



Bescheid 6786-01-0112 / 42010.0112

**Zusammenfassung der Risikobewertung von gentechnisch verändertem Raps
(*Brassica napus* L. ssp. *oleifera*. (Metzg.) Sinsk.) GT73
im Rahmen eines Freisetzungsvorhabens,
durchgeführt von der deutschen zuständigen Behörde
Berlin, den 30. Juli 1999**

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 dem gentechnisch veränderten Raps

(a) Das Gen für eine Glyphosat-tolerante 5-Enolpyruvylshikimat-3-Phosphat-Synthase (EPSPS)

Die Expression des in den gentechnisch veränderten Raps übertragenen Gens für eine Glyphosat-tolerante EPSPS aus *Agrobacterium* sp. Stamm CP4, dem die DNA-Sequenz für das Transitpeptid der EPSPS aus *Arabidopsis thaliana* vorgeschaltet ist, findet konstitutiv unter der Kontrolle des P-CMoVb-Promotor des figwort mosaic virus und der E9-3'-

Terminatorsequenz aus *Pisum sativum* statt. Die Nukleinsäuresequenz des *epsps*-Gens wurde der für Pflanzen typischen Codonverwendung angepaßt.

Die als Ergebnis der Transformation in dem gentechnisch veränderten Raps gebildete EPSPS wie auch die endogene EPSPS katalysieren die Reaktion vom Shikimat-3-Phosphat mit Phosphoenolpyruvat zum 5-Enolpyruvyl-shikimat-3-Phosphat als Zwischenstufe für die Biosynthese aromatischer Aminosäuren. Im Gegensatz zu der endogenen EPSPS kann die gentechnisch in den Raps eingebrachte EPSPS durch Glyphosat nicht gehemmt werden. Die Vorschaltung des Transitpeptids der EPSPS aus *Arabidopsis thaliana* bewirkt den posttranslationalen Import des chimären Proteins in die Chloroplasten.

Die in dem gentechnisch veränderten Raps neu gebildete EPSPS katalysiert dort die gleiche Reaktion wie entsprechende Enzyme, die natürlicherweise in Raps und anderen Kulturpflanzen vorkommen. Da dem Transitpeptid der EPSPS wie auch anderen derzeit bekannten Signalpeptiden, ob prozessiert oder unprozessiert, kein gesundheitsschädliches Potential zuerkannt wird, ist davon auszugehen, daß dies auch für den Komplex aus Transitpeptid und Enzym (hier EPSPS) zutrifft. Es gibt keine Anhaltspunkte, die eine toxische Wirkung der neu gebildeten EPSPS erwarten lassen.

Gefahren für die Gesundheit von Menschen und Tieren oder für die Umwelt sind durch die Wirkungsweise der mittels Transformation eingebrachten EPSPS nicht zu erwarten.

(b) Das Gen für die Glyphosat-Oxidoreduktase (GOX)

Die Expression des in dem gentechnisch veränderten Raps enthaltenen Gens für eine Glyphosat-Oxidoreduktase (GOX), dem die DNA-Sequenz für das Transitpeptid der kleinen Untereinheit der Ribulose-1,5-Bisphosphat-Carboxylase/Oxygenase aus *Arabidopsis thaliana* vorgeschaltet ist, findet konstitutiv unter der Kontrolle des P-CMoVb-Promotor des figwort mosaic virus und der E9-3'-Terminatorsequenz aus *Pisum sativum* statt. Die Nukleinsäuresequenz des verwendeten *gox*-Gens ist aus der Sequenz eines *gox*-Gens aus dem *Achromobacter sp.* Stamm LBAA abgeleitet. Die zur Transformation verwendete Nukleinsäuresequenz des *gox*-Gens ist der für Pflanzen typischen Codonverwendung angepaßt worden. Das Gen-Produkt ist in drei Aminosäurepositionen verändert worden, so daß das Enzym einen 10fach verminderten apparenten K_m -Wert für Glyphosat besitzt.

