

Ausbreitungsverhalten von gentechnisch verändertem (GV-) Raps - eine Studie für Schleswig-Holstein (Zwischenergebnisse Februar 2004)

Ulrike Middelhoff, Wilhelm Windhorst, Ökologie-Zentrum, Universität Kiel

E-mail: uli@ecology.uni-kiel.de

I. Zusammenfassung

Der kommerzielle Anbau von GV-Raps wird in naher Zukunft großflächig stattfinden. In Schleswig-Holstein (SH) spielt der Rapsanbau traditionell eine große Rolle. Welches Ausbreitungsverhalten der Transgene ist in den konkreten Anbausituationen in SH zu erwarten? Wie stark sind andere Anbausysteme oder Nutzungen betroffen?

Zur Beantwortung dieser Fragestellungen wurde im Rahmen des BMBF-Verbundprojektes „Generische Erfassung und Extrapolation der Raps-Ausbreitung“ (GenEERA) ein Methodenspektrum erarbeitet, das die kleinräumige Beschreibung der beteiligten Prozesse bis hin zur großräumigen Übertragung von Ausprägungen abdeckt. Ein Kernelement ist die Entwicklung eines Simulationsmodelles, in dem das derzeitige Wissen über die biologischen Grundlagen und die Ausbreitungsprozesse über den Raum und die Zeit zusammengeführt werden. Für typische Raumausschnitte von 1 km² Fläche wird die Entwicklung von Raps (Kultur-, Durchwuchs- und Wildraps) und Kreuzungspartnern berechnet. In die SH-spezifischen Berechnungen fließen konkrete mehrjährige Informationen zu Klimaverlauf, Rapsanbaudichte, Anbauverfahren und regionalen Anbausystemen ein. Ein weiteres methodisches Element stellt eine großflächige Raumanalyse dar, mit der Informationen für jeden Einzelschlag in SH bereitgestellt werden, welche von der Lage und Nutzung bis hin zu einer musterhaften Betriebszuordnung reichen.

Die hier dargestellten Modellergebnisse repräsentieren verschiedene Aspekte der Ausbreitungsdynamik von Raps. Betrachtet werden Effekte in der unmittelbaren Nachbarschaft sowie im regionalen Bezug zum GV-Anbau. Hinsichtlich der "Ausbreitung über die Zeit" kommt der Samenpersistenz von Raps eine besondere Bedeutung zu. Diese reicht über mögliche Kontaminationen von Folgenutzungen hinaus und ist von erheblicher Relevanz bei der Entwicklung von Mehrfach-Transgenen. Mit den hier ausgewählten Ergebnissen ist es u.a. möglich, potenzielle Auswirkungen von Grenzwerten auf der lokalen und regionalen Ebene darzustellen.

Hinsichtlich der Koexistenz von verschiedenen Anbausystemen belegen sie, dass für Raps eine regionale Trennung von GV- und GV-freier Produktion ggf. anzustreben ist und dass in Regionen, in denen GV-Anbau stattfinden soll, eine detaillierte Anbauplanung vorzunehmen ist.

Die Modellrechnungen zeigen, dass ein Anbau von GV-Raps in unmittelbarer Nachbarschaft von konventionellem Raps – frei von GV-Pflanzen - nicht möglich ist. Nur bei Schlägen, die deutlich größer sind als 25 ha kann mit einiger Sicherheit ausgeschlossen werden, dass der Schwellenwert zur Kennzeichnungspflicht von 0,9% überschritten wird. In SH sind nur 0,23 % der Schläge größer als 25 ha.

Eine flächendeckende Darstellung, unter Berücksichtigung der komplexen und indirekten räumlichen und zeitlichen Wechselwirkungen wird derzeit erstellt und nach Abschluss des Projektes im Frühjahr 2004 zur Verfügung stehen. Mit den im Rahmen des GenEERA-

Verbundes und der Regionalstudie SH erarbeiteten Methoden stehen neue Grundlagen zur Beschreibung der Ausbreitung von Transgenen sowie zur Planung des gesetzlich vorgeschriebenen GVO-Monitoring, von umfassenden Wirkungsanalysen (Life cycle assessment) sowie einer Kosten-Nutzen-Analyse des GVO-Anbaus zur Verfügung. Hierfür sind weitere konkrete Befunde und Berechnungen auf lokaler und regionaler Ebene von grundlegender Bedeutung.

