FORSCHUNGS Constitution of the control of the cont **E**RNÄHRUNG · **L**ANDWIRTSCHAFT · **V**ERBRAUCHERSCHUTZ

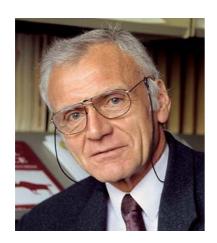




Embryonen aus dem Éisschrank



Vom Kutter auf die Waage



Guten Tag!

Mit dem Schwerpunkt "Gentechnik und Sicherheitsforschung" greift der ForschungsReport ein Thema auf, das in der Öffentlichkeit seit Jahren äußerst kontrovers diskutiert wird.

In den USA wurden bereits 1987 die ersten gentechnisch veränderten Pflanzen freigesetzt; in Deutschland erfolgte 1991 die erste Freisetzung. Mehr als 12.000 Freisetzungsversuchen in den USA stehen bis heute etwa 200 in Deutschland gegenüber. Mit dem kommerziellen Anbau transgener Pflanzen wurde in größerem Maßstab 1996 begonnen, im Jahr 2005 waren es weltweit bereits rund 90 Millionen Hektar – etwa 6 Prozent der weltweit verfügbaren Ackerfläche. Eine strikte Trennung der Lebens- und Futtermittel auf den Weltmärkten in gentechnikfreie bzw. mit Gentechnik erzeugte Pflanzen ist gegenwärtig kaum noch möglich.

Nicht den Anschluss verlieren

Trotz dieser oder vielleicht auch wegen dieser Entwicklung gibt es in der Öffentlichkeit Europas verschiedene Vorbehalte gegen die "Grüne Gentechnik". Es wird mehr über Risiken als über Chancen/Potenziale gesprochen, und bei öffentlichen Diskussionen rangiert die Polarisierung häufig noch immer vor dem Austausch von Sachargumenten. Gründe für die derzeit mangelnde Akzeptanz der Grünen Gentechnik sind unter anderem die ausreichende Nahrungsmittelversorgung (scheinbare Sicherheit), die unzureichende Vermittlung der Potenziale bzw. Vorteile der Grünen Gentechnik (z. B. weniger Schadstoffe, geringeres allergenes Potenzial, Ressourcenschonung), aber sicherlich auch die Verunsicherung durch "Negativmeldungen" (z.B. Monarch-Falter-Untersuchungen, Antibiotikaresistenz u. a.) sowie das Gefühl einer "Überrumpelung" durch dominierende Pflanzenzucht-Konzerne.

Für die Ressortforschung des BMELV ergibt sich daraus die Notwendigkeit, durch agrarökologische Begleitforschung Beiträge zur Bewertung der Sicherheit der transgenen Organismen für Mensch, Tier und Umwelt zu leisten. Verschiedene Beispiele aus diesen Arbeiten finden Sie im vorliegenden Heft. Mit dem Abstand von Jahren werden vielleicht einzelne Arbeiten, beispielsweise die umfangreichen Prüfungen von Futtermitteln aus gentechnisch veränderten Pflanzen der 1. Generation, mit einem gewissen Kopfschütteln betrachtet und die Ergebnisse als vorhersehbar angesehen werden. Unter Berücksichtigung der öffentlichen Diskussion und Verunsicherungen waren sie jedoch erforderlich.

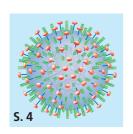
Neben der zweifellos notwendigen Begleit- und Sicherheitsforschung sollte aber nicht vergessen werden, auch das innovative Potenzial der Gentechnik durch öffentlich geförderte Forschung zu erschließen. Es ist absehbar, dass sich durch gentechnische Verfahren der Gehalt unerwünschter Inhaltsstoffe in Pflanzen, wie Mykotoxine oder allergene Substanzen, senken und der Gehalt an wertbestimmenden Substanzen erhöhen lässt. Auch gentechnisch erzeugte Marker-Impfstoffe bergen ein großes Potenzial für die Tierseuchenbekämpfung. Bislang haben in der Grünen Gentechnik nur relativ wenige Ansätze den Durchbruch in die Praxis geschafft. Das ist nicht verwunderlich, da wir uns erst am Anfang einer Entwicklung befinden. Die Forschung auf diesem Gebiet ist sehr kostenintensiv und wird somit vor allem von großen Unternehmen geleistet, die verständlicherweise versuchen, die Produkte ihrer Entwicklungen gewinnbringend umzusetzen. Hier ist die öffentlich geförderte Forschung angehalten, nicht den Anschluss zu verlieren. Patente und andere Absicherungen erschweren bereits jetzt den allgemeinen Zugang zu den Biotechnologien und damit deren Nutzung.

Die Förderung von innovativer Forschung ist demnach neben der Sicherheitsforschung eine Herausforderung für die Öffentliche Hand. Damit würde auch ein Beitrag geleistet, der Abwanderung von innovativen Wissenschaftlern in Länder mit besseren Forschungsbedingungen (brain drain) zu begegnen.

Hodio e

Ihr

Prof. Dr. Gerhard Flachowsky Präsident des Senats der Bundesforschungsanstalten













Berichte aus der Forschung

| Gentechnisch veränderte Geflügelviren als Helfer im Kampf gegen die "Vogelgrippe" | 4 |
|---|----|
| Biologische Sicherheitsforschung mit Bt-Mais Resistenzentwicklung beim Maiszünsler und Nebenwirkungen auf Nichtzielorganismen werden untersucht | 8 |
| Zur Bewertung von Futtermitteln aus gentechnisch veränderten Pflanzen | 13 |
| Mit sterilen Pappeln die Auskreuzung in forstliche Ökosysteme verhindern | 17 |
| Welche Risiken sind beim Anbau von gentechnisch veränderten Apfelbäumen zu erwarten? | 21 |
| Transgene Kartoffeln im Freilandversuch: Hält die Resistenz? | 25 |
| Optimierung von Joghurtkulturen Zwei-Plasmide-System zur genetischen Veränderung von Streptococcus thermophilus | 29 |
| Entwicklung und Validierung von Nachweisverfahren für genetisch veränderte Lebens- und Futtermittel | 33 |
| Embryonen aus dem Eisschrank Erzeugung von Nachkommen beim Pferd durch Embryotransfer | 37 |
| Vom Kutter auf die Waage Der Wasseranteil beim Löschen des Heringsfangs | 40 |
| Portrait Portrait Dreifaches Jubiläum beim ForschungsReport | 44 |
| Institut für Pflanzenvirologie, Mikrobiologie und biologische Sicherheit (BBA) | 46 |
| Nachrichten | 48 |
| Tagungen | 52 |
| Impressum | 54 |
| Dov Forschungshoroich | 55 |



und Walter Fuchs (Insel Riems)

🖣 eit Ende 2003 verursacht der erneute Ausbruch der klassischen Geflügelpest oder Vogelgrippe in Asien enorme Verluste bei Hühnern und anderen Nutzvögeln, wodurch vor allem den Bewohnern ärmerer Länder eine wichtige Existenzgrundlage entzogen wird. Darüber hinaus bedrohen die Viren in zunehmendem Maße auch unmittelbar Gesundheit und Leben des Menschen. Auch in Europa ist die Vogelgrippe auf dem Vormarsch. Eine zuverlässige Impfung des Geflügels gegen die Seuche ist problematisch, aber nicht unmöglich. Herkömmliche Impfstoffe, die aus abgetöteten Grippeviren gewonnen werden, haben zahlreiche Nachteile, die durch so genannte Marker-Vakzine überwunden werden könnten. Zur Entwicklung solcher Impfstoffe wurden am Friedrich-Loeffler-Institut auf der Insel Riems andere, weniger gefährliche Geflügelviren gentechnisch verändert und als Träger (Vektoren) für immunogene Proteine der Geflügelpesterreger genutzt. Erste Tierexperimente zeigen, dass diese neue Art von Lebendvirusimpfstoffen geeignet sein könnte, gefährdete Hühnerbestände vor drohenden Geflügelpestepidemien zu schützen.

Seit der ersten wirksamen Pockenschutzimpfung durch Edward Jenner im Jahre 1798 konnten viele Viruskrankheiten von Mensch und Tier durch Schutzimpfungen zurückgedrängt werden. Bei einigen Infektionskrankheiten ließen sich bislang allerdings keine dauerhaften Erfolge erzielen. Dies gilt unter anderem für die durch Influenzaviren hervorgerufenen Krankheiten, zu denen die Grippe beim Menschen und die neuerdings oft als Vogelgrippe bezeichnete klassische Geflügelpest gehören. Letztere wütet nun schon seit dem Jahr 2003 in Ostasien, ohne dass ein nahes Ende der Seuche absehbar wäre. Mittlerweile wurden die Erreger bis Europa verbreitet: seit Februar 2006 treten sie auch in Deutschland auf.

Anders als die meisten früher aufgetretenen Geflügelpestviren kann der Erreger des gegenwärtigen Seuchenzuges auch für den Menschen gefährlich sein. Bis März 2006 wurden in asiatischen Ländern rund 180 Infektionen bestätigt, etwa die Hälfte mit tödlichem Ausgang, Alle Opfer hatten direkten Kontakt zu krankem Geflügel; eine Ausbreitung des Virus von Mensch zu Mensch wurde bislang nicht beobachtet. Dennoch kann nicht völlig ausgeschlossen werden, dass sich dieses

FORSCHUNGSREPORT 1/2006

aviäre Influenzavirus (AIV) durch genetische Veränderungen an den Menschen anpassen und damit zum Auslöser einer neuen Grippe-Pandemie werden könnte.

Hohe Variabilität von Grippeviren

Hauptursache für diese Gefahr und die Probleme bei der Bekämpfung von Influenzaviren ist deren ungewöhnlich hohe Variabilität. Diese beruht auf zwei unterschiedlichen Mechanismen. Zum einen ist die Erbinformation der Grippeviren nicht wie bei den meisten anderen Viren auf einem einzigen Nukleinsäuremolekül gespeichert, sondern auf 8 RNS-Moleküle verteilt, von denen die meisten für jeweils ein virales Protein kodieren (Abb. 1). Treffen zwei verschiedene Influenzaviren in einer Zelle aufeinander, können durch Neukombination der Genomsegmente Virusvarianten entstehen, die Eigenschaften der beiden "Elternviren" in sich vereinen. Daneben verändern sich die Viren auch auf Grund fehlerhafter Vervielfältigung des Genoms. Infolge solcher Mutationen verändern sich die Proteine allmählich so sehr, dass sie von den während früherer Infektionen oder Impfungen gebildeten Antikörpern des Wirtes nicht mehr erkannt werden und dieser deshalb gegen die neuen Virustypen nicht mehr geschützt ist.

Die größte Variabilität zeigen die beiden in die Hüllmembran der Influenzaviren eingelagerten Proteine, Hämagglutinin (HA) und Neuraminidase (NA) (Abb. 1), von denen bei den Influenza A Viren inzwischen 16 bzw. 9 verschiedene Subtypen bekannt sind. Durch Mutationen können sich aber auch der Wirtsbereich und die krankmachenden Eigenschaften (Pathogenität) erheblich verändern. Eine Schlüsselrolle spielt dabei das Hämagglutinin, welches vor dem Einbau in die Viruspartikel durch Wirtsenzyme in zwei Untereinheiten gespalten werden muss, damit die Viren neue Zellen infizieren können.

Für Geflügel nur gering pathogene Stämme weisen ein Hämagglutinin auf, das nur von Enzymen der oberen Atemwege gespalten werden kann. Diese Infektionen bleiben folglich lokal begrenzt. Bestimmte Veränderungen in der Aminosäuresequenz können jedoch zur Spaltung in einer Vielzahl von Geweben führen, wodurch das Virus alle Organe seines Wirts befallen und zerstören kann. Bislang traten solche Veränderungen, die zur Entstehung hoch pathogener Geflügelpestviren führten, nur bei aviären Influenzaviren der HA-Subtypen H5 und H7 auf.

Probleme mit konventionellen Impfstoffen

Gegen die meist tödlich verlaufende Geflügelpest können die Tiere prinzipiell durch prophylaktische Impfung mit Viren des jeweils entsprechenden HA-Typs wirksam geschützt werden. Da jedoch der Einsatz gering pathogener H5- oder H7-Viren als Lebendimpfstoffe wegen der Mutationsrisiken ausscheidet, werden zur Immunisierung nur abgetötete Influenzaviren verwendet, was die Produktion großer Virusmengen erforderlich macht. Zudem muss jedes einzelne Tier individuell durch Injektion geimpft werden.

Neben dem hohen Zeit- und Kostenaufwand hat die Immunisierung mit abgetöteten Influenzaviren weitere schwerwie-

gende Nachteile. Zum einen wird dadurch die Entstehung und Ausbreitung resistenter Virusstämme begünstigt, zum anderen die Entdeckung von Influenzavirus-Infektionen in den geimpften Beständen erschwert. Aus diesen Gründen wurde die Geflügelpest bislang fast ausschließlich durch die rasche Tötung betroffener Bestände und begleitende Quarantänemaßnahmen bekämpft. Diese Methode erwies sich in der Vergangenheit meist als äu-Berst wirkungsvoll. Allerdings sind vergleichbare Maßnahmen in ärmeren Regionen der Erde weder technisch durchführbar noch sozial vertretbar. Auch bei uns wird über Alternativen, zumindest für akute Gefahrensituationen, nachgedacht.

Neue Wege durch Gentechnik

Die neuen Möglichkeiten der Gentechnik können dazu beitragen, einige der erwähnten Risiken und Nachteile einer Schutzimpfung gegen die klassische Geflügelpest zu beseitigen. Hühner können z. B. mit so genannten Spalt- oder Nukleinsäure-Vakzinen, die nur das Hämaggluti-

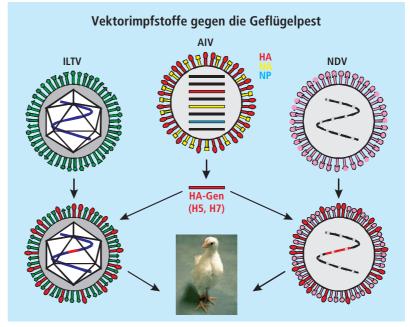


Abb. 1: Schemazeichnung des Vogelgrippe-Virus (AIV). Zwei der acht RNS-Moleküle (HA und NA) codieren für Proteine, die in der Hüllmembran eingelagert sind. Zur Herstellung von Vektorimpfstoffen wurden die HA-Gene hoch pathogener AIV-Isolate in die Erbsubstanz apathogener ILTV- (links) oder NDV-Stämme (rechts) eingefügt. Um die Eignung der daraus resultierenden Viren für die Impfung zu testen, wurden Hühner per Augentropfen immunisiert.

nin bzw. die dafür kodierende Erbinformation enthalten, gegen Geflügelpest geschützt werden. Inaktivierte Influenzaviren wären dann nicht mehr nötig. Leider ist aber die Produktion dieser Impfstoffe relativ aufwändig und der Impfstoff müsste weiter individuell verabreicht werden.

Andere Infektionskrankheiten des Geflügels, wie die Geflügelpocken, die atypische Geflügelpest ("Newcastle disease") oder die infektiöse Laryngotracheitis der Hühner, werden hingegen seit langem mit Lebendvirus-Impfstoffen bekämpft. Da die durch zahlreiche Zellkulturpassagen oder mittels Gentechnik entstandenen Impfviren zwar nicht mehr krankmachend, aber durchaus noch vermehrungsfähig sind, können sie bereits in relativ geringen Dosen eine schützende Immunität vermitteln. Deshalb liegt es nahe, solche Impfviren so zu verändern, dass sie auch das Hämagglutinin des Influenzavirus produzieren. Auf diese Weise könnte sowohl ein Immunschutz gegen die entsprechende

Krankheit als auch ein Schutz gegen die Geflügelpest erreicht werden.

In Mittelamerika und Ostasien wurden bereits Impfstoffe entwickelt und im Feld eingesetzt, die aus abgeschwächten Geflügelpockenviren bestehen, in die das Hämagglutinin H5 eines aviären Influenzavirus eingefügt wurde. Die Arbeiten am Friedrich-Loeffler-Institut konzentrieren sich dagegen auf die Nutzung von Impfviren gegen "Newcastle disease" (NDV) und infektiöser Laryngotracheitis (ILTV),

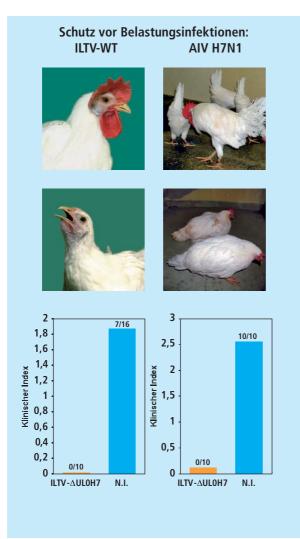


Abb. 2: Hühner, die mit einer Hämagglutinin-exprimierenden ILTV-Mutante geimpft wurden, waren sowohl gegen den ILTV-Virus als auch gegen den Geflügelpestvirus (AIV H7N1) gut geschützt (obere Bilder, links und rechts), während nicht immunisierte Kontrolltiere schwer erkrankten bzw. starben (untere Bilder). Der in den Diagrammen dargestellte klinische Index beschreibt die über einen Zeitraum von 10 Tagen nach Infektion beobachteten Krankheitssymptome (linkes Diagramm: ILTV; rechtes Diagramm: AIV. N.I. = nicht immunisiert). Außerdem sind die Mortalitätsraten bezogen auf die Gesamttierzahl angegeben.

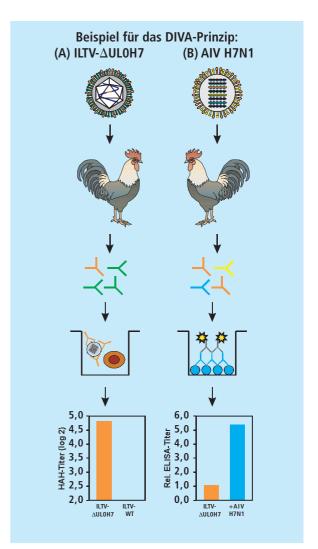


Abb. 3: Mit dem neu entwickelten Markerimpfstoff ILTV-ΔUL0H7 immunisierte Hühner (links) bilden neben ILTV-spezifischen Antikörpern (grün) nur solche gegen das Hämagglutinin von AIV (orange). Diese können durch Hemmtests nachgewiesen werden. Dagegen bilden mit Geflügelpestviren (AIV H7N1) infizierte Tiere zusätzlich Antikörper gegen weitere Influenzavirus-Proteine wie NA (gelb) und NP (blau).

Die Diagramme zeigen die durchschnittlichen Antikörpertiter von je 20 infizerten Tieren, wobei die Messwerte als Vielfaches einer Negativkontrolle (= 1) dargestellt sind.

da diese Viren für eine schnelle Applikation über Augentropfen, Aerosol oder Trinkwasser geeignet sind. Dazu wurden die Gene für die Hämagglutinine der Subtypen H5 und/oder H7 so in die Genome der jeweiligen Viren integriert, dass die Virusvermehrung nicht signifikant beeinträchtigt wurde (Abb. 1). Während für NDV ein gebräuchlicher Impfstamm verwendet wurde, wurde die Pathogenität des verwendeten ILTV-Vektors durch gezieltes Entfernen eines Virulenzgens verringert. Durch das Vorschalten geeigneter Promotor-Sequenzen wurde außerdem gewährleistet, dass die Fremdgene in Proteine übersetzt wurden.

Tierversuche zeigten, dass Hühner, die mit den hergestellten Virus-Rekombinanten geimpft wurden, gegen Infektion mit pathogenen NDV- oder ILTV-Stämmen geschützt waren und nicht erkrankten. Darüber hinaus waren die geimpften Tiere auch gegen Geflügelpestviren der entsprechenden HA-Typen weitestgehend immun (Abb. 2). Somit könnten bei der Bekämpfung der Geflügelpest gentechnisch veränderte NDV- oder ILTV-Vektorvakzinen eine Alternative zu inaktivierten Influenzavirus-Impfstoffen darstellen.

Unterscheidung zwischen Impfung und Infektion möglich

Die neuen Impfstoffe zeichnen sich durch einen weiteren, entscheidenden Vorteil aus. Kein bisher verfügbarer Grippeimpfstoff verhindert die Infektion, die Vermehrung des Virus oder die Virusausscheidung – sie verhindern lediglich eine klinische Erkrankung der Tiere. So können geimpfte Tiere zu Virusträgern werden und das Virus verbreiten. Um solche Tiere zu eliminieren, ist eine sichere Unterscheidung zwischen geimpften und infizierten Tieren notwendig.

Während konventionell geimpfte Tiere Antikörper gegen mehrere Influenzavirusproteine bilden, induzieren die Marker-Impfstoffe ausschließlich Antikörper gegen das Hämagglutinin (Abb. 3). Dies ermöglicht die gewünschte Unterscheidung durch Einsatz geeigneter Antikörper-Nachweistests ('DIVA' = Differenzierung infizierter von vakzinierten Tieren). In einem Hämaggluatinations-Hemmtest wer-

H5N1 in Deutschland - eine kurze Chronologie

Nachdem Anfang 2006 in Südeuropa erste Fälle von Vogelgrippe aufgetreten waren, erreichte der Erreger Mitte Februar Deutschland: Am 16.2.2006 bestätigte das FLI, dass zwei auf der Insel Rügen tot aufgefundene Schwäne mit dem hoch pathogenen Influenzavirus H5N1/Asia infiziert waren. Die Fälle mehrten sich, und einige Tage später erreichte die Vogelgrippe das angrenzende Festland. Bis Mitte April wurde H5N1 in über 300 Wildvögeln in sieben Bundesländern gefunden (Mecklenburg-Vorpommern, Schleswig-Holstein,



Baden-Württemberg, Bayern, Brandenburg, Berlin und Niedersachsen). Infiziert waren vor allem Schwäne, Wildenten und Kanadagänse, aber auch Greifvögel, eine Silbermöwe und ein Kormoran. Seit dem 17.2.2006 gilt für Hausgeflügel bundesweit eine Stallpflicht. Am 28.2. bestätigte das FLI eine H5N1-Infektion bei einer auf Rügen verendeten Katze, Anfang März kamen zwei weitere Katzen – ebenfalls aus dem Zentrum des Seuchengeschehens auf Rügen – hinzu. Am 9.3. wurde der Erreger bei einem Steinmarder von der Insel Rügen festgestellt – weltweit der erste Fall. Anfang April ist der Erreger erstmals in Deutschland in einem sächsischen Geflügelbetrieb aufgetreten.

Aktuelle Informationen finden Sie auf den Seiten des FLI unter www.fli.bund.de

den HA-spezifische Antikörper nachgewiesen. Dieser Test beruht darauf, dass Influenzaviren – bedingt durch die namensgebende Eigenschaft des Hämagglutinins – eine Verklumpung roter Blutzellen bewirken. Durch die Bindung von HA-spezifischen Antikörpern an das Virus geht diese Eigenschaft verloren, was mit blo-Bem Auge erkennbar ist (Abb. 3A).

Der spezifische Nachweis von Antikörpern gegen andere Influenzavirusproteine, zum Beisopiel das Nukleoprotein (NP), gelingt mit einem anderen Testverfahren (ELISA). Hierbei bindet gentechnisch hergestelltes Influenza-Nukleoprotein NPspezifische Antikörper, was durch eine Enzymreaktion nachgewiesen werden kann (Abb. 3B).

Hühner, die mit unseren Markerimpfstoffen immunisiert wurden, bildeten erwartungsgemäß nur Antikörper gegen Influenza-HA (Abb. 3A). Nach Infektion mit Influenzaviren traten dagegen zusätzlich auch NP-spezifische Antikörper auf (Abb. 3B). Somit würde die Erkennung Influenzavirus-infizierter Tiere durch eine Schutzimpfung gegen die Geflügelpest nicht mehr beeinträchtigt, da Infektionen mit Influenzaviren auch in geimpften Beständen nachweisbar blieben.

Dieser Nachweis wäre außerdem unabhängig vom HA- und NA-Typ des Erregers, da die Aminosäuresequenz des Nukleoproteins innerhalb der Influenza A Viren stark konserviert ist.

Praxistests stehen noch aus

Bevor diese Vektor-Impfstoffe zugelassen und auf den Markt gebracht werden können, sind noch umfangreiche Tierexperimente unter praxisnahen Bedingungen nötig. Insbesondere bleibt die Eignung zur Massenanwendung zu prüfen. Hier sehen wir durch die Möglichkeit der Impfung über Spray, Augentropfen oder das Trinkwasser eine leichte Erreichbarkeit der Tiere auch in großen Haltungen – ein entscheidendes Plus für die praktische Anwendung.

Weiterhin ist zu überprüfen, ob auch andere für die Geflügelpest empfängliche Vogelarten auf diese Weise immunisiert werden können. Da sich die Aminosäuresequenz des Hämagglutinins der aktuellen H5N1 Viren aus Asien an einigen Positionen von der des von uns verwendeten H5-Proteins unterscheidet, könnte hier der Impfschutz geringer ausfallen. Daher sind wir gegenwärtig dabei, das HA-Gen aktueller asiatischer Geflügelpestviren in unsere Vektoren einzufügen.

Korrespondierender Autor: Prof. Dr. Thomas C. Mettenleiter, Friedrich-Loeffler-Institut, 17493 Insel Riems.

E-Mail: thomas.mettenleiter@fli.bund.de

1/2006 FORSCHUNGSREPORT 7

Biologische Sicherheitsforschung mit Bt-Mais

Resistenzentwicklung beim Maiszünsler und Nebenwirkungen auf Nichtzielorganismen werden untersucht

Gustav-Adolf Langenbruch und Sherif A. Hassan (Darmstadt), Wolfgang Büchs und Wolfgang Burgermeister (Braunschweig), Bernd Freier und Bernd Hommel (Kleinmachnow)

n Deutschland sind seit kurzem drei Sorten Bt-Mais für den Anbau zugelassen, nachdem bereits in den Vorjahren ein Erprobungsanbau auf einigen hundert Hektar stattgefunden hat. Als Bt-Mais wird gentechnisch veränderter (= transgener) Mais bezeichnet, der ein Gen aus dem insektenpathogenen Bakterium Bacillus thuringiensis besitzt und dadurch in der Lage ist, sich selbst gegen den Maiszünsler, den wichtigsten Schädling im Maisanbau, zu verteidigen. Können auch Nichtzielorganismen von Bt-Mais beeinflusst werden? Und wie sieht es mit möglichen Resistenzbildungen beim Maiszünsler aus? In mehreren Forschungsprojekten hat sich die Biologische Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft (BBA) mit diesen Fragen befasst.

B.t. – ein natürliches Insektizid

Als der Mikrobiologe Ernst Berliner Anfang des vorigen Jahrhunderts tote Mehlmotten-Larven aus einer Mühle in Thüringen untersuchte, konnte er ein bis dahin noch nicht beschriebenes Bakterium isolieren, das er – in Anlehnung an den Fundort – Bacillus thuringiensis (B.t.) nannte. Die stäbchenförmigen Bakterien bilden bei der Sporulation Eiweißkristalle, die vom Zielinsekt beim Fressen aufgenommen werden und toxisch wirken. Die Kristalle werden im Darm der Schädlinge gelöst, durch bestimmte Enzyme (Proteasen) aktiviert und schließlich durch Andocken an Darmrezeptoren wirksam.

Seit 1964 sind *B.t.*-Präparate in Deutschland als Pflanzenschutzmittel gegen Schmetterlingsraupen anerkannt bzw. zugelassen und werden im Weinbau,

Obstbau, Gartenbau, Forst sowie im öffentlichen Grün eingesetzt. Andere, später entdeckte *B.t.*-Stämme wirken selektiv gegen Mückenlarven oder gegen bestimmte Käferlarven.

In dieser Selektivität liegt der größte Vorteil der *B.t.*-Präparate: Es werden nur Angehörige einer bestimmten Insektengruppe in einem bestimmten Entwicklungsstadium in einem kurzen Zeitraum (ca. eine Woche) nach der Ausbringung geschädigt. Dadurch zählen die Produkte zu den umweltfreundlichsten Präparaten im Pflanzenschutz.

Der Maiszünsler – Hauptschädling im Mais

In Deutschland wird auf 1,7 Mio. ha Mais angebaut, davon liegen rund 350.000 ha in den Befallsgebieten des Maiszünslers





Abb. 1. Maiszünsler: Männchen (oben), Weibchen (Mitte) und Larvenstadien L1 und L5

(Ostrinia nubilalis, Abb. 1), des einzigen Maisschädlings, der in Deutschland alljährlich auf größeren Flächen bekämpft wird. Die Raupen dieses Kleinschmetterlings bohren sich in die Maisstängel ein, legen lange Fraßgänge an und verringern dadurch den Ertrag und die Standfestigkeit der Pflanzen (Abb. 2). Die Bohrlöcher sind zudem Eintrittspforten für schädliche Pilze.

Die Maiszünslerbekämpfung erfolgt bisher überwiegend präventiv durch Häckseln/Schlägeln der Stoppeln und sauberes Pflügen nach der Maisernte. Dadurch werden die in den Stoppeln verbleibenden Altlarven abgetötet, und es fehlt ihnen geeignetes Verpuppungsmaterial an der Bodenoberfläche. Die Ausbringung von Insektiziden (jährlich auf rund 35.000 ha) ist aufwändig, da sie aufgrund der Höhe der Pflanzen mit Stelzenschleppern erfolgen muss. Auf ca. 14.000 ha pro Jahr werden als biologische Methode auch *Trichogramma*-Schlupfwespen gegen die Eier des Schädlings eingesetzt.

