

Grüne Gentechnologie

Aktuelle Entwicklungen in Wissenschaft und Wirtschaft

Interdisziplinäre Arbeitsgruppen
Forschungsberichte

Herausgegeben von der
Berlin-Brandenburgischen Akademie der Wissenschaften

Band 17

Grüne Gentechnologie

Aktuelle Entwicklungen in Wissenschaft und Wirtschaft

Supplement zum Gentechnologiebericht

Bernd Müller-Röber, Ferdinand Hucho, Wolfgang van den Daele, Kristian Köchy,
Jens Reich, Hans-Jörg Rheinberger, Karl Sperling, Anna M. Wobus, Mathias Boysen
und Meike Kölsch

mit Beiträgen von Volker Beckmann und Christian Schleyer



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

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

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

Alle Rechte vorbehalten
2. überarbeitete Auflage 2007

Herausgeber: Berlin-Brandenburgische Akademie der Wissenschaften (BBAW)
Verlegerische Betreuung im Auftrag der BBAW: Forum W – Wissenschaftlicher Verlag, Limburg an der Lahn

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

Printed in Germany

ISBN: 978-3-940647-01-6

Vorwort

Die Berlin-Brandenburgische Akademie der Wissenschaften (BBAW) sieht in der Beobachtung der Gentechnologie eine Langzeitaufgabe, ein Projekt zwischen Wissenschaft und Öffentlichkeit. Es geht darum, mit interdisziplinärer Aufmerksamkeit eine Hochtechnologie zu begleiten, die wegen ihrer prinzipiellen Neuartigkeit sowohl auf ihr wissenschaftliches und wirtschaftliches Potential als auch auf ihre ökologischen, gesundheitlichen, im umfassenden Sinn gesellschaftlichen Implikationen mit einer gewissen Kontinuität geprüft werden muss. Der Kontinuität dieses Monitorings dient zum einen die Fortschreibung der früher erhobenen Daten, zum anderen der Focus auf neue Gebiete und Themen, die mit wechselnder Brisanz die Öffentlichkeit beschäftigen. Im Jahr 2005 erschien der erste deutsche *Gentechnologiebericht* (Hucho et al., 2005; als pdf-Dokument erhältlich unter www.bbaw.de/bbaw/Forschung/Forschungsprojekte). Er schildert in vier Kapiteln Stand und Bedeutung der Gentechnologie in der Genomforschung, Gendiagnostik, Pflanzenzüchtung und Wirtschaft. Der vorliegende Band schreibt das Monitoring der Gentechnologie für den Bereich der Pflanzenzüchtung fort und ergänzt das Berichtskapitel um weitere Aspekte, ohne dabei alle dort niedergelegten Aspekte aufs Neue zu analysieren und die gesamte Bandbreite des Themas von den denkbaren Anwendungsbereichen über die gesundheitlichen Aspekte bis hin zu der öffentlichen Akzeptanz erneut darzustellen.

Für die Interdisziplinarität des Monitorings steht die bezüglich ihrer Fachdisziplinen breit zusammengesetzte Arbeitsgruppe. Der wissenschaftliche Ansatz beruht auf der Erarbeitung von Indikatoren, das heißt von Kenngrößen, die in ihrer Summe ermöglichen, komplexe, nicht direkt messbare Sachverhalte abzubilden. Eine detaillierte Beschreibung der Arbeitsweise der Arbeitsgruppe ist in der Einleitung zum ersten deutschen *Gentechnologiebericht* niedergelegt.

Ein Wort zur Autorenschaft: Nicht namentlich gekennzeichnete Beiträge werden von der Arbeitsgruppe insgesamt vertreten, Expertisen und Texte von Nicht-Mitgliedern der Arbeitsgruppe tragen Autorennamen. Kernaussagen und Hinweise auf Handlungsbedarf sind Meinungen der Arbeitsgruppe, die nicht notwendigerweise von der BBAW insgesamt vertreten werden (zumal nicht alle Arbeitsgruppenmitglieder zugleich Mitglieder der BBAW sind).

Das Monitoring-Projekt wird fortgesetzt. Nach dem bereits erschienenen Ergänzungsband *Stammzellforschung und Zelltherapie* (Wobus et al., 2006) sind ein Supplement zur Gentherapie, eine Fortschreibung des Kapitels zur Gendiagnostik und schließlich eine zweite Auflage des Gesamtberichts in Vorbereitung.

Berlin im Herbst 2006

Ferdinand Hucho,
Sprecher der interdisziplinären Arbeitsgruppe Gentechnologiebericht der BBAW

Inhalt

1.	Einleitung	11
2.	Zusammenfassung und Kernaussagen	13
3.	Stand der Wissenschaft und Technik	17
3.1.	Einleitung	17
3.2.	Smart Breeding (Präzisionszucht)	18
3.2.1.	Relevanz der molekularen Pflanzenforschung und Gentechnik für die Etablierung von Smart Breeding	21
3.2.2.	Beispiele für Entwicklungslinien unter Verwendung von Smart Breeding	21
3.2.3.	Einschränkungen des Smart Breeding im Vergleich zur Gentechnik	24
3.2.4.	Vorteile des Smart Breeding im Vergleich zur Techniken, die zu transgenen Pflanzen führen	25
3.3.	Cisgene Pflanzen	26
3.4.	Pflanzen für die Biomasseproduktion	30
3.5.	Genomsequenzierungen	33
3.6.	Genomische Technologien in der Biodiversitäts- und Ökosystemforschung	37
3.7.	Systembiologie / Systems Biology	39
3.8.	Enabling Technologien der gentechnischen Pflanzenzüchtung	39
3.8.1.	Transformationsmethoden	39
3.8.2.	Pflanzliche Expressionssysteme	44
3.9.	Plant-made Pharmaceuticals (PMPs)	45
3.10.	Selektierbare Marker / neue Selektionsverfahren	46

3.11.	Chemical Genetics	48
3.12.	Micro-RNAs	49
3.13.	Erzeugung genetischer Diversität und molekulare Charakterisierung auf der DNA-Ebene	49
3.13.1.	Genaustausch	49
3.13.2.	TILLING-Verfahren	50
3.13.3.	Natürliche Ökotypen	50
3.13.4.	Quantitative Trait Loci	50
3.14.	Phänotypisierung der genetischen Diversität	51
3.14.1.	Erstellung von RNA-Profilen	51
3.14.2.	Protein-Profile	52
3.14.3.	Profilierung von Enzym-Aktivitäten	53
3.14.4.	Metaboliten-Profile	53
4.	Ökonomischer Nutzen der grünen Gentechnologie	55
4.1.	Einleitung	55
4.2.	Weltweite Anbauflächen gentechnisch veränderter Sorten	56
4.3.	Anbau in Deutschland und Europa	62
4.4.	Langfristiger Betrachtungshorizont: Resistenzen, Koexistenz und Markttrennung	63
4.5.	Saatgutsektor und Gewinnverteilung	67
4.6.	Gentechnologie im Lebensmittelsektor	70
4.7.	Beschäftigungswirkung der grünen Gentechnologie	72
4.8.	Zukünftige Ansätze der grünen Gentechnologie	78
4.9.	Fazit	80

5.	Neue Formen der Kooperation von Landwirten bei der Befürwortung und Ablehnung der Agro-Gentechnik	83
5.1.	Einleitung	83
5.2.	Unsichere rechtliche Rahmenbedingungen	84
5.3.	Neue Kooperationen im Umgang mit der Agro-Gentechnik – Eine erste Bestandsaufnahme	85
5.3.1.	Kooperationen zur Verhinderung des Anbaus von GVO – Dynamik der Gentechnikfreien Regionen	85
5.3.2.	Kooperationen zum Anbau von GVO – Sind Gentechnik-Regionen im Entstehen?	86
5.3.3.	Kooperationen zur Koexistenz – Eine Unbekannte und Innovationen im Landhandel	86
5.4.	Welche Potentiale haben Kooperationen bei der zukünftigen Befürwortung und Ablehnung der Agro-Gentechnik?	88
5.4.1.	Anreize zum Anbau von GVO	88
5.4.2.	Anreize zur Kooperation	92
5.4.3.	Potentiale zur Bildung von „Gentechnikfreien Regionen“	93
5.4.4.	Potentiale zur Bildung von Gentechnik-Regionen	94
5.4.5.	Potentiale von Kooperationen zur Koexistenz	96
5.5.	Fazit und Ausblick	97
6.	Kontroverse Wissenschaft – wissenschaftliche Kontroverse; ein Gespräch zwischen VDW und BBAW	101
6.1.	Themenbereich „Gesunde Ernährung“	102
6.2.	Themenbereich „Ökologische Risiken“	106
6.3.	Themenbereich „Rechtlicher Rahmen“	108

7.	Problemfelder und Indikatoren zur grünen Gentechnologie	111
7.1.	Methodischer Ansatz des Indikatoren-basierten Monitorings	111
7.2.	Erhobene Indikatoren und Indikatorenkennblätter	117
8.	Handlungsbedarf	167
9.	Literatur und Verzeichnisse	169
9.1.	Literaturverzeichnis	169
9.2.	Abbildungsverzeichnis	179
9.3.	Tabellenverzeichnis	180

1. Einleitung

Die öffentliche Debatte in Deutschland um den Einsatz der Gentechnologie hält unverändert an. Gleichzeitig sind die weltweiten Anbauflächen gentechnisch veränderter Pflanzen in den letzten Jahren kontinuierlich angestiegen. Verpasst Deutschland den Anschluss? Während Befürworter der grünen Gentechnologie diese in der Politik beliebte Frage lautstark bejahen, betrachten Kritiker transgener Pflanzen solche bereits als technologisches Alteisen und verweisen auf die Technik des so genannten Smart Breedings. Was sich hinter diesem neuen Begriff verbirgt und in welchem Verhältnis diese Technik zur Gentechnologie steht, wird im vorliegenden Ergänzungsband im Kapitel zum Stand der Forschung und Technik dargestellt. Neben weiteren technischen Entwicklungen der letzten Jahre wird hier der Einsatz der Gentechnologie bei Pflanzen zur Biomasseproduktion angeschnitten, die vor dem Hintergrund boomender Rohstoffmärkte und steigender Energiekosten weiter an Bedeutung gewonnen haben.

Die eingangs provokant formulierte Frage über verpasste Entwicklungschancen verweist nicht nur auf die technologische Entwicklung, sondern auch auf potenzielle ökonomische Nachteile, welche die Nichtnutzung der grünen Gentechnik bedeuten könnte. Welche ökonomischen Potenziale die grüne Gentechnik hat, stellt der zweite Abschnitt vor. Eingegangen wird auf die verschiedenen Argumente, die in der öffentlichen Auseinandersetzung kursieren, unter anderem auf die Entwicklung der Anbauflächen, die Nutzenverteilung, die Vorbedingungen für einen ökonomischen Vorteil jetziger transgener Sorten, die Chancen zukünftiger transgener Sorten und die jeweils damit verknüpften Arbeitsplätze. Im anschließenden Kapitel wird diese ökonomische Betrachtung in Bezug auf die deutsche Situation vertieft, indem Kriterien des Anbaus sowie Kooperationsmodelle unter Landwirten (Gentechnikfreie Regionen, Gentechnik-Regionen, Koexistenzregionen) im Umgang mit der Agro-Gentechnik dargestellt werden.

Einen direkten Blick auf die wissenschaftliche Kontroverse bietet ein weiteres Kapitel. Es dokumentiert ein Gespräch zwischen Vertretern der Vereinigung Deutscher Wissenschaftler (VDW) und der interdisziplinären Arbeitsgruppe Gentechnologiebericht an der Berlin-Brandenburgischen Akademie der Wissenschaften (BBAW) zur grünen Gentechnologie, speziell zu den besonders umstrittenen Punkten Gesundheit, Ökologie und Rechtsrahmen.

Den Abschluss bilden die Darstellung der gewählten Methodik, um das weitläufige und vielfältig komplex miteinander verzahnte Feld der grünen Gentechnologie aufzugliedern, sowie eine Aktualisierung der im Gentechnologiebericht 2005 vorgestellten Indikatoren, die einen konzentrierten wie vertiefenden Blick auf die Entwicklung der grünen Gentechnologie in den letzten Jahren ermöglichen.

2. Zusammenfassung und Kernaussagen

Der weltweite Anbau gentechnisch veränderter Sorten konzentriert sich auf die vier Nutzpflanzenarten Soja, Mais, Baumwolle und Raps, sowie auf die Merkmale Schädlingsresistenz und Herbizidtoleranz. Von dem Anbau transgener Sorten können die Landwirte dann profitieren, wenn sich Verluste durch einen Schädlingsbefall reduzieren beziehungsweise Kosten des Unkrautmanagements senken lassen. Die stetige Zunahme des weltweiten Anbaus gentechnisch veränderter Pflanzen zeigt übereinstimmend mit diversen Studien, dass trotz höherer Saatgutkosten für die Landwirte ökonomische Vorteile bestehen.

Im Jahr 2006 hat in Deutschland der kommerzielle Anbau gentechnisch veränderter Pflanzen auf circa 950 Hektar stattgefunden. Die Rahmenbedingungen, insbesondere die EU-weite nachweisunabhängige Kennzeichnungspflicht und die Koexistenz von transgenen und nicht-transgenen Pflanzen beim Anbau wie bei der Verarbeitung unterscheiden sich deutlich von den Anbauländern mit schnell steigender Anbaurrate. Mit einer raschen Diffusion gentechnisch veränderter Sorten ist in Deutschland deswegen nicht zu rechnen.

Das Forschungsgebiet der grünen Gentechnik ist dynamisch und wird weltweit weiterhin intensiv vorangetrieben. Forscher arbeiten derzeit an Pflanzen der zweiten und dritten Generation, bei denen entweder komplexere Stoffwechselwege oder Regulationsmechanismen modifiziert werden oder verschiedene Eigenschaften kombiniert werden. Gleichzeitig haben sich die Zielrichtung der Forschung und damit die anvisierten Produkte erweitert (zum Beispiel Nährstoffeffizienz, veränderte Nährstoffzusammensetzung, Biomasseforschung). Flankiert werden diese Arbeiten in zunehmendem Maße durch die vergleichende Genomforschung, bei der aktuell die Genome mehrerer Pflanzen sequenziert werden. Dies beschleunigt die Identifizierung von Genen und Regulationsmechanismen, die das ökologische Verhalten von Pflanzen bestimmen beziehungsweise für technische Anwendungen relevant sind.

Aktuell werden Verfahren des Smart Breeding (sog. „Präzisionszüchtung“) entwickelt. Hierbei werden Kreuzungen auf klassischem Wege zwischen Individuen einer Art oder zwischen nah

verwandten Arten durchgeführt. Anschließend wird das Vorkommen gewünschter Eigenschaften in den Nachkommen mittels molekularer Marker (direkt auf Genebene) verfolgt. Der positive Tenor der Presseberichterstattung lässt den Schluss zu, dass über Smart Breeding gezüchtete Pflanzen eher vom Verbraucher akzeptiert werden als transgene Pflanzen.

Die zweite aktuelle Entwicklung betrifft cisgene Pflanzen. Diese werden zwar mittels Gentransfermethoden hergestellt, enthalten aber lediglich arteigene DNA-Elemente.

Weder das Smart Breeding noch Cisgentechnologien werden jedoch transgene Pflanzen ersetzen können, und es werden weiterhin über Artgrenzen hinaus gehende Gentransfers notwendig sein, die in der industriellen (weißen) Biotechnologie bereits Standard sind.

Pauschale Einwände gegen die Sicherheit der grünen Gentechnik (Gesundheits- und ökologisches Risiko) können nicht als zentrales Argument gegen den Einsatz der Technik heran gezogen werden. Erkennbaren Risiken wird durch rechtliche Regelungen Rechnung getragen. Zugleich ist allgemein anerkannt, dass ein Monitoring von gentechnisch veränderten Pflanzen nach ihrem Inverkehrbringen sinnvoll ist.

Ob die Durchsetzung der Technik an der Akzeptanz (Kaufbereitschaft) der Verbraucher scheitert, ist offen. Wegen des organisierten gesellschaftlichen Drucks sind Lebensmittelhersteller und -handel trotz der Verankerung der Wahlfreiheit und der damit verbundenen Kennzeichnungsregeln in der Europäischen Union derzeit nicht bereit, Lebensmittel aus gentechnisch veränderten Pflanzen anzubieten.

Die öffentliche Anerkennung der grünen Gentechnik in Deutschland und in der Europäischen Union scheiterte bislang auch am Mangel überzeugender Produkte (Output-traits) der Pflanzen der ersten Generation. Indes haben in den USA und Kanada sowie in mehreren Schwellenländern (Argentinien und China) transgene Pflanzen der ersten Generation (Insektenresistenz, Herbizidresistenz) in den letzten Jahren gemessen am Zuwachs der Anbauflächen erheblich an Bedeutung gewonnen.

Die Fachwissenschaftler befürchten in Deutschland den dauerhaften Verlust wissenschaftlicher Expertise. Gerade junge, gut ausgebildete Nachwuchswissenschaftler könnten sich aufgrund

der unsicheren Zukunft in Deutschland von der grünen Gentechnik abwenden oder ins Ausland gehen. Neuere Entwicklungen wie Smart Breeding und Cisgentechnologien, aber auch die verstärkte Hinwendung zur Biomasseforschung könnten dem entgegenwirken.

Für die grüne Gentechnologie in Deutschland fehlt eine eindeutige Wissenschaftspolitik. Unverändert ist das Vorgehen des Bundesministeriums für Bildung und Forschung (BMBF) und des Bundesministeriums für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz (BMELV) nicht abgestimmt. Eine Ökologisierung der Landwirtschaft darf nicht nur als Übergang zum ökologischen Landbau verstanden werden und darf sich nicht den Möglichkeiten der Gentechnologie verschließen. Auf der Ebene der Anwendungsforschung droht die Abkopplung von internationalen Forschungsprogrammen zur grünen Gentechnik.

Zerstörungen von genehmigten Freilandexperimenten gefährden den Erkenntnisgewinn der deutschen Forschung gerade auch zur Risikoabschätzung des Anbaus gentechnisch veränderter Sorten.

Die grüne Gentechnik gewinnt an Bedeutung für Schwellenländer. Dies zeigt sich zum einen an wachsenden Anbauflächen. Darüber hinaus werden auch verstärkt finanzielle Mittel in die eigene Forschung geleitet. Die lizenzkostenfreie Bereitstellung beispielsweise des Golden Rice kann einen wirtschaftlichen und gesundheitlichen Vorteil für Subsistenzbauern darstellen. Zunehmend entwickeln sich in Schwellenländern eigene Forschungsaktivitäten mit Ausrichtung auf lokal wichtige Kulturpflanzen.

3. Stand der Wissenschaft und Technik

3.1. Einleitung

Wie bereits im Gentechnologiebericht 2005 ausgeführt, spielt die Anwendung gentechnischer Verfahren heute eine zentrale Rolle in der modernen Pflanzenzüchtung. Molekularbiologische und genomorientierte Technologien sind einer ständigen Weiterentwicklung unterworfen. Neben der bisher beschrittenen, „reinen“ Gentechnologie rücken zunehmend jedoch zwei neue Entwicklungen ins Sichtfeld: Präzisionszüchtung und cisgene Pflanzen.

Bei der Präzisionszüchtung (Smart Breeding) wird gänzlich auf den Einbau artfremder Gene in das Genom der Kulturpflanze verzichtet. Vielmehr werden, wie bei der seit Tausenden von Jahren angewandten klassischen Züchtung, Nutzpflanzen durch Kreuzungen mit Wildpflanzen gewonnen. Während bei der klassischen Züchtung der Erfolg der Kreuzung, hervorgerufen durch den während der Kreuzung erfolgten Austausch von Erbmaterial, vom Züchter anhand der Ausprägung phänotypischer Merkmale (sichtbare oder messbare äußerliche Eigenschaften eines Organismus) überprüft wird, setzt Smart Breeding auf die Analyse geeigneter molekularer Marker, die gewissermaßen das (spätere) Erscheinungsbild der Pflanze bereits auf einer frühen Entwicklungsstufe anzeigen.

Der Präzisionszüchtung kommt nicht nur als Weiterentwicklung der Genomtechnologien und der markergestützten Züchtung eine besondere Bedeutung zu. Da bei Smart Breeding auf das Einführen von artfremden Genen mittels Gentransfer verzichtet und stattdessen auf die Einkreuzung natürlicherweise in Wildpopulationen vorkommender Genvarianten gesetzt wird (wobei der Erfolg der Einkreuzung mittels molekularer Techniken verfolgbar ist), wird diese Technologie dem bisherigen Anschein nach von Personen oder Organisationen, die der grünen Gentechnik sonst kritisch gegenüber stehen, weitestgehend akzeptiert (Then, 2005¹).

Cisgene Pflanzen werden zwar mittels gentechnischer Verfahren hergestellt, jedoch werden dabei lediglich arteigene DNA-Abschnitte in das Genom der Kulturpflanze eingebaut. Eine Überschreitung von Artgrenzen findet also nicht statt beziehungsweise wird auf das aus der

¹ Siehe zusätzlich: <http://www.wired.com/wired/archive/12.05/food.html>

klassischen Züchtung bekannte Spektrum naher Artverwandter beschränkt. Cisgene Pflanzen könnten, wie durch Smart Breeding gewonnene Pflanzen, eher von Verbrauchern akzeptiert werden als transgene Pflanzen. Die weitere Diskussion in naher Zukunft wird darüber Auskunft geben.

3.2. Smart Breeding (Präzisionszucht)

Im laufenden Jahr hat eine Weiterentwicklung der markergestützten Züchtung zunehmend an (öffentlichem) Interesse gefunden, das so genannte Smart Breeding (McCouch, 2004). In der Übersetzung wird des Öfteren die Bezeichnung „Präzisionszüchtung“ verwendet, auch von „cleverer Züchtung“ ist bereits gesprochen worden. Die Idee des Smart Breeding ist nicht neu. So wurde beispielsweise vor bereits zehn Jahren „SMART – Selection with Markers and Advanced Reproductive Technologies“ in der Tierzucht als Begriff verwendet². Gegenüber „klassischen“ Verfahren gibt es folgende Neuerung: dank der zur Verfügung stehenden molekularbiologischen Techniken ist man heute in der Lage, die Funktion einzelner Gene und Genvarianten experimentell zu testen (z. B. im Gewächshaus, aber auch im Freiland, wobei dabei nicht notwendigerweise transgene Pflanzen untersucht werden). Jedes der 30 000–60 000 im Genom einer Pflanze vorkommenden Gene existiert in unterschiedlichen Varianten (sog. Allelen). Diese Genvarianten können (aber müssen nicht, dies hängt von der Genvariante ab) sehr unterschiedliche Auswirkungen auf den Organismus haben. So kann es vorkommen, dass bereits die Veränderungen eines einzelnen Nukleotids in einem Gen zu einem dramatisch verändertem Phänotyp (Erscheinungsbild) führen. Wenn bekannt ist, dass beispielsweise ein Gen X in der Variante a eine (z. B. agronomisch) gewünschte Eigenschaft vermittelt (z. B. hohe Trockentoleranz), hingegen die Variante b des gleichen Gens eine weniger erwünschte Eigenschaft vermittelt (niedrige Trockentoleranz), kann man dieses Wissen in Züchtungsprogramme einfließen lassen (Abbildung 1). Es könnte sein, dass sich die Genvarianten a und b des Gens X nur an einer einzigen Nukleotidposition unterscheiden, die man aber zum Beispiel durch Sequenzierung sehr schnell identifizieren kann.

Werden unterschiedliche Varietäten (z. B. eine Kulturpflanze mit einer verwandten Wildart) gekreuzt, dann können die Nachkommen schon sehr früh auf die Anwesenheit der Genvariante a oder b untersucht werden (Abbildung 1). Dazu wird DNA der Nachkommen-Pflanzen isoliert,

² <http://www.csiro.au/communication/mediare/mr96140.htm>

zum Beispiel aus Blättern. Das zu untersuchende Gen X (oder Teile davon) wird dann mittels Polymerasekettenreaktion (PCR) vervielfältigt und die Sequenz des Genabschnittes ermittelt. Der Züchter verfolgt dann nur die Nachkommen weiter, die die Genvariante a enthalten (die ja die gewünschte Eigenschaft, hier hohe Trockentoleranz, vermittelt). Entsprechende Pflanzen werden weiter kultiviert und für nachfolgende Untersuchungen und Kreuzungen verwendet. Alle Pflanzen, denen die Genvariante a fehlt, werden verworfen. Auf diese Weise lassen sich in recht kurzer Zeit sehr viele Pflanzen durchmustern, das eigentliche Experiment (der Trockentoleranzversuch) kann später mit ausgewählten Pflanzen durchgeführt werden.

Der Vorteil gegenüber der ‚klassischen‘ Marker-gestützten Züchtung liegt darin, dass man hier also direkt auf das Gen schaut, das von Interesse ist. Bei der ‚klassischen‘ Marker-gestützten Züchtung nutzt man in der Regel DNA-Abschnitte, die sich zwar auf dem Chromosom in der Nähe des eigentlichen Gens befinden, aber nicht unbedingt das Gen repräsentieren, das die gewünschte Eigenschaft vermittelt (dieses ist möglicherweise gar nicht bekannt). Dabei nutzt man die genetische Kopplung aus: Der Marker und das Gen in der gewünschten Variante werden zumeist gemeinsam vererbt, wenn sie auf dem Chromosom nah genug beieinander liegen.

Beim Smart Breeding wie auch bei der ‚klassischen‘ Marker-gestützten Züchtung wird das evolutionär etablierte Reservoir an Genen für die Gewinnung neuer Pflanzen genutzt, jedoch werden diese Gene in neuen, nicht durch die bisherige (natürliche) Evolution bereitgestellten Kombinationen zusammengeführt. Bei diesen Verfahren kann a priori nicht vorhergesagt werden, wie sich die neuen Genkombinationen in den gezüchteten Pflanzen verhalten werden. So kann schon bei der einfachen Kombination zweier, zuvor in getrennten Pflanzen (z. B. Kulturpflanze und Wildpflanze) vorhandenen Genen oder Genvarianten in einer neuen (durch Kreuzung entstandenen Pflanze) zur Bildung von bisher in den Ausgangspflanzen nicht vorhandenen toxischen – oder gesundheitsfördernden – Substanzen kommen. Die Tatsache also, dass entsprechende Gene in der „Natur“ vorhanden sind, stellt keinerlei Schutz vor möglichen schädigenden Wirkungen dar. Um interessante Gene in Kulturpflanzen einzuführen, wird dabei auch auf solche Pflanzen als Kreuzungspartner zurückgegriffen, die unter natürlichen Bedingungen nur sehr schwer oder im Extremfall gar nicht kreuzen (z. B. aufgrund biologischer oder geographischer Barrieren). Gerade in solchen Fällen, das heißt wenn der Kreuzungspartner hinsichtlich seiner ernährungsphysiologischen Eigenschaften bisher nicht untersucht wurde (was der Regelfall sein dürfte), kann die Bildung unerwünschter Inhaltsstoffe nicht ausgeschlossen werden.

Bei der Herstellung einer gentechnisch veränderten Pflanze wird das Gen, das eine gewünschte Eigenschaft vermittelt, nicht durch Kreuzung, sondern durch Gentransfer (beispielsweise mittels *Agrobacterium tumefaciens*) in die Pflanze eingebracht. Abbildung 1 vergleicht schematisch die beiden Prozesse.

Abbildung 1 Veränderung pflanzlicher Genome durch Smart Breeding und Gentransfer

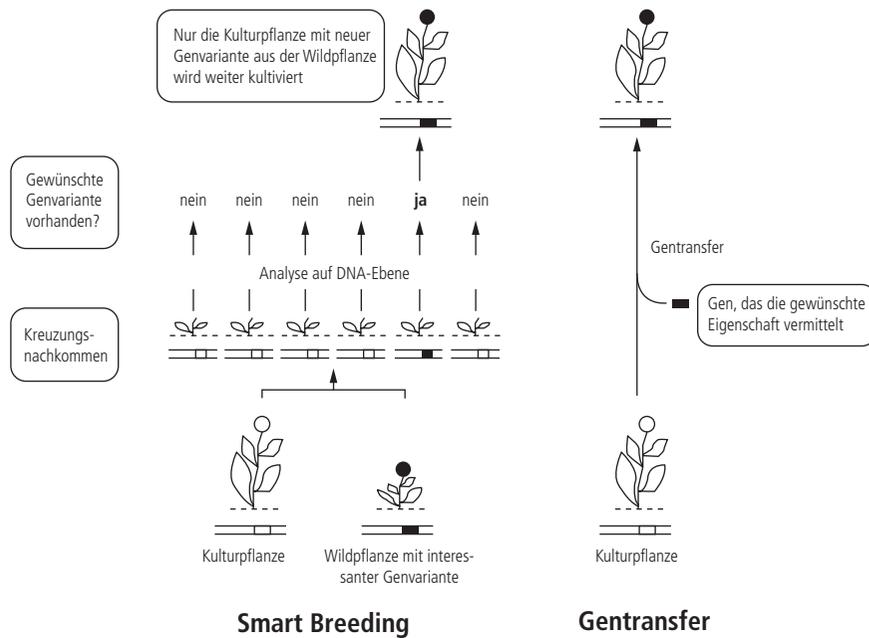


Abbildung 1: Veränderung pflanzlicher Genome durch Smart Breeding und Gentransfer. Beim Smart Breeding werden Kulturpflanzen (z. B. Elitelinien) zunächst mit Pflanzen aus Wildpopulationen gekreuzt. Dabei werden auch Kreuzungen vorgenommen, die natürlicherweise nicht auftreten. Ziel ist dabei, Gene, die eine für den Züchter interessante Eigenschaft (Fruchtfarbe, Zuckergehalt, Pathogenresistenz, Trockentoleranz etc.) vermitteln, in die Kulturpflanze einzukreuzen. In den Kreuzungsnachkommen liegen – den Mendel'schen Regeln folgend – Gene und ihre Varianten in neuen Kombinationen vor. Das Vorhandensein der aus der Wildpflanze eingekreuzten Genvariante wird mittels diagnostischer Verfahren in den Nachkommen nachgewiesen. Dieser Nachweis kann erfolgen, bevor das eigentliche Merkmal (Fruchtfarbe etc.) phänotypisch sichtbar ist. Nur solche Pflanzen, die die gewünschte Genvariante enthalten, werden weiter kultiviert und für nachfolgende Untersuchungen oder Kreuzungen eingesetzt. Beim Gentransfer hingegen wird das Gen, das eine gewünschte Eigenschaft vermittelt (Fruchtfarbe etc.), nicht auf dem Kreuzungswege, sondern direkt durch geeignete Gentransfermethoden (z. B. unter Verwendung von *Agrobacterium tumefaciens*) in das Genom der Pflanze eingebracht.

3.2.1. Relevanz der molekularen Pflanzenforschung und Gentechnik für die Etablierung von Smart Breeding

Beim Smart Breeding werden Kenntnisse, die man durch molekulargenetische und transgene Ansätze gewonnen hat, genutzt, um auf nicht-transgenem Wege die gewünschten Pflanzen aus Nachkommen von Kreuzungen zu selektieren. Der Ansatz profitiert in hohem Maße von der Genom-, Proteom- und Metabolomforschung (s. u.). Ohne die in den letzten 20 Jahren durchgeführten Forschungsprojekte im Bereich der pflanzlichen Molekularbiologie wäre die Etablierung des Smart Breeding nicht denkbar gewesen. Letztlich gelingt dieser Ansatz nur, weil heute entsprechendes Wissen über einzelne Gene und ihre Bedeutung für den Phänotyp bekannt sind, beziehungsweise weil solches Wissen über neue Gene mittels gentechnischer Verfahren gewonnen werden kann. Smart Breeding greift auf die natürlicherweise vorhandene Variabilität von Genvarianten zurück, die in (zumeist) Wildpopulationen vorliegt. Der Erhalt eines großen Biodiversitätsspektrums ist aus diesem Grunde (neben vielen anderen Gründen) ein hohes Schutzziel. Zwar können heute mittels zahlreicher Gensynthese- und Mutageneseverfahren beliebige Genvarianten synthetisch hergestellt werden, jedoch ist es bisher nicht möglich, eine große Zahl solcher Varianten in vivo zu testen. Dies ist jedoch notwendig, um die Funktion von Genen (in ihren unterschiedlichen Varianten) im physiologischen Zusammenhang zu untersuchen.

3.2.2. Beispiele für Entwicklungslinien unter Verwendung von Smart Breeding

Smart Breeding gewinnt international an Bedeutung. Als Beispiele für bisher erzielte Ergebnisse, die auch in der jüngsten Presse angeführt werden, seien hier genannt:

- Reispflanzen, die einer mehrere Wochen andauernden Überschwemmung standhalten (Xu et al., 2006). Die meisten Reiskultivare sterben innerhalb einer Woche nach vollständiger Überflutung. Dies führt insbesondere im Süden und Südwesten Asiens zu erheblichen finanziellen Einbußen (über 1 Mrd. US-\$ jährlich). Einige Reiskultivare jedoch besitzen eine hohe Toleranz und überstehen eine bis zu zweiwöchige Überschwemmung, was auf die Anwesenheit eines bestimmten Genortes, der Submergence 1 (Sub1) genannt wird, in diesen Reispflanzen zurückzuführen ist. Die Analyse ergab, dass drei Gene am Sub1-Locus vorhanden sind. Diese tragen die genetische Information für regulatorische Proteine der so

genannten ERF-Klasse. Zwei der drei Gene (Sub1B und Sub1C) finden sich in den Genomen aller Reiskultivare, unabhängig davon, ob sie tolerant oder intolerant gegenüber Überflutung sind. Die Anwesenheit des Sub1A-Gens hingegen kommt in zwei Varianten (Allelen) vor: Das Allel Sub1A-1 findet sich in toleranten Reisvarietäten, das Allel Sub1A-2 in nichttoleranten Pflanzen. Die durch Gentransfer vermittelte Überexpression des Sub1A-1-Allels in einer intoleranten Reisvarietät führte zu Toleranz in der gentechnisch veränderten Pflanze. Mittels Smart Breeding wurde das Toleranz vermittelnde Allel in eine in Asien weit verbreitete Reissorte eingekreuzt. Die dadurch entstandene neue Varietät erwies sich als tolerant gegenüber Überflutung. Ertragseinbußen gegenüber der Ausgangspflanze oder eine Beeinträchtigung von anderen agronomischen Eigenschaften wurden nicht festgestellt. Die Kultivierung der neuen Varietät könnte dazu beitragen, die Ertragseinbußen zu minimieren (Sasaki, 2006). Die Arbeiten wurden in einer Kollaboration zwischen dem Internationalen Reisforschungsinstitut IRRI³ und der University of California durchgeführt.

- ▶ Das in Neuseeland ansässige Unternehmen HortResearch entwickelte eine neue Apfelsorte mit rot gefärbtem Fruchtfleisch⁴. Die Rotfärbung geht zurück auf eine gesteigerte Akkumulation von Anthocyanin, einer Verbindung mit antioxidativen Eigenschaften, der auch gesundheitsfördernde Wirkung zugeschrieben wird. Die Züchtungsarbeiten dazu begannen bereits 1998. Äpfel mit rotem Fruchtfleisch sind bereits seit längerem bekannt, jedoch besaßen diese nicht die vom Verbraucher bevorzugten äußeren und geschmacklichen Eigenschaften und verfügten zudem nicht über die für den kommerziellen Vertrieb erforderlichen Lagerungseigenschaften. Mitarbeiter von HortResearch kreuzten diese rotfleischige Apfelsorte mit einem hochwertigen, weißfleischigen Apfel und generierten dabei Apfellinien mit unterschiedlich stark gefärbten Früchten. Um die Züchtung zu beschleunigen, wurden partielle cDNA-Sequenzen ermittelt (sog. ESTs, expressed sequence tags, die wichtige Teilinformationen über die im untersuchten Organismus aktiven Gene liefern). Mehr als 150 000 Apfel-EST-Sequenzen wurden von den HortResearch-Wissenschaftlern bisher ermittelt. Anhand dieser Sequenzen werden Gene identifiziert, die die genetischen Informationen für Enzyme der Farbstoffbildung (und der Bildung anderer

wichtiger Stoffwechselprodukte) tragen. Mit diesem Wissen lässt sich die Züchtung von neuen Apfelsorten über Smart Breeding in Zukunft beschleunigen.

- ▶ Im September 2004 präsentierte das Unternehmen Monsanto die Entwicklung einer neuen Sojalinie namens Vistive.⁵ Vistive-Soja besitzt einen reduzierten Gehalt an Linolensäure im Öl. Während traditionelle Sorten einen Linolensäure-Gehalt von etwa acht Prozent besitzen, liegt dieser im Falle von Vistive nach Firmenangaben bei lediglich circa drei Prozent. Die Folge ist, dass Vistive-Öl weniger schnell ranzig wird als traditionelles Öl, im Zuge der Verarbeitung werden weniger so genannte Trans-Fettsäuren gebildet (diesen wird gesundheitsschädigende Wirkung zugeschrieben). Obwohl für die Entwicklung der Vistive-Eigenschaft selbst kein Gentransfer erforderlich war, sind Vistive-Sorten gentechnisch modifiziert. Neben einem geringen Linolensäuregehalt besitzen sie das Roundup Ready (RR)-Merkmal, das die Pflanzen tolerant gegenüber dem Herbizid Glyphosat macht. Mehrere Sorten werden aktuell auf dem US-amerikanischen Markt zum Anbau angeboten. In 2006 wurden Vistive-Sorten nach Firmenangaben auf circa 200 000 Hektar im Mittleren Westen der USA angebaut. Eine Zunahme der Anbaufläche auf über 600 000 Hektar wird für 2007 erwartet.⁶ Auch das Unternehmen Pioneer Hi-Bred International hat inzwischen Sojabohnensorten (genannt Treus) mit niedrigem Gehalt an Linolensäure auf den Markt gebracht.⁷ Auch diese Sorten enthalten das Roundup Ready (RR)-Merkmal. Bei einer Verwendung von Öl aus den Vistive- oder Treus-Sorten in Europa müssten entsprechende Lebensmittel gekennzeichnet werden.
- ▶ Dani Zamir von der Hebräischen Universität in Jerusalem kreuzte peruanische Wildtomaten (*Solanum pennellii*), die sich durch eine vergleichsweise hohe Zuckerakkumulation auszeichnen, mit Kulturtomaten (*Solanum lycopersicum*). Die dabei erzeugten 76 Introgressionslinien (ILs) besitzen definierte (unterschiedliche) chromosomale Abschnitte des *S. pennellii*-Genoms im Genom der Kulturtomate. Die ILs sind somit hinsichtlich des Genoms der Kulturtomate identisch, die Linien unterscheiden sich lediglich in Bezug auf das jeweils eingekreuzte Segment des *S. pennellii*-Genoms. Auftretende phänotypische

5 Monsanto (2004): „Monsanto Launches VISTIVE™ Soybeans; Will Provide a Trans Fats Solution for the Food Industry.“
Unter: <http://www.monsanto.com/monsanto/layout/media/04/09-01-04.asp>

6 Monsanto (2006): „Vistive™ Soybeans Expanding in 2007 to meet growing consumer demand for healthier diets.“
Unter: <http://www.monsanto.com/monsanto/layout/media/06/09-15-06.asp>

7 <http://www.pioneer.com/llsoy/lowlin.htm>

3 IRRI, International Rice Research Institute: <http://www.irri.org>

4 <http://www.hortresearch.co.nz/index/news/467>

Merkmale können auf die eingekreuzten Chromosomenabschnitte zurückgeführt werden. Die ILs wurden hinsichtlich ihres Zuckergehaltes in Tomatenfrüchten untersucht. Ein Genort, genannt Brix9-2-5, der einen positiven Einfluss auf die Zuckerkonzentration hatte, wurde molekular charakterisiert. Das Hochzucker-Merkmal konnte dabei auf eine Veränderung im Protein (einer blüten- und fruchtspezifischen Invertase namens LIN5), das vom Brix9-2-5-Gen kodiert wird, zurückgeführt werden (Fridman et al., 2004). Mit diesen neuen Kenntnissen lassen sich in Zukunft neue Tomatensorten durch Smart Breeding züchten: Dabei wird auf die Anwesenheit des entsprechenden, den Zuckergehalt positiv beeinflussenden Brix-Gens gescreent.

3.2.3. Einschränkungen des Smart Breeding im Vergleich zur Gentechnik

Smart Breeding kann nur dann eingesetzt werden, wenn gewünschte Genvarianten in kreuzbaren Arten (z. B. mit Kulturarten verwandte Wildarten) enthalten sind. Wird als Ziel hingegen die biotechnologische Produktion von pflanzenfremden Proteinen verfolgt, so kann dies bisher lediglich mittels gentechnischer Verfahren erreicht werden. Dies betrifft beispielsweise Antikörper, pharmazeutisch relevante Proteine oder technische Enzyme. Entsprechende kodierende Sequenzen lassen sich nicht in mit Kulturpflanzen kreuzbaren Populationen finden.

Eine weitere Schwierigkeit ergibt sich aus der Tatsache, dass nicht allein die An- oder Abwesenheit eines Gens (oder einer bestimmten Genvariante) für das Erscheinungsbild und die Eigenschaften der Pflanze entscheidend ist. Auch die Aktivitätsmuster von Genen – also deren räumlich und zeitlich gesteuerte Aktivierung und Inaktivierung im pflanzlichen Entwicklungsprozess und in Reaktion auf Umwelteinflüsse – können die Physiologie des Organismus wesentlich beeinflussen. So mag es beispielsweise aus Sicht des Züchters wünschenswert erscheinen, ein bestimmtes (z. B. inhaltsstoffbestimmendes) Gen nicht nur in Blättern, sondern auch in den geernteten Früchten zu aktivieren. In diesem Falle spielt also nicht die Anwesenheit des Gens im Genom der Pflanze eine Rolle, sondern es muss nach solchen regulatorischen DNA-Abschnitten gesucht werden, die das Gen in Früchten aktivieren. Möglicherweise existieren aber kreuzbare Pflanzen mit einem derartigen Aktivitätsmuster gar nicht (auch nicht in Wildpopulationen, z. B. weil mit einem solchen Aktivitätsmuster kein Selektionsvorteil gekoppelt ist). In solchen Fällen könnte die Kombination von Smart Breeding mit Techniken zur Herstellung von cisgenen Pflanzen (s. u.) einen Ausweg darstellen.

Eine interessante, technologisch bisher jedoch nicht verfügbare Erweiterung ergäbe sich, wenn es gelänge, Zufallsmutationen auf definierte Bereiche eines Genoms, etwa eines ausgewählten Gens (eines „Gene of Interest“) einzuschränken. Mit einer solchen Technologie ließen sich beispielsweise die Eigenschaften eines Enzyms in der Pflanze modifizieren oder die Bildung eines Enzyms oder anderen Proteins blocken. Das TILLING-Verfahren (s. u.) liefert dafür zwar bereits Ansätze, jedoch ist auch mit dieser Technik a priori eine Eingrenzung der Mutationen auf vorab definierte Genomabschnitte nicht möglich.

3.2.4 Vorteile des Smart Breeding im Vergleich zur Techniken, die zu transgenen Pflanzen führen

Technisch

Smart Breeding erlaubt die Nutzung von in natürlichen Populationen vorkommenden Genvarianten für die Pflanzenzüchtung. Wie in der „klassischen“ Züchtung werden diese Genvarianten in die Genome der Kulturpflanzen eingekreuzt. Dafür sind keine molekularbiologischen Gentransfertechnologien erforderlich. Hingegen erfordert das Aufspüren der gewünschten Genvarianten in den aus einer Kreuzung hervorgegangenen Nachkommen molekularbiologische Techniken (Polymerasekettenreaktion, DNA-Sequenzierung, Datenbankgleiche). Diese haben dabei jedoch lediglich diagnostischen Zweck.

In der öffentlichen Wahrnehmung

Da bei der Etablierung neuer Pflanzen durch Smart Breeding gentechnische Verfahren (im Sinne eines Gentransfers mittels nichtpflanzlicher Vektoren, z. B. über *Agrobacterium tumefaciens*) nicht zum Einsatz kommen, werden solche Pflanzen wahrscheinlich weniger auf Ablehnung in der breiteren Öffentlichkeit stoßen, als durch ein Gentransfer modifizierte Pflanzen. Dies zeichnet sich in der Tat schon heute ab. Smart Breeding wird auch von Personen, die der Anwendung gentechnischer Verfahren in der Pflanzenzüchtung kritisch gegenüber stehen, zumeist begrüßt. Ein Eintrag im Internet-Portal „Marketing-Trendinformationen“ (2004)⁸ drückt dies so aus: „Die Pflanzenzüchtung tritt in eine neue

⁸ Marketing-Trendinformationen (2004): „Bio-Genfood – Gesunde Lebensmittel aus dem Labor.“
Unter: http://www.marketing-trendinformationen.de/newsletter/2004/newsletter_2004_05_19.html

Phase ein: das Smart Breeding. Gen-Datenbanken und DNA-Marker sind die wichtigsten Instrumente der biologischen Transgenetik, einer neuen ‚grünen Gentechnik‘. Sie tauscht auf natürliche Weise gezielt bestimmte Erbinformationen aus und verkürzt den konventionellen Züchtungsprozess erheblich. Mit den neuartigen ‚Super organic‘-Pflanzen kommt gleichsam ‚Bio-Genfood‘ auf den Tisch.“ In Zukunft dürfte es interessant sein zu verfolgen, wie in der breiteren Öffentlichkeit die mittels genomischer Verfahren beschleunigte Pflanzenzucht wahrgenommen wird und ob es insgesamt zu einer Verschiebung der Einstellung gegenüber gentechnikgestützter Pflanzenzüchtung kommt. Eine genaue Analyse dazu wird Teil des nächsten Gentechnologieberichtes sein.

Die Genomforschung – in Kombination mit der klassischen Züchtung – hat gezeigt, wie vielfältig und variabel natürliche Genome und gezüchtete Genome in Kulturpflanzen sind. Diese Variabilität übersteigt bei weitem das, was bisher mittels gentechnischer Verfahren erreicht wurde (obwohl bei der Gentechnik Artgrenzen leichter überschritten werden können, als dies bei der klassischen Kreuzung möglich ist). Wichtig ist diese Erkenntnis hinsichtlich der Sicherheitsbewertung transgener Pflanzen.

Ein weiterer Aspekt kommt hinzu: Durch Smart Breeding gelingt es dem Züchter, die Schaffung neuer Pflanzen im Zeitverlauf zu beschleunigen. Die auf die Zeiteinheit bezogene Eingriffs- beziehungsweise Steuerungstiefe (Präzision) nimmt beim Smart Breeding im Vergleich zur „klassischen“ Züchtung zu.

3.3. Cisgene Pflanzen

Bei der Herstellung gentechnisch modifizierter Pflanzen werden pflanzenfremde DNA-Sequenzen in das Genom der Pflanze eingeführt. Bei den artfremden DNA-Abschnitten handelt es sich beispielsweise um regulatorische Elemente, die die Aktivität des Gens in der transgenen Pflanze regulieren, oder um Bereiche, die die Aminosäuresequenz eines Proteins kodieren. Oft werden darüber hinaus Markergene eingeführt, die es dem Forscher erlauben, eine transgene Pflanze schnell von einer nicht-transgenen Pflanze zu unterscheiden (dafür werden unter anderem, aber nicht nur, Antibiotika- oder Herbizid-Resistenzgene eingesetzt). Bei der weit verbreiteten Agrobakterien-vermittelten Transformation werden außerdem Teile der bakteriellen DNA in das pflanzliche Genom integriert.

Kürzlich wurde über neue experimentelle Ansätze berichtet, die das gezielte Einführen von Genen in Pflanzen erlaubt, ohne dass dabei pflanzenfremde DNA-Abschnitte in das Genom integriert

werden (Rommens, 2004). Dabei werden einzelne, aus einer Pflanze entnommene Abschnitte des Genoms zunächst außerhalb der Pflanze neu kombiniert. Die neu kombinierte DNA wird dann in das Genom der Pflanze zurück übertragen (Abbildung 2). Mit diesem Vorgehen werden neue Funktionen in der Pflanze generiert. So kann zum Beispiel erreicht werden, dass ein Enzym, das zuvor lediglich in Blättern gebildet wurde, etwa in der Wurzel gebildet wird. Die genetischen Elemente, aus denen das neukombinierte Gen gebildet wurde, üben dabei weiterhin auch ihre originäre Funktion innerhalb der Pflanze aus (bspw. wird das Enzym auch weiterhin im Blatt gebildet).

Ein wichtiger Schritt auf dem Wege zu cisgenen Pflanzen war die Entdeckung von pflanzlichen DNA-Bereichen, die die Funktion der so genannten T-DNA-Bordersequenzen der Agrobakterien Ti-Plasmide übernehmen können. Die Bordersequenzen definieren die Grenzbereiche der vom Ti-Plasmid in das Pflanzengenom übertragenen Abschnitte. Pflanzliche Sequenzen, die große Sequenzähnlichkeit zu den T-DNA-Bordersequenzen aufweisen, wurden beispielsweise in der Kartoffel gefunden. Wegen ihrer Ähnlichkeit zu bakteriellen DNA-Sequenzen werden die pflanzlichen Sequenzen als P-DNAs (plant-derived T-DNAs) bezeichnet (Rommens et al., 2005). Die Herstellung cisgener Kartoffelpflanzen wurde 2004 beschrieben (Rommens et al., 2004). In aktuellen Arbeiten sollen cisgene Apfelpflanzen, die gegenüber einem Apfelschorf-Erreger resistent sind, hergestellt werden.⁹ Weiterhin wurden experimentelle Arbeiten beschrieben, die die Bereitstellung von Verfahren für die Entwicklung cisgener Erdbeerpflanzen mit verbesserter Resistenz gegenüber dem Krankheitserreger *Botrytis cinerea* zum Ziel haben (Schaart, 2004). Da cisgene Pflanzen lediglich arteigene DNA-Abschnitte (bzw. DNA-Abschnitte nah verwandter, auch auf klassischem Wege kreuzbarer Pflanzen) enthalten, wird auch von „all-native DNA transformation“ gesprochen.

Die kommerzielle Entwicklung von Technologien für die Herstellung cisgener Pflanzen wird unter anderem vom Unternehmen JR Simplot Company – Simplot Plant Sciences in Idaho, USA¹⁰, voran getrieben. Cisgen-Technologien werden auch vom neuseeländischen Unternehmen ViaLactia Biosciences¹¹ verwendet. Das ebenfalls in Neuseeland ansässige Unternehmen Pastoral Genomics hat ebenfalls kürzlich den Einsatz¹² der Cisgen-Technologie angekündigt. Bisher sind jedoch weltweit keine cisgenen Pflanzen auf dem Markt erhältlich.

⁹ <http://english.transforum.nl/html/project.php?id=25>

¹⁰ <http://www.simplot.com/index.cfm>

¹¹ <http://www.vialactia.com>

¹² <http://www.marketnewzealand.com/common/files/abic-companies.pdf>

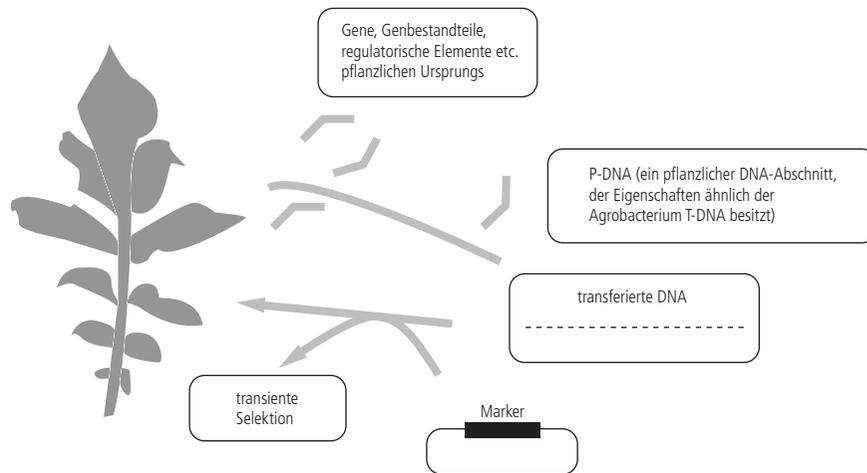
Abbildung 2: Cisgene Pflanzen: native DNA-Transformation

Abbildung 2: Cisgene Pflanzen: native DNA-Transformation. Zur Herstellung von Pflanzen werden arteigene Gensegmente in neuer Weise miteinander kombiniert und mittels Gentransfer in die Ausgangsart transferiert. Zur Selektion cisgener Pflanzen werden Marker eingesetzt, die nach ihrer Verwendung aus dem Genom der neuen Pflanze entfernt werden. Abbildung verändert nach: www.isb.vt.edu/articles/dec0405.htm

Regelungen zur Freisetzung und zum Inverkehrbringen cisgener Pflanzen

Obwohl also bei der Herstellung cisgener Pflanzen gentechnische Verfahren eingesetzt werden, enthalten diese Pflanzen keine Fremd-DNA. Insofern ergibt sich die Frage, ob cisgene Pflanzen im Zuge eines kommerziellen Zulassungsverfahrens oder auch nur im Rahmen von Freisetzungsexperimenten wie transgene Pflanzen oder wie aus einer klassischen Züchtung oder durch Smart Breeding hervorgegangene Linien zu behandeln sind. Bisher existieren hierzu keine rechtlich bindenden Stellungnahmen seitens der EU. Auch in globaler Sicht kann festgestellt werden, dass bisherige Regelwerke nicht zwischen transgenen und cisgenen Pflanzen differenzieren (Schouten et al., 2006a; Schouten et al., 2006b). Ein entscheidender Grund dafür ist sicher, dass die Cisgentechnologie bisher lediglich in einigen wenigen Fällen überhaupt für die genetische

Modifikation von Pflanzen verwendet wurde. Entsprechend sind bisher auch kaum cisgene Pflanzen für eine experimentelle Freisetzung vorgesehen gewesen. Schouten et al. vertreten die Ansicht, dass sich transgene Pflanzen fundamental von cisgenen Pflanzen unterscheiden (ebenda). Im Falle einer transgenen Pflanze werden fremde Gene eingeführt. Transgene Pflanzen könnten daher phänotypische Merkmale besitzen, die zuvor nicht in der entsprechenden Art (oder in einer nah verwandten Art) vorhanden waren. Ein solches neues Merkmal könnte theoretisch die Pflanze mit neuen Eigenschaften versehen, die auch die Fitness der Art beeinflussen könnten. Genfluss in kreuzungsfähige Wildarten könnte die Fitness auch dieser Arten beeinflussen. Im Ergebnis wäre es denkbar, dass Pflanzen mit einer erhöhten Invasivität entstehen. Hierzu meinen Schouten et al. (ebenda), dass in einer cisgenen Pflanze keine neuen, zusätzlichen Eigenschaften (traits) auftreten. Eine Veränderung der Fitness einer cisgenen Pflanze im Vergleich zu einer nicht modifizierten Ausgangspflanze sei nicht wahrscheinlicher als die mögliche Veränderung der Fitness durch traditionelle Zucht oder auf natürlichem Wege. Dies betreffe auch andere Umweltrisiken, wie etwa Effekte auf Nicht-Ziel-Organismen oder das Bodenökosystem, oder die Nutzung als Futter- und Nahrungsmittel. Die Autoren folgern, dass das Verbringen einer cisgenen Pflanze in das Ökosystem ebenso sicher ist wie das Verbringen einer traditionell gezüchteten Pflanze.

Schouten et al. (2006b) weisen darauf hin, dass der Prozess der Transformation (der bei der Herstellung cisgener Pflanzen ebenso zum Einsatz kommt wie bei der Herstellung transgener Pflanzen) zu Mutationen und Rearrangements im Genom führen kann. Sie vertreten daher die Ansicht, dass über Cisgentechnologie hergestellte Pflanzen ebenso auf unerwünschte Veränderungen untersucht werden sollten, wie dies mit Pflanzen aus der klassischen Mutationszüchtung geschieht. Mutationszüchtung hat in den vergangenen 70 Jahren weltweit zu mehr als 2250 verschiedenen pflanzlichen Varietäten geführt (Ahloowalia, 2004). Durch Mutationszüchtung gewonnene Pflanzen müssen hinsichtlich der in ihnen vorliegenden Mutation(en) nicht molekular charakterisiert werden.

Schouten et al. (2006b) schlagen vor, für cisgene Pflanzen nicht das für transgene Pflanzen entworfene Regelwerk anzuwenden. Vielmehr sollten cisgene Pflanzen wie aus „klassischer“ Züchtung hervorgegangene Pflanzen behandelt werden. Die Tatsache, dass zunehmend die Genomsequenzen Höherer Pflanzen (s. u.) verfügbar werden, macht es wahrscheinlich, dass cisgene Pflanzen in Zukunft an Bedeutung zunehmen werden und gemeinsam mit Smart Breeding und Transgentechnologien in der modernen Pflanzenzucht eingesetzt werden (Abbildung 3).

