

# Genome Editing — Neue Anforderungen an das Monitoring von Umweltwirkungen

Marion Dolezel, Andreas Lang,  
Michael Eckerstorfer, Anita Greiter,  
Marianne Miklau und Andreas Heissenberger

BfN-Schriften

**711**  
**2024**







Bundesamt für  
Naturschutz

# Genome Editing — Neue Anforderungen an das Monitoring von Umweltwirkungen

Marion Dolezel

Andreas Lang

Michael Eckerstorfer

Anita Greiter

Marianne Miklau

Andreas Heissenberger

## Impressum

**Titelbild:** Im Obstgarten (B. Gröger), überlagert von einer Desoxyribonukleinsäuresequenz

### Adressen der Autorinnen und der Autoren:

Mag. Marion Dolezel	Umweltbundesamt, Spittelauer Lände 5, A-1090 Wien E-Mail: <a href="mailto:marion.dolezel@umweltbundesamt.at">marion.dolezel@umweltbundesamt.at</a>
Dr. Michael Eckerstorfer	E-Mail: <a href="mailto:michael.eckerstorfer@umweltbundesamt.at">michael.eckerstorfer@umweltbundesamt.at</a>
Mag. Anita Greiter	E-Mail: <a href="mailto:anita.greiter@umweltbundesamt.at">anita.greiter@umweltbundesamt.at</a>
Mag. Marianne Miklau	E-Mail: <a href="mailto:marianne.miklau@umweltbundesamt.at">marianne.miklau@umweltbundesamt.at</a>
Dr. Andreas Heissenberger	E-Mail: <a href="mailto:andreas.heissenberger@umweltbundesamt.at">andreas.heissenberger@umweltbundesamt.at</a>
Dr. Andreas Lang	Büro Lang, Hörnlehof Gresgen 108, D-79669 Zell im Wiesental E-Mail: <a href="mailto:lang@biologie.de">lang@biologie.de</a>

### Fachbetreuung im BfN:

Dr. Eva Willée Fachgebiet II 1.3 „Terrestrisches Monitoring“

### Förderhinweis:

Gefördert durch das Bundesamt für Naturschutz (BfN) mit Mitteln des Bundesministeriums für Umwelt, Naturschutz, nukleare Sicherheit und Verbraucherschutz (BMUV) (FKZ: 3520 84 0300).

Diese Veröffentlichung wird aufgenommen in die Literaturlatenbank „DNL-online“ ([www.dnl-online.de](http://www.dnl-online.de)).

BfN-Schriften sind nicht im Buchhandel erhältlich. Eine pdf-Version dieser Ausgabe kann unter [www.bfn.de/publikationen](http://www.bfn.de/publikationen) heruntergeladen werden.

Institutioneller Herausgeber: Bundesamt für Naturschutz  
Konstantinstr. 110  
53179 Bonn  
URL: [www.bfn.de](http://www.bfn.de)

Der institutionelle Herausgeber übernimmt keine Gewähr für die Richtigkeit, die Genauigkeit und Vollständigkeit der Angaben sowie für die Beachtung privater Rechte Dritter. Die in den Beiträgen geäußerten Ansichten und Meinungen müssen nicht mit denen des institutionellen Herausgebers übereinstimmen.



Diese Schriftenreihe wird unter den Bedingungen der Creative Commons Lizenz Namensnennung – keine Bearbeitung 4.0 International (CC BY - ND 4.0) zur Verfügung gestellt ([creativecommons.org/licenses](http://creativecommons.org/licenses)).

Druck: Druckerei des Bundesministeriums für Umwelt, Naturschutz, nukleare Sicherheit und Verbraucherschutz (BMUV)

Gedruckt auf 100% Altpapier

ISBN 978-3-89624-473-4

DOI 10.19217/skr711

Bonn 2024

## Inhaltsverzeichnis

<b>Zusammenfassung</b> .....	<b>6</b>
<b>Abstract</b> .....	<b>8</b>
<b>1 Einleitung und Hintergrund der Studie</b> .....	<b>11</b>
<b>2 Struktur der Studie</b> .....	<b>13</b>
<b>3 Priorität 1: Ermittlung neuer Wirkungspfade und -mechanismen mit potenziell negativen Auswirkungen auf die Umwelt und die biologische Vielfalt</b> .....	<b>14</b>
3.1 Überblick über genom-editierte Organismen mit Anwendungspotenzial .....	14
3.1.1 Einleitung und Methode .....	14
3.1.2 Recherche zu genom-editierten Pflanzen, Tieren, Mikroorganismen.....	15
3.1.3 Länderüberblick zu genom-editierten Organismen.....	15
3.2 Wirkungspfade und – mechanismen genom-editierter Organismen.....	29
3.2.1 Genom-editierte Tomaten .....	29
3.2.2 Genom-editierte Apfelbäume .....	39
3.2.3 Genom-editierte Süßwasserfische (Karpfen, Regenbogenforelle).....	47
3.2.4 Genom-editierte Mikroalgen .....	57
3.2.5 Gentechnisch verändertes Citrus Tristeza Virus .....	65
3.3 Recherche zum Nachweis und der Detektion genom-editierter Organismen .....	76
3.3.1 Genom-editierte Organismen müssen prinzipiell nachweisbar sein .....	77
3.3.2 Genom-editierte Organismen müssen auch im Rahmen des Monitorings nachweisbar sein.....	77
3.3.3 Herausforderungen in Bezug auf den Nachweis genom-editierter Organismen .....	78
3.3.4 Derzeit für die Detektion genom-editierter Organismen verfügbare oder in Entwicklung befindliche Nachweismethoden.....	80
3.4 Modellierungen zur Verbreitung genom-editierter Organismen in der Umwelt.....	84
3.4.1 Modellierungen genom-editierter Pflanzen .....	85
3.4.2 Modellierungen genom-editierter Tiere.....	86
<b>4 Priorität 2: Überprüfung von Konzepten zum Monitoring von GVO-Umweltwirkungen</b> .....	<b>90</b>
4.1 Konzepte zur Erfassung von Umweltwirkungen genom-editierter Organismen auf globaler Ebene .....	90
4.1.1 Monitoring genom-editierter Organismen .....	90
4.1.2 GVO-Monitoring in Ländern außerhalb der Europäischen Union .....	91
4.1.3 Schlussfolgerungen .....	93
4.2 Darstellung nationaler Konzepte zum GVO Monitoring.....	94

4.3	Anwendbarkeit der GVO-Monitoringkonzepte für die Fallbeispiele .....	102
4.3.1	Genom-editierte Tomaten .....	103
4.3.2	Genom-editierte Apfelbäume .....	108
4.3.3	Genom-editierte Süßwasserfische (Regenbogenforelle, Karpfen) .....	114
4.3.4	Genom-editierte Mikroalgen .....	118
4.3.5	Gentechnisch verändertes Citrus Tristeza Virus .....	119
4.3.6	Schlussfolgerungen .....	121
<b>5</b>	<b>Priorität 3: Evaluierung der Verwendbarkeit bestehender bzw. in Entwicklung befindlicher BfN-Monitoringkonzepte und –programme des Naturschutzes .....</b>	<b>124</b>
5.1	Evaluierung der bisher vom BfN entwickelten Monitoringkonzepte des Naturschutzes hinsichtlich ihrer Eignung und Nutzbarkeit für das Monitoring von Umweltwirkungen von GE-Organismen .....	124
5.1.1	Vogelmonitoring.....	124
5.1.2	HNV-Farmland-Monitoring .....	132
5.1.3	FFH-Monitoring .....	136
5.1.4	Insektenmonitoring.....	139
5.1.5	Ökosystem-Monitoring .....	141
5.1.6	Nationales Naturerbe.....	143
5.1.7	Exkurs: Wasserrahmenrichtlinie .....	146
5.2	Identifikation von Anknüpfungspunkten zur Nutzung von Monitoringkonzepten und -programmen für das GE-Monitoring .....	147
5.2.1	Genom-editierte Tomaten .....	147
5.2.2	Genom-editierte Apfelbäume .....	149
5.2.3	Genom-editierte Süßwasserfische (Regenbogenforelle, Karpfen) .....	153
5.2.4	Genom-editierte Mikroalgen .....	157
5.2.5	Gentechnisch verändertes Citrus Tristeza Virus .....	159
<b>6</b>	<b>Priorität 4: Darstellung der Anforderungen an ein Monitoring von Umweltwirkungen von GE-Organismen.....</b>	<b>162</b>
6.1	Allgemeine Anforderungen an das Monitoring von GE-Organismen.....	162
6.2	Spezielle Anforderungen an das Monitoring von GE-Organismen.....	165
6.2.1	Genom-editierte Tomaten .....	166
6.2.2	Genom-editierte Apfelbäume .....	167
6.2.3	Genom-editierte Süßwasserfische (Regenbogenforelle, Karpfen) .....	167
6.2.4	Genom-editierte Mikroalgen .....	168
6.2.5	Gentechnisch verändertes Citrus Tristeza Virus .....	169

---

6.3	Empfehlungen für das Monitoring von GE-Organismen.....	170
<b>7</b>	<b>Schlussfolgerungen .....</b>	<b>173</b>
	<b>Literaturverzeichnis .....</b>	<b>175</b>
	<b>Abbildungsverzeichnis .....</b>	<b>212</b>
	<b>Tabellenverzeichnis .....</b>	<b>213</b>
	<b>Abkürzungsverzeichnis.....</b>	<b>215</b>
<b>A</b>	<b>Anhang Tabellen.....</b>	<b>218</b>

## Zusammenfassung

Ziel dieser Studie ist es, neue Anforderungen an das Monitoring durch die Anwendung genom-edierter Organismen in der Umwelt sowie Nutzungs- bzw. Anpassungsbedarf bestehender Monitoringkonzepte für gentechnisch veränderte Organismen (GVO) bzw. Monitoringprogramme des Naturschutzes in Deutschland zu identifizieren und darzustellen. Es wird eine Übersicht von derzeit in Entwicklung und Forschung befindlicher genom-edierter (GE) Organismen auf Basis einer Literaturrecherche erstellt. Aus diesen werden fünf Beispiele von Organismen (GE-Apfel, GE-Tomate, GE-Alge, GE-Fisch und GV-Virus) ausgewählt und weiterführende Literaturrecherchen zu Expositionspfaden und Umweltwirkungen durchgeführt. Aufbauend auf den daraus abgeleiteten Anforderungen an ein Monitoring dieser Organismen werden vorhandene GVO-Monitoringkonzepte auf ihre Anwendbarkeit untersucht. Die bereits etablierten Monitoringprogramme des Naturschutzes werden auf mögliche Schnittstellen zum Monitoring von GE-Organismen untersucht und Fehlstellen sowie Anpassungsbedarf dargestellt. Weitere Aspekte des Projekts beinhalten die Erstellung einer Übersicht über den Stand der Regulierung von GE-Organismen im internationalen Kontext, wesentliche Aspekte der Nachweisbarkeit von GE-Organismen und die Untersuchung der Anwendbarkeit bereits entwickelter Modellierungen von gentechnisch veränderten Pflanzen für GE-Organismen.

Die Recherchen zeigen, dass derzeit eine Vielzahl an GE-Organismen in Entwicklung sind. Allerdings befinden sich diese Organismen meist im Forschungs- und Entwicklungsstadium und es ist zurzeit nicht abschätzbar, ob und welche dieser Organismen kommerzialisiert werden. Hinsichtlich der bearbeiteten Organismengruppen und veränderten bzw. neu eingebrachten Merkmale fällt auf, dass die genomischen Veränderungen zwar mittels neuer molekularbiologischer Techniken erfolgen, die bearbeiteten Organismen(gruppen) bzw. Merkmale entsprechen jedoch jenen, die auch bisher mittels klassischer Transgenese bearbeitet wurden. Diese orientieren sich an den derzeitigen Marktbedürfnissen und umfassen vorrangig Krankheitsresistenzen bei kommerziell wichtigen Kulturpflanzen und Tiergruppen für den Lebensmittelbereich. Die Informations- und Datenverfügbarkeit hinsichtlich der genomischen Veränderung, beabsichtigter und möglicher unbeabsichtigter geno- bzw. phänotypischer Effekte oder möglicher Umweltauswirkungen ist eingeschränkt, da nur für wenige GE-Organismen Informationen aus Risikobewertungen vorliegen.

Bestehende konzeptive Arbeiten zum GVO-Monitoring sind für ein Monitoring der untersuchten GE-Organismen eingeschränkt nutzbar, da diese spezifisch auf Agrarlebensräume und einjährige Kulturpflanzen fokussieren. Die Monitoringprogramme des Naturschutzes weisen für manche GE-Organismen geeignete Schnittstellen auf, für andere jedoch sind umfangreiche Anpassungen und Ergänzungen notwendig. Da vermehrt Krankheitsresistenzen von Pflanzen bzw. auch pathogen-übertragende Vektoren mittels Genom-Editierung bearbeitet werden, ist insbesondere ein Monitoring agrarischer Schädlinge und Nützlinge, sowie in Obst- und Gartenbaukulturen zu berücksichtigen. Für das Monitoring aquatischer GE-Organismen können nur Teilaspekte der bestehenden Monitoringprogramme genutzt werden. Anpassungsbedarf ist generell bei der Auswahl fallspezifischer Indikatoren, der Abdeckung zusätzlicher Wirkräume und der Einbindung zusätzlicher Monitoringprogramme (z.B. die Wasserrahmenrichtlinie) gegeben.

Modellierungen zum Verbreitungsverhalten von GE-Organismen in der Umwelt sind derzeit noch nicht verfügbar. Diese müssen die spezifischen veränderten Merkmale der jeweiligen Organismen sowie deren Anbau- und Produktionssysteme berücksichtigen.

Eine besondere Herausforderung für das Monitoring stellt derzeit der auf globaler Ebene unterschiedliche Regulierungsstand von GE-Organismen dar, sowie die damit verbundene Problematik der Nachvollziehbarkeit von Importen von GE-Organismen aus Drittländern und folglich der Feststellung und des Monitorings der Umweltexposition dieser Organismen. Schlussendlich ist die für das Monitoring wichtige Frage des molekularen Nachweises und der Detektion von GE-Organismen in der Umwelt derzeit noch nicht vollständig gelöst.

## Abstract

The aim of this study is to identify novel requirements for monitoring adverse environmental effects of genome-edited (GE) organisms, as well as necessary adaptations of already existing monitoring concepts developed for genetically modified organisms (GMO) and of biodiversity monitoring programs. Based on a literature review, an overview of genome-edited organisms currently under development is provided. The potential environmental exposure and adverse effects of GE-organisms are discussed by use of five examples (GE-apple, GE-tomato, GE-microalgae, GE-fish and a GM virus application). For these examples, the requirements for monitoring are outlined and the applicability of existing GMO monitoring concepts is scrutinized. In addition, potential interfaces with already established biodiversity monitoring programs in Germany are assessed. Existing gaps in these programs as well as the need for adaptations in order to address the identified monitoring requirements are presented.

This study also contains an overview of the regulatory status of genome-edited organisms in the international context. It presents relevant aspects for the analytical detection and traceability of these organisms. Already existing modelling approaches for the spread of different organism types are also scrutinized with respect to their applicability for genome-edited organisms.

The results show that a range of GE-organisms is currently under development. Most of them are in the research and development stage and predictions regarding their commercialization in or outside the European Union are difficult. In GE-organisms, the modified traits are predominantly commercially relevant traits (e.g. disease resistance) which are introduced or modified by use of novel biotechnological tools such as CRISPR/Cas. The targeted types of organisms are commercially relevant crop or horticultural plants and animals for food or feed purposes. In general, data on the specific genomic modification, intended or potentially unintended genetic or phenotypic effects and environmental risks is lacking, as risk assessments for these organisms are not available.

Existing concepts for GMO monitoring are useful to only a limited extent for monitoring adverse environmental effects of GE-organisms. The existing concepts focus on genetically modified crop plants and agricultural habitats, specific aspects relevant for GE-organisms are not covered, if other types of organisms (e.g. microalgae, fish, horticultural plants) and other types of receiving environments (e.g. gardens, parks, aquatic habitats) are addressed.

The already established biodiversity monitoring programs in Germany can be used for monitoring effects of novel types of GE-organisms. However, future applications of GE-organisms will increasingly focus on other organism types than crop plants, e.g. horticultural plants or viral applications for fruit crops. Hence, monitoring of pests, pathogens and beneficial organisms in orchards and horticultural habitats will be crucial.

In case aquatic GE-organisms will be released, they will be insufficiently covered by existing biodiversity monitoring programs. These need to be complemented by additional monitoring efforts, e.g. those required in the context of the Water Framework Directive. In general, there is a need to adapt biodiversity monitoring programs with respect to case-specific indicators and the monitored areas.

Approaches to model and predict the spread of GE-organisms are not available so far and must take the specific GE-traits of these organisms and their respective cultivation and production systems into account.

A specific challenge is the diverging regulatory status of GE-organisms on a global scale and the related issues regarding the traceability of these organisms upon import into the European Union and consequently the assessment and monitoring of the environmental exposition of GE-organisms. Importantly, the availability of analytical detection methods for GE-organisms is a prerequisite for monitoring in order to be able to detect and keep track of these organisms if released into the environment.

---

## 1 Einleitung und Hintergrund der Studie

Gentechnisch veränderte Organismen (GVO) und ihre Produkte erfordern in der Europäischen Union eine Risikobewertung unter Beachtung des Vorsorgeprinzips, sowie nach erfolgter Zulassung zum Inverkehrbringen (für Import und/oder Anbau) eine Überwachung (Monitoring) möglicher schädlicher Auswirkungen auf die Umwelt und die menschliche Gesundheit (EC 2001). Die mit neuen molekularbiologischen (allgemein als Genom-Editierung bezeichneten) Techniken hergestellten Organismen sind rechtlich als GVO einzuordnen. Wie bei den etablierten gentechnischen Methoden (z. B. Transgenese) auch, ist es das Ziel eines Monitorings, die Annahmen und Ergebnisse der Risikobewertung zu überprüfen, sowie langfristige und unvorhergesehene Wirkungen zu überwachen und möglichst zeitnah zu erkennen. Mittels Genom-Editierung werden voraussichtlich neue Organismen mit neuartigen Eigenschaften, Wirkungspfaden und Wirkungsorten entwickelt werden, die neuartige Monitoringkonzepte erforderlich machen (BfN 2017). Andererseits werden auch mittels Genom-Editierung bisher schon entwickelte gentechnisch veränderte Merkmale verwendet werden, wie z. B. herbizidresistente Pflanzen. Es ist also zu erwarten, dass die bisherigen Monitoringkonzepte und –programme zur Überwachung klassisch hergestellter GVO zumindest teilweise auch für genom-editierte Organismen anwendbar sind. Andererseits kann es auch notwendig sein, Spektrum und Inhalt der vorhandenen Überwachungskonzepte und –programme zu ergänzen, um die neuartigen Organismen und ihre Umweltwirkungen erfassen zu können.

Genom-Editierung wird im Rahmen der Diskussion neuer gentechnischer Verfahren in der EU, aber auch auf internationaler Ebene im Rahmen des Cartagena Protokolls, intensiv diskutiert. Neben Fragen im Zusammenhang mit der Regulierung, der Risiken und der Nachweisbarkeit genom-edierter Organismen wirft die Anwendung dieser Verfahren neue Fragen für das Monitoring von Umweltwirkungen auf. Die rechtlichen Grundlagen dafür sind in der Freisetzungsrichtlinie RL 2001/18/EG sowie in der Durchführungsverordnung (EU) 503/2013 festgelegt. Dabei wird zwischen einem fallspezifischen Monitoring und einer allgemeinen Überwachung unterschieden. Während das fallspezifische Monitoring die Annahmen bezüglich des Auftretens nachteiliger Effekte des GVO aus der Risikobewertung überprüfen soll, dient die allgemeine Überwachung der Identifizierung möglicher nachteiliger Effekte, die nicht in der Risikobewertung vorhergesehen wurden. Für das Umweltmonitoring nach Inverkehrbringen des GVO spielen die Ergebnisse der Risikobewertung daher eine wesentliche Rolle. Die in der Risikobewertung formulierten und überprüften Risikohypothesen, sowie die Einschätzung des Risikos liefern die Grundlage für ein nachgelagertes Monitoring. Dazu sind Informationen und Daten aus der grundlegenden Charakterisierung des GVO (z. B. molekulare, agronomische, phänotypische sowie inhaltsstoffliche Beschreibung) wesentlich, aber auch aus spezifischen Untersuchungen zu einzelnen Risikobereichen (z. B. Effekte auf Ziel- bzw. Nichtzielorganismen). In diesem Zusammenhang sind besonders die Ergebnisse aus Labor-, Glashaus- oder Feldversuchen (gemäß Teil B der RL 2001/18/EG) von Bedeutung. In Europa wurden bisher keine genom-editierten Organismen für das Inverkehrbringen zugelassen. Daher sind grundlegende Informationen über diese Organismen nur eingeschränkt oder nicht verfügbar (z. B. Sequenzinformationen, geno- und phänotypische Auswirkungen der Veränderung etc.). Dies erschwert derzeit die Vorhersage möglicher Umweltwirkungen. Dennoch können aufgrund der Biologie und Ökologie sowie möglicher Wirkräume des jeweiligen Organismus und des veränderten Merkmals, Wirkungen auf die Umwelt abgeschätzt werden, die im Rahmen eines Monitorings von Relevanz sein können.

Genom-editierte Organismen stellen aufgrund der vielfältigen genomischen Eingriffsmöglichkeiten, des erweiterten Spektrums an möglichen Zielarten sowie der erschwerten Rückverfolgbarkeit neue Anforderungen an das Monitoring möglicher Umweltwirkungen. Somit ist es notwendig, das verfügbare methodische Spektrum zur Erfassung solcher Umweltwirkungen dieser Organismen zu überprüfen und gegebenenfalls anzupassen.

Eine generelle Voraussetzung für das Monitoring der Umweltextposition genom-edierter Organismen ist die Verfügbarkeit geeigneter analytischer Nachweismethoden. Für manche genom-edierten Organismen kann die Entwicklung derartiger Methoden bzw. die Anwendung technisch anspruchsvoller Methoden erhebliche Herausforderungen mit sich bringen.

Das Ziel der vorliegenden Studie ist es, die neuen Fragen und Anforderungen, die sich durch die Anwendung genom-edierter Organismen in der Umwelt ergeben, anhand von Fallbeispielen zu diskutieren und bestehende GVO-Monitoringkonzepte sowie nationale Monitoringprogramme des Naturschutzes in Deutschland (unter Mitwirkung des BfN) auf ihre Nutzbarkeit zu überprüfen, sowie Lücken, Anpassungs- und Ergänzungsbedarf zu identifizieren. Schlussendlich werden Empfehlungen für das Monitoring genom-edierter Organismen formuliert.

## 2 Struktur der Studie

Die vorliegende Studie ist in 4 Arbeitspakete (Prioritäten) unterteilt.

In **Priorität 1** werden neue Wirkungspfade und –mechanismen von GE-Organismen mit potenziell negativen Auswirkungen auf die Umwelt und die biologische Vielfalt ermittelt. Dazu wurde ein Überblick über die aktuell im Fokus der Forschung befindlichen GE-Organismen (Pflanzen, Tiere und Mikroorganismen) mit Potenzial für die Anwendung erstellt. Daraus wurden 5 Fallbeispiele ausgewählt, für die eine Recherche zu möglichen Wirkungspfaden und –mechanismen, sowie Expositionspfaden und Wirkräumen durchgeführt wurde. Zudem wird ergänzend dargestellt, welche GE-Organismen sich in welchen Ländern im Forschungs- bzw. Anwendungsstadium befinden. Weiterhin wurde eine Recherche zum Nachweis von GE-Organismen durchgeführt, mit dem Fokus auf derzeit verfügbaren und anwendbaren Methoden. Diese Priorität wird zudem durch eine Recherche hinsichtlich vorhandener Modellierungen zum Verbreitungsverhalten von relevanten Kulturpflanzen und Tieren ergänzt. Die Arbeiten erfolgten mittels Literaturrecherche.

**Priorität 2** enthält eine Recherche von Monitoringkonzepten zur Erfassung von Umweltwirkungen von GE-Organismen auf globaler Ebene. Dies erfolgte mittels Literaturrecherche sowie Befragung relevanter Stakeholder.

Weiterhin wird eine zusammenfassende Übersicht über in Deutschland bereits entwickelte Konzepte und Ansätze zum Monitoring von Umweltwirkungen von GVO (unter Mitwirkung des BfN) erstellt und diese auf Verwendbarkeit für GE-Monitoring überprüft. Diese Arbeiten erfolgten ebenfalls durch Literaturrecherche.

**Priorität 3** fokussiert auf die Evaluierung der Verwendbarkeit bestehender bzw. in Entwicklung befindlicher BfN-Monitoringkonzepte und –programme des Naturschutzes. Zudem werden Anknüpfungspunkte zur Nutzung dieser Programme für ein GE-Monitoring, sowie Lücken identifiziert. Die Arbeiten erfolgten mittels Literaturrecherche.

Die Ergebnisse der Prioritäten 1-3 wurden bei einem Online-Fachgespräch mit externen Fachpersonen aus Wissenschaft, Verwaltung und Praxis am 5.11.2021 diskutiert. Die Ergebnisse und Rückmeldungen aus dem Fachgespräch wurden in Priorität 4 berücksichtigt.

**Priorität 4** enthält eine zusammenfassende Darstellung der Anforderungen und Empfehlungen an ein Monitoring von Umweltwirkungen von GE-Organismen, basierend auf den Ergebnissen der Prioritäten 1-3 und des Fachgesprächs.

### **3 Priorität 1: Ermittlung neuer Wirkungspfade und -mechanismen mit potenziell negativen Auswirkungen auf die Umwelt und die biologische Vielfalt**

In Priorität 1 soll die Frage behandelt werden, welche Wirkungspfade in der Umwelt für genom-editierte (GE-)Organismen relevant sind und ob sich diese von klassischen GVO unterscheiden.

Die Ergebnisse der Priorität 1 des Vorhabens sind in 4 Blöcke aufgeteilt:

1. Überblick über GE-Organismen mit Anwendungspotenzial;
2. Recherche zu Wirkungspfaden und -mechanismen von GE-Organismen;
3. Recherche zum Nachweis und der Detektion von GE-Organismen;
4. Modellierungen zum Verbreitungsverhalten von Arten, die im Fokus der GE-Forschung stehen.

#### **3.1 Überblick über genom-editierte Organismen mit Anwendungspotenzial**

##### **3.1.1 Einleitung und Methode**

Dieses Kapitel enthält einen Überblick über die derzeit im Fokus der Forschung und Industrie liegenden GE-Organismen. Die Basis für die Recherchen liefern bestehende Vorarbeiten bzw. bereits vorhandene Literatur für die unterschiedlichen Organismengruppen (Pflanzen, Tiere, Mikroorganismen), die durch eine aktuelle Recherche ergänzt wurde.

Für die Recherche zu genom-editierten Pflanzen wurden folgenden Vor- bzw. Überblicksarbeiten herangezogen:

- Bewg et al. (2018);
- Char & Yang (2020);
- Eckerstorfer et al. (2019a, b, 2020);
- Gelinsky (2019);
- Ku & Ha (2020);
- Modrzejewski et al. (2019, 2020);
- Salava et al. (2021);
- Metje-Sprink et al. (2020);
- Xu et al. (2019);
- Zhou et al. (2019);
- BMC Biotechnology (2018-2020) Schwerpunktausgabe (Cross-journal collection) zu „Genome editing technology and applications in animals and plants“.

Für die Recherche zu genom-editierten Tieren wurden folgenden Vor- bzw. Überblicksarbeiten herangezogen:

- CSS, ENSSER, VDW (2019);
- Genetic Literacy Project (2020);

- Gratacap et al. (2019);
- Kawall et al. (2020);
- Lee et al. (2020);
- Sovova et al. (2017);
- Tait-Burkard et al. (2018);
- USDA-APHIS (2021);
- Zhao et al. (2019);
- BMC Biotechnology (2018-2020) Schwerpunktausgabe (Cross-journal collection) zu „Genome editing technology and applications in animals and plants“.

Für die Recherche zu genom-editierten Mikroorganismen und Viren wurden folgende Übersichtsarbeiten herangezogen:

- van der Vlugt (2019);
- Patel et al. (2019);
- Ellison et al. (2020);
- Nuismer & Bull (2020);
- Basu et al. (2018);
- Yadav et al. (2018);
- Ritala et al. (2017);
- Adiego-Perez et al. (2019);
- Arazoe (2020);
- Liu & Qu (2019).

Da sich die Anwendungen aus den Übersichtsarbeiten z.T. als wenig geeignet für das gegenständliche Vorhaben erwiesen (z. B. fehlender Umweltbezug), wurde nach weiterer aktueller, anwendungsspezifischer Literatur zu genom-editierten Mikroorganismen (Bakterien, Viren) auch mit spezifischen Schlüsselwortkombinationen in Google Scholar gesucht (gene editing/genome editing/CRISPR; Name des Taxons bzw. der Gattung oder Gruppe), beschränkt auf die Publikationsjahre 2017-2020).

### **3.1.2 Recherche zu genom-editierten Pflanzen, Tieren, Mikroorganismen**

Die Ergebnisse aus der Recherche zu genom-editierten Pflanzen, Tieren und Mikroorganismen inkl. Viren sind den Tabellen im Anhang (Tab. 22, Tab. 23, Tab. 24) zu entnehmen.

### **3.1.3 Länderüberblick zu genom-editierten Organismen**

Das folgende Kapitel enthält einen Überblick über in Forschung befindliche genom-editierte Organismen. Genom-editierte Organismen werden weltweit regulativ unterschiedlich gehandhabt. Einen Überblick über den Stand der Regulierung gibt Eckerstorfer et al. (2019b). Aufgrund dieser unterschiedlichen Handhabung ist nicht immer eindeutig feststellbar, ob ein genom-editierter Organismus 1) in dem jeweiligen Staat einer behördlichen Regulierung unterliegt und 2) am Markt erhältlich ist (selbst wenn eine behördliche Zulassung notwendig ist).

Zudem ist es oft schwierig festzustellen, mittels welcher neuen molekularbiologischen Züchtungstechnik ein Organismus hergestellt bzw. welches Merkmal verändert wurde, da dies oft von den Firmen nicht veröffentlicht wird. In den USA wird dies meist in den Ansuchen zur Deregulierung als „confidential business information“ (CBI) gekennzeichnet. Informationen zur Entwicklung genom-editierter Organismen aus Zeitungsartikeln, Pressemeldungen und grauer Literatur o. ä. erschweren zudem die faktenbasierte Zuordnung eines Organismus zu einer spezifischen Technik und somit eine Abgrenzung zu klassisch gentechnischen Veränderungsmethoden (z. B. Transgenese).

Die Recherche zu den genom-editierten Organismen in unterschiedlichen Ländern basiert vorrangig auf Informationen der jeweiligen Zulassungsbehörden (sofern diese vorhanden und zugänglich sind), sowie folgenden Literaturquellen:

- Genetic Literacy Project (2020);
- Metje-Sprink et al. (2020);
- Eckerstorfer et al. (2019a, b);
- Menz et al. (2020);
- OECD (2020).

Des Weiteren wurden unterschiedliche Einzelquellen für die Recherchen in einzelnen Ländern herangezogen. Die Quellen sind in den jeweiligen Ländertabellen angegeben.

### **3.1.3.1 Europäische Union, Schweiz und Norwegen**

In der Europäischen Union unterliegen Organismen, die mittels neuer Mutageneseverfahren hergestellt werden, der GVO Gesetzgebung gemäß Richtlinie (RL) 2001/18/EG bzw. Verordnung (EU) 1829/2003. Somit müssen Feldversuche mit diesen Organismen als GVO Freisetzungsversuche (absichtliche Freisetzung in die Umwelt nach Teil B der RL 2001/18/EG) national genehmigt werden. Zulassungen für den kommerziellen Anbau in der EU (Teil C der RL 2001/18/EG) unterliegen einer EU-weiten Genehmigung. Beide können über die GVO Datenbank des Joint Research Centers (EC 2022) abgerufen werden. Zudem sind Anträge von GVO für die Vermarktung in oder als Lebens- bzw. Futtermittel (gegebenenfalls auch für den Anbau) gemäß der Verordnung (EU) 1829/2003 über das „Register of Questions“ der Europäischen Lebensmittelagentur EFSA (EFSA 2022) abrufbar. Eine spezifische Kennzeichnung, mit welcher Technik der jeweilige Organismus hergestellt wurde, ist jedoch nicht gegeben.

In der Schweiz und Norwegen folgen die Gesetzgebungen weitgehend jener der Europäischen Union. In der Schweiz sind Bewilligungen von Gesuchen zu Freisetzungen von Organismen, die als GVO eingestuft werden, über die Homepage des Bundesamts für Umwelt (BAFU) bzw. Agroscope, dem nationalen Kompetenzzentrum für agronomische Forschung abrufbar.

Eine Übersicht über Feldversuche mit genom-editierten Organismen in der Europäischen Union bzw. in der Schweiz und Norwegen gibt Tab. 1.

Tab. 1: Genom-editierte Organismen in der EU sowie UK, Schweiz und Norwegen.

Land	Kategorie	Organismus	Merkmal	Feldversuchsnummer oder Forschung / Projektbetreiber	Referenz
Belgien	Pflanzen	Mais	eingeschränkter DNA Reparaturmechanismus und verändertes Wachstum	B/BE/18/V8 und B/BE/19/V1 / Flemish Institute for Biotechnology (VIB)	JRC (2020)
Deutschland	Tiere	Schwein	Untersuchung verschiedener humaner Krankheiten	Forschung / TU München	Perleberg et al. (2017)
		Schwein	Verbesserung der Organe (für Transplantationszwecke)	Forschung / Centre for Innovative Medical Models Facility; Ludwig-Maximilian-Universität München	Weintraub (2019)
Frankreich	Tiere	Schaf	Erhöhte Muskelmasse	Forschung / University of Nantes (ITUN), siehe auch Uruguay	Crispo et al. 2015
Italien	Pflanzen	verschiedene Feldfrüchte	verschiedene Merkmale	Forschung / ENEA	ENEA (2021)
Niederlande	Pflanzen	Apfel	Erhöhter Anthocyanin-gehalt	B/NL/15/L01/ Stichting Dienst Landbouwkundig Onderzoek (DLO)	JRC (2020)
		Weizen	Glutenfreiheit	Forschung (phD)/ Uni Wageningen	Jouanin (2019)
Norwegen	Tiere	Fische (Lachs)	Resistenz gegen Läuse	Forschung / Norwegian Fisheries, Aquaculture and Food Research Institute – Nofima	The Fish Site (2020)
Schweden	Pflanzen	Kartoffel	verringertes Amylosegehalt (für industrielle Zwecke)	B/SE/19/5614 / Lyckeby Starch AB	JRC (2020), Andersson et al. (2017)
		Kartoffel	Pathogenresistenz	B/SE/20/1726 / Swedish University of Agricultural Sciences	JRC (2020)
Spanien	Pflanzen	Tabak	veränderter Alkaloidgehalt, verlängerte vegetative Phase und späterer Blühzeitpunkt	B/ES/21/01, B/ES/20/01 / Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas, Agencia Estatal Consejo Superior de Investigaciones Científicas	JRC (2020)
Schweiz	Pflanzen	Apfel	Resistenz gegen Feuerbrand	Forschung /Agroscope, Zürich	Agroscope (2016)

Priorität 1: Ermittlung neuer Wirkungspfade und -mechanismen mit potenziell negativen Auswirkungen auf die Umwelt und die biologische Vielfalt

Land	Kategorie	Organismus	Merkmal	Feldversuchsnummer oder der Forschung / Projektbetreiber	Referenz
		Kartoffel	Resistenz gegen Kraut- und Knollenfäule	Forschung / Agroscope, Zürich	Agroscope (2018)
UK	Pflanzen	Gerste	N-Fixierung (für weniger Düngergabe)	Forschung / John Innes Centre	McKie (2016)
		Leindotter	Ölsäuregehalt	B/GB/18/(R8)/01 / und GB/19/R08/01 Rothamsted Research	JRC (2020), Faure & Napier (2018)
		Rote Rübe	Produktion medizinisch genutzter Aminosäuren (Parkinson)	Forschung / John Innes Centre	McKie (2016)
	Tiere	Huhn	Influenza-Resistenz	Forschung / Roslin Institute & Imperial College London	The Roslin Institute (2019)
		Huhn	Produktion humaner Proteine für Medizin-zwecke	Forschung / Roslin Institute	MacDonald (2019)
		Schwein	Krankheitsresistenz (PRRS, ASF-Virus)	Forschung / Roslin Institute / Genus PLC	The Roslin Institute (2018)

### 3.1.3.2 USA, Kanada

Gemäß dem „Coordinated Framework for Biotechnology Regulation“ können in den USA Organismen, die mittels rekombinanter DNA hergestellt wurden, von keiner, einer, zwei oder drei Agenturen reguliert werden, je nach Pflanze und Merkmal (Parrott 2018). Sofern Unkräuter („noxious weeds“) oder Pflanzenschädlinge („plant pests“) bzw. deren DNA-Sequenzen involviert sind, ist das US Department of Agriculture – Animal and Plant Health Inspection Service (USDA-APHIS) in den Regulierungsprozess eingebunden. So werden beispielsweise Pflanzen, die mittels *Agrobacterium* transformiert werden, von der USDA reguliert. Somit können auch genom-editierte Pflanzen, bei denen Pflanzenschädlinge-DNA bei der Herstellung beteiligt ist, durch die USDA reguliert werden (z. B. cisgener schorfresistenter Apfel). Durch den „Am I regulated?“ Prozess konnten Hersteller die Behörde bezüglich einer notwendigen Regulierung ihrer Produkte konsultieren. Die Anfragen der Antragsteller („letter of inquiry“), sowie die jeweiligen Antworten der Behörde sind im Internet abrufbar (USDA-APHIS 2021). Mit Stand April 2018 wurden 18 Anfragen zu genom-editierten Produkten gestellt (Parrott 2018). Die meisten dieser Organismen werden als „nicht reguliert“ („deregulated“) eingestuft. Allerdings lassen die Anfragen der Hersteller keine Aussagen zu, inwieweit die Produkte bereits für die kommerzielle Vermarktung vorgesehen sind. Manchmal wird von den Antragstellern (Universitäten bzw. kommerzielle Firmen) die Absicht von Feldversuchen dargestellt. Seit Mitte 2020 wurde der „Am I regulated?“ Prozess durch den „SECURE Rule’s Exemption and Confirmation Process“ ersetzt. Damit können Pflanzen, deren DNA-Sequenz verändert wurde, unter spezifischen Bedingungen von den regulativen Vorschriften ausgenommen werden. Dies betrifft z. B. Deletionen, Austausch einzelner Basenpaare bzw. das Einbringen von Sequenzen

aus dem natürlichen Genpool der Pflanze (Menz et al. 2020). Weiterhin werden genom-editierte Pflanzen, bei denen kein „plant pest risk“ der jeweiligen Pflanze bzw. der eingebrachten Sequenz festgestellt wird, von einer Regulierung ausgenommen.

Die Umweltbehörde EPA ist bei genetischen Veränderungen von Pflanzen, die resistent gegen Schädlinge und Pathogene sind, zuständig. Dies betrifft bei gentechnisch veränderten Organismen vorrangig solche, die Pestizide (sogenannte „plant incorporated protectants“) produzieren, also beispielsweise ein *Bacillus thuringiensis* (Bt) Protein. Inwiefern auch genom-editierte Pflanzen als „Pestizid“ gelten können, ist derzeit noch unklar (Parrott 2018).

Pflanzenbasierte Lebens- oder Futtermittel werden durch die US Lebensmittelbehörde (FDA) reguliert. Deren „statements“ geben Auskunft bezüglich der Lebensmittelsicherheit von Produkten, sofern es freiwillige „consultations“ der Antragsteller mit der Behörde gibt. Das Center for Veterinary Medicine der FDA ist für genom-editierte Tiere zuständig, wobei diese unter die Kategorie „pharmazeutische Anwendungen“ fallen (Parrott 2018).

Bei den angeführten Informationsquellen der USDA und der FDA sind jedoch die eingesetzte Technik der genetischen Veränderung bzw. der Genom-Editierung nicht immer angeführt, häufig sind veränderte Gene oder Genfragmente bzw. die neu eingebrachten Merkmale als vertrauliche Informationen (CBI) angeführt.

Derzeit sind – soweit bekannt – zwei genom-editierte Pflanzen in den USA am Markt erhältlich. Der herbizidresistente Raps von CIBUS (Technik: Oligonukleotid gerichtete Mutagenese (ODM)) wird seit einigen Jahren ohne formale Regulierung oder „Am I Regulated?“ Anfrage vermarktet (Menz et al. 2020). Sojabohnen mit erhöhtem Ölsäuregehalt der Firma Calyxt (Technik: TALEN) werden seit 2018 angebaut, mit einer geschätzten Anbaufläche von ca. 40.000 ha im Jahr 2020 (Menz et al. 2020). Zudem sind Feldversuche mit genom-editierten Raps geplant (Yield 10 Bioscience, Menz et al. 2020).

In Kanada basiert die Regulierung genom-edierter Organismen auf einer produkt-orientierten Evaluierung. Alle Pflanzenprodukte unterliegen denselben regulativen Vorschriften für Pflanzen mit neuartigen Merkmalen („plants with novel traits“), unabhängig von der Züchtungsmethode. Alle Pflanzen mit neuartigen Merkmalen können über eine Datenbank der Kanadischen Lebensmittelbehörde (Canadian Food Inspektion Agency) abgerufen werden (Government of Canada 2022).

Eine Übersicht über den Regulierungs- bzw. Forschungsstand genom-edierter Organismen in den USA und Kanada geben Tab. 2 und Tab. 3. „Dereguliert“ bezieht sich auf den Zulassungsstatus gemäß USDA-APHIS Datenbank, „Forschung“ auf sonstige Berichte zu Forschungsvorhaben mit genom-editierten Organismen. Die entsprechenden Referenzen sind in Fußnoten angeführt.

Tab. 2: Genom-editierte Organismen in den USA (? = unbekannt).

Kategorie	Organismus	Merkmal	Status / Projektbetreiber	Referenz
Pflanzen	Alfalfa	Ligningehalt	dereguliert 2017 / Calyxt Inc.	USDA-APHIS (2021)
	Alfalfa	Proof of concept	Forschung / Agriculture and Agri-Food Canada	Gao et al. 2018

Priorität 1: Ermittlung neuer Wirkungspfade und -mechanismen mit potenziell negativen Auswirkungen auf die Umwelt und die biologische Vielfalt

Kategorie	Organismus	Merkmal	Status / Projektbetreiber	Referenz
	Borstenhirse	Blühzeitpunkt	dereguliert 2017 / Donald Danforth Plant Science Center	USDA-APHIS (2021)
	Getreide (Mais, Weizen, Reis)	Erhöhte N-Aufnahme	Forschung / MIT	Miller & Jameel (2020)
	Kartoffel	Bräunung	dereguliert 2016 / Calyxt Inc.	USDA-APHIS (2021)
	Kartoffel	Bräunung, Alkaloid Gehalt, Kälte-lagerungstoleranz, Knollengröße, Selbst-Kompatibilität	dereguliert 2016, 2017, 2020 / Simplot Plant Sciences	USDA-APHIS (2021)
	Leindotter	? (CBI), Produktqualität	dereguliert 2017, 2018, 2020 / Metabolix Oilseed (Yield10 Bioscience)	USDA-APHIS (2021)
	Mais	Stärkegehalt (Wachsmais)	dereguliert 2016 / DuPont	USDA-APHIS (2021)
	Mais	Mehltauresistenz	dereguliert 2018 / DuPont	USDA-APHIS (2021)
	Mais	Ertrag	dereguliert 2015 / Benson Hill Biosystems	USDA-APHIS (2021)
	Mais	? (CBI)	dereguliert 2020 / Inari Agriculture Inc.	USDA-APHIS (2021)
	Pilze	Bräunungsresistenz	dereguliert 2016 / Pennsylvania State University	USDA-APHIS (2021)
	Rasengras	Wachstum, Herbizidresistenz	dereguliert 2020 / Scotts-Miracle Gro, Ohio	USDA-APHIS (2021)
	Reis	Resistenz gegen Bakterienbrand	dereguliert 2015 / Iowa State Univ.2020 / Univ. Missouri	USDA-APHIS (2021)
	Reis	Herbizidresistenz	deregulated 2020 / Cibus	USDA-APHIS (2021)
	Reis	Salztoleranz	Forschung / AGRISEA	Simke (2021)
	Sojabohne	Ölsäuregehalt	dereguliert 2015, 2020 / Calyxt Inc. / Celletics Plant Sciences	USDA-APHIS (2021)
	Sojabohne	Trocken- und Salztoleranz	dereguliert 2017 / USDA ARS Minnesota	USDA-APHIS (2021)
	Sojabohne	Öl- und Proteingehalt	dereguliert 2020 / Corteva	USDA-APHIS (2021)
	Sojabohne	Blattgröße, Sa-mengewicht	dereguliert 2020 / Univ Missouri	USDA-APHIS (2021)
	Tabak	Nikotingehalt	dereguliert 2011 / Univ North Carolina	USDA-APHIS (2021)

Priorität 1: Ermittlung neuer Wirkungspfade und -mechanismen mit potenziell negativen Auswirkungen auf die Umwelt und die biologische Vielfalt

Kategorie	Organismus	Merkmal	Status / Projektbetreiber	Referenz
	Tabak	Nektargehalt	dereguliert 2019 / Max Plank Institut DE	USDA-APHIS (2021)
	Tabak	? (CBI)	dereguliert 2019 / Altria Client Services LLC	USDA-APHIS (2021)
	Tomate	Virusresistenz	dereguliert 2019 / Nexgen Plants Ltd	USDA-APHIS (2021)
	Tomate	Pflanzenarchitektur, frühe Reife (indoor-farming)	dereguliert 2020 / Cold Spring Harbor Laboratory	USDA-APHIS (2021)
	Weizen	Höherer Ballaststoffanteil	dereguliert 2018 / Calyxt Inc.	USDA-APHIS (2021); Calyxt (2021)
	Weizen	Mehltau-Resistenz	dereguliert 2016 / Calyxt Inc.	USDA-APHIS (2021)
Tiere	Fische (Wels)	Schnelleres Wachstum/erhöhter Muskelanteil	Forschung / Auburn University	Genetic Literacy Project (2021)
	Korallen	Proof of concept, Naturschutz	Forschung / Stanford, Univ Texas, Australian Institute of Marine Science	Genetic Literacy Project (2021)
	Reptilien	Proof of concept	Forschung / University Georgia	Genetic Literacy Project (2021)
	Rind	Nur männliche Nachkommen	Forschung / Univ California Davis	Genetic Literacy Project (2021)
	Rind	Hornlosigkeit/Hitzetoleranz	Forschung / Acceligen (Recombinetics)	Genetic Literacy Project (2021)
	Rind	Hitzetoleranz	Forschung / Acceligen (Recombinetics)	Genetic Literacy Project (2021)
	Rind	Krankheitsresistenz (Bovine Respiratory Disease)	Forschung / Washington State University	Genetic Literacy Project (2021)
	Schwein	Krankheitsresistenz (Porcine Reproductive and Respiratory Syndrome Virus PRRS)	Forschung / University of Missouri, GENUS, Acceligen (Recombinetics)	Genetic Literacy Project (2021)
	Schwein	Kastrationsfreiheit	Forschung / Recombinetics	Genetic Literacy Project (2021)

Tab. 3: Genom-editierte Organismen in Kanada

Kategorie	Organismus	Merkmal	Status / Projektbetreiber	Referenz
Pflanzen	Kartoffel	enzymatische Bräunung	Zugelassen 2016 / Simplot	Government of Canada (2022)
	Raps	Herbizidtoleranz	Zugelassen 2013 / CIBUS	Government of Canada (2022)
Tiere	Schwein	Stresstoleranz, Fleischqualität, Immunität	Forschung / University of Guelph	Univ. of Guelph (2021)

### 3.1.3.3 Zentral- und Südamerika

Einige südamerikanische Länder haben in den letzten Jahren ihre regulatorischen Vorgaben zur Klarstellung des rechtlichen Status genom-editierter Organismen erweitert, z. B. mittels sogenannter „Resolutionen“ (z. B. Argentinien, Brasilien). Demnach werden in den meisten Ländern genom-editierte Organismen ohne rekombinante DNA (ortsgerichtete Nukleasen (SDN): SDN-1, SDN-2 oder ODM) nicht als GVO eingestuft (Menz et al. 2020). Auf der Homepage der brasilianischen Freisetzungsbehörde (CTNBio n.i.) sind „klassische“ GVO angeführt, die kommerziell zugelassen sind. Laut Eckerstorfer et al. (2019b) gab es bei der argentinischen Behörde bis 2018 bereits einige Anfragen bezüglich der regulatorischen Einstufung genom-editierter Pflanzen. Gemäß freiwilligen Angaben der Firmen werden in Südamerika Feldversuche mit genom-editierten Pflanzen zu Forschungszwecken, aber auch zu Vermehrungszwecken durchgeführt. Informationen darüber sind jedoch vertraulich, es sind keine offiziellen Angaben verfügbar (Menz et al. 2020). Eine Übersicht über die Produkte und Organismen, die mittels neuer biotechnologischer Methoden erzeugt wurden und einer regulatorischen Prüfung unterzogen wurden, geben Whelan et al. (2020). Tab. 4 gibt eine Übersicht über Anträge und Forschungen an genom-editierten Organismen in ausgewählten Ländern Zentral- und Südamerikas (siehe auch Nepomuceno et al. 2019).

Tab. 4: Genom-editierte Organismen in Zentral- und Südamerika (? = unbekannt, n. i. = not indicated).

Land	Kategorie	Organismus	Merkmal	Status / Projektbetreiber	Referenz
Brasilien	Pflanzen	Mais	Stärkequalität (Wachsmais)	CTNBio Zugelassen 2018 / ?	CTNB (n.i.)
		Sojabohnen	Nematodenresistenz	Forschung / Tropical Melhoramento & Genética	Evogene (2018)
	Tiere	Fische ( <i>Tilapia</i> )	Erhöhter Ertrag	CTNBio Antrag / ?	CTNB (n.i.)
		Rind	Hitzetoleranz (GE-Rind „Genzel“)	CTNBio Antrag / US Recombinetics	CTNB (n.i.)
		Rind	Hornlosigkeit	CTNBio / US Recombinetics	CTNB (n.i.)

Priorität 1: Ermittlung neuer Wirkungspfade und -mechanismen mit potenziell negativen Auswirkungen auf die Umwelt und die biologische Vielfalt

Land	Kategorie	Organismus	Merkmal	Status / Projektbetreiber	Referenz
Argentinien	Pflanzen	Kartoffel	Nicht bräunende (Polyphenoloxidase)	Forschung / Institute of Agricultural Technology of Argentina (INTA), Feldversuche seit 2020	González et al. (2020)
	Tiere	Fische (Tilapia)	Schnelleres Wachstum, Höherer Ertrag	Antrag auf Vermarktung / Intrexon's AquaBounty division	The Fish Site (2018)
		Pferd	verbesserte Muskelentwicklung	Forschung / Kheiron and FLENI medical center researchers	Norero (2018)
	Tiere	Rind	Hornlos/hitzetoleranz („Genzel“)	Antrag Vermarktung / US Recombinetics	Ledford (2019)
		Rind	Humane Milchproteine/hypoallergene Milch	Forschung / INTA, Universität San Martin	González et al. (2020)
Uruguay	Pflanzen	Mandarine/Tomate	Antioxidantien-Gehalt	Forschung / Universidad de la Republica / INIA	Gatica-Arias (2020)
		Sojabohne	Herbizidresistenz	Forschung / Universidad de la Republica and Instituto Nacional de Investigacion Agropecuaria (INIA)	Gatica-Arias (2020)
		Sojabohne	Lektin-Reduktion	Forschung / Universidad de la Republica and INIA	Gatica-Arias (2020)
	Tiere	Schafe	erhöhter Muskelanteil	Forschung / Institut Pasteur de Montevideo	Crispo et al. (2015)
Kolumbien	Pflanzen	Kakao	Geringerer Cadmium-Gehalt	Forschung / CIAT	Gatica-Arias (2020)
		Reis/Maniok	erleichterte Verdaulichkeit / Krankheitsresistenz	Forschung / International Center for Tropical Agriculture (CIAT)	Villarino (2017)
Costa Rica	Pflanzen	Reis	Trockenresistenz	Forschung / Universität Costa Rica	Universidad de Costa Rica (2022)
Guatemala	Tiere	Tephritidae (Frucht-/Bohrfliegen)	?	Forschung / IAEA Technical Cooperation in Guatemala	Sim et al. (2019)

### 3.1.3.4 Australien, Neuseeland

In Australien werden genom-editierte Organismen als GVO eingestuft. Eine Ausnahme gilt für Organismen, die mittels SDN1 Methoden hergestellt werden, diese sollen nicht reguliert werden (Menz et al. 2020). Alle Organismen, die für eine Freisetzung in die Umwelt („intentional release“) zugelassen sind, können über die Homepage der zuständigen Behörde für Freisetzung von GVO in die Umwelt (OGTR „Australian Office of the Gene Technology Regulator“ abgerufen werden (OGTR n.i.). Derzeit sind keine genom-editierten Pflanzen für den kommerziellen Anbau zugelassen (Eckerstorfer et al. 2019b), Feldversuche finden mit genom-editiertem Sorghum statt (Tab. 5).

In Neuseeland unterliegen alle genom-editierten Organismen den relevanten gesetzlichen Regulierungsvorschriften von klassischen GVO (Menz et al. 2020). Die neuseeländische Umweltbehörde (NZ EPA New Zealand Environmental Protection Agency) reguliert alle Anwendungen von genom-editierten Organismen gemäß dem nationalen Biosicherheitsrahmen. Feldversuche mit GVO können über die Homepage der neuseeländischen Umweltbehörde EPA abgerufen werden (EPA 2022). Da seit 2010 keine Feldversuche mit gentechnisch veränderten Pflanzen oder Tieren genehmigt wurden, ist davon auszugehen, dass derzeit auch keine Feldversuche mit genom-editierten Organismen stattfinden. Tab. 5 und Tab. 6 geben eine Übersicht über Forschungen an genom-editierten Organismen in Australien und Neuseeland.

Tab. 5: Genom-editierte Organismen in Australien (n. i. = not indicated).

Kategorie	Organismus	Merkmal	Status / Projektbetreiber	Referenz
Pflanzen	Raps	Trockentoleranz, fotosynthetische Kapazität, Ölgehalt im Samen	Forschung / University of Sydney	Rural Industries Research & Development Corporation (2016)
	Reis	Amylosegehalt („sticky rice“)	Forschung / University of Queensland	Zhang et al. (2017)
	Weizen, Gerste	versch. Merkmale	Forschung / CSIRO	OGTR (n. i.).
Tiere	Amphibien (Kröten)	toxinfrei	Forschung / CSIRO Animal Health Laboratory	Mitchell (2017)
	Huhn	Biologischer Marker (GFP) im Geschlechtschromosom	Forschung / CSIRO Animal Health Laboratory & Poultry CRC	Zhang et al. (2017)
	Huhn	Allergenfreie Eier	Forschung / CSIRO, Deakin University	Rural Industries Research & Development Corporation (2016)
	Korallen	Verbesserte Hitzetoleranz	Forschung / Australian Institute of Marine Science & Univ Texas	Cleves et al. (2020)
	Mäuse	Nur männliche Nachkommen	Forschung / AUS NZ und NGO (Island conservation)	Creagh (2018)

Tab. 6: Genom-editierte Organismen in Neuseeland

Kategorie	Organismus	Merkmal	Status / Projektbetreiber	Referenz
Tiere	Mäuse	Nur männliche Nachkommen	Forschung / NZ AUS und NGO Island Conservation	Regalado (2017)
	Rind	Hypoallergene Milch	Forschung / AgResearch	Jabed et al. (2012)

### 3.1.3.5 Japan

Japan reguliert alle Organismen, die mittels Einbringung extrazellulär hergestellter Nukleinsäuren verändert wurden, als GVO. Ausnahmen von der Regulierung sind möglich, z. B. wenn das ursprünglich eingebrachte DNA Material nicht mehr im Organismus nachweisbar ist. Somit sind auch Produkte, die mittels SDN-1 hergestellt wurden, von der Regulierung ausgenommen (Menz et al. 2020). Aus genom-editierten Pflanzen hergestellte Lebensmittel benötigen entweder eine „notification“ oder eine Sicherheitsbewertung („safety assessment“). So wurde bereits für Kartoffel der Firma Simplot 2017 und 2019 die Sicherheitsbewertung abgeschlossen, zwei weitere Produkte (Krankheitsresistenz, geringerer Acrylamidgehalt und verringerte Druckstellen) von Simplot Co. werden derzeit begutachtet. Zudem wurde 2015 ein Produkt (Alfalfa) der Fa. Monsanto/Forage Genetics mit reduziertem Ligningehalt bewertet. Ein Produkt der Universität Tsukuba/InPlanta Innovations Inc. (Tomate) mit veränderter Miraculinproduktivität ist derzeit ebenfalls in Begutachtung. Eine genom-editierte Tomate mit erhöhtem GABA Gehalt (Sanatech-Seeds) wurde 2021 bereits vermarktet (Menz et al. 2020). Weiterhin sind Feldversuche mit Reis und Forschungen zu verschiedenen Pflanzen und Tieren im Gange (Tab. 7).

Tab. 7: Genom-editierte Organismen in Japan

Kategorie	Organismus	Merkmal	Status / Projektbetreiber	Referenz
Pflanzen/	Japanische Prunkwinde (Japanese morning glory)	Blütenfarbe	Forschung / University of Tsukuba, National Agriculture and Food Research Organization (NARO), Yokohama City University	Watanabe et al. (2017)
	Kartoffel	Glykalkaloidfreiheit	Forschung / Kobe University	Nakayasua (2018)
	Reis	Höherer Ertrag	Feldversuche 2017 / National Agriculture and Food Research Organization	N.N. (2017)
	Tomaten	Erhöhte Menge an GABA	Forschung / Tsukuba University	Nonaka et al. (2017)
Tiere	Fische (Brasse)	Fleischqualität	Forschung / Kyoto Universität	Kishimoto et al. (2018)
	Fische (Thunfisch; Makrele)	Langsamere Bewegungen, weniger Aggressivität	Forschung / Seikai National Fisheries Research Institute	Higuchi et al. (2019)

Priorität 1: Ermittlung neuer Wirkungspfade und -mechanismen mit potenziell negativen Auswirkungen auf die Umwelt und die biologische Vielfalt

Kategorie	Organismus	Merkmal	Status / Projektbetreiber	Referenz
	Fische (Anchovy, Sardellen)	Experimentelles Modell	Forschung / University Kyushu	Sakaguchi et al. (2019)
	Rind	Resistenz gegen genetische Krankheit (Wachstumsmangel) IARS Syndrom	Forschung / National Agriculture and Food Research Organization NARO	Ikeda et al. (2017)
	Schwein	Erhöhte Anzahl an Muskelfasern	Forschung / NH Food	Rao et al. (2015)

### 3.1.3.6 China

China investiert massiv in die Forschung genom-editierter Organismen (Cohen 2019a, b). Der Großteil wissenschaftlicher Publikationen zu genom-editierten Organismen stammt von chinesischen Wissenschaftlern (Menz et al. 2020 und Referenzen darin). Bis dato wurden keine spezifischen legislativen Dokumente für die Regulierung genom-editierter Organismen veröffentlicht (Menz et al. 2020). Forschungsarbeiten zu genom-editierten Organismen umfassen eine Reihe von Pflanzen und Tieren (Tab. 8).

