

TEST BIOTECH

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



Transgene Escape – Atlas der unkontrollierten Verbreitung gentechnisch veränderter Pflanzen

Ein Testbiotech Report

von Andreas Bauer-Pankus, Sylvia Hamberger, Christoph Then

Dieser Bericht wurde mit Mitteln der
Gregor Louisoder Umweltstiftung finanziert.



Transgene Escape
Atlas der unkontrollierten Verbreitung gentechnisch veränderter Pflanzen

Ein Testbiotech Report von Andreas Bauer-Panskus, Sylvia Hamberger, Christoph Then
November 2013

Diese Studie wurde mit Unterstützung der Louisoder Umweltstiftung durchgeführt.

Wir danken Dr. Broder Breckling von der Universität Bremen für seine Anregungen.

Layout & Titelgrafik: Claudia Radig-Willy
unter Verwendung eines Fotos von IStock

Impressum

Testbiotech

Institut für unabhängige Folgenabschätzung in der Biotechnologie

Frohschammerstr. 14

D-80807 München

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

Fax: +49 (0) 89 359 66 22

info@testbiotech.org

www.testbiotech.org

Geschäftsführer: Dr. Christoph Then

Inhaltsverzeichnis

Zusammenfassung	4
1. Einleitung	5
2. Einflussfaktoren bei der Ausbreitung gentechnisch veränderter Pflanzen	6
Ausbreitungspotenzial von Nutzpflanzen	6
Ausbreitung in Ursprungsregionen und Genfluss in verwandte Arten	7
Einfluss des Klimawandels	8
3. Einfluss gentechnischer Eigenschaften	9
Herbizidtolerante Pflanzen	9
Bt – Pflanzen	9
Stressresistente Pflanzen und andere Eigenschaften	10
4. Fallstudien	10
4.1 Fallstudie: Weißes Straußgras (<i>Agrostis stolonifera</i>)	10
Im Steckbrief: Weißes Straußgras (<i>Agrostis stolonifera</i> L.)	13
4.2 Fallstudie: Transgene Baumwolle in Mexiko	15
Im Steckbrief: Baumwolle (<i>Gossypium hirsutum</i>)	17
4.3 Fallstudie: Transgener Mais in Mexiko	18
4.4 Fallstudie: Transgener Raps in Kanada	22
4.5 Fallstudie: Transgener Raps in den USA	23
4.6 Fallstudie: Transgener Raps in Japan	25
4.7 Fallstudie: Transgener Raps in Australien	26
4.8 Fallstudie: Transgener Raps in der EU	26
4.9 Fallstudie: Transgener Raps in der Schweiz	29
Im Steckbrief: Raps (<i>Brassica napus</i>)	30
4.10 Fallstudie: Transgene Pappeln in China	31
Im Steckbrief: Pappeln	33
4.11 Fallstudie: Bt-Reis in China	34
Im Steckbrief: Reis (<i>Oryza sativa</i>)	35
4.12 Weitere Fälle	37
5. Diskussion	38
Defizite in der Risikoforschung	40
Vergleich mit den Risiken invasiver Arten	40
Spezifische Risiken durch Gentechnik-Pflanzen	42
6. Vorsorge und Rückholbarkeit	44
7. Empfehlungen	46
Literaturverzeichnis	48

Zusammenfassung

Im Zentrum des vorliegenden „Atlas der unkontrollierten Verbreitung gentechnisch veränderter Pflanzen“ stehen Fallbeispiele, in denen genau diese Art der Verbreitung stattgefunden hat. Die Beispiele aus Nord- und Mittelamerika zeigen, dass insbesondere bei Arten wie Straußgras, Raps und Baumwolle davon auszugehen ist, dass den Transgenen der dauerhafte Sprung in die Umwelt in natürliche Pflanzenpopulationen gelungen ist. In naher Zukunft sind weitere Fälle bei Mais, Reis und Pappeln zu erwarten.

Neben Beispielen, bei denen der kommerzielle Anbau die Ursache für die unkontrollierte Verbreitung der Gentechnik-Pflanzen in der Umwelt ist, sind auch Fälle dokumentiert, bei denen Importe von Futtermitteln oder Freilandversuche der Ausgangspunkt für den Sprung in die Umwelt waren.

Die Ausbreitung transgener Pflanzen hängt von verschiedenen Faktoren ab: So weisen bestimmte Pflanzenarten, wie z. B. Gräser, ein erhebliches Verbreitungspotenzial auf. Zudem führt insbesondere die Präsenz verwandter Wildarten in den Herkunftszentren der Kulturpflanzen zu einem erhöhten Verbreitungsrisiko.

Vorhersagen darüber, welche gentechnisch veränderten Pflanzen sich langfristig in der Umwelt ausbreiten werden und welche Schäden dabei entstehen, sind nur begrenzt möglich. So können Umweltveränderungen wie z. B. der fortschreitende Klimawandel das invasive Potenzial von Pflanzen und deren Eigenschaften verstärken.

Die existierenden Modelle reichen offensichtlich nicht aus, um die tatsächliche Ausbreitungswahrscheinlichkeit verlässlich zu bewerten. Mit der Zulassung transgener Pflanzen mit Eigenschaften, die unter sich verändernden klimatischen Bedingungen eine erhöhte Fitness aufweisen sollen, entstehen zusätzliche Unsicherheiten.

Insgesamt ist die wissenschaftliche Erforschung der Ursachen und Folgen der unkontrollierten Ausbreitung transgener Pflanzen ungenügend. In einigen Staaten besteht eine deutliche Diskrepanz zwischen der politischen Förderung des Anbaus gentechnisch veränderter Pflanzen und dem weitgehenden Fehlen der Risikoerforschung einer unkontrollierten Ausbreitung.

Der Bericht enthält verschiedene Empfehlungen:

Um eine weitere unkontrollierte Ausbreitung von Transgenen zu minimieren, sollten in den betroffenen Regionen möglichst rasch Maßnahmen ergriffen werden. Um in Zukunft einer unkontrollierten Ausbreitung vorzubeugen, müssen die Gesetzgebung verschärft und das Vorsorgeprinzip gestärkt werden. Anträge auf Inverkehrbringung und Freisetzung gentechnisch veränderter Organismen sollten insbesondere dann nicht bewilligt werden, wenn die Rückholbarkeit der Organismen nicht gewährleistet ist.

1. Einleitung

Nach Angaben der Zeitschrift *Nature* wurden gentechnisch veränderte Pflanzen im Jahr 2012 weltweit auf einer Fläche von rund 170 Millionen Hektar angebaut (Gilbert, 2013). Dabei handelt es sich vor allem um den Anbau von gentechnisch veränderter Soja, Raps, Mais und Baumwolle. Diese Pflanzen weisen fast ausschließlich zwei Eigenschaften auf: Insektentoxizität und/oder Herbizidtoleranz.

Die Diskussion über die Ausbreitung und mögliche Persistenz gentechnisch veränderter Pflanzen in der Umwelt, die bereits zu Beginn der Gentechnikdebatte zentrale Bedeutung hatte (siehe z. B. Tomiuk et al., 1996), erfuhr erstmals große öffentliche Aufmerksamkeit, als im Jahr 2001 Wissenschaftler der Universität Berkeley die Präsenz von transgenem Mais selbst in entlegenen Regionen Südamerikas nachweisen konnten (Quist & Chapela, 2001). Zu diesem Zeitpunkt waren in diesen Regionen nicht einmal experimentelle Freisetzungen mit dieser Pflanze durchgeführt worden.

Dass gentechnisch veränderte Pflanzen sich auch über die Ackergrenzen hinweg ausbreiten, vor allem durch die Einkreuzung in wilde Verwandte, ist in der Wissenschaft unbestritten (siehe z. B. Marvier & Van Acker, 2005). In der Literatur existiert jedoch, abgesehen von wenigen Ausnahmen (wie Ellstrand, 2012), kein systematischer Überblick über die bisherigen Fälle. Auch die Risikoabschätzung für die langfristige Einwanderung von Transgenen in natürliche (naturnahe) Ökosysteme oder traditionelle Landwirtschaftssysteme ist nur wenig entwickelt.

Im Zentrum des vorliegenden Berichts stehen Fälle, in denen sich gentechnisch veränderte Pflanzen spontan jenseits der Ackergrenzen in Naturräumen oder Landwirtschaftssystemen verbreitet haben und bei denen es zumindest fraglich ist, ob sie im Bedarfs- oder Notfall zurückgeholt werden können. Einige der transgenen Pflanzen sind dabei bereits in verwandte Wildarten eingekreuzt. Insbesondere in diesen Fällen muss damit gerechnet werden, dass sie sich dauerhaft einer effektiven Kontrolle entziehen.

Parallel zu diesem Bericht wurde ein Rechtsgutachten in Auftrag gegeben, um zu prüfen, ob es rechtliche Handhaben oder gesetzlichen Handlungsbedarf gibt, die unkontrollierte Ausbreitung gentechnisch veränderter Organismen zu unterbinden (Krämer, 2013). Auf der Grundlage dieses Gutachtens wird gezeigt, dass es bei diesem Thema erheblichen Regelungsbedarf gibt.

2. Einflussfaktoren bei der Ausbreitung gentechnisch veränderter Pflanzen

In diesem Abschnitt wird zunächst ein Überblick über Faktoren und Mechanismen gegeben, die das Ausbreitungspotenzial von (gentechnisch veränderten) Pflanzen beeinflussen.

Ausbreitungspotenzial von Nutzpflanzen

Nutzpflanzen haben im Lauf ihrer Kultivierungsgeschichte häufig ihre Durchsetzungseigenschaften innerhalb der natürlichen Ökosysteme verloren und sind dadurch auf die Kultivierung durch die Landwirtschaft angewiesen. Je höher der Domestizierungsgrad einer Pflanze, desto geringer ist im Allgemeinen ihr Durchsetzungspotenzial. Dies gilt aber nicht für alle Pflanzenarten. Insbesondere jene, die zu den Süßgräsern (*Poaceae*) gehören, zeigen oft ein erhebliches Potenzial zur Verwildering. Dies lässt sich unter anderem an der Geschichte der Reiszüchtung erkennen: Nach aktuellen Forschungsergebnissen gelang es kultivierten Reispflanzen zu verwildern. Später wurden diese Pflanzen dann erneut domestiziert (Vigueira et al., 2013). Das hohe Ausbreitungspotenzial von Gräsern ist besonders im Fall von nachwachsenden Rohstoffen relevant, wo zunehmend Pflanzen zum Einsatz kommen, die einen geringen Kultivierungsgrad sowie invasive Eigenschaften aufweisen und leicht in wilde Verwandte auskreuzen können. Dazu zählen unter anderem Gräser wie Miscanthus (*Miscanthus × giganteus*) und Rutenhirse (Switchgrass – *Panicum virgatum* L.) (siehe z. B. Ecker et al., 2013; Lewis, 2013). Auch im Fall von Sorghum (*Sorghum sp.*), einer Hirse, die innerhalb der Gruppe der Gräser wilde Verwandte hat, ist dieses Problem relevant (Arriola & Ellstrand, 1996; Adugna & Bekele, 2013). Schließlich ist noch der sogenannte „Golden Rice“ zu bedenken, der auch in Regionen angebaut werden soll, in denen Wildreis wächst. Dabei ist zu erwarten, dass ein erheblicher Genaustausch stattfinden wird, der dazu führen kann, dass der Gentechnik-Reis sowohl in den Wildreis als auch in andere Reisfelder auskreuzt (Lu & Yang 2009, Chen et al., 2004).

Es sind auch mehrere Beispiele beschrieben, in denen Kulturpflanzen oder Hybriden zwischen Kultur- und Wildpflanzen eine überraschend höhere Fitness aufweisen als die wilden Ursprungsarten und invasive Eigenschaften entwickeln können. In einigen Fällen haben Kulturpflanzen oder deren Kreuzungen (Hybriden) die wilden Ursprungsarten sogar verdrängt: Laut Ellstrand (2003) wurde die wilde Kokosnuss mittlerweile vollständig durch ihre Kulturform verdrängt. In den USA entwickelte eine natürliche Hybride aus einer wilden (*Raphanus raphanistrum*) und einer kultivierten (*Raphanus sativus*) Rettichart invasive Eigenschaften. Die als kalifornischer Rettich bekannte Hybride besitzt Fitnessvorteile gegenüber beiden Ursprungsarten (Ridley & Ellstrand, 2009) und hat die Ursprungsarten innerhalb weniger Lebenszyklen komplett verdrängt (Hedge et al., 2006). Spontane Hybridisierung von Zuckerrüben und der Wilden Rübe (*Beta vulgaris* subsp. *maritima*) hat zur Entstehung eines Unkrauts geführt, das bereits Schäden in Milliardenhöhe in der europäischen Zuckerindustrie verursacht hat (Ellstrand, 2003).

Zu berücksichtigen sind auch Pflanzen mit mehrjährigem Vermehrungszyklus wie z.B. Bäume: oder, im Falle von Kulturpflanzen, Luzerne (engl. Alfalfa), die ein besonders hohes Potenzial für Verwildering und Persistenz in der Umwelt haben (Bagavathiannan et al., 2011, 2012). Gentechnisch veränderte, herbizidtolerante Luzerne ist in den USA zum kommerziellen Anbau zugelassen.¹ Gentechnisch veränderte Pappeln wachsen seit mehr als zehn Jahren in China (siehe z. B. Wang, 2004; Lu & Hu, 2011).

¹ <http://www.monsanto.com/newsviews/Pages/roundup-ready-alfalfa-supreme-court.aspx>

Ausbreitung in Ursprungsregionen und Genfluss in verwandte Arten

Als Zentren der biologischen Vielfalt oder Gen-Zentren werden Gebiete mit besonders großer genetischer Vielfalt bezeichnet. Hier liegen auch die Ursprungsregionen unserer Nutzpflanzen.



Abbildung 1

Die wilden Ursprungsarten unserer Kulturpflanzen sind wichtige genetische Ressourcen für die weitere Pflanzenzucht, wenn es beispielsweise um Zuchtziele wie Widerstandsfähigkeit gegen Klimawandel oder Krankheiten geht. Kommt es zur Ausbreitung von Transgenen in die wilden Ursprungsarten, kann dies die zukünftige Pflanzenzucht erheblich erschweren. Aber auch die Landwirtschaft in den Ursprungsregionen kann dauerhaft Schaden nehmen, falls eine Ausbreitung von Transgenen in die regionalen Sorten stattfindet.

Die gentechnischen Einkreuzungen, die Verbreitung und Überdauerung von transgenen Konstrukten in diesen Regionen wird von mehreren Faktoren begünstigt. Pflanzen sind an Umweltbedingungen angepasst und können sich meist mit wilden Verwandten kreuzen. Zudem existieren in diesen Regionen landwirtschaftlich-informelle Systeme für den Saatgutaustausch, durch die es zur unbeabsichtigten Weitergabe von verunreinigtem Saatgut kommen kann. Zudem fehlen fast immer rechtliche, organisatorische und finanzielle Voraussetzungen für eine Überwachung der Ausbreitung gentechnisch veränderter Pflanzen.

Das Vorkommen gentechnisch veränderter Pflanzen ist bereits in verschiedenen Zentren der Vielfalt dokumentiert. Nicht immer ist die Ursache dafür eindeutig identifiziert. Einige der bekannt gewordenen Fälle:

- › Bt-Mais in Mexiko,
- › Herbizidtolerante und Bt-Toxin produzierende Baumwolle in Mexiko,
- › Bt-Reis in China,
- › herbizidtoleranter Raps in europäischen Ländern,
- › Bt-Pappeln in China.

Die Wahrscheinlichkeit, dass sich transgene Konstrukte unkontrolliert in der Umwelt ausbreiten, ist im Fall von Genfluss in verwandte, aber nicht domestizierte Arten, generell deutlich erhöht. Wilde Ursprungsarten und kreuzbare Verwandte existieren, zumindest regional, bei allen relevanten Kulturpflanzen und nicht nur in den Zentren der biologischen Vielfalt. Der Bericht dokumentiert unter anderem folgende Fälle, bei denen eine Auskreuzung in wilde Verwandte nachgewiesen ist:

1. Zapiola & Mallory-Smith (2012) fanden transgene Hybriden, die sie als Kreuzungen der Wildart rabbitfoot grass (*Polypogon monspeliensis*) mit verwildertem transgenem Straußgras (*Agrostis stolonifera*) identifizierten;
2. transgene Baumwolle wurde in Mexiko im Jahr 2012 in Wildvorkommen von Baumwolle gefunden (Wegier et al., 2012);
3. in Japan wurden Hybriden aus transgenem Raps (*B. napus*) und *B. rapa* gefunden (Aono et al., 2011);
4. auch in Kanada konnte die Einkreuzung von gentechnisch verändertem Raps (*B. napus*) in die verwandte Art *Brassica rapa* nachgewiesen werden (Warwick et al., 2008; Simard et al., 2006).

Einfluss des Klimawandels

Der Klimawandel wird nach Aussagen vieler Wissenschaftler zu erheblichen Veränderungen in Fauna und Flora führen. So wird unter anderem prognostiziert, dass sich Pflanzen (und Tiere) mit invasiven Eigenschaften massiv ausbreiten könnten. Clements & Ditommaso (2011) gehen angesichts des Klimawandels von einem „exponentiellen Populationswachstum“ von invasiven Pflanzenspezies aus. Parepa, Fischer & Bossdorf (2013) zeigen, dass eine Zunahme von Umweltvariabilität (wie Schwankungen der Nährstoffversorgung) die Invasivität exotischer Pflanzen begünstigen kann. Durch den globalen Klimawandel nehmen Umweltschwankungen und Extremereignisse – wie Hochwasser oder lange Dürreperioden – bereits weltweit zu.

Hier ergeben sich auch neue Fragen im Hinblick auf das Ausbreitungspotenzial von gentechnisch veränderten Pflanzen. Unter den Bedingungen des Klimawandels könnten Pflanzen mit gentechnischen Eigenschaften wie Dürretoleranz einen erhöhten Fitnessvorteil erlangen. Auch können sich genetische Instabilitäten im Genom zeigen, die zu einem Fitnessvorteil führen und unter bisherigen Umweltbedingungen nicht zutage getreten sind.

Eine Publikation aus den Niederlanden, in der mögliche Auswirkungen von Klimaänderungen auf verschiedene Kulturpflanzen betrachtet werden, kommt beispielsweise zu dem Ergebnis, dass bei gestiegenen Temperaturen mit erhöhtem Vorkommen von Durchwuchskartoffeln und -zuckerrüben gerechnet werden muss (van de Wiel et al., 2011).

3. Einfluss gentechnischer Eigenschaften

Die Invasivität und die Persistenz gentechnisch veränderter Pflanzen also nicht nur von ihren genetischen Eigenschaften, sondern auch von spezifischen Umwelteinflüssen ab.

Herbizidtolerante Pflanzen

Gentechnisch induzierte Herbizidtoleranz gilt als überwiegend „neutrale“ Eigenschaft, die bei Einkreuzung in konventionelle Ausgangspflanzen zumindest keine Ertrags- und Finesseinbußen verursacht. So führt die Auskreuzung selbst mehrerer Herbizidtoleranzgene bei Rapspflanzen nicht zu verringerter Fitness gegenüber der konventionellen Ausgangssorte (Simard et al., 2005). Fitnessvorteile verschafft diese Eigenschaft, wenn entsprechende transgene Konstrukte in Ackerunkräuter auskreuzen bzw. die Kulturarten selbst Unkrauteigenschaften besitzen, wie zum Beispiel Zuckerrübe, Luzerne oder Raps. Raps hat darüber hinaus zahlreiche als Unkräuter auftretende Verwandte. Londo et al. (2010, 2011) konnten zeigen, dass Glyphosat-Drift sowohl zu Selektionsvorteilen für herbizidtoleranten Raps (z.B. in Ackerrandstreifen) führt als auch zu Fitnessvorteilen für Unkräuter, in die der gentechnisch veränderte Raps auskreuzt. Wang et al. (2013) zeigen dass unkrautartiger Reis, der mit herbizidresistentem Kulturreis gekreuzt wurde, eine höhere Fitness aufweisen kann, selbst wenn er nicht mit dem Komplementärherbizid behandelt wird. Entsprechende Hybride wurden größer und produzierten mehr Samen.

Bt – Pflanzen

Durch Bt-Gene induzierte Insektengiftigkeit wird als Fitnessvorteil diskutiert. So zeigte Bt-Raps in Versuchen unter Schädlingsdruck erhöhte Fitness (Mason et al., 2003). Fitnessvorteile durch Bt-Toxine weisen auch zahlreiche Studien nach, in denen die Effekte von Auskreuzungen gentechnisch veränderter Pflanzen in wilde Verwandte untersucht wurden. Siehe z.B. Zhang et al. (2012).

Fitnessvorteil von Hybriden zwischen gentechnisch veränderten Bt-Pflanzen und Wildarten wurden erstmals von Snow et al. (2003) am Beispiel von Bt-Sonnenblumen nachgewiesen. Unter kontrollierten Bedingungen zeigten auch Bt-Pappelhybriden (*Populus tremula* × *Populus tremuloides*) bei Schädlingsdruck Fitnessvorteile gegenüber dem Wildtyp (Hjältén et al., 2012).