Abbildung 3: Zusammenspiel von klassischer Züchtung, Smart Breeding, Agrobiotechnologie

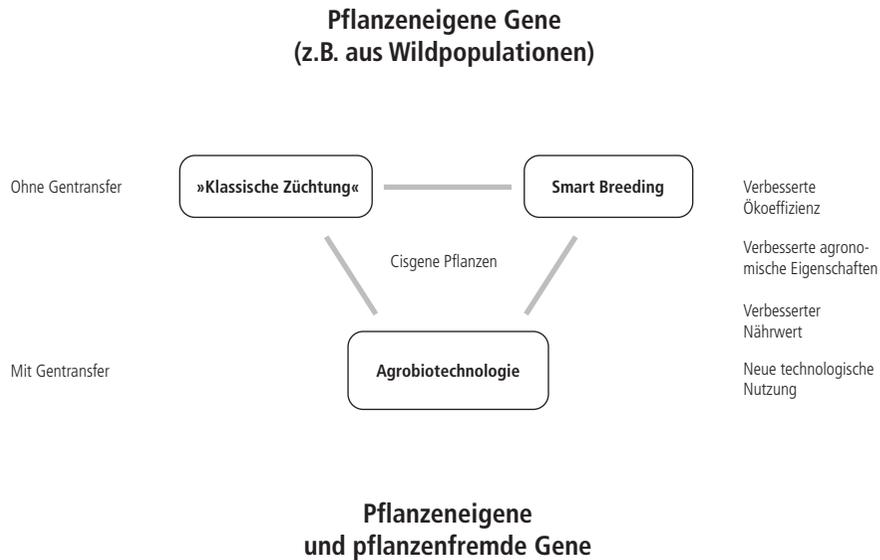


Abbildung 3: Zusammenspiel von klassischer Züchtung, Smart Breeding, Agrobiotechnologie. Smart Breeding als fortgeschrittene Technik der Markergestützten Züchtung und cisgene Pflanzen ergänzen das Spektrum molekulargenetischer Verfahren in der modernen Pflanzenzüchtung.

3.4. Pflanzen für die Biomasseproduktion

Die Nutzung von Pflanzen als nachwachsende Rohstoffe hat eine lange Tradition. Das Interesse an der Züchtung von Pflanzen für die Gewinnung von Treibstoff (Biodiesel, Ethanol) oder industriell relevanten Chemikalien (Inhaltsstoffen) hat gerade in Deutschland, aber auch EU-weit, in der jüngsten Zeit stark zugenommen. Gentechnische Verfahren zur Optimierung von

13 Nature Biotechnology (2006): „Bioethanol needs biotech now.“ Editorial. In: Nature Biotechnology 24, S.725.
14 <http://genomicsgtl.energy.gov/biofuels/>; <http://www.biorefinery.de/>; <http://www.energy.gov/news/3246.htm>

Pflanzen für die Biomasseproduktion (Wachstum einerseits, chemische Zusammensetzung von Pflanzen und deren Aufarbeitung andererseits) werden inzwischen vielfach diskutiert (Sticklen, 2006; Bevan und Franssen, 2006; Ragauskas et al., 2006; ¹³). Zahlreiche weitere Texte zum Thema pflanzliche Biomasse finden sich im Internet. ¹⁴ In den USA wird für die Ethanolproduktion bevorzugt Maisstärke verwendet, in Brasilien hingegen kommt Zuckerrohr und der daraus isolierte Zucker (Saccharose) zum Einsatz. Hingegen ist die Verwendung von so genannter Lignocellulose für die Ethanolproduktion (Abbildung 4) bisher nicht mit hoher Ausbeute möglich. Unter Lignocellulose versteht man das aus Cellulose, Hemicellulose und Lignin bestehende Material pflanzlicher Zellwände (Sticklen, 2006; Boudet et al., 2003). Sie macht den größten Teil der pflanzlichen Biomasse aus. Lignocellulose kann mittels physiko-chemischer und enzymatischer Verfahren in ihre Bestandteile zerlegt werden, jedoch bisher nicht mit der gewünschten Effizienz (Lin und Tanaka, 2006). Die aus der Cellulose entstehende Glucose (Traubenzucker) kann durch etablierte alkoholische Gärung mit Hilfe von Mikroorganismen in Ethanol umgewandelt werden. Schwieriger ist die fermentative Konversion der aus der Hemicellulose freigesetzten Xylose. Auch das Lignin ist bisher nicht gut verwertbar. Lignin stellt eine hochkomplexe, in der Struktur variable, wasserabweisende chemische Verbindung dar, die einer chemischen und enzymatischen Verarbeitung gegenüber recht resistent ist. Mehrere neue Forschungsprojekte in den USA fördern die Entwicklung von Technologien, die der Verwertung von Lignocellulose unter anderem aus Pappel, Sorghum und Weizen dienen sollen. ¹⁵ Auch die Europäische Kommission misst der Biomasseforschung große Bedeutung zu, entsprechende Fördermittel sollen im 7. Forschungsrahmenprogramm zur Verfügung gestellt werden. ¹⁶ Im deutschsprachigen Raum liefern mehrere Internetportale Informationen zur Biomasseproduktion. ¹⁷ Jedoch wird die verstärkte Hinwendung zur pflanzenbasierten Energie- und Treibstoffgewinnung derzeit stark diskutiert – zum Teil aus ökologischen, aber auch aus wirtschaftlichen Erwägungen heraus (Vertès et al., 2006; Herrera, 2006; Schubert, 2006; ¹⁸).

15 <http://genomicsgtl.energy.gov/research/DOEUSDA/index.shtml>

16 <http://europa.eu.int/rapid/pressReleasesAction.do?reference=IP/06/135&type=HTML&aged=0&language=EN&guiLanguage=en>

17 Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe e. V. (FNR): <http://www.bio-energie.de/>; <http://www.nachwachsende-rohstoffe.info/>;
<http://www.nachwachsende-rohstoffe.info/>; Bundesverband BioEnergie, (BBE): <http://www.bioenergie.de/>; Union zur Förderung von Protein- und Ölpflanzen (UFOP): <http://www.ufop.de/>

18 <http://www.i-sis.org.uk/BBIE.php>

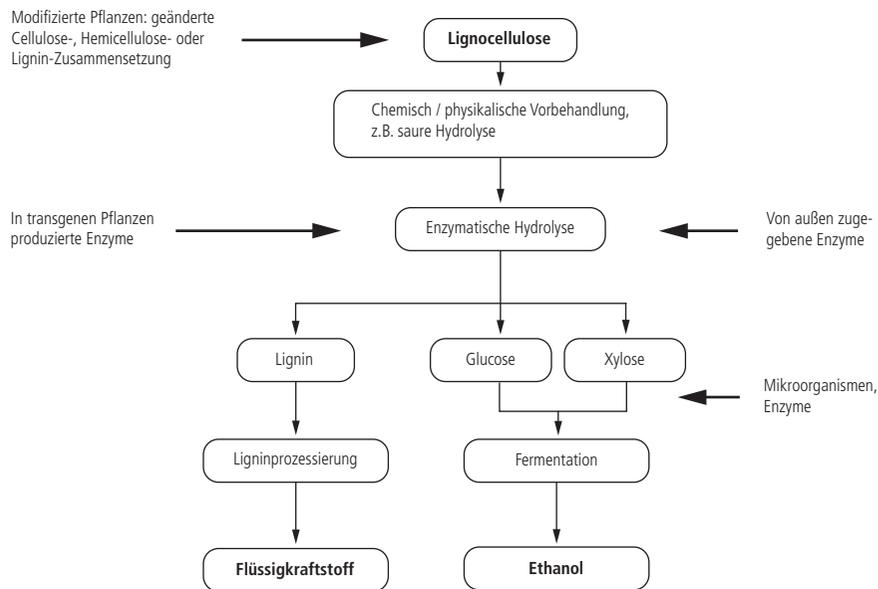
Abbildung 4: Konversion von Lignocellulose zu Ethanol

Abbildung 4: Konversion von Lignocellulose zu Ethanol. Der Prozess erfordert drei wesentliche Schritte: (i) die Delignifizierung (Entfernung von Lignin) zur Freisetzung von Cellulose und Hemicellulose aus pflanzlichem Zellwandmaterial; (ii) die Depolymerisierung der Kohlenhydratpolymere zur Bildung der freien Zucker (Glucose, Xylose); (iii) die fermentative Umsetzung der Zucker zu Ethanol. Neu gezüchtete Pflanzen oder transgene Pflanzen mit modifizierter Lignocellulose-Zusammensetzung oder Pflanzen, die Enzyme für die enzymatische Hydrolyse exprimieren, könnten in Zukunft die Ethanolproduktion aus Lignocellulose verbessern. Modifiziert nach Aristidou und Penttilä (2000).

Das Ziel einer verbesserten Biomasseproduktion kann prinzipiell durch eine Reihe von Veränderungen der pflanzlichen Physiologie und des pflanzlichen Wachstums erreicht werden, wobei die zu optimierenden Eigenschaften je nach Pflanzenart (z. B. Getreide versus Bäume) unterschiedlich sein können. Neben „klassischer“ Züchtung können auch Transgenverfahren für eine Optimierung pflanzlicher Eigenschaften eingesetzt werden. Die wachsenden Kenntnisse

über die Funktion pflanzlicher Gene und über physiologische und Entwicklungsprozesse spielen dabei eine wichtige Rolle. Mögliche Ansatzpunkte mit Blick auf die Steigerung der Biomassebildung und Ertragsbildung sind (Ragauskas et al., 2006; Sinclair et al., 2004):

- ▶ erhöhte Photosynthese; optimierte Photoperiode; optimierte Kronen-/Blattarchitektur;
- ▶ Pathogenresistenzen; Toleranz gegenüber abiotischem Stress (z. B. Kälte- und Trockentoleranz);
- ▶ Blütensterilität;
- ▶ regulierbare Dormanz, verzögerte Blattalterung;
- ▶ bessere Kohlenstoff-Verteilung (z. B. bei Bäumen Veränderung des Stammdurchmessers relativ zum Höhenwachstum);
- ▶ Veränderung der photomorphogenetischen Reaktionen (Phytochromsystem);
- ▶ Reduktion des Wurzelwachstums: Maximierung der oberirdischen Biomasse; optimierte Stickstoffaufnahme und -nutzung;
- ▶ leicht prozessierbare Lignocellulose (Cellulose, Hemicellulose, Lignin);
- ▶ zielgerichtete stoffliche Veränderung der Biomasse;
- ▶ Produktion wertgesteigerter Chemikalien.

3.5. Genomsequenzierungen

Im Berichtszeitraum wurde ein Entwurf der Kerngenomsequenz des ersten Baumes (*Pappel; Populus trichocarpa*) publiziert (Tuskan et al., 2006). Mehr als 45 000 Protein-kodierende Gene wurden identifiziert. Damit besitzt die Pappel etwa anderthalb mal so viele Protein-kodierende Gene wie die seit vielen Jahren sehr erfolgreich eingesetzte Modellpflanze Ackerschmalwand (*Arabidopsis thaliana*). Interessanterweise jedoch sind Gene für Enzyme des Lignin- und Zellwandstoffwechsels im Vergleich zu Ackerschmalwand überrepräsentiert. Auch Gene für Pathogenabwehr, Meristementwicklung und den Stofftransport sind zahlenmäßig häufiger vertreten. Kürzlich wurde seitens des US-amerikanischen Department of Energy (DOE) ein Vorhaben zur Sequenzierung des Genoms der Pflanze *Brachypodium distachyon* bekannt gegeben¹⁹. Bei einer Genomgröße von etwa 355 Millionen Basenpaaren ist das Genom dieser Pflanze vergleichsweise kompakt. Eine Auswahl von Pflanzen, deren Genome aktuell sequenziert werden, ist in Tabelle 1 gegeben. Ein

¹⁹ http://www.jgi.doe.gov/News/news_7_11_06.html

wichtiger Aspekt dieser umfangreichen Datenerhebungen ist die vergleichende Genomanalyse (Comparative Genomics; Windsor und Mitchell-Olds, 2006). Dabei werden Gen- und cDNA-Sequenzen unterschiedlicher Pflanzenarten miteinander verglichen und Genmodelle abgeleitet. Diese Art der Analyse beschleunigt insgesamt den Prozess der Identifizierung neuer Gene.

Tabelle 1: Auswahl aktuell sequenzierter Pflanzengenome

Pflanze	Grund für die Sequenzierung
Brachypodium distachyon	In gemäßigten Zonen wachsendes Gras ^{a)} ; relativ kleines Genom, kann als Vergleichs-genom für die Genome wichtiger Kulturpflanzen (Weizen, Gerste) dienen; einige Ökotypen sind transformierbar; die Pflanze ist relativ klein, was Experimente im Labormaßstab erleichtert; sie produziert relativ viele Samen; Entwicklung als Modellsystem für Energiepflanzen;
Mimulus guttatus	Modellsystem für ökologische und evolutionäre Studien; Untersuchungen zur Entstehung neuer Arten ^{b)} ; sehr großes Spektrum unterschiedlicher Blütenformen und assoziierter Bestäubungstypen; unterschiedliche Wachstumsformen und Habitatpräferenzen; gute Kenntnis der Ökologie von Mimulus-Arten; die Gattung Mimulus umfasst etwa 160 Arten;
Aquilegia formosa	Modellsystem für ökologische und evolutionäre Studien; Untersuchung von Anpassungsstrategien; Untersuchungen zur Entstehung neuer Arten; Aquilegia nimmt im phylogenetischen Stammbaum eine vergleichsweise ursprüngliche Position ein, sie gehört zur Gruppe des Ranunculales; phylogenetisch nahezu äquidistant zu Reis und Arabidopsis thaliana; die Gattung ist für zahlreiche Blütenformen bekannt, die mit einer Spezialisierung für unterschiedliche Befruchtungstypen einhergehen; nahezu alle Arten der Gattung können gekreuzt werden, wobei fertile Hybride entstehen, was interessante genetischen Untersuchungen erlaubt;
Arabidopsis lyrata	Nahe Verwandtschaft zum Modellsystem Arabidopsis thaliana; gehört zur gleichen Gattung wie A. thaliana; auskreuzende, diploide Pflanze mit stabilen, räumlich begrenzten Populationen oder Subspezies (im Unterschied zu A. thaliana);
Capsella rubella	Nahe Verwandtschaft zum Modellsystem Arabidopsis thaliana, jedoch andere Gattung; diploid; Vergleich mit der tetraploiden Schwesterart Capsella bursa-pastoris, einer weltweit erfolgreichen, invasiven Spezies, untermauert die Analysen des A. thaliana – A. lyrata – Vergleichs.
Sorghum spp.	Wichtige Getreidepflanze und gutes Modellsystem für andere tropische Gräser; C4-Photosynthese (Reis: C3-Photosynthese), die eine effizientere Kohlenstoffassimilation bei höheren Temperaturen ermöglicht; Genomabgleich mit dem etwa 4-fach umfangreicheren Mais-Genom bietet sich an;
Manihot esculenta (Cassava)	Die Pflanze wächst unter sehr unterschiedlichen Umweltbedingungen (von sehr trocken bis sehr feucht; in sauren sowie alkalischen Böden; in nährstoffarmen Böden; vom Tiefland bis in große Höhen); weltweit Nahrungsmittel von etwa einer Milliarde Menschen; vergleichende Genomanalyse mit Sequenzen von Pappel und Rizinus wird angestrebt; möglicher Kandidat für Energiegewinnung aus nachwachsenden Rohstoffen;

Gossypium (Baumwolle)	Große Relevanz für die Textilindustrie; auch Beiprodukte (z.B. Baumwollöl) haben Bedeutung; Ersatz synthetischer Fasern durch Baumwollfasern größerer Festigkeit und Haltbarkeit, dadurch Reduktion der Abhängigkeit von Erdöl denkbar; interessante Aspekte in der Evolution der Baumwollpflanze;
Populus trichocarpa	Modellsystem für Bäume, die einen Großteil der terrestrischen Biomasse produzieren; vergleichsweise kompaktes Genom, lediglich 4 mal größer als das von Arabidopsis thaliana ^{c)} ; der Entwurf der Genomsequenz von P. trichocarpa wurde kürzlich publiziert ^{d)} ;
Physcomitrella patens (Laubmoos) ^{e)}	Moos-Modellsystem; einfache Morphologie; direkte Beobachtung intrazellulärer Prozesse möglich; Modell für Phytohormon-vermittelte Signalwege; homologe Rekombination erlaubt Genaustausch.

Quelle: <http://www.jgi.doe.gov/sequencing/seqplans.html>

a) www.brachypodium.org

b) http://www.nsf.gov/od/pa/news/03/pr03106_monkeyflower.htm

c) <http://genome.jgi-psf.org/Poptr1/Poptr1.home.html>

d) Tusken et al. (2006)

e) <http://www.mossgenome.org/>

Die vorläufigen Genomsequenzen zweier weit verbreiteter Reisvarietäten (*Indica*-Reis und *Japonica*-Reis) wurden 2002 der Öffentlichkeit präsentiert (Yu et al., 2002 ; Goff et al., 2002). Die Annotierung der Reisingene wurde in der Zwischenzeit intensiv vorangetrieben.²⁰

Bei Tomatenpflanzen werden aktuell genreiche Regionen der zwölf Chromosomen durch ein internationales Wissenschaftler-Konsortium sequenziert. Derzeit (Stand: September 2006) sind zwölf Prozent des Tomatengenoms sequenziert.²¹ Kartierungs- und Sequenzierarbeiten bei Solanaceen, zu denen neben Tomate auch Kartoffel, Paprika und Aubergine gehören, werden vom „Sol Genomics Network“²² koordiniert.

Seit kurzem ist auch die Kerngenomsequenz der einzelligen Grünalge *Ostreococcus tauri* aus der Familie der Prasinophyceae bekannt (Derelle et al., 2006). Bei der Alge handelt es sich um den kleinsten bisher bekannten freilebenden Eukaryot. Das 12,56 Millionen Basenpaare umfassende Genom der Alge besitzt ein sehr kompaktes Genom, was auf die Reduktion intergenischer Regionen sowie Genfusionen zurückgeführt werden kann. Die Alge kann als Modellorganismus für die Analyse der phylogenetischen Abstammung anderer Pflanzen, auch Höherer Pflanzen (und damit der Kulturpflanzen) dienen.

20 <http://www.tigr.org/tdb/e2k1/osa1/>

21 http://www.sgn.cornell.edu/about/tomato_sequencing.pl

22 <http://www.sgn.cornell.edu/index.pl>

Weitere Algen Genome sind entweder bereits sequenziert und publiziert worden oder sollen in naher Zukunft sequenziert werden. Das Genom der Grünalge *Chlamydomonas reinhardtii* wird aktuell annotiert, das heißt den einzelnen Abschnitten des Genoms werden Funktionen zugewiesen²³. Zumeist geschieht dies mittels bioinformatischer Verfahren, jedoch werden – soweit verfügbar – experimentelle Daten für die Sequenzinterpretation hinzugezogen.

EST-Sequenzierungen

Neben den Genomsequenzierungen spielt die Sequenzierung von EST-Klonen weiterhin eine wichtige Rolle. Für Reis und Mais sind in der öffentlich zugänglichen Datenbank GenBank bereits jeweils mehr als eine Million EST-Sequenzen hinterlegt. ESTs (Expressed Sequence Tags) repräsentieren cDNAs, deren Nukleotidabfolge bestimmt wird, ohne dass Korrekturlesungen vorgenommen werden. Die erhaltenen Sequenzen werden in Datenbanken (z. B. GenBank) hinterlegt. Trotz möglicher (bewusst in Kauf genommener) Fehler in den hinterlegten Sequenzen liefern ESTs sehr wichtige Informationen über exprimierte Gene (da sie von mRNA abgeleitet sind) und dienen der schnellen Identifizierung von Genen aus Pflanzen mit sehr großen Genomen (die bisher aufgrund technischer und finanzieller Limitationen nicht sequenziert werden können). Durch Vergleich von EST- (bzw. cDNA-) Sequenzen mit Genomsequenzen können außerdem Introns in Genen sowie Spleißvarianten identifiziert werden. Tabelle 2 gibt einen Überblick über den Stand sequenzierter ESTs für wichtige pflanzliche Modell- und Kulturpflanzen.

Tabelle 2: Anzahl verfügbarer EST-Sequenzen ausgewählter Pflanzen in GenBank

Pflanze	Anzahl ESTs
Oryza sativa (Reis)	1 188 992
Zea mays (Mais)	1 143 728
Triticum aestivum (Weizen)	855 066
Arabidopsis thaliana (Ackerschmalwand)	622 972
Hordeum vulgare (Gerste)	437 321
Glycine max (Sojabohne)	359 158

23 <http://www.chlamydomonas.info>; <http://www.chlamy.org>

Pinus taeda	329 469
Vitis vinifera (Wein)	316 756
Malus x domestica (Apfel)	253 992
Solanum tuberosum (Kartoffel)	226 798
Medicago truncatula	225 129
Lycopersicon esculentum (Tomate)	199 873
Gossypium hirsutum (Baumwolle)	177 030
Helianthus annuus (Sonnenblume)	94 110
Citrus sinensis	93 926
Populus trichocarpa	89 943
Picea sitchensis	80 789
Populus tremula x P. tremuloides	76 160
Nicotiana tabacum (Tabak)	73 847
Taraxacum officinale (Löwenzahn)	41 296
Populus tremula	37 313

Quelle: http://www.ncbi.nlm.nih.gov/dbEST/dbEST_summary.html; (Stand: 22.09.2006).

3.6. Genomische Technologien in der Biodiversitäts- und Ökosystemforschung

Verstärkt werden Aktivitäten unternommen, um genomische Technologien für ökologische Forschungen zu entwickeln und einzusetzen. Außerdem werden zunehmend neue Pflanzenarten in molekularbiologische Untersuchungen einbezogen und es werden Projekte initiiert, die sich der Untersuchung einzelner molekular charakterisierter Gene für das Verhalten von Pflanzen im Ökosystem beziehungsweise hinsichtlich ihrer Bedeutung für die Anpassung an unterschiedliche Standorte widmen.

Molekulare Techniken insbesondere zur Transkriptprofilierung (Expressionsprofilierung) wurden in den vergangenen Jahren in erster Linie für die Untersuchung von pflanzlichen

Organismen verwendet, die einer gentechnischen Modifikation gut zugänglich sind (z. B. *Arabidopsis thaliana*), als Kulturpflanzen eine wichtige Rolle spielen (Reis, Mais, Gerste u. a.) oder als physiologisch interessante Modelle (z. B. *Mesembryanthemum crystallinum*) untersucht werden. Die dabei eingesetzten molekularen Techniken – dabei handelt es sich beispielsweise um Array-Technologien oder PCR-Verfahren – nutzen in der Regel verfügbare Genom- oder EST/cDNA-Sequenzen, um geeignete Sonden (z. B. Oligonukleotide) zu entwerfen. Schwieriger gestaltet sich häufig die Analyse von Pflanzen (oder Organismen allgemein), für die keine oder nur wenige Sequenzinformationen vorliegen. In diesem Falle können zunächst entsprechende umfangreiche Sequenzdaten erhoben werden (z. B. durch EST-Sequenzierungen), die dann mittels etablierter Technologien für die Erstellung von Transkriptprofilen genutzt werden. Alternativ dazu werden jedoch inzwischen Technologien entwickelt, die es erlauben, Expressionsdaten auch dann abzugreifen, wenn keine Sequenzdaten für den untersuchten Organismus vorliegen. Dazu eignet sich beispielsweise das von Roth und Mitarbeitern (2004) beschriebene UMAS-Verfahren (Universal Micro-Array System). Das Nachweisverfahren ist auch unter dem Begriff GenCompass bekannt (Luscombe und Babu, 2004). Dabei werden die Transkripte des untersuchten Gewebes zunächst in cDNA umgeschrieben und die cDNA dann mittels Typ II-Restriktionsenzymen (z. B. MboI) in kleinere (circa 80–120 Basenpaare lange) Fragmente zerlegt. Über mehrere enzymatische Schritte werden die entstehenden Fragmente mittels Polymerasekettenreaktion vervielfältigt und modifiziert und an kurze, sechs Basenpaare lange, auf einer Array-Oberfläche fixierte Oligonukleotide ligiert. Durch Verwendung geeigneter Fluoreszenzverfahren und bioinformatische Analyse lässt sich die Expression einzelner Gene nachweisen. Eine universelle Methode zur Analyse von Genexpressionsmustern in Organismen, von denen keine Sequenzinformationen vorliegen, wurde auch am Fraunhofer Institut für Grenzflächen- und Bioverfahrenstechnik in Stuttgart entwickelt. Dabei wird RNA aus dem zu untersuchenden Gewebe isoliert, in cDNA umgeschrieben und die gebildeten cDNA-Moleküle mittels zweidimensionaler Gelelektrophorese nach molekularer Masse und GC-Gehalt aufgetrennt. Durch Vergleich unterschiedlicher Gewebe oder physiologischer Zustände können für die jeweiligen Zustände typische cDNAs identifiziert und sequenziert werden (Lindemann et al., 2006). Eine weiter gehende Übersicht zu genomischen Techniken für ökologische Untersuchungen findet sich in Thomas und Klaper (2004).

3.7. Systembiologie / Systems Biology

Im Bereich der Systembiologie sind weitere Entwicklungen zu verzeichnen, jedoch handelt es sich hierbei in der Regel erst ansatzweise um systembiologische Arbeiten. Weiterhin werden umfangreiche Datensammlungen zu Expressions-, Protein- und Metabolitprofilen erstellt, jedoch ist die mathematische Beschreibung und Modellierung von zellulären Prozessen auf der Systemebene in Pflanzen bisher nicht sehr weit voran geschritten. Mehrere aktuelle Arbeiten diskutieren mögliche Ansätze einer systembiologischen Forschung an Moosen (Decker et al., 2006) und Höheren Pflanzen (Hesse und Höfgen, 2006; Chen und Harmon, 2006). In Deutschland werden ab 2007 neue systembiologische Arbeiten an Algen, Moosen und Höheren Pflanzen im Rahmen der Initiative „Forschungseinheiten der Systembiologie – FORSYS“ im Förderprogramm „Biotechnologie – Chancen nutzen und gestalten“ des BMBF gefördert²⁴. Aufgrund einer noch frühen Phase in der pflanzlichen Systembiologie bleibt abzuwarten, welche daraus gewonnenen Erkenntnisse Eingang in die moderne Pflanzenzüchtung finden werden.

3.8. Enabling-Technologien der gentechnischen Pflanzenzüchtung

3.8.1. Transformationsmethoden

Die Modifikation des Kerngenoms stellt bei Pflanzen noch immer die am weitesten verbreitete Art der gentechnischen Veränderung dar. Das Verfahren ist aus der biologischen Grundlagenforschung nicht mehr wegzudenken. Als Transformationsvehikel wird weiterhin *Agrobacterium tumefaciens* sehr intensiv eingesetzt. Eine neue Technologie namens „Magnification“ wurde von der Arbeitsgruppe um Yuri Gleba in Halle entwickelt (Marillonnet et al., 2005; Gleba et al., 2005). Bei dem Verfahren werden von RNA-Viren abgeleitete DNA-Vektoren über *Agrobacterium* in pflanzliche Zellen eingebracht. Dies führte ohne gentechnische Modifikation der Pflanze zu einer sehr guten Expression fremder Proteine. Das Verfahren wurde erfolgreich an mehreren Pflanzenarten getestet, inklusive Tabak (*Nicotiana tabacum*, *Nicotiana benthamiana*), Sonnenblume, Petunie, Spinat und anderen Pflanzen.

²⁴ <http://www.bmbf.de/press/1851.php>

Neben einer kontinuierlichen Expression (meist unter der Kontrolle des Blumenkohl-Mosaik-Virus-35S-Promotors) werden weiterhin Systeme entwickelt, die eine gezielte Induktion der Expression durch externe Applikation von chemischen Substanzen erlauben. Ein umfangreicher Übersichtsartikel dazu wurde von Moore et al. (2006) verfasst.

Noch immer kompliziert ist die multiple (viele Gene umfassende) gentechnische Modifikation von Pflanzen. Mehrere Gene können entweder gleichzeitig oder nacheinander in das Genom einer Pflanze integriert werden. Sollen nur wenige Gene übertragen werden, können die üblichen Transformationsverfahren (z. B. unter Nutzung von *Agrobacterium tumefaciens*) eingesetzt werden. Soll die Zahl der Transgene erhöht werden – etwa um komplexere oder mehrere unterschiedliche Eigenschaftsveränderungen herbeizuführen – kann eine bereits transgene Pflanze erneut transformiert werden (unter Verwendung eines zweiten Selektionsmarkers). Alternativ können unterschiedliche transgene Pflanzen miteinander gekreuzt werden. Durch Einführen von insgesamt neun Genen aus unterschiedlichen Organismen gelang es, transgene *Brassica juncea*-Pflanzen herzustellen, die hohe Gehalte an sehr langkettigen, mehrfach ungesättigten Fettsäuren (VLC-PUFAs, *very long-chain poly-unsaturated fatty acids*) in ihren Samen akkumulieren (Wu et al., 2005). Langkettigen, mehrfach ungesättigten Fettsäuren wird gesundheitsfördernde Wirkung zugesprochen.

Plastidentransformation

Die mittels gentechnischer Verfahren vorgenommene Veränderung des Genoms von Plastiden (d. h. des in Chloroplasten und anderen Plastiden vorliegenden Genoms) ist weiterhin von erheblichem Interesse und hat im Berichtszeitraum gegenüber dem Vorjahr achtbar zugenommen. Auf die Vorteile der Transplastomtechnologie wurde bereits im Gentechnologiebericht (2005) verwiesen. Einen historischen Überblick geben Lu und Mitarbeiter (2006). Effiziente Chloroplastentransformation ist bisher lediglich im Falle von Tabak möglich. Wesentliche Errungenschaften, insbesondere hinsichtlich der gentechnischen Veränderung des Chloroplastengenoms von wichtigen Kulturpflanzen (Sojabohne und Baumwolle) werden durch Daniell et al. (2005) zusammengefasst. Insgesamt sind bis heute über 40 verschiedene Transgene stabil in Chloroplastengenome integriert und exprimiert worden. In den meisten Fällen erfolgte die Integration von Fremd-DNA in die Genome von Chloroplasten. Der Einbau von Fremd-DNA in die DNA von nichtgrünen Plastiden (z. B. Leucoplasten, Amyloplasten, Etioplasten oder Chromoplasten) ist technisch noch immer eine Herausforderung, wurde aber bereits in wenigen

Fällen berichtet (Lu et al., 2006). Die Modifikation des Plastidengenoms kann auch zur Steigerung der Toleranz gegenüber abiotischem Stress (z. B. Salzstress) führen, wie durch Kumar et al. (2004) gezeigt wurde. Von besonderem Interesse ist auch die Weiterentwicklung der Technologie für Anwendungen an einkeimblättrigen (monokotylen) Pflanzen, zu denen wichtige Getreidearten, wie beispielsweise Reis, Weizen und Gerste, gehören. Dies ist jedoch bisher nicht standardmäßig möglich. Die über Plastidentransformation eingeführten neuen pflanzlichen Eigenschaften betreffen in mehreren Fällen agronomische Eigenschaften wie beispielsweise Insekten- und Herbizidresistenzen, Trocken- und Salztoleranz sowie cytoplasmatische Sterilität (Daniell et al., 2005). Weiterhin von Interesse ist prinzipiell die Produktion von pharmakologisch relevanten Proteinen (Plant-Made Pharmaceuticals, PMPs) oder technischen Enzymen über transplastome Verfahren. Mehr als zehn unterschiedliche pharmakologisch relevante Proteine inklusive humanem Somatotropin, antimikrobiellen Peptiden, Interferon Gamma, monoklonalen Antikörpern unter anderem wurden mittels Transplastomtechnologie in Pflanzen exprimiert (ebenda). Eine Zusammenstellung von Patenten zur Chloroplastentransformation findet sich im Internet im Portal der International Academy of Life Sciences (IALS)²⁵ sowie auf der Molecular Farming Webseite.²⁶ Eine von Cui und Mitarbeitern (2006) speziell für Plastiden-Genome etablierte Datenbank ist im Internet verfügbar.²⁷ Die Plastidengenome von etwa 70 Organismen sind heute bereits bekannt.

Beispielhaft für Publikationen aus dem Berichtszeitraum (Jahr 2006) seien genannt:

- ▶ Transplastome Tabakpflanzen, die ein plastidäres Protein aus *Arabidopsis thaliana* exprimierten, wurden hinsichtlich ihrer photosynthetischen Parameter untersucht (Yamamoto et al., 2006).
- ▶ Lee et al. (2006) beschrieben die Herstellung transplastomer Reispflanzen, wenn auch homoplastome Pflanzen (d. h. solche, deren Plastidengenome vollständig durch den Gentransfer modifiziert wurden) nicht gewonnen werden konnten.
- ▶ Ein Verfahren zur Entfernung (Exzision) von Markergenen aus Plastidengenomen wurde von der Arbeitsgruppe um Pal Maliga berichtet (Lutz et al., 2006). Damit wird einem häufig angebrachten Kritikpunkt, der Anwesenheit von Antibiotika-Resistenzgenen in gentechnisch modifizierten Pflanzen, Rechnung getragen.

25 <http://www.plantpharma.org/ials/index.php?id=181>

26 <http://www.molecularfarming.com/molecular-farming-patents-chloroplast-transformation.html>

27 <http://chloroplast.cbio.psu.edu>

- ▶ Die Produktion von rekombinantem bakteriellem Lipoprotein in Chloroplasten Höherer Pflanzen wurde von der Arbeitsgruppe um H. Warzecha von der Julius-Maximilians-Universität Würzburg berichtet (Glenz et al., 2006). Den Autoren gelang der Nachweis, dass das in den Plastiden produzierte Protein eine für Bakterien typische Lipidveränderung aufwies; damit ist gezeigt worden, dass plastidär kodierte Proteine posttranslational modifiziert werden können, was für zahlreiche pharmakologische Anwendungen von großer Bedeutung ist.
- ▶ Erstmals wurde im Berichtszeitraum die Herstellung von transplastomen Bäumen beschrieben. Okumura und Mitarbeitern (2006) gelang die gentechnische Modifikation des Chloroplastengenoms der Pappel (*Populus alba*). Damit steht auch für Bäume diese Technologie prinzipiell zur Verfügung. Diese Entwicklung geht einher mit einer verstärkten Analyse molekularbiologischer Aspekte der Physiologie und Entwicklung von Pappeln.

Mehrere Arbeiten im Berichtszeitraum präsentieren Daten zur Produktion von therapeutischen Proteinen in transplastomen Pflanzen:

- ▶ Li et al. (2006) berichteten kürzlich über die Produktion von rekombinantem SARS-CoV-Spike-Protein in transplastomen Tabakpflanzen. Zweck der Arbeiten ist mittelfristig die Entwicklung von oral einnehmbaren Vakzinen.
- ▶ Die Expression eines gegen Epstein-Barr-Virus gerichteten Antigens in Tabak (Lee et al., 2006).
- ▶ Die Expression von humanem epidermalem Wachstumshormon (human epitelial growth factor, hEGF) in transplastomen Tabakpflanzen (Wirth, 2006).
- ▶ Die Expression von Teilen des Hepatitis-E-Virus-ORF2-Proteins in Tabak (Zhou, 2006).

Das 2002 gegründete US-Unternehmen Chlorogen nutzt die Plastidentechologie für die Produktion von therapeutischen Proteinen²⁸. Das Unternehmen arbeitet nach eigenen Angaben derzeit an der Verfeinerung der Produktion eines gegen Eierstockkrebs wirksamen Proteins. Die Entwicklung wird gemeinsam mit Kentucky BioProcessing (KBP) vorangetrieben. Dow AgroSciences hat den Abschluss eines Forschungsvertrages mit Chlorogen bekannt gegeben,

28 <http://www.chlorogen.com>

der das Ziel verfolgt, die Chloroplasten-Transformationstechnologie (Chloroplast Transformation Technology, CTTTM) für die biotechnische Produktion von therapeutischen Produkten für Tiere in pflanzlichen Zellkulturen zu nutzen²⁹. Ebenso wurde mit Sigma-Aldrich ein Kooperationsvertrag abgeschlossen, um vier Proteine in Chloroplasten von Tabak zu produzieren³⁰.

Auch das 1999 gegründete und in Deutschland ansässige Unternehmen Icon Genetics³¹ nutzt Chloroplasten-Transformationstechnologie für die Expression rekombinanter Proteine. Neben Tabak werden nach Firmenangaben vier weitere Pflanzenarten mittels der Technologie gentechnisch modifiziert (u. a. *Nicotiana benthamiana* und *Nicotiana excelsiana*). Gemeinsam mit dem Kentucky Tobacco Research and Development Center (KTRDC) werden Freisetzungsexperimente mit transplastomen Tabakpflanzen in den USA durchgeführt. Die gentechnisch modifizierten Pflanzen exprimieren das Enzym Phenylalanin-Ammonium-Lyase (PAL) aus *Arabidopsis thaliana*. Mit der Produktion dieses Enzyms in Chloroplasten werden drei Ziele verfolgt: (i) das aus den gentechnisch veränderten Pflanzen gereinigte Enzym soll für die Behandlung der erblichen Erkrankung Phenylketonurie (PKU) eingesetzt werden; (ii) das Enzym kann für industrielle biochemische Synthesen genutzt werden; und (iii) eine starke Expression von PAL führt zur Bildung von kommerziell interessanten Stoffwechselprodukten³². Icon Genetics wurde Anfang 2006 von der Bayer Innovation GmbH erworben.

Zusammenfassend kann festgehalten werden, dass die gentechnische Veränderung des Plastidengenoms zahlreiche Anwendungen ermöglicht, wobei das Feld der Einsatzgebiete in Zukunft noch breiter werden dürfte. Einen weiteren Schub in der Anwendung der Technologie wird es geben, sobald Routineverfahren für die gentechnische Modifikation von Plastiden der Getreidepflanzen und Bäume zur Verfügung stehen. Im Gegensatz zur Veränderung des Kerngenoms wird eine gentechnische Veränderung des Genoms von Plastiden weltweit erst in einer vergleichsweise kleinen Anzahl an Labors durchgeführt. Gerade in Deutschland jedoch ist diesbezüglich gute Expertise vorhanden (z. B. am Max-Planck-Institut für Molekulare

29 <http://www.dowagro.com/newsroom/corporatenews/2005/20050916a.htm>

30 http://www.corporate-ir.net/ireye/ir_site.zhtml?ticker=SIAL&script=410&layout=-6&item_id=623307

31 <http://www.icongenetics.com>

32 http://www.icongenetics.com/html/news_details.php?id=5935&ityp=2

Pflanzenphysiologie in Golm oder im Biotechnologie-Unternehmen Icon Genetics mit Sitz in Halle und München).

Mitochondrientransformation

Auch weiterhin existieren keine Routineverfahren für die gentechnische Veränderung von Mitochondriengenomen Höherer Pflanzen, jedoch wird in einigen Arbeitsgruppen international daran gearbeitet.

3.8.2. Pflanzliche Expressionssysteme

Die heterologe Expression von Proteinen in transgenen Pflanzen und Pflanzenzellen (Zellkulturen) spielt weiterhin eine zentrale Rolle in der Grundlagenforschung, in zunehmendem Maße jedoch auch in der angewandten Forschung. Mehrere Übersichtsartikel diskutieren Vor- und Nachteile pflanzlicher Expressionssysteme (Ma et al., 2003; Peterson und Arntzen, 2004; Fischer et al., 2004; Schillberg et al., 2005). Von besonderer Bedeutung für die Produktion von pharmakologisch relevanten Proteinen sind der Grad und die Art ihrer Glykosylierung (und anderer posttranslationaler Modifizierungen). Dazu werden aktuell wissenschaftliche Untersuchungen durchgeführt (Joshi und Lopez, 2005; Gomord und Faye, 2005; Gomord et al., 2005).

Die Verwendung von *Medicago truncatula* (einer Leguminosen-Art) als einem neuen System für die heterologe Proteinexpression in Pflanzen wird in einer Publikation von Abranches et al. (2005) diskutiert. Eine sehr gute heterologe Proteinexpression in Gerstenkörnern wird vom Biotechnologie-Unternehmen Maltagen (Andernach) berichtet³³. Als Vorteile der Proteinexpression in Gerstenkörnern werden vom Unternehmen unter anderem genannt: hoher Proteingehalt, geringer Wassergehalt in den Körnern, gute Lagerfähigkeit (Kältekette nicht erforderlich), geringe bis keine Auskreuzung (da Gerste ein ausgeprägter Selbstbestäuber ist), die Verfügbarkeit phänotypischer Marker; langjährige Erfahrung in der Prozessierung von Gerste und Malz. Mehrere heterologe Proteine wurden inzwischen erfolgreich in Gerstenkörnern produziert, dazu gehören humanes Serumalbumin (3 g/kg Samen), Lactoferrin (2 g/kg), antimikrobielle Peptide (0,3 g/kg) und das ursprünglich aus dem Süßholzbaum (*Thaumatococcus daniellii*) stammende, als Süßstoff verwendete Protein Thaumatin (3 g/kg).

33 <http://www.maltagen.de>

Moose

Das Moos *Physcomitrella patens* wird zunehmend molekularbiologisch charakterisiert. Ein Übersichtsartikel wird von Cove (2005) zur Verfügung gestellt. *Physcomitrella* wird als Expressionssystem für heterologe Proteine weiterentwickelt. Eine führende Position nimmt dabei das in Freiburg ansässige Unternehmen Greenovation Biotech GmbH ein³⁴. Das Unternehmen hat kürzlich – gemeinsam mit Gruppen der Universität Freiburg und der Universität Karlsruhe – die Zusage für eine finanzielle Förderung zur Weiterentwicklung der Produktion von Biopharmaceuticals in *Physcomitrella patens* im Rahmen des BMBF-Wettbewerbs BioChancePlus erhalten³⁵. Dabei soll unter anderem ein 100-Liter-Photobioreaktor für die Kultivierung des Mooses aufgebaut werden. Die Entwicklung von molekularen Werkzeugen für die Proteinexpression in *Physcomitrella* wird weiterhin vorangetrieben (Saidi et al., 2005; Schaaf et al., 2005; Weise et al., 2006).

3.9. Plant-made Pharmaceuticals (PMPs)

Experimentelle Arbeiten zur Produktion von Proteinen, die einen direkten medizinischen Nutzen versprechen, in Pflanzen (Plant-made pharmaceuticals, PMPs), werden weiterhin von mehreren akademischen Arbeitsgruppen, aber auch Unternehmen der Biotechnologie verfolgt. Neben gentechnisch veränderten Pflanzen eignen sich prinzipiell auch Verfahren der transienten Expression für eine heterologe Proteinproduktion (dafür ist bspw. das neu entwickelte Verfahren der „Magnification“ einsetzbar, siehe unten). Eine Übersicht über verfügbare Technologien und Ansätze geben unter anderem Twyman et al. (2003) und Ma et al. (2005). Eine aktuelle Zusammenstellung von Brian Marshall (2006)³⁶ zum Stand der Entwicklung von PMPs sowie in Pflanzen hergestellten technischen Enzymen (Plant-made industrial enzymes, PMIPs) kommt unter anderem zu folgenden Aussagen: (i) Die experimentellen Anbauflächen von Pflanzen mit PMPs betrug in den Jahren 1995 bis 2004 jeweils unter etwa 300 Hektar. (ii) Die prognostizierten Anbauflächen für PMP-Pflanzen werden auch bei 40 zugelassenen Produkten mit einem Marktwert von je einer Milliarde US-\$

34 <http://www.greenovation.com>

35 http://www.greenovation.com/News_News.htm

36 <http://www.molecularfarming.com/PMPs-and-PMIPs.html>

insgesamt 15 000 Hektar nicht überschreiten. (iii) Pflanzen, die technische Enzyme produzieren (PMIPs), haben, zumindest mittelfristig, das Potenzial, größere Anbauflächen einzunehmen. Insgesamt lässt sich aber festhalten, dass der Anbau von PMP- und PMIP-Pflanzen auch in absehbarer Zukunft wesentlich weniger landwirtschaftliche Fläche in Anspruch nehmen wird als die Kultivierung von Pflanzen (auch gentechnisch modifizierten) für die Lebensmittel-, Futtermittel- oder Faserproduktion.

Derzeit werden PMPs für alle wesentlichen Erkrankungen entwickelt, inklusive Alzheimer-Erkrankung, Krebs, Nierenerkrankungen, Cystische Fibrose, Fettleibigkeit und andere mehr. Beispielhaft seien genannt: gastrische Lipase, Lactoferrin und Trypsin in Mais, Alpha-Interferon in Lemna (Wasserlinse), Lactoferrin und Lysozym in Reis, sowie verschiedene Impfstoffe in Kartoffel, Tabak und Mais. Bei den technischen Enzymen handelt es sich unter anderem um Cellulase, Laccase und Peroxidase (Marschall, 2006;³⁷) Kürzlich wurde die hocheffiziente Produktion von monoklonalen Antikörpern in Pflanzen berichtet (Giritch, 2006).

Einige PMPs werden aktuell in der ersten oder zweiten, in wenigen Fällen in der dritten klinischen Phase erprobt. Einige Test wurden, wie üblich für solche Untersuchungen, nach den Phase-1-Tests abgebrochen (Marschall, 2006).

3.10. Selektierbare Marker/neue Selektionsverfahren

Im Gentechnologiebericht (2005) wurde darauf hingewiesen, dass sich bei den selektierbaren Markern eine Entwicklung weg von Antibiotikaresistenz verleihenden Markern hin zu unter anderem Herbizidresistenz oder aber sichtbaren (screenable) Markern abzeichnet. Eine umfassende Übersicht zu selektierbaren Markergenen findet sich bei Miki und McHugh (2004). Wie von den Autoren berichtet, wurde in der überwiegenden Mehrzahl (60 %) der gentechnischen Experimente an Pflanzen das Antibiotikum Kanamycin für die Selektion transgener Pflanzen eingesetzt. Weniger häufig wurde Hygromycin-Resistenz als Marker verwendet (20 %), in etwa zehn Prozent der Fälle diente das Herbizid Phosphinothricin der Selektion.

Im Berichtszeitraum wurde über neue technische Ansätze zur Herstellung von Antibiotikum-beziehungsweise Herbizidtoleranz in transgenen Pflanzen berichtet. So wurde eine Herbizid-

³⁷ <http://www.cmp2005.org/Plants.aspx>

toleranz erstmalig durch Expression eines katalytischen Antikörpers erzielt (Weiss et al., 2006). Toleranz gegenüber dem Antibiotikum Kanamycin konnte in transgenen Tabakpflanzen (*Nicotiana tabacum*) durch Expression des aus *Arabidopsis thaliana* stammenden ABC- (ATP-binding cassette) Transporters Atwbc19 erreicht werden (Mentewab und Stewart, 2005). Das in den transgenen Pflanzen beobachtete Ausmaß der Toleranz gegenüber dem Antibiotikum war ähnlich dem transgener Pflanzen, die bakterielle Kanamycin-Resistenzgene exprimieren. Da ABC-Transporter wie etwa Atwbc19 endogen in Pflanzen vorkommen, besteht hier die Möglichkeit, auf bakterielle Selektionsmarker zu verzichten. Jedoch wurde kürzlich von Rommens in einer Stellungnahme darauf hingewiesen, dass die Expression von Atwbc19 möglicherweise unerwünschte physiologische Folgewirkungen haben könnte (Rommens, 2006). ABC-Transporter besitzen oft ein weites Substratspektrum. Die Überexpression von Atwbc19 in transgenen Pflanzen, so Rommens, könnte zur ungewollten Akkumulation von sekundären Pflanzeninhaltsstoffen oder gar von externen (auch unerwarteten) Substanzen (Xenobiotika) führen. So erscheint es denkbar, dass transgene Pflanzen, nicht jedoch die nicht-transgenen Vergleichslinien, unter bestimmten Umständen Xenobiotika akkumulieren. Dabei könnte es sich um toxische Bestandteile des Bodens handeln (etwa Schwermetalle) oder um applizierte Herbizide. Solche Eigenschaften wurden für andere pflanzliche ABC-Transporter beschrieben (Lee et al., 2005; Kim et al., 2006; Windsor et al., 2003). Eine rasche Kommerzialisierung dieser Technologie dürfte aus den genannten Gründen eher unwahrscheinlich sein.

Von Leyman und Mitarbeitern (2004; 2006) wurde ein auf Traubenzucker (Glucose) basierendes Selektionssystem für *Arabidopsis thaliana* entwickelt. Die Pflanze gedeiht normalerweise nicht gut auf sterilen Medien mit hoher Glucose-Konzentration. Durch Einführen eines für Trehalose-6-Phosphat-Synthase kodierenden Gens (AtTPS1) jedoch wurden die Pflanzen in die Lage versetzt, auf Medien mit sechs Prozent Glucose zu keimen und sich zu grünen Sämlingen weiter zu entwickeln.

Über ein alternatives, sowohl für negative als auch für positive Selektion einsetzbares Markersystem wurde bereits im Gentechnologiebericht (2005) berichtet. Das von Erikson und Mitarbeitern (2004) entwickelte System beruht auf der Expression des DAO1-Gens der Hefe *Rhodotorula gracilis* in transgenen Pflanzen. Das vom DAO1-Gen kodierte Enzym, eine D-Aminosäure-Oxidase, katalysiert die Deaminierung mehrerer D-Aminosäuren (u. a. D-Alanin und D-Serin). Das Wachstum nicht-transgener Pflanzen wird in Gegenwart von D-Aminosäuren inhibiert, hingegen überleben DAO-produzierende gentechnisch modifizierte Pflanzen den

Selektionsprozess. Transgene Pflanzen sterben jedoch bei Applikation von D-Valin oder D-Isoleucin, wohingegen in diesem Fall Wildtyp-Pflanzen nicht in Mitleidenschaft gezogen werden. Die Transformation mit einem einzigen Gen (DAO1) bietet somit die Möglichkeit zur positiven als auch zur negativen Selektion.

Die Arbeitsgruppe um Erikson hat nun ein weiteres auf D-Aminosäuren aufbauendes Selektionssystem für Höhere Pflanzen entwickelt (Erikson, 2005). In dem neuen Verfahren wird das *Escherichia coli*-Gen *dsdA* verwendet. Das vom *dsdA*-Gen kodierte Enzym katalysiert die Umwandlung (Desaminierung) von D-Serin zu Pyruvat, Wasser und Ammonium. Bei Kultur auf D-Serin-haltigem Medium werden nichttransformierte Pflanzen stark in Mitleidenschaft gezogen, wohingegen transgene Pflanzen, die das bakterielle Gen tragen, die Behandlung überleben. Das Verfahren eignet sich nicht allein für die Selektion transgener Pflanzen auf sterilen Medien, sondern kann auch unter Gewächshausbedingungen eingesetzt werden. Die Verwendung des *dsdA*-Markers für andere Pflanzen (auch Bäume) wird aktuell getestet.

3.11. Chemical Genetics

Mit Hilfe niedermolekularer Substanzen, so genannter Small Molecules, können die Eigenschaften von Proteinen modifiziert werden. Mittels multiparalleler Screeningverfahren lassen sich aus umfangreichen Substanzbibliotheken solche Verbindungen herausfiltern, die ausgewählte Proteine in ihren Aktivitäten modifizieren (z. B. aktivieren oder inhibieren). Auch physiologische Prozesse (zelluläre Abläufe, Wachstumsprozesse etc.) lassen sich unter geeigneten experimentellen Bedingungen beeinflussen. Wenn eine neue Verbindung mit der gewünschten biochemischen Wirkung identifiziert wurde, kann das bindende Protein identifiziert werden oder die molekulare Auswirkung (z. B. auf der Genebene) untersucht werden. Das US-Unternehmen Mendel Biotechnology³⁸ plant die Entwicklung von Small Molecules, die pflanzliche Regulatorproteine (Transkriptionsfaktoren) beeinflussen (Wolfson, 2006). Wenn Pflanzen beispielsweise durch Umweltstress (etwa Trockenheit) in ihrem Wachstum gehindert sind, könnte durch Applikation (Sprühen) geeigneter chemischer Verbindungen die Widerstandsfähigkeit der Pflanzen verbessert werden. Damit könnte es

³⁸ <http://www.mendelbio.com>

möglich werden, Pflanzen gezielt in ihrem physiologischen Verhalten zu beeinflussen – auch dann, wenn diese Pflanzen nicht gentechnisch modifiziert sind. Möglicherweise werden solche Verfahren vom Verbraucher eher akzeptiert als GV-Pflanzen, zumal verwandte Technologien seit Jahrzehnten etabliert und weit verbreitet sind.

3.12. Micro-RNAs

Wie bereits im Gentechnologiebericht (2005) erwähnt, gewinnt die Analyse von Micro-RNAs auch in Pflanzen zunehmend an Bedeutung. Zahlreiche Publikationen im Berichtszeitraum beschreiben neu identifizierte pflanzliche Micro-RNAs und deren biologischen Funktionen. Micro-RNAs sind inzwischen in mehreren Pflanzenarten beobachtet worden, inklusive zum Beispiel Reis (Luo et al., 2006), Mais (Zhang et al., 2006), Gerste (Millar und Gubler, 2005), dem Moos *Physcomitrella patens* (Talmor-Neiman et al., 2006) und anderen Pflanzen. Mehrere Übersichtsartikel fassen den aktuellen Stand der Forschung zu pflanzlichen Micro-RNAs zusammen (Bonnet et al., 2006; Mallory und Vaucheret, 2006; Meyers et al., 2006).

3.13. Erzeugung genetischer Diversität und molekulare Charakterisierung auf der DNA-Ebene

3.13.1. Genaustausch

Der gezielte Austausch pflanzlicher Gene durch sequenzveränderte Varianten über den Prozess der homologen Rekombination ist noch immer nicht routinemäßig möglich, jedoch weiterhin von sehr großem Interesse. Durch Genaustausch wäre es möglich, die Funktion eines Genes zwar am ursprünglichen Genort, aber nach Einführen einer vorher festgelegten Mutation zu studieren (Genaustausch ist beispielsweise in der Hefe *Saccharomyces cerevisiae* standardmäßig etabliert). Im Berichtszeitraum wurden Arbeiten publiziert, die eine gegenüber älteren Verfahren verbesserte Frequenz des Genaustauschs (Gene Replacement) beschreiben (Lloyd et al., 2005; Shaked et al., 2005; Kumar et al., 2006). Jedoch sind weitere Verbesserungen erforderlich, bevor solche Verfahren für die gentechnische Modifikation von Höheren Pflanzen Routine werden. Im Gegensatz hierzu ist homologe Rekombination im Falle des Moos *Physcomitrella patens* ohne größere Probleme möglich.

3.13.2. TILLING-Verfahren

Auf das TILLING-Verfahren (Targeting Induced Local Lesions In Genomes) wurde bereits im Gentechnologiebericht (2005) hingewiesen. Das Verfahren erlaubt die relativ rasche Identifizierung (unter Verwendung molekularbiologischer Techniken) von Punktmutationen in Genen, deren Analyse angestrebt wird. Alternativ kann für bereits funktionell charakterisierte Gene in Kulturpflanzen beispielsweise nach Verlustmutanten gesucht werden (etwa wenn eine bestimmte enzymatische Aktivität unerwünscht ist) (Slade und Knauf, 2005; Gilchrist und Haughn, 2005). TILLING steht aktuell für mehrere Pflanzenarten zur Verfügung, so unter anderem für *Arabidopsis thaliana*, Weizen und Mais. Für mehrere andere Pflanzenarten (Gerste, Tomate, Lotus, u. a.) wird TILLING etabliert. Bisher kann nicht abschließend festgestellt werden, welche Bedeutung TILLING für die Kulturpflanzenzüchtungen erlangen wird.

3.13.3. Natürliche Ökotypen

Auf die Bedeutung von natürlicherweise vorkommenden Varietäten (Wildpflanzen) wurde im Abschnitt über Smart Breeding bereits hingewiesen. Einen Übersichtsartikel zur Analyse der natürlichen genetischen Variabilität in der Modellpflanze *Arabidopsis thaliana* bieten Koornneef et al., (2004).

3.13.4. Quantitative Trait Loci

Die molekulare Identifizierung (Klonierung) von QTL (Quantitative Trait Loci) bleibt weiterhin sehr wichtig. Die zentrale Aufgabe des QTL-Mapping besteht in der Identifizierung des Genortes, der ursächlich für die Variation eines bestimmten komplexen, quantitativen Merkmals verantwortlich ist. Für Züchtungsprogramme sind QTL oft von besonderem Interesse, wobei unter anderem angestrebt wird, bevorzugte Allele in Elitelinien zu kombinieren. In Kombination mit Smart Breeding gewinnt die Kartierung und molekulare Klonierung von QTL daher besondere Bedeutung. Zahlreiche Arbeiten zur Identifizierung von neuen QTL mit Relevanz (z. B. für Öl- und Proteingehalte in *Brassica juncea*-Samen, die Blattentwicklung und -alterung in der Pappel unter erhöhter CO₂-Konzentration, die Callusbildung in Mais, die Ertragsleistung in Weizen oder die Kontrolle von Genexpressionsnetzwerken) wurden im Berichtszeitraum publiziert. Allein für 2006 (Stand: September 2006) sind bei GenBank 219 Publikationen unter der Stichwortkombination „QTL“ und „plant“ registriert. Für 2005 finden sich 358 Publikationen, und für 2004 sind 532

Veröffentlichungen verzeichnet. Mehrere Übersichtsartikel geben Darstellungen zur Thematik (Salvi und Tuberosa, 2005; Koornneef et al., 2004; Price, 2006).