Tab. 8: Genom-editierte Organismen in China

Kategorie	Organismus	Merkmal	Status / Projektbetreiber	Referenz
Pflanzen	Mais, Weizen	Ertragsteigerung	Forschung / Chinese Academy of Sciences (CAS)	Liang et al. (2014)
	Pappeln	Proof of concept	Forschung / Southwest University	Fan et al. (2015)
	Reis	Höherer Ertrag, Ballaststoffgehalt	Forschung / Chinese Academy of Sciences (CAS)	Miao et al. (2018), Sun (2017)
	Sojabohne	Ertragssteigerung, Wärmetoleranz	Forschung / Chinese Academy of Sciences (CAS)	Hui (2019)
	Tomaten	Hitzetoleranz	Forschung / Agricultural University	Yu et al. (2019)
	Weizen	Pilzresistenz	Forschung / Chinese Academy of Sciences (CAS)	Cohen (2019a, b)
Tiere	Affen, Schweine, Hunde	Schnelleres Wachstum, Humanmedizinische Zwecke (z. B. Organersatz), Kältetoleranz, schnelleres Wachstum, Krankheitsresistenz, mehr Muskelmasse, weniger Fettgehalt	Forschung / Yunnan Key Laboratory of Primate Biomedical Research, Chinese Academy of Sciences (CAS), Yanbian University Jilin University	Cohen (2019a, b)
	Rind	Tuberkulose-Resistenz	Forschung / College of Veterinary Medicine, Northwest A&F University in Shaanxi	Gao et al. (2017)

Kategorie	Organismus	Merkmal	Status / Projektbetreiber	Referenz
	Schweine	verringerte Größe (micro-pigs)	Forschung / BGI (Chinese Biotech Company)	Cyranoski (2015)
	Ziegen	erhöhte Muskelmasse	Forschung / Northwest A&F University	Wang et al. (2018)

### 3.1.3.7 Russland

Informationen über die Forschung zu GE-Organismen in Russland sind kaum verfügbar. Derzeit ist in Russland nur der Anbau von GVO für wissenschaftliche Zwecke erlaubt, kommerzieller Anbau ist verboten. Mittels eines Dekrets wurde 2019 ein Forschungsprogramm gestartet, um die Defizite in der biotechnologischen Forschung zu verringern. Das Programm soll genom-editierte landwirtschaftliche Pflanzen wie Weizen, Gerste, Kartoffel, Zuckerrüben und schnell wachsende Bäume fördern (Dobrovidova 2019, Menz et al. 2020). Eine Aktualisierung der derzeitigen Rechtslage bezüglich des Anbaus oder Züchtung von Pflanzen und Tieren im Hinblick auf neue biotechnologische Methoden ist daher zu erwarten (Menz et al. 2020). An einigen wenigen genom-editierten Pflanzen wird geforscht (Tab. 9).

Tab. 9: Genom-editierte Organismen in Russland

Kategorie	Organismus	Merkmal	Status / Projektbetreiber	Referenz
Pflanzen	Kartoffel, Zuckerrübe	Krankheitsresistenz	Forschung / Russian Academy of Sciences (RAS)	Dobrovidova (2019)
	Weizen und Gerste	Leichtere Verarbeitung, Nährstoffgehalt	Forschung / Vavilov Research Institute of Plant Industry and RAS	Dobrovidova (2019)

### 3.1.3.8 Indien

In Indien ist die Regulierung genom-edierter Organismen derzeit noch in Diskussion (Menz et al. 2020). Im Jahr 2020 wurde vom zuständigen Ministerium ein Dokumentenentwurf zu genom-editierten Organismen veröffentlicht, in dem ein stufenweiser Ansatz für die Regulierung genom-edierter Produkte vorgeschlagen wird. An genom-editiertem Reis und Bananen wird geforscht (Tab. 10).

Tab. 10: Genom-editierte Organismen in Indien

Kategorie	Organismus	Merkmal	Status / Projektbetreiber	Referenz
Pflanzen	Bananen	Vitamin-A-Gehalt	Forschung / Agri-Food Biotechnology Institute	Kaur et al. (2016)
	Reis	Salztoleranz	Forschung / National Institute for Plant Biotechnology	Farhat et al. (2019)

### 3.1.3.9 Afrika

Die Gesetzgebung zur Regulierung von GVO in den afrikanischen Staaten ist äußerst heterogen (Komen et al. 2020). Derzeit ist unklar, ob und wie genom-editierte Organismen in unterschiedlichen afrikanischen Staaten reguliert werden. Dennoch beginnen einige Staaten mit Beratungen hinsichtlich eines regulatorischen Rahmens für GE-Organismen. Viele afrikanische

Staaten verfügen über eine eigene GVO Gesetzgebung, die derzeit auch für genom-editierte Organismen angewandt wird (Eckerstorfer et al. 2019b). In Nigeria wurde das Biosicherheitsgesetz 2019 dahingehend geändert, dass auch genom-editierte Organismen, Gene Drive Organismen und Anwendungen synthetischer Biologie gemeinsam mit klassischen GVO als regulierte Technologien erfasst werden (Komen et al. 2020). In Afrika sind vor allem Bananen, Sorghum, Yamswurzel und Maniok wichtige Grundnahrungsmittel, deren konventionell schwer bekämpfbare Krankheiten (z. B. Viruserkrankungen, Pararetroviren) auch mittels Genomeditierungstechniken beforscht werden (Komen et al. 2020; siehe Tab. 11).

Tab. 11: Genom-editierte Organismen in Afrika (? = unbekannt, n. i. = not indicated)

Land	Kategorie	Organismus	Merkmal	Status / Projektbetreiber	Referenz
?	Pflanzen	Kakao	Virusresistenz (CSSV)	Forschung / Pennsylvania State University	Gakpo (2019)
?		Maniok	Reduktion toxischer Glucoside u.a.	Forschung / z. B. Innovative Genomics Institute	Innovative Genomics Institute (n. i.)
Uganda, Kenia		Maniok	Virusresistenzen	Feldversuche? / National Agriculture Crops Resources Research Institute	Cerier (2019)
Nigeria, Kenia		Bananen	Krankheitsresistenz, Hitzetoleranz	Forschung / International Institute of Tropical Agriculture (IITA)	Tripathi et al. (2018)
		Mais	Virusresistenz (maize lethal necrosis)	Forschung / Corteva Agri-Science, CIMMYT, Kenya Agriculture and Livestock Research Organisation (KALRO)	Daniel (2019)
		Sorghum	Parasitenresistenz (Striga)	Forschung / Kenyatta University	Cerier (2019)
Kenia		Yamswurzel	Krankheitsresistenz, Vitamin-A Gehalt	Forschung / ILRI (international livestock research institute)	Meeme (2019)
Äthiopien, Kenia, Nigeria, Tanzania	Tiere	Rind, Huhn	Erhöhte Milchleistung, Krankheitsresistenz, Hitzetoleranz	Forschung / University of Edinburgh's Centre for Tropical Livestock Genetics and Health, Acceligen (US)	Centre for Tropical Livestock Genetics and Health (n.i.)
Kenia		Rind	Krankheitsresistenz (East Coast fever, Trypanosomiasis)	Forschung / International Livestock Research Institute in Nairobi	ILRI (n.i.)

## 3.2 Wirkungspfade und – mechanismen genom-editierter Organismen

In diesem Kapitel sollen mögliche Umweltwirkungen auf die biologische Vielfalt, Expositionspfade und Wirkräume von genom-editierten Organismen beispielhaft dargestellt werden. Dies beinhaltet die Berücksichtigung der jeweiligen Art, der veränderten oder neuartigen Eigenschaft und des jeweiligen Nutzraumes bzw. der potenziell betroffenen Ökosysteme. Als Vergleich dienen klassische GVO und deren Umweltwirkungen, sofern vergleichbare transgene Organismen vorhanden sind.

Die Auswahl von fünf Beispielen erfolgte auf Basis der Recherche zu genom-editierten Organismen (siehe 3.1.2). Die Beispiele wurden in Abstimmung mit dem Auftraggeber ausgewählt und umfassen genom-editierte Tomaten, Apfelbäume, Süßwasserfische, Mikroalgen, sowie ein gentechnisch verändertes Virus. Letzteres wurde gewählt, da derzeit kein Beispiel eines genom-editierten Virus mit Anwendungspotenzial verfügbar ist. Vier der fünf ausgewählten Beispiele sind für Deutschland kommerziell relevant (Ausnahme: Citrus Tristeza Virus). Zudem wurden diese Gruppen bisher für das Monitoring in Deutschland nicht oder nur eingeschränkt betrachtet.

### 3.2.1 Genom-editierte Tomaten

#### 3.2.1.1 Biologie, Ökologie und Anbau

Die Kulturform der Tomate (*Solanum lycopersicum*, früher *Lycopersicum esculentum*) gehört zu der Familie der Nachtschattengewächse (Solanaceae). Sie wird heute zur Gattung *Solanum* gezählt, die ca. 1.500 Arten umfasst wie z. B. auch Kartoffeln und Auberginen. Zusammen mit 12 wildverwandten Arten gehört die Tomate zu der Sektion der Tomaten, die ihren biologischen Ursprung im Westen Südamerikas, zwischen der Pazifikküste und den Anden, hat (OECD 2016, 2017). Ihre Domestikation geht bereits auf die prähispanische Zeit der Hochkulturen der Maya und Azteken in Mittelamerika zurück. Dementsprechend ist ihr Diversitätszentrum größer und nicht identisch mit dem Zentrum ihres biologischen Ursprungs. Es liegt v.a. in Mexiko und der Andenregion Südamerikas, z. B. in Peru, wo besonders viele wildverwandte Arten, Unkrautarten und lokale Landrassen vorkommen. Als direkte Vorfahren der Tomate werden heute die Arten *Solanum pimpinellifolium* und *Solanum cerasiforme* angesehen (OECD 2016, 2017). Die spanischen Eroberer brachten die Tomate im 16. Jahrhundert nach Europa, wo sie aber vorerst v. a. als Zierpflanze Verwendung fand und aufgrund ihrer Ähnlichkeit mit anderen Nachtschattengewächsen (z. B. der Tollkirsche, *Belladonna*) als ungenießbar galt. Erst nach einigen züchterischen Verbesserungen im 17. und 18. Jahrhundert durch italienische Züchter trat sie im 19. Jahrhundert ihren weltweiten Siegeszug als Nahrungsmittel an.

Die Tomate ist eine ausdauernde, krautige Pflanze, die jedoch als einjährige Kultur angebaut wird. Ihre Frucht ist eine Beere, weshalb sie zu den sogenannten Fruchtgemüsen zählt. Die Blütenstände sind Trauben mit bis zu 25 Einzelblüten. Kultivierte Tomaten sind überwiegend selbstbefruchtend (autogam), Fremdbefruchtung ist jedoch möglich und beträgt bei Kulturarten bis zu 12 % (OECD 2016, 2017). Voraussetzung für die Selbstbefruchtung ist eine durch Insekten (in Glashäusern werden dafür z. B. Hummeln eingesetzt) oder Wind erzeugte Vibration (Vibrationsbestäuber). Einige wildverwandte Arten der Gattung *Solanum* sind allogam. Da Infloreszenzen laufend gebildet werden, existieren Knospen, Blüten und Früchte zumeist gleichzeitig an den Tomatenpflanzen. Je nach Größe und Form der Früchte spricht man von Rispen-, Fleisch- oder Cocktailtomaten. Aus ernährungsphysiologischer Sicht ist v. a. ihr Gehalt an Vitaminen, Mineralien und sekundären Pflanzenstoffen interessant, wie z. B. das Carotinoid

Lycopin, das in reifen Tomaten reichlich vorhanden ist und sich positiv auf den menschlichen Organismus auswirkt. Die antinutritiven Alkaloide Solanin und Tomatin werden in der Frucht beim Reifevorgang abgebaut.

Tomaten benötigen ein warmes Klima für ihre Entwicklung (das Temperaturoptimum liegt je nach Entwicklungsstadium zwischen 15 und 25°C) und sind nicht frost-tolerant. In Mitteleuropa ist sie eine neophytische Nutzpflanze, die gelegentlich unbeständig verwildert und sporadisch an Flussufern sowie stickstoffliebenden Flussmeldefluren und Klärschlammdeponien vorkommt (Adler et al. 1994, BioFlor 2021, FloraWeb 2021). Man unterscheidet zwei Wuchstypen: eine unbegrenzt wachsende (indeterminierte) Form, die an Stäben oder Schnüren gezogen wird und eine begrenzt wachsende (determinierte) Form die Buschtomate.

Die Tomate zählt zu den genetisch am besten erforschten Kulturpflanzen. Sie dient als Modellpflanze in der Erforschung von Genfunktionen und bei Untersuchungen zur pflanzlichen Stoffwechselregulation, z. B. bei Fruchtreifung, Vitaminbiosynthese und Hormonregulation (OECD 2016, 2017). Die Tomate besitzt ein diploides Genom ( $2n = 24$ , ca. 950 Millionen Basenpaare; Salava et al. 2021). Ihr Lebenszyklus ist relativ kurz: 45 Tagen benötigt eine Tomatenpflanze von der Keimung bis zur Blüte, die Entwicklung der Früchte beträgt in etwa 7-9 Wochen (OECD 2016, 2017). Aus diesen Gründen, sowie der Tatsache, dass effiziente Methoden zur Transformation zur Verfügung stehen, dient sie der biotechnologischen Forschung auch als Modellpflanze für molekulares Design (Chaudhary et al. 2019).

### 3.2.1.2 Züchtung und Sortenentwicklung

Im Laufe der Jahrhunderte wurde eine Vielzahl verschiedener Sorten gezüchtet, wobei allerdings viele wichtige Eigenschaften verloren gingen (z. B. Krankheitsresistenz, Toleranz gegenüber abiotischem Stress; Salava et al. 2021). Die durch klassische Mutationszüchtung mittels chemischer und physikalischer Mutagenese erzielte Verbesserung von Eigenschaften (v. a. größere Fruchtgröße, Inhaltsstoffe, Veränderung des Fortpflanzungssystems) ging mit einem Verlust an Fitness und genetischer Vielfalt einher (OECD 2016, 2017). Daher sind heute wildverwandte Arten und Landrassen, wie z. B. die in den Anden beheimatete *Solanum pennellii*, aufgrund ihrer Trockentoleranz und Morphologie für die Züchtung von großer Bedeutung, z. B. *Solanum pennellii* genome project (N. N. 2022). Innerhalb der Gattung *Solanum* gibt es jedoch auch Arten, die mit *S. lycopersicum* kreuzbar sind. So sind z. B. inter-spezifische Kreuzung mit den sieben Arten des *S. esculentum*-Komplexes leicht möglich, mit Arten des *S. peruvianum*-Komplexes allerdings nur mit Hilfe von „embryo rescue“ Verfahren (OECD 2017). Kreuzungen mit in Mitteleuropa beheimateten Arten aus der Familie der Nachtschattengewächse sind ebenso wenig beschrieben wie das neophytische Vorkommen von wildverwandten und kreuzbaren Arten.

Das Vorhandensein männlich steriler Sorten ermöglicht die Hybridzüchtung bei Tomaten. Die Mehrzahl der heute kommerziell angebauten Sorten sind Hybridsorten. Beim Anbau im Boden kommen auch Veredelungsmethoden zum Einsatz, indem z. B. die kommerziell interessante Sorte auf einen gegenüber Schädlingen resistenten Wurzelstock aufgepfropft wird. Primäre Dormanz ist bei Tomaten ausgeprägt. Die Organisation für wirtschaftliche Zusammenarbeit und Entwicklung (OECD) hält in ihrem Dokument zur Biologie der Tomate fest: „[...] it is difficult to find information that contributes to an understanding of the potential for gene flow (including pollen and seed dispersal) and data on seed viability or dormancy“ (OECD 2017).

Zu den am intensivsten verfolgten Zuchtzielen zählen die Resistenz und/oder Toleranz gegenüber Umwelteinflüssen und – je nachdem ob für den Frischtomatenmarkt oder die Verarbeitung produziert wird – Verbesserungen in der Fruchtqualität (z. B. in Bezug auf Zuckergehalt, Reifung, Farbe, Form, Geschmack und Lagerungsfähigkeit; Ku & Ha 2020). Das Einkreuzen von polygenen Merkmalen (z. B. Stresstoleranz, Krankheitsresistenz) ist jedoch mit viel größeren Schwierigkeiten verbunden als das Einkreuzen monogenetischer Eigenschaften. Deshalb schlugen Zsögön et al. die sogenannte *de-novo* Domestikation von Wildsorten vor (Zsögön et al. 2016). Durch die Editierung mehrerer bekannter monogenetischer, ertrags-relevanter Gene in Wildarten bleiben die interessanten polygenetischen Gene erhalten, und die Wildart erhält die, für die kommerzielle Produktion erforderlichen, Eigenschaften. Ein Beispiel ist die Art *Solanum pimpinellifolium*, die durch Genom-Editierung „domestiziert“ wurde, indem Gene für die Wuchsform, den Vitamin-C Gehalt, sowie die Blüten- und Fruchtproduktion mit CRISPR/Cas9 editiert wurden, und ihre besondere Stresstoleranz und Bakterienresistenz erhalten blieben (Li et al. 2018).

Neben Landrassen und Wildverwandten bedient sich die Züchtung v.a. umfangreicher Mutantensammlungen (z. B. Tomato Genetic Resources Center, University of California 2022), die für verschiedene Tomatensorten angelegt wurden. Darüber hinaus leisten Studien, die v. a. auf der Stilllegung von Genen (gene silencing) durch verschiedene Methoden (z. B. Anti-sense, RNAi) beruhen, einen wichtigen Beitrag zur Analyse von Genfunktionen und damit Genkartierungen. Mittlerweile ist das gesamte Genom der Tomate und einiger Wildverwandten (z. B. *Solanum pimpinellifolium*) und Landrassen sequenziert und in der Datenbank des Sol Genomic Networks, eines Webportals, in dem genetische und phänotypische Informationen zur Familie der Nachtschattengewächse verfügbar sind, zusammengestellt (Fernandez-Pozo et al. 2015).

Des Weiteren unterstützt die Analyse von QTLs (quantitative trait loci), also von Genabschnitten, für die ein Einfluss auf die Ausprägung eines phänotypischen Merkmals gezeigt wurde, sowie von genomweiten Assoziationsstudien (GWAS, bei welchen die genetische Variation von Genomen untersucht wird) die Identifizierung der an der Ausprägung eines quantitativen Merkmals beteiligten Genabschnitte. Mit Hilfe sogenannter Verbindungs- („linkage maps“) und Vergleichskarten („comparative genetic maps“) können nicht nur beteiligte Gene, sondern auch relevante Allel-Variationen und Transkriptionsfaktoren identifiziert werden, die für das Verständnis von Stoffwechselaktivitäten bei Pflanzenentwicklung, Fruchtreifung und Stressadaptation in der Tomate von Bedeutung sind. Der Umfang dieser molekularbiologischen Informationen über die Tomate macht diese Art zu einem idealen Kandidaten für Ansätze der Genom-Editierung.

### 3.2.1.3 Produktion und Anbau

Der Anbau von Tomaten im Gartenbau erfolgt sowohl im Freiland als auch – v. a. in den temperierten Regionen – im geschützten Anbau, d. h. in Glashäusern oder Folientunneln. Weltweit führend in der Produktion von Tomaten sind China und Indien, gefolgt von den USA und der Türkei (OECD 2017). In der EU wurden im Jahr 2020 ca. 17,5 Millionen Tonnen Tomaten produziert, davon wurden ca. 7 Mio. Tonnen frisch vermarktet und ca. 10,5 Mio. Tonnen weiterverarbeitet (EC 2020). Die Anbauflächen für die Tomatenproduktion liegen vorwiegend in Italien und Spanien, gefolgt von Rumänien, Griechenland und Portugal. Bei der Produktion frischer Tomaten im geschützten Anbau sind in den nördlicheren Breiten Europas die Niederlande und Polen führend. In Deutschland wurde im Jahr 2019 in 1.448 Betrieben auf einer Anbaufläche von 385,63 ha 106.692,77 Tonnen Tomaten produziert, was einem Ertrag von 2.766,7 dt/ha entspricht (Statistisches Bundesamt 2021).

Der Anbau von Tomaten erfolgt landwirtschaftlich sowohl im großen Stil (z. B. in Glashäusern und Foliengewächshäusern), als auch im Freiland auf kleinen Feldern sowie zunehmend auch in privaten Gärten und auf Balkonen. Entsprechend vielfältig sind auch die entwickelten Anbautechniken (zum Überblick siehe: Land schafft Leben 2021). In Deutschland sind Tomaten aus heimischer Produktion zwischen Mai und Oktober erhältlich. In vollautomatisierten Glashäusern mit Klimasteuerung ist eine nahezu ganzjährige Produktion möglich, sofern neben einer Beheizung und Temperatur-, Lüftungs- und Bewässerungssteuerung auch eine künstliche Beleuchtung vorhanden ist. In der gartenbaulichen Praxis ist heute die Substratkultur als Standard etabliert („Holland-System“), bei der die Pflanzen nicht im Mutterboden, sondern in Steinwoll- oder Kokosfasersubstrat wachsen und über eine Tropfbewässerung mit Wasser und Nährstoffen versorgt werden. Weiterhin kommen neben dem Klimacomputer im Pflanzenschutz Nützlinge zum Einsatz (z. B. Raubwanzen gegen die weiße Fliege und Blattläuse), sowie Hummeln für die Bestäubung.

In Foliengewächshäusern und Folientunneln erfolgt der Anbau meist im Boden. Im biologischen Landbau ist die Substratkultur meist verboten (z. B. BIO Austria 2020, Bioland 2020). Weltweit werden im geschützten Anbau vorwiegend frische Tomaten angebaut, im Freiland eher Tomaten für die Verarbeitung.

Als Schädlinge kommen Spinnmilben (*Tetranychus urticae*), Thripse (*Frankliniella occidentalis*), die Tomatenminierfliege (*Liriomyza bryoniae*, *L. huidobrensis*), die Tomatenrostmilben (*Aculops lycopersici*) und die Weiße Fliege (*Trialeurodes vaporariorum*) vor (BLfL 2021). Außerhalb von Gewächshäusern kommen auch pilzliche Erkrankungen (z. B. *Didymella*, *Alternaria solani*, *Phytophthora infestans*) sowie Bakteriosen und Virose vor.

#### 3.2.1.4 Transgene Ansätze

Die GVO-Zulassungsdatenbank der ISAAA listet für Tomaten elf verschiedene Events (ISAAA 2021). Für ebenso viele Anträge und für überwiegend dieselben Events bewilligte die zuständige US Behörde USDA die Deregulierung (USDA-APHIS 2021). Sie wurden allesamt in den 1990er Jahren entwickelt und stammen entweder aus den USA oder aus China. Bis auf eine wurden alle Tomaten mit *Agrobacterium tumefaciens* transformiert und enthalten zum Teil auch Antibiotikaresistenzgene als Selektionsmarker (z. B. *nptII*). Das häufigste Merkmal ist eine verzögerte Fruchtreife, die entweder durch die Unterdrückung der Bildung von Enzymen, die bei der Produktion von Ethylen beteiligt sind, erzielt wurde, oder durch Unterdrückung des Enzyms Polygalacturonase (PG), das für den Abbau von Pektinen in der Zellwand verantwortlich ist. In der FlavrSavr™ Tomate, sowie den von der Firma Zeneca entwickelten Events Da, F und B wurde zusätzlich eine Kopie oder ein Teil des tomateneigenen Polygalacturonase Gens in antisense-Orientierung eingebracht (Baranski et al. 2019). Diese Strategie führte zu einer verminderten Translation der endogenen PG mRNA, einen dadurch gehemmten Pektinabbau in den Zellwänden und damit letztendlich zu einer trotz Reifung bestehenden Zellwandfestigkeit (Health Canada 1999). Zwei weitere Entwicklungen sind eine insektenresistente (*Bt*) Tomate der Fa. Monsanto sowie eine virusresistente Tomate einer chinesischen Universität. Die FlavrSavr™ Tomate war 1994 das erste GV-Lebensmittel mit Marktzulassung und unterliegt in den USA nicht der Regulierung durch die USDA (APHIS 2021). Sie ist als einzige in der Datenbank der ISAAA als „verfügbar“ gekennzeichnet, obwohl sie nach der Übernahme von Calgene Inc. durch Monsanto im Jahr 1997 wieder vom Markt genommen wurde.

### 3.2.1.5 Genom-Editierung

Genom-Editierung im Bereich der Gartenbaukulturen wird v. a. bei Tomaten angewandt. Dabei kommen vorwiegend Techniken mit RNAi und CRISPR/Cas9 zum Einsatz (siehe Überblick in Salava et al. 2021 und Xu et al. 2019). Es existieren kaum Anwendung von ODM und Zinkfingernukleasen (ZFN) in Tomaten, jedoch wird auch mit TALENs gearbeitet (Chaudhary et al. 2019, Salava et al. 2021). Zudem gibt es auch Erfolge mit der Anwendung von „base editing“ (Veillet et al. 2019). Die Arbeiten von Veillet et al. sind von Bedeutung, weil es ihnen gelungen ist, durch transiente Expression des Cytidin-Baseneditors transgen-freie Tomaten mit gezielten Punktmutationen im Acetylactat-Synthase (ALS) Gen zu erzeugen. Die transiente Expression von Baseneditoren reduziert nicht nur das Risiko von off-target Effekten, sondern erleichtert auch die Genom-Editierung in vegetativ vermehrten Kulturpflanzen (z. B. Kartoffel), aus denen die transgenen Elemente nicht so leicht herausgezüchtet werden können wie aus sexuell vermehrbaren Pflanzen.

Im Mittelpunkt der Forschung steht bei Tomaten die Veränderung von Merkmalen, welche die Entwicklung und den Stoffwechsel der Pflanzen, sowie die Toleranz biotischer und abiotischer Stressoren betreffen (Tab. 12). Es ist zu berücksichtigen, dass es sich bei der überwiegenden Anzahl von Studien mit GE-Tomaten um „proof-of-concept“ Studien handelt. Wie weit die Entwicklung einzelner Anwendungen zur Marktreife gediehen ist, ist daraus nicht abschätzbar.

Der Markt für Tomaten – und ebenso die Anforderungen an die Züchtung – ist in jenen für frische Tomaten (vorwiegend Verwendung von indeterminierten Sorten, im Freiland auch determinierte Sorten) und jenen für die Lebensmittelverarbeitung (vorwiegend determinierte Sorten) geteilt. Während für den ersteren gilt, die Vorteile einer erhöhten Produktion und längeren Lager- und Transportfestigkeit mit den Anforderungen an Geschmack und Inhaltsstoffe auszubalancieren, liegt der Fokus bei letzterem auf der Erleichterung der mechanischen Ernte (z. B. synchrones Reifen, leichtere Trennung der Frucht vom Stiel). Zsögön et al. geben eine Übersicht über verschiedene Gene, die einen Einfluss auf Produktivität und Fruchtqualität bei Tomaten haben, als mögliche Ziele für die Genom-Editierung (Zsögön et al. 2016).

Tab. 12: Überblick über GE-Merkmale bei Tomaten auf Basis von Überblicksarbeiten zur Anwendung von Genom-Editierung bei Pflanzen (Eckerstorfer et al. 2020, Ku & Ha 2020, Modrzejewski et al. 2020, Salava et al., 2021, Xu et al. 2019)

Merkmalkategorie	Merkmalausprägung
agronomisch relevant	<p><b>Wachstumseigenschaften:</b>                      Schnellere oder verzögerte Fruchtreife und -entwicklung (z. B. durch reduzierte Ethylenproduktion oder gehemmten Pektinabbau durch Reduktion der Polygalakturonase)                      Pflanzenmorphologie (z. B. Blütenarchitektur, Pflanzen- und Sprossarchitektur, Blattmorphologie, stark verzweigte Blütenstände und Bildung vieler Blüten)                      Pflanzenentwicklung (z. B. Zwergwuchs, größere Keimlinge, frühe Blüte, reduzierte Pollenentwicklung, leichtere Trennung der Frucht vom Stiel, Blattseneszenz) z. B. über Veränderung des Gehalts an Gibberellinsäure (GA)</p>
	<b>Herbizidtoleranz:</b> ALS Resistenz

Merkmalkategorie	Merkmalausprägung
Produktqualität	<b>Lebensmittelqualität:</b> veränderte Fruchtfarbe (z. B. durch Veränderung der Carotinoid Biosynthese oder Anthocyan Biosynthese) Fruchteigenschaften (z. B. Fruchtgröße und -form, kernlose Früchte, Fruchtanzahl, veränderte Anzahl der Samenkammern, Parthenokarpie) Erhöhung gesundheitsfördernder Inhaltsstoffe (z. B. erhöhter Gehalt an $\gamma$ -Aminobuttersäure (GABA), erhöhter Lycopin-Gehalt, erhöhter Vitamin C Gehalt) Fruchtmetabolismus (z. B. Reduktion der nährwerthemmenden Oxalsäure)
abiotische Stresstoleranz	Kälte- und Frosttoleranz, Trockentoleranz, Resistenz gegenüber oxidativem und osmotischem Stress, Hitzetoleranz, Salztoleranz
biotische Stresstoleranz	<b>Pilzresistenz:</b> Resistenz gegen Mehltau (z. B. <i>Phytophthora capsici</i> ), Resistenz gegen Fusariosen (z. B. <i>Fusarium</i> spp.), Resistenz gegen Grauschimmelfäule ( <i>Botrytis cinerea</i> )
	<b>Virusresistenz:</b> Tomaten-Gelbvirus (TYLCV, i.e. yellow leaf curl virus), Tomatenmosaikvirus (ToMV, i.e. tomato mosaic virus), Tabakmosaikvirus (TMV, i.e. tobacco mosaic virus), Kartoffelvirus Y (PVX, i.e. potato virus X)
	<b>Bakterienresistenz:</b> Resistenz gegen Blatt- und Fruchtfleckenkrankheit ( <i>Xanthomonas</i> spp, <i>Pseudomonas syringae</i> )
Reporter	Albinopflanzen (z. B. durch Ausschalten des Phytoen-Desaturase Gens)

In Japan wurde kürzlich die erste genom-editierte Tomatensorte angemeldet und wird in der Anbausaison 2021 für den Heimgartenbereich, später auch für kommerzielle Nutzer zur Verfügung stehen (Branthôme 2021). Genom-editierte Nutzpflanzen gelten in Japan nicht als GVO und erfordern daher keine Genehmigung seitens der Behörden, weshalb auch keine Risikobewertung für dieses Produkt vorliegt. Es handelt sich dabei um die Sorte „Sicilian Rouge High GABA“, die einen erhöhten Gehalt an Gamma-Aminobuttersäure (GABA) aufweist. Diese nicht-proteinogene Aminosäure ist ein wichtiger hemmender Neurotransmitter im Zentralnervensystem mit beruhigender und dadurch auch einer blutdrucksenkenden Wirkung, die für die Züchtung und die Lebensmittelindustrie generell von großem Interesse ist. Bei der Tomate wurden bereits viele Ansätze zur Veränderung des GABA Gehaltes getestet – mit unterschiedlichem Erfolg, da GABA an sehr vielen Stoffwechselwegen beteiligt ist (Gramazio et al. 2020). Im Stoffwechsel wird GABA mithilfe der Glutamat-Decarboxylase aus Glutamat gebildet. Dieses Enzym enthält jedoch an seinem C-terminalen Ende eine auto-inhibitorische Domäne, die mit Hilfe von CRISPs/Cas9 entfernt wurde (Nonaka et al. 2017). Dies bewirkt eine erhöhte GABA Produktion ohne allzu große negative Auswirkungen auf den Phänotyp. Dieses Produkt wird in Japan zwar mit einer Kennzeichnung für Konsumenten, aber ohne Sicherheitsprüfung vermarktet (Then & Bauer-Pankus 2021).

### 3.2.1.6 Mögliche Umweltwirkungen

Die derzeit in Bearbeitung befindlichen Merkmale bei Tomaten sind sehr vielfältig. Sie basieren jedoch bisher allesamt auf der Veränderung regulatorischer Sequenzen des Genoms und nicht auf der Expression transgener Proteine.

Folgende mögliche Umweltwirkungen sind denkbar und werden in der Folge erläutert:

- Auswirkungen eines veränderten Gehalts pflanzeigener Inhaltsstoffe (z. B. GABA) direkt

auf die Interaktion mit Nichtzielorganismen;

- Auswirkungen eines veränderten Gehalts zentraler Stoffwechselprodukte (z. B. GABA) auf andere Stoffwechselprodukte (sekundäre Pflanzeninhaltsstoffe) und damit indirekt auf die Interaktion mit Nichtzielorganismen (z. B. Bestäuber);
- Auswirkungen eines veränderten Gehalts zentraler Stoffwechselprodukte (z. B. GABA) auf die Stoffwechselregulation der Pflanze bei Umweltstress;
- Auskreuzung zu anderen Tomatenkulturen.

Tomatenpflanzen enthalten eine Vielzahl von antinutritiven und toxischen Inhaltsstoffen (OECD 2008). Die durch Genom-Editierung gezielt herbeigeführten Veränderungen können unbeabsichtigte Folgen für die Regulation der beteiligten Stoffwechselwege sowie in Folge für die Expression solcher Inhaltsstoffe haben. Gerade die Editierung von Merkmalen, wie z. B. GABA Gehalt, die generell in der Regulation unterschiedlicher Stoffwechselvorgänge von Pflanzen eine große Rolle spielen, kann zu veränderten Umweltinteraktionen bei Pflanzen führen. GABA ist ein wesentlicher Bestandteil von Signalwegen, die das Wachstum und die Entwicklung von Pflanzen steuern (z. B. das Wachstum des Pollenschlauches) und ist v. a. bei zellulären Stressreaktionen der Pflanze beteiligt, wie z. B. bei Sauerstoffmangel, Trockenheit und Kälte und Infektionen (Kinnersley & Turano 2000). GABA spielt über unterschiedlichste Mechanismen eine bedeutende Rolle bei der Informationsvermittlung zwischen Pflanzen und anderen Organismen, wie z. B. Pilzen, Bakterien, Nematoden und Insekten (Shelp et al. 2006). Die rapide Erhöhung des GABA-Gehalts bei mechanischen Verletzungen von Zellen ist ein Hinweis auf eine Rolle in der Abwehrstrategie gegen Phytophagen. In Laborversuchen, bei denen Schmetterlingslarven (*Choristoneura rosaceana*) mit künstlicher Nahrung in Petrischalen aufgezogen wurden, der jeweils drei unterschiedliche Konzentrationen von GABA zugesetzt wurden, konnte ein negativer bzw. inhibierender Effekt auf die Überlebensrate, das Wachstum und die Entwicklung der Larven festgestellt werden (Ramputh & Bown 1996). Somit stellt sich im Falle der GE-Tomate - wenngleich keine neuen toxischen Proteine exprimiert werden - die Frage nach den Auswirkungen eines erhöhten Gehalts pflanzeneigener Inhaltsstoffe auf die Interaktion mit Nichtzielorganismen.

Die Veränderung im Gehalt von zentralen Stoffwechselprodukten wie GABA könnte sich auf die stoffliche Zusammensetzung von Früchten, sowie sekundärer Pflanzeninhaltsstoffe, mit denen die Pflanze mit ihrer Umwelt kommuniziert, auswirken. GABA ist mit einer Vielzahl an Mechanismen an unterschiedlichen Reaktionen von Organismen auf Umwelteinflüsse beteiligt und ihre Produktion wird in Stresssituationen sehr schnell aktiviert. Neuerdings ist die Rolle von GABA als Pflanzenstärkungsmittel auch Gegenstand von Untersuchungen (Gramazio et al. 2020). Trotzdem ist fraglich, was ein dauerhaft endogen erhöhter GABA Gehalt für den Stoffwechsel und die noch verbleibende Reaktionsmöglichkeit der Pflanze auf Umweltstress bedeuten. Demnach wären generell unbeabsichtigte Änderungen auf den Gehalt an relevanten Inhaltsstoffen, die Stoffwechselregulation v. a. bei Umweltstress, sowie auf die Interaktion mit Nichtzielorganismen (z. B. Insekten, pathogene und nützliche Mikroorganismen) zu beachten.

In einem Glashausversuch mit einer anderen Art aus der Familie der Nachtschattengewächse, GV-Bt Auberginen, beobachteten Arpaia et al., dass Hummeln die GV-Auberginen gegenüber nicht-GV-Auberginen leicht bevorzugen (Arpaia et al. 2011). Die Untersuchung von 13 flüchtigen Verbindungen ergab eine Häufung von fünf dieser Verbindungen bei GV-Auberginen.

Hummeln üben als Bestäuber eine essentielle Funktion in Agro-Ökosystemen aus. Diese Ökosystemdienstleistung stellt gemäß den Richtlinien der EFSA ein Schutzziel für die Risikobewertung dar (EFSA 2010, 2016). Pflanzen versuchen ihre Bestäuber mittels ihrer Blütenform, und -farbe, aber v. a. auch durch olfaktorische Reize anzulocken. Sekundäre Pflanzeninhaltsstoffe dienen der Pflanze als Kommunikationsmittel mit ihrer biotischen Umwelt, sowohl über als auch unter der Erde. Unbeabsichtigte Auswirkungen einer Genom-Editierung auf die Expression dieser Stoffe könnten weitreichende Folgen für diese Interaktionen haben. Im Tomatenanbau hat der Einsatz von Hummelpopulationen für die Vibrationsbestäubung mittlerweile die mechanische Vibrationsbestäubung weitgehend abgelöst. Standard ist – zumindest in Mitteleuropa – auch der Einsatz von Nützlingspopulationen als Pflanzenschutzmaßnahme im Gartenbau. Unbeabsichtigte Auswirkungen auf diese Beziehungen könnten zu einer Zunahme des Einsatzes von Pflanzenschutzmitteln führen.

Zudem sind die Auskreuzung und der Pollentransfer zu anderen Tomatenkulturen zu beachten. Kultivierte Tomatensorten sind zwar überwiegend selbstbefruchtend, aber Fremdbefruchtung ist nicht auszuschließen und kann selbst bei Kulturarten bis zu 12 % betragen (OECD 2017). Glashausuntersuchungen zu intraspezifischen Kreuzungen zeigen, dass – je nach Sorte und Versuchsdesign – die Kreuzungsraten zwischen 0,07 % und 47 % liegen (Arpaia et al. 2012). Weitere Untersuchungen sind jedoch nötig, um den Einfluss und die Dynamik der Insektenbestäubung auf die Auskreuzung unter Freilandbedingungen abschätzen zu können. Dabei wäre auch zu bedenken, dass eine eventuelle Präferenz von Bestäubern GE-Pflanzen gegenüber nicht-GE-Pflanzen auch Konsequenzen für den Pollentransfer zwischen diesen hätte. Allerdings stammt das Fruchtfleisch der Tomate vom mütterlichen Organismus, weshalb nur die Samen die eingekreuzten editierten Gene enthielten (Arpaia et al. 2012).

Für Chile wird das Auskreuzungspotential von Tomaten zu wildverwandten Arten der Gattung *Solanum* als „mittelhoch“ (Stufe 3 auf einer 5-teiligen Skala) eingeschätzt (Sanchez et al. 2016). Da in Mitteleuropa keine wildverwandten, kreuzbaren Arten neophytisch vorkommen (siehe Tomato Genetic Resources Center, Adler et al. 1994), ist in Bezug auf Gentransfer nur das Auskreuzungspotenzial zu anderen Sorten von Relevanz. Tomaten selbst können in Mitteleuropa allerdings vereinzelt verwildert auftreten und eröffnen dadurch unter Umständen weitere Wirkräume.

Weitere aus der Risikobewertung bekannte Umweltauswirkungen, die je nach neuer Eigenschaft auch bei Tomaten relevant sein könnten, wären:

- Resistenzentwicklung von biotischen Stressoren;
- Auswirkung auf Interaktionen mit Schaderregern (z. B. durch „Ausschalten“ eines Pathogens, das durch andere ersetzt wird);
- Indirekte Auswirkungen auf Nichtzielorganismen (z. B. durch erhöhten Einsatz von Pflanzenschutzmitteln, durch inhaltstoffliche Veränderungen).

### **3.2.1.7 Mögliche Expositionspfade und Wirkräume**

Die möglichen Wirkräume sind – je nach Genehmigungsumfang und -auflagen der GE-Tomate – jedenfalls im Zusammenhang mit der durch die Genom-Editierung erzeugten Eigenschaft, der Anbauform (geschützt oder offen) und einer potenziellen Erweiterung ihrer Nutzräume (z. B. vermehrter Anbau im Freien aufgrund von erhöhter Umweltresistenz) zu sehen. Im Folgen-

den werden einige Aspekte, die für Tomaten, aber auch für andere Gartenbaukulturen relevant sind, diskutiert. Dabei ist zu beachten, dass sich bei einem Anbau im Glashaus, im Freiland und in Privatgärten jeweils unterschiedliche Umweltexpositionen ergeben.

Der kommerzielle Tomatenanbau in Mitteleuropa findet überwiegend geschützt in Gewächshäusern statt, sodass die Interaktion mit der Umwelt sehr begrenzt ist, v. a. bei Substratkulturen, wo kein Kontakt mit der Erde besteht. Das Laub der kontinuierlich wachsenden Triebe wird während der Produktion entfernt und am Ende der Saison werden die ganzen Pflanzen entsorgt. Im kommerziellen Gartenbau erfolgt dies meist in Biogasanlagen, sodass auch über diese Pflanzenteile kein Kontakt mit der Umwelt besteht. In der kommerziellen Tomatenproduktion werden im Pflanzenschutz meist Nützlinge (z. B. Raubwanzen) und zur Bestäubung standardmäßig Hummeln eingesetzt. Arpaia et al. zeigten, dass Hummeln die gegenseitige Befruchtung von GV- und nicht-GV-Tomaten unter Glashausbedingungen ermöglichen (Arpaia et al. 2012). Üblicherweise werden unterschiedliche Tomatensorten in einem Gewächshaus gemeinsam produziert, sodass es zu „Verunreinigungen“ kommen kann. Obwohl Hummeln ortstreu sind, stellen Glas- und Folienhäuser jedoch keine gesicherte Eingrenzung („containment“) dar, die ein Entkommen in die Umwelt verhindern könnten. Somit kann auch ein Gentransfer zwischen Tomatenpflanzen im geschützten Anbau und im Freiland nicht zur Gänze ausgeschlossen werden. Wie groß der Beitrag von Hummeln dazu unter verschiedenen Anbaubedingungen ist, ist derzeit jedoch unklar. Ebenso ist nicht abschätzbar, welche Auswirkungen ein erhöhter GABA-Gehalt auf die Stressresistenz – und damit auf das Nützlingsmanagement – der Tomatenpflanzen hat.

Beim Freilandanbau werden Einkreuzungen von anderen Tomatensorten aufgrund von Hummelflug immer wieder beobachtet. Biobauern nutzen gerne samenfeste Sortenraritäten. Das unbeabsichtigte Einkreuzen in solche seltenen Sorten wäre als eine Verunreinigung pflanzengenetischer Ressourcen und somit als Gefährdung wichtiger landwirtschaftlicher Schutzziele anzusehen. Beim Anbau im Freiland ist mit einer wesentlich höheren Interaktion mit unterschiedlichen Organismen zu rechnen. Aufgrund der vielfältigen Wirkungen von GABA wäre somit eine Exposition vieler Organismen während der Vegetationsperiode, wie z. B. der Bodenorganismen und anderer Nichtzielorganismen, sowie Effekte auf verschiedene Stoffkreisläufe zu berücksichtigen.

Der Anbau von Tomaten ist jedoch prinzipiell nicht auf den rein kommerziellen Bereich (Gartenbaukulturen) eingeschränkt. Dadurch eröffnen sich neue Wirkräume von genom-editierten Tomatenpflanzen, die potenziell auch privat verteilt über das ganze Land in Gärten und Balkonen, im Erdboden, Hochbeeten und Blumentrögen angebaut werden könnten. Somit sind die Wirkräume nicht auf landwirtschaftliche Flächen beschränkt, sondern erstrecken sich auch auf Siedlungslandschaften und den städtischen Bereich. Das Wissen über ökologische und trophische Interaktionen in Gärten und im städtischen Bereich ist gegenüber dem Wissen über Agrarökosystemen jedoch als gering einzuschätzen. Außerdem herrschen dort im Vergleich zum kommerziellen Anbau vielfältige Bedingungen in Bezug auf abiotischen und biotischen Stress, was wiederum unterschiedliche Reaktionen der Pflanzen bedingen kann.

Im Gegensatz zu Ackerbaukulturen werden im Gartenbau die Jungpflanzen meist in Baumschulen gezogen. Die Verteilung dieser Pflanzen erfolgt dann jedoch nicht nur in die Gartenbaubetriebe zur kommerziellen Produktion, sondern über Zwischenhändler (wie z. B. Bauhäuser, Supermärkte, Floristen und (Blumen-) Märkte) auch zu Privatpersonen. Im privaten Gartenbau erfolgt der Anbau unter sehr heterogenen Bedingungen und die Entsorgung der Pflan-

zen auf dem eigenen Kompost oder der Biotonne, sodass sich hier auch lokal sehr unterschiedliche Wirkungen ergeben können. Diese zusätzlichen Absatz- und Verteilungswege (z. B. auch der privat übliche Tausch von Samen und Jungpflanzen) eröffnen eine Vielzahl heterogener Wirkräume, die in einem Monitoring abgedeckt werden müssten.

Unbeabsichtigtes Ausbringen (z. B. über Klärschlamm, Abwässer, Kompost) führt zu „gelegentlich unbeständig verwildertem“ Vorkommen in der Natur (Adler et al. 1994). Somit muss auch abseits der intendierten Verwendung von Tomaten mit einer gewissen Umweltexposition gerechnet werden.

### 3.2.1.8 Schlussfolgerungen für das Monitoring

Für das Monitoring sind immer die Ergebnisse der Risikobewertung maßgeblich, die auf Basis der gesamten Betrachtung des Organismus, der veränderten Eigenschaft und der möglichen Umweltexposition im Zuge deren Verwendung erfolgt. Im Falle der GE-Tomate ergeben sich nun einerseits Implikationen für das Monitoring aus dem Merkmal des erhöhten GABA-Gehalts, der unmittelbar auf die Genom-Editierung zurückzuführen ist. Andererseits sollen hier jedoch auch Aspekte angesprochen werden, die sich aus der Tatsache ergeben, dass eine Gartenbaukultur verändert wurde. Dies wäre prinzipiell auch mit Transgenese möglich und hätte - je nach Ergebnis der Risikobewertung - vergleichbare Implikationen. Es liegen derzeit jedoch keine Erfahrungen mit dem Anbau transgener Gartenbaukulturen in der EU vor.

Mögliche unbeabsichtigte Effekte könnten sich durch die mittels Genom-Editierung erzeugte neue Eigenschaft der Tomate, den erhöhte GABA Gehalt, ergeben, weil die komplexe regulatorische Rolle von GABA im Stoffwechsel noch nicht vollständig entschlüsselt ist. Aufgrund der zentralen und vielfältigen Rolle von GABA im Pflanzenstoffwechsel ergeben sich möglicherweise eine Reihe von unbeabsichtigten Effekten. Dies betrifft in erster Linie die Interaktion mit Nichtzielorganismen in unterschiedlichen Umwelten (z. B. Interaktion mit Bestäubern und anderen Nützlingen). Andererseits sind auch Auswirkungen auf das Umweltverhalten der Pflanzen bei abiotischem Stress denkbar. Diese Umweltwirkungen sind v. a. bei einem Anbau im Freiland relevant und um einiges vielfältiger als bei einem Anbau im Gewächshaus. Ob ein erhöhter GABA-Gehalt auch zu einer erhöhten Toleranz gegenüber Umweltstress führt und dadurch eventuell Auswirkungen auf das unbeabsichtigte sporadische Vorkommen in der Umwelt hat, wäre – je nach der Basis der Daten aus der Risikobewertung (z. B. Studien zu Keimungsverhalten und Dormanz) – in einem Monitoring zu klären.

Ein weiterer Punkt ist die Abklärung offener Fragen nach dem Auskreuzungsverhalten zu anderen Sorten. Schließlich ist es sowohl im kommerziellen Gartenbau (z. B. in einem Glashaus), als auch im privaten Bereich üblich, verschiedene Sorten gleichzeitig in großer räumlicher Nähe anzubauen. Da es in Europa keine natürlichen Kreuzungspartner der Tomate gibt, handelt es sich hierbei jedoch nicht um eine Frage der Persistenz oder Invasivität von GE-Tomaten in der Umwelt. Allerdings ist eine Relevanz für agronomische Schutzziele gegeben (z. B. Auskreuzung des GE-Merkmals in alte Kultursorten).

Generell wurden bei Gartenbaukulturen einige neue Aspekte identifiziert, die bei der Etablierung eines Monitorings zu beachten wären. Die Verwendung von GE-Pflanzen im Gartenbau umfasst prinzipiell andere Wirkräume als die bisher für ein Monitoring betrachteten transgenen Ackerbaukulturen. So erfolgt die Produktion von Tomaten nicht nur in Agrarräumen, sondern auch in Siedlungsräumen und im städtischen Bereich, wobei sich die Produktionsformen z. T. sehr unterscheiden (z. B. Substratkultur im Glashaus, Anbau im Mutterboden in Folientunneln, Kleingärten).

Bei der Produktion und Verwendung von Gartenbaukulturen, wie z. B. Tomaten, sind viele verschiedene Akteure involviert (z. B. Baumschulen, Baumärkte, Gartenbaubetriebe, Privatpersonen etc.). Die Produktion erstreckt sich über komplexe und lange Lieferketten (z. B. Züchter – Baumschulen – Gartenbaubetrieb oder Züchter – Baumschule - Gartenbaubetrieb – Händler – privater Nutzer), die mehrere Entwicklungsstadien der Pflanze und züchterische Vorgänge umfassen (z. B. Pikieren, Umtopfen). Zudem erfolgen der Vertrieb, die Weitergabe und der Tausch nicht nur in Form von Samen, sondern auch in Form von lebenden Pflanzen (z. B. in einzelnen Töpfen anstatt in großen Saatgutgebinden). Sogenannte Anbauregister sind für ackerbauliche Kulturpflanzen, nicht jedoch für Gartenbaukulturen relevant. Durch die Verwendung von GE-Gartenbaukulturen (kommerziell oder auch im privaten Bereich) müssten die Flächen für ein Monitoring entsprechend ausgewählt und angepasst werden.

Die Tatsache, dass nicht mehr nur ackerbauliche Kulturpflanzen genom-editiert werden, sondern auch Pflanzen, die gartenbaulich genutzt werden, stellen eine zusätzliche Herausforderung für das Monitoring von Umwelteffekten dar. Entsprechende Auflagen und Bedingungen in der Zulassungsgenehmigung könnten diese jedoch abfedern (z. B. Beschränkung der Zulassung auf den kommerziellen Anbau).

### 3.2.2 Genom-editierte Apfelbäume

#### 3.2.2.1 Biologie, Ökologie und Anbau

Eine umfassende Übersicht über die Biologie des Apfels findet sich in OECD (2019). Der Kulturapfel (*Malus domestica*) ist ein Vertreter der Rosengewächse (Rosaceae). Die Ursprünge der domestizierten Art kommen aus dem zentralasiatischen Raum und gehen auf die Wildart *Malus sieversii* zurück. *Malus domestica* ist aber genetisch enger mit dem wilden Europäischen Holzapfel (*Malus sylvestris*) verwandt als mit dem Vorläufer *Malus sieversii*. In Europa gibt es fünf endemische Wildapfelarten: *Malus crecimannoi*, *Malus florentina*, *Malus pumila*, *Malus trilobata* und *Malus sylvestris*.

Heute werden Kulturäpfel weltweit in allen Bereichen mit gemäßigttem Klima kultiviert, wobei die optimalen Bedingungen in den kühl-gemäßigten Zonen zwischen dem 35. und 50. Breitengrad zu finden sind. Diese sind durch warme Tage, kalte Nächte und eine hohe Lichtintensität gekennzeichnet. Die Kultivierung in Apfelplantagen zeichnet sich durch einen hohen Einsatz an Arbeitskraft und landwirtschaftlichem Management, inklusive Düngung und Maßnahmen zur Krankheits- und Schädlingskontrolle, Bewässerung, Beikrautkontrolle und Schnitt der Bäume, aus. Im Laufe der Geschichte wurden weltweit über 10.000 Sorten gezüchtet, von denen viele wieder verloren gegangen sind. Im Moment werden nur ca. 100 Sorten wirtschaftlich genutzt.

Unter natürlichen Bedingungen erfolgt die Verbreitung der Samen durch Tiere oder verrotende Äpfel. Nach 6-12 Jahren blühen die Wildäpfel und bilden Früchte. Dieser Zeitraum ist genetisch und durch die jeweiligen Umweltbedingungen determiniert. In Plantagen werden 1-2 Jahre alte Bäume gepflanzt, die durch Veredelung mittels Okulation oder Pfropfung erzeugt wurden. Die Edelreiser stammen von ausgewachsenen Pflanzen, trotzdem erfolgt die erste Ernte meist erst zwei Jahre später.

Die Blütenbildung des Apfels wird sowohl von biotischen wie auch abiotischen Faktoren beeinflusst. Dazu gehören z. B. Phytohormone, das Auftreten von Pathogenen, Licht, Wasserstress oder Temperatur. Zudem neigen Äpfel zu Alternanz, wobei nach einem Jahr mit hoher Fruchtbildung ein Jahr mit geringen Erträgen auftritt. Die Verbreitung der Pollen erfolgt durch

Bestäuber wie Honigbienen, Hummeln oder Wildbienen. In den meisten Apfelsorten beträgt der Anteil an Selbstbestäubung weniger als 10 %. Der Mechanismus der Selbstinkompatibilität (also die Verhinderung der Befruchtung durch eigene Pollen) funktioniert bei Polyploidie weniger gut. Während die meisten Apfelsorten diploid sind, gibt es auch tetraploide Sorten. Der Anteil an Selbstbefruchtung kann auch, abhängig von der Sorte oder Umweltparametern, variieren. Apfelbäume können sich auch vegetativ durch die Bildung von Wurzelschösslingen vermehren, wobei diese in Plantagen entsprechend von der Unterlage stammen und nicht von der veredelten Kultursorte.

Innerhalb der Gattung *Malus* sind Hybridisierungen zwischen den meisten Arten möglich, wobei künstliche Hybride z. B. auch zwischen Apfel und Birne oder Apfel und Weißdorn erzeugt wurden. Zudem ist Introgression vom *Malus domestica* in Wildapfelarten wie *Malus sylvestris* möglich.

Apfelbäume sind anfällig für eine Reihe von Krankheiten, allen voran die wirtschaftlich bedeutenden Krankheiten Apfelschorf und Feuerbrand. Andere Pilzkrankheiten sind Schwarzfäule und Mehltau. Eine bekannte Viruserkrankung wird durch das Apfelmosaikvirus hervorgerufen. Zu den relevanten Schädlingen zählen der Apfelwickler (*Cydia pomonella*), die Apfelrostmilbe (*Aculus schlechtendali*) oder die Apfelblutlaus (*Eriosoma lanigerum*).

In Deutschland werden auf 33.980 ha Äpfel angebaut. Die Apfelanbaufläche ist dabei in den letzten Jahren (2017-2020) gleichgeblieben (Eurostat 2021). Diese Fläche entspricht 69 % der gesamten Baumobstanbaufläche Deutschlands bzw. 44 % der gesamten Obstanbaufläche. Äpfel werden in allen Bundesländern angebaut (v. a. Niedersachsen, Baden-Württemberg, Sachsen) mit Anbauswerpunkten u.a. in der Bodenseeregion und im Alten Land (Garming et al. 2018). Auf dem Großteil der Fläche (83 %) werden Tafeläpfel (unmittelbar für den Verzehr geeignet) produziert, auf der übrigen Fläche Wirtschaftsäpfel für die weitere Verarbeitung als Saft oder Most. Hauptsächlich werden die Sorten Elstar, Braeburn, Gala und Jonagold angebaut (Bundesinformationszentrum Landwirtschaft 2020). Der Selbstversorgungsgrad mit Äpfeln liegt in Deutschland bei 54-64 %. Exportiert werden ca. 100.000 t pro Jahr, wobei hier jährliche Schwankungen zu beachten sind. Importiert werden 600.000-700.000 t, abhängig von der Apfelernte in Deutschland. Die Importe stammen dabei v. a. aus den Niederlanden oder Italien, aber auch aus Chile oder Neuseeland (Garming et al. 2018).

Auf 18 % der Anbaufläche wird biologische Landwirtschaft betrieben, wobei das Verhältnis von Tafeläpfeln zu Wirtschaftsäpfeln hier ausgeglichener ist mit 57 % zu 43 %. Auf Grund der Bestimmungen zum Einsatz von Pflanzenschutzmitteln in der biologischen Landwirtschaft sind hier vor allem robuste Sorten mit einer geringeren Krankheitsanfälligkeit von Bedeutung, wie z. B. die schorffresistente Sorte Topaz. Beliebte Sorten wie z. B. Gala sind hingegen auf Grund ihrer Anfälligkeit für die biologische Landwirtschaft wenig geeignet (Bundesinformationszentrum Landwirtschaft 2020).

Im Rahmen der PAPA-Erhebung (Panel Pflanzenschutzmittel-Anwendungen) werden Daten zu allen relevanten Pflanzenschutzmaßnahmen in Deutschland erhoben. Die aktuellsten Daten zu den verwendeten Fungiziden, Herbiziden, Insektiziden/Akariziden und Wachstumsreglern für 2019 sind vom JKI (2021) online publiziert. Unter den Ergebnissen finden sich auch Wirkstoffmengen, Behandlungshäufigkeit, Behandlungsflächen und Behandlungsindizes.

Gemäß einer Analyse der PAPA-Daten von Roßberg & Harzer (2015) spielen Fungizide auf Grund der Krankheiten Apfelschorf und Apfelmehltau eine große Rolle. Zudem wird in den

nächsten Jahren keine Reduktion der Anzahl chemischen Pflanzenschutzmaßnahmen erwartet. Im Gegenteil, aufgrund des Auftretens neuer invasiver Schädlinge wird von zusätzlichen Pflanzenschutzmittelanwendungen ausgegangen.

In den Apfelplantagen dominieren heute Niederstamm-Anlagen mit einer Wuchshöhe von 3-4 m. Auf diese Weise konnte die Apfelernte erleichtert und die Baumdichte erhöht werden. Großteils werden Äpfel dabei von Betrieben mit einer Anbaufläche zwischen 10 und 50 ha produziert, wobei hier regionale Unterschiede bestehen.

Der Apfelanbau prägt in manchen Regionen, wie z. B. der Niederelbe im Alten Land, das Landschaftsbild und ist somit nicht nur wirtschaftlich, sondern auch kulturell bedeutend (Garming et al. 2018).

