



Bescheid 6786-01-0208 / 42010.0208

**Zusammenfassung der Risikobewertung von gentechnisch verändertem Mais
(*Zea mays* L.) 1507, 59122, 98140, 1507x59122, 98140x59122, 98140x1507 und
98140x1507x59122 im Rahmen eines Freisetzungsvorhabens,
durchgeführt von der deutschen zuständigen Behörde
Berlin, den 28. April 2010**

Der folgende Text fasst die Risikobewertung von gentechnisch veränderten Organismen zusammen, die für ein Freisetzungsvorhaben in Deutschland genutzt werden sollen. Der Text ist Bestandteil des Genehmigungsbescheids, der zu einem Antrag auf Genehmigung einer Freisetzung von gentechnisch veränderten Organismen nach der Richtlinie 2001/18/EG und dem deutschen Gentechnikgesetz (GenTG) erteilt worden ist. Der Bescheid wurde vom Bundesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit (BVL) als der in Deutschland nach dem Gentechnikrecht zuständigen Behörde ausgestellt und enthält die Abschnitte:

- I. Genehmigung
- II. Nebenbestimmungen
- III. Begründung
 - III.1. Genehmigungsvoraussetzungen gemäß § 16 GenTG
 - III.1.1. Genehmigungsvoraussetzungen gemäß § 16 Abs. 1 Nr. 1 GenTG
 - III.1.2. Genehmigungsvoraussetzungen gemäß § 16 Abs. 1 Nr. 3 GenTG
 - III.1.3. Genehmigungsvoraussetzungen gemäß § 16 Abs. 1 Nr. 2 GenTG
 - III.1.4. Genehmigungsvoraussetzungen gemäß § 16 Abs. 4 und 5 GenTG
 - III.2 Würdigung und Bescheid der Einwendungen
- IV. Kosten
- V. Rechtsbehelfsbelehrung

Nur der Bescheid ist rechtlich verbindlich. Der folgende Auszug umfasst das Kapitel III.1.2. des Bescheides und wurde für das Biosafety Clearing-House zusammengestellt.

III.1.2.1. Bewertung der durch die übertragenen Nukleinsäuresequenzen bewirkten Veränderungen in den gentechnisch veränderten Pflanzen

a) Das pat-Gen

Die Expression des übertragenen Gens für PAT findet unter der Kontrolle des konstitutiven CaMV 35S-Promotors sowie des CaMV 35S-Terminators statt.

Das pat-Gen kodiert für das Enzym Phosphinothricin-N-Acetyltransferase, welches Resistenz gegen den Wirkstoff L-Phosphinothricin vermittelt. In Herbiziden, wird

L-Phosphinothricin (= Glufosinat) meist als Ammoniumsalz Glufosinat-Ammonium eingesetzt. Der herbizide Bestandteil von Glufosinat-Ammonium ist L-Phosphinothricin (L-PPT). In Pflanzen bindet L-PPT an das aktive Zentrum der Glutaminsynthetase, verhindert damit den Abbau überschüssigen Ammoniums in der Pflanze und bewirkt dadurch ihr Absterben. PAT wandelt die herbizide Substanz L-PPT in das unwirksame N-Acetyl-L-Phosphinothricin (N-Acetyl-L-PPT) um. Die Expression von pat in den 1507-Maispflanzen bewirkt somit, dass das überschüssige Ammonium weiterhin durch die Glutaminsynthetase abgebaut werden kann und dass damit die 1507-Maispflanzen gegenüber dem Herbizid Glufosinat-Ammonium eine Toleranz besitzen. Freisetzungsexperimente mit 1507-Maispflanzen haben gezeigt, dass diese Toleranz auch noch bei Einsatz von 1600 g a.i./ha Glufosinat-Ammonium besteht; diese Menge übersteigt diejenige, die in der Praxis angewandt wird, um das 4-fache.

Es liegen keine Hinweise für sonstige physiologische Aktivitäten des in den 1507-Maispflanzen exprimierten PAT vor. Es ist folglich davon auszugehen, dass es neben der Bildung des PAT in den 1507-Maispflanzen und – bei Anwendung von Glufosinat-Ammonium – neben der oben beschriebenen Metabolisierung von L-PPT zu keiner weiteren Beeinflussung des pflanzlichen Stoffwechsels kommen wird. Diese Annahme stützt sich insbesondere auf die Ergebnisse der Inhaltsstoffanalytik. Aber auch die Bewertung der agronomischen Parameter sowie die phänotypische Charakterisierung der 1507-Maispflanzen lassen keine Einflüsse auf die pflanzliche Entwicklung und den Metabolismus durch die Expression der PAT erkennen.