Der Maiszünsler wurde vor etwa 85 Jahren nach Nordamerika verschleppt und spielt im dortigen Maisanbau eine große Rolle. So kommen die aktuellen Bt-Maissorten aus den USA und werden dort jährlich auf mehreren Millionen Hektar angebaut.

Bt-Mais

Die Selektivität der *B.t.*-Toxine und die langjährige Erfahrung mit der Wirkung und der Unbedenklichkeit derartiger Präparate waren wohl der Grund dafür, einzelne *B.t.*-Toxingene zur Abwehr von Schadinsekten ins Genom von Pflanzen zu übertragen und dadurch insektentolerante Sorten zu entwickeln. Um eine ausreichende Toxinbildung an den Fraßorten der Schädlinge zu erzielen, mussten die bakteriellen Gene den pflanzlichen Mechanismen angepasst werden; dennoch wird das von den transgenen Pflanzen produzierte Toxin als "wirkungsidentisch" bezeichnet.

Von den transgenen Bt-Pflanzen, die seit 1996 weltweit zur Verfügung stehen, ist für Deutschland zurzeit nur der Mais aktuell. Die Europäische Sortenliste umfasst derzeit 17 Bt-Maissorten; in Deutschland sind drei Sorten zugelassen, die ein *B.t.*-Toxin wirkungsidentisch dem schmetterlingswirksamen Cry 1Ab produzieren.

Ein Anbau von Bt-Mais unterscheidet sich von einer (in der Praxis im Mais selten vorgenommenen) Spritzung von B.t.-Präparaten vor allem dadurch, dass die Maispflanzen permanent B.t.-Toxin in allen grünen Pflanzenteilen, aber auch im Pollen und in geringer Menge auch in den Wurzeln produzieren. Damit ist die Expositionszeit des Toxins wesentlich verlängert, was die Wirkung gegen den Schädling verbessert. Außerdem liegt das Toxin in den Pflanzenzellen nicht in kristalliner Form vor, sondern gelöst. Damit ist ein erster Aktivierungsschritt der Toxine (der natürlicherweise im Insektendarm erfolgen würde) bereits vorweggenommen. Das in den Pflanzen produzierte Toxin wird auch

Abb. 2: Vom Maiszünsler befallenes Feld (links) im Vergleich mit einem Bestand Bt-Mais (rechts)





durch die Wurzeln ausgeschieden und kann sich im Boden an Tonminerale anlagern. Daraus ergibt sich, dass die vorliegenden Erkenntnisse zur Wirksamkeit von B.t.-Präparaten nicht uneingeschränkt auf die Wirkungen der im Bt-Mais vorliegenden Toxine übertragen werden können.

Es war also nur folgerichtig, dass das Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) ab 1999 Projekte zum Monitoring der ökologischen Auswirkungen von Bt-Mais förderte. An diesen Projekten waren Arbeitsgruppen der RWTH Aachen und der Biologischen Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft (BBA) in Braunschweig, Darmstadt und Kleinmachnow beteiligt.

Mögliche Resistenzentwicklung beim Maiszünsler?

In einigen Gegenden der Welt, in denen B.t.-Präparate über lange Jahre intensiv eingesetzt werden (z.B. im Vorratsschutz in den USA (Dörrobstmotte) oder im Kohl auf den Philippinen (Kohlmotte)), sind Resistenzen gegen B.t. bekannt gewor-

Abb. 3: Zucht der auf den Feldern als Larven gesammelten und überwinterten Maiszünsler als Einzelpaare und Inzuchtliden. Ein großflächiger Bt-Maisanbau könnte auch beim Maiszünsler eine solche Entwicklung begünstigen. Dem muss vorgebeugt werden.

An der BBA wurde daher bei einigen Zünsler-Herkünften aus verschiedenen Maisanbaugebieten die Empfindlichkeit (LC50) der Junglarven gegenüber dem Bt-Toxin (Cry 1Ab) in umfangreichen Biotests ermittelt. Damit stehen eine Methodik und eine Datenbasis zur ständigen Überprüfung dieser Empfindlichkeit bei mehrjährigem Bt-Maisanbau zur Verfügung. Allerdings wiesen die Maiszünsler-Stämme eine große Schwankungsbreite innerhalb der Untersuchungen eines Jahres und zwischen den Jahren auf. Diese war größer als die Unterschiede zwischen den Maiszünslerpopulationen der verschiedenen Anbauregionen. Dies bedeutet für ein Resistenzmonitoring in Deutschland, dass mit einer großen Variabilität der Basisempfindlichkeit der Maiszünsler zu rechnen ist. Empfindlichkeitsunterschiede um das Zehnfache sind noch als natürliche Schwankungen und nicht als Resistenzunterschiede anzusehen. Für eine frühzeitige Entdeckung von Resistenz ist damit diese Methode nicht geeignet.

Beginnende Resistenzen im Freiland aufzuspüren ist nicht einfach. Sollten allerdings in Bt-Maispflanzen Maiszünslerraupen auftreten, wären diese per se "verdächtig". Im Rahmen des BMBF-Verbundvorhabens "Sicherheitsforschung und Monitoringmethoden zum Anbau von Bt-

> Projekt durchgeführt, in dem sie gezielt nach solchen Raupen fahndete. Innerhalb von drei Jahren wurden insgesamt 1,8 Millionen Maispflanzen auf Bt-Maisfeldern vor der Ernte abgesucht und dabei 1.855 Maiszünslerlarven gefunden (d.h. im Schnitt eine Larve pro 1.000 Pflanzen). Vor der Maisernte sind die Raupen bereits auf Winterruhe eingestellt. Sie wurden deshalb bis zum Frühjahr bzw. Frühsommer unter Außentemperatu-

> > ren gehalten und

dann zur Verpuppung und zum Falterschlupf gebracht. Mit den Faltern wurden Einzelpärchen gebildet und deren Nachkommen als isogene Linien weitergezüchtet (Abb. 3) und in der F2-Generation auf Resistenz getestet. Auf diese Weise wurden unter 826 untersuchten Ausgangslarven keine resistenten Tiere gefunden. Die Gründe für das Überleben dieser Larven im Bt-Maisfeld lagen wohl in einer schwankenden Toxin-Expression Pflanzen und in den immer vorliegenden Verunreinigungen des Bt-Mais-Feldbestandes mit nicht-transgenem Mais (in denen dann empfindliche Junglarven heranwachsen und möglicherweise als wenig empfindliche Altlarven auf Bt-Mais wech-

Dennoch konnten wichtige Vorarbeiten für eine Aufklärung eventuell auftretender Resistenzen geleistet werden: Bei normal empfindlichen Larven wurden die im Darmsaft vorhandenen Proteasen analysiert und der Abbau des Toxins im Darmsaft untersucht. Da die meisten bisher bekannt gewordenen Resistenzen gegenüber B.t.-Toxinen proteasebedingt sind, lassen sich entsprechende Abweichungen minderempfindlicher Tiere nun relativ schnell durch direkten Vergleich mit den anfälligen Maiszünslern charakterisieren.

Schließlich wurde mittels RAPD-PCR untersucht, wie nah die Maiszünsler verschiedener Rassen und verschiedener Befallsgebiete in Deutschland miteinander verwandt sind. Das erlaubt Rückschlüsse auf die Bedeutung anderer Wirtspflanzen als Refugien und die Wahrscheinlichkeit, dass eine in einem Befallsgebiet vorliegende Resistenz auf andere Befallsgebiete übergreift. Unter anderem zeigte sich, dass Paarungen zwischen der an Beifuß häufigen Maiszünslerrasse mit der an Mais vorherrschenden Rasse selten sind. Auch zwischen den vier großen Meta-Populationen der Zünsler an Mais besteht nur ein begrenzter genetischer Austausch, der eine Resistenzausbreitung erschwert, aber nicht sicher verhindern könnte.

Nebenwirkungen auf Nichtzielorganismen?

Schmetterlinge

Vor allem eine der ersten Bt-Maislinien (Bt 176) exprimiert auch größere Mengen



FORSCHUNGSREPORT 1/2006





B.t.-Toxin im Pollen. Das ist zur Bekämpfung des Maiszünslers durchaus sinnvoll, da die jungen Zünslerraupen auch gerne Pollen an den Staubgefäßen oder in den Blattachseln fressen, doch könnten über den Pollenflug auch Raupen anderer empfindlicher Schmetterlingsarten gefährdet sein. In Amerika erregten entsprechende Versuchsergebnisse mit den Larven des Monarchfalters zunächst öffentliches Aufsehen, bis geklärt war, dass unter praktischen Verhältnissen keine Beeinträchtigung der Populationen zu befürchten ist.

An der BBA in Darmstadt wurden zu dieser Thematik Labortests mit Raupen einheimischer Schmetterlinge durchgeführt, unter anderem mit den Arten Kleiner Fuchs (Aglais urticae; Abb. 4), Tagpfauenauge (Inachis io; Abb. 5), Kohlmotte (Plutella xylostella, als Vertreter der Kleinschmetterlinge), Wintersaateule (Agrotis segetum, als Vertreter der weitgehend B.t.-unempfindlichen Noctuiden). Die LD50 (= Dosis, die für 50 % der Versuchstiere letal ist) lag bei Kohlmottenlarven des vierten Stadiums (L4) bei etwa 8 frischen Pollenkörnern, für L1 des Kleinen Fuchses bei 32 Pollenkörnern und für L1 des Tagpfauenauges bei 37 Pollenkörnern. In allen Fällen bewirkten auch geringere Pollenzahlen deutliche Effekte wie Verhaltensänderungen und längere Entwicklungszeiten. Raupen der Wintersaateule zeigten – wie erwartet – keine Schäden.

Da der Maispollen schwer ist und deshalb nur selten und in geringer Zahl weiter als 10 m verdriftet wird, ist nicht zu erwarten, dass Schmetterlingsbestände durch Ma Auch ven mehr u

Abb. 5: Tagpfauenauge mit Larven

diese Bt-Maissorten gefährdet sind, doch könnten Populationen in unmittelbarer Maisnähe beeinträchtigt werden (dies gilt allerdings auch für Insektizidspritzungen mit dem Stelzenschlepper). Wenn schützenswerte Arten in den angrenzenden Biotopen zu erwarten sind, ist eine Mantelsaat mit konventionellem Mais um ein Bt-Maisfeld zu empfehlen.

Feldbesiedelnde Arthropoden

In einer fünfjährigen Studie an der BBA Kleinmachnow wurde das Vorkommen von über 200 Insekten- und Spinnenarten auf Bt-Maisfeldern anhand von Bonituren, Ganzpflanzenernten und Bodenfallenfängen untersucht. Die Erhebungen erfolgten auf Feldern, die aus einer Teilfläche Bt-Mais und einer Teilfläche mit einer vergleichbaren nicht-transgenen Maissorte bestanden. Eindeutig auf den Bt-Mais zurückführbare Veränderungen oder Verschiebungen bei Vorkommen, Häufigkeit oder Entwicklung der Arten konnten dabei nicht festgestellt werden. In einem Fortsetzungsprojekt wird seit dem Jahr 2005 ein anbaubegleitendes ökologisches Monitoring im Maiszünsler-Befallsgebiet Oderbruch (Brandenburg) erprobt.

Zersetzer

Was bewirkt das Toxin, das direkt oder bei der Zersetzung der Ernterückstände in den Boden gelangt? Werden am Abbau beteiligte Insektenarten und -stadien beeinflusst? Diesen Fragen ging im Rahmen des BMBF-Verbundes von 2001–2004 eine Braunschweiger Arbeitsgruppe am Beispiel der Sciariden (Trauermücken) nach.

Wurden in Laborversuchen Trauermücken-Larven mit Maispollen der Bt-Maislinie MON 810 gefüttert, kam es zu einer höheren Mortalität und geringeren Ver-

puppungsrate als bei Fütterung von Pollen der isogenen Partnersorte oder anderer konventioneller

Maissorten. Auch fraßen die Trauermücken-Larven mehr und zersetzten die Streu von MON 810 schneller als die Streu von anderen, herkömmlichen Sorten. Larven, die ausschließlich mit MON 810-kontaminierter Streu aus dem Freiland aufgezogen wurden, wurden im Labor von Prädatoren mehr gefressen als Larven, die ausschließlich mit Streu der isogenen Maissorte gefüttert wurden. Die ausschließliche Ernährung mit MON 810 Bt-Maisstreu verlängerte jedoch signifikant die Larvalperiode dieser Streu-abbauenden Larven und ihrer Prädatoren. Dies könnte, wenn diese Bt-Maislinie mehrjährig am gleichen Standort angebaut wird, zu Verschiebungen in der Lebensgemeinschaft der Zersetzer führen und letztendlich das Funktionieren der Streuzersetzung beeinflussen. Die Ursache für diesen Effekt liegt möglicherweise in einer verminderten Nahrungsqualität der Bt-Maisstreu für Sciariden-Larven, Nachdem im ersten Jahr signifikant höhere Artenzahlen, Schlupfdichten und Zersetzungsleistungen in der MON 810 Bt-Maisvariante festgestellt wurden, kehrte sich dieser Trend ab dem zweiten Jahr um. So ist die summarische Zersetzungsleistung (Minicontainermethode) im dritten Jahr in der MON 810-Variante deutlich geringer als in der isogenen Variante. Dieser Rückgang fiel mit einem Anstieg des Bt-Toxingehaltes der Streu um mehr als das 2,5fache zusammen.

Schlupfwespen

Besondere Bedeutung kommt den natürlichen Gegenspielern des Maiszünslers zu. Das gilt vor allem für *Trichogramma*-Schlupfwespen (Abb. 6). Diese Ei-Parasiten, die nicht nur in Massen gezüchtet und gezielt zur Bekämpfung des Maiszünslers ausgebracht werden, sondern auch natürlicherweise in Agrarlandschaften vorkommen, könnten durch ihre geringe Körpergröße besonders gefährdet sein, wenn sie Pollen aufnehmen. Dieser Fragestellung wurde in einem gesonderten BMBF-Teilprojekt in Darmstadt nachgegangen. In zahlreichen Laborversuchen zeigte sich,



Abb. 6: Die nur 1 mm kleine Trichogramma-Schlupfwespe parasitiert Eier des Maiszünslers

dass *Trichogramma* einzelne Pollenkörner an- oder auffressen. Es ergaben sich aber keine signifikanten Unterschiede zwischen Bt-Mais und konventionellen Sorten bei der Lebensdauer der Weibchen oder ihrer lebenslangen Eiablageleistung.

Neue Entwicklungen

Im Frühjahr 2005 ist ein weiterer BMBF-Verbund zur freisetzungsbegleitenden Sicherheitsforschung an Bt-Maissorten angelaufen, in dem die BBA erneut mit einigen Teilprojekten vertreten ist. Es geht zwar wieder um Bt-Mais, aber diesmal um eine Expression des Toxins Cry 3Bb1, das gegen den Maiswurzelbohrer (Diabrotica virgifera virgifera, Abb. 7) wirkt - einen Blattkäfer, der von Amerika nach Europa eingeschleppt wurde und nun auch an Deutschlands Grenzen steht. Das aus einem bestimmten B.t.-Stamm isolierte Cry 3Bb1 ist ein Toxin, das nicht gegen Schmetterlingsraupen, sondern gegen verschiedene Käferarten - vor allem aus der Familie der Blattkäfer (Chrysomeliden) wirkt. Dementsprechend werden am Darmstädter BBA-Institut Methoden zur Erfassung der Nebenwirkungen des Pollens auf Chrysomeliden entwickelt. Ebenso wird der Aktivierungs- und Wirkmechanismus des Toxins im Darm der Diabrotica-Larven untersucht, um auch hier durch eine entsprechende methodische Ausrüstung frühzeitig gegen Resistenzerscheinungen gewappnet zu sein. Am Braunschweiger Standort der BBA arbeitet man Methoden aus, um die Auswirkungen des Toxins im toten Pflanzenmaterial bzw. im Boden zu erfassen.

Für die Untersuchungen sind drei Jahre vorgesehen. Die Zeit drängt, denn der Schädling kann täglich bei uns auftauchen. Dieser Bt-Mais wäre ein wichtiges Glied in einem integrierten Bekämpfungskonzept, in dem aber auch ein streng geregelter Fruchtwechsel große Bedeutung haben sollte.



Dr. Gustav-Adolf Langenbruch¹⁾, PD Dr. W o I f g a n g

Büchs², Dr. Wolfgang Burgermeister³, Dr. Bernd Freier³, Dr. Sherif A. Hassan¹¹ und Dr. Bernd Hommel⁴, Biologische Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft.

- ¹⁾ Institut für biologischen Pflanzenschutz, Darmstadt
- ²⁾ Institut für Pflanzenschutz im Ackerbau und Grünland, Braunschweig
- ³⁾ Institut für Pflanzenvirologie, Mikrobiologie und biologische Sicherheit, Braunschweig
- ⁴⁾ Institut für integrierten Pflanzenschutz, Kleinmachnow

Kontakt: g.-a.langenbruch@bba.de

Danksagung: Wir danken an dieser Stelle dem BMBF, dem Umweltbundesamt und dem Bundesamt für Naturschutz für die Forschungsmittel sowie dem PTJ in Jülich für die kooperative Abwicklung der Förderung. Ferner danken wir allen wissenschaftlichen und technischen Mitarbeitern sowie den zahlreichen Teilzeitkräften bei der Durchführung dieser Projekte. In den Beitrag sind Ergebnisse aus den Arbeiten von Dr. Martin Felke, Dr. Renate Kaiser-Alexnat, Dr. Danila Liebe, Dr. Thomas Meise, Andreas Müller, Dr. Sabine Prescher, Markus Schorling, Dr. Wolfgang Wagner, Dr. Guren Zhang und Dr. Olaf Zimmermann eingeflossen, die in den genannten BBA-Instituten angefertigt wurden.



Abb. 7: Der Westliche Maiswurzelbohrer – in den USA einer der wirtschaftlich wichtigsten Schädlinge – ist auch nach Europa eingeschleppt worden. Die Fotos zeigen einen Bestand in Ungarn



Zur Bewertung von Futtermitteln aus gentechnisch veränderten Pflanzen

Gerhard Flachowsky, Karen Aulrich, Hartwig Böhme, Ingrid Halle (Braunschweig), Fredi Schwägele (Kulmbach) und Hermann Broll (Berlin)

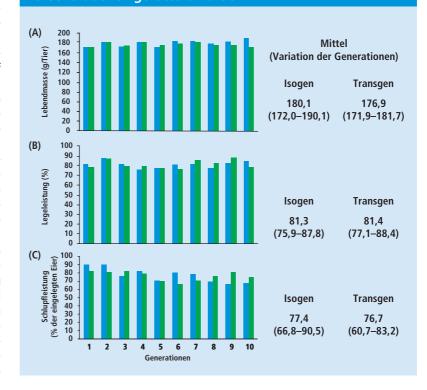
er Anbau gentechnisch veränderter Pflanzen (GvP) ist in den zurückliegenden zehn Jahren weltweit von rund 1,7 Mio. ha (1996) auf über 90 Mio. ha (2005) angestiegen. Ein beträchtlicher Teil des Erntegutes dieser GvP wird als ganze Pflanzen, Pflanzenteile, Silagen oder Nebenprodukte als Futtermittel in der Tierernährung eingesetzt. Unterscheiden sich die transgenen Pflanzen in ihrer Futtermittelqualität von "herkömmlichen" Pflanzen? Werden Teile der transgenen DNA vom Organismus der Nutztiere aufgenommen? Die Ressortforschungseinrichtungen des Bundesministeriums für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz haben dazu umfangreiche Fütterungsstudien mit verschiedenen gentechnisch veränderten Pflanzen und Pflanzenteilen durchgeführt. Im vorliegenden Beitrag werden die Ergebnisse dieser Studien vorgestellt und mit den Befunden aus der wissenschaftlichen Literatur zusammenfassend bewertet.

Bei den bislang im größeren Maße kommerziell angebauten GvP (Sojabohne, Mais, Baumwolle, Raps) handelt es sich überwiegend um Pflanzen mit veränderten agronomischen Eigenschaften. Sie besitzen eine Resistenz bzw. Toleranz gegenüber Insekten oder Pflanzenschutzmitteln, weisen aber keine oder nur minimale Änderungen im Gehalt an Inhaltsstoffen auf (so genannte GvP der 1. Generation).

Bei Pflanzen der 2. Generation werden durch gentechnische Maßnahmen substantielle Änderungen im Gehalt an erwünschten (z.B. Protein, Aminosäuren, Fett, Fettsäuren, Stärke, Zucker, Mineralstoffe, Vitamine oder Enzyme) und unerwünschten Inhaltsstoffen (z.B. Reduzierung des Gehaltes an Alkaloiden, Glucosinolaten, Lignin, verschiedenen Inhibitoren oder Mykotoxinen) angestrebt.

Ein Großteil der GvP der 1. Generation wird an Nutztiere verfüttert. In der Öffentlichkeit werden in diesem Zusammenhang vor allem Fragen zur Sicherheit bei Mensch, Tier und Umwelt gestellt. Fragen zur ernährungsphysiologischen Bewertung dieser Futtermittel sind seltener, wurden jedoch von verschiedenen Forschergruppen ebenfalls bearbeitet. Wissen-

Abb. 1: (A) Lebendmasse der weiblichen Wachteln nach 6 Wochen, (B) Legeleistung und (C) Schlupfleistung der Wachteln, die mit isogenem (blau) bzw. transgenem Mais (grün) über 10 Generationen gefüttert wurden



1/2006 FORSCHUNGSREPORT

Tab. 1: Bisher publizierte Ergebnisse zum Einsatz von Futtermitteln aus gentechnisch veränderten Pflanzen der 1. Generation im Vergleich zu isogenen Ausgangslinien

| Tiergruppe | Anzahl Versuche | Ernährungsphysiologische Bewertung |
|--|--------------------|---|
| Wiederkäuer Milchkühe Mastrinder Sonstige | 23 14 10 | Keine gerichteten (signifikanten) Unterschiede in den untersuchten |
| Schweine | 21 | Inhaltsstoffen Weniger Mykotoxine bei Bt-Pflanzen |
| Geflügel Legehennen Masthühner | 3 28 | Keine signifikanten Unterschiede in der Verdaulichkeit, in der Tiergesundheit, der Leistung der Tiere sowie der Zusammensetzung |
| Sonstige (Fische, Kaninchen, u.a.) | 5 | der erzeugten Lebensmittel tierischer Herkunft |

schaftlich interessant werden derartige Fragestellungen vor allem bei GvP der 2. Generation, weil dort unter anderem die Bioverfügbarkeit verschiedener Nährstoffe verändert oder der Gehalt an unerwünschten Stoffen verringert sein kann.

Fütterungsversuche

Weltweit wurden bisher die Ergebnisse von über 100 Fütterungsversuchen publiziert, in denen Futtermittel aus GvP der 1. Generation mit denen aus isogenen Pflanzen (Pflanzen der gleichen Sorte ohne gentechnische Veränderung) verglichen wurden. Am Institut für Tierernährung der Bundesforschungsanstalt für Landwirtschaft (FAL) erfolgte bisher in 17 Studien unter anderem der vergleichende Einsatz von Futtermitteln aus Körnermais, Maissilage, Sojabohnen, Zuckerrüben und Kartoffeln in der Ernährung von Wiederkäuern, Schweinen und Geflügel. Der Anteil der Futtermittel in den Mischungen bzw. Rationen schwankte zwischen 20 und 80 % der Futteraufnahme.

Abhängig von der Versuchsfrage erstreckten sich die Versuche über unterschiedliche Zeiträume: 15–20 Tage bei Bilanzversuchen bzw. ganze Mastperioden von 100 bis 250 Tagen bei Mastschweinen bzw. Mastrindern. Besonders erwähnenswert ist ein Versuch mit wachsenden und legenden Wachteln, in dem Bt-Mais (40 % bei wachsenden bzw. 50 % Mais bei legenden Wachteln) mit isoge-

nem Mais über viele Generationen verglichen wurde. Die Zwischenauswertung nach der 10. Generation ergab im Mittel über alle Generationen keine signifikanten Unterschiede in der Lebendmasse der Jungtiere, der Legeleistung der Wachtelhennen (Abb. 1).

Die von uns bisher mit Futtermitteln aus GvP der 1. Generation durchgeführten und ausgewerteten Versuche zeigten keine wesentlichen (signifikanten) Abweichungen der Inhaltsstoffe sowie der Leistungen und der Produktqualität der mit diesen Futtermitteln ernährten Tiere im Vergleich zu isogenen Ausgangslinien. Demnach sind die aus diesen GvP hergestellten Futtermittel weitgehend substantiell äquivalent zu den Ausgangslinien.

Diese Einschätzung wird auch durch die Ergebnisse der über 100 Versuche, die aus der weltweit publizierten Literatur entnommen werden können, bestätigt (Tab. 1).

Zu erwähnen ist, dass infolge des niedrigeren Maiszünsler-Befalls die Besiedlung des Bt-Maises durch verschiedene Pilze meist geringer ist und dadurch der Mais niedrigere Konzentrationen von Mykotoxinen (Pilzgiften) aufweist (Abb. 2).

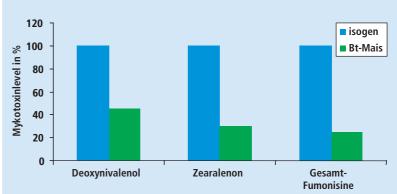
Abbau der DNA

Mensch und Tier kommen auf vielfältige Weise seit Jahrmillionen mit DNA aus fleischlicher und/oder pflanzlicher Nahrung (auch als "Fremd"-DNA bezeichnet) in Kontakt. Mit der Nahrung nimmt der Mensch täglich 0,1–1,0 g, das Schwein 0,5–4 g und die Milchkuh 40–60 g fremde DNA auf.

Bei transgenen Pflanzen wird nur ein sehr geringer Teil der Erbsubstanz verändert – mehr als 99,9 % der DNA in diesen Pflanzen stimmen mit der Erbsubstanz der Ausgangspflanzen überein. Selbst wenn der Anteil transgener Futtermittel in der Ernährung von Schwein bzw. Milchkuh 50 % betragen würde, wird dadurch die gesamte DNA-Aufnahme nur in völlig unbedeutendem Maße geändert.

Dennoch muss die Frage nach dem Verhalten der Erbsubstanz im Organismus beantwortet werden. Dazu wurden an mehreren Instituten Untersuchungen zum Abbau der DNA durchgeführt. Verschiedene Be-

Abb. 2: Ausgewählte Mykotoxine in Maiskörnern (nach verschiedenen Autoren). Das Mykotoxin-Level der isogenen Maislinie wurde auf 100 % festgesetzt.



14 FORSCHUNGSREPORT 1/2006

handlungen, wie z.B. die Silierung bzw. niedrige pH-Werte (3,5–5,0) oder chemische bzw. physikalische Extraktion von Ölen, Zucker oder Stärke aus Pflanzen bzw. Pflanzenteilen, das Bierbrauen oder andere Aufbereitungen führen zu einem teilweisen oder vollständigen DNA-Abbau. "Einfache" Behandlungen wie Mahlen und Abpressen hatten dagegen keinen wesentlichen Einfluss auf den DNA-Abbau; in Verbindung mit Scherkräften und Erwärmung trat jedoch eine Zerstörung der DNA ein.

Im Verdauungstrakt von Mensch und Tier erfolgt durch Magensäure und mikrobielle Aktivität ein rascher Abbau der DNA. Dabei ist allerdings nicht auszuschließen, dass kleine DNA-Fragmente vom Organismus absorbiert werden. Dort werden sie dann aber von einem spezifischen "Entsorgungssystem" wieder eliminiert. Selbst wenn DNA-Fragmente von einer Zelle aufgenommen werden, führt dies nicht automatisch zur Ausprägung einer neuen, gar unerwünschten, Eigenschaft. Hierfür sind weitere, so genannte regulatorische DNA-Abschnitte notwendig, die als "Ein- und Ausschalter" (Promotoren und Terminatoren) dienen. Die pflanzeneigenen Promotoren sind im tierischen und menschlichen Organismus nicht aktiv. Die prinzipielle Fähigkeit von Zellen, DNA-Abschnitte aufzunehmen, reicht also nicht aus. Es gibt keine Hinweise in der Literatur, dass sich transgene DNA anders verhält als die native DNA der Pflanzen (s. Kasten 1).

Abbau der "Novel"-Proteine

Als "Novel"-Proteine werden Proteine bezeichnet, die als Ergebnis der gentechnischen Veränderungen in den Pflanzen gebildet werden. Proteine sind aufgrund ihrer Struktur sehr labil gegenüber physikalischen und chemischen Behandlungen. Beispielsweise reicht schon die Erhitzung bei 60°C aus, um die meisten Proteine irreversibel zu zerstören. Futterproteine werden im Pansen der Wiederkäuer weitgehend mikrobiell abgebaut. Verbleibende Proteine werden wie bei Nichtwiederkäuern enzymatisch im Darm verdaut.

Die chemischen und biochemischen Eigenschaften der "Novel"-Proteine sind bekannt. Vor der Zulassung von GvP zum

Kasten 1: Verbleib der DNA

- DNA ist Bestandteil der täglichen Nahrung (Mensch: 0,1–1 g; Schwein: 0,5–4 g; Milchkuh: 40–60 g)
- Bei 50 % Anteil von GvP in der Nahrung sind etwa 0,005 % der aufgenommenen DNA transgene DNA
- DNA wird bei der Silierung, der industriellen Verarbeitung (Erhitzung, Extraktion) und im Verdauungstrakt (pH, Nukleasen) weitgehend abgebaut
- Es ist nicht auszuschließen, dass DNA-Bruchstücke in Organen und Geweben gefunden werden
- Spuren transgener DNA-Bruchstücke wurden bisher in einer Studie (von 25 publizierten Studien) in Organen und Geweben von Lebensmittel erzeugenden Tieren gefunden
- Es gibt keine Hinweise, dass sich transgene DNA bei der Futterbehandlung und im Tier anders verhält als native Pflanzen-DNA

Anbau werden zahlreiche in-vitro- und invivo-Studien, unter anderem auch zum Abbau der "Novel"-Proteine, durchgeführt. In entsprechenden Fütterungsversuchen konnte sowohl bei Wiederkäuern als auch bei Nichtwiederkäuern demonstriert werden, dass die "Novel"-Proteine im Verdauungstrakt abgebaut werden.

