogenheit der Perspektiven im Fokus. Diese Menschen haben zusammengesessen und diskutiert, welche wirklich grundlegenden Fragen die Landwirtschaft in der Zukunft beschäftigen würden. Dabei wurde in Synthese die folgende Frage formuliert: Wie sollen Wissenschaft, traditionelles Wissen, Wirtschaft und Technologie im Bereich Landwirtschaft verbessert werden, um Hunger und Armut zu vermindern, Nahrungsqualität und Gesundheit zu verbessern, die Lebensumstände auf dem Land zu verbessern und eine gerechte und nachhaltige Entwicklung zu fördern – trotz Klimawandel, Bevölkerungswachstum und schwindenden natürlichen Ressourcen?

Zum ersten ist ganz eindeutig die Verminderung von Hunger und Armut ein wichtiges Ziel, die Frage also, wie wir die Forschung anders gestalten können, um in Zukunft Hunger und Armut zu beseitigen. Wir haben mittlerweile eine Milliarde hungernder Menschen, vor wenigen Jahren waren es noch 800 Millionen – die Situation verschlimmert sich also, anstatt sich zu verbessern. Natürlich möchten wir diesen Trend umkehren. Weiterhin geht es darum, die Nahrungsqualität und die Gesundheit zu verbessern. Wir haben nicht nur eine Milliarde hungriger Menschen auf der Welt, wir haben zeitgleich eine Milliarde, die übergewichtig sind. Irgendwo stimmt da etwas nicht; da gibt es Forschungsbedarf. Ferner die Lebenssituation auf dem Lande, die Frage, welche Landschaften wir möchten – Ödnis oder biodiverse Kulturlandschaften, in denen Bauern ihrer Tätigkeit nachgehen. Zuletzt die Förderung einer gerechten und nachhaltigen Entwicklung, die die Umwelt, die sozialen und die ökonomischen Aspekte berücksichtigt.

Diese Fragen galt es für die nächsten Jahre zu beantworten, ohne dabei zu vergessen, dass wir bis 2050 eine Zunahme der Weltbevölkerung um zwei Milliarden erwarten. Daraus folgt, dass wir weniger natürliche Ressourcen für mehr Menschen zur Verfügung haben werden und daher muss über einen verantwortungsvollen Umgang mit diesen Ressourcen nachgedacht werden.

Zusätzlich sehen wir uns in Zeiten des Klimawandels mit der Situation konfrontiert, dass die momentanen Formen der Landwirtschaft eher Teil des Problems als Teil der Lösung sind. Wenn ein Drittel der Klimawandel-verursachenden Emissionen auf die Landwirtschaft zurückzuführen sind, dann muss hier etwas geschehen, denn das ist in etwa so viel wie der Anteil des Verkehrs.

Gewinner und Verlierer der „Grünen Revolution“

Schauen wir einmal nach den Gewinnern und den Verlierern der „Grünen Revolution“. Wir produzieren mehr Nahrungsmittel aufgrund der „Grünen Revolution“. Sicher hat die Industrialisierung der Landwirtschaft einige Menschen von Hunger befreit, andere wiederum hineingetrieben. Warum ist das so? Irgendetwas stimmt mit dieser „Grünen Revolution“ nicht; auch hier müssen wir genauer hinschauen. Es gibt nicht nur genug zu Essen, wir haben eigentlich ein Überangebot an Nahrungsmitteln. Weltweit werden 3.900 kcal pro Kopf pro Tag produziert, obwohl ein durchschnittlicher Mensch lediglich 2.800 benötigt. Betrachten wir die Nahrungsmittelpreise, die nebenbei bemerkt extremen Schwankungen unterworfen sind, dann sind diese grundsätzlich viel zu gering. Wir im Westen, in den OECD Ländern, lassen nach dem Einkauf rund 30 % der Nahrungsmittel verrotten. Das kann ja nur sein, weil sie es zu billig angeboten wurden. Ich kenne niemanden, der Gold einfach fortwerfen würde. Eines der grundlegenden Probleme in der Landwirtschaft ist diese Preisthematik.

Wir haben trotz der „Grünen Revolution“ immer noch Armut und Ungerechtigkeit. Indien exportiert landwirtschaftliche Produkte, obwohl der Anteil unterernährter Kinder an der Gesamtbevölkerung im weltweiten Vergleich in Indien am höchsten ist. Nur weil genug produziert wird, heißt das noch lange nicht, dass die Leute auch genug haben. Gesundheit und ausreichende Ernährung können wir nur durch die Diversität der Nahrungsmittel verbessern. Ein weiterer Effekt der „Grünen Revolution“ ist ein beschränkter Zugang zu Land. In vielen Ländern haben sich landwirtschaftliche Betriebe im Zuge der „Grünen Revolution“ vergrößert. Die veränderte Marktsituation hat dann dazu beigetragen, dass viele Menschen verarmt sind. Die großen Produzenten hatten natürlich bessere Marktchancen: Je größer man wird, umso günstiger kann man produzieren und anbieten.

Hoch industrialisierte wie auch traditionelle Landwirtschaft haben negative Folgen

Der verbesserte Marktzugang erleichtert auch den Zugang zu den wichtigen Inputs, den Düngemitteln und Pestiziden, von denen die ganze „Grüne Revolution“ abhängig ist. Schließlich möchte man immer weiter wachsen, um immer rationaler zu produzieren und immer billigere Produkte zu produzieren. Und eben das geht nicht, denn mit den billigen Preisen werden die ganzen Umweltkosten externalisiert und über Steuern von der Gemeinschaft getragen. Das gesamte Ausmaß dieses Handelns zeigt sich aber vielleicht erst unseren Kindern oder den Kindern unserer Kinder: Wir essen mit dem Billigessen den kommenden Generationen das Kapital weg.

Wir zerstören die Böden, vergiften Gewässer und fügen der Biodiversität Verluste zu, wir treiben den Klimawandel voran und produzieren unter hohem Energieverbrauch. Die US-amerikanische Landwirtschaft benötigt beispielsweise zehn kcal um eine zu erzeugen; das kann man sicherlich nur tun, wenn man billiges Öl hat und damit ist es bald vorbei. Wir sind langsam dort, wo das nicht mehr geht.

Wenn wir die Ertragszahlen mit dem Einsatz an Düngemitteln, Pestiziden und Wasser vergleichen, dann fällt auf, dass der Ertrag sich proportional zu den Inputs verhält. Natürlich gibt es in dieser Aufstellung limitierende Faktoren wie den Ölpreis oder die Wasservorkommen. Geht der Ölpreis nach oben, werden Düngemittel teurer. Wird das Wasser knapper, wird es zu Konflikten kommen. Die Landwirtschaft verbraucht heute rund 70 % des Trinkwassers, allerdings wollen auch die Menschen in den Städten Wasser. Wir brauchen also auf die Dauer auch eine Landwirtschaft, die sich anpasst und mit weniger Wasser arbeitet. Wir sehen auch, dass der Gebrauch von Pestiziden trotz Einsatz der Gentechnik steigt.

Anhand eines globalen Vergleichs der Produktion in Abhängigkeit von den privaten und öffentlichen Investitionen wird recht deutlich, wie stark die Produktion von einer effizienten Forschung abhängt. Wir sehen in Lateinamerika einen schwachen Anstieg der Produktion, keine Veränderung in Zentralasien und im Mittleren Osten und auf dem Problemkontinent Afrika verzeichnen wir einen Produktionsrückgang.

Industrialisierte Nahrungsmittelproduktion führt zu Klüften

Wir haben Klüfte zwischen Landwirtschaft und Umwelt, Konsumenten und Bauern, Politik und deren Konsequenzen. Das waren die Kernprobleme, die wir herausarbeiten konnten und denen wir uns widmen wollten. Landwirtschaft ist grundsätzlich nicht gegen die Umwelt, sie arbeitet sogar damit. Landwirtschaft muss ökologisch aufgebaut werden, sie darf nicht nur technisch sein, sondern muss sich in die Umwelt einfügen. Konsumenten und Bauern haben unterschiedliche Interessen. Konsumenten möchten immer billiger essen und Bauern brauchen immer mehr Geld, um zu produzieren und sich der Armut zu entziehen oder nicht (wieder) hinein zu fallen. Die Kluft zwischen Politik und ihren Konsequenzen betrifft vor allem die Subventionen, deren Auswirkungen und Konsequenzen vielfach gar nicht mehr überblickt werden. Hier erfordert es ein Umdenken auf politischer, wissenschaftlicher und sozialer Ebene.

Ein Lösungsvorschlag daraus ist die multifunktionale Landwirtschaft. Landwirtschaft ist nämlich mehr als Nahrungsmittelproduktion. Landwirtschaft produziert auch gute Luft und

sauberes Wasser – vorausgesetzt, sie wird richtig gemacht. Leider ist das in vielen Ländern heute nicht der Fall – auch nicht von der gesellschaftlichen Seite her gesehen. Landwirtschaft ist doch im Grunde auch eine kulturelle Sache und nicht nur die Produktionseinheit der vier Hauptgüter. Wir brauchen eine vielfältige Produktion, die gesund und wirtschaftlich ist und genügend Nahrungsmittel produziert. Die Überproduktion zu Vermarktungszwecken sollte die Ausnahme werden und nicht wie heute noch im Vordergrund stehen. Nach dem Prinzip, man produziert wo man kann und die anderen sollen einfach einkaufen, wird es zukünftig nicht mehr funktionieren.

Kurswechsel – Sozial gerecht und in Harmonie mit der Umwelt

Wir müssen das landwirtschaftliche System besser verstehen. Wir verstehen die Rückkopplungen noch nicht innerhalb der Landwirtschaft und auch nicht die Verbindungen des landwirtschaftlichen Systems mit der Gesellschaft und Ökonomie. Es wird alles nur recht vereinfacht betrachtet und linear abgehandelt. Lineares Denken wird uns nicht weiterbringen; es hat uns dahin geführt, wo wir jetzt sind. Wir müssen hin zu einem systemischen Denken, heute verstehen, wohin uns unser Handeln bringen wird in 15 oder 20 Jahren. Wir haben die Modelle und Werkzeuge anders zu denken, jetzt müssen wir es auch noch tun. Dazu gibt es sieben Punkte:

1. Unterstützung der Familienbetriebe
Kleine bis mittlere Familienbetriebe (1 bis 1.000 Hektar, stark abhängig von der Lage und dem Produktionssystem) kann man mit den bestehenden Erkenntnissen der Wissenschaft darin unterstützen, sich nachhaltig zu einer ökologischen Landwirtschaft zu entwickeln, indem auch die Ökosystemdienstleistungen berücksichtigt werden können. Das wäre eine zusätzliche Einkommensquelle. Es sollte auch noch in Erinnerung gerufen werden, dass heute diese Kleinbauern und -bäuerinnen ungefähr 70 % aller Nahrungsmittel produzieren.
2. Verbesserter Zugang zu Produktionskapital
Zugang zu Land ist in vielen Teilen der Welt das Kernproblem, vor allem für die Frauen, die heute oft die Mehrheit der Bauern ausmachen.
3. Verbesserung des Marktzugangs, Infrastrukturen und Institutionen
Zahlreiche Forschungsinstitutionen wurden aufgegeben und die Gelder, die zur Verfügung standen, sind meist in eine nicht nachhaltige Richtung investiert worden. Daher müssen wir jetzt 50 Jahre Forschung in der nachhaltigen ökologischen Landwirtschaft wieder aufholen,

denn zumeist wurde die ökologische Forschung vernachlässigt und aufgegeben. Die Forschungseinrichtungen zu Biolandbau in Europa kann man an einer Hand abzählen. Warum man mit der ökologischen Landwirtschaft nicht vorankommt, wird, aus dieser Perspektive gesehen, ganz klar.

4. Energie- und Wassereffizienz

Wie kann man weniger Energie verbrauchen, die Wassereffizienz erhöhen und die Ökosystemdienstleistungen bewerten? Was ist das wert und wie könnte man damit den Bauern helfen, wenn ihre Produktpreise zu niedrig sind? Wie könnte man den Bauern zu etwas mehr Einkommen verhelfen? In einer grünen Wirtschaft der Zukunft brauchen wir grüne, gute Qualitätsarbeitsplätze und das heißt auch ein ganz anderes landwirtschaftliches Modell. Das ist das, was wir brauchen und Beispiele gibt es viele, ich habe hier eines aus meiner eigenen Arbeit: Der Mais in diesem speziellen Anbausystem wächst ohne jegliche Düngemittel oder Herbizide, das ist ein selbsttragendes System. Die Erträge können dadurch zweibis zehnmal erhöht werden, ohne dass teure Inputs benötigt werden. Warum machen es dann nicht alle so? Hier kann man eben nichts verkaufen, kein Saatgut, keine Dünger, da ist der Bauer am Steuer. Er und sie entscheidet und braucht natürlich das nötige Wissen dazu. Wir haben unter den geeigneten Anbaubedingungen riesige Erntepotenziale, die nicht genutzt werden. Wenn man den Boden richtig bearbeitet, die Agronomie richtig macht, dann kann man die Ernte mit den heutigen Samen so erhöhen, dass man viel zuviel produzieren würde.

5. Analyse aller Sektoren

Das große Problem mit dem Bericht war die Biotechnologie. Niemand hat eigentlich etwas gegen Bier und Joghurt, aber wenn es um moderne Biotechnologie geht, das heißt genetisch modifizierte Pflanzen und Tiere, sagt der Bericht jedoch, wir sollten davon noch nichts umsetzen. Der Bericht sagt, wir sollen weiterhin forschen, denn bisher gibt es noch keine umsetzbaren nützlichen Ergebnisse, die mit den Hauptaufgaben des Berichts, das heißt grundlegenden Fragen der Landwirtschaft in der Zukunft übereinstimmen. Wir müssen unter ökologischen Aspekten beurteilen, wie die Gentechnologie in das System hineinpasst und welche Auswirkungen auf das System und die menschliche Gesundheit zu erwarten sind. Bisher weiß man noch viel zu wenig, weil bisher sehr wenig geforscht worden ist. Die unabhängige Forschung, die gemacht wurde, wurde recht bald wieder auf Druck der Genlobby aufgegeben. Bis jetzt stammen die meisten Gentech-Forschungsergebnisse von pri-

vaten Auftraggebern und müssen deshalb auch sehr kritisch interpretiert werden. Da die Probleme in der Landwirtschaft eigentlich nicht nur am „Gen“ liegen, wäre es jetzt an der Zeit, alle Sektoren einmal zusammenzufassen, um alles zusammenzutragen und die Landwirtschaft als System anzuschauen, und die Ursachen der Probleme herauszufinden und zu behandeln, statt mit dem üblichen „quick symptom fix“.

6. Förderung verantwortungsvoller Regierungen und fairen Handels

Wir brauchen auch verantwortungsvolle Regierungen, im Norden wie im Süden. Der faire Handel ist doch kein fairer Handel, wenn die Produzenten hier so viele Zuschüsse bekommen und dann mit den Bauern im Süden, die keine Zuschüsse bekommen, im Wettbewerb stehen. In Mombasa kostet eine Tonne amerikanischer Mais ein Drittel der Produktionskosten von einer Tonne des einheimischen Mais aus dem Kisumu im Westen Kenias. Auch der Konsument muss sich ändern, man kann nicht nur dem Bauern vorschreiben, etwas anderes zu tun; der Konsum muss sich ändern. Wir können nicht weiterhin unser Kapital aufessen, das geht nicht. Heutzutage haben wir weltweit schon im September den Zins des globalen ökologischen Kapitals aufgebraucht und müssen ab Oktober an das Kapital gehen.

7. Investitionen in langfristige Lösungen

Langfristig gesehen sollten eben nicht die Symptome behandelt, sondern die Ursachen beseitigt werden. Was heute diskutiert wird, ist fast nur Symptombehandlung – vor allem in Bezug auf die Gentechnik. Das ist vergleichbar mit früheren Diskussionen um die Pestizide. Damals haben auch viele Leute gesagt, das geht so nicht, das ist Symptombehandlung, und trotzdem wurden sie eingesetzt. Das ist ein Irrweg – „you cannot solve the problem with the same kind of thinking that created the problem“ (Albert Einstein).

9.2 Die Zukunft der Pflanzenforschung. (Mögliche) Antworten auf die konkreten Herausforderungen (Bernd Müller-Röber)⁴

Kurzzusammenfassung: Die moderne Pflanzenzüchtung bietet eine Bandbreite an Technologien, um auch in Zukunft Sorten zu züchten, die den Anforderungen einer intensivierten Pflanzenproduktion genügen. Welche Technologie in der Züchtung zum Einsatz kommt, sollte von Fall zu Fall entschieden werden. Als Pflanzenmolekularbiologe möchte ich in meinem Vortrag kurz darstellen, welche Funktion unsere Forschungsrichtung in Bezug auf den Erkenntnisgewinn über Pflanzen und für die Anwendung in der Pflanzenzüchtung erfüllt.

Verwendung von Pflanzen

Zunächst möchte ich zwei Bereiche skizzieren, für die Pflanzen genutzt werden. Das ist erstens der Bereich der menschlichen Ernährung – entweder direkt in Form pflanzlicher Nahrungsmittel oder über einen Veredelungsschritt als tierisches Produkt. Dabei muss dieses Tier mit pflanzlichen Produkten gefüttert werden, es wächst heran, bis es dann der menschlichen Ernährung zur Verfügung steht; ein Punkt, den wir für die Diskussion hinsichtlich Ernährung nicht aus dem Blick verlieren sollten. Es ist durchaus nicht trivial, darüber nachzudenken, wie wir uns in Zukunft ernähren wollen. Wollen wir es über tierische Produkte oder allein über die pflanzliche Ernährung tun?

Der zweite Bereich, der schon immer wichtig war, betrifft die industrielle Nutzung von Pflanzen: Holz, Pflanzenöl, Ethanol, Baumwolle, um nur einige wenige Beispiele zu nennen. Als industrieller Rohstoff sind Pflanzen schon lange sehr wichtig und auch hier zeichnet sich eine künftig wachsende Bedeutung ab. Aus diesem Grund diskutieren wir heute darüber, wie wir Pflanzen effizienter nutzen können. Noch immer müssen bestimmte Pflanzenteile, die für die Industrie oder den technischen Einsatz unbrauchbar sind, ungenutzt entsorgt werden. Bei-

4 Prof. Dr. Bernd Müller-Röber ist Leiter der Abteilung Molekularbiologie am Institut für Biochemie und Biologie der Universität Potsdam und Arbeitsgruppenleiter am Max-Planck-Institut für Molekulare Pflanzenphysiologie in Golm. Er war stellv. Vorsitzender des BioÖkonomieRats. Bernd Müller-Röber gilt als einer der führenden Experten im Bereich der grünen Gentechnik in Deutschland. Nach dem Studium der Biologie und Philosophie in Tübingen, Marburg und Berlin promovierte Bernd Müller-Röber 1992 im Fach Biologie und habilitierte sich 1998 im Fachgebiet Molekulare Pflanzenphysiologie. Seit Mai 2000 hat er eine Professur für Molekularbiologie an der Universität Potsdam inne. Seine Arbeitsschwerpunkte sind pflanzliche Molekularbiologie und Genomforschung sowie angewandte Gentechnologie.

spielweise gibt es eine ganze Reihe von Überlegungen, Stroh, das wir häufig wegwerfen oder verbrennen, in Zukunft besser zu nutzen.

Diese Effizienzsteigerung wird nötig sein, denn im Grunde genommen gibt es kaum Möglichkeiten zum weiteren Ausbau der nutzbaren Ackerfläche – 1960 lag der Wert noch bei 0,44 ha pro Kopf der Weltbevölkerung, heute hat sich dieser Wert schon halbiert und die Projektion für 2050 zeigt eine deutliche Reduktion auf 0,13 ha pro Kopf. Das hängt unter anderem damit zusammen, dass die Weltbevölkerung innerhalb einer bestimmten Schwankungsbreite in den nächsten 30 bis 40 Jahren deutlich zunehmen wird; aktuelle Schätzungen gehen von etwa neun Milliarden Menschen im Jahr 2050 aus.

Temperaturanstieg und Wasserknappheit

Aufgrund des Klimawandels beobachten wir in verschiedenen Regionen der Welt verstärkt das Phänomen extremer Witterungsbedingungen – auch darauf muss die Landwirtschaft weltweit reagieren und lernen, damit zurecht zu kommen. Pflanzen müssen sich in dieser sich wandelnden Umwelt behaupten. Sie sind Stress ausgesetzt und dieser Stress führt dazu, dass Pflanzen in ihrem Ertrag beeinträchtigt werden; Erträge sind unter solchen Bedingungen nicht stabil. Ein Problem ist beispielsweise der klimawandelbedingte Temperaturanstieg und Wassermangel.

Eine weitere, damit verbundene Herausforderung ist die Veränderung von Pathogenspektren. Wir beobachten, dass sich die Spektren von Krankheitserregern und Fraßschädlingen in einer gegebenen Region im Laufe der Zeit verändern, was dazu führt, dass wir morgen mit anderen Krankheitserregern zu kämpfen haben werden als heute. Solche Aspekte sind nicht neu. Auch durch den Transfer von Pflanzen in neue Regionen und Länder werden sie anderen Umwelten ausgesetzt. Die Anpassung von Pflanzen durch Züchtung ist eine lang bekannte Aufgabe, die auch heute noch hoch aktuell ist.

Genomanalyse – Identifizierung von Genen

Was tut die Wissenschaft heute, um die Pflanzenzüchtung auf ein wissenschaftliches Fundament zu stellen? Wir haben seit wenigen Jahren die Möglichkeit, die genetische Information einer Kulturpflanze – im Grunde genommen jedes Organismus – sehr genau anzuschauen, das heißt wir können heute relativ schnell jedes einzelne Gen, jede einzelne Erbinformation erfassen. Diese Informationen sind in der Regel öffentlich zugänglich, man benötigt lediglich einen Computer und das Internet, um darauf zuzugreifen. Das Problem ist eher, dass wir mit dieser

Information nicht immer auch etwas anfangen können. In jeder Pflanze gibt es etwa 30.000 bis 60.000 solcher genetischen Einheiten, für viele Gene aber kennen wir deren genaue Funktion noch nicht. Wir wissen oft nicht, welche Rolle sie für das Pflanzenwachstum spielen oder welche Funktion sie für die Anpassung an unterschiedliche Umweltbedingungen und die Nutzung von Nährstoffen haben.

Die Biowissenschaften gehen heute oft schon so vor, dass sie die genetische Information von möglichst vielen Pflanzen erfassen, um diese dann vergleichend zu analysieren. Biologinnen und Biologen weltweit versuchen zu klären, welche physiologischen und entwicklungsrelevanten Funktionen die verschiedenen Gene übernehmen und wie sie zu agronomisch relevanten Eigenschaften beitragen.

Die Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler nutzen diese Technologien verstärkt auch, um Biodiversität besser zu verstehen und damit auch schützen zu können. All das wird möglich durch eine Technologie, von der Sie vielleicht schon gehört haben. Es geht um die ultraschnelle Sequenzierung, die es in kurzer Zeit ermöglicht, Organismen auf der Ebene ihrer Erbinformation zu studieren. Damit können Gene nicht nur identifiziert und ihre Sequenzen in Datenbanken gespeichert werden; es können auch Gene gefunden werden, die zum Beispiel exklusiv in Wildarten vorkommen. Solche Erbinformationen dienen jetzt schon dazu, Kulturpflanzen mit optimierten Eigenschaften zu züchten. Dieser experimentelle Ansatz der vergleichenden Genomforschung wird die Pflanzenwissenschaften und Kulturpflanzenzüchtung in den nächsten Jahren wesentlich beflügeln. Dabei können Gene und ihre Varianten (Allele genannt) über gentechnische Verfahren, im Falle nah verwandter Arten aber auch durch Kreuzung in eine Kulturpflanze überführt werden.

Wir sind heute in der Lage, natürliche Variabilität viel genauer zu analysieren und die Unterschiede zwischen Organismen viel besser zu verstehen, als dies noch vor wenigen Jahren möglich war; wir haben damit eine viel bessere Basis für die genetische Optimierung von Nutzpflanzen. Das ganze wird nicht linear mit einem ausschließlichen Blick auf die Erbinformation gesehen. Die Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler sind auf Basis weiterer technologischer Verfahren in der Lage, viel genauer in die Pflanze „hineinzuschauen“. Wir sehen nicht nur, welche Gene vorhanden sind, sondern auch, wann und in welchen Pflanzenteilen sie aktiv sind oder welche Wirkung die An- oder Abwesenheit bestimmter Gene hat. Man kann mit modernen Methoden prüfen, welche Inhaltsstoff-Kombinationen Pflanzen haben und wie sich diese Inhaltsspektren verändern, wenn sich die Pflanze entwickelt oder unter Stress steht. Auf der

makroskopischen Ebene lernen wir viel besser, wie Pflanzen unter verschiedenen Umweltbedingungen gedeihen und Biomasse akkumulieren.

Umfangreiches Methodenspektrum der modernen Pflanzenzüchtung nutzen!

Dieses Wissen kann in Kombination mit klassischen Herangehensweisen verknüpft werden. Man wählt dazu verschiedene Pflanzenvarietäten aus, die miteinander gekreuzt werden. Aus der resultierenden Population werden dann eine oder mehrere Pflanzen mit besonders interessanten Eigenschaften selektiert. Was zuvor lediglich auf der rein beschreibenden, phänotypischen Ebene möglich war, kann heute auf der genetischen Ebene zurückgekoppelt werden. Damit wird ein Repertoire geschaffen, das den Züchterinnen und Züchtern erlaubt, gezielt unter Verwendung molekularen Wissens auf agronomisch sinnvolle und notwendige Eigenschaften hinzuzüchten. Dazu kann heute auf ein umfangreiches Methodenspektrum in der Pflanzenzüchtung zurückgegriffen werden. Gentechnik ist dabei nur eine Methode unter vielen, sie wird seit 27 Jahren genutzt, um Pflanzen zu verändern und agronomisch zu optimieren. Gentechnik ist dabei bei weitem nicht die Technologie, die am stärksten in die Erbinformation der Pflanze eingreift. Einige andere, die das massiv tun, sind bereits über einhundert Jahre alt. Als weitere Verfahren, die die moderne Pflanzenzüchtung ergänzen, wären zum Beispiel somatische Hybridisierung, Plastidententechnologie, cisgene Pflanzen und Smart Breeding zu nennen. In Zukunft wird sich die Pflanzenzüchtung dieser Vielfalt bedienen, um ein gewünschtes Züchtungsergebnis zu erreichen.

Ein Beispiel aus der eigenen Arbeit möchte ich hier kurz anführen – ein Projekt, das gemeinsam mit vietnamesischen Partnern durchgeführt wurde. Wir hatten zum Ziel, Reispflanzen hinsichtlich ihrer Toleranz gegenüber Salz- und Trockenstress zu optimieren. Wir konnten Gene identifizieren, die bei Salz- und Trockenstress physiologische Reaktionen auslösen und tatsächlich die Stresstoleranz der Pflanzen erhöhen. Das Ergebnis ist überzeugend und wir haben in diesem Falle kein fremdes Gen eingeführt, sondern ein eigenes Gen verändert – ein Vorgang, der in der Züchtung permanent stattfindet.

Gentechnik bedeutet also nicht immer, dass fremde Gene eingeführt werden. Mit Hilfe der Gentechnik kann auch die eigene genetische Information verändert werden, um optimierte Pflanzen zu erhalten. In anderen Fällen kann man ganz auf die Gentechnik verzichten. Oft kann man geeignete Gene zum Beispiel auch über Präzisionszüchtung in die Kulturpflanze einkreuzen. Welche Technologie am Ende angewendet wird, muss anhand des konkreten Falls entschieden werden.

Diese Programme zur Verbesserung von Stresstoleranzen werden auf internationaler Ebene aus gegebenen Gründen stark vorangetrieben. In Mexiko werden beispielsweise zurzeit trocken-tolerante Weizensorten entwickelt.

Visionäre Ziele: auf dem Weg zum C4-Reis

Ein visionäres Ziel verfolgen zum Beispiel Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler bei der Optimierung von Reis, unter anderem mit finanzieller Unterstützung durch die Bill & Melinda Gates Stiftung. Reis, weltweit eine der wichtigsten Nutzpflanzen, ist durch konventionelle Züchtung nur noch bedingt zu optimieren und eine weitere Steigerung der Erträge scheint schwierig. Um dennoch höhere Erträge zu erzielen, überlegt man, eine neue Art von photosynthetischer Kohlendioxidfixierung in Reispflanzen zu etablieren. Die heutigen Reispflanzen fixieren Kohlendioxid über den so genannten C3-Weg – dabei wird eine Verbindung aus drei Kohlenstoffatomen gebildet. Nun möchte man durch Züchtung oder gentechnische Verfahren erreichen, dass das Kohlendioxid zunächst in ein aus vier Kohlenstoffatomen aufgebautes Molekül (daher die Bezeichnung C4-Pflanze) eingebaut wird. Obwohl andere wichtige Kulturpflanzen über einen solchen C4-Fixierungsweg verfügen, da bereits ihre züchterischen Ausgangspflanzen diese Eigenschaft besaßen, ist dies bei Reis nicht der Fall. Das Ziel, einen C4-Reis zu züchten, ist sehr ambitioniert; im Moment ist nicht abzusehen, ob es überhaupt erreicht werden kann. Sollte dies aber gelingen, werden wir Pflanzen mit einem stabileren Ertrag haben, die mit weniger Wasser als ihre Kontrollpflanzen auskommen und bei höheren Temperaturen noch stabile Erträge liefern.

Schlussfolgerung

Meine Schlussfolgerung ist, dass die vor uns stehenden Aufgaben sehr vielfältig sind. Pflanzenzüchtung ist weiterhin essenziell, weil Pflanzen immer wieder veränderten Umwelten angepasst werden müssen und immer wieder neuen Situationen ausgesetzt werden. Auch die Anforderungen des Nutzers und Verbrauchers an die Kulturpflanzen (technische Einsatzgebiete, Nährstoffzusammensetzung, Geschmack etc.) ändern sich fortwährend. Eine Pflanze, die heute optimal ist, wird morgen nicht mehr die gewünschten Eigenschaften besitzen. Darum gilt grundsätzlich, dass Pflanzenzüchtung und -optimierung weiterhin unentbehrlich sein werden. Man wird einen integrativen Ansatz verfolgen. Neben Gentechnik gibt es weitere Technologien, die in der Entwicklung sind – Präzisionszüchtung und genomische Selektion beispielsweise. Alle diese

Verfahren sind nur möglich, weil die modernen Technologien zur Verfügung stehen; ohne sie wäre auch diese präzisere Art der Pflanzenzüchtung nicht denkbar.

Genomforschung erleichtert die Identifizierung und Charakterisierung von Erbinformation mit agronomischer Relevanz. Ich meine, wir müssen die Notwendigkeit moderner Pflanzenforschung stärker in der Öffentlichkeit vermitteln. Es entsteht oft der Eindruck, wir seien gesättigt, wir hätten diesbezüglich überhaupt keine Probleme. Dem aber ist sicher nicht so, wie durch das eingangs Gesagte deutlich geworden sein sollte.

Ich glaube auch, dass wir weiterhin für die Notwendigkeit neuer Technologien werben und klarstellen müssen, dass diese nicht mit ökologischen Fragestellungen im Konflikt stehen, ganz im Gegenteil. Ich glaube, moderne Technologien, und dazu gehört auch die Gentechnik, können in der Landwirtschaft zu ökologisch sinnvollen Anwendungen führen. Wann man Gentechnik sinnvoller Weise einsetzt, muss im Einzelfall entschieden werden, Pauschalurteile sind weder hilfreich noch angemessen. Dabei geht es unter anderem darum, welche Kulturpflanze überhaupt optimiert werden soll, um die Art der angestrebten Optimierung und ihre Anbauregion. Die neuen Technologien erlauben hier differenzierte Herangehensweisen.

9.3 Welternährung. Grundlagen für die Lösung eines vielseitigen Problems (Michael Krawinkel)⁵

Kurzzusammenfassung: Der Mangel an Nahrungsmitteln ist lokal und regional – und so müssen auch die Strategien zur Überwindung angelegt sein. Eine reine Steigerung der globalen Produktion reicht nicht. Für eine erfolgreiche und gesunde Ernährungssicherung muss neben den Nahrungsmitteln auf Bildung und Gesundheit gesetzt werden.

Das Thema Welternährung ist nicht trivial. Wir leben zwar alle auf einer Welt, aber diese Welt ist außerordentlich vielgestaltig. Was an einer Ecke der Welt ein Problem darstellt, mag an einer anderen gar ein Lösungsansatz sein. Zum Beispiel gibt es Länder auf der Erde, die dringend

5 Prof. Dr. med. Michael Krawinkel ist Professor für Ernährung an der Universität Gießen; er vertritt die Deutsche Gesellschaft für Ernährung in der Deutschen Welthungerhilfe e.V., er war zeitweise Berater für das Bundesministerium für wirtschaftliche Zusammenarbeit und Entwicklung (BMZ) und für die Deutsche Gesellschaft für Technische Zusammenarbeit (GTZ; heute Deutsche Gesellschaft für Internationale Zusammenarbeit, GIZ) und die Kreditanstalt für Wiederaufbau (KfW); weiterhin war er Vorsitzender der Deutschen und Generalsekretär der Internationalen Gesellschaft für Pädiatrie in den Tropen.

Bevölkerungswachstum brauchen, weil sie aufgrund ihrer geringen Bevölkerungsdichte keine effiziente Infrastrukturentwicklung betreiben können. Gleichzeitig sind andere Länder mit einem rasanten Bevölkerungswachstum konfrontiert und müssen versuchen, diese Entwicklung unter Kontrolle zu bringen. Es gibt Länder – wie in Europa – wo die Menschen Nahrungsmittel im Überfluss haben: Sie verfügen über viel mehr als sie brauchen oder konsumieren können. Als Folge werden Nahrungsmittel in großem Stil weggeworfen und verrotten. Wir haben aber auch Länder, in denen Hunger ein aktuelles Problem ist.

Wenn wir Antworten auf die Herausforderungen der Welternährungssicherung suchen, müssen wir uns damit auseinandersetzen, dass diese Antworten sich nicht auf eine *one-fits-all*-Lösung reduzieren lassen: Es gibt kein Rezept, das einfach überall angewendet werden kann, um so alle Ernährungsprobleme zu lösen.

Bei „Welternährung“ denken wir häufig an Bilder von hungrigen Kindern und haben dabei den Impuls, diesen für das 21. Jahrhundert an sich unerträglichen Zustand beenden zu wollen. Wenn wir uns die Hunger-Problematik genauer ansehen, dann gibt es Regionen auf dieser Erde, in denen die akute Unterernährung von Kindern außerordentlich stark verbreitet ist, und andere Regionen, in denen Hunger kein oder ein wesentlich geringer verbreitetes Problem darstellt.

Ursachen für Unterernährung sind vielseitig

Eine wichtige Frage ist die nach den Gründen für Unterernährung. Nicht überall ist der Mangel an Nahrungsmitteln die Ursache. Viel häufiger ist Hunger eine Folge von Ereignissen, wie zum Beispiel Naturkatastrophen, Kriegen und Bürgerkriegen, Diskriminierung und Urbanisierung („slums“), um nur einige Beispiele zu nennen. Ich glaube nicht, dass es im Bereich der Nahrungsmittelproduktion ein Rezept gibt, welches für diese Ursachen, die beim Menschen Unterernährung zur Folge haben, eine Problemlösung bietet. Dafür braucht man ganz andere und wesentlich vielfältigere Ansätze in Politik, Wirtschaft und Gesellschaft.

Selbst wenn wir ein spezielles Problem betrachten, wie zum Beispiel Blutarmut (Anämie), die auf der ganzen Welt zu finden ist, dann könnte man aus Sicht der Ernährungsphysiologie annehmen, dass das Problem einfach mit mehr Eisen oder Folsäure oder Vitamin B₁₂ zu lösen sein könnte. Die Hauptursache für Eisenmangel ist aber nicht eine zu geringe Eisenaufnahme über die Nahrung, sondern der Hakenwurm, ein weit verbreiteter Parasit. Weltweit leiden 740 Millionen Menschen an einem Befall durch diesen Parasiten. Sie bekommen als Folge des-

sen Eisenmangel, weil sie permanent durch Blutentzug seitens des Parasiten im Darm Eisen verlieren. Wenn dann das Eisenangebot in der Nahrung erhöht wird, nutzt das zunächst einmal nichts – oder es ist zumindest sehr ineffizient.

Eine ganz andere Herausforderung für die Welternährung möchte ich an einem Beispiel aus unserer eigenen Arbeit skizzieren: In den letzten Jahren haben wir eine Studie in einem ländlichen Distrikt in Tansania durchgeführt. Dort wurde die Ernährungssituation der Bevölkerung erhoben. Die Ergebnisse sind interessant und zugleich alarmierend: Nach dem Body-Mass-Index (BMI) leiden 7 % der Bevölkerung an Unterernährung, 71 % waren normal ernährt, bei 15 % wurde Übergewicht festgestellt, und Fettsucht (Adipositas) betraf 7 % der Menschen. Das sind Ergebnisse für die Bevölkerung in einer ländlichen Region Tansanias, die zu gleichen Teilen von Unterernährung wie Adipositas betroffen ist. Offensichtlich ist es für Entwicklungsländer – selbst in Afrika südlich der Sahara – nicht mehr nur wichtig, den Hunger zu überwinden, sondern zugleich müssen Wege zu einer gesunden Ernährung gefunden werden.

Wie genau kommt es dazu, dass innerhalb einer Gesellschaft im gleichen Maße Unterernährung wie Adipositas festgestellt werden? Barry Popkins und chinesische Kollegen haben das in China sehr genau untersucht. Die Zahl der Menschen, die weniger als 10 % ihrer Nahrungsenergie aus Fett aufnehmen, ist im Laufe der Zeit in allen Einkommensgruppen immer kleiner geworden, und die Zahl der Menschen, die mehr als 30 % ihrer Nahrungsenergie aus Fett aufnehmen, ist im gleichen Zeitraum ebenfalls in allen Einkommensgruppen immer größer geworden. Das heißt, Ernährungsstile haben sich verändert. Wir nennen das „nutrition transition“ und beschreiben damit einen Prozess, der traditionelle Lebensmittel und Ernährungsformen durch Ernährungsweisen ersetzt, die auf einem verstärkten Verzehr von Fetten, Salz und Kohlenhydraten beruhen.

Diese Umstellung der Ernährungsgewohnheiten geht vielfach auch mit einer Veränderung des sozialen Status einher. Mit diesen sozialen Veränderungen müssen wir uns auseinandersetzen, weil sie dazu beitragen, dass sich auch in einem vergleichbar armen Land wie Tansania die Adipositas verbreitet. Wir brauchen also heute nicht mehr nur die Bekämpfung von Hunger als ein Standbein in der Sicherung der Welternährung, sondern wir brauchen ganz massiv eine Förderung gesunder Ernährungsstile in reichen wie in armen Ländern.

Lösungen für das Hungerproblem

Wenn wir über Hungerbekämpfung sprechen, dürfen wir nicht vergessen, dass wir von Menschen sprechen, die von Hunger betroffen sind. Kalorien zählen, Eiweiß messen, Bilanzen machen ist in diesem Fall nicht ausreichend. Es geht darum, zu untersuchen, welche Menschen von Hunger betroffen sind und was die Gründe für den Hunger sind. Hungerbekämpfung muss zielgenauer werden und dem Rechnung tragen, dass nicht alle Menschen hungern, selbst nicht in Hungerregionen.

Stellen wir also die Hungerbekämpfung in den Mittelpunkt, dann muss sich die Wahl der einzusetzenden Mittel diesem Ziel unterordnen. Wenn ich mir anschau, welche Mittel zur Verfügung stehen, dann habe ich technologische Lösungen und soziale Lösungen. Zu den technologischen Lösungen zählen das Saatgut, die Agrochemikalien, die Anbautechniken und anderes. Bei den sozialen Lösungen spielen Training und Ausbildung, Rechte, die Verteilung der Geschlechterrollen und schließlich die Gesundheit eine Rolle.