In Mais 59122 erfolgt die Expression von PAT aus einem nahezu identischen Genkonstrukt wie in Mais 1507, die Bewertung stimmt daher mit der für den Mais 1507 überein.

Gefahren für die Gesundheit von Menschen und Tieren oder für die Umwelt durch die Freisetzung sind nach Ansicht des BVL in Übereinstimmung mit der ZKBS durch die Wirkungsweise der mittels Transformation eingebrachten pat-Gene nicht zu erwarten.

b) Das cry1F-Gen

Die Expression des übertragenen Gens für Cry1F findet konstitutiv unter der Kontrolle des ubiZM1(2)-Promotors und des ORF25PolyA-Terminators statt.

Das Gen cry1F kodiert für ein Bt-Toxin. Es liegen keine Hinweise für eine enzymatische Aktivität des in den 1507-Maispflanzen exprimierten Bt-Toxins vor. Es ist folglich davon auszugehen, dass es neben der Bildung des Bt-Toxins in den 1507-Maispflanzen zu keiner weiteren Beeinflussung des pflanzlichen Stoffwechsels kommen wird. Diese Annahme stützt sich insbesondere auf die Ergebnisse der Inhaltsstoffanalytik in Anträgen auf Inverkehrbringen. Aber auch die Bewertung der agronomischen Parameter sowie die phänotypische Charakte-

risierung der 1507-Maispflanzen lassen keine Einflüsse auf die pflanzliche Entwicklung und den Metabolismus durch die Expression des Bt-Toxins erkennen.

Gefahren für die Gesundheit von Menschen und Tieren sind durch die Wirkungsweise des mittels Transformation eingebrachten cry1F-Gens nach Ansicht des BVL in Übereinstimmung mit der ZKBS nicht zu erwarten. Aufgrund des selektiven Wirkungsmechanismus von Bt-Toxinen, u. a. durch spezifische Rezeptorbindung im Intestinaltrakt von empfindlichen Insekten, ist nicht mit einem schädlichen Einfluss der freigesetzten Maispflanzen auf die Umwelt zu rechnen.

c) Die cry34Ab1 und cry35Ab1-Gene

Die Expression der in den 59122-Maispflanzen enthaltenen Gene für Cry34Ab1 und Cry35Ab1 finden konstitutiv unter der Kontrolle des ubiZM1(2)- bzw des TA-PeroxidasePRO Promotors und des PIN II-Terminators statt.

Die Gene cry34Ab1 und cry 35Ab1 kodieren für Proteine von 14 bzw. 44 kDa, welche gemeinsam eine Toxizität gegenüber sensitiven Insekten bewirken. Fütterungsversuche weisen darauf hin, dass insbesondere Larven von Käfern der Familie der Chrysomeliden (z.B. *Diabrotica* sp.) durch eine Kombination der Proteine Cry34Ab1 und Cry35Ab1 abgetötet werden.

Es liegen keine Hinweise für eine enzymatische Aktivität der in den 59122-Maispflanzen exprimierten Bt-Toxine vor. Es ist folglich davon auszugehen, dass es neben der Bildung der Bt-Toxine in den 59122-Maispflanzen zu keiner weiteren Beeinflussung des pflanzlichen Stoffwechsels kommen wird.

Gefahren für die Gesundheit von Menschen und Tieren sind durch die Wirkungsweise der mittels Transformation eingebrachten cry34Ab1- und cry35Ab1-Gene nach Ansicht des BVL in Übereinstimmung mit der ZKBS nicht zu erwarten. Aufgrund des selektiven Wirkungsmechanismus von Bt-Toxinen, u. a. durch spezifische Rezeptorbindung im Intestinaltrakt von empfindlichen Insekten, ist nicht mit einem schädlichen Einfluss der freigesetzten Maispflanzen auf die Umwelt zu rechnen.

d) Das gat4621-Gen

Die übertragene Expressionskassette enthält ein von einem Glyphosat-N-Acetyltransferase Gen (*gat*) aus dem Bodenbakterium *Bacillus licheniformis* abgeleitetes Gen. Das gat4621-Gen wurde über ein Gene-Shuffling-Verfahren aus verschiedenen natürlichen Varianten des Gens synthetisiert. Das Gen kodiert für ein Glyphosat-N-Acetyltransferase Protein, welches eine Toleranz gegenüber glyphosathaltigen Herbiziden bewirkt.