Der verfügbaren Literatur sind keine Hinweise zu entnehmen, dass die neu ausgeprägten (transgenen) Proteine sich im Magen/Darm-Trakt anders verhalten als herkömmliche Proteine (s. Kasten 2).

Zusammenfassende Bewertung

Die in den zurückliegenden 10 Jahren publizierten Befunde zum Einsatz von Futtermitteln aus GvP in der Tierernährung können wie folgt zusammengefasst werden:

- Die bisher untersuchten Futtermittel aus GvP der 1. Generation wiesen – mit Ausnahme eines geringeren Mykotoxin-Gehaltes in Bt-Mais – keine wesentlichen Unterschiede in den Inhaltsstoffen im Vergleich zu den isogenen Ausgangslinien auf.
- In mehr als 100 Versuchen mit Tieren, die zur Lebensmittelerzeugung dienen, konnten keine unvorhersehbaren bzw. unerwarteten Abweichungen beim Einsatz von Futtermitteln aus GvP der 1. Generation beobachtet werden.
- Es gibt keine Hinweise, dass sich die im Futter enthaltene transgene DNA bei der Futtermittelbehandlung und im Verdauungstrakt anders verhält als

- pflanzliche DNA. Dies wurde auch in zahlreichen Versuchen demonstriert.
- Außerdem gibt es keine Hinweise, dass sich die Novel-Proteine transgener Pflanzen anders verhalten als native Futterproteine.
- Wissenschaftliche Gremien haben umfangreiche Richtlinien zur ernährungsphysiologischen und Sicherheitsbewertung von Lebens- und Futtermitteln aus GvP erarbeitet, die ständig weiter entwickelt werden. Das hat dazu geführt, dass Lebensmittel mit GvP-Anteil wesentlich intensiver untersucht sind als "herkömmliche" Produkte.



1/2006 FORSCHUNGSREPORT 15

Jede für die Futter- und Lebensmittelherstellung beantragte GvP wird einzeln bewertet. Die Zulassung erfolgt nur, wenn das Ergebnis der Sicherheitsbewertung keine gesundheitlichen Risiken für Mensch, Tier und Umwelt im Vergleich zu einem nicht-veränderten Organismus zeigt.

Ergebnisse finden Eingang in Sicherheitsbewertungen

In den Ressortforschungseinrichtungen des BMELV wurden umfangreiche Fütterungsstudien mit verschiedenen gentechnisch veränderten Pflanzen und Pflanzenteilen vorgenommen. Darüber hinaus wurde neben der Untersuchung der Inhaltsstoffe auch der Abbau der Erbsubstanz (DNA) bei der Futterbehandlung sowie im Tier verfolgt. Die erzielten Ergebnisse und die daraus vorgenommenen Ableitungen fanden unter anderem Berücksichtigung bei den von der EU bzw. der Europäischen Behörde für Lebensmittelsicherheit (EFSA) erarbeiteten Dokumenten zur Sicherheitsbewertung von Lebensund Futtermitteln aus GvP.

Kasten 2: Abbau der "Novel"-Proteine (transgene Proteine)

- Futterproteine werden beim Nichtwiederkäuer mit körpereigenen Enzymen abgebaut und als Aminosäuren oder Peptide absorbiert
- Beim Wiederkäuer erfolgt ein mikrobieller Ab- und Umbau im Pansen; es schließt sich der Abbau mit körpereigenen Enzymen und die Nutzung wie beim Nichtwiederkäuer an
- Die chemischen und nichtchemischen Eigenschaften (einschl. des Abbauverhaltens) der "Novel"-Proteine werden vor der Zulassung von GvP zum Anbau in umfangreichen Versuchsserien studiert
- Intakte transgene Proteine wurden nicht außerhalb des Verdauungstraktes im Tierkörper nachgewiesen
- Es gibt in der Literatur keine Hinweise, dass sich "Novel"-Proteine anders verhalten als herkömmliche Futterproteine

Neben der sehr umfangreichen Sicherheitsbewertung existiert eine Kennzeichnungspflicht für Futtermittel aus gentechnisch veränderten Pflanzen (wie sie im Übrigen für Lebensmittel bereits seit 1997 besteht), die dem Landwirt die Information über die Verwendung von GvP im Fut-

Für Lebens- und Futtermittel aus GvP der 2. Generation, die substantielle Änderungen im Gehalt an erwünschten bzw. unerwünschten Inhaltsstoffen aufweisen, sind weitere umfangreiche Untersuchungen zur ernährungsphysiologischen und Sicherheitsbewertung notwendig. Solche



Prof. Dr. Gerhard Flachowsky, Dr. Hartwig Böhme,

PD Dr. Ingrid Halle, Bundesforschungsanstalt für Landwirtschaft (FAL), Institut für Tierernährung, Bundesallee 50, 38116 Braunschweig.

E-Mail: gerhard.flachowsky@fal.de

Dr. Karen Aulrich, Bundesforschungsanstalt für Landwirtschaft (FAL), Institut für Ökologischen Landbau, 23847 Trent-

Dr. Fredi Schwägele, Bundesforschungsanstalt für Ernährung und Lebensmittel, Institut für Chemie und Physik, E.-C.-Baumann-Str. 20, 95326 Kulmbach.

E-Mail: fredi.schwaegele@bfel.de Hermann Broll.

Thielallee 88-92, 14195 Berlin.



Mit sterilen Pappeln die Auskreuzung in forstliche Ökosysteme verhindern

Matthias Fladung, Hans Hönicka (Großhansdorf)

Peltweit wurden bisher fast 200 Freisetzungsversuche mit gentechnisch veränderten (transgenen) Bäumen durchgeführt. Die eingeführten Gene vermitteln neue Eigenschaften wie beispielsweise veränderte Holz- und Faserqualität oder Resistenzen gegen Schädlinge und Pflanzenkrankheiten. Allerdings haben Gehölze eine Besonderheit, die für die Risikobewertung gentechnischer Eingriffe von großer Bedeutung ist: Sie weisen eine extrem lange Lebensdauer auf. Zudem sind die Ausbreitungsgewohnheiten bei Gehölzen vielfältig und noch kaum erforscht. Im Rahmen der Sicherheitsbewertung gentechnisch veränderter Gehölze ist eine mögliche Ausbreitung der fremden Gene über die Auskreuzung von Pollen und die Verbreitung von Samen zu berücksichtigen. Um sicherzustellen, dass sich die fremden Gene nicht in natürlichen Waldbaumpopulationen verbreiten, werden am Institut für Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung der Bundesforschungsanstalt für Forst- und Holzwirtschaft (BFH) Sterilitätskonzepte für Gehölze entwickelt.

Holz als ein nachwachsender Rohstoff steht für viele Anwendungen als Schnitt- und Industrieholz zur Verfügung. Bei einer angenommenen Steigerung des jährlichen Holzbedarfs um etwa 1,7% ist damit zu rechnen, dass der Holzbedarf innerhalb der nächsten 15 Jahre um 25% auf etwa 2,5 Billionen m³ steigen wird. Eine der großen Herausforderungen unserer Zeit besteht darin, einerseits die zunehmende Abholzung der Primärwälder ("Urwälder") zu stoppen und andererseits dem zunehmenden Holzbedarf Rechnung zu tragen. Die Wissenschaft versucht zudem, die höheren Qualitätsansprüche (Reduzierung des Lignins, Verlängerung der Cellulosefaser) zu erfüllen und nutzt dazu auch biotechnologische und gentechnische Methoden, da herkömmliche Züchtungsmethoden nur sehr langsam oder gar nicht zum Ziel führen.

Gentechnik bei Bäumen

Für Pappeln existieren bereits seit 1987 Methoden, fremde Gene in das Erbgut (Genom) zu überführen. Zunächst wurden Resistenzgene gegen Antibiotika übertragen, wodurch es möglich war, den Erfolg einer Übertragung von Genkonstrukten bereits im Labor zu überprüfen. Dann fand die Gentechnik auch für grundlegende wissenschaftliche Fragestellungen Anwendung. Da mittlerweile verschiedene für Bäume relevante Gene verfügbar sind, werden zunehmend transgene Bäume produziert, die eine ökologische und/oder wirtschaftliche Relevanz haben. Die Verwendbarkeit dieser transgenen Bäume wird zur Zeit noch hauptsächlich von Wissenschaftlern im Labor bzw. in kleineren Freilandversuchen getestet, doch wird damit zu rechnen sein, dass mittel- bis langfristig transgene Bäume auch im großen Stil im Freiland getestet werden, wie es bereits derzeit mit B.t.-transgenen Pappeln in China passiert.

Bäume könnten beispielsweise genetisch so verändert werden, dass sie schneller wachsen und somit im Bereich der erneuerbaren Energien eine herausragende Bedeutung als Energieträger erlangen. Auch könnte der Ligningehalt im Holz ge-

senkt werden, so dass der für die Papierherstellung benötigte Zellstoff umweltfreundlicher aus Holz von transgenen Bäumen als aus bisher verfügbaren Hölzern gewonnen wird. Andere gentechnische Ansätze verfolgen das Ziel, entweder den Gehalt an Cellulose im Holz oder die Länge der Cellulosefaser selbst zu modifizieren. Verlängerte Cellulosefasern sind für die Bildung von höherwertigem Zellstoff im Zuge der Papierherstellung wirtschaftlich äußerst interessant.

Schließlich können bei Problemen wie Bodenversalzung, Trockenheit, oder Insektenschäden – vor allem in Ländern mit aridem Klima oder einer sehr geringen Waldfläche – biotechnologische und gentechnische Methoden Verwendung finden, da hier die herkömmliche Züchtung oftmals keine Alternativen bietet.

Das Risiko der dauerhaften Ausbreitung

Mit der zunehmenden Bedeutung gentechnisch veränderter Forstpflanzen in der

1/2006 FORSCHUNGSREPORT



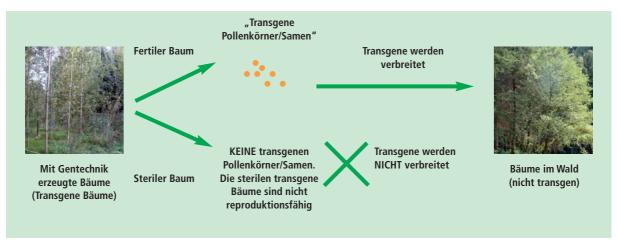
scheinlichkeit, dass diese weltweit verwendet werden, zum Beispiel in Plantagenkulturen. Eine unbeabsichtigte Vermehrung und Ausbreitung transgener Bäume wäre dann nicht mehr ausgeschlossen. Auch wenn zunächst einmal eine Ausbreitung transgener Gehölze per se kein Risiko darstellt, nehmen diese jedoch als langlebige Organismen eine besondere Stellung in der Risikobewertung gentechnischer Eingriffe ein. Selbst die vergleichsweise kurzlebige Pappel erreicht immerhin schichten gerät, trägt der Wind ihn auch schon mal hundert Kilometer weit. Da bisher keine konventionellen Ansätze zur Erzeugung und Einkreuzung natürlicher Sterilität in Bäumen vorliegen, ist die Etablierung einer gentechnisch basierten männlichen und/oder weiblichen Sterilität eine mögliche Strategie, um den vertikalen Genfluss zu verhindern.

Ob allerdings solche Konzepte erfolgreich sind hängt entscheidend davon ab, wie stabil die fremden Gene sind, da Bäume erst nach einer Reihe von Jahren blühen. Bislang ist die Frage noch nicht zufriedenstellend beantwortet, ob gentechnisch übertragene Gene, die in den transgenen Bäumen direkt nach der Übertragung aktiv sind, auch noch nach zwanzig oder dreißig Jahren funktionieren.

Frühe Blüte bei Pappeln

Sicherheitsstudien bei transgenen Forstpflanzen leiden unter den langen Generationszeiten. Um die gentechnisch induzierte Sterilität innerhalb eines überschaubaren Zeitrahmens von zwei bis drei Jahren analysieren zu können ist es wünschenswert, die vegetative Phase der Pappeln erheblich zu verkürzen. Daher ist die Förderung der Blühinduktion bei transgenen Pappeln im Rahmen der Untersuchungen zur Sterilität sehr wichtig. Am BFH-Institut für Forstgenetik und Forstpflanzenzüchtung, Großhansdorf, wird neben physiologischen Ansätzen für die Erzeugung frühblühender Pappellinien

nisch veränderten und nicht gentechnisch veränderten Bäumen angenommen werden. Daher ist eine Einkreuzung der gentechnisch übertragenen Gene (Transgene) in den Genpool der entsprechenden Arten zu erwarten ("vertikaler Genfluss"), sofern nicht Maßnahmen entwickelt werden, die dieser freien Kreuzbarkeit entgegenwirken (Abb. 1). Zudem können sich



Pollen und Samen von Bäumen unter Um-

ständen sehr weit ausbreiten. Wenn der

Pollen je nach Wetterlage in hohe Luft-

Abb. 1: Verhinderung der Ausbreitung von Transgenen durch Erzeugung einer Sterilität bei transgenen Bäumen.

18 FORSCHUNGSREPORT 1/2006



Abb. 2: Transgene Pappeln mit BpMADS4-Gen im Gewächshaus, die ihre Blättern während der Herbst-Winterperiode nicht vollständig abgeworfen haben (links). Rechts zum Vergleich Pappeln ohne BpMADS4.

auch ein gentechnischer Ansatz mit Hilfe von Genen getestet, die bereits in anderen Pflanzen eine frühe Blüte bewirkt hahen

Bisher sind alle Versuche fehlgeschlagen, ein- bis dreijährige Pappeln mittels physiologischer Ansätze (Applikation von Wachstumshemmern, Demethylierungs-Agenzien und Hormonen) zur Blütenbildung anzuregen. Dagegen konnten unter anderen auch an der BFH frühblühende Pappellinien auf gentechnischem Weg erzeugt werden, die entweder bereits einige Monate nach der gentechnischen Veränderung oder als dreijährige Pflanzen Blüten bildeten. Verschiedene Genkonstrukte wurden für die Transformation von Pappeln verwendet.

Das Gen BpMADS4 aus der Birke wurde zum ersten Mal in Pappeln überführt. In transgenen Birken hat dieses Gen eine beschleunigte Blühfähigkeit bewirkt. Die ersten BpMADS4-transgenen Pappeln wurden Anfang 2002 erzeugt, ins Gewächshaus überführt und molekulargenetisch untersucht. Einige Exemplare werden seit Mitte 2002 in Klimakammern kultiviert. Eine blühfördernde Wirkung dieses Genkonstrukts ist in transgenen Pappeln allerdings bisher nicht gefunden worden. Während der Kultur im Gewächshaus wurde jedoch beobachtet, dass die BpMADS4-transgenen Pappellinien über die Winter-

monate ihre Blätter nicht vollständig abwerfen (Abb. 2).

Die Expression der beiden aus Arabidopsis thaliana stammenden Gene Leafy und FT hat bisher in verschiedenen Pflanzenarten sehr effektiv die Blühfähigkeit gefördert. Frühe Blütenbildung ist für beide Gene bereits in der in-vitro-Kultur im ersten Jahr beobachtet worden (Abb. 3). Für FT-transgene Pappeln liegen aber noch keine weiteren Ergebnisse vor, da sie erst spät mit in die Untersuchungen aufgenommen wurden. Die frühblühenden Leafy-transgenen Pappellinien sind unter Gewächshausbedingungen fertil (Abb. 4A). Die Leafy- und FT-induzierte Verkürzung



des Jugendstadiums sowie die Aufrechterhaltung der Fruchtbarkeit werden jedoch stark vom Genotyp der verwendeten Pappellinie beeinflusst.

Erzeugung doppeltransgener Pappeln

Für die Induktion der Sterilität in weiblichen und männlichen Pappeln wurden zwei Gene gewählt, die bereits erfolgreich in krautigen Pflanzen getestet wurden: Das Barnase-Gen aus Bacillus amyloliquefaciens und das Stilbensynthase-Gen aus Vitis vinifera. Das Barnase-Gen kodiert ein für die Zelle giftiges Enzym. Nur wenige Moleküle dieses Enzyms reichen aus, um eine Pflanzenzelle abzutöten. Das Stilbensynthase-Gen ist verantwortlich für die Bildung des sekundären Pflanzenstoffs Resveratrol. Nach Übertragung der Stilbensynthase in verschiedene Pflanzenspezies wurde in den transgenen Pflanzen eine erhöhte Resistenz gegen Pilzbefall festgestellt, wobei als "Nebenerscheinung" auch eine männliche Sterilität festgestellt wurde.

Beide Gene werden von gewebespezifischen Steuerelementen (Promotoren) reguliert um sicherzustellen, dass die gewebeschädigenden Enzyme nur in bestimmten Blütenorganen gebildet werden: in weiblichen Blüten nur in der Narbe bzw. in männlichen Blüten dort, wo die Pollenbildung stattfindet, in den Pollensäcken.

Die verschiedenen zur Sterilität führenden Konstrukte wurden in männliche und weibliche Leafy- und FT-basierte frühblü-

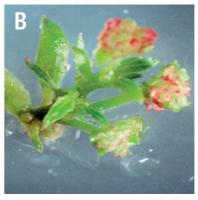
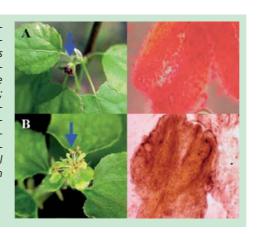


Abb. 3: Weibliche Einzelblüte bei einer frühblühenden Leafy-transgenen (A) und männliche Blüten bei einer frühblühenden FT-transgenen Pappellinie (B) unter in-vitro-Bedingungen.

Abb. 4: Erzeugung von frühblühenden und frühblühend-sterilen Linien von Pappeln (Populus tremula, Linie T89) durch genetische Transformation. (A) Blüte (links) und Staubbeutel (rechts: MIT Pollenkörnern) in frühblühender Pappel OHNE Sterilitätsgen. (B) Blüte (links) und Staubbeutel (rechts; OHNE Pollenkörner) in frühblühender Pappel MIT Sterilitätsgen. Pfeile zeigen



hende Pappellinien überführt. Insgesamt wurden eine große Anzahl transgener Linien, die verschiedene Kombinationen von Frühblüh- und Sterilitätskonstrukte beinhalten, erzeugt. Doppeltransgene Linien - also Linien, die sowohl steril sind als auch früh blühen – wurden molekularbiologisch untersucht und in vitro, in der Klimakammer sowie im Gewächshaus kultiviert.

Von den weiblichen doppeltransgenen Linien hat bisher noch keine der transgenen Pflanzen Blüten gebildet, so dass Untersuchungen zur Fertilität dieser Pflanzen noch ausstehen. Bei den männlichen doppeltransgenen Pappeln blühte eine Reihe von Linien, so dass bei ihnen untersucht werden konnte, ob die Blüten steril waren.

Untersuchungen zur Sterilität

Einige dieser männlichen, doppeltransgen frühblühend-sterilen Linien haben bereits während der in-vitro-Kultur Blüten ausgebildet. Die Aktivität der Sterilitätsgene in diesen Blüten wurde mit Hilfe der RT-PCR Methode untersucht. Die Ergebnisse deuten darauf hin, dass das Stilbensynthase-Gen bei frühblühend-sterilen Pflanzen aktiv ist. Korrespondierende Untersuchungen an ins Gewächshaus überführten frühblühend-sterilen Pflanzen ergaben, dass im Vergleich zu Kontrollpflanzen (Abb. 4A) kein Pollen gebildet wird (Abb.

Die Individualentwicklung der frühblühend-sterilen Pflanzen ist allerdings im Vergleich zu nicht-transgenen Pflanzen sehr langsam. Darüber hinaus erwies es sich als sehr schwierig, die Pappeln der frühblühend-sterilen Linien zu bewurzeln. Das könnte möglicherweise an einer mangelhaften Gewebespezifität der aus anderen Pflanzenarten isolierten Promotoren liegen, sodass das Stilbensynthase-Gen auch in anderen Pflanzenteilen exprimiert wird. Zurzeit wird geprüft, wie hoch die Gewebespezifität der verwendeten Promotoren in Pappeln tatsächlich ist, da hierzu bisher noch keine Daten vorliegen.

Derzeit sind hauptsächlich in-vitro-Pflanzen verfügbar, die aber für die Untersuchungen zur Transgen-Aktivität nur begrenzt geeignet sind.

Schlussfolgerungen und Ausblick

Im Rahmen der beschriebenen Arbeiten ist es gelungen, durch die Induktion einer frühen Blüte Untersuchungen zur Sterilität von transgenen Pappeln in einem zeitlich überschaubaren Rahmen von ein bis zwei Jahren durchzuführen. Allerdings hat sich gezeigt, dass Ergebnisse zur Blühförderung, die in anderen Pflanzenarten gewonnen wurden, nicht per se auf Pappeln übertragbar sind. Daher ist die Suche nach Alternativen zur Induktion einer frühen Blütenbildung sinnvoll.

Zurzeit werden FT-transgene Pappellinien, die mit den verschiedenen Sterilitätsgenkombinationen transformiert wurden, untersucht. Diese doppeltransgenen Pappeln erleichtern durch die Ausbildung ganzer Kätzchen die geplanten Untersuchungen zur Sterilität. Schließlich bildet eine stabile Sterilität die Vorraussetzung, um später auch Bäume mit anderen Genkombinationen - beispielsweise solchen, die zu verbesserten Qualitätseigenschaften führen - freisetzen zu können, ohne das Risiko einer unkontrollierten Ausbreitung eingehen zu müssen.



PD Dr. Matthias Fladung, Hans Hönicka, Bundesforschungsanstalt für Forst- und Holzwirtschaft, Institut für Forst-

genetik und Forstpflanzenzüchtung, Sieker Landstr. 2, 22927 Großhansdorf. E-Mail: m.fladung@holz.uni-hamburg.de

Informationen Weitere Freisetzung zur transgener Bäume finden Sie im Internet unter http://www.biosicherheit.de/gehoelze/.



Welche Risiken sind beim Anbau von gentechnisch veränderten Apfelbäumen zu erwarten?

Henryk Flachowsky und Magda-Viola Hanke (Dresden-Pillnitz)

er Einsatz der Gentechnik hat in den letzten Jahren zunehmend an Bedeutung für die Pflanzenzüchtung und die Züchtungsforschung gewonnen. Auch in der Obstzüchtung, hier in erster Linie beim Apfel, wurden bereits national und international zahlreiche Arbeiten auf diesem Gebiet durchgeführt. Dabei wurden in erster Linie Gene zur Erhöhung der Resistenz gegenüber den pilzlichen und bakteriellen Schaderregern des Apfelschorfes, des Echten Mehltaus und des Feuerbrandes übertragen. Zunehmend werden aber auch Gene verwendet, die einen positiven Einfluss auf die innere Nahrungsmittelqualität wie den Vitamingehalt und den Gehalt an Antioxidantien haben. Doch mit der Anwendung gentechnischer Methoden wuchsen auch die Bedenken der Verbraucher. So wurden vor allem Fragen zur Stabilität übertragener Gene, zum Risiko einer unkontrollierten Verbreitung sowie zu unvorhersehbaren Folgen für die Umwelt laut. Das Institut für Obstzüchtung der Bundesanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen (BAZ) in Dresden-Pillnitz führt seit rund einem Jahrzehnt zahlreiche wissenschaftliche Studien durch, deren Ergebnisse als Grundlage der Risikobewertung für den Anbau von gentechnisch veränderten Obstgehölzen herangezogen werden können.

Bleiben übertragene Gene stabil?

Im Gegensatz zu einjährigen landwirtschaftlichen Kulturpflanzen werden Obstanlagen viele Jahre genutzt. Damit müssen Bäume, die in einer solchen Anlage stehen, über einen langen Zeitraum genetisch stabil bleiben.

Aus diesem Grund wurde am Institut für Obstzüchtung in mehreren Modellversuchen untersucht, welchen Einfluss der Faktor Zeit auf die in das Apfelgenom übertragenen Gene hat. Dabei wurden Pflanzen analysiert, die unterschiedliche Fremdgene besitzen. Zu diesen Genen gehört unter anderem das *nptll-*Gen. Dieses Gen vermittelt transgenen Pflanzen eine Resistenz gegenüber dem Antibiotikum Kanamycin. Zum anderen wurde das so genannte *gusA-*Gen übertragen, welches Pflanzen befähigt, unter bestimmten Bedingungen einen blauen Indigofarbstoff zu bilden. Neben diesen beiden Genen wurden aber auch noch solche Gene untersucht, die eine Resistenz gegenüber Bakterien und Pilzen vermitteln.

Ein bis drei Jahre nach der Genübertragung wurden 65 Apfelpflanzen von insgesamt 14 transgenen Linien hinsichtlich ihrer genetischen Stabilität untersucht. Der

Großteil der untersuchten Pflanzen zeigte über mehrere Jahre hinweg in der in vitro-Kultur und im Gewächshaus eine stabile Genexpression. Lediglich an einzelnen Pflanzen von insgesamt drei Linien traten Instabilitäten auf (Abb. 1 und 2). An der Aufklärung der Ursachen, die für eine solche Instabilität verantwortlich sind, wird derzeit gearbeitet. Die Ergebnisse dieser Studie lassen generelle Rückschlüsse zur Stabilität von Fremdgenen bei Obstgehölzen zu. Einen größeren Einfluss als das übertragene Gen selbst haben dabei der Ort des Einbaus im Genom sowie die Anzahl und die Organisation von Genkopien an einem Genort.



Abb. 1: Langzeituntersuchungen zur Stabilität einer gentechnisch vermittelten Kanamycin-Resistenz. Dazu wurden in vitro-Sprosse transgener Apfellinien auf Nährmedium ohne Kanamycin kultiviert. Nach jeweils vier Wochen wurden die Sprossspitzen abgeschnitten und auf neues Medium überführt. Nach einem Zeitraum von vier Jahren wurden die Sprosse auf Kanamycinhaltigem Medium hinsichtlich ihrer Kanamycin-Resistenz getestet. Dabei starben nicht mehr transgene Sprosse ab (Pflänzchen mit brauner Blattfärbung im Bild).

Neben dem Faktor Zeit sollen nun auch andere Umweltbedingungen näher betrachtet werden. Dazu ist es aber notwendig, Freisetzungsversuche anzulegen. Bisher konnten in Deutschland solche Freisetzungsversuche noch nicht durchgeführt werden.

Über welche Distanz verbreiten sich Apfelpollen?

Der Apfel (Malus x domestica Borkh.) gehört zu den fremdbefruchtenden Arten und ist somit bei der Befruchtung auf den Pollen anderer Pflanzen der gleichen Art oder nahe verwandter Arten (z.B. Wildformen des Apfels) angewiesen. Die Bestäubung von Apfelblüten wird dabei nahezu ausschließlich von Insekten durchgeführt. Vor allem Bienen tragen den Pollen während ihres Futterfluges von einer Blüte zur anderen. Infolge des Transports von Pollen kommt es zu einer ständigen Vermischung von Erbgut unterschiedlicher Herkunft, die demzufolge auch mit Pollen gentechnisch veränderter Pflanzen möglich sein wird. Deshalb wurde am Pillnitzer Institut im Freiland eine Modellstudie mit nichttransgenen Bäumen durchgeführt, in der geklärt werden sollte, in welchem Abstand von gentechnisch veränderten ApfelbäuIn einer bestehenden Versuchs-

men mit einer Auskreuzung gerechnet werden muss.

fläche wurden insgesamt 60 Apfelbäume verschiedener Sorten ausgewählt. Diese Bäume dienten als Pollenfänger und befanden sich in unterschiedlichen Abständen zu insgesamt 15 Pollenspenderbäumen der Wildart Malus pumila var. Niedzwetzkyana. Solche Apfelwildarten werden aufgrund ihres gro-Ben Pollenangebotes in Praxisbeständen vielfach als Bestäuber eingesetzt. Die Wildart Malus pumila var. Niedzwetzkyana wurde ausgewählt, da es sich in vorangegangenen Studien gezeigt hat, dass sie in ausreichendem Maße Pollen produziert, der sich durch eine hohe Vitalität und Keimfähigkeit auszeichnet. Darüber hinaus blüht der Niedzwetzkyana-Wildapfel zu einem Zeitpunkt, an dem die meisten heimischen Apfelsorten in voller Blüte stehen. Im Rahmen künstlicher Bestäubungsversuche wurde festgestellt, dass diese Wildart in der Lage ist, mit nahezu allen bekannten Apfelsorten fertile Nachkommen zu zeugen. Der größte Vorteil des Niedzwetzkyana-Wildapfels ist aber, dass

sämtliche Pflanzenteile eine purpurrote Färbung aufweisen, die auch vererbt wird. Dadurch können Sämlinge, die aus einer Befruchtung mit dem Pollen dieser Wildart hervorgegangen sind, bereits im Keimpflanzenstadium von anderen Apfelgenotypen sehr leicht unterschieden werden. Mit Hilfe dieses ,roten Markers' ist es möglich, unter den Nachkommen der Pollenfängerpflanzen solche zu identifizieren, die durch eine Befruchtung mit Pollen des Pollenspenders entstanden sind.