3.14. Phänotypisierung der genetischen Diversität

3.14.1. Erstellung von RNA-Profilen

Die Erstellung von Transkriptprofilen gehört inzwischen zu den zentralen Technologien der Pflanzengenomforschung. Für die Expressionsprofilierung werden weiterhin überwiegend EST-basierte Verfahren genutzt. Für mehrere Pflanzenarten (z. B. *Arabidopsis thaliana*, Reis) werden inzwischen auch Oligonukleotid-basierte Micorarrays kommerziell angeboten. Im Internet werden mehrere Datenbanken und Software-Tools angeboten, die die Analyse von Expressionsprofilen erlauben und beispielsweise die Identifizierung von neuen cis-regulatorischen Elementen in den Promotoren ähnlich exprimierter Gene ermöglichen. Beispielhaft für entsprechende Internetseiten sind:

- ▶ Die Microarray-Datenbank und -Analyse-Toolbox „Genevestigator“³⁹ der ETH Zürich. Genevestigator erlaubt nun neben *Arabidopsis thaliana* auch die Analyse von Maus-Expressionsdaten.
- ▶ Die „Comprehensive Systems Biology Database“ (CSB-DB) des Max-Planck-Instituts für Molekulare Pflanzenphysiologie in Potsdam-Golm.⁴⁰ Neben *Arabidopsis thaliana*-Daten werden auch Korresponse-Daten zu Expressionsprofilen aus Hefe (*Saccharomyces cerevisiae*) und dem Bakterium *Escherichia coli* bereitgestellt. CSB-DB bietet weiterhin Zugang zu pflanzlichen Metabolom-Daten.
- ▶ Das Programm Expression Angler⁴¹ der Universität Toronto, welches ebenfalls für die Korresponse-Analyse von *Arabidopsis thaliana*-Expressionsprofilen zur Verfügung steht.

Neben Micro- und Macroarraytechnologien wird neuerdings auch die quantitative Hochdurchsatz-RT-PCR verwendet (Czechowski et al., 2004; McGrath et al., 2005). Diese Technologie ist der Array-Technologie überlegen, wenn schwach exprimierte oder lediglich

39 <https://www.genevestigator.ethz.ch/>

40 <http://csbdb.mpimp-golm.mpg.de/>

41 http://bbc.botany.utoronto.ca/ntools/cgi-bin/ntools_expression_angler.cgi

in wenigen Zellen eines komplexen Gewebes exprimierte Gene analysiert werden sollen. Heute kann mit dieser Methode die Expression von 2 000–3 000 Genen multiparallel untersucht werden. Zunächst wurde die Technologie für *Arabidopsis thaliana* entwickelt. Inzwischen steht sie auch für die Analyse von Transkriptionsfaktor-Genen der Reispflanze zur Verfügung.

Wichtig für das Verständnis der biologischen Funktion von Genen ist auch die Kenntnis des zellulären Expressionsmusters dieser Gene. Auskunft darüber lässt sich erhalten, indem die Promotoren der untersuchten Gene an die kodierende Region von Reporterproteinen fusioniert und die chimären Genkonstrukte in das Genom der zu untersuchenden Pflanze integriert werden. Die vom Promotor vermittelte Aktivität des Reporterproteins kann dann mittels geeigneter enzymatischer Techniken nachgewiesen werden. Dieses Verfahren gehört seit vielen Jahren zum Standardrepertoire der Molekularbiologie. Alternativ dazu kann die In-Situ-Hybridisierung heran gezogen werden, bei der die mRNA eines zu untersuchenden Gens direkt (über Hybridisierung an eine radioaktiv oder mittels Fluoreszenzfarbstoffen markierte Sonde) auf zellulärer Ebene sichtbar gemacht wird. Ein Verfahren zur Hochdurchsatz-In-Situ-Hybridisierung für Pflanzen wurde kürzlich beschrieben (Drea et al., 2005).

3.14.2. Protein-Profile

Neben die Erstellung von Transkriptprofilen gesellt sich immer häufiger die Profilierung von Proteinmustern pflanzlicher Organe und Gewebe (Proteomics) (Chen und Harmon, 2006; Agrawal et al., 2006; Glinski und Weckwerth, 2006). Dabei werden in großem Umfang zweidimensionale Gelelektrophoresen sowie massenspektrometrische Verfahren eingesetzt. Rossignol et al. (2006) haben in einer aktuellen Analyse der 2004–2006 publizierten Literatur zur pflanzlichen Proteomforschung folgende Feststellungen gemacht: Seit Februar 2004 sind etwa 200 Originalarbeiten zum Thema pflanzliche Proteomforschung erschienen (Stand: September 2006). Dabei wurden Proteomanalysen an etwa 35 Pflanzenarten durchgeführt, der Schwerpunkt der Arbeiten lag bei den beiden Modellpflanzen Ackerschmalwand (*Arabidopsis thaliana*) und Reis (*Oryza sativa*). Es wurden Untersuchungen an Geweben, Organen, Zellkulturen und subzellulären Proteinfraktionen durchgeführt, wobei Aspekte der pflanzlichen Entwicklung und Reaktionen auf externen Stress relevant waren. Zunehmend spielt auch die umfangreiche Analyse von posttranslationalen Proteinmodifizierungen, etwa Protein-

phosphorylierungen (Phosphoproteomics), eine wichtige Rolle (Nuhse et al., 2005; Agrawal und Thelen, 2006; de la Fuente van Bentem et al., 2006). Es kann erwartet werden, dass die mittels Proteomanalysen erhaltenen Daten immer stärker auch in systembiologische Untersuchungen und Modellierungen Eingang finden werden. Jedoch können bisher nicht alle Proteine mit den verfügbaren Methoden effizient untersucht werden, so bereiten beispielsweise Membranproteine immer noch erhebliche Schwierigkeiten.

3.14.3. Profilierung von Enzym-Aktivitäten

Als Ergänzung zur Profilierung von Proteinen (Proteinkonzentrationen) kann die Messung einer größeren Zahl von Enzymaktivitäten im untersuchten Gewebe gesehen werden. Entsprechende Technologien, die die parallele Bestimmung von über 40 Enzymen des pflanzlichen Primärstoffwechsels erlauben, sind kürzlich entwickelt worden (Gibon et al., 2004).

3.14.4. Metaboliten-Profile

Methoden zur umfassenden Analyse von Stoffwechselprodukten werden immer wichtiger (Metabolomforschung, *Metabolomics*). Zahlreiche Publikationen der letzten Monate belegen eindrücklich die zunehmende Bedeutung der Metaboliten-Profilierung, die die Expressionsprofilierung (Analyse der Transkripte) und der Proteinprofilierung (Analyse der Proteine) wesentlich ergänzt. Eine pflanzliche Metabolom-Datenbank ist im Internet einsehbar⁴². Ein System zur Beschreibung von Metabolomics-Experimenten in den Pflanzenwissenschaften wurde etabliert (Jenkins et al., 2004). Die steigende Bedeutung von Metabolomics-Experimenten zeigt sich in der Zunahme von Publikationen, die zu diesem Thema veröffentlicht werden. Während im Zeitraum 1990 bis 2000 insgesamt lediglich fünf Publikationen in der PubMed-Datenbank⁴³ zu diesem Thema gefunden werden (Stichworte: „Metabolite Profiling Plant“), nahm die Anzahl entsprechender Publikationen in den letzten Jahren kontinuierlich zu: 2001, vier Publikationen; 2002, 12 Publikationen; 2003, 24 Publikationen; 2004, 55 Publikationen; 2005, 73 Publikationen. Im laufenden Jahr (bis Mitte September 2006) waren bereits 57 Publikationen bei PubMed gelistet. Aus den bisher veröffentlichten Arbeiten seien einige wenige beispielhaft genannt:

42 <http://csbdb.mpimp-golm.mpg.de/csbdb/gmd/gmd.html>

43 <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>

- ▶ Die Metabolitenprofilierung von Schwermetall-behandelten *Arabidopsis thaliana*-Zellen (Sarry et al., 2006; Le Lay, 2006);
- ▶ Die Profilierung flüchtiger Substanzen bei *Arabidopsis thaliana* im Zusammenhang mit der olfaktorischen Kommunikation von Pflanzen (Rohloff und Bones, 2005);
- ▶ Die Metabolitenprofilierung von unterschiedlichen Pappel-Genotypen (Robinson et al., 2005);
- ▶ Die Profilierung von Stoffwechselprodukten zum Vergleich gentechnisch modifizierter und nicht modifizierter Kartoffelpflanzen (Catchpole et al., 2005);
- ▶ Die Profilierung von Stoffwechselprodukten in Früchten von Tomaten-Introgressionslinien (Schauer et al., 2006) (siehe auch Abschnitt über Smart Breeding) sowie in Blättern und Früchten von Wildtomaten (Schauer et al., 2005);
- ▶ In einer umfassenden Analyse wurde kürzlich eine große Zahl von Stoffwechselunterschieden zwischen Wildpflanzen von *Arabidopsis thaliana* identifiziert und gleichzeitig die genetische Basis für die vielfältigen Unterschiede gelegt (Keurentjes et al., 2006).

Die Technik der Metabolitenprofilierung kann grundsätzlich auf alle Pflanzenarten (bzw. Organismen) angewandt werden, jedoch sind in der Regel Vorarbeiten erforderlich, die die optimalen Extraktions- und Aufbereitungsbedingungen für die untersuchten Pflanzen oder Gewebe ermitteln helfen. Mehrere Übersichtsartikel beschreiben den Stand der Technik und die Einsatzgebiete der Metabolitenprofilierung (Villas-Boas et al., 2005; Hollywood et al., 2006; Kopka, 2006). Es lässt sich feststellen, dass die Stoffwechselprofilierung zu einer nicht mehr wegzudenkenden Technologie in der Analyse und phänotypischen Charakterisierung von Pflanzen geworden ist. Es kann erwartet werden, dass durch eine breite Anwendung der verfügbaren Technologien – insbesondere in Kombination mit anderen „-omics“-Technologien (Genomics, Proteomics etc.) – auch in Zukunft wesentliche neue Einblicke in pflanzliche Stoffwechselprozesse und deren Regulation gewonnen werden können.

4. Ökonomischer Nutzen der grünen Gentechnologie

4.1. Einleitung

In der öffentlichen Debatte über die grüne Gentechnologie bildet der ökonomische Nutzen eine zentrale Argumentationslinie. Der Einsatz der Gentechnologie wird als Schlüsseltechnologie im Bereich der Pflanzenzüchtung und in der Lebensmittelproduktion gewertet und als solche für den Fortbestand bestehender wie für die Gewinnung neuer Arbeitsplätze als essentiell angesehen. Allerdings bleibt diese Charakterisierung keineswegs unwidersprochen. Kritiker bezweifeln offen den ökonomischen Nutzen der grünen Gentechnologie oder befürchten den Verlust von Arbeitsplätzen durch ihren Einsatz.

Solche widersprüchlichen Aussagen lassen sich nur dann entwirren, wenn es gelingt, die unterschiedlichen Prämissen und Herangehensweisen der Quellen beziehungsweise Argumente zu differenzieren, auf denen sie aufbauen. Bereits bei der Definition, was genau unter der grünen Gentechnologie zu verstehen ist, streiten sich die Geister: Geht es allein um die Züchtung und den Anbau gentechnisch veränderter (transgener) Pflanzen? Soll der Lebensmittelbereich einbezogen werden und wenn ja in welchem Maße? Auch bei der Definition des ökonomischen Nutzens besteht keineswegs Einigkeit: Welcher Nutzen soll betrachtet werden, der betriebswirtschaftliche von Einigen oder der volkswirtschaftliche einer Gesamtheit? Und wird ein kurzfristiger oder ein langfristiger Zeithorizont angenommen? Offenkundig ist die Frage nach dem ökonomischen Nutzen komplex und ohne Differenzierung nicht zu beantworten.

Die nachfolgenden Darstellungen geben einen Überblick über die verschiedenen ökonomischen Argumentationen. Die grüne Gentechnologie wird hierbei in einem breiten Rahmen betrachtet, der die vollständige Wertschöpfungskette von der Forschung bis zu den Lebensmitteln integriert und lediglich gentechnisch veränderte Tiere ausklammert. Im Mittelpunkt stehen zwei Gesichtspunkte, die den ökonomischen Nutzen bemessen: Die Gewinne auf Betriebsebene, die mit dem Einsatz der grünen Gentechnologie erzielt werden können, sowie bezogen auf die deutsche Volkswirtschaft die Zahl der Arbeitsplätze in den entlang der Wertschöpfungskette involvierten Wirtschaftssektoren. Obwohl ausschließlich auf die ökonomischen Aspekte eingegangen wird, darf dabei nicht vergessen werden, dass

ökologische und soziale Aspekte eng mit ökonomischen Aspekten verzahnt sind. Ihre Darstellung und Bewertung erfolgt im zentralen Bericht der interdisziplinären Arbeitsgruppe Gentechnologiebericht (Hucho et al., 2005).

In den meisten Studien wird zur Bemessung des ökonomischen Nutzens der Anbau gentechnisch veränderter Sorten dem Anbau konventioneller Sorten derselben Nutzpflanze gegenüber gestellt. Dies muss keineswegs die einzige Alternative sein, die ein Landwirt zur Bewirtschaftung seiner Flächen zur Verfügung hat, und auch gegenüber anderen Alternativen könnte der ökonomische Nutzen bestimmt werden. So besteht im Prinzip die Möglichkeit, die Form der Landbewirtschaftung insgesamt umzustellen (andere Nutzpflanzen, andere Fruchtfolgen etc.). Diese Argumentation findet sich häufig bei Gentechnikkritikern, die eine andere generelle Ausrichtung der Landwirtschaft fordern. Ein solcher komplexer Vergleichsmaßstab macht Szenarien für eine landwirtschaftliche Entwicklung erforderlich, die an die natürlichen Gegebenheiten einer Region anzupassen wären. Eine solche umfassende Betrachtung wäre sinnvoll, um den Blick auf Entwicklungsalternativen der Landwirtschaft als Ganzes zu richten. Für die Frage der Wirtschaftlichkeit, das heißt ob und welchen konkreten ökonomischen Nutzen ein Landwirt vom Anbau gentechnisch veränderter Sorten haben kann, erscheint der Vergleich mit konventionellen Sorten auf der Betriebsebene geeigneter. Hierbei sind verschiedene Faktoren relevant: Veränderung bei den Produktionskosten, das heißt den Arbeitsstunden, dem Maschineneinsatz, dem Saatgut, den Pestizidkosten (Menge und Preis), sowie Veränderungen im Ertrag (Menge und Preis).

4.2. Weltweite Anbauflächen gentechnisch veränderter Sorten

Das Anwachsen der weltweiten Anbauflächen gentechnisch veränderter Pflanzen dient als zentraler Beleg für deren wirtschaftlichen Erfolg. Zweifelsohne ist der kontinuierliche Anstieg der Anbauflächen seit dem Anbaubeginn 1996 bemerkenswert: Zuletzt stieg die Fläche gentechnisch veränderter Nutzpflanzen von 81 Millionen Hektar im Jahr 2004 auf 90 Millionen Hektar im Jahr 2005 an (James, 2006)⁴⁴. Zum Vergleich: Die als Ackerland genutzte Fläche in Deutschland betrug 2005 11,9 Millionen Hektar (Statistische Ämter des Bundes und

⁴⁴ Insgesamt betrug im Jahr 2005 die landwirtschaftlich genutzte Fläche 17 Millionen Hektar.

der Länder, 2006). Gentechnisch veränderte Nutzpflanzensorten zeigen sich demnach offenkundig wirtschaftlich durchsetzungsfähig gegenüber konventionellen Sorten. Diese Erfolgsgeschichte gilt aber nicht uneingeschränkt für alle auf dem Markt zugelassenen transgenen Pflanzen. So konnte die so genannte *FlavrSavr*-Tomate, die in Deutschland Ende der 1990er Jahre für Furore sorgte und bei der durch eine Unterdrückung des Pektinabbaus das Reifen verzögert wird, die Erwartungen nicht erfüllen und wird deswegen nicht länger angebaut (Transgen, 2006). Ebenfalls nicht erfolgreich waren die ersten beiden zugelassenen transgenen Pflanzen mit veränderten Inhaltsstoffen, eine Rapsorte mit verändertem Lauringehalt und eine Sojasorte mit erhöhtem Ölsäuregehalt (Zulassung in den USA 1994 bzw. 1997; Sauter et al., 2006). Diese frühen Beispiele der Veränderung von Output-Merkmalen verdeutlichen, dass jede einzelne gentechnisch veränderte Sorte separat zu betrachten bleibt. Für die Fragestellung, ob Landwirte einen ökonomischen Nutzen aus dem Anbau gentechnisch veränderter Pflanzen ziehen können, muss der ökonomische Nutzen jeweils einzeln für die Nutzpflanzenart und das Merkmal, welches mit Hilfe der Gentechnologie verändert wurde, bemessen werden.

Tabelle 3: Traits und Sorten gentechnisch veränderter Pflanzen 2005

	Hektar (Millionen)	Anteil (%) an gentechnisch veränderten Pflanzen	Gesamt %
Herbizid-tolerantes Soja	54,4	60	71
Herbizid-toleranter Raps	4,6	5	
Herbizid-toleranter Mais	3,4	4	
Herbizid-tolerante Baumwolle	1,3	2	
Bt-Baumwolle	4,9	5	18
Bt-Mais	11,3	13	11
Bt/Herbizid-toleranter Mais	6,5	7	
Bt/Herbizid-tolerante Baumwolle	3,6	4	
Insgesamt	90	100	100

Quelle: James, C. (2006): „Global Status of Commercialized Biotech/GM Crops: 2005“. ISAAA Briefs 34-2005. Unter: <http://www.isaaa.org>.

Unter der Prämisse, dass der einzelne Landwirt seine Anbauentscheidung souverän unter einer Kosten-Nutzen-Optimierung für seinen Betrieb trifft, spricht der dargestellte Anstieg der Anbaufläche transgener Nutzpflanzen dafür, dass viele der derzeitigen gentechnisch veränderten Pflanzen ökonomische Vorteile für Landwirte aufweisen (vgl. auch Menrad et al., 2003). Dies entspricht dem Konzept der ersten Generation grüner Gentechnik, welche derzeit angebaut wird: Ziel der gentechnischen Veränderungen sind agronomische Merkmale (Input-Merkmale). Weltweit trugen im Anbaujahr 2005 71 Prozent aller transgenen Sorten eine Herbizidtoleranz, 18 Prozent eine Insektenresistenz und elf Prozent eine Kombination von Herbizidtoleranz und Insektenresistenz. Gleichzeitig konzentrierte sich der Anbau gentechnisch veränderter Sorten auf vier Nutzpflanzen: Sojabohnen (54,4 Mio. ha), Mais (21,2 Mio. ha), Baumwolle (9,8 Mio. ha) und Raps (4,6 Mio. ha). Setzt man diese Zahlen in Relation zu den jeweiligen Anbauflächen, so fällt die dominierende Stellung des Sojaanbaus auf: Transgene Sorten wurden auf 60 Prozent der weltweiten Soja-Anbauflächen kultiviert, dagegen nur auf 28 Prozent der Baumwoll-Anbauflächen, auf 18 Prozent der Raps-Anbauflächen und auf 14 Prozent der Mais-Anbauflächen (James, 2006)⁴⁵.

Tabelle 4: Flächenanteile gentechnisch veränderter Pflanzen an der weltweiten Anbaufläche ausgewählter Nutzpflanzen

	1996 ^{a)}	1997 ^{a)}	1998 ^{a)}	1999 ^{a)}	2000	2001	2002	2003	2004	2005
Sojabohne					36 %	46 %	51 %	55 %	56 %	60 %
Mais					7 %	7 %	9 %	11 %	14 %	14 %
Baumwolle					16 %	20 %	20 %	21 %	28 %	28 %
Raps					11 %	11 %	12 %	16 %	19 %	18 %

a) 1996–1999 Angabe der Flächenanteile nur in Bezug auf Anbaufläche von gentechnisch veränderten Pflanzen insgesamt.
Quelle: James, C. (1996–2005): ISAAA Briefs 5,8,17,21,23,24,27,30,32,34.

Direkte Untersuchungen der Betriebsergebnisse unterstreichen den ökonomischen Vorteil: Nach der Studie von Brookes und Barfoot (2005) über die ökonomischen Effekte des Anbaus transgener, herbizidresistenter Sorten akkumulierten sich von 1996 bis 2004 die Nettogewinne für die Landwirte weltweit auf 27 Milliarden US-\$. Im Jahr 2004 betrug der Einkommensvorteil

45 Interessant ist der Vergleich dieser Daten mit den weltweiten Flächen des ökologischen Landbaus (IFOAM, 2005).

für die Landwirte weltweit 6,5 Milliarden US-\$. Den größten Anteil hieran hatte Soja (1996–2004: 17,3 Mrd. US- $\text{\$}$; 2004: 4,1 Mrd. US- $\text{\$}$), wobei über 40 Prozent auf eine zweite Anbausaison in Argentinien zurückzuführen sind. Die zweitwichtigste Pflanze war Baumwolle (1996–2004: 6,5 Mrd. US- $\text{\$}$; 2004: 1,6 Mrd. US- $\text{\$}$). Hervorzuheben ist hierbei, dass insektenresistente Sorten den Großteil ausmachen (1996–2004: 5,7 Mrd. US- $\text{\$}$; 2004: 1,5 Mrd. US- $\text{\$}$; 5,3%). An dritter Stelle folgt Mais (1996–2004: 2,5 Mrd. US- $\text{\$}$; 2004: 567 Mio. US- $\text{\$}$). Wie bei Baumwolle haben bei Mais insektenresistente Sorten den größten Anteil (1996–2004: 1,9 Mrd. US- $\text{\$}$; 2004: 415 Mio. US- $\text{\$}$; 0,8 %). Die vierte Position nimmt herbizidtoleranter Raps ein (1996–2004: 713 Mio. US- $\text{\$}$; 2004: 135 US- $\text{\$}$). Andere gv-Sorten kommen zusammen auf lediglich 37 Millionen US- $\text{\$}$ für die Jahre 1996 bis 2004. Einschränkend ist anzumerken, dass diese Zahlen auf modellhaften Hochrechnungen singulärer Fallstudien basieren. Bei solchen Hochrechnungen existieren eine Vielzahl von Unsicherheitsfaktoren (schwankende Schädlingsintensität, unterschiedliche Standorte, Preisschwankungen, etc.), und mit jedem Extrapolationsschritt bis hin zu Aussagen im globalen Maßstab steigt die Ungenauigkeit an.

Tabelle 5: Weltweiter Einkommenszuwachs auf der Ebene der landwirtschaftlichen Betriebe durch gentechnisch veränderte Nutzpflanzen, 1996–2004

Trait	Einkommenszuwachs in Mio. US Dollar auf der Ebene landwirtschaftlicher Betriebe		Einkommenszuwachs 2004 als %-Anteil der Gesamtwerte der jeweiligen weltweiten Nutzpflanzen-Produktion
	Im Jahr 2004	Im Zeitraum 1996 bis 2004	
GM HT Soja	2 440 (4 141) ^{b)}	9 300 (17 351) ^{b)}	4,0 (6,7) ^{b)}
GM HT Mais	152	579	weniger als 0,5
GM HT Baumwolle	145	750	0,53
GM HT Raps	135	713	1,34
GM IR Mais	415	1 932	0,8
GM IR Baumwolle	1 472	5 726	5,3
Andere ^{c)}	20	37	N/a
Insgesamt^{c)}	4 779 (6 480)^{b)}	19 037 (27 088)^{b)}	3,1 (4,2)^{b)}

Anmerkungen: HT = Herbizidtoleranz, IR = Insektenresistenz
a) Andere = Virusresistente Papaya und Zucchini, Mais mit Resistenz gegen den westlichen Maiswurzelbohrer (*Diabrotica virgifera virgifera*).
b) Angaben in Klammern einschließlich der Erträge der zweiten Anbausaison in Argentinien.
c) Die Zeile „Insgesamt“ bezieht sich nur auf die Hauptnutzpflanzen Soja, Mais, Raps und Baumwolle.
Quelle: Brookes, G., Barfoot, P. (2005): „GM: Crops: The Global Economic and Environmental Impact – The First Nine Years 1996–2004“. AgBioForum, 8 (2&3), S. 187–196.

Entscheidend für den Einkommensvorteil ist laut Studie die Verringerung des Einsatzes von Pflanzenschutzmitteln sowohl bei herbizidresistenten als auch insektenresistenten Sorten. Weniger Herbizide und Insektizide bedeuten geringere Kosten für die Landwirte nicht nur beim Kauf, sondern auch bei der Applikation, da der Arbeitseinsatz und die Maschinennutzung geringer ausfallen (Convenience-Effekt). Bei Baumwolle, Mais und Raps mit Insektenresistenz weisen die transgenen Sorten außerdem einen höheren Durchschnittsertrag aus (vgl. Sankula et al., 2005). Frühere Studien, wie die von Gianessi et al. (2002) oder Marra et al. (2002) über die US-Landwirtschaft, kommen zu vergleichbaren Ergebnissen: „For every transgenic field type, crop, and state combination, the average profit is higher for the transgenic crop than for the conventional counterpart“ (ebenda).

Kritiker der grünen Gentechnik wie der Bund für Umwelt und Naturschutz Deutschland widersprechen dieser positiven Einschätzung und verweisen unter anderem auf eine Studie von Benbrook (2003), die nach einem Abfallen des Pestizidseinsatzes in den Jahren nach 1996 – dem Anbaubeginn gentechnisch veränderter Pflanzen in den USA – einen deutlichen Anstieg seit 2001 ausweist; Grund sei das vermehrte Auftreten von resistenten Unkräutern (ebenda: 3). Hieraus automatisch einen ökonomischen Nachteil zu folgern, ist allerdings voreilig (BUND 2004: 22). Für eine Bewertung der Wirtschaftlichkeit ist neben der Menge der verwendeten Pestizide ihr Preis relevant (ebenso ist für eine ökologische Fragestellung neben der Menge an Pestiziden u. a. ihre Toxizität und ihre Persistenz zu berücksichtigen). Ein Anstieg der Pestizidmenge ist daher nicht gleichbedeutend mit einer Verschlechterung des wirtschaftlichen Ergebnisses auf Betriebsebene. Tatsächlich benennt Benbrook die fallenden Preise für Glyphosat (das in Kombination mit den transgenen Roundup-Ready-Pflanzen eingesetzt wird) als einen Grund für den Anstieg der Applikationsmenge (ebenda: 6). Zu beachten ist außerdem, dass für die Anwendungsformen der grünen Gentechnologie

46 Statistische Daten direkt für die Betriebsebene, die einen Vergleich von vor und nach dem Anbau transgener Sorten ermöglichen, werden in den USA nicht flächendeckend erhoben. Die Effekte des Anbaus gentechnischer Pflanzen kann daher nur abgeschätzt werden. Die Studie von Benbrook (2004) unterscheidet sich hierbei von den zuvor zitierten Studien (Brookes und Barfoot 2006; Gianessi et al. 2002; Marra et al. 2002; Sankula et al. 2005) in methodischer Hinsicht: Letztere extrapolieren unterschiedliche Fallstudien zum Beispiel auf der Basis von Feldversuchen und Umfragen unter Landwirten. Benbrook geht von den Gesamtzahlen aus (Gesamtanbauflächen einer Pflanze, Anteil transgener Sorten, Gesamtpestizideinsatz) und schätzt die Verteilung der Pestizide auf die Anbauflächen mit transgenen und nicht-transgenen Sorten ab.

differenzierte Ergebnisse vorliegen: Für die Bt-Pflanzen Baumwolle und Mais errechnet die Studie einen positiven Saldo (ebenda: 4), das heißt eine Einsparung an Pflanzenschutzmitteln⁴⁶. In jedem Fall erlaubt die Studie keinen Aufschluss über das ökonomische Betriebsergebnis eines einzelnen Landwirts.

Die Betriebsebene hat die Untersuchung von Duffy (2001) kritisch im Visier. Die Studie vergleicht für den US-Bundesstaat Iowa den Anbau transgener und nicht-transgener Sorten von Soja und Mais und gelangt zu dem Ergebnis, dass die Landwirte keinen wirtschaftlichen Vorteil aus dem Anbau gentechnisch veränderter Pflanzen ziehen: Bei Soja gleichen ein etwas geringerer Ertrag und höhere Saatgutpreise die Ersparnisse bei den Herbiziden und der Unkrautbekämpfung aus⁴⁷. Bei Baumwolle wird nur ein sehr geringer Mehrertrag festgestellt, wohingegen höhere Saatgutpreise und höhere Düngekosten zu Buche schlagen⁴⁸. Die Daten korrelieren im Wesentlichen mit einer früheren Untersuchung (Duffy, 1999). Doch wenn die Landwirte keinen ökonomischen Nutzen aus dem Anbau transgener Sorten ziehen, warum haben sich diese Sorten dann in kurzer Zeit in Iowa wie im Rest der USA so stark durchgesetzt? Der Autor der Studie selbst gibt dazu erste Antworten: Bei Soja bestehe ein Vorteil darin, dass die Landwirte leichter und schneller ernten können. Des weiteren setzen die Landwirte gentechnisch veränderte Sorten möglicherweise überwiegend dort ein, wo besonders große Probleme mit Unkräutern bestehen. Den Bt-Mais nutzten die Landwirte wiederum als eine Absicherung gegen einen möglicherweise starken Schädlingsbefall; in Regionen, wo dieser besonders intensiv ist, könne die Betriebsrechnung sehr wohl positiv (für die transgenen Sorten) ausfallen⁴⁹.

Deutlich wird damit, dass der Anbau transgener Sorten nicht in jedem Fall und an jedem Ort wirtschaftlich vorteilhaft für die Landwirte sein muss: Entscheidend ist der Befallsdruck von Unkräutern oder durch Schädlinge auf einer bestimmten Fläche. Selbst wenn man über direkte Daten auf Betriebsebene verfügt und Anbaukosten transgener Sorten mit den Anbaukosten zuvor vergleicht, so ist der Vergleich nicht ohne Fehlerrisiko, denn Schädlingsbefall und klimatische Umweltfaktoren verbleiben variabel.

47 Jeweils gerechnet als Kosten pro Fläche.

48 Angaben zur Pestizidkosten werden nicht gemacht.

49 Duffy betont an gleicher Stelle, dass seine Ergebnisse aus einer Querschnittsstudie stammen, das heißt, es wurde kein Vorher-Nachher-Vergleich für transgene Sorten auf Betriebsebene durchgeführt.

4.3. Anbau in Deutschland und Europa

In Deutschland wird von den Nutzpflanzen, für die transgene Sorten existieren, nur Mais angebaut. Nachdem seit 1998 ein umfangreicher Erprobungsanbau beziehungsweise Praxisanbau mit insektenresistentem Bt-Mais durchgeführt wurde, erhielten fünf Sorten des Bt-Mais MON810 in Deutschland im Jahr 2006 erstmals die Sortenzulassung. Das Sortenregister weist für 2006 eine Anbaufläche von insgesamt 950 Hektar aus (BVL, 2006). Die angebauten Sorten sind gegen den Maiszünsler resistent, der sich seit einigen Jahren von Süden in Deutschland ausbreitet. Da sich dieser Schädling nur schwer und kostenaufwendig bekämpfen lässt, ergreifen die Landwirte erst ab einer bestimmten Befallsstärke Schritte, um den Schädlingsbefall abzuwenden. Hierzu zählen ackerbauliche Maßnahmen, der Einsatz chemischer oder biologischer Pflanzenschutzmittel, biologische Verfahren (Trichogramma-Schlupfwespen) (Transgen, 2006b) sowie der Anbau von Bt-Maissorten, die gegen den Maiszünsler gentechnisch immunisiert sind. Die verschiedenen Maßnahmen haben jeweils Vor- und Nachteile bezüglich des Aufwands und der Wirksamkeit: So erlauben Boden- und Witterungsverhältnisse nicht immer eine effiziente Bodenbearbeitung, die zudem eines gemeinsamen Vorgehens der Landwirte einer Region bedarf. Für die Ausbringung chemischer oder biologischer Pflanzenschutzmittel existieren nur schmale Zeitfenster. Dieselbe Schwierigkeit existiert ebenso bei der biologischen Schädlingsbekämpfung (ebenda). Der Einsatz von Bt-Mais verringert zwar den Arbeitseinsatz, dafür hat das gentechnisch veränderte Saatgut gegenüber dem konventionellen einen höheren Preis, der mit den Kosten der anderen Pflanzenschutzmaßnahmen abzuwägen ist.

Aus diesen Optionen kann der einzelne Landwirt auswählen und die für seine spezielle Anbaufläche wirtschaftlichste Lösung ermitteln. Wichtiger Parameter ist dabei der Schädlingsbefallsdruck. Es liegt auf der Hand, dass ein Landwirt die Mehrkosten für eine Schädlingsbekämpfung erst dann ergreift, wenn diese einen wirtschaftlichen Mehrwert für ihn erbringen. Zwei Regionen mit hohem Schädlingsbefallsdruck in Deutschland sind das Oberrheintal und der Oderbruch. Für die Jahresintervalle 1998–2000 (Oberrheintal) beziehungsweise 2000 bis 2002 (Oderbruch) wurden in Anbauversuchen (Degenhardt et al., 2003) bei Bt-Mais Mehrerlöse von 66 beziehungsweise 38 Euro pro Hektar gegenüber dem konventionellen Anbau mit Insektizidbehandlung ermittelt⁵⁰. In dieser Rechnung sind die Aufwendungen für das Insektizid

⁵⁰ Zugrunde gelegt ist ein Preis von 110 Euro pro Tonne Körnermais.

(40 pro ha) und der Preisaufschlag für das Saatgut (35 pro ha) berücksichtigt. Für die dritte Variante, die Behandlung mit Trichogramma-Schlupfwespen, weist die Studie ein Minus von 70 Euro beziehungsweise 112 Euro pro Hektar gegenüber dem konventionellen Anbau aus. Diese Mehrkosten des biologischen Verfahrens müssten über höhere Verkaufspreise für Ökoprodukte ausgeglichen werden. In Spanien wird insektenresistenter Bt-Mais seit 1998 angebaut, und im Jahr 2006 machte seine Anbaufläche circa zwölf Prozent (54 000 ha) der spanischen Maisanbaufläche aus (Transgen, 2006c). Alle Anbauflächen liegen in Regionen mit einem mittleren bis hohen Befallsdruck. Gerade hier ist der Anbau von Bt-Mais wirtschaftlich attraktiv, und in den ersten Anbaujahren haben spanische Landwirte ihren Ertrag um durchschnittlich 6,3 Prozent durch den Anbau von Bt-Mais steigern können. Den Preisaufschlag für Saatgut könnten die spanischen Landwirte außerdem durch Einsparungen bei den Insektiziden ausgleichen, so dass sich ihr wirtschaftliches Ergebnis (bei hohem Befallsdruck) im Saldo um durchschnittlich 12,9 Prozent (5,5%–32,5%) verbessert hat (Brookes, 2002). Zu betonen bleibt, dass der Schädlingsbefallsdruck die Rentabilitätsgrenze bestimmt, ab welcher ein Einsatz von Bt-Mais-Sorten, die Durchführung alternativer Schädlingsbekämpfungsmaßnahmen oder Verzicht jeglicher Maßnahmen wirtschaftlich ist.

4.4. Langfristiger Betrachtungshorizont: Resistenzen, Koexistenz und Markttrennung

Für die Beurteilung des ökonomischen Nutzens auf Betriebsebene sind ferner langfristige Entwicklungen mit einzubeziehen. Hierzu zählen die Schwankungen landwirtschaftlicher Produktion und die Veränderungen bei Angebot, Nachfrage und Marktpreisen (Menrad et al.: 144) ebenso wie die Berücksichtigung der Frage, ob der erstmalige Erfolg bei der Bekämpfung von Schädlingen und Unkräutern tatsächlich dauerhaft ist. Eben dies wird von Gentechnik-kritischer Seite in Frage gestellt. Möglicherweise können statt der primären Schädlinge andere zum Problem werden (Benett, 2005; Cornell University, 2006). Und in der Tat können gegen Pestizide resistente Schädlinge beziehungsweise gegen Herbizide resistente Unkräuter erhebliche Schwierigkeiten bereiten (Dailey, 2005). Dieses Problem besteht prinzipiell auch bei der konventionellen Landwirtschaft und nicht erst seit der Einführung transgener Sorten. Ein vermehrter Anbau von Nutzpflanzen mit einem bestimmten Wirkmechanismus gegen

Unkräuter oder Schädlinge könnte allerdings die Herausbildung von Resistenzen gegen diesen Wirkmechanismus beschleunigen. Ein ökonomischer Vorteil schmilzt schnell dahin, wenn neben dem Aufpreis für das Saatgut weiterhin hohe Kosten für Pflanzenschutzmittel anfallen. In diesem Fall dürften die Landwirte auf wirtschaftlich interessantere Anbauverfahren umsteigen, die alternativ zur Verfügung stehen. Doch trotz der Berichte über das Ansteigen von Unkräutern, die gegen das in Verbindung mit herbizidtoleranten Pflanzen aufgebrachte Herbizid immun sind (Übersicht unter: www.weedscience.org), kann man für den US-amerikanischen Raum feststellen, dass gentechnisch veränderte Sorten einen hohen Grad der Marktdurchdringung etabliert haben: Seit 1997 stieg der Anteil gentechnisch veränderter Soja-Sorten kontinuierlich auf 81 Prozent im Jahr 2003 an und wuchs bis 2006 auf 89 Prozent. Bei Mais erreichte der Anteil gentechnisch veränderter Sorten im Jahr 1999 40 Prozent, sackte dann in den beiden Folgejahren zunächst auf 25 beziehungsweise 24 Prozent ab und stieg seitdem wieder auf 61 Prozent im Jahr 2006 an. Vergleichbare Entwicklungen lassen sich sowohl für Raps und Baumwolle als auch für die anderen Länder dokumentieren, in denen gentechnisch veränderter Sorten eingeführt wurden (USDA, 2006; James, 2006).

Das Thema Resistenzen bei Schädlingen und Unkräutern leitet über zu den indirekten Kosten, die ein Landwirt beim Anbau gentechnisch veränderter Sorten zu berücksichtigen hat. So wird in den USA der Gefahr einer Resistenzbrechung bei Bt-Pflanzen (Marquard et al., 2005: 81) durch ein adäquates Resistenzmanagement begegnet. Dies bedeutet beispielsweise für Bt-Mais, dass nach Vorgabe der EPA mindestens ein Fünftel der Anbaufläche Refugien ohne Bt-Mais sein müssen, andernfalls verlieren Farmer ihre Erlaubnis zum Anbau des Bt-Mais (Agricultural Online, 2004). Bislang wurden von keiner Resistenzbrechung im Zusammenhang mit dem Anbau von Bt-Pflanzen berichtet (Tabashnik et al., 2003). Dennoch besteht die Gefahr, dass sich die Entwicklung von resistenten Schädlingen lediglich verzögert; wie auch beim Einsatz konventioneller Pflanzenschutzmittel kann sie langfristig nicht verhindert werden.

In Deutschland sind außerdem Auflagen wie Mindestabstände zur Einhaltung der Koexistenz zu beachten, die verhindern beziehungsweise begrenzen sollen, dass gentechnisch verändertes Erbgut auf benachbarte Anbauflächen auskreuzt (GenTG, §16b, (3)). Diese Koexistenzregelungen bedeuten einen entscheidenden Unterschied zwischen dem Anbau in den USA und Deutschland (und der Europäischen Union insgesamt). Entscheidende Stellgröße für die Kosten

der Koexistenz sind die Höchstgrenzen, die als gesetzlich zulässig für eine Auskreuzung transgenen Materials in die Pflanzen der Nachbarschaftsfelder verankert werden (DG Agri, 2000). Zum Teil könnten die Abstandsflächen zwar gleichzeitig als Flächen zum Resistenzmanagement dienen, die beiden Maßnahmen haben jedoch unterschiedliche Zielsetzungen. So ließen sich Abstandsflächen durch eine enge nachbarschaftliche Kooperation zwar vermeiden, gleichzeitig wären in großen, quasi geschlossenen Anbaubereichen mit gentechnisch veränderten Sorten Flächen zum Resistenzmanagement unverändert vorzuhalten. Die erwähnten Kooperationen unter benachbarten Landwirtschaftsbetrieben und Umstellungen zur Einführung des neuen Anbausystems stellen weitere indirekte Kosten dar (Menrad, 2003: 147).

Aktuell ist die zentrale Frage der Koexistenz: Wer trägt die Kosten, wenn gentechnisch veränderte Sorten – trotz aller Sicherheitsvorkehrungen – auf Nachbarfelder auskreuzen? Das deutsche Gentechnikgesetz sieht für einen solchen Fall eine gesamtschuldnerische und verschuldensunabhängige Haftung aller Landwirte vor, die gentechnisch veränderte Pflanzen anbauen (GenTG, §32–37). Dieses Haftungsrisiko kann unkalkulierbare finanzielle Folgen für die betroffene Landwirte haben (Transgen, 2006a). Eine alternative Lösung wäre ein Haftungsfond, wobei offen ist, wer einzahlt und ob auch Gelder vom Staat einfließen. Eine zweite Alternative bestünde in einer Versicherung, die der anbauende Landwirt zu tragen hätte. Wegen der aktuellen Gesetzeslage erscheinen der Versicherungsbranche die Risiken jedoch zu wenig kalkulierbar, und es werden derzeit keine entsprechenden Policen angeboten. Eine dritte alternative Regelung wird im Nachbarland Dänemark praktiziert: Erhoben wird eine hektarabhängige Steuer auf den Anbau transgener Pflanzen, die das finanzielle Risiko für den anbauenden Landwirt begrenzt und mit der etwaige Schäden abgegolten werden (EC, 2005). In allen vorgestellten Fällen ist der Anbau transgener Sorten mit Mehrkosten für den anbauenden Landwirt verbunden.

Zu den skizzierten Trennungskosten auf der Ebene der landwirtschaftlichen Primärproduktion kommen die Kosten der Markttrennung und Kennzeichnung auf der Ebene der Verarbeitung und des Verkaufs gentechnisch veränderter Pflanzen hinzu. Nach den seit dem Jahr 2004 gültigen EU-Verordnungen 1829/2003 (EG, 2003a) und 1830/2003 (EG, 2003b) über gentechnisch veränderte Lebens- und Futtermittel müssen Produkte gekennzeichnet werden, die aus Rohstoffen hergestellt wurden, die mehr als 0,9 Prozent gentechnisch verändertes Material enthalten haben. Diese Kennzeichnung ist unabhängig davon, ob die DNS dieses gentechnisch veränderten

Materials noch nachgewiesen werden kann⁵¹. Für die Verarbeitungsketten von den Rohprodukten bis hin zu den Lebensmitteln ist im Bereich der Europäischen Union somit ein umfangreiches Zertifizierungssystem erforderlich⁵². Und dieses Zertifizierungssystem bedeutet Mehrkosten für die Verarbeitung von konventionellen wie von gentechnisch veränderten Pflanzen. Um Vermischungen zu vermeiden, müssen außerdem zwei getrennte Logistiken vorgehalten werden; beispielsweise die separate Lagerung, der Transport und die Verarbeitung oder das Reinigen von Silos oder Verarbeitungsanlagen nach dem Durchsatz gentechnisch veränderter Pflanzen. Welches Anbausystem diese Kosten trägt – das konventionelle, das mit gentechnisch veränderten Pflanzen oder beide – wird unter anderem davon abhängen, welches der beiden der Regelfall sein wird.

Wie hoch die konkreten Kosten der Markttrennung in der EU sind, lässt sich sehr schwer quantifizieren. Brookes et al. (2005) nehmen an, dass sie die direkten Mehrkosten einer Lebensmittelproduktion ohne gentechnisch veränderte Ausgangsprodukte deutlich übersteigen. Für Soja ermitteln sie eine Preisdifferenz von vier bis fünf Prozent, um die gentechnikfreies Soja gegenüber dem gentechnisch veränderten in der EU teurer ist. Dieser Aufschlag kommt dabei keineswegs den Farmern zugute, die nicht-transgenes Soja kultivieren. Für Mais wird eine Preisdifferenz von drei bis vier Prozent angegeben. Derzeit, so die Studie, werden die zusätzlichen Kosten noch von der gesamten Versorgungskette getragen. Außer für Lebensmittel mit einem hohen Rohstoffanteil (z. B. Margarine oder Speiseöl) schlagen die Kosten für die Vermeidung von Inhaltsstoffen aus transgenen Pflanzen bei Lebensmittelpreisen kaum zu Buche. Möglicherweise sei dies zukünftig, bei wachsender Knappheit gentechnikfreier Produkte (vor allem bei Soja), nicht länger der Fall.

Wie bereits bei der Primärproduktion existieren in den USA keine vergleichbaren Regelungen zur Markttrennung und Kennzeichnung. Wie sich hier ein Übertragen des europäischen Systems auf die Preisstrukturen auswirken würde, ist unbekannt. Ebenfalls offen bleibt, in welchem Maße das europäische Regelungssystem ein Export-Hemmnis für die US-Landwirtschaft bedeutet und ob sie gegen das internationale Handelsrecht verstoßen könnte. Gegen das Anbau-Moratorium der Europäischen Union, das 2004 endete, hatten im Jahr 2003 die USA zusammen mit

51 Der Grenzwert gilt nur für in der EU zugelassene transgene Sorten. Pflanzenmaterial nicht zugelassener Sorten darf nicht enthalten sein.

52 Betroffen sind alle Agrarprodukte mit Ausnahme von Tiererzeugnissen, bei denen die Tiere mit gentechnisch veränderten Pflanzen gefüttert wurden.

verschiedenen anderen Anbauländern gentechnisch veränderter Pflanzen Klage vor der WTO erhoben (Biosicherheit, 2003) und im Frühjahr 2006 vorläufig Recht erhalten (FAZ, 2006).

4.5. Saatgutsektor und Gewinnverteilung

Voreilig wäre es, aus den bisherigen Daten die These abzuleiten, die Landwirte seien alleiniger oder hauptsächlichlicher Nutznießer gentechnisch veränderter Pflanzen. Für diese Aussage muss man zuvor die gesamte agrarökonomische Wertschöpfungskette in den Blick nehmen, das heißt neben den Landwirten im Ackerbau die Saatguthersteller, die agrochemischen Unternehmen, die Landwirte in der Tierzucht (bei Nutzung der Pflanzen als Futter), die Lebensmittelverarbeiter (bei Nutzung der Pflanzen als Lebensmittel), den Lebensmittelhandel und die Lebensmittelkonsumenten.

Kritiker der grünen Gentechnik argumentieren häufig, dass insbesondere Agrarkonzerne die Gewinner der grünen Gentechnik seien (BUND, 2004: 22). Tatsächlich lagen bei Markteinführung die Saatgutpreise gentechnisch veränderter Sorten um 20 bis 35 Prozent über den Preisen des konventionellen Saatguts (DG Agri, 2000). Dieser Preisunterschied beruht vor allem auf einer Technologiegebühr für die Entwicklungskosten der gentechnisch veränderten Nutzpflanzen. Andere Formen, mit denen die Entwicklungskosten auf die Landwirte übertragen werden, sind neben dieser Technologiegebühr (technological fee) höhere Saatgutpreise, eine vertragliche Verpflichtung zur Nutzung bestimmter Pflanzenschutzmittel oder ihre Kombination (Franks, 1999).

Unbestritten ist gentechnisch verändertes Saatgut zwar teurer als das konventionelle, entscheidend ist jedoch die Frage, ob Landwirte damit einen ökonomischen Vorteil für sich selbst erwirtschaften können. Dass ein solcher existiert, betonen die eingangs zitierten Untersuchungen. Wie groß ist nun ihr ökonomischer Nutzen im Verhältnis zu dem der Saatgutfirmen? Hierzu zwei Untersuchungen: Für die ersten Jahre des Anbaus gentechnisch veränderter Baumwolle in den USA (1996–1998) weisen Falck-Zepeda et al. (2000) aus, dass die Landwirte durchschnittlich 45 Prozent des ökonomischen Vorteils gegenüber konventionellen Sorten abschöpften. In absoluten Zahlen betrug dieser ökonomische Vorteil durchschnittlich 215 Millionen US-\$ pro Jahr. Die Saatgutfirmen erhielten hiervon einen Anteil von 36 Prozent und die Käufer einen Anteil von 19 Prozent. Den weltweiten ökonomischen Vorteil des Soja-Anbaus für das Jahr 2001 bezifferten Qaim und Traxler (2005) auf 1,2 Milliarden US-\$. Aufgrund niedrigerer Preise hatten daran die Käufer mit 53 Prozent den größten Anteil, gefolgt von den Saatgutfirmen mit 34 Prozent und

den Landwirten mit 13 Prozent (Argentinien: 90%). Weitere Studien über den ökonomischen Vorteil gentechnisch veränderter Sojen existieren außerdem für die USA (z. B. Moschini et al., 2000). Dass transgene Pflanzen nur oder vor allem den Saatgut anbietern zugute kommen, kann somit nicht bestätigt werden. Eine andere These trifft Duffy (2001): Die rasche Verbreitung gentechnisch veränderter Sorten belege zwar, dass auch Landwirte einen Vorteil hieraus ziehen, allerdings würden ihre Gewinne nicht steigen. Hauptnutznießer der ersten Generation grüner Gentechnologie seien die Saatgutfirmen. Und aufgrund der geringen Kosten der Rohwaren sei es schwer abzuschätzen, ob und welchen Nutzen die Konsumenten haben.

Ein weiterer Kritikpunkt an Saatgutfirmen ist die Kopplung des herbizidtoleranten Saatguts an solche Herbizide, die vom selben Unternehmen verkauft werden. Ein Beispiel ist hierfür der US-amerikanische Saatgutkonzern Monsanto, der weltweit führend beim Verkauf transgener Sorten ist. Für seine Saatgutsparte, die verschiedene transgene, gegen das Herbizid Roundup resistente Sorten umfasst, weist Monsanto für das Finanzjahr 2004/05 einen Bruttogewinn⁵³ von 1,9 Milliarden US-\$ aus (ein EBIT⁵⁴ von 374 Mio. US-\$). Zusätzlich machen in der Pflanzenschutzsparte „Agricultural Productivity“ Roundup und andere Herbizide auf Glyphosat-Basis knapp 2/3 des Bruttogewinns von einer Milliarde US-\$ aus⁵⁵. Bei den transgenen Roundup-Ready-Sorten kann der Landwirt somit nicht auf Herbizide anderer Anbieter ausweichen; er erwirbt Saatgut und Herbizid im Paket. Für das Jahr 2005 beziffert James (2006) den Wert des Saatguts transgener Sorten inklusive der Technologiegebühr auf 5,25 Milliarden US-\$.

Diese Einschränkung der Handlungsfreiheit des Landwirts könnte dann ein Problem darstellen, wenn der Anbieter beider Komponenten seine gestiegene Marktmacht ausnutzt, beispielsweise um langfristig höhere Preise durchzusetzen. Nimmt ein Unternehmen zudem eine marktbeherrschende Stellung ein, könnte es versucht sein, bestimmte Sorten durchzusetzen, beispielsweise wie im Fall der konventionellen Kartoffelsorte „Linda“ (Hamburger Abendblatt, 2005). Das Erreichen einer solchen Marktdominanz wird dem Konzern Monsanto, der im August 2006 seinen Konkurrenten Delta & Pine Land für 1,5 Milliarden US-\$ übernommen hat (BLOOMBERG, 2006), von Gentechnikkritikern unterstellt (www.monsantowatch.org).

⁵³ Beim Bruttogewinn eines Unternehmens werden vom Umsatz nur die direkten Herstellungskosten abgezogen. Verwaltungs-, Vertriebs-, Forschungs- und Entwicklungskosten und sonstige operative Aufwendungen fließen hier nicht mit ein.

⁵⁴ Earnings before Interest and Taxes

⁵⁵ Der EBIT war hier 2004/2005 mit 27 Millionen US-\$ leicht im Minus, nach einem Plus von 249 Millionen US-\$ im Vorjahr.

Derzeit kontrollieren die zehn größten Saatgutunternehmen in etwa die Hälfte des globalen Saatgutmarktes, der im Jahr 2005 ein Volumen zwischen 19 und 25 Milliarden US-\$ besaß; der globale Markt für Pestizide betrug im selben Jahr circa 35 Milliarden US-\$ (ETC-Group, 2005). Falck-Zepada et al. (2000) kommen in ihrer Studie allerdings zu dem Schluss, dass trotz monopolistisch strukturiertem Input-Markt die Landwirte und die Innovatoren transgener Baumwollsorten (Delta & Pine Land, Monsanto) den ökonomischen Vorteil in etwa gleich aufteilen.

Exkurs: Wechselwirkungen zwischen technischen und ökonomischen, sozialen und ökologischen Entwicklungen

Eine die Marktstellung ausnutzende Unternehmenspolitik – so unbestritten nachteilig sie für Landwirte und Verbraucher sein könnte – sollte jedoch nicht einer Technologie per se angelastet werden. Beispielsweise wird wegen der marktdominanten Stellung von Microsoft und seiner Firmenpolitik nicht die Mikroelektronik oder die Informatik angeprangert, und auch Klagen gegen den Softwarekonzern richteten sich gegen seine Geschäftspraktiken und nicht gegen die von ihm vermarkteten Technologien.

Zudem verfolgt auch die konventionelle Züchtung die Ziele der grünen Gentechnologie: Herbizidtoleranz, Schädlingsresistenz oder die Veränderung der Inhaltsstoffe. Kritik müsste sich demnach gegen das Wettbewerbsziel der Saatgutformen richten (Kampf um Marktanteile bis zur Marktbeherrschung) und nicht gegen die zur Zielerreichung eingesetzte Technologie. Eine solche Differenzierung zwischen einer Technologie und ihrer Anwendung erscheint allerdings nur analytisch sinnvoll. Zum einen ist die Kritik an ökonomischen Zielsetzungen in unserer wertpluralistischen Gesellschaft weder überraschend noch ein neues Phänomen. Zum anderen werden in öffentlichen und wissenschaftlichen Diskussionen nicht nur ökonomische Ziele sondern unterschiedliche weitere Zielsetzungen an die Agrarproduktion und -politik adressiert, die zum Beispiel regionalstrukturpolitische, soziale und ökologische Aspekte aufgreifen (BMBF, 2005). In dieser Diskussion jenseits des einzelnen Landwirtschaftsbetriebs verschwimmen die Diskussionsebenen. Technische und ökonomische Betrachtungsweisen sind hier nicht von sozialen oder ökologischen Folgewirkungen zu trennen. Hinter der Debatte um die grüne Gentechnik steht hierbei weniger eine Auseinandersetzung um die Technologie, als vielmehr ein Grundsatzstreit darüber, welche Art der Landwirtschaft präferiert wird (Beusmann, 2002).

Die Technologie der gezielten genetischen Veränderung von Nutzpflanzen ermöglicht zwar in der Tat bestimmte landwirtschaftliche Ansätze, die eine weitere Intensivierung der Agrarproduktion bedeuten: So kann die Kombination aus herbizidtoleranter Pflanze und Totalherbizid andere Kräuter so effizient bekämpfen, dass teilweise das Nahrungsvorkommen für Insekten und andere Arten sinkt (The Royal Society, 2003). Diese ökologische Wirkung hängt allerdings weniger von der gentechnisch veränderten Pflanze ab, als vielmehr davon, wie intensiv das Herbizid in der landwirtschaftlichen Praxis eingesetzt wird (Biosicherheit, 2003). Sollte der Gentechnologieeinsatz in der Pflanzenzüchtung außerdem bewirken, dass die Preise für pflanzliche Rohstoffe sinken, könnte der ökonomische Wettbewerb der Farmer untereinander die Fortsetzung des Verschwindens kleinbäuerlicher Strukturen nach der Logik des „Wachsens oder Weichens“ zur Folge haben. Die Möglichkeiten der Gentechnologie im „grünen“ Bereich reichen jedoch prinzipiell weiter und erlauben auch Beiträge für andere, beispielsweise soziale Zielsetzungen wie im Falle des so genannten Golden Rice (<http://www.goldenrice.org>).

Die grüne Gentechnologie ausschließlich als Beschleuniger des ökonomischen Wettbewerbs zu charakterisieren wäre somit falsch. Diese theoretische Zieloffenheit der Technologie sollte gleichzeitig nicht den Blick auf ihre praktische Anwendung in der Gegenwart verstellen: Aus Gründen der technischen Machbarkeit (Übertragung einzelner Gene) und sicherlich auch aus ökonomischen Gründen liegen die ersten Anwendungsgebiete der grünen Gentechnologie im Bereich jener agronomischen Zielsetzungen, die für Saatgut- und Agrochemiekonzerne sowie die Landwirte ökonomisch interessant sein können.

4.6. Gentechnologie im Lebensmittelsektor

Der Anbau gentechnisch veränderter Pflanzen und der Saatgutsektor sind nicht die einzigen Wirtschaftssektoren, die zu der grünen Gentechnologie gerechnet werden. Traditionell wurden mit der „roten“ Gentechnologie die medizinischen Anwendungen zusammengefasst, während die „grüne“ Gentechnologie die gesamten Sektoren Landwirtschaft und Lebensmittelherstellung bezeichnete, gleichwohl das namensgebende grüne Chlorophyll weder für die Tierzucht noch bei Lebensmittelenzymen eine passende assoziative Brücke darstellt. Nichtsdestoweniger wird in vielen Veröffentlichungen der vollständige Lebensmittelsektor der grünen Gentechnologie zugerechnet.