Bei den Technologien ist meine Anforderung, dass sie sich an dem Problem orientieren und nicht an den Möglichkeiten. Herr Müller-Röber hat heute exzellent die Möglichkeiten moderner Pflanzenzüchtung vor uns ausgebreitet. Aber wir müssen uns fragen: „Hilft uns das bei der Lösung des Welternährungs-Problems?“ oder ist es mehr die Nutzung der vorhandenen wissenschaftlichen Kapazitäten und Kompetenzen, die in den Technologien zum Tragen kommen? – Ist es wirklich das zur Problemlösung geeignete Instrument und ist es auch dort verfügbar wo Hunger herrscht? – Die moderne Agro-Biotechnologie wird nicht überwiegend dort angewandt wo Hunger herrscht, sondern dort wo Massenproduktion im agroindustriellen Bereich stattfindet. Wenn wir uns den sozialen Lösungen nochmals zuwenden, dann ist es eben nicht absoluter Mangel, der zu Unterernährung führt. Häufig sind innerhalb von Familien einzelne Mitglieder betroffen, sind innerhalb einer Region einzelne Gemeinden betroffen: Wirtschaftliche und soziale Ursachen sind meines Erachtens die größeren Herausforderungen als ein Mangel an Technologie und technologischen Lösungskonzepten für die Welternährung.

Risiken der technologischen Lösungen

Zu den technologischen Lösungen trotzdem ein Wort, und ich möchte bei dieser Gelegenheit einen Ort in Taiwan vorstellen, der meiner Ansicht nach ein Umfeld bietet, in dem Pflanzenforschung mit den Mitteln der Biotechnologie sicher durchgeführt werden kann. Ich zeige Ihnen ein Gewächshaus im Welt-Gemüseforschungs-Zentrum in Tainan auf Taiwan, das sehr auf-

wändig gebaut ist. Es besteht aus einem Gewächshaus in einem Gewächshaus, bei dem Abluft und Abwasser sowie alle anderen Emissionen aus dem Studienbereich minutiös kontrolliert werden. Der Aufwand für diese Art von Forschung ist außerordentlich hoch, und wir sollten im Hinterkopf behalten, dass wir das Welternährungsproblem lösen wollen. Wir machen das nicht um der Forschung willen als „l’art pour l’art“, und der Aufwand muss am erwarteten Nutzen gemessen werden.

Eine letzte Bemerkung zur Biotechnologie, weil es immerzu heißt, aus wissenschaftlicher Sicht müsse man über die grüne Gentechnik nicht *raisonieren*, sie habe nur Vorteile und keine Nachteile. Die DFG hat im letzten Jahr sogar eine Werbebroschüre für grüne Gentechnik produziert, in der die Situation so dargestellt wird, als wären es nur noch Außenseiter, die diesbezügliche Risiken in Betracht ziehen. Das International Food Policy Research Institute (IFPRI) gilt sicherlich nicht als besonders gentechnik-kritisch, dennoch wurde von dieser Einrichtung eine Übersicht veröffentlicht, basierend auf Daten aus dem Jahr 2001, in der ganz deutlich die Nutzen-orientierte gentechnische Veränderung der Pflanze und die daraus resultierenden Risiken gegenüber gestellt wurden.

Für eine emotionsfreiere Diskussion der grünen Gentechnik in Industrieländern muss man sich mit beiden Seiten, dem Nutzen wie den Risiken auseinandersetzen. Heute verfasst jeder Pharmahersteller, der ein neues Mittel auf den Markt bringt, einen Beipackzettel, in dem steht, was an Risiken, Nebenwirkungen und Gegenindikationen in Betracht gezogen wird. Nur bei der grünen Gentechnik wird uns suggeriert, das sei alles harmlos und es sei wirklich unsinnig darüber zu *raisonieren*. Da sehe ich einen erheblichen Nachholbedarf auch für unsere Großforschungsorganisationen.

Ich möchte nicht weiter im Detail darauf eingehen, warum wir aus der Sicht der Ernährungssicherheit heraus wesentlich komplexere Ansätze in der Forschung für nötig halten. Nur soviel sei gesagt: Natürlich müssen wir uns sowohl mit Nahrungssicherheit beschäftigen – da gehört auch die Pflanzenforschung dazu – dabei dürfen wir aber nicht andere wichtige Aspekte – wie beispielsweise die Fürsorgekapazität – außer Acht lassen. Alte, Kranke, Kinder und Behinderte können sich nicht selbst versorgen, sie hungern auch, wenn man ihnen das Essen irgendwo hinstellt, wo sie selbst leider nicht herankommen oder es sich selbst nicht in den Mund stecken können.

Wir brauchen weiterhin einen Gesundheitsbereich, der die Menschen gesund macht und ihnen ermöglicht, in der Landwirtschaft oder in anderen Bereichen zu arbeiten, und der die

Menschen in die Lage versetzt, die Nährstoffe aus der Nahrung auch in sich aufzunehmen, zu verdauen und im Stoffwechsel zu verwerten.

Ich glaube, es gibt ganz gewaltige Potenziale in der Pflanzenforschung. Wir selbst beschäftigen uns seit einiger Zeit mit einem Gemüse, der Bittergurke; sie kann den Blutzuckerspiegel bei Diabetikern senken und die Nahrungsaufnahme begrenzen, indem sie den Appetit zügelt. Es gibt also durchaus diätetische Ansätze, dem Problem der kalorischen Überernährung und den daraus resultierenden Folgen, zum Beispiel der Zuckerkrankheit, entgegenzuwirken. Genau da sehe ich eine wichtige Aufgabe für die Forschung, die das Ernährungsproblem auch in dieser Dimension ins Auge fasst.

Anforderungen an die Nahrungsmittelversorgung der Zukunft

Vor die Frage gestellt, welche Nahrungsmittel wir auf der Welt brauchen, stelle ich folgende Anforderungen:

- ▶ Sie sollen genügend Nahrungsenergie enthalten, das heißt vor Ort muss eine zuverlässige Versorgung mit Grundnahrungsmitteln sichergestellt sein,
- ▶ sie sollen alle Nährstoffe in ausreichender Menge aber nicht zu viel Fett, Zucker und Salz enthalten und das ist durch Obst, Gemüse, Fisch und in kleineren Mengen auch Fleisch zu gewährleisten, und
- ▶ sie sollen bioaktive Inhaltsstoffe enthalten. Dieser Aspekt wird meist vergessen, dabei verfügen diese Nahrungsbestandteile über eine Vielzahl gesundheitsfördernder Eigenschaften. Es wird ihnen zum Beispiel blutzuckersenkende Wirkung oder die Vorbeugung verschiedener Herz-Kreislauf-Erkrankungen zugeschrieben. Sie alle kennen diese Rotwein-Diskussion: Regelmäßiger geringer Weinkonsum vermag Herz-Kreislauf-Erkrankungen vorzubeugen – ähnliches gilt für viele Gemüsearten.

Der zweite Aspekt ist die Lebensmittelsicherheit, das heißt wir benötigen Nahrungsmittel, die nicht krank machen, sie müssen zum Beispiel Pestizid- und Schwermetall-frei sein. An diesem Punkt wird deutlich, wie ambivalent das Thema Ertragssteigerung zu sehen ist. Wenn man nämlich den Ertrag optimiert, nimmt man eventuell einen hohen Pestizideintrag in Kauf. In diesem Moment ist abzuwägen, ob Ertragsoptimierung wirklich das einzige Ziel ist, das ich verfolgen möchte. Alternativ erweitere ich meine Anforderung um eine möglichst pestizidarme

Ertragsoptimierung. Natürlich ist das eine Option, die man verfolgen kann. Mein Eindruck zu dem Thema ist allerdings, dass solche Forschung in Deutschland bisher nicht stattfindet und unter anderem da sehe ich erheblichen Nachholbedarf. Meine Hoffnung ist, dass es in Zukunft gelingt, diese Forschungslücke zu schließen.

9.4 Wege zu einer nachhaltigen und wissensbasierten Umgestaltung des Agrarsektors (Helmut Born)⁶

Kurzzusammenfassung: Vorhandene Forschungskapazitäten in Deutschland dürfen nicht ungenutzt bleiben. Innovative, auch systemische Ansätze in der Forschung müssen über den Bereich Pflanze hinaus größere Kreisläufe berücksichtigen. Die Bioökonomie kann sich langfristig zu einer tragenden Säule einer modernen, zukunftsverantwortlichen Volkswirtschaft entwickeln.

Bevor ich mich der Welt der Landwirtschaft, der Ernährung, der Energie und des Klimaschutzes zuwende, möchte ich Ihnen kurz darstellen, warum ich im BioÖkonomieRat aktiv bin, welche Zielsetzung verfolgt wird und welche ersten Ergebnisse sich bereits abzeichnen: Seit langer Zeit habe ich mich dafür eingesetzt, einen Initiativkreis Agrarforschung aller Branchen der Lebensmittelkette zusammenzuführen: Pflanzen- und Tierzüchter, Landwirte, Ernährungswirtschaft, Düngemittel- und Pflanzenschutzmittel-Hersteller. Vor allem Wissenschaftsvorstände aus den Unternehmen, diejenigen, die forschungsorientiert dort arbeiten, sollten aus einem ganz einfachen Grund zusammenkommen: Es war kaum erträglich zu beobachten, wie in den letzten 15 bis 20 Jahren vor allem die wichtigen Forschungskapazitäten vernachlässigt wurden, die sich mit Zukunftsthemen der Nahrungsmittelbereitstellung und der Erzeugung nachwachsender Rohstoffe befassen. Das war in anderen Ländern vollkommen anders und so hat der Bauernverband den Initiativkreis von Anfang an unterstützt. Wenn man so will ein paar

6 Dr. Helmut Born ist ehem. Mitglied des BioÖkonomieRats und seit 1991 Generalsekretär des Deutschen Bauernverbandes. Nach dem Studium und der Promotion am Institut für Agrarpolitik, Marktforschung und Wirtschaftssoziologie der Universität Bonn war er in verschiedenen Aufgabenfeldern des Berufsstandes tätig, unter anderem als Referent für Grundsatzangelegenheiten und als stellvertretender Generalsekretär des Deutschen Bauernverbandes. In der Zeit von 1982 bis 1991 leitete er unter anderem die deutsch-polnische Arbeitsgruppe Land- und Agrarwirtschaft des Bundeswirtschaftsministeriums. Er ist stellvertretender Vorsitzender des Initiativkreises Agrarforschung des Zentralausschusses der Landwirtschaft.

Individualisten, die sich der Bioökonomie verschrieben haben. So ist es dann gelungen, diesen Initiativkreis mit dem BioÖkonomieRat zu vernetzen.

Der BioÖkonomieRat wurde 2009 mit dem Ziel gegründet, über Empfehlungen zukünftigen Forschungsbedarf zu ermitteln, die Entwicklung von Technologien und Methoden zu beschleunigen und Rahmenbedingungen für Wirtschaft und Wissenschaft zu verbessern. Der Rat besteht aus ungefähr 20 Personen, vorwiegend Wissenschaftler aus den Universitäten. Ab einem gewissen Zeitpunkt wünschte sich der Kreis zusätzlich die Sicht der praktischen Landwirtschaft und irgendwann saß ich dann mit dabei, ob das gut oder schlecht war, das wird sich zeigen.

Wenn man über innovative wie auch systemische Ansätze in der Agrar- und Ernährungsforschung nachdenkt, landet man unweigerlich im Metier der Pflanzenzüchtung. Mit Sicherheit ist die Pflanzenzüchtung sehr wichtig, nur muss man sich genauso anschauen, wie wir mit unseren Böden umgehen, auf denen die Pflanzen wachsen sollen. Wenn man über eine nachhaltige Entwicklung nachdenkt, muss man sich fragen, in welchem Ausmaß wir Nährstoffkreisläufe sicherstellen. Heutzutage ist das Thema des nachhaltigen Umgangs mit Phosphat mindestens genauso wichtig, wie die Frage der Nitrat- und Humusversorgung sichern zu können. Wenn wir über Kreisläufe reden, ist es auch wichtig, einen gesamtheitlichen Ansatz für Tierhaltung und Ackerbau zu finden. Genau diese Themen habe ich versucht, in den BioÖkonomieRat einzubringen.

Der BioÖkonomieRat ist eine Einrichtung, die durch die Forschungsministerin und die Verbraucherschutz-, Landwirtschafts- und Ernährungsministerin angeregt wurde. Beide haben die Umsetzung und Betreuung des BioÖkonomieRates der acatech, der Akademie der Technikwissenschaften, angetragen. Sie wollten in diesem Fall keinen Beirat an den Ministerien etablieren, sondern an einer wissenschaftlichen Einrichtung. Man hat darum gebeten, sich in Eigenregie zu organisieren und zu strukturieren und nach einer gewissen Zeit einen Bericht vorzulegen. In diesem Stadium sind wir zurzeit, das Gutachten ist so gut wie fertig.

Was ist das Ziel? Die Bioökonomie kann sich langfristig zu einer tragenden Säule einer modernen zukunftsverantwortlichen Volkswirtschaft entwickeln, die gegenwärtig noch wesentlich auf fossilen Rohstoffen basiert. Das ist ein Kernsatz, der sich im aktuellen Gutachten wiederfindet. Entscheidend dafür ist die wirtschaftliche Durchsetzungsfähigkeit neuer Verfahren und Produkte am Markt. Der BioÖkonomieRat ist also von vornherein angetreten, um in der Forschung einen Schub auszulösen und gleichzeitig Ergebnisse zu erzielen, die uns im

Markt zum Vorteil gereichen. Das gilt in erster Linie hier für Deutschland, aber sicher auch für die Bauern und die Agrarwirtschaft weltweit. Das langfristige Ziel ist die Sicherstellung der Lebensgrundlagen angesichts knapper werdender Ressourcen und konkret bedeutet das, Ernährung sicherzustellen, Energie zu erzeugen und neue Roh- und Wirkstoffe biobasiert herzustellen. Das sind die Vorgaben, die wir uns gesetzt haben. Ich vertrete diese Ziele voll und ganz und gebe zu, anfangs war der Bericht ein wenig bio- und gentechnologielastig. Das hat sich mittlerweile geändert, Biotechnologie ist immer noch ein wichtiger Bestandteil, aber einer unter vier wichtigen.

Ich teile durchaus die Ansicht, dass man fossile Rohstoffe als Basis für die Volkswirtschaft durch Pflanzen ersetzen kann. Dann muss man ganz vorne in der Kette bei der Pflanze ansetzen. Wenn ich da nicht die Grundlage lege, dort nicht die Inhaltsstoffe, aber auch nicht die Quantitäten bringe, kann man ein so hehres Ziel nicht angehen.

Ich möchte hier noch einige weitere Bereiche ansprechen, denen wir uns etwas stärker zugewandt haben. Bei uns in Deutschland ist die Wasserressource unproblematisch – mit Ausnahme des Frühsommers. Weltweit ist die Wassereffizienz, die Art und Weise, wie wir im Ackerbau und der Tierhaltung mit Wasser umgehen, aber sehr wichtig. Für unsere Forschung wird es von großer Bedeutung sein, dass wir zu dieser Kernproblematik substanziell etwas sagen können. Nährstoffe gezielt einzusetzen, zurückzugewinnen und wieder zu verwenden, das wird die zweite Herausforderung der nächsten 10 bis 15 Jahre werden. Wir haben sehr große Nährstoffströme weltweit über Nahrungsmittel. Nicht nur Wasser, sondern im gleichen Maße werden auch Nährstoffe über Nahrungsmittel transportiert. Der BioÖkonomieRat empfiehlt nachdrücklich, sich mit der Bearbeitung dieser Frage zu befassen. Zur Tierhaltung möchte ich jetzt nicht sehr viel mehr sagen. Sie ist für die deutsche Land-, Agrar- und Ernährungswirtschaft essenziell.

Ich sollte Ihnen jetzt etwas über die Erwartungen der Landwirte an die Pflanzenforschung erzählen, wie es dem Titel der Veranstaltung entspricht. So etwas wie beispielsweise Frühsaatverträglichkeit, Frosttoleranz, Halmelastizität und Druscheignung – konkrete Fragen des Ackerbaus eben. Das werde ich jetzt alles nicht tun, sondern zum Einstieg in die Diskussion möchte ich von mir aus nur zwei Worte zur grünen Gentechnik verlieren: Die Bio- und Gentechnologie, die grüne Gentechnologie werden wir wohl auf lange Sicht in Europa nicht im Anbau einsetzen. Das darf aber nicht für die Forschung gelten. Wenn man weltweit die grüne Gentechnik betrachtet, dann ist diese mal eben so en passant von der Forschungsseite „in den

Acker gerutscht“, weil man die Herbizidtoleranz dort zeitweise nutzen konnte. Ich sage zeitweise, da ich die Debatte 20 Jahre verfolge und immer davor gewarnt habe. Agronomisch funktioniert das nicht, einen Acker zum 20sten Mal mit demselben Pestizid zu bearbeiten. Dadurch bildet sich eine wunderschöne ökologische Nische aus. Das Risiko, dass es zu Resistenzen kommt, ist extrem hoch und sobald der erste Durchbruch erfolgt, gibt es ein Problem in den landwirtschaftlichen Betrieben. Damit müssen Bauern dann umgehen und wir werden es auch. Viel interessanter wäre es nur, wenn es mittels Biotechnologie gelänge, Resultate zu erzielen, die über Inhaltsstoffe und Ertrag auf ein breites Konsumenteninteresse stoßen. Dann sähe es mit der Akzeptanz in der öffentlichen Debatte ganz anders aus.

Ein letzter Punkt: Die Übergänge zwischen Gentechnologie und traditioneller Züchtung sind mittlerweile fließend. Die Chancen, die sich ergeben, haben wir ja im vorherigen Vortrag gesehen. Was mich wirklich fasziniert, wie gezielt auch im herkömmlichen Sinne Züchtung beschleunigt und zur Verbesserung von Pflanzensorten genutzt werden kann. Die spannende Frage hier ist nur, ob wir genau diesen Weg emotionsloser gehen können, als alle bisherigen Schritte in der Bio- und Gentechnologie.

Angela Osterheider, Lilian Marx-Stölting

10. Daten zu ausgewählten Indikatoren

10.1 Einführung und Übersicht

Die besondere Aufgabe des „Gentechnologieberichts“ und seiner Themenbände besteht darin, das komplexe Feld der Gentechnologie in Deutschland in einer messbaren und repräsentativen Form für fachlich Interessierte aufzuschließen. Dabei geht es weniger um die Erhebung eigener Daten, als darum, Problemfelder mittels Indikatoren näher zu beschreiben und diese mit als relevant beurteilten und vorhandenen Daten in ein Verhältnis zu setzen (siehe Hucho et al., 2005:17f.). Die Beschreibung eines Problemfeldes mittels Indikatoren ist dabei erklärtes Ziel und die besondere Leistung des „Gentechnologieberichts“ (siehe Kapitel 2). „Indikatoren“ werden dabei als „empirisch direkt ermittelbare Größen verstanden, die Auskunft über etwas geben, das selbst nicht direkt ermittelbar ist“ (Domasch/Boysen 2007:181). Die in Kapitel 2 eingeführten Problemfelder der grünen Gentechnologie werden mit Hilfe relevanter Indikatoren ausgeleuchtet. Sie sollen Aussagen über den aktuellen Sachstand und die Entwicklung der grünen Gentechnologie ermöglichen. Die Zuordnung einzelner Indikatoren zu den Problemfeldern ist in der nachfolgende Tabelle (Tabelle 1) dargestellt. Dabei werden die Problemfelder zunächst beschrieben und dann mit den Indikatoren verknüpft. Wenn mit einem Problemfeld keine geeigneten Indikatoren verknüpft werden können oder verlässliche empirische Daten fehlen ist eine qualitative Beschreibung erforderlich.

Tabelle 1: Problemfelder der grünen Gentechnik in Deutschland und Indikatoren zu ihrer Beschreibung

Problemfeld	These (Beschreibung und Eingrenzung des Problemfeldes)	Indikatoren (Nicht für alle Problemfelder lassen sich Indikatoren finden, die es ermöglichen, das Problemfeld quantitativ zu erfassen. Falls ein Ausmessen eines der Problemfelder mittels Indikatoren nicht möglich ist oder nicht die erforderliche Präzisierung erbringt, muss auf qualitative Beschreibungen zurückgegriffen werden.)
	Forschungsfrage	
Ökonomische Dimension <-> Wissenschaftliche Dimension		
Stand der Kommerzialisierung	In Deutschland und Europa bleibt die Kommerzialisierung der grünen Gentechnologie hinter der internationalen Entwicklung zurück.	<p>Anzahl der in der EU zugelassenen und nicht mehr gültigen Traits (GG-01)¹⁾</p> <p>Umsatz gentechnisch veränderter Saatguts weltweit (GG-04)¹⁾</p> <p>Flächenanteil gentechnisch veränderter Pflanzen an der weltweiten Anbaufläche (GG-05)¹⁾</p> <p>Anteil gentechnisch veränderter Sorten an zugelassenen Sorten (GG-12)¹⁾</p> <p>Vergleich der Anzahl der zugelassenen gv-Sorten mit der Anzahl der tatsächlich kommerziell genutzten gv-Sorten³⁾</p> <p>Anbauflächen einzelner Kulturarten (GG-13)¹⁾</p> <p>Flächenanteile einzelner Arten an der landwirtschaftlichen Nutzfläche (Kulturartendiversität) (GG-14)¹⁾</p> <p>Flächenanteil gentechnisch veränderter Sorten an der landwirtschaftlichen Nutzfläche (GG-15)¹⁾</p> <p>Anteil an landwirtschaftlichen Betrieben, die gv-Pflanzen anbauen³⁾</p> <p>Preisvergleich von gentechnikfreien, konventionellen und unter Verwendung von gv-Pflanzen hergestellter Lebensmittel³⁾</p> <p>Verhältnis der Lebensmittelimporte zu den Lebensmittelexporten gemessen am Umsatz³⁾</p> <p>Anteil gv-Produkte bei Importen und Exporten in Deutschland³⁾</p> <p>Akzeptanz gentechnisch veränderter Pflanzen bei Landwirten (geäußerte Zustimmung) (GG-19)¹⁾</p> <p>Marktanteil gentechnisch veränderter Lebensmittel³⁾</p> <p>Anzahl als Lebens- und Futtermittel zugelassener gentechnisch veränderter Pflanzen (GG-20)¹⁾</p> <p>Verteilung der zugelassenen Traits bezogen auf Firmen (USA, EU) (GG-22)²⁾</p>
	Stand der Anwendung: Welche züchterischen Ziele konnten bislang durch den Einsatz der Gentechnologie realisiert werden? Welche gv-Pflanzen werden in Deutschland angebaut? Welche Produkte aus gv-Pflanzen werden in Deutschland angeboten?	

Transfer von Wissen in Produkte	Nicht in allen Wissenschaftsteilgebieten werden Forschungsergebnisse effizient in neue Produkte überführt. Gleichzeitig führt der Druck zur ökonomischen Verwertung von Forschungsergebnissen ggf. zu verfrühten, nicht haltbaren Versprechungen.	[Qualitative Beschreibung erforderlich]
	Welche Teilbereiche der grünen Gentechnik sind anwendungs- und produktnah? Wo existieren Divergenzen zwischen angekündigter und realer Umsetzung?	
Brain Drain	Die Abwanderung hochqualifizierter Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler ins Ausland führt zu einer Schwächung des Wissenschaftsstandorts und damit mittelbar zur Schwächung des Wirtschaftsstandorts Deutschland.	[Qualitative Beschreibung erforderlich]
	Inwieweit verlassen hochqualifizierte Wissenschaftler das Land und welches ökonomische Potenzial wird damit verspielt?	
Forschungs- und Wissenschaftsstandort Deutschland	Für ein an Rohstoffen armes Land ist eine wissenschaftsbasierte Ökonomie von zentraler Bedeutung für die wirtschaftliche Prosperität und den gesellschaftlichen Wohlstand.	<p>Öffentliche Forschungsaufwendungen für die grüne Gentechnologie (GG-06)¹⁾</p> <p>Anteil der öffentlichen Forschungsaufwendungen für die grüne Gentechnologie an den Ausgaben des BMBF (GG-08)¹⁾</p> <p>Anzahl der Patentanmeldungen im Bereich grüner Gentechnologie (GG-09)¹⁾</p> <p>Anzahl der patentanmeldenden Unternehmen und öffentlichen Einrichtungen im Bereich grüner Gentechnologie (GG-10)¹⁾</p> <p>Forschungsausgaben deutscher Saatgutunternehmen³⁾</p>
	In welcher Weise werden die grüne Gentechnik und die dazugehörige Sicherheitsforschung in Deutschland gefördert? Wie sehen die institutionellen Wissenschaftsstrukturen in diesem Bereich aus? Wie sind Wissenschaftsstrukturen und Forschungsstand im internationalen Vergleich zu beurteilen?	
Realisierung wissenschaftlicher Zielsetzungen	Wissenschaftliche Zielsetzungen und konkret etablierte Anwendungen sind für Nichtfachleute schwer zu unterscheiden. Zum Wesen der wissenschaftlichen Forschung gehört, dass nicht alle wissenschaftlichen Zielsetzungen erreicht werden.	<p>Anzahl der Traits in Freisetzungsversuchen (GG-02)¹⁾</p> <p>Anzahl der Freisetzungsversuche (GG-03)¹⁾</p>
	Stand des Wissens: Welcher wissenschaftliche Erkenntnisstand existiert derzeit? Wie weit ist das Erreichte gemessen an den wissenschaftlichen Zielsetzungen?	

Wissenschaftliche Dimension <> Ökologische Dimension		
Missbrauchsrisiko	Neue Technologien wie die grüne Gentechnik können gegen das Wohl von Menschen zweckentfremdet werden.	[Qualitative Beschreibung erforderlich]
	Inwieweit ist es realistisch, dass Methoden der grünen Gentechnologie absichtlich gegen das Wohl der Menschen eingesetzt werden?	
Nachhaltigkeit	Der Einsatz der Gentechnik in der Pflanzenzüchtung ist mit positiven Wirkungen auf die Umwelt verbunden.	Pflanzenschutzmitteleinsatz beim Anbau gentechnisch veränderter Pflanzen ³⁾ Bodenbearbeitung beim Anbau gentechnisch veränderter Pflanzen ³⁾
	Inwieweit bestehen durch den Anbau gentechnisch veränderter Pflanzen positive Effekte auf die Umwelt? [Sichtwort z. B.: verringerter Pflanzenschutzmitteleinsatz] Können ökologisch orientierte Verbraucher für gv-Pflanzen mit ökologischen Vorteilen gewonnen werden?	
Sicherheitsforschung und -prüfung	Prinzipiell ist es bei komplexen Systemen unmöglich, alle möglichen Effekte vorherzusehen und ggf. entsprechend vorzubeugen.	Öffentliche Ausgaben für die Risikoforschung im Bereich grüner Gentechnik (GG-11) ¹⁾
	Welche ökologischen und gesundheitlichen Risiken werden untersucht? Welche Prüfungen sind für eine Zulassung erforderlich? Bestehen Lücken und wie könnten sie geschlossen werden?	
Soziale Dimension <> Wissenschaftliche Dimension		
Sicherheit während der Forschung	Die Forschung an gv-Pflanzen im Gewächshaus und im Freiland erfordert spezielle Sicherheitskonzepte.	[Qualitative Beschreibung erforderlich]
	Bestehen bei der Forschung an gv-Pflanzen Sicherheitsprobleme und wie weit können sie ggf. minimiert werden? [Beispiel: Freisetzungsversuche]	

Soziale Dimension <-> Ökologische Dimension		
Gesundheitliche Risiken	In der öffentlichen Wahrnehmung werden gentechnisch veränderte Pflanzen, die als Lebensmittel verwendet werden, häufig mit gesundheitlichen Risiken (z. B. Allergenität) verbunden.	Anzahl der zurückgezogenen GVO-Genehmigungen aufgrund eines Nachzulassungsmonitorings ³⁾
	Bestehen durch den Einsatz gentechnischer Verfahren in der Pflanzenzüchtung gesundheitliche Gefährdungen, die bei bisherigen Züchtungsverfahren bzw. bei konventionellen Lebensmitteln nicht oder nicht in derselben Intensität bestehen?	
Akzeptanz	Bei Endverbrauchern treffen die Produkte der grünen Gentechnik derzeit überwiegend auf Ablehnung.	Verbraucherakzeptanz der grünen Gentechnologie (GG-17)¹⁾ Akzeptanz gentechnisch veränderter Pflanzen bei Landwirten (gentechnikfreie Regionen) (GG-18) ¹⁾ Akzeptanz gentechnisch veränderter Pflanzen bei Landwirten (geäußerte Zustimmung) (GG-19) ¹⁾ Marktanteil gentechnisch veränderter Lebensmittel ³⁾ Anzahl als Lebens- und Futtermittel zugelassener gentechnisch veränderter Pflanzen (GG-20) ¹⁾ Sachbeschädigungen im Zusammenhang mit der Gentechnologie (GG-21) ²⁾ Werbemaßnahmen für gentechnisch veränderte Lebensmittel ³⁾ Marktanteil von Lebensmitteln mit der expliziten Kennzeichnung „gentechnikfrei“ ³⁾
	Worauf basieren ablehnende Voten? Worauf zustimmende? Welche Grenzen haben Aufklärung und Information als Strategie der Akzeptanzsteigerung? Warum wird gerade der Einsatz der Gentechnologie bei Lebensmitteln abgelehnt?	
Koexistenz und Haftungsfragen	Auf der Produzentenebene legen die Regelungen zur Koexistenz eine Kostenverteilung zwischen den Anbauformen bzw. Interessengruppen fest. Während die eine Seite möglichst ohne Auflagen und damit verbundene zusätzliche Kosten gv-Pflanzen anbauen will, fordert die andere Seite, vor wirtschaftlichen Nachteilen durch den Eintrag „fremder“ Gene geschützt zu werden.	Flächenanteil des Ökolandbaus an der gesamten landwirtschaftlichen Nutzfläche (GG-16)¹⁾ Anteil und Anzahl an Betrieben des Ökolandbaus, die aufgrund des Nachweises von Transgenen ihre Erzeugnisse nicht als Ökoprodukte verkaufen konnten ³⁾ Anzahl der Rechtsstreitigkeiten aufgrund von Vermischungen mit gentechnisch verändertem Material ³⁾ Summe der Schadensersatzzahlungen im Bereich der grünen Gentechnologie ³⁾ Anzahl der Mediationen zum Anbau gentechnisch veränderter Pflanzen ³⁾
	Inwieweit ist das Nebeneinander von einer Landwirtschaft mit gentechnisch veränderten Pflanzen auf der einen Seite und von konventioneller bzw. ökologischer Landwirtschaft auf der anderen möglich?	

Ökologische Risiken beim Anbau	Der Einsatz der Gentechnologie in der Pflanzenzüchtung ist mit negativen Wirkungen auf die Umwelt verbunden.	Anzahl der zurückgezogenen GVO-Genehmigungen aufgrund eines Nachzulassungsmonitorings ³⁾ Anzahl bewiesener Auskreuzungen auf verwandte Arten ³⁾
Soziale Dimension <-> Ökonomische Dimension		
Ökonomische Gewinne und Arbeitsplätze	Durch Kommerzialisierung der Forschungsergebnisse können Arbeitsplätze in der Landwirtschaft gesichert und geschaffen werden. Welche wirtschaftlichen Leistungen basieren auf dem Einsatz der grünen Gentechnik und wie viele Arbeitsplätze können hier erhalten und dazugewonnen werden? Oder wirkt die grüne Gentechnik als Rationalisierungstechnik, die die Zahl der Arbeitsplätze verringert?	Gewinne im Bereich gentechnisch veränderten Saatguts ³⁾ Kapitalintensität bei Betrieben, die gentechnisch veränderte Pflanzen anbauen ³⁾ Arbeitsproduktivität von Betrieben, die gentechnisch veränderte Pflanzen anbauen ³⁾
Patente auf Leben	Für die Kommerzialisierung der grünen Gentechnologie sind Patente auf Gene von großer Bedeutung. Als „Bausteine des Lebens“ sind Gene nicht vergleichbar mit anderen Produktpatenten. Was ist patentierbar? In welcher Weise stellt die Patentierbarkeit von Genen eine Besonderheit des Gentechnikeinsatzes gegenüber der klassischen Züchtung dar?	[Qualitative Beschreibung erforderlich]
Ernährungssicherung	Eine wachsende Weltbevölkerung verlangt nach mehr Lebensmitteln bei gleichzeitig schrumpfenden Anbauflächen. Kann der Einsatz der grünen Gentechnologie dazu beitragen, die Ernährungssicherung in der Welt zu verbessern?	[Qualitative Beschreibung erforderlich]
Nutzenverteilung	Der Nutzen der grünen Gentechnik entlang der Wertschöpfungskette ist ungleich verteilt. Insbesondere aus Sicht der Verbraucher ist der Nutzen gering, entsprechend erfährt die grüne Gentechnik eine geringe Zustimmung. Wie verteilt sich der Nutzen des Gentechnikeinsatzes in der Wertschöpfungskette (agrochemische Unternehmen, Landwirte, Verbraucher etc.)? Welchen spezifischen Nutzen kann der Gentechnikeinsatz jeweils haben?	Gewinne beim Anbau gentechnisch veränderter Pflanzen gegenüber den Gewinnen beim konventionellen Anbau ³⁾ Gewinnverteilung entlang der Wertschöpfungskette bei Produkten aus gentechnisch veränderten Pflanzen ³⁾ Kostenverteilung entlang der Wertschöpfungskette bei Produkten aus gentechnisch veränderten Pflanzen ³⁾

Landwirtschaftliche Strukturen	Als Teil des technischen Fortschritts verschärft der Anbau von gv-Pflanzen die bestehende Tendenz des „wachse oder weiche“ und verstärkt die Tendenz zu einer industriellen Landwirtschaft. Gleichzeitig erlaubt er wirtschaftliche Prosperität in ländlichen Regionen.	Anteil an landwirtschaftlichen Betrieben, die gentechnisch veränderte Pflanzen anbauen ³⁾ Betriebsgröße der landwirtschaftlichen Betriebe, die gentechnisch veränderte Pflanzen anbauen ³⁾ Kapitalintensität bei Betrieben, die gentechnisch veränderte Pflanzen anbauen ³⁾ Arbeitsproduktivität von Betrieben, die gentechnisch veränderte Pflanzen anbauen ³⁾ Anteil des Vertragsanbaus beim Anbau gentechnisch veränderter Pflanzen ³⁾
	Wie verändert der Einsatz der grünen Gentechnik die landwirtschaftlichen Strukturen in Deutschland? Bewirkt oder verstärkt der Einsatz der grünen Gentechnik Abhängigkeitsstrukturen in der Landwirtschaft? Erlaubt der Einsatz von gv-Pflanzen neue Wertschöpfungsketten in ländlichen Regionen?	
Wahlfreiheit und Kennzeichnung	Die dem Grundsatz der Wahlfreiheit folgende Kennzeichnung von Lebensmitteln aus gv-Lebensmitteln erlaubt Verbrauchern die freie Entscheidung, sich für oder gegen die Gentechnik bei Lebensmitteln zu entscheiden.	[Qualitative Beschreibung erforderlich]
	Inwieweit erfüllt die Garantie der Wahlfreiheit die Verbraucherbedürfnisse bzw. reicht über sie hinaus? Ist sie praktisch umsetzbar?	
Gesunde Ernährung	In Deutschland stellen ernährungsbedingte Krankheiten ein wachsendes Problem dar, das hohe volkswirtschaftliche Kosten verursacht.	[Qualitative Beschreibung erforderlich]
	Inwieweit können gentechnisch veränderte Pflanzen zu einer gesunden Ernährung beitragen? Welche Käufergruppen nehmen die aus ihnen gewonnenen Lebensmittel tatsächlich als gesund wahr? Besteht die Möglichkeit, dass mögliche gesundheitliche Vorteile gegenüber möglichen gesundheitlichen Risiken in der öffentlichen Debatte dominieren?	
Ebene Ethik		
Ethik	Das Überspringen von Artgrenzen ist ein massiver Eingriff in die Natur bzw. Schöpfung.	[Qualitative Beschreibung erforderlich]
	Wo könnten bei der grünen Gentechnologie ethische Grenzen überschritten werden, bspw. beim Einsatz von Tier- und Humangen in Pflanzen?	

Ebene Politik / Recht		
Rechtsrahmen	Der rechtliche Rahmen bestimmt über Forschungsziele und die Verbreitung der Anwendung.	[Qualitative Beschreibung erforderlich]
	Wie ist der aktuelle Stand des Rechts in der EU und in Deutschland? In welcher Weise sorgt der Rechtsrahmen für einen Interessenausgleich zwischen einer Position, die Forschung und Anwendung der grünen Gentechnologie unterstützt, und einer skeptischen bis ablehnenden Haltung?	

1) Indikator vom Gentechnologiebericht (2005; 2009) und dem Supplement zur grünen Gentechnik (2007) fortgeschrieben.

2) Neuer Indikator.

3) Derzeit keine ausreichenden Daten verfügbar.

10.2 Daten zu Akzeptanz, Forschungs- und Wissenschaftsstandort Deutschland, Koexistenz und Haftungsfragen, Realisierung wissenschaftlicher Zielsetzungen, Sicherheitsforschung und -prüfung, Stand der Kommerzialisierung

Mittels standardisierter Datenblätter werden bestimmte Indikatoren nachfolgend vorgestellt. Ein Großteil der hier präsentierten Daten kann dabei als Fortschreibung der seit 2005 veröffentlichten Zahlen gesehen werden (Hucho et al. 2005; Müller-Röber et al. 2007; 2009). Die Rubriken „Abgrenzung der Berechnungsgrößen“ und „Aussagefähigkeit“ bilden auch diesmal den interpretativen Rahmen. Die Reihenfolge der Indikatoren in der unten genannten Liste ist nicht numerisch, da die Zahl der Indikatoren im Laufe der Zeit zugenommen hat und jeweils den Problemfeldern zugeordnet wurden. Die Darstellung der Indikatoren in den Datenblättern ist hingegen streng numerisch.