Im Herbst 2003 und 2004 wurden in der beschriebenen Apfelanlage Früchte der Pollenfängerpflanzen geerntet und die Samen dieser Früchte zur Aussaat gebracht (Abb. 3). Über den Anteil rotlaubiger Sämlinge war es möglich, die Pollentransportrate sowie die Entfernung des Pollentransportes zu bestimmen. Dabei wurde festgestellt, dass der Anteil rotlaubiger Sämlinge

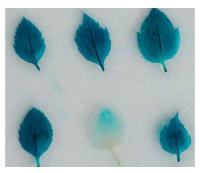


Abb. 2: Für die Untersuchungen zur Stabilität von Fremdgenen wurden Pflanzen hergestellt, welche das gusA-Gen besitzen (induziert Blaufärbung). Es wurden einzelne Blätter und Sprosse gefunden, bei denen keine Fremdgenaktivität mehr nachweisbar war (weißes Blatt, unten Mitte).



Abb. 3: Sämlinge, angezogen aus den Kernen der Früchte verschiedener Apfelsorten, die als Pollenfängerpflanzen dienten. Sämlinge mit rötlich gefärbten Laubblättern (Pfeil) stammen aus einer Befruchtung mit Pollen der rotlaubigen Apfelwildart Malus pumila var. Niedzwetzkyana.

22 FORSCHUNGSREPORT 1/2006

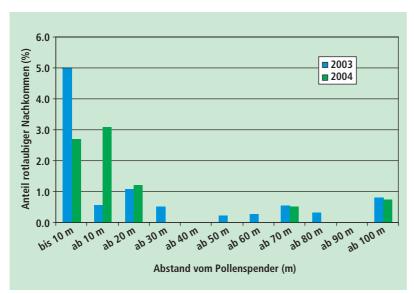


Abb. 4: Anteil rotlaubiger Nachkommen aus freier Abblüte eines Bestandes verschiedener Apfelsorten in Abhängigkeit von der Entfernung zum Pollenspender Malus pumila var. Niedzwetzkyana. Insgesamt wurden 11.797 Samen untersucht.

im Bereich von 5–10 m im Umkreis der Pollenspenderbäume am größten war. Mit zunehmender Entfernung ging dieser Anteil jedoch unter 1 % zurück (Abb. 4). Vereinzelt konnten Auskreuzungen noch in Entfernungen bis 100 m nachgewiesen werden.

Besonderen Einfluss auf die Höhe der Auskreuzung hat dabei die Richtung des Bienenfluges. Diese hängt von verschiedenen Umweltbedingungen ab, wie dem Standort des Bienenwagens, der Windrichtung und der -stärke. Wie Untersuchungen zum Sammelverhalten der Bienen belegen, sammeln Bienen meistens in der Nähe des Bienenvolkes und beschränken sich dabei auf eine Fläche von ca. 10 m², wenn dort genügend Nektar verfügbar ist.

Die Ergebnisse dieser Studie zeigen, dass eine Auskreuzung durch Bienen prinzipiell auch über größere Distanzen möglich ist. Zur Minimierung des Auskreuzungsrisikos empfehlen sich deshalb Mantelpflanzungen bzw. Sicherheitsabstände von mindestens 25–30 m Breite. Damit ist es möglich, das Risiko einer Auskreuzung deutlich zu reduzieren. Ganz auszuschließen ist es jedoch nicht.

Windbestäubung

Zwar wird der Apfel vorwiegend von Insekten bestäubt, jedoch ist eine Übertragung von Pollen durch den Wind nicht gänzlich ausgeschlossen. Ob eine solche

Windbestäubung tatsächlich stattfindet, hängt in erster Linie davon ab, wie weit Apfelpollen durch den Wind transportiert werden kann.

Bisher gibt es dazu noch sehr wenig Information. Aus diesem Grund wurde im Frühiahr 2005 am Institut ein Versuch angelegt, mit dessen Hilfe die maximale Transportdistanz von Apfelpollen durch den Wind bestimmt werden sollte. Für diesen Versuch wurde am 2. Mai 2005 (Zeitpunkt der Vollblüte bei Apfel) ein einzelner Apfelbaum von ca. 1,5 m Höhe in einem Pflanztopf inmitten einer freien Fläche von ca. 60 x 200 m aufgestellt. In allen vier Himmelsrichtungen rund um diesen Baum wurden Pollenfallen in Abständen von 2 m bis 20 m aufgehängt. Bei diesen Pollenfallen handelte es sich um beschichtete Objektträger mit einer klebrigen Glyceringelatineoberfläche, an der in der Luft befindliche Pollen hängen bleiben sollten. Diese Objektträger wurden nach sechs Stunden eingesammelt und unter dem Mikroskop nach Apfelpollen abgesucht.

Werden die Blüten eines konventionellen Apfelbaums von gentechnisch veränderten Pollen befruchtet, ist das Fruchtfleisch der Äpfel nicht verändert. Lediglich die Kerne sind transgen.

Die meisten Apfelpollen wurden dabei in einem Radius von 6 m rund um den Baum gefunden. Unterschiede zwischen den einzelnen Himmelsrichtungen waren in diesem Bereich nicht zu finden. Mit zunehmender Entfernung (6-20 m) wurden nur noch vereinzelte Pollenkörner gefunden. Dabei war der Anteil an Pollen in nördlicher Richtung vom Baum am größten. Da der Wind an diesem Tag mit einer Stärke von 3 bis 4 aus südlicher Richtung kam, ist dieses Ergebnis wenig verwunderlich. Es ist jedoch nicht klar, ob solche einzelnen Pollenkörner überhaupt zu einer erfolgreichen Befruchtung führen können. Eine Auskreuzung durch Wind über eine Distanz von mehr als 20 m ist eher unwahrscheinlich. Auch zur Verhinderung einer Windauskreuzung sind Mantelpflanzungen und Sicherheitsabstände zu empfehlen. Eine Breite von 25-30 m sollte ausreichen, um dieses Risiko zu unterbinden.

Ist eine Auskreuzung durch Samen möglich?

Eine Auskreuzung ist prinzipiell auch über die Samen von Früchten transgener Pflanzen denkbar. Die Früchte fallen auf den Boden und werden anschließend von Tieren gefressen, die dann die Samen (z.B. die Apfelkerne) über ihren Kot verbreiten. Dieser Weg der Ausbreitung ist unter den in Europa herrschenden Bedingungen einer bewirtschafteten Obstanlage nahezu ausgeschlossen. Der Apfelbaum wird nicht über Samen, sondern vegetativ durch Pfropfung vermehrt. Die Samen spielen deshalb für die Erhaltung und Vermehrung





Abb. 5: Die Aktivität des gusA Gens, welches zu einer Blaufärbung von gentechnisch verändertem Gewebe führt, konnte nur an Blättern der transgenen Wurzelunterlage (1) nachgewiesen werden. An den Blättern der aufgepfropften nicht-transgenen Apfelsorte (Proben 2–5) war keine Blaufärbung und damit auch kein Fremdgenprodukt nachweisbar.

von Obstsorten keine Rolle. Des Weiteren werden die Früchte in bestehenden Obstanlagen in der Regel abgeerntet bzw. aus phytosanitären Gründen aufgesammelt. Sollten dennoch Samen von heruntergefallenen Früchten in den Boden gelangen, so finden diese aufgrund der intensiven Bearbeitung innerhalb der Obstanlagen keine geeigneten Entwicklungsbedingungen.

Auch außerhalb der obstbaulich genutzten Flächen ist eine solche 'Auswilderung' unwahrscheinlich, da Apfelbäume in unserer genutzten Kulturlandschaft kaum Aufwuchsmöglichkeiten haben.

Käme es, zum Beispiel durch unzureichende Sicherheitsmaßnahmen (Mantelpflanzungen etc.), zu einer unerwünschten Übertragung von gentechnisch verändertem Pollen auf die Apfelblüten in einer benachbarten Obstanlage, so würden im Ergebnis Früchte entstehen, deren Samen verändertes Erbgut enthielten. Das Fruchtfleisch des Apfels entwickelt sich jedoch aus dem Blütenboden, welcher aus rein mütterlichem, unverändertem Gewebe besteht. Damit wären sowohl das Fruchtfleisch als auch die Schale völlig unverän-

dert. Von Belang wäre dieser Fall lediglich für solche Verbraucher, die den Apfel mitsamt dem Kerngehäuse essen.

Ist ein Gentransport innerhalb der Pflanze möglich?

Der Apfel wird normalerweise in Form einer Pfropfkombination, bestehend aus zwei unterschiedlichen Genotypen, angebaut. Der erste Genotyp dient als Wurzelunterlage, die an den Standort angepasst ist. Die Unterlage bestimmt den Wuchs des Baumes. Auf diese Wurzelunterlage wird ein zweiter Genotyp, die Kultursorte, veredelt. Dabei handelt es sich in der Regel um Edelsorten, die den Baum in die Lage versetzen, hochwertige Früchte in einer ausreichenden Menge zu produzieren. Diese Art der Kultivierung trifft sowohl für konventionelle als auch für gentechnisch modifizierte Apfelbäume gleichermaßen

Sollten transgene Sorten in ferner Zukunft Eingang in den Obstbau finden, dann ist es nicht zwangsläufig der Fall, dass beide Veredlungspartner (Unterlage und Edelreis) gentechnisch verändert sind. Deshalb stellt sich hier die Frage, inwieweit fremde Gene oder deren Produkte (z.B. Eiweiße) von dem transgenen in den nicht-transgenen Teil des Baumes transportiert werden können.

Um dies abzuklären, wurden im Gewächshaus gentechnisch veränderte Apfelbäume mit unterschiedlichen Veredlungsvarianten hergestellt. Der transgene Genotyp wurde entweder als Wurzelunterlage oder als Edelsorte benutzt. Nach ein bzw. zwei Jahren wurde der jeweils gentechnisch unveränderte Teil des Baumes auf das Vorkommen der Fremdgene bzw. deren Produkte untersucht (Beispiel in Abb. 5). Im Rahmen dieser Studie wurden insgesamt vier Gene, die mithilfe von drei Genkonstrukten übertragen worden waren, geprüft. Dabei handelte es sich um die bereits beschriebenen Gene nptll und gusA sowie um das Lysozym-Gen T4L des Bakteriophagen T4 und das für eine Exopolysaccharid-Depolymerase kodierende dpo-Gen des Bakteriophagen Ea1h. Für diese Gene konnte ein solcher Transport in den nicht-transgenen Teil des Baumes nicht nachgewiesen werden.



Dr. Henryk Flachowsky und Dir. u. Prof. Dr. Magda-Viola Hanke, Bundesanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen, Institut für Obst-

züchtung, Pillnitzer Platz 2, 01326 Dresden. E-Mail: h.flachowsky@bafz.de

Den beschriebenen Forschungsarbeiten liegen Projekte zugrunde, die durch den Freistaat Sachsen (Sächsisches Staatsministerium für Umwelt und Landwirtschaft) sowie durch das Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) langjährig finanziell gefördert worden sind. An den Arbeiten waren folgende Mitarbeiter beteiligt: Stefanie Reim, Marko Riedel, Andreas Peil. Wir danken auch den zahlreichen Studentinnen und Studenten der TU Dresden und der Hochschule für Technik und Wirtschaft Dresden für die in den Praktikumssemestern geleistete Arbeit.





Jörg Schubert (Aschersleben)

itte der 1980er Jahre schien die Grüne Gentechnik für manche das Allheilmittel für die in der Landwirtschaft bestehenden Probleme zu sein. Allzu enthusiastische Träume zerschlugen sich jedoch schnell. Zum einen ließen sich viele Vorstellungen nicht so einfach wie erhofft realisieren, zum anderen kamen Bedenken auf hinsichtlich möglicher ökologischer Risiken und verstärkter Abhängigkeit der Landwirte von Großkonzernen. Allerdings eröffnen gentechnische Verfahren auch Möglichkeiten, die der klassischen Pflanzenzüchtung bislang verwehrt bleiben. So fand die gentechnische Verbesserung der Resistenz von Kulturpflanzen gegen Viren schnell Aufmerksamkeit, da erste Ergebnisse vielversprechend waren. Besonders interessant war die Verbesserung der Resistenz von Kulturen, bei denen Virusprobleme bestanden, die sich weder über Züchtung, noch durch Einsatz von Pflanzenschutzmitteln zur Bekämpfung der Virusüberträger lösen ließen. Dies ist zum Beispiel bei Kartoffeln der Fall. Unsere Forschungsarbeiten zielten darauf ab zu testen, wie stabil eine gentechnisch vermittelte Virusresistenz bei Kartoffeln unter Freilandbedingungen ist und welche ökologischen Risiken sie bergen könnte.

Pflanzenzüchtung ist ein langwieriger und sehr kostenintensiver Prozess, denn die verschiedensten Eigenschaften sind in einem Endprodukt - der Sorte - zu vereinen. Dabei ist die Resistenzzüchtung besonders aufwändig, da es eine Vielzahl von Krankheiten gibt. Erschwerend kommt hierbei hinzu, dass Resistenzen in der Regel nicht stabil sind, sie also immer wieder "erneuert" werden müssen. Besonders anspruchsvoll ist die Züchtung von Kulturarten, die mehr als den doppelten (diploiden) Chromosomensatz aufweisen, wie zum Beispiel bei einigen Getreiden (Hafer - hexaploid), Obst (Hauspflaume – tetraploid) und auch unserer Kartoffel (tetraploid).

Wie schwierig eine zielgerichtete Züchtung gerade bei der Kartoffel ist, zeigt der Umstand, dass bestimmte Produzenten für die Herstellung von Pommes frites noch immer Knollen der fast 100 Jahre al-

ten, extrem krankheitsanfälligen amerikanischen Sorte Russet Burbank nutzen. Um diese Sorte weniger empfindlich gegen Virusbefall zu machen, gab es schon frühzeitig den Versuch, auf gentechnischem Wege eine Resistenz gegen das Virus in die genannte Kartoffelsorte einzulagern. Durch die Veränderung wäre nur das gewünschte Merkmal hinzugefügt worden, ohne (theoretisch) den genetischen Hintergrund und damit die bewährten Qualitätseigenschaften der Sorte zu verändern. Die Arbeiten mündeten in der in den USA zugelassenen Sorte NewLeaf™Y. Allerdings konnte sie sich auf dem Markt nicht etablieren, da sie von den Verbrauchern nicht angenommen wurde.

Es gibt bislang nur drei weitere Kulturen mit gentechnisch vermittelter Virusresistenz, die ebenfalls in den USA zugelassen sind und auch im kommerziellen Maßstab angebaut werden: Papaya, Zucchini und Kürbis. Bei diesen Kulturen ließ sich durch konventionelle Züchtung keine stabile Virusresistenz einlagern.

Charakteristika der transgenen Kartoffelpflanzen

Kartoffeln können von zahlreichen Viren befallen werden. Das weltweit wichtigste ist das *Potato virus Y* (PVY, Abb. 1). Daher zielten unsere Bemühungen an der Bundesanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen (BAZ) darauf ab, eine Resistenz gegen dieses Virus zu erreichen.

Die gentechnisch veränderten (transgenen) Pflanzen entwickelten wir Ende der 1990er Jahre. Zu diesem Zeitpunkt wurde allgemein das Prinzip der "pathogen derived resistance" (PDR) favorisiert: Durch die ständige Expression eines vira-

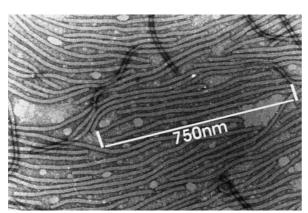


Abb. 1: Elektronenmikroskopische Aufnahme von Partikeln des PVY nach Anreicherung über Dichtegradientenzentrifugation.

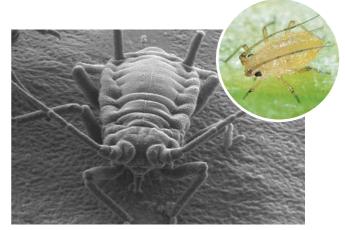


Abb. 2: Rasterelekronenmikroskopische Aufnahme einer am Pflanzengewebe saugenden Grünen Pfirsichblattlaus (Myzus persicae).

len Gens in der Pflanze werden diese vor einer Infektion mit dem natürlich vorkommenden Virus geschützt. Man könnte übertragen auf die Verhältnisse beim Menschen - von einer Art "Schutzimpfung" sprechen. Zunächst nutzten verschiedene Arbeitsgruppen die Gene für das Hüllprotein (CP-Gen), spätere auch weitere. Wir verwendeten ebenfalls das CP-Gen sowie das Gen des Virus, das für seine Vermehrung im Wirt verantwortlich ist (NIb-Gen), allerdings in einer verkürzten Version. Neben den Virusseauenzen expremierten die Pflanzen auch das in der Öffentlichkeit viel diskutierte Kanamycin-Resistenzgen, das erforderlich war, um transgene von nicht-transgenen Pflanzen zu unterscheiden. Transformiert wurden Kartoffelsorten, die für das PVY hochanfällig waren.

Enttäuschend war, dass nur etwa zwei Prozent der erzeugten transgenen Pflanzen virusresistent waren. Bei ihnen ließen sich verschiedene Typen der Resistenz nachweisen – sie reichten von völliger Abwehr des Virus (extreme Resistenz) bis hin zur Blockierung seiner Ausbreitung. Einige Klone wiesen auch eine Kreuzresistenz gegen das dem PVY verwandte *Potato virus A* (PVA) auf. Nach Tests im Gewächshaus überprüften wir, wie sich die Pflanzen im Freiland verhalten: Hält die Resistenz dort stand und welche biologischen Risiken könnten bestehen?

Eine ungewollte Ausbreitung der Fremdgene in Ökosystemen war in unseren Versuchen nicht zu befürchten, da die Kartoffel in Mitteleuropa keinen natürlichen Kreuzungspartner hat. Ihre Samen überleben selbst milde Winter nicht, Knollen nur sehr selten. Biologische Risiken, die analysiert werden sollten, sahen wir unter anderem darin, dass die transgene Resistenz

- die Besiedlung der Pflanzen durch Blattläuse (Vermehrungsrate und Artenspektrum) verändern,
- das Auftreten anderer Kartoffelviren beeinflussen, sowie
- das Spektrum der Isolate des PVY verändern könnte.

Die Stabilität der transgenen Resistenz

Hinsichtlich der Stabilität der gentechnisch vermittelten Resistenz erfüllten sich unsere Erwartungen nicht. In den meisten der vier Versuchsjahre wiesen alle Klone Befall mit dem PVY auf. Zwar war dieser wesentlich geringer als bei den Kontrollen, aber ökonomisch sinnvoll wäre nur eine völlige Befallsfreiheit gewesen. Einige der Ergebnisse sind in der Tabelle 1 gezeigt. Primärer Be-

fall heißt, dass die Pflanzen bereits im Feld Befall aufwiesen, sekundärer, dass die aus den gelagerten Knollen aufwachsenden Pflanzen infiziert waren. Die Vermutung liegt nahe, dass Resistenzen vom Typ PDR nicht stabil sind. Inzwischen weiß man, dass Viren verschiedene Mechanismen entwickelt haben, um die Resistenz von Pflanzen auszuschalten. Da durch das Transgen natürliche Resistenzmechanismen in den Pflanzen aktiviert werden, ist es verständlich, dass sie vom Virus, der sich an natürliche Gegebenheiten anpassen muss, umgangen werden können.

Untersuchung der biologischen Risiken

Blattläuse auf transgenen Pflanzen

Die meisten Kartoffel-Viren werden durch Vektoren übertragen, zum Beispiel Blattläuse. Eine der wichtigsten Überträger ist die Grüne Pfirsichblattlaus (*Myzus persicae*, Abb. 2).

Tab. 1: Anteil PVY-infizierter Kartoffelpflanzen (in %) nach natürlichem Befall im Freiland für zwei Anbaujahre. Getestet mit DAS-ELISA. Pflanzen mit doppeltem E405-Wert der Gesund-Kontrolle galten als infiziert.

| Anbaujahr | 2001 | | 2002 | | |
|------------------|--------|----------|--------|----------|--|
| Linie/Befallstyp | Primär | Sekundär | Primär | Sekundär | |
| DH59CP39 | 73 | 38 | 29 | 27 | |
| DH59CP41 | 98 | 31 | 51 | 20 | |
| DH59CP102 | 90 | 13 | 7 | 7 | |
| DH59Nlb146 | 82 | 27 | 50 | 0 | |
| DH59Nlb156 | 98 | 7 | 4 | 4 | |
| Kontrolle | 93 | 100 | 38 | 100 | |

Tab. 2: Anteil mit einzelnen Viren befallener Pflanzen (in %) nach Anbau im Freiland (Werte für 2000/2001/2002)

| Virus Linie | PVA | PLRV | PVS |
|----------------|----------|------------|------------|
| Linda NIb58 | 0/11/18# | 15/0/7 | 82/80/60 + |
| DH59 CP41 | 0/7/0# | 77/12/16 + | 5/5/7 # |
| DH59 NIb146 | 0/2/0# | 0/4/4 # | 0/4/2 # |
| DH59 NIb156 | 0/0/9# | 2/0/18# | 0/7/16# |
| Kontrolle | 0/73/62 | 11/29/7 | 49/44/64 |

Im Vergleich zur Kontrolle: + erhöhter/# reduzierter Virusbefall

Blattläuse sind sensitive biologische Indikatoren für Veränderungen in Pflanzen. Treten zum Beispiel durch eine gentechnische Veränderung vermehrt Proteine in den Pflanzen auf, insbesondere auch in den sonst an Eiweißen armen Leitbahnen (diese werden von den Blattläusen "angezapft"), so verbessert sich das Nahrungsangebot für die Blattläuse und die Population vermehrt sich verstärkt. Andererseits könnte durch die Transformation der Stoffwechsel der Pflanzen auch so beeinflusst werden, dass toxische Stress-Substanzen

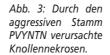
gebildet werden, die die Blattlaus-Vermehrung reduzieren.

Unsere Versuchsergebnisse waren recht widersprüchlich. In einem Jahr fanden sich auf den transgenen Pflanzen mehr Blattläuse als auf den nichttransgenen Kontrollen, in einem anderen weniger bzw. gleich viele. Die beobachteten natürlichen Schwankungen unterstreichen, dass man über eine

mögliche Beeinflussung von Blattlauspopulationen nicht schon auf der Grundlage kurzfristiger Versuche urteilen kann. Als Beispiel sind in Abbildung 5 die Werte für das Jahr 2003 angeführt. Insgesamt wurde die konnte man keine Beeinflussung der Zahl der die Pflanzen besiedelnden Blattläuse, ihrer Vermehrungsrate sowie des Artenspektrums beobachten. In dieser Beziehung ließ sich also kein ökologisches Risiko erkennen.

Auftreten anderer Kartoffelviren

Kartoffeln werden von einer Vielzahl Viren befallen. Geprüft werden sollte, ob sich das Auftreten der wichtigsten Viren bei den transgenen Pflanzen ändert. Die Tabelle 2 enthält eine Auswahl der gewonnenen Daten. Man erkennt, dass der Befall in Abhängigkeit von der transgenen Linie für einige Viren erhöht ist, für anderen hingegen reduziert. Das bedeutet, dass immer auch die Veränderung der Resistenz gegen andere Kartoffel-Viren zu testen ist. So wird vermieden, dass es bei einem großflächigen kommerziellen Anbau transgener Sorten mit unerwartet hoher Anfälligkeit für einzelne Nicht-Zielviren zu deren epidemischer Ausbreitung kommt.



Spektrum der PVY-Isolate

Das PVY weist in Deutschland zwei Grundvarianten auf, die Stämme O und N, die sich in der Sequenz ihres Genoms deutlich unterscheiden. In den letzten Jahren trat eine Durchmischung der Genome beider Stämme auf. Das Ergebnis waren neue, wesentlich aggressivere Stämme, die auf den Knollen anfälliger Sorten Nekrosen induzieren bzw. die Pflanzen zum Absterben bringen können (Abb. 3 und 4).

Wir konnten nachweisen, dass die Stämme, die die transgene Resistenz überwunden hatten, meist zu einem der neuen, aggressiven Typen gehörten (Wilga-Typ). Eine solche Verschiebung des Stammspektrums in Richtung erhöhte Virulenz entspricht damit genau dem Mechanismus, wie er auch bei Nutzung konventioneller Resistenzen zu beobachten ist. Ein ökologisches Risiko kann daraus nicht abgeleitet werden.

Entstehung neuer PVY-Stämme?

Die in der transgenen Pflanze gebildete virale RNA liegt in großen Mengen und in allen Zellen vor, so dass im Falle einer Infektion die Wahrscheinlichkeit der Entstehung von Rekombinanten erhöht ist. Folge könnte das Auftreten ganz neuer Virusstämme sein. Generell ist eine Rekombi-



Abb. 4: Die in der Bildmitte zu erkennenden Pflanzen sind nach Befall mit einem aggressiven Stamm des PVY abgestorben.

nation ein seltenes Ereignis. Wie findet man nun diese Nadel im Heuhaufen? Wir setzten dafür eine Technik ein, die DGGE genannt wird (denaturing gradient gel electrophoresis). Mit ihrer Hilfe kann man die verschiedenen Sequenzvarianten voneinander trennen und danach gezielt analysieren (Abb. 6).

Als Tendenz zeigte sich, dass besonders in den transgenen Pflanzen eine Vielzahl von Rekombinanten auftrat, in der Regel jedoch solche zwischen den RNAs verschiedener Virusstämme (Kartoffeln werden häufig von verschiedenen Stämmen des PVY befallen). Nur bei einem von vielen hundert analysierten Sequenzabschnitten konnte eine Rekombination zwischen der RNA eines eingedrungenen Virus mit der transgenen nachgewiesen werden. Besonders interessant waren Varianten, die eine Verdoppelung bestimmter Genomabschnitte erfahren hatten.

Sehr wichtig war es nun zu klären, ob die resistenzbrechenden Stämme das Ergebnis außergewöhnlicher Rekombinationen waren und ob sie in der Lage sind, natürliche Resistenzen zu durchbrechen. Mit anderen Worten: Wie hoch ist die ökologische Relevanz der Rekombination? Dazu wurde von drei Isolaten die Struktur des gesamten Genoms aufgeklärt. Zwei der Isolate erwiesen sich als ungewöhnliche Sequenzvarianten. Nur eines von diesen beiden konnten wir bisher in der gegebenen Struktur noch einmal in Deutschland nachweisen. Beiden Isolaten war gemeinsam, dass sie an die transgene, resistente Kartoffel adaptiert waren und sie die Eintrittspforte für andere Isolate schafften (mit ihnen eine Art Symbiose eingingen). Auf anfälligen Pflanzen wurden sie von

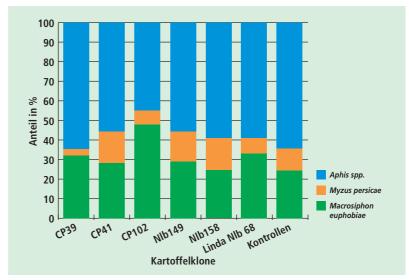


Abb. 5: Prozentualer Anteil verschiedener Blattlausarten am Gesamtaufkommen auf transgenen Kartoffelklonen im Jahr 2003.

gewöhnlichen Isolaten sehr schnell verdrängt – ihre erhöhte Virulenz wurde also mit verminderter Fitness erkauft. Dennoch könnte es möglich sein, dass diese Rekombinanten natürliche Resistenzen gegen das PVY, wie sie aus Wildarten bekannt sind, überwinden können. Ob dies so ist, können wir noch nicht beantworten.

Aussichten

Seitdem wir unsere transgenen Pflanzen hergestellt haben, sind fast 10 Jahre vergangen und die Entwicklung ging natürlich weiter. Heute werden abgewandelte Verfahren der PDR genutzt. Sie basieren auf einer wesentlich effektiveren Aktivierung pflanzeneigener Abwehrmechanismen. Es wird auch daran gearbeitet, die viralen Mechanismen der Ausschaltung der pflanzeneigenen Abwehrmechanismen zu inaktivieren. Die Nutzung synthetischer Antikörper, die durch die Pflanzen gebildet werden, scheint ebenfalls ein Erfolg versprechender Weg zu sein, um zu einer dauerhafteren Resistenz zu kommen. Freilandversuche müssen aber auch hier zeigen, wie stabil solche Resistenzen sind und welche Risiken sie bergen könnten.

Zwar konnte nie nachgewiesen werden, dass von den als Selektionsmarkern genutzten Antibiotikaresistenz-Genen ein ökologisches Risiko ausgeht, trotzdem gibt es inzwischen zahlreiche Alternativen, die vom Auskreuzen der Gene über deren Inaktivierung bis hin zur Markergen-freien Transformation reichen. Auch an der BAZ sind Varianten entwickelt worden, bei denen man auf Markergene verzichten kann.

Gegenwärtig laufen gemeinsam mit einem Partner Untersuchungen, ob transgene Eigenschaften im Allgemeinen zu einer Erhöhung der Rekombinationsrate beim PVY führen können, denn das könnte ein erhebliches ökologisches Risiko darstellen

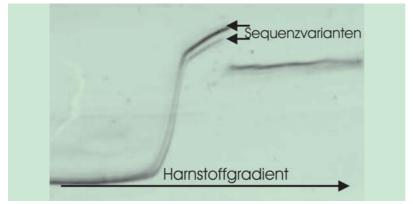


Abb. 6: Beispiel der Auftrennung von Sequenzvarianten des PVY durch DGGE. Die Pfeile kennzeichnen die zwei nachgewiesenen Sequenzvarianten.