Während Äpfel in großem Umfang in Europa konventionell und biologisch produziert werden, erfolgt der Anbau von GV-Äpfeln erst im Feldversuch in einigen europäischen Ländern. Feldversuche mit GE-Äpfeln sind bis dato nicht bekannt, entsprechend fehlt die Erfahrung im Anbau.

### 3.2.2.2 Transgene und cisgene Ansätze

Äpfel sind die wichtigste Art im Obstanbau in Deutschland, mit einem relativ hohen pro-Kopf Verbrauch. Apfelbäume wurden bisher sowohl mit Transgenen oder auch mit Cisgenen modifiziert. Bisher erlangte nur ein transgenes Apfelprodukt, der Arctic™ Apple eine Marktzulassung in den USA und Kanada. In Europa finden derzeit nur Feldversuche mit cisgenen Bäumen z. B. in den Niederlanden und der Schweiz statt.

Cisgenese wird oft, ebenso wie Intragenese oder Genom-Editierung, zu den „neuen biotechnologischen Züchtungstechniken“ gezählt (High Level Group of Scientific Advisors 2017). Das eingefügte Gen stammt dabei aus der gleichen oder einer verwandten Art des veränderten Organismus (Cisgen), es werden aber dieselben Transformationsmethoden wie bei der Transgenese angewendet. Das Cisgen wird zufällig im Genom eingebaut und es erfolgt im Gegensatz zur Genom-Editierung kein ortsspezifischer Einbau des Gens.

### Forschung und Entwicklung

Wie in OECD (2019) angeführt, dient der Apfel als Modellorganismus für die Forschung an der Gattung Rosacea. Zieleigenschaften von gentechnischen Veränderungen sind vor allem Krankheits- und Schädlingsresistenz. Zudem wird u. a. an Stresstoleranz, Herbizidresistenz oder Fruchtcharakteristika geforscht. Dabei wurden bisher nur wenige potenziell relevante Gene identifiziert, etwa für Schorfresistenz, Resistenz gegen Feuerbrand und echten Mehltau.

Neben transgenen pilzresistenten Apfelbäumen wurden auch cisgene Äpfel mit einer erhöhten Resistenz gegen Apfelschorf bzw. Feuerbrand entwickelt, sowie ein Apfel mit einem erhöhten Gehalt an Anthocyanen. Alle wurden mit *Agrobacterium*-vermittelter Transformation erzeugt und teilweise auch in Feldversuchen in Europa getestet.

Ein transgener nicht-blühender Apfel mit Pilzresistenz wurde vom Department Genetics and Breeding, Plant Research International der Universität Wageningen entwickelt. Dieser trägt neben einem Kanamycin Resistenzgen (nptII-Gen) das hth-Gen aus Gerste, welches eine alpha-Hordothionin Vorstufe codiert, die die Pilzresistenz verursacht (BCH 2007, siehe auch Krens et al. 2012). Dieser transgene Apfel wurde in Feldversuchen in den Niederlanden getes-

tet (gemäß JRC 2004 geplant im Zeitraum 2004-2008). Dabei sollte die Resistenz gegen Apfelschorf (*Venturia inaequalis*) und weitere Pflanzenpathogene wie Mehltau (*Podosphora leucotricha*) und Obstbaumkrebs (*Erwinia amylovora*) untersucht werden.

Ein cisgener Apfel mit einer Resistenz gegen den Apfelschorf wurde ebenfalls vom Department Genetics and Breeding, Plant Research International der Universität Wageningen entwickelt (BCH 2012a). Apfelschorf ist eine der wirtschaftlich bedeutendsten Apfelbaumerkrankungen, hervorgerufen durch den Pilz *Venturia inaequalis*. Blätter und Früchte infizierter Pflanzen zeigen dunkle Flecken. Apfelschorf führt zu vorzeitigem Blattverlust und beeinträchtigt die Lagerfähigkeit der Früchte. In den cisgenen Apfel wurde das Resistenzgen *hcrvf2* des Zierapfels (*Malus floribunda*) eingebracht. Es kodiert ein Protein, das bei der Pathogen-Erkennung eine Rolle spielt, welche in der Folge einen Abwehrmechanismus auslöst (BCH 2012b). Das *hcrvf2*-Gen kommt auch in resistenten Apfelsorten wie Santana, Topas oder Florina vor (JRC 2010). Ein weiterer cisgener Ansatz gegen Apfelschorf wurde mit dem *rvi6*-Gen verfolgt (Krens et al. 2015). Feldversuche mit dem *hcrvf2*-Apfel werden in den Niederlanden mit der Sorte Gala durchgeführt, mit einem geplanten Zeitraum von 2011-2021 (BCH 2012b, JRC 2010).

Zudem wurde vom Department Genetics and Breeding, Plant Research International der Universität Wageningen ein cisgener Apfel mit einem erhöhten Gehalt an Anthocyanen entwickelt. Anthocyane sind rote Pflanzenfarbstoffe. Entsprechend weist dieser Apfel ein rotes Fruchtfleisch auf (BCH 2016). Dabei wurden in die Apfelsorten Jumaní und Gala das Gen *mdmyb10(R6)* eingebracht. Das Gen stammt aus der Sorte „red field“, welche diese Mutante des *mdmyb10*-Gens trägt. Nähere Informationen finden sich in Espley et al. (2013).

Ein cisgener feuerbrandresistenter Apfel wurde von der ETH Zürich entwickelt (Kost et al. 2015). Feuerbrand ist eine durch das Bakterium *Erwinia amylovora* hervorgerufene Pflanzenkrankheit, die sich von Amerika ausgehend verbreitet hat. Blüten und Blätter befallener Pflanzen verfärben sich braun und verkümmern. Befallene Pflanzen können innerhalb kurzer Zeit absterben. In den cisgenen Apfel wurde das Feuerbrandresistenzgen *FB\_MR5* des Wildapfels *Malus x robusta* in die Apfelsorte Gala Galaxy eingebracht, eine für Feuerbrand anfällige Sorte. In der Schweiz wird dieser cisgene Apfel seit 2016 in einem Feldversuch von Agroscope getestet. Dieser soll noch bis 2021 dauern (Agroscope 2016).

### **Marktzulassung**

In den USA und Kanada sind drei Events des Arctic™ Apple als Lebens- und Futtermittel, sowie für den Anbau zugelassen: Arctic™ (es handelt sich dabei um die Sorte Granny Smith) Arctic™ Golden Delicious Apple und Arctic™ Fuji Apple. Diese wurden gentechnisch so verändert, dass es an den Schnittstellen zu keiner bzw. einer reduzierten Bräunungsreaktion kommt (ISAAA 2021). Entsprechend sind sie u. a. als abgepackte Apfelspalten erhältlich (Okanagan Specialty Fruits Inc. 2021).

Arctic Apple™ wurde von Okanagan Specialty Fruits Incorporated entwickelt. Neben einem Antibiotikaresistenz-Markergen (*nptII*-Gen) wurde in diese Äpfel das PGAS PPO Suppressionsgen mittels *Agrobacterium*-vermittelter Transformation eingebracht. Polyphenoloxidase (PPO) ist jenes Enzym, welches Oxidationsprozesse reguliert. Die Abschaltung des Gens führt zum nicht-bräunenden Phänotyp (Okanagan Specialty Fruits Inc. 2014).

### 3.2.2.3 Genom-Editierung

Apfelbäume werden von einigen wirtschaftlich bedeutenden Krankheiten befallen, wie z. B. dem Feuerbrand oder dem Apfelschorf. Um entsprechende Krankheitsresistenzen zu erzeugen, wurde bisher in der klassischen Gentechnik mit cisgenen Ansätzen gearbeitet. Diese Eigenschaften sind auch das Ziel in der Forschung im Bereich Genom-Editierung. Auch wenn hier die Arbeiten erst am Anfang stehen und oft proof-of-concept Studien darstellen, so ist doch von weiteren Entwicklungen auszugehen, da die Forschung v. a. mit CRISPR/Cas in den letzten Jahren generell starken Auftrieb bekommen hat.

Konventionelle Züchtung von Bäumen ist auf Grund des langen Reproduktionszyklus und der Heterozygotie langwierig. Entsprechend werden in der Forschung große Hoffnungen in die Methoden der Genom-Editierung gesetzt. Dabei ist aber zu bedenken, dass es neben der erfolgreichen Modifikation noch weitere technische Schwierigkeiten gibt (z. B. Protoplasten-Regeneration).

Bewg et al. (2018) listen einige Beispiele genom-editierter Bäume. Diese umfassen nicht nur Arbeiten mit der Waldbaumart Pappel, sondern auch einige Arbeiten an Obstbäumen wie dem Apfel. Es handelt sich dabei auf der einen Seite um eine proof-of-concept Studie zu Gen-Knockout mittels CRISPR/Cas. Ziel war die Disruption des Phytoen-Desaturase-(pds)-Gens. Das Fehlen dieses Enzyms behindert die Biosynthese von Chlorophyll und resultiert in einem Albino-Phänotyp. Auf diese Weise wird ein erfolgreich durchgeführtes Gen-Knockout sichtbar. Auf der anderen Seite wird auch mittels Genom-Editierung an den Resistenzentwicklungen gegen Feuerbrand geforscht. In einer proof-of-concept Studie wurde von Charrier et al. (2019) nicht nur das pds-Gen, sondern auch das tfl-Gen (Terminal Flower 1) ausgeschaltet, welches zu einer früheren Blüte führt.

#### Feuerbrandresistenz

Das Feuerbrand-verursachende Bakterium *Erwinia amylovora* besitzt ein spezifisches Gen dspe das einen Pathogenitäts-Effektor kodiert, der wesentlich für die Entwicklung von Feuerbrand ist. Dieser interagiert mit DspE-Interaktionsproteinen im Apfel, welche von dipm-Genen kodiert werden (DIPM =DspA/E-interacting proteins from Malus).

Malnoy et al. (2016) modifizierten in ihrer Arbeit die Gene dipm-1, dipm-2 und dipm-4, mit dem Ziel, die Resistenz der Pflanzen gegen Feuerbrand zu erhöhen. Dabei untersuchten sie zum ersten Mal die Möglichkeit, CRISPR/Cas9 Ribonukleoproteine direkt in den Protoplasten einzubringen. Verwendet wurden spezifische sgRNAs für die drei dipm-Gene und die Apfelsorte Golden Delicious. An den Zielsequenzen zeigen sich sowohl Deletionen als auch Insertionen.

### 3.2.2.4 Mögliche Umweltwirkungen

Im Gegensatz zu einjährigen Feldfrüchten sind bei Bäumen aufgrund ihrer langen Lebensdauer und ihren komplexen ökologischen Interaktionen und Umweltbeziehungen besonders langfristige potenzielle Umweltwirkungen zu beachten. Neben den Leitlinien für die Risikobewertung von GV-Pflanzen der EFSA, welche generelle Gültigkeit für Pflanzen besitzen (EFSA 2010), wurden auf internationaler Ebene auch spezielle Überlegungen zu Bäumen angestellt (SCBD 2016). Zudem beschäftigten sich Greiter et al. (2015) mit speziellen Anforderungen an die Risikobewertung transgener Bäume. Diese können auch für die Überlegungen zu möglichen Umweltwirkungen genom-editierter Apfelbäume herangezogen werden. In Bezug auf mögliche

Umweltwirkungen wurde nicht zwischen der Verwendung der GE-Apfelbäume als Unterlagen oder Edelreiser unterschieden.

Zu den möglichen Umweltwirkungen gehören auch etwaige unbeabsichtigte Veränderungen, etwa in anderen Stoffwechselwegen der Pflanze, die nachteilige Effekte nach sich ziehen können. Bei Bäumen ist zudem zu beachten, dass auf Grund der Langlebigkeit und dadurch bedingt wechselnden Umweltbedingungen, negative Umwelteffekte auch zeitlich verzögert auftreten können. Überlegungen zu möglichen Umweltwirkungen sind in diesem Kapitel überblicksartig zusammengefasst. Diese basieren vor allem auf den Eigenschaften des Apfels und seiner Nutzung sowie der genom-editierten Eigenschaft. Die GE-Apfelbäume, an denen derzeit geforscht wird, produzieren kein transgenes Protein. Mögliche Umweltwirkungen auf Nichtzielorganismen oder das Bodenmikrobiom z. B. als Folge von unbeabsichtigten Veränderungen im Genom, können aber nicht ausgeschlossen werden.

Mögliche Umweltwirkungen genom-editierter, feuerbrandresistenter Äpfel umfassen v.a.:

- Auskreuzung (und Weitergabe der Feuerbrandresistenz) in wildverwandte Arten;
- Resistenzdurchbruch beim Zielorganismus, dem Feuerbranderreger *Erwinia amylovora* bzw. Veränderungen des Schaderregerspektrums von Apfelbäumen;
- Etablierung der genom-editierten Apfelbäume in natürlichen oder naturnahen Habitaten;
- Zunahme bzw. Intensivierung der genom-editierten Apfelkulturflächen.

Wie beschrieben, können Äpfel u. a. mit anderen Arten der Gattung *Malus* hybridisieren. Dadurch kann die genom-editierte Veränderung an den dipm-Genen und somit die Feuerbrandresistenz weitergegeben werden. In Bezug auf mögliche Fitnessseffekte ist aber zu beachten, dass auch Wildäpfel bzw. wildverwandte Arten eine Feuerbrandresistenz aufweisen können. Weiterhin ist zu beachten, dass Auswirkungen auf Schutzziele zu berücksichtigen sind. So wird z. B. *Malus sylvestris* in der Rote Liste Deutschlands auf der Vorwarnliste geführt und in Bayern als gefährdet eingestuft (Botanischer Informationsknoten Bayern 2020). Eine Veränderung des Genoms durch die Einbringung der genom-editierten Mutation könnte aus Biodiversitäts- und Naturschutzsicht problematisch sein und naturschutzrechtliche Fragen nach sich ziehen.

Es ist zudem denkbar, dass sich der Erreger des Feuerbrands *Erwinia amylovora* an die genom-editierte Veränderung anpasst und neue Mechanismen entwickelt, Apfelbäume zu infizieren und Schäden zu verursachen. So wurde z. B. die durch das Gen *fb\_mr5* vermittelte Resistenz durch einige *Erwinia*-Stämme in Nordamerika und Israel bereits überwunden (Vogt et al. 2013). Ein solcher Resistenzdurchbruch kann Auswirkungen auf die Krankheitsverbreitung haben, wobei nicht nur Sorten ohne Krankheitsresistenz, sondern auch Arten oder Sorten mit bereits natürlich vorhandenen Resistenzen (z. B. alte Sorten) betroffen sein können. Auf der anderen Seite könnten andere Schaderreger die Nische von *Erwinia amylovora* besetzen und so zu einer Veränderung im Schaderregerspektrum führen.

Apfelbäume können nicht nur durch Pollen und Samen verbreitet werden, sondern auch vegetativ (z. B. durch Wurzelschösslinge). Entsprechend ist eine vegetative Etablierung in geeigneten Habitaten möglich. Dies ist für ein Monitoring zu beachten (Kontrolle des Vorkommens von GE-Apfelbäumen).

Feuerbrandresistente Sorten können einen bedeutenden wirtschaftlichen Vorteil darstellen. Entsprechend wäre es denkbar, dass als Folge einer Zulassung von GE-feuerbrandresistenten

Äpfeln die Anbauflächen zunehmen. Hierbei handelt es sich meist um biodiversitätsarme, intensiv genutzte und gemanagte Plantagen mit entsprechender Anwendung von Pflanzenschutzmitteln. Eine eventuelle Veränderung bzw. Erhöhung des Einsatzes von Pflanzenschutzmitteln aufgrund von GE-Sorten bzw. im Falle von Resistenzdurchbrüchen können somit auch zu indirekten Auswirkungen auf die Biodiversität und biologische Landwirtschaft führen.

### 3.2.2.5 Mögliche Expositionspfade und Wirkräume

Äpfel werden nicht nur im Erwerbsobstbau auf Plantagen oder Streuobstwiesen kultiviert, sondern auch in privaten Obstgärten und im öffentlichen Raum (Stichwort „essbare Stadt“). Die möglichen Wirkräume genom-editierter Apfelbäume werden daher auch vom Genehmigungsumfang und etwaigen Auflagen mitbestimmt werden. Somit ist auch – je nach Genehmigungsumfang – die absichtliche Weitergabe von genom-editierten Apfelbäumen an Privatpersonen zu bedenken. Vor diesem Hintergrund sind die folgenden Expositionspfade möglich:

#### Beabsichtigte Ausbringung

- Pflanzung in Plantagen, Streuobstwiesen, Privatgärten, öffentlichem Raum;
- Weitergabe von Bäumen und anderem Pflanzgut (z. B. Stecklinge, Edelreiser) an Privatpersonen.

#### Unbeabsichtigte Ausbringung

- Ausbringung der Samen durch Tiere;
- Ausbringung der Samen durch den Menschen;
- Verbreitung durch Wurzelschösslinge;
- Auskreuzung durch die Übertragung von Pollen auf nicht modifizierte Pflanzen oder wildverwandte Arten;
- Transportverlust.

Äpfel können auf unterschiedlichem Weg unbeabsichtigt in die Umwelt eingebracht werden. Neben dem natürlichen Verbreitungsmechanismus durch Samen ist auch die Ausbringung durch den Menschen zu beachten. Dazu zählen Transportverluste und das Wegwerfen der Kerngehäuse nach dem Verzehr. Zudem ist eine vegetative Vermehrung durch Wurzelschösslinge möglich. Entsprechend ist die Verbreitung durch diese (z. B. durch Transportverlust des Schnittmaterials) denkbar.

Als Expositionspfad ist die Möglichkeit der Auskreuzung durch die Übertragung von Pollen durch Bestäuber auf andere Apfelbäume zu bedenken. Kreuzbarkeit besteht u. a. mit dem Wildapfel *Malus sylvestris* und anderen *Malus* Arten. Auch Hybridisierungen mit anderen Wildsippen wie *Pyrus* sp. und *Sorbus* sp. kommen vor (Pascher & Gollmann 1997). Auskreuzung wurde auch von Flachowsky & Hanke (2006) im Rahmen einer Modellstudie untersucht. Zentrale Frage war, in welchem Abstand von GV-Apfelbäumen mit einer Auskreuzung zu rechnen ist. Dafür wurden rotlaubige Vertreter von *Malus pumila* var. *niedzwetzkyana* als Pollenspender gepflanzt. Entsprechende Nachkommen wurden vor allem im Abstand von 5-10 m zum Pollenspender gefunden, aber in geringem Ausmaß auch noch in 100 m Abstand. Einfluss auf die Auskreuzung hatte dabei die Richtung des Bienenfluges, welche von den Umweltbedingungen wie der Windrichtung, sowie vom Standort des Bienenstockes abhängig ist. Zudem ist eine Pollenübertragung durch Wind nicht auszuschließen.

Die möglichen Verbreitungswege sind sehr von den Reproduktionseigenschaften der Art sowie der Nutzung durch den Menschen determiniert. Zudem ist zu beachten, in welchen Habitaten und unter welchen Umweltbedingungen Apfelmöchte wachsen können. Die bisher im Fokus der Forschung stehenden Eigenschaften, welche durch Genom-Editierung, Transgenese oder Cisgenese erzeugt wurden, tragen derzeit nur bedingt zu einer Erweiterung der Nutzräume oder potentiell betroffenen Ökosysteme bei. Zwar können Krankheitsresistenzen einen Fitnessvorteil bieten, dabei ist aber zu beachten, dass es auch einige resistente konventionelle Sorten gibt und auch wildverwandte Arten Resistenzen aufweisen können.

### 3.2.2.6 Schlussfolgerungen für das Monitoring

Die bisher mittels Genom-Editierung in Äpfeln neu erzeugte Eigenschaft (Feuerbrandresistenz) wurde zuvor auch mittels transgener Ansätze (Cisgenese) erreicht. Generell zeigt sich, dass Krankheitsresistenzen auf Grund der wirtschaftlichen Bedeutung im Fokus der Forschung bei Apfelmöchten stehen, sowohl den Bereich der klassischen Gentechnik betreffend, als auch jenen der Genom-Editierung. Durch die GE-vermittelte Feuerbrandresistenz ergeben sich keine spezifischen neuen Wirkungen, Wirkräume und Expositionspfade im Vergleich zu Resistenzen, die mittels klassischer Gentechnik erzielt wurden. Neu ist aber das Bestreben, entsprechende Krankheitsresistenzen ohne die Einbringung von zusätzlichem Genmaterial (z. B. neue Proteine) zu erzeugen.

Im Vergleich zu bisher bearbeiteten GV-Feldfrüchten ist für das Monitoring von GE-Äpfeln zu berücksichtigen, dass es sich hier um eine langlebige Art handelt, die sich auch vegetativ vermehren kann und deren Anbau nicht nur auf den kommerziellen Bereich beschränkt ist. Auch wenn der kommerzielle Anbau in Plantagen und Streuobstwiesen allein schon aus praktischen Gründen im Fokus stehen wird, sind auch Vorkommen im öffentlichen Raum und privaten Obstgärten zu berücksichtigen.

Bei genom-editierten feuerbrandresistenten Apfelmöchten wird nur auf die Störung des Kommunikationsmechanismus zwischen Pflanze und Erreger abgezielt. Da es zu keiner Expression neuer Proteine kommt, sind keine Umweltwirkungen durch diese (z. B. Nahrungsketteneffekte durch Toxine auf Nichtzielorganismen) relevant. Somit sind die möglichen Umweltwirkungen, Wirkräume und Expositionspfade vorrangig von der Biologie des Apfels und der Interaktion mit dem Zielorganismus abhängig. Allerdings sind unbeabsichtigte Effekte (z. B. ausgelöst durch unbeabsichtigte on-target oder off-target Veränderungen im Genom) und damit verbundene mögliche Umweltwirkungen für das Monitoring relevant und sollten entsprechend beachtet werden.

Drei Aspekte sind für die Ausgestaltung des Monitorings eines feuerbrandresistenten GE-Apfels vorrangig zu beachten. Einerseits ist neben der Auskreuzung und der Verbreitung von GE-Apfelmöchten in natürliche und naturnahe Habitats auch ein etwaiger Resistenzdurchbruch des Feuerbranderreger *Erwinia amylovora* zu berücksichtigen. Ein entsprechendes Monitoring sollte daher die Verbreitung von Feuerbrand und seines Krankheitserregers sowie das etwaige Vorkommen bei GE-Apfelmöchten und resistenten konventionellen Sorten umfassen. Da es sich bei Feuerbrand um einen meldepflichtigen Krankheitserreger handelt, könnten Informationen über die befallenen (GE-) Sorten der zuständigen Meldestellen für ein Monitoring genutzt werden. Zudem sollten etwaige Verschiebungen im Pathogenspektrum von GE-Apfelmöchten untersucht werden.

Im Fall einer Beschränkung der Zulassung von GE-Apfelbäumen auf den kommerziellen Anbau ist auch die Möglichkeit einer unbeabsichtigten oder nicht durch die Zulassung gedeckte Weitergabe von Pflanzen oder Edelreisern im Monitoring zu berücksichtigen. Zudem sollte erfasst werden, wie sich die Apfelanbauflächen sowie der Pestizideinsatz in Deutschland in Abhängigkeit einer Anbauzulassung von GE-Äpfeln entwickelt, um mögliche Intensivierungseffekte erkennen zu können. Für den Fall der Zulassung mehrerer GE-Apfelbäume mit unterschiedlichen genom-editierten Merkmalen wären zudem etwaige kombinatorische Effekte zu beachten.

### 3.2.3 Genom-editierte Süßwasserfische (Karpfen, Regenbogenforelle)

#### 3.2.3.1 Biologie, Ökologie und Haltungformen

Karpfen und Regenbogenforelle stellen die beiden wichtigsten Fischarten der Binnenaquakultur in Deutschland dar. Aus dieser stammt der Großteil des in Deutschland produzierten Süßwasserfisches. 36 % der Aquakulturbetriebe produzieren Karpfen und 20 % Regenbogenforellen. In den 1.656 Betrieben mit Karpfenproduktion wurden 2019 durchschnittlich 4,6 t Karpfen produziert (das entspricht 25 % der Aquakulturproduktion). In 926 Betrieben wurden im Durchschnitt 6,2 t Regenbogenforellen erzeugt (das entspricht 33 % der Aquakulturproduktion). Die aktuellsten Zahlen stammen aus dem Jahr 2019 und sind hier gerundet wiedergegeben (BMEL 2021). Hinzuzufügen ist, dass in dieser Statistik nur Betriebe ab einer bestimmten Produktionsmenge erfasst sind (Brämick 2020). Karpfen wird auch durch die Binnenfischerei gefangen. Während im Jahr 2019 allerdings 42 % des Gesamtaufkommens an Fischen (bezogen auf Binnengewässer und Aquakulturanlagen) aus der Angelfischerei stammt, kommt die Erwerbsfischerei nur auf 6 %. Die Angelfischerei überwiegt mit 1,7 Mio. gültigen Fischereischein im Jahr 2019 somit klar. Die Anzahl der angelnden Menschen dürfte aber deutlich höher sein (Brämick 2020).

#### **Karpfen (*Cyprinus carpio*)**

Der Karpfen (*Cyprinus carpio*) ist ein Vertreter der Cyprinidae. Ursprünglich aus Asien stammend, wurde er von den Römern nach Europa gebracht. Derzeit finden sich in Europa 30-35 domestizierte Zuchtformen (FAO 2021a). Die Urform des Karpfens (Wildkarpfen) ist in Deutschland nicht mehr heimisch. Karpfenbestände stammen in der Regel aus Fischbesatz. Der Karpfen kann unter guten Bedingungen bis zu 140 cm groß und 50 Jahre alt werden. Die Geschlechtsreife wird im Alter von 3-5 Jahren erreicht (WESO 2022).

Der Karpfen bevorzugt warme, langsam fließende oder stehende Gewässer mit Pflanzenbewuchs und schlammigem Boden. Er ist unempfindlich gegenüber Schwankungen des Sauerstoffgehalts oder des pH-Werts. Das Temperaturoptimum für die Zucht liegt bei 23<sup>o</sup>-30°C. Die Eier werden beim Laichen an Pflanzen geklebt (FAO Fisheries and Aquaculture 2021a). Er ernährt sich omnivor u.a. von tierischem Plankton, pflanzlichen Partikeln und Zerfallsprodukten, kann aber auch kleine Fische fressen (EK 2012a, WESO 2022).

Die Vermehrung und Aufzucht des Karpfens erfolgt in der Regel in Brutanlagen. Eier werden in Fertilisationsbecken gehalten, Larven in flachen Becken oder Aufzuchtteichen. Für die Aufzucht 2-jähriger Fische werden Sommerteiche genutzt. Im 3. Lebensjahr werden die Karpfen in Mastteiche umgesetzt (EK 2012a). Weitere Information zu Produktionszyklus und Produktionssystemen finden sich in FAO Fisheries and Aquaculture (2021a).

Informationen zur Karpfennutzung in Deutschland können dem Jahresbericht zur Deutschen Binnenfischerei und Binnenaquakultur 2019 entnommen werden (Brämick 2020). Entsprechend beziehen sich die unten genannten Zahlen auf 2019.

Karpfen (sowohl Satzkarpfen als auch Speisekarpfen) wird vor allem in der traditionellen Karpfenteichwirtschaft in Warmwasserteichen produziert. Nach der Auffüllung erfolgt dabei eine Wasserzufuhr nur zum Ausgleich von Wasserverlusten, etwa durch Verdunstung oder Versickerung. Die meisten Speisekarpfen werden in Bayern (1.895 t) und Sachsen (1.677 t) erzeugt. Zudem werden Satzkarpfen in mit Teichwasser durchflossenen Warmwasseranlagen sowie in Netzgehegeanlagen in Brandenburg und Sachsen produziert. Warmwasseranlagen zeichnen sich dabei durch eine Mehrfachnutzung des Wassers im Kreislauf aus, wobei die Wassertemperatur im Optimalbereich der erzeugten Fischart gehalten wird. Die Anlagen befinden sich in der Regel in Gebäuden. In Warmwasseranlagen wurden 100 t Satzkarpfen in Brandenburg und 80 t in Sachsen erzeugt.

Karpfen wird auch durch die Erwerbsfischerei gefangen, besonders in Brandenburg mit 35 t und Mecklenburg-Vorpommern mit 26 t im Jahr 2019. Auch für die Angelfischerei ist Karpfen von Bedeutung, so wird z. B. in Baden-Württemberg fast die gesamte Karpfenernte an Anglervereine als Besatzfisch verkauft.

Der Eigenversorgungsgrad mit Karpfen beträgt in Deutschland 80 %. Genaue Zahlen zum Import von Lebendfisch werden in Brämick (2020) nicht angeführt, allerdings kann aus dem angeführten Preis für importierten Lebendfisch geschlossen werden, dass Karpfen auch lebend importiert wird. Bio-Karpfen wird nur in sehr geringen Mengen in 20 zertifizierten Betrieben produziert.

Der Karpfen ist nicht nur eine wirtschaftlich bedeutende Fischart, sondern auch ein wichtiger biologischer Modellorganismus. Das tetraploide Genom und seine lange Generationszeit stellen allerdings Herausforderungen sowohl für genetische Studien als auch für die Züchtung dar. Entsprechend erhofft man sich neue Möglichkeiten durch die Anwendung von Techniken der Genom-Editierung (Zhong et al. 2016).

### **Regenbogenforelle (*Oncorhynchus mykiss*)**

Die Regenbogenforelle (*Oncorhynchus mykiss*) ist ein ursprünglich in Nordamerika vorkommender Vertreter der Salmoniden und wurde Ende des 19. Jahrhunderts in Europa eingeführt (EK 2012b). Sie kann natürlicherweise 10 Jahre alt werden und eine Größe von 120 cm erreichen. Die Geschlechtsreife erfolgt im Alter von 2-3 Jahren (WESO 2022).

Die Regenbogenforelle ist eine robuste und anpassungsfähige Art, die eine Bandbreite an Umweltbedingungen verträgt und verschiedene Habitats besetzen kann. Sie findet sich in sauerstoffreichen Fließgewässern mit niedrigen Temperaturen, wobei sie toleranter gegenüber höheren Temperaturen und bezüglich des Sauerstoffgehalts ist als die Bachforelle. So werden kurzfristig auch Temperaturen bis 27 °C vertragen (WESO 2022). Die optimale Wassertemperatur für die Zucht liegt unter 21 °C. Die Regenbogenforelle kann zudem zwischen Süß- und Salzwasser wechseln (EK 2012b). Auf Grund ihrer Toleranz u. a. gegenüber höheren Temperaturen kommt sie nicht nur in der Forellenregion, sondern auch in größeren Bächen und kleineren Flüssen der Äschenregion vor. Die Regenbogenforelle ist im Vergleich zur Bachforelle nicht standorttreu. Die Eier werden im Kies klarer Gewässer abgelegt. Juvenile Fische leben in seichten Bereichen (De Azambuja & Reiter 2006). Gemäß WESO 2022 laicht sie in Europa aber selten.

Als Fleischfresser ernährt sich die Regenbogenforelle von Insekten, Würmern, Schnecken, aber auch von kleinen Fischen und Artgenossen. Dabei ist sie aggressiver im Raubverhalten als die Bachforelle (WESO 2022). Sie weist ein starkes Konkurrenzpotential auf, v.a. gegenüber

Bachforelle und Äsche (De Azambuja & Reiter 2006) und kann endemische Forellenarten verdrängen. Zudem ist die Hybridisierung mit der Bachforelle möglich (WESO 2022).

Die kommerzielle Aufzucht von Regenbogenforellen erfolgt in Aquakulturfarmen. Die Larven werden dort in Rundbecken mit gleichmäßiger Wasserströmung gehalten, die Jungfische in Abwachsstationen (Schwimmkäfige in Seen oder im Meer sowie in Frischwasserbecken in Flussnähe). Details zur Produktion sind in FAO Fisheries & Aquaculture (2021b) zu finden.

Informationen zur Nutzung der Regenbogenforelle in Deutschland stammen aus dem Jahresbericht zur Deutschen Binnenfischerei und Binnenaquakultur 2019 (Brämick 2020). Die genannten Zahlen beziehen sich entsprechen auf 2019.

Regenbogenforellen (Speiseforelle und Satzforelle) werden in der Aquakultur in Kaltwasseranlagen erzeugt. Durch permanenten Durchfluss wird hier kühles und sauerstoffreiches Wasser garantiert. Die Haltungsanlagen können unterschiedlich beschaffen sein und umfassen z. B. Erdteiche, Betonteiche oder Fließkanäle. Die Hauptproduktion erfolgt dabei in Bayern (2.059 t) und Baden-Württemberg (1.910 t) gefolgt von Niedersachsen und Nordrhein-Westfalen. Die Satzforellen werden dabei vor allem innerbetrieblich erzeugt und nicht zugekauft. Speiseforellen werden zudem auch in Netzgehegen in Brandenburg, Niedersachsen, Sachsen-Anhalt und Schleswig-Holstein produziert.

Nicht nur Karpfen, sondern auch Regenbogenforellen werden an Angelvereine als Besatzfische verkauft. Dies betrifft z. B. in Nordrhein-Westfalen und Rheinland-Pfalz 65-70 % des Absatzes.

Auch wenn die Regenbogenforelle die ertragsstärkste Art der deutschen Aquakultur ist, werden nur 9 % der Forellen in Deutschland produziert. Von den nach Deutschland importierten Fischen ist die Regenbogenforelle jene Art mit dem größten Anteil (76.000 t im Jahr 2019). Der Import erfolgt auch lebend.

### 3.2.3.2 Transgene Ansätze

#### **Forschung und Entwicklung**

Eine umfassende Übersicht zum Stand der Forschung zu transgenen Fischarten wurde von Cowx et al. (2010) erstellt. Diese ist Teil eines Berichts im Auftrag der EFSA zur Risikobewertung transgener Fische. Cowx et al. (2010) listen in diesem Bericht transformierte Fischarten, die eingebrachten Gene sowie die intendierten Anwendungen wie z. B. Wachstumssteigerung.

Zum damaligen Zeitpunkt konnten von Cowx et al. (2010) Forschungsarbeiten zu 50 Fischarten recherchiert werden. Die Arbeiten umfassten dabei Grundlagenforschung, Wachstumssteigerung (durch die Insertion von Genen für Wachstumshormone) oder Produktionssteigerungen in kaltem Wasser durch erhöhte Kältetoleranz (die transformierten Fische erzeugen dabei Frostschutzproteine). Zudem gab es Versuche, die Krankheitsresistenz zu steigern und GV-Fische als Indikatoren für Umweltverschlechterung (z. B. in Bezug auf Wasserqualität) einzusetzen. Auch wenn ein Großteil der transgenen Veränderungen Grundlagenforschung zum besseren Verständnis biologischer Prozesse betrifft, zielen andere Arbeiten, wie z. B. zur Wachstumssteigerung, durchaus auf eine Marktzulassung ab.

Die angeführten transgenen Eigenschaften finden sich auch in einer jüngeren Studie (SCBD 2020). Zudem wird hier erwähnt, dass als mögliche zukünftige Entwicklung auch „Omega-3-Fisch“ (gesteigerte Produktion von Omega-3-Fettsäuren in Süßwasserfischen wie z. B. Karpfen) angedacht wird. Ansätze wie z. B. Fertilitätsreduktion oder die Erzeugung steriler Fische

sind Teil einer Eindämmungsstrategie („containment strategy“) freigelassener oder entkommener GV-Fische. Sterilitätsgene bei männlichen Fischen wurden als Maßnahme für die biologische Kontrolle von Fischpopulationen diskutiert, wie auch die Reduktion der weiblichen Fische einer Population mittels Trojaner-Genen (SCBD 2020).

In der Übersicht von Cowx et al. (2010) sind auch Studien zu transgenem Karpfen und transgener Regenbogenforelle enthalten.

Die Arbeiten an Karpfen umfassen v. a. Wachstumssteigerung und Sterilität (Verhinderung der Keimdrüsenentwicklung). Die Wachstumssteigerung soll dabei durch das Einbringen von Genen für Wachstumshormone erreicht werden. Diese stammen dabei aus anderen Fischarten, wie z. B. Regenbogenforelle, Lachs oder Graskarpfen. Zudem wurden in einigen Studien Gene für menschliche Wachstumshormone verwendet. Die Wachstumssteigerung ist dabei nicht nur für die Lebensmittelproduktion interessant, sondern auch für Angelwettbewerbe.

Neben vielen proof-of-concept-Studien wurden Regenbogenforellen auch hinsichtlich Wachstumssteigerung oder Effizienzsteigerung bei der Futtermittelverwertung verändert. In der Forschung wurde u. a. mit Wachstumshormonen von Lachs, Ratte oder Mensch gearbeitet. Auch Gene zur Produktion von Frostschutzproteinen oder zur Erzeugung von Sterilität wurden in Regenbogenforelle eingebracht.

### **Marktzulassung**

Marktzulassungen für GV-Fische sind derzeit nur für zwei Anwendungen bekannt: AquAdvantage® Lachs und GloFish®. In der EU wurde noch keine Marktzulassung für einen GV-Fisch beantragt (EFSA 2021).

Der GV-Lachs (*Salmo salar*) AquAdvantage® der Firma AquaBounty Technologies besitzt eine Marktzulassung als Lebensmittel in den USA und Kanada. Durch die gentechnische Veränderung weist er ein schnelleres Wachstum auf und erreicht deshalb früher die Schlachtreife. Dafür wurde ein Wachstumshormogen des Königslachses (*Oncorhynchus tshawytscha*) und ein Frostschutzproteinpromotor des Meeres-Dickkopf (*Macrozoarces americanus*) eingebracht (DFO Canada 2013). Bei den produzierten Fischen handelt es sich um triploide und deshalb sterile Weibchen (AquaBounty 2010, FDA 2020). Zudem wird der GV-Lachs nur in Aquakultur-Tanks an Land in geschlossenen Gebäuden produziert, um ein Entweichen der GV-Lachse in die Umwelt zu verhindern. Dies umfasst auch verschiedene zusätzliche physische Barrieren wie Netze und betrifft sowohl die Fischfarm in den USA, als auch den Brutbetrieb in Kanada (FDA 2020, AquaBounty 2021).

Beim GloFish® der Firma Spectrum Brands Holdings (entwickelt von Yorktown Technologies) handelt es sich um verschiedene Arten von Aquarienfischen, welche in unterschiedlichen Farben erhältlich sind (Glofish 2021). Durch die gentechnische Veränderung wird eine Fluoreszenz hervorgerufen. GloFish® ist in den USA und Kanada zugelassen, und auch in Taiwan, Kuba, Malaysia, China und Sri Lanka erhältlich (Cowx et al. 2010, SCBD 2020). Obwohl nicht in der EU zugelassen, wurde illegale Exemplare bei Händlern in Deutschland sichergestellt (Der Spiegel 2007).

### **3.2.3.3 Genom-Editierung**

Im Jahr 2019 publizierten Gratacap et al. (2019) einen Überblick über Aquakulturarten, welche mit Genom-Editierung mittels CRISPR/Cas verändert wurden. Dieser umfasst auch Arbeiten an den für Europa relevanten Süßwasser-Fischarten Karpfen und Regenbogenforelle.

Die beim Karpfen mittels Genom-Editierung durchgeführte Veränderung des Myostatin-Gens führt zu einer Wachstumssteigerung (Gratacap et al. 2019). Bei der Regenbogenforelle zielt nach Gratacap et al. (2019) die Arbeit ebenfalls auf die Untersuchung des Wachstums ab. Bei letzterer handelt es sich um eine „loss of function“-Studie, d. h. in den Tieren zeigt sich der gegenteilige Effekt (Wachstumsverringering). Beide Studien zeigen aber, dass Wachstumssteigerung bzw. verbessertes Muskelwachstum und das Verständnis dieser Prozesse wichtig für die Forschung an Süßwasserfischen sind. Die Bedeutung und Aktualität wird dadurch unterstrichen, dass diese Eigenschaft auch Gegenstand der Forschung und Entwicklung an verschiedenen genom-editierten Nutztieren, wie z. B. Rindern oder Schweinen, ist, und dass der bisher einzige transgene Speisefisch mit Markzulassung, der AquAdvantage® Lachs, hinsichtlich Wachstumssteigerung gentechnisch verändert wurde.

### **Karpfen**

Für eine Verbesserung der Produktqualität von Karpfen spielen sowohl Größe und Muskelmasse, als auch die Reduktion intermuskulärer Gräten eine Rolle. Vor diesem Hintergrund wurde von Zhong et al. (2016) eine erste Studie zur Genom-Editierung mittels TALEN und CRISPR/Cas durchgeführt, um die Eignung dieser beiden Techniken für die Veränderung von Karpfen zu untersuchen. Ziel der Studie war die Disruption von Genen, welche mit der Knochenentwicklung in Verbindung stehen (sp7-Gen und vier weitere Gene), sowie dem mstnba-Gen, welches eine Rolle in der Muskelentwicklung spielt. Außerdem wurde mittels CRISPR/Cas-Multiplexing eine Mutante erzeugt, die sowohl die Veränderung des sp7a- als auch des mstnba-Gens aufweist, um zu untersuchen, ob Multiplexing bei Karpfen möglich ist. Mutationseffizienz, Veränderung der Zielsequenz als auch phänotypische Auswirkungen wurden untersucht. Das mstn-Gen kodiert für Myostatin, welches das Muskelwachstum hemmt. Die mit CRISPR/Cas erzeugten mstnba-Mutanten zeigen entsprechend ein höheres Gewicht und eine größere Körperlänge. Die Zielsequenz weist Deletionen, in einigen Fällen auch Insertionen auf. Sp7 ist ein Transkriptionsfaktor, der bei der Zelldifferenzierung in Osteoblasten und Osteozyten eine Rolle spielt. Die mit CRISPR/Cas erzeugten sp7a-Mutanten zeigen ein geringeres Körpergewicht und sind kleiner. Zudem weisen sie diverse Knochendefekte auf, wie z. B. kürzere intramuskuläre Gräten oder Defekte an den Kiemendeckeln (Zhong et al. 2016). An der Zielsequenz zeigen sich Deletionen, welche die Disruption der Zielsequenz verursachen.

### **Regenbogenforelle**

Cleveland et al. (2018) verwendeten die Technik CRISPR/Cas um Regenbogenforellen mittels Genom-Editierung zu verändern. Ziel der Arbeit war eine Disruption der Proteinexpression von IGFBP-2b (IGFBP = insulin-like growth factor-binding protein). Die erzeugten Mutanten weisen entsprechend Mutationen an den igfbp-2b1 und igfbp-2b2 Genduplikaten auf. In dieser „loss-of-function“-Studie sollte nicht nur die Funktion von IGFBP-2b untersucht werden, sondern auch, inwieweit CRISPR/Cas für die Disruption der Proteinexpression funktioneller Proteine, sowie für die Veränderung duplizierter Gene geeignet ist.

Die igfbp-Gene codieren für Bindungsproteine des insulinartigen Wachstumsfaktors IGF-1, ein Hormon welches eine wichtige Rolle im Zellwachstum, u. a. in Muskeln und Knochen, spielt. IGF-1 zirkuliert im Blut gebunden an Transportproteine, den sogenannten IGF-Bindungsproteinen. In Salmoniden ist das IGFBP-2b Protein am häufigsten im Blutkreislauf vorhanden. Die mit CRISPR/Cas erzeugten Mutanten weisen einen geringeren Gehalt an IGFBP-2b Protein so-

wie IGF-1 im Blutplasma auf. Sie zeigen zudem ein geringes Gewicht und eine geringere Körperlänge in den ersten Monaten. In älteren Tieren wird das Wachstum teilweise wieder ausgeglichen. Die veränderten Genabschnitte der Mutanten weisen Deletionen, zu einem geringeren Teil auch Insertionen auf (Cleveland et al. 2018). Dadurch wird die Proteinexpression in unterschiedlichem Ausmaß reduziert.

#### 3.2.3.4 Mögliche Umweltwirkungen

Mögliche Umweltwirkungen von GV-Fischen wurden von Cowx et al. (2010) in einem Bericht bearbeitet, welcher in die Erstellung der Leitlinien zur Umweltrisikobewertung gentechnisch veränderter Tiere (EFSA 2013) eingeflossen ist. Diese Leitlinien kamen in der Praxis bis jetzt noch nicht zur Anwendung, da noch keine Zulassungsanträge für GV-Tiere gestellt wurden. Entsprechend konnten sie noch nicht auf ihre Praktikabilität überprüft werden. Für die gegenständliche Studie wurden aus der Arbeit von Cowx et al. (2010) jene Aspekte herausgegriffen, welche für genom-editierte Karpfen und Regenbogenforellen relevant sein könnten. Zudem wurden eigene Überlegungen angestellt, sowie die Arbeiten von SCBD (2020) und Färber et al. (2020) herangezogen.

Zur Abschätzung möglicher Umweltwirkungen sind nicht nur der spezifische veränderte Organismus, der Domestizierungsgrad und seine genom-editierte Eigenschaft, sondern auch die spezifischen Managementmaßnahmen bzw. Produktionsprozesse zu beachten. Auch sind vorhandene und geeignete Habitate der veränderten Fischarten sowie die dort vorkommenden Arten von Bedeutung.

Für mögliche Umweltwirkungen von GE-Fischen ist ebenfalls die Art und Weise der Nutzung und Haltung zu beachten. So sind bei GE-Karpfen und GE-Regenbogenforelle nicht nur mögliche Umweltwirkungen durch die eigentliche Haltung oder durch entkommene Fische zu beachten, sondern auch jene absichtlich ausgebrachten Besatzfische in Naturgewässern. Zur Verdrängung heimischer, bzw. nicht-modifizierter Arten kann nicht nur die gesteigerte Fitness wachstumsgesteigerter Fische beitragen. Auch die etwaige verstärkte Ausbringung dieser GE-Fische als Besatzfisch für die Aquakultur oder Angelfischerei könnte entsprechende Wirkungen verstärken.

Sowohl Karpfen als auch Regenbogenforelle werden derzeit in der Aquakultur in Deutschland genutzt. Eine Steigerung der intensiven Aquakulturproduktion kann aber dazu führen, dass bestimmte Umweltwirkungen häufiger oder verstärkt auftreten (z. B. Eintrag von Schadstoffen in die Umwelt).

Für wachstumsgesteigerte Karpfen und Regenbogenforellen besteht die Möglichkeit einer höheren Fitness und gesteigerter Konkurrenzfähigkeit (z. B. bessere Ressourcennutzung, räuberisches Verhalten gegenüber nicht veränderten Fischen und anderen Beutetieren). Im Fall der Karpfen mit verringerten intermuskulären Gräten kann von einer geringeren Fitness ausgegangen werden, da sie ein geringeres Körpergewicht aufweisen, kleiner sind und Knochendefekte zeigen. Karpfen mit dieser Eigenschaft werden in Folge in Bezug auf Fitnessaspekte nicht weiter diskutiert, da sie kaum in der Aquakultur genutzt werden würden. Hier sind weitere Entwicklungen abzuwarten, um zu sehen, ob Fische mit einem verringerten Anteil an Gräten ohne nachteilige Effekte auf wirtschaftliche Parameter, wie Körpergröße, entwickelt werden können.

Mögliche Umweltwirkungen aufgrund höherer Fitness umfassen unter anderem die folgenden Aspekte:

- Veränderungen in der Zusammensetzung und Struktur der aquatischen Artengemeinschaft in einem bestimmten Gewässer, sowie generell Verdrängung heimischer Arten aus ihrem Habitat (z. B. durch verstärkte Ausbringung von GE-Fischen, räuberisches Verhalten);
- Veränderungen der Habitatnutzung nicht veränderter Fische;
- Veränderung des Nahrungsangebots, sowie der Nahrungszusammensetzung für nicht veränderte Fische aufgrund von Veränderungen in der Struktur der Nahrungsnetze (z. B. reduziertes Futterangebot oder Nahrungsspektrum durch den verstärkten Fraß genom-edierter Tiere);
- Habitatveränderung und Änderung im Nährstoffgehalt.

Abseits der Fitnessaspekte können sich Umweltwirkungen auch aus den folgenden Punkten ergeben:

- Hybridisierung und veränderte Fitness von Wildpopulationen durch Introgression (z. B. Verlust einer lokalen genetischen Anpassung einer Population);
- Vermehrte Übertragung von Krankheiten und Parasiten;
- Intensivierung der Aquakulturproduktion.

Eine Wachstumssteigerung kann mit einer höheren Fraßleistung verbunden sein. Zudem ist denkbar, dass die größeren Tiere auch größere Beutetiere fressen, als die nicht veränderten Artgenossen. Bei limitierten Nahrungsressourcen ist zudem denkbar, dass die größeren GE-Fische einen Vorteil gegenüber nicht editierten kleineren Fischen haben. Wachstumsgesteigerte Karpfen bzw. Regenbogenforellen können entsprechend konkurrenzfähiger sein und heimische Fische verdrängen. Bei der Regenbogenforelle ist hier auch ihr kannibalistisches Verhalten zu beachten. Cowx et al. (2010) verweisen auch darauf, dass die Regenbogenforelle in einigen Ländern für einen Rückgang anderer Fischpopulationen geführt hat, z. B. in der Schweiz oder den Ländern des Westbalkans. Ursache ist nicht nur Konkurrenz, sondern auch räuberischer Druck auf Eier oder Jungtiere.

In Bezug auf die Habitatnutzung ist zu beachten, dass die Regenbogenforelle z. B. eine höhere Toleranz gegenüber höheren Temperaturen aufweist und auch in der Äschenregion vorkommen kann. Sie ist generell konkurrenzfähiger als Bachforelle oder Äsche. Auch wenn für die gegenständlichen Beispiele nicht relevant, soll an dieser Stelle darauf hingewiesen werden, dass eine solche Verdrängung heimischer Arten aus ihrem Habitat besonders relevant bei modifizierten Fischen ist, die z. B. eine höhere Wärmetoleranz aufweisen und so neue Habitate nutzen und möglicherweise invasive Populationen bilden können.

Neu eingebrachte Arten sind auch in der Lage, das Habitat an sich zu verändern. Cowx et al. (2010) beschreiben hier z. B. Habitatdegradation und Degradation der Wasserqualität durch den Einfluss des Karpfens (z. B. durch Aufwühlen des Sediments, Störung aquatischer Invertebraten, Beschädigung aquatischer Makrophyten, Eutrophierung durch Ausscheidungen). Auch wenn diese Art derzeit in Deutschland bereits verbreitet ist und entsprechend genutzt wird, sind doch mögliche Auswirkungen eines verstärkten Eintrags von GE-Karpfen zu bedenken, ebenso wie Auswirkungen auf Gewässer, in denen Karpfen bis dato nicht ausgebracht wurden.

Auswirkungen auf nicht veränderte Populationen sind prinzipiell durch intra- und interspezifische Hybridisierung möglich und können z. B. zu einer Reduktion der genetischen Diversität

führen. Auch wenn z. B. die Regenbogenforelle in Europa selten laicht, sind selbsterhaltende Populationen in Europa bekannt (Cowx et al. 2010). Zudem ist die Hybridisierung mit der Bachforelle möglich. Auch sollten genetische Unterschiede zwischen domestizierten und autochthonen Populationen einer Art beachtet werden. Vom Atlantischen Lachs ist z. B. bekannt, dass in einigen Bereichen entkommene domestizierte Tiere aus Aquakultur den gleichen oder sogar einen höheren Anteil am Bestand bilden, als die Wildtiere (SCBD 2020). Kreuzungen führen zudem zu einer Reduktion der Fitness der Wildpopulation. Durch Introgression verursachte genetische Veränderungen sind dort bekannt, wo sich Aquakulturanlagen für die Produktion von Lachs mit dem Vorkommen natürlicher Lachspopulationen überschneiden (SCBD 2020). Zu berücksichtigen ist hier auch, ob GE-Fische mit Wachstumssteigerung möglicherweise eine frühere Geschlechtsreife zeigen oder eine höhere Anzahl an Eiern produzieren. Auch ein konkurrenzstärkeres Verhalten z. B. in Bezug auf die Besetzung geeigneter Stellen für die Eiablage oder Fraß von Eiern und Embryos ist denkbar.

Entkommene Tiere aus Aquakultur können Krankheiten und Parasiten auf Wildpopulationen übertragen (Färber 2020, SCBD 2020). Hier sollte auch der Import von Lebendfisch bedacht werden. Nach Cowx et al. (2010) ist der Transport von Lebendfisch die Hauptroute für die Verbreitung von Parasiten oder Pathogenen über große Distanzen. Genannt sind hier verschiedene Beispiele aus der Vergangenheit, wie z. B. der Eintrag eines Karpfenparasiten aus Kontinentaleuropa nach Großbritannien. Wichtig ist, dass die Tiere nicht notwendigerweise zum Transportzeitpunkt schon Krankheitszeichen aufweisen.

Vor allem die Warmwasserteiche der Karpfenaquakultur weisen eine Vielzahl an potenziellen Ökosystemleistungen auf – diese sind allerdings abhängig von der Bewirtschaftungsweise. Eine extensive Bewirtschaftung leistet aufgrund der Förderung verschiedenster Ökosystemleistungen u. a. einen Beitrag zu Landschaftspflege und Biodiversität. Auf der anderen Seite können Aquakulturanlagen auch negative Auswirkungen haben, z. B. durch stoffliche Belastungen (z. B. Nährstoffbelastung durch Futtermittelzugabe) oder hygienische Belastung (Austrag von Parasiten oder Krankheitserregern) (Färber et al. 2020). Problematische Aspekte der Aquakultur in Bezug auf Umwelt- und Naturschutz werden auch von Teufel et al. (2004) genannt. Dazu gehören der Einsatz von konzentrierten Eiweißfuttermitteln (sowie die Eutrophierung durch überschüssiges Futter und Fäkalien), Pharmazeutika, Desinfektionsmittel oder Pestiziden sowie Probleme mit entkommenen Zuchtfischen (siehe oben). Sowohl Karpfen als auch Regenbogenforelle werden in Deutschland in Aquakultur produziert. Wirtschaftliche Vorteile durch die genom-editierte Eigenschaft könnten zu einer Steigerung und Intensivierung führen. Entsprechend besteht das Potenzial, dass die negativen Auswirkungen der Aquakultur verstärkt werden.

### **3.2.3.5 Mögliche Expositionspfade und Wirkräume**

Die Ausbringung von GE-Fischen in die Umwelt ist auf vielfache Art und Weise möglich, wobei hier v. a. natürliche oder naturnahe Binnengewässer zu beachten sind, im Fall der Regenbogenforelle aber auch ein möglicher Eintrag ins Meer.

Die Ausbringung kann absichtlich erfolgen z. B. als Besatzfisch (Satzkarpfen und Satzforelle), wobei je nach etwaigen Vorgaben bei der Zulassung des GE-Fisches diese Ausbringung legal oder illegal erfolgen kann. Zudem ist ein unabsichtliches Entkommen der GE-Fische in allen Stadien der Produktionskette, z. B. beim Transport, möglich.

Cowx et al. (2010) identifizierten verschiedene Verbreitungswege für den Eintrag von GV-Fischen in natürliche Gewässer, welche von der Nutzung des Fisches, der komplexen Produktionskette und den entsprechenden genutzten Aquakulturanlagen beeinflusst sind. Jeder Schritt der Produktionskette birgt das Potenzial eines Entkommens von Fischen, wobei alle Lebensstadien zu berücksichtigen sind (Eier bis Adult-Tiere). Das Risiko eines Entkommens hängt von der konkreten Produktionsform ab. Diese Verbreitungswege können prinzipiell auch für GE-Fische herangezogen werden, wurden aber um eigene Überlegungen ergänzt bzw. anhand der Beispiele Karpfen und Regenbogenforelle spezifiziert.

#### Beabsichtigte Ausbringung

- Absichtliche Freisetzung in natürliche oder naturnahe Gewässer (z. B. als Besatzfisch für die Angelfischerei in Binnengewässern, Zucht und Haltung in Naturteichen etc.).

#### Unbeabsichtigte Ausbringung

- Entkommen aus Forschungseinrichtungen oder Versuchsanlagen;
- Entkommen aus Aquakulturanlagen inkl. Brutanlagen (z. B. Abwasser, wenn direkt abgeleitet, Lecks, ineffektive Barrieren, Überschwemmung);
- Entkommen beim Transport (z. B. Unfälle, Bruch der Fischbehälter), v.a. per Boot;
- Entkommen bei der Lieferung des Fischbestandes (z. B. Verlust durch Verschütten des Behälterinhalts);
- Austrag durch Prädatoren (Fang des Fisches aus der Aquakulturanlage und anschließender Verlust der Beute in nahe Gewässer);
- Entkommen bei Extremwetterereignissen und Überschwemmungen.

Die möglichen Verbreitungswege sind zudem zusammen mit:

- der jeweiligen Fischart und ihrer spezifischen Produktion und Nutzung sowie ihren Habitat-Ansprüchen an natürlich oder naturnahe Habitate,
- der durch Genom-Editierung erzeugte Eigenschaft, und damit verbunden,
- etwaigen Erweiterungen bei Nutzräumen (z. B. bei GE-Fischen mit induzierter Kältetoleranz) und potentiell betroffenen Ökosystemen,

zu betrachten.

Um das Entkommen von Fischen aus Aquakulturanlagen beurteilen zu können, sind die fischspezifischen Produktionszyklen und Anlagentypen zu beachten. Während Karpfen v. a. in Warmwasserteichen gehalten wird, werden Regenbogenforellen in Kaltwasseranlagen unterschiedlicher Ausgestaltung gezüchtet. Für beide Arten werden in Deutschland auch Netzgehege genutzt.

Die durch Genom-Editierung beabsichtigte Wachstumssteigerung in den angeführten Beispielen wird die Wahrscheinlichkeit eines unbeabsichtigten Entkommens möglicherweise nicht erhöhen. Cowx et al. (2010) weisen allerdings darauf hin, dass bestimmte veränderte Eigenschaften dazu führen können, dass die Wahrscheinlichkeit eines Entkommens erhöht wird, z. B. bei induzierten Verhaltensänderungen wie höherer Aggressivität. Veränderungen im Nahrungssuchverhalten können dazu führen, dass die Fische eine leichtere Beute für Prädatoren werden (EFSA 2013). Ein größeres Wachstum kann die GE-Fische allerdings interessanter z. B. für die Angelfischerei machen und das Potential für illegalen Besatz oder Diebstahl erhöhen.

Dasselbe gilt auch für Prädatoren. Fischentnahme durch Prädatoren wie Kormoran, Grau- und Silberreiher ist ein bekanntes Problem im Aquakultursektor, da Schutzmaßnahmen wie z. B. Überspannungen nur bei kleinen Anlagen möglich sind. Entsprechend ist dies v. a. für die Karpfenaquakultur in Warmwasserteichen relevant. Betroffen sind aber auch die Kaltwasseranlagen der Forellenzucht (Brämick 2020).