Die Expression des *gox*-Gens bewirkt, daß bei Behandlung der transgenen Pflanzen mit dem Herbizid Roundup dessen Wirkstoff Glyphosat über Aminomethylphosphonsäure (AMPA) und Glyoxylat zu pflanzeigenen Stoffwechselprodukten abgebaut wird. Da dem Transitpeptid der kleinen Untereinheit der Ribulose-1,5-Bisphosphat-Carboxylase/Oxygenase aus *Arabidopsis thaliana* wie auch anderen derzeit bekannten Signalpeptiden, ob prozessiert oder unprozessiert, kein gesundheitsschädliches Potential zuerkannt wird, ist davon auszugehen, daß dies auch für den Komplex aus Transitpeptid und Enzym (hier GOX) zutrifft. Es gibt keine Anhaltspunkte, die eine toxische Wirkung der neu gebildeten GOX erwarten lassen.

Roundup mit dem Wirkstoff Glyphosat ist ein nichtselektives, systemisch wirkendes Blattherbizid, das durch den Saftstrom in alle Pflanzenteile verteilt wird. Durch die Aktivität der Glyphosat-Oxidoreduktase werden aus dem Herbizid die Metabolite Glyoxylat und AMPA gebildet. Glyoxylat ist ein Metabolit, der natürlicherweise in Pflanzen vorkommt; AMPA hingegen ist ein Stoffwechselprodukt, das spezifisch durch den Abbau von Glyphosat entsteht. Aufgrund der vorgelegten Daten ergibt sich, daß das GOX-Enzym ein enges Substratspektrum hat, und daß daher Auswirkungen auf andere pflanzenspezifische Stoffwechselwege nicht zu erwarten sind. Der Metabolit AMPA entsteht auch bei Einsatz des Herbizides in Pflanzen, die nicht tolerant sind gegen das Herbizid. Auch beim Abbau des Herbizides durch Bodenmikroorganismen wird dieser Metabolit gebildet. Das Herbizid ist für eine Vielzahl von agronomi-

schen Anwendungen von der Biologischen Bundesanstalt nach dem Pflanzenschutzgesetz zugelassen, unter anderem auch für den Vorernte-Einsatz bei Getreide. Im Rahmen dieser Zulassung wurde auch eine toxikologische und ökotoxikologische Bewertung des Mittels und seiner Metabolite vorgenommen.

Die gentechnisch veränderten Rapspflanzen werden nach Versuchsende entsorgt und sind nicht zum Verzehr oder zur Verfütterung vorgesehen. Gefährdungen der Gesundheit von Menschen oder Tieren durch in den gentechnisch veränderten Rapspflanzen enthaltene Rückstände oder Metabolite des Herbizids Glyphosat im Falle eines Verzehrs von Pflanzenteilen wären aufgrund der Toxizitätsdaten nicht zu erwarten.

Ebenso wären schädliche Einwirkungen des in den gentechnisch veränderten Rapspflanzen enthaltenen GOX-Proteins bei einem Verzehr von Pflanzenteilen durch Tiere oder Menschen nicht zu erwarten. Bei einer oralen Aufnahme wäre davon auszugehen, daß das Enzym ebenso wie Proteine im allgemeinen im Verdauungstrakt abgebaut würde.

(c) Bordersequenzen aus Ti-Plasmiden und Regulationssequenzen

Der gentechnisch veränderte Raps enthält Sequenzen der linken und rechten Borderregion des binären Plasmids pMON17237. Das Plasmid stammen ursprünglich aus *A. tumefaciens*. Abhängig von den Genprodukten der *vir*-Region eines in dem zur Transformation verwendeten *Agrobacterium*-Stamm vorhandenen Helferplasmids, das nicht in die Pflanzen übertragen wurde, bewirkten diese Sequenzen die Integration der zwischen den Borderregionen liegenden Gene in Chromosomen des Rapses. Diese Borderregionen der Ti-Plasmide sind in dem gentechnisch veränderten Raps funktionslos und lassen keine Veränderungen in den Pflanzen erwarten.