Dr. Jörg Schubert, Bundesanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen, Institut für Resistenzforschung und Pathogendiagnostik, Theo-

dor-Roemer-Weg 4, 06449 Aschersleben. E-Mail: j.schubert@bafz.de



Optimierung von Joghurtkulturen

Zwei-Plasmide-System zur genetischen Veränderung von Streptococcus thermophilus

Hassan A. M. El Demerdash, Arnold Geis, Knut J. Heller (Kiel)

ass Joghurt nicht gleich Joghurt ist, weiß jeder, der schon einmal die Vielfalt des Supermarktangebotes getestet hat. Von cremig mild bis säuerlich kräftig reicht die Geschmackspalette. Die Qualität der Endprodukte wird in erster Linie durch die Joghurtkulturen bestimmt. Die Joghurtproduzenten arbeiten deshalb zusammen mit Herstellern von Starterkulturen und in eigenen Labors an der Optimierung ihrer Kulturen. Im Institut für Mikrobiologie der Bundesforschungsanstalt für Ernährung und Lebensmittel hat man neue Bakterienstämme gefunden, deren besondere Eigenschaften durch ein trickreiches Verfahren in industriell wichtige Stämme von Fermentationsbakterien übertragen werden können.

Viele technologische Eigenschaften von Milchsäurebakterien werden durch Gene vermittelt, die auf Plasmiden, kleinen ringförmigen DNA-Molekülen außerhalb des eigentlichen Bakterienchromosoms, lokalisiert sind (Abb. 1). Diese Plasmide können relativ gut zwischen verschiedenen Bakterien übertragen werden. Geschieht dieses durch natürliche Prozesse, liegt keine kennzeichnungspflichtige genetische Veränderung vor.

Sofern bei einer Plasmid-Übertragung – etwa auf industriell wichtige Stämme – auf gentechnische Verfahren zurückgegriffen werden muss, wird versucht, diese auf das absolut notwendige Minimum zu beschränken. Im nachfolgenden Beitrag stellen wir ein System vor, mit dem sich ein Plasmid aus einem Milchsäurebakterium, das die Eigenschaft "Hitzetoleranz" codiert, so auf andere Stämme übertragen lässt, dass diese keine gentechnisch veränderte DNA enthalten.

Bedeutung des Hitzeschock-Gens für die Joghurtfermentation

Streptococcus thermophilus ist – wie sein Name schon sagt – ein wärmeliebendes Milchsäurebakterium, welches optimal bei 40–43 °C wächst. Es findet vielfältig Einsatz in Starterkulturen für die Herstellung fermentierter Milchprodukte, insbesondere Joghurt, sowie verschiedener Käsesorten. Die meisten S. thermophilusStämme besitzen keine Plasmide. Treten Plasmide auf, so sind sie überwiegend sehr klein.

Vor einigen Jahren haben wir aus dem S. thermophilus-Stamm S4 ein interessantes Plasmid isoliert, welches neben dem Replikationssystem lediglich noch ein Gen für ein kleines Hitzeschockprotein (shsp) trägt. Durch dieses Plasmid mit der Bezeichnung "pSTO4" werden die Zellen

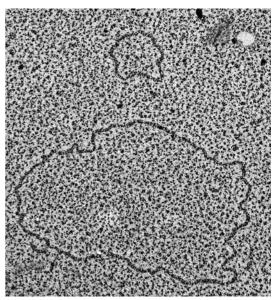


Abb. 1: Elektronenmikroskopische Aufnahme eines Plasmids (oben; kleines, ringförmiges DNA-Molekül) im Vergleich zu einer Phagen-DNA. Foto: H. Neve, BfEL

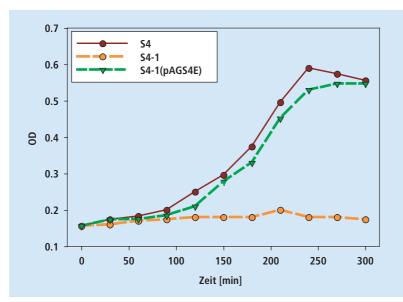


Abb. 2: Wachstum verschiedener S. thermophilus-Stämme in Flüssigmedium bei 50°C. Der Stamm S4 trägt das Plasmid pSTO4; der Stamm S4-1 ist ein ursprünglicher S4 Stamm, der das Plasmid verloren hat; in den Stamm S4-1(pAGS4E) ist das shsp-Gen mit einem kommerziellen Shuttle-Vektor hineinkloniert worden.

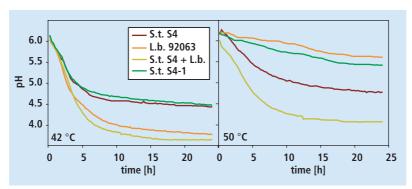


Abb. 3: Einfluss des shsp-Gens auf den Säuerungsverlauf in Magermilch bei 42 und 50 °C. Die Joghurtkultur bestand aus S. thermophilus S4 und L. bulgaricus 92063 (S.t. S4 + L.b.). Die anderen Säuerungskurven sind die der Einzelstämme.

in die Lage versetzt, bei Temperaturen von ca. 50 °C noch ordentliches Wachstum zu zeigen, während sie normalerweise bei dieser Temperatur überhaupt nicht mehr wachsen könnten (Abb. 2).

Welche Bedeutung diese Temperaturerhöhung hat, wird erst klar, wenn man sich das Verhalten von *S. thermophilus* in gemeinsamer Kultur mit *Lactobacillus delbrueckii* subsp. *bulgaricus* (im Folgenden *L. bulgaricus* genannt) anschaut. Beide Organismen bilden zusammen die "klassische" Joghurtkultur, die sich durch besondere Eigenschaften auszeichnet. In einem Verhalten, welches als Protosymbiose bezeichnet wird, fördern sich beide Organismen durch spezifische Stoffwechselpro-

dukte gegenseitig in ihrem Wachstum. Diese Stimulierung führt dazu, dass die Säuerung der gemeinsamen Kultur deutlich schneller verläuft als die der beiden Einzelkulturen und die gemeinsame Kultur niedrigere pH-Werte erreicht (erst bei pH-Werten unterhalb 4,5 bekommt der Joghurt die gewünschte Festigkeit). Darüber hinaus vermehren sich die Bakterien stärker, sodass die Zellzahlen bei ihrer gemeinsamen Kultivierung im Joghurt deutlich höher sind als bei Einzelkultur. Die Joghurtfermentation erfolgt bei etwa 40 °C, geht sehr zügig vonstatten und führt zu einer relativ starken Säuerung. Dies stellte ursprünglich aus hygienischen Gründen einen immensen Vorteil dar, weil die ansonsten leicht verderbliche Milch sicher haltbar gemacht wurde. Allerdings kann dieser Joghurt während der folgenden Kühllagerung stark nachsäuern, dadurch zu sauer und eventuell sogar bitter werden

Diesem Problem begegnet man in Deutschland dadurch, dass man statt der traditionellen Joghurtkultur eine so genannte "Joghurt mild"-Kultur einsetzt, die aus S. thermophilus und einem thermophilen Lactobacillus - gemeinhin Lactobacillus acidophilus - besteht und die keine Protosymbiose aufweist. Der milde Geschmack und die verbesserte Haltbarkeit kommen den hiesigen Verbraucherwünschen entgegen. Ein solches Produkt darf aber in vielen Ländern außerhalb Deutschlands nicht als Joghurt bezeichnet werden, sondern lediglich als fermentiertes Milchprodukt, was seine Exportchancen deutlich schmälert.

Bringt man nun den hitzetoleranten S. thermophilus-Stamm zusammen mit L. bulgaricus in Kultur und erhöht die Fermentationstemperatur auf 50 °C, so entsteht ein Joghurt, der alle Vorteile in sich trägt. Das zeigte sich, als wir entsprechende Versuche mit dem S. thermophilus-Stamm S4 durchführten. Wurden L. bulgaricus-Stämme in Einzelkultur eingesetzt. so führten sie bei 50 °C kaum zu einer signifikanten Säuerung. Ähnliches zeigte sich bei Verwendung einer Sonderform des Stammes S4, der das Hitzeschock-Plasmid verloren hatte (S4-1). Hingegen war der plasmidtragende S4-Stamm in der Lage, den pH-Wert der Milch bis unter pH 5 zu säuern (Abb. 3). Die besten Ergebnisse lieferte aber die gemeinsame Kultur von S4-Stamm und L. bulgaricus: Hier wurde nach 24 Stunden ein pH-Wert von 4,1 erreicht. Dieser pH-Wert änderte sich auch trotz mehrwöchiger Lagerung nicht mehr (Tab. 1). Ein sehr interessanter Effekt war, dass die Keimzahlen beider Organismen in gemeinsamer Fermentation bei 50 °C deutlich höher lagen als die Keimzahlen der Einzelstämme und dass diese Keimzahlen über zweiwöchige Kühllagerung hin völlig stabil blieben. Hingegen nahm die Keimzahl des L. bulgaricus in Einzelkultur während dieser Zeit stark ab; bereits nach 10 Tagen waren keine lebenden Zellen mehr nachweisbar (Abb. 4).

Die sensorische Bewertung des bei 50 °C produzierten Joghurts ergab, dass es

Tab. 1: pH-Entwicklung während der Lagerung [Tage] bei 4 °C nach eintägiger Fermentation mit S. thermophilus S4 und L. bulgaricus 92063

| Fermentations- | pH-Wert Aus- | Lagerdauer [Tage] nach Fermentation | | | |
|----------------|--------------|-------------------------------------|-----|-----|-----|
| temperatur | gangsmilch | 0 | 2 | 8 | 14 |
| 42 °C | 6,2 | 3,6 | 3,5 | 3,4 | 3,4 |
| 50 °C | 6,2 | 4,2 | 4,2 | 4,2 | 4,2 |

sich um ein mildes Produkt mit gutem Joghurtaroma handelte und dass sich dieser Geschmack während der Kühllagerung praktisch in keiner Weise negativ veränderte. Vor allem wurde kein Bittergeschmack beobachtet. Die Übereinstimmung mit der traditionellen Joghurtkultur in Verbindung mit dem milden Geschmack und der guten Haltbarkeit macht ein solches Produkt auch für den Export interessant.

Die Frage, die wir uns daraufhin gestellt haben, war, ob sich das natürliche Plasmid pST04 auch in andere *S. thermophilus*-Stämme, insbesondere in solche, die kommerziell für die Produktion von Joghurt genutzt werden, übertragen lässt.

Entwicklung eines Zwei-Plasmide-Systems

Um plasmidtragende von nicht-plasmidtragenden Zellen unterscheiden zu können, muss auf dem Plasmid ein Selektionsmarker vorhanden sein. Ein solcher Marker ist zum Beispiel ein Gen für eine Antibiotikumresistenz, die es erlaubt, Zellen dadurch zu selektionieren, dass dem Wachstumsmedium das entsprechende Antibiotikum zugesetzt wird. Damit können nur die plasmidtragenden Zellen auf diesem Medium wachsen und Kolonien bilden. Aus diesen Kolonien lassen sich

dann problemlos die plasmidtragenden Bakterien als reine Stämme isolieren.

Das Plasmid pST04 weist lediglich zwei Gene auf: das repA-Gen für die Replikation und das shsp-Gen für das Hitzschockprotein. Theoretisch kann das shsp-Gen als Selektionsmarker eingesetzt werden, da, wie Abb. 2 zeigt, bei 50 °C nur plasmidtragende Zellen wachsen können. Dass diese Selektion tatsächlich funktioniert, konnten wir nachweisen. Die Temperaturerhöhung um einige Grad baut allerdings nur einen relativ schwachen Selektionsdruck auf, sodass dieses Verfahren in der Praxis recht kompliziert ist und eine genaue Anpassung der Transformationsund Selektionsbedingung jeweils an den zu transformierenden S. thermophilus-Stamm verlangt. Um das Plasmid auch unter normalen Standardbedingungen ohne besondere Anpassung an den zu transformierenden Stamm übertragen zu können, wurde von uns ein "Zwei-Plasmide-System" entwickelt. Dieses System, dargestellt in Abbildung 5, beruht darauf, dass der Replikationsursprung (ori) des Plasmids pST04 in ein normales, kommerziell verfügbares E. coli-Plasmid, welches eine

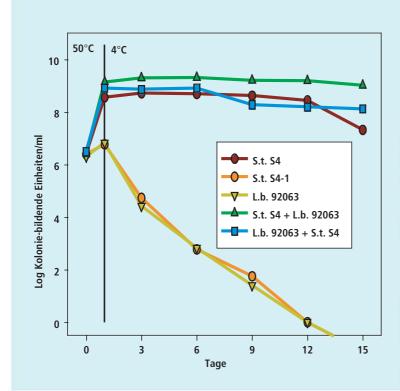


Abb. 4: Einfluss des shsp-Gens auf die Keimzahl während der Lagerung bei 4°C, nach Fermentation bei 50°C. Beim Einsatz der Gemeinschaftskultur, bestehend aus Streptococcus thermophilus S4 und L. bulgaricus 92063 bezieht sich die angegebene Keimzahl auf den zuerst genannten Stamm in der eingefügten Legende.



1/2006 FORSCHUNGSREPORT 31

Antibiotikumresistenz trägt, einkloniert wird, und dass dieses Plasmid zusammen mit dem pST04 transformiert wird. Auf Antibiotikum-haltigem Nährmedium können sich nur diejenigen Zellen vermehren, die beide Plasmide aufgenommen haben. Zellen, die lediglich das *E. coli*-Helferplasmid aufweisen, können dieses bei der Zellteilung nicht weitergeben, weil ihnen das Replikationsprotein RepA fehlt und das Helferplasmid dadurch alleine nicht vermehrungsfähig ist. Zellen, die nur das pST04-Plasmid besitzen, gehen zugrunde, weil ihnen das Resistenzgen gegen das Antibiotikum fehlt. Wenn aber beide Plasmide gleichzeitig übertragen worden sind, so erlaubt das RepA-Protein des pST04 die Replikation des Helferplasmids, da es in beiden Plasmiden an den ori bindet. Dadurch können sich beide Plasmide vermehren, und die Antibiotikumresistenz kann sich ausbilden.

Werden nun Zellen, die beide Plasmide tragen, in ein Medium überimpft, welches kein entsprechendes Antibiotikum erhält, kommt es binnen kurzer Zeit zum Verlust des Helferplasmids. Dieses liegt daran, dass Helferplasmid und pST04 gemeinsam um das von pST04 gebildete RepA Protein konkurrieren. In dieser Konkurrenzsituation – in Abwesenheit des Selektionsdrucks – muss sich pST04 durchsetzen, da das repA Gen auf diesem Plasmid lokalisiert ist. Wir konnten nachweisen, dass das Helferplasmid in isolierten Bakterienkolonien nach 24h Wachstum nicht mehr vorhanden war.

Nach Verlust des Helferproteins sind somit *S. thermophilus*-Zellen entstanden, die lediglich das natürliche pST04-Plasmid enthalten, ohne dass in diesem Stamm eine gentechnische Veränderung vorliegt. Die Anwendbarkeit dieses Systems auf andere *S. thermophilus*-Stämme wurde dadurch nachgewiesen, dass kommerziell verwendete *S. thermophilus*-Stämme durch pST04 in die Lage versetzt wurden, bei höheren Temperaturen zu wachsen.

Vorteile für den Verbraucher

Das hier beschriebene System zur genetischen Veränderung zeichnet sich dadurch aus, dass lediglich zur Übertragung des natürlich vorkommenden pSt04 ein gen-

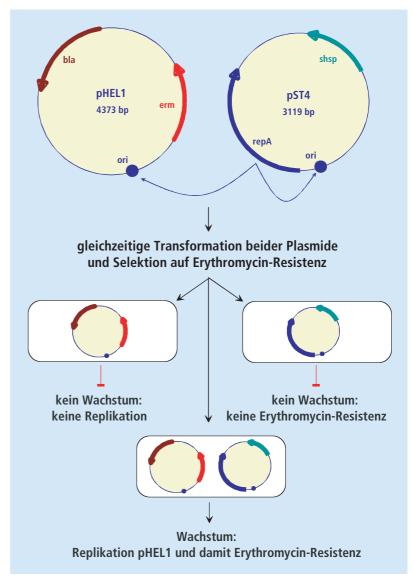


Abb. 5: Darstellung der Funktionsweise des "Zwei-Plasmide-Systems".

technischer Schritt – die Verwendung eines gentechnisch veränderten (rekombinanten) Helferplasmids – eingesetzt wird. Nach Verlust dieses Plasmids befindet sich keine rekombinante DNA mehr in den Zellen. Eine gentechnische Veränderung ist daher auch nicht nachweisbar. Es wurde also ein absolutes Minimumprinzip zur genetischen Veränderung angewandt.

Im Vergleich zu unveränderten Stämmen stellen die mit dem natürlichen Plasmid transformierten *S. thermophilus*-Stämme keinerlei erhöhtes Risiko dar. Da die Fermentation bei 50 °C vor allem dem Verbraucher Vorteile bietet – milder Geschmack, hohe Stabilität des Produkts,

hohe Keimzahl der traditionellen Joghurtmikroorganismen – sollten mit diesen Stämmen produzierte Joghurts geeignet sein, Akzeptanz beim Verbraucher zu finden.

Dr. Hassan A.M. El Demerdash', PD Dr. Arnold Geis, Prof. Dr. Knut J. Heller, Bundesforschungsanstalt für Ernährung und Lebensmittel, Institut für Mikrobiologie, Hermann-Weigmann-Str. 1, 24103 Kiel. E-Mail: knut.heller@bfel.de

¹ jetzt: Biotechnology Research Center, Suez Canal University, Ismailia 41522, Egypt

Entwicklung und Validierung von Nachweisverfahren für genetisch veränderte Lebens- und Futtermittel

Hermann Broll und Jutta Zagon (Berlin)

er Anbau gentechnisch veränderter Pflanzen hat sich in den letzten 10 Jahren weltweit erheblich ausgedehnt. Unter welchen Bedingungen transgene Pflanzen in der Europäischen Union angebaut bzw. eingeführt und verarbeitet werden dürfen, wird durch EU-Rechtsetzung einheitlich geregelt. Damit die Einhaltung der Bestimmungen überprüft werden kann, ist das Bundesinstitut für Risikobewertung (BfR) in nationaler und internationaler Kooperation daran beteiligt, Nachweisverfahren für gentechnisch veränderte Organismen zu entwickeln und zu validieren.

Seit 1997 sind bereits gentechnisch veränderte Lebens- und Futtermittel in der Europäischen Union im Handel. Zehn Jahre nach der ersten Aussaat gentechnisch veränderter Pflanzen in den USA sind die An-

bauflächen weltweit auf 90 Millionen Hektar gestiegen (Abb. 1). In nunmehr einundzwanzig Ländern bewirtschaften Landwirte ihre Felder mit transgenen Pflanzen. Den größten Anteil daran hat gentechnisch verändertes Soja mit ca. 60 %, gefolgt von Mais (ca. 24 %), Baumwolle (ca. 11 %) und Raps (ca. 5 %).

Die in der EU zugelassenen bzw. angemeldeten transgenen Pflanzen besitzen ausschließlich Resistenzgene gegenüber Pflanzenschutzmitteln bzw. neue zusätzliche Eigenschaften, die als Insektenschutz vor Fraßschädlingen dienen. Diese neuen Eigenschaften haben somit überwiegend Vorteile im Anbau. Direkte Vorteile für den Verbraucher, seien es nun günstigere oder gar "gesündere" Lebensmittel, die auf den Einsatz der Gentechnik zurückzuführen sind, befinden sich noch im Entwicklungsstadium. Mit diesen ist frühestens in 5–10 Jahren zu rechnen.

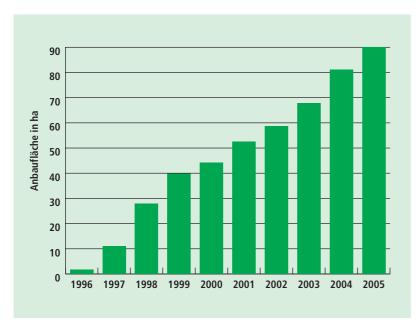


Abb. 1: Entwicklung des Anbaus von genetisch veränderten Pflanzen. Dabei handelt es sich um das 50fache der vor rund 10 Jahren angebauten Menge an GVO. Nach Clive James, 2005.

Rechtslage

Der gesamte Themenkomplex "gentechnisch veränderte Organismen (GVO)" ist europaweit harmonisiert geregelt. Die Zulassung von Lebensmitteln, die aus GVO bestehen oder GVOs enthalten, ist bereits seit 1990 verbindlich vorgeschrieben (Richtlinie [EG] Nr. 2001/18). 1997 wurde diese Kennzeichnungspflicht auf Produkte

1/2006 ForschungsReport 33

Foto: dpa

erweitert, bei denen der GVO durch den Herstellungsprozess zerstört wurde (VO [EG] Nr. 258/97).

Die Kennzeichnungspflicht dient der Information des Verbrauchers und bezieht sich ausschließlich auf die in der EU zugelassenen bzw. angemeldeten Produkte. Gemäß der Verordnung [EG] Nr. 1139/98 musste gekennzeichnet werden, wenn die gentechnische Veränderung im Produkt nachweisbar war. Ein Schwellenwert von 1%, bezogen auf die jeweilige Zutat im Lebensmittel, wurde ebenfalls eingeführt, unterhalb dessen eine Kennzeichnung ausbleiben konnte, sofern die Anwesenheit zufällig und technisch unvermeidbar war. Solche Spuren des GVO können beispielsweise auf einen Pollenflug von einem Anbaufeld zu einem benachbarten Feld zurückzuführen sein oder aber durch Vermischung während der Ernte, des Transports oder der Verarbeitung zum Lebensmittel auftreten. Landwirten und Produzenten, die alle Vorsichtsmaßnahmen getroffen haben und bei deren Produkten trotzdem Spuren des GVO nachgewiesen werden konnten, sollen durch die notwendige Kennzeichnung nicht benachteiligt werden.

Mit der seit dem 18. April 2004 geltenden neuen Verordnung [EG] Nr. 1829/2003 hat sich die Kennzeichnungspflicht deutlich verschärft. Seit dem In-Kraft-Treten der Verordnung müssen alle Lebens- und Futtermittelprodukte, die aus GVO gewonnen wurden, gekennzeichnet werden. Zudem wurde der eingeführte Schwellenwert bezogen auf die jeweilige Zutat von

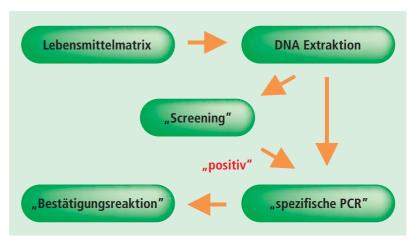


Abb. 2: Ablaufschema bei der GVO Analytik. In der Regel werden 2 Proben parallel untersucht. Die Ergebnisse dürfen nicht divergieren, sonst muss die Analyse wiederholt werden

1 % auf 0,9 % gesenkt. Anteile darüber müssen gekennzeichnet werden, auch wenn die genetische Veränderung im Lebensmittel nicht nachgewiesen werden kann. Somit tritt anstelle des Nachweisprinzips für die Kennzeichnung nun das Anwendungsprinzip. Auch für Saatgut sind europaweite Kennzeichnungsregeln in Vorbereitung, mit einem Schwellenwert, der deutlich unterhalb der für Lebens- und Futtermittel geltenden 0,9 % zu erwarten ist.

Nachweisverfahren

Grundsätzlich sind mindestens drei unterschiedliche technische Ansätze für die Überprüfung der Kennzeichnung möglich. Zum einen kann die zusätzlich eingeführte DNA-Sequenz direkt mit Hilfe der Polymerase-Kettenreaktion (PCR) vervielfältigt und anschließend detektiert werden, zum anderen kann das neu expremierte Protein durch immunologische Verfahren wie dem ELISA identifiziert werden. Denkbar ist aber auch der chromatographische Nachweis eines aufgrund der gentechnischen Modifikation möglicherweise veränderten Fettsäuremusters. Letzteres stellt bislang nur theoretisch eine Möglichkeit dar; in der Praxis sind GVOs mit solchen Veränderungen in der EU weder angemeldet noch existieren die entsprechenden Nachweisverfahren.

Das Ausmaß der Proteinexpression und die Fettsäuresynthese sind abhängig von Gewebe und Umwelteinflüssen. Zudem ist es ausschließlich auf DNA-Ebene möglich, einen GVO-spezifischen Nachweis zu führen, das heißt eine definierte GVO-Linie zu identifizieren. Gleiche Proteine können nämlich von unterschiedlichen GVOs expremiert werden. Entsprechendes gilt für ein bestimmtes Fettsäuremuster.

Des Weiteren ist der DNA-basierte PCR-Nachweis noch in stark verarbeiteten Lebensmitteln möglich. Lediglich extrem stark verarbeitete Produkte wie raffinierte Öle, Sojasoßen oder ähnliches enthalten nur noch DNA-Mengen unterhalb der Nachweisgrenze. Diese Produkte können nicht bzw. noch nicht überprüft werden. In solchen Fällen müssen die Rohwaren zur Analyse herangezogen werden.

Der PCR-Nachweis der gentechnischen Veränderung erfolgt zumeist in Stufen



FORSCHUNGSREPORT 1/2006

(Abb. 2). Zunächst werden die Proben auf das Vorhandensein bestimmter regulatorischer DNA-Sequenzen hin untersucht. In vielen in der Europäischen Union für die Lebensmittelherstellung zugelassenen GVOs ist der Promotor 35S aus dem Blumenkohlmosaikvirus (CaMV) enthalten. Dabei kann mit dem Nachweis gleichzeitig auf verschiedene GVOs in einer Lebensmittelprobe "gescreent" werden. Im positiven Fall muss jedoch eine für die gentechnische Veränderung spezifische DNA-Sequenz nachgewiesen werden. Der zweifelsfreie Nachweis eines bestimmten GVO kann ausschließlich mit Hilfe der "Event"-spezifischen PCR erfolgen, bei der der Übergang zwischen dem genetischen Konstrukt und dem Wirtsgenom vervielfältigt (amplifiziert) und anschließend in einem weiteren Schritt sichtbar gemacht wird. Nur mit Hilfe dieses Ansatzes können GVOs unterschieden werden, die das selbe Konstrukt enthalten (Abb. 3).

Theoretisch reicht eine einzelne Kopie der DNA-Zielsequenz aus, um zu einem positiven Ergebnisse in der PCR zu kommen. Um falsch-positive Ergebnisse auszuschließen, müssen sowohl Positiv- als auch Negativ-Kontrollen in jeder Analyse mitgeführt werden. Die im Rahmen der GVO-Analytik entwickelten Verfahren haben eine Nachweisgrenze von ca. 10 Kopien. Dies entspricht in etwa einem Gehalt von 0,01 % gentechnisch veränderten Bestandteilen in einem Produkt unter normalen Analysebedingungen. Einen entscheidenden Einfluss auf die Empfindlichkeit der Methode hat dabei der Verarbeitungsgrad. Je höher das Produkt verarbeitet wurde, desto geringer ist der Gehalt an DNA und somit sinkt auch die Nachweisgrenze.

Basierend auf diesem Prinzip sind PCRgestützte Verfahren für verschiedene in der EU zugelassene transgene Maislinien entwickelt und am validiert worden.

Durch die Entwicklung der Real-Time PCR ist auch die quantitative Bestimmung der gentechnisch veränderten Bestandteile möglich. Hierbei werden der Anteil gentechnisch veränderter DNA-Sequenzen und der Anteil der Spezies jeweils getrennt anhand von Standardkurven bestimmt. Daraus kann der relative Anteil gentechnisch veränderter Bestandteile an einer Zutat bestimmt werden. Für die Erstellung

der Standardkurven werden zertifizierte Referenzmaterialien, basierend auf gemahlenem Saatgut, verwendet. Diese Materialien sind für verschiedene GVOs in den Konzentrationen 0–5% verfügbar (Institute for Reference Material and Measurements, IRMM, Geel, Belgien).

Problem der repräsentativen Probenahme

Unabhängig von der gewählten Nachweistechnologie steht am Anfang der Analyse eine repräsentative Probenahme. Dazu sind mehrere Stichproben zu nehmen, um die Wahrscheinlichkeit zu erhöhen, dass die gezogene Probe tatsächlich repräsentativ für die zu untersuchende Probe ist. Je geringer die Anzahl der Stichproben ist, um so größer wird die Wahrscheinlichkeit einer nicht-repräsentativen Probe für das zu untersuchende Material. Aber auch die Verteilung des transgenen Materials hat einen entscheidenden Einfluss. Handelt es sich um Rohwaren, ist eine heterogene Verteilung sehr wahr-

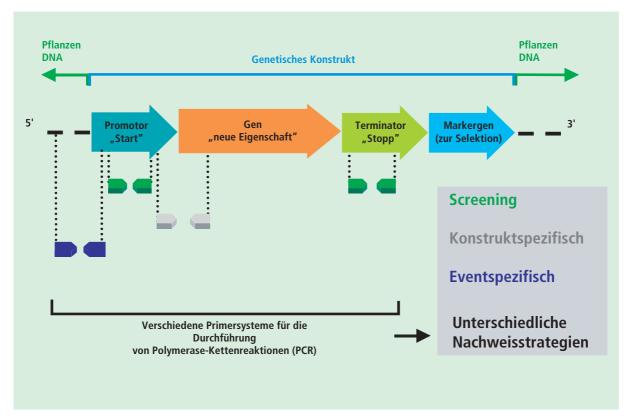


Abb. 3: Unterschiedliche Nachweisstrategien

scheinlich, also eine ungleichmäßige Verteilung mit erhöhter Konzentration des transgenen Materials in bestimmten "Nestern". Mit zunehmenden Verarbeitungsgrad erfolgt auch eine stärkere Vermischung (Homogenisierung) des Materials, was in eine vereinfachte Probenahme mit weniger Stichproben mündet.