Die Expression des veränderten Glyphosat-N-Acetyltransferase-Proteins aus *Bacillus licheniformis* findet unter der Kontrolle eines konstitutiven Promotors statt und bewirkt eine Toleranz gegenüber Glyphosat.

Das Enzym 5-Enolpyruvylshikimat-3-phosphat-Synthase (EPSPS) katalysiert im Chloroplasten die Reaktion des Shikimat-3-phosphat mit Phosphoenolpyruvat zum 5-Enolpyruvylshikimat-3-phosphat, eine Zwischenstufe für die Biosynthese aromatischer Aminosäuren und anderer aromatischer Substanzen des pflanzlichen Sekundärstoffwechsels. Dieser Stoffwechselweg wird durch den Wirkstoff Glyphosat gehemmt, was in der Folge zum Absterben der Pflanze führt.

Durch die in den genetisch veränderten Maispflanzen exprimierte Glyphosat-N-Acetyltransferase wird der Wirkstoff Glyphosat entgiftet, indem eine Acetylgruppe aus Acetyl-CoA auf die Aminogruppe des Glyphosats übertragen wird. Das so gebildete N-Acetylglyphosat ist nicht in der Lage, die Aktivität des EPSPS-Enzyms zu hemmen, und die gentechnisch veränderten Maispflanzen können trotz Glyphosatbehandlung wachsen.

Für eine Sicherheitsbewertung des exprimierten Proteins wurden von der Antragstellerin die Aminosäuresequenzen mit Sequenzen aus verschiedenen Datenbanken im Hinblick auf potentielle Allergenität oder Toxizität verglichen. In bioinformatischen Analysen konnte für das Protein keine signifikante Ähnlichkeit mit bekannten oder vermuteten Allergenen und Toxinen identifiziert werden.

Mit dem exprimierten Protein wurde eine Einzeldosis-Fütterungsstudie mit Mäusen durchgeführt. Dabei wurden Mäusen einmalig Dosen von 1640 mg/kg Körpergewicht GAT4621-Protein verabreicht. Die Mäuse wurden 14 Tage beobachtet und anschließend getötet und untersucht. Aus den Studien ergaben sich keine Anzeichen für eine akute Toxizität des Proteins.

Gefahren für die Gesundheit von Menschen und Tieren oder für die Umwelt durch die Freisetzung sind nach Ansicht des BVL in Übereinstimmung mit der ZKBS durch die Wirkungsweise des mittels Transformation eingebrachten *gat4621*-Gens nicht zu erwarten.

e) Das *zm-hra* –Gen

Die übertragene Expressionskassette enthält ein modifiziertes Gen *hra* aus Mais. Das Gen kodiert für eine modifizierte Acetolaktatsynthase, welche eine Toleranz gegenüber verschiedenen Acetolaktatsynthase-inhibierenden Herbiziden wie beispielsweise Sulfonylharnstoffen bewirkt.

Die Expression des modifizierten Mais-Acetolaktatsynthase-Proteins findet unter der Kontrolle eines konstitutiven Promotors statt und bewirkt eine Toleranz gegenüber einer Reihe von Acetolaktatsynthase inhibierenden Herbiziden.

Das Acetolaktatsynthase-Enzym (ALS) spielt eine Schlüsselrolle im biochemischen Syntheseweg der verzweigten Aminosäuren Leucin, Isoleucin und Valin. Durch die Anwendung von ALS-hemmenden Herbiziden wird dieser Syntheseweg blockiert. Der Mangel an den genannten Aminosäuren behindert die Proteinsynthese und führt so zum Absterben der Pflanze.

Die in die beantragte Maislinie eingebrachte modifizierte Variante der endogenen Mais-ALS wird im Gegensatz zur Ausgangsvariante nicht durch die entsprechenden Herbizide in ihrer Aktivität gehemmt. Daher kann in den gentechnisch veränderten Maispflanzen der Biosyntheseweg für die verzweigten Aminosäuren weiter ablaufen und die Pflanzen können sich ungehindert entwickeln.

Für eine Sicherheitsbewertung des exprimierten Proteins wurden von der Antragstellerin die Aminosäuresequenzen mit Sequenzen aus verschiedenen Datenbanken im Hinblick auf potentielle Allergenität oder Toxizität verglichen. In bioinformatischen Analysen konnte für das Protein keine signifikante Ähnlichkeit mit bekannten oder vermuteten Allergenen und Toxinen identifiziert werden.