II. Einführung

Das seit 1998 in der EU bestehende (Quasi-)Moratorium für den kommerziellen Anbau von gentechnisch veränderten Organismen (GVO) wird derzeit aufgehoben. Zielvorgabe der EU ist, dass alle bestehenden Formen der Landwirtschaft, sei es der GVO-Anbau, der konventionelle GVO-freie Anbau oder der ökologische Landbau nebeneinander existieren können (Koexistenz). Ein Regelwerk soll sicherstellen, dass kein bestehender Produktionszweig durch die Einführung des GVO-Anbaus ökonomische Nachteile erleidet.

Da Verunreinigungen durch Auskreuzung von Transgenen unvermeidbar sind, wurden für verschiedene Bereiche Schwellenwerte festgelegt, bis zu denen GVO-Beimengungen toleriert werden müssen. Folgende Obergrenzen für zulässige GVO-Beimengungen gelten derzeit:

- konventionelles Erntegut 0,9 %
- nicht zugelassene GVO 0,0 %

In Diskussion sind darüber hinaus Schwellenwerte für konventionelles Saatgut bzw. für ökologisches Saat- und Erntegut. Eine quantitative Analytik von GVO-Sammelproben (z.B. Saatgut) ist inzwischen möglich. Die Nachweisgrenze liegt bei ca. 0,1%.

Raps hat ein hohes Ausbreitungspotenzial. Die folgenden Fragestellungen untersuchen wir für Schleswig-Holstein. In welchem Ausmaß verbreiten sich Raps-Transgene während des Anbaus in der Landschaft? Lassen sich die vorgesehenen Schwellenwerte unter normalen Anbaubedingungen einhalten?

Die Arbeiten werden im Rahmen des BMBF-Verbundprojektes „Generische Erfassung und Extrapolation der Raps-Ausbreitung“ (GenEERA) durchgeführt. Ziel des Verbundes ist es, die großflächige Ausbreitung und Persistenz von Raps zu beschreiben. Im Mittelpunkt der Methodenentwicklung stehen groß- und kleinräumige Beschreibungen der Prozesse, die für Ausbreitung und Persistenz von Raps bedeutsam sind.

III. Methoden

An der Ausbreitung von Transgenen von Kulturraps in Wildraps und Kreuzungspartner sind zahlreiche Prozesse beteiligt, deren komplexes raum-zeitliches Zusammenwirken mit einem Simulationsmodell GeneTraMP (Generic Transgene Movement and Persistence) abgebildet wird. Einige der zahlreichen, bisher bekannten mess- und beschreibbaren Prozesse sowie ihre Entwicklungsgrundlagen sind in Tab.1 aufgelistet. Soweit möglich wurde dabei auf bereits validierte Modellbeschreibungen zurückgegriffen.

In dem Modell wird die Entwicklung individueller Pflanzen und deren Wechselwirkung in Modellräumen abgebildet. In die Berechnungen gehen u.a. mehrjährige Klimaverläufe (Universität Vechta), typische kleinräumige Landschaftskonstellationen (1 km²), ein Spektrum an Populationsdichten und –größen von Wildraps (Universität Bremen) und Rapsdurchwuchs sowie regionale Anbauvorgaben (Zentrum für Agrarforschung, Müncheberg) ein.

Tabelle 1: Einige der in GeneTraMP abgebildeten Prozesse und ihre Entwicklungsgrundlagen

Modellprozess	Entwicklungsgrundlage
Ontogenese Raps (<i>Brassica napus</i>)	ontogenetisches Modell, Habekotté (1996)
Anbaumaßnahmen, Samenpersistenz, Samendispersion	Modell GENESYS, Colbach et al. (2001)
Transportverluste, Störungsereignisse	stochastische Dispersion, bzw. Eingriffe
Genetik	diploider Erbgang, variable Anzahl von Genen
lokaler Pollentransfer	diffusive (Gauss-) Verteilung, Para-metrisierung z.B. Champolivier et al. (1999)
Pollentransfer durch Insekten	stochastische Dispersion
regionaler Pollentransfer	stochastische Dispersion, Parametrisierung Rieger et al. (2003)

IV. Wichtige Aspekte der Ausbreitungsdynamik von Raps

Drei wichtige Aspekte der Ausbreitungsdynamik, die direkte Nachbarschaft zum GV-Anbau, die Ausbreitung mit der Zeit und die Ansammlung von Transgenen (gene-stacking) werden im Folgenden beispielhaft ausgeführt.