Im Anschluss an die Probenahme erfolgt bei der PCR-Analyse die Extraktion der DNA. Hierbei ist auf die Entfernung vorhandener Inhibitoren (Hemmstoffe) zu achten. Es sind zahlreiche Stoffe bekannt, die auch in Lebensmitteln enthalten sind und hemmend auf die Taq DNA-Polymerase wirken. Zur Identifizierung einer möglichen Inhibition muss nach jeder Extraktion die isolierte DNA mit einem für die Zutat spezifischen PCR-System untersucht werden.

Zur Bestätigung wird das amplifizierte PCR-Produkt mit Hilfe der Restriktions-Längen-Polymorphismus-Analyse (RFLP), Sequenzierung oder DNA-DNA-Hybridisierung untersucht.

Unabhängig davon, ob der Nachweis qualitativ oder quantitativ geführt wird, sind zwei Voraussetzungen unbedingt notwendig, damit PCR-basierende Verfahren entwickelt und standardisiert werden können: (a) die DNA-Sequenz muss bekannt sein und (b) es muss Referenzmaterial des GVO zur Verfügung stehen.

Tab. 1: Internationale Standardisierung. Aktivitäten auf CEN Ebene.

| Lebensmittel – Detektion genetisch ve und daraus hergestellter Produkte (CE | Status | |
|--|----------------------|----------|
| Nukleinsäureextraktion | (EN ISO 21571) | Standard |
| Qualitative PCR Verfahren | (EN ISO 21569) | Standard |
| Protein basierende Verfahren | (EN ISO 21572) | Standard |
| Quantitative PCR Verfahren | (EN ISO 21570) | Standard |
| Probenahme | (technischer Guide*) | Entwurf |
| Allg. Dokument | (EN ISO 24276) | Standard |

^{*} die Arbeit wird nur auf Europäischer Ebene weitergeführt. ISO sprach sich gegen einen Probenahmestandard aus.

Standardisierung

Die Zuverlässigkeit der entwickelten Verfahren wurde in Validierungsstudien sowohl national als auch international bestimmt. Dabei wurden kodierte Proben mit unterschiedlichen GVO-Anteilen untersucht. Es zeigte sich, dass zwischen den einzelnen Labors Abweichungen im Bereich von 25-40 % vom Sollwert zu beobachten sind. Wurde bereits extrahierte DNA an die Teilnehmer verschickt, lagen die Abweichungen niedriger, zwischen 15-20%. Dieser auch als Messunsicherheit bezeichnete Fehler ist daher bei jeder Analyse in der Form (x±b) mit anzugeben, wobei x den gemessenen Wert darstellt und b die Messunsicherheit.

disiert. Die Arbeiten sind weitestgehend abgeschlossen (Tab. 1). International anerkannte Normen existieren für die verschiedenen Schritte der GVO-Analyse. Diese Protokolle enthalten alle notwendigen Informationen, um in der Routine-Analyse Lebens- und Futtermittelproben zu identifizieren, die Spuren von GVOs enthalten.

Es scheint, dass die Lebens- und Futtermittelproduzenten Vorsorge getroffen haben, GVOs im Produktionsprozess zu vermeiden, denn "weiterhin sind so gut wie keine kennzeichnungspflichtigen Lebensmittel am Markt anzutreffen" schreibt beispielsweise das für die GVO-Lebensmittelüberwachung in Baden-Württemberg zuständige Chemische und Veterinäruntersuchungsamt (CVUA) Freiburg auf seiner Internetseite (www.cvua-freiburg.de). Dort wurden zwar in 20 % der Lebensmittel Spuren von gentechnisch veränderten Pflanzen identifiziert, in den allermeisten Fällen aber nur in sehr geringem Ausmaß unterhalb von 0,1 %. Allerdings ist abschließend die Frage zu stellen, wie lange noch Rohstoffe frei von genetisch veränderten Bestand-





Embryonen aus dem Eisschrank

Erzeugung von Nachkommen beim Pferd durch Embryotransfer

Wilhelm Kanitz, Hannelore Alm, Frank Becker und Helmut Torner (Dummerstorf)

achdem in den 1970er Jahren international die ersten Erfolge auf dem Gebiet des Embryotransfers (ET) beim Pferd erzielt wurden, ist diese Reproduktionstechnik auf ein zunehmendes Interesse bei Pferdezüchtern gestoßen. Die Verfahrensschritte "Embryonengewinnung" und "Übertragung der Embryonen" sind praxisreif verfügbar. Demgegenüber ist die erfolgreiche Tiefgefrierkonservierung von Embryonen des Pferdes nach wie vor eine Herausforderung für anwendungs- und grundlagenorientierte Teams, die auf dem Gebiet des ET beim Pferd tätig sind. Auch am Forschungsinstitut für die Biologie landwirtschaftlicher Nutztiere (FBN) in Dummerstorf werden seit mehr als 10 Jahren Fragen zur Reproduktionsbiologie von Pferden bearbeitet. Der folgende Beitrag gibt einen Überblick über den derzeitigen Stand der Technik und berichtet über aktuelle Forschungsergebnisse.

Ein Blick in aktuelle Statistiken zeigt, dass die Reproduktionstechnik beim Pferd am häufigsten in Argentinien, Brasilien und in den USA angewandt wird (Tab. 1). In diesen Ländern steht die Erzeugung von Polopferden bzw. Pferden der Rasse Quarter-Horse im Mittelpunkt des Interesses. Auch in Deutschland verbreitet sich das Verfahren des Embryotransfers; hier geht es vor allem um die Vermehrung von "Top-Sportpferden" bzw. züchterisch wertvollen Stuten.

Die Ziele

Ein wesentlicher Grund für die Anwendung des Embryotransfers beim Pferd besteht darin, Nachkommen von leistungsstarken Stuten zu erzeugen, ohne dass diese Tiere aus dem Trainingsbetrieb und Turniersport genommen werden müssen. Das Verfahren bietet sich auch für die Erzeugung von Nachkommen von Stuten an, die im Alter von zwei Jahren selbst noch nicht tragend werden sollen, oder später aus Altersgründen oder gesundheitlich bedingt selbst kein Fohlen mehr austragen können bzw. sollten. Darüber hinaus wird die Reproduktionstechnik für eine erhöhte Vermehrung ausgewählter Rassen unter ökonomischen Gesichtspunkten oder dem Anliegen der Arterhaltung genutzt.

Nicht zuletzt ist der Embryotransfer beim Pferd auch eine sehr interessante Forschungsmethode, um zum Beispiel Einflüsse der leiblichen Mutter und/oder des Empfängertieres auf Merkmale der Nachkommen aufzuklären.

Was verbirgt sich hinter dem Verfahren?

Der Embryotransfer ist eine Reproduktionstechnik, welche eine Embryonengewinnung aus der Gebärmutter von Spenderstuten, die Beurteilung dieser Embryonen sowie den nachfolgenden Transfer der Embryonen auf Empfängertiere zum Inhalt hat. Mit dem Verfahren des Embryotransfers können verschiedene Techniken (Konservierung von Embryonen, In-vitro-Produktion von Embryonen, Klonierung, intrazytoplasmatische Spermieninjektion) verbunden werden.

Die Verfahrensschritte

Auswahl der Spenderstuten

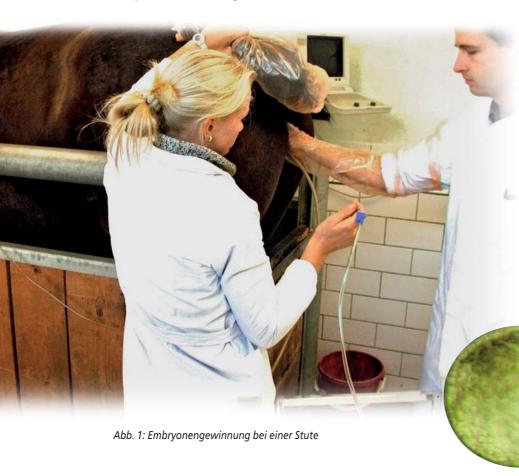
Das Verfahren beginnt mit der Auswahl der Spenderstuten. Parallel zu den oben beschriebenen züchterischen bzw. ökono-

Tab 1: Anwendungsumfänge des Embryotransfers beim Pferd in den Jahren 2003 und 2004 (aus: IETS-Newsletter, Vol. 22, 2004, 12–19 und Vol. 24, 2005,11–17)

| Länder/ Kontinent | Embryonenge- winnungen (n) | | Transfertaugliche Embryonen (n) | | Transfers (n) | | | |
|----------------------|-------------------------------|--------|------------------------------------|--------|---------------|-----|--------|-----|
| | 2003 | 2004 | 2003 | 2004 | 2003 | | 2004 | |
| | | | | | frisch | TG | frisch | TG |
| Argentinien | 14 | 10.000 | 14 | k.A.* | | | | |
| Brasilien | 5.500 | 8.500 | 3.650 | 5.500 | 3.650 | | 5.500 | |
| Kanada | 149 | 50 | 113 | 28 | 90 | 14 | 26 | |
| Europa | 750 | 750 | 443 | 446 | 344 | 387 | | |
| Südafrika | 55 | 15 | 55 | 9 | | | 9 | |
| USA | 12.500 | 12.000 | 7.500 | 5.750 | 7.400 | | 5.500 | 250 |
| gesamt | 18.968 | 31.315 | 11.775 | 11.733 | 11.484 | 14 | 11.422 | 250 |

frisch = Frischtransfer; TG = Transfer nach Kryokonservierung/Auftauen der Embryonen
* keine Angaben

1/2006 FORSCHUNGSREPORT 37



mischen Aspekten müssen auch gesundheitliche Aspekte bei der Spenderstute, wie eine physiologische Eierstocks- und Gebärmutterfunktion, berücksichtigt werden. Darüber hinaus beeinflussen Faktoren des Managements und die Qualität des zur Besamung eingesetzten Spermas entscheidend die Ergebnisse der Embryonengewinnung.

Superovulationsbehandlung

An die Auswahl der Spenderstuten schließt sich die Entscheidung an, ob die Stuten einer Superovulationsbehandlung unterzogen werden sollen. Darunter versteht man die Erhöhung der artspezifischen Ovulationszahl. Superovulationsbehandlungen bei Stuten sind zeit- und kostenintensiv, jedoch im Unterschied zu den Ergebnissen bei Rind, Schaf, Ziege und Schwein bisher wenig erfolgversprechend. Es bleibt abzuwarten, ob Stimulationsversuche mit follikelstimulierendem Hormon (FSH) des Pferdes zukünftig zu deutlich besseren Ergebnissen führen werden.

Embryon engewinnung

Die Embryonengewinnung erfolgt üblicherweise durch Spülung der Gebärmutter am stehenden Tier. Verschiedene Spülmediem sind kommerziell erhältlich. Die zu-

Abb. 2: Embryo von der Spenderstute Gloria vor dem Einfriervorgang

rückgewonnene Spülflüssigkeit wird durch einen Filter geführt. In der verbleibenden Flüssigkeit werden die Embryonen mit Hilfe eines Stereomikroskops aufgesucht. Alle Arbeiten erfolgen bei Raumtemperatur.

Faktoren, die den Erfolg der Embryonengewinnung beeinflussen, sind die Anzahl der freigesetzten Eizellen, das Befruchtungsvermögen des Samens, der Gewinnungstag sowie der Fruchtbarkeitsstatus des Donors. Im Allgemeinen werden Embryonen an den Tagen 7 oder 8 nach dem Freisetzen der Eizelle aus den Eibläschen der Spenderstuten gewonnen. Sollen die Embryonen eingefroren werden, wird ihre Gewinnung am Tag 6 bis 6,5 empfohlen.

Die Beurteilung von Embryonen erfolgt ausschließlich auf der Basis morphologischer Kriterien. Beurteilt werden die zeitgerechte Entwicklung sowie die Intaktheit des Embryos.

Auswahl der Empfängerstuten

Ebenso bedeutsam wie die Maßnahmen, die im Zusammenhang mit einer Embryonengewinnung stehen, ist die Auswahl und Vorbereitung der Empfängerstuten. Auf diesem Gebiet sind züchterische, tiergesundheitliche und zuchthygienische Aspekte zu beachten. Bei der Anwendung des Embryotransfers sollte auch beachtet werden, dass Charakteristika der Empfängertiere, wie z.B. die Größe und/oder das Alter, einen bedeutenden Einfluss auf die Nachkommen ausüben können.

Nach der Geburt der Fohlen wirkt ein weiterer wichtiger Einflussfaktor auf die Entwicklung der Jungtiere: die Milchleistung der Empfängertiere. Insgesamt können maternale Effekte, also Effekte des Empfängertieres, die vor- und/oder nach-

geburtlich wirken, einen entscheidenden Einfluss auf das Fohlen

haben. Die Aufklärung derartiger maternaler Effekte, zu denen unter anderem das Verhalten der Stuten zählt, ist eine spannende Forschungsaufgabe.

Embryotransfer

Der Transfer von Embryonen stellt den letzten Schritt in der Verfahrenskette dar. Er kann chirurgisch oder nichtchirurgisch durchgeführt werden. Dabei wird der Embryo in den Gebärmutterkörper verbracht. Die genaue Platzierung des Embryos an einer bestimmten Stelle in der Gebärmutter ist im Unterschied zum Embryotransfer beim Rind nicht so bedeutsam, da Embryonen beim Pferd zwischen dem 6. und 16. Tag der Trächtigkeit in verschiedenen Abschnitten des Uterus vorkommen.

Zu den tierartspezifischen Besonderheiten gehört, dass Embryonen von Pferden während der frühen Embryonalentwicklung eine Kapsel bilden, welche die erfolgreiche Anwendung von Tiefgefriertechniken im Vergleich zu anderen Tierarten deutlich erschwert. Aus den verfügbaren Angaben über Anwendungsumfänge des Verfahrens geht hervor, dass weltweit ca. 98 % der Embryonen unmittelbar nach ihrer Gewinnung bzw. nach zeitlich begrenztem Transport übertragen werden. Nur rund 2 % der Embryonen werden nach Tiefgefrierkonservierung und anschließendem Auftauen transferiert. Über die Anzahl der Nachkommen aus dem Transfer tiefgefrorener/aufgetauter Embryonen liegen national und international keine verlässlichen Angaben vor.



Abb. 3: Stutfohlen "Lorinna-ET" von Gloria x Licanto, ausgetragen von Jurette

Ein gesundes Fohlen!

In Dummerstorf wird im Forschungsinstitut für die Biologie landwirtschaftlicher Nutztiere (FBN) seit längerer Zeit auch zur Reproduktionsbiologie von Pferden geforscht. Dabei arbeitet das Institut eng mit dem Landgestüt in Redefin (Mecklenburg-Vorpommern) und dem Gestüt Kempke Hof in Plaaz, aber auch dem Landgestüt in

Celle (Niedersachsen) zusammen. Ein Aspekt der Forschung bestand in der erfolgreichen Etablierung der Tiefgefrierkonservierung von Pferdeembryonen im Institut. Zu diesem Zweck wurden Embryonengewinnungen bei Spendertieren am Tag 6,5 bis 7 nach dem Freisetzen der Eizelle vorgenommen (Abb. 1).

Die gewonnenen Embryonen wurden tiefgefroren, über unterschiedliche Zeiträume bei –196 °C im flüssigen Stickstoff gelagert und nach ihrem Auftauen auf Empfängerstuten übertragen.

Mit Spannung wurde im Sommer 2005 die Geburt des ersten Fohlens nach Transfer eines tiefgefrorenen und wieder aufgetauten Embryos (Abb. 2) erwartet. Am 4. Juli brachte die Stute Jurette dann ein quicklebendiges Fohlen zur Welt. Die Embryonengewinnung war im März 2003 vorgenommen worden. Die Übertragung des Embryos erfolgte im August 2004. Das aus der problemlosen Geburt resultierende Fohlen (Abb. 3), das den Namen "Lorinna-ET" trägt, entwickelt sich bisher prächtig (Abb. 4).

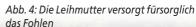
Der in solchen Fällen vorgeschriebene genetische Abstammungsnachweis hat als "leibliche" Mutter des Fohlens die Warmblutstute Gloria und als Vater den Hengst Licanto bestätigt.



Prof. Dr. Wilhelm Kanitz, Dr. Hannelore Alm, Dr. Frank Becker, PD Dr. Helmut Torner,

Forschungsinstitut für die Biologie landwirtschaftlicher Nutztiere, Wilhelm-Stahl-Allee 2, 18196 Dummerstorf.

E-Mail: wkanitz@fbn-dummerstorf.de





Vom Kutter auf die Waage

Der Wasseranteil beim Löschen des Heringsfangs

Bernd Mieske, Rainer Oeberst, Claus Ubl (Rostock) und Uwe Richter (Sassnitz-Mukran)

eringsfänge aus der Ostsee werden mit Wasser vermischt angelandet. Vor allem für die Bewirtschaftung der Fangquote muss die tatsächlich dem Bestand entnommene Fischmenge bekannt sein. In der Praxis werden bisher zur Ermittlung der Fischmenge Wasseranteile zwischen 5 und 13 % von der erfassten Anlandung abgezogen. Diese großen Unterschiede bei der Einschätzung der Wassermenge wirken sich signifikant auf die Abfischung der Quote aus. Insbesondere beim Abzug von zu hohen Wassergehalten kann es zur Überfischung kommen, da in der Realität mehr Fische angelandet werden als ausgewiesen. Das Institut für Ostseefischerei der Bundesforschungsanstalt für Fischerei beteiligte sich im Auftrag des Bundeslandwirtschaftsministeriums an Untersuchungen, um die umstrittenen Wasseranteile zu ermitteln.

In der Ostsee kommen für die Erfassung der Anlandemengen zwei Verfahren zur Anwendung: Bei der Landanlandung wird der Hering in Großraumbehälter (sog. Tubs) gepumpt und in diesen verwogen. Bei der Seeanlandung wird der Hering durch eine Pipeline auf eine kontinuierlich messende Bandwaage gefördert.

An dem für Anlandungen der Ostseefischerei (Abb. 1) repräsentativen Standort, dem Fischwerk Euro-Baltic Mukran, wurden in den Zeiträumen November/Dezember 2004 und März/April 2005 Versuche zur Ermittlung der Wasseranteile von gewogenen Heringsanlandungen durchgeführt. In diesem Fischwerk werden beide Verfahren zur Erfassung der Anlandemengen genutzt.

Landanlandungen mittels Großraumbehälter machten im Zeitraum Oktober 2004 bis Mai 2005 ca. 80 % der gesamten Anlandungen aus. Die verbleibenden 20 % wurden als Seeanlandung direkt vom Fangschiff über ein Unterflurrohrsystem in das Verarbeitungswerk gefördert.

Von den Fangschiffen auf die Pier

Die Anlandung von Hering beginnt bei beiden Verfahren durch Auspumpen der Fangschiffe an der Löschpier. Für diesen Vorgang werden Druck-Vakuumsaugpumpen verwendet. Um mit dieser Pumptechnologie fördern zu können, muss der Fang



Abb. 2: Saugschlauch und Wasserrückführung im Fischraum des Fangschiffes

in Wasser eingebettet sein. Daher pumpen die Fischer vor Einlaufen in den Hafen Seewasser als Transportwasser in den Fischraum

Nachdem das Fangschiff am Pier festgemacht hat, werden die Saugleitung sowie der Transportwasser-Rückführungsschlauch der Vakuumsauganlage in den Fischraum gesenkt (Abb. 2). In jeweils einer der beiden Druckkammern der Vakuumpumpe wird abwechselnd ein Unterdruck erzeugt und das Fisch-Transportwasser-Gemisch in diese Kammer gesaugt. Ist sie gefüllt, wird der Inhalt in den Wasserabscheider gedrückt.

Bis hier ist der Transportweg gleich, doch im weiteren Verlauf des Förderprozesses unterscheiden sich die Wege von



Abb. 1: Fangschiffe haben zum Löschen ihrer Heringsfänge an der Pier in Mukran festgemacht

Wasser und Fisch in Abhängigkeit des angewendeten Anlandeverfahrens.

Verfahren 1: Portionsweise Anlandung in Tubs

Der weitaus größte Anteil der Heringsfänge aus der Ostsee wird den Verarbeitungsbetrieben mit Großraumbehältern (Tubs) zugeführt. Unmittelbar aus dem Wasserabscheider der Druck-Vakuumanlage (Abb. 3) gelangen die abgesaugten Heringsfänge in die Tubs. Das Transportwasser fließt im Normalfall durch das Trenngitter hindurch in den Rückführungstank. Ein Teil des Transportwassers fließt jedoch mit dem Hering über das schwenkbare Füllrohr in den bereitgestellten Tub (Abb. 4).

Die gefüllten Tubs werden durch Gabelstapler in das Zwischenlager des Fischwerks transportiert (Abb. 5) und zur Bestimmung der Anlandemenge auf einer Standwaage gewogen (Abb. 6). Über eine spezielle Abkippanlage gelangt der Hering in ein Elevatorbecken (Abb. 7), um mittels Steilförderer in die Sortieranlage befördert zu werden.

Um den Transportwasseranteil in den Tubs zu untersuchen, wurden zwei Versuchstanks während einer beprobten Heringsanlandung mittels Vakuumsauggerät gefüllt und anschließend verwogen. Die abfließende Flüssigkeit wurde in gestaffelten Zeitabständen aufgefangen.

Innerhalb der ersten 3–4 Minuten war die Abflussgeschwindigkeit sehr hoch und verringerte sich dann deutlich (Abb. 8). Im Zeitraum von zwei Stunden traten 90 % des Wassers in den ersten 20 Minuten aus. In den restlichen 100 Minuten war die Ablaufgeschwindigkeit so gering, dass nicht mehr vom Abfließen von Transportwassser auszugehen ist, sondern vermutlich Gewebeflüssigkeit aus den Ostseeheringen aussickerte.

Mit statistischen Methoden konnte nachgewiesen werden, dass die Variabilität des Wasseranteils in Tubs vom anlandenden Fangschiff, von der Fischgrößenzusammensetzung des Fanges, von der Dauer des Absaugprozesses und von der jeweils genutzten Druck-Vakuum-Pumpanlage abhängig ist. Dabei haben die Pumpanlagen den größten Einfluss.



Abb. 3: Doppelkammer-Anlage bei der Befüllung von Tubs (Großraumbehälter)



Abb. 4: Füllen eines Tubs (im Hintergrund ist ein Teil des Euro-Baltic Fischverarbeitungswerks Mukran zu sehen)



Abb. 5: Zwischenlagerung der Tubs in der Füllbeckenhalle



Abb. 6: Wiegen einer Probe auf einer Standwaage



Abb. 7: Entleeren der gewogenen Tubs in das Elevatorbecken

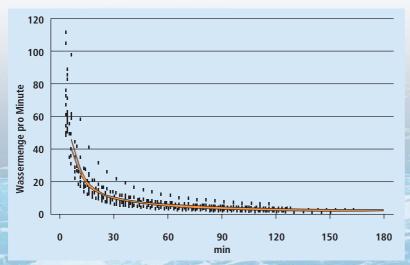


Abb. 8: Mittlere ausgeflossene Wassermenge pro MInute für alle Untersuchungen (Zusammenfassung von 30 Experimenten im Regressionsmodell)



Abb. 9: Druck-Vakuumanlage mit transportablem Auffang-

Verfahren 2: Durch die Pipeline ins Fischwerk

Bei der Seeanlandung wird der aus dem Fischraum gesaugte Hering in einen transportablen Auffangtank (Abb. 9) gepumpt und mit einer Unterflurleitung ins Werk gefördert. Die Rohrleitung fasst bis zu 6 t Hering. Um die Anlandemenge präzise zu erfassen, muss die Rohrleitung nach jedem Löschvorgang mehrfach gespült werden, damit der gesamte Fisch, der sich im Rohr befindet, über die Bandwaage gefördert wird. Dieser Vorgang kann bis zu 30 Minuten in Anspruch nehmen. Daher werden aus betriebswirtschaftlichen Gründen nur größere Anlandemengen über die Unterflurleitung gelöscht. Im Fischverarbeitungswerk Mukran trifft das für Anlandungen ab einer Menge von mindestens 10 t zu.

Vor der Bandwaage befindet sich ein Elevatorbecken (Abb. 10), in welches das Fisch-Wassergemisch aus der Unterflurleitung hineingepumpt wird. Dieses Becken ist ständig mit Wasser gefüllt. Mittels Steilförderer gelangt der Fisch zur Bandwaage. Die Stufen des Förderers sind perforiert, sodass hier bereits Wasser abtropft. Am Ende des Elevators fällt der Fisch auf ein umlaufendes Gitternetzband (Abb. 11), auf dem Haftwasser abgeschüttelt wird. Dieses Entwässerungsband för-



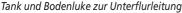




Abb. 10: Auffangbecken mit Elevator

dert den Fisch auf die darunter befindliche Bandwaage.

Diese Untersuchungen zum Transportwasseranteil wurden nach der gleichen Methode wie beim Anlandeverfahren 1 durchgeführt. Um innerhalb der Förderstrecke Hering für die Versuche unmittelbar vor der Bandwaage entnehmen zu können, mussten zu jedem Versuch Umbauten durch die Mitarbeiter des Fischwerkes erfolgen.

Die Messungen machten deutlich, dass wiederum nach anfänglich größeren Wassermengen im Hauptverlauf aller Versuche nur noch wenig Wasser abfloss. Mit Hilfe von Regressionsmodellen konnte nachgewiesen werden, dass nach 300 Sekunden

1/2006 ForschungsReport

der Hauptteil des auf die Bandwaage mitgeführten Haftwassers im Experiment abgetropft ist. Die Unterschiedlichkeit der Regressionskurven für die Zeitintervalle 0-300 Sekunden und 0-3600 Sekunden verdeutlichen, dass sich die Abflussgeschwindigkeit und die abfließende Flüssigkeitsmenge nach ca. 300 Sekunden signifikant verändert – ab diesem Zeitpunkt sickert hauptsächlich Gewebeflüssigkeit aus. Die abgeflossene Flüssigkeitsmenge in Relation zur Gesamtmenge des Fisch-Wasser-Gemisches im Versuchsbehälter beträgt nach 300 Sekunden im Mittel 1,6 %. Damit ist bis zu diesem Zeitpunkt der Hauptteil Flüssigkeit abgeflossen. Dieser Wert kann auf 2 % gerundet werden.

Wasseranteil 6 und 2 Prozent

Damit ergibt sich für die beiden Anlandeverfahren von Ostseehering: Von der gewogenen Anlandemasse ist ein prozessbedingter Wasseranteil abzuziehen. Bei der Landanlandung mit Hilfe von Großraumbehältern (Tubs) beträgt der fischfremde Wasseranteil 6 % Transportwasser. Bei der Seeanlandung entfallen rund 2 % der Gesamtmasse auf Haftwasser.



Dipl.-Ing. Bernd Mieske, Dipl.-Math. Rainer Oeberst, Bundesforschungsanstalt für Fischerei, Institut für

Ostseefischerei, Am Südhafen 2, 18069 Rostock

E-Mail: bernd.mieske@ior.bfa-fisch.de.

Dipl.-Ing. Claus Ubl, Landesforschungsanstalt für Landwirtschaft und Fischerei Mecklenburg-Vorpommern, Institut für Fischerei, An der Jägerbäk 2, 18069 Rostock

Dr.-Ing. Uwe Richter, Euro-Baltic Fischverarbeitungs GmbH, 18546 Sassnitz-Mukran.

Abb. 11: Wiegeband der Bandwaagenanlage mit darüber liegendem Entwässerungsgitterband



10 - 20 - 25ahre

Dreifaches Jubiläum beim ForschungsReport

or 25 Jahren, 1981, erschien ein Heft mit dem Titel "Forschung – Ernärung, Landwirtschaft, Forsten". Mit dieser als Probenummer konzipierten Ausgabe verfolgte der Senat der Bundesforschungsanstalten die Absicht, die Arbeiten aus dem Forschungsbereich des damaligen Bundeslandwirtschaftsministeriums einer breiteren Öffentlichkeit vorzustellen. Dieses Heft markiert die Geburtsstunde des Forschungsreports.

Das Heft war mit Liebe und einigem technischen Aufwand produziert worden. Durchgängig im Vierfarbdruck und mit anschaulichen Beiträgen versehen, richtete es sich an Lehrer, Journalisten, Politiker, Vertreter der Praxis sowie die interessierte Öffentlichkeit. Die Idee hatte Pioniercharakter, denn die Auffassung, dass Wissenschaftler auch eine Bringschuld gegenüber der sie finanzierenden Öffentlichkeit hätten, war Anfang der 80er Jahre noch nicht sehr verbreitet. Ausdrücklich erwähnte daher der damalige Senatspräsident, Prof. Dr. Hans Otto Gravert, in seinem Geleitwort auch die "Steuerzahler, die durch Bereitstellung erheblicher öffentlicher Mittel die Agrarforschung ermöglichen und fördern".

Die "Pilotausgabe" erfreute sich einer regen Resonanz: Leser äußerten sich durchweg positiv, und die Medien griffen zahlreiche Themen des Heftes für ihre eigene Berichterstattung auf. Dennoch folgte eine lange Zeit mit zähen Diskussionen. Es ging um die Finanzierung, um die Sinnhaftigkeit einer eigenständigen anstaltsübergreifenden Zeitschrift, um Zweifel an ausreichenden Themen für eine breitenwirksame Veröffentlichung. Die Protokolle der damaligen Senatssitzungen geben ein beredtes Zeugnis davon ab. Immer wieder drängte der Senat, ein Erscheinen der Zeitschrift zu ermöglichen, doch die Zeit war anscheinend noch nicht reif dafür.

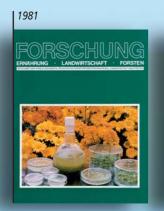
Schwere Geburt

Erst vier Jahre später kam wieder Bewegung in die Sache. 1985 sicherte das Ministerium eine Finanzierung der Zeitschrift – wenn auch nur im Zweifarbdruck – zu. Als Redakteur konnte Hans W. Kay vom Da-

ten- und Informationszentrum der Bundesanstalt für Milchforschung gewonnen werden, der auch schon die Probenummer mit großem Engagement realisiert hatte.