Auch verwandte Wildarten wie *Brassica rapa* und *Raphanus sativus* erhalten vermutlich Fitnessvorteile durch die Einkreuzung von Bt-Transgenen (Letourneau & Hacker, 2012).

Bereits in einer früheren Studie konnte gezeigt werden, dass *Brassica rapa* mit Einkreuzungen von Bt-Raps bei Insektenbefall u. a. 1,4 mal mehr Samen als die Wildpflanzen erzeugte (Vacher et al., 2004). Auch ein Modell von Meier et al. (2013) geht für den Fall einer Auskreuzung von Bt-Genen aus Raps-

pflanzen in die Wildart *Raphanus raphanistrum* von erhöhter Fitness der Wildpflanzen aus, da diese bei Insektenbefall höhere Überlebenschancen haben.

Stressresistente Pflanzen und andere Eigenschaften

Die Entwicklung von gentechnisch veränderten Pflanzen, die mit extremen Stressfaktoren wie Dürre oder starkem Salzgehalt im Boden besser zurechtkommen sollen, wird vonseiten der Industrie seit einigen Jahren verfolgt. Einige Produkte befinden sich bereits in einem fortgeschrittenen Entwicklungsstadium bzw. sind schon auf dem Markt. So wurde im Mittleren Westen der USA im Jahr 2013 eine neue Maislinie des Monsanto-Konzerns mit erhöhter Trockentoleranz zum Anbau freigegeben.² Ebenfalls in den USA befinden sich gentechnisch veränderte, frosttolerante Eukalyptusbäume im Zulassungsverfahren.³ Solche Stressresistenzen können die Fitness der entsprechenden gentechnisch veränderten Pflanzen sowie bei Einkreuzung auch die von verwandten Wildarten erhöhen (Mercer et al., 2007; Beckie et al., 2010). Auch weitere Eigenschaften gentechnisch veränderter Pflanzen können eine verbesserte Durchsetzungsfähigkeit der entsprechenden Pflanzen verursachen: Laut Claessen et al. (2005) führen zum Beispiel Transgene für modifizierten Ölgehalt (z. B. höherer Gehalt an Stereol oder Laurat) zu Fitnessvorteilen bei Raps.

4. Fallstudien

Nachfolgend werden Fälle dokumentiert, bei denen es bereits zu einer unkontrollierten Ausbreitung in der Umwelt gekommen ist oder eine erhöhte Wahrscheinlichkeit dafür besteht, dass dies in naher Zukunft passieren wird.

4.1 Fallstudie: Weißes Straußgras (*Agrostis stolonifera*)

Staat: USA

Pflanze: Weißes Straußgras (*Agrostis stolonifera*)

Art der Verbreitung: Auskreuzung in wilde Vorkommen, Auskreuzung in wilde Verwandte

Region: Oregon, Idaho

Eigenschaft der gefundenen Transgene: Herbizidtoleranz

Gene: cp4epsp

Beschreibung:

Ab dem Jahr 2002 führte die Firma Scotts in Zentral-Oregon (in der Nähe der Stadt Madras) auf einer Fläche von 160 ha Freisetzungversuche mit gentechnisch verändertem Weißem Straußgras (*Agrostis stolonifera*) durch. Bereits im Jahr 2004 stand fest, dass Pollen des transgenen Straußgrases, das eine gentechnisch induzierte Toleranz gegenüber Totalherbiziden mit dem Wirkstoff Glyphosat trägt, sich



² <http://monsanto.mediaroom.com/2013-06-17-Monsantos-Drought-Tolerance-Trait-In-Genuity-DroughtGard-Hybrids-Receives-Final-Major-Import-Approval-From-China>

³ <https://federalregister.gov/a/2013-04519>

weit über die Versuchsfläche hinaus ausgebreitet hatte. Auskreuzungen in lokale Straußgrasvorkommen und die verwandte Wildart *Agrostis gigantea* wurden bis in eine Entfernung von 14 Kilometern festgestellt, in speziellen Markierungspflanzen gab es noch in 21 Kilometern Entfernung Auskreuzungsereignisse (Watrud et al., 2004). Ein Sturm sorgte im Folgejahr 2003 für eine weiträumige Verbreitung der transgenen Straußgras-Pollen. Versuche der Firma Scotts, alle transgenen Hybriden zu vernichten, scheiterten.

Im Jahr 2007 verhängte das US-Landwirtschaftsministerium (USDA) gegen Scotts wegen Nichteinhaltung von Auflagen eine Strafe in Höhe von 500.000 US-\$.⁴

In den Folgejahren fand sich im gesamten Untersuchungsgebiet transgenes Straußgras (Reichmann et al., 2006). Bei Tests an Bewässerungskanälen im Jahr 2006 fanden Zapiola et al. (2008) heraus, dass mehr als die Hälfte der untersuchten Pflanzen das cp4epsps-Gen enthielten, das die Toleranz gegenüber Glyphosat vermittelt. Die Verbreitung findet offenbar sowohl über pollenvermittelten Genfluss als auch über die Verbreitung der Samen statt. Transgenes Straußgras findet sich mittlerweile an Bewässerungskanälen, Gräben, an Straßenrändern, auf Grünlandflächen und Äckern.

Auch von einer zweiten, im Nachbarbundesstaat Idaho gelegenen Freisetzungsfäche aus verbreitete sich das transgene Straußgras (Mallory-Smith, 2011). Jahre nach der Freisetzung fanden sich gentechnisch veränderte Straußgraspflanzen sowohl in der in Idaho gelegenen Region Canyon County als auch in Malheur County im nahe gelegenen Oregon. Hauptgrund für die Verbreitung war offenbar die Verschleppung der Samen durch Transporte.



Abbildung 2

Laut einer aktuellen Studie haben sich mittlerweile sogar zwischenartige Hybriden mit verwandten Wildarten gebildet. Zapiola & Mallory-Smith (2012) fanden transgene Hybriden, die sie als Einkreuzungen der Wildart rabbitfoot grass (*Polypogon monspeliensis*) in verwildertes transgenes Straußgras identifizierten. Freisetzungen in den 1990er hatten bereits gezeigt, dass die transgene in verwandte Arten wie *A. canina*, *A. capillaris* oder *A. castellana* übertragen werden können (Wipff & Fricker, 2001).

Weißes Straußgras hat ein sehr hohes Verbreitungspotenzial. Die Pflanze ist mehrjährig und hat insbesondere im Norden der USA zahlreiche kreuzbare, wilde Verwandte, die teils Unkrauteigenschaften aufweisen. *A. stolonifera* ist ein Windbestäuber, der große Mengen an Pollen produziert. In 2 bis 3 Kilometern Entfernung von einem untersuchten Feld fanden sich bei Tests bis zu 100.000 Pollen pro m² (Pfender et al., 2007). Die Pollen sind zudem leicht und relativ langlebig. Als zusätzliches Problem erweist sich im vorliegenden Fall, dass Oregon das Hauptezeugungsgebiet für Saatgut von *A. stolonifera* ist. Rund 70 Prozent des in den USA verwendeten Straußgras-Saatguts wird in Oregon erzeugt.

4 <http://www.usda.gov/wps/portal/usda/usdahome?contentidonly=true&contentid=2007/11/0350.xml>



Abbildung 3 (aus Zapiola & Mallory-Smith mit freundlicher Genehmigung der Autoren): Transgene Hybridkreuzung (Mitte) zwischen transgenem Straußgras, *Agrostis stolonifera* (links) und nicht gentechnisch verändertem Bürstengras, *Polypogon monspeliensis* (rechts)

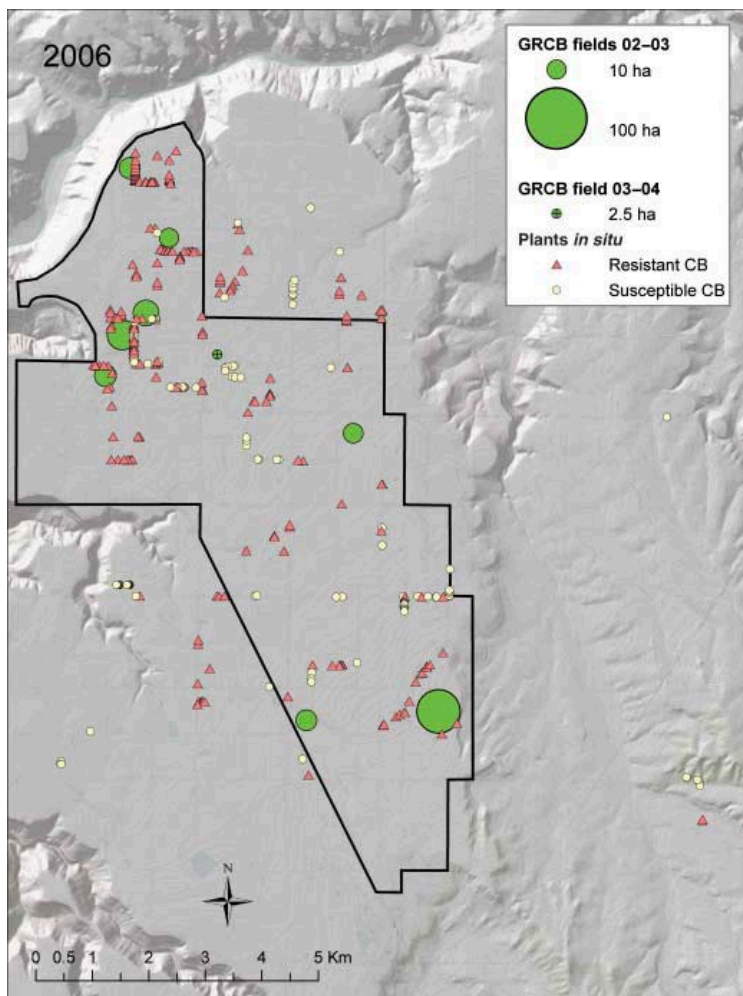


Abbildung 4 (aus: Zapiola, et al., 2008, mit freundlicher Genehmigung der Autoren): Ausbreitung von gentechnisch verändertem, glyphosatresistentem Straußgras (GRCB) um Versuchsfelder in Oregon, USA. Grüne Kreise: Versuchsfelder. Rötliche Dreiecke: Funde von glyphosatresistentem Bentgras, helle Kreise: Natives Bentgras

Im Steckbrief: Weißes Straußgras (*Agrostis stolonifera* L.)



Familie:

Agrostis, Süßgräser (*Poaceae*).

Vielfaltszentrum:

Stammt ursprünglich aus Europa, Asien und Nordafrika

Nutzformen:

Kulturformen finden Verwendung als Futtergras, als Haus- und Sportrasen, dort vor allem in Golfrasenmischungen.

Wichtige Anbauländer:

Das Weiße Straußgras ist auf der Nordhalbkugel von Europa bis nach Westasien und Nordamerika (USA: siehe <http://plants.usda.gov/java/profile?symbol=AGST>) sowie auf der Südhalbkugel verbreitet.

Art der Pollenverbreitung:

Wind (Zapiola & Mallory-Smith, 2012)

Art der Verbreitung von Samen:

Wasser, Tiere, Transport

Weitere Verbreitung:

Hauptsächlich Ausbreitung über Wurzelaufläufer (Stolonen).

Weiteste bislang gemessene Auskreuzungsdistanz über Pollenflug:

21 km (Watrud et al., 2004)

Keimfähigkeit der Samen im Boden:

Bis zu vier Jahre (Zapiola et al., 2008)

Hybridisierungspotenzial mit Nutzpflanzen:

- › Rotes Straußgras (*A. capillaris* L.)
- › Hunds-Straußgras (*A. canina* L.)

In den USA werden beide Arten hauptsächlich im Nordosten der USA angebaut.

Das Weiße Straußgras ist Teil eines Komplexes von Arten, die miteinander hybridisieren können (Rotter et al., 2010). Laut Wipff (2002) sind einige Hybriden so weit verbreitet, dass sie eigene Namen erhalten haben:

- › *A. x murbeckii* Fouillade (*A. stolonifera* x *A. capillaris*);
- › *A. x boerckmanii* Widén (*A. capillaris* x *A. Gigantea*).

Hybridisierungspotenzial mit wilden oder verwilderten Verwandten:

Agrostis-Arten (Wipff, 2002):

- › *A. castellana*
- › *A. Gigantea*
- › *A. mertensii* Trinius
- › *A. vinealis* Schreber

Zu dem Netz kompatibler Arten gehören auch andere Arten der Gattung *Polyponon* (Wipff, 2002):



- rabbitfoot gras (*Polyponon monspeliensis*) (Zapiola & Mallory-Smith, 2012),
siehe auch
<http://plants.ifas.ufl.edu/node/335>;
die Hybriden treten so häufig auf, dass die Art den Namen (*x Agropogon littoralis*) erhalten hat
- *Polyponon viridis* (Gouan) Breistr., die Hybriden tragen den Namen *x Agropogon robinsonii*
- *P. fugax*

Unkrauteigenschaften:

Im Westen (<http://plants.usda.gov/java/invasiveOne?pubID=WSWS>)
und im mittleren Westen der USA
(<http://plants.usda.gov/java/invasiveOne?pubID=NEGP>)
gilt *A. stolonifera* als Unkraut mit invasiven Eigenschaften.

Wilde Verwandte mit Unkrauteigenschaften:

Folgende Wildarten haben Unkrauteigenschaften:
A. canina, *A. capillaris*, *A. castellana*, *A. stolonifera*, *A. Gigantea*, *A. vinealis* (Wipff, 2002).

Fitnessvorteile durch gv-Konstrukte:

Zumindest bei Anwendung des Komplementärherbizids ist eine erhöhte Ausbreitung der Transgene zu erwarten.

4.2 Fallstudie: Transgene Baumwolle in Mexiko

Staat: Mexiko

Pflanze: Baumwolle (*Gossypium hirsutum*)

Art der Verbreitung: Hybridisierung mit Wildart von *Gossypium hirsutum*

Region: Pazifik- und Golfküste in südlichen Teilen Mexikos

Eigenschaft der gefundenen Transgene: Herbizidtoleranz, Insektentoxizität

Gene: cryIAb/c, cry2A, cp4epsps, pat/bar

Beschreibung:

Mexiko ist eines von zwei Herkunftszentren aller heute kultivierten Baumwollsorten. Wilde Baumwolle (*Gossypium hirsutum*) findet sich vor allem in den Küstenregionen der südlichen Landeshälfte (siehe Grafik). Sie kann aufgrund von genetischen Unterschieden in acht Metapopulationen unterteilt werden. In einer Pilotstudie konnten Wegier et al. (2011) zeigen, dass sich transgene Konstrukte in den Wildvorkommen ausgebreitet haben. Gentechnisch veränderte Baumwolle wird in Mexiko seit dem Jahr 1996 kommerziell angebaut, im Jahr 2009 wuchs sie auf einer Fläche von ca. 172.000 Hektar. Der Anbau von transgener Baumwolle findet fast ausschließlich im Norden Mexikos statt, bis zu mehrere Hundert Kilometer entfernt von den wilden Baumwollvorkommen. Dennoch fand sich bei Untersuchungen in jeder vierten Probe mindestens ein transgenes Konstrukt, jede zweite Metapopulation der Wildbaumwolle war von den Funden betroffen.

In vielen Fällen handelte es sich zwar um Fundorte, an denen in relativer geografischer Nähe gentechnisch veränderte Baumwolle angebaut wurde. Transgene Konstrukte wurden allerdings auch in Wildpopulationen nachgewiesen, die sich mehr als 750 Kilometer entfernt vom nächsten Anbaugelände mit transgener Baumwolle befanden.

In einigen der Proben fanden sich auch sogenannte Mehrfachkonstrukte mit bis zu vier Fremdgenen. Solche Mehrfachkonstrukte kommen in keiner auf dem Markt verfügbaren Linie von Gentechnik-Baumwolle vor. Hier liegt die Vermutung nahe, dass es sich nicht um primäre Einkreuzungsprodukte handelt, sondern um Hybriden mit

mehreren Transgen-Einkreuzungen. Ein ähnliches Phänomen wurde bereits bei herbizidtolerantem Raps in Kanada beschrieben (Simard et al., 2005). Das würde bedeuten, dass sich die transgenen Konstrukte auch innerhalb der Vorkommen von Wildbaumwolle ausbreiten.

Da Baumwolle hauptsächlich als Selbstbefruchter gilt, spielt die Verbreitung über Pollen vermutlich nur eine untergeordnete Rolle. Hauptweg für die Ausbreitung transgener Baumwolle sind möglicherweise Transportverluste von importierten Baumwollkörnern aus den USA, die als Tierfutter verwendet werden. Die transgenen Baumwollkörner werden beim Import nicht gemahlen, ihre Vermehrungsfähigkeit bleibt daher voll erhalten. Dennoch bestehen laut Wegier, nicht zuletzt angesichts der isolierten Lage vieler Regionen mit Wildvorkommen (ähnlich wie bei Mais, siehe Kapitel 4.3), Unklarheiten über die Einkreuzungswege.



Abbildung 5

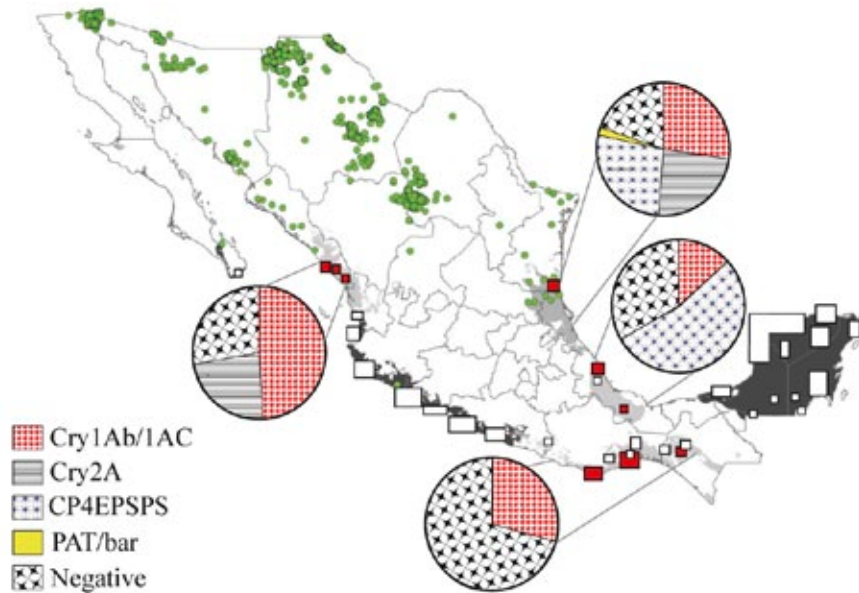


Abbildung 6: (aus Wegier et al., 2011, mit freundlicher Genehmigung der Autoren): Karte von Mexiko mit den Regionen, wo die Anpflanzung von gentechnisch veränderten Baumwollpflanzen genehmigt wurde (grüne Punkte), und Standorte von wilden Baumwollpopulationen (dunkelgrau). In den Kuchendiagrammen werden die Ergebnisse der Untersuchungen von vier Fundstellen transgener Baumwolle (mit Bt-Toxinen = Cry; mit Resistenz gegen Glyphosat = CP4EPSPS; mit Resistenz gegen Glufosinat = PAT/bar) dargestellt.

Im Steckbrief: Baumwolle (*Gossypium hirsutum*)



Familie:

Malvengewächse (*Malvaceae*)

Vielfaltszentrum:

Mittelamerika (v.a. Mexiko), Afrika und Arabische Halbinsel, Australien. Die diploiden Kulturarten (*G. herbaceum* and *G. arboreum*) stammen aus der Alten Welt (Afrika-Asien), die tetraploiden Arten aus Mittelamerika (*G. hirsutum*) respektive Südamerika (*G. barbadense*).

Nutzformen:

G. hirsutum, *G. barbadense*, *G. herbaceum*, *G. arboreum*

Wichtige Anbauländer:

U. a. China, Indien, USA, Pakistan, Russland, Kasachstan, ...

Pollenverbreitung:

Überwiegend Selbstbestäubung, Verbreitung zu geringen Anteilen auch über Wind und Insekten wie Bienen und Hummeln (OECD, 2008; Heuberger et al., 2010; Llewellyn et al., 2007). In Versuchen unter natürlichen Bedingungen waren 7,5% der Pollen nach 32 Stunden noch fertil (Richards et al., 2005).

Verbreitung der Samen:

Unter natürlichen Bedingungen (z.B. bei Wildarten) durch Wasser, Vögel, Säugetiere. Unter Anbaubedingungen durch Transport und Verfütterung, da ein Teil der Samen auch nach Passage des Tierdarms keimfähig bleibt (Eastick & Hearnden, 2002).

Weiteste bislang gemessene Auskreuzungsdistanz über Pollenflug:

1,6 Kilometer (Van Deynze et al., 2005)

Keimfähigkeit der Samen im Boden:

Die Keimfähigkeit von Samen wilder Baumwollarten beträgt 30 Jahre und mehr (Wegier, 2012). In Kulturarten wurde diese Eigenschaft im Lauf der Züchtungsgeschichte praktisch eliminiert (OGTR, 2008).

Hybridisierung mit Nutzpflanzen:

G. hirsutum und *G. barbadense* sind sexuell kompatibel (Shilla et al., 2013), die Einkreuzung von *G. barbadense* in *G. hirsutum* tritt dabei häufiger auf (OECD, 2008).