IV. 1 Auskreuzung

Am unmittelbarsten stellt sich die Frage nach der Möglichkeit von Koexistenz für die in direkter Nachbarschaft liegenden konventionellen Schläge zu solchen mit GVO-Anbau. Unsere Modellergebnisse für Raps zeigen in Abb. 1, dass der GV-Rapsanteil im Erntegut des konventionellen Schlages mit zunehmender Schlaggröße desselben abnimmt.

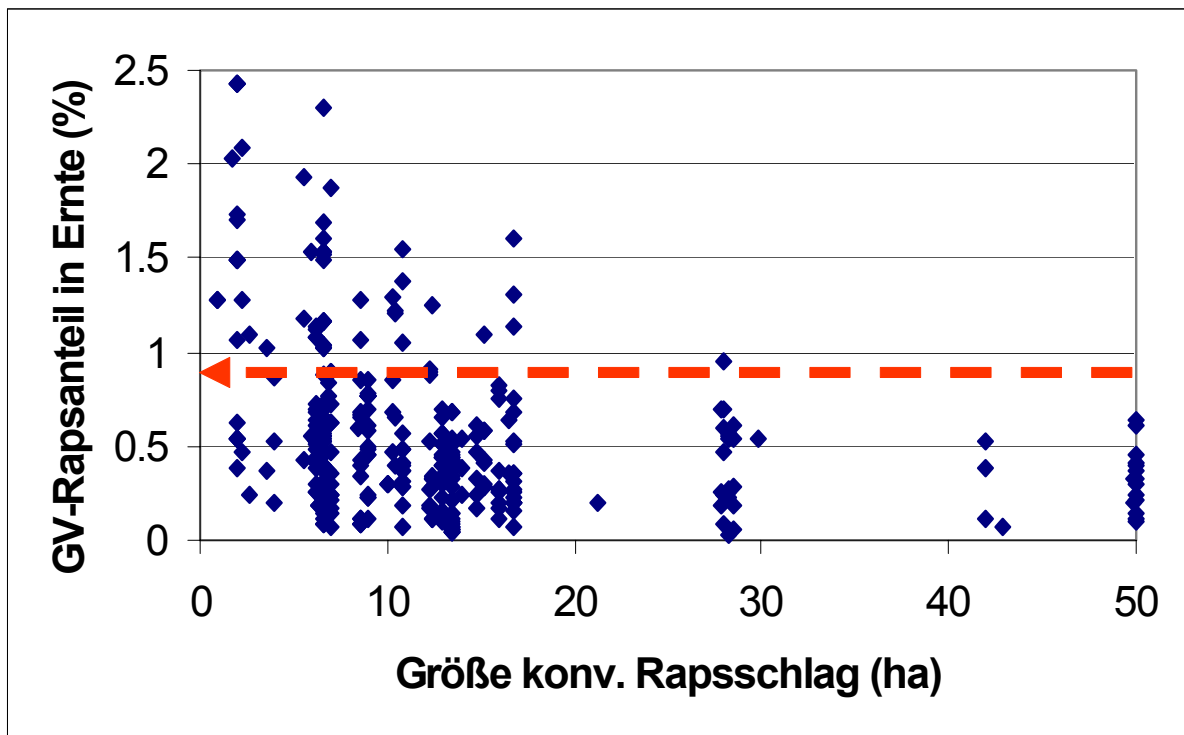


Abbildung 1: Modellergebnisse zu GV-Rapsanteilen im Erntegut von konventionellen Rapsschlägen (%) in direkter Nachbarschaft von GV-Rapsschlägen aufgetragen gegen die

Größe des konventionellen Rapsschlages (ha). Als Bezugswert ist der Schwellenwert von 0,9% (gestrichelte Linie) hervorgehoben.