Die erste reguläre Ausgabe des Magazins unter dem Titel "Forschungsreport – Ernährung, Landwirtschaft, Forsten" erschien dann 1986, also vor 20 Jahren. Die Beschränkung auf Zweifarbdruck (schwarz plus eine Farbe) hatte eine Umgestaltung des Layouts notwendig gemacht, da unter anderem ein großformatiges farbiges Titelbild nicht mehr möglich war. Man entschied sich für ein leichtes Blau als Schmuckfarbe, wodurch die Hefte ein bisschen an die Farbgebung von Milchtüten erinnerten - die geistige Nähe zur Milchforschung in Kiel war unverkennbar. Inhaltlich spiegelte das Heft 1 jedoch die ganze Breite des Ressortforschungsbereichs wider. Alle Bundesforschungsanstalten waren mit einem Beitrag vertreten; eine interessante Themenauswahl und die klare, allgemeinverständliche Sprache zeugten von dem Bemühen der wissenschaftlichen Autoren und dem Geschick des Redakteurs.

Wie modern die damals vorgestellten Themen waren, zeigt ein Blick in das









1996

44 ForschungsReport 1/2006

Heft 2 von 1987, das bereits Anklänge an die aktuelle Ausgabe des Jahres 2006 aufweist: In dem Artikel "Gentechnologie – Wissenschaft mit Zukunft" ging es um neue Verfahren in der viralen Tierseuchenbekämpfung, und ein Beitrag über Milchsäurebakterien gab einen Ausblick auf mögliche gezielte Nutzungen ihres genetischen Potenzials für die Herstellung fermentierter Lebensmittel.

Es zeigte sich schnell, dass der Forschungsreport ein geeignetes Medium war, um den damaligen BML-Forschungsbereich als Ganzen nach außen zu repräsentieren. Die ersten Ausgaben wurden sowohl vom Ministerium als auch von der Öffentlichkeit sehr positiv aufgenommen. Dennoch machte es immer wieder Probleme, genügend geeignete Beiträge bei den Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftlern zu akquirieren. Daher blieb es zunächst auch bei einer Ausgabe pro Jahr; erst seit 1993 erscheint das Magazin zweimal jährlich. Die Aufnahme von Farbabbildungen ab 1988 konnte die Attraktivität der Hefte steigern.

Das altersbedingte Ausscheiden von Hans W. Kay als Redakteur 1989 hinterließ ein schwer zu füllendes Vakuum. Es wurde deutlich, wie viel Einsatzfreude und Begeisterung nötig war, um eine solche Zeitschrift quasi nebenher am Laufen zu halten. Die Redaktion ging schließlich auf die Zentralstelle für Agrardokumentation und -information (ZADI) in Bonn über, der hierfür ein redaktioneller Beirat zur Seite gestellt wurde.

Neue Generation

Sechs Jahre und acht Ausgaben später war das bisherige Erstellungskonzept für den Forschungsreport an seine Grenzen gestoBen. Um weiter ein optisch attraktives und inhaltlich konsistentes Magazin produzieren zu können, musste eine neue Struktur gefunden werden. Die redaktionelle Verantwortung übernahm der neue Leiter der Geschäftsstelle des Senats, Michael Welling, der bereits einige Erfahrung in der Öffentlichkeitsarbeit mitbrachte. Damit wurde die Zeitschrift auch wieder stärker an den Senat angebunden. Layout und Druck wurden in die Hände einer auf Agrarzeitschriften spezialisierten Agentur gegeben.

Mit der Ausgabe 1/1996 (Heft 13) erblickte vor genau 10 Jahren ein gänzlich neu konzipierter Forschungsreport das Licht der Welt: Das Format war auf DIN A 4 umgestellt, die großzügige Bebilderung zeigte sich bereits auf der Titelseite, ein Editorial führte in das Heft ein und bei den Forschungsbeiträgen wurde wieder verstärkt Gewicht auf allgemeine Verständlichkeit gelegt. Für Kontinuität sorgte zunächst noch die hellblaue Grundfarbe der Titelseite, die jedoch schon bald durch ein kräftiges Blau ersetzt wurde.

Neu war auch, dass die Hefte jetzt häufig Themenschwerpunkte aufwiesen. Den Anfang machte bereits die Ausgabe 2/1996, in der sich unter dem Schwerpunkt "Nachwachsende Rohstoffe" Beiträge aus Züchtung, Anbau, Pflanzenschutz und Verarbeitung fanden. Die Zusammenstellung solcher Themenhefte erforderte eine verstärkte Koordinationsleistung der Redaktion, konnte aber das mosaikartige Ineinandergreifen der einzelnen Forschungsdisziplinen sinnfällig dokumentieren und gab dem interessierten Leser eine vielfältige und vielschichtige Informationsquelle an die Hand.

Der Jahrtausendwechsel bot die Gelegenheit für einen weiteren Relaunch des Heftes, also eine Weiterentwicklung des äu-Beren Erscheinungsbildes. In der ersten

2001



Lektüre des Forschungsreports: Danach ist man immer ein klügerer Kopf.

Ausgabe des Jahres 2000 wagten zehn Wissenschaftler aus den Bundesforschungsanstalten einen Ausblick auf die nächsten 20 Jahre: Unter dem Titel "Prognose 2020" beantworteten sie Fragen zur Entwicklung der von ihnen vertretenen Fachgebiete.

Auch nach 25 Jahren hat sich am Anspruch des Forschungsreports nichts verändert. Noch einmal der damalige Senatspräsident Gravert: Die Zeitschrift soll "gleichermaßen informieren und Wissbegierde erzeugen, ohne die Ebene der wissenschaftlichen Sachlichkeit zu verlassen". Manche denken, Wissenschaft sei eine trockene Angelegenheit. Das Gegenteil ist der Fall! Wissenschaft kann bunt sein, spannend und unterhaltsam. Und sie ist die Grundlage für allen gesellschaftlichen und technischen Fortschritt. Wenn der Forschungsreport ein bisschen davon vermitteln kann, hat er seine wichtigste Aufgabe erfüllt.

Dr. Michael Welling, Geschäftsstelle des Senats der Bundesforschungsanstalten, c/o FAL, Bundesallee 50, 38116 Braunschweig. E-Mail: michael.welling@fal.de











1/2006 FORSCHUNGSREPORT 45

BIOLOGISCHE BUNDESANSTALT FÜR LAND- UND FORSTWIRTSCHAFT (BBA)

Institut für Pflanzenvirologie, Mikrobiologie und biologische Sicherheit

er Begriff biologische Sicherheit ist in der öffentlichen und wissenschaftlichen Diskussion eng mit gentechnisch veränderten Organismen verbunden. Die Aufgaben des BBA-Instituts für Pflanzenvirologie, Mikrobiologie und biologische Sicherheit werden von einem erweiterten Sicherheitsbegriff geprägt – der Sicherheit pflanzlicher Erzeugung. Sie leiten sich aus dem Pflanzenschutzgesetz, dem Gentechnikgesetz und dem Forschungsplan des Bundesministeriums für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz (BMELV) ab.

Die Nutzung gentechnisch veränderter Pflanzen ist weltweit auf dem Vormarsch – die wissenschaftliche, öffentliche und politische Auseinandersetzung mit dieser Thematik ist daher nach wie vor aktuell. Im Koalitionsvertrag zwischen CDU, CSU und SPD wird zum Beispiel betont, dass die Biotechnologie eine wichtige Zukunftsbranche für Forschung und Wirtschaft darstellt, die bereits weltweit etabliert ist. Dabei bleibt der Schutz von Mensch und Umwelt oberstes Ziel des deutschen Gentechnikrechts, das den Rahmen für die weitere Entwicklung und Nutzung der Gentechnik setzen soll.

In diesem Themenfeld bewegen sich viele Arbeitsschwerpunkte des Instituts. Aufgrund der Breite der Aufgabengebiete besteht das Institut aus zwei Fachgruppen – Pflanzenvirologie und Mikrobiologie sowie Gentechnik und biologische Sicherheit.

Pflanzenvirologie und Mikrobiologie

Ziel der Arbeiten in der Fachgruppe Pflanzenvirologie und Mikrobiologie ist die Diagnose und Minimierung von Schäden durch Phytopathogene und damit die Sicherung der Nachhaltigkeit landwirtschaftlicher und gartenbaulicher Produktionssysteme. Arbeitsschwerpunkte sind die Erhaltung und Verbesserung der Gesundheit von landwirtschaftlichen und gartenbaulichen Kulturpflanzenbeständen, der Informations- und Wissenstransfer zu aktuellen Pflanzenschutzproblemen sowie die Entwicklung und Weiterentwicklung von klassischen und modernen Diagnosemethoden (Referenzlabor).

Das Institut in Zahlen:

- 34 Planstellen, davon 11 für Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler; 13 Drittmittelstellen
- 12 Drittmittelprojekte mit einem Volumen von ca. 2,75 Mill. EUR
- Umfangreiche Mitarbeit in nationalen und internationalen Gremien u.a. OECD, EPPO, EFSA, GBIF
- Lehraufträge an den Universitäten: TU-Braunschweig (4), HU-Berlin (1), Lüneburg (1)
- Mitgliedschaften in Editorial Boards von 8 internationalen pre-reviewed Journalen

In Zusammenarbeit mit der Abteilung für nationale und internationale Angelegenheiten der Pflanzengesundheit der BBA werden molekularbiologische Identifizierungsmethoden für Quarantäneschädlinge entwickelt.

Gentechnik und biologische Sicherheit

Die Fachgruppe Gentechnik und biologische Sicherheit wirkt am Genehmigungsverfahren für die Freisetzung und das Inverkehrbringen von gentechnisch veränderten Organismen mit. Sie untersucht im Rahmen von freisetzungsbegleitenden Forschungsarbeiten, biologischer Sicherheitsforschung und anbaubegleitendem Monitoring Sicherheitsaspekte und mögliche Auswirkungen gentechnisch veränderter Organismen auf den Naturhaushalt.





Freilandversuch zum Pollenflug von transgenem Mais auf einem BBA-Versuchsfeld nahe Braunschweig. A) Transgener Mais, B) Klee/Gras-Saat mit Plots aus Empfängermaispflanzen, C) Stoppelfeld mit Plots aus Empfängermaispflanzen.

Arbeitsschwerpunkte sind die Risikobewertung von gentechnisch veränderten Organismen, die Folgenabschätzung der Anwendung neuer Methoden der Biotechnologie in der Pflanzenproduktion, die Forschung zum Einsatz gentechnisch veränderter Organismen im Agrarökosystem sowie die Erarbeitung der fachlichen Grundlagen für ein anbaubegleitendes Monitoring von transgenen Pflanzen.

Im Rahmen eines mehrjährigen Versuchsprogramms zur Koexistenz von landwirtschaftlichen Produktionssystemen mit und ohne Nutzung gentechnisch veränderter Pflanzen werden gemeinsam mit anderen Bundesforschungsanstalten (FAL und BAZ) Empfehlungen zum nachbarschaftlichen Anbau von transgenen und herkömmlichen Maissorten erarbeitet.



Auffällige Fleckung der Blütenblätter von unterschiedlichen Angeloniensorten (links: mit Virus infiziert)

Datenbank über gentechnisch veränderte Organismen

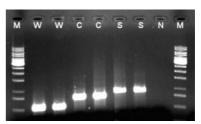
Im Rahmen seines Informationssystems zur Gentechnik betreibt das Institut eine Datenbank, die über Freisetzungen und das Inverkehrbringen von gentechnisch veränderten Organismen in den Ländern der Europäischen Union informiert. Im Internet (www.bba.de/gentech/gentech.htm) sind Auswertungen der Datenbank öffentlich zugänglich.

Darüber hinaus werden Proceedings von Symposien zur biologischen Sicherheit sowie eine ständig aktualisierte Textsammlung europäischer und nationaler Gesetze und Richtlinien angeboten.

Phytopathologische Forschung

Das Institut betreibt phytopathologische Forschung, wirkt mit bei der Prüfung der Resistenz von Pflanzen gegenüber Schaderregern und optimiert klassische und molekularbiologische Verfahren zur Diagnose von Pflanzenkrankheiten und zur Erkennung der Resistenzeigenschaften von Kulturpflanzen. Außerdem befasst sich das Institut mit der Charakterisierung landwirtschaftlich und gartenbaulich relevanter Viren, Bakterien und Pilze.

Die in Zusammenarbeit mit Pflanzenschutzämtern und anderen Institutionen durchgeführten Untersuchungen von Proben auf Virus- oder Mikroorganismenbefall ermöglichen eine Analyse der existierenden und neu auftretenden phytosanitären Probleme. Dazu unterhält das Institut umfangreiche Referenzsammlungen von Pflanzenviren und phytopathogenen Mikroorganismen. Auf diesem Gebiet erfolgt eine enge Zusammenarbeit mit der DSMZ (Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen).



Nachweis und Unterscheidung verschiedener bodenbürtiger Weizenviren mit Hilfe molekularbiologischer Methoden (RT-PCR)

Mikrobenökologie

Ziel der Forschungsarbeiten ist es zu klären, wie Umweltfaktoren die mikrobielle Diversität terrestrischer Ökosysteme beeinflussen. Die Nutzung von molekularen Methoden in Kombination mit traditionellen Ansätzen soll zu einem besseren Verständnis mikrobieller Gemeinschaften insbesondere im Boden beitragen. Die mikrobielle Diversität des Bodens, zum Beispiel im Agrarökosystem, ist von großer Bedeutung für Stoffkreisläufe, die Bodenfruchtbarkeit und die Pflanzengesundheit. Das Institut beteiligt sich unter anderem an Untersuchungen zum Verbleib und zu den Auswirkungen von veterinären Antibiotika, die mit der Gülle von behandelten Tieren in landwirtschaftlich genutzte Böden gelangen.



Dr. Joachim Schiemann, Biologische Bundesanstalt für Land- und Forst-

wirtschaft, Institut für Pflanzenvirologie, Mikrobiologie und biologische Sicherheit, Messeweg 11/12, 38104 Braunschweig.

E-Mail: biosearch@bba.de

Bundesforschungsanstalt für Fischerei

Deutscher Wissenschaftler übernimmt Leitung des ICES

Dr. Gerd Hubold (55), langjähriger Leiter des Instituts für Seefischerei der Bundesforschungsanstalt für Fischerei, hat zum 1.2.2006 das Amt des Generalsekretärs des Internationalen Rates für Meeresforschung (International Council for the Exploration of the Sea, ICES) in Kopenhagen übernommen. Die 1902 gegründete und damit älteste existierende zwischenstaatliche Meereskonvention koordiniert die Forschung von rund 1.600 Meereswissen-



Neuer Generalsekretär des ICES: Dr. Gerd Hubold

schaftlern in Fischereiinstituten und Universitäten seiner 19 Mitgliedsländer im nordatlantischen Bereich, der sich von den USA und Kanada über West- und Nordeuropa bis Russland erstreckt. Ziel der Organisation ist es, die Meeresumwelt- und Fischereiforschung zu fördern und wissenschaftlich exzellente, unabhängige Gutachten zur Nutzung und zum Schutz der Meere zu erstellen, die den Mitgliedsstaaten und der EU-Kommission als Grundlage für ihre Managemententscheidungen dienen.

Gerd Hubold, habilitierter Meeres- und Fischereibiologie, war seit 1991 an der Bundesforschungsanstalt für Fischerei in Hamburg tätig, wo er die Leitung des Instituts für Seefischerei und später über mehrere Wahlperioden die Gesamtleitung der Forschungsanstalt übernahm.

Die Bundesforschungsanstalt für Fischerei (BFAFi) ist das zentrale Kompetenzzentrum für Fischereiforschung in Deutschland. Der Wechsel des Institutsleiters zum ICES stellt eine Anerkennung für die Arbeit der BFAFi im internationalen Forschungsumfeld dar und stärkt die Rolle der deutschen Fischereiforschung in der nordatlantischen Zusammenarbeit.

(BFAFi)

Bundesforschungsanstalt für Fischerei

Nordseegarnelen weiter verbreitet als vermutet

Nach einer vierwöchigen Forschungsfahrt im Januar 2006 brachte das Fischereiforschungsschiff SOLEA interessante Ergebnisse mit zurück. Die gesamte Nordsee ist im Winter bis etwa 50 m Wassertiefe von Nordseegarnelen besiedelt.

Bisher galt die Lehrmeinung, dass sich die Krabben im Winter in die etwas tieferen und wärmeren Gewässer vor der Küste zurückziehen. Die umfangreichen diesjährigen Untersuchungen des Forscherteams aus dem Institut für Seefischerei der Bundesforschungsanstalt für Fischerei (BFAFi), die sich von der jütländischen Küste im Norden bis in die Mitte der Nordsee erstreckten, ergaben indes ein anderes Bild. Untersucht wurde ein Tiefenspektrum von 10 bis 50 Metern. Die Gesamtfänge an "Krabben" lagen im Mittel auf dem Niveau der Vorjahre, waren aber nicht eindeutig tiefenabhängig. Mit diesem Ergebnis reift die bestandsbiologisch wichtige Erkenntnis, dass die gesamte Nordsee im Winter bis etwa 50 m Wassertiefe von den Nordseegarnelen besiedelt ist und nicht nur ein mehr oder weniger breites Band entlang des Küstenverlaufs. Bei vergleichsweise niedrigen Wassertemperaturen um 2 °C fanden sich auch unerwartet viele Tiere in Küstennähe, sogar im flacheren Wasser innerhalb der Inselkette Ostfrieslands.

Die Bundesforschungsanstalt für Fischerei führt im Bereich der Deutschen Bucht und angrenzenden Seegebieten regelmäßig Untersuchungen zur Verbreitung der Nordseegarnelen durch, in diesem Jahr erstmals auch zusammen mit dem dänischen Partnerinstitut in Esbjerg. Durch Vergleich der Ergebnisse in verschiedenen Jahren wollen die Fischereibiologen die Auswirkungen von unterschiedlich harten Wintern auf die Verteilung der Krabben in der Nordsee besser beurteilen können. Dies wird auch den Fischern von Nutzen sein; bislang gilt die Faustregel, dass ein strenger Winter im folgenden Herbst gute Fänge bringen (BFAFi) wird



Die 2004 in Dienst gestellte SOLEA brachte neue Erkenntnisse zur Verbreitung von Nordseekrabben mit heim.

48 ForschungsReport 1/2006

Bundesforschungsanstalt für Landwirtschaft (FAL)

Möglichkeiten der Koexistenz werden untersucht

Um das Nebeneinander gentechnikfreier und Gentechnik verwendender Landwirtschaft zu sichern, wurde vom Bundeslandwirtschaftsministerium noch vor der letzten Bundestagswahl ein Forschungsprogramm initiiert, das eine unter deutschen Bedingungen belastbare Datenbasis zur Sicherung der Koexistenz von gentechnisch verändertem Mais und konventionellem Mais im Praxisanbau zu schaffen soll.

Das Projekt wird von der Bundesforschungsanstalt für Landwirtschaft (FAL) koordiniert und in Kooperation mit der Biologische Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft (BBA) und der Bundesanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen (BAZ) vorwiegend auf Ressortforschungsflächen umgesetzt. An sechs Standorten wurden dazu zwei unterschiedliche Versuchsdesigns mit drei Testsystemen jeweils in zwei Wiederholungen angelegt.

Die 3–10 ha großen Versuchsflächen setzten sich jeweils aus einem Donor-Maisschlag (Pollenquelle) und einem oder mehreren Empfänger-Maisschlägen zusammen. Das Ziel der Versuche ist es, Einkreuzungsraten in Abhängigkeit von der Entfernung zur Pollenquelle zu analysieren, den Einfluss von hochwachsenden (Sonnenblume) und niedrigwachsenden (Klee/Gras) Pflanzenbeständen als Zwischenkulturen zu ermitteln, Randeffekte zu quantifizieren sowie den Einfluss relevanter Klimafaktoren auf die Einkreuzung zu analysieren.

Im ersten Versuchsjahr wurden drei verschiedene Modellsysteme auf ihre Eignung für Auskreuzungsstudien mit Mais getestet. Neben einem aus einer gentechnisch veränderten Sorte und der isogenen Hybride bestehenden Testsystem kamen ein Farbmaissystem (Einkreuzung einer gelbkörnigen in eine weißkörnige Hybride) sowie ein Testsystem mit einem konventionellen molekularen Marker zum Einsatz. Im zweiten Versuchsjahr werden die Versuche der ersten beiden Varianten an den gleichen Standorten wiederholt. (G. Rühl, FAL)

Leibniz-Institut für Agrartechnik Bornim

Keine Chance für "Gammelgemüse"

Elektronischer Schadbildkatalog für Obst. Gemüse und Kartoffeln

Wissenschaftler und Qualitätsexperten haben unter der Regie des Leibniz-Instituts für Agrartechnik in Potsdam-Bornim (ATB) einen elektronischen Schadbildkatalog entwickelt. Die in Deutschland einzigartige Software erleichtert entscheidend die Arbeit der Qualitätskontrolleure und hilft, "Gammelgemüse" auf dem Ladentisch zu vermeiden.

Um die Qualitätsstandards bei Obst und Gemüse für den Endverbraucher zu sichern, hat der Gesetzgeber europaweit EU-Vermarktungsnormen und auf nationaler Ebene Handelsklassenverordnungen herausgegeben. Diese legen fest, ob ein Erzeugnis die Klasse Extra, I oder II besitzt, oder ob etwa wegen grober Qualitätsmängel ein Vermarktungsverbot gerechtfertigt ist.

Qualitätskontrolleure für Obst und Gemüse überprüfen, in wie weit diese Normen innerhalb der einzelnen Handelsstufen eingehalten werden. Eine sehr anspruchsvolle Aufgabe, weist die Handelsware doch eine naturgegebene Variabilität auf und ist zudem zeitlichen Veränderungen unterworfen.

Ein wichtiges Handwerkszeug für die Qualitätskontrolle, aber auch für den Groß- und Einzelhandel, steht jetzt mit dem neuen elektronischen Schadbildkatalog ELSKA zur Verfügung. Er wurde nach mehrjähriger Zusammenarbeit des Leibniz-Instituts für Agrartechnik (ATB) mit der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE) und erfahrenen Qualitätskontrolleuren fertig gestellt.

ELSKA ist eine bedienerfreundliche, datenbankgestützte Software, die die für etwa 50 Obst- und Gemüsearten sowie Speisekartoffeln festgeschriebenen Normen in derzeit 2020 Bildern und Erläuterungstexten beschreibt, versehen mit zahlreichen Kommentaren. Mit Hilfe dieses elektronischen Kompendiums lassen sich auftretende Qualitätsmängel bei Obst und Gemüse objektivieren und einheitlicher werten.

Interessenten an einer kostenlosen Demoversion wenden sich bitte an das ATB in Potsdam-Bornim, Telefon: 03 31/56 99 -3 13 oder -3 32 (E-Mail: thoffmann@atb-potsdam.de). (ATB)

Senat der Bundesforschungsanstalten

SCAR-Webportal schafft Transparenz in der europäischen Agrarforschung

Der Ständige Agrarforschungsausschuss SCAR ist ein Beratungsgremium der Generaldirektion Forschung der Europäischen Kommission. In ihm sind Vertreter der zuständigen Ministerien und Forschungsorganisationen aller europäischen Mitgliedsstaaten, die assoziierten Staaten sowie die Beitrittskandidatenländer vertreten. Die Mitglieder des SCAR haben ein Webportal eingerichtet und Ende Februar 2006 frei geschaltet, das für größere



Transparenz in der europäischen Agrarforschung sorgen soll.

Die zentrale Webseite enthält Informationen zu SCAR, seiner Organisation und Arbeitsweise sowie eine Vielzahl weiterer nützlicher Links. Dabei ist die Verbindung zu nationalen Seiten mit Hinweisen zu Aufbau und Struktur der jeweiligen Agrarforschungssysteme besonders hilfreich, um einen besseren Überblick in diesem sehr fragmentierten Bereich zu erhalten. Derzeit sind Informationen aus 23 Ländern über folgenden Link zugänglich: http://europa.eu.int/comm/research/agriculture/scar/index_en.cfm (Senat)

Bundesforschungsanstalt für Landwirtschaft (FAL)

Bodenverdichtung bringt Regenwürmer unter Druck

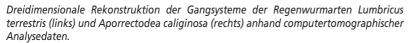
Regenwürmer vergrößern durch intensive Bodenlockerung die Wasser- und Luft-durchlässigkeit des Bodens und leisten so einen wesentlichen Beitrag zur Fruchtbarkeit von Ackerböden. Was aber passiert, wenn in Folge landwirtschaftlicher Bewirtschaftung der Boden verdichtet ist? Forscher der Bundesforschungsanstalt für Landwirtschaft (FAL) haben den Einfluss von mechanischer Bodenbearbeitung auf das Grabeverhalten der Regenwürmer untersucht.

Etwa drei Viertel der im Ackerboden vorkommenden Regenwurmarten leben im Mineralboden. Sie haben ein netzartig verzweigtes Gangsystem und ernähren sich von feiner organischer Substanz im Boden. Experten nennen diese Lebensweise endogäisch (z. B. Aporrectodea caliginosa). Anektisch lebende Arten wie Lumbricus terrestris stellen ein Viertel der Population. Sie pendeln zwischen Mineralboden und Bodenoberfläche, graben vertikal orientierte Gänge und ernähren sich vom Bestandsabfall der Bodenoberfläche.

Wird der Boden durch mechanische Belastung verdichtet, kommt es zu Populationseinbrüchen von bis zu 70 %, das Artenspektrum ändert sich dabei jedoch nicht wesentlich. Die horizontalen Gänge der endogäischen Arten können relativ leicht zusammengedrückt werden, während die vertikalen Gänge der anektischen Regenwürmer bei Auflast meist nur verkürzt und von Scherkräften verformt werden. Wenn Teile eines Gangsystems durch beide Kräfte belastet werden, wird seine Kontinuität unterbrochen und sein Volumen verringert.

Die Kontinuität der Regenwurmgänge ist ein Parameter, der ihre ökologische Wirksamkeit hinsichtlich der Wasser-, Stoff- und Gastransporte im Boden beschreibt. Messergebnisse der Forscher um Dr. Stefan Schrader vom FAL-Institut für Agrarökologie zeigen, dass nach hoher Belastung unter konventioneller Bodenbearbeitung lediglich 43 % der Gänge von *L. terrestris* kontinuierlich waren. Unter konservierender Bodenbearbeitung betrug die Kontinuität 65 %.

Regenwürmer sind von allen Bodentieren am ehesten in der Lage, verdichteten Boden wieder zu lockern. Ihre Grabtechnik ist ein Zusammenspiel von Wegdrücken und Fressen des Bodenmaterials. Steigt der Raumwiderstand durch mechanische Belastung, gehen Regenwürmer dazu über, weniger Boden wegzudrücken und stattdessen mehr Boden zu fressen. "Doch auch mit dem Hindurchfressen ist bei steigendem Raumwiderstand irgendwann Schluss", so Schrader.



Die Schädigung des Bodengefüges und damit die Beeinträchtigung der Bodenfunktionen fielen bei konservierender Bodenbearbeitung deutlich geringer aus. Bodenbiologe Schrader: "Bei konservierender Bodenbearbeitung ist der Boden tragfähiger und somit besser gegen Verdichtungen geschützt. So werden beim Befahren des Bodens nicht nur weniger Regenwürmer zerquetscht, auch das Bodengefüge wird weniger geschädigt." Zudem kann sich die Regenwurmpopulation nach ein bis zwei Vegetationsperioden bei geringer mechanischer Belastung selbst regenerieren. (FAL)

Friedrich-Loeffler-Institut

Bund-Länder Klausur zu BSE

Schutzmaßnahmen an wissenschaftlichen Kenntnisstand anpassen

Nach einer zweitägigen Beratung mit Wissenschaftlern im Friedrich-Loeffler-Institut (FLI) haben sich die Staatssekretäre der für die Lebensmittelsicherheit und die Tiergesundheit zuständigen Ministerien für eine vorsichtige Anpassung der BSE-Schutzmaßnahmen an neue wissenschaftliche Erkenntnisse ausgesprochen.

Vor dem Hintergrund deutlich rückläufiger Fallzahlen (32 im Jahr 2005 gegenüber 125 im Jahr 2001) gehen die Wissenschaftler davon aus, dass die bisher ergriffenen Maßnahmen, insbesondere das Verfütterungsverbot für tierisches Eiweiß, Wirkung zeigen. Jetzt gelte es, so Staatssekretär Gert Lindemann vom Bundesministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz, die Maßnahmen hinsichtlich ihrer Wirkung und ihres Aufwandes zu prüfen und anzupassen.

Wichtigstes Ergebnis der Klausur: Die BSE-Tests für Tiere im Alter von 24 bis 30 Monaten sollen entfallen. In den vergangenen Jahren wurden nur zwei Tiere knapp unter 30 Monate positiv getestet. Zudem sind die Tiere, die jetzt 30 Monate alt sind, lange nach dem Verfütterungsverbot für tierisches Eiweiß geboren. "Die Wissenschaftler des FLI und des Bundesinstituts für Risikobewertung sind übereinstimmend zu dem Schluss gekommen,

dass die Erhöhung des Testalters ohne eine messbare Risikoerhöhung für Verbraucher möglich ist. Deshalb bin ich mit meinen Kollegen in den Ländern einig, diese Änderung nun anzugehen", sagte Lindemann im Anschluss an die Beratung.

Bereits jetzt gilt in der gesamten EU ein Mindesttestalter von 30 Monaten, lediglich Deutschland ist in der Vergangenheit auf Grund von wissenschaftlichen Empfehlungen im Jahr 2000 über diesen Standard hinausgegangen.