Stand der Kommerzialisierung

- ▶ Anzahl der in der EU zugelassenen und nicht mehr gültigen Traits (GG-01)
- ▶ Umsatz gentechnisch veränderten Saatguts weltweit (GG-04)
- ▶ Flächenanteil gentechnisch veränderter Pflanzen an der weltweiten Anbaufläche (GG-05)
- ▶ Anteil gentechnisch veränderter Sorten an zugelassenen Sorten (GG-12)

- ▶ Anbauflächen einzelner Kulturarten (GG-13)
- ▶ Flächenanteile einzelner Arten an der landwirtschaftlichen Nutzfläche (Kulturartendiversität) (GG-14)
- ▶ Flächenanteil gentechnisch veränderter Sorten an der landwirtschaftlichen Nutzfläche (GG-15)
- ▶ Akzeptanz gentechnisch veränderter Pflanzen bei Landwirten (geäußerte Zustimmung) (GG-19)
- ▶ Anzahl als Lebens- und Futtermittel zugelassener gentechnisch veränderter Pflanzen (GG-20)
- ▶ Verteilung der zugelassenen Traits bezogen auf Firmen (USA, EU) (GG-22)

Forschungs- und Wissenschaftsstandort Deutschland

- ▶ Öffentliche Forschungsaufwendungen für die grüne Gentechnologie (GG-06)
- ▶ Anteil der öffentlichen Forschungsaufwendungen für die grüne Gentechnologie an den Ausgaben des BMBF (GG-08)
- ▶ Anzahl der Patentanmeldungen im Bereich grüner Gentechnologie (GG-09)
- ▶ Anzahl der patentanmeldenden Unternehmen und öffentlichen Einrichtungen im Bereich grüner Gentechnologie (GG-10)

Realisierung wissenschaftlicher Zielsetzungen

- ▶ Anzahl der Traits in Freisetzungsversuchen (GG-02)
- ▶ Anzahl der Freisetzungsversuche (GG-03)

Sicherheitsforschung und -prüfung

- ▶ Öffentliche Ausgaben für die Risikoforschung im Bereich grüner Gentechnologie (GG-11)

Akzeptanz

- ▶ Verbraucherakzeptanz der grünen Gentechnologie (GG-17)
- ▶ Akzeptanz gentechnisch veränderter Pflanzen bei Landwirten (gentechnikfreie Regionen) (GG-18)
- ▶ Akzeptanz gentechnisch veränderter Pflanzen bei Landwirten (geäußerte Zustimmung) (GG-19)

- ▶ Anzahl als Lebens- und Futtermittel zugelassener gentechnisch veränderter Pflanzen (GG-20)
- ▶ Sachbeschädigungen im Zusammenhang mit der Gentechnologie (GG-21)

Koexistenz und Haftungsfragen

- ▶ Flächenanteil des Ökolandbaus an der gesamten landwirtschaftlichen Nutzfläche (GG-16)

Laufende Nr.	GG-01
Problemfeld	Stand der Kommerzialisierung
Indikator	Anzahl der in der EU zugelassenen und nicht mehr gültigen Traits
Datenquelle	http://europa.eu.int/comm/food/food/biotechnology/authorisation/2001-18-ec_authorized_en.pdf http://europa.eu.int/comm/food/food/biotechnology/authorisation/25897ec_authorized_en.pdf www.bvl.bund.de/DE/06_Gentechnik/02_Verbraucher/03_Genehmigungen/01_Inverkehrbringen/gentechnik_GenehmigungenInverkehrbringen_node.html http://ec.europa.eu/food/dyna/gm_register/index_en.cfm http://www.transgen.de/zulassung/gvo/ Zugriff: Januar 2013, Stand: Januar 2013.
Verfügbarkeit der Daten	öffentlich
Abgrenzung der Berechnungsgrößen	keine Angabe
Gliederung der Darstellung	a) männliche Sterilität (MS) b) Herbizidresistenz (HR) c) Schaderregerresistenz (IR) d) Veränderung der Blütenfarbe (BF) e) längere Haltbarkeit (LD) f) veränderte Inhaltsstoffe
Berechnungshäufigkeit	jährlich
Aussagefähigkeit	Indem der Indikator die Bandbreite einsetzbarer (zugelassener) und nicht mehr gültiger gentechnischer Modifikationen darstellt, ermöglicht er eine Darstellung des Entwicklungsstands der Gentechnologie in der Pflanzenzucht in der EU und Deutschland. Ein früher Entwicklungsstand korreliert mit einer geringen Anzahl von Traits, die bei wachsender Reife der Technologie ansteigen. Erkennbar werden außerdem die Anwendungsschwerpunkte bei der Forschung und Entwicklung. Zu beachten sind folgende Spezifika: Der Messzeitpunkt des Indikators ist die konkrete Zulassung für den EU-Markt; dieser Zeitpunkt liegt somit ganz am Ende der Forschungs- und Entwicklungsphase. Entsprechend besitzt der Indikator keine Aussagekraft für Entwicklungen, die sich derzeit noch in der Forschungspipeline befinden oder die bereits beantragt, aber noch nicht zugelassen wurden. Geographisch ist der Indikator auf die EU eingegrenzt, und die hier erteilten Zulassungen variieren von denen in anderen Ländern. Außerdem gibt der Indikator keine Auskunft über den aktuellen Stand der funktionell charakterisierten Gene in der Grundlagenforschung. Während der Indikator Auskunft über den Stand der Anwendungsreife der grünen Gentechnologie gibt, liefert er keine Informationen über den wirtschaftlichen Entwicklungsstand der grünen Gentechnologie, also über die Bandbreite der Traits beim tatsächlichen Anbau zugelassener Pflanzen.

Tabelle 2: Anzahl der in der EU zugelassenen und nicht mehr gültigen Traits

Traits	Mais	Raps	Sojabohne	Baumwolle	Nelke	Zucker- rüben	Kar- toffel
HR	NK 603 T 25 GA 21	GT 73 T 45 TOPAS 19/2 ¹)	MON 40-3-2 A 2704-12 MON 89788 DP-356043 A 5547-127	MON 1445 LLCotton 25 6HB614		H7-1	
IR	MON 810 MON 863 MON 89034 MIR 604 MIR 162		MON 87701	MON 531 MON 15985			
HR/IR	MON 863 × Nk 603 Nk 603 × MON 810 Bt 11 DAS 1507 DAS 1507 × Nk 603 DAS 59122 Bt 176 ¹) GA 21 × MON 810 ¹) MON 863 × MON 810 MON 88017 59122 × NK 603 MON 863 × MON 810 × NK 603 Bt 11 × GA 21 MON 89034 × NK 603 MON 88017 × MON 810 59122 × 1507 × NK 603 1507 × 59122 MON 89034 × MON 88017 BT 11 × MIR 604 BT 11 × MIR 604 × GA21 MIR 604 × GA21		MON 87701/ MON 89788	MON 15985 × MON 1445 MON 531 × MON 1445 281-24-236 × 3006-210-23			

Traits	Mais	Raps	Sojabohne	Baumwolle	Nelke	Zucker- rüben	Kar- toffel
MS, Restorer ²⁾ , HR		MS8, RF3, MS8 × RF3 MS1, RF1, MS1 × RF1 ¹⁾ MS1, RF2, MS1 × RF2 ¹⁾					
BF					959A 988A 1226A 1351A 1363A 1400A Linie 123.2.38 Linie 123.8.12		
LD					Linie 66³⁾ 4, 11, 15, 16 ³⁾		
Veränderte Inhaltsstoffe							EH92- 527-1
Summe	29	6	7	8	5	1	1

MS = männliche Sterilität; HR = Herbizidresistenz; IR = Schaderregerresistenz; BF = Veränderung der Blütenfarbe; LD = längere Haltbarkeit. ▶ Zulassung für den Anbau sind fett hervor gehoben. ▶ ¹⁾ Für diese gentechnisch veränderten Linien sind die bestehenden Zulassungen am 18.04.2007 ausgelaufen, und die Genehmigungsinhaber haben keine Anträge auf Erneuerung der Genehmigungen gestellt. ²⁾ Kerngene, die zur Fertilität zytoplasmatisch männlich steriler Pflanzen beitragen können. ³⁾ Die Genehmigung ist ausgelaufen. ▶ Quelle: siehe Indikatorenblatt GG-01.

Laufende Nr.	GG-02
Problemfeld	Realisierung wissenschaftlicher Zielsetzungen
Indikator	Anzahl der Traits in Freisetzungsversuchen
Datenquelle	Bundesamt für Verbraucherschutz. Unter: http://apps2.bvl.bund.de/cgi/lasso/fsl/liste_d.lasso Zugriff: November 2012, Stand: November 2012.
Verfügbarkeit der Daten	öffentlich
Abgrenzung der Berechnungsgrößen	Anzahl der Traits bei gentechnisch veränderten Pflanzen, die eine Genehmigung zur Freisetzung in Deutschland erhalten haben. Bakterien wurden nicht berücksichtigt. Ebenfalls nicht einbezogen werden seit 29.04.1991 Markergene als zu testendes Merkmal. Die Angabe erfolgt unabhängig von der Pflanzenart.
Gliederung der Darstellung	Merkmale (Traits)
Berechnungshäufigkeit	jährlich
Aussagefähigkeit	Indem der Indikator die Bandbreite beforachter Modifikationen in Freisetzungsversuchen darstellt, ermöglicht er eine Darstellung des Entwicklungsstands der Gentechnologie in der Pflanzenzucht in Deutschland. Ein früher Entwicklungsstand geht mit einer geringen Anzahl von Traits einher, die bei wachsender Reife der Technologie ansteigen. Erkennbar werden außerdem die Anwendungsschwerpunkte bei der Forschung und Entwicklung. Zu beachten sind folgende Spezifika: Lediglich ein Anteil gentechnisch erzeugter Pflanzen findet den Weg ins Freiland. Somit ist der Indikator kein direktes Maß für die Forschungsaktivitäten in Deutschland. Der Messzeitpunkt des Indikators ist die Genehmigung für eine Freisetzung im Rahmen wissenschaftlicher Forschungsprogramme; dieser Zeitpunkt liegt somit noch vor der Anbauzulassung. Entsprechend besitzt der Indikator eine gute Aussagekraft hinsichtlich Entwicklungen, die sich derzeit noch in der Forschungspipeline befinden. Geographisch ist der Indikator auf Deutschland begrenzt. Offen bleibt, ob und in welchem Maße in Deutschland ansässige Institute und Firmen ihre Freisetzungen in anderen Ländern durchführen (innerhalb wie außerhalb der EU). Während der Indikator ein sehr gutes Bild für die wissenschaftliche Entwicklung zeichnet, liefert er keine Informationen über den wirtschaftlichen Entwicklungsstand der grünen Gentechnologie, also über die Bandbreite der Traits tatsächlich angebaute gentechnisch veränderter Pflanzen.

Tabelle 3: Anzahl der Traits in Freisetzungsvorsuchen

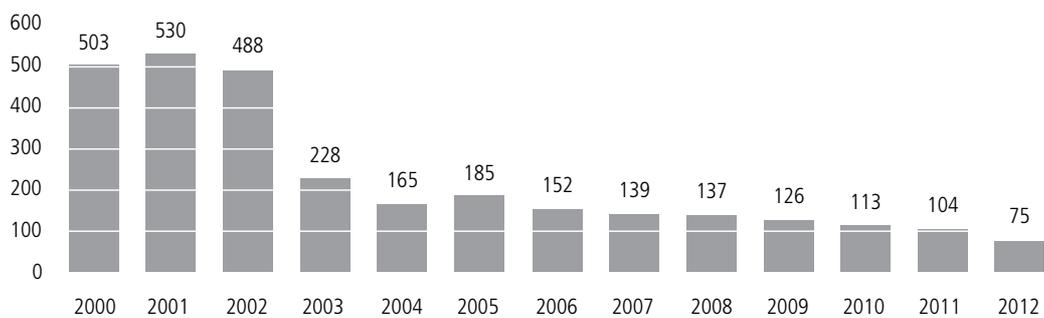
2000	2001	2002	2003	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	Summe
Herbizidtoleranz													
24	26	25	22	22	15	10	6	8	7	4	4	3	176
Kohlenhydratstoffwechsel													
15	13	16	15	12	10	9	7	4	2	2	2	2	109
Fettsäuremuster													
8	8	2	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	22
Virusresistenz													
6	6	5	5	4	4	2	0	0	0	0	0	0	32
Bakterienresistenz													
3	2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6
Pilzresistenz													
2	1	1	2	3	1	2	2	3	3	3	2	2	27
Veränderte Genexpression													
0	1	1	0	0	3	1	1	1	1	0	0	0	9
Veränderte Inhaltsstoffe													
1	0	0	1	1	2	3	2	1	0	0	0	0	11
Stoffwechselveränderungen													
1	1	0	0	1	2	2	2	2	0	0	0	0	11
Insektenresistenz													
0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	3
Entwicklungsveränderungen													
1	1	1	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	6
Enzym-/Proteinproduktion													
1	1	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	5
Schwermetallsanierung													
0	0	1	2	2	1	0	0	0	0	0	0	0	6
Stärkezusammensetzung													
0	0	0	0	3	4	7	8	8	6	6	3	3	48
Kohlenhydratstoffwechsel/Virusresistenz													
0	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	5
Herbizidtoleranz/männliche Sterilität													
1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	8
Pilzresistenz/Virusresistenz													
1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	6
Entwicklungsveränderung/Kohlenhydratstoffwechsel													
1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	9

2000	2001	2002	2003	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	Summe
Herbizidtoleranz/Pilzresistenz													
1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	5
Kohlenhydratstoffwechsel/Pilzresistenz													
0	0	0	0	0	0	0	1	3	2	2	2	1	11
Kohlenhydratstoffwechsel/Veränderte Inhaltsstoffe													
2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3
Kohlenhydratstoffwechsel/Aminosäurestoffwechsel													
0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3
Pilzresistenz/Bakterienresistenz													
0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	2
Herbizidtoleranz/Insektenresistenz													
0	0	0	0	0	0	1	4	5	6	8	4	3	31
Pilzresistenz/Mobilisierung von Speicherkohlenhydraten													
0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	0	0	5
Reseratrolythese/Verringerung des Sinaptingehalts													
0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	2
Biopolymer-Synthese/Antigen-Synthese													
0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	7
Abschalten pflanzeneigener Gene													
0	0	0	0	1	3	3	5	4	4	4	0	0	24
Expression von Antikörpern													
0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1
Stärkegehalt/Knollenertrag													
0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	2
Biopolymer-Synthese													
0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	2	2	0	7
Attenuierte (abgeschwächte) Impfstämme													
0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
Summe													
68	67	59	57	57	53	48	47	44	34	33	20	16	603

Genehmigte Freisetzungsversuche, keine Angaben über die Anzahl der Orte, an denen die Freisetzung stattfindet (siehe GG-03).
 ► Unterschiede zu früheren Veröffentlichungen trotz gleicher Datenquelle wegen statistischer Änderungen möglich (unter anderem aufgrund von nachgemeldeten Standorten). ► Quelle: siehe Indikatorenblatt GG-02.

Laufende Nr.	GG-03
Problemfeld	Realisierung wissenschaftlicher Zielsetzungen
Indikator	Anzahl der Freisetzungsversuche
Datenquelle	Bundesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit: Freisetzungsregister. Unter: www.bvl.bund.de/cln_007/nn_491798/DE/06_Gentechnik/094_Register_Datenbanken/register_datenbanken_node.html_nnn=true Zugriff: November 2012, Stand: November 2012.
Verfügbarkeit der Daten	öffentlich und eigene Recherche
Abgrenzung der Berechnungsgrößen	Freisetzungen gentechnisch veränderter Pflanzen in Deutschland nach Pflanzenarten, beantragten Orten und Jahren. In einem Freisetzungsantrag können mehrere Freisetzungsorte genannt werden, und eine Genehmigung kann für mehrere Jahre gültig sein. Infolgedessen werden weitaus höhere Zahlen genannt als bei einer reinen Auflistung der genehmigten Freisetzungsanträge (vgl. GG-02).
Berechnungshäufigkeit	jährlich
Aussagefähigkeit	Der Indikator gibt Auskunft über die Forschungs- und Entwicklungsaktivitäten in Deutschland und stellt dar, welche unterschiedlichen Pflanzenarten im Zentrum der Forschung stehen. Dies ermöglicht einerseits, Schwerpunkte hinsichtlich beforschter Pflanzenarten aufzuzeigen, andererseits steht die Breite gentechnisch veränderter Pflanzen in der Freisetzungsphase für den Entwicklungsgrad der grünen Gentechnologie. Zu beachten sind folgende Spezifika: Der Messzeitpunkt des Indikators ist die Beantragung für eine Freisetzung im Rahmen wissenschaftlicher Forschungsprogramme; dieser Zeitpunkt liegt somit noch vor der Anbauzulassung. Entsprechend besitzt der Indikator eine gute Aussagekraft hinsichtlich Entwicklungen, die sich derzeit noch in der Forschungspipeline befinden. Geographisch ist der Indikator auf Deutschland limitiert. Offen bleibt, ob und in welchem Maße in Deutschland ansässige Institute und Firmen ihre Freisetzungen in anderen Ländern durchführen (innerhalb wie außerhalb der EU). Während der Indikator ein sehr gutes Bild für die wissenschaftliche Entwicklung zeichnet, liefert er keine Informationen über den wirtschaftlichen Entwicklungsstand der grünen Gentechnologie, also über die Bandbreite der tatsächlich angebauten gentechnisch veränderten Pflanzen. In den Jahren 1998 bis 2000 wurden viele Freisetzungen mit Freisetzungszeiträumen von bis zu zehn Jahren beantragt. Dabei handelte es sich unter anderem um Freisetzungen, die im Rahmen von Sortenprüfungen durch das Bundessortenamt durchgeführt werden sollten. Seit einigen Jahren werden die Sortenversuche allerdings lediglich noch mit gentechnisch veränderten Pflanzen durchgeführt, für die eine Genehmigung zum Inverkehrbringen vorliegt. Ein weiterer Aspekt zur Interpretation der vorliegenden Zahlen ist das Inkrafttreten der EU-Freisetzungsrichtlinie (2001/18/EG) im Oktober 2002.

Abbildung 1: Anzahl der Freisetzungsversuche (nach Orten)



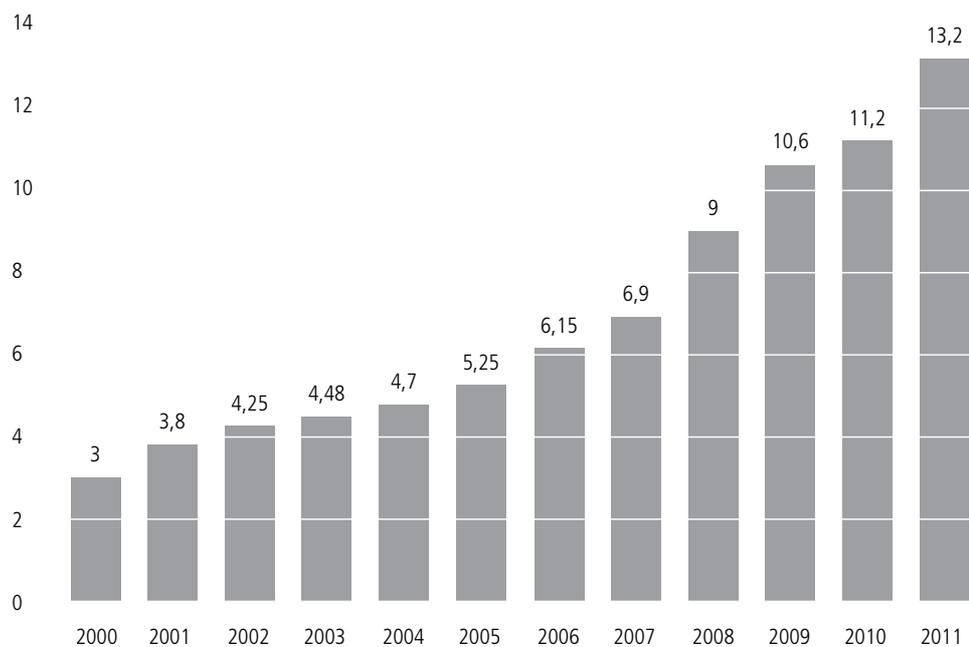
Unterschiede zu früheren Veröffentlichungen trotz gleicher Datenquelle wegen statistischer Änderungen unter anderem aufgrund von nachgemeldeten Standorten möglich. ▶ Im Unterschied zu GG-02 werden die Standorte erfasst und nicht die genehmigten Versuche. Deren Durchführung kann an mehreren Standorten erfolgen. ▶ Quelle: siehe Indikatorenblatt GG-03.

Tabelle 4: Anzahl der Freisetzungsorte

2000	2001	2002	2003	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	Summe
Wein													
2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	26
Pappel													
2	2	2	4	3	2	0	0	0	0	0	0	0	15
Tabak													
0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Petunie													
0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	4
Nachtschatten													
0	0	0	0	1	3	3	5	4	4	3	0	0	23
Apfel													
0	0	0	2	2	2	2	2	2	2	2	0	0	16
Weizen													
0	0	0	1	1	0	1	1	2	1	1	2	3	13
Sojabohne													
0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0	6
Erbse													
1	1	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	5
Kartoffel													
34	33	33	36	46	74	75	62	70	48	48	62	53	674
Mais													
47	55	37	15	19	19	15	52	46	56	48	27	11	447
Zuckerrübe													
236	245	225	42	22	20	9	8	6	7	8	10	5	843
Raps													
181	192	189	126	68	61	43	5	4	4	0	0	0	873
Summe													
503	530	488	228	165	185	152	139	137	126	113	104	75	2766

Unterschiede zu früheren Veröffentlichungen trotz gleicher Datenquelle wegen statistischer Änderungen möglich (unter anderem aufgrund von nachgemeldeten Standorten). ► Quelle: siehe Indikatorenblatt GG-03.

Laufende Nr.	GG-04
Problemfeld	Stand der Kommerzialisierung
Indikator	Umsatz gentechnisch veränderten Saatguts weltweit
Datenquelle	<p>Global status of Commercialized Biotech/GM crops: ISAAA. Unter: www.isaaa.org/ www.isaaa.org/resources/publications/briefs/35/executivesummary/default.html www.isaaa.org/resources/publications/briefs/37/executivesummary/default.html www.isaaa.org/resources/publications/briefs/39/executivesummary/default.html www.isaaa.org/resources/publications/briefs/41/executivesummary/default.asp www.isaaa.org/resources/publications/briefs/42/executivesummary/default.asp www.isaaa.org/resources/publications/briefs/43/default.asp</p> <p>Zugriff: August 2012, Stand: Dezember 2011.</p>
Verfügbarkeit der Daten	öffentlich
Abgrenzung der Berechnungsgrößen	Umsatz gentechnisch veränderter Kulturpflanzen in Mrd. US\$. Die Zahlen basieren auf den Verkaufspreisen des Saatguts gentechnisch veränderter Pflanzen plus den zugehörigen Kosten für Anwendungen (Pflanzenschutz).
Berechnungshäufigkeit	jährlich
Aussagefähigkeit	Der Indikator ermittelt den wirtschaftlichen Stellenwert, den gentechnisch veränderte Pflanzen weltweit für Saatgutwirtschaft/AgroBusiness einnehmen. Grundlage sind weltweite Gesamtumsätze. Bei steigendem Anbau gentechnisch veränderter Pflanzen – wie im Berichtszeitraum 2000 bis 2011 zu beobachten – trifft der Indikator keine Aussage zu der Frage, ob und inwieweit bezogen auf eine konstante Flächengröße eine Kostenreduktion oder -steigerung für die Landwirte durch den Einsatz gentechnisch veränderter Pflanzen auftrat.

Abbildung 2: Umsatz gentechnisch veränderten Saatguts weltweit

Angabe in Mrd. US\$. ▶ Unterschiede zu früheren Veröffentlichungen trotz gleicher Datenquelle wegen statistischer Änderungen möglich. ▶ Quelle: siehe Indikatorenblatt GG-04.

Laufende Nr.	GG-05
Problemfeld	Stand der Kommerzialisierung
Indikator	Flächenanteil gentechnisch veränderter Pflanzen an der weltweiten Anbaufläche
Datenquelle	<p>www.worldseed.org/statistics.htm</p> <p>www.transgen.de/anbau/eu_international/531.doku.html</p> <p>http://faostat.fao.org/site/408/default.aspx</p> <p>www.fas.usda.gov/psdonline/psdQuery.aspx</p> <p>Global status of Commercialized Biotech, www.isaaa.org/</p> <p>2010: www.isaaa.org/resources/publications/briefs/42/executivesummary/default.asp</p> <p>2009: www.isaaa.org/resources/publications/briefs/41/executivesummary/default.asp</p> <p>2008: www.isaaa.org/resources/publications/briefs/39/executivesummary/default.html</p> <p>2007: www.isaaa.org/resources/Publications/briefs/37/executivesummary/default.html</p> <p>2006: www.isaaa.org/Resources/publications/briefs/35/executivesummary/default.html</p> <p>2005: www.isaaa.org/Resources/publications/briefs/34/download/isaaa-brief-34-2005.pdf</p> <p>2004: www.isaaa.org/kc/Publications/pdfs/isaaabriefs/Briefs%2032.pdf</p> <p>2003: www.isaaa.org/kc/Publications/pdfs/isaaabriefs/Briefs%2030.pdf</p> <p>2002: www.isaaa.org/kc/Publications/pdfs/isaaabriefs/Briefs%2027.pdf</p> <p>2001: www.isaaa.org/kc/Publications/pdfs/isaaabriefs/Briefs%2024.pdf</p> <p>2000: www.isaaa.org/kc/Publications/pdfs/isaaabriefs/Briefs%2021.pdf</p> <p>Zugriff: Dezember 2012, Stand: Dezember 2012.</p>
Verfügbarkeit der Daten	öffentlich und eigene Recherche
Abgrenzung der Berechnungsgrößen	Angaben zu den Hauptkulturarten weltweit: Baumwolle, Kartoffel, Mais, Raps, Reis, Soja, Weizen
Gliederung der Darstellung	<p>a) Anbauflächen der Kulturart insgesamt</p> <p>b) Anbauflächen gentechnisch veränderter Kulturarten</p>
Berechnungshäufigkeit	jährlich
Aussagefähigkeit	Der Indikator betrachtet die weltweiten Anbauanteile gentechnisch veränderter Pflanzen und gibt Auskunft über den Grad der Technikdiffusion, den die grüne Gentechnik weltweit in der Landwirtschaft erreicht. Die detaillierte Aufschlüsselung nach kultivierten Arten ermöglicht eine grobe Differenzierung nach Wirtschaftszweigen (Nahrungsmittel, Futtermittel, industrielle Rohstoffe), wobei bestimmte Kulturarten in verschiedenen Wirtschaftszweigen eine Rolle spielen (z. B. Futtermais, Süßmais). Hiermit wird zum einen der sektorale Stellenwert beziehungsweise die sektorale Technikdiffusion grüner Gentechnik in den globalen Agrarmärkten verdeutlicht, zum anderen werden Schwerpunkte der Entwicklung aufgezeigt.

Tabelle 5: Flächenanteil gentechnisch veränderter Pflanzen an der weltweiten Anbaufläche

Weltanbau- flächen (gesamt und % GVP)	2000		2001		2002		2003		2004		2005	
	Mio ha.	%GVP										
Baumwolle	34	16%	34	20%	34	20%	34	21%	32	28%	35	28%
Kartoffel	20	–	19,6	–	19,1	–	18,9	–	19,1	–	18,6	–
Mais	140	7%	140	7%	140	9%	140	11%	143	14%	147	14%
Raps	25	11%	25	11%	25	12%	22	16%	23	19%	26	18%
Reis	154,1	–	151,7	–	147,6	–	152,2	–	153,3	–	154	–
Soja	72	36%	72	46%	72	51%	76	55%	86	56%	91	60%
Weizen	215,4	–	214,6	–	213,8	–	208,5	–	217,6	–	217	–

Weltanbau- flächen (gesamt und % GVP)	2006		2007		2008		2009		2010	
	Mio ha.	%GVP	Mio ha.	% GVP						
Baumwolle	35,2	38%	33,8	44%	31	50%	30	54%	32	66%
Kartoffel	18,8	–	19,3	–	18,2	–	18,6	–	18,7	–
Mais	144,4	17%	157	22%	161,1	23%	159	26%	161,1	29%
Raps	28	17%	30,2	18%	30,6	19%	31,6	20%	31,6	22%
Reis	154,3	–	157	–	159,9	–	159	–	159,4	–
Soja	93	63%	95	60%	96,4	68%	99,3	70%	102,6	71%
Weizen	216	–	217,4	–	222,8	–	225	–	217,2	–

GVP = Gentechnisch veränderte Pflanzen. ▶ Angaben Gesamt: FAO; Angaben für GVP: ISAAA ▶ Aufgrund der Datenquelle nur eine zahlenmäßige Erhebung bis 2010 möglich. ▶ Quelle: siehe Indikatorenblatt GG-05.

Laufende Nr.	GG-06
Problemfeld	Forschungs- und Wissenschaftsstandort Deutschland
Indikator	Öffentliche Forschungsaufwendungen für die grüne Gentechnologie
Datenquelle	<p>www.bmbf.de/de/2303.php</p> <p>www.bmbf.de/pub/forschung_und_innovation_05-07.pdf</p> <p>www.bmbf.de/press/1506.php</p> <p>www.unternehmen-region.de/de/1323.php</p> <p>www.bmbf.de/press/1814.php</p> <p>www.fz-juelich.de/ptj/gabi-future</p> <p>www.bmbf.de/press/1724.php</p> <p>www.gesundheitsforschung-bmbf.de/de/360.php</p> <p>www.bmbf.de/de/1277.php</p> <p>www.fz-juelich.de/ptj/plant</p> <p>Förderkatalog des Bundes. Unter: http://foerderportal.bund.de/foekat/jsp/StartAction.do?actionMode=list</p> <p>www.unternehmen-region.de/de/173.php</p> <p>www.ptj.de/biooekonomie</p> <p>Zugriff: Dezember 2012, Stand: Dezember 2012.</p>
Verfügbarkeit der Daten	öffentlich
Abgrenzung der Berechnungsgrößen	Bewilligte Fördervolumina der BMBF-Programme und Fördersummen nach Jahren. Die Angaben beziehen sich auf die seitens des BMBF finanzierte Forschung und Entwicklung; nicht berücksichtigt sind Aufwendungen anderer Bundesministerien, der Bundesländer und der EU.
Gliederung der Darstellung	Programme des BMBF
Berechnungshäufigkeit	jährlich
Aussagefähigkeit	Die absolute Höhe der öffentlich finanzierten Forschungsförderung erlaubt einerseits Rückschlüsse auf das wissenschaftliche und wirtschaftliche Potenzial der grünen Gentechnologie, das seitens des Staates angenommen wird. Eine öffentliche Förderung muss sich gerade bei gesellschaftlich umstrittenen Ansätzen wie dem Gentechnikeinsatz bei Pflanzen und Lebensmitteln dem öffentlichen Diskurs stellen. Somit ist der Indikator andererseits auch ein Gradmesser für das politische und gesellschaftliche Klima hinsichtlich der grünen Gentechnologie. Allerdings bestehen sehr große Abgrenzungsprobleme dabei, die finanziellen Forschungsaufwendungen im Bereich der grünen Gentechnologie im komplexen Gefüge der Agrar- und Ernährungsforschung zu erfassen. Diese umfasst die Bereiche Ernährung, Land- und Forstwirtschaft, Fischerei und Holzwirtschaft sowie die Entwicklung ländlicher Räume und schließt dabei die gesamte Pro-

zesskette von den genetischen Ressourcen über die Züchtung, Produktion, Verarbeitung und Vermarktung bis zum Konsum und den damit verbundenen gesundheitlichen Wirkungen mit ein. Damit betrifft die Agrar- und Ernährungsforschung zahlreiche Teildisziplinen mit mannigfaltigen Querverbindungen in Wissenschaften wie Ökonomie, Gesellschafts- und Sozialwissenschaften, und an vielen Stellen in diesem Geflecht können Forschungsvorhaben mit Berührungspunkten zur grünen Gentechnologie vorliegen. Bereits für die Agrar- und Ernährungsforschung insgesamt sind die Forschungsausgaben sehr schwer in den Haushalten der Bundesministerien ersichtlich (Ober, St. (2004): Zahlen zur Agrarforschung in Deutschland. Versuch einer Übersicht. Unter: www.zs-l.de/forschung/infopool.php [10.02.2010]).

Zu den Forschungsausgaben im Bereich grüner Gentechnologie existieren somit kaum konkrete Daten. Nicht verfügbar sind differenzierte Angaben zu BMELV- und BMU-Projekten, die sich mit Fragen der grünen Gentechnologie beschäftigen. Generell erfasst der Indikator nicht, in welcher finanziellen Höhe die Bundesländer die Forschung und Entwicklung im Bereich der grünen Gentechnologie fördern. Die Länderförderung betrifft zum einen den Bereich der Universitäten, die Landeseinrichtungen mit Aufgaben in der Forschung und Entwicklung sowie den Bereich der Akademien. Zum anderen finanzieren die Bundesländer zusammen mit dem Bund verschiedene Institutionen, die in der Forschungsförderung tätig sind: Deutsche Forschungsgemeinschaft (DFG) (58:42 Anteil des Bundes zum Anteil der Länder), Helmholtz-Gemeinschaft (HGF) (90:10), Max-Planck-Gesellschaft (MPG) (50:50), Fraunhofer-Gesellschaft (FhG) (90:10) und Wissenschaftsgemeinschaft Gottfried Wilhelm Leibniz e.V. (WGL) (50:50). Die Anteile des Bundes werden über die Bundesausgaben erfasst. Der Indikator berücksichtigt nicht die Förderprogramme der Europäischen Union.

Tabelle 6: Aufwendungen des BMBF für die grüne Gentechnologie nach Programmen und Zeitraum

BMBF-Programme	Berechnungszeitraum	Bewilligtes Fördervolumen (in Euro)
Nachhaltige BioProduktion	01.01.2000 – 30.06.2012	71.549.893
Netzwerke der molekularen Ernährungsforschung	01.04.2005 – 31.03.2009	2.635.158
InnoRegio ¹⁾	2000 – 2006	225.400.000
Ernährung – moderne Verfahren der Lebensmittelherzeugung	01.01.2000 – 31.10.2005	18.973.698
Biologische Sicherheitsforschung	01.01.2000 – 31.06.2012	36.522.191
GABI	01.01.2000 – 31.03.2010	62.825.823
GABI-Future	01.01.2007 – 30.06.2012	64.657.729
Bioindustrie 2021	01.01.2007 – 30.06.2012	57.942.512
Plant Genomics ERA-NET	01.04.2007 – 30.06.2012	8.172.512
PLANT KBBE	01.03.2009 – 30.06.2012	15.266.725

¹⁾ Für das Programm InnoRegio sind lediglich Daten für den kompletten Förderzeitraum vorhanden. ► Auch im Bereich der Systembiologie wurden Projekte im Bereich der grünen Gentechnik gefördert. Eine detaillierte Aufschlüsselung war aufgrund der Datenlage leider nicht möglich. ► Quelle: siehe Indikatorenblatt GG-06.

Laufende Nr.	GG-06
Problemfeld	Forschungs- und Wissenschaftsstandort Deutschland
Indikator	Ausgaben zur Forschung und Entwicklung in Deutschland

Anmerkung
 Der Indikator GG-07 wird nicht mehr weitergeführt. Eine letzte Aktualisierung erfolgte im Zweiten Gentechnologiebericht (Müller-Röber et al., 2009:308). Die Angaben dieses Indikators bezogen sich auf die seitens der Bundesministerien finanzierten Programme für Forschung und Entwicklung. Da die Höhe der öffentlichen Forschungsförderung allein keine Auskunft über die finanzierten Programme für die grüne Gentechnologie gibt, wurde der Indikator nicht mehr fortgesetzt. Die Informationen gehen auf im Indikator Nr. GG-08 Anteil der öffentlichen Forschungsaufwendungen für die grüne Gentechnologie an den Ausgaben des BMBF.

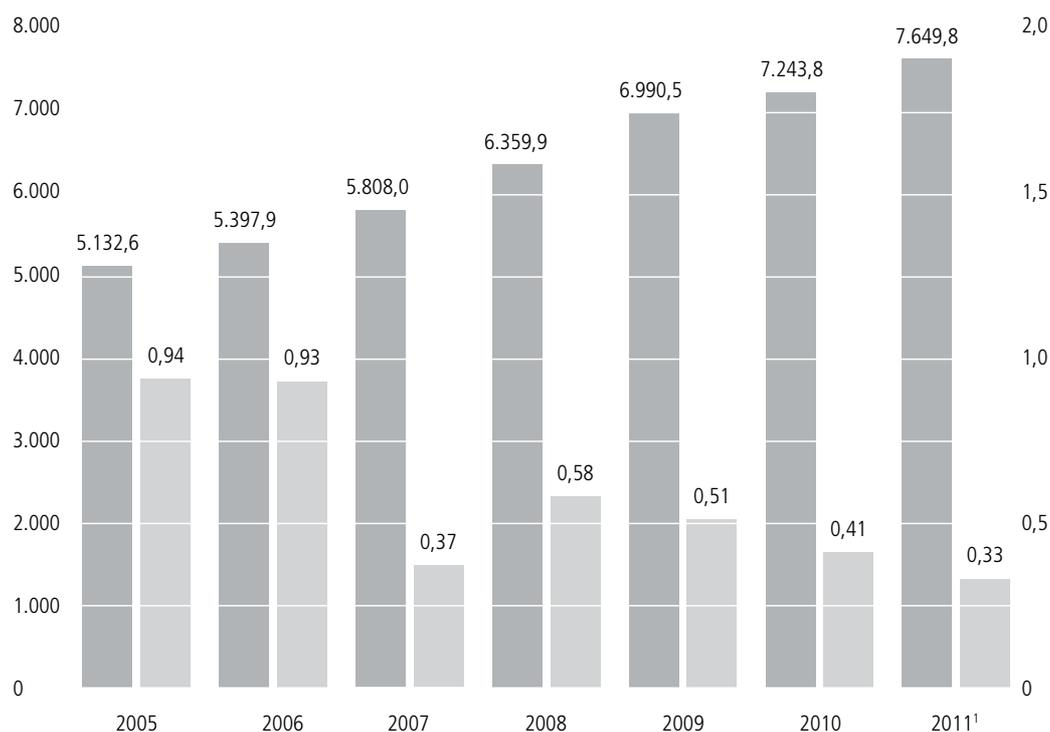
Abbildung 3: Aufwendungen des BMBF für die grüne Gentechnologie nach Jahren

	2000	2001	2002	2003	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012
Biologische Sicherheitsforschung	4,4	6,1	5,9	3,9	1,9	0,6	2,2	2,2	2,6	2,3	2,1	1,3	0,7
GABI	7,5	8,4	9,5	8,2	6,2	8,1	7,6	5,3	1,1	0,6	0,1		
GABI-Future								3,5	15,9	16,3	16,7	10,3	5,3
Bioindustrie 2021								0,8	8,0	11,4	11,8	4,7	9,8
Plant Genomics ERA-NET								1,8	2,6	2,6	1,2		
Nachhaltige Bioproduktion	7,9	7,5	10,4	8,6	5,6	6,2	7,3	7,7	5,7	2,6	1,5	0,3	
Netzwerke der molekularen Ernährungsforschung						0,6	0,6	0,6	0,6	0,2			
InnoRegio	32,2	32,2	32,2	32,2	32,2	32,2	32,2						
Ernährung - moderne Verfahren der Lebensmittelherzeugung	3,2	3,7	3,9	4,0	3,4	0,6							
Plant KBBE										0,5	0,6	0,2	0,2

Angaben in Euro. ▶ Unterschiede zu früheren Veröffentlichungen trotz gleicher Datenquelle wegen statistischer Änderungen möglich. ▶ Quelle: siehe Indikatorenblatt GG-06.

Laufende Nr.	GG-08
Problemfeld	Forschungs- und Wissenschaftsstandort Deutschland
Indikator	Anteil der öffentlichen Forschungsaufwendungen für die grüne Gentechnologie an den Ausgaben des BMBF
Datenquelle	<p>Bundesbericht Forschung: www.bmbf.de/pub/forschung_und_innovation_05-07.pdf www.bmbf.de/pub/forschung_und_innovation_in_deutschland_2006.pdf www.bmbf.de/pub/bufi_2008.pdf www.bmbf.de/pub/bufi_2012.pdf www.bmbf.de/de/2303.php</p> <p>Zugriff: Dezember 2012, Stand: Mai 2012.</p>
Verfügbarkeit der Daten	öffentlich
Abgrenzung der Berechnungsgrößen	Die Angaben beziehen sich allein auf die Forschungs- und Entwicklungsaufwendungen des BMBF.
Gliederung der Darstellung	<p>Ausgaben des BMBF/Jahr</p> <p>Prozentanteil der Programme zur grünen Gentechnologie (vgl. GG-06)</p>
Berechnungshäufigkeit	jährlich
Aussagefähigkeit	Der relative Anteil der Programme zur grünen Gentechnologie (vgl. GG-06) an den gesamten Forschungsausgaben des BMBF indiziert den Stellenwert dieser Technologie in der politischen Einschätzung. Der Indikator erfasst nicht Programme anderer Bundesministerien, in deren Ressortforschung ebenfalls Themen des Gentechnikeinsatzes bei Pflanzen und Lebensmitteln behandelt sein können (BMU, BMELV, BMWi). Ebenfalls nicht enthalten sind die betreffenden Aufwendungen der Bundesländer. Diese betreffen zum einen den Bereich der Universitäten, die Landeseinrichtungen mit Aufgaben in der Forschung und Entwicklung sowie den Bereich der Akademien. Zum anderen finanzieren die Bundesländer zusammen mit dem Bund verschiedene Institutionen, die in der Forschungsförderung tätig sind: DFG (58:42 Anteil des Bundes zum Anteil der Länder), HGF (90:10), MPG (50:50), FhG (90:10) und WGL (50:50). Die Anteile des Bundes sind in den Bundesausgaben enthalten. Nicht vom Indikator berücksichtigt werden die Förderprogramme der Europäischen Union.