Auch Überschwemmungen und Extremwetterereignisse können zum Entkommen von Fischen aus Aquakulturanlagen führen. SCBD (2020) nennt dazu ein Beispiel aus Brasilien. Der Klimawandel führt aber auch in Europa u. a. zu Starkregenereignissen und wie in EK (2012a) angeführt, dienen Karpfenteiche als Rückhaltebecken für die Landwirtschaft sowie dem Hochwasserschutz. Zudem haben Aquakulturanlagen meist eine Anbindung an natürliche Gewässer. Sie können dabei im Nebenanschluss (mit Wasserentnahme aus Fließgewässern) oder (seltener) im Hauptanschluss (Einbau in ein Gewässerbett) angelegt sein oder eine eigene Quelle nützen. In diesen Fällen erfolgt ein Abfluss in natürliche Gewässer (Landwirtschaftskammer Salzburg 2014).

Der Vollständigkeit halber, wenn auch für Karpfen und Regenbogenforelle wenig relevant, ist die Ausbringung nicht mehr erwünschter Fische aus privaten/nicht kommerziellen Teichanlagen zu nennen.

Entkommene oder ausgebrachte GE-Karpfen und GE-Regenbogenforellen können sich in jenen Gewässern etablieren, die ihren Habitatansprüchen entsprechen. Bei genom-editierten Fischen mit einer größeren Toleranz für abiotische Umweltfaktoren (z. B. Temperatur, pH-Wert), ist entsprechend auch eine Verbreitung in Habitats möglich, die durch konventionelle Tiere nicht besetzt sind. Dies ist bei der Betrachtung möglicher neuer Wirkräume zu beachten.

### **3.2.3.6 Schlussfolgerungen für das Monitoring**

Im Gegensatz zu gentechnisch veränderten bzw. genom-editierten Pflanzen ergeben sich bei GV- bzw. GE-Fischen völlig neue Expositionspfade, die sich aus ihren natürlichen Lebensräumen, sowie ihrer Nutzung in Aquakultur, Binnenfischerei sowie Angelfischerei ableiten lassen. Bei mobilen Tieren wie GE-Karpfen und GE-Regenbogenforellen ist nicht nur die absichtliche Ausbringung in die Umwelt (z. B. in kommerzielle Fischteiche) zu berücksichtigen, sondern auch das unabsichtliche Entkommen der Fische in natürliche Gewässer. Dieses ist prinzipiell in allen Produktionsstufen möglich, z. B. aufgrund von Transportverlusten, Überschwemmungen oder Schäden an den Aquakulturanlagen.

Mögliche Wirkräume von genom-editierten Karpfen und Forellen sind auch abhängig von etwaigen Vorgaben oder Einschränkungen der entsprechenden Zulassung. Der derzeit einzige zugelassene GV-Fisch darf z. B. nur in Tanks an Land in geschlossenen Gebäuden gehalten werden, um ein mögliches Entkommen der Tiere zu verhindern (Aqua-Bounty 2021, FDA 2020). Weitere mögliche „Containment“ Maßnahmen könnten die Produktion steriler Fische, eine Verminderung der Fertilität oder die Abhängigkeit von bestimmten Nahrungsergänzungsmitteln umfassen. Unabhängig davon ist auch die Möglichkeit einer Weitergabe oder unabsichtlichen Ausbringung bzw. Entkommen der Fische im Monitoring zu berücksichtigen.

Die in diesem Beispiel diskutierte Wachstumssteigerung ist eine Eigenschaft, welche sowohl mit klassischen gentechnischen Methoden, als auch mit Genom-Editierung erzeugt wurde. Überlegungen zu möglichen Umweltwirkungen des wachstumsgesteigerten GV-Lachs können entsprechend für wachstumsgesteigerte GE-Karpfen und GE-Forellen herangezogen werden,

da dieselbe Eigenschaft (Wachstumssteigerung), nur über einen anderen Wirkmechanismus, eingebracht wurde. Unterschiede in den Umweltwirkungen aufgrund des unterschiedlichen Wirkmechanismus sind derzeit nicht absehbar und wären nur aufgrund unbeabsichtigter Effekte im Genom (z. B. off-target Effekte) möglich. Dies betrifft vor allem mögliche negative Effekte auf Grund der höheren Fitness und gesteigerten Konkurrenzfähigkeit, sowie des Hybridisierungspotentials der Tiere.

Entsprechend sollte die Anzahl und Häufigkeit an ausgebrachten GE-Tieren (auch im Verhältnis zu nicht veränderten) bzw. ihr Vorkommen in natürlichen und naturnahen Habitaten beobachtet werden. Voraussetzung dafür ist eine Nachweismöglichkeit von GE-Tieren und ihre Unterscheidung von nicht veränderten Artgenossen. Zudem sollte ein Monitoring auch mögliche Änderungen in der Artenzusammensetzung in diesen Habitaten durch den Eintrag von GE-Karpfen oder GE-Forelle inkludieren. Damit könnten etwaige Verdrängungseffekte von nicht veränderten Karpfen und Forellenarten oder auch Nahrungsketteneffekte erfasst werden. Zudem sollten mögliche abiotische Veränderungen der Habitate durch den Eintrag von GE-Fischen beachtet werden (z. B. durch Nährstoffeinträge).

In Bezug auf Hybridisierungen ist das Potenzial der Introgression in Wildpopulationen zu berücksichtigen. Das betrifft insbesondere das Hybridisierungspotential zwischen Regenbogenforelle und Bachforelle. Hierbei sind auch entsprechende Schutzziele hinsichtlich des Vorkommens und Erhalts autochthoner Bachforellenpopulationen in Naturgewässern wesentlich.

Die beabsichtigten Veränderungen bei den hier diskutierten wachstumsgesteigerten GE-Karpfen und GE-Forellen führen nicht zur Expression neuer Proteine. Allerdings sind unbeabsichtigte Effekte der Genom-Editierung auf phänotypischer Ebene (z. B. physiologische Veränderungen) und damit verbundene Umweltwirkungen für das Monitoring relevant.

Ein Monitoring von GE-Karpfen und GE-Forellen sollte auch die generelle Entwicklung der entsprechenden Produktion in Aquakultur umfassen. So sollten mögliche Intensivierungseffekte erkannt werden, die sich möglicherweise durch die Haltung dieser GE-Fische ergeben. Da entkommene Tiere Krankheitserreger aus der Aquakulturanlage in natürliche und naturnahe Habitate einbringen können, sollte auch die Verbreitung von für Karpfen und Regenbogenforelle relevanten Parasiten und Pathogene im Monitoring beachtet werden.

### **3.2.4 Genom-editierte Mikroalgen**

#### **3.2.4.1 Biologie, Ökologie und Kultivierung**

Als Mikroalgen werden mikroskopische, meist einzellige, fotosynthetisch aktive Algen bezeichnet, die in marinen Gewässern oder im Süßwasser leben. Seit vielen Jahren stehen sie im Forschungsfokus unterschiedlichster Anwendungen, unter anderem aufgrund ihrer Fähigkeit, atmosphärisches CO<sub>2</sub> zu binden, sowie verschiedene industriell wertvolle Stoffe zu produzieren. Insbesondere wird das Potenzial von Mikroalgen in der Herstellung nachwachsender Rohstoffe in gleichbleibender Qualität sowie ohne Konkurrenz zur Landwirtschaft gesehen (DE-HEMA 2016). So wurde in den letzten Jahren der Fokus auf jene Organismen gelegt, mittels welcher erneuerbare Treibstoffe, sowie funktionelle Lebensmittel („nutraceuticals“) hergestellt werden können (Garcia et al. 2017, Peng et al. 2020). Daneben tragen Mikroalgen inzwischen auch wesentlich zur Herstellung von Futtermitteln, v. a. für die Aquakultur, bei (DE-HEMA 2016). Einen Überblick über die kommerzielle Nutzung und Anwendung unterschiedlicher Mikroalgen geben z. B. Enamala et al. (2018) und Khan et al. (2018).

Zwei Gattungen von Mikroalgen, die mittels Genom-Editierung bereits bearbeitet wurden, sind *Chlamydomonas* sp. und *Nannochloropsis* sp.

*Chlamydomonas* ist eine Gattung begeißelter Grünalgen mit über 580 Arten, die vorrangig in Süßwasser, seltener auch im Meer vorkommen (Guiry & Guiry 2022). Der Holotypus der Gattung ist die Süßwasseralge *Ch. reinhardtii*, der wichtigste Modellorganismus von Mikroalgen für Forschungszwecke. Nachgewiesen wurden diese Mikroalgen auch im Boden, in Tümpeln, eutrophen Seen und im Schnee (Guiry & Guiry 2022). *Ch. reinhardtii* ist eine der derzeit am besten untersuchten Arten, deren Genom vollständig sequenziert ist. Dieses Taxon wurde auch als erste Mikroalgenart mittels CRISPR/Cas-System genom-editiert (Jiang et al. 2014).

*Nannochloropsis* ist eine Gattung von immobilen Mikroalgen, die aus mehreren, morphologisch nicht unterscheidbaren Arten besteht. Die meisten wurden in marinen Gewässern beschrieben, einige auch in Süß- und Brackwasser (Fawley & Fawley 2007). Darüber hinaus können sie verschiedene Pigmente in hohen Konzentrationen bilden, wie beispielsweise Astaxanthin, Zeaxanthin und Canthaxanthin (Lubian et al. 2000). Industrielle Relevanz hat *Nannochloropsis* sp. aufgrund der Fähigkeit, mehrfach ungesättigte Fettsäuren zu akkumulieren bzw. eine Vielzahl von Umweltbedingungen zu tolerieren. Die Gattung gilt als besonders vielversprechend hinsichtlich der Produktion biogener Treibstoffe, da sie einen hohen Ölgehalt aufweist, insbesondere unter Stickstoff-Limitierung (Gouveia & Oliveira 2009). Die Gattung eignet sich zudem aufgrund ihrer kleinen Genomgröße für gentechnische Veränderungen bzw. Genom-Editierung.

In Europa ist die Algenproduktion noch im Anfangsstadium. Der europäische Anteil an der weltweiten Algenbiomassenproduktion beträgt nur ca. 1 % (EUBIA 2021). In Europa wird der Produktionssektor von Norwegen, Frankreich, Irland, Island und Russland dominiert. Nach Daten der Europäischen Kommission und dem Joint Research Center gibt es in der EU 126 algenproduzierende Firmen, wovon knapp die Hälfte Mikroalgen in 13 Mitgliedstaaten herstellen, unter anderem auch in offenen Systemen (Dos Santos Fernandes de Araujo et al. 2019). Die meisten Firmen befinden sich in Deutschland, Frankreich, Spanien und Italien. Das Joint Research Center erfasst Daten über die Mikroalgenproduktion in der EU. Diese sind über die EMODnet Human Activities Website abrufbar (EMODnet 2022). In Deutschland gibt es eine Reihe mittelständischer Unternehmen, die Mikroalgen kultivieren. Einige Firmen stellen Mikroalgen für unterschiedliche Anwendungen, wie z. B. Biokraftstoffe und Werkstoffe, medizinische, ernährungstechnische und energetische Anwendungen her (z. B. Deutsche Algen Genossenschaft).

Die Produktion von Mikroalgen erfolgt verfahrenstechnisch in offenen oder geschlossenen Anlagen (DECHEMA 2016). Bei geschlossenen Bioreaktoren werden Platten- und Rohrreaktoren unterschieden. Bei offenen Kanälen (z. B. „Raceway-Ponds“) ist eine Umweltexposition durch die offene Oberfläche der Becken gegeben, was produktionstechnisch von Nachteil sein kann, da Kontaminationen der Algenkulturen möglich sind. Somit ist diese Produktionsform auf bestimmte Algenarten und besondere abiotische Bedingungen (z. B. Salinität, hoher pH) beschränkt (JRC 2014). Zudem sind Kombinationen von Bioreaktortypen möglich. Insbesondere für die Herstellung von Biokraftstoffen, die einem hohen Preisdruck unterliegen, sind große Flächen (10.000 ha und mehr) notwendig. Neben Standorten an Land werden auch Standorte an Meeresküsten oder auf dem Meer genutzt (z. B. in den USA und Australien). In Australien wird *Nannochloropsis* für die Erzeugung von Biokraftstoffen und die Herstellung von Futtermitteln für die Aquakultur sowohl in Kanälen, als auch in Fotobioreaktoren, sowie für Forschungszwecke kultiviert (OGTR 2019). Obwohl der Großteil der Firmen in Europa

Mikroalgen in geschlossenen Anlagen herstellt (z. B. AlgaePARC in den Niederlanden), sind offene Anlagen in den Niederlanden, z. B. Algaeinnovations, sowie in Frankreich und Italien vorhanden (JRC 2014).

### 3.2.4.2 Transgene Ansätze

Die Herstellung heterologer Proteine in transgenen Mikroalgen kann im Genom des Zellkerns oder der Zellorganellen (Chloroplasten oder Mitochondrien) codiert sein. Trotz Fortschritten in den letzten Jahren ist die Zellkernexpression rekombinanter Proteine in Mikroalgen nach wie vor ineffizient, v.a. aufgrund von Positionseffekten, Gen-Stillegungen oder Zufallsintegrationen (Doron et al. 2016).

Ungefähr 100 Arten von Mikroalgen wurden bisher mittels Transgenese bearbeitet (siehe Übersicht in Liang et al. 2020 und Wijffels 2015). Industrielle Enzyme, Pigmente, Fettsäuren, Lipide oder therapeutische Proteine inkl. Impfstoffe oder Biotreibstoffe werden mittels heterologer Expression in Mikroalgen hergestellt (Liang et al. 2020). Dabei stehen einige wenige Genera wie z. B. *Chlamydomonas*, *Chlorella* oder *Nannochloropsis* im Vordergrund. Allerdings ist derzeit der rekombinante Proteinertrag zu gering bzw. der Energieaufwand zu hoch, um eine rentable Produktion zu ermöglichen (Liang et al. 2020). Vorrangige Ziele einer gentechnischen Veränderung von Mikroalgen sind die Verbesserung der fotosynthetischen Effizienz, die verbesserte Produktion ausgewählter Stoffe (z. B. Pigmente wie beta-Karotin oder Astaxanthin), sowie die Herstellung von Ethanol oder Fettsäuren bzw. rekombinanter Proteine inkl. Antigene bzw. Vakzine (Liang et al. 2020, Wijffels). Eine kommerzielle Nutzung transgener Mikroalgen ist derzeit nur für hochwertige Lebensmittelzusatzstoffe oder Futtermittel für die Aquakultur (Pigmente oder ungesättigte Fettsäuren) möglich (Liang et al. 2020). Aus Umweltsicht interessant ist die Verfütterung transgener Mikroalgen (*N. oculata*), die Wachstumshormone von Fischen exprimieren, an Salzkrebse (*Artemia* sp.). Diese werden wiederum in Aquakulturanlagen an Fischlarven (z. B. *Tilapia*) verfüttert, um erhöhte Gewichtszuwächse zu erzielen (Chen et al. 2008).

In Australien wurden bereits gentechnisch veränderte Mikroalgen für die limitierte und kontrollierte Freisetzung in die Umwelt zugelassen (OGTR 2020). Ein Gen zur Erhöhung bestimmter Fettsäuren (Thioesterase Gen) wurde in die marinen Algenart *Nannochloropsis oceanica* eingefügt. Das Gen stammt aus einem anderen Strang der gleichen Algenart. Die Algen sollen in abgedeckten Anlagen auf ihr Verhalten unter Umweltbedingungen getestet werden (OGTR 2020). Die Versuche sollen bis 2023 laufen.

In den USA wurde 2013 ein Freisetzungsversuch mit gentechnisch veränderten Mikroalgen (*Scenedesmus dimorphus*) von der zuständigen Behörde EPA genehmigt (US EPA 2013). Ziel der Freisetzung war es, u. a. die mögliche Verbreitung und die ökologischen Auswirkungen von GV-Algen, die in offenen Anlagen kultiviert werden, zu untersuchen. Die gentechnische Veränderung betraf eine erhöhte Fettsäureproduktion, sowie die Expression fluoreszierender Markergene zur Detektion. Die Mikroalgen wurden in kleinen Behältnissen mit einem Volumen von ca. 600-800 Litern („mini ponds“) kultiviert. Mittels Fallen wurde die Verbreitung der Algen über die Luft in unterschiedlichen Abständen zu den Anlagen, sowie die Entwicklung der GV-Algen in natürlichen Gewässern (US EPA 2013) untersucht. Die Verbreitung der GV-Algen in natürlichen Habitaten konnte nachgewiesen werden, nahm jedoch mit der Distanz zur Anlage ab. Zudem wurden keine Effekte auf die Biodiversität, Artenzusammensetzung und Biomasse der Algengemeinschaft in den Gewässern der Umgebung festgestellt (Szyjka et al. 2017).

In Europa wurden GV-Mikroalgen in relativ kleinem Maßstab (ca. 1.000 l) in Versuchsanlagen im Rahmen eines Forschungsprojektes in Großbritannien kultiviert. Genetisch veränderte Stämme von Diatomeen exprimierten ein Enzym für die Akkumulation hochwertiger Ome-ga-3-Fettsäuren (Hamilton et al. 2015).

### 3.2.4.3 Genom-Editierung

Bei Mikroalgen wurde bereits eine Reihe von Mutagenesetechniken angewandt, wie beispielsweise ZFN, TALEN und das CRISPR/Cas System. Übersichten über Genom-Editierung fotosynthetischer Mikroalgen finden sich in Jeon et al. (2017), Naduthodi et al. (2018) und Patel et al. (2019). In diesem Bericht wird der Fokus auf CRISPR/Cas Anwendungen gelegt. Eine Übersicht über die technischen Schwierigkeiten bei der Anwendung des CRISPR/Cas-Systems bei Mikroalgen (z. B. Zufallsintegration, NHEJ, Stilllegung von Genen, geringe Transformationseffizienz, Toxizität von Cas9 etc.) geben Doron et al. (2016) sowie Jeon et al. (2017).

So wurde z. B. bei der Gattung *Nannochloropsis* das CRISPR/Cas System zur Genom-Editierung verwendet, um mittels Knockout des Nitratreduktase-Enzyms Nitrat als Stickstoffquelle für die Algen zu unterbinden (Poliner et al. 2018a, b, Wang et al. 2016). Das CRISPR/Cas System wurde von einem Episom exprimiert, somit wurden markerfreie, genom-editierte Stämme hergestellt (Poliner et al. 2018b). Sowohl Deletionen als auch Insertionen führten zu „frame-shifts“ in der Zielregion und damit zu dem gewünschten Ergebnis. Ajjawi et al. (2017) veränderten die Expression eines Fettsäuren-Regulators (ZnCys) in *N. gaditana* über einen kombinierten CRISPR/Cas9-RNAi Mechanismus und Stickstoff-limitierten Bedingungen. Die Abschwächung der Expression des Transkriptionsfaktors ZnCys führte zu einer erhöhten Produktivität von Triglyceriden (Triacyl-Glycerol: TAG) bei gleichzeitig hoher Biomasseproduktivität.

Jiang et al. (2014) zeigten erstmals bei *Chlamydomonas reinhardtii* die Anwendung des CRISPR/Cas Systems für Genom-Editierung in Mikroalgen. Später wurden mittels CRISPR/Cas in *Ch. reinhardtii* zwei Gen-Knockouts erzielt, um eine der kontinuierliche Zeaxanthin-Produktion, sowie eine verbesserte fotosynthetische Produktivität zu erzeugen (Baek et al. 2016). Dazu wurden spezifische Veränderungen des Zeaxanthin Epoxidase-Gens (ZEP) durchgeführt, die zu einer mehr als 10fachen Anreicherung dieses Xanthophylls in *Ch. reinhardtii* führte. Zudem wurde ein Gen des Fotosystems verändert (CpFTSY Gen; Baek et al. 2016). Bei beiden Genen wurden Knockouts durchgeführt, und Insertionen bzw. Deletionen festgestellt. Auch bei dieser Arbeit wurde RNP (Ribonucleoprotein)-Komplexe verwendet, um genom-editierte, transgen-freie Stämme zu erhalten. Die doppelten Knockout-Mutanten zeigten eine erhöhte Fotosyntheserate und Lichtnutzungseffizienz unter starken Lichtbedingungen, sowie ein verbessertes Wachstum.

### 3.2.4.4 Mögliche Umweltwirkungen

Die regulativen Vorgaben der Europäischen Union zu gentechnisch veränderten Mikroorganismen (und somit auch für genom-editierte Mikroorganismen) unterscheiden klar zwischen der Anwendung von Mikroorganismen (inklusive Mikroalgen) im geschlossenen System („contained use“) und der beabsichtigten Freisetzung von GVO in die Umwelt (Richtlinie 2009/41/EG bzw. Richtlinie 2001/18/EG). Die Unterscheidung bezieht sich in erster Linie auf das Vorhandensein spezifischer Eindämmungsmaßnahmen, um einen Kontakt mit der Bevölkerung und der Umwelt zu vermeiden (Wijffels 2015). Das Leitliniendokument der EFSA zu gentechnisch veränderten Mikroorganismen bezieht sich speziell auf gentechnisch veränderte Mikroorganismen und ihre Produkte für die Verwendung als Lebens- bzw. Futtermittel (EFSA 2011a). Die Umweltrisikobewertung folgt dabei den Anforderungen der Richtlinie

2001/18/EG. Für die Verwendung von Mikroalgen als Lebens- oder Futtermittel sind somit nur Umwelten berücksichtigt, in denen sie aufgrund ihrer spezifischen Verwendung zu erwarten sind (z. B. Dünger, Abwasser). Die Kultivierung von Mikroalgen, bei der eine Umweltexposition stattfindet, z. B. in offenen Anlagen, aber auch beispielsweise zur Immunisierung von Fischen in offenen Aquakulturanlagen, sind jedoch als Umwelthanwendung einzustufen (Doron et al. 2016).

Eine umfassende Diskussion von Umweltwirkungen von GV-Mikroorganismen erfolgte im Rahmen der Umweltrisikobewertung der Australischen Behörde OGTR für die kontrollierte Freisetzung von GV-Mikroalgen mit verändertem Fettsäureprofil (OGTR 2020). Henley et al. (2013) schlagen eine Problemformulierung für die Risikobewertung von GV-Mikroalgen für die Biotreibstoffherstellung vor. Beacham et al. (2017) diskutieren wesentliche Aspekte für die Umweltrisikobewertung für industriell relevante GV-Mikroalgen. Eine Analyse möglicher Umweltwirkungen von GE-Mikroalgen orientiert sich daher an Beacham et al. (2017), Henley et al. (2013), GTR (2020) und Wijffels (2015).

Mögliche Umweltwirkungen von GE-Mikroalgen umfassen:

- Verbreitung und Etablierung in natürlichen Gewässern;
- Transfer von genetischem Material auf andere Organismen;
- Negative Auswirkungen auf die Biodiversität.

Im Folgenden soll auf die einzelnen Umweltwirkungen im Detail eingegangen werden.

### **Verbreitung und Etablierung in natürlichen Gewässern**

Da Mikroalgen in geschlossenen oder offenen Behältnissen (Anlagen) gezüchtet werden, ist die Verbreitung und Etablierung in natürliche Gewässer die Voraussetzung für weitere Umweltwirkungen. Dies wurde in den Umweltrisikobewertungen von GV-Algen in den USA und Australien berücksichtigt (siehe OGTR 2020 und US EPA 2013) und trifft demnach auch auf GE-Algen zu. Dabei ist zu beachten, dass prinzipiell die Kultivierung nicht heimischer Algen-arten in offenen Anlagen Invasionsrisiken durch die jeweilige Art, auch unabhängig vom veränderten Merkmal oder Technik, nach sich ziehen kann.

Die wahrscheinlichste Verbreitung findet über die Luft statt, da die Zellen der Mikroalgen eine sehr geringe Größe aufweisen (ca. 2-5  $\mu\text{m}$  bei *Nannochloropsis*). Durch Aufwirbelung in offenen Becken und Anlagen bzw. Aerosolbildung, sowie über extreme Wetterereignisse können Algenzellen über die Luft verbreitet werden und neue Populationen in natürlichen Habitaten aufbauen. So wurde über Modellierungen gezeigt, dass die Verbreitung von Mikroorganismen (kleiner als 9  $\mu\text{m}$ ) über die Luft über einige Tage und große Distanzen erfolgen kann (Wilkinson et al. 2012). Dies ist jedoch auch in Abhängigkeit von der Lufttemperatur und der Anfälligkeit für Austrocknung des jeweiligen Organismus zu sehen. Szyjka et al. (2017) zeigten experimentell, dass die Verbreitung über die Luft von GV-Algen über mindestens 50 m von einer offenen Anlage möglich ist. Neben der Verbreitung über die Luft ist auch eine unbeabsichtigte Verbreitung durch menschliche Aktivitäten (z. B. Anheftung an Kleidung, Schuhe), oder Tiere (z. B. Vögel, Insekten, Nagetiere) möglich.

Die Etablierung von Mikroalgen ist abhängig vom natürlichen Habitat der jeweiligen Algenart. So ist z. B. unklar, ob *N. oceanica* als marine Art auch in Regenwasser oder Süßwasser überleben kann. Hingegen wurde nachgewiesen, dass GV-Süßwasser-Mikroalgen auch in natürlichen Süßwasserhabitaten überlebensfähig sind (Szyjka et al. 2017). Inwiefern dies auch für GE-

Mikroalgen gilt, ist von dem veränderten GE-Merkmal und von der Fähigkeit der Algen, eine Population in natürlichen Gewässern aufzubauen, abhängig. Zudem ist auch die Möglichkeit einer Dormanz von Algenzellen unter ungeeigneten Bedingungen (z. B. Trockenheit) möglich. Dadurch ist eine Persistenz von Algen mehr oder weniger zeitlich unbegrenzt möglich.

### **Transfer von genetischem Material auf andere Organismen**

Vertikaler Gentransfer spielt bei Algenarten eine Rolle, die einen sexuellen Reproduktionszyklus aufweisen, und sofern Wildtyp-Algen der gleichen Art in der Umwelt vorhanden sind. Viele Arten von Mikroalgen reproduzieren asexuell, können jedoch – je nach Umweltbedingungen - auch auf einen sexuellen Reproduktionsmodus umstellen. So reproduziert die Algenart *N. oceanica* nur asexuell, deshalb wurde diese Art von Gentransfer in der Risikobewertung der Australischen Behörde nicht weiter berücksichtigt.

Die prinzipielle Möglichkeit eines horizontalen Gentransfers der neuen oder veränderten Eigenschaft auf Wildtyp-Algen, Bakterien oder Viren wurde in Risikobewertungen von GV-Mikroalgen berücksichtigt, auch wenn es derzeit keine Evidenz für horizontalen Gentransfer von z. B. *Nannochloropsis* zu anderen Organismen gibt (OGTR 2019).

### **Mögliche negative Auswirkungen auf Biodiversität**

Algen bilden die Basis aquatischer Ökosysteme. Mögliche Auswirkungen auf die Biodiversität können eine Veränderung der Zusammensetzung von biotischen Gesellschaften in aquatischen Habitaten und deren Nahrungsnetze, die Verdrängung einheimischer Phytoplanktonarten bis hin zu lokalen Ausrottungen sein. Auch gefährliche Algenblüten mit Auswirkungen auf höhere Organismen sowie auf Ökosystemleistungen (z. B. Fischerei) sind denkbar. Dies hängt vor allem davon ab, ob die Fitness der GE-Algenart verändert ist und diese die in situ Biomasse der Algengesellschaft unter natürlichen Bedingungen dominiert.

Die jeweiligen Umweltwirkungen hängen zudem von dem jeweiligen veränderten Merkmal ab, wie beispielsweise:

- Physiologische Veränderungen zur Produktion neuartiger Inhaltsstoffe (z. B. pharmazeutischer Proteine, Antigene, Fettsäuren etc.);
- die Veränderung von Genen, die in die Toxinproduktion bzw. Pathogenität der Algen involviert sind;
- die Veränderung von Genen, die die Biomasseproduktionskapazitäten der Algen verändern;
- die Veränderungen der fotosynthetischen Effizienz von Mikroalgen;
- die Veränderung von Genen, die Produktionsverluste minimieren (z. B. Pathogenresistenz);
- Die Verwendung bestimmter Markergene oder Selektionsgene (Antibiotika-, Herbizid- oder Fungizidresistenzen, biochemische Marker).

### **Beispiel 1**

Für die Ansätze mittels Genom-Editierung ist die erhöhte Produktivität bestimmter Fette oder Fettsäuren wie z. B. Triglyceriden (z. B. TAG) bei gleichzeitig hoher Biomasseproduktivität für die Biotreibstoffherstellung ein wesentliches Ziel (siehe oben, Ajjawi et al. 2017).

Bei veränderter Fettsäureproduktion ist eine mögliche Toxizität der Inhaltsstoffe für andere Organismen bzw. eine reduzierte Nahrungsqualität für die biotische Umwelt zu berücksichtigen. Aufgrund der veränderten biochemischen Zusammensetzung der Algen sind auch Nahrungsketteneffekte relevant.

Fettsäuren sind für die strukturelle Integrität von Zellmembranen und die Membranstabilität in Mikroalgen wesentlich (Lin & Lee 2017 in OGTR 2020). Eine Veränderung kann daher zu Fitnessunterschieden bzw. Wachstumsunterschieden zwischen GE und Wildtyp Mikroalgen führen. Darüber hinaus werden Fettsäuren auch von Mikroalgen in die Umwelt abgegeben, z. T. in Antwort auf Umweltstress oder bei Zellschädigung und Zelllyse nach Algenblüten. Manche Fettsäuren verfügen auch über antimikrobielle Eigenschaften und werden als Schutzmechanismus eingesetzt. Die spezifische Wirkung ist jedoch von der jeweiligen Fettsäure abhängig (siehe OGTR 2020).

Zudem ist zu beachten, dass veränderte Fettsäurezusammensetzung in Mikroalgen eine suboptimale Nahrungsquelle für Prädatoren oder Pathogene darstellen kann. Mikroalgen bilden die Basis der aquatischen Nahrungskette und haben großen Einfluss auf die Populationen von Zooplankton (sog. Grazers). Das C:N bzw. C:P Verhältnis, sowie langkettige, vielfach ungesättigte Fettsäuren sind wesentlich für den Nährwert von Mikroalgen für Copepoden (Wichard et al. 2007 in OGTR 2020). Die spezielle Zusammensetzung von Fetten ist für frühe Larvalstadien von Muscheln relevant (Beacham et al. 2017).

Etwaige Verschiebungen der Fettsäurezusammensetzung oder die vermehrte Produktion toxischer Inhaltsstoffe können daher zu einer verringerten Prädationsrate und somit einer erhöhten Konkurrenzfähigkeit der Algen in natürlichen aquatischen Habitaten führen. Dies kann wiederum – je nach Algenart – Algenblüten nach sich ziehen, die Auswirkungen auf das gesamte aquatische Ökosystem haben. Dieses Risiko ist je nach kultivierter Algenart zu bewerten, vor allem wenn Arten genom-editiert werden, die als Produzenten gefährlicher Algenblüten (z. B. toxinproduzierende Algen bzw. „high biomass producers“) gelten.

## **Beispiel 2**

Eine weitere mögliche Anwendung von GE-Mikroalgen sind Veränderungen des Chlorophyll-Biosyntheseweges bzw. des Fotosystems von Mikroalgen unter bestimmten Lichtbedingungen (siehe oben, Baek et al. 2016). Durch die gezeigten phänotypischen Effekte (erhöhte Fotosyntheserate und Lichtnutzungseffizienz) können die GE-Mikroalgen höhere Zelldichten und Biomassen erreichen, vor allem unter Starklichtverhältnissen. In natürlichen Gewässern, wo eine Mischung aus Wildtyp-Algen und GE-Algen vorhanden ist, ist ein kompetitiver Vorteil der GE-Mikroalgen aufgrund höherer Wachstumsraten und Biomasseproduktivität somit möglich. Die Fähigkeit, um Licht zu konkurrieren, ist ein wichtiger Fitnessaspekt in Algengesellschaften (Henley et al. 2013), der durch Veränderungen des fotosynthetischen Systems wesentlich beeinflusst werden kann. Zudem ist es möglich, dass die GE-Mikroalgen andere Umweltischen als ursprünglich besetzen, z. B. tiefere Schichten der Wassersäule und somit neue Konkurrenzbedingungen schaffen.

### **3.2.4.5 Mögliche Expositionspfade und Wirkräume**

GE-Mikroalgen können an unterschiedlichen Stellen der Produktionskette in die Umwelt gelangen. Folgende Herstellungsschritte bei der Produktion von Mikroalgen sind für eine beabsichtigte oder unbeabsichtigte Ausbringung in die Umwelt von Bedeutung:

- Kultivierung;
- Ernte und Verarbeitung;
- Abfallentsorgung;
- Verwendung des Endprodukts.

Beacham et al. (2017) beschreiben ein Entscheidungssystem für die Risikobewertung von GV-Algen, das den gesamten Produktionszyklus bei der industriellen Nutzung von GV-Algen berücksichtigt. Dabei werden nicht nur das jeweilige Taxon und seine biologischen Spezifitäten, sondern auch die Kulturbedingungen, die Verarbeitung, die Abfallentsorgung und die Endprodukte berücksichtigt.

Bei der Kultivierung von Mikroalgen können unterschiedliche Produktionssysteme unterschieden werden:

- Natürliche Standorte;
- Offene Teiche oder Becken (z. B. Kanäle „raceway ponds“, Teiche oder Anlagen der Aquakultur, outdoor);
- Geschlossene Fotobioreaktoren (indoor oder outdoor).

### **Beabsichtigte Ausbringung in die Umwelt**

Die ersten zwei Produktionsformen entsprechen einer absichtlichen Freisetzung in die Umwelt, da Kontakt mit der Umwelt stattfinden kann. Davon kann die Kultivierung von Mikroalgen in geschlossenen Anlagen abgegrenzt werden. Bei letzterer erfolgt eine Umweltexposition ausschließlich unbeabsichtigt. Das tatsächliche Expositionsrisiko ist jedoch von den jeweiligen Genehmigungsaufgaben (z. B. Eindämmungsmaßnahmen, Produktionsauflagen) abhängig. So können z. B. lichtdurchlässige Abdeckungen bei der Produktion in offenen Anlagen vorgeschrieben werden (OGTR 2020). Eindämmungsmaßnahmen sind allerdings für offene Systeme nicht kosteneffizient. Es kann davon ausgegangen werden, dass die hoch-volumige Produktion von Algenbiomasse, z. B. für Aquakultur, Biotreibstoffe oder chemische Stoffe kosteneffizient nur in offenen Anlagen erfolgen kann (Beacham et al. 2017).

Eine uneingeschränkte Verbreitung von Mikroalgen in die Umwelt und natürliche Habitats ist in offenen Anlagen unvermeidbar, wenn auch nicht gewünscht. Diese kann über die Luft und Windverwehungen (Aerosole), Verschüttung oder Überflutungen bzw. verschiedene Vektoren (Insekten, Tiere, Mensch) stattfinden. Vor allem die Aerosolbildung erfolgt aufgrund der notwendigen Durchmischung der Algensuspensionen während der Kultivierung.

### **Unbeabsichtigte Ausbringung in die Umwelt**

Eine unbeabsichtigte Ausbringung von Mikroalgen in die Umwelt kann bei nicht funktionierenden Eindämmungsmaßnahmen, Lecks aus Fotobioreaktoren oder Verschüttungen bei offenen Anlagen, sowie Verlusten während unterschiedlicher Produktionsschritte (z. B. Kultivierung oder Transport, Verarbeitung, Entsorgung) erfolgen. So kann beispielsweise bei der Ernte der Algenbiomasse eine Entwässerung durchgeführt werden, wobei die Wasserentsorgung einen möglichen Austritt von Mikroalgen in die Umwelt ermöglichen kann. Auch der Transport von Algensuspensionen bzw. getrockneter Algen kann ein Verbreitungsrisiko darstellen, wenn diese weiterhin lebensfähig sind. Neben Unfällen sind auch Naturkatastrophen (Überschwemmung, Starkregenereignisse) bzw. Sabotageakte relevant.

### 3.2.4.6 Schlussfolgerungen für das Monitoring

Die kommerzielle Nutzung von Mikroalgen steht in Europa derzeit noch am Anfang. Auch Anwendungen von GV-Mikroalgen sind weltweit noch nicht in kommerziellem Umfang verfügbar. Derzeit wird zwar an der Genom-Editierung von Mikroalgen geforscht, jedoch ist noch keine Anwendung mit GE-Mikroalgen absehbar.

Derzeit besteht in Europa keine Erfahrung mit der Risikobewertung und dem Monitoring von GV-Mikroalgen. Hier kann höchstens auf die wenigen Erfahrungen anderer Länder (Australien, USA) zurückgegriffen werden. Dies erschwert auch die Abschätzung von Risiken von GE-Mikroalgen. Die Genom-Editierung von Mikroalgen zielt derzeit auf eine Reihe kommerziell nutzbarer Merkmale ab. Insbesondere die Fähigkeit der Herstellung industriell relevanter Produkte, wie z. B. Biotreibstoffkomponenten, lässt zukünftige Anwendungen von GE-Mikroalgen auch in Europa erwarten. Dabei ist ein Trend zu einer offenen Produktionsform aufgrund der zu produzierenden Mengen und Kosteneffizienz gegeben.

Die spezifischen Umweltrisiken bei der Kultivierung von GE-Mikroalgen hängen insbesondere von der Biologie der jeweiligen Art, dem GE-Merkmal, sowie der Produktionsform ab. Aufgrund ihrer Morphologie und Biologie ist die Ausbreitung von Mikroalgen in die Umwelt bei der Kultivierung in offenen Anlagen unvermeidbar. Spezifische Auflagen zur Verhinderung der Ausbreitung müssen im Rahmen der Zulassung festgelegt werden. Die jeweiligen Wirkräume sind daher von diesen Auflagen bzw. den jeweiligen Produktionsstandorten abhängig.

Algengesellschaften in natürlichen Gewässern sind komplex und unterliegen einer hohen Dynamik. Dies erschwert insbesondere die Vorhersage und Abschätzung des Umweltverhaltens von GE-Mikroalgen im Falle einer Verbreitung und Etablierung in der Umwelt. Eine Basiserhebung des Ausgangszustandes vor Ausbringung von GE-Mikroalgen in möglichen Wirkräumen ist daher unbedingt notwendig. Dabei ist ein kontinuierliches Monitoring von Schlüsselarten (sogenannte „keynote species“), die die Diversität und Ökosystemfunktionen in natürlichen Gewässern repräsentieren, vonnöten. Die Vermeidung negativer Umweltwirkungen auf spezifische Schutzziele in natürlichen Gewässern inklusive relevanter Ökosystemleistungen (z. B. Reinigungsleistung, Versorgungsleistung) ist zudem vorrangig. Die ökologische Bedeutung von Mikroalgen als Basis der Nahrungsnetze in Gewässern rechtfertigt ein rigoroses Monitoring der Verbreitung bei der Kultivierung von GE-Mikroalgen, sowie eine Überwachung möglicher Umweltwirkungen in naturnahen und natürlichen Gewässern.

## 3.2.5 Gentechnisch verändertes Citrus Tristeza Virus

### 3.2.5.1 Viren und ihre Bedeutung in der Biotechnologie

Viren haben eine vielfältige Bedeutung für die Biotechnologie, die folgende Darstellung gibt einen knappen Überblick über die wichtigsten Anwendungsgebiete. Im Hinblick auf das zur detaillierteren Darstellung der Wirkmechanismen ausgewählte Beispiel fokussiert die Diskussion auf Pflanzenviren. Diese werden ebenfalls schon lange für verschiedene Anwendungen in der Pflanzenbiotechnologie eingesetzt.

Pflanzenviren dienten anfänglich als Quelle von Genelementen, die für die gentechnische Zusammenstellung von rekombinanten Expressionskassetten verwendet wurden. Ein Beispiel hierfür ist der 35S-Promoter aus dem Blumenkohlmosaikvirus, der in vielen Fällen zur starken Expression von Transgenen in GV-Pflanzen verwendet wird, da er als einer der stärksten bekannten Promoter für die Expression von Genen in Pflanzen gilt und außerdem in fast allen

Pflanzengewebe eine konstitutive Expression bewirkt (Hull 1986). Aufgrund seiner Eigenschaften wird er in der Herstellung von GV-Pflanzen so häufig verwendet, dass er in der Arbeit von Kontrolllaboratorien für GV-Pflanzen als Screening-Element für die Detektion des Vorkommens vieler verschiedener GV-Pflanzen eingesetzt werden kann (JRC 2015).

Des Weiteren dienen Pflanzenviren als Hilfsmittel (Vektoren), um rekombinante DNA in Pflanzen einzuschleusen, in den Pflanzengewebe zu verbreiten und in die einzelnen Pflanzenzellen zu transferieren (Abrahamian et al. 2020). Abhängig von der Art des verwendeten viralen Vektors können so verschieden große, transgene Inserts eingeschleust werden. In den transformierten Pflanzenzellen können solche Vektoren benutzt werden, um gewünschte Genkonstrukte zu exprimieren, z. B. zur Produktion von transgenen Proteinen (virus-aided gene expression), zur Verminderung bzw. der Blockierung der Expression endogener Pflanzengene (virus-induced gene silencing), zur Expression von Faktoren, welche die epigenetische Regulation der Expression von Pflanzengenen steuern (RNA-directed DNA methylation), zum Einbringen von Konstrukten für die gentechnische Modifikation des Pflanzengenoms (Transgenese), bzw. nicht zuletzt zur Expression der für die Genom-Editierung nötigen molekularen Komponenten (sequenzspezifische Nukleasen, guideRNAs für CRISPR-Cas-Anwendungen, eventuell auch Reparaturtemplates, Ellison et al. 2020).

Virale Vektoren spielen sowohl in der klassischen Pflanzengentechnik als auch für die sogenannten neuen biotechnologischen Techniken eine wesentliche Rolle (Eckerstorfer et al. 2020). Die Expression der mit dem viralen Vektor eingebrachten Transgene kann entweder transient (vorübergehend) erfolgen, oder langfristig aufrechterhalten werden, wenn die verwendeten Virusvektoren die Kapazität zur replikativen Vermehrung in den befallenen Zellen besitzen. Abhängig vom Typ des Pflanzenvirus kann die Expression lokal begrenzt sein bzw. auf bestimmte Pflanzengewebe beschränkt, oder nach systemischer Verbreitung des viralen Vektors in der Pflanze alle Pflanzenteile und -zellen umfassen. Analog werden tierische und menschliche Viren in der biotechnologischen Forschung und zur Erzeugung von GV-Tieren verwendet bzw. zur transienten Expression von Transgenen in tierischen oder menschlichen Zellen.

Eine weitere Anwendung von Viren, insbesondere in Tieren und beim Menschen, ist die Verwendung als Impfstoffe. Manche viralen Impfstoffe können die Fähigkeit haben vermehrungskompetent und übertragbar zu sein (Bull et al. 2018). In einem solchen Fall spricht man von „transmissible vaccines“, und die Weiterverbreitung nach der Anwendung kann schwer kontrollierbar oder einschätzbar sein (Nuismer & Bull 2020). Im Gegensatz zu nicht-übertragbaren, viralen Vakzinen gibt es für übertragbare Impfviren keine aktuellen Anwendungsbeispiele in der EU. Ein früher hergestellter übertragbarer Impfstoff auf Basis des Myxomatose-Virus gegen Myxomatose und die hämorrhagische Kaninchenkrankheit für das europäische Wildkaninchen (*Oryctolagus cuniculus*) wurde nach ersten, sehr begrenzten Freilandtests nicht mehr weiterentwickelt (Torres et al. 2001).

Eine letzte Kategorie sind Anwendungen, bei denen die Viruserbsubstanz durch Genom-Editierung gezielt verändert wird. Ansätze für solche Anwendungen sind erst in einem sehr frühen Entwicklungsstadium und wurden überdies in der Literatur sehr kritisch kommentiert (Reeves et al. 2018, Simon et al. 2018).

### 3.2.5.2 Die Grünfleckenkrankheit in Zitrusfrüchten

Aus den oben genannten Gründen soll das folgende Beispiel weiter betrachtet werden: Die Anwendung eines GV-Pflanzenvirus (Citrus Tristeza Virus, CTV-SoD) zur Bekämpfung der Grünfleckenkrankheit, eines bakteriellen Pathogens, das Zitrusbäume befällt und großen Schaden in der kommerziellen Orangen- und Zitrusfrucht-Produktion hervorrufen kann (Ledford 2017). Es existieren derzeit keine Ansätze mittels Genom-Editierung, die mit dem unten beschriebenen Fallbeispiel CTV-SoD vergleichbar wären.

Bei diesem Fallbeispiel sind verschiedene Elemente und deren biologische Charakteristika zu betrachten: 1) das bakterielle Pathogen, 2) die befallene Kulturpflanze(n), 3) die Insekten, die zur Verbreitung des Pathogens beitragen, 4) das für die Bekämpfung des Pathogens modifizierte Pflanzenvirus, sowie 5) die tierischen Vektoren, die das zur Modifikation benutzte Pflanzenvirus verbreiten können. Einzelne Elemente sollen im Folgenden kurz charakterisiert werden.

#### **Das bakterielle Pathogen *Liberibacter* spp. und die Grünfleckenkrankheit in Zitrusfrucht-Gewächsen („Citrus Greening Disease“ oder „Huanglongbing“):**

Das aus Asien stammende Bakterium *Candidatus Liberibacter* spp., auch *Liberibacter* spp. genannt, infiziert Zitrusgewächse, z. B. Orangenbaumkulturen. Es vermehrt sich im Phloem, den Nährstoffleitbahnen der befallenen Bäume. Im Zuge des Befalls verstopfen die pathogenen Bakterien das Phloem der Pflanze, wodurch der Nährstofftransport eingeschränkt und schließlich gänzlich blockiert wird. Die dadurch hervorgerufene Krankheit wird als Citrus Greening Disease (Grünfleckenkrankheit) bzw. in den asiatischen Herkunftsgebieten als Huanglongbing (HLB) bezeichnet (Da Graça et al. 2016). Der verminderte Nährstofftransport führt zur Reduktion der Faserwurzeln und zur Schädigung des Wurzelsystems, sowie in Folge zur Schädigung der Blätter und Früchte, die klein und unregelmäßig geformt bleiben, gelbgefleckt sind und einen bitteren Geschmack aufweisen. Sie sind in diesem Zustand für den Verkauf oder die Saftproduktion nicht mehr geeignet. Innerhalb von drei bis fünf Jahren nach Infektion sterben die befallenen Bäume ab und müssen durch Neupflanzung ersetzt werden. Außer der sofortigen Entfernung befallener Bäume gibt es so gut wie keine einfach anwendbaren und wirksamen Bekämpfungsmöglichkeiten für die Krankheit (Blaustein et al. 2018). Antibiotika sind zwar wirksam gegen den HLB Erreger, aber eine großflächige Anwendung von Antibiotika ist in der kommerziellen Landwirtschaft nicht effizient möglich und aus medizinisch präventiven Gründen auch nicht sinnvoll.

Huanglongbing wurde in den 1930er Jahren in Asien entdeckt und ist z. B. in China und Indien verbreitet. Von dort ausgehend wurde es später über weite Teile Südostasiens sowie den mittleren Osten verbreitet. Die asiatische Variante, sowie der zugehörige Insektenvektor, ein asiatischer Blattfloh, wurden in den 2000er Jahren auch in Nord-, Mittel- und Südamerika eingeschleppt. Die Krankheit verursacht seit 2005 rasch anwachsende Schäden in der kommerziellen Orangen- und Zitrusfrucht-Produktion in den USA, z. B. in Florida, wo es seit 2005 auftritt, sowie in Brasilien. In Südamerika kommt HLB seit 2004 vor. In Afrika existiert eine von Südafrika ausgehende afrikanische Variante (*Liberibacter africanus*), die seit den 1970er Jahren auch in Ostafrika und Madagaskar auftritt.

In kommerziellen Orangenkulturen in Europa und Australien sind noch keine derart massiven Schäden wie in Florida aufgetreten, aber aufgrund des globalisierten Handels besteht auch dort die Gefahr einer großflächigen Verbreitung.

## Auswirkungen der Grünfleckenkrankheit auf Zitrusfrucht-Kulturen

Die Krankheit verbreitet sich rasch in kommerziellen Kulturen, vor allem von Orangenbäumen aber auch anderen Zitrusfrüchten und verursacht erhebliche ökonomische Schäden (Alvarez et al. 2016). Eine Darstellung der Auswirkungen der Grünfleckenkrankheit in US-amerikanischen Orangen-Anbaugebieten findet sich auf der Webseite von Citrus Greening Solutions – einem Projekt mehrerer US Forschungseinrichtungen, koordiniert vom US-amerikanischen Landwirtschaftsministerium, der USDA (Flores et al. 2017). Wie anhand der für Florida beschriebenen Situation ersichtlich wird, können in kurzer Zeit ganze Anbauregionen befallen und vernichtet werden. In Florida sind inzwischen mehr als 80 Prozent der Orangenbäume befallen; die Erträge in dem Bundesstaat, in dem über 60 % der Zitrusfruchtproduktion in den USA erzielt wird, sind auf eine dramatische Weise gesunken (um 70 % in 2016). Seit dem Beginn der HLB Epidemie 2005 in Florida sind zudem die Produktionskosten aufgrund der notwendigen Bekämpfungs-, Pflege- und Nachpflanzungsmaßnahmen erheblich gestiegen.

Es wurden bislang noch keine Orangenbäume gefunden, die eine natürliche Resistenz gegenüber *Liberibacter asiaticus* zeigen (USDA-APHIS 2020). Es werden aber weiterhin Anstrengungen unternommen, um Zitrusgewächse zu finden, die resistent oder tolerant gegenüber dem Pathogen sind (Ramadugu et al. 2016). Auch wird bei Zitronengewächsen die klassische Kreuzungszucht nur eingeschränkt verwendet, es wird in der kommerziellen Plantagenwirtschaft hauptsächlich mit einer beschränkten Zahl von genetisch einheitlichen Kultivaren gearbeitet. Es ist an sich für den kommerziellen Anbau ein Vorteil, wenn mit genetisch identischen Bäumchen gearbeitet werden kann, auf die dann Edelreiser der gewünschten Sorten aufgepfropft werden. Allerdings ist eine rasche Züchtung resistenter Orangenbäume durch klassische Züchtungsmethoden aber dadurch erschwert. In Florida werden hauptsächlich süße Saftorangen produziert, die benutzten Unterlagsgehölze sind größtenteils sehr empfindlich gegenüber *Liberibacter asiaticus* (Flores et al. 2017). Das sofortige Entfernen befallener Bäume wird als die beste verfügbare Methode zur Eindämmung der Krankheit angesehen. Eine solche Vorgangsweise vergrößert aber den ökonomischen Schaden für die Produzenten und lässt den Bedarf an gesunden Jungbäumen für Nachpflanzungen stark ansteigen.

### Der Insektenvektor

Der Erreger der HLB Krankheit *Liberibacter asiaticus* wird von Blattflöhen (*Diaphorina citri*) übertragen; *Liberibacter africanus* von einem in Afrika heimischen Insekt (*Trioza erytrae*). Seit der Entdeckung, dass Blattflöhe der wesentliche Vektor für HLB sind, werden diese Insekten und ihre Beziehung zum Pathogen intensiv untersucht. Mittlerweile ist auch das Genom des Blattflohs entschlüsselt, was die Untersuchung der Interaktion des Vektors mit dem Erreger erleichtert (Saha et al. 2017). Blattflöhe vermehren sich rasch und sind flugfähig. Sie können sich nach der Einschleppung in neue Gebiete bzw. Plantagen daher rasch ausbreiten. Mit dem HLB Erreger infizierte Blattflöhe zeigen eine erhöhte Fitness und Fruchtbarkeit, insbesondere wenn auch die Wirtspflanze mit dem HLB-Erreger infiziert ist (Ren et al. 2016). Die bei dieser Pathogen-Vektor Assoziation auftretenden beidseitigen Anpassungseffekte erhöhen die Ausbreitungsfähigkeit des Erregers in Orangenkulturen (Pelz-Stelinski & Killiny 2016).

Der Einsatz von Insektiziden gegen den Insektenvektor ist die am häufigsten angewandte Methode, um die Verbreitung der Blattflöhe und damit der HLB Krankheit zu bekämpfen. Die Plantagen müssen ständig überwacht und acht bis zwölfmal im Jahr behandelt werden (USDA-APHIS 2020), was die Entwicklung von Resistenzen in Blattflöhen gegen die eingesetzten Insektizide fördert. Jungbäume werden zum Schutz vor Kontakt mit Vektorinsekten nur noch

im Gewächshaus großgezogen, dort kann HLB mittels Antibiotika und anderer Chemotherapeutika bekämpft werden (Yang et al. 2016).

### **Das zur Konstruktion des HLB-präventiven Virus benutzte Pflanzenvirus (Citrus Tristeza Virus CTV)**

Citrus Tristeza ist ein RNA-Pflanzenvirus (aus der Gattung der Closteroviren), das verschiedene Zitrusgewächse befallen kann. Das Virus ist mit dem Phloem der Wirtspflanze assoziiert und vermehrt sich im Zellplasma von Zellen des Phloemparenchyms (EFSA 2017). In der EU kommen endemische CTV-Stämme in den meisten Anbauregionen für Zitrusgewächse vor, auch die Anwesenheit von nicht-EU CTV-Stämmen ist bestätigt (EFSA 2017). Zwischen den verschiedenen Stämmen besteht zwar kein grundlegender Unterschied bezüglich ihrer Biologie, allerdings gibt es Unterschiede zwischen verschiedenen Virusstämmen hinsichtlich der von ihnen ausgelösten Krankheitssymptome und der Übertragbarkeit durch Insektenvektoren. CTV kann in der Natur als Wirtspflanzen verschiedene Arten der Gattungen *Citrus*, *Poncirus* und *Fortunella* infizieren (EFSA 2017).

CTV-Stämme können in Zitrusgewächsen erhebliche Schäden anrichten, wie Wuchsdepression, langsames oder schnelles Absterben der Bäume, irreguläres Phloemwachstum, das zur Rindendeformation führt, Gelbfärbung und Formveränderungen der Blätter und Reduktion der Fruchtgröße und Zahl der produzierten Früchte (EFSA 2017). Schäden ausgelöst durch hochpathogene CTV-Stämme waren dafür verantwortlich, dass ab 1995 Bitterorangenbäume in Florida nicht mehr als Propfunterlage verwendet werden konnten. Andere Stämme bewirken in bestimmten Zitrusbaumarten nur geringe oder gar keine merkbaren Krankheitssymptome. Derzeit werden in Florida CTV-tolerante Orangenbäume als Pfropfunterlage in Plantagen verwendet, die von CTV zwar infiziert werden können, aber nach der Infektion keine Schadsymptome zeigen (USDA-APHIS 2020).

CTV kann durch Pfropfung infizierter Ableger in die Pflanzenunterlage weiterverbreitet werden. Ein Gutachten der EFSA nennt keine Belege für die Verbreitung von CTV über Samen und Pollen der infizierten Zitruspflanzen (EFSA 2017). Zusätzlich werden natürlich vorkommende CTV-Stämme in Zitrusgewächskulturen von Insektenvektoren, in der Hauptsache Aphiden (Blattläusen), übertragen; am effizientesten von der braunen Zitrusaphide (*Toxoptera citricida*), die in Europa allerdings nur in Portugal und Spanien vereinzelt auftritt. Daneben wird CTV auch gut von *Aphis gossypii* übertragen, die häufiger in Europa auftritt. Andere Aphiden sind von weniger großer Bedeutung für die Verbreitung von CTV in Europa (EFSA 2017). Nach dem Aufnehmen von CTV-Viren aus infizierten Pflanzen können die infizierten Insekten das Virus kurz nach der Aufnahme für ca. 24 Stunden weiterverbreiten; nach 48 Stunden ist die Infektion weiterer Pflanzen nicht mehr möglich (EFSA 2017). Der effizienteste Vektor für CTV in Florida ist ebenfalls die braune Zitrusaphide (*Toxoptera citricida*) (Brlansky 2006, USDA-APHIS 2020).

Da eine Reihe nicht-europäischer CTV-Stämme europäische Zitrusfrucht-Kulturen gefährden können, die gegen solche Stämme nicht tolerant sind, ist nach Richtlinie 2000/29/EC der Import von Pflanzenmaterial untersagt, das eine Einschleppung von CTV bewirken könnte. Samen und Früchte sind im Einklang mit der oben zitierten Untersuchung der EFSA (EFSA 2017) von dieser Maßnahme nicht betroffen.

### 3.2.5.3 Die Verwendung von GV-Viren zur Bekämpfung der Grünfleckenkrankheit

CTV wird bei dem betrachteten Ansatz als viraler Vektor verwendet; d. h. als Hilfsmittel, um therapeutisch wirksame Proteine in adulten Orangenbäumen zu exprimieren (USDA-APHIS 2020). Aus früheren Untersuchungen und Anstrengungen zur Erzeugung von HLB resistenten GV-Orangenbäumen ist bekannt, dass Defensin-Proteine aus Spinat Orangenbäume gegenüber der Infektion mit dem HLB-Erreger und der HLB-Krankheit schützen können. Die gleichen Defensin-Gene wurden mittels gentechnischer Methoden in einen CTV-Stamm eingebaut, der keine Krankheitssymptome in den kultivierten Orangenbäumen erzeugt (CTV-SoD). Die Fähigkeit des GV-Virus, Phloemzellen zu infizieren und sich in ihnen zu vermehren, sowie sich im Leitungsbahngewebe der gesamten Pflanze zu verbreiten, ist durch die gentechnische Veränderung nicht betroffen (EFSA 2017). Zur Behandlung mit dem GV-Virus werden im Labor mit CTV-SoD inokulierte Reiser auf gesunde oder bereits mit HLB-Erregern infizierte Orangenbäume gepfropft. CTV-SoD verbreitet sich dann systemisch im Phloemparenchym der Unterlagspflanze. Im Unterschied zur Verwendung transgener Orangenbäume müssen bestehende Kulturen nicht durch GV-Jungbäume ersetzt werden, sondern es können adulte, produktive Orangenbäume behandelt werden. Auch die aufwendige Vermehrung von transgenen Jungbäumen zur Nachpflanzung fällt beim CTV-SoD Ansatz weg.

Der Hersteller von CTV-SoD, die Firma Southern Gardens, hat bei der zuständigen US Behörde USDA-APHIS, dem Animal and Plant Health Inspection Service, Anträge auf Freisetzung von CTV-SoD in die Umwelt eingereicht. Kleinräumige Feldtests wurden bereits durchgeführt (auf 400 acres entsprechend ca. 160 ha). In diesen Versuchen wurde eine Reihe von CTV-SoD Konstrukten getestet, die ein, zwei oder drei verschiedene Defensingene (SoD2, SoD7 bzw. SoD8) aus Spinatpflanzen enthalten (USDA-APHIS 2020).

In allen Regionen Floridas sind weitere großflächige Feldversuche geplant (auf 513.500 acres entsprechend rd. 207.000 ha), die Aufschluss darüber geben sollen, ob die Spinat-Defensine in der Praxis wirksam sind und ob sie nach Inokulation mit CTV-SoD in den behandelten Orangenbäumen in ausreichender Menge gebildet werden. Bei einem erfolgreichen Testergebnis besteht die Absicht, das CTV-SoD System möglichst bald in Florida als Bekämpfungsstrategie gegen die Grünfleckenkrankheit kommerziell zu nutzen. USDA-APHIS hat ein Pest Risk Assessment erstellt, sowie eine Umweltverträglichkeitsprüfung (Environmental Impact Assessment) durchgeführt (USDA-APHIS 2020). Die US Umweltbehörde EPA (Environmental Protection Agency) hat bis dato noch nicht über die Zulassung des großflächigen Feldversuchs entschieden.