Hybridisierung mit wilden Verwandten:

Kompatibel mit den tetraploiden Wildarten *G. mustelinum*, *G. darwinii*, *G. tomentosum*. Die Wildform von *G. hirsutum* tritt z.B. in Mexiko und im Süden der USA (Florida) auf.

Unkrauteigenschaften:

Gering. Verwilderte Populationen und Ruderalpopulationen von *G. hirsutum* oder *G. barbadense* treten aber z.B. in Florida (EPA, 2006) oder Australien (Eastick, 2002; Eastick & Hearnden, 2006; OGTR, 2008) auf. Verwilderte Populationen von *G. hirsutum* und *G. herbaceum* treten auch in Südeuropa (u. a. Griechenland, Italien) auf (Tutin et al., 1992)

Wilde Verwandte mit Unkrauteigenschaften:

Gossypium tomentosum gilt in Hawaii als Unkraut in konventionellen Baumwollkulturen (Manjunath, 2005).



Fitnessvorteile durch gv-Konstrukte:

Es ist davon auszugehen, dass das Bt-Toxin unter Schädlingsbefall zu einem Fitnessvorteil führen kann. Eastick & Hearnden (2006) fanden bei Freilandversuchen allerdings keine Anzeichen für erhöhte Invasivität von Bt-Baumwolle.

Weitere Informationen:

In Hawaii ist der kommerzielle Anbau von transgener Baumwolle wegen der möglichen Auskreuzung in die Wildart *Gossypium tomentosum* verboten (Hawkins et al., 2005). Auch in Teilen von Florida ist der Anbau von transgener Baumwolle untersagt (EPA, 2006).

4.3 Fallstudie: Transgener Mais in Mexiko

Staat: Mexiko

Pflanze: Mais (*Zea mays*)



Art der Verbreitung: Hybridisierung mit traditionellen Maissorten

Region: wissenschaftlich bestätigte Funde in Oaxaca, Mexico City, Guanajuato, Veracruz, Yucatán

Eigenschaft der gefundenen Transgene: Insektentoxizität, Herbizidtoleranz

Gene: cry1Ab/c, cry9c, cp4epsps, und andere

Beschreibung:

Mexiko ist das Herkunfts- und Vielfaltszentrum von Mais (*Zea mays*). Über den „Geburtsort“ der Kultivierung gibt es zahlreiche Theorien. Vieles deutet jedoch darauf hin, dass die Wiege der Maiskultur im Süden von Mexiko, in den Bundesstaaten Puebla, Mexiko und Oaxaca, liegt. Die derzeit vorhandene Vielfalt bei Mais wird auf mehrere Hundert Landrassen geschätzt, die alle von dem Wildgras Teosinte abstammen.

Die Präsenz von Einkreuzungen durch transgenen Mais in Mexiko wurde erstmals durch die Studie von Wissenschaftlern der Universität Berkeley veröffentlicht, die gentechnische Konstrukte in Landsorten aus der Sierra Juárez (Bundesstaat Oaxaca) im äußersten Süden des Landes gefunden hatten (Quist & Chapela, 2001). Die Ergebnisse kamen überraschend, da zu diesem Zeitpunkt in Mexiko nicht einmal Freilandversuche mit transgenem Mais durchgeführt worden waren. Laut Angaben der Industrieagentur ISAAA (2012) fanden die ersten Feldversuche im Jahr 2009 statt. Die Studie wurde zwar angezweifelt, ihre Ergebnisse deckten sich jedoch mit fast zeitgleichen Untersuchungen mexikanischer Behörden (Ezcurra et al., 2001). Auch eine mit hochrangi-



Abbildung 7

gen Wissenschaftlern besetzte Kommission unter dem Dach der nordamerikanischen Freihandelszone NAFTA kam 2004 zu dem Ergebnis, dass die Kontamination mexikanischer Mais-Landsorten eine Realität darstellt (CEC, 2004). Im Jahr 2005 wurde eine Studie veröffentlicht, die keine Spuren von gentechnisch verändertem Mais in mexikanischen Landsorten fand (Ortíz-García et al., 2005). Erst mehrere Studien, die Jahre nach der Erstpublikation von Quist und Chapela aus dem Jahr 2001 erschienen (u. a. Serratos-Hernández et al., 2007; Piñeyro-Nelson et al., 2009; Dyer et al., 2009; Mercer and Wainwright, 2008), brachten den heute nicht mehr angezweifelte Nachweis einer Ausbreitung transgener Konstrukte in mexikanischem Mais.

Folgende Fundstätten sind belegt:

- Sierra Juárez (Oaxaca), Probennahme 2000 (Quist & Chapela, 2001)
- Naturschutzgebiete im Stadtgebiet von Mexico City, Probennahme 2003 (Serratos-Hernández et al., 2007)
- Sierra Juárez (Oaxaca), Probennahme 2001, 2004 (Piñeyro-Nelson et al., 2009)
- Guanajuato, Veracruz, Oaxaca and Yucatán, Probennahme 2002 (Dyer et al., 2009)
- weitere, nur zum Teil wissenschaftlich publizierte Berichte von Regierungsstellen und Nichtregierungsorganisationen (in: Mercer und Wainwright, 2008): Demnach wurden auch in anderen Bundesstaaten Einkreuzungen gefunden, unter anderem in Chihuahua, Morelos, Durango, Oaxaca, und Tlaxcala.

Laut Aussage der NAFTA-Kommission (CEC, 2004) waren Maisimporte aus den USA die Hauptursache für die Verbreitung von transgenem Mais auch in den entlegensten Landesteilen Mexikos. Der nicht gekennzeichnete Gentechnik-Mais, der als Nahrungsmittel ins Land gelangt war, wurde von den Bauern offenbar als Saatgut verwendet und könnte so den Weg in die von Tausch geprägten Saatgut-systeme des Landes gefunden haben (Dyer et al., 2009). Darüber hinaus ist mittlerweile gesichert, dass kultivierter Mais mit der Wildart Teosinte (*Zea mays* ssp. *mexicana*) hybridisieren kann (Chavez et al., 2012; Ellstrand et al., 2007). Laut Guadagnuolo et al. (2006) produzieren Hybriden aus Mais und Teosinte sogar mehr Samen als die Wildart. Teosinte kann wiederum in Maisbestände einkreuzen.

Eine Studie, in der die möglichen Verbreitungswege von transgenem Mais nachgezeichnet werden, kommt zu dem Ergebnis, dass nach wie vor große Unklarheit über die Art der Verbreitung herrscht. Die Präsenz der transgenen Konstrukte in indigenen Maisherkünften lässt sich laut Dyer et al. (2009) mit dem gängigen Erklärungsmodell (Maisimporte aus den USA und Verbreitung über Saatgut-tausch) in einigen Regionen nicht in Übereinstimmung zu bringen.

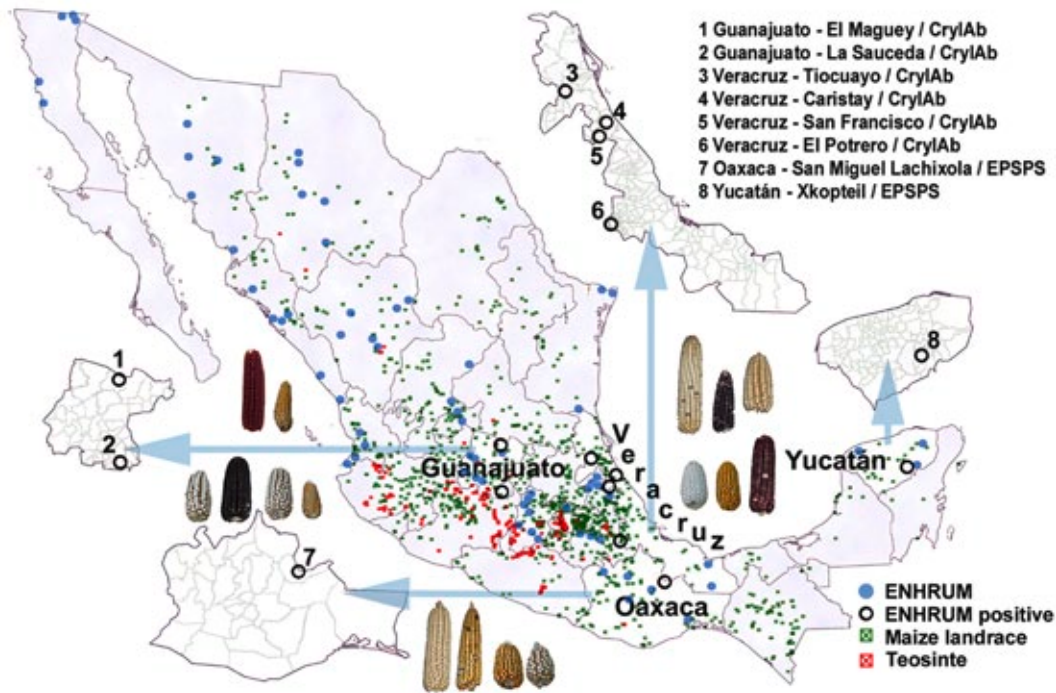


Abbildung 8 (aus Dyer et al., 2009, mit freundlicher Genehmigung der Autoren): Ausbreitung von transgenem Mais in Mexiko. Zahlen: 1-8: verschiedene Provinzen. Cry: Bt-Toxine in transgenen Pflanzen. EPSPS: Resistenz gegen Glyphosat. ENHRUM: Daten aus repräsentativen Erhebungen zum Austausch von Saatgut in ländlichen Gemeinden. Blauer Kreis: keine Transgene; Schwarzer Kreis: Fund von Transgenen; Grünes Kreuz: Mais-Landsorte; Rotes Kreuz: Teosinte-Vorkommen (Ursprungsart des Mais)

Im Steckbrief: Mais (*Zea mays*)

Familie:

Süßgräser (*Poaceae*)

Z. mays ssp. *mays*

Herkunfts/-Vielfaltszentrum:

Mexiko ist das Herkunfts- und Vielfaltszentrum von Mais (*Zea mays*). Vieles deutet darauf hin, dass die Wiege der Maiskultur im Süden von Mexiko, in den Bundesstaaten Puebla, Mexiko und Oaxaca, liegt. Die derzeit vorhandene Vielfalt bei Mais wird auf mehrere Hundert Landrassen geschätzt, die alle von dem Wildgras Teosinte abstammen (OECD, 2003).

Nutzformen:

Zea mays

Wichtige Anbauländer:

USA, China, Brasilien, Mittelamerika (FAOSTAT, 2013), Afrika



Art der Pollenverbreitung:

Fremdbestäuber, Pollenverbreitung überwiegend über Wind (OECD, 2003)

Art der Verbreitung von Samen:

Transporte (OGTR, 2008)

Weiteste bislang gemessene Auskreuzungsdistanz über Pollenflug:

4440 Meter (Bannert, 2006)

Keimfähigkeit der Samen im Boden:

Bei der Ernte ausgefallene Samen können als Durchwuchs auftreten, Fähigkeit zur Dormanz/Samenruhe fehlt jedoch weitgehend. Ruderalpopulationen können unter geeigneten klimatischen Bedingungen auftreten (OGTR, 2008b).

Hybridisierungspotenzial mit Nutzpflanzen:

Keine zwischenartlichen Hybriden bekannt.

In der Hybridzüchtung von Mais wird jedoch unter anderem der Heterosis-Effekt genutzt. Solche leistungssteigernden Hybridisierungseffekte konnten laut der Biologin Allison Snow (in Gilbert, 2013) bislang bei Kreuzungen zwischen gentechnisch verändertem Mais und traditionellen (indigenen) Maissorten nicht festgestellt werden.

Hybridisierungspotenzial mit wilden Verwandten:

Kompatibilität mit den meisten Teosinte-Arten (Wilkes, 1977; Baltazar et al., 2005; Chavez et al., 2012; Ellstrand et al., 2007).

Unter nicht-natürlichen Bedingungen können auch Hybriden mit *Tripsacum*-Arten (*T. dactyloides*, *T. floridanum*, *T. lanceolatum*, und *T. pilosum*) erzeugt werden.

Auch in Indien finden sich nach Angaben der Industrie verwandte Pflanzen, die sich zumindest unter kontrollierten Bedingungen mit Mais kreuzen lassen (siehe Then, 2013).

Unkrauteigenschaften:

Schwach ausgeprägte Unkrauteigenschaften. In den USA wird Mais dennoch als Unkraut geführt (<http://plants.usda.gov/java/invasiveOne?startChar=Z>).

Wilde Verwandte mit Unkrauteigenschaften:

Verschiedene Teosinte-Arten weisen Unkrauteigenschaften auf, im Fall von Mexiko z.B. die mit Mais kompatiblen Arten Balsas Teosinte (*Zea mays* ssp. *parviglumis*) sowie Mexikanische Teosinte (*Zea mays* ssp. *mexicana*) (s. OGTR, 2008b).

Fitnessvorteile durch gv-Konstrukte:

So gut wie keine wissenschaftlichen Daten verfügbar. Die Präsenz von Bt-Insektengiften bei gentechnisch veränderten Pflanzen gilt jedoch bei Insektenbefall als fitnessfördernd.

Weitere Informationen:

Laut Guadagnuolo et al. (2006) produzieren Hybriden aus Mais und Teosinte mehr Samen als die Wildart und haben dadurch Fitnessvorteile. Teosinte kann wiederum in Maisbestände einkreuzen.



4.4 Fallstudie: Transgener Raps in Kanada

Staat: Kanada

Pflanze: Raps (*Brassica napus*)

Art der Verbreitung: Ruderalpopulationen, Hybridisierung mit *B. rapa*

Region: Provinzen Manitoba, Saskatchewan, Québec; Region Vancouver

Eigenschaft der gefundenen Transgene: Herbizidtoleranz (Glyphosat, Glufosinat)

Gene: cp4epsps, pat

Beschreibung:

Kanada war das erste Land, in dem im Jahr 1995 herbizidtoleranter Raps zugelassen wurde. Mittlerweile wächst transgener Raps in Kanada auf über acht Millionen Hektar (ISAAA, 2013). Rapsanbau findet fast ausschließlich in den Provinzen Manitoba, Alberta und Saskatchewan statt. Die Ausbreitung von transgenem Raps wurde erstmals im Jahr 2003 öffentlich, als nachgewiesen wurde, dass fast das gesamte konventionelle Rapssaatgut transgene Konstrukte enthielt (Friesen et al., 2003). Verschiedene Studien stellten in der Folge fest, dass sich in den Anbaugebieten transgene Ruderalpopulationen an Feldrändern und entlang von Trans-

portwegen gebildet hatten. Da ein großer Teil des angebauten Rapses exportiert wird (v.a. nach Japan), muss der Rapssamen über große Distanzen zu den großen Überseehäfen (v.a. Vancouver) transportiert werden. Auch im Gebiet um Vancouver wurden folglich Populationen von transgenem Raps gefunden (Yoshimura et al., 2006). Knispel et al. (2008) zeigten, dass 88 Prozent der untersuchten Ruderalpopulationen in Manitoba transgenen Raps enthielten, der tolerant gegenüber dem Herbizid Glyphosat war. 81 Prozent waren tolerant gegenüber Glufosinat. Rund die Hälfte der untersuchten Pflanzen enthielten Toleranzgene gegenüber beiden Wirkstoffen. Untersuchungen ergaben, dass durch diese Hybridisierung die Fitness der Pflanzen kaum verändert wurde (Simard et al., 2005). Die Populationen erhalten sich nach Angabe der Autoren unter anderem aufgrund des großflächigen Anbaus der gentechnisch veränderten Pflanzen, durch den ein steter Nachfluss von transgenem Material entsteht. In einer Folgestudie (Knispel & McLachlan, 2010) waren bereits 93 bis 100 Prozent der verwilderten Rapspflanzen an Feldrändern und entlang von Straßen in Manitoba gentechnisch verändert. Laut einer Studie aus dem Jahr 2006 hat sich transgener Raps auch in der Provinz Québec ausgebreitet: Zusätzlich fanden sich in allen untersuchten Populationen Hybriden mit *Brassica rapa* (Rübsen) (Simard et al., 2006). Warwick et al. (2008) konnten zudem im Rahmen einer Langzeituntersuchung zeigen, dass verwilderte Hybridpopulationen von *B. napus* und *B. rapa* in Québec zwar eine reduzierte Fitness aufwiesen, aber dennoch über einen Zeitraum von sechs Jahren persistent waren. Eine Verbreitung von Transgenen über *B. rapa* wird in Ostkanada durch den Anbau kultivierter Sorten dieser *Brassica*-Art erleichtert (Warwick et al., 2003).

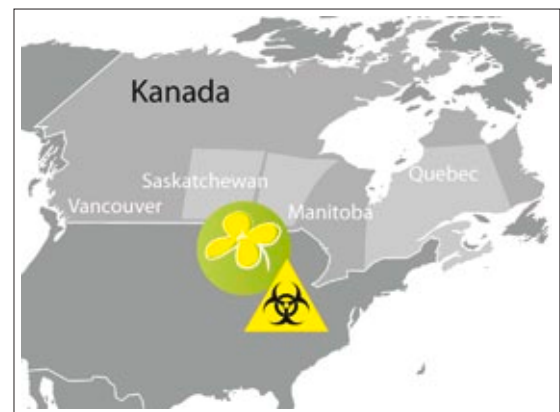


Abbildung 9

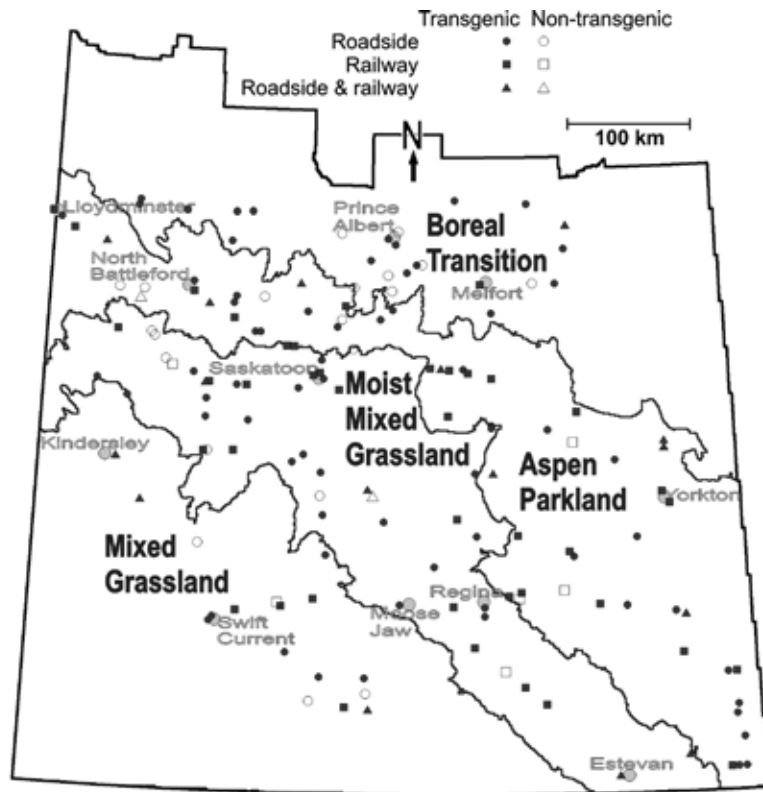


Abbildung 10 (aus Yoshimura et al., 2006, mit freundlicher Genehmigung der Autoren): Transgener Raps (mit Resistenzen gegen Glyphosat oder Glufosinat) in Ruderalgebieten entlang von Straßen oder Bahnstrecken in ökologisch wichtigen Gebieten von Saskatchewan.

4.5 Fallstudie: Transgener Raps in den USA

Staat: USA

Pflanze: Raps (*Brassica napus*)

Art der Verbreitung: Ruderalpopulationen

Region: North Dakota, Kalifornien

Eigenschaft der gefundenen Transgene: Herbizidtoleranz (Glyphosat, Glufosinat)

Gene: cp4epsps, pat

Beschreibung:

Rapsanbau findet in den USA nur in wenigen Bundesstaaten statt. Insgesamt beläuft sich die Anbaufläche auf rund 1,6 Millionen Hektar, davon 1,3 Millionen Hektar im Bundesstaat North Dakota (NASS, 2012). In geringem Umfang wird Raps auch in Idaho, Minnesota, Montana, Oklahoma, Oregon und Washington angebaut. Die kommerzielle Nutzung von transgenem Raps begann in den USA im Jahr 1998, mittlerweile wachsen auf mehr als 90 Prozent der US-Rapsfelder transgene herbizidtolerante Sorten. Im Jahr 2011 wurde erstmals eine Pilotstudie veröffentlicht, die zeigt, dass transgener Raps im Hauptanbaugebiet North Dakota weiträumig entlang von Transportrouten



verbreitet wurde (Schafer et al., 2011). 80 Prozent der an Straßen wachsenden Rapspflanzen im Untersuchungszeitraum waren gentechnisch verändert. Die Hälfte der transgenen Pflanzen enthielt das cp4 epsps-Gen, das Pflanzen tolerant gegenüber Glyphosat macht, die andere Hälfte enthielt das pat-Gen, das Toleranz gegenüber glufosinathaltigen Herbiziden verleiht. Einige Pflanzen wiesen Toleranzen gegenüber beiden Wirkstoffen auf. Verstärkt fanden sich transgene Ruderalpopulationen z.B. rund um Silos und Landhandelshäuser, in geringerem Ausmaß auch an Eisenbahntrassen (Gilbert, 2010). Folgestudien zur Persistenz unter regionalen Bedingungen und zur Introgression in wilde Verwandte wie *B. rapa* fehlen. Ruderalpopulationen mit Anteilen von glyphosattolerantem Raps traten auch in Kalifornien in der Folge eines Sortenversuchs auf (Munier et al., 2012). Transgene Rapspflanzen fanden sich an Straßen und im Umkreis der Orte, an denen die Mähdrescher entladen worden waren.