Ein Vergleich der Proteinsequenz von ZM-HRA zeigte Ähnlichkeiten mit ALS-Enzymen verschiedener Nutzpflanzen und Wildkräuter sowie geringere Übereinstimmungen mit ALS-Sequenzen von Bakterien und Pilzen. Keine der überprüften Proteinübereinstimmungen betraf Toxine oder antinutritive Stoffe oder stellten augenscheinlich Gesundheitsgefahren dar.

Mit dem exprimierten Protein wurde eine Einzeldosis-Fütterungsstudie mit Mäusen durchgeführt. Dabei wurden Mäusen einmalig Dosen von 1236 mg/kg Körpergewicht ZM-HRA-Protein verabreicht. Die Mäuse wurden 14 Tage beobachtet und anschließend getötet und untersucht. Aus den Studien ergaben sich keine Anzeichen für eine akute Toxizität des exprimierten Proteins.

Gefahren für die Gesundheit von Menschen und Tieren oder für die Umwelt durch die Freisetzung sind nach Ansicht des BVL in Übereinstimmung mit der ZKBS durch die Wirkungsweise des mittels Transformation eingebrachten *zm-hra*-Gens nicht zu erwarten.

f) Kombinierte Expression

Die Proteine PAT, Cry1F, Cry34Ab1, Cry35Ab1, GAT4621 und ZM-HRA werden zusammen in der Hybride 98140x1507x59122 und zum Teil in den Hybriden 1507x59122, 98140x59122 und 98140x1507 exprimiert. Von einer gegenseitigen Beeinflussung der Proteine in planta ist nicht auszugehen, da eine Stoffwechselaktivität der Bt-Proteine nicht gegeben ist und die enzymatischen Aktivitäten von PAT, GAT4621 und ZM-HRA klar begrenzt sind. Die Proteine werden im Magensaft von Säugern zersetzt. Es sind keine Gefahren für die Gesundheit von

Menschen und Tieren oder für die Umwelt durch die gemeinsame Expression von PAT, Cry1F, Cry34Ab1, Cry35Ab1, GAT4621 und ZM-HRA in den Hybriden zu erwarten.

g) Positionseffekte und Kontextänderungen; Allergenität

Die Expressionsstärke von Genen, die mittels gentechnischer Methoden in das Genom von Pflanzen integriert werden, ist abhängig vom Integrationsort im Chromosom bzw. von der Umgebung des Integrationsortes („Positionseffekt“). Unter Freilandbedingungen kann die Expressionsstärke zudem durch Umwelteinflüsse, z. B. durch die Temperatur, beeinflusst werden. Im vorliegenden Fall könnte dies dazu führen, dass die Eigenschaften des gentechnisch veränderten Mais im Freiland nicht in gleichem Maße ausgeprägt sind wie unter Klimakammer- oder Gewächshausbedingungen. Risiken für die Umwelt oder die Gesundheit von Menschen oder Tieren sind daraus nicht abzuleiten. Durch die Insertion der Fremdgene kann es zu Beeinflussungen der Expression oder Regulation pflanzeigener Gene am bzw. in der Nähe des Insertionsortes kommen. Beeinflussungen pflanzlicher Stoffwechselwege durch solche Vorgänge sind möglich. Während der bisherigen Arbeiten mit den gentechnisch veränderten Pflanzen wurden jedoch keine Beobachtungen gemacht, die auf ein solches Ereignis schließen lassen.

Bewegliche genetische Elemente (transponierbare Elemente), die durch Transposition im Genom Effekte auf am Zielort vorhandene Pflanzengene ausüben können, kommen natürlicherweise in Pflanzen vor. Inaktivierungen von Genen bzw. Änderungen der Regulation von Genen treten auch durch eine Reihe weiterer natürlicher Vorgänge, z. B. Punktmutationen, Deletionen oder Translokationen, auf und werden üblicherweise in der Pflanzenzüchtung genutzt. Eine mögliche Beeinflussung pflanzlicher Stoffwechselwege durch solche Ereignisse ist daher jederzeit auch in nicht gentechnisch veränderten Pflanzen möglich. Insofern unterscheiden sich die hier freizusetzenden gentechnisch veränderten Pflanzen in ihren diesbezüglichen Eigenschaften nicht grundsätzlich von nicht gentechnisch veränderten Pflanzen.