Der gentechnisch veränderte Raps enthält ins Genom integriert den P-CMoVb-Promotor des figwort mosaic virus und die E9-3'-Terminatorsequenz aus *Pisum sativum*. Die Promotor- und Terminatorsequenzen regeln die Expression der zwischen ihnen liegenden kodierenden Sequenzen für die chimären Gene in dem gentechnisch veränderten Raps. Ausführungen zu den Auswirkungen der Bildung dieser Enzyme in den gentechnisch veränderten Rapspflanzen finden sich unter III.1.2.1 (a) und (b).

(d) Außerhalb der T-DNA gelegene Sequenzen

In der Regel werden bei Transformationen mit Hilfe von Agrobakterien nur die innerhalb der Borderregionen liegenden Sequenzen des verwendeten binären Vektors ins Pflanzengenom integriert. Eine Übertragung von Sequenzen jenseits der Borderregionen wurde jedoch im Einzelfall berichtet; im vorliegenden Fall ist aufgrund der von der Antragstellerin vorgelegten Untersuchungsergebnisse nicht davon auszugehen, daß Sequenzen des binären Vektors außerhalb der Border übertragen wurden.

Sollten jedoch wider Erwarten Sequenzen jenseits der T-DNA-Bordersequenzen ins Pflanzengenom übertragen worden sein, so wäre dies folgendermaßen zu bewerten: Das *aadA*-Gen, das für ein Streptomycin/Spectinomycin-Resistenzgen kodiert, steht unter der Kontrolle eines prokaryotischen Promotors. Es ist deshalb nicht zu erwarten, daß dieses Gen in Pflanzen exprimiert würde. Auswirkungen auf den pflanzlichen Stoffwechsel wären daher ebensowenig zu erwarten wie Auswirkungen auf Menschen oder Tiere nach einem eventuellen Verzehr der gentechnisch veränderten Pflanzen oder von Teilen der Pflanzen. Für die Replikationsursprünge des verwendeten binären Vektors (*ori-322* zur Replikation in *E. coli* und *ori-V* zur Replikation des binären Vektors in *Agrobacterium tumefaciens*) gibt es keinerlei Hinweise, daß diese Replikationsregionen in höheren Pflanzen eine Funktion haben.

(e) Positionseffekte und Kontextänderungen; Allergenität

Die Expressionsstärke von Genen, die mittels gentechnischer Methoden in das Genom von Pflanzen integriert werden, ist abhängig vom Insertionsort im Chromosom bzw. von der Umgebung des Insertionsorts ("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 gentechnisch veränderten Pflanzen im Freiland nicht in gleichem Maß tolerant gegenüber Glyphosat sind wie unter Klimakammer- oder Gewächshausbedingungen. Dies könnte bei Anwendung von Roundup zu einer Schädigung der gentechnisch veränderten Pflanzen führen. 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 Insertionsorts kommen. Beeinflussungen pflanzlicher Stoffwechselwege durch solche Vorgänge sind möglich. Während der Vermehrung der gentechnisch veränderten Pflanzen im Gewächshaus und bei zahlreichen Freisetzung mit diesen gentechnisch veränderten Pflanzen in Deutschland und im Ausland wurden jedoch keine Beobachtungen gemacht, die auf ein solches Ereignis hindeuten.

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 grundsätzlich nicht von nicht gentechnisch veränderten Pflanzen.

Es ist beim gegenwärtigen Kenntnisstand nicht möglich, aus der Aminosäuresequenz eines Proteins Vorhersagen über eine mögliche allergene Wirkung des Proteins zu machen. Aus den bisherigen Versuchen mit dem gentechnisch veränderten Raps in Gewächshäusern sowie aus Freisetzungen im In- und Ausland liegen keine Hinweise auf eine erhöhte Allergenität der Pollen dieser Pflanzen vor.

Es ist in diesem Zusammenhang zu erwähnen, daß Raps, der durch Züchtung aus der Transformante GT73 entsteht, in Kanada und in den USA nach Prüfung durch die dortigen Behörden bereits zur uneingeschränkten kommerziellen Produktion und Nutzung freigegeben ist.