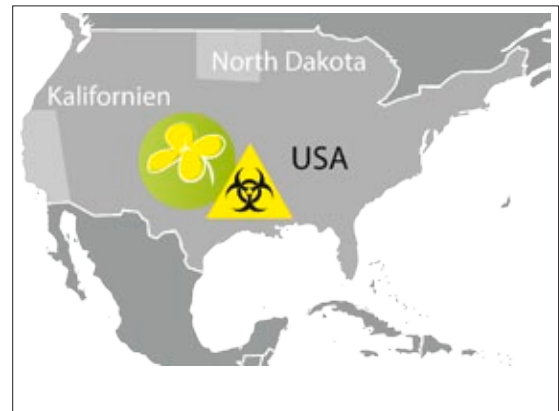


Abbildung 11

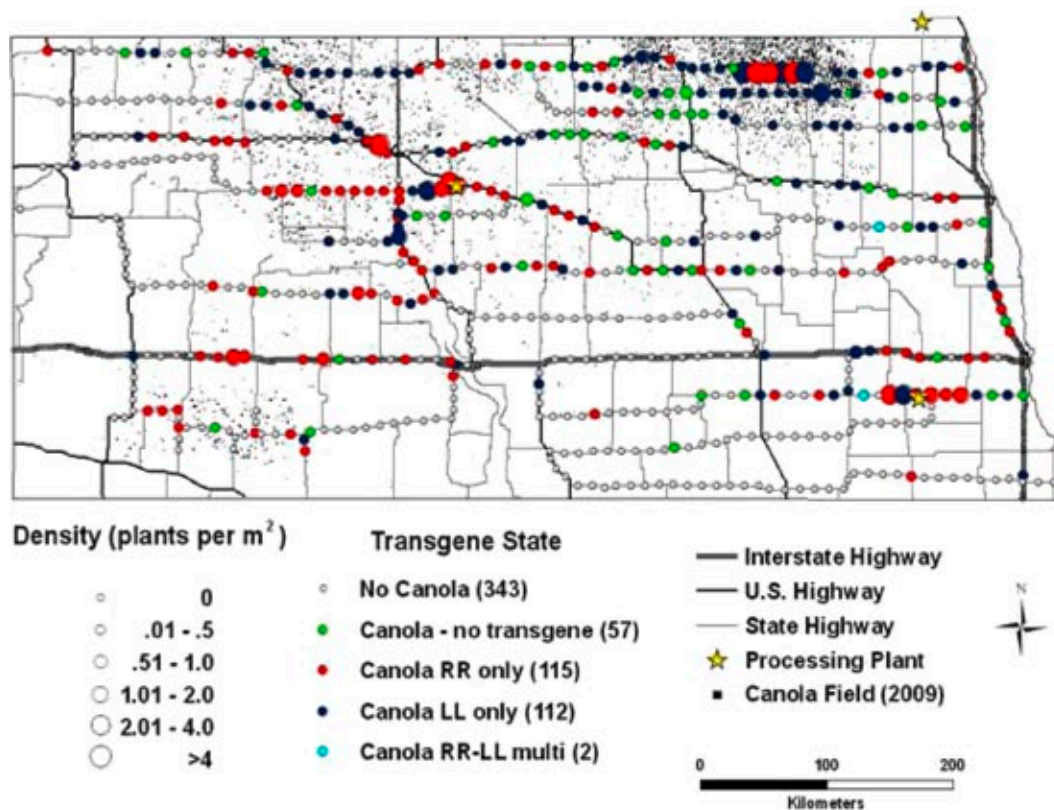


Abbildung 12 (aus Schafer et al., 2011, mit freundlicher Genehmigung der Autoren): Ausbreitung von transgenem Raps entlang von Straßen in Nord Dakota. Die Pflanzen sind resistent gegen Glyphosat (RR) oder Glufosinat (LL) oder gegen beide Herbizide.

4.6 Fallstudie: Transgener Raps in Japan

Staat: Japan

Pflanze: Raps (*Brassica napus*)

Art der Verbreitung: Ruderalpopulationen, Hybridisierung mit *B. rapa*

Region: in der Nähe von Häfen und entlang Transportrouten

Eigenschaft der gefundenen Transgene: Herbizidtoleranz

Gene: cp4epsps, pat

Beschreibung:

Ölraps (*B. napus*) wurde in Japan erst im 19. Jahrhundert eingeführt. Der Anbau der Pflanze hat bis heute nur geringe Bedeutung. Dagegen werden in Japan verwandte *Brassicaceen* teils in großem Stil angebaut, z.B. die mit Raps leicht kreuzbaren Arten *B. rapa* (Rübsen) und *B. juncea* (Brauner Senf), deren Kulturformen als Blatt- und Wurzelgemüse verwendet werden. Beide Arten treten, wie auch die *Brassica*-Art *B. carinata* (Abbessinischer Kohl), zugleich als Wildformen auf. Ein Monitoring der Hafengebiete hat mittlerweile ergeben, dass verwilderter gentechnisch veränderter Raps rund um den Hafen Yokkaichi in großen, gemeinsamen Populationen mit *B. juncea* auftritt (Kawata et al., 2009).

Japan ist eines der wichtigsten Einfuhrländer für gentechnisch veränderten Raps. Rund 90 Prozent der derzeit jährlich importierten zwei Millionen Tonnen Raps stammen aus Kanada, wo wiederum auf mehr als 90 Prozent der Rapsanbauflächen herbizidtolerante transgene Linien wachsen. Die ersten Publikationen über die Präsenz von transgenem Raps in Japan erschienen im Jahr 2005 (Saji et al.). Transgene Rapspflanzen mit Toleranzen gegenüber Glyphosat bzw. Glufosinat fanden sich in Gebieten rund um die Überseehäfen Kashima, Chiba, Nagoya und Kobe sowie entlang der Transportwege zu Industrieanlagen, in denen Raps weiterverarbeitet wird. Aono et al. (2006) konnten im Folgejahr erste Rapspflanzen bestimmen, die sich untereinander gekreuzt hatten und damit gegen beide Herbizide tolerant waren.

In Folgestudien wurden Ruderalpopulationen entlang weiterer wichtiger Transportrouten (Nishizawa et al., 2009) und in Gebieten rund um alle übrigen Überseehäfen (wie Shimizu, Yokkaichi, Mizushima, Hakata oder Fukushima) gefunden (u. a. Kawata et al., 2009; Mizuguti et al., 2011). In Untersuchungen von Mizuguti et al. (2011) wurden an mehreren der 19 großen Häfen Rapspopulationen gefunden, die sich über einen längeren Zeitraum selbst erhalten konnten.

Der Anteil von transgenem Raps in den Ruderalpopulationen rund um Häfen nimmt beständig zu: Im Jahr 2008 waren rund um den Hafen Yokkaichi bereits 90 Prozent der untersuchten Pflanzen transgen. Im Gebiet von Yokkaichi wurde an einem Flussufer auch eine erste transgene Hybridpflanze aus *B. napus* und *B. rapa* gefunden (Aono et al., 2011).



Abbildung 13

Möglicherweise haben sich in einzelnen Regionen durch die klimatisch ungewohnten Bedingungen die Eigenschaften der verwilderten transgenen Rapspflanzen verändert. Aus ökologischer Sicht ist insbesondere bedeutend, dass an einigen Stellen übergroße Pflanzen gefunden wurden, die einen mehrjährigen Lebenszyklus angenommen haben (Kawata et al., 2009). Raps ist üblicherweise, wie auch die restlichen in Japan vorkommenden *Brassica*-Arten, eine einjährige Pflanze.

4.7 Fallstudie: Transgener Raps in Australien

Gentechnisch veränderter Raps wird in West-Australien seit dem Jahr 2009 kommerziell angebaut. Eine Besonderheit ist, dass diese Region als sogenannte gentechnikfreie Anbauregion gilt. Deswegen darf gentechnisch veränderter herbizidtoleranter Raps nur auf wenigen Flächen angebaut werden (weniger als zehn Prozent der Rapsanbaufläche, McCauley et al., 2012). Dennoch gibt es erste, bisher nicht wissenschaftlich publizierte Berichte über transgene Ruderalpflanzen entlang von Transportrouten in dieser Region. Bei Proben, die von einer Naturschutzorganisation entlang eines Highways genommen wurden, der als Transportroute für Raps bekannt ist, wurden im Oktober 2012 über 60 Prozent der ruderalen Rapspflanzen positiv auf Glyphosatresistenz getestet (CCWA, 2012). Eines der Hauptprobleme bei der Untersuchung der Vorkommen von verwildertem, gentechnisch verändertem Raps in Australien ist laut CCWA (2012) mangelnder politischer Wille, sich mit den Nebeneffekten der kommerziellen Nutzung von gentechnisch veränderten Pflanzen zu befassen. So existiert kein offizielles Monitoringprogramm, und es gibt keine Vorgaben für das Management von ruderalen Transgenpopulationen.



Abbildung 14

4.8 Fallstudie: Transgener Raps in der EU

In Deutschland wurden (ebenso wie in zahlreichen anderen europäischen Ländern) insbesondere in den 1990er Jahren Freilandversuche mit gentechnisch verändertem Raps durchgeführt. Die oft mehrjährigen, auf mehrere Standorte verteilten, teils großflächigen Versuche fanden in Deutschland unter Bedingungen statt, die eine Verbreitung über die Freisetzungsfelder hinaus sehr wahrscheinlich machen:

es gab wenig bis keine Transparenz über die Versuchsstandorte,

- es gab kein Monitoring jenseits der Versuchsflächen,
- es wurden nur geringe Abstände zu benachbarten Rapsfeldern eingehalten (meist 100 oder 200 Meter, wenn keine Mantelsaat angelegt wurde; Arndt & Pohl, 2005),
- zum Teil gab es jährlich wechselnde Vorgaben zu Abstandsregelungen und Mantelsaat durch die zuständige Behörde (Arndt & Pohl, 2005),



- die Umsetzung von Sicherheitsmaßnahmen und die Dokumentation durch die Betreiber waren zum Teil mangelhaft (Arndt & Pohl, 2005),
- es wurden keine Informationen an Imker weitergegeben.

Bislang hat es in Deutschland keine systematischen Untersuchungen gegeben, um die Auswirkungen dieser Freisetzungen auf die dauerhafte Präsenz von gentechnisch verändertem Raps in der Umwelt zu erfassen. In einer stichpunktartigen Pilotstudie wurde in Süddeutschland kein gentechnisch veränderter Ruderalraps in der Nähe einiger ausgewählter Flächen gefunden, auf denen experimentelle Freisetzungen stattgefunden hatten (Franzaring et al., 2007). Im Rahmen einer Überprüfung neuer Monitoringkonzepte wurde allerdings in Nordrhein-Westfalen gentechnisch veränderter Ruderalraps in bis zu 700 Metern Entfernung von ehemaligen Freisetzungsfeldern gefunden (Hofmann & Neuber, 2007). In Schweden wurde zehn Jahre nach Freisetzungsversuchen noch herbizidresistenter Raps auf der Versuchsfläche entdeckt (D’Hertefeldt et al., 2008).

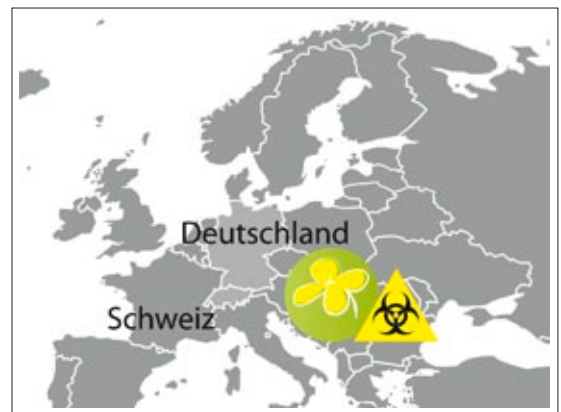


Abbildung 15

Laut Angaben der EU-Kommission tauchen immer wieder Kontaminationen mit gentechnisch veränderten Rapspflanzen der Firma Bayer in der Ernte auf (siehe Kasten): 2007 lief in der EU die Marktzulassung für die gentechnisch veränderten Rapsvarianten Ms1xRf1, Ms1xRf2 und Topas aus. Diese Pflanzen waren 1996 zur Saatgutproduktion zugelassen, aber nie großflächig angebaut worden. Für deren Entfernung aus der Umwelt musste die EU-Kommission trotzdem spezielle Regelungen erlassen: Über einen Zeitraum von fünf Jahren wurden Erntekontaminationen mit den transgenen Rapspflanzen von bis zu 0,9% zugelassen. Diese Bescheide mussten 2012 für weitere fünf Jahre verlängert werden, weil auch dann immer noch Kontaminationen mit den transgenen Pflanzen von Bayer festgestellt wurden. Das Beispiel der EU zeigt, dass auch im Fall einer eher geringfügigen unkontrollierten Verbreitung lange Zeiträume kalkuliert werden müssen, bis eine Belastung mit gentechnisch verändertem Raps minimiert werden kann. Ob in Ländern wie Kanada oder den USA der gentechnisch veränderte Raps jemals aus der Umwelt zurückgeholt werden kann, muss bezweifelt werden.

Dokumentation: Spezielle Regelungen für die Entfernung von transgenem Raps der Firma Bayer, erlassen von der EU Kommission

Commission Decisions 2007/305/EC (2), 2007/306/EC (3) and 2007/307/EC (4) set out the rules for the withdrawal from the market of the GM material: Ms1xRf1 (ACS-BNØØ4- 7xACS-BNØØ1-4) hybrid oilseed rape, Ms1xRf2 (ACS- BNØØ4-7xACS-BNØØ2-5) hybrid oilseed rape and Topas 19/2 (ACS-BNØØ7-1) oilseed rape, as well as their derived products.

All three Decisions provided for a transitional period of time of years, during which food and feed containing the GM material were allowed to be placed on the market, in accordance with Article 4(2) or Article 16(2) of Regulation (EC) 1829/2003, subject to a number of conditions. The Decisions require in particular that the presence of the GM material in food and feed does not exceed a threshold of 0,9 % and that the presence of this GM material be adventitious or technically unavoidable.

Recent test results notified by stakeholders to the Commission show that at the end of this 5 year period the measures undertaken by the authorisation holder have allowed the removal of nearly all the GM material from the market. However, these results also show that minute traces (< 0,1 %) of the GM material may still be present in the food or feed chain at the end of the transitional period set out in Decisions 2007/305/EC, 2007/306/EC and 2007/307/EC.

The presence of remaining traces after the expiry date set out in these decisions, despite the measures undertaken by the notifier, can be explained by the biology of oilseed rape which can remain dormant for long periods as well as by the farm practices which have been employed to harvest the seed and resulting accidental spillage, the level of which was difficult to estimate at the date of adoption of the three above mentioned Decisions.

It was therefore considered necessary to extend the transitional period of time for another 5 years, that is until 31 December 2016. This supplementary transitional period should provide sufficient time to allow the total removal of the GM material from the food and feed chain.

Quelle: http://ec.europa.eu/food/dyna/gm_register/index_en.cfm

4.9 Fallstudie: Transgener Raps in der Schweiz

Eine der wenigen empirischen Studien über Verluste beim Transport von gentechnisch verändertem Raps in Europa wurde in der Schweiz durchgeführt (Schoenenberger & D'Andrea, 2012). Entlang von knapp 80 Bahnlinien in der Schweiz wurden 2400 Proben von verwilderten Rapspflanzen genommen. Bei 50 der Rapspflanzen wurde ein Enzym nachgewiesen, das charakteristisch für Roundup-Ready-Pflanzen ist und das diese gentechnisch veränderten Pflanzen tolerant gegenüber Herbiziden mit dem Wirkstoff Glyphosat macht. Die hohe Zahl der Funde bei den Proben aus den Jahren 2011 und 2012 ist bemerkenswert, da spätestens seit dem Jahr 2008 kein gentechnisch veränderter Raps (z. B. als Futtermittel) mehr in die Schweiz eingeführt wurde. Zulässig sind nur mehr Verunreinigungen von unter 0,5%. Die Funde legen den Schluss nahe, dass entlang der Bahnleise, die zur Unkrautbekämpfung offenbar regelmäßig mit glyphosathaltigen Herbiziden behandelt werden, tolerante Pflanzen über längere Zeit überdauern können, da sie unter diesen Bedingungen Selektionsvorteile besitzen. Eine Folgestudie (Hecht et al., 2013) bestätigte die Ergebnisse der ersten Untersuchung und zeigte, dass es insbesondere an Risiko-Hotspots wie Umladestationen zu einer erhöhten Konzentration von transgenen Pflanzen kommt.



Abbildung 16 (aus Schoenenberge & D'Andrea, 2012, mit freundlicher Genehmigung der Autoren): Funde von transgenem Raps entlang von Bahnstrecken in der Schweiz. Schwarze Punkte: Transgene Pflanzen. Graue Punkte: keine Transgene gefunden. X: keine Rapspflanzen gefunden

Im Steckbrief: Raps (*Brassica napus*)



Familie:

Kreuzblütler (*Brassicaceae*)

Vielfaltszentrum:

Raps ist eine natürliche Kreuzung von *B. oleracea* (Weißkohl) und *B. rapa* (Rübsen), die vor weniger als 10.000 Jahren wahrscheinlich im europäischen Mittelmeer- oder Atlantikraum entstanden ist.

Weitere verwandte Nutzpflanzenarten:

B. oleracea (Weißkohl, Chinakohl, Brokkoli, Blumenkohl, ...), *B. rapa* (Pak Choi, Rübsen, ...)

Wichtige Anbauregionen:

EU, China, Kanada, Indien (FAOSTAT, 2013)

Pollenverbreitung:

Überwiegend Insektenbestäubung, auch Wind (OECD, 2012)

Weiteste bislang gemessene Auskreuzungsdistanz über Pollenflug:

26 Kilometer bei Verwendung von männlich sterilen Pflanzen (Ramsay et al., 2003)

Überlebensfähigkeit der Pollen:

Unter natürlichen Bedingungen 4 bis 5 Tage (OECD, 2012)

Keimfähigkeit der Samen im Boden:

Bislang empirisch nachgewiesen: über 11 Jahre (Lutman et al., 2003). Raps hat eine starke Neigung zum Durchwuchs.

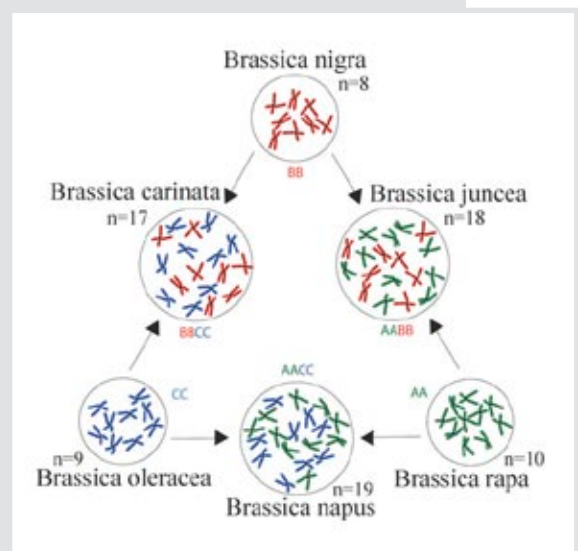
Hybridisierung mit Nutzpflanzen:

Raps ist mit den kultivierten *Brassica*-Arten *B. rapa* und *B. oleracea* kompatibel, die Hybridisierungswahrscheinlichkeit mit *B. rapa* wird dabei höher eingeschätzt (Devos et al., 2009). Die Verwandtschaftsverhältnisse von *B. napus* können im sogenannten „Dreieck von U“ dargestellt werden (siehe Grafik).

Hybridisierung mit wilden Verwandten:

In Europa kann *B. napus* u. a. mit folgenden wilden/ verwilderten Verwandten hybridisieren (OECD, 2012; Devos et al., 2009):

- › *Brassica rapa*
- › *Brassica juncea*
- › *Brassica oleracea*
- › *Brassica nigra*
- › *Diplotaxis muralis*
- › *Diplotaxis tenuifolia*
- › *Erucastrum gallicum*
- › *Hirschfeldia incana*
- › *Raphanus raphanistrum*
- › *Sinapis alba*
- › *Sinapis arvensis*



http://en.wikipedia.org/wiki/Triangle_of_U

Ruderal- und Unkrauteigenschaften:

Die Kulturarten von *Brassica* treten auch als Wildformen bzw. Unkräuter auf. Raps kann darüber hinaus verwilderte Ruderalpopulationen, u. a. an Straßen- und Feldrändern, bilden. Ruderalpopulationen können sich in Europa nach Pivard et al. (2008) in einem halb-permanenten Zustand selbst erhalten. Gentechnisch veränderter, herbizidtoleranter Raps gilt laut Munier et al. (2012) als Unkraut.