Die EFSA hat die Sicherheit der Verwendung von Mais mit den Events 1507, 59122, 98140, 1507x59122, 98140x59122, 98140x1507 und 98140x1507x59122 als Lebensmittel bewertet und festgestellt, dass keine Hinweise auf eine erhöhte Allergenität im Vergleich zu konventionellem Mais vorliegen

Es ist in dem, zur Genehmigung beantragten Freisetzungsvorhaben nicht vorgesehen, den gentechnisch veränderten Mais als Lebensmittel oder Futtermittel zu verwenden.

III.1.2.2. Bewertung der Fähigkeit der gentechnisch veränderten Pflanzen, im Freiland zu überdauern oder sich zu etablieren

Maispflanzen und Maissamen sind nicht winterhart. Mais ist unter den klimatischen Bedingungen Mitteleuropas nicht überdauerungsfähig. Das in die Maispflanzen bzw. -samen ein-

geführte Erbmaterialeleiht eine Resistenz gegen den Befall durch bestimmte Coleopteren und Lepidopteren sowie eine Toleranz gegenüber den Herbizidwirkstoffen Glyphosat, Glufosinat-Ammonium und Acetolaktatsynthase-inhibierenden Herbiziden. Es ist davon auszugehen, dass die Überdauerungseigenschaften nicht verändert worden sind.

Es ist möglich, dass der gentechnisch veränderte Mais im Verlauf der Vegetationsperiode zur Körnerreife gelangt. Eine Etablierung von Durchwuchsmais ist selbst bei Körnermais, der in der Vollreife geerntet wird, in der Flora Mitteleuropas nicht beobachtet worden. Sollten nach Beendigung der Freisetzung auf der Versuchsfläche gentechnisch veränderte Maispflanzen auflaufen, so würden diese durch die in der Nebenbestimmung II.9. zur Auflage gemachte Anbaupause und Nachkontrolle erfasst und beseitigt werden. Damit wird eine zeitliche und räumliche Begrenzung des Freisetzungsvorhabens sicher gestellt.

Nach Abschluss der vorgesehenen Versuchsreihen ist zur Entsorgung vorgesehen, die gentechnisch veränderten Maispflanzen sowie die nicht gentechnisch veränderten Maispflanzen zu häckseln und in den Boden zur Verrottung einzuarbeiten. Alternativ kann das Erntematerial gehäckselt und in eine Biogasanlage verbracht werden. Auch wenn ein Teil der Maiskörner durch das Häckseln nicht zerstört werden sollte, so ist davon auszugehen, dass sich aus diesen unter Freilandbedingungen keine überdauerungsfähigen Pflanzen entwickeln können.

Die nicht gentechnisch veränderten Maispflanzen der Mantelsaat werden wie die gentechnisch veränderten Versuchspflanzen entsorgt.

III.1.2.3. Bewertung der Möglichkeit einer Übertragung der eingeführten Gene von den gentechnisch veränderten Pflanzen durch Pollen auf andere Pflanzen

Eine Übertragung der eingeführten Gene von den gentechnisch veränderten Maispflanzen auf Pflanzen anderer Arten ist nicht möglich, da Mais in der mitteleuropäischen Flora keine Kreuzungspartner besitzt. Im Folgenden wird daher nur auf eine mögliche Pollenübertragung von den gentechnisch veränderten Maispflanzen auf andere Maispflanzen eingegangen.

Maispollen wird in der Regel durch den Wind verbreitet. Bei der Erzeugung von Hybridsaatgut von Mais wird in der Saatgutverordnung - ohne weitere Isolierungsmaßnahmen - eine Mindestentfernung von 200 m zu anderen Maisfeldern vorgeschrieben, um eine Einkreuzung durch sortenfremden Pollen ausreichend zu minimieren.

Die räumliche Begrenzung der Freisetzung wird durch den in Nebenbestimmung II. 12. festgelegten Isolationsabstand zu allen weiteren, nicht gentechnisch veränderten Maisbeständen sichergestellt.

III.1.2.4. Bewertung der Möglichkeit einer Übertragung der eingeführten Fremdgene von den gentechnisch veränderten Pflanzen über horizontalen Gentransfer auf Mikroorganismen

(a) Die Gene *pat*, *cry1F*, *cry35Ab1*, *cry34Ab1*, *gat4621* und *zm-hra*

Die eingeführten Sequenzen sind stabil in das Genom der Empfängerorganismen integriert. Beweise für eine unter natürlichen Bedingungen stattfindende Übertragung genetischer Information aus Pflanzen und ihrer Expression in Mikroorganismen liegen nicht vor. Untersuchungen zur Transformationsfähigkeit von Bodenbakterien unter natürlichen Bedingungen lassen jedoch folgern, dass auch eine Übertragung pflanzlichen genetischen Materials auf Bodenbakterien prinzipiell möglich sein kann, wenngleich davon auszugehen ist, dass ein solcher Gentransfer ein sehr seltenes Ereignis darstellen würde.