Raffiniertes Öl aus gentechnisch verändertem Raps, der auf das Transformationsereignis GT73 zurückgeht, ist seit November 1997 bei der Europäischen Kommission als neuartiges Lebensmittel und neuartige Lebensmittelzutat angemeldet.

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

Sommerraps ist eine einjährige Pflanze, Winterraps ist eine überjährige Pflanze. Nach der generativen Phase stirbt die Pflanze ab, nur aus den gebildeten Samen können neue Pflanzen entstehen. Rapsamen können, wenn sie in tiefere Bodenschichten gelangen und eine sekundäre Keimruhe eintritt, im Boden mehr als 10 Jahre überdauern. Eine Überdauerung von Samen der gentechnisch veränderten Rapspflanzen kann dadurch minimiert werden, daß jeweils im Anschluß an die Ernte durch geeignete Maßnahmen ausgefallene Samen noch während der gleichen Vegetationsperiode zur Keimung gebracht werden. Die daraus

auflaufenden Pflanzen können leicht zerstört werden. Entsprechende Maßnahmen sind, sofern sie nicht der Antragsteller vorsieht, Gegenstand der Nebenbestimmung II.9.

Nach Durchführung dieser Maßnahmen dennoch im Boden verbliebene Rapsamen und ggf. Samen von Rapsbastarden gelangen im Verlauf der vorgesehenen üblichen landwirtschaftlichen Nutzung durch Bodenbearbeitung wieder in die Nähe der Bodenoberfläche und können keimen. Die daraus entstehenden Pflanzen werden durch die nach Versuchsende vorgesehene Nachkontrolle erfaßt und zerstört. Die gemäß Nebenbestimmung II.10. vorgesehene Dauer der Nachkontrolle auf nachwachsende Rapspflanzen von zwei Jahren wird als ausreichend betrachtet. Sollten im letzten Jahr der Nachkontrolle noch gentechnisch veränderte Rapspflanzen oder Rapsbastarde auftreten, so ist die Nachkontrolle um ein Jahr zu verlängern. Zur Gewährleistung des Erfassens von nachwachsenden Rapspflanzen ist vorgesehen, auf der Versuchsfläche während der Dauer der Nachkontrolle keinen Raps anzubauen. Durch diese Anbaupause wird gewährleistet, daß die ggf. nachwachsenden Rapspflanzen und Rapsbastarde erkannt und zerstört werden können.

Gentechnisch veränderte Raps sämlinge, die nach Ende der Nachkontrolle auf der Versuchsfläche auflaufen könnten, stellen weder bezüglich einer Pollenübertragung auf andere Pflanzen (siehe III.1.2.3.) noch bezüglich einer längerfristigen Etablierung ein Problem dar.

Raps kommt - außerhalb des landwirtschaftlichen Anbaus - nur auf bzw. in der Nachbarschaft zu Anbauflächen, z. B. auf Wegrändern und Ruderalflächen, als Unkraut vor. In natürlichen, intakten Pflanzengesellschaften kann sich Raps nicht etablieren.

Es ist nicht davon auszugehen, daß der gentechnisch veränderte Raps durch die eingebrachten Gene veränderte pflanzensoziologische Eigenschaften entwickelt und andere Biotope besiedeln kann. Einen Selektionsvorteil besitzen dieser Raps gegenüber anderen Pflanzen nur dort, wo Glyphosat als Herbizidwirkstoff zur Anwendung kommt. Versuche in Großbritannien mit gentechnisch verändertem, herbizidtolerantem Raps bestätigten, daß sich weder die gentechnisch veränderten Pflanzen noch die nicht gentechnisch veränderten Kontrollpflanzen an natürlichen Standorten etablieren konnten.

Deshalb ist auch im Falle des noch vereinzelt auftretenden gentechnisch veränderter Raps sämlinge und eventuell möglicher Pollenübertragung auf nicht gentechnisch veränderte Pflanzen eine dauerhafte Verbreitung des gentechnisch veränderten Raps nicht zu erwarten; schädigende Einwirkungen auf Ökosysteme sind ebensowenig zu erwarten.