Die komplexen Kennzeichnungsbestimmungen in der Europäischen Union offenbaren das schwierige Problem einer passenden Definition dessen, was dem Gentechnologieeinsatz bei Lebensmitteln zuzurechnen ist. Beispielsweise war Sojaöl aus gentechnisch veränderten Sojabohnen bis 2004 nicht kennzeichnungspflichtig, da selbst mit sehr sensitiven Nachweisverfahren nicht zu identifizieren war, ob die Ausgangspflanzen gentechnisch verändert waren oder nicht. Seit 2004 gilt in der EU eine nachweisunabhängige Kennzeichnung (EG, 2003; Transgen, 2005), viele bis dato auf dem Markt erhältliche Lebensmittel hätten gekennzeichnet werden müssen, denn nach neuer Regelung sind sie „Gentechnik-Produkte“ gewesen. Ebenfalls seit dem Jahr 2004 sind Futtermittel aus gentechnisch veränderten Pflanzen zu kennzeichnen. Die Lebensmittel aus den damit gefütterten Tieren (Fleisch, Milch, Eier, etc.) fallen nicht unter diese Kennzeichnungspflicht. Legt man die Logik der nachweisunabhängigen Produktkennzeichnung zu Grunde, die auf die Verbrauchersouveränität rekurriert, wäre auch die Milch zu deklarieren – mit der Konsequenz, dass sehr viele der heute erhältlichen Produkte „Gentechnik-Produkte“ sind. Konsequenterweise angewendet müsste das Prinzip der Verbrauchersouveränität außerdem bedeuten, Zusatzstoffe wie Riboflavin oder Glutamat oder Enzyme wie Chymosin bei der Käseherstellung auszuweisen, da sie von gentechnisch veränderten Mikroorganismen gewonnen werden. Denn die Kennzeichnung impliziert nicht die Ausweisung eines Risikos (nur solche Inhaltsstoffen, die aus transgenen Sorten stammen, sind erlaubt, die nach einer Sicherheitsprüfung zugelassen wurden), sondern soll den Lebensmittelkunden ermöglichen, sich bei der Entscheidung pro oder contra Gentechnikeinsatz frei zu entscheiden. Festzuhalten ist daher: Die Definition dessen, was als Produkt der grünen Gentechnik gilt, wird neben der Technik durch Gesellschaft und Politik bestimmt.

Obwohl Lebensmittelzusätze und Enzyme derzeit nicht als Produkte der Gentechnologie gesetzlich zu kennzeichnen sind, gehört ihre Gewinnung aus gentechnisch veränderten Mikroorganismen zweifelsohne zum Repertoire der Gentechnologie. Der Einsatz von Enzymen zur Herstellung von Lebensmitteln ist dabei keineswegs neu: Der Einsatz des Labferments für die Käseerzeugung und die Nutzung von Hefen zur Bier- und Weinherstellung sind bekannte Beispiele für eine „klassische“ Lebensmittel-Biotechnologie. Seit Jahrzehnten verrichten verschiedene Enzyme ihren Dienst bei der Herstellung von Lebensmitteln, z. B. beim Stärkeabbau durch Amylasen (u. a. Getränke, Backwaren), bei der Spaltung und der Modifikation von Fetten durch Lipasen (u. a. Käse, Aromen, Nudeln) oder beim Abbau und der Modifikation von Eiweißen durch Proteasen (u. a. Käse, Fleisch, Fisch). Der Beitrag der Gentechnologie besteht darin, Mikroorganismen wie

Hefen, Pilze oder Bakterien gentechnisch so zu verändern, dass sie das gewünschte Enzym in großer Menge produzieren. Diese Mikroorganismen werden in abgeschlossenen Systemen herangezogen, aus denen ihre Produkte „abgeerntet“ werden. Die Gentechnologie nimmt in der Enzymtechnik bei Lebensmitteln eine Schlüsselstellung ein. Ihre Nutzung ermöglicht nicht nur eine deutliche Kostensenkung bei der Produktion von Enzymen, sondern auch die Erschließung neuer Enzymtypen, kurze Entwicklungszeiten und die Erhöhung der Produkt- und Produktionssicherheit (Menrad, 2005: 11). Zudem schafft die Gentechnologie die Voraussetzung für die Entwicklung maßgeschneiderter Enzyme für bestimmte Anwendungen (Protein Engineering). Bereits im Jahr 2001 waren über vierzig verschiedene Mikroorganismen mit gentechnischen Modifikationen für die Enzymherstellung im Lebens- und Futtermittelbereich im Einsatz (Menrad et al., 2003: 181). Analog war die Anwendung von Enzymen aus gentechnisch veränderten Mikroorganismen weit verbreitet: In der Stärkeindustrie betrug ihr Anteil im EU-Markt 65 Prozent (US-Markt: 65%), bei Käse 25 Prozent (90%) und bei Backwaren zehn bis 20 Prozent (70–80%). Nur bei Fruchtsäften lag ihr Anteil im Jahr 2001 (auf dem EU- wie auf dem US-Markt) unter zehn Prozent (Ebenda: 180). Experten gehen davon aus, dass bis zum Ende der Dekade ihr Anteil auf 90 Prozent ansteigen wird (Menrad, 1999).

So groß die ökonomische Bedeutung der Gentechnologie im Enzyimbereich ist, im eigentlichen Kernbereich der Lebensmittelbranche, den pflanzlichen Rohstoffen, spielt sie – anders als in den USA – aus ökonomischer Sicht in Europa keine Rolle. Dass gegenwärtig fast keine deklarierten Produkte im Handel zu finden sind, ist darauf zurückzuführen, dass die Lebensmittelindustrie ihre Rezepturen nach Inkrafttreten der neuen EU-Verordnung verändert hat, um wie zuvor keine Produkte deklarieren zu müssen.

4.7. Beschäftigungswirkung der grünen Gentechnologie

Neben Umsatzzahlen und Marktanteilen ist die Zahl der Arbeitsplätze im Bereich der grünen Gentechnologie ein wichtiger Gradmesser für deren ökonomische Bedeutung. Insbesondere in der politischen Diskussion wird die Frage, wie relevant die grüne Gentechnologie ist, mit dem Argument der Arbeitsplätze geführt. Dabei ist umstritten, in welchem Umfang der Einsatz der grünen Gentechnologie Arbeitsplätze schafft. Die Beantwortung dieser Frage hängt entscheidend davon ab, welche Wirtschaftssektoren man (i) der grünen Gentechnologie zurechnet und ob man

(ii) ausschließlich zusätzliche Arbeitsplätze betrachtet oder den Ersatzbedarf einbezieht, also die Arbeitsplätze, die im Zuge des technischen Fortschritts und zur Sicherung der Wettbewerbsfähigkeit andere ersetzen. Eine weitere Schwierigkeit der Datenlage ist (iii) wie dargestellt die Definition dessen, was Technologien der „grünen Gentechnologie“ sind und was nicht⁵⁶.

Im Juni 2006 veröffentlichte der BUND eine Studie, die für den „Kernbereich“ der grünen Gentechnik deutlich weniger als 500 Arbeitsplätze ermittelt und damit der Aussage widerspricht, die grüne Gentechnik sei ein Jobmotor: „Darstellungen, wie jene vom DIB (Deutsche Industrievereinigung Biotechnologie), der Union der Deutschen Akademien der Wissenschaften und des deutschen Bundesverbandes, die von Tausenden Arbeitsplätzen im Zusammenhang mit der ‚Grünen Gentechnik‘ ausgehen, konnten hier nicht nachvollzogen werden“ (Helmerich et. al., 2006: 13). In dieser Analyse werden explizit nur privatwirtschaftliche Arbeitsplätze im Bereich der Agro-Gentechnik berücksichtigt, die mit der Entwicklung oder mit der Produktion gentechnisch veränderter Pflanzen in Verbindung stehen.

Die Studie betrachtet nur einen schmalen Ausschnitt der in Frage kommenden Wirtschaftssektoren: Ausgeklammert werden Arbeitsplätze in der Biotechnologie, in der keine gentechnischen Veränderungen vorgenommen werden (z. B. der Bereich der Verarbeitung gentechnisch veränderter Pflanzen), Zuliefererbetriebe und der Dienstleistungsbereich (z. B. Marketing und Regulation). Ebenfalls nicht einbezogen werden öffentlich finanzierte Arbeitsplätze an Universitäten und Forschungseinrichtungen. Begründet wird diese Einschränkung damit, dass mit der Fragestellung der Studie, ob die grüne Gentechnik als „Jobmotor“ gelten könne, allein der privatwirtschaftliche, nicht-öffentlich finanzierte Bereich ausschlaggebend sei (ebenda: ii).

Aufgrund der Konzentrationsprozesse in der Agrarindustrie (Saatgutkonzerne) wird prognostiziert, dass keine neuen (zusätzlichen) Arbeitsplätze bei verstärkter Anwendung der Gentechnologie zu erwarten seien (ebenda). Aufgemacht wird somit eine Nettorechnung, bei der wegfallende und neue Arbeitsplätze verrechnet werden. Einbezogen wird außerdem nur ein bestimmter technischer Ausschnitt der Gentechnologie, nämlich die Entwicklung und die Produktion gentechnisch veränderter Pflanzen. Explizit ausgeklammert wird beispielsweise die

⁵⁶ Beispielsweise arbeitet die Präzisionszucht (Smart Breeding) mit DNS-Abschnitten als Genmarkern und damit mit einer Technik der grünen Gentechnologie. Allerdings erfolgt mit den Genmarkern allein eine gezielte Selektion. Gene werden somit nicht übertragen, und es werden keine transgenen Pflanzen erschaffen. Aus diesem Grund wird in einigen Quellen die Präzisionszucht nicht der grünen Gentechnologie zugerechnet (Rögener, 2006).

Marker-Technologie, bei der mit Hilfe bestimmter Gensequenzen der Erfolg klassischer Züchtung geprüft und beschleunigt wird (ebenda: 6).

Einen umfassenderen Ansatz wählt die Studie von Menrad und Frietsch (2006). Die Autoren betrachten alle Wirtschaftssektoren, die mit der „modernen“ Biotechnologie in Verbindung stehen, das heißt neben der Landwirtschaft auch die Bereiche Pharma, Chemie, Umweltbiotechnik und Lebensmittel. Untersucht werden die so genannten „Bruttoeffekte“ bei Arbeitsplätzen, daher werden keine Arbeitsplätze abgezogen, die aufgrund des Einsatzes moderner Biotechnologien wegfallen (ebenda: 85). Für die Festlegung, was solchen modernen Biotechnologien im Einzelnen zuzurechnen ist, wird auf die OECD-Definition zurückgegriffen: Anwendungen von Wissenschaft und Technologie auf lebende Organismen sowie auf deren Bestandteile, Produkte und Modelle mit dem Ziel, lebende und nicht-lebende Materialien für die Produktion von Wissen, Waren oder Serviceleistungen zu verändern (OECD, 2001). Für das Jahr 2000 kommen die Autoren insgesamt auf 614 000 Arbeitsplätze, die direkt, in Anwenderbranchen oder in vorgelagerten Wirtschaftszweigen mit der modernen Biotechnologie in Deutschland befasst sind (Menrad und Frietsch, 2006: 97). Bei 220 682 dieser Arbeitsplätze wird von einer hohen Bedeutung der modernen Biotechnologien für die Wettbewerbsfähigkeit ausgegangen. Hiervon ist die grüne Gentechnologie nur ein Teil dieser Gesamtbetrachtung und entsprechend sind die Zahlen im Detail zu betrachten.

Die direkten Beschäftigungswirkungen – definiert als die Bereitstellung von Wissen, Methoden, Technologien und Produkten – beziffern die Autoren für das Jahr 2000 insgesamt mit circa 69 500 Arbeitsplätzen (Menrad et al., 2003). Diese traten zu mehr als der Hälfte in Universitäten und Forschungseinrichtungen auf (ca. 36 000 Arbeitsplätze), gefolgt von den Biotechnologie-Ausstattern (ca. 20 500) und den KMU im Bereich moderner Biotechnologien (ca. 10 100). In allen drei Teilbereichen ist die grüne Gentechnologie, verstanden als moderne Biotechnologie im Sinne der OECD-Definition im Bereich von Pflanzen zwar mit enthalten, jedoch nicht separat ausgewiesen. Lediglich der Teilbereich Pflanzenzüchtung (ca. 3 000) ist unmittelbar der grünen Gentechnologie zuzuordnen. Aus den Sektoren, die den obigen Teilbereichen vorgelagert sind, kamen im Jahr 2000 noch einmal 36 100 Arbeitsplätze hinzu, davon circa 2 900 in der Pflanzenzüchtung (Menrad und Frietsch, 2006).

Die Autoren zählen neben Feldern mit direkter Beschäftigungswirkung der modernen Biotechnologie zusätzliche so genannte Anwenderbranchen auf – definiert als solche, die Wissen, Methoden, Technologien und Produkte nutzen. Für das Stichjahr 2000 weisen sie circa 167 000

Arbeitsplätze auf, die mit modernen Biotechnologien in Verbindung standen, mehr als doppelt so viele, wie in den „direkten“ Bereichen. Das Gros dieser Stellen befand sich im Sektor der Lebensmittelverarbeitung (ca. 131 000 Arbeitsplätze), die übrigen verteilten sich in etwa gleich über die Anwenderbranchen Pharma, Chemie und Umweltbiotechnik. Aus Sektoren, die diesen Branchen vorgelagert sind, kamen noch einmal 341 500 Arbeitsplätze hinzu, davon die Mehrzahl (301 500) in Sektoren, die der Lebensmittelverarbeitung vorgelagert waren. Deutlich wird damit, dass in Anwendungsbranchen und vor allem in den ihnen vorgelagerten Sektoren deutlich mehr Arbeitsplätze mit modernen Biotechnologien in Verbindung stehen als in den „direkten“ Branchen. Dies unterstreicht in den Augen der beiden Autoren den Schlüsseltechnologie-Charakter der Biotechnologie als Ganzes (Ebenda: 96).

Tabelle 6: Zahl der Beschäftigten in Deutschland im Jahr 2000, deren Arbeitsplätze von der Biotechnologie beeinflusst werden

Bereich	Zahl der Beschäftigten		
	im Bereich	in vorgelagerten Sektoren	Gesamtzahl
Universität/Forschungs-Einrichtungen	35 979	11 700	47 679
Biotechnologie KMU	10 103	3 300	13 403
BT-Ausstatter	20 470	18 200	38 670
Pflanzenzüchtung	2 964	2 900	5 864
Summe direkt	69 516	36 100	105 616
Pharma	13 046	11 300	24 346
Chemie	11 274	18 800	30 074
Umweltbiotechnik	11 189	9 900	21 089
Lebensmittelverarbeitung	131 376	301 500	432 876
Summe Anwenderbranchen	166 885	341 500	508 385
Gesamteffekte^{a)}	236 400	377 600	614 000
Anzahl der Arbeitsplätze, bei denen eine hohe Bedeutung der Biotechnologie für die Wettbewerbsfähigkeit vorliegt			220 682

a) teilweise gerundet

Quelle: Menrad, K., Frietsch, K. (2006): „Zukünftige Ausstrahlung der Biotechnologie auf die Beschäftigung in Deutschland.“ Schmollers Jahrbuch 126, S. 83–107.

Allerdings sind die aufgelisteten Arbeitsplätze nur zu einem unbekanntem Anteil der grünen Gentechnologie zuzurechnen. Für deren potenziell größten Anwendungsbereich, die Landwirtschaft, wurden für das Jahr 2000 aufgrund des Anbaumoratoriums der Europäischen Union keine Arbeitsplätze ausgewiesen. Dies ändert sich erst in einer Zukunftsprojektion, in der die Autoren die ermittelten Beschäftigungseffekte des Jahres 2000 in drei Szenarien auf das Jahr 2010 hochrechnen. Im so genannten „Trend-Szenario“ mit mittlerer Diffusionsgeschwindigkeit gehen die Autoren für den Landwirtschaftssektor von circa 178 000 Personen aus, deren Stellen von modernen Biotechnologien tangiert sein werden. Parallel verdoppelt sich die betreffende Stellenzahl in der Lebensmittelverarbeitung und ihren Vorleistungsstrukturen auf circa 840 000. In der Pflanzenzüchtung dagegen stagniert die Zahl der von modernen Biotechnologien betroffenen Arbeitsplätze; die Stellenzahl an Universitäten und Forschungseinrichtungen wird als leicht rückläufig angegeben.

Bezüglich der grünen Gentechnik ist aus gegenwärtiger Sicht jedoch nicht von einer mittleren sondern, von einer deutlich verringerten Diffusionsgeschwindigkeit auszugehen. Zum einen ist die öffentliche Diskussion weiterhin von starker Skepsis gegenüber der grünen Gentechnologie und ihren Produkten geprägt (Gaskell et al., 2006), zum anderen hat die Verschärfung der Regulierungs- und Zulassungsbestimmungen der EU dazu beigetragen, dass bislang (2006) nur 22 gentechnisch veränderte Sorten in der Europäischen Union als Lebensmittel sowie 16 als Futtermittel zugelassen wurden (eigene Daten). Menrad und Frietsch (2006: 93) gehen beispielsweise davon aus, dass gentechnische Sorten von Raps, Mais und Kartoffeln nach dem Ende des Quasi-Moratoriums in Deutschland ab dem Jahr 2005 angebaut werden können – de facto hat der kommerzielle Anbau in Deutschland erst im Jahr 2006 auf circa 950 Hektar begonnen (BVL, 2006).

Grundsätzlich geht die Studie davon aus, dass die grüne Gentechnologie wie bereits andere Zweige der modernen Biotechnologie im Rahmen des technischen Fortschritts in die unterschiedlichen Branchen diffundiert – aufgrund des Wettbewerbsdrucks mehr oder minder automatisch. Vergleichsmaßstab ist die Adoption gentechnisch veränderter Pflanzen in den USA, wo im Jahr 2006 Diffusionsraten von 89 Prozent bei Sojabohnen, 61 Prozent bei Mais und 83 Prozent bei Baumwolle erreicht wurden (USDA, 2006). Unter dieser Annahme bildet die große Mehrheit der Arbeitsplätze in Pflanzenbau und -verarbeitung das Stellenpotenzial der grünen Gentechnologie, abzüglich jener Teilbereiche, die sich

ausdrücklich gegen die Verwendung gentechnisch veränderter Sorten ausgesprochen haben, wie beispielsweise der Ökolandbau. Aufgrund der unterschiedlichen Landwirtschaftsstrukturen in Europa, der unverändert geringen öffentlichen Akzeptanz für (anders als in den USA zu kennzeichnende) Lebensmittel aus gentechnisch veränderten Pflanzen und wegen der speziellen europäischen Vorschriften insbesondere zur Koexistenz der Landwirtschaftsformen, ist ein ähnlich schneller Adaptionsprozess wie in den USA unwahrscheinlich. Außerdem ist derzeit nicht absehbar, wo mittelfristig die Markttrennung zwischen den verschiedenen Agrarformen verlaufen und welchen Anteil die Landwirtschaft mit gentechnisch veränderten Sorten einnehmen wird. Mittelfristig verfrüht wäre es daher, den konventionellen Agrarbereich in seiner Gesamtheit als potenziellen Diffusionsraum der grünen Gentechnologie zu betrachten.

Keine Antwort gibt die Studie auf die Frage, ob und in welchem Ausmaße zusätzliche Arbeitsplätze durch den Einsatz der grünen Gentechnologie entstehen. Da deren Diffusionsgeschwindigkeit stark vom Wettbewerbsdruck beeinflusst wird, stellt sich diese Frage allerdings sehr deutlich: Solange keine neuen Produkte angeboten werden, sondern nur die bisherigen Agrarprodukte anders technisch hergestellt werden, dürfte die grüne Gentechnologie als Rationalisierungstechnologie wirken und einen Arbeitsplatzabbau bewirken. Gleichzeitig muss betont werden, dass die Nichtumsetzung durchführbarer Rationalisierungen im freien Wettbewerb schnell Wettbewerbsnachteile bedeuten kann. Die Frage lautet dann nicht länger, ob zusätzliche Arbeitsplätze entstehen, sondern ob mittel- bis langfristig nicht mehr Arbeitsplätze verloren gehen, als bei Umsetzung einer Rationalisierung.

Der Wettbewerbsdruck könnte rein theoretisch durch eine protektionistische Marktabschottung gemindert werden, wobei hier die internationalen Handelsvereinbarungen praktische Grenzen vorgeben. Zweitens käme jene Produktion ins Hintertreffen, die sich auf Weltmärkte und deren Preise orientiert. Und drittens fällt es von der Logistik her immer schwerer, gentechnisch veränderte Produkte auf dem Weltmarkt zu vermeiden: 90 Prozent des hier gehandelten Soja ist gentechnisch verändert oder mit solchem vermischt. Bei Mais lag der Anteil bei 80 Prozent und bei Raps bei 73 Prozent (Brookes, 2005: 20). Kurzum, eine vollständige Abkopplung von den Weltmärkten bei Pflanzenrohstoffen ist dauerhaft nur unter großem politischen, finanziellen und logistischen Aufwand realisierbar.

4.8. Zukünftige Ansätze der grünen Gentechnologie

Gegenstand der bisherigen Darstellungen waren in erster Linie jene gentechnisch veränderten Pflanzen, die derzeit angebaut werden. Hieran schließen sich zwei Fragen an: Erstens, welche weiteren Ansätze werden derzeit im Bereich der grünen Gentechnologie technologisch entwickelt? Und welche Auswirkungen auf die Anwendungsbranchen und auf die Arbeitsplatzzahlen lassen sich zweitens abschätzen?

Unter der so genannten zweiten und dritten Generation der grünen Gentechnologie versteht man allgemein jene gentechnisch veränderten Pflanzen, die – nicht zuletzt wegen komplizierterer Gentransfers – entweder vor der Markteinführung stehen oder sich noch im Forschungs- und Entwicklungsstadium befinden. Meist werden dabei Sorten ausgeklammert, deren gentechnische Veränderung auf agronomische Eigenschaften zielt, wie sie bereits bei den aktuell im Anbau befindlichen gentechnisch veränderten Pflanzen realisiert wurden (hauptsächlich Schädlings- und Herbizidresistenz etc.).

Neue Ansätze auf dem Gebiet agronomischer Eigenschaften sind verbesserte Toleranzen gegen Trockenheit, Salz oder Schwermetalle. Sie würden erlauben, ungünstigere Bodenstandorte zu erschließen, das heißt sie erweitern die Anbauoptionen. Weitere Zielsetzung der zweiten und dritten Generation der grünen Gentechnologie sind verbesserte Inhaltsstoffe in Pflanzen für Nahrungsmittel (Functional Food) oder Futtermittel (z. B. höherer Anteil essentieller Aminosäuren) (Sauter et al., 2006). Offen bleibt, ob komplett neue Anwendungen entwickelt werden oder ob mögliche Produkte aus solchen Pflanzen bisherige Produkte ersetzen werden.

Die Durchsetzung dieser Techniken hängt dabei davon ab, ob gentechnisch veränderte Pflanzen mit den alternativen, etablierten Produktionsplattformen (chemische Synthese, mikrobielle Produktion, Isolierung aus natürlichen Quellen usw.) konkurrieren können (Ebenda). Ferner konstatiert der TAB-Bericht die lange Entwicklungszeit, die lebensmitteltechnologische Weiterprozessierung der Pflanzenrohprodukte und die möglicherweise trotz des Verbrauchernutzens kaum verbesserte Akzeptanz als komparative Nachteile. Zudem müssen die derzeitigen Prototypen für die kommerzielle Entwicklung noch weiterentwickelt werden. Mit einer Marktreife solcher qualitativ optimierter Pflanzen ist frühestens in fünf bis zehn Jahren zu rechnen. Wichtig anzumerken ist außerdem, dass Pflanzen mit veränderten Inhaltsstoffen („value-enhanced crops“) keineswegs ausschließlich auf der Agenda der grünen Gentechnologie

stehen, sondern auch ein Ziel der klassischen Züchtung darstellen. Auf den 1,7 Millionen Hektar, die im Jahr 2001 mit solchen „value enhanced crops“ in den USA kultiviert wurden, wuchsen zu mehr als 95 Prozent nicht-transgene Sorten (US Grains Council, 2001). Eine derartige konventionelle Züchtung, eine Hochöl-Sorte, dient Jefferson-Moore und Traxler (2005) als Fallstudie für zukünftige Adaption gentechnisch veränderter Sorten. Ihr Fazit fällt eher skeptisch aus: Für die nähere Zukunft erwarten sie keine erhebliche Adaption solcher Sorten, solange die Landwirte keinen Preisaufschlag bekommen, um Ertragsrückgänge und Transaktionskosten aufgrund der Anbauumstellung zu kompensieren. Eben dies scheint allerdings bei der Soja-Sorte Vistive der Fall zu sein, die einen reduzierten Gehalt an Linolensäure im Öl aufweist (ca. 3 % statt 8 %; Monsanto, 2004). Zwar wurde dieses wertsteigernde Merkmal nicht mit Hilfe der Gentechnologie erreicht, gleichwohl handelt es sich um eine transgene Sorte, da gleichzeitig eine Herbizidresistenz auf gentechnologischem Weg eingebracht wurde. Das gentechnisch veränderte Merkmal ist somit ein agronomisches Merkmal, das der ersten Generation grüner Gentechnologie zuzurechnen ist, und keines, für das mit Hilfe der Gentechnik direkt in den Stoffwechsel eingegriffen wurde. Die konventionell erreichte Inhaltsstoffveränderung scheint sich derzeit am Markt gut zu etablieren, für das Jahr 2006 beziffert Monsanto die Anbaufläche auf 200 000 Hektar (Monsanto, 2006).

Zwei weitere Ansätze betreffen ebenfalls die Produktion spezieller Inhaltsstoffe in gentechnisch veränderten Pflanzen, allerdings nicht für die tierische oder menschliche Ernährung, sondern für die chemische oder pharmazeutische Wirtschaft (Plant Made Industrials, PMI, und Plant Made Pharmaceuticals, PMP). Beide Ansätze erweitern die grüne Gentechnologie auf weitere Anwendungsbranchen, die Chemie und die Pharmazie: Unverändert ist zu differenzieren, inwieweit diese Ansätze neue Produkte ermöglichen oder ob durch sie bekannte Produkte auf andere Weise hergestellt werden, sofern sie sich gegen diese Alternativen durchsetzen können. Ähnlich wie bei den für Lebensmittel optimierten Pflanzen bewerten Sauter et al. (2006) den aktuellen Entwicklungsstand der PMI und PMP sehr zurückhaltend: Von den weltweit in Entwicklung befindlichen PMP hätten lediglich zwei den Orphan-Drug-Status zur Behandlung seltener Krankheiten bekommen. Vollkommen unrealistisch sei die Aufnahme von Biopharmazeutika in der Form unprozessierter Früchte (Impfbanane). Von pauschalen Kostenvorteilen gegenüber anderen Produktionsweisen könne nicht ausgegangen werden, vielmehr hänge die Wettbewerbsfähigkeit der PMP entscheidend von den Fortschritten bei den

konkurrierenden Produktionssystemen sowie von der Regulation des Anbaus und des Risikomanagements ab. Die kommerzielle Nutzung von PMI sehen die Autoren ebenfalls skeptisch. Eine Produktion größerer Mengen sei auf absehbare Zeit unwahrscheinlich, und für die Produktion nachwachsender Rohstoffe würden Pflanzen eher züchterisch optimiert werden. Gegenwärtig stehen neue Anwendungen der Gentechnologie, bei denen Inhaltsstoffe für funktionelle Lebensmittel, die chemische Industrie oder die Pharmabranche aus gezielt hierfür gentechnisch veränderten Pflanzen gewonnen werden, nicht unmittelbar vor einer breiten kommerziellen Vermarktung. Entsprechend liegt das Arbeitsplatzpotential vor allem im Forschungssektor. Falls sich die Gentechnologie bei Pflanzen in diesen Bereichen zukünftig allerdings gegen die konkurrierenden Alternativen durchsetzt, würden verschiedene Wertschöpfungsketten und damit potentiell eine hohe Zahl von Arbeitsplätzen mit der grünen Gentechnologie in Verbindung stehen.

4.9. Fazit

Als Plattformtechnologie wirkt die gesamte Gentechnologie in verschiedene Branchen hinein. Die Quantifizierung ökonomischer Effekte hängt daher entscheidend davon ab, was genau unter der „grünen Gentechnologie“ verstanden wird. Nimmt man allein die Züchtung, den Anbau und die Verarbeitung von gentechnisch veränderten Pflanzen in den Blick, so wird sich ein anderes Bild ergeben, als bei einer Einbeziehung der kompletten Lebensmittelverarbeitung mit Hilfe moderner biotechnologischer Verfahren nach OECD-Definition (OECD, 2001). Neben den einbezogenen Branchen und den der grünen Gentechnologie zugerechneten Methoden ist drittens bei den Arbeitsplatzzahlen darauf zu achten, ob ausschließlich zusätzliche Arbeitsplätze gemeint sind oder auch solche, die bisherige Arbeitsplätze ersetzen beziehungsweise ihnen neue Arbeitsgebiete zugerechnet werden. Verschiedene Definitionen erklären die großen Divergenzen in den Arbeitsplatzangaben unterschiedlicher Studien.

Zur Einschätzung der ökonomischen Bedeutung sollten alle Arbeitsplätze erfasst werden, die mit der grünen Gentechnologie in Verbindung stehen. Aufgrund fortwährender technischer Innovationsprozesse werden laufend alte Tätigkeitsprofile durch neue ersetzt, ohne dass im Saldo dabei ein Anstieg der Arbeitsplatzzahlen zu verzeichnen ist. Für das Jahr 2000 werden 5 900 Arbeitsplätze aus der Pflanzenzüchtung der grünen Gentechnologie zugeschrieben (Kernbereich

und vorgelagerte Sektoren). Nicht genau beziffert wird, wie viele der 99 700 Arbeitsplätze der modernen Biotechnologie in den anderen Teilgebieten (Universitäten und Forschungseinrichtungen, Biotechnologie-Ausstatter, KMU im Bereich moderner Biotechnologien) speziell der grünen Gentechnologie zugerechnet werden können. Bei den Anwendungsbranchen ist vor allem die Lebensmittelverarbeitung von Bedeutung: Auch ohne den Anbau gentechnisch veränderter Sorten in Deutschland standen im Jahr 2000 bereits 432 500 Arbeitsplätze mit der modernen Biotechnologie in Verbindung (Menrad und Frietsch, 2006).

Offen ist, wie schnell und in welchem Maße sich die grüne Gentechnologie in der Landwirtschaft durchsetzen wird. Menrad und Frietsch prognostizieren (ausgehend von 2003) bei einer Technologiediffusion, wie sie in anderen Ländern zu beobachten war, dass über eine Million Arbeitsplätze im Landwirtschaftssektor von der grünen Gentechnologie im Jahr 2010 in Deutschland tangiert sein werden. Verschiedene Faktoren machen diese Prognose unrealistisch: Zum einen hat der kommerzielle Anbau in Deutschland überhaupt erst im Jahr 2006 und zudem lediglich auf 950 Hektar begonnen. Zum anderen unterscheidet sich die Situation in Deutschland deutlich von der in anderen Ländern, wo die grüne Gentechnologie Fuß gefasst hat. Anders als beispielsweise in den USA, dem Hauptanbauland gentechnisch veränderter Sorten, begegnen die Konsumenten Lebensmitteln aus transgenen Pflanzen überwiegend mit Skepsis und Ablehnung. Solche Produkte sind deswegen hierzulande zu kennzeichnen (Stichwort Verbrauchersouveränität). Da die Lebensmittelhersteller und der Lebensmitteleinzelhandel damit zögern gekennzeichnete Produkte anzubieten, fehlt deutschen Landwirten derzeit dieser Absatzmarkt. Die Vorschriften zur Kennzeichnung führen dazu, dass eine Verarbeitung gentechnisch veränderter Pflanzen getrennt von den konventionellen Pflanzen erfolgt. Eine solche Markt- und Produktionstrennung existiert in den USA nicht. Ebenso existieren keine Regelungen zur Koexistenz der Landbewirtschaftungsformen. Neue Ansätze der grünen Gentechnologie wie Functional Foods, Plant Made Pharmaceuticals und Plant Made Industrials stehen erst noch in den Startlöchern und werden bis 2010 nicht zu einer wirtschaftlichen Dynamik beitragen.

Da der kommerzielle Anbau gentechnisch veränderter Sorten in Deutschland erst im Jahr 2006 begonnen hat, existieren keine nationalen Erhebungen über den ökonomischen Nutzen der grünen Gentechnologie. Studien aus anderen Ländern sind nicht vollständig auf die deutsche Situation projizierbar, da sich Faktoren wie Klima, Anbaubedingungen, Landwirtschafts-

strukturen etc. unterscheiden. Wichtig ist, jede einzelne transgene Sorte mit ihren spezifischen Eigenschaften am konkreten Standort hinsichtlich ihrer ausgewiesenen Funktionen zu beurteilen. Lässt sich zum Beispiel mit schädlingsresistenten Sorten der Ernte- und Einnahmeverlust reduzieren oder lassen sich mit herbizidtoleranten Sorten die Kosten der Unkrautmanagements senken? Ein wichtiger Faktor dabei ist der lokale Befallsdruck. Und wie bei jeder Art von Landwirtschaft sind neben dem Ertrag, der Erntequalität und den erzielbaren Preisen die Kosten für Maschinen, Arbeitsstunden, Dünger, Saatgut, Pflanzenschutzmittel etc. weitere wichtige Faktoren. Erst eine Gesamtkalkulation aller Faktoren kann Aufschluss darüber geben, ob sinkende Herbizid- beziehungsweise Pestizidkosten die höheren Saatgutpreise ausgleichen. Letztendlich muss der einzelne Landwirt für seinen Betrieb kalkulieren, welche Art der Landbewirtschaftung er bevorzugt. Zahlreiche Studien dokumentieren, dass die Landwirte einen unmittelbaren Nutzen aus dem Anbau transgener Sorten gezogen haben (im Jahr 2005: 6,5 Mrd. US- $\text{\$}$; Brookes und Barfoot, 2005). Gleichzeitig belegt die rasante Adaption gentechnisch veränderter Sorten zum Beispiel in den USA und Kanada, dass die Landwirte (trotz ansteigender Herbizidresistenzen) einen ökonomischen Vorteil aus ihrem Anbau ziehen – anderenfalls gäbe es keinen plausiblen Grund, warum sie nicht stattdessen konventionelle Sorten kultivieren. Ohne Frage profitieren die Saatguthersteller von der erfolgreichen Einführung ihres neuen Saatguts. Nach den vorliegenden Studien profitieren sie jedoch nicht in dem Maße, wie von den Gentechnikkritikern bekräftigt. Ihr konkreter Anteil ist schwer zu beziffern und variiert je nach Fallstudie. Gleiches gilt für den ökonomischen Vorteil der Käufer, wobei es unwahrscheinlich ist, dass Endverbraucher an der Ladentheke wegen des geringen Preisanteils der Rohwaren bei vielen Lebensmitteln einen großen Nutzen haben.

Derzeit ist schwer vorherzusagen, in welchem Maße in den nächsten Jahren in Deutschland gentechnisch veränderte Pflanzen kultiviert werden und in die Vermarktungsketten einfließen. Für eine konkrete ökonomische Nutzenabschätzung ist es daher noch zu früh. Entscheidend wird sein, in welcher Weise ein verändertes Gentechnikgesetz die Anbaubedingungen für gentechnisch veränderte Sorten verbessert. Doch selbst bei veränderten Rahmbedingungen für den Anbau bleibt die Skepsis der Lebensmittelkonsumenten ein zentraler Faktor mit Einfluss auf die Wirtschaft. Gegenwärtig lassen Lebensmittelhersteller und Lebensmittelhandel wenig Bereitschaft erkennen, Produkte mit Bestandteilen aus gentechnisch veränderten Pflanzen auf dem Markt zu platzieren.

5. Neue Formen der Kooperation von Landwirten bei der Befürwortung und Ablehnung der Agro-Gentechnik

Volker Beckmann und Christian Schleyer,

Humboldt-Universität zu Berlin, Fachgebiet Ressourcenökonomie

5.1. Einleitung

Neue Technologien ziehen häufig neue Organisationsformen nach sich. Es überrascht deshalb nicht, dass die Europäische Kommission in ihren Leitlinien zur Koexistenz von gentechnischer, konventioneller und ökologischer Landwirtschaft erwartet, dass „mit dem Anbau gentechnisch veränderter Organismen (GVO) in der EU [...] sich auch die Organisation der landwirtschaftlichen Erzeugung verändern“ wird (Europäische Kommission 2003: 4). Dabei sind verschiedene Formen der Kooperation von Landwirten zur Reduzierung der aus der Koexistenz resultierenden Kosten eine der möglichen und auch bereits realen Veränderungen. Zu den bekannten neuen Kooperationsformen zählt die Bildung von „Gentechnikfreien Regionen“ (GFR), in denen benachbarte Landwirte sich verpflichten, für zumindest ein Jahr auf den Anbau von GVO zu verzichten. Bisher weniger bekannt ist, dass Landwirte kooperieren, um GVO gemeinsam anzubauen und damit eine Art „Gentechnik-Regionen“ (GR) gründen. Beide Kooperationsformen, GFR und GR, setzen auf eine strikte und räumlich-homogene Trennung von GVO und konventioneller/ökologischer Landwirtschaft. Daneben ist aber auch eine Kooperation zwischen benachbarten Landwirten zur Gewährleistung der Koexistenz von konventioneller/ökologischer und GVO-Landwirtschaft vorstellbar, zum Beispiel durch die Abstimmung von Anbauplänen.

Um diese drei möglichen Formen der Kooperation bei der Befürwortung und Ablehnung der Agro-Gentechnik soll es in dem vorliegenden Beitrag gehen. Im Zentrum der Betrachtung stehen Landwirte, die letztlich Entscheidungen über den Anbau von zugelassenen GVO treffen, wobei auch andere Akteure (z. B. Naturschutzverbände, Bauernverbände, Landhandel, Saatgutunternehmen etc.) eine zum Teil erhebliche Bedeutung für die konkrete Form der Kooperation haben können. Nach einem kurzen Abriss der rechtlichen Rahmenbedingungen fasst der Beitrag zunächst den aktuellen empirisch fundierten Wissensstand über Kooperationen

bei der Befürwortung und Ablehnung von Agro-Gentechnik zusammen. Anschließend widmet er sich der Frage, welche Potentiale, aber auch Grenzen die unterschiedlichen Kooperationsformen im Umgang mit der Agro-Gentechnik haben. Der Beitrag endet mit einem Ausblick auf die mögliche zukünftige Bedeutung der Kooperationen sowie auf den weiteren Forschungsbedarf.

5.2. Unsichere rechtliche Rahmenbedingungen

Mit dem Entschluss der Europäischen Kommission vom 5. März 2003, bei der Regelung der Koexistenz von gentechnischer, konventioneller und ökologischer Landwirtschaft das Subsidiaritätsprinzip anzuwenden, ist es den Mitgliedsstaaten überlassen, entsprechende Vorschriften zu erlassen (Europäische Kommission, 2003). Die Europäische Kommission beschränkte sich somit darauf, Leitlinien festzulegen – am 23. Juli 2003 veröffentlicht –, nach denen der nationale Rechtsrahmen so gestaltet werden sollte, dass er die Koexistenz der Anbauformen prinzipiell ermöglicht; ein generelles Verbot des Anbaus von zugelassenen GVO wurde den Mitgliedsstaaten untersagt (ebenda). In Deutschland waren dementsprechend die Jahre 2003 und 2004 durch eine intensive und kontroverse Diskussion um die Ausgestaltung der rechtlichen Rahmenbedingungen und somit durch große Unsicherheit gekennzeichnet. Mit der im Dezember 2004 verabschiedeten Novelle des Gentechnikgesetzes, die am 1. Januar 2005 in Kraft trat (Gentechnikgesetz, 2004), wurde vorerst Rechtssicherheit geschaffen. Die Eckpunkte der bis heute geltenden Koexistenzregeln lassen sich wie folgt zusammenfassen: (1) Aufbau eines öffentlich zugänglichen Standortregisters mit der Verpflichtung für Landwirte, die GVO anbauen wollen, dies mit detaillierten Angaben zu Frucht und Standort anzuzeigen (§ 16a); (2) Die Verpflichtung für GVO-anbauende Landwirte, Vorsorge zur Schadensvermeidung nach den Regeln der guten fachlichen Praxis im Umgang mit GVO zu treffen (§ 16b); (3) Die Einführung einer gesamtschuldnerischen Haftung der GVO-anbauenden Landwirte für wirtschaftliche Schäden in ihrer Nachbarschaft durch Vermischung von GVO und Nicht-GVO-Kulturen (§ 36a).

Die Risiken der Agro-Gentechnik und die Kosten der Koexistenz sind somit maßgeblich von den GVO-anbauenden Landwirten zu tragen, die für den möglichen Schadensersatz beziehungsweise die Kosten der Schadensvermeidung aufkommen müssen. Mit dem Wechsel der Bundesregierung im Oktober 2005 hat allerdings die Diskussion um weitere Novellen wieder begonnen, wobei insbesondere die Haftungsregel im Zentrum der Diskussion steht (Koalitionsvertrag, 2005: 73).

Die Ausgestaltung der gesetzlichen Rahmenbedingungen, aber auch die nach wie vor vorhandene Unsicherheit über ihre weitere Entwicklung haben Auswirkungen auf die gegenwärtigen und zukünftigen Kooperationsformen, indem sie die erwarteten Nutzen und Kosten unterschiedlicher Entscheidungen und Aktivitäten beeinflussen.

5.3. Neue Kooperationen im Umgang mit der Agro-Gentechnik – Eine erste Bestandsaufnahme

Welche Kooperationsformen bestehen bisher? Wie weit sind sie verbreitet und wie haben sie sich entwickelt? Zur Beantwortung dieser Fragen ist zunächst eine Bestandsaufnahme notwendig.

5.3.1. Kooperationen zur Verhinderung des Anbaus von GVO – Dynamik der Gentechnikfreien Regionen

Gentechnikfreie Regionen (GFR) und damit Kooperationen von Landwirten, die explizit auf den Anbau von GVO verzichten, gehören zweifelsohne zu den am stärksten wahrnehmbaren neuen Organisationsformen. Aufgrund eines durch das Bundesamt für Naturschutz geförderten Begleitforschungsprojekts des Instituts für Arbeit und Wirtschaft (IAW) der Universität Bremen ist die Informationslage über GFR als sehr gut einzustufen (GFR, 2006; Nischwitz, 2006). Die erste GFR wurde im November 2003 in Mecklenburg-Vorpommern gegründet. Derzeit (Juni 2006) existieren in Deutschland bereits 93 GFR und entsprechende Initiativen mit einer landwirtschaftlich genutzten Fläche (LF) von 861 424 Hektar und 25 436 beteiligten Landwirten (GFR, 2006). Gab es besonders im Jahre 2004 zunächst eine sehr rapide Zunahme an GFR, so flachte die Entwicklung ab Januar 2005 deutlich ab und weist nur noch geringe Zuwachsraten auf. Im Jahre 2005 wurden zudem die ersten GFR bereits wieder aufgelöst (Nischwitz, 2006). Die GFR beruhen in erster Linie auf gegenseitigen Selbstverpflichtungserklärungen von Landwirten in einer Region, keine GVO anzubauen. Diese gelten häufig für ein Jahr und verlängern sich automatisch um ein weiteres Jahr, falls sie nicht gekündigt werden. Die Strukturen der GFR sind sehr heterogen und reichen von vier beteiligten Landwirten bis zu mehreren tausend und von 150 Hektar LF bis zu knapp 100 000 Hektar LF (GFR 2006), wobei es sich nicht zwingend um räumlich zusammenhängende Gebiete handelt. Zudem sind an vielen GFR nicht nur Landwirte beteiligt, sondern auch landwirtschaftliche Verbände, Kommunen, Naturschutz-

verbände, kirchliche Einrichtungen, Bürgerinitiativen, regionale Entwicklungsvorhaben, Naturschutzverwaltungen sowie Vertreter der Ernährungswirtschaft. Bemerkenswert ist auch, dass ein starkes Nord-Süd-Gefälle in der Verbreitung der GFR besteht; allein circa 50 Prozent der Fläche der GFR sind in Bayern zu finden. Auffallend ist auch, dass es kaum GFR in den intensiv genutzten Agrarregionen Nordwest- und Ostdeutschlands gibt (Nischwitz et al., 2005).

5.3.2. Kooperationen zum Anbau von GVO – Sind Gentechnik-Regionen im Entstehen?

Verglichen mit den GFR liegen in Bezug auf die Kooperationen von Landwirten zum gemeinsamen Anbau von GVO kaum Informationen vor. Die zentrale Informationsgrundlage über den Anbau von GVO ist das Standortregister. Seit 2005 erfolgt der kommerzielle Anbau von GVO in Deutschland, wobei der Bt-Mais eine herausragende Stellung einnimmt. Der GVO-Anbau ist dabei von 341,59 Hektar im Jahre 2005 auf 951,32 Hektar im Jahre 2006 gestiegen (Standortregister, 2006). Auffallend ist eine zum Teil starke räumliche Konzentration der Anbauflächen. Der Anbau findet größtenteils in den östlichen Bundesländern und dort insbesondere in Brandenburg statt. Während sich im Jahre 2005 knapp 38 Prozent der gesamten GVO-Anbaufläche in Brandenburg konzentrierte, ist dieser Anteil auf 47 Prozent im Jahre 2006 gestiegen. Innerhalb Brandenburgs ist nochmals eine Konzentration auf die östlichen Landesteile, insbesondere auf den Oderbruch, festzustellen. Trotz dieser räumlichen Konzentration ist es eine offene Frage, welche Bedeutung die Kooperation zwischen den GVO-anbauenden Betrieben hierbei spielt. Fest steht, dass die Bt-Mais-anbauenden Betriebe in Brandenburg miteinander in engem Kontakt stehen (Piprek, 2005). Eine Rolle spielt hierbei auch der private Landhandel, konkret die Märka Kraftfutter GmbH (Eberswalde), die Bt-Mais-Saatgut vertreibt und damit ein Bindeglied zwischen den Saatgutfirmen Monsanto und Pioneer und den Landwirten darstellt. Die entstehenden Kooperationen umfassen demzufolge nicht nur Landwirte, sondern auch Landhandel und Saatgutfirmen. Es erscheint allerdings zu früh, um von der Entstehung von Gentechnik-Regionen zu sprechen.

5.3.3. Kooperationen zur Koexistenz – Eine Unbekannte und Innovationen im Landhandel

Auch über die Kooperation zwischen Landwirten, die GVO anbauen wollen, und benachbarten Landwirten, die darauf verzichten möchten, ist insgesamt wenig bekannt. Durch die

gegenseitige Abstimmung der Anbaupläne kann die Gefahr eines wirtschaftlichen Schadens durch GVO-Verunreinigung erheblich reduziert werden (Messean et al., 2006). Es stellt sich die Frage, ob die Betriebe, die in den Jahren 2005 und 2006 GVO angebaut haben, diese Anbaurechtsentscheidung mit ihren Nachbarbetrieben koordiniert haben oder nicht. Aus Brandenburg ist für das Jahr 2005 bekannt, dass die meisten Betriebe Bt-Mais innerhalb von größeren Schlägen angebaut und so das Problem betriebsfremder benachbarter Felder umgangen haben (Landtag Brandenburg, 2005). Nach Auskunft der Brandenburgischen Landesregierung ist lediglich ein Fall bekannt, bei dem Bt-Mais in direkter Nähe zu einem Feld mit konventionellem Mais eines anderen Landwirts angebaut wurde. Bei dieser Kooperation hat wiederum die Märka Kraftfutter GmbH eine besondere Stellung eingenommen. Märka bietet konventionell wirtschaftenden Landwirten aus der direkten Nachbarschaft zu Feldern mit Bt-Mais an, den konventionellen Mais – unabhängig von möglichen GVO-Anteilen – zum jeweils geltenden Marktpreis für GVO-freie Ware anzukaufen. Damit garantiert Märka den benachbarten konventionellen Landwirten, keine wirtschaftlichen Schäden aufgrund des Bt-Mais-Anbaus des Nachbarn zu erleiden. Märka ist das erste Unternehmen, das ein derartiges Modell der Koexistenz entwickelt hat, welches auf einer dreiseitigen Kooperation zwischen zwei Landwirten und dem Landhandel beruht (Weber et al., 2006). Die Tabelle 7 fasst die bisherige Entwicklung und den Wissensstand noch einmal zusammen.

Tabelle 7: Erklärt gentechnikfreie Landwirtschaft und der Anbau von GV-Pflanzen in Deutschland 2005-2006

	2005		2006	
	Hektar LF	Prozent (%)	Hektar LF	Prozent (%)
Erklärt gentechnikfreie Landwirtschaft ^{a)}	483 000	2,84	938 547	5,51
GVO-Landwirtschaft	341	0,00	951	0,01
De facto gentechnikfreie Landwirtschaft	16 551 859	97,16	15 997 502	94,48
LF insgesamt	17 035 200	100	16 937 000^{b)}	100

Anmerkungen: a) Gentechnikfreie Regionen, Initiativen und Einzelerklärungen. Zur Definition siehe GFR (2006), b) Landwirtschaftlich genutzte Fläche (LF) des Jahres 2005, Daten von 2006 liegen noch nicht vor.
 Quellen: GFR (2006); Standortregister (2006); BMELV (2006)

Seit 2005 hat sich sowohl die erklärt gentechnikfreie Fläche als auch der Anbau von GVO deutlich ausgedehnt, wenngleich auf sehr unterschiedlichem Niveau. Während über Kooperationen bei der Ablehnung der Agro-Gentechnik einigermaßen verlässliche Informationen vorliegen, sind über Kooperation bei der Befürwortung keine quantitativen Informationen verfügbar. Die weitaus überwiegende Zahl der Landwirte baut jedoch weder GVO an, noch verzichtet sie erklärtermaßen auf den Anbau von GVO. Es stellt sich deshalb die Frage, welches Potential zukünftig der GVO-Anbau sowie die unterschiedlichen Kooperationsformen im Umgang mit der Agro-Gentechnik haben.

5.4. Welche Potentiale haben Kooperationen bei der zukünftigen Befürwortung und Ablehnung der Agro-Gentechnik?

Im Folgenden soll zunächst von den Anreizen der Landwirte ausgegangen werden⁵⁷. Diese entscheiden zum einen darüber, ob sie GVO anbauen, oder nicht, und zum anderen, ob sie diese Entscheidung mit anderen Landwirten koordinieren, oder nicht. Es wird davon ausgegangen, dass beide Entscheidungen aufgrund von Kosten-Nutzen-Überlegungen getroffen werden. Andere Akteure können dabei allerdings versuchen, diese Entscheidung zu beeinflussen, indem sie dessen Erwartungen über Kosten und Nutzen beeinflussen oder indem sie explizit Kosten übernehmen.

5.4.1. Anreize zum Anbau von GVO

Ein Landwirt wird dann GVO anbauen, wenn der Nettonutzen des Anbaus von GVO größer ist als der Nettonutzen des Anbaus von konventionellen oder ökologischen Kulturen. In der Abbildung 5 ist jede beliebige Kombination positiver Ausprägungen der Nettonutzen, wobei zunächst von den Kosten der Koexistenz abstrahiert wird. Auf der 45°-Linie (Indifferenzlinie) ist der Nettonutzen der beiden Alternativen identisch, oberhalb dieser Linie ist der Nettonutzen des Anbaus von GVO größer, unterhalb ist er kleiner als der des konventionellen/ökologischen Anbaus. In der Abbildung kann somit jeder beliebige landwirtschaftliche Betrieb entweder in die Gruppe potentiell GVO-

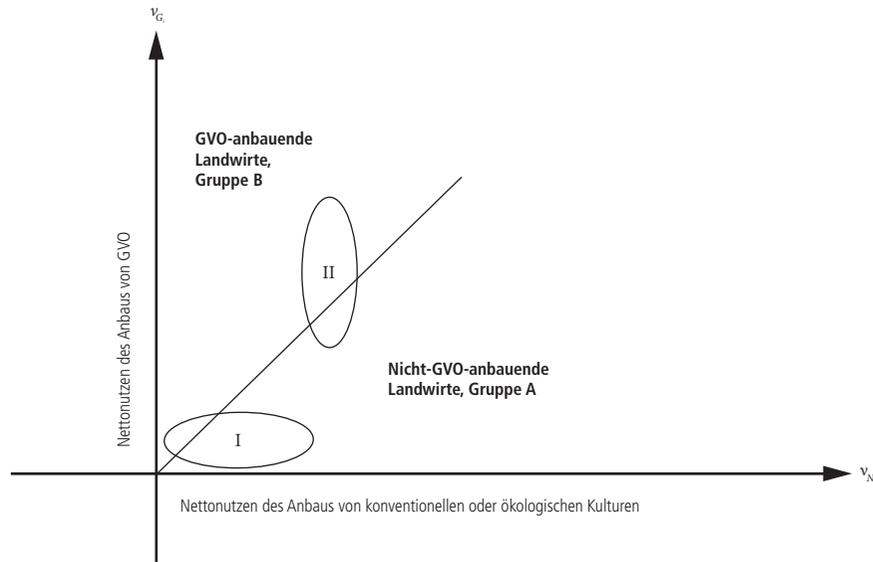
⁵⁷ Die folgenden Überlegungen bauen dabei auf den Beiträgen von Beckmann und Wesseler (2006) sowie Beckmann, Soregaroli und Wesseler (2006) auf.

anbauender Landwirte (Gruppe B) oder Nicht-GVO-anbauender Landwirte (Gruppe A) eingeteilt werden. Der Nettonutzen sowohl des GVO-Anbaus als auch des konventionellen/ökologischen Anbaus ist dabei unter anderem abhängig vom Betriebstyp (ökologisch oder konventionell), der Schlaggröße (Anbaufläche) sowie der Fruchtart (Verfügbarkeit von zugelassenen GVO). Für Betriebe des ökologischen Landbaus ist der Nettonutzen des GVO-Anbaus deutlich geringer als für konventionelle Betriebe; erstere sind deshalb rechts unten in der Abbildung anzusiedeln. Die Schlaggröße bestimmt in der Abbildung die Entfernung vom Ursprung, nicht aber per se die Lage ober- oder unterhalb der 45°-Linie. Die Fruchtart bestimmt schließlich, ob überhaupt entsprechende GV-Varianten zugelassen sind und angeboten werden und wenn ja, welche Vorteile damit verbunden sein können. Während beim Mais bereits mehrere zugelassene GV-Sorten existieren, sind diese bei Kartoffeln in der Beantragung und bei Weizen erst in der Entwicklung.

In einer Region, in der Pflanzen angebaut werden, für die GV-Sorten existieren, können nun unterschiedliche Betriebe vorkommen. Die Ellipse I umreißt hier eine Region, in der die Mehrheit der Betriebe keinen oder nur einen geringen Anreiz besitzt, GVO anzubauen. Dies ist eine Region mit mittleren bis kleineren Schlaggrößen und einer größeren Anzahl von ökologischen Betrieben. Die Ellipse II hingegen kennzeichnet eine Region mit größeren Schlägen, in der ökologische Betriebe kaum vorkommen und die Landwirte mehrheitlich ein Interesse am Anbau von GVO haben.

Gegenwärtig ist der Nettonutzen des Anbaus von GVO lediglich für Bt-Mais eindeutig belegt, dies aber auch nur dann, wenn der Maiszünsler ernsthafte Schäden verursacht (Degenhardt et al., 2003; Nischwitz et al., 2005: 43f.). Für die stark vom Maiszünsler betroffenen Regionen Oderbruch (Brandenburg) und Rheintal (Rheinland-Pfalz) ermitteln Degenhardt, Horstmann und Müllleder (2003) einen monetären Zusatznutzen des Bt-Maisanbaus gegenüber der besten konventionellen Alternative von 38 bis 66 Euro je Hektar und Jahr. Die Autoren schätzen die Fläche, die in Deutschland insgesamt vom Maiszünsler betroffen ist, auf jährlich 356 000 Hektar (ca. 21 % der gesamten Maisanbaufläche in Deutschland), wobei eine sehr stark unterschiedliche räumliche Verteilung vorliegt (Deutsches Maiskomitee, 2006). In Brandenburg wird die jährliche Befallsfläche auf 20 000 Hektar geschätzt, was circa 17 Prozent der gesamten Maisanbaufläche in Brandenburg im Jahr 2005 entspricht. In Bayern belaufen sich die Schätzungen auf 200 000 Hektar jährlich und damit auf circa 49 Prozent der gesamten Maisanbaufläche.

Abbildung 5: Nettonutzen des Anbaus von GVO und Anreize zur Adaption

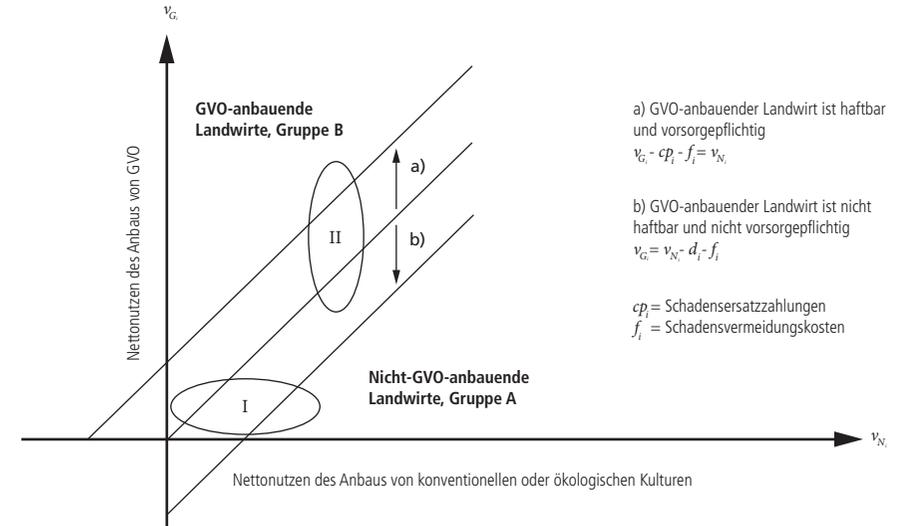


Quelle: Beckmann und Wesseler (2006), leicht verändert

Das bedeutet, (1) dass die überwiegende Zahl der Maisanbauenden Landwirte gegenwärtig kein Interesse am Anbau von Bt-Mais hat, weil für sie aufgrund eines nur geringen Schadensdrucks kein wirtschaftlicher Vorteil gegeben ist, aber auch, (2) dass ein erhebliches Potential für den Anbau von Bt-Mais in Deutschland besteht.