Parallel zu der Entwicklung von CTV-SoD Virusanwendungen gibt es auch Bestrebungen transgene Orangenbäume herzustellen, die gegenüber dem HLB-Erreger tolerant sind (Hao et al. 2016, Sun et al. 2019, Zou et al. 2017). Bei solchen Ansätzen werden neben anderen antibakteriellen Proteinen (Attacin A, Cecropin B, modifiziertes Pflanzenthionin) Defensine als Transgene verwendet, die jenen, der bei der CTV-SoD Anwendung eingesetzten Transgenen entsprechen.

Des Weiteren wird auch daran gearbeitet, mittels RNAi-Silencing und Genom-Editierung Orangenbäume so zu verändern, dass die Unterdrückung der Bildung natürlicher Resistenzfaktoren in Orangen aufgehoben wird (National Academies of Sciences 2018, Sun et al. 2019). Diese Ansätze sind allerdings erst im Stadium der Grundlagenforschung und verfolgen einen völlig anderen Wirkmechanismus als das Beispiel der CTV-SoD Anwendung.

#### 3.2.5.4 Mögliche Umweltwirkungen

Eine Diskussion der Umweltauswirkungen von CTV-SoD wurde von der USDA-APHIS im Rahmen des 2019 vorgelegten „Pest Risk Assessments“, sowie der Umweltverträglichkeitsprüfung („Environmental Impact Statement“) vorgenommen. Die USDA-APHIS hat sich in ihrer Abschätzung vor der Entscheidung über eine Genehmigung der Freisetzung damit beschäftigt, ob sich durch die Ausbringung des CTV-SoD Virus neue Risiken zusätzlich zu jenen ergeben, die durch das endemische Vorhandensein natürlich vorkommender CTV-Stämme bereits gegeben sind (USDA-APHIS 2020).

Die nachstehende Darstellung möglicher Umweltwirkungen orientiert sich an den in den USA durchgeführten Arbeiten. Zusätzlich herangezogen wird die von der EFSA Ende 2020 publizierte Bewertung von Mikroorganismen, die durch Synthetische Biologie hergestellt wurden (EFSA Scientific Committee 2020). Im Rahmen dieser Analyse hat EFSA die CTV-SoD Anwendung als Fallbeispiel betrachtet. In ihrer allgemeinen Einschätzung hat die EFSA festgehalten, dass die US-amerikanische Bewertung nicht alle Risikofelder abdeckt, welche nach der Richtlinie 2001/18/EG bei der Umweltrisikobewertung in der EU betrachtet werden müssten (EFSA Scientific Committee 2020). Herangezogen wurde für die nachstehende Diskussion auch die vom EFSA Panel on Plant Health für CTV vorgenommene Schadorganismen-Einstufung (EFSA 2017).

Mögliche Umweltwirkungen des GV-Citrus Tristeza Virus umfassen:

- Veränderte Infektiosität und Pathogenität;
- Verbreitung und Etablierung des GV-Virus außerhalb von Anwendungsgebieten;
- Verbreitung des GV-Virus auf andere Wirtspflanzen;
- Effekte auf Zielorganismen;
- Effekte auf Nichtzielorganismen.

Im Folgenden sollen die möglichen Umweltwirkungen des GV-Citrus Tristeza Virus näher beschrieben werden.

##### **Veränderte Infektiosität und Pathogenität des GV-Virus**

Das Potenzial für Umweltwirkungen durch CTV-SoD im Vergleich zu den Wirkungen von natürlich vorkommenden CTV-Stämmen ist davon abhängig, ob sich die biologischen Eigenschaften von CTV-SoD, vor allem in Bezug auf die Infektiosität oder Pathogenität, von bekannten CTV-Stämmen unterscheiden. Hinweise auf etwaige Unterschiede in diesen für das Monitoring relevanten Aspekten kann eine genaue molekulare Charakterisierung des GV-Virus und ihr Vergleich mit natürlich vorkommenden, nicht-transgenen CT-Viren geben (EFSA Scientific Committee 2020).

Von der USDA wurde ein solcher Vergleich von CTV-SoD mit den in Florida in Orangenplantagen endemisch vorkommenden CTV-Stämmen (insbesondere T30 und T36) durchgeführt. Die Ergebnisse wurden von der USDA herangezogen, um zu belegen, dass mit CTV-SoD kein Virus mit neuartigen biologischen Charakteristiken freigesetzt wird; abgesehen von der Expression der transgenen Spinat-Defensine (USDA-APHIS 2020).

Ein solcher Vergleich müsste für CTV-SoD auch hinsichtlich der in Europa vorkommenden CTV-Stämme auf Basis konkreter Daten erstellt werden. Hier ist auch zu beachten, dass die verfüg-

bare EFSA-Leitlinie (EFSA 2011a) im Hinblick auf die molekulare Charakterisierung von GV-Viren und die Umweltrisikobewertung nicht adäquat ist und ergänzt bzw. überarbeitet werden sollte (EFSA Scientific Committee 2020). Angesprochen wurde für RNA-Viren auch eine Charakterisierung durch Sequenzierungen mit einer höheren Sequenzierungstiefe, um etwaige Sequenzvariationen besser charakterisieren zu können.

Darüber hinaus wäre bei einer möglichen Anwendung in der EU zu berücksichtigen, dass in Europa andere CTV-Stämme vorkommen und hinsichtlich eines Vergleichs von Stämmen aus anderen Weltgegenden und den in Europa auftretenden CTV-Stämmen noch große Unsicherheiten bestehen (EFSA 2017).

### **Verbreitung und Etablierung des GV-Virus außerhalb von Anwendungsgebieten**

Um zusätzliche Umweltgefährdungen außerhalb der Anwendungsgebiete hervorrufen zu können, müsste sich CTV-SoD aus den behandelten Plantagen in die umgebenden Ökosysteme verbreiten. Eine solche Verbreitung wäre über Teile der mit GV-Virus-infizierten Pflanzen (z. B. Früchte, anderes vertragenes Pflanzenmaterial) möglich bzw. durch Übertragung durch tierische Vektoren. Die USDA interpretiert eine von der EFSA im Jahr 2017 publizierte Untersuchung dahingehend, dass CTV-SoD nicht über Pollen, Samen und Früchte verbreitet werden kann (EFSA 2017, USDA-APHIS 2020). Ebenso folgert USDA in ihrer Evaluierung, dass Aphiden den GV-Virus im Freiland nicht verbreiten.

Die Ergebnisse von Harper et al. (2018), nach denen Aphiden unter bestimmten Bedingungen einen mit dem CTV-SoD Virus vergleichbaren CTV-Stamm verbreiten können, wurden bei einer zusätzlichen Analyse durch USDA-APHIS für nicht stichhaltig bewertet. USDA-APHIS verweist außerdem darauf, dass bei CTV das Phänomen bekannt ist, dass eine Vorinfektion mit natürlich auftretenden CTV-Varianten die bereits infizierte Wirtspflanze vor einer zusätzlichen Infektion durch andere CTV-Stämme wie CTV-SoD schützen kann (Folimonova 2012). Dieser Mechanismus (auch „Cross Protection/Superinfection Exclusion“ genannt) ist zwar bei Viren und auch bei Pflanzenviren lange bekannt, wird aber immer noch nicht ausreichend verstanden (Zhang et al. 2018). Das Vorhandensein von natürlich vorkommenden CTV-Stämmen in den nicht behandelten Orangenbäumen kann ein Grund dafür sein, warum bisher unter Feldbedingungen keine Weiterverbreitung von CTV-SoD durch Insektenvektoren beobachtet wurde (USDA-APHIS 2020).

Bei einer Anwendung in Europa müsste überprüft werden, ob eine Verbreitung des GV-Virus durch andere, für Europa relevante Vektorinsekten möglich ist. Hinsichtlich des postulierten Schutzes von Wirtspflanzen, die natürliche CTV-Varianten enthalten, gegenüber einer Zweitinfektion mit CTV-SoD wäre zu prüfen, ob dafür in Europa ähnliche Voraussetzungen gegeben sind (gemäß EFSA 2017).

Zudem muss experimentell gezeigt werden, dass tatsächlich kein GV-Virus in Früchten und Samen zu finden ist, um zu zeigen, dass die unter Berufung auf EFSA (2017) angestellte Bewertung der USDA-APHIS auch für CTV-SoD zutrifft. Es ist derzeit nicht klar, ob experimentelle Daten vorhanden sind, die zeigen, dass kein CTV-SoD Material in Früchten und Samen vorhanden ist.

### **Verbreitung des GV-Virus auf andere Wirtspflanzen**

Wie oben angesprochen, sollte sichergestellt werden, dass eine Verbreitung von CTV-SoD durch in Europa vorkommende Insekten, welche die Kompetenz aufweisen als CTV-Vektor fungieren zu können, ausgeschlossen werden kann. Dazu sind die von EFSA (2017) genannten

Vektoren zu berücksichtigen, gegebenenfalls auch Vektoren für andere Orangenpathogene. Ein Einfluss des transgenen Defensin-Gens auf die Erhöhung des Verbreitungspotenzials durch Vektoren sollte dabei in Betracht gezogen werden. Ergebnisse aus ersten Feldversuchen in Florida deuten darauf hin, dass der CTV-SoD Virus durch die regional vorkommenden Vektorinsekten nicht übertragen wird (USDA-APHIS 2020).

Wenn eine Verbreitungsmöglichkeit des GV-Virus durch zusätzliche Vektoren gegeben wäre, müssten in Reichweite der Vektoren liegende, nicht-behandelte Orangenkulturen und andere mögliche Wirtspflanzen daraufhin untersucht werden, ob eine Übertragung tatsächlich erfolgt und ob eine Virulenz und Pathogenität für diese Pflanzen gegeben wäre. Die Wirkräume befinden sich vor allem in den wärmeren Gegenden Europas, in denen eine Kultivierung von Pflanzen des Genus Citrus (Zitrone, Limette, süßsaure Orange, Mandarine, Grapefruit) erfolgt. In Europa ist das hauptsächlich der Mittelmeerraum. Daneben kommen in Europa als Wirtspflanzen noch die dreiblättrige Orange (*Poncirus trifoliata*), welche als winterharte Pfropfunterlage verwendet wird, in Betracht sowie Zwergorangen (Kumquats), die hauptsächlich in den wärmsten Gebieten Südeuropas z. B. auf Korfu) gezogen werden. Die Calamondin-Orange (*Citrofortunella microcarpa*) wird in Europa vor allem als Zierstrauch verwendet und hat nur geringe landwirtschaftliche Bedeutung (EFSA 2017). Richtlinien für derartige Prüfungen sind derzeit nicht verfügbar (EFSA Scientific Committee 2020).

### **Effekte auf Zielorganismen**

Die Exposition des HLB-Erregers gegenüber den Spinat-Defensinen kann dazu führen, dass gegenüber diesen Proteinen resistente HLB-Erreger entstehen könnten. Ebenso könnte die genetische Instabilität des Transgens zum Wirkungsverlust führen.

Ein Wirkungsversagen allein würde der USDA-APHIS zufolge in den US-amerikanischen Anbaugebieten keine direkten zusätzlichen Umweltfolgen nach sich ziehen. Auf den CTV-SoD Flächen würden auch bei Ineffektivität von CTV-SoD ähnliche Vektorbekämpfungsmaßnahmen eingesetzt werden wie in Plantagen ohne CTV-SoD Anwendung (USDA-APHIS 2020). Diese Überlegungen müssten im Hinblick auf die in der EU relevanten Bedingungen überprüft werden. Eine zu spät bemerkte Verringerung der Effektivität könnte im Extremfall zu einer unbemerkten Ausbreitung des HLB-Erregers beitragen und somit zur Notwendigkeit weiterer Pflanzenschutzmaßnahmen.

### **Effekte auf Nichtzielorganismen**

Auswirkungen auf Nichtzielorganismen werden durch USDA-APHIS (2020) mit dem Hinweis auf den langen sicheren Verzehr von rohem und verarbeitetem Spinat, der vergleichbare Defensine enthält, durch Mensch und Tier verneint. Auswirkungen auf andere Nichtzielorganismen, beispielsweise Nichtzielbakterien und -pilze wurden nicht untersucht, ebenso wenig Effekte auf andere Tiergruppen, die mit behandelten Orangenbäumen in Kontakt kommen.

Im Bericht der US National Academies of Sciences zur Grünfleckenkrankheit wird eine Übersicht über tierische Schadorganismen in Orangenkulturen gegeben (National Academies of Sciences 2018). Die Übersicht listet neben den bereits erwähnten Aphidenarten und dem Blattfloh (*Diaphorina citri*) unter anderem die Zitrusminiermotte (*Phyllocnistis citrella*), mehrere Arten von Schildläusen (*Unaspis citri*, *Chrysomphalus aonidium*, *Lepidosaphes beckii*) und weißen Fliegen (*Dialeurodes citri*, *D. citrifolii*, *Aleurothrixus floccosus*, *A. woglumi*), die Zitrus-schmierlaus (*Planococcus citri*), einige wurzelassoziierte Käfer (*Diaprepes abbreviatus*, *Pach-*

*naeus litus*, *Pachnaeus opalus*), einige Zitrusmilben (*Aculops pelekassi*, *Phyllocoptruta oleivora*, *Eutetranychus banksi*) und Nematoden (*Tylenchulus semipenetrans*, *Radopholus similis*, *Belonolaimus longicaudatus*, *Pratylenchus coffeae*, *P. brachyurus*). Verwandte Arten könnten in Europa als Nichtzielorganismen in Betracht kommen.

Die verwendeten Spinatdefensine haben eine antimikrobielle Wirkung auf Gram-negative Bakterienarten und eine weniger starke Wirkung auf Pilze sowie Gram-positive Bakterien (Altemini et al. 2017). Spinat-Extrakte, die solche Defensine enthalten, entfalten ihre bakterientötende Wirkung durch Erhöhung der Mutationsrate und durch Zerstörung der Bakterienzelle; die genaue Wirkungsweise ist nicht geklärt (Altemini et al. 2017, Stotz et al. 2009). Ebenso ist über negative Auswirkungen auf Tiere und den Menschen wenig bekannt. Der Mensch bildet Defensine, die mit manchen Pflanzendefensinen strukturverwandt sind. Defensine haben im Kontext der jeweiligen Herkunftspflanzen wie in Spinat keine antinutritiven Wirkungen (Carvalho & Gomes 2011). Neben der erwünschten antimikrobiellen Wirkung sind keine Wirkungsweisen für nachteilige Wirkungen bei höheren Tieren und dem Menschen charakterisiert; deswegen werden Defensine als Transgene für biotechnologische Anwendungen verwendet.

In Bezug auf nachteilige Wirkungen auf Nichtzielorganismen muss überprüft werden, ob in Europa vorkommende Nichtzielorganismen aus den oben genannten Tiergruppen mit Defensin aus behandelten Orangenbäumen in Kontakt kommenden könnten, bzw. ob Defensine nachteilige Wirkungen gegenüber diesen Nichtzielorganismen zeigen. In der vorliegenden Risikobewertung gibt es dazu keine ausreichenden Daten (USDA-APHIS 2020).

#### **Weitere mögliche Risiken, die für die Risikobewertung und das Monitoring der GV-Virus Anwendung relevant sind**

Spezifische Risiken können sich aus den im GV-Virus (CTV-SoD) gentechnisch erzeugten Merkmalen – der Bildung von Defensin-Proteinen aus Spinat und ihre Verbreitung in den Leitungsbahnen der Orangenpflanzen – ergeben, wie beispielsweise:

- Auftreten von Defensin-Protein in Pflanzengewebe und Materialien außerhalb der Nährstoffleitbahnen, evtl. auch in Früchten;
- Unbeabsichtigte Wirkungen der gebildeten Defensin-Proteine auf die Physiologie der behandelten Bäume;
- Bei Verbreitung des CTV-SoD Agens durch CTV-kompetente Vektoren auch etwaige unbeabsichtigte Wirkungen der gebildeten Defensin-Proteine auf die Physiologie der unbeabsichtigt infizierten Pflanzenarten.

#### **3.2.5.5 Mögliche Expositionspfade und Wirkräume**

Der Hersteller des GV-Virus gibt an, dass im Zuge der Verwendung von CTV-SoD in der Umwelt nur die beabsichtigte Inokulation durch Aufpfropfen von infizierten Reisern auf kultivierte Orangenbäume vorgesehen ist. Andere Formen der Freisetzung des GV-Virusmaterials in die Umwelt, wie beispielsweise durch Versprühen etc., sind nicht vorgesehen und werden in der von USDA durchgeführten Evaluierung auch nicht behandelt (USDA-APHIS 2020).

Ebenfalls nicht berücksichtigt wurde in dieser Evaluierung die Ausbringung mittels infizierter Vektorinsekten. Eine solche Verwendung würde die Eingrenzung des exponierten Gebiets erheblich erschweren (Reeves et al. 2018). Eine etwaige Verbreitung durch Vektorinsekten für CTV bzw. CTV-SoD, ausgehend von inokulierten Bäumen, würde zu einem ähnlichen Ergebnis

führen. Das müsste dann bei der Analyse der zusätzlichen Expositionspfade und Wirkräume berücksichtigt werden.

Aufgrund der von EFSA für CTV durchgeführten Evaluierung (EFSA 2017) wird angenommen, dass durch Samen und Erntegut (geerntete Früchte und Verarbeitungsprodukte wie Saft) keine Umweltexposition gegeben ist (USDA-APHIS 2020).

Für eine beabsichtigte/unbeabsichtigte Ausbringung in die Umwelt sind daher folgende Expositionspfade von Bedeutung:

- Kultivierung von absichtlich inokulierten Orangenbäumen;
- Kultivierung von Orangenbäumen mit unabsichtlich inokuliertem Pfropfmateriale;
- Unbeabsichtigte bzw. ungenehmigte Verbringung von infizierten Ablegern als Pfropfmateriale.

Mögliche Auswirkungen auf andere Nichtzielorganismen, beispielsweise Nichtzielbakterien und -pilze, sowie andere Tiergruppen, die mit GV-Virus infizierten Orangenbäumen in Kontakt kommen, sind zu berücksichtigen, falls es zur Exposition mit dem GV-Virus bzw. dem Defensin-Gen kommt (z. B. Phloem-saugende Nichtzielorganismen).

Wenn aber doch eine Möglichkeit zur weiteren Verbreitung von CTV-SoD durch in Europa vorkommende (Insekten-)Vektoren besteht, dann wäre auch die potentielle Verbreitung außerhalb von Gebieten, in denen absichtlich oder unabsichtlich inokulierte Orangenbäume kultiviert werden, zu prüfen. In diesem Fall muss sowohl die Charakteristik des jeweiligen Vektors in Betracht gezogen werden, um das Ausmaß einer möglichen Verbreitung eingrenzen zu können, wie beispielweise sein Vorkommen, seine Mobilität und nicht zuletzt das Spektrum der jeweilig genutzten Wirtspflanzen (nur Orangenbäume oder auch andere Zitrus-Gewächse). Um die Wirkräume eingrenzen zu können, muss dann auch untersucht werden, in welchen anderen (Zitrus-)Pflanzen eine Vermehrung von CTV-SoD nach Infektion durch den Vektor möglich ist.

In die Überlegungen muss auch einbezogen werden, ob eventuell eine Möglichkeit zur Weiterverbreitung von CTV-SoD durch infiziertes Pflanzenmaterial besteht. In diesem Fall wäre die Verbreitung sowohl durch den Menschen relevant als auch durch Tiere, die infiziertes Material verbreiten können. In Betracht gezogen werden sollten dann folgende Pfade:

- Ernte, Transport des Ernteguts und Verarbeitung;
- Verbringung behandelten Pflanzenmaterials, z. B. durch Abfallentsorgung, oder durch Tiere.

Sofern Auswirkungen durch den Konsum von behandelten Früchten, Samen oder Pflanzenmaterial nicht ausgeschlossen werden können, sind auch folgende Expositionspfade relevant:

- Verwendung oder Konsum der produzierten Früchte (z. B. in Lebensmittelprodukten und zur Saftproduktion);
- Exposition von Tieren bzw. Nichtzielorganismen, die Früchte, Samen oder Pflanzenmaterial konsumieren.

### 3.2.5.6 Schlussfolgerungen für das Monitoring

Die Abschätzung der möglichen Auswirkungen einer Anwendung von gentechnisch veränderten (bzw. genom-editierten) Viren in der Umwelt ist mit einer ganzen Reihe von Unsicherheiten behaftet. Das ist am Beispiel des CTV-SoD Virus gut abzulesen. Die in den USA vorgenommene Risikobewertung (USDA-APHIS 2020) beruht auf vielen Annahmen, die zu überprüfen sind. Zudem liegen beim derzeitigen Stand der Entwicklung nur wenige Erfahrungen mit der Freilandtestung dieses Virus und keine Erfahrungen mit einer kommerziellen Anwendung in oder außerhalb Europas vor.

Eine besondere Bedeutung in Bezug auf die Anforderungen für das Monitoring von derartigen Anwendungen in Europa hat daher die genaue Analyse der Ergebnisse aus den laufenden Freisetzungsversuchen in Florida. Durch eine Analyse des in den USA durchgeführten Monitorings könnten die bei der Risikobewertung der Anwendung durch die USDA-APHIS (2020) getroffenen Annahmen zum Teil überprüft werden. Dies ist insbesondere von Bedeutung, da für etliche mögliche Wirkungshypothesen, wie z. B. für nachteilige Auswirkungen des transgenen Defensins auf Nichtzielorganismen bzw. für eine eventuelle Weiterverbreitung auf weitere CTV-Wirtspflanzen keine zugänglichen Risikobewertungsdaten vorliegen. Dieses Fehlen von Informationen aus der Risikobewertung hat Auswirkungen auf mögliche, im Monitoring zu überprüfende Umweltwirkungen und die zu überwachenden Wirkräume. So würde eine mögliche Übertragung des GV-Virus durch Vektoren auf weitere Wirtspflanzen den Wirkraum des GV-Virus wesentlich erhöhen, was Einfluss auf die Auswahl der zu überwachenden Obstbaumkulturen hätte. Weiterhin ist eine Verbreitung des GV-Virus bzw. des exprimierten Genproduktes (das Defensin-Gen) außerhalb von Anwendungsgebieten ein möglicher Expositionspfad in natürliche Habitate und Ökosysteme. Auch die Exposition von Nichtzielorganismen ist noch nicht abschließend geklärt und würde jedenfalls ein Monitoring ausgewählter Organismengruppen bedingen.

Im Rahmen dieser Überprüfung sollte auch die Übertragbarkeit von Ergebnissen oder Schlussfolgerungen aus den USA auf die spezifische Situation in Europa geprüft werden. Relevante Aspekte sind dabei, welche (CTV-)Virusstämme bzw. welche Übertragungskompetenten Insektenvektoren in Europa vorkommen. Wichtig ist auch, dass entsprechende Basisdaten hinsichtlich des natürlichen Vorkommens von verwandten Virusstämmen, hier der verschiedenen CTV-Stämme in relevanten Pflanzenarten in Europa, vor einer Freisetzung des GV-Virus vorliegen. Ebenso wichtig sind Daten zur Verbreitung der bekannten oder möglichen Vektoren für CTV-SoD, sowie ein Monitoring dieser Vektoren im Zuge der Freisetzung bzw. kommerziellen Anwendung. Wesentlich für die Überwachung der Umweltexposition gegenüber dem viralen Agens ist, das Vorkommen des gentechnisch veränderten Virus (hier: CTV-SoD) in infiziertem Pflanzen(material), sowie in relevanten Vektoren und Nichtzielorganismen nachweisen zu können.

### 3.3 Recherche zum Nachweis und der Detektion genom-editierter Organismen

Die Frage der Nachweisbarkeit genom-editierter Organismen und der praktischen Anwendung analytischer Nachweismethoden wird aktuell intensiv diskutiert (z. B. ENGL 2019). Bei Genom-Editierung kann die Veränderung so erfolgen, dass im Genom keine transgenen Elemente mehr vorhanden sind und die Organismen daher nicht mehr mit bisherigen Ansätzen detektiert werden können. Daher müssen sowohl die Art der Veränderung als auch der genetische Hintergrund bekannt sein, um einen Nachweis der Genom-Editierung zu ermöglichen.

In diesem Kapitel soll dargestellt werden, welche Nachweismethoden für das Monitoring genom-edierter Organismen verfügbar sind. Zudem soll ein Überblick über die Limitierungen der einzelnen Ansätze hinsichtlich ihrer Anwendbarkeit und Praktikabilität gegeben werden.

### **3.3.1 Genom-editierte Organismen müssen prinzipiell nachweisbar sein**

Dem Urteil C-528-16 des Europäischen Gerichtshofs (EuGH) vom 28.07.2018 zufolge sind Organismen vom Regelungsbereich der Freisetzungsrichtlinie 2001/18/EG ausgeschlossen, „die mit Verfahren bzw. Methoden der Mutagenese gewonnen wurden, die herkömmlich bei einer Reihe von Anwendungen angewandt wurden und seit langem als sicher gelten.“ Organismen, die mit neuen biotechnologischen Verfahren der gezielten Mutagenese wie Genom-Editierung erzeugt werden, fallen laut dem EuGH Urteil nicht unter diese Ausnahme. Damit gelten sie als GVO, die den Bestimmungen der Richtlinie 2001/18/EG unterliegen, sowie den nationalen Gentechnikgesetzen, die in Umsetzung der Freisetzungsrichtlinie in den Mitgliedsstaaten erlassen wurden, und auch anderen nationalen und EU-weiten Regelungen, die für GVO gelten. Dazu zählen neben der Zulassungspflicht für GVO und GV-Produkte Vorschriften für die Kennzeichnung und Nachvollziehbarkeit der Herkunft von GV-Produkten und die Bestimmungen zum verpflichtenden Monitoring von GVO und GV-Produkten nach ihrer Zulassung für Freisetzung und Inverkehrbringen in der EU. Für die Umsetzung dieser Bestimmungen und die behördliche Kontrolle der Implementation ist die Verfügbarkeit von chemisch-analytischen Nachweisverfahren für die einzelnen zugelassenen GVO und GV-Produkte von besonderer Wichtigkeit. Deshalb muss von den Herstellern bei der Zulassung von neuen GV-Produkten eine spezifische Nachweismethode, die zur Detektion und zur Identifikation des entsprechenden GVO geeignet ist, entwickelt und eingereicht werden (Ribarits et al. 2021b, Schuler et al. 2019). Dafür werden üblicherweise eventspezifische Nachweisverfahren auf Basis von PCR-Tests eingesetzt (Ribarits et al. 2021b). Auf die Relevanz derartiger Nachweisverfahren im Rahmen des verpflichtenden Monitorings bei der Freisetzung in die Umwelt bzw. einem Inverkehrbringen genom-edierter Organismen wird im Folgenden eingegangen.

### **3.3.2 Genom-editierte Organismen müssen auch im Rahmen des Monitorings nachweisbar sein**

Die in den geltenden europäischen Gesetzen enthaltene Verpflichtung der Rückverfolgbarkeit von GVO, und damit auch von genom-edierten Organismen, die der Richtlinie 2001/18/EG unterliegen, gilt in jeder Phase ihres Inverkehrbringens. Diese Verpflichtung zur Rückverfolgbarkeit muss daher über die ganze Herstellungskette von GV-Produkten umgesetzt werden; z. B. sind bei GV- oder GE-Lebens- und Futtermitteln alle Stufen der Produktion – von Saatgut und dem Anbau – über Ernte, Verarbeitung und Verkauf als Lebens- und Futtermittel an KonsumentInnen relevant (Verordnungen (EG) Nr. 1829/2003 und 1830/2003). Die Rückverfolgbarkeit muss durch entsprechende Dokumentation bei der Weitergabe bzw. durch eine eindeutige Kennzeichnung der Produkte sichergestellt werden (Schuler et al. 2019).

Bei Freisetzung in die Umwelt sind mögliche Umweltwirkungen klassischer GVO oder genom-edierten Organismen im Rahmen des gesetzlich vorgeschriebenen Umweltmonitorings (Post Marketing Environmental Monitoring – PMEM) zu überwachen (Richtlinie 2001/18/EG, Annex VII, EFSA 2011b).

Für die Beobachtung von Umweltwirkungen von GVO ist es notwendig, die Exposition der Umwelt durch den jeweiligen GVO festzustellen. Insbesondere aufgrund der Fähigkeit mancher GVO, sich selbstständig und möglicherweise unkontrolliert über lange Zeiträume und große

Distanzen zu verbreiten, können langfristige und kumulative Umwelteffekte nicht ausgeschlossen werden. Zudem werden unvorhergesehene Umwelteffekte am ehesten dort erwartet, wo die Exposition am größten ist. Daher ist es wesentlich zu wissen, wo GVO verwendet, angebaut oder in die Umwelt ausgebracht werden, bzw. auch unbeabsichtigterweise in die Umwelt gelangen. Die Durchführung eines solchen Expositionsmonitorings wird von europäischen Naturschutz- und Umweltagenturen seit langem gefordert (Franzaring et al. 2016, Nishizawa et al. 2016, Pascher et al. 2017, Schönenberger & D'Andrea 2012, Schulze et al. 2014, 2015), in der Praxis des Umweltmonitorings für zugelassene Produkte wird bisher kein Expositionsmonitorings durchgeführt (EEA-BfN-FOEN 2013, Züghart et al. 2011). Ein 2019 erschie- nener technischer Bericht fasst bisherige Erfahrungen des Monitorings spontaner GV-Popula- tionen, sowie Empfehlungen für eine umfassende Vorgangsweise zur Planung und dem Design von Monitoringprogrammen zusammen (Zünd et al. 2019). Auch für die Durchführung eines Expositionsmonitorings ist die Verfügbarkeit eines spezifischen Nachweisverfahrens eine not- wendige Voraussetzung.

Eine Nachweismöglichkeit für genom-editierte Organismen ist auch notwendig, wenn bei ei- nem Auftreten unerwarteter Umwelteffekte die Rückholung des GE-Organismus aus der Um- welt nötig sind (siehe Verordnung (EG) Nr. 1830/2003). Ein Monitoring auf Basis von Nach- weisdaten ist hier erforderlich, um den Erfolg der gesetzten Maßnahmen zu überprüfen. Auch bei Risikomanagementmaßnahmen im Einklang mit Richtlinie 2001/18/EG Teil B ist im Zuge von experimentellen Freisetzungen eine analytische Kontrolle notwendig, um die Wirksamkeit der Eindämmungsmaßnahmen des GE-Organismus („containment“) zu prüfen.

Im Unterschied zur Behördenkontrolle von GV-Saatgut und GV-Lebens- und Futtermitteln sind im Detail unterschiedliche Anforderungen im Hinblick auf den Nachweis von GV-Pflanzen bzw. genom-editierten Organismen im Rahmen des Umweltmonitorings relevant:

Saatgut oder verarbeitete Futter- bzw. Lebensmittel werden typischerweise als Mischproben analysiert, die Anteile von sehr vielen einzelnen Pflanzen(teilen) enthalten. In Bezug auf solche Mischproben ist die Möglichkeit zur genauen Quantifizierung der enthaltenen GV-Anteile we- sentlich und die Methoden müssen eine ausreichende Sensitivität aufweisen um auch Beimi- schungen von GV-Material im Spurenbereich nachweisen zu können. In der behördlichen Rou- tinekontrolle werden daher vor allem real time PCR-Methoden eingesetzt.

Im Rahmen des Umweltmonitorings von GV-Pflanzen werden hingegen typischerweise Pro- ben von einzelnen Pflanzen genommen und dieses Material wird entweder individuell (z. B. Schafer et al. 2011), bzw. als Pools von einigen wenigen Pflanzen auf das Vorhandensein einer transgenen Modifikation hin untersucht (Schönenberger & D'Andrea, 2012, Schulze et al. 2014). An die Quantifizierung werden hierbei weniger hohe Ansprüche gestellt, ebenfalls kön- nen Methoden geringerer Sensitivität eingesetzt werden, wie z.B. Teststrips die einen raschen immunologischen Nachweis von transgenen Proteinen erlauben. Mischproben aus sehr vielen einzelnen Individuen können beim Monitoring von pflanzlichem Erntegut, bei Proben aus Fal- lensammlungen, beim Pollenmonitoring sowie beim Monitoring von Mikroorganismen anfal- len (Mikroalgen und andere Mikroben). In diesen Fällen kommen wiederum hauptsächlich PCR-basierte Nachweismethoden zur Anwendung.

### **3.3.3 Herausforderungen in Bezug auf den Nachweis genom-editierter Organismen**

Herausforderungen in Bezug auf die Nachweisbarkeit und Identifikation von genom-editierten Organismen treten vor allem dann auf, wenn sich diese nicht von natürlich auftretenden oder mit Methoden der klassischen Mutationszüchtung erzeugten Organismen unterscheiden

(Grohmann et al. 2019). Solche Schwierigkeiten treten vor allem bei genom-editierten Organismen auf, die nur einzelne und zudem kleine genetische Modifikationen enthalten wie z. B. einzelne Punktmutationen, auch single nucleotide variants (SNV) genannt (Ribarits et al. 2021b).

Das europäische Netzwerk für GVO-Laboratorien (ENGL) legte zusammen mit dem Joint Research Center der Europäischen Kommission Ende März 2019 den Bericht "Detection of food and feed plant products obtained by new mutagenesis techniques" vor, der sich dieser Problematik widmet (ENGL 2019). Der Bericht hält fest, dass Änderungen auf der DNA-Ebene in genom-editierten Organismen mit den derzeit verfügbaren Methoden nachgewiesen werden können. Bei SNVs erlaubt der analytische Nachweis der entsprechenden Sequenzänderung allein allerdings nicht den Nachweis, mit welcher Methode die Änderung im Genom vorgenommen wurde. Auch erlaubt der analytische Nachweis der entsprechenden einzelnen Sequenzänderung keine eindeutige eventspezifische Identifizierung des genom-editierten Organismus (Ribarits et al. 2021a). Für andere genom-editierte Organismen kann die Möglichkeit einer eindeutigen Identifikation durch analytischen Nachweis durchaus möglich sein. Das betrifft vor allem komplex veränderte Organismen, in denen z. B. größere Genomveränderungen vorliegen, oder Organismen, in denen eine Reihe von Genomänderungen durchgeführt wurden, die mit den erwünschten Merkmalen assoziiert sind (Ribarits et al. 2021a).

Relevant ist auch, dass der Informationsstand zu genom-editierten Organismen weniger umfassend ist als jener bei klassischen GVO. Nicht alle Länder regulieren Genom-Editierung bzw. genom-editierte Organismen gleich. In vielen Staaten fallen bestimmte genom-editierte Organismen, v. a. solche, die nur SNV enthalten, nicht unter die dort bestehenden Regelungen für GVOs (Eckerstorfer et al. 2019b; Turnbull et al. 2021). Wenn genom-editierte Organismen bzw. auch bestimmte Arten von GVO in außereuropäischen Ländern nicht, in Europa jedoch schon als GVO reguliert werden, ergeben sich für die Überwachung von nach Europa importierten Lebens- und Futtermittel erhebliche Herausforderungen, speziell in Bezug auf die analytische Kontrolle und die Verfügbarkeit von geeignetem Referenzmaterial. Wenn unbekannt oder nicht eindeutige genetische Modifikationen in importierten Organismen oder Produkten entdeckt werden, besteht zudem die Schwierigkeit, diese einem Hersteller zuzuordnen bzw. solche Produkte zuverlässig als genom-editiert zu identifizieren (Grohmann et al. 2019).

Hinsichtlich der Verfügbarkeit von öffentlich zugänglichen Informationen zu diesen Organismen können mehrere Szenarien unterschieden werden. Der unterschiedliche Informationsstand beeinflusst jeweils die Möglichkeiten eine für die EU geeignete Nachweismethode entwickeln zu können (Ribarits et al. 2021a):

#### **Szenario 1: Es ist eine in der EU anwendbare Nachweismethode vorhanden**

Dies ist in der Regel der Fall, wenn ein Zulassungsantrag für den jeweiligen genom-editierten Organismus bei den EU-Behörden eingereicht wird. Der Antrag muss die Beschreibung einer Nachweismethode gemäß den EU-Standards enthalten. In solchen Fällen sind vom Antragsteller auch geeignete Referenzmaterialien zu stellen, die nach Erteilung der Genehmigung den Referenzlaboratorien zugänglich sind. Diese produktspezifischen Nachweismethoden sind auch geeignet, um nachweisrelevante Fragestellungen im Rahmen des Monitorings zu klären.

### **Szenario 2: Es stehen ausreichende Informationen zur Entwicklung einer Nachweismethode zur Verfügung; eine anwendungsfertige Nachweismethode ist jedoch nicht vorhanden**

Dieser Fall würde genom-editierte Organismen betreffen, die (noch) nicht zur Verwendung in der EU angemeldet, aber von nicht-EU Ländern zugelassen wurden, jedoch ohne eine Nachweismethode vom Hersteller zu verlangen. In diesem Fall sind die relevanten Sequenzinformationen entweder öffentlich bei den jeweiligen Behörden erhältlich oder können im Rahmen bestehender Kanäle für den Informationsaustausch weitergegeben werden. Dazu zählen z. B. Plattformen für den behördlichen Informationsaustausch, wie das Biosafety Clearing House (BCH) des Cartagena Protokolls für Biosicherheit oder andere offizielle Kanäle für die internationale Zusammenarbeit (z. B. OECD-Arbeitsgruppen, Ribarits et al. 2021a). Dieser Fall würde auch dann eintreten, wenn die Anwendung, z. B. die Freisetzung in die Umwelt, in nicht-EU Ländern nicht reguliert wird, aber der genom-editierte Organismus so beschaffen ist, dass ein eindeutiger Nachweis möglich ist und ausreichend Sequenzinformationen öffentlich verfügbar sind (z. B. in wissenschaftlichen Publikationen, Patentschriften, etc.), um eine eindeutige Nachweismethode entwickeln zu können. Darüber hinaus könnte auch Vergleichsmaterial zur Verfügung stehen, wenn das entsprechende Produkt bereits in nicht-EU Ländern vermarktet wird und Entwickler keine Einwände gegen eine solche Verwendung haben.

### **Szenario 3: Es sind zwar Informationen zu einem neuen Produkt verfügbar, diese müssen aber aus verschiedenen Informationsquellen zusammengetragen werden**

Ein solcher Fall ist z. B. gegeben, wenn nur sehr allgemeine Informationen zu einem neuen genom-editierten Organismus bekannt sind. Diese können vom Entwickler selbst stammen oder es können Informationen sein, die bei nicht-EU-Behörden eingereicht werden, um den regulatorischen Status eines neuen genom-editierten Produkts zu bestimmen. Beispiele für solche Informationen sind die Dokumente, die von der zuständigen US-Behörde (USDA-APHIS) im Rahmen des „Am I regulated?“-Verfahrens (bzw. der SECURE Rule) zur Bestimmung des regulatorischen Status eines genom-editierten Produkts veröffentlicht werden. Solche Informationen können dann durch aktive Suche mit Informationen aus anderen Quellen wie Patentinformationen, Informationen aus der wissenschaftlichen Literatur oder aus anderen Quellen, beispielsweise vom Hersteller, verknüpft werden. Aus mehreren Quellen können so die notwendigen Sequenzinformationen zusammengetragen werden, um eine Nachweismethode zu entwickeln. Wenn sich diese Methode auf den Nachweis einer Reihe von gleichzeitig im Organismus vorkommenden Modifikationen stützt, könnte sogar eine Identifizierung des Produkts möglich sein. In jedem Fall wäre die freiwillige Kooperation des Entwicklers notwendig, um nicht öffentlich verfügbare Informationen und Referenzmaterialien zu beschaffen (Ribarits et al. 2021a).

Sofern Referenzmaterial nicht direkt von den Antragstellern des genom-editierten Organismus zur Verfügung gestellt wird, können Informationen über die modifizierte Genomsequenz aus anderen Quellen verwendet werden (z. B. Datenbanken, Patentanmeldungen).

#### **3.3.4 Derzeit für die Detektion genom-editierter Organismen verfügbare oder in Entwicklung befindliche Nachweismethoden**

Einen Überblick über die Methoden, welche zur analytischen Detektion genom-editierter Produkte und Organismen angewendet werden können, und einen Vergleich mit den typischerweise für den Nachweis von klassischen GVO verwendeten Methoden, bietet das abgeschlossene FuE-Vorhaben „Nachweismethoden für genom-editierte und klassische GV-Pflanzen“ (FKZ – 3519 80 1000 II; durchgeführt im Auftrag des BfN von AGES und Umweltbundesamt).

Die wichtigsten Ergebnisse des Projekts wurden in einem Bericht und zwei wissenschaftlichen Publikationen veröffentlicht (Ribarits et al. 2021a, b, 2022). Zusätzlich wurden in diesem Projekt die verschiedenen Methoden und Ansätze der Genom-Editierung beschrieben, sowie die gebräuchliche Klassifizierung genom-edierter Produkte und Organismen dargestellt. Der Fokus dieses Projekts lag auf den Anforderungen in Bezug auf die Arbeit von GVO-Kontrolllaboren, die den Vollzug der lebens- und futtermittelrechtlichen bzw. saatgutrechtlichen Vorschriften im Einklang mit der Verordnung (EU) Nr. 2017/625 überwachen (Ribarits et al. 2022). Während sich die Aufgabenstellungen für Nachweisverfahren im Rahmen des Monitorings von denen der amtlichen Lebensmittel-, Futtermittel- und Saatgutaufsicht unterscheiden, sind die methodischen Überlegungen, welche im Rahmen des erwähnten Projekts angestellt wurden, für die gegenständliche Fragestellung unmittelbar relevant.

#### **3.3.4.1 Erfahrungen mit dem Nachweis klassischer GVO**

Der Nachweis klassischer GVO, welche rekombinante Fremd-DNA enthalten, die an zufälliger Stelle in die genomische DNA des Empfängerorganismus integriert ist, wird in der Praxis durch die Vervielfältigung eines bestimmten, für den jeweiligen GVO typischen Sequenzbereichs mittels PCR Methoden geführt. Unterschieden wird dabei zwischen element-, taxon- und eventspezifischen Verfahren (Fraiture et al. 2015).

Elementspezifische Verfahren werden zum gleichzeitigen Screening, einem Vortest auf das mögliche Vorhandensein verschiedener GVO, eingesetzt. In den letzten Jahren wurde für das Screening möglichst vieler verschiedener GVO der sogenannte Matrix-Ansatz entwickelt, bei dem gleichzeitig nach mehreren (zumeist fünf) verschiedenen gebräuchlichen DNA-Elementen gesucht wird (Ribarits et al. 2021a). Damit kann auch eine grobe Einschätzung getroffen werden, welche GVO in einer Probe enthalten sein könnten. In den letzten Jahren stieg die Zahl der GVO, die von solchen Matrixansätzen nicht erfasst werden – im Jahr 2019 konnten bereits neun GVO nicht mehr vom Matrixverfahren auf Basis einer Kombination von fünf Elementen (p35S/tNOS/pat/bar/EPSPS) erfasst werden (Ribarits et al. 2022).

Demgegenüber erlauben eventspezifische Verfahren den eindeutigen Nachweis und damit die Identifikation und Quantifikation eines bestimmten GVO. Sie basieren auf der eventtypischen Natur der Übergangssequenzen zwischen der genomischen DNA des Empfängerorganismus und der integrierten Fremd-DNA (Ribarits 2021a). Die Durchführungsverordnung (EU) Nr. 503/2013 der Kommission verlangt von den Antragstellern zur eindeutigen Identifizierung eines GVO die Bereitstellung eines eventspezifischen Verfahrens. Diese Methoden werden vom EU Referenzlabor für gentechnisch veränderte Lebens- und Futtermittel validiert. Dieses stellt auch zertifiziertes Referenzmaterial zur Verfügung. Amtliche Labors in den Mitgliedsstaaten, sowie nationale Referenzlabors können diese Methoden dann unter Beachtung von Minimal-kriterien (Minimum performance requirements - MPRs) für die Anwendung verwenden. Derartige MPRs sind seit längerem verfügbar (JRC 2015).

#### **3.3.4.2 Strategien zum Nachweis genom-edierter Organismen**

Da in genom-edierten Organismen bei vielen Anwendungen keine fremde DNA in das Genom des veränderten Organismus integriert wird, können die für klassische GVOs entwickelten Ansätze nicht direkt eingesetzt werden. Nur bei Anwendungen, die Fremd-DNA mittels Genom-Editierung einbringen (sogenannte SDN-3 Anwendungen), sind die für klassische GVO entwickelten Methoden analog einsetzbar.

Im Vergleich mit Nachweisverfahren für klassische GVO müssen bei genom-editierten Organismen, welche nur minimale Sequenzveränderungen aufweisen, Methoden mit verbesserter Spezifität für den Nachweis eingesetzt werden. Es existiert eine Reihe weiterentwickelter PCR-Methoden, wie z. B. „locked nucleic acids (LNA) qPCR“, „RNaseH-dependent real-time PCR“ oder „digital droplet PCR“, um solche Nachweise führen zu können (Ribarits et al. 2021a). Derartige Systeme wurden bereits erfolgreich verwendet, um Nachweismethoden für Organismen mit spezifischen SNVs zu entwickeln (Chhalliyil et al. 2020).

Die Entwicklung solcher Methoden setzt einen ausreichenden Wissenstand über die in genom-editierten Organismen vorkommende genetische Modifikation voraus (bzw. über die einzelnen Modifikationen, wenn mehrere genomische Loci verändert wurden). Dabei ist es irrelevant, ob für den Nachweis herangezogene DNA-Sequenzänderungen unmittelbar zu phänotypischen Änderungen führen. Sie müssen nur genetisch mit den erwünschten Merkmalen gekoppelt vorliegen. Unter dieser Voraussetzung können auch unbeabsichtigt in genom-editierten Organismen auftretende genetische Änderungen für Nachweiszwecke genutzt werden (Bertheau et al. 2019). Solche unbeabsichtigten Änderungen entstehen z. B. durch sekundäre Änderungen am veränderten Zielort bei der Reparatur der eingeführten DNA-Brüche bzw. durch eventuelle Off-Target Aktivität der eingesetzten Nuklease (Eckerstorfer et al. 2019a).

Eine 2020 erschienene Publikation verwendet eine LNA-basierte PCR-Methode, um genetische Veränderungen in genom-editiertem Raps nachzuweisen (Chhalliyil et al. 2020). Durch den von Chhalliyil et al. (2020) beschriebenen Nachweis kann der von der Firma Cibus entwickelte Raps (Cibus SU Canola™) von anderen landwirtschaftlich genutzten Rapsorten unterschieden werden. Es ist jedoch unklar, ob der analytische Nachweis angesichts der minimalen Sequenzänderungen der enthaltenen SNVs zur eindeutigen Zuordnung als genom-editierte Pflanze ausreicht, d.h. zur Identifikation des Produkts (ENGL 2020). Eine erfolgreiche Validierung ist jedoch möglich, wenn alle MPRs berücksichtigt werden (ENGL 2020).

Das Beispiel zeigt zweierlei: Einerseits verdeutlicht es, dass der analytische Nachweis minimaler Sequenzänderungen in genom-editierten Organismen nicht an die Aussagekraft eines eventspezifischen Nachweisverfahrens bei klassischen GVO heranreicht. Zum anderen zeigt es, dass für eine Aussage zur Identifizierung in solchen Fällen auch andere Informationen herangezogen werden müssen, um die Robustheit einer Identifikation zu erhöhen. Für eine eindeutige Zuordnung ist es zudem relevant, ob es möglicherweise andere genom-editierte Organismen gibt, die dem nachzuweisenden Organismus im Hinblick auf Merkmale, Entwicklungsstand und kommerziellem Einsatz gleichen. Dazu zählen auch Informationen in welchen Ländern ähnliche Produkte bereits verwendet werden, und ob ein Warenaustausch stattfindet, der zur Einfuhr von entsprechenden genom-editierten Produkten oder Organismen in die EU führen könnte. Diese Informationen können zur Ausarbeitung spezifischer Überwachungspläne genutzt werden, sowie zur Identifikation von Importwaren, die eventuell genom-editierte Produkte enthalten.

Wenn kein ausreichender Informationsstand hinsichtlich der in genom-editierten Produkten vorkommenden Sequenzänderungen gegeben ist, kann unmittelbar keine spezifische PCR-Nachweismethode für diese Modifikationen entwickelt werden. In diesem Fall können genetische Modifikationen nur mittels Sequenzierung des Gesamtgenoms bzw. der betroffenen Genomregionen und den Vergleich mit bekannten Sequenzdaten ermittelt werden (Ribarits et al. 2022). Dabei lassen sich zwei Vorgehensweisen unterscheiden, die zielgerichtete Sequenzierung (z. B. Amplikonsequenzierung) und die Ganzgenomsequenzierung (whole ge-

nome sequencing, WGS; Grohmann et al. 2019). Sequenzierungsmethoden wurden und werden auch bei der Charakterisierung von transgenen Inserts in GVO eingesetzt (Holst-Jensen et al. 2016); die verfügbaren Erfahrungen damit können auch für die Entwicklung von Nachweismethoden für genom-editierte Organismen berücksichtigt werden.

Die zielgerichtete Sequenzierung ist eine schnellere und kostengünstigere Möglichkeit, bekannte DNA-Regionen und neuartige Varianten in ausgewählten Genen oder Genomregionen nachzuweisen. Es muss aber bekannt sein, welche Genomregionen betroffen sind, z. B. über die Information zu den veränderten Merkmalen. Die betreffenden Genomregionen müssen dann vor der Sequenzanalyse mittels PCR amplifiziert werden (Ribarits et al. 2022).

Die WGS-Methode erlaubt das ungerichtete Aufspüren von SNV und anderen kleinen DNA-Veränderungen (Insertionen oder Deletionen – auch als InDels bezeichnet). Sie erfordert jedoch eine hohe Sequenziertiefe (30- bis 50-fache Genomabdeckung), um die Gesamtsequenz eindeutig bestimmen zu können. WGS ist daher im Vergleich kostenintensiver als die zielgerichtete Sequenzierung und erfordert zudem ein Vielfaches an bioinformatischen Kapazitäten. WGS erfasst allerdings auch großräumige DNA-Modifikationen, die bei zielgerichteten Ansätzen möglicherweise nicht gefunden werden (Ribarits et al. 2022).

Grundsätzlich sind beide Sequenzierungs-Ansätze geeignet, um genetische Modifikationen, die durch Genom-Editierung erzeugt werden (SNV, InDels), zu detektieren. Für die zielgerichtete Sequenzierung sind Vorinformationen zur den betroffenen Genomregionen erforderlich; für beide Ansätze ist die Verfügbarkeit einer Referenzsequenz für den Vergleich unbedingt notwendig, idealerweise Sequenzdaten der verwendeten Elternorganismen (Ribarits et al. 2022). Die Verfügbarkeit von Vergleichssequenzen ist nicht für alle Organismen automatisch gegeben; insbesondere bei Wildorganismen oder genetisch nicht ausreichend charakterisierten Arten sind entsprechende Daten nicht immer verfügbar. Das Erstellen einer Referenzsequenz ist in dafür ausgestatteten Einrichtungen prinzipiell möglich, bringt aber einen erheblichen zusätzlichen Aufwand mit sich.

Der Nachweis genetischer Änderungen, die durch Genom-Editierung erzeugt werden, ist sowohl in homogenem Probenmaterial als auch in Mischproben möglich. Durch gezielte Sequenzierung kann die Detektion von Anteilen bis unter 0,1 % erfolgen; bei WGS-Ansätzen ist eine Sensitivität bis zu einem Anteil von unter 1 % gegeben. In der Praxis wurde das aber für genom-editierte Organismen noch nicht experimentell durchgeführt. Eine zuverlässige Quantifizierung durch Sequenzierung scheint aktuell nicht möglich. Für die Laborvalidierung fehlen hier noch standardisierte Vorgaben (Ribarits et al. 2022)

Für Nachweisverfahren im Rahmen des Monitorings möglicher Umwelteffekte genom-editierter Organismen sind eine Reihe von Herausforderungen zu beachten:

- Die Verfügbarkeit von Informationen betreffend den genom-editierten Organismus zur Entwicklung und Validierung einer Nachweismethode, die Notwendigkeit eines verbesserten internationalen Informationsaustausches für derartige Informationen sowie den zusätzlichen Aufwand für die Bereitstellung einer spezifischen Nachweismethode für den Routineeinsatz in GMO-Testlabors (wenn eine solche Methode nicht seitens des Herstellers eines genom-editierten Organismus zur Verfügung gestellt wird);
- Die technische Machbarkeit einer Methode, die zur Detektion und allenfalls auch zur Identifikation eingesetzt werden kann, einschließlich der nötigen Validierung (Notwendigkeit für Entwicklungs- und Validierungsanstrengungen in der EU);

- Die fehlende Verfügbarkeit von Screening-Ansätzen, welche eine gleichzeitige Detektion mehrerer genom-editierter Produkte erlauben würden;
- Das Fehlen von Kriterien für eine ausreichend eindeutige Identifikation (in Bezug auf Aussagekraft des analytischen Nachweises und der zusätzlich verwendeten Produktinformationen);
- Die Verfügbarkeit von Basisdaten, d. h. Referenzgenomen, von nicht genom-editierten Organismen, abseits von gut charakterisierten Kulturpflanzenarten;
- Die ungenügenden Möglichkeiten der Quantifizierung, insbesondere im Hinblick auf Ansätze durch Sequenzierung (nur relevant für Monitoring des Vorkommens von genom-editierten Organismen in Mischproben);
- Die fehlenden Erfahrungen, welche Anforderungen von neuen Detektionsansätzen für das Monitoring erfüllt werden sollten (hinsichtlich des nötigen apparativen und personellen Aufwands, der Zahl und Art der zu analysierenden Proben, der notwendigen Aussagen – Detektion, Identifikation, Quantifizierung).

### **3.4 Modellierungen zur Verbreitung genom-editierter Organismen in der Umwelt**

Modellierungen sind wichtig, wenn langfristige oder großräumige Prozesse und Effekte mittels experimenteller Ansätze nicht abschätzbar sind. Dies ist beispielsweise der Fall, wenn großräumige Verbreitungsereignisse von Pflanzen (z. B. Pollenausbreitungen, Samenverluste) oder die Verbreitung über kurze Distanzen, aber über große Zeiträume evaluiert werden soll. Je nach Zweck werden Modelle für eine spezifische Forschungsfrage angepasst. Sie können z. B. für quantitative Vorhersagen (z. B. Kontamination von Feldern mit GVO), für ein Ranking von Szenarien (z. B. GeneSys, siehe unten), oder für die Vorhersage von Ereignissen, die schwer zu beobachten sind (z. B. die Verbreitung von GVO über lange Distanzen, seltene Hybridisierungsereignisse), herangezogen werden.

Im Falle gentechnisch veränderter Organismen weist EFSA auf die Relevanz von Modellierungsansätzen für die Risikobewertung hin (EFSA 2010, EFSA 2013). So sind Modellierungsansätze z. B. im Zuge der Bewertung ökologischer Schäden durch GVO-Anbau (Limits of Concern), zur Übertragung beobachteter Effekte auf größere zeitliche oder räumliche Skalen (sog. „up-scaling“) bzw. zur Bewertung von Langzeiteffekten von Relevanz (EFSA 2010). Entsprechend wurden bereits mathematische Modelle für die Risikobewertung von Effekten von *Bt* Maispollen verschiedener insektenresistenter GVO auf Nichtzielorganismen, sowie für die Festlegung von Risikomanagementmaßnahmen für insektenresistenten Mais herangezogen (Perry et al. 2010, EFSA 2012).

Für das der Zulassung nachgelagerte Monitoring von Umwelteffekten (post-market environmental monitoring) sind Modellierungen aus der Risikobewertung insofern relevant, wenn das Monitoring auf deren Prognosen zurückgreift, um die in der Risikobewertung postulierten Risiken im Rahmen des fallspezifischen Monitorings (case-specific monitoring) zu überprüfen, wie z. B. im Falle einer Exposition von Ziel- bzw. Nichtzielorganismen gegenüber schädlingresistenter Pflanzen. Zudem ist im Rahmen der allgemeinen Überwachung (general surveillance) die Beobachtung unvorhergesehener Effekte vorgesehen, die auf der tatsächlichen bzw. zu erwartenden Verbreitung des gentechnisch veränderten bzw. genom-editierten Organismus

basieren muss. Somit ist die Identifizierung der Umweltexposition anhand der Verbreitungswege, Ausbreitung und Persistenz transgener Organismen und derer Produkte in der Umwelt ein wesentlicher Aspekt des Monitorings (Züghart et al. 2011).

Insbesondere wird auch bei gentechnisch veränderten bzw. genom-editierten Tieren auf die Verwendung von Modellierungen in der Umweltrisikobewertung hingewiesen (EFSA 2013). Dies lässt sich aufgrund der Komplexität der Interaktionen von Tieren, sowie der eingeschränkten Möglichkeit, Experimente durchzuführen, erklären (EFSA 2013). So wird beispielsweise die ökologische Nischenmodellierung im Rahmen der Umweltrisikobewertung empfohlen, um die Verbreitung von Tieren in natürlichen Habitaten abschätzen zu können (EFSA 2013). Allerdings sind bis dato keine Anträge auf Zulassung von GV-Tieren in Europa gestellt worden und somit auch keine konkreten Modellierungen im Rahmen der Umweltrisikobewertung verfügbar.

### **3.4.1 Modellierungen genom-editierter Pflanzen**

Bei genom-editierten Pflanzen stehen nach wie vor Kulturpflanzen im Vordergrund der Forschung (siehe auch 3.1.2). Für Mitteleuropa sind vor allem Kartoffel, Mais, Raps, Sojabohne, sowie Weizen relevant. Hinsichtlich genom-editierter Gemüsepflanzen werden vorrangig Salat, Gurke und Tomate beforscht. Bei den Gehölzpflanzen stehen Apfel und Birne, sowie die Pappel im Vordergrund; auch Wein wird beforscht. Zudem sind Forschungen bei Wildpflanzen (z. B. Walderdbeeren und Löwenzahn) im Gange, allerdings in einem sehr frühen Forschungsstadium.

Modellierungsarbeiten zur Verbreitung und Exposition wurden bisher bereits für gentechnisch veränderte Kulturpflanzen vorgenommen. So wurden z. B. die Umweltexposition und Verbreitung für Raps in Norddeutschland modelliert, um großflächige Effekte anhand quantitativer Extrapolationen mittels „up-scaling“ – d. h. der Kombination von Informationen auf unterschiedlichen Skalen - vorhersagen zu können (Breckling et al. 2011). Der Modellierungsansatz kann auch auf andere Fallbeispiele angewendet werden (Breckling et al. 2011). Auf kleineren Skalen sind weitere Modellierungen verfügbar, wie beispielsweise die Modellierung der Populationsentwicklung von Raps anhand eines mechanistischen Simulationsmodells (GeneTraMP), das die Evaluierung der räumlich-zeitlichen Verbreitung von gentechnisch veränderten Pflanzen in heterogenen Landschaften ermöglicht (Middelhoff et al. 2011). Das Modell GeneSys von Colbach et al. (2001a, b) zielt darauf ab, Anbausysteme hinsichtlich ihres Risikos von Genfluss von gentechnisch verändertem, herbizidtolerantem Raps auf Durchwuchsraps zu evaluieren. Das verwandte GeneSys-Zuckerrüben-Modell erfasst Effekte der Anbausysteme auf Unkrautrüben (Sester et al. 2012). Während GeneSys nur klein-räumig operiert, werden in GeneTraMP unterschiedliche Klimazonen in Deutschland berücksichtigt. GeneTraMP unterscheidet zudem zwischen Durchwuchspflanzen und sogenannter „ferals“, d.h. verwilderten Kulturpflanzen außerhalb der Anbaufläche. Beide Ansätze gehen von den gleichen Bodenbearbeitungsregimen aus, bei beiden werden wildverwandte Hybridisierungspartner von Raps nicht oder nicht vollständig berücksichtigt.