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

Innerhalb von Rapsbeständen findet zu etwa zwei Dritteln Selbstbestäubung und zu etwa einem Drittel Fremdbestäubung statt. Dieser Rapspollen wird vorwiegend durch Insekten und über geringere Entfernungen auch durch den Wind verbreitet.

Gemäß Nebenbestimmung II.7. ist bei diesem Freilandversuch für die gentechnisch veränderten Rapspflanzen ein Mindestabstand von 50 m in Kombination mit einer 3 m breiten Mantelsaat bzw. ein Mindestabstand von 100 m ohne Mantelsaat zu benachbarten Raps- und Rübsenbeständen (*Brassica napus* und *B. campestris*) inklusive ihrer Ruderal- und Wildformen einzuhalten. Eine Mantelsaat bzw. der Isolationsabstand sind geeignet, den Austrag von Pollen aus der Versuchsfläche deutlich zu reduzieren. Es ist jedoch davon auszugehen, daß Rapspollen durch Insekten in geringem Umfang auch über den Isolationsabstand von 50 m bzw. 100 m hinausgetragen werden kann.

Es ist nicht auszuschließen, daß in der Umgebung der Freisetzungsfäche Raps aus selbstgeerntetem Saatgut als Zwischenfrucht zur Gründüngung oder zur Grünfütterproduktion

nachgebaut wird. Bei dieser Art des einmaligen Nachbaus kommen die Pflanzen in der Regel nicht zur Blüte. Eine Erzeugung und Verbreitung von gentechnisch verändertem Saatgut kann auf diese Weise daher nicht erfolgen.

Die Folge einer Befruchtung einzelner Blüten von nicht gentechnisch verändertem Raps und eines einmaligen Nachbaus dieses Rapes wäre das vorübergehende Vorkommen einzelner Glyphosat-toleranter Rapspflanzen in der Umgebung der Freisetzungsfäche. Da die eingebrachten Gene den Pflanzen ohne Anwendung von Glyphosat keinen Selektionsvorteil verleihen, sind Risiken für die Umwelt oder die Landwirtschaft daraus nicht abzuleiten. Bei der Gewinnung von Rapsöl (z. B. auch für Nahrungsmittel) aus Samen, die durch Bestäubung einzelner Rapsblüten mit Pollen der gentechnisch veränderten Rapspflanzen hervorgegangen sein könnten, würden das GOX-Protein und das EPSPS-Protein zusammen mit den übrigen Proteinen vom Öl getrennt. Die Proteine würden in dem Preßrückstand, dem sog. "Ölkuchen", verbleiben, der als Viehfutter verwendet wird.

Zur gleichen Art wie der Raps gehört die Kohlrübe (*B. napus* var. *napobrassica*). Es ist davon auszugehen, daß Raps und Kohlrübe miteinander kreuzbar sind.

Bei der Kohlrübe handelt es sich um eine zweijährige Pflanze, die im ersten Jahr eine Hypokotylknolle ausbildet, jedoch erst im zweiten Jahr blüht. Bei einem Anbau für den Verkauf und Verzehr werden die Pflanzen im ersten Jahr geerntet. Eine Befruchtung mit Pollen von gentechnisch verändertem Raps wäre dann möglich, wenn Kohlrüben zum Zwecke der Saatgutgewinnung (z. B. für den Eigenbedarf) zum Blühen gebracht würden. Kohlrüben und Raps sind, obwohl sie zur gleichen Art gehören, morphologisch deutlich verschieden (Raps bildet keine Hypokotylknolle aus). Es ist davon auszugehen, daß Bastarde aus der Befruchtung von Kohlrüben durch Rapspollen in ihrem Erscheinungsbild von Kohlrüben deutlich verschieden wären. Da untypische Pflanzen nicht zur weiteren Vermehrung von Kohlrüben herangezogen würden, ist nicht zu erwarten, daß gentechnisch veränderte Bastarde zum Verzehr kommen oder für eine weitere Saatgutproduktion genutzt würden.