Dabei zeigt sich, dass die Ergebnisse auf Grund von natürlich variierenden Fremdbefruchtungsraten sowie räumlichen Konstellationen eine erhebliche Schwankungsbreite aufweisen. Für die Größenklassen bis 5ha, 5-10ha, 10-15ha, und 15-20ha wird mit abnehmender Häufigkeit nämlich bei 65%, 21%, 8% bzw. 9% der Modellbeobachtungen der Grenzwert von 0,9 % überschritten. In einem Fall von 23 Beobachtungen (entspricht 4%) wurde sogar für die Schlaggrößen von 20 bis 30 ha ein GV-Rapsanteil von knapp über 0,9% erreicht.

IV. 2 Überdauerungsfähigkeit

Auf Grund der Überdauerungsfähigkeit der Samen im Boden stellt bei Raps die Ausbreitung mit der Zeit einen weiteren wichtigen Aspekt dar. Bereits der einmalige GV-Anbau kann, wie in Abb2. gezeigt, in nachfolgenden konventionellen Nutzungen zur Kennzeichnungspflicht der folgenden Ernten über mehrere Jahre führen. Dargestellt ist die Entwicklung der Samenbank nach einmaligem GV-Anbau. Als Nutzung ist eine drei- (Winterraps, zwei mal Wintergetreide) und eine vierjährige Fruchtfolge (Winterraps, drei mal Wintergetreide) im Wechsel angelegt.