Abbildung 4: Anteil der öffentlichen Forschungsaufwendungen für die grüne Gentechnologie an den Ausgaben des BMBF

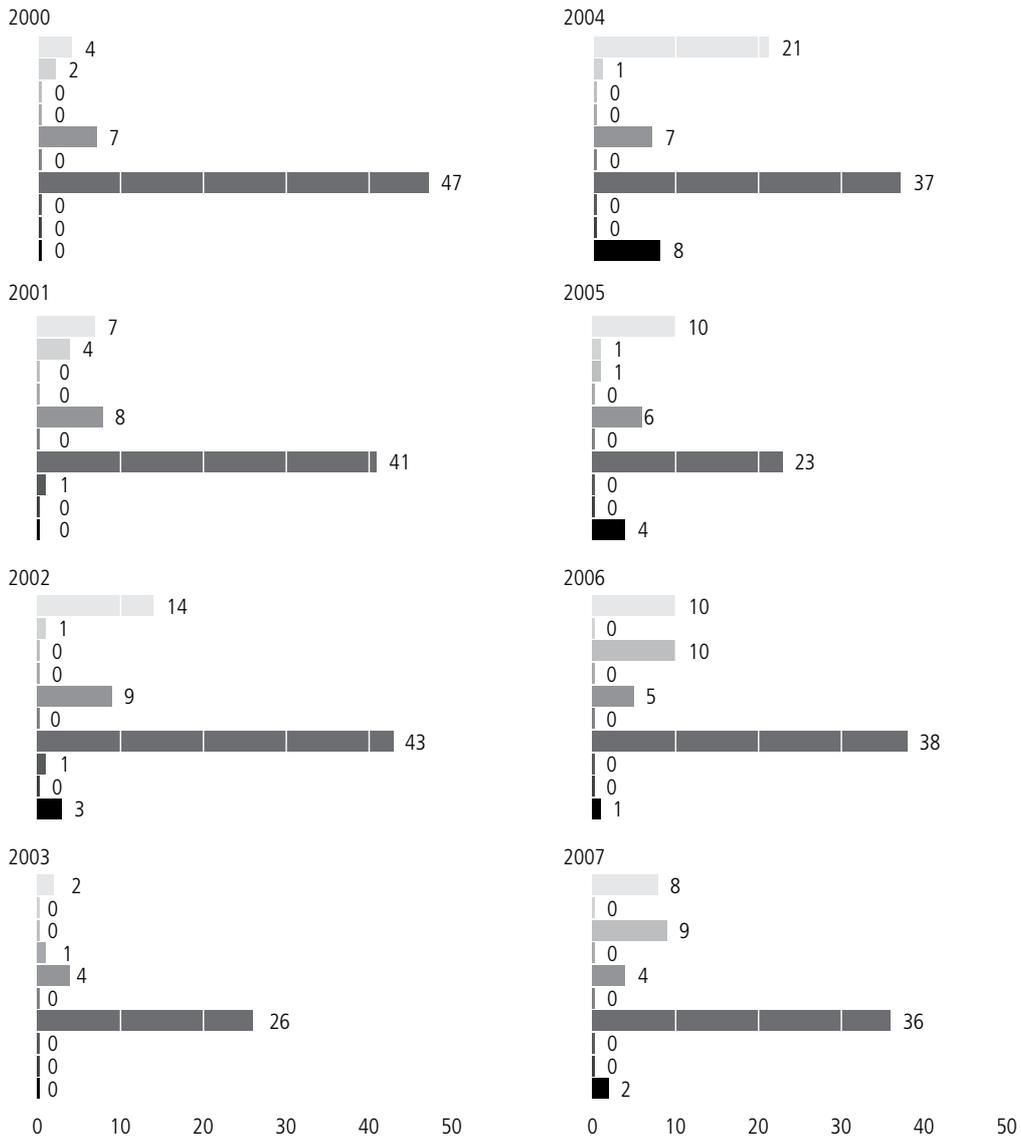


Linke Y-Achse: Gesamte Forschungsaufwendungen des BMBF in Millionen Euro. Rechte Y-Achse: Anteile der Programme zur grünen Gentechnologie (vgl. GG-06) an den gesamten Forschungsausgaben des BMBF in %. ▶ ¹) für 2011 Soll-Ausgaben unter Berücksichtigung der anteiligen globalen Minderausgabe für Wissenschaft, FuE (2011: 155,9 Mio. €). ▶ Quelle: siehe Indikatorenblatt GG-08.

Laufende Nr.	GG-09
Problemfeld	Forschungs- und Wissenschaftsstandort Deutschland
Indikator	Anzahl der Patentanmeldungen im Bereich grüner Gentechnologie
Datenquelle	Datenbank des Deutschen Patent- und Markenamtes. Unter: www.dpma.de/index.htm Zugriff: Oktober 2102, Stand: Oktober 2012.
Verfügbarkeit der Daten	öffentlich und eigene Recherche
Abgrenzung der Berechnungsgrößen	Die Daten stammen aus folgenden Kategorien nach IPC-Klassifikation (Internationale Patentklassifikation; Beschreibungen unter: http://depatisnet.dpma.de/ipc/index.html): IPC A01H 4/00: Neue Pflanzen oder Verfahren zu deren Gewinnung; Pflanzenreproduktion durch Gewebekulturverfahren. IPC A01H 5/00: Neue Pflanzen oder Verfahren zu deren Gewinnung; Pflanzenreproduktion durch Gewebekulturverfahren; blühende Pflanzen. IPC C12N: Mikroorganismen oder Enzyme; Zusammensetzungen aus Mikroorganismen oder Enzymen. IPC C12N 15/00: Mutation oder genetische Verfahrenstechnik; DNA oder RNA, die genetische Verfahrenstechnik betreffend; Vektoren, z. B. Plasmide, oder ihre Isolierung, Herstellung oder Reinigung; Gebrauch von Wirten hierfür. IPC C12N 15/05: Herstellung von Hybridzellen durch Fusion von zwei oder mehreren Zellen, z. B. Protoplastenfusion – Pflanzenzellen. IPC C12N 15/29: Rekombinante DNA-Technologie – DNA oder RNA Fragmente, modifizierte Formen davon – Gene, die für Pflanzenproteine codieren. IPC C12N 15/32: Rekombinante DNA-Technologie – DNA oder RNA Fragmente, modifizierte Formen davon – Gene, die für mikrobielle Proteine kodieren – Bazillus crystal Proteine. IPC C12N 15/82: Rekombinante DNA-Technologie – Einschleusen von fremdem genetischen Material unter Verwendung von Vektoren; Vektoren; Verwendung von Wirten dafür; Regulation der Expression – Vektoren oder Expressionssysteme, die speziell für eukaryontische Wirte geeignet sind – für Pflanzenzellen. IPC C12N 15/83: Rekombinante DNA-Technologie – Einschleusen von fremdem genetischen Material unter Verwendung von Vektoren; Vektoren; Verwendung von Wirten dafür; Regulation der Expression – Vektoren oder Expressionssysteme, die speziell für eukaryontische Wirte geeignet sind – für Pflanzenzellen – virale Vektoren. IPC C12N 15/84: Rekombinante DNA-Technologie – Einschleusen von fremdem genetischen Material unter Verwendung von Vektoren; Vektoren; Verwendung von Wirten dafür; Regulation der Expression – Vektoren oder Expressionssysteme, die speziell für eukaryontische Wirte geeignet sind – für Pflanzenzellen – Ti-Plasmide.

	IPC C12N 15/90: Rekombinante DNA-Technologie – Einschleusen von fremdem genetischen Material unter Anwendung von Prozessen, die nicht anderweitig vorgesehen sind, z. B. Kotransformation – stabiles Einschleusen von fremder DNA in Chromosomen. Im Falle von IPC C12N15/90 wurden lediglich Anmeldungen von Unternehmen der Pflanzenbiotechnologie gezählt.
Gliederung der Darstellung	IPC-Klassifikationen
Berechnungshäufigkeit	jährlich
Aussagefähigkeit	Ein Patent erlaubt seinem Inhaber die ausschließliche kommerzielle Nutzung der Erfindung für einen bestimmten Zeitraum. Dies bedeutet, dass Wettbewerber vor Ablauf des Patentschutzes keinen kommerziellen Gebrauch von der Erfindung machen dürfen, es sei denn, die Patentinhaberin oder der Patentinhaber erlaubt dies durch die Vergabe von Lizenzen. Nur Erfindungen, die neu sind, die eine Lösung für ein technisches Problem darstellen, auf einer erfinderischen Tätigkeit beruhen und die gewerblich angewendet werden können, sind patentfähig. Entdeckungen dagegen können nicht patentiert werden. Spätestens 18 Monate nach Patentanmeldung müssen Einzelheiten der Erfindung veröffentlicht werden. Auf diese Weise wird sichergestellt, dass wissenschaftliche und technologische Kenntnisse der Öffentlichkeit zugänglich gemacht werden und der verfügbare Wissensstand erhöht wird. Darüber hinaus wird durch dieses Vorgehen ein freier und offener Austausch von Informationen gefördert. Patente und Lizenzen schaffen Anreize für Forschungen und Investitionen. Durch die Möglichkeit der alleinigen Vermarktung der Innovation für einen festen Zeitraum wächst die Bereitschaft der Unternehmen, höhere finanzielle Risiken für langwierige Forschungs- und Entwicklungsarbeit einzugehen. Die Entwicklungskosten eines Produktes im Bereich der grünen Gentechnik sind u. a. wegen der langen Züchtungszeiten sehr hoch. Unternehmen benötigen Zeit, diese Kosten zu amortisieren und entsprechende Gewinne – auch zum Ausgleich für das eingegangene Risiko – zu erwirtschaften. Der Indikator stellt somit eine wichtige Größe zur Bewertung der deutschen Forschungsaktivitäten dar. Gleichzeitig befürchten Kritikerinnen und Kritiker dieser Patentvergabepraxis, dass durch die Patentierung landwirtschaftliche Genressourcen unter privatwirtschaftliche Verfügungsgewalt gelangen könnten, womit ein Machtzuwachs oder weitere Marktkonzentrationsprozesse einhergehen könnten. Inhaltliche Überlappungen von deutschen und europäischen Anmeldungen wurden nicht berücksichtigt (Doppelzählung möglich).

Abbildung 5: Patentanmeldungen nach IPC-Klassifikation im Bereich grüner Gentechnologie 2000–2010



Keine Angaben für die Jahre 2011 und 2012, da Offenlegung der Patente noch nicht erfolgt. ▶ Quelle: siehe Indikatorenblatt GG-09.

Fortsetzung von Abbildung 5

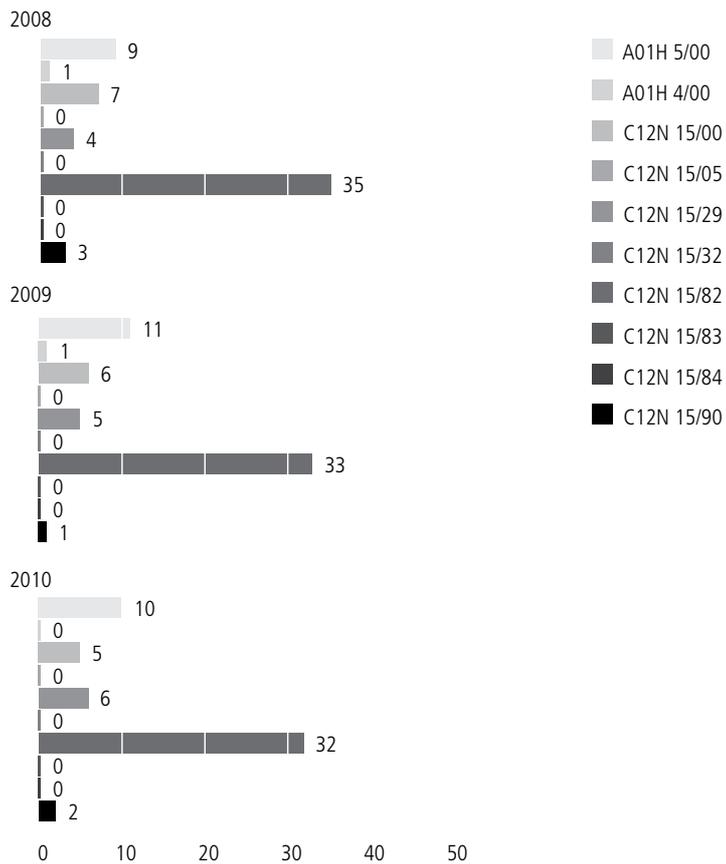
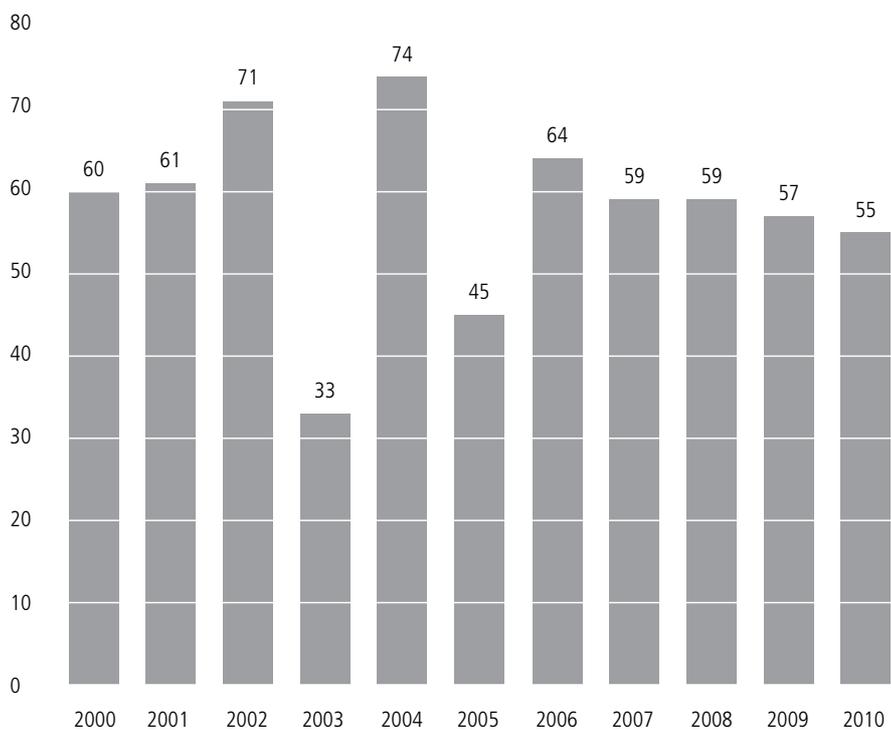


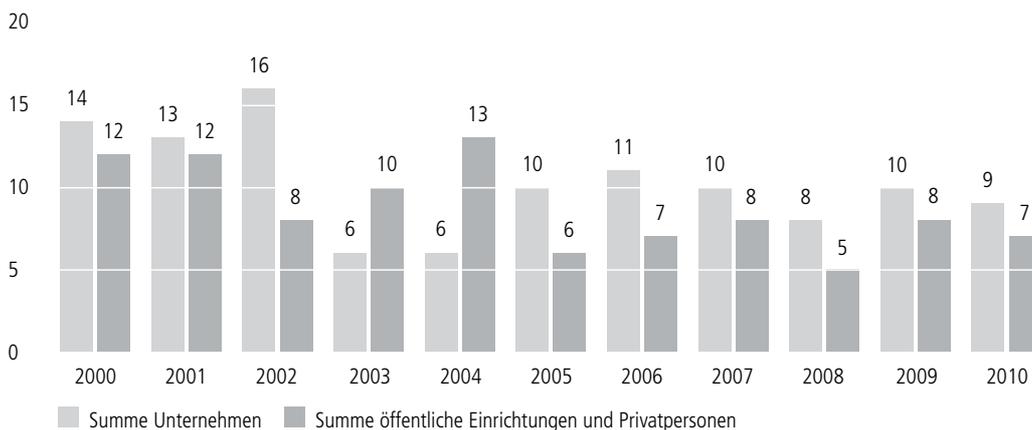
Abbildung 6: Summe der Patentanmeldungen im Bereich grüner Gentechnologie 2000–2010



Keine Angaben für die Jahre 2011 und 2012, da Offenlegung der Patente noch nicht erfolgt. ▶ Quelle: siehe Indikatorenblatt GG-09.

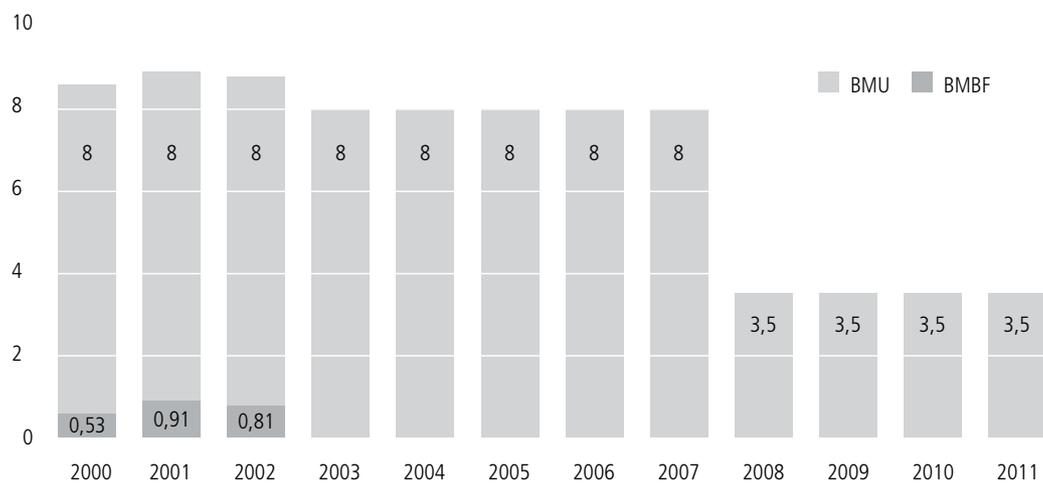
Laufende Nr.	GG-10
Problemfeld	Forschungs- und Wissenschaftsstandort Deutschland
Indikator	Anzahl der patentanmeldenden Unternehmen und öffentlichen Einrichtungen im Bereich grüner Gentechnologie
Datenquelle	Datenbank des Deutschen Patent- und Markenamtes. Unter: (www.dpma.de/index.htm) Zugriff: Oktober 2012, Stand: Oktober 2012.
Verfügbarkeit der Daten	öffentlich und eigene Recherche
Abgrenzung der Berechnungsgrößen	siehe Indikator GG-09 – Anzahl der Patentanmeldungen im Bereich grüner Gentechnologie
Gliederung der Darstellung	a) Unternehmen b) öffentliche Einrichtungen und Privatpersonen
Berechnungshäufigkeit	jährlich
Aussagefähigkeit	Die Anzahl der patentanmeldenden Institutionen kann als Gradmesser für die wirtschaftliche Etablierung der grünen Gentechnologie dienen. So besteht einerseits die Möglichkeit, durch Betrachtung des Indikators im Zeitablauf Aussagen über die Entwicklung und das Wachstum einer Branche zu treffen. Andererseits zeigt er die Bedeutung öffentlicher Forschung im Vergleich zur Forschung privater Firmen. Der Indikator liefert keine Informationen über die reale wirtschaftliche Bedeutung eines Patentes oder den Grad seiner Anwendung.

Abbildung 7: Anzahl der patentanmeldenden Unternehmen und öffentlichen Einrichtungen im Bereich grüner Gentechnologie 2000–2010



Keine Angaben für die Jahre 2011 und 2012, da Offenlegung der Patente noch nicht erfolgt. ► Quelle: siehe Indikatorenblatt GG-10.

Laufende Nr.	GG-11
Problemfeld	Sicherheitsforschung und -prüfung
Indikator	Öffentliche Ausgaben für die Risikoforschung im Bereich grüner Gentechnologie
Datenquelle	<p>www.biosicherheit.de/aktuell/132.doku.html</p> <p>www.fz-juelich.de/ptj/biologische-sicherheitsforschung</p> <p>www.bmbf.de/de/2303.php</p> <p>www.gruene-gentechnik.de/dgg/dokumente/GG-BMBF.pdf</p> <p>www.biosicherheit.de/aktuell/587.projekte-sicherheitsforschung-gentechnisch-veraenderten-pflanzen.html</p> <p>www.bmbf.de/press/2098.php</p> <p>Zugriff: Oktober 2012, Stand: Oktober 2012.</p>
Verfügbarkeit der Daten	öffentlich
Abgrenzung der Berechnungsgrößen	Die Angaben beziehen sich auf die seitens der Bundesministerien BMBF und BMU finanzierten Programme; nicht berücksichtigt sind Aufwendungen der Bundesländer und der EU. Nicht erfasst werden außerdem Kosten, die im Rahmen von Zulassungsverfahren entstehen, die von privatwirtschaftlichen Unternehmen betrieben werden.
Gliederung der Darstellung	BMBF/BMU
Berechnungshäufigkeit	jährlich
Aussagefähigkeit	Als potenzielle ökologische Risiken der grünen Gentechnologie werden u. a. die Auskreuzung von Transgenen zu artverwandten Wildpflanzen, der Gentransfer auf artfremde Organismen (horizontaler Gentransfer), Resistenzbildungen, Schädigungen von Nicht-Ziel-Organismen und Reduktion biologischer Vielfalt diskutiert. Bezogen auf den Menschen sind als potenzielle Risiken die Übertragung bzw. die Neuausbildung allergener oder toxischer Inhaltsstoffe in der Diskussion. In welchem Maße der Einsatz der grünen Gentechnik tatsächlich das ökologische Gleichgewicht tangiert sowie mögliche gesundheitliche Implikationen, werden wissenschaftlich sehr kontrovers beurteilt. In der EU ist für jede gentechnisch veränderte Pflanze vor ihrer Zulassung eine Sicherheitsbewertung durchzuführen, die sowohl diese ökologischen als auch gesundheitlichen Fragen umfasst. Zudem ist nach Zulassung ein Nachgenehmigungsmonitoring durchzuführen. Die grüne Gentechnik ist somit mit erheblichen Kosten in den Bereichen Risikoforschung und Risikomanagement verknüpft. Die Höhe öffentlicher Ausgaben für die Risikoforschung ist nicht eindeutig zu interpretieren. Zwar kann sie die Intensität der Anstrengungen aufzeigen, mögliche Risiken auszuschließen. Andererseits sagt sie nichts über die Eintrittswahrscheinlichkeit und Schadensintensität eines Risikos aus. Der Indikator gibt in seiner dargestellten Form ausschließlich die angekündigten öffentlichen Forschungsausgaben des BMBF und des BMU in diesem Bereich wieder. Zur detaillierten Aufschlüsselung der bewilligten Fördervolumina im Bereich der grünen Gentechnologie siehe GG-06.

Abbildung 8: Öffentliche Ausgaben für die Risikoforschung im Bereich grüner Gentechnologie 2000–2011

Angaben in Millionen Euro. ► Quelle: siehe Indikatorenblatt GG-11.

Laufende Nr.	GG-12
Problemfeld	Stand der Kommerzialisierung
Indikator	Anteil gentechnisch veränderter Sorten an zugelassenen Sorten
Datenquelle	Bundessortenamt; Datenbankabfrage. Unter: www.bundessortenamt.de www.transgen.de www.bundessortenamt.de/internet30/fileadmin/Files/PDF/BIFS_Sonderheft.pdf Zugriff: Oktober 2012, Stand: Oktober 2012.
Verfügbarkeit der Daten	öffentlich
Abgrenzung der Berechnungsgrößen	Sobald eine neue Sorte in einem Mitgliedsland der EU zugelassen wird, wird die EU-Kommission davon unterrichtet und ersucht, die Sorte durch Veröffentlichung im Amtsblatt in den gemeinsamen Katalog aufzunehmen. Nur die dort verzeichneten Sorten können EU-weit in den Verkehr gebracht werden. Alle anderen Sorten sind nur in dem jeweiligen Mitgliedsstaat zugelassen. Die Abfrage der Datenbank des Bundessortenamtes erfolgte für diejenigen landwirtschaftlichen Nutzpflanzenarten, für die in Deutschland eine Anbauzulassung existiert.
Gliederung der Darstellung	Nutzpflanzenarten: Mais, Kartoffel
Berechnungshäufigkeit	jährlich
Aussagefähigkeit	Mit der Einführung gentechnisch veränderter Pflanzensorten wird sowohl die Ausdehnung der Sortenvielfalt verbunden, als auch die Gefahr, dass sich der Anbau auf wenige Pflanzenarten und -sorten beschränkt und die Biodiversität abnimmt. Der Indikator bezieht sich auf die im Sortenkatalog gelisteten Sorten. Da für die Sortenzulassung wie für die Zulassungserneuerung Gebühren für die Saatgutzüchter anfallen, erscheinen nicht alle existierenden Sorten (gerade vorhandene ältere Sorten) im Sortenkatalog. Keine Aussage trifft der Indikator hinsichtlich des tatsächlichen Anbaus gentechnisch veränderter Sorten.

Tabelle 7: Anteil gentechnisch veränderter Sorten an zugelassenen Sorten

	2004				2005				2006			
	Insg. D	GVO			Insg. D.	GVO			Insg. D	GVO		
		D	%	EU		D	%	EU		D	%	EU
Mais	205			17	227	5	2,2	31	258	5	2,2	ca. 40
Kartoffel	182				193				211			

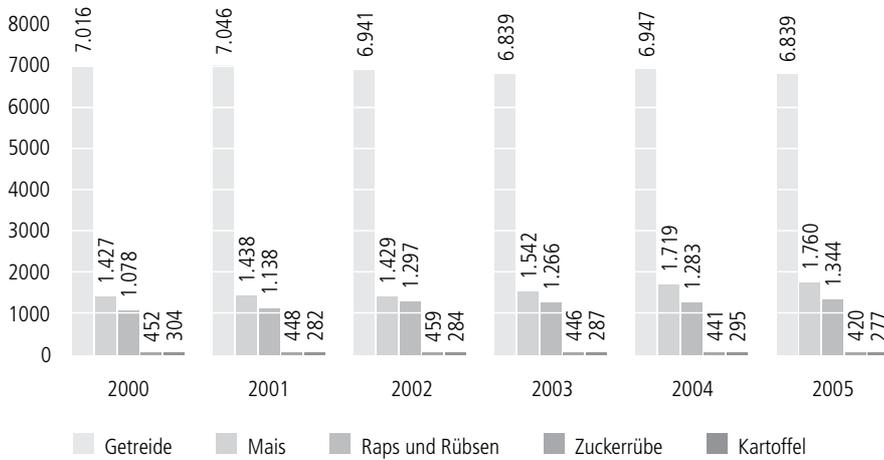
	2007				2008				2009			
	Insg. D	GVO			Insg. D	GVO			Insg. D	GVO		
		D	%	EU		D	%	EU		D	%	EU
Mais	256	5	2	54	244	7	2,9	70	247	11	4,5	99
Kartoffel	210				210				205			

	2010				2011				2012			
	Insg. D	GVO			Insg. D	GVO			Insg. D	GVO		
		D	%	EU		D	%	EU		D	%	EU
Mais	245	11	4,5	99	247			²)	247			²)
Kartoffel	204				205				206			

Unterschiede zu früheren Veröffentlichungen trotz gleicher Datenquelle wegen statistischer Änderungen möglich. ▶ ¹⁾ Im April 2009 hat Deutschland die Zulassung ausgesetzt und damit den Anbau von MON 810-Mais vorerst verboten. ²⁾ Für 2011 und 2012 liegen keine aktuellen Daten vor. ▶ Quelle: siehe Indikatorenblatt GG-12.

Laufende Nr.	GG-13
Problemfeld	Stand der Kommerzialisierung
Indikator	Anbauflächen einzelner Kulturarten
Datenquelle	Statistisches Bundesamt. Unter: www.destatis.de 2010–2012: www.destatis.de/DE/ZahlenFakten/Wirtschaftsbereiche/LandForstwirtschaft/Bodennutzung/Tabellen/AckerlandHauptfruchtgruppenFruchtarten.html Zugriff: August 2012, Stand: August 2012.
Verfügbarkeit der Daten	öffentlich
Abgrenzung der Berechnungsgrößen	keine Angabe
Gliederung der Darstellung	Nutzpflanzenarten: Mais, Raps und Rüben, Zuckerrübe, Kartoffel und Getreide
Berechnungshäufigkeit	jährlich

Abbildung 9: Anbauflächen einzelner Arten in Deutschland 2000–2012

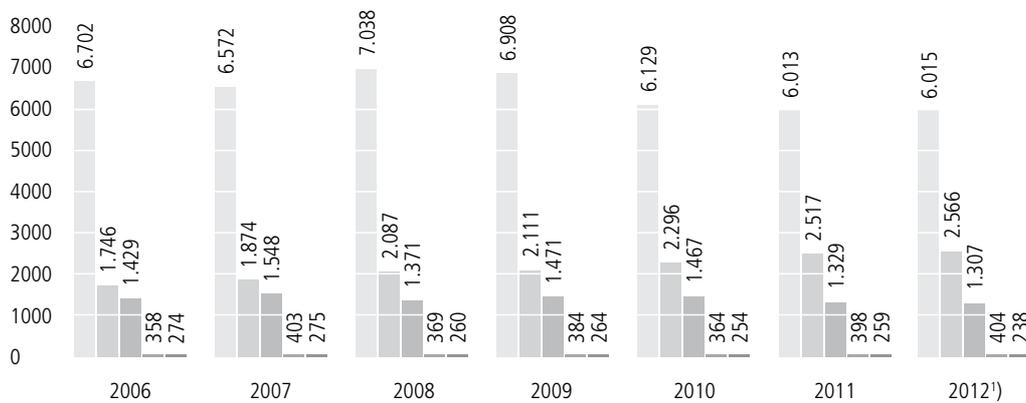


Angaben in 1.000 ha. ▶ 1) Vorläufiges Ergebnis der Bodennutzungshaupterhebung 2012. ▶ Quelle: siehe Indikatorenblatt GG-13.

Aussagefähigkeit

Der Indikator misst Veränderungen in der landwirtschaftlichen Produktion und kann Hinweise darauf geben, ob und in welchem Maße durch den Anbau gentechnisch veränderter Pflanzen (GG-12) der Anbau einzelner Arten zu- oder abnimmt. Einbezogen ist dabei die Möglichkeit, dass die ackerbauliche Flächennutzung insgesamt durch Zu- oder Abnahme anderer Formen der Flächennutzung variieren kann. Zu beachten ist, dass solche Veränderungen auch andere Ursachen haben können (z. B. Agrarpolitik, Verkaufspreise, Klima, neue konventionelle Sorten), so dass der Indikator vor allem Hintergrundinformationen für andere Indikatoren bereithält.

Fortsetzung von Abbildung 9



Laufende Nr.	GG-14
Problemfeld	Stand der Kommerzialisierung
Indikator	Flächenanteile einzelner Arten an der landwirtschaftlichen Nutzfläche (Kulturartendiversität)
Datenquelle	<p>Statistisches Bundesamt. Unter: www.destatis.de 2010–2012: www.destatis.de/DE/ZahlenFakten/Wirtschaftsbereiche/LandForstwirtschaft/Bodennutzung/Tabellen/AckerlandHauptfruchtgruppenFruchtarten.html</p> <p>Landwirtschaftlich genutzte Fläche insgesamt 2009–2012. Unter: https://www.destatis.de/DE/ZahlenFakten/Wirtschaftsbereiche/LandForstwirtschaft/Bodennutzung/Tabellen/HauptnutzungsartenLF.html</p> <p>Zugriff: August 2012, Stand: August 2012.</p>
Verfügbarkeit der Daten	öffentlich
Abgrenzung der Berechnungsgrößen	keine Angabe

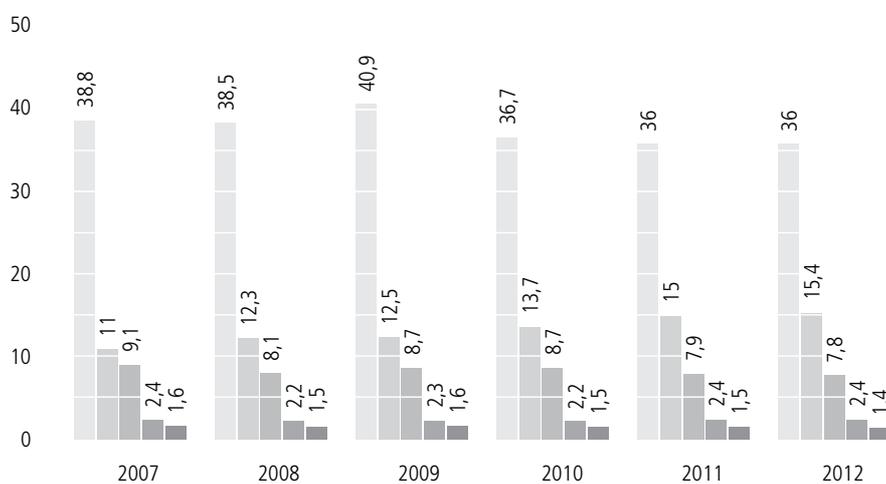
Abbildung 10: Flächenanteile einzelner Arten an der landwirtschaftlichen Nutzfläche in Deutschland 2000–2012



Angaben in %. ► Quelle: siehe Indikatorenblatt GG-14.

Gliederung der Darstellung	Nutzpflanzenarten: Mais, Raps und Rübsen, Zuckerrübe, Kartoffel und Getreide
Berechnungshäufigkeit	jährlich
Aussagefähigkeit	Der Indikator misst Veränderungen in der landwirtschaftlichen Produktion und kann Hinweise darauf geben, ob und in welchem Maße durch den Anbau gentechnisch veränderter Pflanzen der Anbau einzelner Arten zu- oder abnimmt. Zu beachten ist, dass solche Veränderungen auch andere Ursachen haben können (z. B. Agrarpolitik, Verkaufspreise, Klima, neue konventionelle Sorten), so dass der Indikator vor allem Hintergrundinformationen für andere Indikatoren bereithält.

Fortsetzung von Abbildung 10



Laufende Nr.	GG-15
Problemfeld	Stand der Kommerzialisierung
Indikator	Flächenanteile gentechnisch veränderter Sorten an der landwirtschaftlichen Nutzfläche
Datenquelle	<p>BVL: Statistik der einzelnen Bundesländer. Unter: 2006: www.bvl.bund.de/cln_027/nn_491980/DE/06_Gentechnik/00_doks_downloads/auswertung_stareg_bundeslaender_06.html 2007: www.bvl.bund.de/cln_027/nn_491980/DE/06_Gentechnik/00_doks_downloads/auswertung_stareg_bundeslaender07.html 2008: www.bvl.bund.de/cln_027/DE/06_Gentechnik/00_doks_downloads/auswertung_stareg_bundeslaender_08,templateId=raw,property=publicationFile.pdf/auswertung_stareg_bundeslaender_08.pdf http://apps2.bvl.bund.de/stareg_web/bundeslandStatistic.do http://apps2.bvl.bund.de/stareg_visual_web/data.do</p> <p>Landwirtschaftliche Bodennutzung – Landwirtschaftlich genutzte Flächen 2007. Unter: https://www-ec.destatis.de/csp/shop/sfg/bpm.html.cms.cBroker.cls?cmspath=struktur,vollanzeige.csp&ID=1022060</p> <p>Landwirtschaftliche Bodennutzung – Landwirtschaftlich genutzte Flächen 2008. Unter: https://www-ec.destatis.de/csp/shop/sfg/bpm.html.cms.cBroker.cls?cmspath=struktur,vollanzeige.csp&ID=1023319</p> <p>Landwirtschaftliche Bodennutzung – Landwirtschaftlich genutzte Flächen 2009. Unter: https://www-ec.destatis.de/csp/shop/sfg/bpm.html.cms.cBroker.cls?cmspath=struktur,vollanzeige.csp&ID=1024932</p> <p>Landwirtschaftliche Bodennutzung ab 2010: https://www-genesis.destatis.de/genesis/online/data;jsessionid=EFF069D93D08AC5E927BCFC183E0752D.tomcat_GO_2_1?Menu=Willkommen</p> <p>Zugriff: Januar 2013, Stand: Januar 2013.</p>
Verfügbarkeit der Daten	öffentlich und eigene Recherche
Abgrenzung der Berechnungsgrößen	Die Anteile der Anbauflächen mit gv-Sorten werden in Relation zur landwirtschaftlichen Nutzfläche betrachtet.
Gliederung der Darstellung	Bundesländer
Berechnungshäufigkeit	jährlich
Aussagefähigkeit	Für den Indikator liefern die beiden Indikatoren GG-13 und GG-14 die entscheidenden Hintergrundinformationen. Möglich wird, die von diesen beiden Indikatoren gemessenen Veränderungen auf die Einführung gentechnisch veränderter Sorten zurückzuführen. Gleichzeitig zeichnet der Indikator ein detailliertes Bild darüber, wie sich der Anbau gentechnisch veränderter Pflanzen in der landwirtschaftlichen Primärproduktion entwickelt.

Tabelle 8: Flächenanteil gentechnisch veränderter Sorten an der landwirtschaftlichen Nutzfläche einer Kulturart

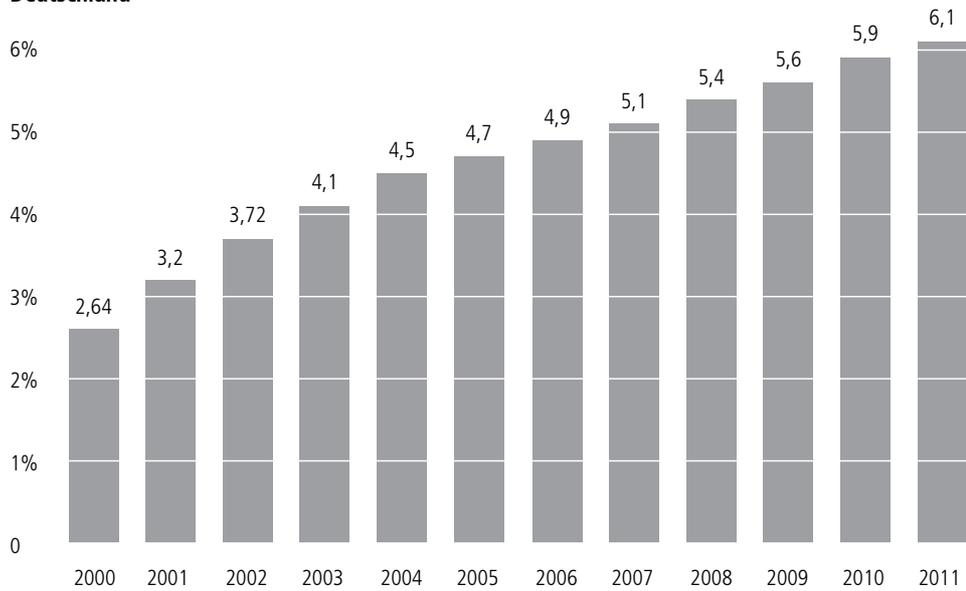
	Mais					Kartoffel	
	2006 ¹⁾	2007 ¹⁾	2008 ¹⁾	2009 ²⁾	2010 ²⁾	2010	2011
Anteil Anbaufläche gv-Sorten an landwirtschaftlicher Nutzfläche %							
Deutschland	< 0,1	0,14	0,15	0	0	< 0,1	< 0,1
Baden-Württemberg	< 0,1	< 0,1	< 0,1	0	0	0	0
Bayern	< 0,1	< 0,1	< 0,1	0	0	0	0
Berlin	0	0	0	0	0	0	0
Brandenburg	0,37	0,98	0,79	0	0	0	0
Bremen	0	0	0	0	0	0	0
Hamburg	0	0	0	0	0	0	0
Hessen	0	< 0,1	0	0	0	0	0
Mecklenburg - Vorpommern	0,26	0,6	0,64	0	0	< 0,1	0
Niedersachsen	< 0,1	< 0,1	< 0,1	0	0	0	0
Nordrhein - Westfalen	0	0	0	0	0	0	0
Rheinland - Pfalz	< 0,1	< 0,1	< 0,1	0	0	0	0
Saarland	0	0	0	0	0	0	0
Sachsen	0,31	0,73	1,15	0	0	0	0
Sachsen - Anhalt	< 0,1	0,13	0,2	0	0	0	< 0,1
Schleswig - Holstein	0	0	< 0,1	0	0	0	0
Thüringen	0	< 0,1	< 0,1	0	0	0	0

¹⁾ Werte entsprechen geplanten Anbauflächen; Anteil der zurückgezogenen Flächen gegenüber den geplanten Anbauflächen (bundesweit): 2006: 53%, 2007: 26%, 2008: 31%.