#### **3.4.1.1 Eignung bestehender Modellierungen für das Monitoring genom-editierter Pflanzen**

Bestehende Modelle zur Verbreitung gentechnisch veränderter Pflanzen wurden explizit für Raps bzw. Zuckerrübe entwickelt. Modellierungen des Verbreitungsverhaltens von genom-editierten Pflanzen sollen dazu dienen, eine mögliche Umweltexposition in aber auch außerhalb von Agrarökosystemen vorhersagen und die spezifischen Monitoringaspekte (z. B. Mo-

onitoringräume, spezifische Erhebungsparameter, Intervalle etc.) daran ausrichten zu können. Da das Ausbreitungsverhalten von Kulturpflanzen stark durch ihre Biologie determiniert wird, müssten bestehende Modellierungen an die jeweilige Kulturpflanze, ihr Anbausystem, aber auch an das jeweilige veränderte Merkmal und evtl. Charakteristika der Genom-Editierung angepasst werden. Das ist insbesondere zu beachten, wenn Pflanzen betroffen sind, die über Merkmale verfügen, die mittels klassischer Transgenese bisher nicht erzielt worden sind (z. B. bestimmte Krankheitsresistenzen), oder in anderen Anbausystemen als bisher kultiviert werden (z. B. Gartenbau). So werden bei Genom-Editierung von Pflanzen des geschützten Erwerbsobstbaus (z. B. Apfelbäume) bzw. in geschützter Produktion (z. B. Salat- oder Tomatenkulturen) andere Anforderungen an eine Modellierung der Verbreitung gestellt werden, als an Kulturpflanzen, die auf den Ackerbau beschränkt sind. Wesentlich ist dabei auch, dass Schlüsselaspekte der Verbreitung, wie beispielsweise die phänologische Entwicklung (Blüh- und Reifezeitpunkte), sowie Samenparameter (z. B. Keimungsparameter bzw. Samendormanz, Sterilität) Berücksichtigung finden (siehe z. B. empirisches Modell von Habekotté 1997).

Folgende Aspekte sollten bei Modellierungen des Verbreitungsverhaltens genom-edierter Pflanzen berücksichtigt bzw. angepasst werden:

- phänologische Pflanzenentwicklung;
- Überwinterungsfähigkeit;
- Ausbildung von Durchwuchspflanzen („volunteers“) bzw. Wildpopulationen („ferals“);
- Spezifische Ausbreitungsbiologie inkl. Pollenverbreitung und Samenverluste;
- Spezifisches Anbaumanagement / typische Fruchtfolgen;
- Genotyp, Vererbung des GE-Merkmals;
- Relevante Kulturmaßnahmen (z. B. Herbizidanwendungen);
- Bodenaspekte (falls relevant);
- wildverwandte Hybridisierungspartner (falls relevant).

### 3.4.2 Modellierungen genom-edierter Tiere

Neue Methoden der Genom-Editierung werden auch bei Nutz- und Haustieren wie Rind, Schwein, Huhn, Ziege oder Schafen eingesetzt (siehe 3.1.2). Darüber hinaus werden eine Reihe von Fischarten beforscht, der Großteil betrifft Meeresfische (z. B. Lachs, Thunfisch, Makrele, Sardellen) oder (sub)tropische Fischarten (z. B. *Tilapia*). Relevant für Mitteleuropa sind Genom-Editierungen an karpfen- sowie forellenartigen Fischen. Hier wird vor allem an Wachstumssteigerungen bzw. gesteigertem Muskelwachstum oder an Krankheitsresistenzen geforscht. Wildtiere sind zudem im Rahmen der Forschungen zu Gene Drive Organismen relevant. Dabei sind die Forschungen bei Vektoren von Humanpathogenen (*Anopheles* sp., *Aedes* sp. und *Culex* sp.), sowie landwirtschaftlichen Schädlingen (Kirschessigfliege *Drosophila suzukii*, Mittelmeerfruchtfliege *Ceratitis capitata*) und invasiven Arten (z. B. Hausmaus *Mus musculus*) am weitesten fortgeschritten (CSSR, ENSSER, VDW 2019).

Modellierungen des Vorkommens und der Verbreitungen wildlebender Tiere benötigen die Kenntnis jener Faktoren, die ihre Verbreitung wesentlich beeinflussen. Bei wildlebenden Tieren haben neben abiotischen vor allem auch biotische Variablen einen wesentlichen Einfluss auf die Verbreitung, wie beispielsweise die Verfügbarkeit von Nahrungsorganismen, Prädato-

ren und Pathogenen. Wisz et al. (2013) geben einen Überblick über die Rolle biotischer Interaktionen für die Verbreitung von Organismen und wie diese in Verbreitungsmodellierungstools integriert werden können. Modellierungen zur Verbreitung von Wildtieren sind generell auf das jeweilige Taxon bzw. die konkrete Forschungsfrage zugeschnitten.

### 3.4.2.1 Fische

Als Teil eines Berichts im Auftrag der EFSA zur Umweltrisikobewertung transgener Fische erstellten Cowx et al. (2010) eine Übersicht zum Stand der Forschung zu transgenen Fischarten. Darin wird die Nutzbarkeit existierender Modelle zur Abschätzung der Etablierung und Invasivität transgener Fische evaluiert (Cowx et al. 2010). Die Autoren verweisen dabei auf eine Reihe von Modellen, die entwickelt wurden, um die Etablierung nicht-heimischer Arten vorherzusagen. Diese wurden bezüglich einer Anwendung bei transgenen Fischen geprüft. Unter anderem soll dies erlauben, Probennahmen auf jene Bereiche zu fokussieren, wo eine Etablierung der jeweiligen Art wahrscheinlich ist. Sie diskutieren dabei Modelle, die die Etablierung nicht-heimischer Arten vorhersehen und für invasive Arten („invasive alien species“) verwendet werden, und die für transgene Fische verwendet werden könnten. Dabei werden die speziellen Charakteristika der jeweiligen Art in Betracht gezogen, sowie die aufnehmende Umwelt und der Invasionsdruck („propagule pressure“) berücksichtigt.

Grundsätzlich ist eine Reihe von Problemen bei den bestehenden Modellierungen für Fische evident. Es sind derzeit keine robusten Modelle zur Vorhersage der Etablierung und Invasivität von Fischen verfügbar, vor allem aufgrund der Unsicherheit der dahinterliegenden Annahmen. Zudem sind derzeit keine spezifischen Modelle der Etablierung von transgenen Fischen in der Umwelt verfügbar, wiewohl solche für die Vorhersage möglicher ökologischer Konsequenzen vorhanden sind (Tabelle 14 in Cowx et al. 2010, siehe auch AHTEG 2020). Modelle, die auf biologischen Merkmalen der jeweiligen invasiven Art oder Umweltvariablen beruhen, sind weitgehend retrospektiv und somit für transgene Fische nicht anwendbar. Auch ökologische Nischenmodelle sind prinzipiell geeignet, um die Modellierung transgener Fische zu ermöglichen (z. B. die mögliche Verbreitung eines GV-Merkmals, das die Toleranz einer Umweltvariable, z. B. Temperatur, erhöht). Dies trifft allerdings nicht zu, wenn die Verbreitung durch biotische Interaktionen limitiert wird, was bei transgenen Fischen mit veränderten Wachstumsseigenschaften relevant sein kann. Weiterhin ist der Invasionsdruck ein wesentlicher Vorhersageparameter der Etablierung einer invasiven Art. Auch Populationsgefährdungsmodelle können zur Vorhersage des Aussterbens von Arten durch die Etablierung transgener Fische verwendet werden, sind jedoch noch nicht ausgereift.

### 3.4.2.2 Vektoren

Vorhersagen zu Verbreitungspotenzialen von Organismen, die Erreger von Infektionskrankheiten übertragen (Vektoren), sind für die EU verfügbar. Das „European Centre for Disease Prevention and Control“ (ECDC) verfügt über eine Datenbank zur Verbreitung und dem Vorkommen von Vektoren in der EU (ECDC 2022). Sie dient der Überwachung der Einfuhr, Etablierung und Verbreitung wichtiger Vektoren. Mittels räumlicher Modellierung werden Verbreitungskarten für unterschiedliche Vektorarten in der EU erstellt, sowie Habitate auf Ihre Eignung evaluiert. Auf globaler Ebene werden Modellierungen verwendet, um die zukünftige Verbreitung von Vektoren unter Klimawandelbedingungen zu evaluieren (z. B. Samy et al. 2016). Sie identifizierten Regionen, wo ein Vorkommen dieser Vektorart wahrscheinlich ist und einem verstärkten Monitoring unterzogen werden sollte (z. B. Westeuropa).

Erfahrungen mit der Modellierung unterschiedlicher Moskito-Arten gibt es zudem aus der Anwendung der Sterilen Insekten Technik (SIT). Gemäß FAO (2019) ist die SIT eine Methode der Schädlingskontrolle, mittels großflächiger, inundativer Freisetzung steriler Insekten, um die Reproduktion einer Feldpopulation der gleichen Art zu reduzieren. Diese Methode wird bei einer Vielzahl an Organismen angewandt. Bei Vektorpopulationen (z. B. Moskitos) ist das Ziel, die Population unter eine epidemiologisch relevante Schwelle zu reduzieren und so die Übertragung der Humanpathogene (z. B. *Plasmodium*) zu minimieren. Mathematische Modellierungen für SIT Anwendungen zielen vorrangig auf die Vorhersage von Populationsdynamiken und der Effektivität der Anwendung unter verschiedenen Aspekten, wie z. B. unvollständiger Sterilität, Fehlen von kompetitivem Verhalten von sterilen Männchen, Interaktionen zwischen sterilen Männchen und fertilen Weibchen etc. (Anguelov et al. 2012, Patinvoh & Susu 2014 und Referenzen darin). Diese sind für Planung und Ausführung von SIT Programmen wesentlich. Barclay (2021) gibt einen ausführlichen Überblick über die Anwendung von mathematischen Modellen bei SIT.

### 3.4.2.3 Mäuse

Hausmäuse (*Mus musculus* Komplex) sind auf der ganzen Welt verbreitet. Als Kommensalen des Menschen leben sie in den unterschiedlichsten Habitaten. Die großräumige Verbreitungsgeschichte sowie kleinräumige Verbreitungsmuster, wie z. B. die Hybridzone der zwei Subspezies in Mitteleuropa, werden meist mittels molekulargenetischer Methoden untersucht (z. B. Āureje et al. 2012, Suzuki et al. 2013). Modellierungen betreffen vor allem invasive Hausmauspopulationen. Diese Modelle werden als Managementtool von Mausplagen im Getreideanbau in Australien angewandt (Pech et al. 1999).

### 3.4.2.4 Insekten (Pflanzenschädlinge)

Das Management und Vorhersagen zur Verbreitung landwirtschaftlicher Pflanzenschädlinge kann anhand von Modellierungen im Zuge der Umweltrisikobewertung verbessert werden (Chapman et al. 2015). Modellierungen können Risikogebiete identifizieren, biotische und abiotische Faktoren, die die Verbreitung beeinflussen, identifizieren, Auswirkungen der Schädlinge abschätzen, sowie unterschiedliche Managementstrategien bewerten. Chapman et al. (2015) geben eine Übersicht über verfügbare Modellierungen unterschiedlicher Pflanzenschädlinge mit Relevanz für die EU, wie beispielsweise Insekten, Pilze, Viren, Viroide, Bakterien, Phytoplasmen, Nematoden und Milben, sowie invasive, Unkraut- und parasitische Pflanzen. Lantschner et al. (2018) fand 33 unterschiedliche Nischenbasierte Modelle für die Modellierung der Verbreitung von 420 Arten von Schädlingen, Krankheitserregern, Pathogenen und ihren Kontrollorganismen in der Land- und Forstwirtschaft, oder bei Nutztieren. Die Modellierungen bezogen sich dabei vorrangig auf die Verbreitung außerhalb ihres Verbreitungsgebietes (Lantschner et al. 2018). Am häufigsten wurden dabei die wichtigsten Schädlinge von Kulturpflanzen betrachtet, die sich in unterschiedlichen Regionen der Welt verbreiten (z. B. Mittelmeerfruchtfliege *C. capitata*).

### 3.4.2.5 Eignung bestehender Modellierungen für das Monitoring genom-editierter Tiere

Modellierungen der Verbreitung von Tieren werden für die vielfältigsten Zwecke eingesetzt. Im Gegensatz zu gentechnisch veränderten Pflanzen fehlen Erfahrungen zur Modellierung zur Verbreitung, Etablierung und Invasivität gentechnisch veränderter Tiere. Zudem sind vorhandene Modellansätze aus der Forschung zu invasiven Arten retrospektiv und daher für genomeditierte Tiere wenig geeignet. Generell kann festgehalten werden, dass vor allem die Verbrei-

tung von Krankheitsvektoren für Mensch (z. B. Mosquitoarten) oder Pflanze (z. B. Pflanzenschädlinge) in Europa einer starken Beobachtung unterliegt und daher Modellierungsarbeiten zu ihrer Verbreitung vorliegen. Auch die SIT kann als Ansatzpunkt dienen, wobei allerdings der Fokus – je nach Taxon – auf tropischen und subtropischen Regionen liegt. Ansätze zur Verbreitungsmodellierung von Vektorarten für die EU sind daher entsprechend anzupassen. Bei wildlebenden Tieren wie Fischen oder Hausmäusen handelt es sich um bereits in der Umwelt etablierte Organismen in Europa, ohne pathogener Relevanz, daher dienen Verbreitungsmodellierungen für diese Organismen – sofern vorhanden – oft anderen (Forschungs-)Zwecken.

Generell sollten bei Modellierungen für das Monitoring der Verbreitung von GE-Tieren folgende Aspekte berücksichtigt werden:

- die speziellen Charakteristika und Life-History-Merkmale des jeweiligen Taxons/der jeweiligen Artengruppe;
- die jeweilige Ursprungs- bzw. Herkunftsregion (ursprünglich/eingeführt-invasiv), sowie die aufnehmende Umwelt (in welche der Organismus freigesetzt wird);
- Kenntnis der ökologischen Nische des Taxons (in Zusammenhang mit dem GE-Merkmal);
- die relevante räumliche und zeitliche Auflösung (z. B. der Verbreitung);
- abiotischen und biotische Variablen, die einen Einfluss auf die Verbreitung des jeweiligen Organismus haben (z. B. Nahrungsorganismen, Prädatoren, Pathogene).

## **4 Priorität 2: Überprüfung von Konzepten zum Monitoring von GVO-Umweltwirkungen**

Priorität 2 dient dazu, Konzepte zur Erfassung von Umweltwirkungen genom-editierter Organismen auf globaler Ebene zu recherchieren (siehe 4.1) sowie bestehende nationale Konzepte zum GVO-Monitoring in Deutschland übersichtlich darzustellen (siehe 4.2) und ihre Anwendbarkeit für das Monitoring von genom-editierten Organismen zu überprüfen (siehe 4.3).

### **4.1 Konzepte zur Erfassung von Umweltwirkungen genom-editierter Organismen auf globaler Ebene**

Fragen des Monitorings von Umweltwirkungen stehen derzeit nicht im Vordergrund der Diskussion um genom-editierte Organismen. Insbesondere aufgrund möglicher unbeabsichtigter Effekte sowie dem schnellen Züchtungsfortschritt von GE-Organismen wird die Notwendigkeit eines Monitorings jedoch auch im internationalen Kontext angesprochen (Friedrichs et al. 2019).

Sowohl in der EU, als auch in anderen europäischen und außereuropäischen Ländern sind Monitoringverpflichtungen beim Inverkehrbringen von GVO gesetzlich verankert (z. B. Brasilien, Australien, Neuseeland, Norwegen, Südafrika, Schweiz), die auch für GE-Organismen von Relevanz sein können, sofern diese nicht von der GVO-Gesetzgebung ausgeschlossen sind (z. B. SDN-1 Anwendungen). Auch die Leitlinien zur Risikobewertung im Rahmen des Cartagena Protokolls über die Biologische Sicherheit enthalten Vorgaben zum Monitoring (SCBD 2016). Daher ist davon auszugehen, dass auch andere Länder Monitoringkonzepte zumindest andeuten oder bereits entwickeln.

Die Recherche bezüglich verfügbarer Monitoringkonzepte für GE-Organismen umfasste folgende Punkte:

- Literatursuche und Auswertung relevanter Literaturstellen (google scholar, sciencedirect; Ergebnisse ab 2017); search terms: “genome-edited organisms” OR “genome-editing” OR “genome-edited crops” AND “environmental monitoring” OR “monitoring”;
- Kontaktaufnahme mit Stakeholdern von Behörden aus Ländern mit Monitoringverpflichtung bei der Freisetzung bzw. dem Inverkehrbringen von GVO (z. B. BCH National focal points) bzw. einer Einstufung von genom-editierten Organismen als GVO.

#### **4.1.1 Monitoring genom-editierter Organismen**

Das Monitoring möglicher Umwelteffekte genom-editierter Organismen wird bisher kaum in der wissenschaftlichen Literatur angesprochen. Die Diskussionen und Analysen betreffen vorrangig die Regulierung, die Risikobewertung, Risikomanagement, Koexistenz, Kennzeichnung und Nachweis von genom-editierten Organismen, nicht jedoch das Monitoring von Umwelteffekten (z. B. Eckerstorfer et al. 2019b, Entine et al. 2021, Eriksson et al. 2020a, b, c, Menz et al. 2020, Ribarits et al. 2021a, b).

Die Annahme einer höheren Sicherheit genom-editierter Organismen aufgrund des Einsatzes neuer Techniken im Vergleich zu klassischen GVO bedingt in einigen Ländern unterschiedliche Einschätzungen bezüglich der Notwendigkeit und Umsetzbarkeit einer Regulierung genom-editierter Organismen bzw. ihrer Einstufung als GVO (Menz et al. 2020). Ohne Zulassungsverfahren fällt somit auch die Notwendigkeit einer Überwachung möglicher Umwelteffekte nach dem Inverkehrbringen – falls diese bereits für GVO vorgesehen ist – weg. Dies betrifft derzeit

insbesondere genom-editierte Pflanzen, die schwer oder nicht von solchen unterscheidbar sind, die mittels traditioneller Methoden hergestellt wurden (z. B. Duensing et al. 2018). Im Zusammenhang mit der Regulierung von genom-editierten Organismen spielt auch die Frage der Nachweisbarkeit dieser Organismen für die Rückverfolgbarkeit und das Monitoring eine Rolle, was zum Teil als Argument für die schwierige Umsetzung einer Regulierung bzw. des Produktmonitorings angeführt wird (Agapito-Tenfen et al. 2018, Duensing et al. 2018).

Neben unterschiedlichen Risiken durch die Techniken an sich, wird auch der schnelle (Züchtungs)fortschritt bei der Anwendung von Genom-Editierung als mögliches Risiko in der Literatur erwähnt. Eine Überwachung von Risiken genom-editierter Organismen wird aufgrund möglicher unbeabsichtigter Effekte, v.a. bei der Kombination gezielter Modifikationen, gefordert (HCB 2017). Dies kann sowohl ökologische, aber auch agro-ökologische, ökonomische und soziale Auswirkungen beinhalten (HCB 2017). In diesem Zusammenhang wird das Auftreten unbeabsichtigter Effekte aufgrund der Beschleunigung des Züchtungsprozesses durch Genom-Editierung genannt, die durch ein Monitoring überwacht werden sollten (Friedrichs et al. 2019, HCB 2017). Auf OECD-Ebene wurde der schnellere Züchtungsvorgang als wesentliches neues Merkmal der Genom-Editierung identifiziert, dessen Auswirkungen nur durch Monitoring berücksichtigt werden können (Friedrichs et al. 2019).

Eine Anpassung des regulatorischen Rahmens für genom-editierte Organismen in der EU sollte auch das der Zulassung nachgelagerte Monitoring berücksichtigen (Agapito-Tenfen et al. 2018). In diesem Zusammenhang wird auf mögliche unbeabsichtigte bzw. unerwartete Effekte der Genom-Editierung (z. B. off-target Effekte) hingewiesen, die über ein Monitoring nach Inverkehrbringen überprüft werden sollten (Agapito-Tenfen et al. 2018). Die Kritik anderer Autoren bezüglich der Eignung der derzeitigen Regulierung von GVO für genom-editierte Organismen lässt allerdings die derzeit gültigen EU Monitoringverpflichtungen außer Acht (Eriksson et al. 2020c).

#### **4.1.2 GVO-Monitoring in Ländern außerhalb der Europäischen Union**

Monitoringverpflichtungen bei dem kommerziellen Inverkehrbringen von GVO sind außerhalb der Europäischen Union in einer Reihe von Ländern gesetzlich verankert (siehe Tab. 13). Dazu zählen z. B. die Schweiz, Norwegen, Neuseeland, Südafrika, Australien und Brasilien (Eckerstorfer et al. 2019). Aufgrund des in vielen Ländern bis dato noch ungeklärten regulatorischen Status von genom-editierten Organismen ist derzeit nur eingeschränkt beurteilbar, ob ein für GVO verpflichtendes Monitoring von Umwelteffekten auch für genom-editierte Organismen zur Anwendung kommt. Bisher hat kein Land völlig neue spezifische Vorgaben für genom-editierte Organismen festgelegt, die unabhängig von der existierenden Biosicherheitsgesetzgebung gelten (Eckerstorfer et al. 2019b). In mehreren Ländern wurden technische Überarbeitungen der existierenden GVO-Gesetzgebung durchgeführt, die auch Ausnahmen festlegen, z. B. für bestimmte Anwendungen ohne rekombinanter DNA (SDN-1, SDN-2; z. B. Argentinien, Brasilien) oder Ausnahmen für SDN-1 Anwendungen (z. B. Australien). Davon sind produkt-orientierte Regulierungen wie in Kanada und den USA zu unterscheiden, die eine Fall-zu-Fall Entscheidung auf Basis des veränderten oder eingebrachten Merkmals und der jeweiligen Kriterien für die Regulierung bzw. Ausnahme beinhalten (z. B. aufgrund der Neuartigkeit des Merkmals). Für die vorliegende Analyse sind daher insbesondere jene Länder von Interesse, deren GVO-Gesetzgebung bereits Monitoringverpflichtungen vorsieht (Tab. 13).

Wie in der Europäischen Union ist in der Schweiz und in Norwegen ein verpflichtendes Monitoring nach Inverkehrbringen von GVO vorgesehen. In der Schweiz wurde ein Moratorium für

den kommerziellen Anbau von GVO in Landwirtschaft, Gartenbau und Forstwirtschaft 2021 für vier Jahre verlängert. Genom-Editierungstechniken werden derzeit als Techniken der genetischen Veränderung eingestuft (OECD 2020). Die Diskussionen um eine Regulierung von genom-editierten Organismen umfasst eine mögliche Kategorisierung von Produkten und Technologien in unterschiedlichen Risikoklassen (Menz et al. 2020). In Norwegen wurde vom Norwegische Biotechnology Advisory Board eine Re-Evaluierung des Biotechnologie-Gesetzes vorgeschlagen (Menz et al. 2020). In beiden Ländern gibt es derzeit keine spezifischen gesetzlichen Grundlagen für die Regulierung von genom-editierten Organismen bzw. die Festlegung von Ausnahmen bestimmter Anwendungen von den bestehenden regulatorischen Vorgaben.

In Südafrika muss der Zulassungsinhaber von GVO ein fallspezifisches Monitoring für eine bestimmte Zeitperiode durchführen, um die Ergebnisse der Risikobewertung zu bestätigen. Zusätzlich ist ein langfristiges Monitoring vorgesehen. Da derzeit die GVO-Vorgaben für genom-editierte Organismen angewendet werden, trifft dies auch für das Monitoring zu (Eckerstorfer et al. 2019). Dies betrifft derzeit alle Anwendungen der Genom-Editierung (B. Durham, pers. Komm.). Neben dem verpflichtenden Monitoring im Rahmen spezifischer GVO-Zulassungen, die der Antragsteller durchführen muss, führt das South African National Biodiversity Institute eine allgemeine Beobachtung von Umwelteffekten des GVO-Anbaus durch (Masehela et al. 2016). Diese Vorgaben wären auch bei einem Anbau von GE-Organismen relevant (B. Durham, pers. Komm.). So wurden z. B. von 2008-2010 die Anbau- bzw. Landnutzungsflächen unterschiedlicher GVO in Südafrika überwacht (Masehela et al. 2016).

Ebenso enthält das Biosicherheitsgesetz in Kenia Vorgaben für ein Monitoring bei der Freisetzung von GVO. Ein „Post Release Monitoring Manual“ ist derzeit in Ausarbeitung (OECD 2020). Derzeit hat Kenia keine Richtlinien oder spezifische Gesetzgebung für die Regulierung genom-editierter Organismen (OECD 2020). Auf nationaler Ebene finden derzeit Konsultationen statt, sowie die Entwicklung von Richtlinien, ob bzw. welche genom-editierten Organismen als GVO reguliert werden sollen (J. Muchiri, pers. Komm.).

In Brasilien legen das Biosicherheitsgesetz und die Resolutionen Nr. 5 und Nr. 9 die Bedingungen für das Monitoring nach kommerzieller Freisetzung fest. 2018 wurde das Biosicherheitsgesetz ergänzt, um genom-editierte Organismen berücksichtigen zu können (OECD 2020). Die Resolution Nr. 16 enthält einen Konsultationsprozess für eine Fall-zu-Fall Entscheidung des regulatorischen Status genom-editierter Organismen. Sofern keine rekombinante DNA vorhanden ist, werden Anwendungen mittels SDN-1, SDN-2 oder ODM nicht als GVO eingestuft (Menz et al. 2020).

Australien hat im April 2019 eine Überarbeitung seines nationalen Gesetzgebungsrahmens zur Biotechnologie durchgeführt. Darin werden SDN-1 Anwendungen von der Regulierung ausgenommen, alle anderen (ODM, SDN-2 und SDN-3) werden als GVO reguliert (Menz et al. 2020). Die zuständige Behörde (OGTR) überprüft die Sicherheit kommerzieller GVO nach der Zulassung in Form eines „post-release review“. Dieser entspricht jedoch keinem Monitoring von Umwelteffekten, sondern einer Überprüfung einer möglichen Risikoänderung aufgrund neuer Informationen durch den Zulassungsinhaber, die Öffentlichkeit, oder neuer Literatur (OGTR 2018).

In Neuseeland werden nach einem Urteil des Höchstgerichts alle genom-editierten Organismen, die mittels Mutagenese-Techniken hergestellt wurden, als GVO eingestuft (Fritsche et al. 2018, Menz et al. 2020). Im Falle einer bedingten Freisetzung („conditional release“) werden auch „Kontrollen“ möglicher nachteiligen Effekte der Freisetzung des GVO (und somit

auch des genom-editierten Organismus) von der zuständigen Behörde auferlegt (T. Strabala, pers. Komm.). Allerdings sind derzeit keine Erfahrungen mit diesen Kontrollen von Umwelteffekten von GVO vorhanden, da bis dato kein GVO für die Freisetzung in die Umwelt zugelassen wurde.

In Kanada ist keine generelle Gesetzgebung für genom-editierte Organismen vorhanden. Die Regulierung bezieht sich auf das finale Produkt und nicht den Prozess, mit welchem der jeweilige Organismus hergestellt wurde. Der regulatorische Auslöser ist die Neuartigkeit des Merkmals bzw. der Merkmale (Ellens et al. 2019). Bei der Freisetzung von Pflanzen mit neuartigen Merkmalen insbesondere bei herbizid-, insekten- oder krankheitstoleranten Pflanzen, kann ein „environmental stewardship plan“ als Teil der Sicherheitsbewertung verlangt werden. Die inkludiert die sichere Verwendung der Pflanzen mit neuartigen Merkmalen. Dieser Plan muss auch unbeabsichtigte bzw. unvorhergesehene Effekte berücksichtigen. Die Umsetzung durch den Antragsteller wird nicht aktiv überwacht, Zulassungen werden nur neu bewertet, sofern neue Informationen verfügbar sind, die unerwartete Effekte vermuten lassen (COGEM 2019).

Tab. 13: Länder mit gesetzlichen Verpflichtungen für das Monitoring von GVO bei Freisetzung in die Umwelt (verändert nach Eckerstorfer et al. 2019b), sowie kontaktierte Institutionen

Land	Gesetzl. Grundlage für das Monitoring	Kontaktierte Institutionen
Australien	Gene Technology Act (2000), Food Standards Australia New Zealand Act, suppl. Regulations, e.g. Gene Technology Regulation (2001)	Office of the Gene Technology Regulator (OGTR)
Brasilien	National biosafety law 11.105/2005, normative resolutions, Resolution No 16	Comissão Técnica Nacional de Biossegurança (CTNBio)
Kanada	Directive 94-08 Assessment Criteria for determining environmental safety of plants with novel traits (1994)	Canadian Food Inspection Agency, Plant Biosafety Office, Biosafety Clearing House, National Focal Point
Kenia	Biosafety Regulations (environmental release) (2011)	National Biosafety Authority
Neuseeland	Hazardous Substances and New Organisms Act (HSNO Act 1996), Food Standards Australia New Zealand Act, suppl. Regulations; Hazardous Substances and New Organisms (Methodology) Order (1998)	New Zealand Environment Protection Agency, Sustainability Council
Norwegen	Gene Technology Act (1993), Regulations for Risk Assessment	Biosafety Clearing House, National Focal Point for Norway
Schweiz	Gene Technology Act (2003), Release Ordinance (2008)	Bundesamt für Umwelt (BAFU)
Südafrika	GMO Act, National Environmental Management Biodiversity Act (2004)	Agricultural Research Council National Department of Science and Innovation South Africa

### 4.1.3 Schlussfolgerungen

Bisher sind keine Konzepte für ein Monitoring von Umwelteffekten genom-editierter Organismen verfügbar. Weder die Literaturrecherche noch die Kontaktaufnahme mit relevanten Stakeholdern aus ausgewählten Ländern, in denen ein Monitoring aufgrund der derzeitigen regulatorischen Einstufung dieser Organismen denkbar wäre, haben Hinweise auf die Existenz

bzw. Entwicklung von Monitoringkonzepten für genom-editierte Organismen geliefert. Dies ist unter anderem auf die derzeitige Unsicherheit der regulatorischen Einordnung unterschiedlicher Techniken und Anwendungen genom-editierter Organismen in vielen Ländern zurückzuführen. In den Ländern, in denen bereits Monitoringverpflichtungen für GVO vorhanden sind, würde eine Einstufung genom-editierter Organismen als GVO möglicherweise weitere Überlegungen bezüglich des Monitorings nachsichziehen. Hingegen ist nicht zu erwarten, dass in Ländern, in denen bestimmte Anwendungen von einer Regulierung ausgenommen werden, eine Überwachung von Umwelteffekten stattfindet.

#### **4.2 Darstellung nationaler Konzepte zum GVO Monitoring**

Die unter Mitwirkung des BfN seit 2005 erstellten GVO-Monitoringkonzepte und Richtlinien sind in Tab. 25 sowie Tab. 26 zusammengefasst. Das Format dieser Monitoringkonzepte lässt sich grob in die Formate „Tagungsband“, „Forschungsbericht“, „Methodenrichtlinie“, „wissenschaftliche Publikation“ oder „Positionspapier“ einordnen. Insgesamt wurden 2 Tagungsbände (mit 23 relevanten Einzelbeiträgen), 9 Forschungsberichte, 14 Methodenrichtlinien, 13 wissenschaftliche Publikationen und 2 Positionspapiere recherchiert (Überschneidungen sind möglich).

Neben der Einteilung in die Kategorien wurden bei der Zusammenstellung der Arbeiten die Punkte „Inhalt“, „Raumbezug“, „Schutzziele“, „Prüfpunkte“ und „Methoden“ berücksichtigt. Die genaue Referenzangabe und – falls vorhanden – eine begleitende wissenschaftliche Publikation werden ebenfalls aufgelistet (Tab. 25). Der Hauptanteil der BfN-Studien wurde bis 2016 veröffentlicht, in den letzten 5 Jahren erschienen nur noch vereinzelt BfN-Publikationen zum GVO-Monitoring (Abb. 1). Die Mehrzahl der BfN-Publikationen behandelt allgemein die Gesamtfläche Deutschlands oder spezifisch den Agrarraum, nur vereinzelt sind speziell Gewässer oder Produktionsstätten und Transportwege der GVO abgedeckt.

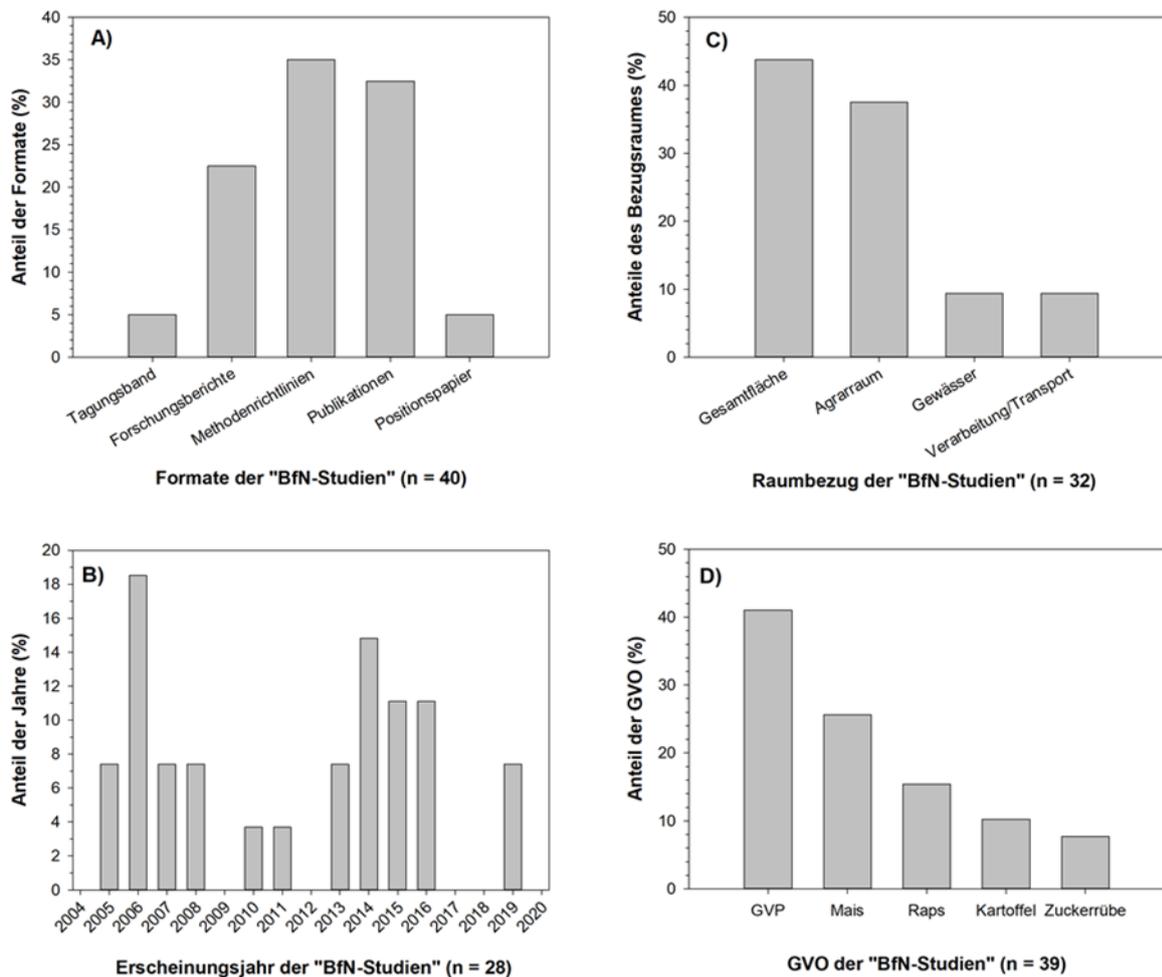


Abb. 1 Formate (A), Erscheinungsjahr (B), Raumbezug (C) und behandelte GVO (D) in den Monitoringkonzepten und Richtlinien unter Mitwirkung des BfN („BfN-Studien“); Mehrfachnennungen sind möglich.

An gentechnisch veränderten Organismen sind nur gentechnisch veränderte Pflanzen (GVP) berücksichtigt, am häufigsten GVP allgemein, dahinter folgen Mais und Raps (siehe Abb. 1). Als Monitoringparameter wurden eine breite Palette von Nichtzielorganismen adressiert, am häufigsten die Flora bzw. Vegetation gefolgt von Schmetterlingen, Avifauna und Bodenfauna (Abb. 2). Aquatische Organismen fanden relativ wenig Berücksichtigung.

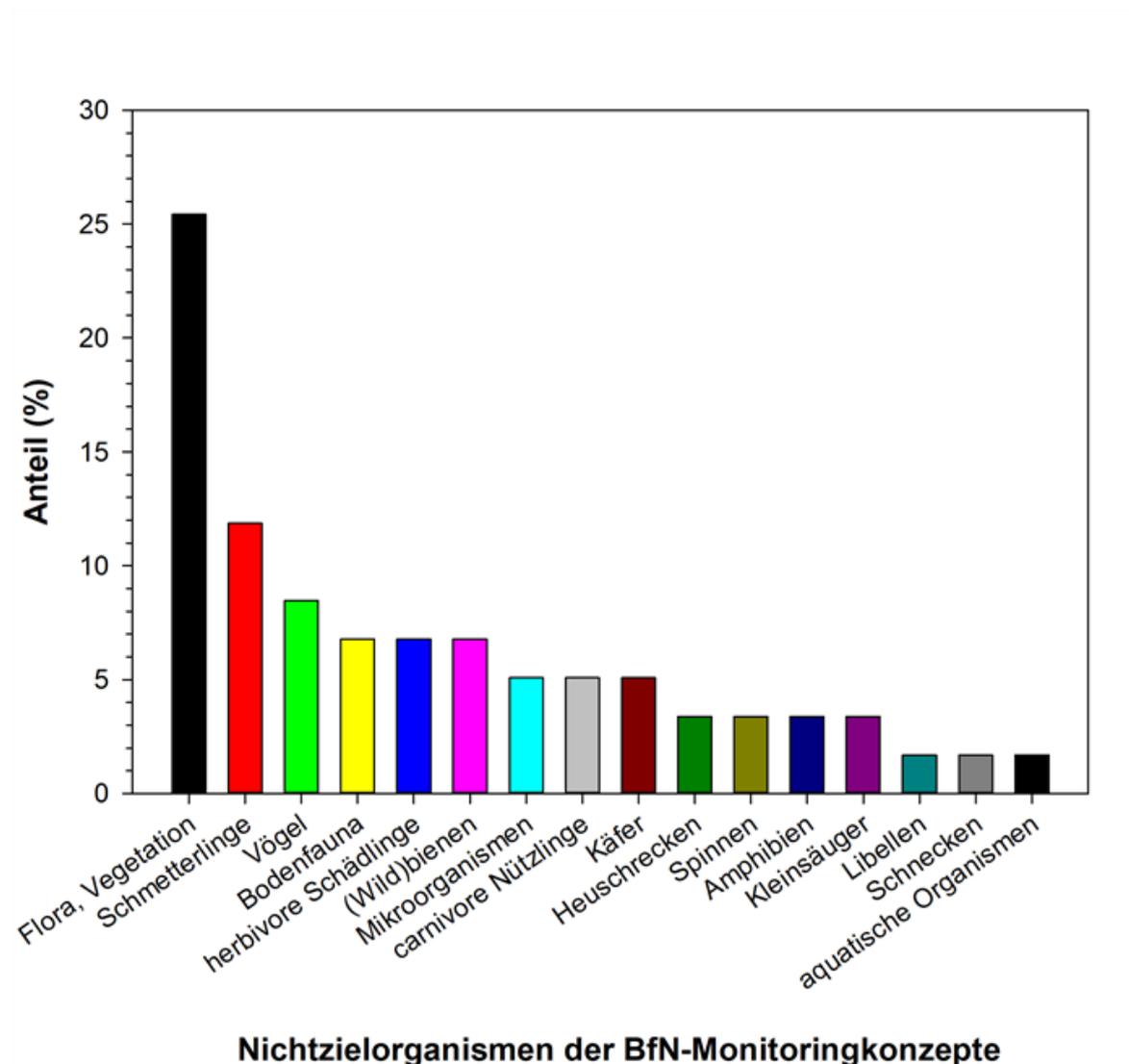


Abb. 2 Prozentualer Anteil behandelter Nichtzielorganismen in den Monitoringkonzepten und Richtlinien unter Mitwirkung des BfN („BfN-Studien“); Mehrfachnennungen sind möglich.

Unabhängig von der Methode der klassischen Gentechnik oder der Genom-Editierung ist die Beobachtung und Dokumentation der Exposition, der Persistenz und der Ausbreitung der gentechnisch veränderten Organismen in der Umwelt und der dadurch bedingten ökologischen Wirkungen ein wichtiger Aspekt des Monitorings. Die Kenntnis der Umweltexposition ermöglicht eine frühzeitige Feststellung von Wirkräumen und –orten des GE-Organismus bzw. GVO. Zur Überwachung dieser Aspekte müssen geeignete Prüfpunkte, Parameter und Methoden evaluiert und festgelegt werden. Dies umfasst beispielsweise die Auswahl von Indikatorarten, Nachweismethoden und den Flächenbezug des Monitorings. Aufgrund dessen ergeben sich die Schwerpunkte der bisherigen BfN-Monitoringkonzepte (die Nummern bezeichnen die in Anhang Tab. 25 aufgelisteten Arbeiten):

- Nachweis und Monitoring von gentechnisch veränderten Organismen oder GV-Produkten (Tab. 25, Nr. 3b, 6, 7, 8g, 9, 16, 22, 23, 26, 27, 28);
- Auswahl von Probeflächen und Indikatoren für ein GVO-Monitoring (Tab. 25, Nr. 2, 3a-o, 4, 8a, 8b, 8c, 10, 25, 26, 28);

- Einbindung von bereits bestehenden Monitoringprogrammen in ein GVO-Monitoring (Tab. 25, Nr. 8g, 8h, 19, 20, 21).

„Biodiversität“ ist das am häufigsten abgebildete Schutzziel eines GVO-Monitorings und schlägt sich insbesondere in den Arbeiten zur Erfassung von Tier- und Pflanzengruppen nieder (Tab. 25, Nr. 4, 8a, 11, 12, 13, 17, 18, 19, 20, 21, 24, 25). Daneben existieren weitere Arbeiten von eher allgemeinerer Natur wie grundlegende Überlegungen und rechtliche Rahmenbedingungen oder Erläuterung von Hintergründen und Rahmenbedingungen zu einem GVO Monitoring (Tab. 25, Nr. 1, 5, 14, 15, 28). Die bisherigen Studien zum GVO-Monitoring unter Mitwirkung des BfN decken mit 43% der Arbeiten am häufigsten den Bezugsraum der Agrarlandschaft ab (Acker, Grünland, Feldrand oder allgemeiner landwirtschaftlicher Raum), gefolgt von Schutzgebieten (8 %), Industrieflächen und Verkehrswegen (8 %), Gewässer (5 %) und Wald (3 %). Bei einem Gutteil der Arbeiten (33 %) ist entweder der gesamte, potentiell betroffenen Raum berücksichtigt (z. B. bei Konzepten zur Flächenauswahl) oder zwar der Bezugsraum nicht explizit benannt, aber erkennbar auf die Gesamtfläche anwendbar (z. B. Pollenmonitoring).

Die zwei Tagungsbände (Tab. 25, Nr. 3 und 8) stammen aus den Jahren 2006 und 2007 (Breckling et al. 2007, Graef et al. 2006a). Sie behandeln im Wesentlichen die Auswahl der Monitoringflächen, die Messnetzplanung und die Auswahl von Indikatoren für ein GVO-Monitoring sowie grundsätzliche Konzepte und Fallbeispiele. Auffällig ist auch hier wieder der Schwerpunkt auf den Agrarraum und den Anbau von GV-Nutzpflanzen, während Wirkungsorte außerhalb der landwirtschaftlich genutzten Flächen unterrepräsentiert sind: Forst, Schutzgebiete und Gewässer werden jeweils nur in unter 10 % der Tagungsbeiträge explizit behandelt. Die grundsätzlichen Überlegungen und Konzepte in diesen Tagungsbänden sind prinzipiell auf ein GE-Monitoring übertragbar, da sie generischer Art und nicht zwingend auf bestimmte Organismen oder die gewählten Fallbeispiele beschränkt sind. Dies beinhaltet beispielsweise das prinzipielle Vorgehen bei einer Messnetzplanung und der Raumauswahl (z. B. Berhorn et al. 2006, Breckling 2006, Bühler 2006, Dolezel 2006, Middelhoff et al. 2007), grundsätzliche Anforderungen an die Auswahl von geeigneten Indikatororganismen (z. B. Bühler 2007; Hilbeck et al. 2007), statistische Aspekte und Auswertungen (Lang 2006, Bühler 2007) oder rechtliche und regulatorische Anforderungen (z. B. Sukopp & Weddeling 2007, Zipperle 2006, Züghart & Benzler 2008). Aufgrund des länger zurückliegenden Publikationsdatums sind jedoch zahlreiche Fakten und Überlegungen inzwischen weiterentwickelt worden, oft unter Beteiligung der damaligen TeilnehmerInnen. So wird etwa in den Tagungsbänden die Berücksichtigung und Einbeziehung bestehender Monitoringprogramme in ein GVO-Monitoring in mehreren Beiträgen behandelt (z. B. Fiebig et al. 2007, Graef et al. 2006b). Dies ist prinzipiell relevant und adäquat. Inzwischen sind aber zahlreiche Monitoringprogramme vor allem im Biodiversitätsbereich weiterentwickelt worden bzw. sind neu hinzugekommen, zum Beispiel das neue Monitoring häufiger Brutvögel des Dachverbands Deutscher Avifaunisten (DDA) (Grüneberg et al. 2017), das Tagfaltermonitoring des Umweltforschungszentrums Leipzig (Kühn et al. 2020), aber auch die verschiedenen neu entwickelten Programme und Konzepte des BfN (Ackermann et al. 2020, BfN & BLAK 2017a, b, Hünig & Benzler 2017, Meyer et al. 2020). Diese neuen Monitoringprogramme müssen für ein GE-Monitoring, sofern geeignet, berücksichtigt werden. In den Tagungsbänden behandelte Vorüberlegungen und Konzepte zur Standardisierung und Harmonisierung von Methoden für ein GVO-Monitoring (z. B. Pascher et al. 2007, Peichl & Theenhaus 2006) sind mittlerweile weiter fortgeschrieben und umfassend ausgearbeitet worden (siehe Lang et al. 2019a, Pascher et al. 2020, Schuch et al. 2020, Züghart et al. 2013).

Ebenso wurde seit den Tagungen (z. B. Hilbeck et al. 2007) das grundlegende, generische Vorgehen zur Auswahl von geeigneten, fallspezifischen Indikatorarten für ein GVO-Monitoring maßgeblich vervollkommen und optimiert, inklusive exemplarischer Fallbeschreibungen (z. B. Hilbeck et al. 2014, Lang et al. 2020). Der Ansatz, im Rahmen einer Tagung oder eines Workshops betreffende Fachpersonen zu den neuesten Entwicklungen vortragen und diskutieren zu lassen, ist jedoch sehr sinnvoll und hilfreich. Dies wäre aktuell auch für ein Monitoring von GE-Organismen in Betracht zu ziehen, um den aktuellen Stand von Programmen und Konzepten zum Monitoring von Umweltwirkungen darzustellen und deren Verwendbarkeit für GE-Monitoring zu überprüfen und zu diskutieren.

Die Forschungsberichte zu den Forschungsvorhaben des BfN wurden meist in den BfN-Skripten publiziert und behandeln

- die Flächenauswahl für ein GVO Monitoring (Middelhoff et al. 2006);
- die Auswahl geeigneter Indikatoren (Meier & Hilbeck 2005);
- die Anwendbarkeit verschiedener Biodiversitäts-Monitoringprogramme zur Bodenfauna, zu Schmetterlingen und Avifauna (Lang et al. 2008, 2014, Römbke et al. 2014, Sudfeldt & Trautmann 2015);
- ein Rapsmonitoring bei Import (Wedlich et al. 2016);
- eine konzeptionelle Studie mit Rapsmonitoring als Fallbeispiel (Zünd et al. 2019).

Bis auf drei Berichte sind alle Publikationen aus dem Jahr 2014 oder jüngeren Datums und erscheinen sowohl vom Inhalt als auch der Aktualität prinzipiell – mit gewissen Einschränkungen – für ein Monitoring von genom-editierten Organismen anwendbar.

Middelhoff et al. (Tab. 25, Nr. 4) verwendeten den Begriff „Ökologische Flächenstichprobe“ (ÖFS) im Sinne eines bundesweiten Biodiversitätsmonitorings. Teilkomponenten der ÖFS wurden in den Bundesländern Brandenburg, Berlin und Thüringen erprobt, tatsächlich implementiert ist die ÖFS aber bis heute nur in Nordrhein-Westfalen. Die ÖFS wurde seinerzeit als Monitoringinstrument des Naturschutzes vom Statistischem Bundesamt zusammen mit dem BfN entwickelt. Die bundesweiten Probeflächen wurden vom Statistischen Bundesamt als repräsentativ für die verschiedenen Landnutzungs- und Standorttypen in Deutschland im Rahmen einer stratifizierten Stichprobenziehung gezogen (Heidrich-Riske 2004). Middelhoff et al. evaluierten die konzeptionelle Möglichkeit, die ÖFS für ein potentielles GVO-Monitoring zu nutzen. Aufgrund der seither stattgefundenen Entwicklung im Bereich GVO- und Biodiversitäts-Monitoring sind weitgehende Bereiche des Forschungsberichtes heute jedoch nicht mehr auf dem neuesten Stand. Auch die Kostenabschätzungen für ein GVO-Monitoring auf Grundlage der ÖFS sind nicht mehr als zeitgemäß anzusehen. Zum Zeitpunkt des Berichtes in 2006 waren einige heutige Monitoringprogramme zur Biodiversität noch nicht existent bzw. nicht auf dem gegenwärtigen Stand, wie z. B. das Fauna-Flora-Habitat Monitoring (FFH-Monitoring) und das Monitoring häufiger Brutvögel. Die bundesweit repräsentativen Stichprobenflächen des Statistischen Bundesamtes wurden seither für mehrere neu entwickelte und implementierte Monitoringprogramme berücksichtigt und bilden deren räumliche Grundlage, z. B. für das Monitoring häufiger Brutvögel (MhB) (Grüneberg et al. 2017), das HNV-Farmland-Monitoring (Hünig & Benzler 2017) sowie die geplanten Programme des Insektenmonitorings (Schuch et al. 2020) und des Ökosystem-Monitorings (Ackermann et al. 2020). Das heißt, einige der im Bericht von Middelhoff et al. aufgegriffenen und besprochenen Aspekte sind zwischenzeitlich bereits umgesetzt.

In Meier & Hilbeck (Tab. 25, Nr. 2) wird die risikoanalyse-gestützte Identifizierung von Indikatorarten für ein GVO-Monitoring am Beispiel von gentechnisch verändertem Raps und Mais behandelt. Die hierbei identifizierten Indikatorarten sind damit auf die im vorliegenden Bericht gewählten GE-Fallbeispiele zwar nicht direkt übertragbar, das prinzipielle Vorgehen bei der Selektion der Arten über geeignete Auswahlkriterien (z. B. geographische, räumliche und zeitliche Exposition gegenüber GVP-Anbau) ist jedoch generischer Art. Es sollte aber berücksichtigt werden, dass auf dem Feld der Selektion von Indikatorarten im Rahmen von GVO im letzten Jahrzehnt viel geforscht und publiziert wurde, und insbesondere der Ansatz von Meier & Hilbeck bedeutend weiterentwickelt wurde, so dass der Stand der Forschung inzwischen darüber hinaus geschritten ist (siehe z. B. Gillund et al. 2013, Hilbeck et al. 2008, 2017, Lang et al. 2020, Lövei et al. 2021). In einem Fachworkshop des BfN wurde die aktualisierte Selektionsmethode für Indikatorarten von Meier & Hilbeck an dem Fallbeispiel *Bt*-Mais getestet und weiter verbessert (Hilbeck et al. 2014). Die bisherigen methodischen Konzepte zur Indikatorauswahl fokussieren jedoch hauptsächlich auf die Risikoanalyse und nicht auf ein Monitoring, auch wenn es im Artenspektrum der Indikatoren eine gewisse Überlappung zwischen den beiden Bereichen gibt. Aber insbesondere geschützte und seltene Arten werden durch die o.g. methodischen Verfahren vernachlässigt. Eine Anpassung an die Bedürfnisse eines Biodiversitäts-Monitorings ist daher notwendig, wie z. B. die Berücksichtigung von gefährdeten Arten und der Nachweisbarkeit im Feld (Baudrot et al. 2020), wofür ein neuer GVO-Monitoring-Workshop einen Beitrag leisten könnte.

Die in den Forschungsberichten beschriebenen faunistischen Erhebungsmethoden und Erhebungsstandards sowie die vorgeschlagenen Indikatorarten bzw. Indikatorgruppen (Avifauna, Tagfalter, Bodenfauna) sind als weitgehend aktuell zu bewerten und auf ein GE-Monitoring übertragbar (Tab. 25, Nr. 11, 19, 20 und 21). Grundsätzliche Analysen und Konzepte zum Erhebungsdesign, zur Baseline und Referenzstandorten oder statistischen Auswertungen (Tab. 25, Nr. 11, 19, 20) bieten wertvolle Hinweise und Kriterien auch für die Konzeption eines GE-Monitorings. Allerdings ist der Fokus in diesen Arbeiten wiederum eng auf den Agrarraum beschränkt sowie auf gentechnisch veränderte Nutzpflanzen mit direkten oder indirekten schädlichen Wirkungen auf Nichtzielorganismen (herbizid- und insektenresistenter Mais). Der enge Blickwinkel auf einen Teilausschnitt des Agrarraumes und auf nur eine Nutzpflanzenart mit einer spezifischen toxischen Umweltwirkung wird in der Forschungsstudie zur Abschätzung von GVO-Effekten auf aquatische Ökosysteme besonders deutlich (Tab. 25, Nr. 25): das generelle Vorgehen zur Auswahl prioritärer, exponierter Gewässerökosysteme ist zwar prinzipiell auf andere Situationen übertragbar, wird hier aber lediglich auf den Anbau von *Bt*-Mais angewandt und analysiert. Auch die ökotoxikologischen Experimente dieser Studie beziehen sich nur auf Pflanzenmaterial von *Bt*-Mais. Ähnlich liegt der Fall für das Forschungsvorhaben zu einem Monitoring von für den Import zugelassenem, transgenem Raps (Tab. 25, Nr. 26). Das beschriebene Schema zur Festlegung des Untersuchungsgebietes, die Festlegung des Zeitraumes der Beprobungen, das Vorgehen bei der Probenahme würde man bei einem GE-Monitoring ähnlich anwenden, wurde in der Studie aber nur für Raps berücksichtigt und getestet.

Sieben der Forschungsberichte (Tab. 25, Nr. 11, 19, 20, 25 und 26) wurden auch – zumindest in Teilen – in wissenschaftlichen, peer-reviewed Fachzeitschriften veröffentlicht (Bundschuh et al. 2016, Franzaring et al. 2016, Hilbeck et al. 2008, 2017, Lang et al. 2008, 2016, Toschki et al. 2015). In denjenigen Fällen, in welchen diese Publikationen erst eine geraume Zeit nach Fertigstellung des Forschungsberichtes erschienen, können zumindest die Literaturliste und in

mancher Hinsicht auch die Methodik oder die Schlussfolgerungen aktueller oder neue Aspekte berücksichtigt worden sein.

Im technischen Bericht von Zünd et al. (2019, Tab. 25, Nr. 28) wird speziell das Monitoring von spontan auftretenden Populationen gentechnisch veränderter Pflanzen (Durchwuchs, Verwildern, Auskreuzung) am Fallbeispiel von transgenem Raps behandelt. Da es im Rahmen eines GVO-Monitorings unerheblich ist, auf welche Weise und mit welcher Technik die Pflanzen gentechnisch verändert wurden, ist der Bericht auch auf das Monitoring auftretender GE-Nutzpflanzen übertragbar. Im Bericht von Zünd et al. fließt ein Gutteil der Erkenntnisse, Schlussfolgerungen und Konzepte älterer BfN-Berichte und BfN-Publikationen ein, neben anderer relevanter und aktueller Literatur, so dass dieser technische Bericht gleichsam als Stand der Forschung sowie Quintessenz zum Monitoring gentechnisch veränderter Pflanzen aus Sicht des BfN gesehen werden kann. In einem formalisierten und standardisierten Verfahren wird eine Priorisierung gentechnisch veränderter Pflanzen vorgenommen, d. h. anhand von Selektionskriterien die Wahrscheinlichkeit beurteilt, inwieweit mit dem Import ein Umweltrisiko verbunden sein könnte. Diese Selektionskriterien umfassen beispielsweise biologische Charakteristika der Pflanzen wie Auswilderung, Kreuzung mit Wildverwandten, zusätzlich ihre Import-, Transport- und Handelswege sowie Produktionsstätten sowie wahrscheinliche Orte des Auftretens. Die Priorisierung wird mittels standardisierter Entscheidungsbäumen und Fließdiagrammen vorgenommen. Daran anschließend und darauf aufbauend wird die Monitoringstrategie entwickelt, wie z. B. Festlegung des räumlichen Bezugs des Monitorings, Ziele und Prüfparameter des Monitorings, Monitoringdesign sowie anzuwendende Methoden der Erfassung und Auswertung. In einem Fallbeispiel für den Import von transgenem Raps wird das Vorgehen exemplarisch verdeutlicht und konkretisiert. Der Bericht von Zünd et al. fokussiert zwar auf den Import von gentechnisch veränderten Pflanzen, das konzeptionelle Vorgehen zur Bestimmung der Exposition und der Auswahl der Beobachtungsfläche und der konkreten Monitoringplanung ist jedoch auch auf den Anbau (statt Import) von gentechnisch veränderten Pflanzen sowie GVO außerhalb der Pflanzen anwendbar. Die Konzepte dieses technischen Berichtes können als eine Art Blaupause auch für ein GE-Monitoring gesehen werden, würden aber eine Anpassung erfordern, beispielsweise wenn der Anbau (und nicht nur der Import) von GV-Pflanzen überwacht oder tierische GE-Organismen statt Pflanzen beobachtet werden sollen.