Die Anreize sind jedoch nicht nur vom potentiellen wirtschaftlichen Vorteil geprägt, sondern auch von den zusätzlichen Kosten, die durch die Koexistenzregelungen auferlegt werden. Je nach dem, wer diese Kosten tragen muss, verändern sich die Anreize zum Anbau von GVO. In der Abbildung 6 sind die Effekte der unterschiedlichen Kostenzuordnung abgebildet.

Abbildung 6: Koexistenzregeln und der Nettonutzen des Anbaus von GVO



- a) GVO-anbauender Landwirt ist haftbar und vorsorgepflichtig
 $v_G - c_{P_i} - f_i = v_N$
 - b) GVO-anbauender Landwirt ist nicht haftbar und nicht vorsorgepflichtig
 $v_G = v_N - d_i - f_i$
- c_{P_i} = Schadensersatzzahlungen
 f_i = Schadensvermeidungskosten

Quelle: Beckmann und Wesseler (2006), leicht verändert

Ist der GVO-anbauende Landwirt für eventuell auftretende wirtschaftliche Schäden haftbar und ist er zu Maßnahmen der Schadensvermeidung verpflichtet, wie im deutschen Gentechnikgesetz derzeit verankert, reduziert sich der Nettonutzen des GVO-Anbaus um die damit verbundenen Kosten der erwarteten Schadensersatzzahlungen und der Schadensvermeidungskosten was einer Verschiebung der 45°-Linie nach oben entspricht. Die Wahrscheinlichkeit von Schäden sowie die Schadensvermeidungskosten hängen von sehr vielen Faktoren (Flächengröße, Topographie, Landschaftselemente, Windverhältnisse etc.) ab und sind generell kulturartenspezifisch, das heißt Mais unterscheidet sich stark von Raps oder Kartoffeln (siehe auch Beckmann und Wesseler, 2006; Messean et al., 2006). Unter den gemachten

Annahmen verzichten in der Beispielregion I die Landwirte vollständig auf den Anbau von GVO, während in der Beispielregion II sich zwar der Anteil der Landwirte, die GVO anbauen, deutlich reduziert, aber nicht vollständig verschwindet. Auch fällt auf, dass es die größeren Schläge sind, auf denen noch GVO angebaut wird. Ein anderes Verhalten wäre sicher festzustellen, wenn keine Haftung und keine besonderen Regeln der guten fachlichen Praxis gelten würden. In diesem Fall hätten die konventionellen/ökologischen Betriebe die Schäden hinzunehmen beziehungsweise sie hätten Vorsorgemaßnahmen zu ergreifen, um sich vor dem Einfluss der GVO zu schützen, was ebenfalls mit Schadensvermeidungskosten verbunden wäre (siehe ausführlicher Beckmann und Wesseler, 2006). Die 45°-Linie würde sich unter diesen Bedingungen nach unten verschieben. In der Beispielregion I würde jetzt auch in einem erheblichen Umfang GVO angebaut werden, wengleich nach wie vor einige Betriebe auch darauf verzichten würden. Die Region II würde sich hingegen vollständig für den GVO-Anbau entscheiden.

5.4.2. Anreize zur Kooperation

Bislang wurde angenommen, dass Landwirte ihre Entscheidungen zum Anbau von GVO individuell treffen. Nun soll der Frage nachgegangen werden, wann und wie sie diese Entscheidungen untereinander koordinieren. Besonders wichtig ist dabei, ob und inwieweit benachbarte Landwirte ihr Verhalten koordinieren. Landwirte, die keine GVO anbauen wollen, können versuchen, ihre benachbarten Landwirte ebenfalls zu überzeugen, auf den Anbau zu verzichten. Umgekehrt können auch Landwirte, die GVO anbauen wollen, versuchen, ihre Nachbarn davon zu überzeugen, ebenfalls GVO anzubauen. Dieses Überzeugen ist jedoch gar nicht notwendig, wenn die benachbarten Landwirte ohnehin die gleichen Entscheidungen treffen. Interessant wird es dann, wenn benachbarte Landwirte gegensätzliche Entscheidungen treffen und diese nun im Konflikt oder durch Kooperation koordinieren müssen. Jedwede Form der Koordination ist dabei aber nicht kostenfrei. So ist beispielsweise eine Konstellation denkbar, bei der es einem GVO-anbauenden Landwirt (finanziell) nicht möglich ist, den konventionellen/ökologischen (Nachbar-)Landwirt vom Anbau von GVO zu überzeugen, da sein Zusatznutzen des GVO-Anbaus kleiner ist als der Zusatznutzen des Nachbarn aus dem Verzicht auf den GVO-Anbau. Es gibt also kein (finanzielles) Angebot, das der Nachbar akzeptieren würde. In diesem Fall bleibt dem GVO-anbauenden Landwirt nur, entweder auf den Anbau zu verzichten, oder Schadensvermeidungsaktivitäten zu unternehmen beziehungsweise für mögliche Schäden

zu zahlen. Liegt der Zusatznutzen höher als die Kosten der Schadensvermeidung und (erwarteter) möglicher Schadensersatzzahlungen, so baut der GVO-anbauende Landwirt trotzdem an, ansonsten verzichtet er. Je geringer die erwarteten Schadensersatzzahlungen oder je geringer die Schadensvermeidungskosten, umso größer ist der Möglichkeitsraum für die nachbarschaftliche Koexistenz. Je höher diese Kosten jedoch sind, umso stärker ist der Anreiz zur räumlichen Segregation.

5.4.3. Potentiale zur Bildung von „Gentechnikfreien Regionen“

Voraussetzung der Kooperationen zwischen landwirtschaftlichen Betrieben zur Verhinderung des Anbaus von GVO und damit zur Bildung von Gentechnikfreien Regionen (GFR) ist, dass mehrere benachbarte Betriebe der gentechnikfreien Produktion einen hohen Wert zumessen beziehungsweise kaum Nachteile darin sehen, auf GVO zu verzichten. Gegenwärtig sind diese Bedingungen in Regionen gegeben, in denen (1) der Maiszünsler keinen wirtschaftlichen Schaden verursacht und (2) der ökologische Landbau stark verbreitet ist. Die erste Bedingung ist gegenwärtig für 98 Prozent der LF in Deutschland gegeben, während die zweite Bedingung räumlich sehr unterschiedlich ausgeprägt ist (SÖL, 2006). Daraus folgt, dass die Opportunitätskosten der Etablierung von GFR gegenwärtig gering sind. Das alleine schafft aber noch keinen Nutzen, der die zusätzlichen Kosten einer solchen Kooperation rechtfertigt und Landwirte dazu bewegt, explizit auf den zukünftigen Anbau zu verzichten. Aufschluss über mögliche Nutzen der Kooperation gibt eine Untersuchung der Gründung der GFR Uckermark-Barnim (Nischwitz et al., 2005). Während ökologische Betriebe in erster Linie durch die Abwehr von wirtschaftlichen Schäden motiviert sind, sind es bei den konventionellen Betrieben überwiegend die fehlenden wirtschaftlichen Vorteile durch GVO und gegebenenfalls erhöhte Kosten bei der Vermarktung und Fruchtfolge. Offenbar war es in diesem Fall möglich, dass ökologische Landwirte benachbarte konventionelle Landwirte davon überzeugen, explizit auf den Anbau zu verzichten. Als kleinster gemeinsamer Nenner der Kooperation wurde vor allem die Vermeidung von Nachbarschaftsstreitigkeiten sowie das Fehlen von klaren wirtschaftlichen Vorteilen durch GVO genannt (ebenda). Der mögliche Nutzen einer Kooperation zur Verhinderung des Anbaus von GVO liegt somit a) in der Reduzierung von Unsicherheit, b) der Vermeidung von Rechtsstreitigkeiten, c) der Reduzierung von „Restschäden“, die nicht kompensiert werden sowie d) in der Vermeidung

von Vermarktungsnachteilen beziehungsweise der Erlangung von Vermarktungsvorteilen. In den Jahren 2003 und 2004, also vor der Verabschiedung des Gentechnikgesetzes, bestand ein zusätzlicher Nutzen der Etablierung von GFR vor allem in der Reduzierung von Unsicherheit und in der politischen Signalwirkung. Mit den seit Januar 2005 geltenden rechtlichen Rahmenbedingungen sind die Anreize zur Bildung von GFR deutlich gesunken. Aufgrund der gesamtschuldnerischen Haftung der GVO-anbauenden Landwirte und der Verpflichtung zur guten fachlichen Praxis beim Umgang mit GVO ist das Risiko des wirtschaftlichen Schadens aufgrund von ungewollten Verunreinigungen mit GVO weitgehend entfallen. Es bleiben allerdings mögliche Schäden durch GVO, die durch die bestehende Haftungsregel nicht abgedeckt sind, zum Beispiel im Bereich des Naturschutzes, des Tourismus oder bei einem vermuteten Imageschaden für Regionen, bei denen die Vermarktung von Regionalprodukten eine starke Bedeutung hat. Dies dürfte auch das Engagement erklären, das andere Akteure motiviert, an der Gründung von GFR mitzuwirken und Kosten der Organisation zu tragen. Hinzu kommen vermutete Vermarktungsvorteile für GVO-freie Produkte, deren Realisierung jedoch mit großen Unsicherheiten verbunden ist. Die zukünftige Entwicklung für GFR ist deshalb unsicher und wird bestimmt von den zukünftig realisierbaren Vermarktungsvorteilen, den Erfahrungen über Schäden durch die GVO-Landwirtschaft, von der zukünftigen Entwicklung der Vorteile von GVO sowie von der Übernahme von Kosten der Organisation von GFR. Die GFR bieten unter den gegenwärtigen rechtlichen Rahmenbedingungen für die Landwirte kaum Kosten- oder Nutzenvorteile, sondern sind vor allem mit zusätzlichen Organisationskosten verbunden. Wie verschiedene Studien zeigen, ist das gegenwärtige Missverhältnis aus Kosten und Nutzen von GFR ein ernsthaftes Problem für deren Bestand und Weiterentwicklung (Nischwitz, 2006).

5.4.4. Potentiale zur Bildung von Gentechnik-Regionen

Voraussetzung der Kooperationen zwischen landwirtschaftlichen Betrieben zum gemeinsamen Anbau von GVO und damit zur Bildung von Gentechnik-Regionen (GR) ist, dass mehrere benachbarte Betriebe einen deutlichen Zusatznutzen durch den GVO-Anbau erwarten beziehungsweise kaum Nachteile darin sehen. Gegenwärtig sind diese Bedingungen in Regionen gegeben, in denen (1) der Maiszünsler einen ernstzunehmenden wirtschaftlichen Schaden verursacht und (2) der ökologische Landbau gering verbreitet ist. Dies eröffnet die

Möglichkeit, auch benachbarte Betriebe vom GVO-Anbau zu überzeugen. Neben dem potentiellen Nutzen des Anbaus von GVO muss jedoch auch ein Nutzen der Kooperation vorhanden sein. Unter den gegenwärtigen gesetzlichen Rahmenbedingungen besteht dieser vor allem (a) in der möglichen Reduzierung der Kosten der Schadensvermeidung, die zum Beispiel durch einzuhalten Mindestabstände entstehen und durch Flächenzusammenlegung vermindert werden können, (b) in der Reduzierung der erwarteten Schadensersatzkosten bei gesamtschuldnerischer Haftung und (c) in der Reduzierung von Vermarktungsnachteilen. Wie Messean et al. (2005: 34) feststellen, ist die Einhaltung des Grenzwertes von 0,9 Prozent GVO-Verunreinigung bei einem GVO-Flächenanteil von zehn Prozent in einer Region mit verteilten Einzelflächen schwieriger, als bei einem Anteil von 50 Prozent zusammenhängender GVO-Fläche. Die Anreize zur Kooperation sind dabei umso größer, je höher die individuellen Kosten der Schadensvermeidung sind. Diese hängen von der Frucht und von den agrarstrukturellen Voraussetzungen ab. Je größer der vorgeschriebene Mindestabstand und je kleiner die landwirtschaftlichen Flächen, desto größer sind die möglichen Vorteile einer Kooperation. Die gesamtschuldnerische Haftung der GVO-anbauenden Landwirte kann die Herausbildung derartiger Kooperationen unterstützen, da Landwirte in einer Region (im Schadensfall) ohnehin in einem Boot sitzen. Da die Vermarktung von GVO-Produkten häufig mit hohen Fixkosten der Trennung von GVO und Nicht-GVO verbunden ist, kann eine Kooperation zwischen GVO-anbauenden Landwirten in einer Region den Aufbau effektiver Vermarktungsstrukturen fördern und die einzelbetrieblichen Vermarktungsnachteile verringern. Dem Nutzen der Kooperation stehen jedoch die Kosten gegenüber, die im Wesentlichen von der Zahl der landwirtschaftlichen Betriebe und der Flächenstruktur in der Region bestimmt werden. Obwohl in kleinflächig strukturierten Agrarregionen der Nutzen der Kooperation zum Anbau von GVO groß sein kann, sind es die Kooperationskosten ebenfalls. Diese Kooperationskosten können durch andere Akteure, zum Beispiel den Landhandel oder Saatgutfirmen, gesenkt werden. Letztlich stellt sich aber die Frage, ob die betriebsindividuellen Kosten der Kooperation die jeweiligen potentiellen Nutzen übersteigen. Sind die Kooperationskosten gering, kann dadurch ein GVO-Anbau ermöglicht werden, der bei einzelbetrieblicher Anpassung nicht möglich wäre. Sind sie hingegen hoch, so entscheidet vor allem die Flächengröße und die Nachbarschaft zu ökologischen/konventionellen Betrieben darüber, ob der Zusatznutzen des Anbaus von GVO die Koexistenzkosten decken kann oder nicht.

5.4.5. Potentiale von Kooperationen zur Koexistenz

Überall dort, wo nebeneinander sowohl Betriebe existieren, die der gentechnikfreien Produktion einen hohen Wert beimessen als auch solche, für die der GVO-Anbau einen hohen Zusatznutzen verspricht, ergeben sich Möglichkeiten zur Kooperation zur nachbarschaftlichen Koexistenz. Gegenwärtig sind diese Bedingungen in Regionen gegeben, in denen (1) der Maiszünsler einen ernstzunehmenden wirtschaftlichen Schaden verursacht und (2) heterogene Betriebsstrukturen und -typen verbreitet sind. Dabei stoßen zunächst Interessensgegensätze aufeinander. Kooperation beruht in diesem Fall nicht auf gleichgerichteten Interessen, sondern auf Interessensgegensätzen und erfolgt mit dem Ziel der Vermeidung von Konflikten. Wie bereits festgestellt wurde, stellt die Vermeidung von Nachbarschaftskonflikten ein bedeutendes Motiv der Teilnahme von konventionellen Betrieben an GFR da. Die Kooperation zur Koexistenz beruht jedoch darauf, dass kein Landwirt den anderen überzeugen kann. Unter diesen Bedingungen kann ein Landwirt, der GVO anbauen will, einzelbetriebliche Schutzmaßnahmen ergreifen, er kann aber auch mit den benachbarten Betrieben bei der räumlichen und zeitlichen Gestaltung der Anbauplanung kooperieren. Die Kooperation ist dabei umso vorteilhafter, je kostenträchtiger einzelbetriebliche Schutzmaßnahmen sind. Eine Kooperation ist nur dann zu erwarten, wenn diese sowohl eine Kostenreduktion für die GVO-anbauenden Landwirte als auch für die Nicht-GVO-anbauenden Landwirte verspricht. Auch setzt es ein kooperatives und nicht konfrontatives Verhalten der beteiligten Akteure voraus und eine gegenseitige Akzeptanz der Rechte zum Anbau von GVO- oder Nicht-GVO-Sorten. Werden diese Rechte in Frage gestellt, gibt es wenig Raum zur Kooperation, da einzelne Akteure versuchen können, durch eine Verschärfung der Konflikte die Entscheidungen der GVO-interessierten Landwirte zu beeinflussen. Langfristig dürfte es aber im Interesse aller Akteure liegen, Nachbarschaftsstreitigkeiten zu vermeiden.

Eine weiteres Modell zur Kooperation zur Koexistenz stellt die bereits erwähnte Kooperation zwischen benachbarten Landwirten und dem Landhandel da, wie es die Märka in Brandenburg gegenwärtig praktiziert. Auch diese Kooperation bietet beiden Seiten Vorteile und erlaubt die nachbarschaftliche Koexistenz von Bt-Mais und konventionellen Maisflächen, indem die zu erwartenden finanziellen Schäden auf Null reduziert werden. Das Angebot der Märka gilt jedoch nur für konventionellen und nicht für ökologischen Mais.

5.5. Fazit und Ausblick

Dieser Beitrag argumentiert, dass die Möglichkeiten und Grenzen zur Kooperation bei der Befürwortung und Ablehnung der Agro-Gentechnik maßgeblich von den Nutzen und Kosten des Anbaus von GVO einerseits und denen der unterschiedlichen Kooperationsformen andererseits beeinflusst werden. Die Nutzen und Kosten beider Entscheidungsebenen werden von einer Vielzahl von Faktoren beeinflusst. Die verfügbaren GVO und ihre ökonomischen Zusatznutzen im Zusammenhang mit den Anbaustrukturen sind zunächst von zentraler Bedeutung. Gegenwärtig ist lediglich Bt-Mais unter bestimmten Bedingungen wirtschaftlich interessant. Auch wenn die gesamte vom Maiszünsler jährlich betroffene Fläche in Deutschland mit Bt-Mais bestellt werden würde, wären dies lediglich 20 Prozent der Maisfläche und zwei Prozent der gesamten LF. Zweitens sind die rechtlichen Rahmenbedingungen bedeutend. Durch die Zuordnung der Kosten der Koexistenz zu den GVO-anbauenden Betrieben reduzieren sich die Anreize zum GVO-Anbau. Einerseits werden dadurch Anreize zur Kooperation für GVO-anbauende Landwirte geschaffen, um diese Kosten zu senken. Andererseits ergeben sich aber auch geringe Opportunitätskosten der Schaffung von GFR. Damit kommt ein dritter Faktor ins Spiel, die agrarstrukturellen Gegebenheiten, welche darüber bestimmen, ob Betriebe mit gleichen Interessen benachbart sind oder nicht, und welche Art der Kooperation sich möglicherweise herausbildet. Hinzu kommen noch der Einfluss der nachbarschaftlichen Beziehungen der Landwirte untereinander sowie die Aktivitäten anderer Akteure, die die Kosten der verschiedenen Kooperationen beeinflussen können.

Die Implikationen der hier dargestellten Überlegungen können durch eine Gegenüberstellung von Brandenburg und Bayern gut verdeutlicht werden (siehe Tabelle 8). Die jährliche Maiszünsler-Befallsfläche wird, wie bereits ausgeführt, auf 20 000 Hektar in Brandenburg und auf 200 000 Hektar in Bayern geschätzt. Dies entspricht einem möglichen Zusatznutzen durch den Einsatz von Bt-Mais von etwa einer Millionen Euro in Brandenburg sowie circa zehn Millionen Euro in Bayern. Während in Brandenburg jedoch die tatsächliche Anbaufläche für Bt-Mais von 129 Hektar im Jahre 2005 auf 447 Hektar im Jahre 2006 gestiegen ist, fiel sie im gleichen Zeitraum in Bayern von 14,2 Hektar auf 5,4 Hektar. Eine Erklärung für diese divergierende Entwicklung dürfte in den unterschiedlichen Betriebsgrößen und Flächenstrukturen liegen. In Brandenburg beträgt die durchschnittliche Betriebsgröße 200 Hektar LF, in Bayern etwa 23,2 Hektar. Die durchschnittliche

Größe eines Bt-Maisfeldes betrug im Jahre 2006 in Brandenburg 14,4 Hektar (2005: 16 ha) verglichen mit 0,4 Hektar (2005: 1 ha) in Bayern. Obwohl der potentielle Zusatznutzen des Bt-Mais-Anbaus in Bayern insgesamt also groß ist, lässt er sich offenbar einzelbetrieblich nicht ohne weiteres realisieren. Während der Zusatznutzen der durchschnittlichen Bt-Mais-Anbaufläche in Brandenburg circa 800 beträgt, beziffert er sich in Bayern auf 52 beziehungsweise 21 je Fläche. Um das Risiko gering zu halten, wird in Bayern Bt-Mais in einer Größenordnung angebaut, die den Zusatznutzen gegen Null tendieren lässt. Der geringe Zusatznutzen verhindert offenbar auch eine Kooperation zum Anbau von Bt-Mais oder zur Koexistenz. Während somit in Brandenburg große Betriebsstrukturen und die Kooperation mit der Märka einen GVO-Anbau begünstigen, scheinen in Bayern die kleinen Betriebsgrößen und fehlende Kooperationen zur Koexistenz oder mit dem Landhandel dies zu verhindern. Bei einem derart geringen Zusatznutzen je Betrieb ist es im Süden Deutschlands offenbar auch möglich, viele landwirtschaftliche Betriebe zu einer Teilnahme an GFR zu bewegen, wie die bereits erwähnte Tatsache belegt, dass etwa die Hälfte aller deutschen GFR in Bayern lokalisiert sind (Nischwitz et al., 2005).

Tabelle 8: Potentieller und realisierter Nutzen des Bt-Mais-Anbaus in Bayern und Brandenburg

		Brandenburg	Bayern
Durchschnittliche Betriebsgröße, ha LF		200	23,2
Geschätzte Maiszünsler-Befallsfläche im Jahr, ha ^{a)}		20 000	200 000
Potentieller Zusatznutzen des Bt-Mais-Anbaus im Jahr, (in Euro) ^{b)}		1 040 000	10 400 000
Bt-Mais-Anbau, ha	2005	129	14,2
	2006	447	5,4
Durchschnittliche Größe eines Bt-Maisfeldes, ha	2005	16	1
	2006	14,4	0,4
Potentiell realisierter Zusatznutzen je Bt-Maisfeld, (in Euro)	2005	832	52
	2006	749	21

a) Degenhardt, Horstmann und Müllender (2003), eigene Berechnungen

b) Die Berechnung beruht auf der Annahme, dass ein durchschnittlicher Zusatznutzen des GVO Anbaus von 55 je Hektar besteht (vgl. Degenhardt, Horstmann und Müllender 2003)

Quellen: Standortregister (2006)

Insgesamt besteht ein erheblicher Forschungsbedarf vor allem im Hinblick auf die empirische Identifikation von Determinanten der Entscheidungsfindung von Landwirten bei der Wahl unterschiedlicher Kooperationsformen bei der Befürwortung und Ablehnung der Agro-Gentechnik. Welche Rolle spielen dabei Betriebsstrukturen, naturräumliche Charakteristika, Akteure wie zum Beispiel Saatguthersteller und Agrar- und Umweltverwaltungen und betriebliche Erfahrungen mit dem GVO-Anbau? Brandenburg und Bayern bilden dabei zwei kontrastreiche Fallbeispiele, an denen unterschiedliche Optionen untersucht werden könnten und sollten. Länderübergreifende Studien könnten zudem die Bedeutung national unterschiedlich ausgestalteter Haftungsregeln für die Wahl und konkrete Ausgestaltung der jeweiligen Kooperationsformen herausarbeiten.

6. Kontroverse Wissenschaft – wissenschaftliche Kontroverse; ein Gespräch zwischen VDW und BBAW

Die unterschiedlichen Reaktionen auf das Kapitel zur grünen Gentechnologie im Gentechnologiebericht 2005 zeigten, wie sehr insbesondere dieser Zweig der Gentechnologie kontrovers beurteilt wird. Das Spektrum der Reaktionen reichte von deutlicher Unterstützung der wissenschaftlichen Aussagen über skeptische Positionen bis hin zu massiver Kritik. Dieser Kritik stellte sich die Arbeitsgruppe Gentechnologiebericht unter anderem durch ein Round-Table-Gespräch mit der Vereinigung Deutscher Wissenschaftler (VDW), die öffentlich Kritik an der Bewertung verschiedener wissenschaftlicher Quellen geübt hatte. Zur VDW bestehen seit längerem Kontakte und die Arbeitsgruppe Gentechnologiebericht lud daher Vertreter der VDW zum wissenschaftlichen Dialog ein.

Folgende Zusammenfassung dokumentiert das Gespräch, das am 18. September 2006 in Berlin zwischen Vertretern der VDW und der interdisziplinären Arbeitsgruppe Gentechnologiebericht an der Berlin-Brandenburgischen Akademie der Wissenschaften (BBAW) stattfand. Ziel dieses Gespräches war es, unter Wissenschaftlern Positionen zur grünen Gentechnologie zu beschreiben und dialogisch zu definieren. Aus der Fülle der mit dem Thema verknüpften Aspekte wurden drei Bereiche ausgewählt: die Gesundheit, die Ökologie und der Rechtsrahmen. Die dabei wechselseitig formulierten Positionen verdeutlichen, aus welchen Blickwinkeln der Gentechnikeinsatz betrachtet wird und wo Einschätzungen divergieren oder konvergieren. Der Text lehnt sich bewusst an den Stil eines Gesprächs an, um die Dynamik der Argumente zu erhalten. Gleichwohl handelt es sich um kondensierte Aussagen, die dem Gespräch zwar entnommen, aber nicht wörtlich zitiert sind. Sie wurden von allen Beteiligten autorisiert.

Teilnehmer: PD Dr. Stephan Albrecht (VDW), Forschungsschwerpunkt Biotechnik, Gesellschaft und Umwelt, Universität Hamburg; Dr. Mathias Boysen (BBAW), Berlin-Brandenburgische Akademie der Wissenschaften; Prof. Hartmut Dunkelberg (VDW), Abteilung Allgemeine Hygiene und Umweltmedizin, Universität Göttingen; Prof. Ferdinand Hucho (BBAW), Institut für Chemie und Biochemie, FU Berlin; Prof. Bernd Müller-Röber (BBAW), Institut für Biochemie und Biologie, Universität Potsdam; Dr. Beatrix Tappeser (VDW), Bundesamt für Naturschutz, Bonn.

6.1. Themenbereich „Gesunde Ernährung“

Äußerungen des VDW:

Die gesundheitliche Bewertung von Lebensmitteln sollte sich nicht nur auf ihre Inhaltsstoffe beschränken. Pflanzen und die aus ihnen gewonnenen Lebensmittel sind Teil der verschiedenen gesundheitlichen Ebenen erfassenden Mensch-Umweltbeziehung. Erstens können im naturwissenschaftlich-physiologischen und toxikologischen Sinne Pflanzen nach Inhaltsstoffen beschrieben und bewertet werden. Zweitens kann man Pflanzen als bestimmte Formen der Selbstorganisation und als Manifestationen von Gesundheit beschreiben. Und drittens binden Pflanzen und die daraus gewonnenen Lebensmittel den Menschen in eine Biosphäre und lebenszutragliche Umwelt ein, sie erfahren deswegen eine besondere Wertschätzung oder Bewunderung.

Gentechnische Eingriffe in Organismen sind partielle Eingriffe in die Selbstorganisation von Lebewesen. Dies wirft die Frage auf, ob gentechnisch veränderte Organismen wegen dieses Eingriffs überhaupt noch in die Kategorie der Lebewesen eingeordnet werden können. Diese mit dem Eingriff in die Selbstorganisation einhergehende Verfremdung von Pflanzen könnte für manche Menschen auch ein Grund für gesundheitliche Beeinträchtigungen darstellen.

Neben einer vom Schöpfungsgedanken geprägten religiösen Beziehung zu Pflanzen existiert auch eine philosophische Denkrichtung, die Pflanzen Eigenwert und Würde zurechnet. Diese Art der Wertzuweisungen trägt in Abhängigkeit von Kultur und Religionszugehörigkeit ebenfalls zur Stabilisierung der Gesundheit von Menschen bei.

Wenn man, wie die WHO, Gesundheit als „Zustand völligen körperlichen, seelischen und sozialen Wohlbefindens und nicht nur als das Freisein von Krankheit und Gebrechen“ definiert, sollte man nicht nur die stoffliche Zusammensetzung der Pflanzen beachten, sondern auch die angeführten Zusammenhänge und Beeinträchtigungen. Wenn man in die Beziehungen zwischen Mensch und Pflanzenwelt durch Gentechnik eingreift und damit die beschriebenen Lebenswirklichkeiten ausblendet, kann sich dies negativ auf die Gesundheit auswirken.

Äußerungen der AG Gentechnologiebericht an der BBAW:

Nicht nur bei gentechnischen Eingriffen wird in die Selbstorganisation der Pflanzen eingegriffen. Dies ist bereits bei der klassischen Züchtung der Fall. Und es ist festzuhalten, dass keine

Gesundheitsrisiken nachgewiesen sind, die von der Ver- oder Anwendung der bislang zugelassenen gentechnisch veränderten Pflanzen ausgehen.

Äußerungen des VDW:

Die Züchtung stellt keinen Eingriff in die Selbstorganisation dar, sondern ist eine Form der gegenseitigen Anpassung von Lebewesen. Letztendlich ist Züchtung eine Art gezielter Förderung symbiotischer Beziehungen und Strukturen, hier: zwischen Mensch und Nutzpflanzen. Zu betonen ist, dass nach der WHO-Definition Gesundheit mit Wohlbefinden verbunden wird und damit auch immer eine subjektive Komponente beinhaltet, nämlich die Vorstellungen der Bevölkerung von einer gesunden Lebenswirklichkeit.

Äußerungen der AG Gentechnologiebericht an der BBAW:

Bei einer solchen Einstellung wäre allerdings alles, was uns umgibt, zu kritisieren. Zum Beispiel der Stress am Arbeitsplatz und das soziale Umfeld insgesamt. Und warum sollte das Verhältnis zwischen Mensch und Pflanze überhaupt gestört sein, wenn die Pflanze gentechnisch verändert wurde?

Äußerungen des VDW:

Durch Anwendung der Gentechnik im Agrarbereich ändert sich die Beziehung zwischen Menschen und Nutzpflanzen, weil die Komponente der Symbiose verloren geht. Das Verhältnis ist technischer Art. Es ist nicht von wechselseitiger Anpassung und Zuwendung bestimmt.

Äußerungen der AG Gentechnologiebericht an der BBAW:

Es bleibt unklar, warum gegenüber der konventionellen Züchtung keine vergleichbare kritische Haltung eingenommen wird. Schließlich werden auch in diesem Bereich die Pflanzen aus ihrer natürlichen evolutionären Entwicklung herausgenommen. Ebenfalls interessant wäre die Bewertung gentechnischer Verfahren, bei denen nur pflanzeigene DNA-Segmente in die Pflanze reintegriert werden. Und zweitens wird der Einsatz gentechnologischer Verfahren auch dann als verwerflich eingestuft, wenn mit ihnen eine lebenswertere Umwelt gestaltet werden könnte?

Äußerungen des VDW:

Bei Eingriffen mit Hilfe der Gentechnologie liegt eine Risiko-Vermutung näher als im Falle der Züchtung. Denn bei der Züchtung wird das vorhandene Potential der Pflanzen ausgenutzt und die

Organisation und Selbstregulation der DNA nicht unterbrochen oder gestört. Allerdings bestehen durchaus auch Grauzonen bei laborgestützten Verfahren der konventionellen Züchtung.

Es gibt bisher keine über einen längeren Zeitraum durchgeführten epidemiologischen Studien, die sich mit möglichen Gesundheitsgefährdungen durch den Einsatz von gentechnisch veränderten Pflanzen als Futter- oder Lebensmittel befassen. Demnach kann man die Aussage, dass keine nachweisbaren Gesundheitsrisiken bei Verwendung gentechnisch veränderter Pflanzen bestehen, nicht treffen:

Hinzu kommt, dass frühere Bewertungen von technologischen Entwicklungen häufig viel zu optimistisch waren. Vor diesem Erfahrungshintergrund sollten Bewertungen von neu entwickelten Technologien viel kritischer ausfallen.

Äußerungen der AG Gentechnologiebericht an der BBAW:

Das Problem der Unvorhersagbarkeit von Langzeiteffekten ist kein alleiniges Problem der grünen Gentechnik. Tatsächlich existieren in allen wissenschaftlichen Forschungsbereichen Unsicherheiten in Bezug auf die Beurteilungen zukünftiger Auswirkungen.

Äußerungen des VDW:

Zum Zeitpunkt des gentechnischen Eingriffs werden die Wirkungszusammenhänge nicht unbedingt verstanden. Negative Auswirkungen könnten aber auch erst später in Erscheinung treten und verstanden werden. Bei der konventionellen Weiterzüchtung von Getreide wurde beispielsweise die Zusammensetzung der Inhaltsstoffe über die Zeit unbeabsichtigt so verändert, dass nur noch wenige Spurenelemente vorhanden sind. Das Wissen um solche Sachverhalte deutet nicht unbedingt auf ein gesundheitliches Risiko hin, aber es rät zu einem vorsichtigen Umgang mit den Technologien und mit den sie betreffenden Aussagen.

In die Debatte um die Gentechnologie fließen Bewertungen früherer technologischer Entwicklungen und ihrer „Kollateralschäden“ mit ein, die originär nichts mit der Gentechnologie zu tun haben. Das mag man bedauern, ist aber eine Tatsache, der sich Wissenschaftler, die auf diesem Gebiet arbeiten, stellen müssen.

Äußerungen der AG Gentechnologiebericht an der BBAW:

Umso wichtiger ist die Frage, ob ein wissenschaftlicher Beleg dafür existiert, dass gentechnisch veränderte Pflanzen gesundheitsschädlich sind. Und eben darauf gibt es keine

Hinweise. Sicherlich sind langfristige Wirkungen nur schwer zu untersuchen. Das hat aber zunächst nichts mit der Gentechnologie im Speziellen zu tun. Vielmehr trifft dies auch auf andere Forschungsbereiche, zum Beispiel auf die Kreuzung über enge oder weite Artengrenzen hinweg, zu. Und akute Auswirkungen kann man zum Beispiel anhand der Toxizität problemlos analysieren.

Äußerungen des VDW:

Solche Kreuzungen sind laut EU-Richtlinie ebenfalls als gentechnische Arbeiten definiert. Im experimentellen Bereich liegen Untersuchungen vor, die auf Risiken und Unsicherheiten hinweisen, zum Beispiel der Malatesta-Versuch oder bestimmte Rattenfütterungsstudien.

Äußerungen der AG Gentechnologiebericht an der BBAW:

Bei allgemeinen Ernährungsuntersuchungen jenseits der akuten Toxizität ist es extrem schwierig, die kausalen Zusammenhänge zwischen dem Einsatz von gentechnisch veränderten Pflanzen und möglichen gesundheitlichen Beeinträchtigungen nachzuvollziehen. Hier haben sehr viele Faktoren gleichzeitig eine Wirkung. Die Frage ist auch, welchen Zeitraum Untersuchungen dann einnehmen sollen. Fünf Jahre, oder zehn? Und nach deren Abschluss wird immer wieder verlangt werden, diese weiter zu verlängern.

Äußerungen des VDW:

Natürlich ist es notwendig, sich irgendwann zu entscheiden, wie man mit den neu entwickelten Pflanzen umgeht, auch wenn Unsicherheiten vorliegen. Man könnte aber sehr wohl langfristige Untersuchungen durchführen; beispielsweise in der Zwillingforschung werden solche sehr langfristigen Forschungen gemacht. Auch bei Pflanzenschutzmittelzulassungen werden sehr viel höhere Anforderungen gestellt.

Äußerungen der AG Gentechnologiebericht an der BBAW:

Aber man wird vergleichbare Untersuchungen nicht mit jeder einzelnen Pflanze durchführen können, bevor man sie zulässt. Hinzu kommt, dass aufgrund der Komplexität der psychologischen und physiologischen Faktoren, die bei gesundheitlichen Beeinträchtigungen eine wichtige Rolle spielen, sich kausale Zusammenhänge nur schwer einsehen lassen.

6.2. Themenbereich „Ökologische Risiken“

Äußerungen der AG Gentechnologiebericht an der BBAW:

Mit der Anwendung der Gentechnologie bei Pflanzen können sowohl ökologisch schädliche wie positive Effekte einhergehen. In der ökologischen Diskussion findet eine künstliche Trennung zwischen Technik und ihrer Anwendung statt, beides gehört zusammen. Einer Technik aber kann man nicht vorwerfen, dass sie für ein bestimmtes Anwendungsziel entwickelt wird, wenn gleichzeitig eine Anwendungsoffenheit besteht.

Äußerungen des VDW:

Diese Offenheit der Anwendung ist aber in Frage zu stellen: Wie sollen Pflanzen offen angewendet werden, wenn sie, wie beispielsweise herbizidtolerante Pflanzen, für bestimmte Gebiete entwickelt worden sind und gewisse Risiken bergen?

Äußerungen der AG Gentechnologiebericht an der BBAW:

Das ist die Ebene der einzelnen Pflanze. Die Technologie ermöglicht durchaus ökologisch vorteilhafte Anwendungen. Das entscheidende Kriterium zur Bewertung von Produkten ist nicht die Beurteilung der eingesetzten Technik, sondern die Eigenschaft der Produkte.

Äußerungen des VDW:

Für die Beurteilung ist der Prozess genauso wichtig wie das Produkt, denn letztendlich beeinflusst die Art und Weise der Herstellung die Qualität des Produkts.

Äußerungen der AG Gentechnologiebericht an der BBAW:

Im Rahmen aller Züchtungsprozesse treten natürlich auch Nebeneffekte auf. Man kann solche Qualitätseffekte nie ganz ausschließen, aber nur bei gentechnisch veränderten Pflanzen werden sie umfassend bewertet.

Äußerungen des VDW:

In Bezug auf die Folgen der Kreuzungszüchtung gibt es langjährige Erfahrungen, im Bereich der Gentechnologie hingegen nicht. Deshalb ist die Skepsis der Gentechnologie gegenüber vollkommen berechtigt.

Äußerungen der AG Gentechnologiebericht an der BBAW:

Aber gibt es denn handfeste Hinweise auf ökologische Schäden? Die Farm-Scale-Untersuchungen aus Großbritannien zeigen doch lediglich, dass es sich um ökologische Veränderungen handelt. Dabei ist es eine Frage der Kosten-Nutzen-Analyse, ob diese Veränderungen einen Schaden darstellen.

Äußerungen des VDW:

Über die Interpretation der Farm-Scale-Untersuchung kann sehr wohl gestritten werden, und je nach Bewertungsmaßstäben können Veränderungen in der Tat auch Schäden sein. Generell ist Biodiversität in der Landwirtschaft in den letzten Jahrzehnten dramatisch zurückgegangen. Die Gentechnologie ist mit dem Anspruch angetreten, dies zu ändern. Die herbizidtoleranten Pflanzen aber führen beispielsweise zu einer weiteren Reduzierung der Pflanzenvielfalt und dies stellt ohne Frage einen ökologischen Schaden dar.

Letztendlich ist die Diskussion über die Entwicklungen in der Landwirtschaft nicht allein aus naturwissenschaftlicher Perspektive zu führen, sondern auch nach gesellschaftspolitischen und normativen Maßstäben und Kriterien.

Äußerungen der AG Gentechnologiebericht an der BBAW:

Interessant ist, wie der Naturschutzaspekt in dieser Diskussion behandelt wird. Die Anbauflächen mit gentechnisch veränderten Pflanzen sind nämlich nur ein Aspekt. Für die Ökologie insgesamt sind sowohl Refugien, die nicht landwirtschaftlich genutzt werden, als auch ein Biotop-Verbund, der Raum für die verschiedensten Arten lässt, von Bedeutung.

Bei allen Diskussionen ist es wichtig, die Gentechnologie als Technologie von dem Anwendungsbeispiel herbizidtoleranter und herbizidresistenter Pflanzen abzugrenzen. Generell ist eine Einzelfallbeurteilung erforderlich: Während herbizidresistente Pflanzen möglicherweise einen kritisch zu betrachtenden Eingriff in die ökologischen Wechselwirkungen darstellen, sind Pflanzen mit veränderten Inhaltsstoffen hingegen weniger kritisch zu bewerten.

Äußerungen des VDW:

Im Bereich der Änderungen von Stoffwechselwegen ist man in der Forschung längst nicht so weit, wie man sich erhofft hat, da hier ein Eingriff an zentraler Stelle des komplexen Stoffwechsels erfolgt und

somit Wirkung und Nebenwirkungen ganz anders definiert werden müssten. Ernährungswissenschaftler, wie zum Beispiel der Vorsitzende des GMO-Panels der EFSA Herr Kuipers, sind sich sicher, dass ganz neue Untersuchungsmethoden entwickelt werden müssen, um eine gesundheitliche oder ökologische Unbedenklichkeit ausschließen zu können.

Äußerungen der AG Gentechnologiebericht an der BBAW:

Dem ist nur zuzustimmen, allerdings gilt dies sowohl für Züchtungen mit als auch ohne Gentechnikeinsatz. Ein aktuelles Beispiel ist eine ohne Gentechnikeinsatz gezüchtete Zucchini-Sorte, deren Fruchtfleisch gelb ist. Obwohl hier stark in den Stoffwechsel eingegriffen worden ist, gibt es keine Sicherheitsüberprüfungen.

6.3. Themenbereich „Rechtlicher Rahmen“

Äußerungen des VDW:

Das Vorsorgeprinzip ist beispielsweise in EU-Richtlinien und dem Biosafety-Protokoll der UN-Konvention über biologische Vielfalt (CBD) verankert. Anlass zur Kritik bietet die Umsetzung und der Umgang in der Praxis: Die bei der Beantragung zum Inverkehrbringen von gentechnisch veränderten Pflanzen zur Verfügung gestellten Daten sind häufig qualitativ und quantitativ nicht ausreichend, um die Pflanzen vernünftig bewerten zu können.

Äußerungen der AG Gentechnologiebericht an der BBAW:

Dass der bestehende Rechtsrahmen durchaus ausreichend ist, ist eine wichtige Feststellung. Reichen denn die eingereichten Expertisen aus, das heißt, sind die Anzahl der untersuchten Pflanzen und die erforderlichen Informationen über ökologische Implikationen und Inhaltsstoffe konkret gesetzlich geregelt?

Äußerungen des VDW:

Das ist nicht der Fall. Es fehlen gesetzliche Vorgaben zur Datenbasis und Datenqualität auf der EU-Ebene. Federführend bei der Festlegung der Beurteilungskriterien im Rahmen der Vollständigkeitsprüfung sind das BVL und die EFSA.

Äußerungen der AG Gentechnologiebericht an der BBAW:

Bei der Zulassung von Arzneimitteln ist die Teilnehmerzahl an der klinischen Studienphase 3 ebenfalls nicht gesetzlich vorgeschrieben. Dennoch wäre es generell wichtig, Festlegungen zu treffen, welche Menge und Qualität an Daten ausreichend ist. Zweitens besteht im Bereich des Nachzulassungsmonitorings großer Entwicklungs- und Standardisierungsbedarf.

Äußerungen des VDW:

Ein weiterer Punkt ist die Kennzeichnung tierischer Produkte, wenn in ihrem Herstellungsprozess gentechnisch veränderte Futtermittel eingesetzt wurden, auch wenn das Endprodukt im Vergleich zum konventionell hergestellten Produkt qualitativ als gleichwertig bewertet wird.

Äußerungen der AG Gentechnologiebericht an der BBAW:

Dem ist nur zuzustimmen, denn nur so kann ehrlicherweise Verbrauchersouveränität praktisch umgesetzt werden. Gleichzeitig ist klar, dass Befürworter und Gegner der grünen Gentechnologie sich von der dann vorzunehmenden Kennzeichnung sehr vieler Lebensmittel Unterschiedliches erwarten: Während die eine Seite auf einen Gewöhnungseffekt setzt, hofft die andere Seite darauf, dass die Lebensmittelhersteller und der Lebensmittelhandel die Kennzeichnung scheuen und Druck auf die Produzenten ausüben, keine gentechnisch veränderten Pflanzen zu verwenden.

In der Runde besteht weitestgehend Konsens sowohl in Bezug auf die Einführung der Kennzeichnungspflicht von Produkten, in deren Herstellungsprozess gentechnisch veränderte Futterpflanzen verwendet wurden, als auch bezüglich der Notwendigkeit einer Standardisierung der Beurteilungsgrundlagen und einzureichenden Unterlagen bei Zulassungsanträgen.

7. Problemfelder und Indikatoren zur grünen Gentechnologie

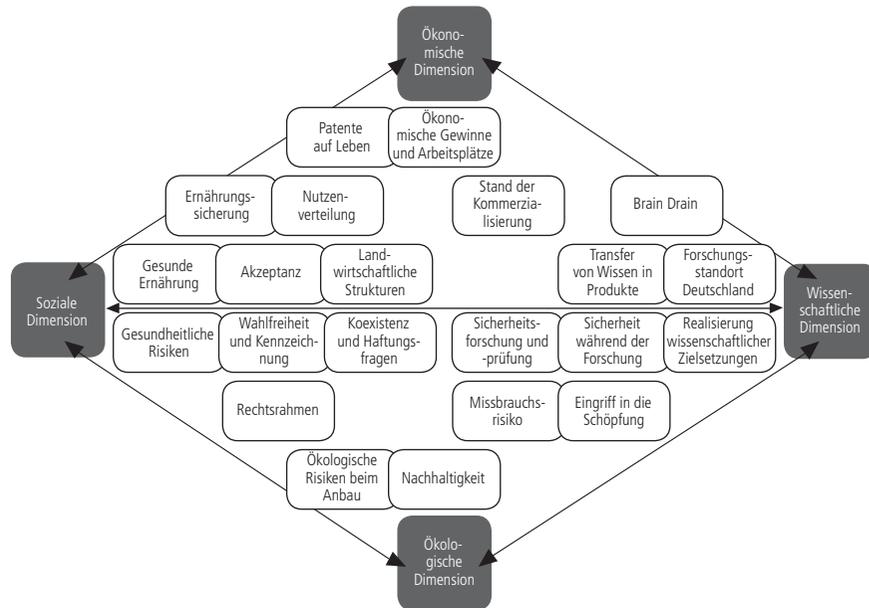
7.1. Methodischer Ansatz des Indikatoren-basierten Monitorings

Bereits im Gentechnologiebericht 2005 hat die Arbeitsgruppe Gentechnologiebericht an der BBAW ein Indikatoren-basiertes Monitoring zur Entwicklung der Gentechnologie vorgestellt. Hierbei werden bis dato unabhängig voneinander erfasste, teilweise widersprüchliche, oft unvollständige oder zerstreute Einzeldaten und Informationen zur grünen Gentechnologie mittels eines ausgewählten Sets von Indikatoren gesammelt und strukturiert. Ausgewählt wurden die Indikatoren insbesondere nach den Kriterien Differenziertheit, Messbarkeit, Relevanz und Plausibilität.

Einzelne Indikatoren bezeichnen Kenngrößen, die es ermöglichen, nicht direkt messbare und oft komplexe Sachverhalte in einer überschaubaren, messbaren und repräsentativen Form in ihrer zeitlichen Entwicklung abzubilden. Indikatoren operationalisieren dabei theoretische Überlegungen, wobei diese im Gegensatz zu Alltagshypothesen explizit ausgewiesen werden (Meyer, 2004). Erst mit Hilfe der Indikatoren können Trends und die subjektive Wahrnehmung der Entwicklung mit qualitativen und quantitativen Fakten empirisch untermauert oder falsifiziert werden. Die Weiträumigkeit des Monitorings erlaubt es, komplexe Sachverhalte zu beurteilen, zu einer Moderation der öffentlichen Diskussion beizutragen und Handlungsempfehlungen für die Politik und Wissenschaft auszusprechen.

Da die Menge an Informationen trotz strukturierender Indikatoren nicht zu handhaben ist, bedarf es eines zusätzlichen Selektionsschemas zur Fokussierung. Zu diesem Zweck wurden zusätzlich zur Ausarbeitung des Indikatoren-Systems so genannte Problemfelder definiert. Solche Problemfelder können entweder aus einer theoretischen Erörterung heraus aufgestellt oder aus der öffentlichen Diskussion direkt abgeleitet werden. Nicht zu allen diesen Problemfeldern lassen sich Daten finden und passende Indikatoren erstellen. Umso wichtiger ist es, zunächst einen Gesamtüberblick über alle Problembereiche des Themengebiets grüne Gentechnologie zu gewinnen (siehe Abbildung 7; Erläuterungen siehe Tabelle 9).

Abbildung 7: Problemfelder zur grünen Gentechnologie im Spannungsfeld der Leitdimensionen



Erläuterungen siehe Tabelle 9

Problemfeldanalyse

Um das Themengebiet grüne Gentechnologie umfassend abzubilden, wurden auf Basis der öffentlichen Diskussion zunächst Problemfelder definiert, die mit dem Gebiet direkt oder indirekt assoziiert sind. Diese Problemfelder dienten später als Ausgangspunkt für die Erstellung von Indikatoren. Zuvor wurden die Problemfelder in Bezug zu vier Leitdimensionen angeordnet. Die vier Leitdimensionen „Ökonomie“, „Soziales“, „Wissenschaft“ und „Ökologie“ bilden ein Koordinatensystem, in welches die einzelnen Problemfelder angeordnet wurden. Da sich die grüne Gentechnologie als innovatives Forschungsfeld in vielen Fällen – neben bereits seit Jahren etablierten Anwendungen – noch im Übergangsstadium vom Forschungslabor in die landwirtschaftliche Produktion befindet, bildet der Bereich „Wissenschaft“ eine zentrale

Leitdimension. Die Bereiche „Soziales“ und „Ökonomie“ haben diese Funktion als Leitdimension insbesondere wegen der bereits am Markt etablierten Anwendungen der grünen Gentechnologie; viele Anwendungen haben neben ökonomischen Implikationen auch einen unmittelbaren Bezug zu Themen wie Ernährung und Gesundheit. Die „Ökologie“ wurde als Leitdimension ausgewählt, da gentechnisch veränderte Pflanzen wie alle selbstständig vermehrungsfähigen Organismen, deren Forschungsfreisetzungen und deren kommerzielle Anbau potenziell sehr weit reichende Konsequenzen haben können. Nicht als eigenständige Leitdimension konzipiert wurde der politisch-rechtliche Bereich. Obwohl Politik und Recht mit vielen Problemfeldern assoziiert sind, bilden sie eher den Rahmen zur Erreichung sozialer, ökonomischer, ökologischer oder in Teilen wissenschaftlicher Zielsetzungen. Allerdings kommt dem Problemfeld „Rechtsrahmen“ eine besondere Bedeutung zu, da rechtliche Regelungen alle Problemfelder im gewissen Maße beeinflussen. Die gestrichelten Linien (siehe Abbildung 7) verdeutlichen einen besonderen Bezug dieses Problemfelds zu den Problemfeldern „Koexistenz und Haftungsfragen“, „Wahlfreiheit und Kennzeichnung“, „Sicherheitsforschung und -prüfung“, „Ökologische Risiken beim Anbau“, „Gesundheitliche Risiken“ und „Patente auf Leben“. Diese und alle anderen Problemfelder wurden auf der Grundlage der öffentlichen Diskussion über die grüne Gentechnologie definiert. Tabelle 9 führt die genauen Definitionen der Problemfelder auf. Die Positionierung einzelner Problemfelder innerhalb des Koordinatensystems der Leitdimensionen bedeutet dabei keine Wertung, in welcher Intensität diese in der öffentlichen Diskussion assoziiert werden.

Zusätzlich zu den Leitdimensionen sind die räumlichen und zeitlichen Bezugspunkte der Studie zu definieren. In Hinblick auf die räumliche Situation wurde Deutschland als zentraler Bezugspunkt gewählt und im Vergleich zur internationalen Situation betrachtet, zeitlich fokussiert die Analyse auf die Jahre 2000 bis 2005.

Bei der Ableitung der Problemfelder aus der öffentlichen Diskussion und Risikoperzeption ist zu beachten, dass die Risiken, die Menschen ängstigen und empören, nicht unbedingt die Risiken sind, durch die sie statistisch gesehen am häufigsten real betroffen sind. So genannte Laien und Massenmedien zeichnen höchst unterschiedliche Bilder der „Risikowirklichkeit“. Die öffentliche Risikowahrnehmung entspricht in vielen Fällen nicht der wissenschaftlichen Risikoeinschätzung (Schütz und Peters, 2002). Häufig wird diese Diskrepanz sowohl von

Tabelle 9 Darstellung der Problemfelder

Problemfeld (in alphabetischer Reihenfolge)	These (Beschreibung und Eingrenzung des Problemfeldes)	Forschungsfrage
Akzeptanz	Bei Endverbrauchern treffen die Produkte der grünen Gentechnik derzeit überwiegend auf Ablehnung.	Worauf basieren ablehnende Voten? Worauf zustimmende? Welche Grenzen haben Aufklärung und Information als Strategie der Akzeptanzsteigerung? Warum wird gerade der Einsatz der Gentechnologie bei Lebensmitteln abgelehnt?
Brain Drain	Die Abwanderung hochqualifizierter Wissenschaftler ins Ausland führt zu einer Schwächung des Wissenschaftsstandorts und damit mittelbar zur Schwächung des Wirtschaftsstandortes Deutschland.	Inwieweit verlassen hochqualifizierte Wissenschaftler das Land und welches ökonomisches Potenzial wird damit verspielt?
Eingriff in die Schöpfung	Das Überspringen von Artgrenzen ist ein massiver Eingriff in die Natur bzw. Schöpfung.	Wo könnten bei der grünen Gentechnologie ethische Grenzen überschritten werden, bspw. beim Einsatz von Tier- und Humangen in Pflanzen?
Ernährungssicherung	Eine wachsende Weltbevölkerung verlangt nach mehr Lebensmitteln bei gleichzeitig schrumpfenden Anbauflächen.	Kann der Einsatz der grünen Gentechnologie dazu beitragen, die Ernährungssicherung in der Welt zu verbessern?
Forschungs- und Wissenschaftsstandort Deutschland	Für ein an Rohstoffen armes Land ist eine wissensbasierte Ökonomie von zentraler Bedeutung für die wirtschaftliche Prosperität und den gesellschaftlichen Wohlstand.	In welcher Weise werden die grüne Gentechnik und die dazugehörige Sicherheitsforschung in Deutschland gefördert? Wie sehen die institutionellen Wissenschaftsstrukturen in diesem Bereich aus? Wie sind Wissenschaftsstrukturen und Forschungsstand im internationalen Vergleich zu beurteilen?
Gesunde Ernährung	In Deutschland stellen ernährungsbedingte Krankheiten ein wachsendes Problem dar, das hohe volkswirtschaftliche Kosten verursacht.	Inwieweit können gentechnisch veränderte Pflanzen zu einer gesunden Ernährung beitragen? Welche Käufergruppen nehmen die aus ihnen gewonnenen Lebensmittel tatsächlich als gesund wahr? Besteht die Möglichkeit, dass mögliche gesundheitliche Vorteile gegenüber möglichen gesundheitlichen Risiken in der öffentlichen Debatte dominieren?
Gesundheitliche Risiken	In der öffentlichen Wahrnehmung werden gentechnisch veränderte Pflanzen, die als Lebensmittel verwendet werden, häufig mit gesundheitlichen Risiken (z.B. Allergenität) verbunden.	Bestehen durch den Einsatz gentechnischer Verfahren in der Pflanzenzüchtung gesundheitliche Gefährdungen, die bei bisherigen Züchtungsverfahren bzw. bei konventionellen Lebensmitteln nicht oder nicht in derselben Intensität bestehen?