²⁾ Für 2009: im April 2009 wurde die bestehende EU-Zulassung für MON 810 ausgesetzt. Für 2010: Anbauverbot für MON 810 aufgrund der Ruhensanordnung der Anbaugenehmigung nach Art. 20 Abs. 2 GenTG. ► Quelle: siehe Indikatorenblatt GG-15.

Laufende Nr.	GG-16
Problemfeld	Koexistenz und Haftungsfragen
Indikator	Flächenanteil des Ökolandbaus an der gesamten landwirtschaftlichen Nutzfläche
Datenquelle	BLE; AGÖL; BÖLW; Statistisches Bundesamt, ZMP. Unter: www.oekolandbau.de/index.cfm/uuid/0005EA6BBB861F27B64A6521C0A8D816/and_uuid/0078887C1BD10EBBF306666C0A87836 www.oekolandbau.de/erzeuger/grundlagen/oekolandbau-in-zahlen/oekolandbau-in-zahlen-deutschland/?L=\\\\\\\\\\\\\\\\%2F\\\\\\\\\\\\\\\\%27%22 www.oekolandbau.de/service/oekolandbau-in-zahlen/oekoflaeche-und-anzahl-betriebe/ Zugriff: August 2012, Stand: Juni 2012.
Verfügbarkeit der Daten	öffentlich
Abgrenzung der Berechnungsgrößen	Zugrunde gelegt wird die Fläche, die in Deutschland nach der EG-Öko-Verordnung bewirtschaftet wird.
Berechnungshäufigkeit	jährlich
Aussagefähigkeit	Der ökologische Anbau wird von vielen Kritikern der grünen Gentechnik als alternative Landwirtschaftsform herausgestellt und bevorzugt. Der Indikator ist insbesondere hinsichtlich der Koexistenz beider Anbauformen von Interesse, und im Vergleich mit den Anbauflächen gentechnisch veränderter Pflanzen gibt er Hinweise auf verschiedene Wechselwirkungen: So könnte die Auskreuzung von Transgenen aufgrund der für ökologische Produkte geltenden Garantie der vollständigen Gentechnikfreiheit zu Absatzproblemen und zu einem Rückgang des ökologischen Anbaus führen. Bei hohem Haftungsrisiko der Landwirte, die gentechnisch veränderte Pflanzen anbauen, könnte bei der Auskreuzung von Transgenen die Wechselwirkung in entgegengesetzte Richtung wirken und ein Hemmnis für den Anbau gentechnisch veränderter Pflanzen darstellen. Andererseits könnte der kommerzielle Anbau gentechnisch veränderter Pflanzen parallel auch eine verstärkte Nachfrage nach gentechnikfreien Produkten auslösen und damit zu einer Ausdehnung der Ökoanbaufläche beitragen. Zu beachten ist, dass der Anbau gentechnisch veränderter Sorten nicht den einzigen Faktor darstellt, der die Fläche des Ökolandbaus beeinflusst; wichtige Einflussfaktoren sind beispielsweise die Agrarpolitik und die Nachfrageseite.

Abbildung 11: Flächenanteil des Ökolandbaus an der gesamten landwirtschaftlichen Nutzfläche in Deutschland



► Quelle: siehe Indikatorenblatt GG-16.

Laufende Nr.	GG-17
Problemfeld	Akzeptanz
Indikator	Verbraucherakzeptanz der grünen Gentechnologie
Datenquelle	<p>(1) Greenpeace e.V.: Ergebnisse einer Emnid-Studie (September bis November 2003). Unter: www.greenpeace.org/deutschland/?page=/deutschland/greenpeace/jahresrueckblicke/jahresrueckblick-2003/6-aktionen-im-november-und-dezember-2003</p> <p>(2) Institut für Demoskopie Allensbach (2001): Verändertes Meinungsklima gegenüber der Gentechnologie. Unter: www.bio-scope.org/attach/pdf/umfragegesamt.pdf</p> <p>(3) Eurobarometer 58.0 (2002). Unter: http://europa.eu.int/comm/public_opinion/archives/eb/ebs_177_en.pdf</p> <p>(4) Eurobarometer 64.3 (2005). Unter: www.ec.europa.eu/research/press/2006/pdf/pr1906_eb_64_3_final_report-may2006_en.pdf</p> <p>(5) www.keine-gentechnik.de/bibliothek/basis/studien/forsa_umfrage_geenfood_050730.pdf</p> <p>(6) Consumerchoice, King's College London (2008). Unter: www.kcl.ac.uk/schools/biohealth/research/nutritional/consumerchoice/downloads.html</p> <p>(7) Umweltbewusstsein in Deutschland 2000: www.umweltdaten.de/publikationen/fpdf-l/3268.pdf 2002: www.umweltdaten.de/publikationen/fpdf-l/3269.pdf 2004: www.umweltdaten.de/publikationen/fpdf-l/2792.pdf 2006: www.umweltdaten.de/publikationen/fpdf-l/3113.pdf 2008: www.bmu.de/files/pdfs/allgemein/application/pdf/broschuere_umweltbewusstsein_2008.pdf 2010: www.umweltdaten.de/publikationen/fpdf-l/4045.pdf</p> <p>(8) Eurobarometer 68.2 (2008). Unter: http://ec.europa.eu/public_opinion/archives/ebs/ebs_295_de.pdf</p> <p>(9) Eurobarometer 73.1 (2010). Unter: http://ec.europa.eu/public_opinion/archives/ebs/ebs_341_de.pdf</p> <p>(10) Fresenius Verbraucherstudie (2010): www.gentechnikfreie-regionen.de/fileadmin/content/studien/umfragen/20100721_umfrage_fresenius_verbraucherstudie.pdf</p> <p>(11) Forsa-Umfrage (2011) www.keine-gentechnik.de/fileadmin/files/Infodienst/Dokumente/Umfrage%20forsa_ohne_gt.pdf</p> <p>(12) Emnid-Umfrage im Auftrag von Greenpeace (2010): www.keine-gentechnik.de/fileadmin/files/Infodienst/Dokumente/10_01_greenpeace_umfrage_gen_mais.pdf</p>

	(13) http://de.statista.com/statistik/daten/studie/5268/umfrage/kauf-von-preiswerten-gentechnisch-veraenderten-lebensmitteln/
	(14) http://de.statista.com/statistik/daten/studie/5274/umfrage/bevorzugung-von-gentechnisch-geschmacksverbessertem-obst/
	Zugriff: August 2012, Stand: Mai 2011.
Verfügbarkeit der Daten	öffentlich
Abgrenzung der Berechnungsgrößen	Akzeptanzuntersuchungen mit Fragestellungen zu gentechnisch veränderten Pflanzen und gentechnisch veränderten Lebensmitteln für Deutschland. Die Daten sind wegen unterschiedlicher Fragestellungen und Arbeitsmethoden nur eingeschränkt miteinander vergleichbar.
Gliederung der Darstellung	Studien und Fragestellungen
Berechnungshäufigkeit	einmalig/zweijährig/mehrjährig
Aussagefähigkeit	Die Verbraucherakzeptanz landwirtschaftlicher Produkte, die unmittelbar oder mittelbar aus gentechnisch veränderten Pflanzen gewonnen wurden, ist von entscheidender Bedeutung für den kommerziellen Erfolg gentechnisch veränderter Pflanzen. Trotz des prinzipiellen methodischen Problems der Übertragbarkeit geäußelter Angaben auf reales Verhalten dienen quantitative Akzeptanzuntersuchungen Befürwortern wie Kritikern der grünen Gentechnologie gleichermaßen als Argumentationshilfe: Erstere greifen Akzeptanzsteigerungen und die Zustimmung zu konkreten Anwendungszielen der grünen Gentechnologie auf, letztere sehen konstant niedrige oder fallende Akzeptanzwerte als Bestätigung ihrer kritischen Haltung. Vor diesem Hintergrund empfiehlt es sich, erstens anwendungsbezogene Fragen von pauschalen Einschätzungen zu unterscheiden sowie zweitens Aussagen zu gentechnisch veränderten Pflanzen von solchen über gentechnisch veränderte Lebensmittel zu trennen. Generell sind die vom Indikator erfassten quantitativen Ergebnisse hinsichtlich gewählter Arbeits- und Auswertungsmethodik zu bewerten. Direkt vergleichbar sind nur periodisch wiederkehrende Untersuchungen mit gleichem Aufbau, gleichen Fragen und gleicher Auswertungsmethodik.

Tabelle 9: Umfrageergebnisse zur Verbraucherakzeptanz der grünen Gentechnologie

Untersuchte Frage	Untersuchungs- jahr (Quelle)	Stimmen zu	Lehnen ab	Gesamt- befragte
Würden Sie sich mit genetisch veränderten Nahrungsmitteln ernähren?	2003 (1)	19,5%	74,4%	4.042
Wie wichtig finden Sie eine Kennzeichnung von genetisch veränderten Nahrungsmitteln?	2003 (1)	88,4% findet wichtig	2,6% findet unwichtig	4.042
Ist die Kennzeichnung „ohne Gentechnik“ sinnvoll?	2011 (11)	82%	16%	1.001
Würden Sie sich beim Einkauf an der Kennzeichnung „ohne Gentechnik“ orientieren?	2011 (11)	75%	24%	1.001
Stimmen Sie persönlich der Vermischung von Saatgut mit Gen-Samen zu oder lehnen Sie dies ab?	2003 (1)	10,3%	68,3%	4.042
Stimmen Sie persönlich der Verwendung von gentechnisch verändertem Tierfutter zu oder lehnen Sie dies ab?	2003 (1)	9,7%	72,1%	4.042
Finden Sie die Nutzung der Gentechnologie gut zur Züchtung von Getreide und anderen Pflanzen, um sie gegen Schädlinge und Krankheiten immun zu machen?	1998 (2)	38%	37%	2.049
	2001 (2)	46%	31%	2.049
Finden Sie die Nutzung der Gentechnologie gut zur Züchtung von Getreide und anderen Pflanzen, um die Ernteerträge zu erhöhen?	1998 (2)	29%	48%	2.049
	2001 (2)	37%	41%	2.049
Es sollten rasche Fortschritte gemacht werden um mit Hilfe der Gentechnik Pflanzen und Getreidesorten zu entwickeln, die auch in kargen Gegenden der Dritten Welt angepflanzt werden können.	2001 (2)	67%	20%	2.049
Es sollten rasche Fortschritte gemacht werden um mit Hilfe der Biotechnologie Obst- und Gemüsesorten zu entwickeln, die lange frisch bleiben.	2001 (2)	26%	57%	2.049
Würden Sie GV-Nahrungsmittel kaufen und essen? (Annahme unterschiedlicher Gründe wie weniger Pestizide enthaltend, umweltfreundlicher, besserer Geschmack, Angebot in einem Restaurant, weniger Fett enthaltend, sind billiger)	2002 (3)	24–40%	48–65%	mehrere Tausend
	2005 (4)	36–58%	38–58%	
Kauf von garantiert gentechnikfreien Lebensmitteln auch bei höheren Preisen	2011 (11)	77%	18%	1.001

Unterstützung gentechnisch veränderter Pflanzen (mehrere Einzelfragen) in Deutschland.	1999 (3)	69% ¹⁾		mehrere Tausend
	2002 (3)	67% ¹⁾		
	2005 (4)	k. A.		
Unterstützung gentechnisch veränderter Lebensmittel (mehrere Einzelfragen) in Deutschland.	1999 (4)	49% ¹⁾		mehrere Tausend 1.531
	2002 (3)	48% ¹⁾		
	2005 (4)	30% ¹⁾		
	2010 (9)	22% ¹⁾		
Sind Sie persönlich für oder gegen die Nutzung von gentechnisch veränderten Organismen?	2008 (8)	21%	58%	mehrere Tausend (EU-27)
Würden Sie GV-Nahrungsmittel kaufen, wenn sie besser schmecken?	1999 (4)	22%	66%	16.082
Würden Sie mehr für Nicht-GV-Nahrungsmittel bezahlen?	1999 (4)	53%	36%	16.082
Lehnen Sie gentechnisch veränderte Bestandteile in der Nahrung ab? (ganz Deutschland)	2005 (5)	79%	17% (ist es egal, wenn der Preis stimmt)	1.001
Ich mache mir beim Einkauf Sorgen, dass ein Produkt gentechnisch veränderte Zutaten enthält.	2010 (10)	55%		1.827
Würden Sie Lebensmittel kaufen, die gentechnisch veränderte Inhaltsstoffe enthalten?	2008 (6)	12,9%	74,4%	317
Unterstützung für transgene Äpfel	2010 (9)	26%		1.531
Unterstützung für cisgene Äpfel	2010 (9)	49%		1.531
Sollte der Anbau von Gen-Mais in Deutschland weiterhin verboten bleiben?	2010 (12)	79%	15%	1.005
Sollte Bundeslandwirtschaftsministerin Ilse Aigner den Anbau der Gentechnik-Kartoffel Amflora in Deutschland verbieten?	2010 (12)	77%	11%	1.005

¹⁾ Prozentangaben in Bezug auf „decided public“ 1999: 49% aller Befragten; 2002: 45% aller Befragten; 2005: 49% aller Befragten. ▶ Quelle: siehe Indikatorenblatt GG-17.

Tabelle 10: Kaufbereitschaft für Lebensmittel mit gentechnisch veränderten Inhaltsstoffen

Angaben in %	2000 ¹⁾	2002 ¹⁾	2004 ²⁾	2006 ²⁾	2008 ²⁾	2009a ³⁾	2009b ⁴⁾
Ja	6	5	6	7	8	19	8
Eventuell (2009b: vielleicht)	19	21	17	21	21	–	29
eher nicht	32	35	31	33	32	–	–
überhaupt nicht	43	39	46	40	33	54	56
Anzahl der Gesamtbefragten	2.018	2.316	2.018	2.034	2.021	1.000	1.000

¹⁾ Erhebung aus Quelle (7). Frage bis 2002: In jüngster Zeit wird viel über gentechnisch behandelte und gentechnisch hergestellte Lebensmittel und Lebensmittelzusätze diskutiert. Würden Sie solche Lebensmittel kaufen? ²⁾ Ab 2004 leicht veränderte Frage gegenüber Vorjahren: In den kommenden Jahren ist damit zu rechnen, dass der Anbau von gentechnisch veränderten Pflanzen auch in Europa von den Behörden genehmigt wird. Würden Sie Lebensmittel aus gentechnisch veränderten Organismen kaufen? Ab 2010 wird die Frage so nicht mehr gestellt, sodass die Tabelle in dieser Form und mit derselben Quelle nicht mehr aktualisiert werden kann. ³⁾ Frage in Quelle (13): Würden Sie gentechnisch veränderte Lebensmittel kaufen, wenn diese deutlich billiger angeboten würden? ⁴⁾ Frage in Quelle (14): Wenn es möglich wäre, den Geschmack Ihrer Lieblingsfrüchte gentechnisch erheblich zu verbessern, würden Sie diese Früchte bevorzugen?

Aktuellere Fragen zur Kaufbereitschaft (Quellen (11) und (12)) wurden anders formuliert und können daher nicht in dieser Tabelle dargestellt werden. Sie sind in Tabelle 9 mit aufgenommen. ► Quelle: siehe Indikatorenblatt GG-17.

Laufende Nr.	GG-18
Problemfeld	Akzeptanz
Indikator	Akzeptanz gentechnisch veränderter Pflanzen bei Landwirten (gentechnikfreie Regionen)
Datenquelle	<p>www.faire-nachbarschaft.de</p> <p>www.gentechnikfreie-regionen.de/</p> <p>www.bund.net/lab/reddot2/pressemitteilungen_3989.htm</p> <p>Statistisches Bundesamt. Unter: www.destatis.de/basis/d/forst/forsttab1.php</p> <p>www.gentechnikfreie-regionen.de/regionen-gemeinden/zahlen-fakten-analysen/aktuellezahlen.html</p> <p>Zugriff: August 2012, Stand: Dezember 2011.</p>
Verfügbarkeit der Daten	öffentlich
Abgrenzung der Berechnungsgrößen	keine Angabe
Gliederung der Darstellung	<p>a) Anzahl der „gentechnikfreien“ Regionen</p> <p>b) Anzahl der mitunterzeichnenden Betriebe</p> <p>c) Fläche</p>
Berechnungshäufigkeit	jährlich
Aussagefähigkeit	<p>Wiedergegeben wird die geäußerte Bereitschaft von Landwirten, zunächst für einen begrenzten Zeitraum freiwillig auf den Anbau gentechnisch veränderter Pflanzen und die Verwendung gentechnisch veränderter Tierfuttermittel zu verzichten. Dabei wird nicht unterschieden, ob in den sogenannten gentechnikfreien Regionen konventionell oder ökologisch produzierende Landwirtschaftsbetriebe zusammengeschlossen sind. Ebenfalls unberücksichtigt bleibt, inwieweit es sich um kompakt geschlossene oder einzeln verstreute Flächen handelt. Der Indikator gibt einen Hinweis darauf, inwieweit gentechnisch veränderte Pflanzen bei Landwirten auf Ablehnung treffen und für gesellschaftliche Konflikte in den Anbauregionen stehen. Allerdings bleibt offen, in welchem Maße diese Absichtserklärung mit tatsächlichem Handeln korreliert, sobald eine Koexistenz bei Anbau, Verarbeitung und Vermarktung für gentechnisch veränderte Pflanzen großflächig etabliert ist und damit Kosten- und Nutzenfaktoren feststehen. Für die Zukunft ist zu beobachten, wie sich die Initiative „gentechnikfreier Regionen“ entwickelt und wie groß der Anteil konventionell wirtschaftender Betriebe ist.</p>

Tabelle 11: „Gentechnikfreie“ Regionen

	2004	Anteil	2005	Anteil	2006	Anteil
„Gentechnikfreie“ Regionen	50		53		63	
Mitunterzeichnende Betriebe	11.600 (gesamt 2003: 420.697)	2,8%	11.000 (gesamt 2005: 396.581)	2,8%	20.357 (gesamt 2005: 396.581)	5,1%
Fläche (ha)	430.000 (gesamt 2003: 17.007.968)	2,5%	451.000 (gesamt 2005: 17.023.959)	2,6%	697.478 (gesamt 2005: 17.023.959)	4,1%

	2007	Anteil	2008	Anteil	2009	Anteil
„Gentechnikfreie“ Regionen	98		105		109	
Mitunterzeichnende Betriebe	20.949 (gesamt 2005: 396.581)	5,3 %	22.265 (gesamt 2007: 374.514)	5,9 %	22.867 (gesamt 2007: 374.514)	6,1%
Fläche (ha)	725.003 (gesamt 2006: 16.951.000)	4,3%	772.281 (gesamt 2007: 16.954.329)	4,6%	789.708 (gesamt 2009: 16.889.600)	4,7%

	2010	Anteil	2011	Anteil
„Gentechnikfreie“ Regionen	111		118	
Mitunterzeichnende Betriebe	22.989 (gesamt 2010: 299.100)	7,7%	23.480 (gesamt 2011: 293.900)	8%
Fläche (ha)	790.877 (gesamt 2010: 16.721.300)	4,7%	826.490 (gesamt 2012: 16.684.100)	5%

Unterschiede zu früheren Veröffentlichungen trotz gleicher Datenquelle wegen statistischer Änderungen möglich. ▶ Quelle: siehe Indikatorenblatt GG-18.

Laufende Nr.	GG-19
Problemfelder	Akzeptanz + Stand der Kommerzialisierung
Indikator	Akzeptanz gentechnisch veränderter Pflanzen bei Landwirten (geäußerte Zustimmung)
Datenquelle	(1) Informationsdienst Gentechnik, Studie der Wickert Institute im Auftrag von Greenpeace e.V. 2002. Unter: www.keine-gentechnik.de/bibliothek/basis/studien/gp_bauern_umfrage_031001.pdf (2) Voss, J. (2008): Customer Relationship Management im Agribusiness. Göttingen:112–115. Zugriff: August 2010, Stand: August 2006.
Verfügbarkeit der Daten	öffentlich
Abgrenzung der Berechnungsgrößen	Akzeptanzuntersuchungen mit Fragestellungen zu gentechnisch veränderten Pflanzen bei Landwirten in Deutschland. Die Daten sind wegen unterschiedlicher Fragestellungen und Arbeitsmethoden nur eingeschränkt miteinander vergleichbar.
Gliederung der Darstellung	Studien und Fragestellungen
Berechnungshäufigkeit	einmalig (keine neuen Umfragen verfügbar, Stand: Dezember 2012)
Aussagefähigkeit	Die Landwirte sind ein wichtiger Teil der Wertschöpfungskette, innerhalb derer der ökonomische Nutzen des Gentechnikeinsatzes bei Pflanzen verteilt wird. Bisherige gentechnische Veränderungen zielen unmittelbar auf den Anbau (Insektenresistenz, Herbizidtoleranz) und versprechen nicht zuletzt den Landwirten wirtschaftliche Vorteile. Der Indikator reflektiert zum einen die Akzeptanz der Landwirte und ihres Umfelds von gv-Saatgut, zum anderen zeigt er die geäußerte Bereitschaft der Landwirte, gentechnisch veränderte Pflanzen anzubauen, und liefert damit einen Hinweis darauf, inwieweit die Landwirte wirtschaftliche Vorteile für sich selbst sehen. Offen ist, in welchem Maße die geäußerte Bereitschaft mit tatsächlichem Handeln korreliert, sobald eine Koexistenz bei Anbau, Verarbeitung und Vermarktung für gentechnisch veränderte Pflanzen großflächig etabliert ist und damit Kosten- und Nutzenfaktoren feststehen. Zudem sind die vom Indikator erfassten quantitativen Umfrageergebnisse hinsichtlich der in der Untersuchung gewählten Arbeits- und Auswertungsmethodik zu bewerten.

Tabelle 12: Akzeptanz gentechnisch veränderter Pflanzen bei Landwirten

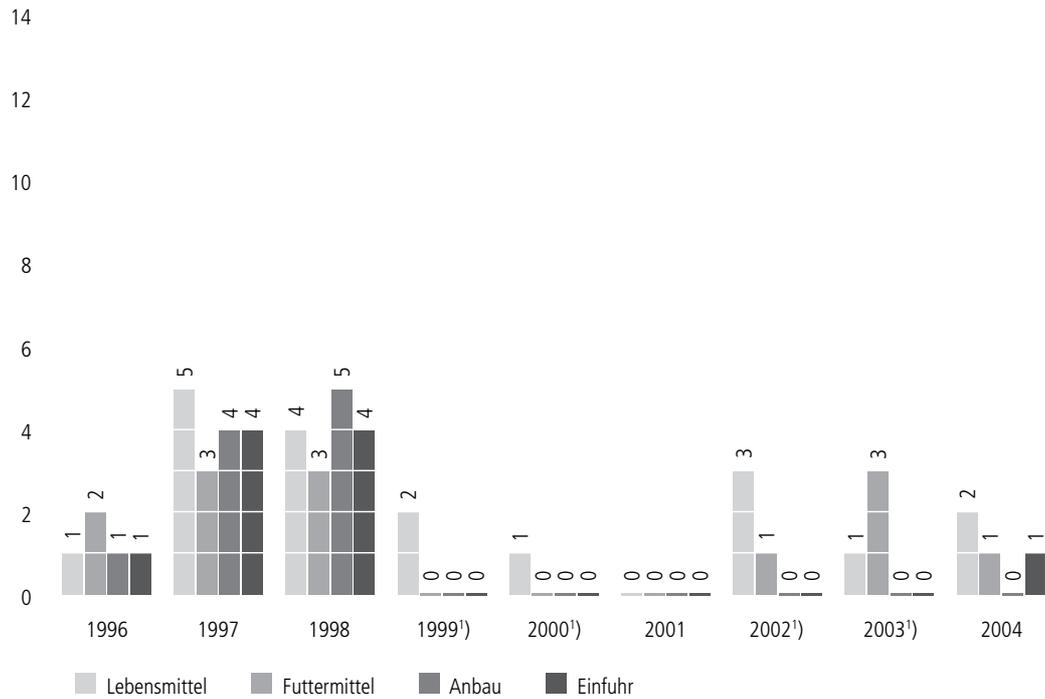
Untersuchte Frage	Untersuchungsjahr	Stimmen zu	Lehnen ab	Gesamtbefragte
Würden Sie in Zukunft gentechnisch verändertes Saatgut anbauen?	2002 (1)	17%	70%	1.031
Würden Sie gentechnisch verändertes Tierfutter verwenden?	2002 (1)	11%	72%	1.031

Untersuchte Frage	Untersuchungsjahr	trifft gar nicht zu	trifft nicht zu	teils/teils	trifft voll zu	trifft voll und ganz zu	Gesamtbefragte
Ich lehne die grüne Gentechnik ab.	2006 (2)	4,2%	37,7%	42,5%	11,8%	3,8%	370 ¹⁾
Ich plane, zukünftig gv-Saatgut einzusetzen.	2006 (2)	13,4%	37,1%	26,2%	22,4%	1,0%	370 ¹⁾
Entscheiden Sie sich für den Anbau des gv-Saatgutes?	2006 (2)	9,1%	19,8%	11,7%	47,4%	12,0%	370 ¹⁾
Der Einsatz von gv-Saatgut wird in meiner Familie akzeptiert.	2006 (2)	4,3%	14,1%	26,6%	46,6%	8,5%	370 ¹⁾
Der Einsatz von gv-Saatgut wird in meinem Berufskollegenkreis selbstverständlich werden.	2006 (2)	1,0%	17,5%	47,1%	31,5%	2,9%	370 ¹⁾

¹⁾ Die räumliche Verteilung der Befragten konzentriert sich auf Nordwestdeutschland. ► Quelle: siehe Indikatorenblatt GG-19.

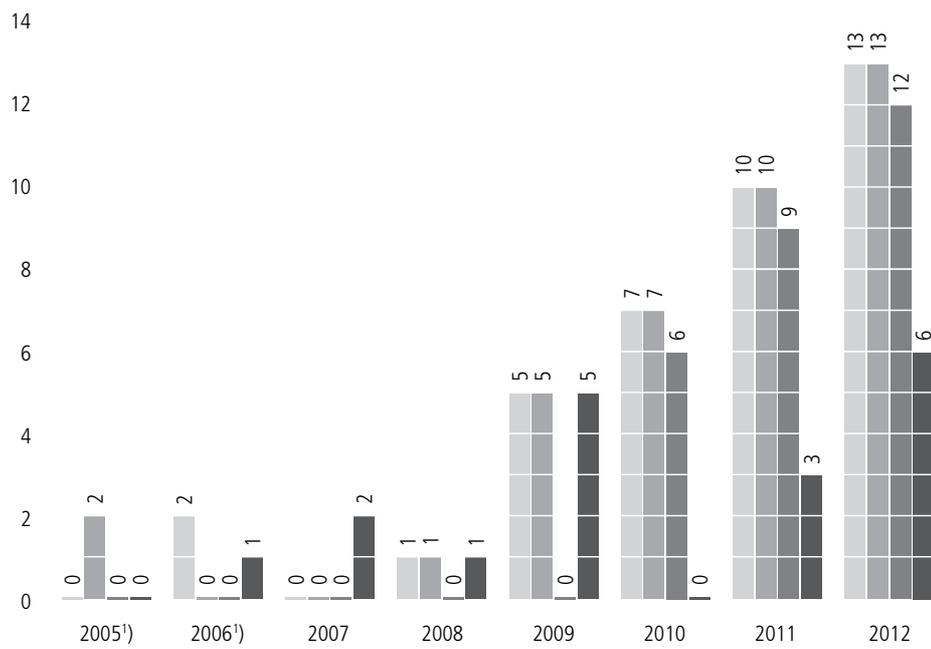
Laufende Nr.	GG-20
Problemfelder	Akzeptanz + Stand der Kommerzialisierung
Indikator	Anzahl als Lebensmittel und Futtermittel zugelassener gentechnisch veränderter Pflanzen
Datenquelle	<p>GENETICALLY MODIFIED (GM) FOODS AUTHORISED IN THE EUROPEAN UNION UNDER THE NOVEL FOOD REGULATION (EC) 258/97. Unter: http://europa.eu.int/comm/food/food/biotechnology/authorisation/258-97-ec_authorized_en.pdf</p> <p>GMOS AUTHORISED FOR FEED USE IN THE EUROPEAN UNION IN ACCORDANCE WITH DIRECTIVES 90/220/EEC AND 2001/18/EC. Unter: http://europa.eu.int/comm/food/food/biotechnology/authorisation/2001-18ec_authorized_en.pdf</p> <p>NOTIFICATIONS OF EXISTING PRODUCTS RECEIVED BY THE COMMISSION PURSUANT TO ARTICLES 8 AND 20 OF REGULATION (EC) 1829/2003 ON GM FOOD AND FEED. Unter: http://europa.eu.int/comm/food/food/biotechnology/gmfood/notifications_existing_products.pdf</p> <p>Zusammenstellung unter: www.transgen.de/zulassung</p> <p>Zugriff: Dezember 2012, Stand: Dezember 2012.</p>
Verfügbarkeit der Daten	öffentlich
Abgrenzung der Berechnungsgrößen	Anzahl der als Lebensmittel und Futtermittel zugelassenen gentechnisch veränderten Pflanzen (inklusive Import)
Gliederung der Darstellung	Lebensmittel, Futtermittel, Anbau und Einfuhr
Berechnungshäufigkeit	jährlich
Aussagefähigkeit	Der Indikator zeigt die Summe der als Lebensmittel und Futtermittel zugelassenen gentechnisch veränderten Pflanzen. Bei den Zulassungen wird differenziert zwischen dem Anbau gentechnisch veränderter Pflanzen in der EU, der Einfuhr gentechnisch veränderter Pflanzen in die EU und der Verwendung der gentechnisch veränderten Pflanzen als Lebensmittel oder Futtermittel.

Abbildung 12: In der EU als Lebensmittel und Futtermittel zugelassene gentechnisch veränderte Pflanzen, differenziert nach Anbau und Einfuhr



Doppelzählungen möglich, da gleichzeitig Zulassung als Lebens- und Futtermittel und für Anbau und Einfuhr möglich.
 ▶ ¹⁾ Teilweise Klassifikation lediglich nach Lebens- und Futtermittel, aber nicht nach Anbau/Einfuhr. ▶ Quelle: siehe Indikatorenblatt GG-20.

Fortsetzung von Abbildung 12



Laufende Nr.	GG-21
Problemfeld	Akzeptanz
Indikator	Sachbeschädigungen im Zusammenhang mit der Gentechnologie
Datenquelle	Anfrage Bundeskriminalamt Zugriff: Oktober 2012, Stand: Oktober 2012.
Verfügbarkeit der Daten	nicht öffentlich
Abgrenzung der Berechnungsgrößen	Es handelt sich um alle bundesweit erfassten, politisch motivierten Straftaten der Sachbeschädigung (§303 StGB) und Gemeenschädlichen Sachbeschädigung (§304 StGB), die mit Bezug zum Thema „Gentechnologie“ erfasst wurden. Unter diesen Fällen können sich neben Angriffen auf Felder jedoch auch andere Sachbeschädigungen im Zusammenhang mit dem Thema Gentechnologie befinden. Hierbei handelt es sich derzeit im Wesentlichen um Fälle, die die grüne Gentechnologie betreffen. Eine detaillierte Aufgliederung ist anhand der erhobenen Daten nicht möglich.
Gliederung der Darstellung	§ 303 StGB Sachbeschädigung § 304 StGB Gemeenschädliche Sachbeschädigung
Berechnungshäufigkeit	jährlich
Aussagefähigkeit	Der Indikator ist ein Maß für die Intensität des öffentlichen Konfliktes und den Widerstand, auf den die Einführung gentechnisch veränderter Pflanzen in Deutschland trifft. Er trifft keine Aussage darüber, inwieweit die illegalen Handlungen auf einer breiteren gesellschaftlichen Unterstützung basieren oder nur von einer radikalen Minderheit getragen werden. Zugleich reflektiert der Indikator das öffentliche Meinungsklima gegenüber der grünen Gentechnologie, das gleichermaßen relevant für privatwirtschaftliche Investitionen und politische Handlungen sein kann.

Tabelle 13: Sachbeschädigungen im Zusammenhang mit der Gentechnologie

Jahr	2005			2006			2007			2008		
	L	R	N	L	R	N	L	R	N	L	R	N
Delikt\Phänomenbereich												
§ 303 StGB Sachbeschädigung	5	0	6	14	0	3	21	0	3	35	0	5
§ 304 StGB Gemeinschädliche Sachbeschädigung	0	0	0	3	0	0	3	0	0	1	1	0
	5	0	6	17	0	3	24	0	3	36	1	5
Σ	11			20			27			42		

Jahr	2009			2010			2011			Σ
	L	R	N	L	R	N	L	R	N	
Delikt\Phänomenbereich										
§ 303 StGB Sachbeschädigung	16	0	0	7	0	0	4	0	0	119
§ 304 StGB Gemeinschädliche Sachbeschädigung	3	0	0	0	0	0	0	0	0	11
	19	0	0	7	0	0	4	0	0	
Σ	19			7			4			130

L=Linksextrem, R=Rechtsextrem, N=Sonstige/nicht zuzuordnen. ► Quelle: siehe Indikatorenblatt GG-21.

Laufende Nr.	GG-22
Problemfeld	Stand der Kommerzialisierung
Indikator	Verteilung der zugelassenen Traits auf Firmen (USA, EU)
Datenquelle	<p>www.transgen.de/zulassung/gvo/</p> <p>http://usbiotechreg.nbio.gov/database_pub.asp</p> <p>Zugriff: Oktober 2012, Stand: Oktober 2012.</p>
Verfügbarkeit der Daten	öffentlich
Abgrenzung der Berechnungsgrößen	keine Angabe
Gliederung der Darstellung	siehe Abbildung
Berechnungshäufigkeit	jährlich
Aussagefähigkeit	<p>Der Indikator zeigt, welche Firmen über zugelassene Traits verfügen und spiegelt wider, wie viele und welche Firmen auf dem Marktfeld gentechnisch veränderten Saatguts aktiv sind. Mit Hilfe der relativen Anteile kann die Marktkonzentration dargestellt werden, ob und in welcher Größenordnung eine einzelne oder mehrere Firmen derzeit über besonders große Anteile an diesem Marktfeld verfügen. Beides gibt Hinweise auf die Offenheit des Marktfeldes für kleine oder neue Anbieter. Ferner ist ein Vergleich der Marktstrukturen zwischen den USA und der EU möglich.</p> <p>Der Indikator zeigt nicht, welche Traits real von den Landwirten nachgefragt werden und wie groß die jeweiligen Marktanteile der Traits sind. Zu beachten ist außerdem, dass in der EU die meisten Traits nur über eine Zulassung für den Import, zur Lebensmittelverarbeitung oder als Futtermittel verfügen, aber es keine Zulassung für den Anbau besteht. Die Verteilung der zugelassenen Traits zwischen den Firmen ist deswegen nur bedingt geeignet, deren reale Marktanteile abzuschätzen. Ebenfalls nicht abgedeckt sind Märkte außerhalb der USA und der EU; hierbei können auch die international agierenden Konzerne regional sehr unterschiedliche Schwerpunkte hinsichtlich ihres Engagements aufweisen.</p>

Abbildung 13: Anzahl der Zulassungen pro Unternehmen in der EU

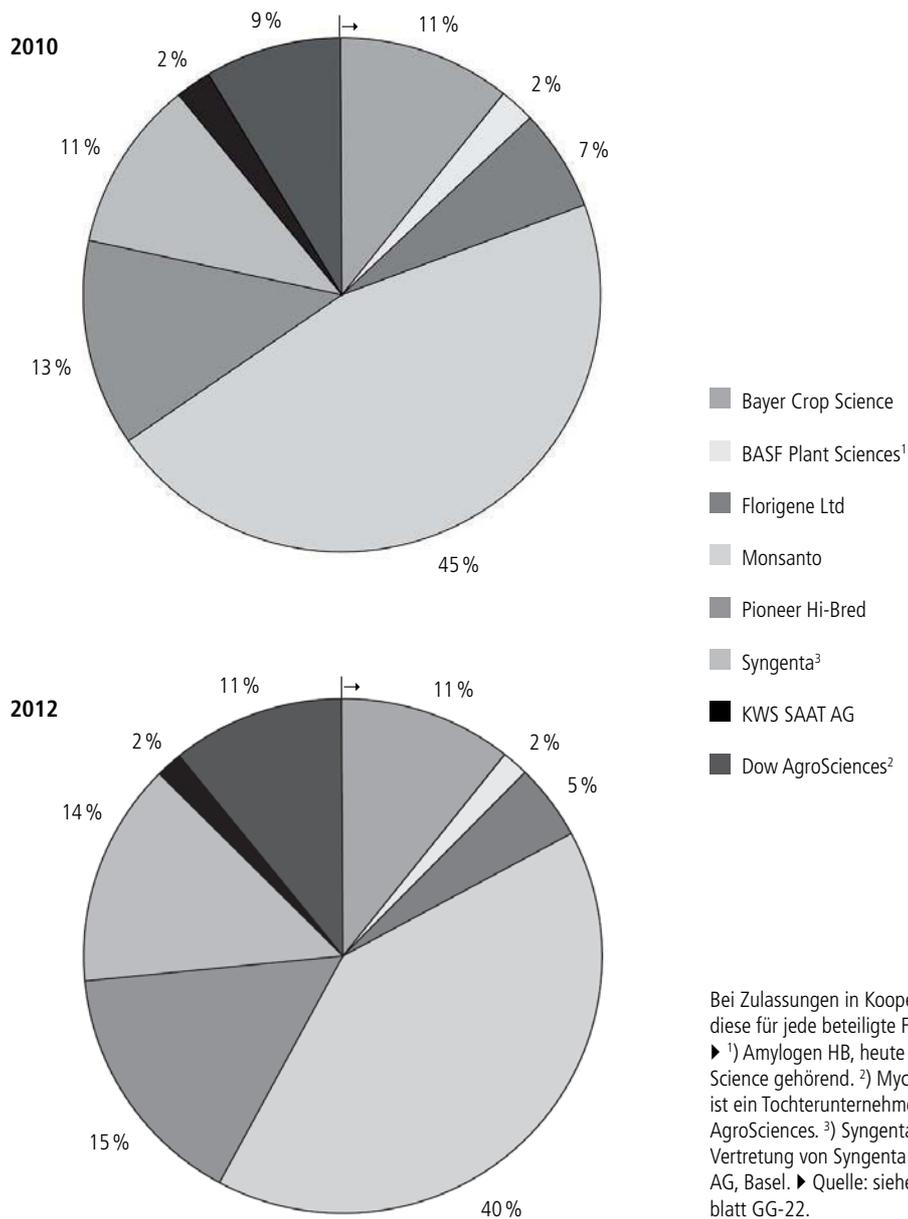
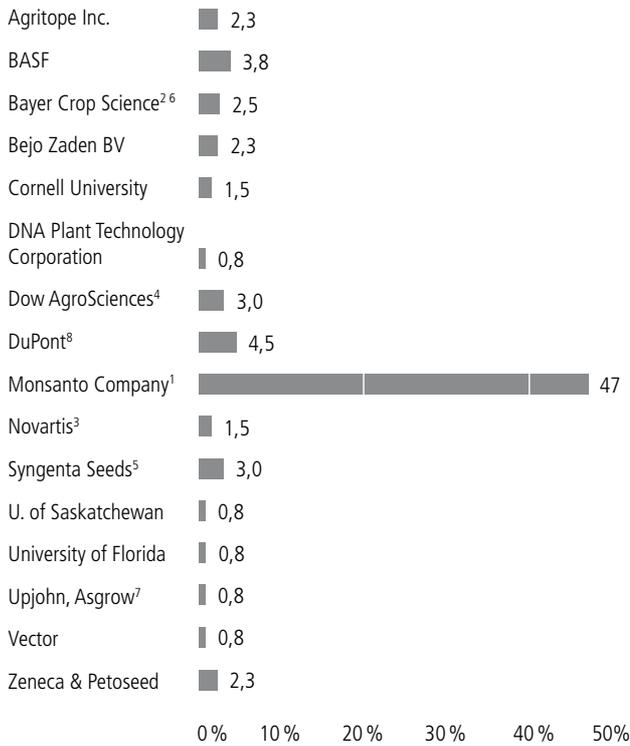


Abbildung 14: Anzahl der Zulassungen pro Unternehmen in den USA



Bei Zulassungen in Kooperation werden diese für jede beteiligte Firma gezählt. ▶ ¹) Calgene Inc., Dekalb Genetics Corporation, heute Monsanto. ²) AgrEvo, Aventis Crop Science, Plant Genetic Systems Rhône-Poulenc Inc., heute Bayer CropScience. ³) Ciba-Geigy Corporation, heute zu Novartis. ⁴) Mycogen Seeds ist ein Tochterunternehmen von Dow AgroSciences. ⁵) Northrup King, heute zu Syngenta. ⁶) Bayer CropScience USA LP zu Bayer CropScience. ⁷) Asgrow, Tochtergesellschaft von Upjohn. ⁸) Pioneer Hi-Bred International Inc. ist ein Tochterunternehmen von DuPont. ▶ Für die Anzahl der Zulassung in den USA war aufgrund der Datenlage nur eine Erhebung für das Jahr 2010 möglich. ▶ Quelle: siehe Indikatorenblatt GG-22.