**Wilde Verwandte:**

Verwilderte Formen von *B. rapa* und *B. oleracea*. *B. rapa* sind weltweit verbreitet und gelten als Unkraut (OECD, 2012). Auch die wilden Verwandten Ackersenf (*Sinapis arvensis*), Ackerrettich (*Raphanus raphanistrum*), und Grausenf (*Hirschfeldia incana*) gelten auf konventionell genutzten landwirtschaftlichen Flächen als Unkräuter.

Fitnessvorteile durch gv-Konstrukte:

Hybriden zwischen *B. napus* und *B. juncea* (Di et al., 2009) bzw. *B. napus* und *B. rapa* (Rose et al., 2009) wiesen in Experimenten nur geringe Fitnessverluste gegenüber der Wildart auf. In Versuchen mit Bt-Raps zeigte dieser unter Schädlingsdruck erhöhte Fitness (Mason et al., 2003). Bei Herbizideinsatz führen auch entsprechende Herbizidtoleranzen zu erhöhten Ausbreitungsmöglichkeiten. Laut Claessen et al. (2005) führen auch Transgene für modifizierten Ölgehalt (z.B. höherer Gehalt an Stearat oder Laurat) zu Fitnessvorteilen bei Raps. Auch verwandte Wildarten wie *B. rapa* und *Raphanus sativus* erhalten laut Simulationen durch die Einkreuzung von Bt-Transgenen vermutlich Fitnessvorteile (Letourneau & Hagen, 2012), ebenso *Raphanus raphanistrum* (Meier et al., 2013).

4.10 Fallstudie: Transgene Pappeln in China

Staat: China

Pflanze: Schwarzpappel (*Populus nigra*),

Weißpappel-Hybrid ($P. alba \times [P. davidiana + P. simonii] \times P. tomentosa$)

Art der Verbreitung: Auskreuzung in Pappelarten

Region: Nord- und Ostchina

Eigenschaft der Transgene: Insektengiftigkeit

Gene: Cry1Ac, und andere

Beschreibung:

Laut Angaben der FAO (2009) ist China das Land mit den weltweit größten Pappel- (und Weiden-) -plantagen, rund 85 Prozent der Forstflächen der beiden Baumarten liegen in China. Nach Angaben von Lu et al. (2006) wachsen Pappelplantagen in China auf einer Fläche von rund 6 Millionen Hektar. Gentechnisch veränderte Schwarzpappeln (*P. nigra*) werden in China seit dem Jahr 2001 kommerziell genutzt. Die Pappeln produzieren das Bt-Toxin Cry1Ac. Im Jahr 2011 betrug die offizielle Anbaufläche 495 Hektar (Lu & Hu, 2011). Zwischen 2001 und 2003 wurden zudem 400.000 Weißpappel-Hybriden



(genannt Hybrid Poplar 741) gepflanzt, die ebenfalls Bt-Toxine (CryI and API) produzieren. Die Samen dieser Hybriden sollen unter normalen Bedingungen nicht keimfähig sein (Wang, 2004).

Aus der nordwestlichen Provinz Xinjiang, in der schon 1994 erste Freisetzungen mit transgenen Pappeln stattfanden, wurde 2004 über Auskreuzungen in benachbarten Pappelpopulationen berichtet (Pearce, 2004). In einer ersten systematischen Studie wurde versucht, das Verbreitungspotenzial der transgenen Bäume zu bestimmen (Lu et al, 2006). Untersucht wurde der Eintrag der Pollen in die benachbarten Pappelplantagen. Dabei wurden Hybriden zwischen den gentechnisch veränderten Schwarzpappeln und *Populus pionicer* in bis zu 500 Metern Entfernung gefunden. DiFazio et al. (2012) stellten bei Untersuchungen in Kanada jedoch ein Potenzial für wesentlich weitere Verbreitungsdistanzen für die Art fest. Die Autoren gehen auch davon aus, dass Bt-Gene, wie sie in China verwendet werden, einen deutlichen Fitnessvorteil für transgene Pappeln darstellen und die Geschwindigkeit ihrer Verbreitung vergrößern.

Problematisch an der Situation in China ist zum einen, dass es bislang keine wissenschaftlichen Untersuchungen über den Umfang einer tatsächliche Ausbreitung von transgenen Pappeln gibt. Zum anderen gibt es offensichtlich weder eine staatliche Aufsicht über Nutzung und Verkauf der transgenen Bäume (z.B. von Stecklingen) noch ein Monitoring des Genflusses auf den offiziell bestehenden Plantagen (z.B. Pearce, 2004; Wang, 2004; Then & Hamberger 2010). Benannt wurde die Verbreitungsproblematik auch von Ewald et al. (2006).

Pappeln gelten als Baumart mit besonders hohem Ausbreitungspotenzial. Sie sind Windbestäuber, produzieren große Mengen an Pollen, hybridisieren leicht mit anderen Pappelarten, und vermehren sich zudem vegetativ über Wurzeläusläufer und Stecklinge. China ist darüber hinaus Herkunftszentrum bestimmter Pappelarten (FAO, 2009; Du et al., 2012).



Abbildung 17

Im Steckbrief: Pappeln

Familie: *Populus*



Vielfaltszentrum:

Die Familie *Populus* umfasst rund 35 verwandte Arten, die überwiegend auf der Nordhalbkugel vorkommen. Vielfaltszentren befinden sich u. a. in China und Mitteleuropa. In Europa sind Schwarzpappel (*Populus nigra*), Silberpappel (*P. alba*), Zitterpappel (*P. tremula*) sowie die natürliche Hybride Graupappel (*P. canescens* = *P. alba* × *P. tremula*) heimisch (Aas, 2006).

Nutzformen:

Zur wirtschaftlichen Nutzung (Plantagen) werden z.B. in Europa neben den standortheimischen Arten auch Balsampappeln (*P. balsamifera* und *P. trichocarpa*) sowie Hybriden der Kanadischen Pappel (*P. x canadensis*) verwendet, die ursprünglich aus Kreuzungen der europäischen Schwarzpappel *Populus nigra* mit der nordamerikanischen Schwarzpappel *Populus deltoides* hervorgegangen sind (Aas, 2006).

Wichtige Anbauländer: China, Europa, Nordamerika

Art der Pollenverbreitung: Wind (Schütt et al., 1994; diFazio et al., 2012)

Art der Verbreitung von Samen u. a.:

Pappeln produzieren große Mengen an leichter baumwollähnlicher Samenwolle. Wind- und Wasserverbreitung. Pappeln verbreiten sich zudem u. a. über Wurzel- und Sprossausläufer sowie über Astteile. Eine Vermehrung über Stecklinge ist leicht möglich (Schütt et al., 1994).

Weiteste bislang gemessene Auskreuzungsdistanz über Pollenflug:

Via Pollenflug oder Windverbreitung der Samen in *P. nigra*: > 2 Kilometer (Bialozyt, 2012; Rathmacher et al., 2010). In *P. trichocarpa* Auskreuzung über 7,6 Kilometer (Slavov et al., 2008).

Keimfähigkeit der Samen im Boden:

Bei *P. nigra* keine Dormanz vorhanden (Lefèvre et al., 2001).

Hybridisierungspotenzial:

Pappeln zeichnen sich durch eine ausgeprägte Fähigkeit zur Hybridisierung aus (Aas, 2006). Im Lauf der Evolution sind dadurch erbfeste Arten wie die Graupappel entstanden. Es werden viele verschiedene Hybridformen zwischen Arten wie der europäischen Schwarzpappel (*P. nigra*) und der amerikanischen Schwarzpappel (*P. deltoides*), der westlichen Balsampappel (*P. trichocarpa*) und der Kanadischen Hybridpappel (*P. x canadensis*) beschrieben und gezüchtet (Aas, 2006). Man spricht dabei vom Prozess der „introggressiven Hybridisierung“, wobei immer neue Kreuzungen und Rückkreuzungen zwischen Hybridpappeln und Schwarzpappeln entstehen. Das Ergebnis kann ein kontinuierlich zusammenhängender „Hybridschwarm“ zwischen beiden Arten sein, in denen eine klare Abgrenzung zwischen den Ausgangsarten nicht mehr möglich ist (Aas, 2006). Die autochthone Schwarzpappel gilt in Mitteleuropa unter anderem aus diesem Grund als bedrohte Art.

Fitnessvorteile durch gv-Konstrukte:

Unter kontrollierten Bedingungen zeigten Bt-Pappelhybriden (*Populus tremula* × *Populus tremuloides*) bei Schädlingsdruck Fitnessvorteile gegenüber dem Wildtyp (Hjältén et al., 2012).

Weitere Informationen:

Das Verbreitungs- und Gefährdungspotenzial von Waldbäumen ist anders zu bewerten als das von Nutzpflanzen:



- Bäume sind Teil des besonders wichtigen Ökosystems Wald;
- viele Waldbäume und Waldbaum-Individuen können sehr alt werden und bleiben so lange auch fruchtbar (*P. nigra* kann z.B. ein Alter von bis zu 300 Jahren erreichen);
- Bäume verbreiten weiträumig Pollen und Samen - oft in sehr großen Mengen und in Zyklen;
- Baumarten wie Weiden und Pappeln, die in Auwaldbereichen großer Flußniederungen wachsen, können sich auch über Wurzelbrut und über Astteile vermehren, die mit den Wasserläufen über große Strecken transportiert werden können.
- Bäume können sich über Wurzelsproßlinge vermehren. Das Alter dieser Wurzelbrut kann sehr hoch sein: So wird die Wurzelkolonie (Klonkolonie) einer Amerikanischen Zitterpappel (*Populus tremuloides*), deren Baumstämme (im Alter von ca. 130 Jahren) über das Wurzelwerk verbunden sind und einen Organismus von über 43 Hektar bilden, auf ein Alter von 80.000 Jahren geschätzt (http://de.wikipedia.org/wiki/Pando_%28Baum%29);
- Baumpollen gelangen schnell in hohe Luftschichten und können damit über deutlich weitere Distanzen getragen werden als der Pollen von Nutzpflanzen.

4.11 Fallstudie: Bt-Reis in China



Obwohl in China bislang kein kommerzieller Anbau von gentechnisch verändertem Reis stattfindet, werden in der EU und anderen Regionen seit dem Jahr 2005 in Importen aus China verschiedene Linien von Bt-Reis nachgewiesen (v.a. Bt63 und KeFeng6). Als Hauptursache wird die Bt-Reislinie Bt63 beschrieben, die zu Beginn der 2000er Jahre im Freiland getestet wurde, und wie vermutet wird von Wissenschaftlern einer staatlichen Universität in der Region Hubei ohne offizielle Zulassung als Saatgut an Bauern der Region verkauft wurde (Greenpeace, 2005a,b).

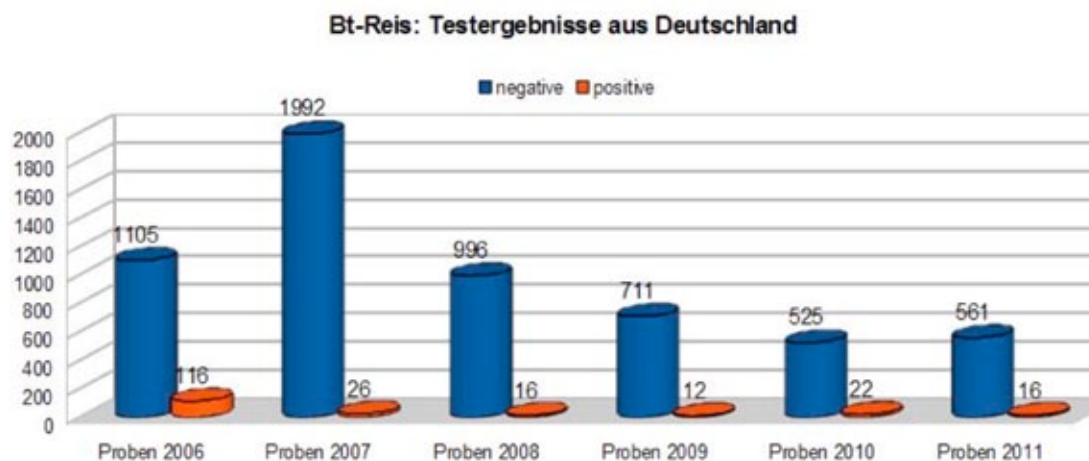


Abbildung 18: Funde von transgenem Reis bei Untersuchungen der Länderbehörden in Deutschland (Quelle; BVL, 2012)

Noch im Jahr 2011 wurden von den bundesdeutschen Länderbehörden in 16 von insgesamt 561 Lebensmittelproben Anteile von nicht zugelassenem gentechnisch verändertem Reis gefunden.

Auch im Jahr 2013 bezieht sich laut Angaben des Rapid Alert System for Food and Feed der EU (RASFF, 2013) die Mehrzahl der Funde von in der EU nicht zugelassenen GVO auf chinesische Reisprodukte.



Abbildung 19

Obwohl eine wissenschaftliche Darstellung der Hintergründe und des Ausmaßes, in dem sich nicht zugelassener Bt-Reis in den Reis-Saatgutssystemen Chinas verbreitet hat, noch aussteht, spricht einiges dafür, dass sich einige Bt-Reislinien dauerhaft in den ländlichen Saatguttauschsystemen Chinas halten. Eine der Möglichkeiten der Verbreitung ist dabei die Kreuzung mit Beikraut- oder Unkrautreis.

Wird gentechnisch veränderter Reis in Regionen freigesetzt, in denen auch Wildreis als Bei- oder Unkraut (Weedy Rice) wachsen, kann sich der transgene Reis per Pollenflug mit diesem Wildreis kreuzen. Wilde Reisarten sind in vielen Anbauregionen weit verbreitet (Ferrero, 2003; Chen et al., 2004). Zwischen den auf dem Acker angebauten Reispflanzen und den in der Umgebung wachsenden Wildarten findet ein Austausch von Erbgut in erheblichem Umfang statt (Chen et al., 2004; Lu & Yang 2009).

Da Bt63-Reis laut RASFF (2013) mittlerweile sogar in Reisprodukten aus Pakistan gefunden wurde, ist es möglicherweise sogar zu einer Verbreitung über die chinesischen Grenzen hinaus gekommen.

Im Steckbrief: Reis (*Oryza sativa*)

Familie:

Gräser (*Poaceae*)

Vielfaltszentrum:

Herkunftszenrum von *Oryza sativa* ist nach neuesten Erkenntnissen das Gebiet des Perlfusses im südlichen China (Molina et al., 2012). Die zweite relevante Kulturform von Reis, *Oryza glaberrima*, stammt ursprünglich aus dem Gebiet des Niger-Delta.

Nutzformen:

Oryza sativa (hier wird zwischen verschiedenen Ökotypen unterschieden, Körner von japonica-Sorten sind kürzer, breiter, klebriger und weicher als die von indica-Sorten)

Oryza glaberrima (Afrikanischer Reis)

Hybrid aus *Oryza sativa* x *Oryza glaberrima* (OGTR, 2005)

Wichtige Anbauländer:

Unter anderem China, Indien, Indonesien, Bangladesh, Vietnam, Thailand, Pakistan, Philippinen, Japan. Der Anteil Asiens an der globalen Reisproduktion beträgt rund 90% (OGTR, 2005).



Art der Pollenverbreitung:

Kulturreis gilt als autogam (Selbstbestäuber), Pollen wird jedoch auch über Wind und Bienen verbreitet (OGTR, 2005). Wildreis dagegen ist überwiegend fremdbestäubt, Pollen von Wildreis kann bis zu zweimal länger fertil bleiben als Pollen von Kulturformen.

**Art der Verbreitung von Samen:**

Bei Kulturformen erfolgt eine Verbreitung über Samen nur in geringem Maß, da die Samenkörner bis zur Ernte an der Spindel bleiben und damit immobil sind. Dies ist allerdings sortenabhängig.

Reispflanzen können sich zudem vegetativ vermehren, z.B. durch erneutes Austreiben nach der Ernte, sodass bei guten Wachstumsbedingungen sogar eine zweite Ernte möglich wird (OGTR, 2005).

Südamerikanische *Oryza*-Arten verbreiten sich sogar über Fließgewässer. Abgebrochene Triebe können nach dem Anschwemmen erneut Wurzeln bilden.

Weiteste bislang gemessene Auskreuzungsdistanz über Pollenflug:

110 Meter (Song et al., 2004); Pollenflug wurde bis in eine Entfernung von 250 Meter nachgewiesen (Kanya et al., 2009).

Keimfähigkeit der Samen im Boden:

Kulturreis bleibt unter Feldbedingungen im Boden rund zwei bis drei Jahre keimfähig. Sogeannter Unkrautreis bleibt im Boden mehr als zehn Jahre keimfähig (Ferrero, 2003).

Hybridisierungspotenzial mit wilden Verwandten:

Zwischen auf dem Acker angebauten Reispflanzen und in der Umgebung wachsenden Wildarten findet Austausch von Erbgut in erheblichem Umfang statt (Chen et al., 2004; Lu & Yang 2009).

Kompatibilität wird u. a. in der Reiszüchtung genutzt, um Resistenzgene aus wilden Reissarten in Kulturreis einzukreuzen. Dies wurde in der Vergangenheit u. a. bei *O. nivara* und *O. longistaminata* genutzt.

Weitere kompatible Wildarten sind u. a. *O. meridionalis* und *O. rufipogon*.

Unkrauteigenschaften:

Eine biologische Besonderheit bei Reis ist die Hybridisierungsdynamik zwischen Kulturreis, verwildertem Kulturreis und wilden Verwandten. Hybriden treten oft in Form von sogenanntem Unkrautreis (weedy rice) auf. Unkrautreis hat Fitnessvorteile gegenüber Kulturreis und kann z. B. eine erhöhte Toleranz gegen Trockenheit, Kälte oder Nässe aufweisen (Vaughan & Morishima, 2003). Offensichtlich fanden in der Geschichte der Reiskultivierung mehrfach Verwilderungen und Re-Domestizierungen statt (Vigueira et al., 2013).

Fitnessvorteile durch gv-Konstrukte:

In Freilandexperimenten konnte gezeigt werden, dass „Unkraut-Reis“ sowohl durch eingekreuzte Bt-Gene (Lu & Yang 2009) als auch durch Transgene, die Resistenz gegen Herbizide vermitteln (Wang et al., 2013), Fitnessvorteile erlangen kann. Auch erhöhte sich beispielsweise die Konzentration an insektengiftigen Bt-Toxinen in manchen Pflanzen, die aus Kreuzungen mit den wilden Arten hervorgegangen waren (Xia et al., 2009).

**4.12 Weitere Fälle**

Es gibt eine ganze Reihe von Freisetzungen gentechnisch veränderter Organismen, die bereits zu einer unkontrollierten Ausbreitung von Transgenen in der Umwelt geführt haben können, ohne dass dies bisher genauer untersucht wurde.

› Gentechnisch veränderte Papaya (Thailand, Hawaii)

Gentechnisch veränderte Papaya dürfen in Thailand nicht kommerziell angebaut werden. Dennoch werden seit dem Jahr 2004 immer wieder Papaya mit transgenen Konstrukten, die die Früchte gegen den Papaya ringspot virus (PRSV) widerstandsfähig machen, in Produkten aus Thailand gefunden (Davidson, 2008). Als ursprüngliche Kontaminationsquelle wird vor allem eine staatliche Forschungsstation angesehen. Diese hat Berichten zufolge zu Beginn der 2000er Jahre transgenes Papaya-Saatgut an Bauern abgegeben. In den folgenden Jahren könnte es zu weiterer Verbreitung über Pollenflug gekommen sein. Tests im Juli 2005 ergaben Transgen-Funde in einem Drittel der Papayagärten in der östlichen Provinz Rayong und den nordöstlichen Provinzen Mahasarakham und Chaiyaphum Kalasin (Greenpeace, 2012). Obwohl die Präsenz von gentechnisch veränderter Papaya schon vor rund zehn Jahren festgestellt wurde, ist es bis heute nicht gelungen, die Verbreitung unter Kontrolle zu bekommen. Bei Einfuhrkontrollen in die EU werden nach wie vor regelmäßig transgene Papaya aus Thailand gefunden (RASFF, 2013).

Papaya kann verwilderte Populationen bilden (OECD, 2005; OGTR, 2003). Betroffen von unkontrollierter Ausbreitung transgener Papaya ist auch Hawaii (Bondera & Query, 2006). Auf der Hauptinsel Hawaiis wiesen bei Untersuchungen der Nichtregierungsorganisation Hawaii Seed bereits im Jahr 2006 rund die Hälfte aller Proben GVO-Kontaminationen auf.

› Gentechnisch veränderte Mais-, Raps- und Sojapflanzen in Südkorea

Im Jahr 2013 erschien ein englischsprachiger Zeitungsbericht, nach dem das südkoreanische National Institute of Environmental Research (NIER) in verschiedenen Landesteilen Pflanzen auf die Präsenz von Transgenen getestet hat (Jeong-su, 2013). Das Institut sammelte im Jahr 2012 626 Proben von vier

gentechnisch veränderten Pflanzenarten (Mais, Soja, Baumwolle und Raps) aus der Gegend rund um Importhäfen, um Fabriken, in denen importierte gentechnisch veränderte Pflanzen verarbeitet werden, sowie um landwirtschaftliche Betriebe und entlang von Transportwegen. In 42 Proben aus 19 Regionen wurde gentechnisch veränderte DNA gefunden. In den meisten Fällen handelte es sich dabei um Maispflanzen.