Koexistenz und Haftungsfragen	Auf der Produzentenebene legen die Regelungen zur Koexistenz eine Kostenverteilung zwischen den Anbauformen bzw. Interessengruppen fest. Während die eine Seite möglichst ohne Auflagen und damit verbundene zusätzliche Kosten gv-Pflanzen anbauen will, fordert die andere Seite, vor wirtschaftlichen Nachteilen durch den Eintrag „fremder“ Gene geschützt zu werden.	Inwieweit ist das Nebeneinander von einer Landwirtschaft mit gentechnisch veränderten Pflanzen auf der einen Seite und von konventioneller beziehungsweise ökologischer Landwirtschaft auf der anderen möglich?
Landwirtschaftliche Strukturen	Als Teil des technischen Fortschritts verschärft der Anbau von gv-Pflanzen die bestehende Tendenz des „wachse oder weiche“ und verstärkt die Tendenz zu einer industriellen Landwirtschaft. Gleichzeitig erlaubt er wirtschaftliche Prosperität in ländlichen Regionen.	Wie verändert der Einsatz der grünen Gentechnik die landwirtschaftlichen Strukturen in Deutschland? Bewirkt oder verstärkt der Einsatz der grünen Gentechnik Abhängigkeitsstrukturen in der Landwirtschaft? Erlaubt der Einsatz von gv-Pflanzen neue Wertschöpfungsketten in ländlichen Regionen?
Missbrauchsrisiko	Neue Technologien wie die grüne Gentechnik können gegen das Wohl von Menschen zweckentfremdet werden.	Inwieweit ist es realistisch, dass Methoden der grünen Gentechnologie absichtlich gegen das Wohl der Menschen eingesetzt werden?
Nachhaltigkeit	Der Einsatz der Gentechnik in der Pflanzenzüchtung ist mit positiven Wirkungen auf die Umwelt verbunden.	Inwieweit bestehen durch den Anbau gentechnisch veränderter Pflanzen positive Effekte auf die Umwelt? (Stichwort z. B.: verringerter Pflanzenschutzmitteleinsatz) Können ökologisch orientierte Verbraucher für gv-Pflanzen mit ökologischen Vorteilen gewonnen werden?
Nutzenverteilung	Der Nutzen der grünen Gentechnik entlang der Wertschöpfungskette ist ungleich verteilt. Insbesondere aus Sicht der Verbraucher ist der Nutzen gering, entsprechend erfährt die grüne Gentechnik eine geringe Zustimmung.	Wie verteilt sich der Nutzen des Gentechnikeinsatzes in der Wertschöpfungskette (Agrochemische Unternehmen, Landwirte, Verbraucher etc.)? Welchen spezifischen Nutzen kann der Gentechnikeinsatz jeweils haben?
Ökologische Risiken beim Anbau	Der Einsatz der Gentechnologie in der Pflanzenzüchtung ist mit negativen Wirkungen auf die Umwelt verbunden.	Inwieweit bestehen durch den Einsatz gentechnischer Verfahren in der Pflanzenzüchtung ökologische Gefährdungen, die bei bisherigen Züchtungsverfahren nicht (oder nicht in derselben Intensität) bestehen? (Stichworte z. B.: Biodiversität, Effekte auf Nicht-Ziel-Organismen)
Ökonomische Gewinne und Arbeitsplätze	Durch Kommerzialisierung der Forschungsergebnisse können Arbeitsplätze in der Landwirtschaft gesichert und geschaffen werden.	Welche wirtschaftlichen Leistungen basieren auf dem Einsatz der grünen Gentechnik und wie viele Arbeitsplätze können hier erhalten und dazu gewonnen werden? Oder wirkt die grüne Gentechnik als Rationalisierungstechnik, die die Zahl der Arbeitsplätze verringert?

Patente auf Leben	Für die Kommerzialisierung der grünen Gentechnologie sind Patente auf Gene von großer Bedeutung. Als „Bausteine des Lebens“ sind Gene nicht vergleichbar mit anderen Produktpatenten.	Was ist patentierbar? In welcher Weise stellt die Patentierbarkeit von Genen eine Besonderheit des Gentechnikeinsatzes gegenüber der klassischen Züchtung dar?
Realisierung wissenschaftlicher Zielsetzungen	Wissenschaftliche Zielsetzungen und konkret etablierte Anwendungen sind für Nichtfachleute schwer zu unterscheiden. Zum Wesen der wissenschaftlichen Forschung gehört, dass nicht alle wissenschaftlichen Zielsetzungen erreicht werden.	Stand des Wissens: Welcher wissenschaftlicher Erkenntnisstand existiert derzeit? Wie weit ist das Erreichte gemessen an den wissenschaftlichen Zielsetzungen?
Rechtsrahmen	Der rechtliche Rahmen bestimmt über Forschungsziele und die Verbreitung der Anwendung.	Wie ist der aktuelle Stand des Rechts in der EU und in Deutschland? In welcher Weise sorgt der Rechtsrahmen für einen Interessenausgleich zwischen einer Positionen, die Forschung und Anwendung der grünen Gentechnologie unterstützt und einer skeptischen bis ablehnenden Haltung?
Sicherheit während der Forschung	Die Forschung an gv-Pflanzen im Gewächshaus und im Freiland erfordert spezielle Sicherheitskonzepte. Hierbei notwendiges Inverkehrbringen ist daher nicht mit dem Inverkehrbringen bei einer Kommerzialisierung vergleichbar.	Bestehen bei der Forschung an gv-Pflanzen Sicherheitsprobleme und wieweit können sie gegebenenfalls minimiert werden? (Beispiel: Freisetzungsversuche)
Sicherheitsforschung und -prüfung	Prinzipiell ist es bei komplexen Systemen unmöglich, alle möglichen Effekte vorherzusehen und gegebenenfalls entsprechend vorzubeugen.	Welche ökologischen und gesundheitlichen Risiken werden untersucht? Welche Prüfungen sind für eine Zulassung erforderlich? Bestehen Lücken und wie könnten sie geschlossen werden?
Stand der Kommerzialisierung	In Deutschland und Europa bleibt die Kommerzialisierung der grünen Gentechnologie hinter der internationalen Entwicklung zurück.	Stand der Anwendung: Welche züchterischen Ziele konnten bislang durch den Einsatz der Gentechnologie realisiert werden? Welche gv-Pflanzen werden in Deutschland angebaut? Welche Produkte aus gv-Pflanzen werden in Deutschland angeboten?
Transfer von Wissen in Produkte	Nicht in allen Wissenschaftsteilgebieten werden Forschungsergebnisse effizient in neue Produkte überführt. Gleichzeitig führt der Druck zur ökonomischen Verwertung von Forschungsergebnissen gegebenenfalls zu verführten, nicht haltbaren Versprechungen.	Welche Teilbereiche der grünen Gentechnik sind anwendungs- und produktnah? Wo existieren Divergenzen zwischen angekündigter und realer Umsetzung?
Wahlfreiheit und Kennzeichnung	Die dem Grundsatz der Wahlfreiheit folgende Kennzeichnung von Lebensmitteln aus gv-Pflanzen erlaubt Verbrauchern die freie Entscheidung, sich für oder gegen die Gentechnik bei Lebensmitteln zu entscheiden.	Inwieweit erfüllt die Garantie der Wahlfreiheit die Verbraucherbedürfnisse beziehungsweise reicht über sie hinaus? Ist sie praktisch umsetzbar?

Fachleuten wie von wissenschaftlichen Laien als Irrationalität oder Täuschung gewertet. Individuelle und mediale Risikokonstrukte dürfen jedoch nicht in erster Linie als Zerrbilder der Expertenkonstrukte begriffen werden. In ihnen manifestieren sich gesellschaftliche und individuelle Wertvorstellungen.

7.2. Erhobene Indikatoren und Indikatorenkennblätter

Tabelle 10: Indikatoren-Set zur grünen Gentechnologie – Übersicht erhobener Indikatoren

Vollständige Liste	Status
Darstellung des Entwicklungsstands der grünen Gentechnologie	
GG-1.1 Anzahl der zugelassenen Traits	Erhoben Stand September 2007
GG-1.2 Anzahl der Traits in Freisetzungsversuchen	Erhoben Stand September 2007
GG-1.3 Anzahl der Freisetzungsversuche	Erhoben Stand September 2007
Wirtschaftliche Relevanz weltweit und Grad der Technikdiffusion	
GG-2.1 Umsatz gentechnisch veränderten Saatguts weltweit	Erhoben Stand September 2007
GG-2.2 Flächenanteil gentechnisch veränderter Pflanzen an der weltweiten Anbaufläche	Erhoben Stand September 2007
GG-2.3 Gewinne im Bereich gentechnisch veränderten Saatguts	Erhoben Stand September 2007
Bestimmung des wissenschaftlichen und wirtschaftlichen Potentials	
GG-3.1 Öffentliche Forschungsaufwendungen für die grüne Gentechnologie	Erhoben Stand September 2007
GG-3.2 Ausgaben zur Forschung und Entwicklung in Deutschland	Erhoben Stand September 2007
GG-3.3 Anteil der öffentlichen Forschungsaufwendungen für die grüne Gentechnologie an den Ausgaben des BMBF für Forschung und Entwicklung	Erhoben Stand September 2007

GG-3.4	Forschungsausgaben deutscher Saatgutunternehmen	Derzeit keine ausreichenden Daten verfügbar
GG-4.1	Anzahl der Patentanmeldungen im Bereich grüner Gentechnologie	Erhoben Stand September 2007
GG-4.2	Anzahl der Patent-anmeldenden Unternehmen und öffentlichen Einrichtungen im Bereich grüner Gentechnologie	Erhoben Stand September 2007
Bemessung des Risikomanagements und der Risikoabschätzung		
GG-5.1	Öffentliche Ausgaben für die Risikoforschung im Bereich grüner Gentechnik	Erhoben Stand September 2007
GG-5.2	Anzahl der zurückgezogenen GVO-Genehmigungen aufgrund eines Nachzulassungsmonitorings	Derzeit keine ausreichenden Daten verfügbar
GG-5.3	Anzahl bewiesener Auskreuzungen auf verwandte Arten	Derzeit keine ausreichenden Daten verfügbar
Überprüfung des ökologischen Effekts gentechnisch veränderter Pflanzen		
GG-6.1	Pflanzenschutzmitteleinsatz beim Anbau gentechnisch veränderter Pflanzen	Derzeit keine ausreichenden Daten verfügbar
GG-7.1	Bodenbearbeitung beim Anbau gentechnisch veränderter Pflanzen	Derzeit keine ausreichenden Daten verfügbar
Durchsetzungsvermögen von gentechnisch veränderten Sorten und Auswirkungen auf die Nutzpflanzenbiodiversität		
GG-8.1	Anteil gentechnisch veränderter Sorten an zugelassenen Sorten	Erhoben Stand September 2007
GG-8.2	Vergleich der Anzahl der zugelassenen GVO-Kulturpflanzensorten mit der Anzahl der tatsächlich kommerziell genutzten GVO-Kulturpflanzensorten	Derzeit keine ausreichenden Daten verfügbar
GG-8.3	Anbauflächen einzelner Kulturarten	Erhoben Stand September 2007
GG-8.4	Flächenanteile einzelner Arten an der landwirtschaftlichen Nutzfläche (Kulturartendiversität)	Erhoben Stand September 2007
GG-8.5	Flächenanteil gentechnisch veränderter Sorten an der landwirtschaftlichen Nutzfläche einer Kulturart	Erhoben Stand September 2007

Wirtschaftliche Relevanz und Grad der Technikdiffusion in Deutschland		
GG-9.1	Anteil an landwirtschaftlichen Betrieben, die gentechnisch veränderte Pflanzen anbauen	Derzeit keine ausreichenden Daten verfügbar
GG-9.2	Betriebsgröße der landwirtschaftlichen Betriebe, die gentechnisch veränderte Pflanzen anbauen	Derzeit keine ausreichenden Daten verfügbar
GG-9.3	Kapitalintensität bei Betrieben, die gentechnisch veränderte Pflanzen anbauen	Derzeit keine ausreichenden Daten verfügbar
GG-9.4	Arbeitsproduktivität von Betrieben, die gentechnisch veränderte Pflanzen anbauen	Derzeit keine ausreichenden Daten verfügbar
GG-10.1	Gewinne beim Anbau gentechnisch veränderter Pflanzen gegenüber den Gewinnen beim konventionellen Anbau	Derzeit keine ausreichenden Daten verfügbar
GG-10.2	Gewinnverteilung entlang der Wertschöpfungskette bei Produkten aus gentechnisch veränderten Pflanzen	Derzeit keine ausreichenden Daten verfügbar
GG-10.3	Kostenverteilung entlang der Wertschöpfungskette bei Produkten aus gentechnisch veränderten Pflanzen	Derzeit keine ausreichenden Daten verfügbar
GG-10.4	Anteil des Vertragsanbaus beim Anbau gentechnisch veränderter Pflanzen	Derzeit keine ausreichenden Daten verfügbar
GG-11.1	Preisvergleich von gentechnikfreien, konventionellen und unter Verwendung gentechnisch veränderter Pflanzen hergestellter Lebensmittel	Derzeit keine ausreichenden Daten verfügbar
GG-11.2	Verhältnis der Lebensmittelimporte zu den Lebensmittelexporten gemessen am Umsatz	Derzeit keine ausreichenden Daten verfügbar
GG-11.3	Anteil gentechnisch veränderter Produkte bei Importen und Exporten in Deutschland	Derzeit keine ausreichenden Daten verfügbar
Koexistenz gentechnisch veränderter Pflanzen mit dem ökologischen Anbau		
GG-12.1	Flächenanteil des Ökolandbaus an der gesamten landwirtschaftlichen Nutzfläche	Erhoben Stand September 2007
GG-12.2	Anteil und Anzahl an Betrieben des Ökolandbaus, die aufgrund des Nachweises von Transgenen ihre Erzeugnisse nicht als Ökoprodukte verkaufen konnten	Derzeit keine ausreichenden Daten verfügbar
Konfliktpotential von gentechnisch veränderten Pflanzen und Lebensmitteln		
GG-13.1	Anzahl der Rechtsstreitigkeiten aufgrund von Vermischungen mit gentechnisch verändertem Material	Derzeit keine ausreichenden Daten verfügbar

GG-13.2	Summe der Schadensersatzzahlungen im Bereich der grünen Gentechnologie	Derzeit keine ausreichenden Daten verfügbar
GG-13.3	Anzahl der Mediationen zum Anbau gentechnisch veränderter Pflanzen	Derzeit keine ausreichenden Daten verfügbar
GG-14.1	Verbraucherakzeptanz der grünen Gentechnologie	Erhoben Stand September 2007
GG-14.2	Akzeptanz gentechnisch veränderter Pflanzen bei Landwirten (gentechnikfreie Regionen)	Erhoben Stand September 2007
GG-14.3	Akzeptanz gentechnisch veränderter Pflanzen bei Landwirten (geäußerte Zustimmung)	Erhoben Stand September 2007
Durchsetzungsvermögen von gentechnisch veränderten Pflanzen und aus ihnen hergestellten Lebensmitteln		
GG-15.1	Marktanteil gentechnisch veränderter Lebensmittel	Derzeit keine ausreichenden Daten verfügbar
GG-15.2	Anzahl als Lebensmittel zugelassener gentechnisch veränderter Pflanzen	Erhoben Stand September 2007
GG-15.3	Werbemaßnahmen für gentechnisch veränderte Lebensmittel	Derzeit keine ausreichenden Daten verfügbar
GG-15.4	Marktanteil von Lebensmitteln mit der expliziten Kennzeichnung „gentechnikfrei“	Derzeit keine ausreichenden Daten verfügbar

Laufende Nr.	GG-1.1
Name des Indikators:	Anzahl der zugelassenen Traits
Zweck des Indikators	Darstellung des Entwicklungsstands der grünen Gentechnologie.
Berechnungsformel	
Datenquelle	http://europa.eu.int/comm/food/food/biotechnology/authorisation/2001-18-ec_authorized_en.pdf http://europa.eu.int/comm/food/food/biotechnology/authorisation/258-97-ec_authorized_en.pdf http://www.bvl.bund.de/cln_027/nm_495478/DE/06__Gentechnik/05__Inverkehrbringen/Inverkehrbringen__node.html__nnn=true http://ec.europa.eu/food/dyna/gm_register/index_en.cfm
Verfügbarkeit der Daten	Öffentlich
Abgrenzung der Berechnungsgrößen	
Zähler	Traits bei den im EU-Markt zugelassenen gentechnisch veränderten Pflanzen nach Direktive 90/220/EEC und 2001/18/EC („Novel Feed“) und nach der „Novel Food“-Verordnung (EC) 358/97. Stand Mitte 2007.
Nenner	
Gliederung der Kennzahl	männliche Sterilität (MS); Herbizidresistenz (HR); Schadenserregerresistenz (IR); Veränderung der Blütenfarbe (BF); längere Haltbarkeit (LD).
Berechnungshäufigkeit	Laufende Aktualisierungen
Zur Aussagefähigkeit	Indem der Indikator die Bandbreite einsetzbarer (zugelassener) gentechnischer Modifikationen darstellt, ermöglicht er eine Darstellung des Entwicklungsstands der Gentechnologie in der Pflanzenzucht in der EU und Deutschland. Ein früher Entwicklungsstand korreliert mit einer geringen Anzahl von Traits, die bei wachsender Reife der Technologie ansteigen. Erkennbar werden außerdem die Anwendungsschwerpunkte bei der Forschung und Entwicklung. Zu beachten sind folgende Spezifika: Der Messzeitpunkt des Indikators ist die konkrete Zulassung für den EU-Markt; dieser Zeitpunkt liegt somit ganz am Ende der Forschungs- und Entwicklungsphase. Entsprechend besitzt der Indikator keine Aussagekraft für Entwicklungen, die sich derzeit noch in der Forschungspipeline befinden oder die bereits beantragt, aber noch nicht zugelassen wurden. Geographisch ist der Indikator auf die EU eingegrenzt, und die hier erteilten Zulassungen variieren von denen in anderen Ländern. Außerdem gibt der Indikator keine Auskunft über den aktuellen Stand der funktionell charakterisierten Gene in der Grundlagenforschung. Während der Indikator Auskunft über den Stand der Anwendungsreife der grünen Gentechnologie gibt, liefert er keine Informationen über den wirtschaftlichen Entwicklungsstand der grünen Gentechnologie, also über die Bandbreite der Traits beim tatsächlichen Anbau zugelassener Pflanzen.

Tabelle 11: Anzahl der zugelassenen Traits

Traits	Mais		Raps		Sojabohne		Baumwolle		Nelke Anbau ³⁾
	Zuge- lassen ²⁾	davon zum Anbau	Zuge- lassen ²⁾	davon zum Anbau	Zuge- lassen ²⁾	davon zum Anbau	Zuge- lassen ²⁾	davon zum Anbau	
HR	NK 603 T 25 GA 21	T 25	GT 73 T45		40/3/2		Mon 1445		
IR	Mon 810 ¹⁾ Mon 863 Bt 11 Mon 863/ Nk 810	Mon 810					Mon 531 Mon 15985		
HR/IR	Bt 1507 Mon 863/ Nk 603 Nk 603/ Mon 810						Mon 15985/ Mon 1445 Mon 531/ Mon 1445		
HR/MS			MS8/RF3						
BF									1
LD									1
Summe	10	3	3	0	1	0	5	0	2

MS = männliche Sterilität; HR = Herbizidresistenz; IR = Schaderregerresistenz; BF = Veränderung der Blütenfarbe; LD = längere Haltbarkeit.
 1) Genehmigung ist ausgelaufen. Antrag auf Neuzulassung wurde gestellt.
 2) folgende Zulassungen sind nicht mehr gültig: Mais: Mon 809, Bt 176; Raps: Topas 19/2, Falcon GS, Topas 19/2, MS1/RF1, MS1/RF2
 3) zurzeit nur zwei Events im Anbau
 Quelle: siehe Indikatorenblatt tGG-1.1.

Laufende Nr.	GG-1.2
Name des Indikators	Anzahl der Traits in Freisetzungsversuchen
Zweck des Indikators	Darstellung des Entwicklungsstands der grünen Gentechnologie.
Berechnungsformel	
Datenquelle	Bundesamt für Verbraucherschutz; Derzeit unter: http://194.95.226.234/cgi/lasso/fsl/liste_d.lasso
Verfügbarkeit der Daten	Öffentlich
Abgrenzung der Berechnungsgrößen	
Zähler	Anzahl der Traits bei gentechnisch veränderten Pflanzen, die eine Genehmigung zur Freisetzung in Deutschland erhalten haben. Bakterien wurden nicht berücksichtigt. Ebenfalls nicht einbezogen werden seit 29. April 1991 Markergene als zu testendes Merkmal. Die Angabe erfolgt unabhängig von der Pflanzenart.
Nenner	
Gliederung der Kennzahl	
Berechnungshäufigkeit	Jährlich
Zur Aussagefähigkeit	Indem der Indikator die Bandbreite beforschter Modifikationen in Freisetzungsversuchen darstellt, ermöglicht er eine Darstellung des Entwicklungsstands der Gentechnologie in der Pflanzenzucht in Deutschland. Ein früher Entwicklungsstand geht mit einer geringen Anzahl von Traits einher, die bei wachsender Reife der Technologie ansteigen. Erkennbar werden außerdem die Anwendungsschwerpunkte bei der Forschung und Entwicklung. Zu beachten sind folgende Spezifika: Lediglich ein sehr geringer Anteil gentechnisch erzeugter Pflanzen findet den Weg ins Freiland. Somit ist der Indikator kein direktes Maß für die Forschungsaktivitäten in Deutschland. Der Messzeitpunkt des Indikators ist die Genehmigung für eine Freisetzung im Rahmen wissenschaftlicher Forschungsprogramme; dieser Zeitpunkt liegt somit noch vor der Anbauzulassung. Entsprechend besitzt der Indikator eine gute Aussagekraft hinsichtlich Entwicklungen, die sich derzeit noch in der Forschungspipeline befinden. Geographisch ist der Indikator auf Deutschland begrenzt. Offen bleibt, ob und in welchem Maße in Deutschland ansässige Institute und Firmen ihre Freisetzungen in anderen Ländern durchführen (innerhalb wie außerhalb der EU). Während der Indikator ein sehr gutes Bild für die wissenschaftliche Entwicklung zeichnet, liefert er keine Informationen über den wirtschaftlichen Entwicklungsstand der grünen Gentechnologie, also über die Bandbreite der Traits tatsächlich angebaute gentechnisch veränderter Pflanzen.

Tabelle 12: Anzahl der Traits in Freisetzungsversuchen

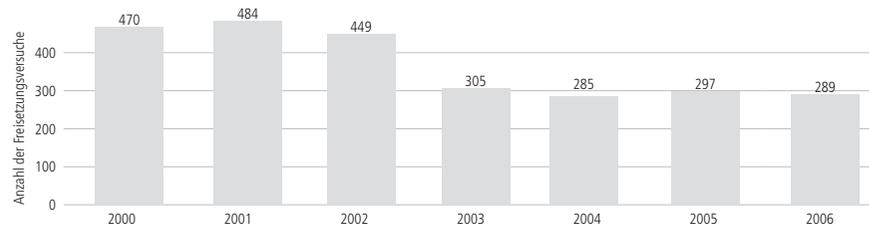
Traits/Freisetzungsversuche	2000	2001	2002	2003	2004	2005	2006	Summe
Herbizidtoleranz	26	25	24	22	21	13	10	141
Kohlenhydratstoffwechsel	15	13	15	14	12	10	9	88
Fettsäuremuster	8	8	2	1	1	1	1	22
Virusresistenz	7	6	6	5	4	4	2	34
Bakterienresistenz	3	2	1	0	0	0	0	6
Pilzresistenz	2	1	1	2	3	3	2	14
Veränderte Genexpression	0	1	1	0	1	3	0	6
Veränderte Inhaltsstoffe	1	0	0	1	1	4	7	14
Stoffwechselveränderungen	1	1	0	0	1	2	5	10
Insektenresistenz	0	0	0	0	0	1	1	2
Entwicklungsveränderungen	1	1	1	1	0	2	1	7
Enzym-/Proteinproduktion	1	1	0	1	1	1	0	5
Schwermetallsanierung	0	0	1	2	2	1	0	6
Stärkezusammensetzung	0	0	0	0	2	7	7	16
Kohlenhydratstoffwechsel/Virusresistenz	1	1	1	1	1	1	0	6
Herbizidtoleranz/männliche Sterilität	1	1	1	1	1	1	1	7
Pilzresistenz/Virusresistenz	1	1	1	1	1	0	0	5
Entwicklungsveränderung/Kohlenhydratstoffwechsel	1	1	1	1	1	1	1	7
Herbizidtoleranz/Pilzresistenz	1	1	1	1	1	0	0	5
Kohlenhydratstoffwechsel/Veränderte Inhaltsstoffe	1	1	0	0	0	0	0	2
Fettsäuremuster/Veränderte Inhaltsstoffe	0	0	0	1	1	0	0	2
Kohlenhydratstoffwechsel/Aminosäurestoffwechsel	1	1	1	1	0	0	0	4
Pilzresistenz/Bakterienresistenz	0	0	0	1	1	0	0	2
Herbizidtoleranz/Insektenresistenz	0	0	0	0	0	2	1	3
Pilzresistenz/Mobilisierung von Speicherkohlenhydraten	0	0	0	0	0	0	1	1
Reseratrolythese/Verringerung des Sinaptingehalts	0	0	0	0	0	0	1	1
Biopolymer-Synthese/Antigen-Synthese	0	0	0	0	0	0	1	1
Stärkegehalt/Knollenertrag	0	0	0	0	0	0	1	1
Summe	72	66	58	57	56	57	52	418

Quelle: Bundesamt für Verbraucherschutz; genehmigte Freisetzungsversuche, keine Angaben über die Anzahl der Orte, an denen die Freisetzung stattfindet (vgl. GG-1.3).

Quelle: siehe Indikatorenblatt GG-1.2.

Laufende Nr.	GG-1.3
Name des Indikators	Anzahl der Freisetzungsversuche
Zweck des Indikators	Darstellung des Entwicklungsstands der grünen Gentechnologie.
Berechnungsformel	
Datenquelle	http://www.bba.bund.de/cdn_045/nn_913132/DE/Home/biolsich/gentechnik/Tab__Diagr__tabelle.html
Verfügbarkeit der Daten	Öffentlich
Abgrenzung der Berechnungsgrößen	
Zähler	Freisetzungen gentechnisch veränderter Pflanzen in Deutschland nach Pflanzenarten, beantragten Orten und Jahren. In einem Freisetzungsantrag können mehrere Freisetzungsorte genannt werden, und eine Genehmigung kann für mehrere Jahre gültig sein. In Folge dessen werden weitaus höhere Zahlen genannt als bei einer reinen Auflistung der genehmigten Freisetzungsanträge (vgl. GG-1.2).
Nenner	
Gliederung der Kennzahl	
Berechnungshäufigkeit	Jährlich
Zur Aussagefähigkeit	Der Indikator gibt Auskunft über die Forschungs- und Entwicklungsaktivitäten in Deutschland und stellt dar, welche unterschiedlichen Pflanzenarten im Zentrum der Forschung stehen. Dies ermöglicht einerseits, Schwerpunkte hinsichtlich beforschter Pflanzenarten aufzuzeigen, andererseits steht die Breite gentechnisch veränderter Pflanzen in der Freisetzungsphase für den Entwicklungsgrad der grünen Gentechnologie. Zu beachten sind folgende Spezifika: Der Messzeitpunkt des Indikators ist die Genehmigung für eine Freisetzung im Rahmen wissenschaftlicher Forschungsprogramme; dieser Zeitpunkt liegt somit noch vor der Anbauzulassung. Entsprechend besitzt der Indikator eine gute Aussagekraft hinsichtlich Entwicklungen, die sich derzeit noch in der Forschungspipeline befinden. Geographisch ist der Indikator auf Deutschland limitiert. Offen bleibt, ob und in welchem Maße in Deutschland ansässige Institute und Firmen ihre Freisetzungen in anderen Ländern durchführen (innerhalb wie außerhalb der EU). Während der Indikator ein sehr gutes Bild für die wissenschaftliche Entwicklung zeichnet, liefert er keine Informationen über den wirtschaftlichen Entwicklungsstand der grünen Gentechnologie, also über die Bandbreite der tatsächlich angebaute gentechnisch veränderten Pflanzen.

Abbildung 8: Anzahl der Freisetzungversuche ¹⁾



Quelle: siehe Indikatorenblatt GG-1.3t.

Tabelle 13: Anzahl der Freisetzungsorte ¹⁾

	2000	2001	2002	2003	2004	2005	2006	Summe
Wein	2	2	2	2	2	2	2	14
Pappel	2	2	2	4	3	2	0	15
Tabak	0	0	0	0	0	0	0	0
Petunie	2	2	0	0	0	0	0	4
Nachtschatten	0	0	0	0	1	3	3	7
Apfel	0	0	0	0	0	0	0	0
Weizen	0	0	0	0	1	0	1	2
Sojabohne	0	0	0	1	1	1	1	4
Erbse	1	1	0	0	0	1	1	4
Kartoffel	33	31	35	39	40	71	92	341
Mais	44	47	34	33	24	16	17	214
Zuckerrübe	220	226	202	58	43	42	36	827
Raps	166	173	170	162	162	154	136	1123
Summe	470	484	445	299	277	292	289	2556

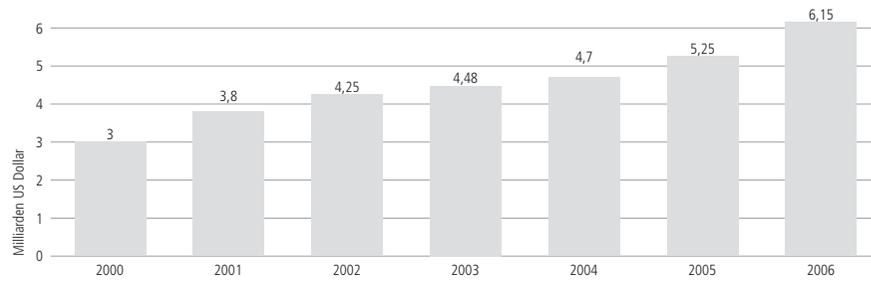
Quelle: Biologische Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft; genehmigte Freisetzungsorte, Anzahl der Freisetzungsorte.

¹⁾ Jeweils aktuelle Daten, Unterschiede zu früheren Veröffentlichungen möglich.

Quelle: siehe Indikatorenblatt GG-1.3.

Laufende Nr.	GG-2.1
Name des Indikators	Umsatz gentechnisch veränderten Saatguts weltweit
Zweck des Indikators	Wirtschaftliche Relevanz weltweit und Grad der Technikdiffusion.
Berechnungsformel	
Datenquelle	Global status of Commercialized Biotech / GM crops: 2005 ISAAA; http://www.isaaa.org/ http://www.isaaa.org/resources/publications/briefs/35/executivesummary/default.html
Verfügbarkeit der Daten	Öffentlich
Abgrenzung der Berechnungsgrößen	
Zähler	Umsatz gentechnisch veränderter Kulturpflanzen in Milliarden US-\$ Die Zahlen basieren auf den Verkaufspreisen des Saatguts gentechnisch veränderter Pflanzen plus den zugehörigen Kosten für Anwendungen (Pflanzenschutz).
Nenner	
Gliederung der Kennzahl	
Berechnungshäufigkeit	Jährlich
Zur Aussagefähigkeit	Die Addition des Saatgutumsatzes und der Pflanzenschutzkosten reflektiert die enge agrarökonomische Verknüpfung beider Sparten sowie die Dominanz agronomischer Anwendungen bei gentechnisch veränderten Pflanzen (Herbizidtoleranz und Insektenresistenz). Der Indikator ermittelt den wirtschaftlichen Stellenwert, den gentechnisch veränderte Pflanzen weltweit für die beiden Wirtschaftszweige einnehmen. Grundlage sind weltweite Gesamtumsätze. Bei steigendem Anbau gentechnisch veränderter Pflanzen – wie im Berichtszeitraum 2000 bis 2005 zu beobachten – trifft der Indikator keine Aussage zu der Frage, ob und inwieweit bezogen auf eine konstante Flächengröße eine Kostenreduktion oder -steigerung für die Landwirte durch den Einsatz gentechnisch veränderter Pflanzen auftrat.

Abbildung 9: Umsatz gentechnisch veränderten Saatguts weltweit



Quelle: siehe Indikatorenblatt GG-2.1.

Laufende Nr.	GG-2.2
Name des Indikators	Flächenanteil gentechnisch veränderter Pflanzen an der weltweiten Anbaufläche
Zweck des Indikators	Wirtschaftliche Relevanz weltweit und Grad der Technikdiffusion.
Berechnungsformel	
Datenquelle	www.worldseed.org/statistics.htm www.gruene-gentechnik.de/Aktuell http://faostat.fao.org/site/408/default.aspx Global status of Commercialized Biotech, www.isaaa.org/ 2006: http://www.isaaa.org/Resources/publications/briefs/35/highlights/default.htm 2005: http://www.isaaa.org/kc/bin/briefs34/pk/index.htm 2004: http://www.isaaa.org/kc/Publications/pdfs/isaabriefs/Briefs%2032.pdf 2003: http://www.isaaa.org/kc/Publications/pdfs/isaabriefs/Briefs%2030.pdf 2002: http://www.isaaa.org/kc/Publications/pdfs/isaabriefs/Briefs%2027.pdf 2001: http://www.isaaa.org/kc/Publications/pdfs/isaabriefs/Briefs%2024.pdf 2000: http://www.isaaa.org/kc/Publications/pdfs/isaabriefs/Briefs%2021.pdf
Verfügbarkeit der Daten	Öffentlich
Abgrenzung der Berechnungsgrößen	Angaben zu den Hauptkulturarten weltweit: Baumwolle, Kartoffel, Mais, Raps, Reis, Sojabohne, Weizen
Zähler	Anbauflächen gentechnisch veränderter Kulturarten
Nenner	Anbauflächen der Kulturart insgesamt
Gliederung der Kennzahl	
Berechnungshäufigkeit	Jährlich
Zur Aussagefähigkeit	Der Indikator betrachtet die weltweiten Anbauanteile gentechnisch veränderter Pflanzen und gibt Auskunft über den Grad der Technikdiffusion, den die grüne Gentechnik weltweit in der Landwirtschaft erreicht. Die detaillierte Aufschlüsselung nach kultivierten Arten ermöglicht eine grobe Differenzierung nach Wirtschaftszweigen (Nahrungsmittel, Futtermittel, industrielle Rohstoffe), wobei bestimmte Kulturarten in verschiedenen Wirtschaftszweigen eine Rolle spielen (z. B. Futtermais, Süßmais). Hiermit wird zum einen der sektorale Stellenwert beziehungsweise die sektorale Technikdiffusion grüner Gentechnik in den globalen Agrarmärkten verdeutlicht, zum anderen werden Schwerpunkte der Entwicklung aufgezeigt.

Tabelle 14: Flächenanteil gentechnisch veränderter Pflanzen an der weltweiten Anbaufläche

	2000		2001		2002		2003		2004		2005		2006	
	Mio. ha	GVO	Mio. ha	GVO ^{*)}										
Baumwolle	34	16 %	34	20 %	34	20 %	34	21 %	32	28 %	35	28 %	35,2	38 %
Kartoffel	20	-	19,6	-	19,1	-	18,9	-	19,1	-	18,6	-	18,8	-
Mais	140	7 %	140	7 %	140	9 %	140	11 %	143	14 %	147	14 %	144,4	17 %
Raps	25	11 %	25	11 %	25	12 %	22	16 %	23	19 %	26	18 %	28	17 %
Reis	154,1	-	151,7	-	147,6	-	152,2	-	153,3	-	154	-	154,3	-
Sojabohne	72	36 %	72	46 %	72	51 %	76	55 %	86	56 %	91	60 %	93	63 %
Weizen	215,4	-	214,6	-	213,8	-	208,5	-	217,6	-	217	-	216	-

*) Angaben für 2006: www.fao.org
 Quelle: www.isaaa.org/www.fao.org
 Quelle: siehe Indikatorenblatt GG-2.2.

Laufende Nr.	GG-2.3
Name des Indikators	Gewinne im Bereich gentechnisch veränderten Saatguts
Zweck des Indikators	Wirtschaftliche Relevanz weltweit und Grad der Technikdiffusion.
Berechnungsformel	
Datenquelle	http://www.syngenta.com/en/downloads/ar2002_en.pdf http://www.syngenta.com/en/downloads/syngenta_ar_2003_e.pdf http://www.syngenta.com/en/downloads/Syngenta_AR2004_en.pdf http://www.syngenta.com/en/downloads/Syngenta_AR2005_en.pdf http://www.syngenta.com/de/downloads/Syngenta_AR2006_d.pdf http://www.monsanto.com/monsanto/content/media/pubs/2003/2003Monsanto10k.pdf http://www.monsanto.com/monsanto/content/media/pubs/2004/2004Monsanto10k.pdf http://www.monsanto.com/monsanto/content/media/pubs/2005/MON_2005_10-K.pdf http://www.monsanto.com/pdf/pubs/2006/2006AnnualReport.pdf http://www1.dupont.com/dupontglobal/corp/documents/US/en_US/news/publications/dupfinacial/03databk.pdf http://media.corporate-ir.net/media_files/irol/73/73320/2004databook.pdf http://media.corporate-ir.net/media_files/irol/73/73320/Databook_2005.pdf http://media.corporate-ir.net/media_files/irol/73/73320/2006Databook.pdf
Verfügbarkeit der Daten	Nur teilweise öffentlich. Die führenden Saatgutunternehmen sind Tochterfirmen großer Konzerne, die in ihren jährlichen Finanzberichten die Umsätze und Gewinne nicht detailliert aufschlüsseln.
Abgrenzung der Berechnungsgrößen	Der Weltmarkt wurde im Berichtszeitraum 2000 bis 2006 hauptsächlich von drei Firmen bestimmt: Monsanto, Syngenta, Dupont Pioneer. Eine genaue Aufschlüsselung der Angaben nach gentechnisch verändertem Saatgut ist aufgrund fehlender Daten nicht möglich; eingeschränkt ist außerdem die Vergleichbarkeit der Unternehmensdaten. Monsanto veröffentlicht das EBIT und den Bruttogewinn für die Sparte „Seeds and Genomics“; für die Jahre 2003 bis 2006 werden zudem nur Angaben zum fiskalischen Jahr (August–August) gemacht. Syngenta macht Angaben zum Betriebsergebnis und Bruttogewinn in seiner Sparte „Seeds“. Dupont Pioneer macht Angaben zum Betriebsergebnis zur Sparte „Agriculture and Nutrition“, innerhalb der Bereich „crop production“ jährlich einen Anteil von 42–46 Prozent besitzt. Dupont gibt den Nettogewinn an. Von den Firmen KWS und Limagrain liegen keine Angaben zum Gewinn in der Sparte gentechnisch verändertes Saatgut vor.
Zähler	
Nenner	
Gliederung der Kennzahl	
Berechnungshäufigkeit	Jährlich
Zur Aussagefähigkeit	Zu Beginn des Einsatzes gentechnisch veränderten Saatguts Mitte der 1990er Jahre waren – wie bei der Marktplatzierung einer technischen Innovation aufgrund sehr hoher Investitionskosten nicht ungewöhnlich – hohe Anfangsverluste zu verzeichnen. Gewinne mit gentechnisch veränderten Saatgutsorten würden somit nicht nur die wirtschaftliche Bedeutung dieser Sparte indizieren. Das erstmalige Erzielen von Gewinnen stünde zudem für den Reifegrad der technischen Innovationen. Allerdings war eine Abgrenzung der Gewinne (und Umsätze) bei gentechnisch veränderten Saatgutsorten gegenüber anderen Wirtschaftsfeldern der Unternehmen nicht möglich, so dass der Break Even für gentechnisch verändertes Saatgut nicht ermittelt werden konnte.

Tabelle 15: Betriebsergebnis/EBIT im Bereich gentechnisch veränderten Saatguts 1)

In Mio. US Dollar	2001	2002	2003	2004	2005	2006
Monsanto EBIT bzw. Betriebsergebnis „Seeds and Genomics“	k. A.	k. A.	182	196	374	794
Syngenta EBIT bzw. Betriebsergebnis „Seeds“	71	68	59	5	91	99
Dupont Pioneer EBIT bzw. Betriebsergebnis „Crop Production“	k. A.	203	282	331,8	376	278

1) Jeweils aktuelle Daten, Unterschiede zu früheren Veröffentlichungen möglich.
Quelle: siehe Indikatorenblatt GG-2.3.

Laufende Nr.	GG-3.1
Name des Indikators	Öffentliche Forschungsaufwendungen für die grüne Gentechnologie
Zweck des Indikators	Bestimmung des wissenschaftlichen und wirtschaftlichen Potentials.
Berechnungsformel	Durchschnittlicher Anteil pro Jahr, gemittelt aus den Forschungsausgaben von sechs Jahren.
Datenquelle	http://www.bmbf.de/de/2303.php http://www.bmbf.de/pub/forschung_und_innovation_05-07.pdf http://www.gruene-gentechnik.de/dgg/dokumente/GG-BMBF.pdf http://www.bmbf.de/press/1506.php http://www.unternehmen-region.de/de/1323.php http://www.bmbf.de/press/1814.php http://www.fz-juelich.de/ptj/gabi-future http://www.bmbf.de/press/1724.php http://www.gesundheitsforschung-bmbf.de/de/360.php http://www.bmbf.de/de/1277.php
Verfügbarkeit der Daten	Öffentlich
Abgrenzung der Berechnungsgrößen	Die Angaben beziehen sich auf die seitens der Bundesministerien finanzierte Forschung und Entwicklung; nicht berücksichtigt sind Aufwendungen der Bundesländer und der EU.
Zähler	Angestrebt (vgl.: Abschnitt zur Aussagefähigkeit): Ausgaben sämtlicher Bundesministerien für Forschung und Entwicklung im Bereich der grünen Gentechnologie. Derzeit verfügbar (vgl.: Abschnitt zur Aussagefähigkeit): Ausgaben des BMBF
Nenner	
Gliederung der Kennzahl	
Berechnungshäufigkeit	
Zur Aussagefähigkeit	<p>Die absolute Höhe der öffentlich finanzierten Forschungsförderung erlaubt einerseits Rückschlüsse auf das wissenschaftliche und wirtschaftliche Potential der grünen Gentechnologie, das seitens des Staates angenommen wird. Eine öffentliche Förderung muss sich gerade bei gesellschaftlich umstrittenen Ansätzen wie dem Gentechnikeinsatz bei Pflanzen und Lebensmitteln dem öffentlichen Diskurs stellen. Somit ist der Indikator andererseits auch ein Gradmesser für das politische und gesellschaftliche Klima hinsichtlich der grünen Gentechnologie.</p> <p>Allerdings bestehen sehr große Abgrenzungsprobleme dabei, die finanziellen Forschungsaufwendungen im Bereich der grünen Gentechnologie im komplexen Gefüge der Agrar- und Ernährungsforschung zu erfassen. Diese umfasst die Bereiche Ernährung, Land- und Forstwirtschaft, Fischerei und Holzwirtschaft sowie die Entwicklung ländlicher Räume und schließt dabei die gesamte Prozesskette von den genetischen Ressourcen über die Züchtung, Produktion, Verarbeitung und Vermarktung bis zum Konsum und den damit verbundenen gesundheitlichen Wirkungen mit ein. Damit betrifft die Agrar- und Ernährungsforschung zahlreiche Teildisziplinen mit mannigfaltigen Querverbindungen in Wissenschaften wie Ökonomie, Gesellschafts- und Sozialwissenschaften, und an vielen Stellen in diesem Geflecht können Forschungsvorhaben mit Berührungspunkten zur grünen Gentechnologie vorliegen. Bereits für die Agrar- und Ernährungsforschung insgesamt sind die Forschungsausgaben sehr schwer in den Haushalten der Bundesministerien ersichtlich (Quelle: siehe Indikatorenblatt. a) Ober, S. (2004): Agrarforschung in Deutschland.</p>

Im Auftrag der Zukunftsstiftung Landwirtschaft:
<http://www.zs-1.de/forschung/documents/Endfassung-studie16-7-2004.pdf>

Zu den Forschungsausgaben im Bereich grüner Gentechnologie existieren somit kaum konkrete Daten: Öffentlich verfügbar ist lediglich eine Zusammenstellung der Mittel, die seitens des BMBF für Projekte mit langjähriger Laufzeit ausgegeben wurden (2002–2004). Eine jährliche Zuordnung ist mit Hilfe der öffentlich verfügbaren Daten nicht direkt leistbar. Ebenfalls nicht verfügbar sind differenzierte Angaben zu BMVEL- und BMU-Projekten, die sich mit Fragen der grünen Gentechnologie beschäftigen. Als Ergänzung sind die geplanten und laufenden Förderprogramme des BMBF mit Akzenten im Forschungsbereich der grünen Gentechnologie aufgeführt. Eine Zusammenstellung der Ausgaben für die Anteile im Bereich der grünen Gentechnologie ist allerdings nicht öffentlich zugänglich.

Generell erfasst der Indikator nicht, in welcher finanziellen Höhe die Bundesländer die Forschung und Entwicklung im Bereich der grünen Gentechnologie fördern. Die Länderförderung betrifft zum einen den Bereich der Universitäten, die Landeseinrichtungen mit Aufgaben in der Forschung und Entwicklung sowie den Bereich der Akademien. Zum anderen finanzieren die Bundesländer zusammen mit dem Bund verschiedene Institutionen, die in der Forschungsförderung tätig sind: DFG (58:42 Anteil des Bundes zum Anteil der Länder), HGF (90:10), MPG (50:50), FhG (90:10) und WGL (50:50). Die Anteile des Bundes werden über die Bundesausgaben erfasst. Der Indikator berücksichtigt nicht die Förderprogramme der Europäischen Union.

Tabelle 16: Öffentliche Forschungsaufwendungen für die grüne Gentechnologie

BMBF-Programme	Laufzeit	Gesamt Förder-volumen	Pro Jahr	Bewilligte Förder-volumen	Pro Jahr	Anteil grüne Gen-technologie ^{*2)}	Pro Jahr
Biologische Sicherheitsforschung ^{*1)}	5 Jahre			17,1	3,42	13,68 ^{*2)}	2,74
GABI ^{*1)}	5 Jahre			27,4	5,48	7,12 ^{*2)}	1,43
Nachhaltige BioProduktion ^{*1)}	5 Jahre			26,5	5,30	7,16 ^{*2)}	1,43
Netzwerke der molekularen Ernährungsforschung 2002–2009	7 Jahre	7,2	1				
Inno Regio 1999–2006	7 Jahre	255,6	36,5				
Ernährung – moderne Verfahren der Lebensmittelherzeugung		Förderung läuft 2005 aus					
Biologische Sicherheitsforschung ab 2006	5 Jahre	16,6	3,3				
GABI 1999–2007	8 Jahre	80	10				
GABI-Future 2007-2013	6 Jahre	50	8,3				
BioIndustrie 2021 2006–2011	5 Jahre	60	12				
Plant Genomics ERA-NET 2006–2009	3 Jahre	6	2				

Angaben in Millionen Euro. Quelle: Siehe Indikatorenblatt GG-3.1.

*1) Stand: Mitte 2007

*2) Die Prozentangaben beziffern den Anteil, den Projekte im Bereich der grünen Gentechnologie im engeren Sinne ausmachen (z. B. werden bei der biologischen Sicherheitsforschung 80 Prozent für Projekte im Bereich der grünen Gentechnologie verwendet, die anderen 20 Prozent dienen für Kommunikation der Ergebnisse). Stand: 2004

Laufende Nr.	GG-3.2
Name des Indikators	Ausgaben zur Forschung und Entwicklung in Deutschland
Zweck des Indikators	Bestimmung des wissenschaftlichen und wirtschaftlichen Potentials.
Berechnungsformel	
Datenquelle	Bundesbericht Forschung 2004 (Tabelle 7) Forschung und Innovation in Deutschland 2005 (Tabelle 7) Bundesbericht Forschung 2006 http://www.bmbf.de/pub/bufo2006.pdf
Verfügbarkeit der Daten	Öffentlich
Abgrenzung der Berechnungsgrößen	Die Angaben beziehen sich auf die seitens der Bundesministerien finanzierte Forschung und Entwicklung; nicht berücksichtigt sind Aufwendungen der Bundesländer und der EU.
Zähler	Ausgaben sämtlicher Bundesministerien für Forschung und Entwicklung im Bereich der grünen Gentechnologie.
Nenner	
Gliederung der Kennzahl	Aufgliederung nach Ressorts.
Berechnungshäufigkeit	Jährlich
Zur Aussagefähigkeit	Die absolute Höhe der öffentlich finanzierten Forschungsförderung erlaubt als Vergleichsmaßstab – mehr noch als absolute Zahlen (vgl. GG-3.1) – Rückschlüsse auf den Stellenwert bestimmter Forschungsbereiche, sofern für diese abgegrenzte Zahlen zur Verfügung stehen (vgl. GG-3.3). Generell wird vom Indikator nicht erfasst, in welcher finanziellen Höhe die Bundesländer die Forschung und Entwicklung fördern. Die Länderförderung betrifft zum einen den Bereich der Universitäten, die Landeseinrichtungen mit Aufgaben in der Forschung und Entwicklung sowie den Bereich der Akademien. Zum anderen finanzieren die Bundesländer zusammen mit dem Bund verschiedene Institutionen, die in der Forschungsförderung tätig sind: DFG (58:42 Anteil des Bundes zum Anteil der Länder), HGF (90:10), MPG (50:50), FhG (90:10) und WGL (50:50). Die Anteile des Bundes sind in den Bundesausgaben enthalten. Nicht vom Indikator berücksichtigt werden die Förderprogramme der Europäischen Union.

Tabelle 17: Ausgaben zur Forschung und Entwicklung in Deutschland nach Ressorts 1)

	2000	2001	2002	2003	2004	2005	2006	2000-2006
BMBF	4564,5	5051,7	5121,1	5095,1	4994,7	5123,1	5476,9	35427,1
BMU	163,1	153,2	159,6	167,2	151,2	183,1	173,5	1150,9
BMVEL	217,0	222,1	219,7	233,8	213,3	217,1	206,0	1529,0
Andere Ressorts	3539,9	3669,9	3623,2	3578,0	3504,0	3494,9	3771,2	25181,1
Summe	8484,5	9096,9	9123,6	9074,1	8863,2	9018,2	9627,6	63288,1

1) Jeweils aktuelle Daten, Unterschiede zu früheren Veröffentlichungen möglich.
Angaben in Millionen Euro.
Quelle: siehe Indikatorenblatt GG-3.2.

Laufende Nr.	GG-3.3
Name des Indikators	Anteil der öffentlichen Forschungsaufwendungen für die grüne Gentechnologie an den Ausgaben des BMBF für Forschung und Entwicklung
Zweck des Indikators	Bestimmung des wissenschaftlichen und wirtschaftlichen Potentials.
Berechnungsformel	
Datenquelle	Bundesbericht Forschung 2004 (Tabelle 7) http://www.bmbf.de/pub/forschung_und_innovation_05-07.pdf http://www.bmbf.de/pub/forschung_und_innovation_in_deutschland_2006.pdf http://www.bmbf.de/de/2303.php http://www.gruene-gentechnik.de/dgg/dokumente/GG-BMBF.pdf
Verfügbarkeit der Daten	Öffentlich
Abgrenzung der Berechnungsgrößen	Die Angaben beziehen sich allein auf die Forschungs- und Entwicklungsaufwendungen des BMBF.
Zähler	Ausgaben des BMBF im Bereich der grünen Gentechnologie.
Nenner	Ausgaben des BMBF für die Forschung und Entwicklung insgesamt.
Gliederung der Kennzahl	
Berechnungshäufigkeit	Jährlich
Zur Aussagefähigkeit	Die absolute Höhe der öffentlich finanzierten Forschungsförderung erlaubt als Vergleichsmaßstab – mehr noch als absolute Zahlen (vgl. GG-3.1) – Rückschlüsse auf den Stellenwert bestimmter Forschungsbereiche. Von den Ausgaben des Bundes für Forschung und Entwicklung erfolgen circa 2/3 durch das BMBF. Demgegenüber fallen die Anteile des BMU mit 1,6 Prozent und des BMVEL mit 2,7 Prozent deutlich zurück. Der Anteil der Förderung der grünen Gentechnologie am Ausgabenvolumen des BMBF ist somit ein adäquates Maß (insbesondere vor dem Hintergrund verfügbarer Angaben; vgl. GG-3.1) für das wissenschaftliche und wirtschaftliche Potential der grünen Gentechnologie, das seitens des Staates angenommen wird. Die Höhe der Forschungsaufwendungen im Bereich der grünen Gentechnologie war für 2005 und 2006 nicht öffentlich zugänglich. Lediglich einsehbar waren die gesamten Ausgaben des BMBF zur Forschung und Entwicklung.

Tabelle 18: Anteil der öffentlichen Forschungsaufwendungen

Mio Euro	Insgesamt	Pro Jahr	Anteil grüne Gentechnologie *2) 2000–2004	Pro Jahr
BMBF insgesamt 2000–2004	29 680	5 936	29 680	5 936
BMBF Programme *1)	109,7	21,94	48,42	8,91
Anteil % 2000–2004	0,37 %		0,15 %	
BMBF 2005	6 120,9	6 120,9	k. A.	k. A.
BMBF 2006	5 478,8	5 478,8	k. A.	k. A.

*1) Biologische Sicherheitsforschung, GABI, nachhaltige BioProduktion, Ernährung – moderne Verfahren der Lebensmitteleherzeugung, InnoPlanta. Vgl. GG-3.1, Stand 2004
 *2) Die Prozentangaben beziffern den Anteil, den Projekte im Bereich der grünen Gentechnologie im engeren Sinne ausmachen (z. B. werden bei der biologischen Sicherheitsforschung 80 Prozent für Projekte im Bereich der grünen Gentechnologie verwendet, die anderen 20 Prozent dienen für Kommunikation der Ergebnisse), Stand 2004
 Quelle: siehe Indikatorenblatt GG-3.3.

Laufende Nr.	GG-4.1
Name des Indikators	Anzahl der Patentanmeldungen im Bereich grüner Gentechnologie
Zweck des Indikators	Bestimmung des wissenschaftlichen und wirtschaftlichen Potentials.
Berechnungsformel	
Datenquelle	Datenbank des Deutschen Patent- und Markenamtes, Unter http://www.dpma.de/index.htm durchgeführt.
Verfügbarkeit der Daten	Öffentlich
Abgrenzung der Berechnungsgrößen	Die Daten stammen aus folgenden Kategorien nach IPC-Klassifikation (Internationale Patentklassifikation; Beschreibungen unter: http://depatisnet.dpma.de/ipc/index.html): <ul style="list-style-type: none"> ▶ IPC A01H 4/00: Neue Pflanzen oder Verfahren zu deren Gewinnung; Pflanzenreproduktion durch Gewebekulturverfahren. ▶ IPC A01H 5/00: Neue Pflanzen oder Verfahren zu deren Gewinnung; Pflanzenreproduktion durch Gewebekulturverfahren; blühende Pflanzen. ▶ IPC C12N: Mikroorganismen oder Enzyme; Zusammensetzungen aus Mikroorganismen oder Enzymen. ▶ IPC C12N 15/00: Mutation oder genetische Verfahrenstechnik; DNA oder RNA, die genetische Verfahrenstechnik betreffend; Vektoren, zum Beispiel Plasmide, oder ihre Isolierung, Herstellung oder Reinigung; Gebrauch von Wirten hierfür. ▶ IPC C12N 15/05: Herstellung von Hybridzellen durch Fusion von zwei oder mehreren Zellen, zum Beispiel Protoplastenfusion – Pflanzenzellen. ▶ IPC C12N 15/29: Rekombinante DNA-Technologie – DNA- oder RNA-Fragmente, modifizierte Formen davon – Gene, die für Pflanzenproteine codieren. ▶ IPC C12N 15/32: Rekombinante DNA-Technologie – DNA- oder RNA-Fragmente, modifizierte Formen davon – Gene, die für mikrobielle Proteine codieren – Bazillus-crystal-Proteine. ▶ IPC C12N 15/82: Rekombinante DNA-Technologie – Einschleusen von fremdem genetischen Material unter Verwendung von Vektoren; Vektoren; Verwendung von Wirten dafür; Regulation der Expression – Vektoren oder Expressionssysteme, die speziell für eukaryontische Wirte geeignet sind – für Pflanzenzellen. ▶ IPC C12N 15/83: Rekombinante DNA-Technologie – Einschleusen von fremdem genetischen Material unter Verwendung von Vektoren; Vektoren; Verwendung von Wirten dafür; Regulation der Expression – Vektoren oder Expressionssysteme, die speziell für eukaryontische Wirte geeignet sind – für Pflanzenzellen – virale Vektoren. ▶ IPC C12N 15/84: Rekombinante DNA-Technologie – Einschleusen von fremdem genetischen Material unter Verwendung von Vektoren; Vektoren; Verwendung von Wirten dafür; Regulation der Expression – Vektoren oder Expressionssysteme, die speziell für eukaryontische Wirte geeignet sind – für Pflanzenzellen – Ti-Plasmide. ▶ IPC C12N 15/90: Rekombinante DNA-Technologie – Einschleusen von fremdem genetischen Material unter Anwendung von Prozessen, die nicht anderweitig vorgesehen sind, zum Beispiel Kotransformation – stabiles Einschleusen von fremder DNA in Chromosomen. Im Falle von IPC C12N15/90 wurden lediglich Anmeldungen von Unternehmen der Pflanzenbiotechnologie gezählt.
Zähler	
Nenner	2000–2005
Gliederung der Kennzahl	
Berechnungshäufigkeit	Jährlich

Zur Aussagefähigkeit

Ein Patent erlaubt seinem Inhaber die ausschließliche kommerzielle Nutzung der Erfindung für einen bestimmten Zeitraum. Dies bedeutet, dass Wettbewerber vor Ablauf des Patentschutzes keinen kommerziellen Gebrauch von der Erfindung machen dürfen, es sei denn, der Patentinhaber erlaubt dies durch die Vergabe von Lizenzen. Nur Erfindungen, die neu sind, die eine Lösung für ein technisches Problem darstellen, auf einer erfinderischen Tätigkeit beruhen und die gewerblich angewendet werden können, sind patentfähig. Entdeckungen dagegen können nicht patentiert werden.