10.3 Zusammenfassung

Zielsetzung des Gentechnologieberichts und seiner Themenbände ist es, die Entwicklungen auf dem Gebiet der Gentechnologie langfristig, indikatorenbasiert und interdisziplinär zu betrachten. Ein Werkzeug hierzu ist die Ermittlung von Problemfeldern und deren Ausleuchtung mit Hilfe von Indikatoren. Diese werden anhand standardisierter Datenblätter dargestellt. Eine Vielzahl der in diesem Kapitel aufgeführten Datenreihen sind Fortschreibungen der seit dem Ersten Gentechnologiebericht veröffentlichten Zahlen. Es steht jedoch nicht für alle aufgeführten Problemfelder und Indikatoren in diesem Themenband zur grünen Gentechnologie ausreichend Datenmaterial zur Verfügung beziehungsweise ist öffentlich einsehbar. Einschlägige Daten und darauf basierende Indikatoren liegen für diesen Themenband insbesondere zu den Problemfeldern *Akzeptanz*, *Forschungs- und Wissenschaftsstandort Deutschland*, *Stand der Kommerzialisierung* sowie *Realisierung wissenschaftlicher Zielsetzungen* vor. Da viele Problemfelder eng miteinander verzahnt sind, können jedoch einzelne Indikatoren zur Beschreibung mehrerer Problemfelder eingesetzt werden. So ist beispielsweise die Anzahl der Lebens- und Futtermittel zugelassener gentechnisch veränderter Pflanzen sowohl ein Gradmesser für die Akzeptanz als auch für den Stand der Kommerzialisierung. Abschließend ergibt sich in der Zusammenschau folgendes aktuelles Bild auf dem Gebiet der grünen Gentechnologie:

- ▶ Die Anzahl der Freisetzungsversuche und die der Freisetzungsorte sind in Deutschland im Berichtszeitraum seit einigen Jahren stetig gesunken (GG-03).
- ▶ Gv-Sorten hatten, solange der Anbau in Deutschland stattgefunden hat, einen nur sehr geringen Anteil an der landwirtschaftlichen Nutzfläche in Deutschland (zwischen 0,98 % und <0,1%)(GG-15). Eine anteilmäßige Veränderung der Anbauflächen einzelner Arten durch den Anbau gentechnisch veränderter Sorten findet daher nicht statt (GG-13 und GG-14). Der Flächenanteil des Ökolandbaus an der gesamten landwirtschaftlichen Nutzfläche in Deutschland ist im Berichtszeitraum leicht angestiegen und liegt nun bei circa 6 % (GG-16).
- ▶ Weltweit gesehen steigt der Umsatz gentechnisch veränderten Saatgutes im selben Zeitraum deutlich an (GG-04). Auch der Flächenanteil gentechnisch veränderter Pflanzen an der weltweit verfügbaren Anbaufläche ist angestiegen (GG-05). Ein Zuwachs ist sowohl bei Baumwolle, Mais, Raps als auch bei Soja zu verzeichnen.
- ▶ In der EU sind derzeit nur sehr wenige Traits für den Anbau zugelassen (GG-01).

- ▶ Die Zulassungen pro Unternehmen in Europa sind auf wenige Unternehmen konzentriert (GG-22).
- ▶ Die Anzahl der Patentanmeldungen unter deutscher Beteiligung ist nach unseren Recherchen leichten Schwankungen unterworfen, liegt aber in der Gesamtschau auf einem konstanten Niveau (GG-09). Dies gilt auch für die Anzahl der patentanmeldenden Unternehmen und öffentlichen Einrichtungen im Bereich grüner Gentechnologie (GG-10).
- ▶ Die Forschung auf dem Gebiet der grünen Gentechnologie wird auch weiterhin öffentlich gefördert (GG-06).
- ▶ Die Akzeptanz und Bewertung der grünen Gentechnologie kann auch weiterhin als eher negativ gesehen werden. Die Verbraucherinnen und Verbraucher stehen genetisch veränderten Lebensmitteln skeptisch gegenüber. In Umfragen befürwortet ein Großteil der Befragten in Deutschland das Anbau-Verbot für gentechnisch veränderten Mais. Auch eine Kennzeichnung gentechnisch veränderter Nahrungsmittel sowie die Kennzeichnung „ohne Gentechnik“ wird unterstützt (GG-17).
- ▶ Die Zahl der „gentechnikfreien“ Regionen ist im Berichtszeitraum nur leicht angestiegen (GG-18).

11. Anhang

11.1 Literatur

AGES (2008) = Österreichische Agentur für Gesundheit und Ernährungssicherheit: Klarstellung zu neuen Erkenntnissen zur Fütterung mit GVO-Mais. Bedarf an weiteren Studien besteht. Unter: www.ages.at/ages/presse/presse-archiv/2008/klarstellung-zu-neuen-erkenntnissen-zur-fuetterung-mit-gvo-mais [05.10.2012].

Agrarzeitung (2010a): EU-Kommission will GVO-Zulassung vereinfachen. 23.04.2010.

Agrarzeitung (2010b): GV-Mais soll vernichtet werden. 07.06.2010.

Agrarzeitung (2010c): Mecklenburg-Vorpommern setzt GVO-Flächen ins Internet. 27.05.2010.

Agrawal, G. K. et al. (2012): Boosting the globalization of plant proteomics through INPPO: current developments and future prospects. In: *Proteomics* 12(3):359–368.

Agrawal, G. K./Rakwal, R. (2011): Rice proteomics: A move toward expanded proteome coverage to comparative and functional proteomics uncovers the mysteries of rice and plant biology. In: *Proteomics* 11(9):1630–1649.

Agricultural Online (2006): Refuge reminders. 02.10.2006. Unter: www.agriculture.com/news/business/Refuge-reminders_5-ar247 [20.09.2010].

Agricultural Online (2010): Retain the refuge. 07.06.2010. Unter: www.agriculture.com/successful-farming/editors/Retain-the-refuge_120-ar2261 [20.09.2010].

Ahloowalia, B. S. et al. (2004): Global impact of mutation-derived varieties. In: *Euphytica* 135:187–204.

Ahmad, A. et al. (2009): Transformation of *Arabidopsis* with plant-derived DNA sequences necessary for selecting transformants and driving an objective gene. In: *Biosci Biotechnol Biochem* 73(4):936–938.

Akbudak, M. A./Srivastava, V. (2011): Improved FLP recombinase, FLPe, efficiently removes marker gene from transgene locus developed by Cre-lox mediated site-specific gene integration in rice. In: *Mol Biotechnol* 49(1):82–89.

- Alston, J. M. et al. (2002):** An ex ante Analysis of the benefits from the adoption of corn rootworm resistant transgenic corn technology. In: *Ag Bio Forum* 5:71–84.
- Altner, G. (1991):** Naturvergessenheit. Darmstadt.
- Andow, D./Hilbeck, A. (2004):** Science-based risk assessment for nontarget effects of transgenic crops. In: *BioScience* 54:637–649.
- Apel, W./Bock, R. (2009):** Enhancement of carotenoid biosynthesis in transplastomic tomatoes by induced lycopene-to-provitamin A conversion. In: *Plant Physiol* 151(1):59–66.
- Arabidopsis Interactome Consortium (2011):** Evidence for network evolution in an Arabidopsis interactome map. In: *Science* 333(6042):601–607.
- Aramyan, L. H. et al. (2009):** EU policy on GM soy. Tolerance threshold and asynchronous approval. LEI Wageningen UR, Report 2009-052. The Hague. Unter: www.lei.dlo.nl/publicaties/PDF/2009/2009-052.pdf [16.09.2010].
- aus der Au, C. (2008):** Was dem einen seine Natur, ist dem anderen die Manipulation. Über den Gebrauch des Begriffs der ‚Natur‘ in der Debatte über die Grüne Gentechnik. In: Busch, R. J./ Prütz, G. (Hrsg.): *Biotechnologie in gesellschaftlicher Deutung*. München:21–27.
- Banerjee, G. et al. (2010a):** Rapid optimization of enzyme mixtures for deconstruction of diverse pretreatment/biomass feedstock combinations. In: *Biotechnol Biofuels* 3:22.
- Banerjee, G. et al. (2010b):** Synthetic multi-component enzyme mixtures for deconstruction of lignocellulosic biomass. In: *Bioresour Technol* 101(23):9097–9105.
- Banerjee, A. (2011):** Food, feed, fuel: transforming the competition for grains. In: *Dev Change* 42(2):529–557.
- Banerjee, G. et al. (2012):** Scale-up and integration of alkaline hydrogen peroxide pretreatment, enzymatic hydrolysis, and ethanolic fermentation. In: *Biotechnol Bioeng* 109(4):922–931.
- Barampuram, S./Zhang, Z. J. (2011):** Recent advances in plant transformation. In: *Methods Mol Biol* 701:1–35.
- Barone, P. et al. (2009):** Tobacco plastid transformation using the feedback-insensitive anthranilate synthase [alpha]-subunit of tobacco (ASA2) as a new selectable marker. In: *J Exp Bot* 60(11):3195–3202.
- BASF(2010):** Cultivance®-Sojabohnen von BASF und Embrapa erhalten Anbau-Genehmigung in Brasilien. 22.02.2010. Unter: www.basf.com/group/pressemitteilungen/P-10-148 [20.09.2010].
- BDP (2010a) = Bundesverband Deutscher Pflanzenzüchter:** GVO-Spuren in Mais. Rechtssicherheit für Pflanzenzüchtung und Landwirtschaft nur durch Saatgutschwellenwerte möglich. 07.06.2010. Unter: www.bdp-online.de/de/Presse/Aktuelle_Mitteilungen_1/GVO_Spuren_in_Mais/BDP-PI-2010-06-07_GVO-Spuren_in_Mais__Rechtssicherheit_fuer_PZ.pdf [20.09.2010].

- BDP (2010b):** Forderungen des Deutschen Bauernverbandes nach Grenzwerten für Saatgut. 02.07.2010. Unter: www.bdp-online.de/de/Presse/Aktuelle_Mitteilungen_1/Forderungen_des_DBV_nach_Grenzwerten_fuer_Saatgut/BDP-PI-2010-07-02_Forderungen_des_DBV_nach_Grenzwerten_fuer_Saatgut.pdf [20.09.2010].
- Bellin, D. et al. (2009):** Combining next-generation pyrosequencing with microarray for large scale expression analysis in non-model species. In: *BMC Genomics* 10:555.
- Ben Saad, R. et al. (2010):** Improved drought and salt stress tolerance in transgenic tobacco overexpressing a novel A20/AN1 zinc-finger „ALSAP“ gene isolated from the halophyte grass *Aeluropus litoralis*. In: *Plant Mol Biol* 72(1-2):171–190.
- Ben Saad, R. et al. (2012):** Expression of the *Aeluropus litoralis* ALSAP gene in rice confers broad tolerance to abiotic stresses through maintenance of photosynthesis. In: *Plant Cell Environ* 35(3):626–643.
- Benbrook, C. M. (2003):** Impacts of genetically engineered crops on pesticide use in the United States. The first nine years. In: *BioTech InfoNet*, Technical Paper Number 6.
- Benbrook, C.M. (2012):** Impacts of genetically engineered crops on pesticide use in the U.S. The first sixteen years. In: *Environmental Sciences Europe* 24:24. Unter: www.enveurope.com/content/24/1/24/abstract [08.10.2012].
- Benett, D. (2005):** Plant bugs increasing nuisance in cotton. In: *Delta Farm Press*, Online-Publikation 24.02.2005. Unter: www.grain.org/btcotton/?id=283 [20.09.2010].
- Bengough, A. G. et al. (2011):** Root elongation, water stress, and mechanical impedance: a review of limiting stresses and beneficial root tip traits. In: *J Exp Bot* 62(1):59–68.
- Beusmann, V. (2002):** Agrarpolitische Rahmenbedingungen und landwirtschaftliche Leitbilder. In: Hohlfeld, R. (Hrsg.): *Leitbilder und Wege von Pflanzenzucht und Landbau in der modernen Industriegesellschaft*. Berlin:81–98.
- Beyer, P. (2010):** Golden Rice and „Golden“ crops for human nutrition. In: *N Biotechnol* 27(5):478–481.
- BfN (2008) = Bundesamt für Naturschutz:** Welternährung, Biodiversität und Gentechnik. Unter: www.bfn.de/fileadmin/MDB/documents/themen/agrogentechnik/PositionspapierWelternaehrungGT.pdf [16.09.2010].
- BfR (2012) = Bundesinstitut für Risikobewertung:** Veröffentlichung von Seralini et al. zu einer Fütterungsstudie an Ratten mit gentechnisch verändertem Mais NK 603 sowie einer glyphosathaltigen Formulierung. Stellungnahme Nr. 037/2012 des BfR vom 28.09.2012.
- Bioland (2010):** Behörden riskieren unkontrollierte Ausbreitung von Gen-Mais in mehreren Bundesländern. Niedersachsen verschleppt Klärung um genmanipuliertes Mais-Saatgut. Presseerklärung Bioland Bundesverband. 21.05.2010. Unter: www.presseportal.de/pm/58356/1617942/bioland_e_v [20.09.2010].

Bioland Magazin, 6/2009: Schlamperei bei GVO. Unter: www.bioland.de/fileadmin/bioland/file/aktuelles/gentechnik/Schlamperei_mit_GVO_2009_06.pdf [20.09.2010].

BioÖkonomieRat (2009): Kompetenzen bündeln, Rahmenbedingungen verbessern, internationale Partnerschaften eingehen. Erste Empfehlungen zum Forschungsfeld Bioökonomie in Deutschland. Unter: www.biooekonomierat.de/tl_files/downloads/presse/BOER-Empfehlungen2009_Druckversion.pdf [16.09.2010].

Biosicherheit (2003): Weniger Unkräuter, weniger Schmetterlinge. 21.10.2003. Unter: www.biosicherheit.de/archiv/196.unkraut-schmetterlinge.html [16.09.2010].

Biosicherheit (2010a): Koexistenz in den EU-Ländern. Ein europäischer Flickenteppich. 22.02.2010. Unter: www.biosicherheit.de/koexistenz/449.europaescher-flickenteppich.html [17.09.2010].

Biosicherheit (2010b): Neue Koexistenz-Leitlinien in der EU: Auch Anbauverbote sind nun erlaubt. 27.07.2010. Unter: www.biosicherheit.de/koexistenz/1205.koexistenz-leitlinien-anbauverbote-erlaubt.html [18.09.2010].

Biosicherheit (2010c): Resistente Schädlinge in Indien nachgewiesen. 16.03.2010. Unter: www.biosicherheit.de/aktuell/1144.resistente-schaedlinge-indien-nachgewiesen.html [20.09.2010].

Blair, M. W. et al. (2011): Construction and EST sequencing of full-length, drought stress cDNA libraries for common beans (*Phaseolus vulgaris* L.). In: *BMC Plant Biol* 11:171.

Blomstedt, C. K. et al. (2012): A combined biochemical screen and TILLING approach identifies mutations in *Sorghum bicolor* L. Moench resulting in acyanogenic forage production. In: *Plant Biotechnol* 10(1):54–66.

BMBF (1998) = Bundesministerium für Bildung und Forschung: Leitprojektinitiative des Bundesministeriums für Bildung und Forschung. Unter: vvgvg.org/pdf/allgemein-dlg.pdf [16.09.2010].

BMELV (2009) = Bundesministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz: Roadmap Biokraftstoffe. Daten und Fakten. Unter: www.bio-pro.de/magazin/thema/00167/index.html?artikelid=%2Fartikel%2F01749%2Findex.html&lang=de&download=NHZLpZeg7t [16.09.2010].

Bock, A. et al. (2002): Scenarios for co-existence of genetically modified, conventional and organic crops in European agriculture. IPTS Technical Report EUR20394EN.

Böhn, T. et al. (2008): Reduced fitness of *Daphnia magna* fed a Bt-transgenic maize variety. In: *Arch Environ Contam Toxicol* 55:584–592.

Bonnet, E. et al. (2010): TAPIR, a web server for the prediction of plant microRNA targets, including target mimics. In: *Bioinformatics* 26(12):1566–1568.

Bonny, S. (2008): Genetically modified glyphosate-tolerant soybean in the USA. Adoption factors, impacts and prospects. A review. In: *Agron Sustain Dev* 28:21–32.

Börnke, F./Broer, I. (2010): Tailoring plant metabolism for the production of novel polymers and platform chemicals. In: *Curr Opin Plant Biol* 13(3):354–362.

- Bose, S. et al. (2010):** Enzyme-catalyzed hydrolysis of cellulose in ionic liquids: a green approach toward the production of biofuels. In: *J Phys Chem B* 114(24):8221–8227.
- Bose, S. et al. (2012):** Enhanced stability and activity of cellulase in an ionic liquid and the effect of pre-treatment on cellulose hydrolysis. In: *Biotechnol Bioeng* 109(2):434–443.
- Boysen, M. (2007):** *Health Foods aus gentechnisch veränderten Pflanzen*. Berlin.
- Boysen, M./Kölsch, M. (2006):** Methodischer Ansatz für eine systematische Beschreibung der Stammzellforschung. In: Wink, R. (Hrsg.): *Deutsche Stammzellpolitik im Zeitalter der Transnationalisierung*. Baden-Baden:87–100.
- Brandt, P. (2004):** *Transgene Pflanzen. Herstellung, Anwendung, Risiken und Richtlinien*. Basel.
- Bräutigam, A./Gowik, U. (2010):** What can next generation sequencing do for you? Next generation sequencing as a valuable tool in plant research. In: *Plant Biol* 12(6):831–841.
- Breyer, D. et al. (2009):** Genetic modification through oligonucleotide-mediated mutagenesis. A GMO regulatory challenge? In: *Environ Biosafety Res* 8(2):57–64.
- Brigulla, M./Wackernagel, W. (2010):** Molecular aspects of gene transfer and foreign DNA acquisition in prokaryotes with regard to safety issues. In: *Appl Microbiol Biotechnol* 86(4):1027–1041.
- Brookes, G. (2002):** The farm level impact of using Bt maize in Spain. Unter: www.transgen.de/pdf/dokumente/brookes_spain_2002.pdf [20.09.2010].
- Brookes, G. (2009):** Impact of genetically engineered crops on pesticide use. US Organic Center report evaluation by PG Economics. PG Economics Ltd, UK. Unter: www.pgeconomics.co.uk/pdf/OCreport-critiqueNov2009.pdf [16.09.2010].
- Brookes, G. et al. (2005):** The global Gm market. Implications for the European food chain. PG Economics Ltd, UK. Unter: www.pgeconomics.co.uk/pdf/Global_GM_Market.pdf [20.09.2010].
- Brookes, G./Barfoot, P. (2009):** GM crops. Global socio-economic and environmental impacts 1996–2007. PG Economics Ltd, UK. Unter: www.pgeconomics.co.uk/pdf/2009globalimpactstudy.pdf [16.09.2010].
- Brookes, G./Barfoot, P. (2010):** GM crops. Global socio-economic and environmental impacts 1996–2008. PG Economics Ltd, UK. Unter: www.pgeconomics.co.uk/pdf/2010-global-gm-crop-impact-study-final-April-2010.pdf [16.09.2010].
- Brookes, G./Barfoot, P. (2012):** GM crops Global socio-economic and environmental impacts 1996–2010. PG Economics Ltd, UK.
- BUND (2004) = Bund für Umwelt und Naturschutz Deutschland:** Informationen für Bäuerinnen und Bauern zum Einsatz der Gentechnik in der Landwirtschaft. Unter: http://db.zs-intern.de/uploads/1163685130-061116_bund_Gentechnikinfo_%20Bauern.pdf [16.09.2010].

Bundesrat (2010): Beschluss des Bundesrates. Vorschlag für eine Verordnung des Europäischen Parlaments und des Rates zur Änderung der Richtlinie 2001/18/EG betreffend die den Mitgliedstaaten eingeräumte Möglichkeit, den Anbau von GVO auf ihrem Hoheitsgebiet zu beschränken oder zu untersagen; Drucksache 440/10, 29.09.2010.

Bush, S. M./Krysan, P. J. (2010): iTILLING: a personalized approach to the identification of induced mutations in Arabidopsis. In: *Plant Physiol* 154(1):25–35.

Bütschi, D. et al. (2009): Genetically modified plants and foods. Challenges and future issues in Europe. Unter: www.itas.fzk.de/deu/lit/2009/buaa09a.pdf [16.09.2010].

BVL (2009) = Bundesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit.: Stellungnahme der ZKBS zur Risikobewertung von MON 810 – Neue Studien zur Umweltwirkung von MON 810. Unter: www.bvl.bund.de/SharedDocs/Downloads/06_Gentechnik/ZKBS/01_Allgemeine_Stellungnahmen_deutsch/04_Pflanzen/MON810_Neubewertung_2009.pdf?__blob=publicationFile&v=3 [16.10.2012].

BVL (2010): Die Grüne Gentechnik. Ein Überblick. Unter: www.bvl.bund.de/cln_007/nn_491798/DE/08_PresseInfothek/03_Informationsmaterial/01_BVL_Broschueren/BVL_gentechnik,templateId=raw,property=publicationFile.pdf/BVL_gentechnik.pdf [20.09.2010].

BVL (2012) = Bundesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit: BVL prüft Rattenfütterungsstudie mit gentechnisch verändertem Mais und glyphosathaltigen Pflanzenschutzmitteln (Seralini et al., 2012). Fachmeldung vom 05.10.2012.

Byrt, C. S. et al. (2011): C4 plants as biofuel feedstocks: optimising biomass production and feedstock quality from a lignocellulosic perspective. In: *J Integr Plant Biol* 53 (2):120–135.

Cabrera-Bosquet, L. et al. (2012): High-throughput phenotyping and genomic selection: The frontiers of crop breeding converge. In: *J Integr Plant Biol.*, Online-Publikation 23.03.2012. Unter: www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/22420640 [23.03.2012].

Campbell P. M. et al. (2011): Comparison of the α -Amylase Inhibitor-1 from common bean (*Phaseolus vulgaris*) varieties and transgenic expression in other legumes – post-translational modifications and immunogenicity. In: *J Agric Food Chem* 59(11):6047–6054.

Carpenter, J. (2010): Peer-reviewed surveys indicate positive impact of commercialized GM crops. In: *Nat Biotechnol* 29:319–321.

Carpenter, J. E. (2011): Impacts of GM crops on biodiversity. In: *GM Crops* 2:1-17.

Carreno-Quintero, N. et al. (2012): Untargeted metabolic quantitative trait loci analyses reveal a relationship between primary metabolism and potato tuber quality. In: *Plant Physiol* 158(3):1306–1318.

Caspi, R. et al. (2012): The MetaCyc database of metabolic pathways and enzymes and the BioCyc collection of pathway/genome databases. In: *Nucleic Acids Res* 40(D1):D742–D753.

- Chandel, A. K./Singh, O. V. (2011): Weedy lignocellulosic feedstock and microbial metabolic engineering: advancing the generation of „Biofuel“. In: *Appl Microbiol Biotechnol* 89(5):1289–1303.
- Chen, D. et al. (2010): MicroRNA as a new player in the cell cycle. In: *J Cell Physiol* 225(2):296–301.
- Chen, I.-C. et al. (2010): Lysine racemase: a novel non-antibiotic selectable marker for plant transformation. In: *Plant Mol Biol* 72(1-2):153–169.
- Chen, S. et al. (2011): An introduction to the medicinal plant genome project. In: *Front Med* 5(2):178–184.
- Chen, X. (2009): Small RNAs and their roles in plant development. In: *Annu Rev Cell Dev Biol* 25:21–44.
- Choi, H./Pavelka, N. (2011): When one and one gives more than two: challenges and opportunities of integrative omics. In: *Front Genet* 2:105.
- Clark, R. T. et al. (2011): Three-dimensional root phenotyping with a novel imaging and software platform. In: *Plant Physiol* 156(2):455–465.
- Cooper, J. L. et al. (2008): TILLING to detect induced mutations in soybean. In: *BMC Plant Biol* 8:9.
- Czanrnak-Klos, M./Rodriguez-Cerezo, E. (2010): Best Practice Documents for coexistence of genetically modified crops with conventional and organic farming; 1. Maize crop production; European Coexistence Bureau (ECoB).
- D’Agostino, N. et al. (2009): SolEST database: a „one-stop shop“ approach to the study of Solanaceae transcriptomes. In: *BMC Plant Biol* 9:142.
- D’Aoust, M.-A. et al. (2010): The production of hemagglutinin-based virus-like particles in plants: a rapid, efficient and safe response to pandemic influenza. In: *Plant Biotechnol* 8(5):607–619.
- Dale, P.J. et al. (2002): Potential for the environmental impact of transgenic crops. In: *Nat Biotechnol* 20:567–574.
- Dalli, J. (2010): GMOs and GMO-free agriculture. Where do we stand? 6th european conference of gmo-free regions Brussels, 16th September 2010. Unter: <http://europa.eu/rapid/pressReleasesAction.do?reference=SPEECH/10/443&format=HTML&aged=0&language=EN&guiLanguage=en> [18.09.2010].
- Day, A./Goldschmidt-Clermont, M. (2011): The chloroplast transformation toolbox: selectable markers and marker removal. In: *Plant Biotechnol* 9(5):540–553.
- DBV(2010) = Deutscher Bauernverband: Bundesverfassungsgericht bestätigt Regelungen des Gentechnikgesetzes. 25.11.2010. Unter: www.bauernverband.de/bundesverfassungsgericht-bestaetigt-regelungen-gentechnikgesetzes [08.10.2012].
- de Vendômois, J. S. et al. (2009): A comparison of the effects of three GM corn varieties on mammalian health. In: *Int J Biol Sci* 5:706–726.

- Degenhardt, H. et al. (2003):** Bt-Mais in Deutschland. Erfahrungen mit dem Praxisanbau von 1998–2002. In: MAIS – Die Fachzeitschrift für den Maisbauer, Sonderdruck 2/2003:1–4.
- Deikman, J. et al. (2012):** Drought tolerance through biotechnology: improving translation from the laboratory to farmers' fields. In: *Curr Opin Biotechnol* 23(2):243–250.
- Demont, M./Tollens, E. (2004):** First impact of biotechnology in the EU. Bt maize adoption in Spain. In: *Ann Appl Biol* 145:197–207.
- Devos, Y. et al. (2008):** Coexistence in the EU-return of the moratorium on GM crops? In: *Nat Biotechnol* 26:1223–1225.
- DG Agri (2000) = Directorate-General for Agriculture:** Economic impacts of genetically modified crops on the agri-food sector. A synthesis. Unter: ec.europa.eu/agriculture/publi/gmo/gmo.pdf [09.09.2010].
- Dhar, M. K. et al. (2011):** Towards the development of better crops by genetic transformation using engineered plant chromosomes. In: *Plant Cell Rep* 30(5):799–806.
- DIB (2006) = Deutsche Industrievereinigung Biotechnologie:** Die Folgegenerationen gentechnisch veränderter Pflanzen. Neue Optionen für Wertschöpfung und Innovation. BIOTECH BRIEF 02/2006 Spezial. Unter: www.dib.org/showPDF/showPDF.asp?p=110&docnr=118481&type=xml [20.01.2012].
- Die Zeit (2010):** Genmais in Niedersachsen: Suche nach dem bösen Korn. 08.06.2010. Unter: www.zeit.de/wissen/umwelt/2010-06/genmais-niedersachsen [20.09.2010].
- Diretto, G. et al. (2010):** Transcriptional-metabolic networks in beta-carotene-enriched potato tubers: the long and winding road to the Golden phenotype. In: *Plant Physiol* 154(2):899–912.
- Dobson, G. et al. (2010):** A metabolomics study of cultivated potato (*Solanum tuberosum*) groups Andigena, Phureja, Stenotomum, and tuberosum using gas chromatography-mass spectrometry. In: *J Agric Food Chem* 58(2):1214–1223.
- Dohm, J. C. et al. (2012):** Palaeohexaploid ancestry for Caryophyllales inferred from extensive gene-based physical and genetic mapping of the sugar beet genome (*Beta vulgaris*). In: *Plant J* 70(3):528–540.
- Domasch, S./Boysen, M. (2007):** Problemfelder im Spannungsfeld der Gendiagnostik. In: Schmidtke, J. et al. (Hrsg.): *Gendiagnostik in Deutschland. Status quo und Problemerkundung*. Limburg:179–187.
- Dong, C. et al. (2009):** Simultaneous mutation detection of three homoeologous genes in wheat by High Resolution Melting analysis and Mutation Surveyor. In: *BMC Plant Biol* 9:143.
- Dorhout, D. L./Rice, M. E. (2010):** Intraguild Competition and Enhanced Survival of Western Bean Cutworm (Lepidoptera: Noctuidae) on Transgenic Cry1Ab (MON 810) *Bacillus thuringiensis* Corn. In: *J Econ Entomol* 103(1):54–62.
- Druka, A. et al. (2008):** Towards systems genetic analyses in barley: Integration of phenotypic, expression and genotype data into GeneNetwork. In: *BMC Genet* 9:73.

- Duan, J. et al. (2008): A meta-analysis of effects of Bt crops on honey bees (Hymenoptera: Apidae). In: PLoS ONE 3(1):e1415.
- Duke, S. O./Powles, S. B. (2009): Glyphosate-resistant crops and weeds: now and in the future. In: AgBioForum 12:346–357.
- DVT (2010) = **Deutscher Verband Tiernahrung**: Grain Club fordert „technische Lösung“ für Lebens- und Futtermittel. Pressemitteilung. 01.02.2010. Unter: [http://dvtiernahrung.de/30.html?&tx_ttnews\[tt_news\]=1119&cHash=5f4e3a3403](http://dvtiernahrung.de/30.html?&tx_ttnews[tt_news]=1119&cHash=5f4e3a3403) [20.09.2010].
- EFSA (2006) = **European Food Safety Authority**: Guidance document of the scientific panel on genetically modified organisms for the risk assessment of genetically modified plants and derived foods and feed. In: The EFSA Journal 99:1–100.
- EFSA (2007): Statement of the scientific panel on genetically modified organisms on the analysis of data from a 90-day rat feeding study with MON 863 maize. Adopted on 25.06.2007. Unter: www.efsa.europa.eu/EFSA/Statement/GMO_statement_MON863.pdf [16.09.2010].
- EFSA (2008): Guidance document for the risk assessment of genetically modified plants and derived food and feed by the Scientific Panel on Genetically Modified Organisms (GMO) - including draft document updated in 2008. Unter: www.efsa.europa.eu/de/efsajournal/pub/99.htm [25.10.2012].
- EFSA (2009a): Scientific Opinion of the Panel on Genetically Modified Organisms on applications (EFSA-GMORX-MON 810). In: The EFSA Journal 1149:184.
- EFSA (2009b): Scientific Opinion of the Panel on Genetically Modified Organisms (Questions No EFSA-Q-2005-249, No EFSA-Q-2008-075). In: The EFSA Journal 1137:1–50.
- EFSA (2010): GMO Panel deliberations on the paper by de Vendômois, J. S. et al. In: Minutes of the 55th plenary meeting of the scientific panel on genetically modified organisms: 8. Unter: www.efsa.europa.eu/en/events/event/gmo100127-m.pdf [20.09.2010].
- EFSA (2012a): Review of the Séralini et al. (2012) publication on a 2-year rodent feeding study with glyphosate formulations and GM maize NK 603 as published online on 19 September 2012 in Food and Chemical Toxicology. In: EFSA Journal 10(10):2910.
- EFSA (2012b): Scientific Opinion on a request from the European Commission related to the emergency measure notified by France on genetically modified maize MON 810 according to Article 34 of Regulation (EC) No 1829/2003. In: EFSA Journal 10(5):2705 [21 pp.].
- Egan, A. N. et al. (2012): Applications of next-generation sequencing in plant biology. In: Am J Bot 99(2):175–185.
- EGGenTDurchfG (2004): Gesetz zur Durchführung der Verordnungen der Europäischen Gemeinschaft oder der Europäischen Union auf dem Gebiet der Gentechnik und über die Kennzeichnung ohne Anwendung gentechnischer Verfahren hergestellter Lebensmittel (EG-Gentechnik-Durchführungsgesetz).

- Eisner, M. (1998): Gentechnologie und gesellschaftliche Moral. In: *Bio World* 1998(1):28–31.
- EKAH (2008) = Eidgenössische Ethikkommission für die Biotechnologie im Außerhumanbereich: Die Würde der Kreatur bei Pflanzen. Die moralische Berücksichtigung von Pflanzen um ihrer selbst willen. Bern.
- Elkins, J. G. et al. (2010): Engineered microbial systems for enhanced conversion of lignocellulosic biomass. In: *Curr Opin Biotechnol* 21(5):657–662.
- Elmegaard, N./Pedersen, M.B. (2001): Flora and Fauna in Roundup Tolerant Fodder Beet Fields. NERI Technical Report, No. 349.
- ENS2009) = Environmental News Service: EU environment ministers keep bans on transgenic maize. 02.03.2009. Unter: www.ens-newswire.com/ens/mar2009/2009-03-02-01.html. [18.09.2010].
- Erdei, B. et al. (2012): Separate hydrolysis and co-fermentation for improved xylose utilization in integrated ethanol production from wheat meal and wheat straw. In: *Biotechnol Biofuels* 5(1):12.
- Ermakova, I. 2009: Genetically modified organisms and biological risks. In: Proceedings of the international disaster reduction conference, Davos 2006. Unter: www.ask-force.org/web/Ermakova/Ermakova-Proceedings-Davos-2006.pdf [21.01.2012].
- EU (2001a) = Europäische Union: Opinion of the Scientific Committee on Plants concerning the adventitious presence of GM seeds in conventional seeds. Scientific Committee on Plants. 13.03.2001. Unter: http://ec.europa.eu/food/fs/sc/scp/out93_gmo_en.pdf [16.09.2010].
- EU (2001b): Richtlinie 2001/18/EG des Europäischen Parlaments und des Rates vom 12. März 2001 über die absichtliche Freisetzung genetisch veränderter Organismen in die Umwelt und zur Aufhebung der Richtlinie 90/220/EWG des Rates. Unter: http://europa.eu.int/eur-lex/pri/de/oj/dat/2001/l_106/l_10620010417de00010038.pdf [20.01.2012]
- EU (2002) Richtlinie 2002/53/EG des Rates vom 13. Juni 2002 über einen gemeinsamen Sortenkatalog für landwirtschaftliche Pflanzenarten. Unter: <http://eur-lex.europa.eu/LexUriServ/LexUriServ.do?uri=OJ:L:2002:193:0001:0011:DE:PDF> [17.09.2010].
- EU (2003a): Verordnung (EG) Nr. 1829/2003 über genetisch veränderte Lebensmittel und Futtermittel. Unter: www.bfr.bund.de/cm/208/verordnung_eg_1829_ueber_genetisch_veraenderte_lebensmittel_und_futtermittel.pdf [16.09.2010].
- EU (2003b): Verordnung (EG) Nr. 1830/2003 über die Rückverfolgbarkeit und Kennzeichnung von genetisch veränderten Organismen. Unter: www.bfr.bund.de/cm/208/verordnung_eg_1830_2003_ueber_die_rueckverfolgbarkeit_und_kennzeichnung_von_genetisch_veraenderten_organismen.pdf [16.09.2010].
- EU (2003c): Empfehlung 2003/556 (EG) der Kommission vom 23.07.2003 mit Leitlinien für die Erarbeitung einzelstaatlicher Strategien und geeigneter Verfahren für die Koexistenz gentechnisch veränderter, konventioneller und ökologischer Kulturen. ABl L 189. 29.07.2003.

EU (2003d): Richtlinie 2003/61/EG des Rates vom 18.06.2003. Unter: <http://eur-lex.europa.eu/LexUriServ/LexUriServ.do?uri=OJ:L:2003:165:0023:0028:DE:PDF> [20.09.2010].

EU (2004): Richtlinie 2004/35/EG des Europäischen Parlaments und Rates über Umwelthaftung zur Vermeidung und Sanierung von Umweltschäden. ABl L 143. 21.04.2004. Unter: <http://eur-lex.europa.eu/LexUriServ/LexUriServ.do?uri=OJ:L:2004:143:0056:0075:DE:PDF> [16.09.2010].

EU (2006): Bericht der Kommission an den Rat und das Europäische Parlament über die Durchführung der Verordnung (EG) Nr. 1829/2003. Unter: http://eurlex.europa.eu/smartapi/cgi/sga_doc?smartapi!celexplus!prod!DocNumber&type_doc=COMfinal&an_doc=2006&nu_doc=0197&lg=de [16.09.2010].

EU (2008): Special Eurobarometer 68.2. Attitudes of European citizens toward the environment. A report to the Directorate General Environment. Unter: http://ec.europa.eu/public_opinion/archives/ebs/ebs_295_en.pdf [20.09.2010].

EU (2008a): Council Conclusions on Genetically Modified Organisms (GMOs). Unter: www.consilium.europa.eu/ueDocs/cms_Data/docs/pressData/en/envir/104509.pdf [16.09.2010].

EU (2008b): Vorschlag für eine Richtlinie des europäischen Parlaments und des Rates zur Förderung der Nutzung von Energie aus erneuerbaren Quellen. 2008/0016 (COD). Unter: eur-lex.europa.eu/LexUriServ/LexUriServ.do?uri=COM:2008:0019:FIN:DE:PDF [16.09.2010].

EU (2008c): Summary record of the standing committee on the food chain and animal health. 16.12.2008. Unter: http://ec.europa.eu/food/committees/regulatory/scfcah/modif_genet/sum_16122008_en.pdf [20.09.2010].

EU (2009a): Report from the Commission to the Council and the European Parliament on the coexistence of genetically modified crops with conventional and organic farming {SEK(2009) 408}. Unter: <http://eur-lex.europa.eu/LexUriServ/LexUriServ.do?uri=COM:2009:0153:FIN:en:PDF> [17.09.2010].