Es gibt unter den Brassicaceen mehrere Arten, die mit Raps eng verwandt sind; diese kommen als mögliche Kreuzungspartner in Betracht. Raps (*B. napus*) ist ein Bastard aus Rübsen (*B. rapa*) und Kohl (*B. oleracea*) und deshalb - mit den nachfolgend genannten Einschränkungen - mit diesen Arten prinzipiell kreuzbar.

Hybride aus *B. napus* und *B. oleracea* konnten experimentell erzeugt werden, indem Embryonen aus den Samenanlagen herauspräpariert und auf Nährmedien zu Pflanzen regeneriert werden ("embryo rescue"). Ein spontanes Entstehen solcher Hybriden unter Freilandbedingungen wurde bisher jedoch nicht beobachtet.

Rübsen (*B. rapa* ssp. *oleifera*) wird als Kulturpflanze zur Ölgewinnung und als Zwischenfrucht angebaut und kommt außerhalb des Anbaus verwildert an vom Menschen beeinflussten Standorten (Ruderalstandorte, Wegränder, Feldränder) vor. Bastarde aus *B. napus* x *B. rapa* treten sporadisch in Rapsfeldern auf, wenn bei der Vermehrung des Rapssaatguts eine Befruchtung mit Pollen von *B. rapa* stattgefunden hat.

Bezüglich der möglichen Folgen der Befruchtung von einzelnen Blüten nicht gentechnisch veränderter Rübsen gelten die oben genannten Ausführungen zum Raps entsprechend. Hinzu kommt, daß die Fertilität primärer Bastarde aus *B. rapa* und *B. napus* in der Regel eingeschränkt ist. Sie sind anorthoploid und durch eine starke Funktionsreduktion der Gameten infolge unregelmäßiger meiotischer Verteilung der Chromosomen gekennzeichnet. Nachkommen aus solchen Gameten sind aneuploid, in der Regel schwachwüchsig und besitzen wiederum eine geringe Fertilität.

Als Kreuzungspartner für Raps sind einige weitere Brassicaceen in Betracht zu ziehen, wie Sarepta-Senf (*Brassica juncea*), Schwarzer Senf (*Brassica nigra*), Weißer Senf (*Sinapis alba*), Ackersenf (*S. arvensis*), Retticharten (*Raphanus sativus*), Hederich (*R. raphanistrum*) und Grauer Bastardsenf (*Hirschfeldia incana*). Aufgrund der geringen Chromosomenhomologie dieser Pflanzenarten mit Raps treffen für Bastarde dieser Pflanzen mit Raps die oben für *B. rapa* und *B. oleracea* gemachten Aussagen in noch stärkerem Maß zu. Eine Ausnahme bilden lediglich amphidiploide Hybride, die bei der experimentellen Kreuzung von Raps mit verwandten Brassicaceen erhalten werden. Diese Hybride, die wahrscheinlich aus unreduzierten Gameten der Elternpflanzen hervorgehen, weisen eine nur leicht eingeschränkte Pollenfertilität auf. Auch wenn es vereinzelt zu Hybridisierungen zwischen den gentechnisch veränderten Rapspflanzen und diesen Brassicaceen kommen sollte, läßt dies wegen der geringen Wahrscheinlichkeit keine Ausbreitung des gentechnisch übertragenen Erbmaterials in Wildpflanzenpopulationen befürchten.

Für alle theoretisch möglichen Hybriden aus den gentechnisch veränderten Pflanzen und nicht gentechnisch veränderten Kultur- oder Wildpflanzen gilt, daß die eingebrachten Gene den Pflanzen nur bei Anwendung des Herbizids Roundup oder anderer Glyphosat-haltiger Herbizide einen Selektionsvorteil verleihen würde. Die Befürchtung der unbeabsichtigten Verbreitung solcher Pflanzen ist daraus jedoch nicht abzuleiten.

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

Die eingeführte Sequenzen wurde im Zuge der Transformation in ein Chromosom der Empfängerorganismen integriert. Untersuchungen zur Transformationsfähigkeit von Bodenbakterien unter natürlichen Bedingungen lassen 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 Samenpflanzen und Bakterien tatsächlich stattfindet, wäre zu folgern, daß das Vorkommen eines solchen Austauschs von heterologem Erbmateriale allein betrachtet kein Sicherheitskriterium sein kann, da als Folge eines solchen Austauschs immer die Aufnahme von jedwedem heterologem Erbmateriale, also jedweder pflanzlicher DNA, möglich wäre.