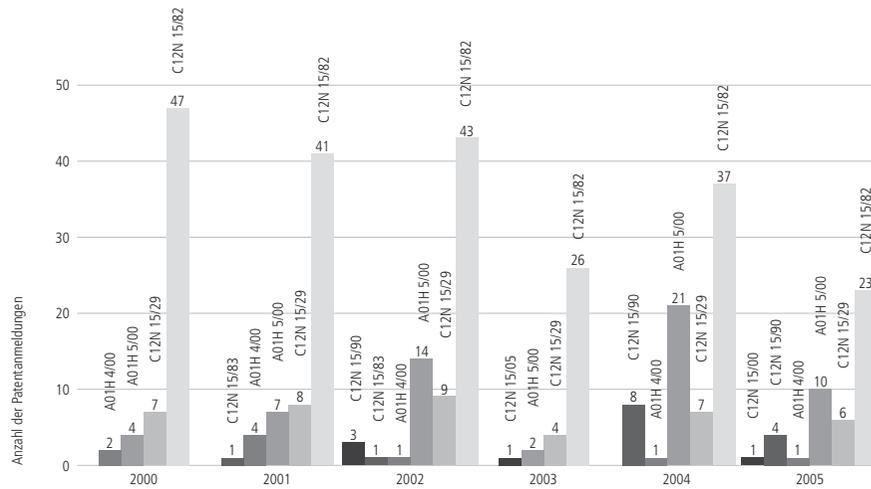
Spätestens 18 Monate nach Patentanmeldung müssen Einzelheiten der Erfindung veröffentlicht werden. Auf diese Weise wird sichergestellt, dass wissenschaftliche und technologische Kenntnisse der Öffentlichkeit zugänglich gemacht werden und der verfügbare Wissensstand erhöht wird. Darüber hinaus wird durch dieses Vorgehen ein freier und offener Austausch von Informationen gefördert.

Patente und Lizenzen schaffen Anreize für Forschungen und Investitionen. Durch die Möglichkeit der alleinigen Vermarktung der Innovation für einen festen Zeitraum wächst die Bereitschaft der Unternehmen, höhere finanzielle Risiken für langwierige Forschungs- und Entwicklungsarbeit einzugehen. Die Entwicklungskosten eines Produktes im Bereich der grünen Gentechnik sind unter anderem wegen der langen Züchtungszeiten sehr hoch. Unternehmen benötigen Zeit, diese Kosten zu amortisieren und entsprechende Gewinne – auch zum Ausgleich für das eingegangene Risiko – zu erwirtschaften.

Der Indikator stellt somit eine wichtige Größe zur Bewertung der deutschen Forschungsaktivitäten im Vergleich zum internationalen Wettbewerb dar. Gleichzeitig befürchten Kritiker dieser Patentvergabepaxis, dass durch die Patentierung landwirtschaftliche Gen-Ressourcen unter privatwirtschaftliche Verfügungsgewalt gelangen könnten, womit ein Machtzuwachs oder weitere Marktkonzentrationsprozesse einhergehen könnten.

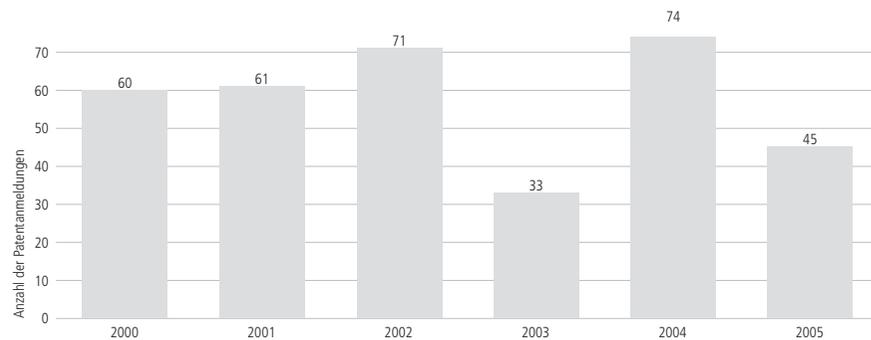
Inhaltliche Überlappungen von deutschen und europäischen Anmeldungen wurden nicht berücksichtigt (Doppelzählung möglich).

Abbildung 10: Patentanmeldungen nach IPC-Klassifikation im Bereich grüner Gentechnologie 2000–2004



Quelle: siehe Indikatorenblatt GG-4.1.

Abbildung 11: Summe der Patentanmeldungen im Bereich grüner Gentechnologie 2000–2005 *)

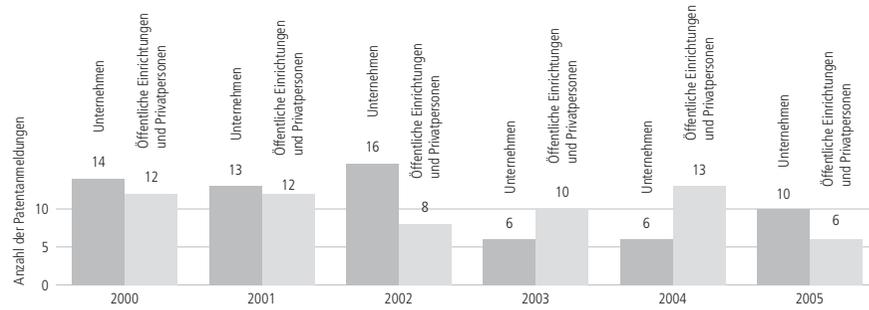


*) keine Angaben für das Jahr 2006, Offenlegung der Patente noch nicht erfolgt

Quelle: siehe Indikatorenblatt GG-4.1.

Laufende Nr.	GG-4.2
Name des Indikators	Anzahl der Patent-anmeldenden Unternehmen und öffentlichen Einrichtungen im Bereich grüner Gentechnologie
Zweck des Indikators	Bestimmung des wissenschaftlichen und wirtschaftlichen Potentials.
Berechnungsformel	
Datenquelle	Datenbank des Deutschen Patent- und Markenamtes, Unter: (http://www.dpma.de/index.htm) durchgeführt.
Verfügbarkeit der Daten	Öffentlich
Abgrenzung der Berechnungsgrößen	Die Daten stammen aus folgenden Kategorien nach IPC-Klassifikation (Internationale Patentklassifikation; Beschreibungen unter: http://depatisnet.dpma.de/ipc/index.html): <ul style="list-style-type: none"> ▶ IPC A01H 4/00: Neue Pflanzen oder Verfahren zu deren Gewinnung; Pflanzenreproduktion durch Gewebekulturverfahren. ▶ IPC A01H 5/00: Neue Pflanzen oder Verfahren zu deren Gewinnung; Pflanzenreproduktion durch Gewebekulturverfahren; blühende Pflanzen. ▶ IPC C12N: Mikroorganismen oder Enzyme; Zusammensetzungen aus Mikroorganismen oder Enzymen. ▶ IPC C12N 15/00: Mutation oder genetische Verfahrenstechnik; DNA oder RNA, die genetische Verfahrenstechnik betreffend; Vektoren, zum Beispiel Plasmide, oder ihre Isolierung, Herstellung oder Reinigung; Gebrauch von Wirten hierfür. ▶ IPC C12N 15/05: Herstellung von Hybridzellen durch Fusion von zwei oder mehreren Zellen, zum Beispiel Protoplastenfusion – Pflanzenzellen. ▶ IPC C12N 15/29: Rekombinante DNA-Technologie – DNA oder RNA Fragmente, modifizierte Formen davon – Gene, die für Pflanzenproteine codieren. ▶ IPC C12N 15/32: Rekombinante DNA-Technologie – DNA oder RNA Fragmente, modifizierte Formen davon – Gene, die für mikrobielle Proteine codieren – Bazillus crystal Proteine. ▶ IPC C12N 15/82: Rekombinante DNA-Technologie – Einschleusen von fremdem genetischen Material unter Verwendung von Vektoren; Vektoren; Verwendung von Wirten dafür; Regulation der Expression – Vektoren oder Expressionssysteme, die speziell für eukaryontische Wirte geeignet sind – für Pflanzenzellen. ▶ IPC C12N 15/83: Rekombinante DNA-Technologie – Einschleusen von fremdem genetischen Material unter Verwendung von Vektoren; Vektoren; Verwendung von Wirten dafür; Regulation der Expression – Vektoren oder Expressionssysteme, die speziell für eukaryontische Wirte geeignet sind – für Pflanzenzellen – virale Vektoren. ▶ IPC C12N 15/84: Rekombinante DNA-Technologie – Einschleusen von fremdem genetischen Material unter Verwendung von Vektoren; Vektoren; Verwendung von Wirten dafür; Regulation der Expression – Vektoren oder Expressionssysteme, die speziell für eukaryontische Wirte geeignet sind – für Pflanzenzellen – Ti-Plasmide. ▶ IPC C12N 15/90: Rekombinante DNA-Technologie – Einschleusen von fremdem genetischen Material unter Anwendung von Prozessen, die nicht anderweitig vorgesehen sind, zum Beispiel Kotransformation – stabiles Einschleusen von fremder DNA in Chromosomen. Im Falle von IPC C12N15/90 wurden lediglich Anmeldungen von Unternehmen der Pflanzenbiotechnologie gezählt.
Zähler	
Nenner	
Gliederung der Kennzahl	
Berechnungshäufigkeit	Jährlich
Zur Aussagefähigkeit	Die allgemeine Bedeutung der Patente ist zum Indikator GG-4.1 ausgeführt. Die Anzahl der patentanmeldenden Institutionen kann als Gradmesser für die wirtschaftliche Etablierung der grünen Gentechnologie dienen. So besteht einerseits die Möglichkeit, durch Betrachtung des Indikators im Zeitablauf Aussagen über die Entwicklung und das Wachstum einer Branche zu treffen. Andererseits werden Marktkonzentrationsprozesse transparent, wie sie unter anderem von Kritikern der grünen Gentechnik befürchtet werden. Der Indikator liefert keine Informationen über die reale wirtschaftliche Bedeutung eines Patentes oder den Grad seiner Anwendung.

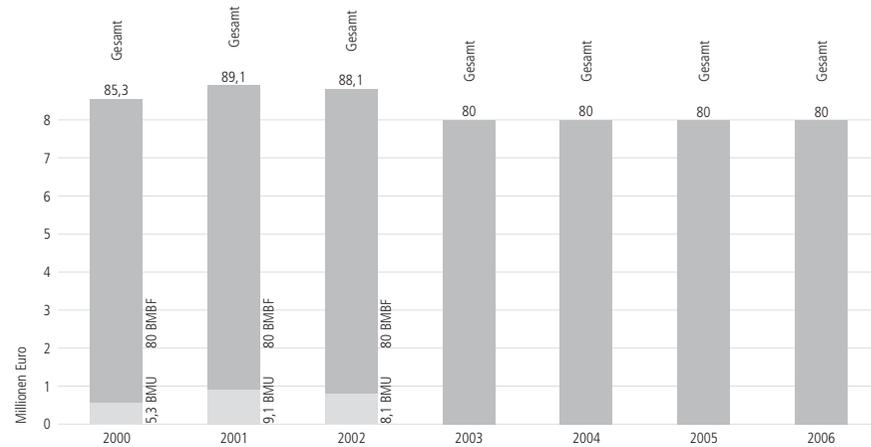
Abbildung 12: Anzahl der Patent-anmeldenden Unternehmen und öffentlichen Einrichtungen im Bereich grüner Gentechnologie 2000–2005 *)



*) Keine Angaben für das Jahr 2006, Offenlegung der Patente noch nicht erfolgt
 Quelle: siehe Indikatorenblatt GG-4.2.

Laufende Nr.	GG-5.1
Name des Indikators	Öffentliche Ausgaben für die Risikoforschung im Bereich grüner Gentechnik
Zweck des Indikators	Bemessung des Risikomanagements und der Risikoabschätzung.
Berechnungsformel	
Datenquelle	http://www.fz-juelich.de/ptj/index.php?index=477 http://www.biosicherheit.de/aktuell/132.doku.html http://www.bmbf.de/de/2303.php http://www.gruene-gentechnik.de/dgg/dokumente/GG-BMBF.pdf
Verfügbarkeit der Daten	Öffentlich
Abgrenzung der Berechnungsgrößen	Die Angaben beziehen sich auf die seitens der Bundesministerien finanzierte Forschung und Entwicklung; nicht berücksichtigt sind Aufwendungen der Bundesländer und der EU. Nicht erfasst werden außerdem Kosten, die im Rahmen von Zulassungsverfahren entstehen, die von privatwirtschaftlichen Unternehmen betrieben werden.
Zähler	Ausgaben des BMBF (vgl.: Abschnitt zur Aussagefähigkeit)
Nenner	
Gliederung der Kennzahl	
Berechnungshäufigkeit	Jährlich
Zur Aussagefähigkeit	Als potentielle ökologische Risiken der grünen Gentechnologie werden unter anderem die Auskreuzung von Transgenen zu artverwandten Wildpflanzen, der Gentransfer auf artfremde Organismen (horizontaler Gentransfer), Resistenzbildungen, Schädigungen von Nicht-Ziel-Organismen und Reduktion der biologischen Vielfalt diskutiert. Bezogen auf den Menschen sind als potentielle Risiken die Übertragung beziehungsweise die Neuausbildung allergener oder toxischer Inhaltsstoffe in der Diskussion. In welchem Maße der Einsatz der grünen Gentechnik tatsächlich das ökologische Gleichgewicht tangiert sowie mögliche gesundheitliche Implikationen werden wissenschaftlich sehr kontrovers beurteilt. In der EU ist für jede gentechnisch veränderte Pflanze vor ihrer Zulassung eine Sicherheitsbewertung durchzuführen, die sowohl diese ökologischen als auch gesundheitlichen Fragen umfasst. Zudem ist nach Zulassung ein Nachgenehmigungsmonitoring durchzuführen. Die grüne Gentechnik ist somit mit erheblichen Kosten in den Bereichen Risikoforschung und Risikomanagement verknüpft. Die Höhe öffentlicher Ausgaben für die Risikoforschung ist nicht eindeutig zu interpretieren. Zwar kann sie die Intensität der Anstrengungen aufzeigen, mögliche Risiken auszuschließen. Andererseits sagt sie nichts über die Eintrittswahrscheinlichkeit und Schadensintensität eines Risikos aus. *)Der Indikator gibt in seiner dargestellten Form ausschließlich die öffentlichen Forschungsausgaben des BMBF in diesem Bereich wieder. Angaben zu möglichen BMVEL- und BMU-Projekten, die sich mit Fragen der Risikoforschung im Bereich der grünen Gentechnologie beschäftigen, waren nicht öffentlich verfügbar.

Abbildung 13: Öffentliche Ausgaben für die Risikoforschung im Bereich grüner Gentechnik 2000–2006



Quelle: siehe Indikatorenblatt GG-5.1.

Laufende Nr.	GG-8.1
Name des Indikators	Anteil gentechnisch veränderter Sorten an zugelassenen Sorten
Zweck des Indikators	Durchsetzungsvermögen von gentechnisch veränderten Sorten und Auswirkungen auf die Nutzpflanzenbiodiversität.
Berechnungsformel	
Datenquelle	Bundessortenamt; Datenbankabfrage: http://www.bundessortenamt.de/internet20/Info IP/04/1083 der EU: http://europa.eu.int/rapid/pressReleasesAction.do?reference=IP/04/1083
Verfügbarkeit der Daten	Öffentlich
Abgrenzung der Berechnungsgrößen	Sobald eine neue Sorte in einem Mitgliedsland der EU zugelassen wird, wird die EU-Kommission davon unterrichtet und ersucht, die Sorte durch Veröffentlichung im Amtsblatt in den gemeinsamen Katalog aufzunehmen. Nur die dort verzeichneten Sorten können EU-weit in den Verkehr gebracht werden. Alle anderen Sorten sind nur in dem jeweiligen Mitgliedsstaat zugelassen. Die Abfrage der Datenbank des Bundessortenamtes erfolgte für diejenigen landwirtschaftlichen Nutzpflanzenarten (ohne Gemüse), für die in Deutschland transgene Sorten freigesetzt wurden.
Zähler	Anzahl zugelassener Sorten im deutschen Sortenkatalog.
Nenner	
Gliederung der Kennzahl	Nach: Mais, Raps, Zuckerrübe, Kartoffel.
Berechnungshäufigkeit	Jährlich*) *) Aufgrund der Datenquelle nur der Stand Mitte 2007.
Zur Aussagefähigkeit	Mit der Einführung gentechnisch veränderter Pflanzensorten wird sowohl die Ausdehnung der Sortenvielfalt verbunden als auch die Gefahr, dass sich der Anbau auf wenige Pflanzenarten und -sorten beschränkt und die Biodiversität abnimmt. Der Indikator bezieht sich auf die im Sortenkatalog gelisteten Sorten. Da für die Sortenzulassung wie für die Zulassungs-Erneuerung Gebühren für die Saatgutzüchter anfallen, erscheinen nicht alle existierenden Sorten (gerade vorhandene ältere Sorten) im Sortenkatalog. Keine Aussage trifft der Indikator hinsichtlich des tatsächlichen Anbaus gentechnisch veränderter Sorten.

Tabelle 19: Anteil gentechnisch veränderter Sorten an zugelassenen Sorten ¹⁾

	2004				2005				2006				2007			
	Insg.	(D)	%	EU	Insg.	(D)	%	EU	Insg.	(D)	%	EU	Insg.	(D)	%	EU
	(D)				(D)				(D)				(D)			
Mais	205			17	227	5	2,2	31	258	5	2,2	ca. 40	256	5	2,0	54 ²⁾
Raps	91				106				106				104			
Zuckerrübe	132				159				172				179			
Kartoffel	182				193				211				210			

1) Jeweils aktuelle Daten, Unterschiede zu früheren Veröffentlichungen möglich

2) Stand: Mitte 2007

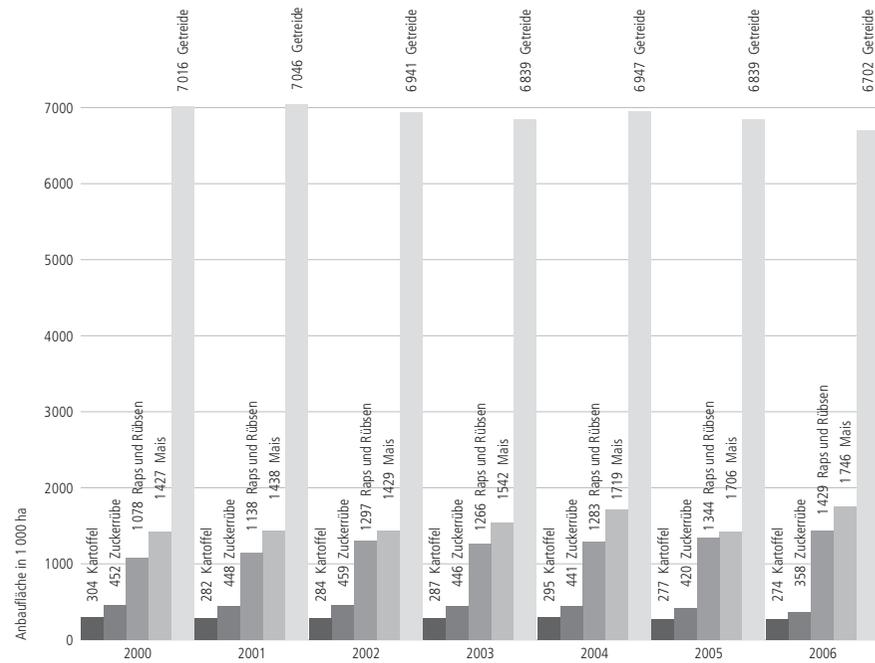
(D): Deutschlandv

Quelle: siehe Indikatorenblatt GG-8.1.

Laufende Nr.	GG-8.3
Name des Indikators	Anbauflächen einzelner Kulturarten
Zweck des Indikators	Durchsetzungsvermögen von gentechnisch veränderten Sorten und Auswirkungen auf die Nutzpflanzenbiodiversität.
Berechnungsformel	
Datenquelle	Statistisches Bundesamt: www.destatis.de
Verfügbarkeit der Daten	Öffentlich
Abgrenzung der Berechnungsgrößen	
Zähler	Anbaufläche (ha)
Nenner	
Gliederung der Kennzahl	Nach: Mais, Raps und Rüpsen, Zuckerrübe, Kartoffel und Getreide.
Berechnungshäufigkeit	Jährlich
Zur Aussagefähigkeit	Mit der Einführung gentechnisch veränderter Pflanzensorten wird sowohl die Ausdehnung der Sortenvielfalt verbunden als auch die Gefahr, dass sich der Anbau auf wenige Pflanzenarten und -sorten beschränkt und die Biodiversität abnimmt.

Der Indikator misst Veränderungen in der landwirtschaftlichen Produktion und kann Hinweise darauf geben, ob und in welchem Maße durch den Anbau gentechnisch veränderter Pflanzen (vgl. GG-8.1) der Anbau einzelner Arten zu- oder abnimmt. Einbezogen ist dabei die Möglichkeit, dass die ackerbauliche Flächennutzung insgesamt durch Zu- oder Abnahme anderer Formen der Flächennutzung variieren kann. Zu beachten ist, dass solche Veränderungen auch andere Ursachen haben können (z. B. Agrarpolitik, Verkaufspreise, Klima, neue konventionelle Sorten), so dass der Indikator vor allem Hintergrundinformationen für andere Indikatoren bereithält.

Abbildung 14: Anbauflächen einzelner Arten in Deutschland 2000–2006



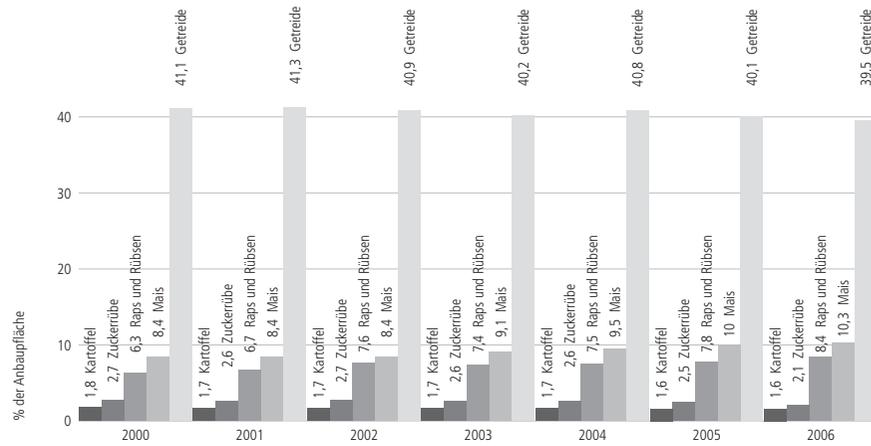
Angaben in 1000 ha.
Quelle: Statistisches Bundesamt.

Laufende Nr.	GG-8.4
Name des Indikators	Flächenanteile einzelner Arten an der landwirtschaftlichen Nutzfläche (Kulturartendiversität)
Zweck des Indikators	Durchsetzungsvermögen von gentechnisch veränderten Sorten und Auswirkungen auf die Nutzpflanzenbiodiversität.
Berechnungsformel	Kulturart/gesamte landwirtschaftliche Nutzfläche/Jahr
Datenquelle	Statistisches Bundesamt: www.destatis.de
Verfügbarkeit der Daten	Öffentlich
Abgrenzung der Berechnungsgrößen	
Zähler	Anbaufläche (ha)
Nenner	Gesamte landwirtschaftliche Nutzfläche (ha) und Jahr
Gliederung der Kennzahl	Nach: Mais, Raps und Rübsen, Zuckerrübe, Kartoffel und Getreide.
Berechnungshäufigkeit	Jährlich
Zur Aussagefähigkeit	

Mit der Einführung gentechnisch veränderter Pflanzensorten wird sowohl die Ausdehnung der Sortenvielfalt verbunden als auch die Gefahr, dass sich der Anbau auf wenige Pflanzenarten und -sorten beschränkt und die Biodiversität abnimmt.

Der Indikator misst Veränderungen in der landwirtschaftlichen Produktion und kann Hinweise darauf geben, ob und in welchem Maße durch den Anbau gentechnisch veränderter Pflanzen der Anbau einzelner Arten zu- oder abnimmt. Zu beachten ist, dass solche Veränderungen auch andere Ursachen haben können (z. B. Agrarpolitik, Verkaufspreise, Klima, neue konventionelle Sorten), so dass der Indikator vor allem Hintergrundinformationen für andere Indikatoren bereithält.

Abbildung 15: Flächenanteile einzelner Arten an der landwirtschaftliche Nutzfläche in Deutschland 2000–2006



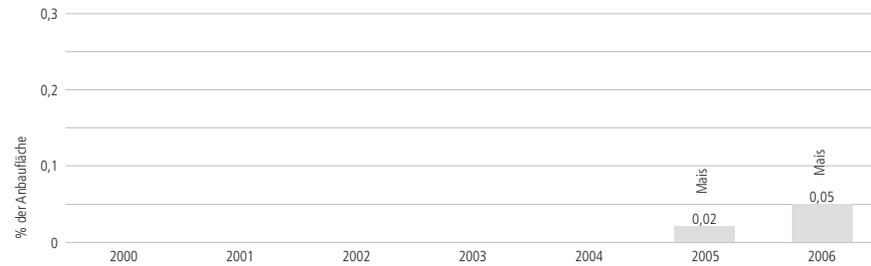
Quelle: Statistisches Bundesamt

Laufende Nr.	GG-8.5
Name des Indikators	Flächenanteile gentechnisch veränderter Sorten an der ackerbaulichen Nutzfläche einer Kulturart

Zweck des Indikators	Durchsetzungsvermögen von gentechnisch veränderten Sorten und Auswirkungen auf die Nutzpflanzenbiodiversität.
Berechnungsformel	
Datenquelle	BVL: http://www.bvl.bund.de/cln_007/nm_491798/DE/08_PressInfothek/01_InfosFuerPresse/01_PI_und_HGI/GVO/HG_auswertung_stareg_2007.html Statistisches Bundesamt: www.destatis.de
Verfügbarkeit der Daten	Öffentlich
Abgrenzung der Berechnungsgrößen	
Zähler	Anbaufläche gentechnisch veränderter Sorten (ha)
Nenner	Anbaufläche einer Kulturart (ha)
Gliederung der Kennzahl	Nach: Mais, Raps und Rüpsen, Zuckerrübe, Kartoffel und Getreide.
Berechnungshäufigkeit	Jährlich
Zur Aussagefähigkeit	Mit der Einführung gentechnisch veränderter Pflanzensorten wird sowohl die Ausdehnung der Sortenvielfalt verbunden als auch die Gefahr, dass sich der Anbau auf wenige Pflanzenarten und -sorten beschränkt und die Biodiversität abnimmt.

Für diesen Indikator liefern die beiden Indikatoren GG-8.3 „Anbauflächen einzelner Kulturarten“ und GG-8.4 „Flächenanteile einzelner Arten an der landwirtschaftlichen Nutzfläche (Kulturartendiversität)“ die entscheidenden Hintergrundinformationen. Möglich wird, die von diesen beiden Indikatoren gemessenen Veränderungen auf die Einführung gentechnisch veränderter Sorten zurück zu führen. Gleichzeitig zeichnet der Indikator ein detailliertes Bild darüber, wie sich der Anbau gentechnisch veränderter Pflanzen in der landwirtschaftlichen Primärproduktion entwickelt.

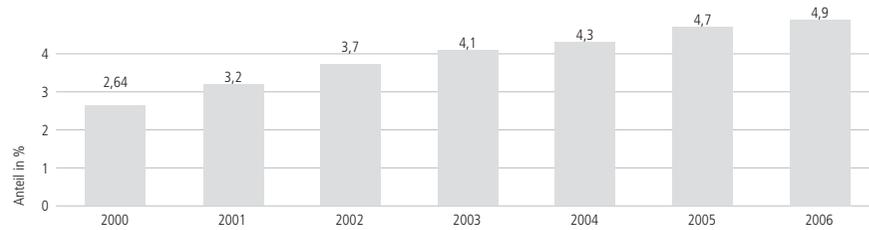
Abbildung 16: Flächenanteil gentechnisch veränderter Sorten an der ackerbaulichen Nutzfläche einer Kulturart



Quelle: siehe Indikatorenblatt GG-8.5.

Laufende Nr.	GG-12.1
Name des Indikators	Flächenanteil des Ökolandbaus an der gesamten landwirtschaftlichen Nutzfläche
Zweck des Indikators	Koexistenz gentechnisch veränderter Pflanzen mit dem ökologischen Anbau.
Berechnungsformel	
Datenquelle	BLE; AGÖL; BÖLW; Statistisches Bundesamt; ZMP, unter: http://www.oekolandbau.de/index.cfm/uuid/0005EA68BB861F27B64A6521C0A8D816/and_uuid/00078887C1BD10EBBF306666C0A87836 http://www.oekolandbau.de/erzeuger/fachuebergreifende-themen/oeko-landbau-in-zahlen/
Verfügbarkeit der Daten	Öffentlich
Abgrenzung der Berechnungsgrößen	Zu Grunde gelegt wird die Fläche, die in Deutschland nach der EG-Öko-Verordnung bewirtschaftet wird.
Zähler	Anbaufläche des Ökolandbaus (ha)
Nenner	Gesamte landwirtschaftliche Nutzfläche (ha)
Gliederung der Kennzahl	
Berechnungshäufigkeit	Jährlich
Zur Aussagefähigkeit	Der ökologische Anbau wird von vielen Kritikern der grünen Gentechnik als alternative Landwirtschaftsform herausgestellt und bevorzugt. Der Indikator ist insbesondere hinsichtlich der Koexistenz beider Anbauformen von Interesse, und im Vergleich mit den Anbauflächen gentechnisch veränderter Pflanzen gibt er Hinweise auf verschiedene Wechselwirkungen: So könnte die Auskreuzung von Transgenen aufgrund der für ökologische Produkte geltenden Garantie der vollständigen Gentechnikfreiheit zu Absatzproblemen und zu einem Rückgang des ökologischen Anbaus führen. Bei hohem Haftungsrisiko der Landwirte, die gentechnisch veränderte Pflanzen anbauen, könnte bei der Auskreuzung von Transgenen die Wechselwirkung in entgegengesetzte Richtung wirken und ein Hemmnis für den Anbau gentechnisch veränderter Pflanzen darstellen. Andererseits könnte der kommerzielle Anbau gentechnisch veränderter Pflanzen parallel auch eine verstärkte Nachfrage nach gentechnikfreien Produkten auslösen und damit zu einer Ausdehnung der Ökoanbaufläche beitragen. Zu beachten ist, dass der Anbau gentechnisch veränderter Sorten nicht den einzigen Faktor darstellt, der die Fläche des Ökolandbaus beeinflusst; wichtige Einflussfaktoren sind beispielsweise die Agrarpolitik und die Nachfrageseite.

Abbildung 17: Flächenanteil des Ökolandbaus an der gesamten landwirtschaftlichen Nutzfläche in Deutschland 2000–2006



Quelle: siehe Indikatorenblatt GG-12.1.

Laufende Nr.	GG-14.1
Name des Indikators	Verbraucherakzeptanz der grünen Gentechnologie
Zweck des Indikators	Konfliktpotential von gentechnisch veränderten Pflanzen und Lebensmitteln.
Berechnungsformel	
Datenquelle	(1) Greenpeace e.V.: Ergebnisse einer Emnid-Studie (September bis November 2003). Unter: http://www.greenpeace.org/deutschland/?page=/deutschland/greenpeace/jahresrueckblicke/jahresrueckblick-2003/6--aktionen-im-november-und-dezember-2003 (2) Institut für Demoskopie Allensbach (2001): Verändertes Meinungsklima gegenüber der Gentechnologie. Unter: http://www.bio-scope.org/attach/pdf/umfragegesamt.pdf (3) Eurobarometer 58.0 (2002). Unter: http://europa.eu.int/comm/public_opinion/archives/eb/ebs_177_en.pdf (4) Eurobarometer 64.3 (2005). Unter: http://www.ec.europa.eu/research/press/2006/pdf/pr1906_eb_64_3_final_report-may2006_en.pdf (5) http://www.keine-gentechnik.de/bibliothek/basis/studien/forsa_umfrage_geenfood_050730.pdf
Verfügbarkeit der Daten	Öffentlich
Abgrenzung der Berechnungsgrößen	Akzeptanzuntersuchungen mit Fragestellungen zu gentechnisch veränderten Pflanzen und gentechnisch veränderten Lebensmitteln für Deutschland. Die Daten sind wegen unterschiedlicher Fragestellung und Arbeitsmethoden nur sehr eingeschränkt miteinander vergleichbar.
Zähler	
Nenner	
Gliederung der Kennzahl	
Berechnungshäufigkeit	Einmalig
Zur Aussagefähigkeit	Die Verbraucherakzeptanz landwirtschaftlicher Produkte, die unmittelbar oder mittelbar aus gentechnisch veränderten Pflanzen gewonnen wurden, ist von entscheidender Bedeutung für den kommerziellen Erfolg gentechnisch veränderter Pflanzen. Trotz des prinzipiellen methodischen Problems der Übertragbarkeit geäußelter Angaben auf reales Verhalten dienen quantitative Akzeptanzuntersuchungen Befürwortern wie Kritikern der grünen Gentechnologie gleichermaßen als Argumentationshilfe: Erstere greifen Akzeptanzsteigerungen und die Zustimmung zu konkreten Anwendungszielen der grünen Gentechnologie auf, letztere sehen konstant niedrige oder fallende Akzeptanzwerte als Bestätigung ihrer kritischen Haltung. Vor diesem Hintergrund empfiehlt es sich, erstens anwendungsbezogene Fragen von pauschalen Einschätzungen zu unterscheiden sowie zweitens Aussagen zu gentechnisch veränderten Pflanzen von solchen über gentechnisch veränderte Lebensmittel zu trennen. Generell sind die vom Indikator erfassten quantitativen Ergebnisse hinsichtlich gewählter Arbeits- und Auswertungsmethodik zu bewerten. Direkt vergleichbar sind nur periodisch wiederkehrende Untersuchungen mit gleichem Aufbau, gleichen Fragen und gleicher Auswertungsmethodik.

Tabelle 20: Umfrageergebnisse zur Verbraucherakzeptanz der grünen Gentechnologie

Untersuchte Frage	Untersuchungs-jahr (Quelle)	Stimmen zu	Lehnen ab	Gesamtbefragte
Würden Sie sich mit genetisch veränderten Nahrungsmitteln ernähren?	2003(1)	19,5 %	74,4 %	4 042
Wie wichtig finden Sie eine Kennzeichnung von genetisch veränderten Nahrungsmitteln?	2003(1)	88,4 % finden es wichtig	2,6 % finden es unwichtig	4 042
Stimmen Sie persönlich der Vermischung von Saatgut mit Gen-Samen zu oder lehnen Sie dies ab?	2003(1)	10,3 %	68,3 %	4 042
Stimmen Sie persönlich der Verwendung von gentechnisch verändertem Tierfutter zu oder lehnen Sie dies ab?	2003(1)	9,7 %	72,1 %	4 042
Finden Sie die Nutzung der Gentechnologie gut zur Züchtung von Getreide und anderen Pflanzen, um sie gegen Schädlinge und Krankheiten immun zu machen?	1998(2)	38 %	37 %	2 049
	2001(2)	46 %	31 %	2 049
Finden Sie die Nutzung der Gentechnologie gut zur Züchtung von Getreide und anderen Pflanzen, um die Ernteerträge zu erhöhen?	1998(2)	29 %	48 %	2 049
	2001(2)	37 %	41 %	2 049
Es sollten rasche Fortschritte gemacht werden um mit Hilfe der Gentechnik Pflanzen und Getreidesorten zu entwickeln, die auch in kargen Gegenden der Dritten Welt angepflanzt werden können.	2001(2)	67 %	20 %	2 049
Es sollten rasche Fortschritte gemacht werden um mit Hilfe der Biotechnologie Obst- und Gemüsesorten zu entwickeln, die lange frisch bleiben.	2001(2)	26 %	57 %	2 049
Würden Sie GV-Nahrungsmittel kaufen und essen? (Annahme unterschiedlicher Gründe wie weniger Pestizide enthaltend, umweltfreundlicher, besserer Geschmack, Angebot in einem Restaurant, weniger Fett enthaltend, sind billiger)	2002(3)	24–40 %	48–65 %	Mehrere Tausend
	2005 (4)	36–58 %	38–58 %	
Unterstützung gentechnisch veränderter Pflanzen (mehrere Einzelfragen) in Deutschland.	1999(3)	69 % *)		Mehrere Tausend
	2002(3)	67 % *)		
	2005(4)	k. A.		
Unterstützung gentechnisch veränderter Lebensmittel (mehrere Einzelfragen) in Deutschland.	1999(3)	49 % *)		Mehrere Tausend
	2002(3)	48 % *)		
	2005 (4)	30 % *)		
Würden Sie GV-Nahrungsmittel kaufen, wenn sie besser schmecken?	1999(4)	22 %	66 %	16 082
Würden Sie mehr für Nicht-GV-Nahrungsmittel bezahlen?	1999(4)	53 %	36 %	16 082
Lehnen Sie gentechnisch veränderte Bestandteile in der Nahrung ab? (ganz Deutschland)	2005 (5)	79 %	17 % ist es egal, wenn der Preis stimmt	1 001

*) Prozentangaben in Bezug auf „decided public“ 1999: 49% aller Befragten; 2002: 45% aller Befragten; 2005: 49% aller Befragten
Quelle: siehe Indikatorenblatt GG-14.1.

Laufende Nr.	GG-14.2
Name des Indikators	Akzeptanz gentechnisch veränderter Pflanzen bei Landwirten (gentechnikfreie Regionen)
Zweck des Indikators	Konfliktpotential von gentechnisch veränderten Pflanzen und Lebensmitteln.
Berechnungsformel	Anzahl und Größe landwirtschaftlicher Flächen aus der Initiative „gentechnikfreie Regionen“ in Deutschland.
Datenquelle	http://www.faire-nachbarschaft.de http://www.bund.net/lab/reddot2/pressmitteilungen_3989.htm ; Statistisches Bundesamt; http://www.destatis.de/basis/d/forst/forstab1.php
Verfügbarkeit der Daten	Öffentlich
Abgrenzung der Berechnungsgrößen	
Zähler	
Nenner	
Gliederung der Kennzahl	
Berechnungshäufigkeit	Jährlich
Zur Aussagefähigkeit	Wiedergegeben wird die geäußerte Bereitschaft von Landwirten, zunächst für einen begrenzten Zeitraum freiwillig auf den Anbau gentechnisch veränderter Pflanzen und die Verwendung gentechnisch veränderter Tierfuttermittel zu verzichten. Dabei wird nicht unterschieden, ob in den so genannten gentechnikfreien Region konventionell oder ökologisch produzierende Landwirtschaftsbetriebe zusammengeschlossen sind. Ebenfalls unberücksichtigt bleibt, inwieweit es sich um kompakt geschlossene oder einzeln verstreute Flächen handelt. Der Indikator gibt einen Hinweis darauf, inwieweit gentechnisch veränderte Pflanzen bei Landwirten auf Ablehnung treffen und für gesellschaftliche Konflikte in den Anbauregionen stehen. Allerdings bleibt offen, in welchem Maße diese Absichtserklärung mit tatsächlichem Handeln korreliert, sobald eine Koexistenz bei Anbau, Verarbeitung und Vermarktung für gentechnisch veränderte Pflanzen großflächig etabliert ist und damit Kosten- und Nutzenfaktoren feststehen. Für die Zukunft ist zu beobachten, wie sich die Initiative „gentechnikfreier Regionen“ entwickelt und wie groß der Anteil konventionell wirtschaftender Betriebe ist.

Tabelle 21: „Gentechnikfreie“ Regionen ¹⁾

	2004 (Gesamt 2003)	Anteil	2005 (Gesamt 2005)	Anteil	2006 (Gesamt 2005)	Anteil	2007 (Gesamt)	Anteil
„Gentechnikfreie“ Regionen	50		53		93		98	
Mitunterzeichnende Betriebe	11 600 (Gesamt 420 697)	2,8 %	11 000 (Gesamt 396 581)	2,8 %	20 357 (Gesamt 396 581)	5,1 %	20 949 (gesamt 2005: 396 581)	5,3%
Fläche	430 000 ha (Gesamt 17 007 968 ha)	2,5 %	451 000 ha (Gesamt 17 023 959 ha)	2,6 %	697 478 ha (Gesamt 17 023 959 ha)	4,1 %	725 003 ha (gesamt 2006: 16 951 000 ha)	4,3%

1) Jeweils aktuelle Daten, Unterschiede zu früheren Veröffentlichungen möglich.
Quelle: siehe Indikatorenblatt GG-14.2.

Laufende Nr.	GG-14.3
Name des Indikators	Akzeptanz gentechnisch veränderter Pflanzen bei Landwirten (geäußerte Zustimmung)
Zweck des Indikators	Konfliktpotential von gentechnisch veränderten Pflanzen und Lebensmitteln.
Berechnungsformel	Prozentualer Anteil der Befragten mit zustimmender/ablehnender Einstellung.
Datenquelle	Informationsdienst Gentechnik, Studie der Wickert Institute i.A. von Greenpeace e.V. 2002; http://www.keine-gentechnik.de/bibliothek/basis/studien/gp_bauern_umfrage_031001.pdf
Verfügbarkeit der Daten	Öffentlich
Abgrenzung der Berechnungsgrößen	
Zähler	
Nenner	
Gliederung der Kennzahl	
Berechnungshäufigkeit	Einmalig
Zur Aussagefähigkeit	Die Landwirte sind ein wichtiger Teil der Wertschöpfungskette, innerhalb derer der ökonomische Nutzen des Gentechnikensatzes bei Pflanzen verteilt wird. Bisherige gentechnische Veränderungen zielen unmittelbar auf den Anbau (Insektenresistenz, Herbizidtoleranz) und versprechen nicht zuletzt den Landwirten wirtschaftliche Vorteile. Der Indikator reflektiert die geäußerte Bereitschaft der Landwirte, gentechnisch veränderte Pflanzen anzubauen und liefert damit einen Hinweis darauf, inwieweit die Landwirte wirtschaftliche Vorteile für sich selbst sehen. Offen ist, in welchem Maße die geäußerte Bereitschaft mit tatsächlichem Handeln korreliert, sobald eine Koexistenz bei Anbau, Verarbeitung und Vermarktung für gentechnisch veränderte Pflanzen großflächig etabliert ist und damit Kosten- und Nutzenfaktoren feststehen. Zudem sind die vom Indikator erfassten quantitativen Ergebnisse hinsichtlich gewählter Arbeits- und Auswertungsmethodik zu bewerten.

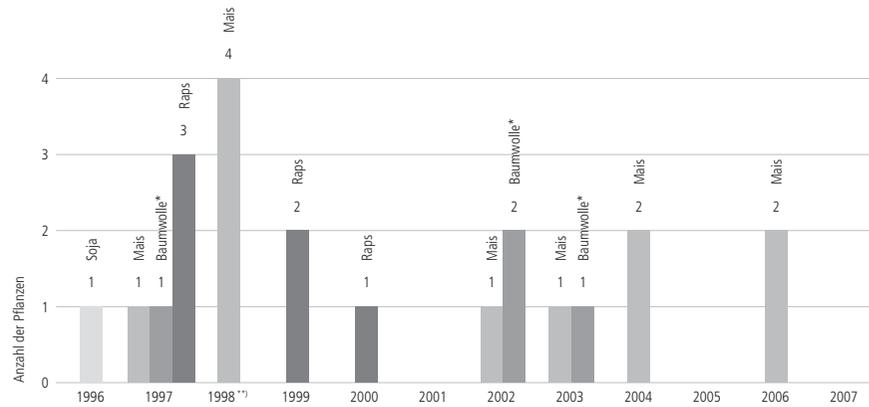
Tabelle 22: Akzeptanz gentechnisch veränderter Pflanzen bei Landwirten

Untersuchte Frage	Untersuchungsjahr	Stimmen zu	Lehnen ab	Gesamtbefragte
Würden Sie in Zukunft gentechnisch verändertes Saatgut anbauen?	2002	17 %	70 %	1 031
Würden Sie gentechnisch verändertes Tierfutter verwenden?	2002	11 %	72 %	1 031

Quelle: siehe Indikatorenblatt GG-14.3.

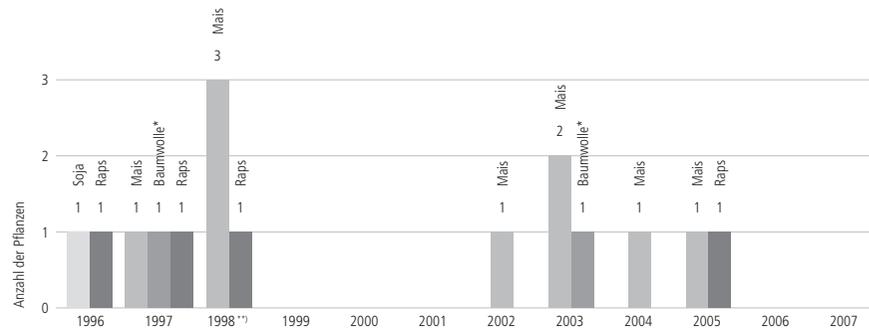
Laufende Nr.	GG-15.2
Name des Indikators	Anzahl als Lebensmittel und Futtermittel zugelassener gentechnisch veränderter Pflanzen
Zweck des Indikators	Durchsetzungsvermögen von gentechnisch veränderten Pflanzen und aus ihnen hergestellten Lebensmitteln.
Berechnungsformel	
Datenquelle	<p>GENETICALLY MODIFIED (GM) FOODS AUTHORISED IN THE EUROPEAN UNION UNDER THE NOVEL FOOD REGULATION (EC) 258/97, Unter:http://europa.eu.int/comm/food/food/biotechnology/authorisation/258-97-ec_authorized_en.pdf</p> <p>GMOS AUTHORISED FOR FEED USE IN THE EUROPEAN UNION IN ACCORDANCE WITH DIRECTIVES 90/220/EEC AND 2001/18/EC, Unter:http://europa.eu.int/comm/food/food/biotechnology/authorisation/2001-18-ec_authorized_en.pdf</p> <p>NOTIFICATIONS OF EXISTING PRODUCTS RECEIVED BY THE COMMISSION PURSUANT TO ARTICLES 8 AND 20 OF REGULATION (EC) 1829/2003 ON GM FOOD AND FEED. Unter:http://europa.eu.int/comm/food/food/biotechnology/gmfood/notifications_existing_product.pdf</p> <p>Zusammenstellung unter: http://www.transgen.de/zulassung</p>
Verfügbarkeit der Daten	Öffentlich
Abgrenzung der Berechnungsgrößen	
Zähler	Summe der als Lebensmittel und Futtermittel zugelassenen gentechnisch veränderten Pflanzen (inklusive Import).
Nenner	
Gliederung der Kennzahl	
Berechnungshäufigkeit	
Zur Aussagefähigkeit	Der Indikator zeigt die Summe der als Lebensmittel und Futtermittel zugelassenen gentechnisch veränderten Pflanzen. Bei den Zulassung wird differenziert zwischen dem Anbau gentechnisch veränderter Pflanzen in der EU, der Einfuhr gentechnisch veränderter Pflanzen in die EU und der Verwendung der gentechnisch veränderten Pflanzen als Lebensmittel oder Futtermittel.

Abbildung 18: In der EU als Lebensmittel zugelassene gentechnisch veränderte Pflanzen



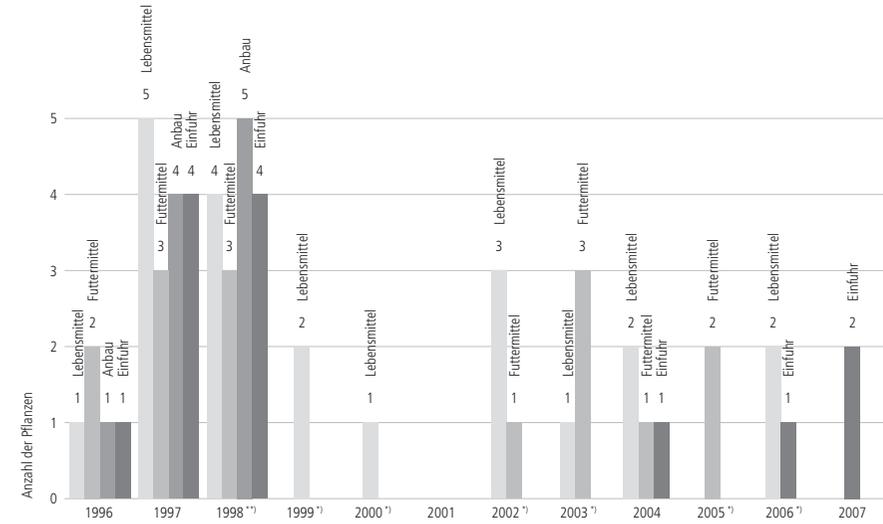
*) Öl aus Baumwollsaat
 **) Genehmigung für Mon 810 ist ausgelaufen. Antrag auf Neuzulassung wurde gestellt.
 Quelle: siehe Indikatorenblatt.

Abbildung 19: In der EU als Futtermittel zugelassene gentechnisch veränderte Pflanzen



*) Öl aus Baumwollsaat
 **) Genehmigung für Mon 810 ist ausgelaufen. Antrag auf Neuzulassung wurde gestellt.
 Quelle: siehe Indikatorenblatt GG-15.2.

Abbildung 20: In der EU als Futter- und Lebensmittel zugelassene gentechnisch veränderte Pflanzen differenziert nach Anbau und Einfuhr



teilweise Doppelzählungen, da gleichzeitig zugelassen als Lebens- und Futtermittel
 *) teilweise Klassifikation lediglich nach Lebens- und Futtermittel, aber nicht nach Anbau/Einfuhr
 **) Genehmigung für Mon 810 ist ausgelaufen. Antrag auf Neuzulassung wurde gestellt.
 Quelle: siehe Indikatorenblatt GG-15.2.

8. Handlungsbedarf

Es besteht unverändert Handlungsbedarf hinsichtlich der Eindeutigkeit und Verlässlichkeit der Politik: Einerseits wird die grüne Gentechnik gefördert (BMBF), andererseits bestehen noch immer rechtliche Rahmenbedingungen, die die breite Anwendung grüner Gentechnik derzeit de facto verhindern (BMELV). Für die Grundlagenforschung ist zu fordern, dass aus genehmigten Freisetzungsversuchen erfolgende Auskreuzungen nicht als kommerzielles Inverkehrbringen gewertet werden. Dazu müssen Regelungen gefunden werden, die die Forschung nicht behindern, aber gleichzeitig dem Sicherheitsbedürfnis von Landwirten und Verbrauchern Rechnung tragen.

Das wichtige politische Ziel der Ökologisierung der Landwirtschaft darf nicht auf die Förderung des ökologischen Landbaus beschränkt bleiben. Vielmehr müssen die vielfältigen Verfahren und methodischen Ansätze der grünen Gentechnik (Transgen- und Cisgentechnologien, Smart Breeding) berücksichtigt und in eine sinnvolle Gesamtstrategie zur Entwicklung einer nachhaltigen und ökologischen Landnutzung einbezogen werden. Zu berücksichtigen sind dabei vor allem jene Möglichkeiten, die der Anbau gentechnisch veränderter Sorten in Bezug auf Ressourcen- und Umweltschonung gegenüber konventionellen Anbaumethoden ermöglicht (zum Beispiel Herbizid- und Insektizideinsparung).

Das wissenschaftliche und personelle Know-how in Deutschland muss als Motor zukünftiger Innovationen langfristig gesichert werden, auch um mit internationalen Forschungsentwicklungen Schritt zu halten. Gerade neuere Ansätze der grünen Gentechnik (zum Beispiel verbesserte Nährstoffzusammensetzung und -effizienz, Optimierung von Kulturpflanzen der Drittwelt- und Schwellenländer, pharmarelevante Inhaltsstoffe, nachwachsende Rohstoffe, Biomasseproduktion) verdienen weiterhin Aufmerksamkeit und finanzielle Förderung.

9. Literatur und Verzeichnisse

9.1. Literaturverzeichnis

- Abranches, R., Marcel, S., Arcalis, E., Altmann, F., Fevreiro, P., Stoger, E. (2005): „Plants as bioreactors. A comparative study suggests that *Medicago truncatula* is a promising production system.“ In: *Journal of Biotechnology* 120(1), S. 121–134.
- Agrawal, G.K., Jwa, N.S., Iwahashi, Y., Yonekura, M., Iwahashi, H., Rakwal, R. (2006): „Rejuvenating rice proteomics. Facts, challenges, and visions.“ In: *Proteomics*. Online-Publikation 22.09. 2006.
- Agrawal, G.K., Thelen, J.J. (2006): „Large-scale identification and quantitative profiling of phosphoproteins expressed during seed filling in oilseed rape.“ In: *Molecular and Cellular Proteomics*. Online-Publikation 06.07. 2006.
- Agricultural Online (2004): „Corn farmers must implement refuges or risk access to Bt technology.“ Vom 27. 4. 2005. Unter: http://www.agriculture.com/ag/story.jhtml?storyid=/templatedata/ag/story/data/agNews_51657.xml.
- Ahloowalia, B.S., Maluszynski, M., Nichterlein, K. (2004): „Global Impact of mutation-derived varieties.“ In: *Euphytica* 135, S. 187–204.
- Aristidou, A., Penttilä, M. (2000): „Metabolic engineering applications to renewable resource utilization.“ In: *Current Opinion in Biotechnology* 11, S. 187–198.
- Beckmann, V., Soregaroli, C., Wessler, J. (2006): „Governing the Co-Existence of GM Crops. Ex-Ante Regulation and Ex-Post Liability under Uncertainty and Irreversibility.“ Humboldt University Berlin, Division of Resource Economics. ICAR Discussion Paper 12/2006, Berlin.
- Beckmann, V., Wessler, J. (im Druck): „Spatial Dimension of Externalities and the Coase Theorem. Implications for Coexistence of Transgenic Crops.“ In: Heijman, W. (Hrsg.): „Regional Externalities.“ Springer, Berlin.
- Benbrook, C.M. (2003): „Impacts of Genetically Engineered Crops on Pesticide Use in the United States: The First Eight Years.“ In: *BioTech InfoNet*, Technical Paper Number 6, November 2003. Unter: http://www.biotech-info.net/Technical_Paper_6.pdf
- Benett, D. (2005): „Plant Bugs Increasing Nuisance in Cotton“. In: *Delta Farm Press* 24.02. 2005.
- Beusmann, V. (2002): „Agrarpolitische Rahmenbedingungen und landwirtschaftliche Leitbilder.“ In: Hohlfeld, R. (Hrsg.): „Leitbilder und Wege von Pflanzenzucht und Landbau in der modernen Industriegesellschaft.“ Vereinigung Deutscher Wissenschaftler, VDW-Materialien 1/2002, Berlin, S. 81–98.
- Bevan, M.W., Franssen, M.C.R. (2006): „Investing in green and white biotech.“ In: *Nature Biotechnology* 24, S. 765–767.
- Biosicherheit (2003): „Weniger Unkräuter, weniger Schmetterlinge.“ Vom 21.10. 2003. Unter: <http://www.biosicherheit.de/de/archiv/2003/235.doku.html>
- Biosicherheit (2005): „Handelskonflikt um Grüne Gentechnik.“ Vom 15.05. 2003. Unter: <http://www.biosicherheit.de/de/archiv/2003/204.doku.html>
- Bloomberg (2006): „Monsanto to Buy Delta & Pine Land for \$1.5 Billion.“ Unter: <http://www.bloomberg.com/apps/news?pid=20601087&sid=aKCHvPPz9uBo&refer=home>
- BMBF, Bundesministerium für Bildung und Forschung (2005): „So schmeckt die Zukunft. Sozial-ökologische Agrar- und Ernährungsforschung.“ 2. Auflage, Berlin, Bonn. Unter: http://www.sozial-oekologische-forschung.org/_media/So_schmeckt_die_Zukunft_2_Auflage.pdf
- BMBF, Bundesministerium für Bildung und Forschung (2006): „Wie Computer das Leben ergründen.“ Vom 31.07. 2006. Unter: <http://www.bmbf.de/press/1851.php>
- BMEFL, Bundesministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz (2006): „Landwirtschaftliche Betriebe nach Bodennutzung und Ländern.“ Unter: <http://www.bmelv-statistik.de>
- Bonnet, E., Van de Peer, Y., Rouze, P. (2006): „The small RNA world of plants.“ In: *New Phytologist* 171(3), S. 451–468.
- Boudet, A.M., Kajita, S., Grima-Pettenati, J., Goffner, D. (2003): „Lignins and lignocellulosics. A better control of synthesis for new and improved uses.“ In: *Trends in Plant Science* 8, S. 576–581.