Weiter empfehlen die Staatssekretäre, sich in der EU für eine Aufhebung des Tötungsgebotes für ganze Herden oder Kohorten im Falle einer einzelnen BSE-Feststellung auszusprechen. Es gelte inzwischen als sicher, dass Milch kein Risiko darstelle und BSE auch nicht an Nachkommen übertragen werden könne. Deshalb sollten Tiere, die einer betroffenen Herde angehören, weiter genutzt werden können. Allerdings soll sichergestellt sein, dass sie nach der Schlachtung nicht in die Lebensmittelkette gelangen.

Weitere Maßnahmen wie das nationale Verbot, tierische Fette an Lebensmittel-liefernde Tiere zu verfüttern, sollen auf Anraten der Wissenschaftler zum jetzigen Zeitpunkt nicht geändert werden. (FLI)

Friedrich-Loeffler-Institut

Vogelgrippe: Schnelle Diagnose dank modernster Verfahren

Bei dem Anfang April in einem Nutztierbestand im sächsischen Wermsdorf aufgetretenen Geflügelpest-Erreger hat es sich um den hoch pathogenen Virustyp H5N1 Asia gehandelt. Das konnte das Friedrich-Loeffler-Institut (FLI) innerhalb von nur anderthalb Tagen nachweisen.

Die Verdachtsproben waren am Dienstag, dem 4. April, spät abends am FLI eingetroffen. Die Bestätigung des Subtyps H5N1 lag am Mittwochvormittag vor. Weitere Untersuchungen des Genmaterials des Virus zeigten rund zwei Stunden später, dass es sich um die hoch pathogene Form handelt. Die abschließenden Tests ergaben dann Donnerstag Mittag, dass es sich um



den gleichen H5N1 Typ Asia handelt, der in Deutschland seit Mitte Februar bei Wildvögeln gefunden wurde. Eine im FLI erfolgte Verbesserung der Diagnostikmethoden ermöglichte diesen schnellen Untersuchungsgang. Bisher waren bis zur endgültigen Bestimmung des Typs zwischen vier Tagen und zwei Wochen notwendig. Das Nationale Referenzlabor für Aviäre Influenza (Vogelgrippe) am FLI verwendet bei der Abklärung von Verdachtsfällen modernste molekularbiologische Testverfahren. Diese ermöglichen eine schnelle und sichere Diagnose des Virustyps. (FLI)

Biologische Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft

Papierberg ade

Anträge auf Pflanzenschutzgeräteprüfung jetzt elektronisch

Spritzgeräte, etwa für Unkrautbekämpfungsmittel, dürfen in Deutschland nur verkauft und gehandelt werden, nachdem sie von der Biologischen Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft in Braunschweig (BBA) geprüft worden sind. Bisher füllten die Hersteller oder Vertreiber dazu ein gut 20-seitiges Papier-Formular aus. Seit Mitte Februar 2006 werden diese Anträge nun elektronisch bearbeitet. Sowohl die Anträge für das Erklärungsverfahren, als auch für die freiwillige Prüfung im Anerkennungsverfahren und auf Ver-

lustminderung erfolgen jetzt über entsprechende Online-Formulare auf der Internetseite https://geraete.bba.de/. Dort können Antragsteller auch ihre Zugangsdaten anfordern und sich registrieren lassen.

Die elektronische Aktenbearbeitung hat Vorteile. "Insgesamt wird das Verfahren für den Antragsteller transparenter und die Bearbeitungszeiten werden kürzer", erklärt Dirk Rautmann. Der Wissenschaftler von der Fachgruppe Anwendungstechnik koordiniert das BundOnline-Projekt an der Biologischen Bundesanstalt. Ziel des Pilotprojektes ist es, Reibungsverluste zu vermeiden und den Papierberg zu verringern. (BBA)

Bundesforschungsanstalten

Braunschweig wird "Stadt der Wissenschaft"

Unter insgesamt 10 Bewerbern hat sich die Stadt Braunschweig bei dem Wettbewerb des Stifterverbandes für die Deutsche Wissenschaft durchgesetzt: Sie erhält für das Jahr 2007 den begehrten Titel "Stadt der Wissenschaft". Der Vorsitzende des Stifterverbandes, Dr. Arend Oetker, überreiche am 28. März 2006 den Vertretern des siegreichen Teams die Siegerurkunde. Mit der Auszeichnung ist eine Förderung in Höhe von bis zu 250.000 Euro verbunden.

Die Jury hob in ihrer Begründung hervor, dass sich die Braunschweiger Bewerbung durch Originalität und Verständlichkeit auszeichne. Die Stadt hatte sich mit dem Motto "Ideenküche Braunschweig" beworben. "Man konnte der Braunschweiger Bewerbung anmerken, dass die ganze Region im Aufbruch ist", zeigte sich der Vorsitzende der Jury, Dr. Andreas Schlüter, beeindruckt.

Die Region Braunschweig zeichnet sich durch eine außergewöhnliche Dichte an Forschungseinrichtungen aus, die stark miteinander vernetzt sind. Unter den mehr als 20 beteiligten Institutionen befinden sich auch zwei Einrichtungen aus dem Geschäftsbereich des BMELV, die Bundesforschungsanstalt für Landwirtschaft (FAL) und die Biologische Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft (BBA). Mit der



Physikalisch-Technischen Bundesanstalt (PTB) ist eine dritte große Ressortforschungseinrichtung mit im Boot.

Wichtige Bewertungskriterien für die Jury waren unter anderem Kooperationen zwischen Hochschulen und außeruniversitären Forschungseinrichtungen sowie die Zusammenarbeit zwischen Wirtschaft und Wissenschaft. "Auch wir freuen uns, dass die Rezepte, die mit der Ideenküche geliefert wurden, überzeugen konnten", sagte der Präsident der FAL, Prof. Hans-Joachim Weigel. "Bürger und Besucher der Stadt können einem spannenden und abwechslungsreichen Programm entgegensehen, das Appetit macht auf die wissenschaftlichen Spezialitäten der Region." (Senat)



Bundesforschungsanstalt für Ernährung und Lebensmittel

Neue Qualitätsstandards für Rapsöl

Workshop zur dezentralen Speiseölgewinnung

Bereits zum dritten Mal führte das Institut für Lipidforschung der Bundesforschungsanstalt für Ernährung und Lebensmittel (BfEL) gemeinsam mit dem Technologieund Förderzentrum des Kompetenzzentrums für nachwachsende Rohstoffe einen Workshop zur dezentralen Speiseölgewinnung durch. Dazu kamen am 16. März 2005 mehr als 50 Betreiber von dezentralen Ölmühlen und Fachleute angrenzender Bereiche nach Straubing. Ziel der Veranstaltung war es, neu erarbeitete Qualitätsmerkmale von kaltgepresstem Rapsspeiseöl vorzustellen und über die daraus abgeleiteten Qualitätsstandards zu diskutieren.

Ein zentraler Punkt dieses Standards ist die sensorische Beurteilung der Öle, da sich die nativen, kaltgepressten Öle gegenüber den raffinierten Ölen durch ihren charakteristischen Geschmack und Geruch auszeichnen. Regelmäßige Untersuchungen kaltgepresster Rapsspeiseöle aus dem Handel durch das Institut für Lipidforschung zeigen, dass neben hervorragenden Qualitäten auch Produkte mit deutlich abweichenden sensorischen Merkmalen zu finden sind. Daher wurde die Definition eines Qualitätsstandards von den Teilnehmern des Workshops einhellig begrüßt. Es

bestand Konsens darin, dass nur eine verlässliche Qualität des Produktes vom Verbraucher honoriert wird und somit die Basis für kontinuierliches Wachstum bietet.

Offen ist bislang die Frage, wie sich die Lagerung von Rapssaat nach der Ernte bis zur Verarbeitung auf die sensorische Qualität der nativen Öle auswirkt. Hier wurde von den Teilnehmern dringender Forschungsbedarf gesehen.

Die sensorische Beurteilung kaltgepresster Öle ist für viele Betreiber kleiner dezentraler Ölmühlen eine Herausforderung. Um die Hersteller in ihrer Arbeit zu unterstützen wurden die Möglichkeiten der instrumentellen Analytik vorgestellt. Das Institut für Lipidforschung informierte über seine Arbeiten zur sensorischen Bewertung der Öle mit einer elektronischen Nase und bot im Anschluss an den Workshop ein Seminar an, in dem die Interessenten lernten, das Aroma von kaltgepresstem Rapsspeiseöl und mögliche Geschmacksfehler sensorisch zu bewerten.

(BfEL)

Biologische Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft

Was tun gegen "Zombie-Möhren"?

Fachgespräch zu pflanzenparasitären Nematoden im Ökolandbau

Beim Anblick von gedrungenen, "mehrbeinigen", mit Pusteln übersäten Möhren blutet jedem Landwirt das Herz. Auch

wenn sie für den Verbraucher gesundheitlich nicht gefährlich sind – solche "Zombies" lassen sich nicht vermarkten. Schuld an dem deformierten Gemüse sind winzige Fadenwürmer (Nematoden) im Boden. Welche Möglichkeiten der Abwehr es gibt, war am 7. Februar 2006 Thema des Fachgesprächs "Pflanzenparasitäre Nematoden im Ökolandbau" am Institut für Nematologie und Wirbeltierkunde der Biologischen Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft (BBA) in Münster.

Im Ökolandbau wird seit einigen Jahren zunehmend über Schäden durch verschiedene, nicht auf eine Pflanzenart spezialisierte Fadenwürmer berichtet. So befällt der Nördliche Wurzelgallennematode (Meloidogyne hapla) über 550 verschiedene Pflanzen, darunter Salat, alle Wurzelgemüse, Kräuter, Kartoffeln, Klee, Lupine. Er attackiert die Wurzeln der jungen Pflanzen und löst die Bildung eines spezifischen Nährgewebes (Riesenzellen) aus, in deren Folge die Wurzel zu einer Galle anschwillt. "Die im Ökolandbau üblichen Fruchtfolgen mit kurzen Brachezeiten, die Gründüngung mit Leguminosen und Kleeuntersaaten, aber auch eine unzureichende Unkrautbekämpfung öffnen den Vielfraßen Tür und Tor", sagt Dr. Johannes Hallmann von der BBA. "Unter diesen Bedingungen finden gerade die unspezifischen Nematoden immer etwas zu fressen". Hinzu kommt, dass der Nematodenbefall meist zu spät erkannt wird, weil die Symptome unspezifisch sind. Erst wenn alle sonstigen

Schadbild des Nördlichen Wurzelgallennematoden an Möhren

Krankheitserreger ausgeschlossen wurden, denkt man an die weniger als einen Millimeter großen Würmer. Dann heißt die absolute Notlösung oft Schwarzbrache, damit die Fadenwürmer keine Nahrung mehr finden und aushungern. "Das ist gerade für den Ökolandwirt ein Desaster", kommentiert Hallmann, "da dadurch auch das Bodenleben insgesamt gestört wird".

"Damit die Fadenwurmpopulation eine bestimme Anzahl nicht überschreitet, muss der Landwirt seine Nematoden regelrecht managen", sagt der BBA-Experte, der in Feldversuchen analysiert hat, wie sich bei verschiedenen Fruchtfolgen die Besatzdichten der verschiedenen Fadenwurmarten verändern. Fadenwurm-Management bedeutet, vorbeugend und langfristig zu handeln: Der Landwirt baut weniger empfindliche Kulturen an oder steigt von Gemüse auf Getreide um, intensiviert die Unkrautbekämpfung und plant Brachezeiten bewusst ein. Leider ist es oft der Markt mit seinen kurzfristigen Wünschen, der diesem Management entgegensteht. Landwirten, die bereits mit Nematodenbefall zu kämpfen hatten, sollten zusätzlich zu den Management-Maßnahmen regelmäßig alle zwei bis drei Jahre Bodenproben beim zuständigen Pflanzenschutzdienst untersuchen zu lassen, um eine erneute Vermehrung der Fadenwürmer rechtzeitig festzustellen. Zugelassene biologische Mittel gegen die Fadenwürmer gibt es in Deutschland nicht.

Leibniz-Institut für Agrarentwicklung in Mittel- und Osteuropa

Wie viele Schweine braucht das Land?

Perspektiven der Veredlungswirtschaft in den neuen Bundesländern

Unter der provokanten Frage "Wie viele Schweine braucht das Land?" diskutierten am 26. Januar 2006 über 100 Teilnehmer aus Wirtschaft, Politik und Wissenschaft am Leibniz-Institut für Agrarentwicklung in Mittel- und Osteuropa (IAMO) in Halle die Perspektiven der Veredlungswirtschaft in den neuen Bundesländern. Aktueller Ausgangspunkt war die Kontroverse um

laufende Genehmigungsverfahren von Schweinemastanlagen mit mehr als 30.000 Plätzen in Sachsen-Anhalt.

Staatssekretär Dr. Hermann Onko Aeikens vom Agrarministerium des Landes Sachsen-Anhalt begrüßte die Teilnehmer mit dem Statement "Mehr Schweine braucht das Land". Er begründete die aktuelle Veredlungsinitiative des Landes damit, dass die günstigen Standortvoraussetzungen es erlauben, sowohl mit der Veredlungswirtschaft Arbeitsplätze zu schaffen als auch der großen Abhängigkeit der heimischen Landwirtschaft von EU-Subventionen entgegenzuwirken.



Nach Prof. Hans Wilhelm Windhorst (ISPA, Hochschule Vechta) ist Deutschland zwar eines der größten Erzeugerländer für Schweinefleisch, jedoch einer zunehmenden Konkurrenz von Ländern wie den USA, Kanada, China oder Brasilien ausgesetzt. Charakteristisch für die Produktion in den USA sind agrarindustrielle Unternehmen mit geschlossenen Produktionssystemen - mehr als 50% der Mastschweine werden dort in Betrieben mit über 5.000 Mastplätzen gehalten. Die Schweinehaltung in Deutschland hingegen weist deutliche strukturelle Defizite auf; so liegen die durchschnittlichen Bestandgrößen im Mittel weit unter denen der wichtigsten Konkurrenten.

Prof. Alfons Balmann (IAMO) zufolge liegen in den neuen Bundesländern wesentliche Hemmschuhe der Veredlungswirtschaft im Management und in der erforderlichen Finanzierung standortangepasster Anlagen. Managementdefizite seien dafür verantwortlich, dass selbst bei größeren Unternehmen in der Ferkelerzeu-

gung Gewinnunterschiede in einer Grö-Benordnung von fast 400 Euro je Sau und Jahr bestehen und in der Schweinemast von über 20 Euro je erzeugtes Mastschwein. Der erforderliche Finanzbedarf von mindestens einer Million Euro für eine Anlage ab etwa 3.000 Mastplätzen oder 500 Sauen könne in den neuen Bundesländern aufgrund des geringen Eigenkapitals und der laufenden Bodenkäufe nur von den wenigsten Unternehmen aufgebracht werden. Dringend erforderlich seien daher externe Investoren oder neue Finanzierungskonzepte.

In der sich anschließenden Podiumsdiskussion diskutierten Vertreter der Landwirtschaft, des Tier- und Umweltschutzes, der Investoren und der fleischverarbeitenden Industrie. Neben Bedenken von Seiten des BUND und ABL bezüglich des Umweltund Tierschutzes sowie agrarstruktureller Folgen von Großanlagen wurden auch Fragen wie Marktsegmentierung und verändertes Verbraucherverhalten diskutiert. Dass dieses Thema weiterer intensiver Diskussion bedarf, zeigt sich bei der Beantwortung der eingangs gestellten Frage, die von "mehr Schweine" bis hin zu "kein weiteres industriell erzeugtes Schwein" reichte. (IAMO)

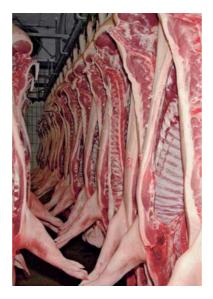
Senat der Bundesforschungsanstalten

Neue Ergebnisse zum Ökolandbau

Die Senatsarbeitsgruppe "Ökologischer Landbau" hat am 2. März 2006 in der Bundesforschungsanstalt für Landwirtschaft (FAL) in Braunschweig das vierte Statusseminar "Ressortforschung für den Ökolandbau" veranstaltet. Sechs Bundesforschungsanstalten und sechs Leibniz-Institute präsentierten ihre neuesten Ergeb-

Einmalig ist der interdisziplinäre Charakter der Veranstaltung, auf der über pflanzenbauliche, tierhalterische und ökonomische Forschungsergebnisse berichtet wurde

Die Bedeutung des Ökolandbaus in Deutschland nimmt zu: Die Biomärkte sind in den letzten Jahren weit über dem Ni-



veau anderer Lebensmittel gewachsen. Allein von 2004 auf 2005 hat der Umsatz um 15 Prozent auf rund 4 Mrd. Euro zugelegt. Deutschland ist damit der größte Markt in Europa. Der Ökolandbau steht auch wegen seiner zunehmenden Bedeutung vor Herausforderungen. Die Qualität der Produkte, die Verbesserung der Produktionsmethoden und nicht zuletzt die Wirtschaftlichkeit entscheiden über die Zukunft des Ökolandbaus. Hier kann die Wissenschaft helfen.

Stefan Kühne von der Biologischen Bundesanstalt (BBA) zeigte, dass die Bekämpfung von Schädlingen, zum Beispiel im Raps, eine große Herausforderung für den Ökolandbau ist. Er forscht an natürlichen Bio-Pflanzenschutzmitteln wie Neem (Baumart in Asien) und Pyrethrum (Extrakt aus der Chrysantheme), die dem Ökobauern helfen können, seine Erträge zu si-

Ulrich Darsow von der Bundesforschungsanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen (BAZ) konnte zeigen, dass die Zucht dazu beitragen kann, Kartoffeln widerstandsfähiger gegen die Kraut- und Knollenfäule zu machen, ohne dass dabei die Qualität beeinträchtigt wird.

Der zentrale Problembereich im Ökolandbau bleibt die Tiergesundheit. Matthias Moje von der Bundesforschungsanstalt für Ernährung und Lebensmittel (BfEL) aus Kulmbach hat die Schlachtkörper von Schweinen und Rindern aus ökologischer und konventioneller Haltung auf Krankheiten untersucht. Die ökologisch gehaltenen Tiere zeigten mehr Leberschäden als konventionelle Tiere. Ursache sind in der Regel Parasiten. Dagegen hatten Ökoschweine und Ökorinder deutlich weniger Schäden an Gelenken und der Haut, was auf die tiergerechte Haltung zurückzufüh-

Hiltrud Nieberg von der Bundesforschungsanstalt für Landwirtschaft (FAL) stellte eine Studie zum Ökolandbau in Mittel- und Osteuropa vor. Die mit dem EU-Beitritt deutlich erhöhten Prämien haben zu einer gewaltigen Ausdehnung des Ökolandbaus geführt. Besonders Ungarn und Tschechien springen auf den Ökozug auf. Deutsche Ökobauern sollten aber keine Ängste haben, da Qualität und Quantität der Produktion nicht das deutsche Niveau erreichen. Auch bilden sich in diesen Ländern einheimische Biomärkte, die zum Teil durch deutsche Biovermarkter beliefert werden. Der Ökolandbau in Deutschland darf sich allerdings nicht auf seinem hohen Niveau ausruhen.

Rund 90 Personen aus 40 verschiedenen Forschungseinrichtungen, der Praxis und der Beratung waren der Einladung zum Seminar gefolgt. Das nächste Statusseminar "Ressortforschung für den Ökolandbau" wird am 1. März 2007 in der BfEL in Detmold stattfinden. (Senat)

IMPRESSUM

Ernährung – Landwirtschaft -Verbraucherschutz 1/2006 (Heft 33)

Senat der Bundesforschungs anstalten im Geschäftsbereich des Bundesministeriums für Ernährung, Landwirtschaft

und Verbraucherschutz

Dr. Michael Welling Geschäftsstelle des Senats

der Bundesforschungs-

anstalten c/o Bundesforschungsanstalt für Landwirtschaft (FAL). Bundesalle 50. 38116 Braunschweig Tel.: 0531 / 596-1016 Fax: 0531 / 596-1099 E-Mail: michael.welling@fal.de

Dr. Stefan Kühne, Klein-Claudia Sigl, Braunschweig

ntion. Satz und Druck:

AgroConcept GmbH Clemens-August-Str. 12-14 53115 Bonn Tel.: 0228 / 969426-0 Fax: 0228 / 630311

http://www.bmelv-forschung.de

Sofern nicht bei den Bildern angegeben liegen die Rechte bei den Autoren, den Forschungsanstalten oder bei AgroConcept.

Der ForschungsReport

erscheint zweimal jährlich

Nachdruck, auch auszugsweise, mit Quellenangabe zulässig (Belegexemplar erbeten)

Möchten Sie den Forschungs-Report kostenlos abonniero Dann wenden Sie sich einfach an die Redaktion

ISSN 0931-2277

Druck auf Papier mit Recyclinganteil



Das Bundesministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz (BMELV) unterhält einen Forschungsbereich, der wissenschaftliche Grundlagen als Entscheidungshilfen für die Ernährungs-, Landwirtschafts- und Verbraucherschutzpolitik der Bundesregierung

erarbeitet und damit zugleich die Erkenntnisse auf diesen Gebieten zum Nutzen des Gemeinwohls erweitert (www.bmelv.de, Rochusstr. 1, 53123 Bonn, Tel.: 0228/529-0). Dieser Forschungsbereich wird von sieben Bundesforschungsanstalten, der Zentralstelle für Agrardokumentation und -information (ZADI) sowie dem Bundesinstitut für Risikobewertung (BfR) gebildet und hat folgende Aufgaben:

Bundesforschungsanstalt für Landwirtschaft (FAL):

Forschung auf dem Gebiet der Landbauwissenschaften und verwandter Wissenschaften schwerpunktmäßig zu naturwissenschaftlichen, technischen, ökonomischen und sozialen Fragen der umweltschonenden Erzeugung hochwertiger Nahrungsmittel und Rohstoffe, des Schutzes und der Haltung landwirtschaftlicher Nutztiere, des Ökolandbaus, der Wettbewerbsfähigkeit der Agrarproduktion, der Agrarmärkte, der Erhaltung natürlicher Ressourcen und der Pflege der Kulturlandschaft sowie der Entwicklung ländlicher Räume (Bundesallee 50, 38116 Braunschweig, Tel.: 0531/596-0, www.fal.de).

Biologische Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft (BBA):

Eine selbstständige Bundesoberbehörde und Bundesforschungsanstalt mit im Pflanzenschutz- und Gentechnik festgelegten Aufgaben. Beratung der Bundesregierung und Forschung auf dem Gesamtgebiet des Pflanzen- und Vorratsschutzes; wissenschaftliche Bewertung von Pflanzenschutzmitteln und Mitwirkung bei deren Zulassung; Eintragung und Prüfung von Pflanzenschutzgeräten; Beteiligung bei pflanzengesundheitlichen Regelungen für Deutschland und die EU; Mitwirkung bei der Genehmigung zur Freisetzung und zum Inverkehrbringen gentechnisch veränderter Organismen (Messeweg 11/12, 38104 Braunschweig, Tel.: 0531/299-5, www.bba.de).

Bundesanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen (BAZ):

Forschung auf dem Gebiet der Pflanzenzüchtung und angrenzender Gebiete. Beratung der Bundesregierung insbesondere zu den Schwerpunkten Genetische Ressourcen, Erweiterung des Kulturartenspektrums, Erhöhung der Widerstandsfähigkeit von Kulturpflanzen sowie Verbesserung wichtiger Eigenschaften und Inhaltsstoffe. Die Arbeiten der BAZ schaffen Grundlagen zur Erzeugung hochwertiger Agrarprodukte, zur Ressourcenschonung und zur Entlastung der Umwelt durch die Verringerung des Pflanzenschutzmittelaufwandes (Neuer Weg 22/23, 06484 Quedlinburg, Tel.: 03946/47-0, www.bafz.de).

Friedrich-Loeffler-Institut, Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit (FLI):

Eine selbstständige Bundesoberbehörde und Bundesforschungsanstalt mit im Tierseuchengesetz und Gentechnikgesetz festgelegten Aufgaben. Erforschung und Erarbeitung von Grundlagen für die Bekämpfung von Tierseuchen sowie weiterer wichtiger viraler, bakterieller und parasitärer Infektionen von Nutztieren (Boddenblick 5a, 17493 Greifswald Insel Riems, Tel.: 038351/7-0 (www.fli.bund.de).

Bundesforschungsanstalt für Forst- und Holzwirtschaft (BFH):

Wissenschaftliche Untersuchungen zur Erhaltung und nachhaltigen Nutzung des Waldes, zur Erweiterung der Einsatzbereiche des erneuerbaren Rohstoffes Holz sowie zur Verbesserung der Produkteigenschaften und der Prozessqualität (Leuschnerstr. 91, 21031 Hamburg, 040/73962-0, www.bfafh.de).

Bundesforschungsanstalt für Fischerei (BFAFi):

Erarbeitung der wissenschaftlichen Grundlagen für die Wahrnehmung deutscher Verpflichtungen und Interessen in der Gemeinsamen Europäischen Fischereipolitik, in den internationalen Meeresnutzungs- und Schutzabkommen sowie im Lebensmittelrecht (Palmaille 9, 22767 Hamburg, Tel.: 040/38905-0, www.bfa-fisch.de).

Bundesforschungsanstalt für Ernährung und Lebensmittel (BfEL):

Im Rahmen des vorbeugenden gesundheitlichen Verbraucherschutzes Erarbeitung wissenschaftlicher Grundlagen einer gesunden und gesunderhaltenden Ernährung mit hygienisch einwandfreien und qualitativ hochwertigen Lebensmitteln pflanzlichen und tierischen Ursprungs sowie Untersuchung soziologischer und ökonomischer Aspekte der Ernährung und des Ernährungsverhaltens (Haid-und-Neu-Str. 9, 76131 Karlsruhe, Tel.: 0721/6625-0, www.bfel.de).

Zentralstelle für Agrardokumentation und -information (ZADI):

Wissens- und Technologietransfereinrichtung für das BMELV und den Geschäftsbereich. Aufbereitung und Darstellung fachspezifischer Informationen im Internet, Erstellung und Betriebsführung von Internetportalen und Fachdatenbanken, nationale und internationale Koordinierungsaufgaben in der Agrarinformatik, Geschäftsführung Fachinformationssystem Ernährung, Land- und Forstwirtschaft (FIS-ELF) (Villichgasse 17, 53177 Bonn, Tel.: 0228/9548-0, www.zadi.de)

Bundesinstitut für Risikobewertung (BfR):

Eine bundesunmittelbare rechtsfähige Anstalt des öffentlichen Rechts, deren Hauptaufgaben in der Bewertung bestehender und dem Aufspüren neuer gesundheitlicher Risiken, der Erarbeitung von Empfehlungen für die Risikobegrenzung und der Kommunikation über alle Schritte der Risikoanalyse liegen. Forschung wird auf diesen Feldern auch im Bereich der Risikokommunikation durchgeführt. Schwerpunkte sind dabei biologische und chemische Risiken in Lebens- und Futtermitteln sowie Risiken, die durch Stoffe und Produkte hervorgerufen werden können. Daneben werden Ersatzmethoden für Tierversuche für den Einsatz in der Toxikologie entwickelt (Thielallee 88, 14195 Berlin, Tel.: 01888/412-0, www.bfr.bund.de).

Forschungseinrichtungen der Leibniz-Gemeinschaft (WGL)

Darüber hinaus sind sechs Forschungseinrichtungen der Wissenschaftsgemeinschaft G. W. Leibniz (WGL) dem Geschäftsbereich des BMELV zugeordnet: Deutsche Forschungsanstalt für Lebensmittelchemie (DFA) (Lichtenbergstr. 4, 85748 Garching, Tel.: 089/28914170, dfa.leb.chemie.tu-muenchen.de); Leibniz-Institut für Agrartechnik Bornim e.V. (ATB), (Max-Eyth-Allee 100, 14469 Potsdam-Bornim, Tel.: 0331/5699-0, www.atb-potsdam.de); Institut für Gemüse- und Zierpflanzenbau Großbeeren/Erfurt e. V. (IGZ) (Theodor-Echtermeyer-Weg 1, 14979 Großbeeren, Tel.: 033701/78-0, www.igzev.de); Leibniz-Zentrum für Agrarlandschaftsforschung (ZALF) e.V. (Eberswalder Str. 84, 15374 Müncheberg, Tel.: 033432/82-0, www.zalf.de); Forschungsinstitut für die Biologie landwirtschaftlicher Nutztiere (FBN) (Wilhelm-Stahl-Allee 2, 18196 Dummerstorf, Tel.: 038208/68-5, www.fbn-dummerstorf.de): Institut für Agrarentwicklung in Mittel- und Osteuropa (IAMO) (Theodor-Lieser-Straße 2, 06120 Halle/S., Tel.: 0345/5008-111, www.iamo.de).

Anstaltsübergreifende wissenschaftliche Aktivitäten des Forschungsbereiches werden durch den Senat der Bundesforschungsanstalten koordiniert, dem die Leiter der Bundesforschungsanstalten, der ZADI und des BfR sowie fünf zusätzlich aus dem Forschungsbereich gewählte Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler angehören. Der Senat wird von einem auf zwei Jahre gewählten Präsidium geleitet, das die Geschäfte des Senats führt und den Forschungsbereich gegenüber anderen wissenschaftlichen Institutionen und dem BMELV vertritt (Geschäftsstelle des Senats der Bundesforschungsanstalten, c/o FAL, Bundesallee 50, 38116 Braunschweig, Tel.: 0531/596-1016, www.bmelv-forschung.de).

1/2006 FORSCHUNGSREPORT 55