Soweit anzunehmen ist, dass ein genetischer Austausch zwischen taxonomisch so weit voneinander entfernten Organismen wie Pflanzen und Bakterien tatsächlich stattfindet, wäre zu folgern, dass das Vorkommen eines solchen Austauschs von heterologem Erbmaterial allein betrachtet kein Sicherheitskriterium sein kann, da als Folge eines solchen Austauschs immer die Aufnahme von jedwedem heterologen Erbmaterial, also jedweder pflanzlichen DNA, möglich wäre.

Die gentechnisch veränderten Pflanzen enthalten Kopien des *pat*-Gens, des *cry1F*-Gens, der *cry34Ab1*- und *cry35Ab1*-Gene, des *gat4621*-Gens und des *zm-hra*-Gens.

Bacillus licheniformis ist ein weit verbreitetes Bodenbakterium. Es ist daher davon auszugehen, dass die Ausgangsformen der übertragenen Glyphosat-N-Acetyltransferase (*GAT4621*) in der Natur vorkommen und ähnliche Wirkmechanismen aufweisen. Das *zm-hra* Gen ist ein modifiziertes endogenes Mais-Gen mit großer Ähnlichkeit zu Acetolaktatsynthasen aus Mais und anderen Pflanzen. ALS ist ein in der Natur weit verbreitetes und in vielen Varianten vorkommendes Stoffwechsellenzym.

Die Inaktivierung von Phosphinothricin durch Acetylierung ist ein bei Bodenmikroorganismen natürlicherweise vorkommender Prozess. Bakterien mit einer entsprechenden Resistenz sind in der Umwelt verbreitet. Diese Resistenz kann sich also auch durch horizontalen Gentransfer von nicht gentechnisch veränderten Mikroorganismen ausbreiten. Selbst im Falle eines Transfers des *pat*-Gens von den gentechnisch veränderten Pflanzen in Mikroorganismen würde die Gesamtfrequenz dieser Resistenz in der Umwelt nicht erkennbar erhöht.

Die *cry1F*, *cry34Ab1* und *cry35Ab1* Gene stammen aus *Bacillus thuringiensis*, einem ubiquitär verbreiteten Bodenbakterium. Selbst im Falle eines Transfers dieser Gene von den gentechnisch veränderten Pflanzen auf Mikroorganismen würde die Gesamtfrequenz der Gene in der Umwelt nicht erkennbar erhöht. Ökologische Konsequenzen eines solchen Gentransfers sind nicht wahrscheinlich.

(b) Regulationssequenzen

Auch bei einer Übertragung der in den Konstrukten verwendeten Regulationssequenzen ist eine bedeutsame Erhöhung der Gesamtfrequenz der entsprechenden DNA-Sequenzen nicht zu befürchten. Diese Regulationssequenzen stammen aus *Agrobacterium tumefaciens*, Blumenkohl Mosaik Virus, Mais, Kartoffel und Weizen und sind in Pflanzen oder in Bodenorganismen häufig anzutreffen.

Ökologische Konsequenzen eines solchen Gentransfers sind daher nicht wahrscheinlich.

(c) Weitere innerhalb der übertragenen DNA gelegene Abschnitte

Die zur Transformation von Mais 1507, Mais 59122 und Mais 98140 übertragenen DNA-Fragmente enthalten neben den unter (a) genannten Expressionskassetten nur mehrere kürzere Nukleotidabschnitte mit den Erkennungssequenzen für Restriktionsendonukleasen, die für molekularbiologische Arbeiten von Bedeutung sind. Weitere Funktionen sind für diese kurzen Abschnitte nicht bekannt.

(d) Außerhalb der T-DNA gelegene Sequenzen (im Fall 59122 und 98140)

Auf Grund von Untersuchungsergebnissen, die in den Antragsunterlagen dargestellt sind, ist davon auszugehen, dass die außerhalb der T-DNA-Border-Regionen liegenden Nukleinsäureabschnitte des Plasmids PHP17662 bzw. PHP24279 nicht in das Genom der gentechnisch veränderten Maispflanzen übertragen worden sind.