In einem Positionspapier (Tab. 25, Nr. 14, Züghart et al. 2011) von 2011 werden die grundsätzlichen Hintergründe und Anforderungen an ein Monitoring von gentechnisch veränderten Organismen u. a. aus Sicht des BfN dargestellt. Es werden die generellen und rechtlichen Grundlagen für ein GVO-Monitoring, das Zusammenspiel mit der Risikobewertung, allgemeines und fallspezifisches Monitoring, die Entwicklung eines Monitoringplans, Verwendung bereits bestehender Umweltüberwachungsprogramme, Auswahl von Indikatoren und der aktuelle Wissensstand behandelt. Mit Ausnahme der zum Zeitpunkt der Publikation 2011 existierenden Überwachungsprogramme und anderer nicht mehr aktueller Fakten, wie z. B. der Stand der in der EU beantragten Anträge für GVO („pending applications“), treffen viele Inhalte und Konzepte prinzipiell auch für ein Monitoring von genom-editierten Organismen zu. Insbesondere wird im Dokument die Relevanz eines Referenzwertes („baseline“), die Bestimmung der Exposition gegenüber dem GVO und daraus abzuleitende Indikatoren hervorgehoben. Speziell betont wird, dass die Erfassung der Exposition und der GVP-Produkte ein wesentliches Element der Monitoringpläne sein sollte. Weitere Vorschläge und Konzepte werden zum Aufstellen von

Wirkungshypothesen, zum erforderlichen Raumbezug und der Überwachungsdauer präsentiert. Ebenso wird darauf hingewiesen, dass die Eignung der vorhandenen Monitoringsysteme hinsichtlich ihrer Nutzungsmöglichkeit für ein GVO-Monitoring besser evaluiert werden muss. Ausführlich werden die Inhalte und Grenzen des fallspezifischen Monitorings („case-specific monitoring“) und der allgemeinen Überwachung („general surveillance“) dargestellt und Unterschiede und Überschneidungen herausgearbeitet. Das Positionspapier bietet daher zwar keine konkreten Anweisungen speziell für ein GE-Monitoring an, aber viele der grundsätzlichen Konzepte sind übertragbar, im Sinne einer Handlungsanweisung, z. B. für die Berücksichtigung der Exposition und des Monitoringplans.

Ein anderes Positionspapier des BfN (BfN 2017) stellt den Standpunkt zu GE-Organismen aus Sicht des Naturschutzes in allgemeiner Form dar. Es formuliert naturschutzfachliche Überlegungen, Anforderungen und Empfehlungen, die Notwendigkeit eines Monitorings von GE-Organismen wird zwar erwähnt und betont, aber nicht weiter ausgearbeitet (weshalb dieses Positionspapier nicht in Tab. 25 aufgeführt ist).

Eine Besonderheit stellen die in Zusammenarbeit des BfN mit dem Verein Deutscher Ingenieure (VDI) erstellten Methodenrichtlinien dar (Forschungsvorhaben „Standardisierung des GVP-Monitorings“, FKZ 804 67 010). In diesem Projekt wurde ein geeignetes Regelwerk spezieller, auf das Monitoring von GV-Pflanzen abgestimmter Methoden in Form von „VDI-Richtlinien“ entwickelt und standardisiert. Diese „VDI-Richtlinien“ stellen ein Verfahren der technischen Regelsetzung dar, werden aufgrund ihres allgemein anerkannten Stellenwertes als „Stand der Technik“ angesehen und können als Entscheidungshilfen für die Exekutive dienen und ein gewisses Maß an Rechtssicherheit bieten (VDI 2006a, b, c, d, 2007, 2008, 2010, 2013, 2014a, b, 2015, 2016, 2019).

Die Rahmenrichtlinie VDI 4330, Blatt 1 (Tab. 25, Nr. 5) behandelt das übergeordnete Verfahren sowie das grundsätzliche Konzept und Design eines GVO-Monitorings, während alle übrigen VDI-Richtlinien die Methodik und das Vorgehen zur Erfassung konkreter Prüfpunkte nach dem neuesten, wissenschaftlichen und technischen Stand im Detail beschreiben. Das Spektrum der „VDI-Richtlinien“ zum GVO-Monitoring ist weit gestreut und umfasst z. B. Pollenmonitoring (Tab. 25, Nr. 7 und 9), Extraktion und Nachweis transgener DNA (Tab. 25, Nr. 6, 16 und 23), Vegetationsaufnahmen (Tab. 25, Nr. 12 und 27) oder die Erfassung verschiedener Tier(arten)gruppen (Tab. 25, Nr. 13, 17, 18 und 24). Die VDI-Richtlinien zur Erhebung von Tier(arten)gruppen sowie die Pflanzen- und Vegetationsaufnahmen dienen zur Überwachung des Schutzgutes „Biodiversität“, und die Methoden sind als weitgehend universell anzusehen, so dass diese Richtlinien mit gewissen Anpassungen auch für ein GE-Monitoring eingesetzt werden könnten. Anpassungen der Richtlinien könnten eventuell notwendig werden, wenn sie außerhalb des Agrarraumes angewandt werden sollen. Die Richtlinie VDI 4330, Blatt 9 zur Vegetationsaufnahme (Tab. 25, Nr. 12) gibt für viele Vegetationstypen Richtwerte für die Größe der Aufnahmefläche und den Erfassungszeitraum an, nicht abgedeckt wären jedoch beispielsweise Vegetationstypen von Siedlungsraum, Gärten und Parks, Produktionsstätten oder Transportwegen (Fluss, Straße, Bahn). In den VDI-Richtlinien VDI 4330, Blatt 13 zur Erfassung von Schmetterlingen (Tab. 25, Nr. 13), VDI 4332, Blatt 1 zur Erfassung von Wildbienen (Tab. 25, Nr. 24) sowie VDI 4331, Blatt 1 Erfassung der Bodenfauna sind die Probenahmedesigns stark auf die GVO-Anbaufläche abgestimmt (Acker und angrenzende Feldraine), so dass bei einem Monitoring von GVO abseits der Pflanzen und in Bezugsräumen außerhalb der Agrarlandschaft die Erfassungsprotokolle angepasst werden müssten. Beispielsweise könnte es in kleinräumigen und -strukturierten Siedlungsgebieten oder Gartenlandschaften notwendig

werden, die Transektlängen für die Tagfalterkartierung (1000 m) und die Wildbienenenerfassung (200 m) zu verkürzen; in dem Fall müsste dann die Anzahl bearbeiteter Transekte erhöht werden, um wieder die erforderliche Erfassungsintensität zu erreichen. Die Richtlinie VDI 4333, Blatt 1 zur Erfassung von Amphibien (Tab. 25, Nr. 18) fokussiert auf die Arten Erdkröte und Grasfrosch, eine Erfassung mittels Fangzäune, eine Erhebung von morphologischen Missbildungen bei Larven und die GVP-Anbaufläche, was für zahlreiche Ansprüche an ein GVO-Monitoring allgemein relevant sein wird, aber beispielsweise nicht für ein spezielles Monitoring von GE-Raubfischen und ihren Einfluss auf die Populationen von Amphibien (siehe unten). Die verschiedenen „VDI-Richtlinien“ zur Pollensammlung wurden seinerzeit mit dem Fokus auf transgenen *Bt*-Maispollen entwickelt. Sollte in einem GE-Monitoring die Überwachung von Pollen relevant werden, z. B. zur Feststellung einer Pollenexposition oder von potentiellen Auskreuzungswahrscheinlichkeiten, könnten die Richtlinien zum Pollensammeln entsprechend modifiziert und verwendet werden. Von unklarem Wert für ein mögliches Monitoring von genom-editierten Organismen erscheinen die „VDI-Richtlinien“ zum Nachweis von Nukleinsäuren und transgener DNA (Tab. 25, Nr. 6, 16, 22 und 23), zu sehr fokussieren diese Richtlinien auf den Nachweis von *Bacillus thuringiensis* und zu sehr haben sich die molekularbiologischen Methoden in den letzten 6 – 15 Jahren seit dem Erscheinen dieser „VDI-Richtlinien“ weiterentwickelt. Die Inhalte der molekularbiologischen VDI-Richtlinien sollten daher auf ihre Aktualität überprüft werden und gegebenenfalls von entsprechenden FachwissenschaftlerInnen aktualisiert werden.

In einem Sonderband des open-access Journals „BioRisk“ wurde in 2013 eine Reihe von „VDI-Richtlinien“ nach wissenschaftlichem Standard aufbereitet und peer-reviewed publiziert (Tab. 25, Nr. 13, 17, 18, 24, 27). Weitere eigenständige Publikationen (Nr. 1, 10), d. h. ohne zugrundeliegendes BfN-Forschungsvorhaben, sind älteren Datums und eher konzeptioneller Natur (Graef et al. 2005; Züghart et al. 2005, 2008). In jedem Fall unterstreichen die Publikationen in peer-reviewed Fachjournalen die Qualität und Relevanz der Arbeiten und Ergebnisse.

#### **4.3 Anwendbarkeit der GVO-Monitoringkonzepte für die Fallbeispiele**

In Priorität 1 (siehe Kapitel 3) wurden mögliche Umweltwirkungen von GE-Organismen auf die Biodiversität, sowie mögliche Expositionspfade und Wirkungsräume der GE-Organismen herausgearbeitet und beispielhaft dargestellt. Die ausgewählten Beispiele umfassten für Deutschland relevante kommerzielle Fälle und beinhalteten genom-editierte Tomaten, Apfelbäume, Süßwasserfische, Mikroalgen sowie ein gentechnisch verändertes Virus. Hier soll für diese Beispiele herausgearbeitet werden, ob und inwiefern die oben beschriebenen GVO-Monitoringkonzepte und -Methodenrichtlinien für ein Monitoring dieser Beispiele relevant und nutzbar sind. Arbeiten, Studien und Richtlinien unter Mitwirkung des BfN, die spezifisch auf die Erfassung eines identifizierten und gefährdeten Schutzgutes oder Prüfparameters anwendbar sind, werden bei den einzelnen GE-Fallbeispielen besprochen, sofern sie geeignet für das betreffende GE-Monitoring sind.

In Tabelle 25 (siehe Anhang, Tab. 25) sind sämtliche Arbeiten unter Mitwirkung des BfN aufgelistet, die einen Bezug zum GVO-Monitoring aufweisen. Ein großer Teil der in Tabelle 25 durchgeführten Studien und Arbeiten ist aber nicht (nur) spezieller Natur bezüglich eines einzelnen Schutzgutes oder Prüfparameters, sondern umfasst (auch) Beiträge zu Grundüberlegungen, Konzepten, rechtlichen Rahmenbedingungen oder auch allgemeiner Flächen- und Indikatorenauswahl eines GVO-Monitorings (Nr. 1, 2, 3a-o, 4, 5, 8a-i, 10, 13, 14, 15, 17, 19, 28). Diese eher konzeptionellen Arbeiten sind nochmals separat in Tabelle 26 (Anhang, Tab. 26)

zusammengestellt und werden bezüglich verschiedener Monitoringaspekte zur Übertragbarkeit auf ein GE-Monitoring verglichen. Diese konzeptionellen Studien behandeln zwar das Monitoring klassisch gentechnisch veränderter Organismen, sind aber in vielerlei Hinsicht auch auf den Fall genom-editierter Organismen übertragbar, sofern sie allgemeine Grundsätze eines GVO-Monitorings beinhalten. Eine Einschränkung ist jedoch, dass die Arbeiten zum GVO-Monitoring auf GV-Pflanzen beschränkt sind und zum überwiegenden Teil den Bezugsraum der Agrarlandschaft behandeln. Die verschiedenen Beiträge, Richtlinien und Schlussfolgerungen sind sehr gut in zwei Arbeiten aus den Jahren 2011 und 2019 zusammengefasst und umfassend präsentiert (Tab. 25, Nr. 14 und 28). Aufgrund ihres generischen Charakters bieten diese beiden Studien relevante Informationen und Handlungsanweisungen für die nachfolgend präsentierten GE-Fallbeispiele. Im Positionspapier von 2011 (Tab. 25, Nr. 14) werden das fallspezifische Monitoring und die allgemeine Überwachung sowie deren Interaktion dargestellt. Behandelt werden wesentliche Eckpunkte, Anforderungen und Empfehlungen für ein GVO-Monitoring, wie z. B. die zu überwachenden Schutzziele und Schutzgüter, aufzunehmende Prüfparameter, Indikatorenauswahl und die Einbindung bestehender Umweltüberwachungsprogramme. Der Bericht von Zünd et al. 2019 (Tab. 25, Nr. 28) ist noch konkreter formuliert und behandelt das Monitoring von spontan auftretenden Populationen genetisch veränderter Pflanzen, und ist damit prinzipiell anwendbar für die nachfolgenden Beispiele von GE-Tomaten und GE-Apfelbäumen. Die darin enthaltenen, allgemeinen Empfehlungen für die Planung und das Design eines GVO-Monitorings besitzen aber ebenso Relevanz für die übrigen GE-Fallbeispiele. Eine hohe Praxisanwendbarkeit ergibt sich durch die Entwicklung und Beschreibung eines systematischen Arbeitsablaufes (workflow) über mehrere aufeinander aufbauenden Schritte, die alle Schlüsselemente eines GVO-Monitorings abdecken: Indikatoren, Flächenauswahl, Stichprobenziehung, Probenahmestrategie, sowie Methodenauswahl für Freiland und Labor. Ein Fallbeispiel zum Monitoring von Raps illustriert und verdeutlicht den theoretischen Ansatz und das praktische Vorgehen.

#### **4.3.1 Genom-editierte Tomaten**

##### **4.3.1.1 Mögliche Umweltwirkungen**

Im Mittelpunkt der Forschung steht bei Tomaten die Veränderung von Merkmalen, welche die Entwicklung und den Stoffwechsel der Pflanzen, sowie die Toleranz biotischer und abiotischer Stressoren betreffen (Tab. 10). Zur Entwicklung von Schädlings- bzw. Insektenresistenzen, z. B. gegen phytophage Insekten, ist bisher nichts bekannt, so dass ein direkter schädlicher Effekt auf Nichtzielorganismen momentan eher ausgeschlossen scheint. Wild-verwandte Arten der Tomaten existieren in Deutschland nicht, so dass sich die Problematik einer Hybridisierung von GE-Tomaten mit natürlichen Kreuzungspartnern nicht ergibt. Mögliche nachteilige Effekte könnten jedoch für agronomische Schutzziele wie z. B. den Anbau alter Kultursorten relevant sein.

Allerdings kann die Genom-Editierung von inhaltsstofflichen Merkmalen, wie z. B. des GABA-Gehalts ( $\gamma$ -Aminobuttersäure) zu veränderten Umweltinteraktionen der Pflanzen führen. GABA spielt über verschiedene Mechanismen eine Rolle bei der Informationsvermittlung zwischen den Pflanzen und anderen Organismen, wie z. B. Pilzen, Bakterien, Nematoden und Insekten (siehe 3.2.1). Bei GE-Tomaten könnte dies eventuell die Interaktion mit Nichtzielorganismen beeinflussen, insbesondere im Zusammenhang mit Nützlingen und Bestäubern. Die Produktion von pflanzeigenen Botenstoffen kann z. B. Nützlinge bei Schädlingsbefall anlocken (vgl. Faria et al. 2007, Turlings et al 2005). Eine Änderung oder Reduktion der Produktion

von Botenstoffen könnte potenziell zu einem höheren Schädlingsbefall führen, was in Folge zu einer erhöhten Ausbringung von Insektiziden mit den einhergehenden schädlichen Effekten auf die Biodiversität führen könnte. In der Interaktion mit Blütenbestäubern könnten GE-Pflanzen attraktiver für Bestäuber wie z. B. Hummeln sein (z. B. Arpaia et al. 2011 für *Bombus terrestris*) mit der Folge reduzierter Bestäubungsleistung für andere Pflanzenarten.

Bisher erfolgte die (kommerzielle) Produktion von Tomaten in Mitteleuropa hauptsächlich in Gewächshäusern, bei erhöhter Umweltresistenz von Tomaten kann sich jedoch ein größerer Bezugsraum durch einen gesteigerten landwirtschaftlichen Anbau im Freien ergeben. Aber auch außerhalb der Landwirtschaft würden vermehrt Privaträume wie Gärten, Balkone und Kleingartenanlagen im Siedlungsbereich für den Anbau genutzt werden. Tomaten sind im Wesentlichen auf die Bestäubung von Hummeln angewiesen (sogenannte „buzz pollinators“; Carrasco et al. 2021). Dazu werden Hummelvölker in großem Maßstab produziert und in den Gewächshäusern eingesetzt. Viele kommerzielle Hummelvölker werden im Ausland gezüchtet und importiert, in Deutschland vornehmlich aus Belgien und den Niederlanden, aber auch weiteren europäischen Ländern (Ings et al. 2006, 2010, Hölzer & Hemmer 2019, Velthuis & Doorn 2006). Die hierfür am häufigsten gezüchtete und eingesetzte Art ist die Dunkle Erdhummel (*Bombus terrestris*), eine in Deutschland häufige, natürlicherweise vorkommende Hummelart (Westrich 2019). Die Zuchten der kommerziellen Hummelvölker stammen oft von Unterarten aus dem südeuropäischen Raum bzw. Nordafrika und Asien ab, wie beispielsweise die am häufigsten eingesetzte Unterart *B. t. dalmatinus* aus Griechenland und der Türkei (Hölzer & Hemmer 2019, Velthuis & Doorn 2006). Die Dunkle Erdhummel wird nicht nur im Gewächshaus eingesetzt, sondern auch in Freilandkulturen wie z. B. bei verschiedenen Obstsorten und Freilandgemüse (Koppert 2022). Falls durch eine gentechnische Veränderung der Anbau von Tomaten in Deutschland im Freiland möglich werden würde, z. B. durch Kältetoleranz oder frühere Fruchtreife (vgl. 3.2.1), würden sich durch einen vermehrten Tomatenanbau im Freien die Populationsdichten gezüchteter Erdhummeln im Freiland erhöhen (zumindest lokal). Aber auch Gewächshäuser bieten keine sichere Eindämmung der Hummeln (Ings et al. 2010), so dass auch dort durch eine Zunahme des Anbaus von GE-Tomaten vermehrt Erdhummeln freigesetzt würden. GE-Tomaten könnten zu einer Zunahme des Tomatenanbaus führen, wenn sich durch eine GE-Eigenschaft die Nachfrage erhöhen würde, z. B. durch gesundheitsfördernde Inhaltsstoffe oder durch Krankheitsresistenzen mittels GE-Eigenschaften der Anbau ökonomisch lohnenswerter würde (vgl. 3.2.1).

Die ökologischen Auswirkungen kommerziell angewandter und ausgebrachter Honigbienen und Hummeln werden seit längerem diskutiert (z. B. Goulson 2003, Ings et al. 2006, Steffan-Dewenter & Tscharrntke 2000, Whitehorn et al. 2013). Als mögliche und bereits nachgewiesene schädliche Umweltwirkungen sind bekannt (siehe auch Zusammenfassung in Dafni et al. 2010):

- Übertragung von Bienenparasiten und -krankheiten auf wildlebende Bienen, insbesondere wenn die Hummel- oder Bienenvölker aus dem Ausland eingeführt werden (Goulson & Hughes 2015, Mallinger et al. 2017);
- Kreuzung und Hybridisierung mit einheimischen, wilden *B. terrestris*, was zu einer Auslöschung heimischer Rassen in ihrer ursprünglichen Form führen könnte (Cejas et al. 2019, Ings et al. 2006, Gosterit & Baskar 2016);
- Konkurrenz zu einheimischen Wildbienen (und anderen Bestäuber-Gruppen wie z. B. Schmetterlingen) um Ressourcen wie Nektar, Pollen oder Nistplätze (Henry & Rodet 2018,

Ings et al. 2006, Lindström et al. 2016, Mallinger et al. 2017, Smit et al. 2021);

- Verdrängung anderer Hummelarten durch *B. terrestris*. Dies betrifft aber anscheinend vorrangig Regionen, in welchen *B. terrestris* vorher nicht vorkam (Mallinger et al. 2017);
- Veränderte Bestäubung und Samenproduktion von Blütenpflanzen durch die Anwesenheit von *B. terrestris* als effektiverer Bestäuber mit indirekten Auswirkungen auf die Zusammensetzung der Pflanzengesellschaften (Ings et al. 2006, Mallinger et al. 2017).

#### 4.3.1.2 Anwendbarkeit bestehender GVO-Monitoringkonzepte für genom-editierte Tomaten

Für folgende Monitoringaspekte ergibt sich ein vorrangiger Bedarf für genom-editierte Tomaten aufgrund des veränderten GABA-Stoffwechsels (vgl. Anhang Tab. 27 zu den geeigneten Arbeiten des BfN).

- Monitoringziel „Bestäuber“: Erfassung der Erdhummel (*B. terrestris*) und von weiteren Bestäubergruppen, insbesondere von Hummeln und Wildbienen, aber auch zusätzlicher Tierartengruppen wie z. B. Schmetterlinge (z. B. Hahn & Brühl 2016).

Hintergrund: Zunahme von Populationen der Erdhummel durch ihren kommerziellen Einsatz und dadurch bedingter Rückgang der natürlich vorkommenden Bestäubergemeinschaft.

Parameter: Erdhummel und Wildbienen (Imagines: Artenspektrum, Abundanz, Populations-trends), Schmetterlinge (Imagines und Larven: Artenspektrum, Abundanz, Populations-trends).

Raumbezug: Entsprechend dem Flugradius von Wildbienen in einem Umkreis um die Anbauflächen und Gewächshäuser mit GE-Tomaten, aber mindestens in einem Radius von 1 km (Henry & Rodet 2018) bis maximal 2–3 km (VDI-Richtlinie 4332 Blatt 1, Erfassung von Wildbienen).

Hierzu existieren zwei VDI-Richtlinien, die direkt anwendbar wären, die VDI-Richtlinie 4332 Blatt 1 für Wildbienen (Tab. 25, Nr. 24) und die VDI-Richtlinie 4330 Blatt 13 für Schmetterlinge (Tab. 25, Nr. 13). Beide Richtlinien fokussieren auf Ackeranbauflächen und die Feldflur, können aber auch auf andere Wirkräume in Abhängigkeit vom Anbau von genom-editierten Tomaten angepasst werden. In der VDI-Richtlinie für Schmetterlinge ist eine Transektlänge von 1000 m angegeben, was in der Agrarfläche praktikabel ist, aber bei einem eventuellen Tomatenanbau im kleinräumig strukturierten Siedlungsbereich an räumliche Grenzen stoßen könnte, so dass die Transektlänge verkürzt werden müsste. Situationsbedingt ist auch bei der Richtlinie für die Wildbienen zu prüfen, ob die angegebene Transektlänge von 200 m umsetzbar ist. Zu berücksichtigen ist, dass durch eine Verkürzung von Transektlängen die Erfassungsintensität abnimmt, was durch eine Erhöhung in der Anzahl bearbeiteter Transekte kompensiert werden kann und muss (Lang et al. 2016, 2019a). In der VDI-Richtlinie für Schmetterlinge ist der Einsatz von sogenannten Lichtfallen zur Erfassung nachtaktiver Schmetterlinge beschrieben, bei deren Einsatz zu verhindern ist, dass ungewollt Arten aus benachbarten Habitaten angelockt werden. Daher wird vorgeschrieben, die Lichtfallen nur knapp über der Vegetation und mindestens 50 m von der jeweiligen Biotopgrenze entfernt zu platzieren, was in Bezugsräumen außerhalb eines großflächigen Agrarraumes und außerhalb von Ackerflächen unter Umständen problematisch ist. Für die Larvalerfassung der Schmetterlinge findet sich in VDI-Richtlinie 4330, Blatt 13 eine Fokusartenliste (Tab. 25, Nr. 13), die auf den Wirtspflanzen der Raupen beruht. Für Bezugsräume außerhalb des Agrarraumes muss diese Liste auf etwa-

ige Änderungen oder Ergänzungen entsprechend des zu bearbeitenden Bezugsraumes überprüft werden. Zur Anpassung der VDI-Methodenrichtlinien kann weitere Literatur zu den betreffenden Erfassungsmethoden herangezogen werden (z. B. BfN 2019, Schuch et al. 2020, Trautner 1992). Zu beiden VDI-Richtlinien existieren wissenschaftlich publizierte Artikel in BioRisk (Lang et al. 2013, Schindler et al. 2013). Für Schmetterlinge sind zwei weitere Artikel in Fachzeitschriften publiziert (Lang et al. 2011, 2016). Für weitere eventuell ebenfalls relevante, blütenbesuchende Insekten existieren keine Richtlinien oder GVO-Monitoringkonzepte unter Mitwirkung des BfN (z. B. für Schwebfliegen, weitere Fliegen und Mücken, Käfer), aber eine Methodensammlung (Schuch et al. 2020).

Die Überwachung der im Tomatenanbau kommerziell eingesetzten *B. terrestris* wäre notwendig, um frühzeitig ein Entkommen und eine Etablierung der Art im Freiland zu erkennen sowie für den Nachweis einer Ursache-Wirkungs-Beziehung zwischen *B. terrestris* und Veränderungen in anderen Bestäuberpopulationen. Eine Erfassung der Erdhummel ist prinzipiell durch die VDI-Richtlinie 4332 Blatt 1 zu den Wildbienen (Tab. 25, Nr. 24) abgedeckt, falls die eingesetzten Subspezies über morphologische Merkmale identifizierbar wären. Allerdings ist die VDI-Richtlinie daraufhin optimiert, ein möglichst breites Artenspektrum arbeits- und kosteneffizient zu erfassen, und fokussiert nicht auf einzelne Arten. Deshalb wäre zusätzlich eine speziell auf die Erfassung dieser einen Art angepasste Methodik sinnvoll, z. B. eine gezielte Nestersuche im Offenlandbereich (vgl. Ings et al. 2006). Allenfalls könnten die kommerziell eingesetzten *B. terrestris* auch über – noch zu entwickelnde – DNA-Marker identifiziert und überwacht werden.

- Monitoringziel „Nützlinge“: Erfassung von räuberischen Arthropoden wie zum Beispiel ausgewählten Käferfamilien (Coleoptera), Schwebfliegen (Syrphidae), Florfliegen (Neuroptera), Wanzen (Heteroptera).

Hintergrund: Die Veränderung des GABA-Gehalts in GE-Tomaten kann dazu führen, dass weniger „Nützlinge“ im Tomatenanbau vorhanden sind (s. o.). Die Nahrungskonkurrenz zu den eingesetzten Erdhummeln (s. o.) kann ebenfalls zu einer Reduktion von blütenbesuchenden Nützlingen führen. Eine verminderte Schädlingsbekämpfung aufgrund reduzierter Nützlingspopulationen kann einen erhöhten Insektizideinsatz zur Folge haben, mit negativen Konsequenzen auf die Biodiversität allgemein.

Parameter: Hauptgruppen der „Nützlinge“ in der Landwirtschaft wie Marienkäfer (Imagines, Larven), Schwebfliegen (Imagines, Larven), Florfliegen (Larven), räuberische Wanzen (alle Stadien), hymenoptere Parasitoide (Imagines, Blattlausmumien), Spinnentiere (alle Stadien): Artenspektrum, Abundanz, Populationstrends.

Raumbezug: In den Anbauflächen selbst als auch in ihrem Umfeld. Analog zum Wirkradius der Effekte durch Bienen (Henry & Rodet 2018, siehe oben) wird ein Umkreis von mindestens 1 km bis zu 2–3 km vorgeschlagen (VDI-Richtlinie 4332 Blatt 1).

Nützlinge fallen allgemein unter das Schutzziel „Pflanzengesundheit“ und sind daher in der Regel Bestandteil eines „Agrarmonitorings“ der landwirtschaftlichen Institutionen (siehe z. B. Hertz 2021). Im Zuge eines Biodiversitäts-Monitorings und der Überwachung von Ökosystem-Dienstleistungen fallen aber auch bestimmte „Nützlinge“ unter Nichtzielorganismen, so dass es hier zu Überschneidungen in den Schutzzielen „Pflanzengesundheit“ und „Biodiversität“ kommen kann. Bisher war die Erfassung von „Nützlingen“ nicht Gegenstand der Konzepte des BfN zu einem GVO-Monitoring. Im kürzlich erschienenen BfN-Schriftenband „Erfassungsmethoden für ein Insektenmonitoring“ (Schuch et al. 2020) sind jedoch einige Nützlingsgruppen

berücksichtigt, z. B. Netzflügler (Neuroptera), Wanzen (Heteroptera), Schwebfliegen (Syrphidae), Grabwespen und Blattlausparasitoide (Hymenoptera), Laufkäfer (Carabidae) und Webspinnen (Araneae).

- Monitoringziel „Pflanzengesellschaften“: Erfassung des Inventars der Blütenpflanzen (Vegetationsaufnahme).

Hintergrund: Eine Zunahme von kommerziell eingesetzten Erdhummeln kann zu Verschiebungen in der Betäubungsleistung unterschiedlicher Blütenpflanzen führen, z. B. weil bestimmte Pflanzenarten durch die Hummeln bevorzugt und effektiver bestäubt oder andere Bestäubergruppen durch Konkurrenz reduziert werden. Dies kann eine indirekte Auswirkung auf die Pflanzengesellschaften zur Folge haben (Goulson 2003, Ings et al. 2006, Mallinger et al. 2017).

Parameter: Inventar, Deckungsgrad, Vitalität der Blütenpflanzen.

Bezugsraum: In den Anbauflächen selbst als auch in ihrem Umfeld. Analog zum Wirkradius der Effekte durch Bienen (Henry & Rodet 2018, siehe oben) wird ein Umkreis von mindestens 1 km bis zu 2–3 km vorgeschlagen (VDI-Richtlinie 4332 Blatt 1).

Zum Monitoring von Veränderungen in den Pflanzengesellschaften existiert die VDI-Richtlinie 4330 Blatt 9 „Erfassung der Diversität von Farn- und Blütenpflanzen (Tab. 25, Nr. 12). Die VDI-Richtlinie deckt nicht nur die Erfassung der Vegetation im Agrarraum ab, sondern auch eine Vielzahl von nicht-landwirtschaftlichen und natürlichen Habitattypen. Siedlungsraum und Verkehrswege sind jedoch von der Richtlinie nicht abgedeckt und müssten für ein GE-Monitoring angepasst werden, unter anderem der Erfassungszeitraum und die Größe der Aufnahmefläche der Stichproben. Abgesehen von dieser Einschränkung ist die VDI-Richtlinie 4330 Blatt 9 für ein Monitoring von GE-Tomaten einsetzbar.

- Monitoringziel: „Verwilderung von GE-Tomaten“.

Hintergrund: Tomaten können prinzipiell verwildern, was in Mitteleuropa aber wohl nur sporadisch erfolgt, z. B. auf Abfallhaufen, Kommunaldeponien sowie vor allem an Flussufern (z. B. Brandes 2003).

Parameter: Erfassung von Tomatenpflanzen (Vorkommen, Abundanz).

Raumbezug: Flächen in der Umgebung aktueller Anbaugelände (im 1 km-Radius gemäß VDI-Richtlinie 4330, Blatt 10), ehemalige Anbaugelände, Transportwege (Straßen, Bahn, Binnenhäfen, Flussufer) und Ablagerungsflächen, Flussufer sowie Privatgärten.

Zur Überwachung, ob verwilderte GE-Tomaten auftreten, kann die VDI-Richtlinie „Erfassung der Diversität von Farn- und Blütenpflanzen (VDI-Richtlinie 4330 Blatt 9, siehe oben) herangezogen werden. Gegebenenfalls muss die Richtlinie auf die neu hinzukommenden Wirkungsräume wie Siedlungen, Privatgärten, Umschlagplätze und Verkehrswege angepasst werden. Sinnvoller als eine allgemeine Vegetationsaufnahme ist aber in diesem Fall eine gezielte Nachsuche nach verwilderten GE-Tomaten, wie es in der VDI-Richtlinie 4330 Blatt 10 „Floristische Kartierung von gentechnisch veränderten Pflanzen (GVP), ihren Kreuzungspartnern und Kreuzungsprodukten“ beschrieben ist (Tab. 25, Nr. 27). Hierbei sind vorrangig die mutmaßlich wahrscheinlichsten Orte des Auftretens zu erfassen, siehe obigen „Raumbezug“ (vgl. Brandes 2002, 2007, 2016). Zum Nachweis des möglichen GE-Merkmals existieren unseres Wissens noch keine geeigneten molekularbiologischen Nachweismethoden. Zur allgemeinen Aufbereitung des zu beprobenden Pflanzenmaterials im Labor kann die VDI-Richtlinie 4330 Blatt 5 „Leitfaden zur Entnahme und Aufarbeitung von Pflanzenproben für die molekularbiologische

Analytik“ (Tab. 25, Nr. 23) herangezogen werden. Gegebenenfalls kann die VDI-Richtlinie 4330 Blatt 7 „Monitoring der Wirkungen gentechnisch veränderter Organismen (GVO) - PCR-Verfahren zum Nachweis gentechnisch veränderter Nukleinsäuren in der Umwelt“ allgemeine Hinweise zur DNA-Extraktion geben (Tab. 25, Nr. 6).

#### **4.3.1.3 Anwendbarkeit allgemeiner bzw. konzeptioneller Arbeiten des BfN zum GVO-Monitoring**

Die Konzepte in der Studie von Zünd et al. (2019; Tab. 25, Nr. 28) zum Monitoring spontan auftretender GV-Pflanzen sind auf ein Monitoring von GE-Tomaten übertragbar (vgl. Tab. 27), auch wenn dort als Fallbeispiel der Import von transgenem Raps behandelt wird. Insbesondere die Berücksichtigung der Exposition, d. h. die Auswahl der prioritär abzudeckenden Monitoringräume, nimmt einen großen Raum ein und ist für die konzeptionelle Planung eines Monitorings von GE-Tomaten relevant. Die präsentierten Entscheidungsbäume und Fließdiagramme können auf ein GE-Monitoring von Tomaten übertragen werden, ebenso wie das prinzipielle Procedere bei der Entwicklung der Monitoringstrategie, der Auswahl anzuwendender Erfassungsmethoden sowie die statistische Planung und Auswertung. Ähnlich ist in der Studie von Wedlich et al. 2016 (Tab. 25, Nr. 26) zumindest die Übertragbarkeit der Konzepte zur Festlegung des Untersuchungsgebietes und der Erfassung von verwilderten Populationen gegeben. In den Arbeiten von Züghart et al. von 2008 und 2011 (Tab. 25, Nr. 10 und 14) werden zwar keine konkreten Handlungsanweisungen, die direkt auf ein Monitoring von GE-Tomaten übertragbar wären, dargelegt. Die dargestellten, grundsätzlichen Überlegungen, Voraussetzungen und Kriterien für ein Monitoring von GV-Pflanzen bieten jedoch wichtige und hilfreiche Hintergrundinformationen.

Die verschiedenen Publikationen von Hilbeck et al. von 2008, 2014 und 2017 (Tab. 25, Nr. 2) zur Auswahl von Indikatoren unter den Nichtzielorganismen sind prinzipiell, aber nicht konkret, übertragbar. Zwar bezieht sich ein Teil der Arbeiten auf Indikatoren für eine Risikoanalyse, aber eine derartige Artenauswahl wird sich immer aufgrund von Überschneidungen auch auf ein GVO-Monitoring übertragen lassen. Denn auch für ein Monitoring von GE-Tomaten sind bei der Indikatorenauswahl die Exposition, die räumliche und zeitliche Überlappung mit den GVO, die ökologischen Funktionen der Nichtzielorganismen und ihr Schutzstatus relevante Selektionskriterien. Die dargestellten Selektionsmatrizen können verwendet werden, nicht jedoch die dort aufgelisteten Arten, die sich auf andere Kulturen (wie z. B. Mais, Raps, Kartoffel) und Bezugsräume (Fließgewässer) beziehen.

In den VDI-Richtlinien zur Erfassung der Schmetterlinge (Tab. 25, Nr. 13) und der Wildbienen (Tab. 25, Nr. 24) werden Konzepte für ein Monitoringdesign und eine Messflächenplanung dargestellt, wie die Erfassung der Ausgangslage (baseline) und Zeitreihen von Paarvergleichen zwischen GVO-Äckern und nicht GVO-Äckern (bzw. „GVO-Landschaften“). Diese Monitoringstrategie ist direkt auf die Überwachung von Nichtzielorganismen an Anbauflächen von GE-Tomaten übertragbar.

### **4.3.2 Genom-editierte Apfelbäume**

#### **4.3.2.1 Mögliche Umweltwirkungen**

Genom-editierte Bäume unterscheiden sich wesentlich von genom-editierten Ackerpflanzen. Sie sind langlebig, weniger domestiziert und stehen langfristig in komplexer Wechselwirkung mit ihrer Umwelt. Eine langfristige und verlässliche Prognose eines möglichen Risikos genom-

editierter Bäume für die biologische Vielfalt ist daher nur eingeschränkt möglich. Treten tatsächlich Schäden an der Umwelt auf, ist es voraussichtlich schwierig bis unmöglich, GE-Bäume wieder vollständig aus dem Ökosystem zu entfernen (Greiter et al. 2015). Im Vergleich zu bisher bearbeiteten Feldfrüchten ist für das Monitoring von genom-editierten Apfelbäumen daher zu berücksichtigen, dass es sich hier um eine langlebige Art handelt, die sich auch vegetativ vermehren kann und deren Anbau nicht nur auf den kommerziellen Bereich beschränkt ist (vgl. 3.2.2).

Vorrangiges Zuchtziel klassisch gentechnisch veränderter wie auch von genom-editierten Apfelbäumen sind Krankheitsresistenzen, vor allem die Entwicklung pilzresistenter Sorten gegen die zwei wichtigsten Pilzkrankheiten in Mitteleuropa, Feuerbrand und Apfelschorf. Eine Expression von neuen, toxischen Inhaltsstoffen ist aktuell keine erwünschte bzw. mittels Genom-Editierung bearbeitete Eigenschaft, daher sind direkte toxische Effekte auf Nichtzielorganismen und Nahrungsketten momentan nicht zu erwarten.

Bei einem Anbau von GE-Apfelbäumen wären zahlreiche Verbreitungswege möglich: über Pollen durch Bestäuber, über die Früchte durch Kleinsäuger und Vögel, Frucht- und Samenverluste bei Ernte und Transport, Verkauf und Vertrieb von genom-editierten Sorten über Baumschulen und Gartencenter, private Vermehrung und Handel (Zufallssämlinge, Schösslinge, Reiser), Ausbreitung der Samen über KonsumentInnen von Äpfeln, u. a. m.

Als mögliche schädliche Umweltwirkungen von genom-editierten Apfelbäumen wären potenziell denkbar (vgl. 3.2.2):

Auskreuzung (und Weitergabe der GE-Eigenschaft) in verwandte Wildapfelarten (*Malus* spp.), aber auch Hybridisierungen mit anderen Gattungen wie *Pyrus* und *Sorbus* sind möglich (Fischer et al. 2014, Pascher & Gollmann 1997). Daraus ergibt sich bei einem Selektionsvorteil z. B. gegenüber Pilzkrankheiten eine Etablierung der genom-editierten Apfelbäume in natürlichen oder naturnahen Habitaten mit einer möglichen Verdrängung bestehender, ursprünglicher Arten. Dies ist auch bzgl. bereits gefährdeter oder geschützter Arten relevant, wie z. B. des Holzapfels (*Malus sylvestris*), der auf der Roten Liste Deutschlands auf der Vorwarnliste und auf den Roten Listen mehrerer Bundesländer steht (Metzing et al. 2018), und bereits jetzt durch Hybridisierung mit konventionellen Zuchtäpfeln bedroht ist (Feurty et al. 2017, Reim et al. 2015). Diese Problematik könnte sich durch einen etwaigen gesteigerten Anbau von resistenten GE-Apfelsorten und einer Zunahme hybrider Wildäpfel, die durch eine Krankheitsresistenz einen Selektionsvorteil aufweisen, verschärfen.

Durch eine Zunahme bzw. Intensivierung von genom-editierten Apfelkulturflächen können mehrere indirekte Effekte verursacht werden. Der Anbau von Apfelbäumen bei Einführung einer GE-Eigenschaft könnte zunehmen, falls damit ökonomische Vorteile verbunden sind. Beispielsweise können pilzresistente Sorten einen wirtschaftlichen Vorteil bedeuten, über einen höheren Ertrag oder weniger Aufwand für Pestizide. Im Falle einer erhöhten Kälte- oder Frosttoleranz könnten bisher nicht genutzte Gebiete in Höhenlagen genutzt werden. Wie bei Tomaten (s. o.) werden auch im erwerbsmäßigen Obstanbau Bienen- und Hummelvölker zur Bestäubung eingesetzt, mit ähnlichen ökologischen Risiken (Goulson 2003, Lindström et al. 2016, Smit et al. 2021). Insbesondere Wildbienenpopulationen können durch den intensiven Einsatz von Honigbienenvölkern dezimiert werden, wodurch auch die Bestäubung der Apfelbäume leidet, da sich eine höhere Wildbienenendichte und –vielfalt positiv auf die Bestäubungsleistung auswirkt (Blitzer et al. 2016). Die Hauptursachen für den negativen Einfluss auf die Wildbienen sind dieselben wie beim Einsatz von *B. terrestris* in Tomatenkulturen (Dafni et al.

2010, Smit et al. 2021): Konkurrenz um Ressourcen wie Nektar und Pollen (Cane & Tepedino 2016, Mallinger et al. 2017) und die Übertragung von Krankheiten und Parasiten (Goulson & Hughes 2015, Mallinger et al. 2017). Neben Wildbienen sind auch andere Blütenbesucher wie Schmetterlinge oder Schwebfliegen betroffen (Lindström et al. 2016). Der negative Wirkungsbereich durch die Konkurrenz von Honigbienen wird dabei auf 600–1.100 Meter um die eingesetzten Bienenstöcke eingeschätzt (Henry & Rodet 2018), d. h. auch benachbarte Schutzgebiete wären betroffen. Die Veränderung der Bestäuber-Gesellschaften kann dabei auch indirekte Auswirkungen auf die Zusammensetzung der Pflanzengesellschaften verursachen (Mallinger et al. 2017).

Des Weiteren ist bei einem eventuell intensiveren und flächenmäßig ausgeweiteten Anbau von genom-editierten Apfelplantagen mit den entsprechenden Einträgen an Pestiziden gegen die verschiedensten „Schadorganismen“ wie Pilze, Insekten und Unkräuter (Roßberg & Harzer 2015) und damit einhergehenden indirekten Auswirkungen auf die Biodiversität in den verschiedenen Lebensräumen zu rechnen (Johnston et al. 2015, Reuter & Cotter 2015).

#### 4.3.2.2 Anwendbarkeit bestehender GVO-Monitoringkonzepte für GE-Apfelbäume

Aufgrund der genannten möglichen Umweltwirkungen von GE-Apfelbäumen ergäbe sich ein Bedarf für folgende Überwachungsprogramme:

- Monitoringziel: „Verwilderung und Auskreuzung“.

Hintergrund: Eine Einkreuzung des GE-Merkmals in Wildpopulationen des Holzapfels (*Malus sylvestris*) und anderer natürlicher Kreuzungspartner ist wahrscheinlich (Janssen 2019). So berichten beispielsweise Reim et al. (2015) von Hybridisierungsraten des Wildapfels mit domestizierten Äpfeln von 7.98 %, wobei Hybridisierungen bis zu 10 km Entfernung zum Vorkommen domestizierter Apfel möglich sein können (Feurty et al. 2017, Reim et al. 2015).

Parameter: Erfassung von GE-Apfelbäumen außerhalb der Anbaugelände sowie von Holzapfel und Hybriden (Vorkommen, Abundanz); Vegetationsaufnahme (Inventar, Deckungsgrad und Vitalität der Blütenpflanzen).

Raumbezug: Direkte Umgebung der Anbauflächen, Umschlagplätze, Transportwege, Lager- und Handelsstellen, private Gärten, Rastplätze, Verbreitungsgebiete des Holzapfels.

Für den Nachweis des genom-editierten Merkmals existieren noch keine geeigneten molekularbiologischen Nachweismethoden. Zur allgemeinen Aufbereitung des zu beprobenden Pflanzenmaterials im Labor kann aber die VDI-Richtlinie 4330 Blatt 5 „Leitfaden zur Entnahme und Aufarbeitung von Pflanzenproben für die molekularbiologische Analytik“ herangezogen werden (Tab. 25, Nr. 23). Gegebenenfalls kann die VDI-Richtlinie 4330 Blatt 7 „Monitoring der Wirkungen gentechnisch veränderter Organismen (GVO) - PCR-Verfahren zum Nachweis gentechnisch veränderter Nukleinsäuren in der Umwelt“ (Tab. 25, Nr. 6) allgemeine Hinweise zur DNA-Extraktion geben. Für die generelle Probenahme und -vorbereitung gibt die VDI-Richtlinie 4330 Blatt 10 „Floristische Kartierung von gentechnisch veränderten Pflanzen (GVP), ihren Kreuzungspartnern und Kreuzungsprodukten“ Hinweise (Tab. 25, Nr. 27). Hierbei sind vorrangig die mutmaßlich wahrscheinlichen Orte des Auftretens zu erfassen, siehe obigen „Raumbezug“. Zum Monitoring von genom-editierten Apfelbäumen kann die VDI-Richtlinie 4330 Blatt 9 „Vegetationsaufnahme“ (Tab. 25, Nr. 12) nur bedingt herangezogen werden, da es zum GE-Monitoring von Apfelbäumen eine speziell auf Gehölze und wahrscheinliche Vorkommensstandorte ausgerichtete Erfassungsmethode erfordert, insbesondere für den Wildapfel (*M.*

*sylvestris*). Hier besteht Ergänzungsbedarf für entsprechende Monitoringkonzepte und Richtlinien, die speziell auf Gehölze zugeschnitten sind.

Prinzipiell kann die potentielle Ausbreitung des GE-Merkmals auch über ein Pollenmonitoring verfolgt werden. Hier bietet sich die VDI-Richtlinie 4330 Blatt 4 „Biologische Pollensammlung mit Bienenvölkern“ direkt an (Tab. 25, Nr. 7). Allerdings ist noch nicht geklärt, mit welchen Methoden man den gesammelten genom-editierten Pollen vom konventionellen Pollen unterscheiden könnte. Zu beachten ist hierbei, dass Honigbienen nur einen Teil der Bestäubergesellschaft darstellen, und Hummeln und Wildbienen insbesondere bei niedrigeren Temperaturen, zu denen die Honigbiene nicht mehr fliegt, die Apfelbäume befruchten.

Es ist ein umfangreiches Monitoring der Verbreitungswege notwendig (siehe „Raumbezug“). Die beabsichtigte und unbeabsichtigte Verbreitung von Apfelbäumen und Apfelsamen ist praktisch über die ganze Fläche, auch außerhalb der Anbauggebiete, vorzusetzen, zudem auch im Siedlungsgebiet und privatem Raum. Daher müssten alle möglichen Orte einer möglichen Kultivierung bzw. Ansiedlung von GE-Apfelbäumen wie in Anbaugebieten, Lagerungsorten, Umschlagplätzen, Transportwegen, Handelsorten, private Gärten, Rastplätze und andere mehr in ein Monitoring integriert werden. Für ein derart umfangreiches und umfassendes Monitoring besteht derzeit noch kein Konzept und keinerlei Probenahmedesign.

- Monitoringziel „Pflanzengesellschaften“: Erfassung des Inventars der Blütenpflanzen (Vegetationsaufnahme)

Hintergrund: Eine Etablierung von GE-Apfelbäumen und ihrer Hybride kann zu einer Verschiebung der Pflanzenzusammensetzung führen (v. a. von Gehölzarten).

Parameter: Vegetationsaufnahme (Inventar, Deckungsgrad, Vitalität der Blütenpflanzen).

Raumbezug: Außerhalb der Anbauggebiete, überall wo Apfelbäumen verwildern und sich etablieren könnten (vgl. Monitoringziel: Verwildering und Auskreuzung).

Zur Überwachung, ob Verwildering von genom-editierten Apfelbäumen einen Effekt auf die Vegetationszusammensetzung zur Folge hat, kann die VDI-Richtlinie 4330 Blatt 9 „Erfassung der Diversität von Farn- und Blütenpflanzen (Tab. 25, Nr. 12) herangezogen werden. Gegebenenfalls muss die Richtlinie auf die neu hinzukommenden Wirkungsräume wie Siedlungen, Umschlagplätze und Verkehrswege angepasst werden, unter anderem die Größe der Aufnahmeflächen und Häufigkeit der Erhebungen. Denkbar wäre auch eine reduzierte Anwendung der Richtlinie, die nur auf Gehölzarten fokussiert. Zur Überwachung, ob sich die Pflanzengesellschaften aufgrund von Effekten der GE-Apfelbäume auf die Bestäubergemeinschaften indirekt ändern (vgl. das Fallbeispiel GE-Tomaten), kann ebenfalls die VDI-Richtlinie 4330 Blatt 9 „Erfassung der Diversität von Farn- und Blütenpflanzen“ herangezogen werden. Auch hier müsste die Richtlinie auf den sehr ausgedehnten Wirkungsraum auch außerhalb der Anbauggebiete von genom-editiertem Apfel angepasst werden, z. B. für Siedlungsgebiete und private Flächen.

- Monitoringziel „Bestäuber“: Erfassung von Honigbiene (*Apis mellifera*), von Erdhummel (*B. terrestris*) und von weiteren Bestäubergruppen, insbesondere von Hummeln und Wildbienen, aber auch zusätzlicher Tierartengruppen wie z. B. Schmetterlinge (z. B. Hahn & Brühl 2016).

Hintergrund: Kommerziellen Einsatz von Honigbiene und Erdhummel und dadurch bedingter Rückgang der natürlich vorkommenden Bestäubergemeinschaft.

Parameter: Honigbiene, Erdhummel und Wildbienen (Imagines: Artenspektrum, Abundanz, Populationstrends), Schmetterlinge (Imagines und Larven: Artenspektrum, Abundanz, Populationstrends).

Raumbezug: Entsprechend dem Flugradius von Wildbienen in einem Umkreis um die Anbauflächen mit GE-Apfelbäumen, aber mindestens in einem Radius von 1 km (Henry & Rodet 2018) bis maximal 2–3 km (VDI-Richtlinie 4332 Blatt 1, Erfassung von Wildbienen).

Für das Monitoring von Bestäubern, insbesondere von Wildbienen, aber auch weiterer Tierartengruppen wie z. B. Schmetterlinge, existieren zwei VDI-Richtlinien, die direkt anwendbar sind, für die Erfassung von Wildbienen (VDI-Richtlinie 4332 Blatt 1) (Tab. 25, Nr. 24) und für Schmetterlinge (VDI-Richtlinie 4330 Blatt 13) (Tab. 25, Nr. 13). Beide Richtlinien fokussieren auf Ackeranbauflächen und die Feldflur, deshalb müssten die Methoden in Abhängigkeit von den Hauptvorkommen von GE-Apfelbäumen und ihren Kreuzungspartner angepasst werden. In der Wildbienenrichtlinie ist die Erfassung der Erdhummel vorgesehen, nicht jedoch die der Honigbiene. Deshalb muss das Monitoring auf den Apfel-Anbauflächen mit einer gezielten Erfassung der Honigbiene und/oder der eingesetzten Beuten und Bienenvölker ergänzt werden. In der VDI-Richtlinie für Schmetterlinge ist eine Transektlänge von 1000 m angegeben, was in der Agrarfläche und großflächigen Obstanbaugebieten praktikabel ist, aber bei kleineren Apfelanbau an räumliche Grenzen stoßen könnte. Zu berücksichtigen ist, dass durch eine Verkürzung von Transektlängen die Erfassungsintensität abnimmt, was durch eine Erhöhung in der Anzahl bearbeiteter Transekte kompensiert werden kann und muss (Lang et al. 2016, 2019a). In der VDI-Richtlinie für Schmetterlinge ist der Einsatz von sogenannten Lichtfallen zur Erfassung nachtaktiver Schmetterlinge beschrieben. Die vorgeschriebene Nutzungsart knapp über der Vegetation und der Abstand von 50 m zur Biotopgrenze könnte in den Bezugsräumen eines Monitorings für GE-Apfelbäume gegebenenfalls problematisch sein. Für die Larvalerfassung der Schmetterlinge findet sich in VDI-Richtlinie 4330, Blatt 13 eine Fokusartenliste, die auf den Wirtspflanzen der Raupen beruht. Für das Monitoring von GE-Apfelbäumen muss diese Liste auf etwaige Änderungen oder Ergänzungen entsprechend des zu bearbeitenden Bezugsraumes überprüft werden. Zur Anpassung der VDI-Methodenrichtlinien kann weitere Literatur zu den betreffenden Erfassungsmethoden herangezogen werden (z. B. BfN 2019, Schuch et al. 2020, Trautner 1992). Zu beiden VDI-Richtlinien existieren wissenschaftlich publizierte Artikel in BioRisk (Lang et al. 2013, Schindler et al. 2013). Für Schmetterlinge sind zwei weitere Artikel in Fachzeitschriften publiziert (Lang et al. 2011, 2016). Für weitere eventuell ebenfalls relevante, blütenbesuchende Insekten existieren keine Richtlinien oder Monitoringkonzepte unter Mitwirkung des BfN (z. B. für Schwebfliegen, weitere Fliegen und Mücken, Käfer).

- Monitoringziel „Allgemeine Biodiversität“: Erfassung von Tierarten(gruppen), die als Indikatoren für Biodiversität geeignet sind (vgl. Schuch et al. 2020).

Hintergrund: Durch Anbaumaßnahmen bedingte Veränderungen der Biodiversität in Obstkulturen.

Parameter: Vorkommen, Abundanz und Populationstrends geeigneter floristischer und faunistischer Indikatoren.

Raumbezug: Anbauflächen plus Umkreis von 1–3 km.

Generell wäre ein allgemeines Biodiversitäts-Monitoring zu empfehlen, über welches Effekte z. B. erhöhter Pestizidanwendungen durch einen intensiveren Anbau und größere Anbaufläche von genom-editierten Apfelbäumen überwacht werden können. Dafür wäre im Prinzip jede Forschungsstudie unter Mitwirkung des BfN geeignet, die das Schutzgut Biodiversität abdeckt, z. B. die Methodenbeschreibungen zur Erfassung verschiedener Tierartengruppen, die allerdings alle wiederum an die große und diverse Überwachungsfläche angepasst werden müssten. Die spezielle Auswahl der Indikatoren, also welche Gruppen beobachtet werden müssten, muss dann fallspezifisch entschieden werden und kann nicht *a priori* vorhergesagt werden. Generell empfehlen sich aber für ein allgemeines Biodiversitäts-Monitoring die üblicherweise abgedeckten Tierartengruppen, von denen unter Mitwirkung des BfN die folgenden Gruppen abgedeckt sind: Pflanzen, Vögel, Amphibien, Wildbienen, Schmetterlinge, Laufkäfer und Spinnen (Bodenorganismen). Darüber hinaus umfassen die Arbeiten zu Bodenorganismen noch die Gruppen Gastropoda, Myriapoda, Collembola, Isopoda, Enchyträen, Lumbricidae, Nematoda und Mikroorganismen (Ruf et al. 2013, Toschki et al. 2015). Erforderliche Erfassungsmethoden für ein Biodiversitäts-Monitoring sind auch in Schuch et al. (2020) zusammengefasst und beschrieben.

#### **4.3.2.3 Anwendbarkeit allgemeiner bzw. konzeptioneller Arbeiten des BfN zum GVO-Monitoring**

Die Konzepte in der Studie von Zünd et al. (28) zum Monitoring spontan auftretender GV-Pflanzen sind im Prinzip auf ein Monitoring von GE-Äpfelbäumen übertragbar (vgl. Anhang Tab. 28). Insbesondere die Berücksichtigung der Exposition, d. h. die Auswahl der prioritär abzudeckenden Monitoringräume, ist für die konzeptionelle Planung eines Monitorings von GE-Äpfelbäumen relevant. Die präsentierten Entscheidungsbäume und Fließdiagramme können auf ein GE-Monitoring von Äpfelbäumen übertragen werden, ebenso wie das prinzipielle Prozedere bei der Entwicklung der Monitoringstrategie, der Auswahl anzuwendender Erfassungsmethoden sowie die statistische Planung und Auswertung. Ähnlich ist in der Studie von Wedlich et al. 2016 (Tab. 25, Nr. 26) zumindest die Übertragbarkeit der Konzepte zur Festlegung des Untersuchungsgebietes und der Erfassung von verwilderten Populationen gegeben. In den Arbeiten von Züghart et al. (Tab. 25, Nr. 10 und 14) werden zwar keine konkreten Handlungsanweisungen, die direkt auf ein Monitoring von GE-Äpfelbäumen übertragbar wären, dargestellt. Die dargestellten, grundsätzlichen Überlegungen, Voraussetzungen und Kriterien für ein Monitoring von GV-Pflanzen bieten jedoch auch für GE-Äpfelbäume wichtige und hilfreiche Hintergrundinformationen. Zum Monitoring einer Verbreitung der Früchte und Samen durch Vögel und Kleinsäuger existieren hingegen keinerlei Konzepte.

Die verschiedenen Publikationen von Hilbeck et al. von 2008, 2014 und 2017 (Tab. 25, Nr. 2) zur Auswahl von Indikatoren unter den Nichtzielorganismen sind auf GE-Äpfelbäume prinzipiell übertragbar, insbesondere was die relevanten Selektionskriterien für die Exposition, die räumliche und zeitliche Überlappung mit den GV- bzw. GE-Organismen, die ökologischen Funktionen der Nichtzielorganismen und deren Schutzstatus betrifft. Die dargestellten Selektionsmatrizen können verwendet werden, nicht jedoch die dort aufgelisteten Arten, da diese sich auf Agrarlebensräume (wie z. B. Mais, Raps, Kartoffel) sowie andere Bezugsräume (Fließgewässer) beziehen, und nicht auf den Obstanbau.

In den VDI-Richtlinien zur Erfassung der Schmetterlinge (Tabelle 28, Nr. 13), der Avifauna (Tab. 25, Nr. 21) und der Wildbienen (Tab. 25, Nr. 24) werden Konzepte für ein Monitoringdesign und eine Messflächenplanung dargestellt (siehe auch GE-Tomaten). Die generellen Strategien

zur Auswahl der Expositionsflächen und des Monitoringdesigns sind direkt auf die Überwachung von Nichtzielorganismen auf Anbauflächen von GE-Apfelbäumen übertragbar.