EU (2009b): Evaluation of the EU legislative Framework in the Field of Cultivation of GMOs under Directive 2001/18/EC and Regulation(EC) No 1829/2003. 23. November 2009. Unter: http://ec.europa.eu/environment/archives/biotechnology/pdf/gmo_interim_report.pdf [20.09.2010].

EU (2009c): Summary record of the standing committee on the food chain and animal health. 19.09.2009. Unter: http://ec.europa.eu/food/committees/regulatory/scfcah/modif_genet/sum_19102009_en.pdf [20.09.2010].

EU (2010a): Commission Recommendation of 13 July 2010 on guidelines for the development of national co-existence measures to avoid the unintended presence of GMOs in conventional and organic crops (2010/C 200/01). Unter: http://ec.europa.eu/food/food/biotechnology/docs/new_recommendation_en.pdf [17.09.2010].

EU (2010b): GVO: Mitgliedstaaten sollen allein zuständig über den Anbau in ihrem Hoheitsgebiet entscheiden können. IP/10/921. Unter: <http://europa.eu/rapid/pressReleasesAction.do?reference=IP/10/921&format=HTML&aged=0&language=DE&guiLanguage=en> [17.09.2010].

EuGH (2011) = Europäischer Gerichtshof: Der Gerichtshof äußert sich zu den Voraussetzungen, unter denen die französischen Behörden den Anbau der Maissorte MON 810 vorübergehend verbieten durften (Pressemitteilung 08.09.2011).

EU-Kommission (2011): Questions and answers on the low level presence (LLP) of GMOs in feed imports. Unter: http://europa.eu/rapid/press-release_MEMO-11-451_en.htm?locale=en [20.01.2012].

EurActiv (2010a): EU GMO proposals draw widespread criticism. 14.07.2010. Unter: www.euractiv.com/en/cap/eu-countries-get-more-leeway-gmos-news-496263 [17.09.2010].

EurActiv (2010b): EU governments seen opposing GM crop proposals. 30.07.2010. Unter: www.euractiv.com/en/cap/eu-governments-seen-opposing-gm-crop-proposals-news-496823 [17.09.2010].

Ewen, S. W. B./Pusztai, A. (1999): Effect of diets containing genetically modified potatoes expressing *Galanthus nivalis* lectin on rat small intestine. In: *Lancet* 354:1353–1354.

Falck-Zepeda, J. B. et al. (2000a): Rent creation and distribution from Biotechnology Innovations. The case of Bt cotton and Herbicide-Tolerant soybean in 1997. In: *Agribusiness* 16:21–32.

Falck-Zepeda, J. B. et al. (2000b): Surplus distribution from the introduction of Biotechnology Innovation. In: *Am J Agr Econ* 82:360–369.

Fan, L. et al. (2006): Progressive inhibition by water deficit of cell wall extensibility and growth along the elongation zone of maize roots is related to increased lignin metabolism and progressive stelar accumulation of wall phenolics. In: *Plant Physiol* 140(2):603–612.

Farré, G. et al. (2011): Nutritious crops producing multiple carotenoids-a metabolic balancing act. In: *Trends Plant Sci* 16(10):532–540.

FAS (2009) = **Frankfurter Allgemeinen Sonntagszeitung**: Genmaisdebatte. Kleine Käfer, große Fragen. 19.04.2009. Unter: www.faz.net/s/Rub80665A3C1FA14FB9967DBF46652868E9/Doc~E5C0249F498584-43FADC2C9C8A73A0999~ATpl~Ecommon~Scontent.html [20.09.2010].

FAZ (2010) = **Frankfurter Allgemeine Zeitung**: Ministerin will Gentechnik zur Ländersache machen. 17.09.2010. Unter: www.faz.net/s/Rub0E9EEF84AC1E4A389A8DC6C23161FE44/Doc~EB07401DDB543-478099F35BDA96508873~ATpl~Ecommon~Scontent.html [20.09.2010].

FAZ (2010) = **Frankfurter Allgemeine Zeitung**: Teurer Weizen macht Brot nicht teurer. 07.08.2010.

Fehse, B./Domasch, S. (2011) (Hrsg.): Genterapie in Deutschland. Eine interdisziplinäre Bestandsaufnahme. Dornburg.

Fernandez-Conrejo, J. et al. (2005): Technology adoption and off-farm household income. The case of herbicide-tolerant soybeans. In: *J Agric Appl Econ* 37:549–563.

Firbank, L. et al. (2003): An introduction to the Farm-Scale Evaluations of genetically modified herbicide-tolerant crops. In: *J Appl Ecol* 40:2–16.

- Fu, D./Mazza, G. (2011): Aqueous ionic liquid pretreatment of straw. In: *Bioresour Technol* 102(13):7008–7011.
- Fujimura, Y. et al. (2011): Metabolomics-driven nutraceutical evaluation of diverse green tea cultivars. In: *PLoS ONE* 6(8):e23426.
- Fukushima, A. et al. (2009): Integrated omics approaches in plant systems biology. In: *Curr Opin Chem Biol* 13(5-6):532–538.
- Furbank, R. T./Tester, M. (2011): Phenomics-technologies to relieve the phenotyping bottleneck. In: *Trends Plant Sci* 16(12):635–644.
- Gaeta, R. T. et al. (2012): Synthetic Chromosome Platforms in Plants. In: *Annu Rev Plant Biol* 63(1):307–330.
- Gaeta, R. T./Krishnaswamy, L. (2011): Engineered plant minichromosomes. In: *Methods Mol Biol* 701:131–146.
- Gao, N. et al. (2010): DIGA--a database of improved gene annotation for phytopathogens. In: *BMC Genomics* 11:54.
- Gao, X. et al. (2011): AtMYB12 gene: a novel visible marker for wheat transformation. In: *Mol Biol Rep* 38(1):183–190.
- García-Cañas, V. et al. (2011): MS-based analytical methodologies to characterize genetically modified crops. In: *Mass Spectrom Rev* 30(3):396–416.
- Gaskell G. et al. (2003): Eurobarometer 58.0. Europeans and biotechnology in 2002. A report to the European Commission's Directorate-General for Research. Unter: http://ec.europa.eu/public_opinion/archives/ebs/ebs_177_en.pdf [20.09.2010].
- Gaskell, G. et al. (2006): Eurobarometer 64.3. Europeans and biotechnology in 2005. Patterns and trends. A report to the European Commission's Directorate-General for Research. Unter: http://ec.europa.eu/public_opinion/archives/ebs/ebs_244b_en.pdf [20.09.2010].
- Gaskell, G. et al. (2010): Europeans and biotechnology in 2010. Winds of Change? Unter: http://ec.europa.eu/public_opinion/archives/ebs/ebs_341_winds_en.pdf [14.02.2011].
- Gassmann, A. J. et al. (2011): Field-evolved Resistance to Bt maize by western corn rootworm. *PLoS ONE* 6(7). Unter: www.plosone.org/article/info%3Adoi%2F10.1371%2Fjournal.pone.0022629 [08.10.2012].
- Gatehouse, A. M. R. et al. (2011): Insect-resistant biotech crops and their impacts on beneficial arthropods. In: *Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci* 366(1569):1438–1452.
- Gath, M. (1998): Der Einfluß der Kennzeichnung auf die Verbraucherakzeptanz gentechnisch veränderter Lebensmittel. Arbeitsberichte des Lehrstuhls für Agrarmarketing am Institut für Agrarökonomie, Nr.11, Christian-Albrechts-Universität Kiel.

GenTG (2008) = **Gentechnikgesetz**. Zuletzt geändert durch Artikel 1, BGBl I:499. 01.04.2008. Unter: www.buzer.de/gesetz/4911/b13292.htm [16.09.2010].

GenTPfLEV (2008) = **Verordnung über die gute fachliche Praxis bei der Erzeugung gentechnisch veränderter Pflanzen** vom 07.04.2008. Unter: <http://bundesrecht.juris.de/bundesrecht/gentpflev/gesamt.pdf> [16.09.2010].

Glatzer, W. (2002): Indikatoren, soziale. In: Endruweit, G. /Trommsdorff, G. (Hrsg.): Wörterbuch der Soziologie. Stuttgart:225–227.

Gómez-Barbero, M. et al. (2008): Bt corn in Spain. The performance of the EU's first GM crop. In: *Nat Biotechnol* 26:384–386.

Gómez-Barbero, M./Rodríguez-Cerezo, E. (2006): Economic Impact of Dominant GM Crops Worldwide. A Review. Institute for Prospective Technological Studies (IPTS). Unter: <http://ftp.jrc.es/EURdoc/eur22547en.pdf> [01.10.2012].

Gottwald, S. et al. (2009): TILLING in the two-rowed barley cultivar „Barke“ reveals preferred sites of functional diversity in the gene HvHox1. In: *BMC Res Notes* 2:258.

Government of India, Ministry of Agriculture, Department of Agriculture and Cooperation, Directorate of Economics and Statistics (2009): Agricultural statistics at a glance 2009. Unter: http://dacnet.nic.in/eands/latest_2006.htm [09.09.2010].

Grabber, J. H. et al. (2010): Identifying new lignin bioengineering targets: 1. Monolignol-substitute impacts on lignin formation and cell wall fermentability. In: *BMC Plant Biol* 10:114.

Grant, D. et al. (2010): SoyBase, the USDA-ARS soybean genetics and genomics database. In: *Nucleic Acids Res* 38:D843–846.

Greenpeace (2009): Recherchen belegen gentechnische Verunreinigungen von Maissaatgut. Greenpeace und Bioland fordern absolute Reinheit von Saatgut. 09.09.2009. Unter: www.greenpeace.de/themen/gentechnik/presseerklarungen/artikel/recherchen_belegen_gentechnische_verunreinigungen_von_maissaatgut [20.09.2010].

Grobbelaar, J. U. (2010): Microalgal biomass production: challenges and realities. In: *Photosynth Res* 106(1-2):135–144.

Gruère, G. P. et al. (2008): Bt cotton and farmer suicides in india. Reviewing the evidence. International Food Policy Research Institute. Unter: www.ifpri.org/publication/bt-cotton-and-farmer-suicides-india [09.09.2010].

Grunwald, A. (2005): Zur Rolle von Akzeptanz und Akzeptabilität von Technik bei der Bewältigung von Technikkonflikten. In: *Technikfolgenabschätzung – Theorie und Praxis* 3(14):54–60.

Hames, B. R. (2009): Biomass compositional analysis for energy applications. In: *Methods Mol Biol* 581:145–167.

- Hampel, J./Pfenning, U. (2001):** Einstellungen zur Gentechnik. In: Hampel, J./Renn, O. (Hrsg.): *Gentechnik in der Öffentlichkeit: Wahrnehmung und Bewertung einer umstrittenen Technologie*. Frankfurt a. M./New York:28–55.
- Hampel, J./Renn, O. (1998):** Kurzfassung der Ergebnisse des Projekts Chancen und Risiken der Gentechnik aus Sicht der Öffentlichkeit. Akademie für Technikfolgenabschätzung Baden-Württemberg. Stuttgart.
- Han, K. M. et al. (2011):** Gibberellin-associated cisgenes modify growth, stature and wood properties in *Populus*. In: *Plant Biotechnol* 9(2):162–178.
- Hanf, C. H./Böcker, A. (2002):** Is European Consumers' Refusal of GM Food a Serious Obstacle or an Transient Fashion? In: *Market Development for Genetically Modified Foods*. CAB Publishing, CAB International. Wallingford, UK:49–54.
- Harfouche, A. et al. (2010):** Protecting innovation: genomics-based intellectual property for the development of feedstock for second-generation biofuels. In: *Recent Pat DNA Gene Seq* 4(2):94–105.
- Harfouche, A. et al. (2011):** Tree genetic engineering and applications to sustainable forestry and biomass production. In: *Trends Biotechnol* 29(1):9–17.
- Hartmann, P. (2002):** Indikator. In: Endruweit, G. /Trommsdorff, G. (Hrsg.): *Wörterbuch der Soziologie*. Stuttgart:223–224.
- Hauser, M.-T. et al. (2011):** Transgenerational epigenetic inheritance in plants. In: *Biochem Biophys Acta* 1809(8):459–468.
- He, Y. et al. (2011):** Large-scale production of functional human serum albumin from transgenic rice seeds. In: *Proc Natl Acad Sci USA* 108(47):19078–19083.
- Helmerich, T. et al. (2006):** Grüne Gentechnik als Arbeitsplatzmotor. *Genaueres Hinsehen lohnt sich*. Bund für Umwelt und Naturschutz Deutschland e. V. Berlin.
- Hendriksma, H. et al. (2012):** Effects of multiple Bt proteins and GNA lectin on in vitro-reared honey bee larvae. In: *Apidologie* 43(5):549–560.
- Hennen, L. (2002):** Umfrage zur Technikakzeptanz. *Technikakzeptanz und Kontroversen über Technik*. TAB-Brief Nr. 2. Unter: www.tab.fzk.de [20.09.2010].
- Herrera, S. (2006):** Bonkers about biofuels. In: *Nat Biotechnol* 24:755–760.
- Herrmann, R. et al. (2008):** Lebensmittelkennzeichnung „ohne Gentechnik“. *Verbraucherwahrnehmung und -verhalten*. Unter: www.gutes-aus-hessen.de/fileadmin/pdf/Abschlussbericht_ohne_Gentechnik.pdf [09.09.2010].
- Herrmann, R. et al. (2008):** Lebensmittelkennzeichnung „ohne Gentechnik“: *Verbraucherwahrnehmung und -verhalten*. Institut für Agrarpolitik und Marktforschung der Universität Giessen.

- Heslot, N. et al. (2012): Genomic selection in plant breeding: a comparison of models. In: *Crop Science* 52(1):146.
- Hicks, G. R./Raikhel, N. V. (2012): Small molecules present large opportunities in plant biology. In: *Annu Rev Plant Biol.* Unter: www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/22404475 [30.03.2012].
- Hofmann, F. (2007): Kurzgutachten zur Abschätzung der Maispollendeposition in Relation zur Entfernung von Maispollenquellen mittels technischem Pollensammler PMF. BfN, Bonn. Unter: www.bfn.de/fileadmin/MDB/documents/themen/agrogentechnik/07-05-31_Gutachten_Pollendeposition_end.pdf [20.09.2010].
- Hofmann, F. et al. (2009): Modellrechnung zur Ausbreitung von Maispollen unter Worst-Case-Annahmen mit Vergleich von Freilandmessdaten. BfN Bonn. Unter: www.bfn.de/fileadmin/MDB/documents/service/Hofmann_et_al_2009_Maispollen_WorstCase_Modell.pdf [20.09.2010].
- Holme, I. B. et al. (2012): Cisgenic barley with improved phytase activity. In: *Plant Biotechnol J* 10(2):237–247.
- Hou, C.-C. et al. (2010): Comparative metabolomics approach coupled with cell- and gene-based assays for species classification and anti-inflammatory bioactivity validation of Echinacea plants. In: *J Nutr Biochem* 21(11):1045–1059.
- Huang, F. et al. (2011): Success of the high-dose/refuge resistance management strategy after 15 years of Bt crop use in North America. In: *Entomol Exp Appl* 140:1–16.
- Hucho, F. et al. (2005): Gentechnologiebericht. Analyse einer Hochtechnologie in Deutschland. München. Unter: <http://edoc.bbaw.de/volltexte/2007/375/pdf/25Go1yDTnpsqk.pdf> [20.09.2010].
- International Herald Tribune (2006): Despair takes toll on Indian farmers. 31.05.2006.
- Irrgang, B. (2005): Ethik der Gen- und neuen Biotechnologie. In: Nida-Rümelin, J. (Hrsg.): *Angewandte Ethik. Die Bereichsethiken und ihre theoretische Fundierung. Ein Handbuch.* Stuttgart:648–689.
- ISAAA (2012): Global status of commercialized biotech/GM crops 2011. Unter: www.isaaa.org/resources/publications/briefs[18.02.2013].
- ISTAAD (2009) = International Assessment of Agricultural Science and Technology for Development: Broschüre zum Weltagrarbericht. Unter: www.weltagrarbericht.de [17.09.2010].
- Jagtap, U. B. et al. (2011): Role of RNA interference in plant improvement. In: *Die Naturwissenschaften* 98(6):473–492.
- James, C. (2005): Global status of commercialized biotech/GM crops. 2005. ISAAA Briefs 34-2005. Unter: www.isaaa.org/resources/publications/briefs [09.09.2010].
- James, C. (2009): Global status of commercialized biotech/GM crops: 2009. ISAAA Briefs 41-2005. Unter: www.isaaa.org/resources/publications/briefs [09.09.2010].

- James, C. (2011): Global status of commercialized biotech/GM crops: 2011. ISAAA Briefs 43-2011. Unter: www.isaaa.org/resources/publications/briefs [09.09.2010].
- Jannink, J.-L. et al. (2010): Genomic selection in plant breeding: from theory to practice. In: *Brief Funct Genomics* 9(2):166–177.
- Jany, K. D./Greiner, R. (1999): Gentechnik bei Lebensmitteln. In: *Ernährungs-Umschau* 46:B1–B4.
- Jasinski, J. et al. (2004): Beneficial arthropod survey in transgenic and non-transgenic fields in Ohio. Ohio State University Extension. Unter: http://ohioline.osu.edu/sc179/sc179_34.html [04.02.2011].
- Jefferson-Moore, K. Y./Traxler, G. (2005): Second-generation GMOs. Where from Here? In: *AgBioForum* (2&3):143–150.
- Jeong, D.-H. et al. (2011): Massive analysis of rice small RNAs: mechanistic implications of regulated microRNAs and variants for differential target RNA cleavage. In: *Plant Cell* 23(12):4185–4207.
- Jiang, Z. et al. (2011): AHD2.0: an update version of Arabidopsis Hormone Database for plant systematic studies. In: *Nucleic Acids Res* 39:D1123–1129.
- Joshi, S. G. et al. (2011): Functional analysis and expression profiling of HcrVf1 and HcrVf2 for development of scab resistant cisgenic and intragenic apples. In: *Plant Mol Biol* 75(6):579–591.
- Judd, J. D. et al. (2012): Design, modeling, and analysis of a feedstock logistics system. In: *Bioresour Technol* 103(1):209–218.
- Jung, C. (2005): Wozu brauchen wir in diesem Lande noch Züchtungsforschung. Online-Publikation. Unter: www.plantbreeding.uni-kiel.de [09.09.2010].
- Kaatz, H. H. (2007): Gentechnisch veränderter Mais. Gefahr für Bienen? In: *Deutsches Bienen-Journal* 4:14–16.
- Kalaitzandonakes, N. (2005): Technical and economic issues related to co-existence supply chains. In: Messéan, A. (Hrsg.): *Proceedings of the Second International Conference on Co-existence between GM and non-GM based agricultural supply chains*. 14–15 November Montpellier:29–30.
- Kaspar, S. et al. (2011): MALDI-imaging mass spectrometry – An emerging technique in plant biology. In: *Proteomics* 11(9):1840–1850.
- Katari, M. S. et al. (2010): VirtualPlant: a software platform to support systems biology research. In: *Plant Physiol* 152(2):500–515.
- Kathage, J./Qaim, M. (2012): Economic impacts and impact dynamics of Bt (*Bacillus thuringiensis*) cotton in India. In: *Proceedings of the National Academy of Sciences (PNAS)*.
- Kelly, L. J./Leitch, I. J. (2011): Exploring giant plant genomes with next-generation sequencing technology. In: *Chromosome Res* 19(7):939–953.

- Khan, R. S. et al. (2011):** Development of disease-resistant marker-free tomato by R/RS site-specific recombination. In: *Plant Cell Rep* 30(6):1041–1053.
- Kichey, Th. et al. (2009):** Improving nitrogen use efficiency in barley (*Hordeum vulgare* L.) through the cis-genic approach. Unter: <http://escholarship.org/uc/item/0xn9c24x> [13.02.2013].
- Kim, C. Y. et al. (2010):** The sweet potato IbMYB1 gene as a potential visible marker for sweet potato intragenic vector system. In: *Physiol Plant* 139(3):229–240.
- Kim, E. H. et al. (2009):** Chloroplast-targeted expression of synthetic cry1Ac in transgenic rice as an alternative strategy for increased pest protection. In: *Planta* 230(2):397–405.
- Kim, H. K. et al. (2011):** NMR-based plant metabolomics: where do we stand, where do we go? In: *Trends Biotechnol* 29(6):267–275.
- Kimbrell, A./Mendelsen, J. (2005):** Monsanto vs. U.S.Farmers. Center for Food Safety. Unter: www.centerforfoodsafety.org/Monsantovsusfarmersreport.cfm [16.09.2010].
- Knirsch, J. (2007):** WTO-Urteil: übertriebene Befürchtungen? In: *GID*, 194:54–75. Unter: www.genethisches-netzwerk.de/gid/184/knirsch/wto-urteil-uebertriebene-befuerchtungen [09.09.2010].
- Köchy, K. /Hümpel, A. (2012) (Hrsg.):** Synthetische Biologie. Entwicklung einer neuen Ingenieurbiologie. Dornburg.
- Kockelkoren, P. (2002):** Pflanzenwürdiges Leben. Vom pflanzlichem und pflanzenwürdigen Leben. In: Hohlfeld, R. (Hrsg.): *Leitbilder und Wege von Pflanzenzucht und Landbau in der modernen Industriegesellschaft*. Vereinigung Deutscher Wissenschaftler (VDW):201–218.
- Koppelman, U./Willers, C. (2008):** Marketing in Widerstandsmärkten. In: *Absatzwirtschaft – Zeitschrift für Marketing* 2008(2):28–32.
- Kortstee, A. J. et al. (2011):** Anthocyanin production as a potential visual selection marker during plant transformation. In: *Transgenic Res* 20(6):1253–1264.
- Kothes Klewes (Hrsg.) (2000):** Herausforderung Gentechnologie. Projektleitung: Peetz, S. Bd.1: Studienband, Bd.2: Chancen durch Kommunikation. Düsseldorf.
- Kramarz, P. E. et al. (2007):** Increased response to cadmium and *Bacillus thuringiensis* maize toxicity in the snail *Helix aspersa* infected by the nematode *Phasmarhabditis hermaphrodita*. In: *Environ Tox Chem* 26:73–79.
- Kunzmann, P. (2007):** Die Würde des Tieres. Zwischen Leerformel und Prinzip. Freiburg Br.
- Kunzmann, P./Knoepffler, N. (2008):** Argumentative Dimensionen in der ethischen Bewertung der Gentechnik. Gutachten im Auftrag der Berlin-Brandenburgischen Akademie der Wissenschaften.
- Kurowska, M. et al. (2011):** TILLING: a shortcut in functional genomics. In: *J Appl Genet* 52(4):371–390.

- Lang, A., Otto, M. (2010): A synthesis of laboratory and field studies on the effects of transgenic *Bacillus thuringiensis* (Bt) maize on non-target Lepidoptera. In: *Entomol Expl Appl* 135:121–134.
- Langridge, P./Fleury, D. (2011): Making the most of „omics“ for crop breeding. In: *Trends Biotechnol* 29(1):33–40.
- Le Trionnaire, G. et al. (2011): Small RNA activity and function in angiosperm gametophytes. In: *J Exp Bot* 62(5):1601–1610.
- Le Trionnaire, G./Twell, D. (2010): Small RNAs in angiosperm gametophytes: from epigenetics to gamete development. In: *Genes Dev* 24(11):1081–1085.
- Lee, B./Zhu, J.-K. (2009): Phenotypic analysis of *Arabidopsis* mutants: root elongation under salt/hormone-induced stress. In: *Cold Spring Harb Protoc* 2009(11):pdb.prot4968.
- Lee, Y. J. et al. (2012): Use of mass spectrometry for imaging metabolites in plants. In: *Plant J* 70(1):81–95.
- Legrand, S. et al. (2010): One-step identification of conserved miRNAs, their targets, potential transcription factors and effector genes of complete secondary metabolism pathways after 454 pyrosequencing of calyx cDNAs from the Labiate *Salvia sclarea* L. In: *Gene* 450(1-2):55–62.
- Leitzmann, C. (2005): Gentechnik im Ernährungsbereich. In: Grössler, M. (Hrsg.): *Gefahr Gentechnik*. Neumarkt/Österreich:134–140.
- Li, B. et al. (2010): Generation of marker-free transgenic maize with improved salt tolerance using the FLP/FRT recombination system. In: *J Biotechnol* 145(2):206–213.
- Lopes, M. S. et al. (2011): Enhancing drought tolerance in C(4) crops. In: *J Exp Bot* 62(9):3135–3153.
- López-Noguera, S. et al. (2009): Combining a regeneration-promoting *ipt* gene and site-specific recombination allows a more efficient apricot transformation and the elimination of marker genes. In: *Plant Cell Rep* 28(12):1781–1790.
- Lössl, A. G./Waheed, M. T. (2011): Chloroplast-derived vaccines against human diseases: achievements, challenges and scopes. In: *Plant Biotechnol J* 9(5):527–539.
- Lu, Y. et al. (2010): Mirid Bug Outbreaks in Multiple Crops Correlated with Wide-Scale Adoption of Bt Cotton in China. In: *Science* 328(5982):1151–1154.
- Lung'aho, M. G. et al. (2011): Genetic and physiological analysis of iron biofortification in maize kernels. In: *PLoS ONE* 6(6):e20429.
- MacKenzie, D. (2012): Study linking GM crops and cancer questioned. In: *NewScientist*, Online-Publikation 19.09.2012. Unter:www.newscientist.com/article/dn22287-study-linking-gm-crops-and-c [22.10.2012].
- Mahfouz, M. M./Li, L. (2011): TALE nucleases and next generation GM crops. In: *GM crops* 2(2):99–103.

- Maliga, P./Bock, R. (2011):** Plastid biotechnology: food, fuel, and medicine for the 21st century. In: *Plant Physiol* 155(4):1501–1510.
- Manimaran, P. et al. (2011):** Suitability of non-lethal marker and marker-free systems for development of transgenic crop plants: present status and future prospects. In: *Biotechnol Adv* 29(6):703–714.
- Marquard, E./Durka, W. (2005):** Auswirkungen des Anbaus gentechnisch veränderter Pflanzen auf Umwelt und Gesundheit. Potentielle Schäden und Monitoring. Bericht im Auftrag des Sächsischen Staatsministeriums für Umwelt und Landwirtschaft. UFZ Umweltforschungszentrum Leipzig-Halle GmbH, Halle.
- Marra, M./Piggott, N. (2006):** The Value of non-pecuniary characteristics of crop biotechnology. A new look at the evidence. In: Just, R. E. et al. (Hrsg.): *Regulating Agricultural Biotechnology: Economics and Policy*. New York:145–177.
- Marris, C. et al. (Hrsg.) (2001):** Public perceptions of agricultural biotechnologies in Europe. Final report of the PABE research project funded by the Commission of the European Communities. Contract No.: FAIR CT98-3844 (DG12-SSMI). Unter: www.keine-gentechnik.de/bibliothek/basis/studien/eu_studie_akzeptanz_biotech_011201.pdf [16.09.2010].
- Marshall, A.-L./Alaimo, P. J. (2010):** Useful products from complex starting materials: common chemicals from biomass feedstocks. In: *Chemistry* 16(17):4970–4980.
- Marshall, B. (2006):** PMPs in clinical trials and advanced PMIPs. Research findings presented at FinMed. Unter: www.molecularfarming.com/PMPs-and-PMIPs.html [16.09.2010].
- Martin, J. A./Wang, Z. (2011):** Next-generation transcriptome assembly. In: *Nat Rev Genet* 12(10):671–682.
- Marvier, M. et al. (2007):** A Meta-Analysis of Effects of Bt Cotton and Maize on Nontarget Invertebrates. In: *Science* 316(5830):1475–1477.
- Marx-Stölting, L. (2012):** Ethische Aspekte und öffentliche Akzeptanz der Grünen Gentechnik. In: *Pflanzenzucht und Gentechnik in einer Welt mit Hungersnot und knappen Ressourcen*. München:101–118.
- Mason, H. S./Herbst-Kralovetz, M. M. (2012):** Plant-derived antigens as mucosal vaccines. In: *Curr Top Microbiol Immunol* 354:101–120.
- Matthews, D. E. et al. (2009):** Plant and crop databases. In: *Methods Mol Biol* 513:243–262.
- May, P. et al. (2009):** ChlamyCyc: an integrative systems biology database and web-portal for *Chlamydomonas reinhardtii*. In: *BMC Genomics* 10:209.
- Meldolesi, A. (2010):** Pea trials flee to US. In: *Nat Biotechnol* 28:8.
- Meng, Y. et al. (2010):** MicroRNA-mediated signaling involved in plant root development. In: *Biochem Biophys Res Commun* 393(3):345–349.
- Menrad, K. (2005):** Wirtschaftliche Aspekte der Anwendung der Gentechnologie in der Lebensmittelverarbeitung. In: Gessen, H. G./Hammes, W. P. (Hrsg.): *Handbuch Gentechnologie und Lebensmittel*. Hamburg.

- Menrad, K. et al. (2003):** Beschäftigungspotentiale in der Biotechnologie. Stuttgart.
- Menrad, K./Frietsch, K. (2006):** Zukünftige Ausstrahlung der Biotechnologie auf die Beschäftigung in Deutschland. In: Schmollers Jahrbuch 126:83–107.
- Merchant, S. S. et al. (2007):** The Chlamydomonas genome reveals the evolution of key animal and plant functions. In: Science 318(5848):245–250.
- Messéan, A. et al. (2006):** New case studies on the coexistence of GM and non-GM crops in European agriculture. Technical Report EUR 22102 EN. Institute for Prospective Technological Studies, European Commission. Sevilla.
- Messeguer, J. et al. (2006):** Pollen-mediated gene flow in maize in real situations of coexistence. In: Plant Biotechnol J 4(6):633–645.
- Meyer, R. et al. (2007):** Chancen und Herausforderungen neuerer Energiepflanzen. Basisanalysen. Berlin.
- Meyer, R. et al. (2008):** Globaler Handel und Handelsvereinbarungen. Basisinformation Nr. 6 im Rahmen des Diskursprojekt "Szenario Workshops: Zukünfte der Grünen Gentechnik". Unter: www.szenario-workshops-gruene-gentechnik.de/downloads/Basisinfo%206%20-%20Globaler%20Handel.pdf [16.09.2010].
- Meyer, R. et al. (2009):** Diskursprojekt „Szenario-Workshops: Zukünfte der grünen Gentechnik. Endbericht. Karlsruhe. Unter: www.szenario-workshops-gruene-gentechnik.de/downloads/endbericht.pdf [20.09.2010].
- Meyer, R. (2010):** Politik oder Markt: Wer soll über die Nutzung der Grünen Gentechnik entscheiden? In: Technologiefolgenabschätzung – Theorie und Praxis 19(2):84–88.
- Meyer, R./Boysen, M. (2009):** Szenarien zur Zukunft der Grünen Gentechnik – Ein Werkstattbericht. Karlsruhe.
- Meyer, W. (2004):** Indikatorenentwicklung. Eine praxisorientierte Einführung. Saarbrücken.
- Meyers, B. et al. (2010):** Nuclear and plastid genetic engineering of plants: comparison of opportunities and challenges. In: Biotechnol Adv 28(6):747–756.
- Minoia, S. et al. (2010):** A new mutant genetic resource for tomato crop improvement by TILLING technology. In: BMC Res Notes 3:69.
- Miura, K. et al. (2011):** The role of QTLs in the breeding of high-yielding rice. In: Trends Plant Sci 16(6):319–326.
- Mochida, K. et al. (2010):** LegumeTFDB: an integrative database of Glycine max, Lotus japonicus and Medicago truncatula transcription factors. In: Bioinformatics. 26(2):290–291.
- Mochida, K./Shinozaki, K. (2010):** Genomics and bioinformatics resources for crop improvement. In: Plant Cell Physiol 51(4):497–523.
- Mochida, K./Shinozaki, K. (2011):** Advances in omics and bioinformatics tools for systems analyses of plant functions. In: Plant Cell Physiol 52(12):2017–2038.

Moco, S. et al. (2009): Plant micrometabolomics: the analysis of endogenous metabolites present in a plant cell or tissue. In: *J Proteome Res.* 8(4):1694–1703.

Monsanto (2009): 2008 German Network Monitoring. Unter: <https://yieldgard.eu/en-us/YieldGardLibraryGrower/2008%20Yieldgard%20German%20Network%20Monitoring%20Report.pdf> [20.09.2010].

Moore, I. et al. (2006): Transactivated and chemically inducible gene expression in plants. In: *Plant J* 45:651–683.

Morita, R. et al. (2009): Molecular characterization of mutations induced by gamma irradiation in rice. In: *Genes & Genetic Systems* 84(5):361–370.

MPIZ (2000) = Max-Planck-Institut für Züchtungsforschung: Was ist Grüne Gentechnik? Unter: www.mpiz-koeln.mpg.de/downloads/publicRelation/Bro_grueneGentechnik.pdf [16.09.2010].

Mukhtar, M. S. et al. (2011): Independently evolved virulence effectors converge onto hubs in a plant immune system network. In: *Science* 333(6042):596–601.

Müller-Röber, B. et al. (2007): Grüne Gentechnologie. Entwicklungen in Wissenschaft und Wirtschaft. Supplement zum Gentechnologiebericht. Limburg a. d. Lahn. Unter: http://edoc.bbaw.de/volltexte/2010/1315/pdf/finale_version_Gruene_Gentechnik_2007.pdf [20.09.2010].

Müller-Röber, B. et al. (2009): Zweiter Gentechnologiebericht. Analyse einer Hochtechnologie in Deutschland. 1. Aufl. Dornburg.

Münchener Rückversicherungsgesellschaft (2004): Gentechnisch veränderte Pflanzen. Informationen für Versicherer Nr. 21.

Muth, J. et al. (2008): Precision breeding for novel starch variants in potato. In: *Plant Biotechnol J* 6(6):576–584.

Myouga, F. et al. (2010): The Chloroplast Function Database: a large-scale collection of Arabidopsis Ds/Spm- or T-DNA-tagged homozygous lines for nuclear-encoded chloroplast proteins, and their systematic phenotype analysis. In: *Plant J* 61(3):529–542.

Nagendran, S. et al. (2009): Reduced genomic potential for secreted plant cell-wall-degrading enzymes in the ectomycorrhizal fungus *Amanita bisporigera*, based on the secretome of *Trichoderma reesei*. In: *Fungal Genet Biol* 46(5):427–435.

Naranjo, S.E. (2009): Impacts of Bt crops on non-target invertebrates and insecticide use patterns. In: *CAB Reviews* 4:1–11.

Naseem, A. et al. (2010): Market Concentration and Innovation. The case of Bt Cotton in India. Vortrag präsentiert auf der 14th Conference of the International Consortium of Agricultural Biotechnology Research, 16-18.06.2010, Ravello.

- National Research Council (2010):** The Impact of Genetically Engineered Crops on Farm Sustainability in the United States. National Academy of Sciences.
- Neumann, P. M. (2008):** Coping mechanisms for crop plants in drought-prone environments. In: *Ann Bot* 101(7):901–907.
- Nguyen, T.-A. D. et al. (2010):** Pretreatment of rice straw with ammonia and ionic liquid for lignocellulose conversion to fermentable sugars. In: *Bioresour Technol* 101(19):7432–7438.
- Nielsen, K. M. (2003):** Transgenic organisms – time for conceptual diversification? In: *Nat Biotechnol* 21(3):227–228.
- Nielsen, T. H. (1997):** Behind the colour code of „no“. In: *Nat Bio* 15:1320–1321.
- Norris, C./Sweet J. (2002):** Monitoring large scale releases of genetically modified crops (EPG 1/5/84) incorporating report on project EPG 1/5/30: Monitoring releases of genetically modified crop plants. Unter: www.biosicherheit.de/pdf/aktuell/NIAB-monitoring.pdf [16.09.2010].
- Novaes, E. et al. (2008):** High-throughput gene and SNP discovery in *Eucalyptus grandis*, an uncharacterized genome. In: *BMC Genomics* 9:312.
- Obembe, O. O. et al. (2011):** Advances in plant molecular farming. In: *Biotechnol Adv* 29(2):210–222.
- OECD (2001) = Organisation for Economic Cooperation and Development:** Statistical Definition of Biotechnology. OECD, Paris.
- OECD (2007):** Consensus Documents for the work on the Safety of Novel Foods and Feeds. Unter: www.oecd.org/document/9/0,2340,en_2649_201185_1812041_1_1_1_1,00.html [16.09.2010].
- Oehen, B./Stolze, M. (2009):** Die Kosten der Koexistenz von gentechnisch veränderten und biologischen Kulturen: Fallbeispiele aus Frankreich und der Grenzregion; Band 2 des Tagungsbandes der 10. Wissenschaftstagung Ökologischer Landbau. Unter: http://orgprints.org/14501/1/Oehen_14501.pdf [21.01.2012].
- Okazaki, Y./Saito, K. (2012):** Recent advances of metabolomics in plant biotechnology. In: *Plant Biotechnol Rep* 6(1):1–15.
- Orzaez, D. et al. (2010):** Using genetic variability available in the breeder’s pool to engineer fruit quality. In: *GM Crops* 1(3):120–127.
- Park, S.-Y. et al. (2009):** Abscisic acid inhibits type 2C protein phosphatases via the PYR/PYL family of START proteins. In: *Science* 324(5930):1068–1071.
- Parrish, D. J./Fike, J. H. (2009):** Selecting, establishing, and managing switchgrass (*Panicum virgatum*) for biofuels. In: *Methods Mol Biol* 581:27–40.
- Peng, L./Gutterson, N. (2011):** Energy crop and biotechnology for biofuel production. In: *J Integr Plant Biol* 53(3):253–256.

- Peng, Z. et al. (2009):** Arabidopsis Hormone Database: a comprehensive genetic and phenotypic information database for plant hormone research in Arabidopsis. In: *Nucleic Acids Res* 37:D975–982.
- Penney, C. A. et al. (2011):** Plant-made vaccines in support of the Millennium Development Goals. In: *Plant Cell Rep* 30(5):789–798.
- Pérez-Cabal, M. A. et al. (2012):** Accuracy of genome-Enabled prediction in a dairy cattle population using different cross-validation layouts. In: *Front Genet* 3:27.
- Pérez-Rodríguez, P. et al. (2010):** PlnTFDB: updated content and new features of the plant transcription factor database. In: *Nucleic Acids Res.* 38:D822–827.
- Perry, J. N. et al. (2010):** A mathematical model of exposure of non-target Lepidoptera to Bt-maize pollen expressing Cry1Ab within Europe. In: *Proc Biol Sci* 277:1417–1425.
- Perry, J. N. et al. (2012):** Estimating the effects of Cry1F Bt-maize pollen on non-target Lepidoptera using a mathematical model of exposure. In: *J Appl Ecol* 49(1):29–37.
- Peters, H. P. (2008):** Der Einfluss von Vertrauen auf die Einstellung zur Grünen Gentechnik. In: Busch., R. J./Prütz, G.(Hrsg.): *Biotechnologie in gesellschaftlicher Deutung*. München:131–155.
- Peters, J./Stoger, E. (2011):** Transgenic crops for the production of recombinant vaccines and anti-microbial antibodies. In: *Hum Vacc* 7(3):367–374.
- Petolino, J. F. et al. (2010):** Zinc finger nuclease-mediated transgene deletion. In: *Plant Mol Biol* 73(6):617–628.
- Petty, R. E./Cacioppo, J. T. (1986):** *Communication und persuasion. Central und peripheral routes to attitude change*. New York.
- Pham, V. et al. (2010):** Techno-economic analysis of biomass to fuel conversion via the MixAlco process. In: *J Ind Microbiol Biotechnol* 37(11):1157–1168.
- Pilacinski, W. et al. (2011):** Plants with genetically modified events combined by conventional breeding: An assessment of the need for additional regulatory data. In: *Food Chem Toxicol* 49(1):1–7.
- Piñeyro-Nelson, A. et al. (2009):** Transgenes in Mexican maize: molecular evidence and methodological considerations for GMO detection in landrace populations. In: *Mol Ecol* 18(4):750–761.
- Pioneer (2010):** Unabhängige Testergebnisse bestätigen: Keine Spuren von gentechnisch verändertem Mais in konventionellen Pioneer Mais-Saatgut in Deutschland. 10.06.2010. Unter: www2.dupont.com/EMEA_Media/en_GB/newsreleases_de_2010/article20100610de.html [20.09.2010].
- Plechakova, O. et al. (2009):** MoccaDB - an integrative database for functional, comparative and diversity studies in the Rubiaceae family. In: *BMC Plant Biol* 9:123.
- Poland, J. A. et al. (2012):** Development of High-Density Genetic Maps for Barley and Wheat Using a Novel Two-Enzyme Genotyping-by-Sequencing Approach. In: *PLoS ONE* 7(2):e32253.