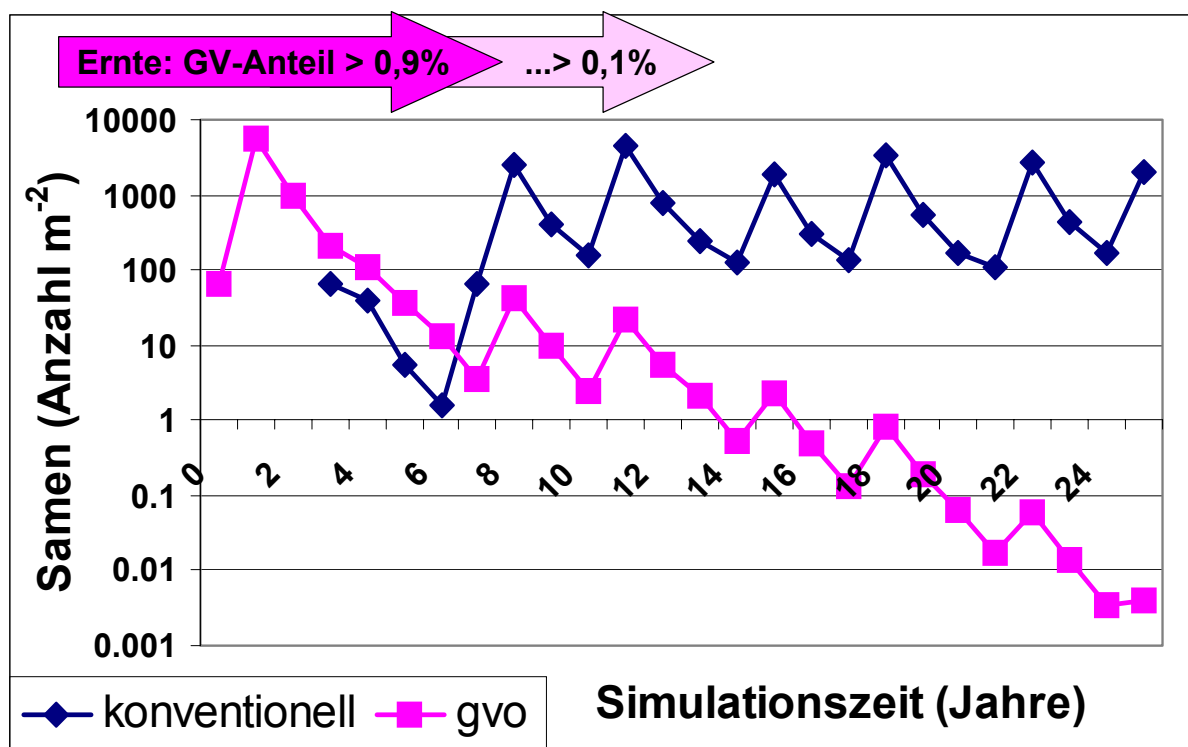


Abbildung 2: Beispielhaftes Modellergebnis zur Samenbank (Anzahl Samen m⁻²) von GV- (Quadrat) und konventionellem Raps (Rauten) nach einmaligem Anbau von GV-Raps über einen Simulationszeitraum von 25 Jahren. In nachfolgenden konventionellen Rapsnutzungen können über einen gewissen Zeitraum GV-Anteile über 0,9 % bzw. über 0,1 % im Rapsertegut auftreten (Pfeile oben am Bildrand).

Die Auffrischungen der GV-Samenbank – siehe Abb. 2, Simulationsjahre 9, 12, 15, 23 – ist auf den Durchwuchs von GV-Raps in diesen Jahren in denen der Anbau von konventionellen Raps (Aussaat in jedem 3./4. Jahr) modelliert wurde, zurück zu führen. Dieser verzögerte

Abbau der GV-Samenbank verlängert den Zeitraum, in dem nachfolgende Ernten entsprechend der EU-Richtlinie kennzeichnungspflichtig werden. Den Berechnungen zufolge kann der Grenzwert von 0,9% GV-Rapsanteil im Erntegut bis ca. 8 Jahre (siehe Abb. 2) und in Extremfällen bis zu 15 Jahre überschritten werden. Der Schwankungsbereich ergibt sich z.B. aus einer Variation der Ernteverluste oder der Nacherntemaßnahmen.

IV. 3. Mehrfachtransgene (gene stacking)

Die Entstehung von Mehrfach-Transgenen, also Pflanzen, in denen sich über Auskreuzung aus verschiedenen transgenen Sorten mehrere Transgene angesammelt haben, ist deshalb von Bedeutung, weil diese Pflanzen im Freiland auftreten können, ohne zuvor einer Risikoabschätzung unterzogen worden zu sein. Aus Kanada liegen publizierte Beispiele für die Entstehung von Rapspflanzen mit mehreren Herbizidresistenzen vor. Wir haben ein solches Beispiel (Hall et al. 2000) im Modell nachvollzogen. Es belegt, dass innerhalb eines Jahres dreifach-resistente Genotypen entstehen können, wenn auf drei benachbarten Schlägen bzw. Teilschlägen drei Rapsorten mit verschiedenen Herbizidresistenzen in unmittelbarer Nachbarschaft angebaut werden (hier die Resistenzen gegen Glyphosat und Glufosinat in GV-Rapsorten und die Resistenz gegen Imidazol in einer konventionellen Rapsorte).

V. Diskussion

Die Modellrechnungen zeigen, dass ein Anbau von GV-Raps in unmittelbarer Nachbarschaft von konventionellem Raps – frei von GV-Pflanzen - nicht möglich ist. Nur bei Schlägen, die deutlich größer sind als 25 ha kann mit einiger Sicherheit ausgeschlossen werden, dass der Schwellenwert zur Kennzeichnungspflicht von 0,9% überschritten wird. In SH sind nur 0,23 % der Schläge größer als 25 ha (MUNL 2002). Da 73% der Schläge kleiner als 3 ha und 97% der Schläge kleiner als 10 ha sind bedeutet dies, dass für fast alle Schläge Anbauabsprachen zu treffen oder Isolationszonen einzurichten sind.

Diese Aussagen gelten nur für einen einmaligen benachbarten GV-Anbau. Bei mehrmaligem GV-Anbau wären die Zahlen für die GV Raps-Anteile höher. Über die Zeit können höhere Werte erreicht werden, da die GV-Anteile über die Jahre akkumulieren können. Die hohe Variabilität des Auskreuzungsprozesses an sich und die Tatsache, dass sich Auskreuzungsereignisse über die Jahre akkumulieren, lässt eine regionale Trennung von GV und GV-freiem Rapsanbau ratsam erscheinen.