In der Nähe einiger landwirtschaftlicher Betriebe wurden demnach nicht nur Einzelpflanzen, sondern Populationen von transgenen Pflanzen gefunden. Vorhergehende Studien hatten bereits die Präsenz von gentechnisch veränderten Pflanzen in der Nähe von Importhäfen gezeigt (Lee et al., 2009; Park et al., 2010). Molekularbiologische Untersuchungen von ruderalen transgenen Maispflanzen in Korea zeigten epigenetische Veränderungen in den Pflanzen (Waminal et al., 2013).

Mögliche zukünftige Fälle

Weitere Freisetzungen, bei denen eine unkontrollierte Ausbreitung in der Umwelt diskutiert wird betreffen unter anderem:

- › Golden Rice auf den Philippinen, in Bangladesch und Indien,
- › Bt-Auberginen in Indien,
- › Gentechnisch veränderte Bäume in den USA und der EU,
- › Gentechnisch veränderter Sorghum in Afrika,
- › Gentechnisch veränderter Mais in Afrika,
- › Anbau gentechnisch veränderter Luzerne in den USA,
- › Transgene Lachse in Kanada,
- › gentechnisch veränderte Olivenfliegen in Spanien.

5. Diskussion

Der vorliegende Bericht zeigt, dass es weltweit bereits Fälle gibt, in denen sich gentechnisch veränderte Pflanzen über die Anbauflächen hinaus in der Umwelt verbreitet haben. Einige dieser Pflanzenpopulationen haben sich wahrscheinlich bereits der Kontrolle entzogen und können sich in der Umwelt oder in traditionellen Landwirtschaftssystemen dauerhaft etablieren. Nicht immer liegen ausreichende Dokumentationen der Fälle vor, sodass viele offene Fragen bleiben. Insbesondere sind in vielen Fällen die Verbreitungswege, das tatsächliche Ausbreitungspotenzial und Wechselwirkungen mit der Umwelt, sowie die Auswirkungen auf Ökosysteme nicht, bzw nicht ausreichend erforscht. Durch die fortschreitenden Klimaänderungen und weitere Faktoren entstehen neue Unsicherheiten. Der Stand des Wissens wird in nachfolgender Tabelle zusammengefasst.

Pflanze	Staat	Kommerzieller Anbau	Funde in Nutzflächen	Funde jenseits von Nutzflächen	Stand der Forschung	Bewertung: Potenzial für Persistenz in bestätigten Regionen
Weißes Straußgras	USA	nein	n.u.	ja	durch mehrere Untersuchungen bestätigt	Dauerhafte Etablierung aufgrund der invasiven Eigenschaften von Straußgras und durch Einkreuzung in Wildpopulationen sehr wahrscheinlich nachgewiesen? s.o.
Baumwolle	Mexiko	ja	n.u.	ja	Pilotstudie	Dauerhafte Etablierung durch Einkreuzung in Wildpopulationen sehr wahrscheinlich.
Mais	Mexiko	nein	ja	n.u.	durch mehrere Untersuchungen bestätigt	Dauerhafte Etablierung aufgrund informeller Saatgut-tauschsysteme und Pollendrift wahrscheinlich.
Raps	Kanada	ja	ja	ja	durch mehrere Untersuchungen bestätigt	Dauerhafte Etablierung durch Einkreuzung in verwandte Art und aufgrund der Biologie von Raps wahrscheinlich.
Raps	USA	ja	ja	ja	Pilotstudie	Keine Informationen über Einkreuzungen in verwandte Arten.
Raps	Japan	nein	nein	ja	durch mehrere Untersuchungen bestätigt	Dauerhafte Etablierung durch Einkreuzung in verwandte Art und aufgrund der Biologie von Raps wahrscheinlich.
Raps	Australien	ja	ja	ja	ausreichende Untersuchungen fehlen	Keine ausreichenden Informationen.
Raps	EU	nein	n.u.	ja	ausreichende Untersuchungen fehlen	Einkreuzung in Wildarten nicht geklärt.
Raps	Schweiz	nein	n.u.	ja	Pilotstudie	Einkreuzung in Wildarten nicht geklärt
Schwarzpappeln u. Weißpappel Hybriden	China	ja	ja	n.u.	ausreichende Untersuchungen fehlen	Keine ausreichenden Informationen über tatsächliche Einkreuzung in Wildpopulationen und Ausbreitung
Reis	China	nein	ja	n.u.	ausreichende Untersuchungen fehlen	Keine ausreichenden Informationen; dauerhafte Etablierung aufgrund der traditionellen Saatguttauschsysteme und Auskreuzungen in Wildreis wahrscheinlich

n.u. = nicht untersucht

Defizite in der Risikoforschung

Obwohl der Anbau von gentechnisch veränderten Pflanzen in mehreren Ländern politisch stark unterstützt wird, werden Fragestellungen zur unkontrollierten Ausbreitung oft nur in geringem Ausmaß erforscht:

- › So erschien in den USA erst im Jahr 2012, rund 15 Jahre nach dem Beginn des Anbaus von gentechnisch verändertem Raps, die erste Studie zur Verbreitung transgener Rapspflanzen (Schafer et al., 2012);
- › in Mexiko wurde erst im Jahr 2012, viele Jahre nach Beginn des kommerziellen Anbaus von gentechnisch veränderter Baumwolle, eine Untersuchung über die Präsenz von transgenen Konstrukten in Populationen von wilder Baumwolle durchgeführt (Wegier et al., 2012);
- › auch zur Problematik der Einkreuzung von transgenem Mais in die traditionellen mexikanischen Maissorten existieren nach wie vor nur wenige empirische Studien (siehe Quist & Chapela, 2001; Piñeyro-Nelson et al., 2009; Dyer et al., 2009): Relevante wissenschaftliche Fragestellungen, z.B. zu Selektionsvorteilen des Bt-Mais unter den regionalen Gegebenheiten, fehlen vollständig;
- › in China, einem der Zentren für die genetische Vielfalt der Schwarzpappel, wachsen seit mehr als zehn Jahren Millionen gentechnisch veränderter Bt-Pappeln, während systematische wissenschaftliche Studien über deren genaue Anbauflächen und deren mögliche Ausbreitung in Wildpappeln zu fehlen scheinen (siehe Then & Hamberger, 2010).

Die Lücken in der wissenschaftlichen Forschung betreffen nicht nur die Auswirkungen des kommerziellen Anbaus, sondern auch Auswilderungen durch experimentellen Anbau oder durch Import von keimfähigem Material zur Lebensmittelverarbeitung. So belegen EU-Kontrollen seit dem Jahr 2005 die Präsenz von nicht für den Anbau zugelassenem Bt-Reis in chinesischen Reisexporten. Eine systematische wissenschaftliche Untersuchung der Ursachen scheint es aber nicht zu geben.

Auch in der EU findet wenig Forschung über naheliegende Fragen wie die Verbreitung von gentechnisch verändertem Raps aus Freisetzungsversuchen und Anbau zum Zweck der Saatgutgewinnung statt. Dass in Europa auch eine systematische Überwachung von Importen nötig ist, zeigen Funde von transgenem Raps entlang von Bahnstrecken in der gentechnikfreien Schweiz (Schoenenberger & D'Andrea, 2012).

Vergleich mit den Risiken invasiver Arten

Hinsichtlich der kurz-, mittel- und langfristigen Risiken für die Umwelt gibt es viele offene Fragen. Einige Folgen sind allerdings offensichtlich:

- › Wegen der Ausbreitung gentechnisch veränderter Pflanzen mit Herbizidresistenz kann die Bekämpfung von Unkräutern durch die Entwicklung von Resistenzen langfristig wesentlich erschwert werden und somit die Umweltbelastung und der Arbeitsaufwand für die Landwirte erheblich steigen.
- › Bei gentechnisch veränderten Organismen, die aus ökonomischen oder technischen Gründen wieder vom Markt genommen werden sollen und deswegen ihre Zulassung verlieren, kann die weitere Präsenz in der Umwelt dann nicht beendet werden, wenn sie sich unkontrolliert verbreitet haben.

Die langfristigen Schäden für die Ökosysteme, die zum Beispiel durch eine Ausbreitung in natürlichen Pflanzenpopulationen verursacht werden können, sind nicht seriös vorhersagbar. Eine Abschätzungsmöglichkeit ergibt sich durch den Vergleich mit dem Verhalten nichtheimischer Spezies (Neophyten) in der Umwelt.

Invasive Arten können in Konkurrenz einzelne Arten oder ganze Artengemeinschaften verdrängen. Außerdem können sie Standortbedingungen und damit ökologische Kreisläufe verändern. Einkreuzungen von Neophyten in einheimische Arten konnten nachgewiesen werden. Dies kann zum Verlust genetischer Information in den ursprünglichen Arten und damit zur Reduktion genetischer Vielfalt sowie zu einer schleichenden Veränderung der Arten führen.⁵ Dabei kann man nicht vorhersagen, welcher Organismen sich invasiv verhalten wird:

„Etwa 10% der Arten können sich in einem neuen Gebiet für gewisse Zeit halten, verschwinden wieder und treten an anderen Stellen erneut auf (unbeständige Arten). Trifft die Art in ihrem neuen Siedlungsgebiet aber auf ihr zusagende biotische und abiotische Standortbedingungen, kann sie sich dort dauerhaft etablieren, was ca. 20% der unbeständigen Arten in naturfernen und 10% in naturnahen Ökosystemen gelingt, also 2-1% der ‚Neulinge‘ (...). Wiederum ca. 10% dieser eingebürgerten Arten (also weniger als 0,2% aller Neuankömmlinge) können invasiven Charakter bekommen“ (BfN, 2005).

Einige Arteigenschaften können einen besonderen Konkurrenzvorteil darzustellen – wie hohe Samenproduktion, starke Wuchskraft oder Toleranz gegenüber biotischen oder abiotischen Stressoren. Auch die bei Pflanzen oft große Plastizität des Genoms ermöglicht über epigenetische Mechanismen eine schnellere Anpassung an die neue Umwelt und begünstigt damit die Invasivität von Arten (BfN, 2005). Epigenetische Mechanismen können die Genregulation in den Pflanzen zum Beispiel durch die Stilllegung von DNA-Abschnitten verändern (Moch, 2005) und so eine wesentliche schnellere und gezieltere Anpassung der Pflanzen an ihre Umwelt ermöglichen, als dies durch Mutation und Auslese zu erwarten wäre.

Selbst wenn die Ansprüche und Eigenschaften der Art bekannt sind, ist eine Vorhersage, ob sich die Art in einem neuen Gebiet etabliert oder dort sogar invasiv wird, nicht möglich. Manche Neophyten etablieren sich zuerst nur lokal und breiten sich über lange Zeit nicht nennenswert aus (sogenannte lag-Phase), können dann aber nach Jahren mehr oder weniger unvermittelt und schnell ihr Areal erweitern. Auch die Auswirkungen durch die Invasion können nicht präzise im Voraus abgeschätzt werden (BfN, 2005). Weitere Unsicherheiten entstehen dadurch, dass Klimawandel und die Beeinträchtigung von Lebensräumen die Ausbreitung invasiver Arten begünstigen können.

⁵ www.floraweb.de/neoflora/auswirkung/html

Spezifische Risiken durch Gentechnik-Pflanzen

Die Analogie zwischen Neophyten und der Ausbreitung gentechnisch veränderter Organismen hat ihre Grenzen. Im Fall von gentechnisch veränderten Organismen ist es nötig, nicht nur das Ausbreitungspotenzial von neuen Spezies in den Ökosystemen zu berücksichtigen, sondern auch die Ausbreitung von zusätzlich inserierter (artfremder) DNA innerhalb des Genpools einer Art, die bereits an ihre Umgebung angepasst ist. Die Dynamik der Ausbreitung dieser genetischen Information innerhalb bereits etablierter Arten kann sich grundlegend von der Ausbreitung neuer Arten innerhalb bestehender Ökosysteme unterscheiden. Die mögliche Folge ist u. a. eine unkontrollierte Ausbreitung (unerwünschter) Eigenschaften innerhalb der Arten, die bisher im Genpool nicht vorhanden waren (wie die Produktion von Insektengiften) und die langfristig zu erheblichen ökologischen Probleme führen können.

Zudem kommt bei der Gentechnik die Frage der genetischen Stabilität und Funktionalität innerhalb der Arten hinzu: Anders als bei den Neophyten tragen die gentechnisch veränderten Pflanzen ein technisches DNA-Konstrukt (u. a. mit zusätzlichen Promotoren) in sich, das nicht der natürlichen Genregulation in den Pflanzenzellen unterliegt. Das kann dazu führen, dass es in Reaktion auf die Umwelt zu unerwarteten Effekten in den Pflanzen kommt, wodurch erhebliche Gefahren für die Umwelt entstehen. Als mögliche Risiken müssen hier u. a. die Ausbreitung von Pflanzenkrankheiten (falls Gentechnik-Pflanzen oder ihre Kreuzungspartner für bestimmte Schädlinge anfälliger sind), unerwünschte Veränderungen in den Inhaltsstoffen (falls es wegen der zusätzlichen DNA zu unerwarteten Reaktionen auf Umwelteinflüsse kommt) oder eine erhöhte Invasivität berücksichtigt werden.

Auch im Hinblick auf die Verursachung ergibt sich besonderer Regelungsbedarf: Gentechnisch veränderte Pflanzen und ihre Eigenschaften sind technisch erzeugt, also menschengemacht, und ihre genetischen Eigenschaften ein Novum im Genpool etablierter Arten. Ihre Verbreitung in der Umwelt ist nicht Folge oft unausweichlicher globaler Prozesse, sondern basiert in der Regel auf bewussten Entscheidungen für Freisetzung oder kommerziellen Anbau. Eine Verantwortung für die Inverkehrbringung dieser Pflanzen kann nur dann realisiert werden, wenn die zukünftige Entwicklung verlässlich prognostiziert und mögliche negative Folgen kontrolliert werden können.

Die Folgen einer Freisetzung, die räumlich und zeitlich nicht kontrolliert werden kann, lassen sich nicht verlässlich prognostizieren. In diesem Fall müssten bei einer Risikoabschätzung evolutionäre Dimensionen berücksichtigt werden. Evolutionäre Prozesse führen unter anderem dazu, dass sich auch Ereignisse mit geringer Wahrscheinlichkeit realisieren können (siehe auch Breckling, 2013). Laut Breckling⁶ sind hier u. a. folgende Zusammenhänge zu berücksichtigen:

- „- Die evolutionäre Dynamik kombiniert viele Ereignisse auf der Ebene der Populationen mit einzelnen Vorgängen auf der molekularen Ebene.
- Auch für Ereignisse mit einer extrem niedrigen Wahrscheinlichkeit gibt es eine ernst zu nehmende Chance, dass sie eintreten.
- In Abhängigkeit von bestimmten Umweltbedingungen kann sich die Fähigkeit von Organismen zur Selbstvermehrung um mehrere Größenordnungen verschieben und eine großflächige Ausbreitung ermöglichen, ohne dass man dieses vorhersagen kann.

6 GMLS Konferenz in Bremen, 2012, <http://www.gmls.eu/>

- Die genetische Drift kann dafür sorgen, dass vor allem in kleinen Populationen bestimmte Gene durch reinen Zufall erhalten und etabliert werden.

- Die Überlebensfähigkeit der Träger der neuen Genome kann nicht in absoluten Werten berechnet werden. Sie hängt von der Umwelt und künftigen Veränderungen ab.“

Zum Zeitpunkt einer Freisetzung gentechnisch veränderter Organismen können weder verlässliche Aussagen über zukünftige Umweltbedingungen noch über deren langfristiges ökologisches Verhalten und deren genetische Stabilität getroffen werden. Wenn die zeitliche und räumliche Ausbreitung nicht kontrollierbar ist, fehlen also die notwendigen Voraussetzungen für eine verlässliche Risikobewertung. Auch das Risiko von Auskreuzungen von Gentechnik-Pflanzen in wilde Verwandte kann sich unter den Bedingungen des Klimawandels erhöhen. So sind bereits Fälle beschrieben, in denen Hybriden von Kultur- und Wildpflanzen unter Stressbedingungen besonders durchsetzungsstark sind (Mercer et al., 2007). Erhöhter Genfluss unter extremen klimatischen Bedingungen wurde in Versuchen mit Raps dokumentiert (Franks & Weis, 2009). In der Studie wurde eine Verschiebung und Angleichung von Blühzeitpunkten zwischen den Arten festgestellt.

6. Vorsorge und Rückholbarkeit

Vor diesem Hintergrund stellt sich die Frage, wie mit gentechnisch veränderten Organismen in der Risikoabschätzung umzugehen ist,

- a. die sich in der Umwelt ausbreiten können, wenn sie (ungewollt) aus ihrer vorgesehenen kontrollierten Umgebung entkommen;
- b. bei denen es unklar ist, ob dauerhaft von einer Persistenz (Invasivität) auszugehen ist, auch wenn noch keine Auskreuzung in Wildarten stattgefunden hat.
- c. bei denen es unstrittig ist, dass sie sich mit hoher Wahrscheinlichkeit unkontrolliert ausbreiten werden, wenn sie einmal freigesetzt sind.

In der Risikoabschätzung, wie sie beispielsweise in der EU praktiziert wird, finden die Kriterien der Persistenz und Invasivität durchaus Beachtung (EFSA, 2010). Allerdings fehlen bislang eindeutige regulatorische Vorgaben, wie mit gentechnisch veränderten Organismen umzugehen ist, deren Rückholbarkeit unwahrscheinlich oder gar unmöglich ist. So sieht die Risikoabschätzung der EFSA (2010) nicht vor, dass im Fall von gentechnisch veränderten Pflanzen, die sich persistent oder sogar invasiv verhalten, Anträge auf Inverkehrbringung grundsätzlich negativ beurteilt werden. Vielmehr geht die EFSA davon aus, dass diese biologischen Merkmale per se noch nicht als Risiko anzusehen sind. So heißt es in der Zusammenfassung des entsprechenden Kapitels der EFSA-Prüfrichtlinien (Seite 49):

„Die Risikobewertung sollte Schlussfolgerungen enthalten (1) über die Auswirkungen der GV-Pflanze und / oder von kreuzbaren verwandten Pflanzen auf das Produktionssystem, insbesondere durch verstärkte Unkrauteigenschaften und intensivere Unkrautbekämpfung; (2) über die Auswirkungen der GV-Pflanze und / oder kreuzbarer Verwandter auf naturnahe und natürliche Lebensräume, durch eine Veränderung der Invasivität oder die Verringerung der biologischen Vielfalt oder die Beeinträchtigung ökologischer Funktionen, (3) warum ein erwartbarer Schaden als akzeptabel angesehen werden kann, und (4) darüber, welche Maßnahmen erforderlich sein könnten, um Schäden abzumildern.“ (Übersetzung Testbiotech)

Mit anderen Worten: Falls nicht schon zum Zeitpunkt der Inverkehrbringung abzusehen ist, dass tatsächlich die biologische Vielfalt oder deren ökologische Funktionsfähigkeit durch die gentechnisch veränderten Pflanzen erheblich gestört werden, werden Persistenz und Invasivität von gentechnisch veränderten Pflanzen als „vertretbare Risiken“ eingestuft.

Testbiotech hält diese Praxis im Hinblick auf das Vorsorgeprinzip für nicht vertretbar. Das Vorsorgeprinzip ist die Basis der Risikobewertung und des Risikomanagements bei der Freisetzung und Inverkehrbringung gentechnisch veränderter Organismen in der EU (Artikel 1 der Dir. 2001/18). Auf der Grundlage des Vorsorgeprinzips können zwar gentechnisch veränderte Organismen (GVO) in Verkehr gebracht werden, auch wenn noch Unsicherheiten bezüglich deren tatsächlichen Risiken für Mensch und Umwelt bestehen. Die GMO müssen aber in jedem Fall durch ein Monitoring überwacht werden. Sobald sich dabei Erkenntnisse für eine tatsächliche Gefährdung von Mensch und Umwelt ergeben, müssen Notfallmaßnahmen ergriffen werden (Art. 23):

„Die Mitgliedsstaaten stellen sicher, dass im Fall einer ersten Gefahr Notfallmaßnahmen, beispielsweise die Aussetzung oder Beendigung des Inverkehrbringens, getroffen werden, einschließlich der Unterrichtung der Öffentlichkeit.“

Zudem gilt die Bewilligung der Marktzulassung nur für zehn Jahre (Art. 15 (4) der Richtlinie 2001/18). Nach zehn Jahren muss die Zulassung erneut überprüft werden – treten neue Sachverhalte auf, kann oder muss die Zulassung ggf. verweigert werden. Verliert der gentechnisch veränderte Organismus seine Zulassung, muss er wieder aus der Umwelt entfernt werden (Art. 4 (5) und 17 der Richtlinie 2001/18).