- Porter, P. et al. (2012): Offener Brief von 22 Entomologen an die U.S. Environmental Protection Agency.
- Potrykus, I (2012): Golden Rice: Lehren aus einem humanitären GVO-Projekt. In: Pflanzenzucht und Gentechnik in einer Welt mit Hungersnot und knappen Ressourcen. München:81–88.
- Qaim, M. et al. (2009): Commercialized GM crops and yield. In: *Nat Biotechnol* 27:803–804.
- Qaim, M./Traxler, G. (2005): Roundup Ready soybeans in Argentina. Farm level and aggregate welfare effects. In: *Agric Econ* 32:37–86.
- Que, Q. et al. (2010): Trait stacking in transgenic crops: challenges and opportunities. In: *GM Crops* 1(4):220–229.
- Quintana, N. et al. (2011): Renewable energy from Cyanobacteria: energy production optimization by metabolic pathway engineering. In: *Appl Microbiol Biotechnol* 91(3):471–490.
- Quist, D./Chapela, I. H. (2001): Transgenic DNA introgressed into traditional maize landraces in Oaxaca, Mexico. In: *Nature* 414:541–543.
- Rabemanolontsoa, H. et al. (2011): Quantitative method applicable for various biomass species to determine their chemical composition. In: *Biomass Bioenergy* 35(11):4630–4635.
- Rademacher, W. et al. (1998): Entwicklung eines Indikatorensystems für den Zustand der Umwelt in der Bundesrepublik Deutschland. Mit einem Praxistest für ausgewählte Indikatoren und Bezugsräume. Stuttgart.
- Ragauskas, A. J. et al. (2006): The path forward for biofuels and biomaterials. In: *Science* 311(5760):484–489.
- Rahman, H. et al. (2011): Molecular mapping of quantitative trait loci for drought tolerance in maize plants. In: *Genet Mol Res* 10(2):889–901.
- Raybould, A. et al. (2012): Assessing the ecological risks from the persistence and spread of feral populations of insect-resistant transgenic maize. In: *Transgenic Res* 21(3):655–664.
- Reiss, M. J./Straughan, R. (1996): *Improving nature? The science and the ethics of genetic engineering.* Cambridge.
- Remmerie, N. et al. (2011): Next generation functional proteomics in non-model plants: A survey on techniques and applications for the analysis of protein complexes and post-translational modifications. In: *Phytochemistry* 72(10):1192–1218.
- Reuters (2009): Top rice producer China approves GMO strain. 27.11.2009. Unter: www.reuters.com/article/idUUSP364484 [20.09.2010].
- Richards, E. J. (2011): Natural epigenetic variation in plant species: a view from the field. In: *Curr Opin Plant Biol* 14(2):204–209.
- Ricroch, A. E. et al. (2011): Evaluation of genetically engineered crops using transcriptomic, proteomic, and metabolomic profiling techniques. In: *Plant Physiol* 155(4):1752–1761.

- Riesgo, L. et al. (2010): Distances needed to limit cross-fertilization between GM and conventional maize in Europe. In: *Nat Biotechnol* 28:780–782.
- Robertson, D. E. et al. (2011): A new dawn for industrial photosynthesis. In: *Photosynth Res* 107(3):269–277.
- Rodriguez, M. C. S. et al. (2010): Transcriptomes of the desiccation-tolerant resurrection plant *Craterostigma plantagineum*. In: *Plant J* 63(2):212–228.
- Rogers, C. et al. (2009): Deletion-based reverse genetics in *Medicago truncatula*. In: *Plant Physiol* 151(3):1077–1086.
- Rommens, C. M. (2004): All-native DNA transformation: a new approach to plant genetic engineering. In: *Trends Plant Sci* 9(9):457–464.
- Rosellini, D. (2011): Selectable marker genes from plants: reliability and potential. In: *In Vitro Cellular & Developmental Biology - Plant* 47(2):222–233.
- Rosi-Marshall, E. J. et al. (2008): Reply to Beachy et al. and Parrott: Study indicates Bt corn may affect caddisflies. In: *Proc Nat Acad Sci* 105:E11.
- Runo, S. (2011): Engineering host-derived resistance against plant parasites through RNA interference: challenges and opportunities. In: *Bioeng Bugs* 2(4):208–213.
- Runo, S. et al. (2011): RNA interference as a resistance mechanism against crop parasites in Africa: a „Trojan horse“ approach. In: *Pest Manag Sci* 67(2):129–136.
- Rybicki, E. P. (2009): Plant-produced vaccines: promise and reality. In: *Drug Discov Today* 14(1-2):16–24.
- Rybicki, E. P. (2010): Plant-made vaccines for humans and animals. In: *Plant Biotechnol J* 8(5):620–637.
- Sablok, G. et al. (2011): Artificial microRNAs (amiRNAs) engineering - On how microRNA-based silencing methods have affected current plant silencing research. In: *Biochem Biophys Res Commun* 406(3):315–319.
- Sahai, S. (2005): The Story of Bt cotton in India. *Gene Campaign*.
- Salas Fernandez, M. G. et al. (2009): From dwarves to giants? Plant height manipulation for biomass yield. In: *Trends Plant Sci* 14(8):454–461.
- Salomon, S. et al. (2011): High-throughput confocal imaging of intact live tissue enables quantification of membrane trafficking in *Arabidopsis*. In: *Plant Physiol* 154(3):1096–1104.
- Sanahuja, G. et al. (2011): *Bacillus thuringiensis*: a century of research, development and commercial applications. In: *Plant Biotechnol J* 9(3):283–300.
- Sander, J. D. et al. (2011): Selection-free zinc-finger-nuclease engineering by context-dependent assembly (CoDA). In: *Nat Methods* 8(1):67–69.

- Saure, C. et al. (1999): Untersuchungen zum Pollentransfer von transgenem Raps auf verwandte Kreuzblütler durch Wind und Insekten. Proceedings zum BMBF-Statusseminar. Braunschweig. Unter: www.biosicherheit.de/pdf/proceedings99/22Kuehne.pdf [20.09.2011].
- Sauter, A./Hüsing, B. (2005): Transgene Pflanzen der 2. und 3. Generation. TAB-Arbeitsbericht 104. Berlin.
- Schafer, M. G. et al. (2011): The establishment of genetically engineered canola populations in the U.S. In: PLoS ONE 6(10): e25736.
- Schaffnit-Chatterjee, C. (2009): Lebensmittel. Eine Welt voller Spannungen. Deutsche Bank Research, Nr. 461. Unter: www.dbresearch.de/PROD/DBR_INTERNET_DE-PROD/PROD000000000248191.pdf [16.09. 2010].
- Schmidt, J. E. U. et al (2009): Effects of activated Bt transgene products (Cry1Ab, Cry3Bb) on immature stages of the ladybird *Adalia bipunctata* in laboratory ecotoxicity testing. In: Arch Environ Contam Toxicol 56:221–228.
- Schmitz, R. J./Ecker, J. R. (2012): Epigenetic and epigenomic variation in *Arabidopsis thaliana*. In: Trends Plant Sci 17(3):149–154.
- Schmitz, R. J./Zhang, X. (2011): High-throughput approaches for plant epigenomic studies. In: Curr Opin Plant Biol 14(2):130–136.
- Schneeberger, K./Weigel, D. (2011): Fast-forward genetics enabled by new sequencing technologies. In: Trends Plant Sci 16(5):282–288.
- Schorling, M. et al. (2009): Potenziale der Gentechnik bei Energiepflanzen. BfN-Skripten 258. Bonn - Bad Godesberg.
- Schreiber, K. et al. (2008): A high-throughput chemical screen for resistance to *Pseudomonas syringae* in *Arabidopsis*. In: Plant J 54(3):522–531.
- Schubert, C. (2006): Can biofuels finally take center stage? In: Nat Biotechnol 24:777–784.
- Schubert, D. (2009): Commercialized GM crops and yield. To the editor. In: Nat Biotechnol 27:802–803.
- Schuppener, M. et al. (2012): Environmental risk assessment for the small tortoiseshell *Aglais urticae* and a stacked Bt-maize with combined resistances against Lepidoptera and Chrysomelidae in central European agrarian landscapes. In: Mol Ecol 21(18):4646–4662.
- Schwab, R. et al. (2006): Highly specific gene silencing by artificial microRNAs in *Arabidopsis*. In: Plant Cell 18(5):1121–1133.
- Sengupta, S. et al. (2010): Selectable antibiotic resistance marker gene-free transgenic rice harbouring the garlic leaf lectin gene exhibits resistance to sap-sucking planthoppers. In: Plant Cell Rep 29(3):261–271.
- Séralini G.-E. et al. (2012): Long term toxicity of a Roundup herbicide and a Roundup-tolerant genetically modified maize. In: Food and Chemical Toxicology online. Online-Publikation 19.09.2012. Unter: [http://dx.doi.org/10.1016/j.fct. \[08.05.2012\]](http://dx.doi.org/10.1016/j.fct. [08.05.2012]).

- Séralini, G. E. et al. (2007): New analysis of a rat feeding study with a genetically modified maize reveals signs of hepatorenal toxicity. In: *Arch Environ Contam Toxicol* 52:596–602.
- Sexton, S./Zilberman, D. (2010): Yield Effect of Biotechnology: An Econometric Approach. Vortrag präsentiert auf der 14th Conference of the International Consortium of Agricultural Biotechnology Research, 16–18.06.2010, Ravello.
- Shaaltiel, Y. et al. (2007): Production of glucocerebrosidase with terminal mannose glycans for enzyme replacement therapy of Gaucher's disease using a plant cell system. In: *Plant Biotechnol J* 5(5):579–590.
- Shimada, T. L. et al. (2010): A rapid and non-destructive screenable marker, FAST, for identifying transformed seeds of *Arabidopsis thaliana*. In: *Plant J* 61(3):519–528.
- Shimada, T. et al. (2011): A non-destructive screenable marker, OsFAST, for identifying transgenic rice seeds. In: *Plant Signal Behav* 6(10):1454–1456.
- Shiva, V. et al. (2002): *Seeds of Suicide. The Ecological and Human Costs of Globalisation of Agriculture.* Research Foundation for Science, Technology and Ecology. New Dehli.
- Shrestha, B./Vertes, A. (2009): In situ metabolic profiling of single cells by laser ablation electrospray ionization mass spectrometry. In: *Anal Chem* 81(20):8265–8271.
- Šimić, D. et al. (2012): Quantitative trait loci for biofortification traits in maize grain. In: *J Hered* 103(1):47–54.
- Simmons, B. A. et al. (2010): Advances in modifying lignin for enhanced biofuel production. In: *Curr Opin Plant Biol* 13(3):313–320.
- Sinclair, T. R. et al. (2004): Crop transformation and the challenge to increase yield potential. In: *Trends Plant Sci* 9:70–75.
- Sjödín, A. et al. (2009): The *Populus* Genome Integrative Explorer (PopGenIE): a new resource for exploring the *Populus* genome. In: *New Phytol* 182(4):1013–1025.
- Skorupinski, B. (2004): Gentechnik und ökologische Schäden als Gegenstand der Risikoforschung und partizipativer Technikfolgenabschätzung. Stand und Perspektiven. In: Potthast, T. (Hrsg.): *Ökologische Schäden. Begriffliche, methodologische und ethische Aspekte.* Frankfurt a. M.
- Slade, A. J. et al. (2012): Development of high amylose wheat through TILLING. In: *BMC Plant Biol* 12:69.
- Sluiter, J. B. et al. (2010): Compositional analysis of lignocellulosic feedstocks. 1. review and description of methods. In: *J Agric Food Chem*. 58(16):9043-9053
- Snell, C. et al. (2011): Assessment of the health impact of GM plant diets in long-term and multigenerational animal feeding trials: A literature review. In: *Food Chem Toxicol* 50:1134–1148.
- Sokhansanj, S./Hess, J. R. (2009): Biomass supply logistics and infrastructure. In: *Methods Mol Biol* 581:1–25.

- Song, G.-Q. et al. (2010): A novel mannose-based selection system for plant transformation using celery mannose-6-phosphate reductase gene. In: *Plant Cell Rep* 29(2):163–172.
- Sparrow, P. A. C./Twyman, R. M. (2009): Biosafety, risk assessment and regulation of plant-made pharmaceuticals. In: *Methods Mol Biol* 483:341–353.
- Spök, A. et al. (2008): Evolution of a regulatory framework for pharmaceuticals derived from genetically modified plants. In: *Trends Biotechnol* 26(9):506–517.
- Sprenger, U. (2008): Die Heilsversprechen der Gentechnikindustrie. Ein Realitätscheck. Studie im Auftrag des BUND.
- Srinivasan, M. et al. (2010): Coexistence & GM Crop Production in Switzerland. Vortrag präsentiert auf der 14th Conference of the International Consortium of Agricultural Biotechnology Research, 16–18.06.2010, Ravello.
- Statistisches Bundesamt (2000): Indikatorengrundsatzpapier. Wiesbaden.
- Statistisches Bundesamt (2008): Nachhaltige Entwicklung in Deutschland, Indikatorenbericht. Wiesbaden. Unter: www.destatis.de/jetspeed/portal/cms/Sites/destatis/Internet/DE/Content/Publikationen/Fachveroeffentlichungen/UmweltoekonomisheGesamtrechnungen/Indikatorenbericht2008,property=file.pdf [16.09.2010].
- Stein, A. J./Rodríguez-Cerezo, E. (2009): The global pipeline of new GM crops. Implications of asynchronous approval for international trade. JRC Scientific and Technical Reports. IPTS. Unter: <http://ftp.jrc.es/EURdoc/JRC51799.pdf> [20.09.2010].
- Stein, A. J./Rodriguez-Cerezo, E. (2010): International trade and the global pipeline of new GM Crops. In: *Nat Biotechnol* 28:23–24.
- Steinfath, M. et al. (2010): Discovering plant metabolic biomarkers for phenotype prediction using an untargeted approach. In: *Plant Biotechnol J* 8(8):900–911.
- Stephenson, P. et al. (2010): A rich TILLING resource for studying gene function in *Brassica rapa*. In: *BMC Plant Biol* 10:62.
- Stirn, S. (2007): Expertise: „Grundsätze der Abschätzung möglicher gesundheitlicher Wirkungen gentechnisch veränderter Organismen. Unter: www.gentechnologiebericht.de/gen/themen/gruene-gentechnologie/resolveuid/725d481877c7c24355c0c8e7e64963e4 [04.03.2013].
- Storozhenko, S. et al. (2007): Folate fortification of rice by metabolic engineering. In: *Nat Biotechnol* 25(11):1277–1279.
- Strandberg, B./Pedersen, M.B. (2002): Biodiversity in glyphosate tolerant fodder beet fields – timing of herbicide application. NERI Technical Report No. 410.

- SZ (2008) = Süddeutsche Zeitung:** Meinungsfreiheit schützt den Begriff „Gen-Milch“. 11.03.2008. Unter: www.sueddeutsche.de/wirtschaft/greenpeace-und-mueller-meinungsfreiheit-schuetzt-den-begriff-genmilch-1.259065 [16.09.2010].
- Tabashnik, B. E. (2008):** Delaying insect resistance to transgenic crops. In: *PNAS* 105(49):19029-19030.
- Tackett, C. O. (2009):** Plant-based oral vaccines: results of human trials. In: *Curr Top Microbiol Immunol* 332:103–117.
- Testbiotech (2012):** Für die Förderung unabhängiger Risikoforschung. Unter: www.testbiotech.de/sites/default/files/Basistext_Forschung_Testbiotech_1_dl.pdf [20.01.2012].
- The Independent (2008):** Charles: 'I blame GM crops for farmers' suicides'. 05.08.2012.
- Thomas, D. R. et al. (2011):** Evolution of plant-made pharmaceuticals. In: *Int J Mol Sci* 12(5):3220–3236.
- Thudi, M. et al. (2012):** Current state-of-art of sequencing technologies for plant genomics research. In: *Brief Funct Genomics* 11(1):3–11.
- Tiwari, S. et al. (2009):** Plants as bioreactors for the production of vaccine antigens. In: *Biotechnol Adv* 27(4):449–467.
- Tobimatsu, Y. et al. (2012):** Hydroxycinnamate conjugates as potential monolignol replacements: In vitro lignification and cell wall studies with rosmarinic acid. In: *ChemSusChem*. Unter: www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/22359379 [16.03.2012].
- Tomato Genome Consortium (2012):** The tomato genome sequence provides insights into fleshy fruit evolution. In: *Nature* 485(7400):635–641.
- Töpfer International (2008):** Marktbericht Januar 2008. Unter: www.acti.de/media/MB_dt_01-08.pdf [20.09.2010].
- Töpfer International (2010):** Marktbericht Februar 2010. Unter: www.acti.de/media/MB_dt_02-10.pdf [20.09.2010].
- Töpfer International (2012):** Marktbericht Februar 2012. Unter: www.acti.de/media/MB_dt_02-12.pdf [15.10.2012].
- Tóth, R./Van der Hoorn, R. A. L. (2010):** Emerging principles in plant chemical genetics. In: *Trends Plant Sci* 15(2):81–88.
- Traavik, T./Heinemann, J. (2005):** Unterbliebene Gesundheitsforschung. Ein Einblick in die Arbeitsweise der Wissenschaft. In: Grössler, M. (Hrsg.): *Gefahr Gentechnik*. Neumarkt/ Österreich:245–253.
- Tracy, S. R. et al. (2011):** Soil compaction: a review of past and present techniques for investigating effects on root growth. In: *J Sci Food Agric* 91(9):1528–1537.

- Trigo, E. et al. (2009):** The case of zero-tillage technology in Argentina. IFPRI Discussion Paper 00951. International Food Policy Research Institute, Washington DC, 32pp. Unter: www.ifpri.org/sites/default/files/publications/ifpridp00915.pdf [20.09.2011].
- Tuteja, N. et al. (2012):** Recent advances in development of marker-free transgenic plants: Regulation and biosafety concern. In: *J Biosci* 37(1):167–197.
- Ujhelyi, G. et al. (2012):** Comparison and transfer testing of multiplex ligation detection methods for GM plants. In: *BMC Biotechnol* 12:4.
- USchadG (2007):** Gesetz zur Umsetzung der Richtlinie des Europäischen Parlaments und des Rates über die Umwelthaftung zur Vermeidung und Sanierung von Umweltschäden (Umweltschadensgesetz) vom 10.05.2007. Teil 1, Nr.19:666–671. Unter: www.bfn.de/fileadmin/MDb/documents/themen/recht/U_Schad_G.pdf [16.09.2010].
- Val, R. et al. (2011):** Organelle trafficking of chimeric ribozymes and genetic manipulation of mitochondria. In: *Nucleic Acids Res* 39(21):9262–9274.
- Valente, M. A. S. et al. (2009):** The ER luminal binding protein (BiP) mediates an increase in drought tolerance in soybean and delays drought-induced leaf senescence in soybean and tobacco. In: *J Exp Bot* 60(2):533–546.
- van den Daele, W. (1996):** Grüne Gentechnik im Widerstreit. Modell einer partizipativen Technikfolgenabschätzung zum Einsatz transgener herbizidresistenter Pflanzen. Weinheim.
- Vanblaere, T. et al. (2011):** The development of a cisgenic apple plant. In: *J Biotechnol* 154(4):304–311.
- Vanholme, R. et al. (2008):** Lignin engineering. In: *Curr Opin Plant Biol* 11(3):278–285.
- VanRaden, P. M. et al. (2009):** Invited review: reliability of genomic predictions for North American Holstein bulls. In: *Journal of Dairy Science* 92(1):16–24.
- Vanyushin, B. F./Ashapkin, V. V. (2011):** DNA methylation in higher plants: past, present and future. In: *Biochim Biophys Acta* 1809(8):360–368.
- Varshney, R. K. et al. (2009):** Next-generation sequencing technologies and their implications for crop genetics and breeding. In: *Trends Biotechnol* 27(9):522–530.
- Varshney, R. K./May, G. D. (2012):** Next-generation sequencing technologies: opportunities and obligations in plant genomics. In: *Brief Funct Genomics* 11(1):1–2.
- Velimirov, A. et al. (2008):** Biological effects of transgenic maize NK 603xMON 810 fed in long term reproduction studies in mice. *BMGFJ Österreich, Forschungsbericht der Sektion IV, Bd. 3/2008.*
- Verdurme, A./Viaene, J. (2002):** Wahrnehmung der Verbraucher im Bereich Lebensmittelsicherheit: Beispiel genmanipulierter Lebensmittel. In: *IPTS* 65:14–19.

- Vermerris, W. (2011):** Survey of genomics approaches to improve bioenergy traits in maize, sorghum and sugarcane. In: *J Integr Plant Biol* 53(2):105–119.
- Vertès, A. A. et al. (2006):** Implementing biofuels on a global scale. In: *Nat Biotechnol* 24:761–764.
- VIB (2010):** MON 810 Scientific Background Report. Unter: www.vib.be/en/news/Documents/VIB_Dossier_MON810_ENG.pdf [14.02.2011].
- Walsh M. C. et al. (2011b):** Effects of short-term feeding of Bt MON 810 maize on growth performance, organ morphology and function in pigs. In: *British Journal of Nutrition* 107:364–371.
- Walsh, M C. et al. (2011a):** Fate of Transgenic DNA from Orally Administered Bt MON 810 Maize and Effects on Immune Response and Growth in Pigs. In: *PLoS ONE* 6(11):e27177.
- Wang, H. et al. (2012):** Ionic liquid processing of cellulose. In: *Chem Soc Rev* 41(4):1519–1537.
- Wang, H.-H. et al. (2009):** Advances in chloroplast engineering. In: *J Genet Genomics* 36(7):387–398.
- Wang, S. et al. (2008):** Bt-cotton and secondary pests. In: *Int. J. Biotechnol* 10:113–121.
- Wang, X. et al. (2012):** Two-step method for constructing *Arabidopsis* artificial microRNA vectors. In: *Biotechnology Letters*. Unter: www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/22437901 [20.04.2012].
- Wang, Y. et al. (2011):** Compatible ionic liquid-cellulases system for hydrolysis of lignocellulosic biomass. In: *Biotechnol Bioeng* 108(5):1042–1048.
- Weber, A. P. M. et al. (2007):** Sampling the *Arabidopsis* transcriptome with massively parallel pyrosequencing. In: *Plant Physiol* 144(1):32–42.
- Wegrzyn, J. L. et al. (2008):** TreeGenes: A forest tree genome database. In: *Int J Plant Genomics* 2008:412875.
- Weltbank (2007):** World development report 2008. Agriculture for development. Unter: <http://sitere-sources.worldbank.org/INTWDR2008/Resources/2795087-1192111580172/WDROver2008-ENG.pdf> [16.09.2010].
- Whitmore, A. P./Whalley, W. R. (2009):** Physical effects of soil drying on roots and crop growth. In: *J Exp Bot* 60(10):2845–2857.
- Wissenschaftlicher Beirat für Agrarpolitik (2010):** Koexistenz in der Land- und Ernährungswirtschaft. Juni 2010. Unter: www.bmelv.de/SharedDocs/Downloads/Ministerium/Beiraete/Agrarpolitik/Stellungnahme-Koexistenz-Gentechnik.pdf?_blob=publicationFile [09.10.2012].
- Wolfenbarger, L. L. et al. (2008):** Bt crop effects on functional guilds of non-target arthropods. A meta-analysis. In: *PLoS ONE* 3:2118.
- WTO (2006) = World Trade Organization:** Reports out on biotech disputes. Unter: www.wto.org/english/news_e/news06_e/291r_e.htm [20.09.2010].
- Wu, L. et al. (2010):** DNA methylation mediated by a microRNA pathway. In: *Mol Cell* 38(3):465–475.

- Xie, Z. et al. (2010): Expression of microRNAs and its regulation in plants. In: *Semin Cell Dev Biol* 21(8): 790–797.
- Xie, Z. et al. (2012): Small RNAs in Plants. In: Sunkar, R. (Hrsg.): *MicroRNAs in Plant Development and Stress Responses*. 1–28. Unter: <http://www.springerlink.com/content/v50n61p243037116/abstract/> [20.04.2012].
- Yang, H. et al. (2011): Improved method for constructing plant amiRNA vectors with blue-white screening and MAGIC. In: *Biotechnol Lett* 33(8):1683–1688.
- Yang, S. et al. (2010): Narrowing down the targets: towards successful genetic engineering of drought-tolerant crops. In: *Mol Plant* 3(3):469–490.
- Yilmaz, A. et al. (2009): GRASSIUS: a platform for comparative regulatory genomics across the grasses. In: *Plant Physiol* 149(1):171–180.
- Yu, H.-L. et al. (2011): Risk assessment and ecological effects of transgenic *Bacillus thuringiensis* crops on non-target organisms. In: *J Integr Plant Biol* 53(7):520–538.
- Zarzer, B. (2006): Einfach GEN:ial. Die grüne Gentechnik. Chancen, Risiken und Profite. Hannover.
- Zeilinger, A. R. et al. (2010): Earthworm populations in a northern US Cornbelt soil are not affected by long-term cultivation of Bt maize expressing Cry1Ab and Cry3Bb1 proteins. In: *Soil Biology & Biochemistry* 42(8):1284–1292.
- Zhang, C./Galbraith, D. W. (2012): RNA interference-mediated gene knockdown within specific cell types. In: *Plant Mol Biol* 80(2):169–176.
- Zhang, Z. et al. (2010): PMRD: plant microRNA database. In: *Nucleic Acids Res* 38: D806–813.
- Zhao, H. et al. (2010): Fast enzymatic saccharification of switchgrass after pretreatment with ionic liquids. In: *Biotechnol Prog* 26(1):127–133.
- Zhao, Y. et al. (2012): Accuracy of genomic selection in European maize elite breeding populations. In: *TAG* 124(4):769–776.

11.2 Abbildungen und Tabellen

Kapitel 2: Bernd Müller-Röber, Mathias Boysen, Lilian Marx-Stölting, Angela Osterheider

Einleitung und methodische Einführung

Abbildung 1 Problemfelder zur grünen Gentechnologie im Spannungsfeld der Leitdimensionen (Seite 36)

Kapitel 3: Bernd Müller-Röber, Lilian Marx-Stölting, Jonas Krebs

Stand der Wissenschaft und Technik

Abbildung 1 Methoden der Pflanzenzüchtung mit und ohne Gentransfer (Seite 43)

Tabelle 1 Vorteile kleiner Moleküle (Seite 57)

Tabelle 2 Anzahl verfügbarer EST-Sequenzen ausgewählter Pflanzen in GenBank (Seite 63)

Kapitel 5: Mathias Boysen, Gerd Spelsberg, Heike Baron

Ökonomischer Nutzen der grünen Gentechnologie

Abbildung 1 Anteile gentechnisch veränderter Sorten an weltweiten Anbauflächen von Soja, Raps, Mais und Baumwolle (Seite 108)

Kapitel 6: Mathias Boysen, Gerd Spelsberg, Heike Baron

Politischer Rahmen der grünen Gentechnologie in Deutschland und der EU

Abbildung 1 Freisetzungen mit gv-Pflanzen in der EU 2008–2012 (Seite 128)

Abbildung 2 Freisetzungen gentechnisch veränderter Pflanzen in Deutschland (Seite 128)

Kapitel 10: Angela Osterheider, Lilian Marx-Stölting

Daten zu ausgewählten Indikatoren

Abbildung 1 Anzahl der Freisetzungsversuche (nach Orten) (Seite 198)

Abbildung 2 Umsatz gentechnisch veränderten Saatguts weltweit (Seite 201)

Abbildung 3 Aufwendungen des BMBF für die grüne Gentechnologie nach Jahren (Seite 207)

Abbildung 4 Anteil der öffentlichen Forschungsaufwendungen für die grüne Gentechnologie an den Ausgaben des BMBF (Seite 209)

Abbildung 5 Patentanmeldungen nach IPC-Klassifikation im Bereich grüner Gentechnologie 2000–2010 (Seite 212–213)

Abbildung 6 Summe der Patentanmeldungen im Bereich grüner Gentechnologie 2000–2010 (Seite 214)

Abbildung 7 Anzahl der patentanmeldenden Unternehmen und öffentlichen Einrichtungen im Bereich grüner Gentechnologie 2000–2010 (Seite 215)

- Abbildung 8 Öffentliche Ausgaben für die Risikoforschung im Bereich grüner Gentechnologie 2000–2011 (Seite 217)
- Abbildung 9 Anbauflächen einzelner Arten in Deutschland 2000–2012 (Seite 220–221)
- Abbildung 10 Flächenanteile einzelner Arten an der landwirtschaftlichen Nutzfläche in Deutschland 2000–2012 (Seite 222–223)
- Abbildung 11 Flächenanteil des Ökolandbaus an der gesamten landwirtschaftlichen Nutzfläche in Deutschland (Seite 227)
- Abbildung 12 In der EU als Lebensmittel und Futtermittel zugelassene gentechnisch veränderte Pflanzen, differenziert nach Anbau und Einfuhr (Seite 238–239)
- Abbildung 13 Anzahl der Zulassungen pro Unternehmen in der EU (Seite 243)
- Abbildung 14 Anzahl der Zulassungen pro Unternehmen in den USA (Seite 244)
- Tabelle 1 Problemfelder der grünen Gentechnik in Deutschland und Indikatoren zu ihrer Beschreibung (Seite 182)
- Tabelle 2 Anzahl der in der EU zugelassenen und nicht mehr gültigen Traits (Seite 192)
- Tabelle 3 Anzahl der Traits in Freisetzungsversuchen (Seite 195)
- Tabelle 4 Anzahl der Freisetzungsorte (Seite 199)
- Tabelle 5 Flächenanteil gentechnisch veränderter Pflanzen an der weltweiten Anbaufläche (Seite 203)
- Tabelle 6 Aufwendungen des BMBF für die grüne Gentechnologie nach Programmen und Zeitraum (Seite 206)
- Tabelle 7 Anteil gentechnisch veränderter Sorten an zugelassenen Sorten (Seite 219)
- Tabelle 8 Flächenanteil gentechnisch veränderter Sorten an der landwirtschaftlichen Nutzfläche einer Kulturart (Seite 225)
- Tabelle 9 Umfrageergebnisse zur Verbraucherakzeptanz der grünen Gentechnologie (Seite 230–231)
- Tabelle 10 Kaufbereitschaft für Lebensmittel mit gentechnisch veränderten Inhaltsstoffen (Seite 232)
- Tabelle 11 „Gentechnikfreie“ Regionen (Seite 234)
- Tabelle 12 Akzeptanz gentechnisch veränderter Pflanzen bei Landwirten (Seite 236)
- Tabelle 13 Sachbeschädigungen im Zusammenhang mit der Gentechnologie (Seite 241)

11.3 Autorinnen und Autoren

Dr. Heike Baron – Wissenschaftliche Mitarbeiterin bei i-bio Information Biowissenschaften, Aachen

Dr. Helmut Born – Generalsekretär des Deutschen Bauernverbandes, Berlin

Dr. Mathias Boysen – Partner mit Schwerpunkt Dialogprozesse am Deutschen Dialog Institut, Frankfurt am Main; ehemaliger Leiter der Geschäftsstelle der IAG „Gentechnologiebericht“, Berlin-Brandenburgische Akademie der Wissenschaften

Dr. Hans Rudolf Herren – Gründer und Präsident der Stiftung Biovision; Präsident der Millennium Foundation in Arlington, Virginia (USA); ehemaliger stellvertretender Vorsitzender des Weltagrarrats (IAASTD)

Prof. Dr. Michael Krawinkel – Professor für Ernährung des Menschen mit Schwerpunkt Ernährung in Entwicklungsländern, Justus-Liebig-Universität Gießen

Dr. Jonas Krebs – Project Development & Research Funding bei pearls – Potsdam Research Network, Potsdam

Dr. Lilian Marx-Stölting – Wissenschaftliche Mitarbeiterin der IAG „Gentechnologiebericht“, Berlin-Brandenburgische Akademie der Wissenschaften

Prof. Dr. Bernd Müller-Röber – Professor für Molekularbiologie, Universität Potsdam; Sprecher der IAG Gentechnologiebericht, Berlin-Brandenburgische Akademie der Wissenschaften

Angela Osterheider, M. A. – ehemalige Mitarbeiterin der IAG „Gentechnologiebericht“, Berlin-Brandenburgische Akademie der Wissenschaften und freie Autorin

Gerd Spelsberg – Leiter von i-bio Information Biowissenschaften, Aachen



Kristian Köchy, Anja Hümpel
(Hrsg.)

Synthetische Biologie.
Entwicklung einer neuen
Ingenieurbiologie?

Themenband der
interdisziplinären Arbeitsgruppe
„Gentechnologiebericht“

1. Auflage, 2012

Forschungsberichte der
interdisziplinären Arbeitsgruppen
der Berlin-Brandenburgischen
Akademie der Wissenschaften;
Bd. 30

ISBN 978-3-940647-07-8
Hardcover, 288 Seiten
EUR 39,90

Inhalt des Buches

Zusammenfassung

Interdisziplinäre Arbeitsgruppe
„Gentechnologiebericht“

Kernaussagen – und Handlungsempfehlungen

Kristian Köchy

1. Was ist Synthetische Biologie?

Julia Diekämper, Anja Hümpel

2. Synthetische Biologie in Deutschland. Eine methodische Einführung

Heiner Fangerau

3. Zur Geschichte der Synthetischen Biologie

Nediljko Budisa

4. Chemisch-synthetische Biologie

Natascha Hotz, Wilfried Weber

5. Therapeutische Perspektiven der Synthetischen Biologie

Hanna Wagner, Volker Morath

**Spotlight I: iGEM – Eine studentische
Ideenwerkstätte der Synthetischen
Biologie**

Kristian Köchy

**6. Philosophische Implikationen der
Synthetischen Biologie**

Hans-Jörg Rheinberger, Horst Bredekamp

**Spotlight II: Die neue Dimension des
Unheimlichen**

Johannes Achatz, Martin O'Malley,
Peter Kunzmann

**7. Der Stand der ethischen Diskussionen
um Synthetische Biologie**

Susanne Nessler

**Spotlight III: Biohacker – Über
Laienforscher und die Synthetische
Biologie**

Hille Haker

**8. Eine Verhältnisbestimmung von
Theologie und Synthetischer Biologie
aus ethischer Sicht**

Julia Diekämper

**9. Die Synthetische Biologie in den
Medien**

Mila Burghardt

**Spotlight IV: Its hot, its new, its alife –
Super Cell, der Supermarkt des Lebens**

Jürgen Hampel

**10. Synthetische Biologie – eine
unbekannte Technologie**

Anja Hümpel, Julia Diekämper

11. Daten zu ausgewählten Indikatoren

12. Anhang



Forum W – Wissenschaftlicher Verlag
Mühlenweg 2 · 65599 Dornburg

Email: verlag@forum-w.org

Fax: 06436 288838

www.forum-w.org



Boris Fehse, Silke Domasch (Hrsg.)

Gentherapie in Deutschland.
Eine interdisziplinäre
Bestandsaufnahme.
Themenband der
interdisziplinären Arbeitsgruppe
„Gentechnologiebericht“

2. aktualisierte und erweiterte
Auflage, 2011

(= Forschungsberichte der
interdisziplinären Arbeitsgruppen
der Berlin-Brandenburgischen
Akademie der Wissenschaften;
Bd. 27)

ISBN 978-3-940647-06-1
Hardcover, 312 Seiten
EUR 39,90

Zusammenfassung

Interdisziplinäre Arbeitsgruppe
„Gentechnologiebericht“

1. Kernaussagen und Handlungsempfehlungen

Silke Domasch, Boris Fehse

2. Gentherapie in Deutschland. Eine Einführung

- 2.1 Abgrenzungen und
Untersuchungsdimensionen
- 2.2 Vorgehen und Aufbau des Buches
- 2.3 Literatur

Boris Fehse, Christopher Baum, Manfred
Schmidt, Christof von Kalle

3. Stand wissenschaftlicher und medizinischer Entwicklungen

- 3.1 Entwicklung des Gentransfers
- 3.2 Status quo klinischer
Gentherapiestudien
- 3.3 Aktueller wissenschaftlich-technischer
Stand
- 3.4 Medizinischer Sachstand anhand
ausgewählter Indikationen
- 3.5 Zusammenfassung
- 3.6 Literatur

Charles Coutelle

4. Intrauterine Gentherapie. Ein Konzept zur vorgeburtlichen Prävention genetisch bedingter Erkrankungen

- 4.1 Einleitung
- 4.2 Wahl der Vektoren für die intrauterine
Gentherapie
- 4.3 Tiermodelle für in-utero-Gentherapie
- 4.4 Nachweis therapeutischer Erfolge im
Tiermodell
- 4.5 Hoffnungen und Risiken
- 4.6 Ausblick
- 4.7 Literatur

Bijan Fateh-Moghadam

5. Rechtliche Rahmenbedingungen der somatischen Gentherapie in Deutschland

- 5.1 Einleitung
- 5.2 Somatische Gentherapie am geborenen Menschen
- 5.3 Somatische Gentherapie an Ungeborenen
- 5.4 Gentechnische Eingriffe in die Keimbahn
- 5.5 Literaturverzeichnis

Michael Fuchs

6. Forschungsethische Aspekte der Gentherapie

- 6.1 Genetisches Wissen und verändernde Eingriffe in das menschliche Genom
- 6.2 Das Konzept der somatischen Gentherapie
- 6.3 Forschungsethische Prinzipien und ihre Anwendung auf die klinische Erprobung der somatischen Gentherapie
- 6.4 Prozeduren und Instanzen ethischer Urteilsbildung
- 6.5 Die Beurteilung nichtintendierter Wirkungen auf die Keimbahn
- 6.6 Transparenz in der scientific community und der Öffentlichkeit
- 6.7 Literatur

Christian Lenk

7. Gentransfer zwischen Therapie und Enhancement

- 7.1 Historische Entwicklung der Idee des Enhancement
- 7.2 Beispiele für denkbare genetische Enhancement-Maßnahmen
- 7.3 Zusammenfassung
- 7.4 Literatur

Jürgen Hampel

8. Wahrnehmung und Bewertung der Gentherapie in der deutschen Bevölkerung

- 8.1 Einleitung
- 8.2 Gentechnik und Gentherapie
- 8.3 Öffentlichkeit, öffentliche Meinung und Einstellungsforschung
- 8.4 Datenbasis
- 8.5 Bewertung der Gentherapie – Analysen des Eurobarometer von 2010
- 8.6 Zum Kontext der Bewertung der Gentherapie – Analysen des Eurobarometer von 2005
- 8.7 Fazit
- 8.8 Literatur

Silke Domasch, Angela Osterheider

9. Daten zu ausgewählten Indikatoren

- 9.1 Einführung und Übersicht
- 9.2 Daten zu Akzeptanz und Bewertung in der Bevölkerung, Forschungsstandort Deutschland, Produktentwicklung/ Transfer von Wissen in Produkte, Realisierung wissenschaftlicher und medizinischer Zielsetzungen
- 9.3 Zusammenfassung
- 9.4 Literatur

10. Anhang

- 10.1 Autorinnen und Autoren
- 10.2 Abbildungen und Tabellen
- 10.3 Fachspezifische Abkürzungen und Glossar



Forum W – Wissenschaftlicher Verlag
Mühlenweg 2 · 65597 Dornburg

Email: verlag@forum-w.org

Fax: 06436 288828

www.forum-w.org