Auf Grund der Überdauerungsfähigkeit von Rapsamen kann bereits ein einmaliger GV-Anbau in nachfolgenden konventionellen Rapsfolgen Probleme bereiten. Die Ausbreitung mit der Zeit hat zum einen zur Folge, dass der GV-Anteil im konventionellen Erntegut der folgenden Rapsnutzungen über etliche Jahre eine Kennzeichnung erforderlich machen kann. Zum anderen begünstigt der transgene Durchwuchs die Entstehung von Mehrfach-Transgenen. Innerhalb von Zonen mit GV-Rapsanbau sollten daher räumliche Abstände wie auch die Sortenwahl abgesprochen werden, um die Entstehung nicht genehmigter Mehrfach-Transgene zu verhindern.

Im weiteren Verlauf des Projektes werden die hier in Einzelaspekten gezeigten Modellergebnisse auf ganz SH übertragen. Die erarbeiteten Methoden zur Quantifizierung der Ausbreitung von Raps-Transgenen auf verschiedenen Maßstabsebenen bilden eine Grundlage für weiterführende Ansätze.

1.) Monitoring: Im Rahmen von Zulassungen von GVO zum kommerziellen Anbau ist ein Monitoring verbindlich vorgeschrieben. Unsere Arbeiten können dazu beitragen, Such- und Probenahmeschemata zu entwickeln. Die Ergebnisse empirischer Erhebungen können nach

Rückkopplung mit der Modellierung wiederum die Aussagegenauigkeit des Modells verbessern.

2.) Life cycle analysis: Zur Unterstützung einer ganzheitlichen Abschätzung der zu erwartenden Wirkungen kann das vorgestellte Modell hinsichtlich wichtiger Aspekte erweitert werden: der Einbeziehung von GVO-spezifischen Wirkungen, der Abbildung von Transport-, Vermarktungswegen sowie der Erweiterung um weitere Fruchtarten (Kartoffeln, Zuckerrüben, Mais)

3.) Kosten-Nutzen Analyse: Auf dem Weg zur Machbarkeit von Koexistenz ist ein zentraler Aspekt die Kosten-Nutzen-Analyse des GVO-Anbaus. Mit Hilfe der vorgestellten Modellansätze kann die Effizienz verschiedener Lösungsansätze, sei es für einzelne Betriebe sei es für regionale Verbände, berechnet werden. Dies kann dazu beitragen, die direkten Kosten der Koexistenz zu ermitteln.

Danksagung

Das Vorhaben wurde finanziert durch das BMBF (FKZ: 0312637D). Die Arbeiten wurden in enger Zusammenarbeit mit den Kooperationspartnern des BMBF-Forschungsverbundes GenEERA durchgeführt, unser Dank geht an die MitarbeiterInnen der Universitäten Bremen, Vechta, Osnabrück, des Zentrum für Agrarforschung, Müncheberg, des Ökoinstitut, Freiburg und der Firma DigSyLand, Husby.

Literatur

Champolivier J, Gasquez J, Messéan A & Richard-Molan M 1999: Management of transgenic crops within the cropping system. In: Lutmann PJW (1999): Gene Flow and Agriculture: Relevance for Transgenic Crops. BCPC Symposium Proceedings No. 72, 233-240

Colbach N, Clermont-Dauphin C & Meynard JM 2001: GeneSys: Modelling the influence of cropping system on gene flow for herbicide resistant rapeseed. I. Temporal dynamic and genetic structure of the rape volunteer population in a field. *Agric. Ecosyst. Environ.* 83, 235-253

Habekotté B. 1996: Winter oilseed rape – analysis of yield formation and crop type design for higher yield potential. Ph.D. Thesis, Wageningen Agricultural University, Wageningen, The Netherlands, 156 Seiten

Hall L, Topinka K, Huffman J, Davis L & Good A 2000: Pollen flow between herbicide-resistant *Brassica napus* is the cause of multiple-resistant *B. napus* volunteers. *Weed Science* 48, 688-694

MUNL 2002: Schlaggrößenverteilung Schleswig-Holstein von 2002. Ministerium für Umwelt, Naturschutz und Landwirtschaft, Schleswig-Holstein

Rieger MA, Lamond M, Preston C, Powles SB & Roush RT 2002: Pollen-mediated movement of herbicide resistance between commercial canola fields. *Science* 296, 2386-2388