Die Freisetzung oder Inverkehrbringung von gentechnisch veränderten Organismen, deren Ausbreitung nicht kontrolliert werden kann, stehen mit diesen Bestimmungen grundsätzlich in Konflikt. Das Vorsorgeprinzip, wie es in der Agenda 21 und der Richtlinie 2001/18 verankert ist, kann nur funktionieren, wenn in Fällen, in denen dies notwendig erscheint, auch tatsächlich Maßnahmen ergriffen werden können. Damit ist die Rückholbarkeit (zeitliche und räumliche Kontrollierbarkeit) von gentechnisch veränderten Organismen eine entscheidende Voraussetzung dafür, dass Vorsorge überhaupt betrieben werden kann. Wenn ein GVO nicht mehr aus der Umwelt zurückgeholt werden kann, läuft das Vorsorgeprinzip faktisch ins Leere. Damit ist die Rückholbarkeit als eine obligatorische Voraussetzung für jegliche Freisetzung oder Inverkehrbringung gentechnisch veränderter Organismen anzusehen.

Aus einem von Testbiotech in Auftrag gegebenen Rechtsgutachten (Krämer, 2013) ergibt sich, dass die bestehenden Regelungen der EU im Hinblick auf die Rückholbarkeit von gentechnisch veränderten Organismen ergänzt werden sollten, um bestehende Rechtsunsicherheiten auszuräumen und Klarheit über die Zulassungsvoraussetzungen von GVO zu schaffen. Unklar ist unter anderem, wie mit GVO verfahren werden soll, deren Potenzial zur Persistenz und/oder Invasivität nicht eindeutig einzuschätzen ist oder die sich ungewollt verbreiten können, sobald die vorgesehenen Sicherheitsbarrieren versagen. Derartige Probleme werden u. a. im Fall von gentechnisch veränderten Lachsen diskutiert.

Aus dem Gutachten geht ebenfalls hervor, dass weder in der Gesetzgebung der USA noch im internationalen Regelwerk der Konvention über die biologische Vielfalt (CBD) entsprechende Grundprinzipien oder rechtlich bindende Regelungen existieren, die als ausreichend angesehen werden können.

7. Empfehlungen

In den betroffenen Ländern und Regionen müssen zeitnah wirksame Maßnahmen ergriffen werden, um die weitere Ausbreitung der gentechnisch veränderten Pflanzen so weit als möglich einzudämmen und weitere Quellen für den Eintrag in die Umwelt zu unterbinden.

Mittelfristig sollten ausreichende Regelungen geschaffen werden, um derartigen Problemen effektiv vorzubeugen. International sollten beispielsweise einheitliche Regelungen eingeführt werden, um zu verhindern, dass die Zentren der biologischen Vielfalt, die für den Erhalt und die züchterische Entwicklung unserer Nutzpflanzen entscheidend sind, unkontrolliert mit gentechnisch veränderten Pflanzen kontaminiert werden. Dies liegt nicht nur in der Verantwortung der jeweiligen Länder und Regionen, sondern aller, die die Nutzung entsprechender Technologien betreiben (wollen).

Auf der Grundlage der dokumentierten Fälle und im Hinblick auf die bestehenden Grenzen unseres Wissens über Verbreitung, Wechselwirkungen und langfristiges Verhalten von gentechnisch veränderten Organismen empfehlen wir, Importe, Freisetzungen und Inverkehrbringungen von gentechnisch veränderten Organismen zu untersagen, falls:

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

Der Bedarf für derartige Regelungen wird aufgrund verschiedener aktueller Entwicklungen dringlich: Neben gentechnisch veränderten Pflanzen werden seit wenigen Jahren auch gentechnische veränderte Insekten freigesetzt⁷. Zudem stehen mit GVOs wie dem Lachs der Firma Aquabounty auch erstmals gentechnisch veränderte Fische zur Zulassung an⁸. Und schließlich darf nicht übersehen werden, dass auch die Entwicklung von Organismen mithilfe der Synthetischen Biologie neue Herausforderungen an Kontrolle und Vorsorge stellt (Then & Hamberger, 2010).

Um darüber hinaus langfristige Vorsorge zu treffen, bietet sich die Entwicklung eines Schutzkonzeptes der ökologischen Integrität beziehungsweise der evolutionären Integrität an. Pimentel et al. (2000) definieren ökologische Integrität wie folgt:

„Ökologische Integrität sollte definiert sein als die unverminderte Fähigkeit eines Ökosystems, seinen natürlichen Evolutionspfad fortzuführen, normale Veränderungen im Lauf der Zeit zu durchlaufen, und sich wieder von Störungen erholen zu können.“ (Übersetzung: Testbiotech)

Mit diesem Schutzkonzept würde also das Ziel verfolgt, Ökosystemen die Möglichkeit zu erhalten, sich an Veränderungen anpassen zu können und sie nicht durch menschliche Fremdeinwirkungen zum „Entgleisen“ zu bringen. Breckling (2009) schlägt in diesem Zusammenhang das Konzept der „evolutionary integrity“ vor, das bei der Risikobewertung gentechnisch veränderter Organismen berücksichtigt werden soll:

⁷ Siehe zum Beispiel: <http://www.genewatch.org/sub-566989>

⁸ Siehe zum Beispiel: <http://www.centerforfoodsafety.org/issues/309/ge-fish/about-ge-fish>

„The concept of evolutionary integrity is relevant when transgenic DNA persists in gene pools of natural populations. It points to uncertainties how transgenes might interfere with the self-organisation of organisms and population dynamic implications.“

Die Möglichkeit von Lebewesen, sich im Rahmen evolutionärer Mechanismen durch Selbstorganisation und wechselseitige Anpassung zu entwickeln, kann als ein wesentlicher Aspekt des Schutzes der biologischen Vielfalt angesehen werden. So wie man versucht, Ökosysteme grundsätzlich vor dem Eintrag langlebiger chemischer Stoffe zu schützen, die in der Umwelt akkumulieren können⁹, kann man aus dem Konzept der ökologischen oder evolutionären Integrität ableiten, dass eine unkontrollierte Verbreitung von gentechnisch produzierten und synthetischen Organismen in der Umwelt vermieden werden sollte (siehe auch Then & Hamberger, 2010).

⁹ Siehe EU Regulation (EC) No 1907/2006

Literaturverzeichnis

- Aas, G.** (2006) Die Schwarzpappel (*Populus nigra*) – Zur Biologie einer bedrohten Baumart. In: Beiträge zur Schwarzpappel, Berichte der Bayerischen Landesanstalt für Wald und Forstwirtschaft (LWF) (Hrsg.), Freising.
- Adugna, A., & Bekele, E.** (2013) Morphology and fitness components of wild \times crop F₁ hybrids of *Sorghum bicolor* (L.) in Ethiopia: implications for survival and introgression of crop genes in the wild pool. *Plant Genetic Resources: Characterization and Utilization*: 1-10 (first view).
- Aono, M., Wakiyama, S., Nagatsu, M., Nakajima, N., Tamaoki, M., Kubo, A., Saji, H.** (2006) Detection of feral transgenic oilseed rape with multiple-herbicide resistance in Japan. *Environmental Biosafety Research*, 5(2): 77-87.
- Aono, M., Wakiyama, S., Nagatsu, M., Kaneko, Y., Nishizawa, T., Nakajima, N., Tamaoki, M., Kubo, A., Saji, H.** (2011) Seeds of a possible natural hybrid between herbicide-resistant *Brassica napus* and *Brassica rapa* detected on a riverbank in Japan. *GM Crops*, 2(3): 201-10.
- Arriola, P.E., Ellstrand, N.C.** (1996) Crop to weed gene flow in the genus *Sorghum* (*Poaceae*): Spontaneous interspecific hybridization between johnsongrass, *Sorghum halepense*, and crop sorghum *S. bicolor*. *American Journal of Botany*, 83(9): 1153-1160.
- Arndt, N., & Pohl, M.** (2005) Analyse der bei Freisetzungen gentechnisch veränderter Pflanzen durchgeführten Sicherheitsmaßnahmen: Erhebungszeitraum 1998-2004. Bundesamt für Naturschutz, Skript 147.
- Aslaksen, I., Natvig, B., Nordal, I.** (2006) Environmental risk and the precautionary principle: “late lessons from early warnings” applied to genetically modified plants. *Journal of Risk Research*, 9(3): 205-224.
- Bagavathiannan, M.V., Begg, G.S., Gulden, R.H., Van Acker, R.C.** (2012) Modelling the Dynamics of Feral Alfalfa Populations and Its Management Implications. *PLoS ONE* 7(6): e39440.
- Bagavathiannan, M.V., Spök, A., Van Acker, R.C.** (2011) Commercialization of Perennial GE Crops. *Journal of Agricultural and Environmental Ethics*, 24(3): 227-242.
- Baltazar, B.M., de Jesus Sanchez-Gonzalez, J., de la Cruz-Larios, L., Schoper, J.B.** (2005) Pollination between maize and teosinte: an important determinant of gene flow in Mexico. *TAG Theoretical and Applied Genetics*, 110(3): 519-526.
- Bannert, M.** (2006) Simulation of transgenic pollen dispersal by use of different grain colour maize. Eidgenössische Technische Hochschule, Thesis ETH No. 16508.
- Beckie, H.J., Warwick, S.I., Nair, H., Séguin-Swartz, G.** (2003) Gene flow in commercial fields of herbicide-resistant canola. *Ecological Applications* 13(5): 1276-1294.
- Beckie, H.J., Hall, L.M., Simard, M.J., Leeson, J.Y., Willenborg, C.J.** (2010) A framework for postrelease environmental monitoring of second-generation crops with novel traits. *Crop Science*, 50(5): 1587-1604.
- BfN** (2005) Gebietsfremde Arten: Positionspapier des Bundesamtes für Naturschutz. BfN-Skripten, 128.
- Bialozyt, R.** (2012) Gene flow in poplar-experiments, analysis and modeling to prevent transgene outcrossing. *iForest-Biogeosciences and Forestry*, 5(1): 147-152.
- Bondera, M., & Query, M.** (2006) Hawaiian papaya: GMO contaminated. Hawaii SEED. <http://hawaiiseed.org/wp-content/uploads/2012/11/Papaya-Contamination-Report.pdf>
- Breckling, B.** (2009). Evolutionary integrity – an issue to be considered in the long-term and large-scale assessment of genetically modified organisms in: Breckling, B., Reuter, H. & Verhoeven, R. (2008) Implications of GM-Crop Cultivation at Large Spatial Scales. *Theorie in der Ökologie* 14. Frankfurt, Peter Lang.

- Breckling, B.** (2013) Transgenic evolution and ecology are proceeding. In: Breckling, B. & Verhoeven, R. (2013) GM-Crop Cultivation – Ecological Effects on a Landscape Scale. Theorie in der Ökologie 17. Frankfurt, Peter Lang.
- CCWA** (2012) A survey of roadside fugitive GM (Roundup Ready) canola plants at Williams, Western Australia. Conservation Council of Western Australia. <http://ccwa.org.au/content/fugitive-gm-canola-study>
- CEC** (2004) Maize and Biodiversity - The Effects of Transgenic Maize in Mexico: Key Findings and Recommendations, Article 13 Report. Commission for Environmental Cooperation of North America.
- Chavez, N.B., Flores, J.J., Martin, J., Ellstrand, N.C., Guadagnuolo, R., Heredia, S., Welles, S.R.** (2012) Maize x Teosinte Hybrid Cobs Do Not Prevent Crop Gene Introgression. *Economic Botany*, 66(2): 132-137.
- Chen, L.J., Lee, D.S., Song, Z.P., Suh, H.S., Lu, B.R.** (2004) Gene flow from cultivated rice (*Oryza sativa*) to its weedy and wild relatives. *Annals of Botany*, 93(1): 67-73.
- Claessen, D., Gilligan, C.A., & Van Den Bosch, F.** (2005) Which traits promote persistence of feral GM crops? Part 2: implications of metapopulation structure. *Oikos*, 110(1): 30-42.
- Clements, D.R., & Ditommaso, A.** (2011) Climate change and weed adaptation: can evolution of invasive plants lead to greater range expansion than forecasted?. *Weed Research*, 51(3): 227-240.
- Daniels, R., Boffey, C., Mogg, R., Bond, J. & Clarke, R.** (2005) The potential for dispersal of herbicide tolerance genes from genetically-modified, herbicide-tolerant oilseed rape crops to wild relatives. Final report to DEFRA.
- Davidson, S.N.** (2008) Forbidden fruit: transgenic papaya in Thailand. *Plant physiology*, 147(2): 487-493.
- Demeke, T., Perry, D. J., Scowcroft, W. R.** (2006) Adventitious presence of GMOs: scientific overview for Canadian grains. *Canadian Journal of Plant Science*, 86(1), 1-23.
- Devos, Y., De Schrijver, A., Reheul, D.** (2009) Quantifying the introgressive hybridisation propensity between transgenic oilseed rape and its wild/weedy relatives. *Environmental Monitoring and Assessment*, 149(1-4): 303-322.
- D’Hertefeldt, T., Jørgensen, R.B., Pettersson, L.B.** (2008) Longterm persistence of GM oilseed rape in the seedbank. *Biology Letters*, 4(3): 314-317.
- Di, K., Stewart, C.N., Wei, W., Shen, B.C., Tang, Z.X., Ma, K.P.** (2009) Fitness and maternal effects in hybrids formed between transgenic oilseed rape (*Brassica napus* L.) and wild brown mustard [*B. juncea* (L.) Czern et Coss.] in the field. *Pest management science*, 65(7): 753-760.
- DiFazio, S.P., Leonardi, S., Slavov, G.T., Garman, S.L., Thomas Adams, W., Strauss, S.H.** (2012) Gene flow and simulation of transgene dispersal from hybrid poplar plantations. *New Phytologist*, 193(4): 903-915.
- Du, Q., Wang, B., Wei, Z., Zhang, D., Li, B.** (2012) Genetic diversity and population structure of Chinese white poplar (*Populus tomentosa*) revealed by SSR markers. *Journal of Heredity*, 103(6): 853-862.
- Dyer, G., Serratos-Hernández, A., Perales, H., Gepts, P., Piñeyro-Nelson, A., Chávez, A., Salinas-Arreortua, N., Yúnez-Naude, A., Taylor, J.E., Alvarez-Buylla, E.R.** (2009) Dispersal of transgenes through maize seed systems in Mexico. *PLoS One*, 4(5): e5734.
- Eastick, R.** (2002) Evaluation of the potential weediness of transgenic cotton in northern Australia. Australian Cotton Cooperative Research Centre.
- Eastick, R.J., & Hearnden, M.N.** (2006) Potential for Weediness of Bt Cotton in Northern Australia. *Weed Science*, 54(6): 1142-1151.

- Ecker, G., Meyer, T., Auer, C.** (2013) Pollen Longevity and Dispersion Models for Switchgrass. *Crop Science*, 53(3): 1120-1127.
- EFSA** (2010) Guidance on the environmental risk assessment of genetically modified plants. *EFSA Journal* 2010; 8(11): 1879, doi:10.2903/j.efsa.2010.1879. Available online: www.efsa.europa.eu/efsajournal.htm
- Ellstrand, N. C.** (2003). *Dangerous Liaisons? When cultivated plants mate with their wild relatives.* Johns Hopkins University Press, Baltimore.
- Ellstrand, N. C., Garner, L. C., Hedge, S., Guadagnuolo, R., Blancas, L.** (2007) Spontaneous hybridization between maize and teosinte. *Journal of Heredity*, 98(2): 183-187.
- Ellstrand, N.C.** (2012) Over a Decade of Crop Transgenes Out-of-Place. In: *Regulation of Agricultural Biotechnology: The United States and Canada*, Edited by Chris A. Wozniak and Alan McHughen: 123-135. Springer, Netherlands.
- Ewald, D., Hu, J., Yang, M.** (2006) Transgenic forest trees in China. In: *Tree Transgenesis*, Edited by Mathias Fladung and Dietrich Ewald: 25-45. Springer, Berlin Heidelberg.
- Ezcurra, E., Ortiz, S., Soberon Mainero, J.** (2001) Evidence of gene flow from transgenic maize to local varieties in Mexico. In: *LMOs and the Environment: Proceedings of an International Conference*, OECD, Durham, North Carolina: 289-295.
- FAO** (2009) 23rd Session of the International Poplar Commission and 44th Session of its Executive Committee Beijing, China, 26-30 October 2008.
- FAOSTAT** (2013) Statistical Databases. Statistics Division of the Food and Agriculture Organization of the United Nations. <http://faostat.fao.org/>
- Ferrero A.** (2003) Weedy rice, biological features and control, in: *FAO plant production and protection paper 120 Add. 1, Weed Management for Developing Countries Addendum 1* Edited by R. Labrada, FAO, Rome, 2003.
- Franks, S.J., & Weis, A.E.** (2009) Climate change alters reproductive isolation and potential gene flow in an annual plant. *Evolutionary Applications*, 2(4): 481-488.
- Franzaring, J., Holz, I., Fangmeier, A., & Zipperle, J.** (2008) Monitoring the absence of glyphosate and glufosinate resistance traits in feral oilseed rape and wild crucifer populations. Implications of GM crop cultivation at large spatial scales. *Theorie in der Ökologie*, 14, 90-92.
- Friesen, L.F., Nelson, A.G., Van Acker, R.C.** (2003) Evidence of contamination of IR (*Brassica napus*) seedlots in western Canada with genetically engineered herbicide resistance traits. *Agronomy Journal* 95(5): 1342-1347.
- Gepts, P.** (2004) Crop domestication as a long-term selection experiment. *Plant breeding reviews*, 24(2): 1-44.
- Gilbert, N.** (2010) GM crops escape into the American wild, Transgenic canola found growing freely in North Dakota. *Nature News*, 6 August 2010.
- Gilbert, N.** (2013) Case studies: A hard look at GM crops. *Nature*, 497(7447): 24-26.
- Greenpeace** (2005a) Genetically engineered rice: illegal and unwanted in China. www.greenpeace.org.uk/media/reports/genetically-engineered-rice-illegal-and-unwanted-in-china
- Greenpeace** (2005b) Illegal GE rice contamination spreads to major Chinese city. www.greenpeace.org/eastasia/press/releases/food-agriculture/2005/20050613_ge_rice_gz_html/
- Greenpeace** (2012) Why GE field trials are a risky (and expensive) business. www.greenpeace.org/international/Global/international/publications/agriculture/2012/GEFactSheet-03-2012.pdf

- Guadagnuolo, R., Clegg, J., Ellstrand, N.** (2006) Relative fitness of transgenic vs. non-transgenic maize x teosinte hybrids: A field evaluation. *Ecological Applications*, 16(5): 1967-1974.
- Hecht, M., Oehen, B., Schulze, J., Brodmann, P., Bagutti, C.** (2013) Detection of feral GT73 transgenic oilseed rape (*Brassica napus*) along railway lines on entry routes to oilseed factories in Switzerland. *Environmental Science and Pollution Research: 1-11* (first view).
- Hegde, S.G., Nason, J.D., Clegg, J.M., Ellstrand, N.C.** (2006) The evolution of California's wild radish has resulted in the extinction of its progenitors. *Evolution*, 60(6): 1187-1197.
- Heuberger, S., Ellers-Kirk, C., Tabashnik, B.E., Carrière, Y.** (2010) Pollen- and Seed-Mediated Transgene Flow in Commercial Cotton Seed Production Fields. *PLoS ONE* 5(11): e14128.
- Hjältén, J., Axelsson, E.P., Whitham, T.G., LeRoy, C.J., Julkunen-Tiitto, R., Wennström, A., Pilate, G.** (2012) Increased Resistance of Bt Aspens to *Phratora vitellinae* (Coleoptera) Leads to Increased Plant Growth under Experimental Conditions. *PLoS one*, 7(1): e30640.
- Hofmann, N., & Neuber, G.** (2007) Untersuchungen zur Verbreitung und Anreicherung von Transgensequenzen in der Umwelt über Auskreuzung und Bodeneintrag am Beispiel von HR-Raps. Bundesamt für Naturschutz, Skript 188.
- Huang, X., Kurata, N., Wei, X., Wang, Z.X., Wang, A., Zhao, Q., ... & Han, B.** (2012) A map of rice genome variation reveals the origin of cultivated rice. *Nature*, 490(7421): 497-501.
- International Service for the Acquisition of Agri-Biotech Applications (ISAAA)** (2012) Executive summary: Global status of commercialized biotech/GM crops, 2011, ISAAA Brief 43-2011.
- International Service for the Acquisition of Agri-Biotech Applications (ISAAA)** (2013) Executive summary: Global status of commercialized biotech/GM crops, 2012, ISAAA Brief 44-2012.
- Jeong-su, K.** (2013) More genetically modified crops found growing in South Korea. The Hankyoreh, South Korea, 6.6.2013.
- Kanya, J.I., Kinyamario, J.I., Amugune, N.O., Hauser, T.P.** (2009) Dispersal distance of rice (*Oryza sativa* L.) pollen at the Tana River delta in the coast province, Kenya. *African Journal of Biotechnology*, 8(10): 2265-2270.
- Kawata, M., Murakami, K., Ishikawa, T.** (2009) Dispersal and persistence of genetically modified oilseed rape around Japanese harbors. *Environmental Science and Pollution Research*, 16(2): 120-126.
- Knispel, A.L., McLachlan, S.M., Van Acker, R.C., Friesen, L.F.** (2008) Gene flow and multiple herbicide resistance in escaped canola populations. *Weed Science*, 56(1): 72-80.
- Knispel, A.L., & McLachlan, S.M.** (2010) Landscape-scale distribution and persistence of genetically modified oilseed rape (*Brassica napus*) in Manitoba, Canada. *Environmental Science and Pollution Research*, 17(1): 13-25.
- Krämer, L., 2013 Genetically Modified Living Organisms and the Precautionary Principle, legal dossier commissioned by Testbiotech, www.testbiotech.de/node/904**
- Lee, B., Kim, C.G., Park, J.Y., Park, K.W., Kim, H.J., Yi, H., Jeong, S.C., Yoon, W.K., Kim, H.M.** (2009) Monitoring the occurrence of genetically modified soybean and maize in cultivated fields and along the transportation routes of the Incheon Port in South Korea. *Food Control*, 20(3): 250-254.
- Lefèvre, F., Barsoum, N., Heinze, B., Kajba, D., Rotach, P., De Vries, S. M. G., & Turok, J.** (2001) EUFOR-GEN Technical Bulletin: In situ conservation of *Populus nigra*. International Plant Genetic Resources Institute. Rome, Italy: 1-58.
- Letourneau, D.K., & Hagen, J.A.** (2012) Plant Fitness Assessment for Wild Relatives of Insect Resistant Bt-Crops. *Journal of Botany*.