Die gentechnisch veränderten Pflanzen enthalten das *epsps*-Gen aus *Agrobacterium* sp. CP4 und das *gox*-Gen, wobei die kodierenden Regionen dieser Gene an pflanzliche „leader-peptid“-Sequenzen N-terminal fusioniert sind. Solche „leader-peptid“-Sequenzen wären in Bakterien funktionslos; *epsps*-Gene sind in Bodenmikroorganismen ubiquitär verbreitet. Auch das *gox*-Gen ist aus einem Gen eines in der Umwelt vorkommenden Bakteriums abgeleitet. Untersuchungen zum Abbau von Glyphosat in Böden haben gezeigt, daß mikrobielle Stoffwechselaktivitäten, die einen Abbau von Glyphosat und damit dessen Inaktivierung bewirken, weit verbreitet sind. Glyphosat wird im Boden sehr schnell abgebaut, wobei in der wissenschaftlichen Literatur zwei Abbauwege für das Herbizid beschrieben sind. Es ist nicht zu erwarten, daß die Anwendung von Glyphosat als Herbizid eine Veränderung der Zusammensetzung der Bodenmikroflora bewirkt. Selbst wenn der Herbizideinsatz zu einer Selektion einer Gruppe von glyphosat-abbauenden Bakterien führen würde, wird der Ursprung und die Verbreitung dieser Stoffwechselaktivität in den Bakterien selbst begründet sein und nicht auf einen Gentransfer von gentechnisch veränderten Pflanzen auf Mikroorganismen zurückzuführen sein. Zu einer nennenswerten Erhöhung der Gesamtfrequenz Glyphosat-degradierender Stoffwechselaktivitäten bei Bakterien würde ein eventuell stattfindender horizontaler Gentransfer nicht beitragen.

Der binäre Vektor pMON17237, der für die Erzeugung der gentechnisch veränderten Rapspflanzen verwendet wurde, besitzt außerhalb der T-DNA das *aadA*-Gen, welches Resistenz gegen Streptomycin und Spectinomycin verleiht, sowie die bakteriellen Replikationsursprünge *ori-322* und *oriV*. Nach den vorgelegten Untersuchungsergebnissen ist nicht zu erwarten, daß diese Sequenzen in den gentechnisch veränderten Pflanzen vorhanden sind. Da sie in Bakterien häufig vorkommen und der Austausch von Nukleinsäuren zwischen Mikroorganismen durch effektive Transfermechanismen möglich ist, wäre anzunehmen, daß es, selbst wenn die Sequenzen in den gentechnisch veränderten Pflanzen vorliegen würden, nicht zu einer nennenswerten Erhöhung der Gesamtfrequenz dieser Sequenzen in der Umwelt durch einen horizontalen Gentransfer von gentechnisch veränderten Pflanzen auf Bakterien kommen würde.

III.1.2.5. Zur Erzeugung der gentechnisch veränderten Rapspflanzen eingesetzte Agrobakterien

Zur Erzeugung der gentechnisch veränderten Rapspflanzen wurden Agrobakterien verwendet, die die zu übertragenden Gene zwischen den Borderregionen des binären Vektorplasmids enthielten. Die verwendeten Agrobakterien sind, im Gegensatz zu den weit verbreiteten Wildformen von *A. tumefaciens*, "disarmed" ("entwaffnet"), d. h. nicht mehr zur Tumorinduktion befähigt. Nach erfolgter Transformation wird in der Regel zur Eliminierung der Agrobakterien eine Antibiotikabehandlung durchgeführt.

Das zur Freisetzung vorgesehene Saatgut wurde durch generative Vermehrung über mehrere Generationen erzeugt. Durch diese generativen Phasen sind ggf. nach der Antibiotikabehandlung noch verbliebene Agrobakterien aus den gentechnisch veränderten Rapslinien entfernt worden.