- Brookes, G. (2002): „The farm level impact of using Bt maize in Spain.“ Unter: http://www.transgen.de/pdf/dokumente/brookes_spain_2002.pdf.
- Brookes, G., Barfoot, P. (2005): „GM: Crops: The Global Economic and Environmental Impact. The First Nine Years 1996–2004.“ In: *AgBioForum* 8 (2&3), S. 187–196.
- Brookes, G., Craddock, N., Kniel, B. (2005): „The Global Gm Market. Implications for the European Food Chain.“ *PG Economics*. Unter: http://www.pgeconomics.co.uk/pdf/Global_GM_Market.pdf
- BUND, Bund für Umwelt und Naturschutz Deutschland e.V. Berlin (2004): „Informationen für Bäuerinnen und Bauern zum Einsatz der Gentechnik in der Landwirtschaft.“ Unter: http://www.bund.net/lab/reddot2/pdf/gentech_bauerninfo.pdf
- BVL, Bundesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit (2006): „Öffentlicher Teil des Standortregisters.“ Unter: http://194.95.226.237/stareg_web/showflaechen.do?ab=2006
- Catchpole, G.S., Beckmann, M., Enot, D.P., Mondhe, M., Zywicki, B., Taylor, J., Hardy, N., Smith, A., King, R.D., Kell, D.B., Fiehn, O., Draper, J. (2005): „Hierarchical metabolomics demonstrates substantial compositional similarity between genetically modified and conventional potato crops.“ In: *Proceedings of the National Academy of Sciences USA* 102(40), S. 14458–14462.
- Chen, S., Harmon, A.C. (2006): „Advances in plant proteomics.“ In: *Proteomics*. Online-Publikation 14.09. 2006.
- Cornell University (2006): „Bt Cotton in China Fails to Reap Profit After Seven Years.“ Unter: <http://www.newswise.com/articles/view/522147>
- Cove, D. (2005): „The moss *Physcomitrella patens*.“ In: *Annual Review of Genetics*. 39, S. 339–358.
- CSIRO, Commonwealth Scientific and Industrial Research Organization (1996): „Smart Breeding set to pay off.“ *Vom* 02. 12. 1996. Unter: <http://www.csiro.au/communication/mediare/mr96140.htm>
- Cui, L., Veeraraghavan, N., Richter, A. Wall, K., Jansen, R.K., Leebens-Mack, J., Makalowska, I., dePamphilis, C.W. (2006): „Chloroplast DB: The Chloroplast Genome Database.“ In: *Nucleic Acids Research* 34(Database issue), S. 692–696.
- Czechowski, T., Bari, R.P., Stitt, M., Scheible, W.R., Udvardi, M.K. (2004): „Real-time RT-PCR profiling of over 1400 Arabidopsis transcription factors: unprecedented sensitivity reveals novel root- and shoot-specific genes.“ In: *Plant Journal*, 38, S. 366–379.
- Dailey, D. (2005): „Waterhemp, potentially resistant to herbicide found in NW Missouri soybean fields.“ Unter: http://www.agriculture.com/ag/story.jhtml?storyid=/templatedata/ag/story/data/agNews_050923crWEEDS.xml
- Daniell, H., Kumar, S., Dufourmantel, N. (2005): „Breakthrough in chloroplast genetic engineering of agronomically important crops.“ In: *Trends in Biotechnology* 23, S. 238–245.
- de la Fuente van Bentem, S., Anrather, D., Roitinger, E., Djamei, A., Hufnagl, T., Barta, A., Csaszar, E., Dohnal, I., Lecourieux, D., Hirt, H. (2006): „Phosphoproteomics reveals extensive in vivo phosphorylation of Arabidopsis proteins involved in RNA metabolism.“ In: *Nucleic Acids Research* 34(11), S. 3267–3278.
- Decker, E.L., Frank, W., Sarnighausen, E., Reski, R. (2006): „Moss systems biology en route. Phytohormones in *Physcomitrella* development.“ In: *Plant Biology (Stuttgart)* 8(3), S. 397–405.
- Degenhardt, H., Horstmann, F., Mülleder, N. (2003): „Bt-Mais in Deutschland. Erfahrungen mit dem Praxisanbau von 1998–2002.“ In: *MAIS – Die Fachzeitschrift für den Maisbauer Sonderdruck* 2/2003, S. 1–4.
- Degenhardt, H., Horstmann, F., Mülleder, N. (2003): „Bt-Mais in Deutschland. Erfahrungen mit dem Praxisanbau von 1998 bis 2002.“ In: *MAIS* 2/2003 (31 Jhg.). Unter: http://www.monsanto.de/biotechnologie/publikationen/Pub-BtCotton_mais.pdf
- Derelle, E., Ferraz, C., Rombauts, S., Rouze, P., Worden, A.Z., Robbens, S., Partensky, F., Degroev, S., Echeynie, S., Cooke, R., Saeyes, Y., Wuyts, J., Jabbari, K., Bowler, C., Panaud, O., Piegue, B., Ball, S.G., Ral, J.P., Bouget, F.Y., Piganeau, G., De Baets, B., Picard, A., Delseny, M., Demaille, J., Van de Peer, Y., Moreau, H. (2006): „Genome analysis of the smallest free-living eukaryote *Ostreococcus tauri* unveils many unique features.“ In: *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*. 103, S. 11647–11652.
- DG Agri, Directorate-General for Agriculture (2000): „Economic impacts of genetically modified crops on the agri-food sector. A synthesis.“ Unter: <http://europa.eu.int/comm/agriculture/publi/gmo/gmo.pdf>
- DMK, Deutsches Maiskomitee (2006): „Maisanbaufläche Deutschland in ha, 2005 und 2006 (vorläufig) nach Bundesländern und Nutzungsrichtung in ha.“ Unter: http://www.maiskomitee.de/dmk_download/fb_fakten/dateien_pdf/d_flaeche_0506.pdf
- DOE, U.S. Department of Energy, Joint Genome Institute (2006): „Energy-rich Portfolio of New Genome Sequencing Targets for DOE JGI.“ *Vom* 11.07. 2006. Unter: http://www.jgi.doe.gov/News/news_7_11_06.html

- Dow AgroSciences (2005): „Chlorogen to co-develop chloroplast transformation technology for plant cell culture and crop improvements.“ *Vom* 19.09. 2005. Unter: <http://www.dowagro.com/newsroom/corporatenews/2005/20050916a.htm>
- Drea, S., Corsar, J., Crawford, B., Shaw, P., Dolan, L., Doonan, J.H. (2005): „A streamlined method for systematic, high resolution in situ analysis of mRNA distribution in plants.“ In: *Plant Methods* 1, S. 8.
- Duffy, M. (1999): „Does Planting GMO Seed Boost Farmers' Profits?“ *Leopold Center for Sustainable Agriculture, Leopold Letter*, Vol. 11, No. 3, Iowa State University.
- Duffy, M. (2001): „Who Benefits from Biotechnology?“ Presented at the American Seed Trade Association meeting 5.–7. December 2001, Chicago, IL. Unter: http://www.leopold.iastate.edu/pubs/speech/files/120501_who_benefits_from_biotechnology.pdf
- EG (2003a): VERORDNUNG (EG) Nr. 1829/2003 DES EUROPÄISCHEN PARLAMENTS UND DES RATES vom 22.09. 2003 über genetisch veränderte Lebensmittel und Futtermittel. Unter: http://europa.eu.int/eur-lex/pri/de/oj/dat/2003/l_268/l_26820031018de00010023.pdf
- EG (2003b) VERORDNUNG (EG) Nr. 1830/2003 DES EUROPÄISCHEN PARLAMENTS UND DES RATES vom 22.09. 2003 über die Rückverfolgbarkeit und Kennzeichnung von genetisch veränderten Organismen und über die Rückverfolgbarkeit von aus genetisch veränderten Organismen hergestellten Lebensmitteln und Futtermitteln sowie zur Änderung der Richtlinie 2001/18/EG. Unter: http://europa.eu.int/eur-lex/pri/de/oj/dat/2003/l_268/l_26820031018de00240028.pdf#search=%22eu%201830%2F2003%22
- Erikson, O., Hertzberg, M., Nasholm, T. (2004): „Conditional marker gene allowing both positive and negative selection in plants.“ In: *Nature Biotechnology* 22, S. 455–458.
- Erikson, O., Hertzberg, M., Nasholm, T. (2005): „The *dsdA* gene from *Escherichia coli* provides a novel selectable marker for plant transformation.“ In: *Plant Molecular Biology* 57(3), S. 425–433.
- ETC, Action Group on Erosion, Technology and Concentration (2006): „Global Seed Industry Concentration – 2005.“ In: *Communique* September/October 2005, Issue 90. Unter: <http://www.etcgroup.org/upload/publication/48/01/seedmasterfin2005.pdf>
- Europäische Kommission (2003): „Empfehlungen der Kommission vom 23.07. 2003 mit Leitlinien für die Erarbeitung einzelstaatlicher Strategien und geeigneter Verfahren für die Koexistenz gentechnisch veränderter, konventioneller und ökologischer Kulturen.“ *Amtsblatt der Europäischen Union*, L 189/36–47., Brüssel.
- European Commission (2006): „Commission urges new drive to boost production of biofuels.“ *Vom* 8.02. 2006. Unter: <http://europa.eu.int/rapid/pressReleasesAction.do?reference=IP/06/135&type=HTML&aged=0&language= EN&guiLanguage=en>
- European Commission (2005): „Commission authorises Danish state aid to compensate for losses due to presence of GMOs in conventional and organic crops.“ *Vom* 23. 11. 2005. Unter: <http://europa.eu.int/rapid/pressReleasesAction.do?reference=IP/05/1458&format=HTML>
- FAZ, Frankfurter Allgemeine Zeitung (2006): „EU unterliegt im Gentechnik-Streit.“ *Vom* 8.02. 2006. Unter: <http://www.faz.net/s/Rub28FC768942F34C5B8297CC6E16FFC8B4/Doc-E482E5E8AF9CF4A4EB706705038BA0FEE-ATpl-Ecommon~Scontent.html>
- Fischer, R., Stoger, E., Schillberg, S., Christou, P., Twyman, R.M. (2004): „Plant-based production of biopharmaceuticals.“ In: *Current Opinion in Plant Biology* 7(2), S. 152–158.
- Flack-Zepeda, J.B., Traxler, G., Nelson, R.G. (2000): „Surplus Distribution from the Introduction of a Biotechnology Innovation.“ In: *American Journal of Agricultural Economics*, 82:2, S. 360–369.
- Franks, J.R. (1999): „The status and prospects for genetically modified crops in Europe“. In: *Food Policy* 24, S.565–584. Zitiert in: Menrad, K., Gaisser, S., Hüsing, B., Mernad, M. (2003): „Gentechnik in der Landwirtschaft, Pflanzenzucht und Lebensmittelproduktion“. Physica-Verlag, Heidelberg.
- Fridman, E., Carrari, F., Liu, Y.-S., Fernie, A.R., Zamir, D. (2004): „Zooming in on a quantitative trait for tomato yield using interspecific introgressions.“ In: *Science* 305, S. 1786–1789.
- Gaskell, G., Allansdotir, A., Allum, N., Corchero, C., Fischler, C., Hampel, J., Jackson, J., Kronberger, N., Mejlgard, N., Revuelta, G., Schreiner, C., Stares, S., Torgersen, H., Wagner, W., (2006): „Europeans and Biotechnology in 2005. Patterns and Trends.“ *Eurobarometer* 64.3, European Commission's Directorate-General for Research, unter: http://www.ec.europa.eu/research/press/2006/pdf/pr1906_eb_64_3_final_report-may2006_en.pdf#search=%22eurobarometer%2064.3%22
- Gentechnikgesetz (2004): „Gesetz zur Regelung der Gentechnik (Gentechnikgesetz – GenTG) vom 16. Dezember 1993, geändert am 21. Dezember 2004.“ *BGBI I*, S. 186.

- GFR, Gentechnikfreie Regionen (2006): „Übersicht: Gentechnikfreie Regionen in Deutschland (Stand 10.06. 2006).“ Unter: http://www.gentechnikfreie-regionen.de/regionen/regionen_13/files/2829_gfr_kurzuebersicht_extern010606.pdf
- Gianessi, L.P., Silvers, C.S., Sankula, S., Carpenter, J.E. (2002): „Plant Biotechnology: Current and Potential Impact for Improving Pest Management in US Agriculture. An Analysis of 40 Case Studies.“ National Center for Food and Agricultural Policy (NCFAP), Washington DC, unter: <http://www.ncfap.org/40CaseStudies/NCFAB%20Exec%20Sum.pdf>
- Gibon, Y., Blaesing, O.E., Hannemann, J., Carillo, P., Hohne, M., Hendriks, J.H., Palacios, N., Cross, J., Selbig, J., Stitt, M. (2004): „A robot-based platform to measure multiple enzyme activities in Arabidopsis using a set of cycling assays: comparison of changes of enzyme activities and transcript levels during diurnal cycles and in prolonged darkness.“ In: *The Plant Cell* 16, S. 3304–3325.
- Gilchrist, E.J., Haughn, G.W. (2005): „TILLING without a plough: a new method with applications for reverse genetics.“ In: *Current Opinion in Plant Biology* 8(2), S. 211–215.
- Giritch, A., Marillonnet, S., Engler, C., van Eldik, G., Botterman, J., Klimyuk, V., Gleba, Y. (2006): „Rapid high-yield expression of full-size IgG antibodies in plants coinfecting with noncompeting viral vectors.“ In: *Proceedings of the National Academy of Sciences USA* 103(40), S. 14701–14706.
- Gleba, Y., Klimyuk, V., Marillonnet, S. (2005): „Magnification. A new platform for expressing recombinant vaccines in plants.“ In: *Vaccine* 23, S. 2042–2048.
- Glenz, K., Bouchon, B., Stehle, T., Wallich, R., Simon, M.M., Warzecha, H. (2006): „Production of a recombinant bacterial lipoprotein in higher plant chloroplasts.“ In: *Nature Biotechnology* 24(1), S. 76–77.
- Gilinski, M., Weckwerth, W. (2006): „The role of mass spectrometry in plant systems biology.“ In: *Mass Spectrometry Reviews* 25(2), S. 173–214.
- Goff, S.A., Ricke, D., Lan, T.H., Presting, G., Wang, R.L., Dunn, M., Glazebrook, J., Sessions, A., Oeller, P., Varma, H., Hadley, D., Hutchinson, D., Martin, C., Katagiri, F., Lange, B.M., Moughamer, T., Xia, Y., Budworth, P., Zhong, J.P., Miguel, T., Paszkowski, U., Zhang, S.P., Colbert, M., Sun, W.L., Chen, L.L., Cooper, B., Park, S., Wood, T.C., Mao, L., Quail, P., Wing, R., Dean, R., Yu, Y.S., Zharkikh, A., Shen, R., Sahasrabudhe, S., Thomas, A., Cannings, R., Gutin, A., Pruss, D., Reid, J., Tavtigian, S., Mitchell, J., Eldredge, G., Scholl, T., Miller, R.M., Bhatnagar, S., Adey, N., Rubano, T., Tusneem, N., Robinson, R., Feldhaus, J., Macalma, T., Oliphant, A., Briggs, S. (2002): „A draft sequence of the rice genome (*Oryza sativa* L. ssp. japonica).“ In: *Science* 296, (5565), S. 92–100.
- Gomord, V., Chamberlain, P., Jefferis, R., Faye, L. (2005): „Biopharmaceutical production in plants. Problems, solutions and opportunities.“ In: *Trends in Biotechnology* 23, S. 559–565.
- Gomord, V., Faye, L. (2004): „Posttranslational modification of therapeutic proteins in plants.“ In: *Current Opinion in Plant Biology* 7(2), S. 171–181.
- Greenovation Biotech GmbH (2006): „Greenovation Cooperation receives BioChancePlus Grant from BMBF.“ Vom 02.10. 2006. Unter: http://www.greenovation.com/News_News.htm.
- GTL, Genoms To Life (2006): „Plant Feedstocks Genomics for Bioenergy.“ Unter: <http://genomicsgtl.energy.gov/research/DOEUSDA/index.shtml>
- Helmerich, T., Grundke, D., Friem, R. (2006): „Grüne Gentechnik als Arbeitsplatzmotor. Genaues Hinsehen lohnt sich.“ Bund für Umwelt und Naturschutz Deutschland e.V. Berlin.
- Herrera, S. (2006): „Bonkers about biofuels.“ In: *Nature Biotechnology* 24, S. 755–760.
- Hesse, H., Höfgen, R. (2006): „On the way to understand biological complexity in plants. S-nutrition as a case study for systems biology.“ In: *Cellular & Molecular Biology Letters* 11(1), S. 37–56.
- Hollywood, K., Brison, D.R., Goodacre, R. (2006): „Metabolomics. Current technologies and future trends.“ In: *Proteomics* 6(17), S. 4716–4723.
- HortResearch (2006): „New apple packs health punch.“ Vom 20.03. 2006. Unter: <http://www.hortresearch.co.nz/index/news/467>.
- Hucho, F., Brockhoff, K., van den Daele, W., Köchy, K., Reich, J., Rheinberger, H.-J., Müller-Röber, B., Sperling, K., Wobus, A. M., Boysen, M., Kölsch, M. (2005): „Gentechnologiebericht. Analyse einer Hochtechnologie in Deutschland.“ Spektrum Akademischer Verlag, München.
- Icon Genetics (2005): „KTRCD and Icon Genetics Announce Joint Field Trial Experiment in the United States.“ Vom 14.07. 2005. Unter: http://www.icongenetics.com/html/news_details.php?id=5935&ityp=2.
- International Federation of Organic Agriculture Movements (2005): „36 Organic Mega-Countries. Organic Sector Calls for Strict Liability Under the Cartagena Protocol on Biosafety.“ Vom 30.05. 2005. Unter: <http://www.ifoam.org/press/press/Organic-Mega-Countries.html>
- ISIS, Institute for Science in Society (2006): „Biodiesel Boom in Europe.“ Vom 06.03. 2006. Unter: <http://www.i-sis.org.uk/BBIIE.php>
- James, C. (2006): „Global Status of Commercialized Biotech/GM Crops: 2005.“ ISAAA Briefs 34-2005. Unter: <http://www.isaaa.org>
- Jefferson-Moore, K.Y., Traxler, G. (2005) „Second-Generation GMOs. Where from Here?“ In: *AgBioForum*, 8 (2&3), S. 143–150.
- Jenkins, H., Jenkins, H., Hardy, N., Beckmann, M., Draper, J. Smith, A.R., Taylor, J., Fiehn, O., Goodacre, R., Bino, R., Hall, R., Kopka, J., Lane, G.A., Lange, B.M., Liu, J.R., Mendes, P., Nikolau, B.G., Oliver, S.G., Paton, N.W., Rhee, S., Roessner-Tunali, U., Saito, K., Smedsgard, J., Sumner, L.W., Wang, T., Walsh, S., Wurtele, E.S., Kell, D.B. (2004): „A proposed framework for the description of plant metabolomics experiments and their results.“ In: *Nat. Biotechnol.* 22, S.1601–1605; siehe auch: www.armet.org
- Joshi, L., Lopez, L.C. (2005): „Bioprospecting in plants for engineered proteins.“ In: *Current Opinion in Plant Biology* 8(2), S. 223–226.
- „Kampf um Kartoffel Linda.“ Hamburger Abendblatt 19.01. 2005. Unter: <http://www.abendblatt.de/daten/2005/01/19/388575.html>
- Keurentjes, J.J., Fu, J., de Vos, C.H., Lommen, A., Hall, R.D., Bino, R.J., van der Plas, L.H., Jansen, R.C., Vreugdenhil, D., Koornneef, M. (2006): „The genetics of plant metabolism.“ In: *Nature Genetics* 38(7), S. 842–849.
- Kim, D.Y., Bovet, L., Kushnir, S., Noh, E.W., Martinoa, E., Lee, Y. (2006): „AtATM3 is involved in heavy metal resistance in Arabidopsis.“ In: *Plant Physiology* 140(3), S. 922–932.
- Koalitionsvertrag (2005): „Gemeinsam für Deutschland. Mit Mut und Menschlichkeit. Koalitionsvertrag von CDU, CSU und SPD. 11. November 2005.“ Unter: http://koalitionsvertrag.spd.de/servlet/PB/show/1645854/111105_Koalitionsvertrag.pdf
- Koornneef, M., Alonso-Blanco, C., Vreugdenhil, D. (2004): „Naturally occurring genetic variation in Arabidopsis thaliana.“ In: *Annual Reviews of Plant Biology* 55, S. 141–172.
- Kopka, J. (2006): „Current challenges and developments in GC-MS based metabolite profiling technology.“ In: *Journal of Biotechnology* 124(1), S. 312–322.
- Kumar, S., Allen, G.C., Thompson, W.F. (2006): „Gene targeting in plants: fingers on the move.“ In: *Trends in Plant Sciences* 11(4), S. 159–161.
- Kumar, S., Dhingra, A., Daniel, H. (2004): „Plastid expressed betaine aldehyde dehydrogenase gene in carrot cultured cells, roots and leaves confers enhanced salt tolerance.“ In: *Plant Physiology* 136, S. 2843–2854.
- Landtag Brandenburg (2005): „Antwort der Landesregierung auf die Kleine Anfrage Nr. 884 der Abgeordneten Carolin Steinmetzer Fraktion der Linkspartei.PDS. Landtagsdrucksache 4/2191: Maiszünsler und der Anbau gentechnisch veränderten Mais.“ Drucksache 4/2309.
- Le Lay, P., Isaure, M.P., Sarry, J.E., Kuhn, L., Fayard, B., Le Bail, J.L., Bastien, O., Garin, J., Roby, C., Bourguignon, J. (2006): „Metabolomic, proteomic and biophysical analyses of Arabidopsis thaliana cells exposed to a caesium stress. Influence of potassium supply.“ In: *Biochimie. Online-Publikation* 24.04. 2006.
- Lee, M., Lee, K., Lee, J., Noh, E.W., Lee, Y. (2005): „AtPDR12 contributes to lead resistance in Arabidopsis.“ In: *Plant Physiology* 138(2), S. 827–836.
- Lee, M.Y., Zhou, Y., Lung, R.W., Chye, M.L., Yip, W.K., Zee, S.Y., Lam, E. (2006): „Expression of viral capsid protein antigen against Epstein-Barr virus in plastids of *Nicotiana tabacum* cv. 5R1.“ In: *Biotechnol Bioeng.* 94(6), S. 1129–1137.
- Lee, S.M., Kang, K., Chung, H., Yoo, S.H., Xu, X.M., Lee, S.B., Cheong, J.J., Daniell, H., Kim, M. (2006): „Plastid transformation in the monocotyledonous cereal crop, rice (*Oryza sativa*) and transmission of transgenes to their progeny.“ In: *Mol Cells.* 21(3), S. 401–410.
- Leyman, B., Avonce, N., Ramon, M., Van Dijk, P., Thevelein, J.M., Iturriaga, G. (2004): „New selection marker for plant transformation.“ In: *Methods Molecular Biology* 267, S. 385–396.
- Leyman, B., Avonce, N., Ramon, M., Van Dijk, P., Iturriaga, G., Thevelein, J.M. (2006): „Trehalose-6-phosphate synthase as an intrinsic selection marker for plant transformation.“ In: *Journal of Biotechnology* 121(3), S. 309–317.
- Li, H.Y., Ramalingam, S., Chye, M.L. (2006): „Accumulation of recombinant SARS-CoV spike protein in plant cytosol and chloroplasts indicate potential for development of plant-derived oral vaccines.“ In: *Exp. Biol. Med.* (Maywood) 231(8), S. 1346–1352.
- Lin, Y., Tanaka, S. (2006): „Ethanol fermentation from biomass resources: current state and prospects.“ In: *Applied Microbiology and Biotechnology* 69, S. 627–642.
- Lindemann, E., Rupp, S., Sohn, K. (2006): „Universelles Verfahren für die Genexpressionsanalyse.“ In: *Biospektrum* 06.06 (12. Jahrgang), S. 636–637.

- Lloyd, A., Plaisier, C.L., Carroll, D., Drews, G.N. (2005): „Targeted mutagenesis using zinc-finger nucleases in Arabidopsis.“ In: Proceedings of the National Academy of Sciences USA 102, S. 2232–2237.
- Lu, X.M., Yin, W.B., Hu, Z.M. (2006): „Chloroplast transformation.“ In: Methods Mol Biol. 318, S. 285–303.
- Luo, Y.C., Zhou, H., Li, Y., Chen, J.Y., Yang, J.H., Chen, Y.Q., Qu, L.H. (2006): „Rice embryogenic calli express a unique set of microRNAs, suggesting regulatory roles of microRNAs in plant post-embryogenic development.“ In: FEBS Letters 580(21), S. 5111–5116.
- Luscombe, N.M., Babu, M.M. (2004): „GenCompass. a universal system for analysing gene expression for any genome.“ In: Trends in Biotechnology 22, S. 552–555.
- Lutz, K.A., Bosacchi, M.H., Maliga, P. (2006): „Plastid marker-gene excision by transiently expressed CRE recombinase.“ In: The Plant Journal 45(3), S. 447–456.
- Ma, J. K.-C., Drake, P.M.W., Christou, P. (2003): „The production of recombinant pharmaceutical proteins in plants.“ In: Nature Reviews Genetics 4, S. 794–805.
- Ma, J.K., Barros, E., Bock, R., Christou, P., Dale, P.J., Dix, P.J., Fischer, R., Irwin, J., Mahoney, R., Pezzotti, M., Schillberg, S., Sparrow, P., Stoger, E., Twyman, R.M.; European Union Framework 6 Pharma-Planta Consortium. (2005): „Molecular farming for new drugs and vaccines. Current perspectives on the production of pharmaceuticals in transgenic plants.“ In: EMBO Reports 6(7), S. 593–599.
- Mallory, A.C., Vaucheret, H. (2006): „Functions of microRNAs and related small RNAs in plants.“ In: Nature Genetics 38, S. 31–36.
- Manning, R. (2004): „Super Organics.“ In: Wired, May 2004, Issue 12.05. Unter: <http://www.wired.com/wired/archive/12.05/food.html>
- Marillonnet, S., Thoeniger, C., Kandzia, R., Klimyuk, V., Gleba, Y. (2005): „Systematic Agrobacterium tumefaciens. Mediated transfection of viral replicons for efficient transient expression in plants.“ In: Nature Biotechnology 23, S. 718–723.
- Marketing-Trendinformationen (2004): „Bio-Genfood. Gesunde Lebensmittel aus dem Labor.“ Vom 19.05.2004. Unter: http://www.marketing-trendinformationen.de/newsletter/2004/newsletter_2004_05_19.html
- MarketNewZealand.com (2006): „New Zealand Agricultural Biotechnology.“ Unter: [www.marketnewzealand.com /common/files/abc-companies.pdf](http://www.marketnewzealand.com/common/files/abc-companies.pdf)
- Marquard, E., Durka, W. (2005): „Auswirkungen des Anbaus gentechnisch veränderter Pflanzen auf Umwelt und Gesundheit: Potentielle Schäden und Monitoring.“ Bericht im Auftrag des Sächsischen Staatsministeriums für Umwelt und Landwirtschaft. UFZ-Umweltforschungszentrum Leipzig-Halle GmbH, Halle.
- Marra, M.C., Pardey, P.G., Alston, J.M. (2002): „The Payoffs to Transgenic Field Crops. An Assessment of the Evidence.“ In: AgBioForum, 5 (2), S. 43–50.
- Marshall, Brian (2006): „PMPs in clinical trials and advanced PMIPs. Research findings presented at FinMed.“ Vom 30.03.2006. Unter: <http://www.molecularfarming.com/PMPs-and-PMIPs.html>
- McCouch, S. (2004): „Diversifying selection in plant breeding.“ In: PLoS Biology 2, S. 1507–1512, e347.
- McGrath, K.C., Dombrecht, B., Manners, J.M., Schenk, P.M., Edgar, C.I., Maclean, D.J., Scheible, W.R., Udvardi, M.K., Kazan, K. (2005): „Repressor- and activator-type ethylene response factors functioning in jasmonate signaling and disease resistance identified via a genome-wide screen of Arabidopsis transcription factor gene expression.“ In: Plant Physiology 139, S. 949–959.
- Menrad, K., Agrafiotis, D., Enzing, C., Lemkow, L., Terragni, F. (1999): „Future impacts of biotechnology on agriculture, food production and food processing.“ Physica-Verlag, Heidelberg.
- Menrad, K., Blind, K., Frietsch, R., Hüsing, B., Nathani, C., Reiß, T., Strobel, O., Walz, R., Zimmer, R. (2003): „Beschäftigungspotentiale in der Biotechnologie.“ Fraunhofer IRB Verlag, Stuttgart.
- Menrad, K., Frietsch, K. (2006): „Zukünftige Ausstrahlung der Biotechnologie auf die Beschäftigung in Deutschland.“ In: Schmollers Jahrbuch 126, S. 83–107.
- Menrad, K., Gaisser, S., Hüsing, B., Menrad, M. (2003): „Gentechnik in der Landwirtschaft, Pflanzenzucht und Lebensmittelproduktion.“ Physica-Verlag, Heidelberg.
- Menrad, K. (2005): „Wirtschaftliche Aspekte der Anwendung der Gentechnologie in der Lebensmittelverarbeitung.“ In: Gessen, H.G., Hammes, W.P. (Hrsg.): „Handbuch Gentechnologie und Lebensmittel.“ 9. aktualisierte Auflage, B. Behrs Verlag, Hamburg.
- Mentwab, A., Stewart, C.N. Jr. (2005): „Overexpression of an Arabidopsis thaliana ABC transporter confers kanamycin resistance to transgenic plants.“ In: Nature Biotechnology 23(9), S. 1177–1180.

- Messean, A., Angevin, F., Gómez-Barbero, M., Menrad, K., Rodríguez-Cerezo, E. (2006): „New Case Studies on the Coexistence of GM and non-GM crops in European agriculture.“ DG JRC, Joint Research Centre Institute for Prospective Technological Studies. Technical Report EUR 22102 EN, Sevilla.
- Meyers, B.C., Souret, F.F., Lu, C., Green, P.J. (2006): „Sweating the small stuff: microRNA discovery in plants.“ In: Current Opinion in Biotechnology 17(2), S. 139–146.
- Miki, B., McHugh, S. (2004): „Selectable marker genes in transgenic plants: applications, alternatives and biosafety.“ In: Journal of Biotechnology 107, S. 193–232.
- Millar, A.A., Gubler, F. (2005): „The Arabidopsis GAMYB-like genes, MYB33 and MYB65, are microRNA-regulated genes that redundantly facilitate anther development.“ In: Plant Cell 17(3), S. 705–721.
- Monsanto (2004): „Monsanto Launches Visitive Soybeans; Will Provide a Trans Fats Solution for the Food Industry.“ Vom 01.09.2004. Unter: <http://www.monsanto.com/monsanto/layout/media/04/09-01-04.asp>
- Monsanto (2005): „2005 Annual report.“ Unter: http://www.monsanto.com/monsanto/content/media/pubs/2005/MON_2005_Annual_Report.pdf
- Monsanto (2006): „Visitive Soybeans Expanding in 2007 to meet growing consumer demand for healthier diets.“ Vom 15.09.2006. Unter: <http://www.monsanto.com/monsanto/layout/media/06/09-15-06.asp>
- Moore, I., Samalova, M., Kurup, S. (2006): „Transactivated and chemically inducible gene expression in plants.“ In: The Plant Journal 45, S. 651–683.
- Moschini, G., Lapan H., Sobolevsky, A. (2000): „Roundup Ready Soybeans and Welfare Effects in the Soybean Complex.“ In: Agribusiness 16, S. 22–55.
- Nature Biotechnology (2006): „Bioethanol needs biotech now.“ Editorial. In: Nature Biotechnology 24, S. 725.
- Nischwitz, G. (2006): „Aktuelle Situation der Gentechnikfreien Regionen in Deutschland.“ Vortrag auf der Tagung „Gentechnikfreie Regionen in Deutschland – Welche regionalen Ansätze sind erfolgreich?“ 06.–09. Juni 2006, Internationale Naturschutzakademie Insel Vilm.
- Nischwitz, G., Kuhlicke, C., Bodenschatz, T., Thießen, B., Tittel, K. (2005): „Sondierungsstudie gentechnikfreie Regionen in Deutschland. Eine sozioökonomische Analyse am Beispiel der brandenburgischen Uckermark.“ Universität Bremen, Institut für Arbeit und Wirtschaft (IAW), Bremen.
- NSF, National Science Foundation. Olpa, Office of Legislative and Public Affairs (2003): „Integrated Ecological and Genomic Analysis of Speciation in Mimulus.“ September 2006. Unter: http://www.nsf.gov/od/lpa/news/03/pr03106_monkeyflower.htm
- Nuhse, T.S., Stensballe, A., Jensen, O.N., Peck, S.C. (2005): „Phosphoproteomics of the Arabidopsis plasma membrane and a new phosphorylation site database.“ In: Plant Cell 16(9), S. 2394–2405.
- Ober, S. (2004): „Agrarforschung in Deutschland.“ Im Auftrag der Zukunftsstiftung Landwirtschaft, unter: <http://www.zs-l.de/forschung/documents/Endfassung-studie16-7-2004.pdf>
- OECD, Organisation for Economic Cooperation and Development (2001): „Statistical Definition of Biotechnology.“ OECD, Paris.
- Okumura, S., Sawada, M., Park, Y.W., Hayashi, T., Shimamura, M., Takase, H., Tomizawa, K. (2006): „Transformation of poplar (Populus alba) plastids and expression of foreign proteins in tree chloroplasts.“ In: Transgenic Res. 15(5), S. 637–646.
- Peterson, R.K., Arntzen, C.J. (2004): „On risk and plant-based biopharmaceuticals.“ In: Trends Biotechnology 22(2), S. 64–66.
- Pioneer Hi-Bred International (2006): „Treas. Low linolenic Soybean Oil.“ Unter: <http://www.pioneer.com/llsoy/lowlin.htm>
- Piprek, J. (2005): „Der Anbau von Bt-Mais in der landwirtschaftlichen Praxis.“ In: Ministerium für Ländliche Entwicklung, Umwelt und Verbraucherschutz des Landes Brandenburg (Hrsg.): „Gentechnik und Koexistenz in Brandenburg – Eine Bestandsaufnahme.“ Potsdam, S. 16–17.
- Price, A.H. (2006): „Believe it or not, QTLs are accurate!“ In: Trends in Plant Sciences 11(5), S. 213–216.
- Qaim, M., Traxler, G., (2005): „Roundup Ready Soybeans in Argentina. Farm Level, Environmental and Welfare Effect.“ In: Agricultural Economics 32, S. 73–86.
- Ragauskas, A.J., Williams, C.K., Davison, B.H., Britovsek, G., Cairney, J., Eckert, C.A., Frederick, W.J. Jr., Hallett, J.P., Leak, D.J., Liotta, C.L., Mielenz, J.R., Murphy, R., Templer, R., Tschaplinski, T. (2006): „The path forward for biofuels and biomaterials.“ Science 311(5760), S. 484–489.

- Robinson, A.R., Gheneim, R., Kozak, R.A., Ellis, D.D., Mansfield, S.D. (2005): „The potential of metabolite profiling as a selection tool for genotype discrimination in *Populus*.“ In: *Journal of Experimental Botany* 56(421), S. 2807–2819.
- Rögener, W. (2006): „Hightech ohne Gentech.“ In: *Süddeutsche Zeitung* 10. 8. 2006.
- Rohloff, J., Bones, A.M. (2005): „Volatile profiling of *Arabidopsis thaliana*: Putative olfactory compounds in plant communication.“ In: *Phytochemistry* 66(16), S. 1941–1955.
- Rommens, C.M., Humara, J. M., Ye, J., Yan, H., Riachal, C., Zhang, L., Perry, R., Swords, K. (2004): „Crop improvement through modification of the plant's own genome.“ In: *Plant Physiology* 135, S. 421–431.
- Rommens, C.M. (2004): „All-Native DNA transformation: a new approach to plant genetic engineering.“ In: *Trends Plant Sci.* 9, S. 457–464.
- Rommens, C.M. (2004): „All-native plant DNA transformation.“ Unter: <http://www.isb.vt.edu/news/2004/news04.dec.html#dec0405>
- Rommens, C.M. (2006): „Kanamycin resistance in plants. An unexpected trait controlled by a potentially multifaceted gene.“ In: *Trends in Plant Science* 11, S. 317–319.
- Rommens, C.M., Bougri, O., Yan, H., Humara, J.M., Owen, J., Swords, K., Ye, J. (2005): „Plant-derived T-DNAs.“ In: *Plant Physiology* 139, S. 1338–1349.
- Rossignol, M., Peltier, J.B., Mock, H.P., Matros, A., Maldonado, A.M., Jorin, J.V. (2006): „Plant proteome analysis. A 2004-2006 update.“ In: *Proteomics. Online-Publikation* 22. 09. 2006.
- Roth, M.E., Feng, L., McConnell, K.J., Schaffer, P.J., Guerra, C.E., Affourtit, J.P., Piper, K.R., Guccione, L., Hariharan, J., Ford, M.J., Powell, S.W., Krishnaswamy, H., Lane, J., Guccione, L., Intriери, G., Merkel, J.S., Perbost, C., Valerio, A., Zolla, B., Graham, C.D., Hnath, J., Michaelson, C., Wang, R., Ying, B., Halling, C., Parman, C.E., Raha, D., Orr, B., Jedrzkiewicz, B., Liao, J., Tevelev, A., Mattessich, M.J., Kranz, D.M., Lacey, M., Kaufman, J.C., Kim, J., Latimer, D.R., Lizardi, P.M. (2004): „Expression profiling using a hexamer-based universal microarray“. In: *Nature Biotechnology* 22(4), S. 418–426.
- Royal Society (2003): Verschiedene Dokumente verschiedener Autoren zum Stichwort „Farm Scale Evaluation.“ In: *Philosophical Transactions of the Royal Society*, V. 358, N. 1439. Unter: <http://www.journals.royalsoc.ac.uk>
- Saidi, Y., Finka, A., Chakhporanian, M., Zryd, J.P., Schaefer, D.G., Goloubinoff, P. (2005): „Controlled expression of recombinant proteins in *Physcomitrella patens* by a conditional heat-shock promoter: a tool for plant research and biotechnology.“ In: *Plant Molecular Biology* 59(5), S. 697–711.
- Salvi, S., Tuberosa, R. (2005): „To clone or not to clone plant QTLs. Present and future challenges.“ In: *Trends in Plant Sciences* 10(6), S. 297–304.
- Sankula, S., Marmon, G., Blumenthal, E. (2005): „Biotechnology-Derived Crops Planted in 2004. Impacts on US Agriculture.“ National Center for Food and Agricultural Policy (NCFAP), Washington DC. Unter: www.ncfap.org.
- Sarry, J.E., Kuhn, L., Ducruix, C., Lafaye, A., Junot, C., Hougouvioux, V., Jourdain, A., Bastien, O., Fievet, J.B., Vailhen, D., Amekraz, B., Moulin, C., Ezan, E., Garin, J., Bourguignon, J. (2006): „The early responses of *Arabidopsis thaliana* cells to cadmium exposure explored by protein and metabolite profiling analyses.“ In: *Proteomics* 6(7), S. 2180–2198.
- Sasaki, T. (2006): „Plant breeding: rice in deep water.“ In: *Nature* 442, S. 635–636.
- Sauter, A., Hüsing, B. (2005): „Transgene Pflanzen der 2. und 3. Generation.“ TAB-Arbeitsbericht 104, Berlin.
- Schaaf, A., Tintinot, S., Baur, A., Reski, R., Gorr, G., Decker, E.L. (2005): „Use of endogenous signal sequences for transient production and efficient secretion by moss. (*Physcomitrella patens*) cells.“ In: *BMC Biotechnology* 5, S. 30.
- Schaart, J. (2004): „Towards consumer-friendly cisgenic strawberries that are less susceptible to *Botrytis cinerea*.“ Doktorarbeit, Wageningen University.
- Schauer, N., Semel, Y., Roessner, U., Gur, A., Balbo, I., Carrari, F., Pleban, T., Perez-Melis, A., Bruedigam, C., Kopka, J., Willmitzer, L., Zamir, D., Fernie, A.R. (2006): „Comprehensive metabolic profiling and phenotyping of interspecific introgression lines for tomato improvement.“ In: *Nature Biotechnology* 24(4), S. 447–454.
- Schauer, N., Zamir, D., Fernie, A.R. (2005): „Metabolic profiling of leaves and fruit of wild species tomato: a survey of the *Solanum lycopersicum* complex.“ In: *Journal of Experimental Botany* 56, S. 297–307.
- Schillberg, S., Twyman, R.M., Fischer, R. (2005): „Opportunities for recombinant antigen and antibody expression in transgenic plants technology assessment.“ In: *Vaccine* 23(15), S. 1764–1769.

- Schouten, H.J., Krens, F.A., Jacobsen, E. (2006): „Cisgenic plants are similar to traditionally bred plants. International regulations for genetically modified organisms should be altered to exempt cisgenesis.“ In: *EMBO Reports* 7(8), S. 750–753.
- Schouten, H.J., Krens, F.A., Jacobsen, E. (2006): „Do cisgenic plants warrant less stringent oversight?“ In: *Nature Biotechnology* vol. 24(7), S. 753.
- Schubert, C. (2006): „Can biofuels finally take center stage?“ In: *Nature Biotechnology* 24, S. 777–784.
- Shaked, H., Melamed-Bessudo, C., Levy, A.A. (2005): „High-frequency gene targeting in *Arabidopsis* plants expressing the yeast RAD54 gene.“ In: *Proceedings of the National Academy of Sciences USA* 102(34), S. 12265–12269.
- Sigmar-Aldrich (2004): „Chlorogen, Sigma-Aldrich Sign Joint Development Agreement to Produce First-Ever Products From Chloroplasts.“ Vom 04. 10. 2004. Unter: http://www.corporate-ir.net/ireye/ir_site.zhtml?ticker=SI&script=410&layout=6&item_id=623307
- Sinclair, T.R., Purcell, L.C., Sneller, C.H. (2004): „Crop transformation and the challenge to increase yield potential.“ In: *Trends in Plant Science* 9, S. 70–75.
- Slade, A.J., Knauf, V.C. (2005): „TILLING moves beyond functional genomics into crop improvement.“ In: *Transgenic Research* 14(2) S. 109–115.
- Standortregister (2006): „Öffentlicher Teil des Standortregisters.“ BVL, Bundesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit. Unter: http://194.95.226.237/stareg_web/showflaechen.do?ab=2006
- Statistische Ämter des Bundes und der Länder (2006): „Landwirtschaft. Betriebe, Arbeitskräfte, Bodennutzung.“ Unter: http://www.statistik-portal.de/Statistik-Portal/de_jb11_jahrtab20.asp
- Sticklen, M. (2006): „Plant genetic engineering to improve biomass characteristics for biofuels.“ In: *Current Opinion in Biotechnology* 17, S. 315–319.
- Tabashnik, B.E., Carrière, Y., Dennehy, T.J., Morin, S., Sisterson, M.S., Roush, R.T., Shelton, A.M., Zhao J. Z. (2003): „Insect resistance to transgenic Bt crops. Lessons from the laboratory and field.“ In: *Journal of Economic Entomology*, Vo. 96 (4), S. 1031–1038.
- Talmor-Neiman, M., Stav, R., Frank, W., Voss, B., Arazim, T. (2006): „Novel micro-RNAs and intermediates of micro-RNA biogenesis from moss.“ In: *Plant Journal* 47(1), S. 25–37.
- Then, C. (2005): „Gen-Pflanzen. Alles unter Kontrolle?“ In: *GRÜN de – Das Magazin der GAL für Hamburg*, Nr. 12, S. 13. Unter: www.hamburg.gruene-partei.de/cms/default/dokbin/7171903.gruende_juni_2005.pdf
- Thomas, M.A., Klaper, R. (2004): „Genomics for the ecological toolbox.“ In: *Trends in Ecology and Evolution* 19, S. 439–445.
- TransForum (2006): „Stacking functionally expressed apple genes for durable resistance to apple scab.“ Unter: <http://english.transforum.nl/html/project.php?id=25>
- TransGen (2005): „Gentechnisch veränderte Lebensmittel. Kennzeichnung.“ TransGen kompakt. Unter: <http://www.transgen.de/pdf/kompakt/kennzeichnung.pdf>
- Transgen (2006a): „Anbau von gv-Pflanzen in Deutschland. Haftung auch ohne Verschulden.“ Vom 04. 04. 2006. Unter <http://www.transgen.de/recht/koexistenz/536.doku.html>
- TransGen (2006b): „Bekämpfung des Maiszünslers. Ein Schädling, der kaum zu fassen ist.“ Vom 01. 06. 2006. Unter: http://www.transgen.de/anbau_deutschland/btkonzept/667.doku.html
- TransGen (2006c): „Spanien, Regionen mit Maiszünsler-Befall. Bt-Mais setzt sich durch.“ – Vom 11. 05. 2006. Unter: <http://www.transgen.de/gentechnik/pflanzenanbau/187.doku.html>
- TransGen (2006d): „Tomate.“ Vom 06. 04. 2006. Unter: <http://www.transgen.de/datenbank/pflanzen/70.doku.html>
- Tuskan, G.A., Di Fazio, S., Jansson, S., Bohlmann, J., Grigoriev, I., Hellsten, U., Putnam, N., Ralph, S., Rombauts, S., Salamov, A., Schein, J., Sterck, L., Aerts, A., Bhaleao, R. R., Bhaleao, R.P., Blaudez, D., Boerjan, W., Brun, A., Bruner, A., Busov, V., Campbell, M., Carlson, J., Chalot, M., Chapman, J., Chen, G.-L., Coero, D., Coutinho, P.M., Couturier, J., Covert, S., Cronk, Q., Cunningham, R., Davis, J., Degroev, S., DeJardin, A., Depamphilis, C., Detter, J., Dirks, B., Dubchak, I., Duplessis, S., Ehling, J., Ellis, B., Gendler, K., Goodstein, D., Gribskov, M., Grimwood, J., Groover, A., Gunter, L., Hamberger, B., Heinze, B., Helariutta, Y., Henrissat, B., Holligan, D., Holt, R., Huang, W., Islam-Faridi, N., Jones, S., Jones-Rhoades, M., Jorgensen, R., Joshi, C., Kangasjarvi, J., Karlsson, J., Kelleher, C., Kirkpatrick, R., Kirst, M., Kohler, A., Kalluri, U., Larimer, F., Leebens-Mack, J., Leple, J. C., Locascio, P., Lou, Y., Lucas, S., Martin, F., Montanini, B., Napoli, C., Nelson, D. R., Nelson, C., Nieminen, K., Nilsson, O., Pereda, V., Peter, G., Philippe, R., Pilate, G., Poliakov, A., Razumovskaya, J., Richardson, P., Rinaldi, C., Ritland, K., Rouze, P., Ryabov, D., Schmutz, J., Schrader, J., Segerman, B., Shin, H., Siddiqui, A., Sterky, F., Terry, A., Tsai, C. J., Uberbacher, E., Unneberg, P., Vahala, J., Wall, K., Wessler, S., Yang, G., Yin, T., Douglas, C., Marra, M., Sandberg, G., Van de Peer, Y., Rokhsar, D. (2006): „The genome of black cottonwood, *Populus trichocarpa* (Torr. & Gray).“ In: *Science* 313, S. 1596–1604.

Twyman, R.M., Stoger, E., Schillberg, S., Christou, P., Fischer, R. (2003): „Molecular farming in plants. Host systems and expression technology.“ In: Trends in Biotechnology 21, S. 570–578.

United States Grains Council (2000): „The 2000-2001 value enhanced grains quality report.“ Unter: http://www.veggrains.org/documents/2001veg_report/veg_report.htm

USDA, U.S. Department of Agriculture (2006): „Acreage.“ National Agricultural Statistics Service (NASS). Unter: <http://usda.mannlib.cornell.edu/usda/current/Acre/Acre-08-14-2006.pdf>

Vertès, A.A., Inui, M., Yukawa, H. (2006): „Implementing biofuels on a global scale.“ In: Nature Biotechnology 24, S. 761–764.

Villas-Boas, S.G., Mas, S., Akesson, M., Smedsgaard, J., Nielsen, J. (2005): „Mass spectrometry in metabolome analysis.“ In: Mass Spectrometry Reviews 24(5), S. 613–646.

Weber, W.E., Bringezu, T., Pohl, M., Gerstenkorn, D. (2006): „Bt-Mais. Landwirte und Handel praktizieren Koexistenz.“ In: MAIS – Die Fachzeitschrift für den Maisbauer Vorabdruck 2/2006, S. 1–4

Weise, A., Rodriguez-Franco, M., Timm, B., Hermann, M., Link, S., Jost, W., Gorr, G. (2006): „Use of Physcomitrella patens actin 5' regions for high transgene expression. Importance of 5' introns.“ In: Applied Microbiology and Biotechnology 70(3), S. 337–345.

Weiss, Y., Shulman, A., Ben Shir, I., Keinan, E., Wolf, S. (2006): „Herbicide-resistance conferred by expression of a catalytic antibody in Arabidopsis thaliana.“ In: Nature Biotechnology 24(6), S. 713–717.

Windsor, A.J., Mitchell-Olds, T. (2006): „Comparative genomics as a tool for gene discovery.“ In: Current Opinion in Biotechnology 17, S. 161–167.

Windsor, B., Roux, S.J., Lloyd, A. (2003): „Multiherbicide tolerance conferred by AtPgp1 and apyrase overexpression in Arabidopsis thaliana.“ In: Nature Biotechnology 21(4), S. 428–433.

Wirth, S., Segretin, M.E., Mentaberry, A., Bravo-Almonacid, F. (2006): „Accumulation of hEGF and hEGF-fusion proteins in chloroplast-transformed tobacco plants is higher in the dark than in the light.“ In: J Biotechnol. 125(2), S. 159–172.

Wobus, A.M., Hucho, F., van den Daele, W., Köchy, K., Reich, J., Rheinberger, H.-J., Müller-Röber, B., Sperling, K., Boysen, M., Kölsch, M. (2006): „Stammzellforschung und Zelltherapie. Stand des Wissens und der Rahmenbedingungen in Deutschland.“ Supplement zum Gentechnologiebericht. Spektrum Akademischer Verlag, Heidelberg, Berlin.

Wolfson, W. (2006): „Spray-on special effects. Mendel Biotechnology uses chemical genetics to help plants cope with stress.“ In: Chemistry & Biology 13, S. 919–921.

Wu, G., Truksa, M., Datla, N., Vrinten, P., Bauer, J., Zank, T., Cirpus, P., Heinz, E., Qiu, X. (2005): „Stepwise engineering to produce high yields of very long-chain polyunsaturated fatty acids in plants.“ In: Nature Biotechnology 23, S. 1013–1017.

Xu, K., Xu, X., Fukao, T., Canlas, P., Maghirang-Rodriguez, R. Heuer, S., Ismail, A.M., Bailey-Serres, J., Ronald, P.C., Mackill, D.J. (2006): „Sub1A is an ethylene-response-factor-like gene that confers submergence tolerance to rice.“ In: Nature 442, S. 705–708.

Yamamoto, H., Kato, H., Shinzaki, Y., Horiguchi, S., Shikanai, T., Hase, T., Endo, T., Nishioka, M., Makino, A., Tomizawa, K.I., Miyake, C. (2006): „Ferredoxin limits cyclic electron flow around PSI (CEF-PSI) in higher plants. Stimulation of CEF-PSI enhances non-photochemical quenching of Chl fluorescence in transplastomic tobacco.“ In: Plant Cell Physiology. Online-Publikation 06.09. 2006

Yu, J., Hu, S.N., Wang, J., Wong, G.K.S., Li, S.G., Liu, B., Deng, Y.J., Dai, L., Zhou, Y., Zhang, X.Q., Cao, M.L., Liu, J., Sun, J.D., Tang, J.B., Chen, Y.J., Huang, X.B., Lin, W., Ye, C., Tong, W., Cong, L.J., Geng, J.N., Han, Y.J., Li, L., Li, W., Hu, G.Q., Huang, X.G., Li, W.J., Li, J., Liu, Z.W., Li, L., Liu, J.P., Qi, Q.H., Liu, J.S., Li, L., Li, T., Wang, X.G., Lu, H., Wu, T.T., Zhu, M., Ni, P.X., Han, H., Dong, W., Ren, X.Y., Feng, X.L., Cui, P., Li, X.R., Wang, H., Xu, X., Zhai, W.X., Xu, Z., Zhang, J.S., He, S.J., Zhang, J.G., Xu, J.C., Zhang, K.L., Zheng, X.W., Dong, J.H., Zeng, W.Y., Tao, L., Ye, J., Tan, J., Ren, X.D., Chen, X.W., He, J., Liu, D.F., Tian, W., Tian, C.G., Xia, H.G., Bao, Q.Y., Li, G., Gao, H., Cao, T., Wang, J., Zhao, W.M., Li, P., Chen, W., Wang, X.D., Zhang, Y., Hu, J.F., Wang, J., Liu, S., Yang, J., Zhang, G.Y., Xiong, Y.Q., Li, Z.J., Mao, L., Zhou, C.S., Zhu, Z., Chen, R.S., Hao, B.L., Zheng, W.M., Chen, S.Y., Guo, W., Li, G.J., Liu, S.Q., Tao, M., Wang, J., Zhu, L.H., Yuan, L.P., Yang, H.M. (2002): „A draft sequence of the rice genome (*Oryza sativa* L. ssp. indica).“ In: Science 296 (5565). S. 79–92.

Zhang, B., Pan, X., Anderson, T.A. (2006): „Identification of 188 conserved maize microRNAs and their targets.“ In: FEBS Letters 580(15), S. 3753–3762.

Zhou, Y.X., Lee, M.T., Ng, J.H., Chye, M.L., Yip, W.K., Zee, S.Y., Lam, E. (2006): „A truncated hepatitis E virus ORF2 protein expressed in tobacco plastids is immunogenic in mice.“ In: World Journal of Gastroenterology 12(2), S. 306–312.

9.2. Abbildungsverzeichnis

Abbildung 1	Veränderung pflanzlicher Genome durch Smart Breeding und Gentransfer (S. 20)
Abbildung 2	Cisgene Pflanzen: native DNA-Transformation (S. 28)
Abbildung 3	Zusammenspiel von klassischer Züchtung, Smart Breeding, Agrobiotechnologie (S. 30)
Abbildung 4	Konversion von Lignocellulose zu Ethanol (S. 32)
Abbildung 5	Nettonutzen des Anbaus von GVO und Anreize zur Adaption (S. 90)
Abbildung 6	Koexistenzregeln und der Nettonutzen des Anbaus von GVO (S. 91)
Abbildung 7	Problemfelder zur grünen Gentechnologie im Spannungsfeld der Leitdimensionen (S. 112)
Abbildung 8	Anzahl der Freisetzungsversuche (S. 126)
Abbildung 9	Umsatz gentechnisch veränderten Saatguts weltweit (S. 128)
Abbildung 10	Patentanmeldungen nach IPC-Klassifikation im Bereich grüner Gentechnologie 2000–2004 (S. 142)
Abbildung 11	Summe der Patentanmeldungen im Bereich grüner Gentechnologie 2000–2004 (S. 142)
Abbildung 12	Anzahl der Patent-anmeldenden Unternehmen und öffentlichen Einrichtungen im Bereich grüner Gentechnologie 2000–2004 (S. 144)
Abbildung 13	Öffentliche Ausgaben für die Risikoforschung im Bereich grüner Gentechnik 2000–2005 (S. 146)
Abbildung 14	Anbauflächen einzelner Arten in Deutschland 2000–2005 (S. 150)
Abbildung 15	Flächenanteile einzelner Arten an der landwirtschaftlichen Nutzfläche in Deutschland 2000–2005 (S. 152)
Abbildung 16	Flächenanteil gentechnisch veränderter Sorten an der ackerbaulichen Nutzfläche einer Kulturart (S. 154)
Abbildung 17	Flächenanteil des Ökolandbaus an der gesamten landwirtschaftlichen Nutzfläche in Deutschland 2000–2005 (S. 156)
Abbildung 18	In der EU als Lebensmittel pro Jahr zugelassene gentechnisch veränderte Pflanzen (S. 164)
Abbildung 19	In der EU als Futtermittel pro Jahr zugelassene gentechnisch veränderte Pflanzen (S. 164)
Abbildung 20	In der EU als Futter- und Lebensmittel zugelassene gentechnisch veränderte Pflanzen differenziert nach Anbau und Einfuhr (S. 165)

9.3. Tabellenverzeichnis

Tabelle 1	Auswahl aktuell sequenzierter Pflanzengenome (S. 34)
Tabelle 2	Anzahl verfügbarer EST-Sequenzen ausgewählter Pflanzen in GenBank (S. 36)
Tabelle 3	Traits und Sorten gentechnisch veränderter Pflanzen 2005 (S. 57)
Tabelle 4	Flächenanteile gentechnisch veränderter Pflanzen an der weltweiten Anbaufläche ausgewählter Nutzpflanzen (S.58)
Tabelle 5	Weltweiter Einkommenszuwachs auf der Ebene der landwirtschaftlichen Betriebe durch gentechnisch veränderten Nutzpflanzen, 1996–2004 (S. 59)
Tabelle 6	Zahl der Beschäftigten in Deutschland im Jahr 2000, deren Arbeitsplätze von der Biotechnologie beeinflusst werden (S. 75)
Tabelle 7	Erklärt gentechnikfreie Landwirtschaft und der Anbau von GV-Pflanzen in Deutschland 2005–2006 (S. 87)
Tabelle 8	Potentieller und realisierter Nutzen des Bt-Mais-Anbaus in Bayern und Brandenburg (S. 98)
Tabelle 9	Darstellung der Problemfelder (S.114)
Tabelle 10	Indikatoren-Set zur grünen Gentechnologie – Übersicht erhobener Indikatoren (S. 117)
Tabelle 11	Anzahl der zugelassenen Traits (S. 122)
Tabelle 12	Anzahl der Traits in Freisetzungsversuchen (S. 124)
Tabelle 13	Anzahl der Freisetzungsorte (S. 126)
Tabelle 14	Flächenanteil gentechnisch veränderter Pflanzen an der weltweiten Anbaufläche (S. 130)
Tabelle 15	Betriebsergebnis/EBIT im Bereich gentechnisch veränderten Saatgut. (S. 132)
Tabelle 16	Öffentliche Forschungsaufwendungen für die grüne Gentechnologie (S. 135)
Tabelle 17	Ausgaben zur Forschung und Entwicklung in Deutschland nach Ressorts (S. 137)
Tabelle 18	Anteil der öffentlichen Forschungsaufwendungen (S. 139)
Tabelle 19	Anteil gentechnisch veränderter Sorten an zugelassenen Sorten (S. 148)
Tabelle 20	Umfrageergebnisse zur Verbraucherakzeptanz der grünen Gentechnologie (S. 158)
Tabelle 21	„Gentechnikfreie“ Regionen (S. 160)
Tabelle 22	Akzeptanz gentechnisch veränderter Pflanzen bei Landwirten (S. 162)