- Lewis, E.** (2013) The Rate and Characterization of Hybridization Between Wild-Type and Cultivated Switchgrass (*Panicum virgatum* L) for Biofuel Use. Thesis, Ohio State University.
- Llewellyn, D.J., Tyson, C., Constable, G.A., Duggan, B., Beale, S., Steel, P.** (2007) Containment of regulated genetically modified cotton in the field. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 121(4): 419-429.
- Londo, J.P., Bautista, N.S., Sagers, C.L., Lee, E.H., Watrud, L.S.** (2010) Glyphosate drift promotes changes in fitness and transgene gene flow in canola (*Brassica napus*) and hybrids. *Annals of Botany*, 106(6): 957-965.
- Londo, J.P., Bollman, M.A., Sagers, C.L., Lee, E.H., Watrud, L.S.** (2011) Glyphosate-drift but not herbivory alters the rate of transgene flow from single and stacked trait transgenic canola (*Brassica napus*) to nontransgenic *B. napus* and *B. rapa*. *New Phytologist*, 191(3): 840-849.
- Lu, M., Chen, X., Hu, J.** (2006) Empirical assessment of gene flow from transgenic poplar plantation in: Ninth International Symposium on the Biosafety of Genetically Modified Organisms Biosafety Research and Environmental Risk Assessment Jeju Island, Korea September 24-29, 2006.
- Lu, B.R., & Yang, C.** (2009) Gene flow from genetically modified rice to its wild relatives: Assessing potential ecological consequences. *Biotechnology Advances*, 27(6): 1083-1091.
- Lu, M.Z., Hu, J.J.** (2011) A brief overview of field testing and commercial application of transgenic trees in China. *BMC Proceedings* 2011, 5(Suppl 7): O63.
- Lu, B.R.** (2013) Introgression of transgenic crop alleles: its evolutionary impacts on conserving genetic diversity of crop wild relatives. *Journal of Systematics and Evolution*, 51(3): 245-262.
- Lutman, P.J.W., Freeman, S.E., Pekrun, C.** (2003) The long-term persistence of seeds of oilseed rape (*Brassica napus*) in arable fields. *The Journal of Agricultural Science*, 141(2): 231-240.
- Mallory-Smith, C.** (2011) Glyphosate resistant creeping bentgrass: same song second verse. Western Society of Weed Science, Abstract 122.
- Manjunath, T. M.** (2005) Safety of Bt cotton: Facts allay fear. AgBioWorld. <http://www.agbioworld.org/biotech-info/articles/biotech-art/safety-bt-cotton.html>
- Marvier, M., Van Acker, R.C.** (2005) Can crop transgenes be kept on a leash? *Frontiers in Ecology and the Environment* 3(2): 99-106.
- Mason, P., Braun, L., Warwick, S.I., Zhu, B., Stewart, C.N. Jr** (2003) Transgenic Bt-producing *Brassica napus*: *Plutella xylostella* selection pressure and fitness of weedy relatives. *Environmental Biosafety Research*, 2: 263-276.
- McCauley, R., Davies, M., & Wyntje, A.** (2012). The Step-wise Approach to Adoption of Genetically Modified (GM) Canola in Western Australia. *AgBioForum*, 15(1): 61-69.
- Meier, M.S., Trtikova, M., Suter, M., Edwards, P.J., Hilbeck, A.** (2013) Simulating evolutionary responses of an introgressed insect resistance trait for ecological effect assessment of transgene flow: a model for supporting informed decision-making in environmental risk assessment. *Ecology and Evolution*, 3(2): 416-423.
- Mercer, K.L., Andow, D.A., Wyse, D.L., Shaw, R.G.** (2007) Stress and domestication traits increase the relative fitness of crop-wild hybrids in sunflower. *Ecology Letters*, 10(5): 383-393.
- Mercer, K.L., Wainwright, J.D.** (2008) Gene flow from transgenic maize to landraces in Mexico: an analysis. *Agriculture, Ecosystems and Environment*, 123(1-3): 109-115.
- Mizuguti, A., Yoshimura, Y., Shibaïke, H., Matsuo, K.** (2011) Persistence of feral populations of *Brassica napus* originated from spilled seeds around the Kashima seaport in Japan. *Japanese Agricultural Research Quarterly*, 45(2): 181-5.

- Moch, K.** (2006) Epigenetische Effekte bei transgenen Pflanzen: Auswirkungen auf die Risikobewertung. Bundesamt für Naturschutz, Skripten 187.
- Molina, J., Sikora, M., Garud, N., Flowers, J.M., Rubinstein, S., Reynolds, A., ... & Purugganan, M. D.** (2011) Molecular evidence for a single evolutionary origin of domesticated rice. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 108(20): 8351-8356.
- Munier, D.J., Brittan, K.L., Lanini, W.T.** (2012) Seed bank persistence of genetically modified canola in California. *Environmental Science and Pollution Research*, 19(6): 2281-2284.
- NASS** (2012) Acreage Report. National Agricultural Statistics Service, Agricultural Statistics Board, United States Department of Agriculture (USDA), released June 29, 2012. <http://www.usda.gov/nass/PUBS/TODAYRPT/acrg0612.pdf>
- Nishizawa, T., Nakajima, N., Aono, M., Tamaoki, M., Kubo, A., Saji, H.** (2009) Monitoring the occurrence of genetically modified oilseed rape growing along a Japanese roadside: 3- year observations. *Environmental Biosafety Research*, 8(1): 33-44.
- OECD** (2003) Consensus Document on the biology of *Zea mays* subsp. *maize* (Maize). Organisation for Economic Co-operation and Development.
- OECD** (2008) Consensus Document on the Biology of Cotton (*Gossypium* spp.). Organisation for Economic Co-operation and Development.
- OECD** (2012) Consensus Document on the Biology of *Brassica* crops (*Brassica* spp.). Organisation for Economic Co-operation and Development.
- OGTR** (2005) The biology and ecology of rice (*Oryza sativa*) in Australia. Office of the Gene Technology Regulator, Australian Government Department of Health and Ageing.
- OGTR** (2008a) The biology of *Gossypium hirsutum* L. and *Gossypium barbadense* L. (Cotton), Ver. 2. Office of the Gene Technology Regulator, Australian Government Department of Health and Ageing.
- OGTR** (2008b) The biology of *Zea mays* L. ssp. *mays* (maize or corn). Office of the Gene Technology Regulator, Australian Government Department of Health and Ageing.
- Ortíz-García, S., Ezcurra, E., Schoel, B., Acevedo, F., Soberón, J., Snow, A.A.** (2005) Absence of detectable transgenes in local landraces of maize in Oaxaca, Mexico (2003–2004). *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 102: 12338-12343.
- Parepa, M., Fischer, M., & Bossdorf, O.** (2013). Environmental variability promotes plant invasion. *Nature communications*, 4: 1604.
- Park, K.W., Lee, B., Kim, C.G., Kim, D.Y., Park, J.Y., Ko, E.M., Jeong, S.C., Choi, K.F., Yoon, W.K., Kim, H.M.** (2010) Monitoring the occurrence of genetically modified maize at a grain receiving port and along transportation routes in the Republic of Korea. *Food Control*, 21(4): 456-461.
- Pearce, F.** (2004) China's GM trees get lost in bureaucracy, *New Scientist*, 20 September 2004.
- Pfender, W., Graw, R., Bradley, W., Carney, M., Maxwell, L.** (2007) Emission rates, survival, and modeled dispersal of viable pollen of creeping bentgrass. *Crop science*, 47(6): 2529-2539.
- Pimentel, D., Westra, L., & Noss, R.F.** (Eds.). (2000). *Ecological integrity: integrating environment, conservation, and health*. Island Press.

- Piñeyro-Nelson, A., Van Heerwaarden, J., Perales, H.R., Serratos-Hernández, J.A., Rangel, A., Hufford, M.B., Gepts, B., Garay-Arroyo, A., Rivera-Bustamante, R., Álvarez-Buylla, E.R.** (2009) Transgenes in Mexican maize: molecular evidence and methodological considerations for GMO detection in landrace populations. *Molecular Ecology*, 18(4): 750-761.
- Pivard, S., Adamczyk, K., Lecomte, J., Lavigne, C., Bouvier, A., Deville, A., Huet, S.** (2007) Where do the feral oilseed rape populations come from? A large-scale study of their possible origin in a farmland area. *Journal of Applied Ecology*, 45(2): 476-485.
- Quist, D. & Chapela, I.H.** (2001) Transgenic DNA introgressed into traditional maize landraces in Oaxaca, Mexico, *Nature*, 414: 541-542.
- RASFF** (2013) Rapid Alert System for Food and Feed. <https://webgate.ec.europa.eu/rasff-window/portal/>
- Ramsay, G., Thompson, C., Squire, G.** (2003) Quantifying landscape-scale gene flow in oilseed rape. Final Report of DEFRA Project RG0216: An experimental and mathematical study of the local and regional scale movement of an oilseed rape transgene. http://www.scri.ac.uk/scri/file/EPI/Agroecology/Landscape_scale_gene_flow_in_oilseed_rape_rg0216.pdf
- Reichmann, J.R., Watrud, L.S., Lee, E.H., Burdick, C., Bollmann, M.A., Storm, M.J., King, G.A., Mallory-Smith, C.** (2006) Establishment of transgenic herbicide-resistant creeping bentgrass (*Agrostis stolonifera*) in nonagricultural habitats. *Molecular Ecology*, 15(13): 4243-4255.
- Richards, J.S., Stanley, J.N., Gregg, P.C.** (2005) Viability of cotton and canola pollen on the proboscis of *Helicoverpa armigera*: Implications for spread of transgenes and pollination ecology. *Ecological Entomology*, 30(3): 327-333.
- Ridley, C.E., Ellstrand, N.C.** (2009) Evolution of enhanced reproduction in the hybrid-derived invasive, California wild radish (*Raphanus sativus*). *Biological Invasions*, 11(10): 2251-2264.
- Rose, C., Millwood, R., Moon, H., Rao, M., Halfhill, M., Raymer, P., Stewart, C.N.** (2009) Genetic load and transgenic mitigating genes in transgenic *Brassica rapa* (field mustard) × *Brassica napus* (oilseed rape) hybrid populations. *BMC biotechnology*, 9(1): 93.
- Rotter, D., Ambrose, K. V., & Belanger, F. C.** (2010) Velvet bentgrass (*Agrostis canina* L.) is the likely ancestral diploid maternal parent of allotetraploid creeping bentgrass (*Agrostis stolonifera* L.). *Genetic resources and crop evolution*, 57(7): 1065-1077.
- Saji, H., Nakajima, N., Aono, M., Tamaoki, M., Kubo, A., Wakiyama, S., Hatase, Y., Nagatsu, M.,** (2005) Monitoring the escape of transgenic oilseed rape around Japanese ports and roadsides. *Environmental Biosafety Research*, 4(4): 217-222.
- Schafer, M.G., Ross, A.A., Londo, J.P., Burdick, C.A., Lee, E.H., Travers, S.E., Van de Water, P.K., Sagers, C.L.** (2011) The Establishment of Genetically Engineered Canola Populations in the U.S.. *PLoS ONE* 6(10): e25736.
- Shilla, O., Hauser, T. P., Tibazarwa, F. I.** (2013) Distribution and Potential Impact of Feral Cotton on the Reintroduction of Cotton in the Southern Highlands, Tanzania. *Tanzania Journal of Science*, 38(2): 89-99.
- Schoenenberger, N., & D'Andrea, L.** (2012) Surveying the occurrence of spontaneous glyphosate-tolerant genetically engineered *Brassica napus* L. (*Brassicaceae*) along Swiss railways. *Environmental Sciences Europe*, 24(1): 1-8.
- Schütt, P., Schuck, H.J., Aas G., Lang U.** (1994) *Enzyklopädie der Holzgewächse, Handbuch und Atlas der Dendrologie*, Landsberg am Lech. ISBN 3-609-72203-0.

- Serratos-Hernández, J.A., Gómez-Olivares, J.L., Salinas-Arreortua, N., Buendía-Rodríguez, E., Islas-Gutiérrez, F., de-Ita, A.** (2007) Transgenic proteins in maize in the soil conservation area of Federal District, Mexico. *Frontiers in Ecology and the Environment*, 5(5): 247-252.
- Serratos-Hernández, J.A.** (2009) The origin and diversity of maize in the american continent. Greenpeace Mexico.
- Simard, M.J., Légère, A., Séguin-Swartz, G., Nair, H., Warwick, S.** (2005) Fitness of double vs. single herbicide-resistant canola. *Weed Science*, 53(4): 489-498.
- Simard, M.-J., Légère, A., Warwick, S.I.** (2006) Transgenic *Brassica napus* fields and *Brassica rapa* weeds in Québec: sympatry and weedcrop in situ hybridization. *Canadian Journal of Botany*, 84(12): 1842-1851.
- Slavov, G.T., Leonardi, S., Burczyk, J., Adams, W.T., Strauss, S.H., Difazio, S.P.** (2008) Extensive pollen flow in two ecologically contrasting populations of *Populus trichocarpa*. *Molecular Ecology*, 18(2): 357-373.
- Snow, A.A., Pilson, D., Rieseberg, L.H., Paulsen, M.J., Pleskac, N., Reagon, M.R., Wolf, D.E., Selbo, S.M.** (2003) A Bt transgene reduces herbivory and enhances fecundity in wild sunflowers. *Ecological Applications*, 13(2): 279-286.
- Snow, A.A.** (2012) Illegal gene flow from transgenic creeping bentgrass: the saga continues. *Molecular Ecology*, 21(19): 4663-4664.
- Song, Z.P., Lu, B.R., Zhu, Y.G., Chen, J.K.** (2003) Gene flow from cultivated rice to the wild species *Oryza rufipogon* under experimental field conditions. *New Phytologist*, 157(3): 657-665.
- Then, C. & Hamberger, S., Testbiotech** (2010) Genetically engineered trees – a ticking “time bomb”? Report prepared by Testbiotech and Society for Ecological Research (Germany), www.testbiotech.de/sites/default/files/101207_testbiotech_pappel_en.pdf
- Then, C., Testbiotech** (2013) Analysis of the data submitted by Monsanto to the Indian authorities on genetically engineered maize MON89034 x NK603, www.testbiotech.de/node/760
- Tomiuk, J., Wöhrmann, K., & Sentker, A.** (Eds.). (1996) *Transgenic organisms: biological and social implications*. Birkhäuser Basel.
- Tutin, T. G., Heywood, V. H. et al.** (eds.) (1992): *Flora Europaea*. Vol. 2., 5th reprint. Cambridge University Press, Cambridge: p. 469.
- Vacher, C., Weis, A. E., Hermann, D., Kossler, T., Young, C., Hochberg, M.E.** (2004) Impact of ecological factors on the initial invasion of Bt transgenes into wild populations of birdseed rape (*Brassica rapa*). *Theoretical and Applied Genetics*, 109(4): 806-814.
- Van Deynze, A.E., Sundstrom, F.J., Bradford, K.J.** (2005) Pollen-mediated gene flow in California cotton depends on pollinator activity. *Crop Science* 45: 1565-1570.
- Van de Water, P.K., L.S. Watrud, E.H. Lee, C. Burdick and G. King.** (2007). Long-distance GM pollen movement of creeping bentgrass using modeled wind trajectory analysis. *Ecological Applications*, 17(4): 1244-1256.
- Van de Wiel, C.C.M., Brink, L. van den ; Bus, C.B. ; Riemens, M.M.** (2011) Crop volunteers and climate change : effects of future climate change on the occurrence of maize, sugar beet and potato volunteers in the Netherlands. Wageningen : PPO-PRI.
- Vaughan, D.A., & Morishima, H.** (2003) Biosystematics of the genus *Oryza*. In: *Rice: origin, history, technology, and production*, edited by C. Wayne Smith, Robert H. Dilday. John Wiley & Sons, Hoboken, New Jersey.
- Vigueira, C.C., Li, W., Olsen, K.M.** (2013) The role of Bh4 in parallel evolution of hull colour in domesticated and weedy rice. *Journal of Evolutionary Biology*, 26(8): 1738-1749.

- Waminal, N.E., Ryu, K.H., Choi, S.H., Kim, H.H.** (2013) Randomly Detected Genetically Modified (GM) Maize (*Zea mays* L.) near a Transport Route Revealed a Fragile 45S rDNA Phenotype. *PloS One*, 8(9): e74060.
- Wang, H.** (2004) The state of genetically modified forest trees in China, Chinese Academy of Forestry, Beijing, FAO report.
- Wang, W., Xia H., Yang X., Xu T., Si, H.J., Cai X., X., Wang F., Su J., Snow A., Lu B-R.,** (2013) A novel 5-enolpyruvylshikimate-3-phosphate (EPSP) synthase transgene for glyphosate resistance stimulates growth and fecundity in weedy rice (*Oryza sativa*) without herbicide, *New Phytologist* DOI: 10.1111/nph.12428
- Warwick, S.I., Legere, A., Simard, M.J., James, T.** (2008) Do escaped transgenes persist in nature? The case of an herbicide resistance transgene in a weedy *Brassica rapa* population. *Molecular Ecology*, 17(5): 1387-1395.
- Warwick, S.I., Simard, M.-J., A. Légère, Beckie, H. J., Braun, L., Zhu, B., Mason, P., Séguin-Swartz, G., Stewart, C. N.** (2003) Hybridisation between transgenic *Brassica napus* L. and its wild relatives: *Brassica rapa* L., *Raphanus raphanistrum* L., *Sinapis arvensis* L., and *Erucastrum gallicum* (Willd.) O.E. Schulz. *Theoretical and Applied Genetics* 107(3): 528-539.
- Watrud, L.S., Lee, E.H., Fairbrother, A., Burdick, C., Reichman, J.R., Bollman, M., Storm, M., King, G.J., Van de Water, P.K.** (2004) Evidence for landscapelevel, pollen-mediated gene flow from genetically modified creeping bentgrass with CP4 EPSPS as a marker. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 101(4): 14533-14538.
- Wegier, A., Piñeyro-Nelson, A., Alarcón, J., Gálvez-Mariscal, A., Álvarez-Buylla, E. R. and Piñero, D.** (2011) Recent long-distance transgene flow into wild populations conforms to historical patterns of gene flow in cotton (*Gossypium hirsutum*) at its centre of origin. *Molecular Ecology*, 20(19): 4182-4194.
- Wegier, A.** (2012) Transgene Flow into Native Seed and Ecosystems in Mexico. Conference presentation, "Advancing the Understanding of Biosafety GMO Risk Assessment, Independent Biosafety Research and Holistic Analysis". Hyderabad, 28 September 2012.
- Wilkes, H. G.** (1977) Hybridization of maize and teosinte, in Mexico and Guatemala and the improvement of maize. *Economic Botany*, 31(3): 254-293.
- Wipff, J.K., & Fricker, C.** (2001) Gene flow from transgenic creeping bentgrass (*Agrostis stolonifera* L.) in the Willamette Valley, Oregon. *International Turfgrass Society Research Journal*, 9: 224-242.
- Wipff, J.K.** (2002) Gene flow in turf and forage grasses (*Poaceae*). In: *Proceedings of Scientific Methods Workshop: Ecological and Agronomic Consequences of Gene Flow from Transgenic Crops to Wild Relatives*: 143-161.
- Xia, H., Lu, B.R., Su, J., Chen, R., Rong, J., Song, Z., Wang, F.** (2009) Normal expression of insect-resistant transgene in progeny of common wild rice crossed with genetically modified rice: its implication in ecological biosafety assessment. *Theoretical and applied genetics*, 119(4): 635-644.
- Yoshimura, Y., Beckie, H.J., Matsuo, K.** (2006) Transgenic oilseed rape along transportation routes and port of Vancouver in western Canada. *Environmental Biosafety Research*, 5(2): 67-75.
- Zapiola, M.L., Campbell, C.K., Butler, M.D., Mallory-Smith, C.A.** (2008) Escape and establishment of transgenic glyphosate-resistant creeping bentgrass *Agrostis stolonifera* in Oregon, USA: a 4-year study. *Journal of Applied Ecology*, 45(2): 486-494.
- Zapiola, M.L., Mallory-Smith, C.A.** (2012) Crossing the divide: gene flow produces intergeneric hybrid in feral transgenic creeping bentgrass population. *Molecular Ecology*, 21(19): 4672-4680.