### 4.3.3 Genom-editierte Süßwasserfische (Regenbogenforelle, Karpfen)

#### 4.3.3.1 Mögliche Umweltwirkungen

Die möglichen Umweltwirkungen von GE-Karpfen (*Cyprinus carpio*) und Regenbogenforellen (*Oncorhynchus mykiss*) und daraus folgende Implikationen für ein Monitoring sind ausführlich im Kapitel 3.2.3 beschrieben. Aufgrund der genom-editierten Eigenschaft einer Wachstumssteigerung für das Fallbeispiel ergeben sich potentiell eine erhöhte Fitness von und ein erhöhter Räuberdruck durch gentechnisch veränderte Süßwasserfische mit folgenden, möglichen ökologischen Konsequenzen:

- Verdrängung anderer Fischarten wie Bachforelle (*Salmo trutta fario*) und weiterer Arten durch höhere Fitness, Konkurrenzfähigkeit und Raubdruck der GE-Fische (vgl. Hasegawa 2020, Vilizzi et al. 2015);
- Über Nahrungsketteneffekte eine Veränderung der Zusammensetzung und Struktur der aquatischen Artengemeinschaften, bis hin zu Amphibien und der Avifauna (z. B. Huser et al. 2021, Maceda-Veiga et al. 2017, Miro et al. 2018, Miro & Ventura 2020);
- Hybridisierung mit wildlebenden Fischarten (z. B. Hänfling et al. 2005);
- Übertragung von Krankheiten und Parasiten (z. B. Kappe et al. 2006, Unger & Palm 2017);
- Veränderung des Habitats (Wasserqualität, Makrophyten, Eutrophierung); derartige Veränderungen können in der Folge Auswirkungen auf alle Organismengruppen im Ökosystem zur Folge haben (z. B. Huser et al. 2021, Maceda-Veiga et al. 2017, Vilizzi et al. 2015);
- Aufgrund anderer Eigenschaften, die derzeit bei Fischen im Forschungsfokus stehen (z. B. einer erhöhten Kältetoleranz) könnten neue Lebensräume besiedelt werden und die o.g. ökologischen Wirkungen in neuen Lebensräumen (Wirkräumen) ebenso auftreten;
- Eine etwaige Intensivierung der Aquakulturproduktion verursacht durch den Einsatz von genom-editierten Fischen könnte die o. g. negativen Umweltwirkungen zusätzlich steigern, inklusive der Anwendung von Therapeutika gegen Krankheiten und Parasiten in Aquakulturen und deren Freisetzung in natürliche Gewässer (Lieke et al. 2020).

Die Erfahrungen zeigen, dass Fische regelmäßig aus den Zuchtbecken und Aquakulturen entweichen. Die Anzahl entkommener Fische hängt dabei von der Fischart, den Zucht- und Haltingsbedingungen, dem Transport, dem Ort der Aquakultur und installierten Sicherungsmethoden ab. Die in Norwegen offiziell registrierten, entkommenen Regenbogenforellen (*O. mykiss*) variieren von circa 40 bis 100 Fischen pro Jahr (Føre & Thorvaldsen 2021), wobei beispielsweise beim Lachs (*Salmo salar*) von einer zwei- bis viermal höheren Dunkelziffer nicht gemeldeter Vorkommnisse auszugehen ist (Skilbrei et al. 2015). Lindberg et al. (2009) gehen für Schweden bei der Regenbogenforelle (*O. mykiss*) von einer durchschnittlichen Entkommensrate von 0,35 % des Besatzes aus. Diese kann sich sehr schnell verbreiten und innerhalb eines Jahres unter Umständen Entfernungen von 35 km von der Aquakultur erreichen. Daher wäre es sehr wahrscheinlich, dass genom-editierte Fische in die freie Wildbahn gelangen. Zusätzlich ist der absichtliche Besatz durch Angler und Angelvereine eventuell mit zu berücksichtigen.

#### 4.3.3.2 Anwendbarkeit bestehender GVO-Monitoringkonzepte für GE-Süßwasserfische

Da genom-editierte Fischarten prinzipiell die gesamte Struktur und Artengemeinschaft des Gewässers bzw. des betreffenden Ökosystems ändern können, und es nicht vorherzusehen ist, welche Parameter dies betreffen wird, muss ein Monitoring zwingend auf den Schlussfolgerungen einer vorherigen, fallspezifischen Risikoanalyse aufbauen.

Aufgrund der o. g. prinzipiell möglichen Umweltwirkungen von GE-Süßwasserfischen ergäbe sich aber ein Mindestbedarf für folgende generelle Überwachungsprogramme:

- Monitoringziel „GE-Süßwasserfische“: Erfassung vorhandener und entkommener GE-Fische, ihrer natürlichen Kreuzungspartner und etwaiger Hybride.

Hintergrund: Aus Aquakulturen entwichene GE-Fische oder künstlich ausgebrachte GE-Fische bilden stabile Populationen und hybridisieren mit wildlebenden Verwandten.

Parameter: Vorkommen, Abundanz, Altersstruktur der GE-Fische und potentieller Kreuzungspartner.

Raumbezug: (a) Produktionsstätten (Aquakulturen), (b) Besatzstellen der Angler/Angelvereine (falls zutreffend); (c) natürlich Gewässern sowohl in unmittelbarer Umgebung der Produktionsstätten (Aquakulturen) als auch in einem bestimmten Umkreis um die Aquakulturen. Der potentielle Umkreis ist von den lokalen abiotischen und biotischen Parametern abhängig und muss fallspezifisch festgelegt werden, kann prinzipiell aber sehr weit reichen (vgl. Lindberg et al. 2009, siehe oben). Transportwege und Verladestätten und deren Umgebung sind ebenso mit einzubeziehen (Føre & Thorvaldsen 2021).

- Monitoringziel „autochthone Fischfauna“: Erfassung der Fischfauna.

Hintergrund: Aus Aquakulturen entwichene GE-Fische oder künstlich ausgebrachte GE-Fische beeinflussen die natürlicherweise vorhandene Fischfauna.

Parameter: Vorkommen, Artenzusammensetzung, Abundanz, Häufigkeit, Altersstruktur.

Raumbezug: In den natürlichen Gewässern sowohl in unmittelbarer Umgebung der Produktionsstätten (Aquakulturen) als auch in einem bestimmten Umkreis um die Aquakulturen. Der potentielle Umkreis ist von den lokalen abiotischen und biotischen Parametern abhängig und muss fallspezifisch festgelegt werden, kann prinzipiell aber sehr weit reichen (vgl. Lindberg et al. 2009, siehe oben).

- Monitoringziel „Parasiten und Krankheiten“: Erfassung der Einschleppung und Verbreitung von Fischparasiten und -krankheiten.

Hintergrund: Aus Aquakulturen entwichene GE-Fische oder künstlich ausgebrachte GE-Fische übertragen neuartige Parasiten und Krankheiten auf die autochthone Fischfauna.

Parameter: Vorkommen und Häufigkeit von Fischparasiten und -krankheiten. Im Rahmen der Erfassung der Monitoringziele (i) und (ii).

Raumbezug: siehe Monitoringziel autochthone Fischfauna.

- Monitoringziel „aquatische Artengemeinschaft“: Überwachung möglicher Effekte auf aquatische Nahrungsketten und verschiedene Trophie-Ebenen.

Hintergrund: Die Etablierung von GE-Fischen in aquatischen Habitaten kann die Wasserqualität sowie die Struktur und Zusammensetzung der Lebensgemeinschaften und der Nahrungsnetze verändern, mit Auswirkungen auch auf höhere Trophiestufen.

Parameter: Erfassung von Indikatoren verschiedener aquatischer Trophie-Ebenen; Schutzgüter der Biodiversität und Indikatoren auf Basis der Risikobewertung.

Raumbezug: In den natürlichen Gewässern hauptsächlich in näherer Umgebung der Produktionsstätten (Aquakulturen), aber auch in einem bestimmten Umkreis um die Aquakulturen (abhängig von der Risikobewertung).

Bezüglich der genannten Monitoringziele gibt es bisher zu keinem der genannten relevanten Erfassungsparameter Studien oder Richtlinien zum Monitoring von Süßwasserfischen unter Mitwirkung des BfN. Zum GVO-Monitoring des BfN existieren zwar zwei Arbeiten, welche Gewässer beinhalten (Tab. 25, Nr. 18 und 25), die aber nur bedingt bis nicht geeignet sind. Am ehesten wäre noch die VDI-Richtlinie 4333 Blatt 1 zur Erfassung der Amphibien verwendbar (18), falls eine Auswirkung von GE-Süßwasserfischen auf Amphibien erwartet bzw. überwacht werden sollte. Die „Amphibien-Richtlinie“ enthält zwar eine gute Beschreibung der Erfassungsmethoden, fokussiert aber sehr stark auf das Monitoring von landwirtschaftlichen Anbauflächen und den Eintrag von toxischen Stoffen ins Gewässer. Behandelt werden nur Froschlurche und keine Schwanzlurche, die Artenauswahl wie auch die Probeflächenauswahl ist stark auf den Agrarraum zugeschnitten und Fließgewässer sind nicht berücksichtigt. Die Arbeiten von Bundschuh et al. (2015, 2016) umfassen die Exposition aquatischer Ökosysteme gegenüber dem Anbau von *Bt*-Mais (Tab. 25, Nr. 25) und beinhalten toxische Tests von ausgewählten Wasserorganismen. Die präsentierte Flächenauswahl für ein GVO-Monitoring ist auf Fließgewässer beschränkt und gilt spezifisch für den Anbau von *Bt*-Mais.

#### **4.3.3.3 Anwendbarkeit allgemeiner bzw. konzeptioneller Arbeiten des BfN zum GVO-Monitoring**

Die Publikation von Hilbeck et al. (2017) zur Auswahl von Indikatoren (Tab. 25, Nr. 2) für ein aquatisches Biodiversitäts-Monitoring wäre prinzipiell, aber nicht im Detail, übertragbar. Zwar bezieht sich ein Teil der Arbeiten auf Indikatoren für eine Risikoanalyse, aber eine derartige Artenauswahl wird sich immer aufgrund von Überschneidungen auch auf ein GVO-Monitoring übertragen lassen. Denn auch für ein Monitoring sind bei der Indikatorenauswahl die Exposition, die räumliche und zeitliche Überlappung mit den GV-Organismen, die ökologischen Funktionen der Nichtzielorganismen und ihr Schutzstatus relevant. Hilbeck et al. (2017) erarbeiten ein Konzept für eine Selektionsmatrix für aquatische Indikatoren (vgl. Abb. 3). Die dargestellte Selektionsmatrix kann daher prinzipiell verwendet werden, nicht jedoch die in der Studie aufgelisteten Arten, die sich auf den Eintrag von GVP-Pflanzenmaterial und nur einen Fließgewässertyp beziehen.

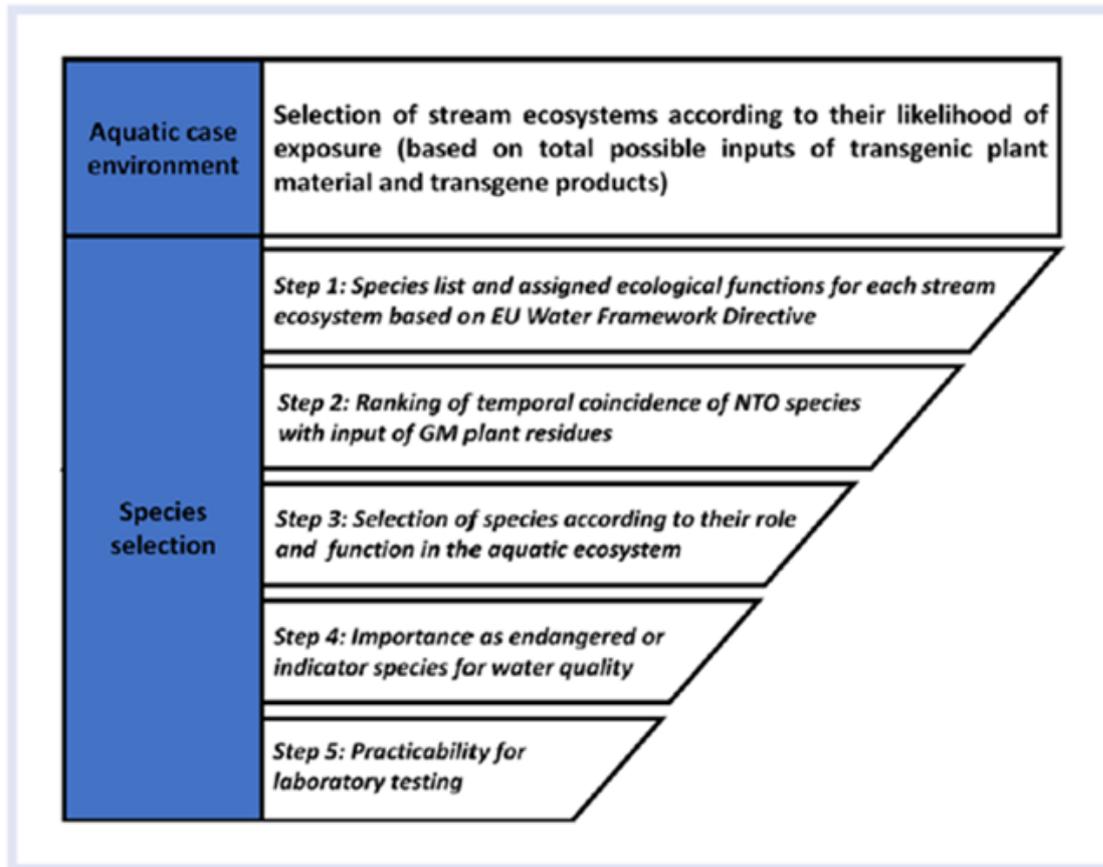


Abb. 3 Konzept für eine Selektionsmatrix zur Auswahl aquatischer Indikatoren (aus Hilbeck et al. 2017).

Bundschuh et al. (2015) identifizierten auf Basis der räumlichen Verteilung des Maisanbaus sowie der Fließgewässertypen in Deutschland eine Auswahl prioritärer Gewässerökosysteme im Hinblick auf eine potentielle Exposition gegenüber der GV-Maisrückständen. In der Studie (Tab. 25, Nr. 25) werden Selektionskriterien erarbeitet und präsentiert, welche zur Identifikation von ökologisch relevanten und potentiell gefährdeten Gewässern genutzt werden kann. Über GIS-Verfahren erfolgt die Auswahl prioritärer Gewässerökosysteme über die Exposition der Gewässertypen in Bezug auf Mais und Ableitung eines numerischen Prioritätsindex. In diesen Prioritätsindex gehen verschiedene Parameter zur Exposition und ökologischen Relevanz und Sensitivität der Gewässer ein. Hierzu wurden auch die Daten der Wasserrahmenrichtlinie (WRRL) zur Bewertung des ökologischen Zustands der Gewässerabschnitte einbezogen. Auch wenn die Mais-Exposition in Bundschuh et al. (2015) nicht übertragbar ist auf GE-Fische, so wäre das prinzipielle Selektionsverfahren zur Auswahl besonders exponierter Gewässerbereiche übertragbar, indem man die Exposition „Mais“ durch eine noch zu bestimmende Exposition „GE-Fische“ ersetzen würde.

In den Arbeiten von Züghart et al. von 2008 und 2011 (Tab. 25, Nr. 10 und 14) werden zwar keine konkreten Handlungsanweisungen, die direkt auf ein Monitoring von GE-Fischen übertragbar wären, dargelegt (Tab. 29). Die dargestellten, grundsätzlichen Überlegungen, Voraussetzungen und Kriterien für ein Monitoring von GVO bieten jedoch wichtige und hilfreiche Hintergrundinformationen, beispielsweise zur allgemeinen Bedeutung und Berücksichtigung von Indikatoren, Exposition, Erfassungsmethoden, Flächenauswahl und Messplanung. Das fallspezifische Monitoring und die allgemeine Überwachung werden gesondert und detailliert

behandelt (Tab. 25, Nr. 14). Insbesondere wird darauf hingewiesen, dass in der allgemeinen Überwachung unvorhergesehene Effekte, unsichere Vorhersagen, komplexe Interaktionen und Langzeitwirkungen abgedeckt werden sollen. Dies soll auf der Basis von Expositionswegen, Schadensszenarien, Modellierungen und gefährdeten Schutzgütern erfolgen. Auf die Relevanz, bereits bestehende Monitoringnetzwerke zu berücksichtigen und in ein GVO-Monitoring zu integrieren, wird explizit hingewiesen.

Die Konzepte in der Studie von Zünd et al. (Tab. 25, Nr. 28) zum Monitoring spontan auftretender GV-Pflanzen sind – mit Einschränkungen – prinzipiell auf ein Monitoring von GE-Fischen übertragbar (vgl. Tab. 29). Insbesondere die Berücksichtigung der Exposition, d. h. die Auswahl der prioritär abzudeckenden Monitoringräume, nimmt einen großen Raum ein und ist auch für die konzeptionelle Planung eines Monitorings von GE-Fischen relevant, selbst wenn hier die Gewässer und nicht terrestrische Systeme betrachtet werden müssen. Die präsentierten Entscheidungsbäume und Fließdiagramme können auf ein GE-Monitoring von Fischen übertragen werden, also z. B. die Entscheidungsschritte zur Auswahl prioritär zu bearbeitender Bezugsräume. Ebenso muss bei der Konzeption eines Monitorings für GE-Fische das beschriebene Prozedere bei der Entwicklung der Monitoringstrategie, der Auswahl anzuwendender Erfassungsmethoden sowie die statistische Planung und Auswertung ähnlich erfolgen. In Middelhoff et al. (2006) wird die Bedeutung des Schutzzieles „Gewässer“ sowie der Bedarf an Konzepten und Methoden für ein GVO-Gewässermonitoring formuliert auf die Erhebungen innerhalb der Wasserrahmenrichtlinie hingewiesen. In der Tat existieren inzwischen etliche Erfassungsprogramme der Wasserrahmenrichtlinie zusammen mit bundesweiten und länderspezifischen Überwachungsprogrammen zur Gewässergüte und Fischfauna.

#### **4.3.4 Genom-editierte Mikroalgen**

##### **4.3.4.1 Mögliche Umweltwirkungen**

Zu den möglichen Umweltwirkungen von GE-Mikroalgen siehe Kapitel 3.2.4

##### **4.3.4.2 Anwendbarkeit bestehender GVO-Monitoringkonzepte für GE-Mikroalgen**

- Monitoringziel „Algengesellschaften“: Erfassung der Mikroalgen.

Hintergrund: Absichtliche bzw. unbeabsichtigte Ausbringung von GE-Mikroalgen und deren Verbreitung und Etablierung in natürlichen Gewässern; Verdrängung einheimischen Phytoplanktons, Gentransfer auf Wildtyp-Algen, Algenblüten.

Parameter: Erfassung der Algengesellschaften (Vorkommen, Häufigkeit, Abundanz, Artenzusammensetzung).

Raumbezug: In naturnahen und natürlichen Gewässern in der Umgebung der Produktions- und Hälterungsstätten sowie ggf. Transport- und Handelswege. Eine Verbreitung von GE-Algen ist in offenen Produktionssystemen über die Luft möglich, ebenso die unbeabsichtigte Verbreitung durch menschliche Aktivitäten oder Tiere. Dormanz und Persistenz von Algen ist unter bestimmten Bedingungen möglich, was den erforderlichen Monitoringzeitraum mehr oder weniger verlängern wird, in Abhängigkeit von den jeweiligen fallspezifischen Umständen. Die potentielle Etablierung von GE-Mikroalgen wäre abhängig von der jeweiligen Algenart, dem GE-Merkmal, der Art der Produktionsstätten und dem angrenzenden natürlichen Habitat, so dass das Monitoringkonzept auf einer vorherigen Risikoanalyse aufbauen muss.

- Monitoringziel „Aquatische Biodiversität“: Überwachung möglicher Effekte auf aquatische Arten und Lebensgemeinschaften.

Hintergrund: Die Etablierung von GE-Mikroalgen verursacht eine Veränderung der Zusammensetzung von biotischen Gesellschaften in aquatischen Habitaten und deren Nahrungsnetzen, mit Auswirkungen auch auf höhere Organismen und die Biodiversität sowie ggf. auf Ökosystemleistungen.

Parameter: Erfassung von Indikatoren verschiedener aquatischer Trophie-Ebenen; Schutzgüter der Biodiversität und Indikatoren auf Basis der Risikobewertung.

Raumbezug: In den natürlichen Gewässern hauptsächlich in näherer Umgebung der Produktionsstätten (Aquakulturen), aber auch in einem bestimmten Umkreis um die Aquakulturen (abhängig von der Risikobewertung).

Es existieren keine Monitoringkonzepte für die Überwachung gentechnisch veränderter Mikroalgen, weder mit noch ohne Mitwirkung des BfN. Zur generellen Problematik eines Monitorings von Algen wird auf Kapitel 3.2.4 verwiesen. Die bisherigen BfN-Arbeiten mit Bezug zum Monitoring von Gewässern sind wenig bis nicht geeignet (Tab. 30, siehe auch GE-Süßwasserfische, Kapitel 4.3.3).

#### **4.3.4.3 Anwendbarkeit allgemeiner bzw. konzeptioneller Arbeiten des BfN zum GVO-Monitoring**

Ebenso wie bei GE-Süßwasserfischen ist das Konzept von Hilbeck et al. (2017) zur Auswahl von Indikatoren für ein aquatisches Biodiversitäts-Monitoring auch auf GE-Mikroalgen prinzipiell übertragbar (Tab. 25, Nr. 2). Auch für das Monitoring möglicher Effekte aufgrund der Ausbringung von GE-Mikroalgen sind bei der Indikatorenauswahl die Exposition, die räumliche und zeitliche Überlappung mit den GE-Mikroalgen, die ökologischen Funktionen der Nichtzielorganismen und ihr Schutzstatus relevante Selektionskriterien. Die dargestellten Selektionsmatrizen können daher, wie auch bei GE-Süßwasserfischen, prinzipiell verwendet werden, nicht jedoch die dort aufgelisteten Arten, die sich auf den Eintrag von GV-Pflanzenmaterial und nur einen Fließgewässertyp beziehen. Eine prinzipielle Übertragbarkeit des in der Studie von Bundschuh et al. (2015) (Tab. 25, Nr. 25) verwendeten Selektionsverfahren zur Identifikation ökologisch relevanter und potenziell gefährdeter Gewässer ist auch für GE-Mikroalgen gegeben, wenn die Exposition „Mais“ durch die Exposition „Mikroalgen“ ersetzt wird.

In den Arbeiten von Züghart et al. von 2008 und 2011 (Tab. 25, Nr. 10 und 14) und Zünd et al. 2019 (Tab. 25, Nr. 28) werden zwar keine konkreten Handlungsanweisungen, die direkt auf ein Monitoring von GE-Mikroalgen übertragbar wären, dargelegt (Tab. 30), aber die dargestellten, grundsätzlichen Konzepte treffen auch auf ein GE-Monitoring zu. Insbesondere das Vorgehen zur Bestimmung der Exposition und die Entwicklung des Monitoringplans sind auch für ein Monitoring für GE-Mikroalgen relevant (siehe ausführliche Besprechung im Kapitel zu den GE-Fischen). In Middelhoff et al. (2006) wird außerdem die Bedeutung des Schutzzieles „Gewässer“ sowie der Bedarf an Konzepten und Methoden für ein GVO-Gewässermonitoring formuliert und auf die Erhebungen innerhalb der Wasserrahmenrichtlinie hingewiesen.

#### **4.3.5 Gentechnisch verändertes Citrus Tristeza Virus**

##### **4.3.5.1 Mögliche Umweltwirkungen**

Zu den möglichen Umweltwirkungen gentechnisch veränderter Viren siehe Kapitel 3.2.5.

#### 4.3.5.2 Anwendbarkeit bestehender GVO-Monitoringkonzepte für GV-Citrus Tristeza Viren

- Monitoringziel „GV-Virus“: Erfassung der Verbreitung des CTV.

Hintergrund: Das GV-Virus könnte von tierischen Vektoren (pflanzensaugende Wirbellose) auf andere Bäume außerhalb des Einsatzgebietes übertragen werden. Eine solche Verbreitung wäre auch über Teile der mit GV-Virus infizierten Pflanzen (z. B. Früchte, anderes vertragenes Pflanzenmaterial) denkbar.

Parameter: Erfassung infizierter Bäume; Erfassung relevanter Vektoren (z. B. Blattläuse, Blattflöhe); abhängig von den Ergebnissen der Risikoanalyse.

Raumbezug: Vorrangig die an die Anwendungsgebiete angrenzenden Flächen. In Abhängigkeit der Reichweite der Übertragungsvektoren und entsprechend den Resultaten der Risikoanalyse kann sich der Bezugsraum erweitern. Bei Verbreitung über Früchte müssten die Transportwege und Handelsstätten in ein Monitoring mit einbezogen werden.

- Monitoringziel „Nichtzielorganismen“: Toxische Wirkung des Defensins auf Nichtzielorganismen, insbesondere „Nützlinge“.

Hintergrund: Risikoanalyse notwendig, d. h. eine Überprüfung, ob in Europa vorkommende Nichtzielorganismen mit Defensin aus behandelten Obstbäumen in Kontakt kommen können und ob Defensine schädliche Wirkungen gegenüber diesen Nichtzielorganismen zeigen.

Raumbezug: Vorrangig die Obstbaukulturen und direkt angrenzende Flächen bzw. Habitate.

- Monitoringziel „Biodiversität“: Erfassung von Tierarten(gruppen), die als Indikatoren für Biodiversität im Obstanbau geeignet sind (vgl. Schuch et al. 2020).

Hintergrund: Eine Verringerung der Effektivität des GV-Virus könnte zu einer unbemerkten Ausbreitung des HLB-Erregers beitragen und somit zu einer Zunahme von Pflanzenschutzmaßnahmen; bei einem Einsatz von Insektiziden gegen tierische Vektoren oder Antibiotikungabe gegen den HLB-Erreger wären negativen Auswirkungen auf die Biodiversität möglich.

Parameter: Vorkommen, Abundanz und Populationstrends geeigneter faunistischer Indikatoren, insbesondere von „Nützlingen“.

Raumbezug: Vorrangig die Obstbaukulturen und direkt angrenzende Flächen bzw. Habitate.

Es existieren keine Monitoringkonzepte für die Überwachung gentechnisch veränderter Viren in Europa, weder mit noch ohne Mitwirkung des BfN. Es existieren jedoch Vorüberlegungen und Evaluierungen der EFSA (2017) und USDA-APHIS (2020). Die möglichen Umweltwirkungen des Citrus-Tristeza-Virus sind bisher noch weitgehend unerforscht und unbekannt, daher muss zum gegenwärtigen Zeitpunkt die Prognose eines Monitoringbedarfs hypothetisch bleiben. Am ehesten entspricht das hier gewählte Fallbeispiel zu den „GV-Viren“ noch dem obigen Fallbeispiel „GE-Apfelbäume“, einer anderen Obstbaumkultur (siehe dortige Besprechung des Monitoringziels „Verwilderung und Auskreuzung“). Auffällig ist, dass Obstbaumkulturen oder –plantagen bisher in den GVO-Konzepten unter Mitwirkung des BfN so gut wie nicht berücksichtigt worden sind. Generell wären allgemeine Biodiversitäts-Monitoring in Obstbaumkulturen und angrenzenden Flächen bzw. Habitaten zu überlegen, über welche Effekte z. B. erhöhter Pestizidanwendungen durch einen intensiveren Anbau oder sonstige unerwartete Effekte durch einen „GE-Anbau“ überwacht werden können. Dafür wäre im Prinzip jede Forschungsstudie unter Mitwirkung des BfN potenziell geeignet, die das Schutzgut Biodiversität abdeckt (siehe die Besprechung des Monitoringziel „Allgemeine Biodiversität“ im Kapitel über GE-Apfelbäume). Sogenannte „Nützlinge“ und „Schädlinge“ im Obstanbau sind eher Bestandteil des

Schutzgutes „Pflanzengesundheit“ denn der „Biodiversität“. Bestimmte Nützlingsarten können aber gleichzeitig schützenswerten Nichtzielorganismen sein, so dass es hier zu Überschneidungen in den Schutzziele „Pflanzengesundheit“ und „Biodiversität“ oder „Ökosystemdienstleistungen“ kommen kann (vgl. die Besprechung des Monitoringziel „Nützlinge“ im Kapitel über GE-Tomaten). „Nützlinge“ und „Schädlinge“ waren bisher nicht Gegenstand der bisherigen Konzepte zum Biodiversitäts-Monitoring, geeignete Erfassungsmethoden sind aber z. B. in Schuch et al. (2020) aufgelistet.

#### **4.3.5.3 Anwendbarkeit allgemeiner bzw. konzeptioneller Arbeiten des BfN zum GVO-Monitoring**

Die verschiedenen Publikationen von Hilbeck et al. von 2008, 2014 und 2017 (Tab. 25, Nr. 2) zur Auswahl von Indikatoren unter den Nichtzielorganismen sind prinzipiell übertragbar. Diese Arbeiten beziehen sich zwar nicht auf den Obstanbau, so dass die beschriebenen Indikatorenarten hier nicht für das Fallbeispiel anwendbar sind. Aber über die dort präsentierten Entscheidungsbäume und Selektionsmatrizen können geeignete Indikatoren identifiziert werden, indem aus den potentiellen Indikatorengruppen über die Berücksichtigung von räumlicher und zeitlicher Exposition, ihrer Stellung im Nahrungsnetz, ihrer ökosystemaren Relevanz und ihres Schutzstatus die geeigneten Arten priorisiert werden können.

Für die Planung eines allgemeinen Biodiversitäts-Monitorings im Obstanbau wird auf die obige Besprechung bei den GE-Äpfelbäumen unter Monitoringziel: „Allgemeine Biodiversität“ verwiesen.

Die Konzepte in den Arbeiten von Wedlich et al. (2016) (Tab. 25, Nr. 26) und von Zünd et al. (2019, Tab. 25, Nr. 28) zum Monitoring spontan auftretender GV-Pflanzen wären teilweise auf ein Monitoring von GE-Citrus-Tristeza-Virus übertragbar (vgl. Tab. 31). Die in dieser Arbeit entwickelten und präsentierten Entscheidungsabläufe und Fließdiagramme können herangezogen werden, um z. B. die Exposition und die vorrangig zu bearbeitenden Bezugsräume zu bestimmen. Die Handlungsanweisungen zur Auswahl geeigneter Monitoringmethoden, zum Monitoringdesign und zur Statistik wären ebenso für die Überwachung von Obstbaumkulturen ausführbar.

#### **4.3.6 Schlussfolgerungen**

Die vorstehende Analyse der unter Mitwirkung des BfN erstellten GVO-Monitoringkonzepte zeigte, dass die allgemeinen Prinzipien eines GVO-Monitorings, wie sie beispielsweise in den Positionspapieren bzw. technischem Bericht zusammengefasst sind (Tab. 25, Nr. 10, 14, 25, 26 und 28), prinzipiell auch für ein Monitoring von genom-editierten Organismen gelten und angewendet werden können (Züghart et al. 2011, Zünd et al. 2019). Dies betrifft insbesondere das konzeptionelle Vorgehen zum Bestimmen der Exposition und den daraus abgeleiteten Bezugsräumen eines Monitorings, der Monitoringstrategie und des Designs sowie der Methodik zur Auswahl geeigneter Indikatoren.

Die speziellen Studien und Arbeiten zur Erfassung und Überwachung von Schutzgütern und Prüfparametern sind jedoch unterschiedlich für ein Monitoring von genom-editierten Organismen geeignet. Konkrete Methodenrichtlinien zur Erfassung von Tierarten(gruppen), wie z. B. Wildbienen oder Schmetterlinge, erscheinen generell gut geeignet, da sie auf die spezifischen Bedürfnisse der gewählten Beispiele auf ein Monitoring genom-editierter Organismen übertragen und angepasst werden können. Es ist anzunehmen, dass dies auch auf die Studien

zur Bodenfauna zutrifft, jedoch waren Auswirkungen auf die Bodenfauna keine wesentlichen Umweltwirkungen in den gewählten Fallbeispielen.

Es zeigten sich jedoch auch Defizite der bestehenden GVO-Monitoringkonzepte (Tab. 14). So sind z. B. die Richtlinien zum Monitoring von Amphibien und der Vegetation nur teilweise auf die Fallbeispiele übertragbar, während ein Monitoring von Fischen, Bäumen, Algen und Viren derzeit überhaupt nicht abgedeckt wird. Auch die Blütenbestäuber außerhalb der (Wild)bienen und Schmetterlinge, wie beispielsweise Schwebfliegen, weitere Fliegen und Mücken sowie Käfer, sind bisher nicht für ein GVO-Monitoring vom BfN berücksichtigt worden.

Die neuen Wirkungsräume der oben behandelten Fallbeispiele umfassen eine Reihe von Habitaten außerhalb des bisherigen Fokus von GVO-Monitoring auf den eigentlichen Agrarraum. Dies betrifft beispielsweise den Siedlungsraum (öffentlich und privat), private Gärten und Teichanlagen, unterschiedliche Produktions- und Verarbeitungsstätten, Verkehrswege, Obstbaumkulturen sowie Still- und Fließgewässer. Besonders auffällig ist die bisherige Hintanstellung des Gewässerbereiches und der Biodiversität im Wasser. Hier existieren allerdings schon zahlreiche Überwachungsprogramme aus den gesetzlichen Vorgaben der Wasserrahmenrichtlinie, der Gewässergüteüberwachung und des Fischmonitorings von behördlichen und privaten Institutionen, deren mögliche Einbindung in ein GVO-Monitoring zu prüfen wäre. Speziell für den Obstanbau wäre ein allgemeines Biodiversität-Monitoring, z. B. der Avifauna und der Insekten, sinnvoll.

Tab. 14: Ergänzungsbedarf der Monitoringkonzepte und Richtlinien unter Mitwirkung des BfN. Nummer in Klammern bezieht sich auf die Nummerierung der Arbeiten in Tab. 25.

Fallbeispiel	Anpassung notwendig bei	Zu ergänzende Indikatoren	Zusätzlich notwendiger Raumbezug
GE-Tomaten	Auswahl der Indikatoren (2), Erfassung von Wildbienen (24) und Schmetterlingen (13, 20), floristische Kartierung von GVP (27), Monitoring von GV-Pflanzen (26, 28)	„Nützlinge“ (carnivore Invertebraten), verwilderte Tomaten	Siedlungen, Privatgärten, Umschlagplätze, Verkehrswege
GE-Apfelbäume	Auswahl der Indikatoren (2), Vegetationsaufnahme (12), Erfassung der Avifauna (21) und von Wildbienen (24) sowie Schmetterlingen (13, 20), floristische Kartierung (27), Monitoring von GV-Pflanzen (26, 28)	Wildapfel & Kreuzungspartner, „Allgemeines Biodiversitäts-Monitoring“	Umschlagplätze, Transportwege, Lager- und Handelsstellen, private Gärten, Rastplätze, Verbreitungsgebiete des Holzapfels
GE-Fische	Auswahl der Indikatoren (2), Erfassung der Amphibien (18), Monitoring von GV-Pflanzen (25, 28)	Fischfauna, Fischkrankheiten und -parasiten, aquatische Organismen (Flora & Fauna), Wasservögel	Produktionsstätten, Besatzstellen, Transportwege, Verladestätten, natürliche Gewässer
GE-Mikroalgen	Auswahl der Indikatoren (2), Erfassung der Amphibien (18), Monitoring von GV-Pflanzen (25, 28)	Algen, aquatische Organismen (Flora & Fauna), Wasservögel	Gewässer, Produktionsstätten, Transport- und Handelswege

Fallbeispiel	Anpassung notwendig bei	Zu ergänzende Indikatoren	Zusätzlich notwendiger Raumbezug
GV-Citrus Tristeza Virus	Auswahl der Indikatoren (2), floristische Kartierung von GVP (26, 27), Monitoring von GV-Pflanzen (26, 28)	CTV-Wirtsbäume und Kreuzungspartner, „Nützlinge“ (= carnivore Invertebraten), „Schädlinge“ (= tierische Vektoren), „Allgemeines Biodiversitäts-Monitoring“	Ggf. Transportwege und Handelsstätten

## **5 Priorität 3: Evaluierung der Verwendbarkeit bestehender bzw. in Entwicklung befindlicher BfN-Monitoringkonzepte und –programme des Naturschutzes**

Priorität 3 des Vorhabens dient dazu, die etablierten bzw. in Entwicklung befindlichen bundesweiten Monitoringkonzepte des Naturschutzes in Deutschland hinsichtlich ihres Potenzials, Umweltwirkungen von GE-Organismen zu erfassen, zu überprüfen.

Das BfN entwickelte bzw. entwickelt seit vielen Jahren verschiedene Biodiversitäts-Monitoringkonzepte zur Überwachung und Beobachtung von Organismen und Lebensräumen. Der DDA koordiniert die bundesweiten ehrenamtlichen Programme zum Vogelmonitoring, die in Zusammenarbeit mit dem BfN sowie den Vogelschutzwarten der Länder ausgewertet werden (BfN 2022a, Sudfeldt et al. 2012a). Zudem werden im Auftrag des BfN seit 2018 konzeptionelle Grundlagen für ein bundesweites Insektenmonitoring inklusive einer Materialsammlung zu Erfassungsmethoden erarbeitet (Ludwig 2020, 2021, Schuch et al. 2020). Bereits bundesweit durchgeführte Monitoringprogramme betreffen das HNV-Farmland-Monitoring (BfN 2021a, Hünig & Benzler 2017) sowie das Monitoringsystem für das verpflichtende FFH-Monitoring (Sachteleben & Behrens 2010). Zudem läuft seit 2019 ein F+E Vorhaben im Auftrag des BfN zur Erarbeitung eines operationalisierbaren Konzepts zum Ökosystem-Monitoring (BfN 2021b, c). Des Weiteren ist ein Forschungsvorhaben für die Erarbeitung eines übergreifenden Gesamtkonzepts des Monitorings auf Flächen des Nationalen Naturerbes in einem F+E Vorhaben vom BfN geplant (BfN 2021d). Das BfN ist ebenfalls an der Entwicklung und Festlegung von geeigneten, umweltbezogenen Indikatoren, auch im Rahmen der Nationalen Strategie zur biologischen Vielfalt des Bundes, beteiligt und diese Arbeiten fließen generell in die vorgenannten Konzepte und Programme ein (BLAG KliNa 2014, BMUB 2019). Die Monitoring-Konzepte und -Programme sollen in Priorität 3 daraufhin überprüft werden, ob und inwieweit sie für die spezifischen Fragestellungen eines Monitorings von Umweltwirkungen von GE-Organismen nutzbar und geeignet sind.

Priorität 3a evaluiert die bisher vom BfN entwickelten Monitoringkonzepte des Naturschutzes hinsichtlich ihrer Eignung und Nutzbarkeit für das Monitoring von Umweltwirkungen von GE-Organismen (siehe Kapitel 5.1).

Priorität 3b identifiziert Anknüpfungspunkte zur Nutzung von Monitoringkonzepten und -programmen für das GE-Monitoring (siehe Kapitel 5.2).

### **5.1 Evaluierung der bisher vom BfN entwickelten Monitoringkonzepte des Naturschutzes hinsichtlich ihrer Eignung und Nutzbarkeit für das Monitoring von Umweltwirkungen von GE-Organismen**

#### **5.1.1 Vogelmonitoring**

##### **5.1.1.1 Das Programm**

Laut BfN-Homepage werden „Die bundesweiten ehrenamtlichen Programme [des Vogelmonitorings] [...] vom DDA koordiniert und in Zusammenarbeit mit dem BfN sowie den Vogelschutzwarten der Länder ausgewertet“ (BfN 2022a). Gezählt und erfasst werden die Vögel größtenteils von ehrenamtlichen MitarbeiterInnen (BfN 2022a). Das ehrenamtliche Vogelmonitoring basiert auf drei Hauptsäulen: dem Monitoring häufiger Brutvögel (MhB), dem Monitoring seltener Brutvögel (MsB) und dem Monitoring rastender Wasservögel (Sudfeldt &

Trautmann 2015). MhB und MsB ergeben Daten zu Bestandstrends von Brutvogelarten. Beim Monitoring häufiger Brutvögel werden festgelegte Flächen bearbeitet, während beim Monitoring seltener Brutvögel bei bestimmten, ausgewählten Arten direkt der Brutbestand und die -verbreitung erfasst wird. Das Monitoring rastender Wasservögel liefert von einer umfangreichen Stichprobe von Gewässern Bestandsdaten für die dort vorkommenden Rastvögel außerhalb der Brutzeit, vor allem von Gänsen, Enten, Schwänen und Möwen (Sudfeldt et al. 2012a, Sudfeldt & Trautmann 2015). Die Ergebnisse und Trendanalysen aus allen Vogelmonitoringprogrammen werden jährlich in einem Bericht „Vögel in Deutschland“ veröffentlicht (Flade et al. 2008, Gerlach et al. 2019, Sudfeldt et al. 2007, 2008, 2009, 2010, 2012b, 2013, Wahl et al. 2011, 2015, 2017, 2020).

Sudfeldt & Trautmann schreiben (2015) bezüglich des MhB: „Beim Monitoring häufiger Brutvögel (seit 2004) werden auf festgelegten 1 km<sup>2</sup> großen Probeflächen über ganz Deutschland anhand von Linienkartierungen (einer aufwandsreduzierten Form der Revierkartierung) Revierbestände häufiger Brutvogelarten erfasst. Die Probeflächen wurden vom Statistischen Bundesamt als repräsentativ für die verschiedenen Lebensraum- und Landschaftstypen in Deutschland im Rahmen einer stratifizierten Stichprobenziehung ausgewählt“. Die Schichtung nach „Lebensräumen“ und „Naturräumen“ stellt sicher, dass auch Probeflächen von in Deutschland selteneren Lebensräumen ausreichend repräsentiert sind (Mitschke et al. 2005). Letztendlich wurden 2.637 Probeflächen bestimmt. Neben 1.000 Probeflächen des Grundprogramms gibt es 1.637 weitere Probeflächen, die u. a. als erweiterte Stichprobe für vertiefende Aussagen für die einzelnen Bundesländer bearbeitet werden (DDA 2021b). Das erklärt die hohe Probeflächen-Dichte in den drei Stadtstaaten (Abb. 4). Derzeit werden von den 2.637 rund 1.700 Probeflächen bearbeitet (Kunz et al. 2020, Wahl et al. 2020). Sudfeldt & Trautmann 2015 schreiben „Die auf den Erstflächen erhobenen Revierdaten werden genutzt, um mit Hilfe logistischer Regressionsmodelle im Programm TRIM Populationstrends zu berechnen“. Das MhB generiert aktuell bundesweite Trends für 99 Vogelarten (Wahl et al. 2020). Der DDA ergänzt zur Nutzung der Daten des MhBs: „Die Daten des Programms werden in vielfältiger Weise eingesetzt: Sie erlauben es, die Auswirkungen verschiedener Landnutzungen auf die Vogelwelt einzuschätzen. Das MhB liefert eine Datenbasis für Indikatoren zur Artenvielfalt, zur Nachhaltigkeit und zum Klimawandel in den Strategien der Bundesregierung [...]. Neben bundesweiten Aussagen können auf Basis des MhB repräsentative Einschätzungen zur Bestandentwicklung häufiger Brutvogelarten auch für einzelne Bundesländer getroffen werden“ (DDA 2021a).

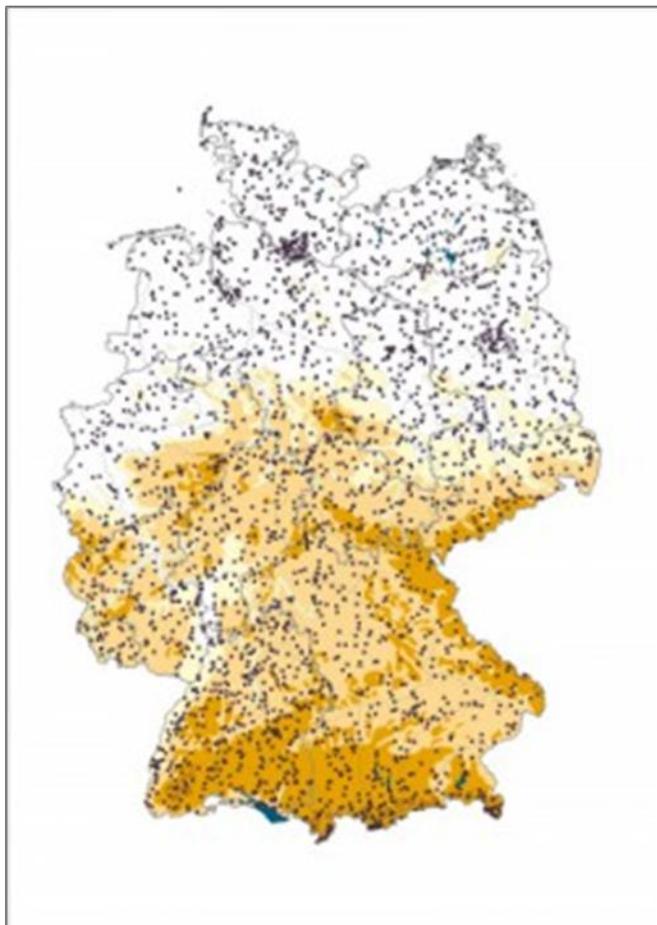


Abb. 4 Räumliche Verteilung der Probeflächen des Monitorings häufiger Brutvögel in Deutschland. (© DDA 2021a).

Das Monitoring seltener Brutvögel lief 1977 an und wird vom DDA organisiert und koordiniert (DDA 2021b). Sudfeldt & Trautmann (2015) schreiben über das MsB: „Das Monitoring seltener Brutvögel erfasst alle Arten, die nicht ausreichend über das MhB abgedeckt werden können, weil sie z. B. nur sehr selten vorkommen, unregelmäßig an unterschiedlichen Orten brüten oder als mittelhäufige Arten (insbesondere bei großen Revieren oder wassergebundenen Lebensräumen) mit der Methode des Monitorings häufiger Brutvögel nicht repräsentativ erfasst werden können“. Das MsB wird kontinuierlich überarbeitet, z. B. werden seit 2017 bundesweit einheitliche Erfassungsvorgaben für die MsB-Arten neu abgestimmt, auch kommen sukzessiv neue Gruppen und Arten hinzu (Tab. 15; DDA 2021b). Dieser Prozess soll kontinuierlich fortgeführt und das MsB zu einem gebietsbezogenen, onlinebasierten Monitoring entwickelt werden und als Grundlage zur Ermittlung von Trends dienen (DDA 2021, Wahl et al. 2020). Weitverbreitete, „mittelhäufige“ Arten (z. B. Rebhuhn oder Wachtel) sollen auf TK25-Quadranten oder Minutenfeldern (2 x 2 km) erfasst werden. Sudfeldt & Trautmann (2015) zufolge sollen: „unregelmäßige Brutvogelarten (z. B. Seeschwalben) und seltene Horst- und Koloniebrüter (Adler oder Reiher) punktgenau [...], Vögel mit konzentrierten Vorkommen (v. a. Arten der Feuchtgebiete) über unregelmäßig abgegrenzte Zählgebiete“ erfasst werden. DDA (2021b) hält fest, dass die verschiedenen Arten „[...] ganz unterschiedliche Anforderungen an ein Monitoring [stellen], weshalb eine ganze Reihe unterschiedlicher Erfassungsmethoden nötig ist, um das heterogene Artenspektrum der seltener Brutvögel abdecken zu können“. Die Bestandstrends werden auf der Basis jährlicher absoluter Bestandszahlen oder –indizes ermittelt

(Sudfeldt & Trautmann 2015). Etabliert wurden bisher die MsB-Module für die Koloniebrüter Graureiher, Saatkrähe und Uferschwalbe, für die zwei seltenen Reiherarten Purpureiher und Nachtreiher, die Erfassung der Spechtarten, von Zaunammer, von Wachtelkönig sowie die Erfassungsmodule für Brutvögel an Binnengewässern, Röhrichtbrütern, Möwen und Seeschwalben, während sich das Modul für Wiesenlimikolen im Aufbau befindet (Tab. 15).

Tab. 15: Die aktuellen Module des Monitorings seltener Brutvögel in den Bundesländern Deutschland (geändert aus DDA 2021b).

Modul	Verfügbar in den Bundesländern
Binnengewässer	BW, RP, SN, ST
Graureiher	BE, BW, BY, HB, HE, HH, NI, NW, MV, RP, SH, ST, TH
Möwen und Seeschwalben	BY, HB, HH, MV, NW, RP, SH, ST
Röhrichtbrüter	BW, RP, SH, SN, ST
Saatkrähe	BE, BW, BY, HB, HE, HH, RP, SH, ST, TH
Spechte	BE, BW, BY, HE, HH, RP, SH, SN, ST und TH
Uferschwalbe	BW, HE, HH, NW, RP, SH, SN, ST und TH
Wachtelkönig	HB, HH, NI, NW, RP, SH, ST und TH
Wiesenlimikolen	HH, NI, SH, ST
Zaunammer	BW, RP

Seit über 50 Jahren werden rastende Wasservögel in Deutschland nach internationalen Standards gezählt, seit den 1960er Jahren ist das Monitoring rastender Wasservögel in Deutschland Bestandteil des International Waterbird Census (DDA 2021c). Aus den Daten des Wasservogelmonitorings werden bundesweite Bestandsgrößen und Trends für etwa 150 Vogelarten außerhalb der Brutzeit ermittelt. Das Wasservogel-Monitoring besteht aus mehreren Bausteinen. Das BfN hält dazu fest: „So lassen sich die Unterschiede im Verhalten und der Ökologie der einzelnen Arten berücksichtigen und gleichzeitig belastbare Angaben über Vorkommen und Trends ermitteln“ (BfN 2022b). Das Basismodul ist das Monitoring rastender Wasservögel („Wasservogelzählung“), welches im Winterhalbjahr zwischen September und April durchgeführt wird (Abb. 5). Wahl et al. (2011) schreiben: „Über 3.000 Zählgebiete wurden mindestens einmal seit Beginn der [Wasservogel-]Zählungen erfasst. Im Januar zur internationalen Mittwinterzählung werden Wasservögel jährlich in über 1.500 Gebieten erfasst.“ Das Ziel ist die weitestgehend genaue Zählung des Gesamtbestandes der zu erfassenden Wasservögel im Zählgebiet (DDA 2021c). Das zu erfassende Artenspektrum wurde und wird sukzessive ergänzt und umfasst aktuell alle Entenvögel einschließlich der Gänse, Schwäne und Säger, aber auch das Blässhuhn, die Wattvogelarten sowie regional die Möwen und die Seeschwalben (Wahl et al. 2017). Seit 2017 wird auch eine „erweiterte Artenliste“ erfasst mit typischen Gewässerarten wie z. B. Gebirgsstelze, Wasserramsel, Eisvogel (DDA 2021c). Spezielle Ergänzungsmodule decken bestehende Lücken ab wie z. B. die Module „Rastende Gänse und Schwäne“ sowie die „Möwen-, Kranich- oder Kormoran-Schlafplatzzählung“ (DDA 2021c, Wahl et al. 2017). Beim

Modul „Gänse und Schwäne“ wird der im Zählgebiet anwesende Rastbestand gezählt, an den Rastplätzen und/oder den Schlafplätzen, allerdings nicht in allen Regionen. Eine erweiterte Artenliste ergänzt das Monitoring um Kranich, Grau- und Silberreiher, Kiebitz, Goldregenpfeifer und Großen Brachvogel (Wahl et al. 2017, Tab. 16).

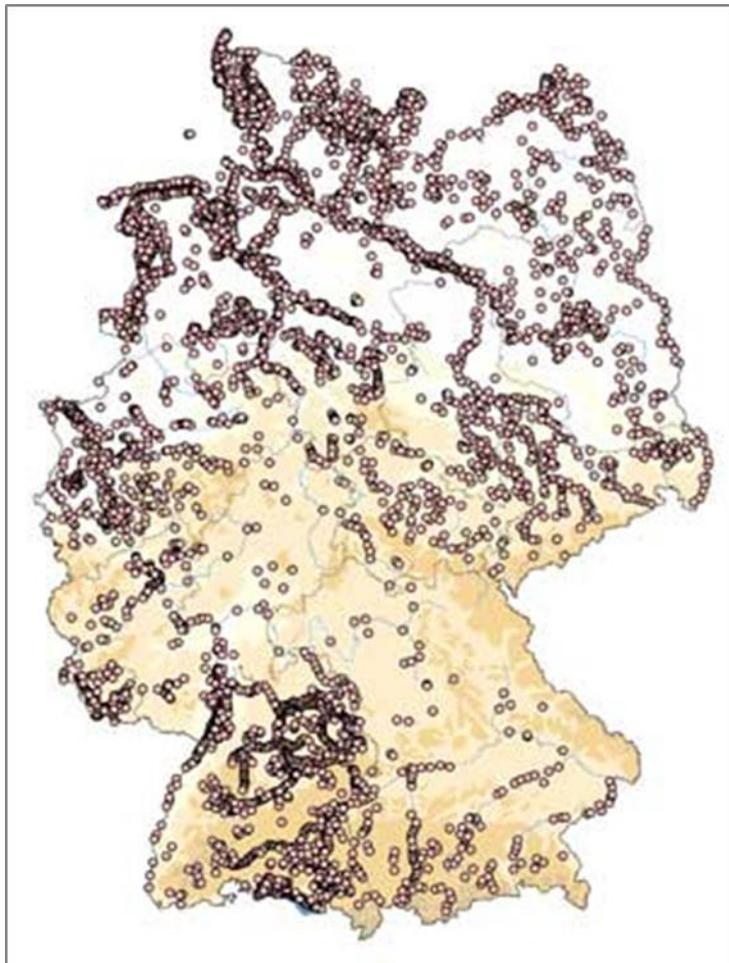


Abb. 5 Zählgebiete im Rahmen des Monitorings rastender Wasservögel in Deutschland. Die Größe der Zählgebiete ist vor allem in Süddeutschland regional unterschiedlich (© DDA 2021c).

#### 5.1.1.2 Eignung des Vogelmonitorings für ein GE-Monitoring

Vögel werden im Allgemeinen nicht als vorrangige Indikatoren für potenziell negative Auswirkungen von gentechnisch veränderten Organismen berücksichtigt, mögliche schädliche direkte und indirekte Effekte durch GVO-Anbau sind aber beschrieben. Insbesondere indirekte Wirkungen wurden untersucht und genannt, wie eine durch den Anbau von gentechnisch veränderten Pflanzen bedingte Reduktion der Insekten- und Wildkräutervielfalt mit einem negativen Kaskadeneffekt auf bestimmte Vogelarten in der Agrarlandschaft (z. B. Butler et al. 2007, Chamberlain et al. 2007, Gibbons et al. 2006). Generell sind Vögel gute Indikatororganismen aufgrund der umfangreichen Kenntnisse über die Biologie und über die Gefährdungsfaktoren der einzelnen Arten sowie die zahlreichen Monitoringprogramme mittels standardisierter Erfassungsmethoden, welche zu belastbaren Datenanalysen bezüglich Häufigkeit, Verbreitung und Bestandstrends führen. Nicht zu vernachlässigen ist auch der Umstand, dass die Datenerhebungen und –Auswertungen der bestehenden Vogelmonitoringprogramme in der Regel

langfristig durch geeignete Organisationsstrukturen sichergestellt sind (Sudfeldt et al. 2012; Sudfeldt & Trautmann 2015).

Das Monitoring häufiger Brutvögel und das Monitoring seltener Brutvögel sind mit gewissen Einschränkungen für ein GE-Monitoring einsetzbar. Die hierzu benötigten Populationstrends werden regelmäßig (oft jährlich aktualisiert) erstellt. Von Vorteil ist, dass Datenreihen seit mindestens 10 Jahren existieren, so dass bereits ein ausreichender Datensatz für Trendvergleiche zwischen der Situation vor und nach Einführung von GE-Organismen existieren würde. Für das Monitoring seltener Brutvögel gibt es teilweise sogar noch längere Zeitreihen. Die Qualität der Ergebnisse ist beim MhB für viele Arten gut, da nach standardisierter Erfassungsmethode und mit festgelegtem Probeflächennetz vorgegangen wird. Beim MsB der Vergangenheit kann sich aber die Datenqualität in Abhängigkeit vom Auftreten (Häufigkeit und Verbreitung) der Arten beträchtlich unterscheiden (Sudfeldt & Trautmann 2015), seit 2017 werden aber bundesweit einheitliche Erfassungsvorgaben für die MsB-Arten abgestimmt (DDA 2021b). Da Vögel relativ weit oben in der Nahrungskette stehen und von GE-Organismen vor allem indirekte Auswirkungen zu erwarten sind, werden negative Wirkungen aber meist eher über einen längeren Zeitraum > 5 Jahre statistisch nachzuweisen sein, auch aufgrund der häufig ausgeprägten Populationsdynamik vieler Arten (Sudfeldt & Trautmann 2015).

Im Rahmen eines GE-Monitorings wären diejenigen Brutvogelarten von besonderem Interesse, die potenziell am stärksten den GE-Organismen und/oder ihren Produkten gegenüber exponiert wären. Dies gilt voraussichtlich, aber nicht nur, für Arten von landwirtschaftlichen Flächen, also Vögel, die Agrarflächen als Brutgebiet oder als Nahrungsgebiet nutzen (Butler et al. 2007, Chamberlain et al. 2007, Gibbons et al. 2006,). Dies wird von Fall zu Fall anders gelagert sein und muss einer fallspezifischen Risikobewertung vorbehalten sein (siehe auch die GE-Fallbeispiele). Für ein GE-Monitoring müssten gegebenenfalls die Artenlisten und der Erfassungsumfang angepasst werden. Zum einen, um die beträchtlichen regionalen Unterschiede zu berücksichtigen, und zum anderen, um diejenigen Brut- und Rastvögel zu erfassen, die besonders sensibel auf indirekte Änderungen ihres Lebensraumes (Nahrungsangebot, Habitatausstattung) und Intensivierung der Landwirtschaft reagieren. Züghart & Breckling (2003) schlagen für ein GVO-Monitoring eine Liste der Vögel in Äckern sowie Brach- und Ödflächen vor, welche 44 Arten umfasst. Darauf aufbauend konzipierten Sudfeldt & Trautmann (2015) eine Indikatorenliste für ein GVO-Monitoring von 32 Arten. Diese Artenlisten sollten für ein GE-Monitoring nochmals überprüft und erweitert werden, z. B. für bisher nicht aufgeführte Arten(gruppen) wie Schwarzmilan, Falken, Tauben, Drosselarten, Mönchsgrasmücke, Elster oder auch weitere Finkenarten.

Brutvögel mit großen Territorien und Nahrungssuchradien wie z. B. die Greifvögel Rotmilan, Mäusebussard oder Wiesenweihe werden mittels der MhB-Probeflächengrößen (1x1 km) nicht ausreichend abgedeckt und müssten speziell im Rahmen des Monitorings seltener Brutvögel neu miterfasst werden. Insbesondere der Rotmilan wäre eine geeignete Indikatorart für Agrarflächen (Grüneberg & Karthäuser 2019, Katzenberger 2019). Es existiert zwar eine Zählung der Rotmilane in den Bundesländern, aber diese umfasst nur eine Januarzählung der Winterschlafplätze zu einem einzigen Termin (Kunz & Katzenberger 2021). Ein weiteres Manko von Brutvogelarten mit großflächigem Raumbezug ist, dass nicht immer ein räumlicher Bezug zu möglichen GVO-Anbauflächen hergestellt werden kann (Sudfeldt & Trautmann 2015). Für diese Arten wäre eine direkte Horstkontrolle im Rahmen des MsB die geeignete Erfassungs-

methode (vgl. DDA 2011). Ein brutbiologisches Monitoring, also die Erfassung des Bruterfolges, wäre generell ein sinnvolles Zusatzmodul für ein GE-Monitoring (Züghart & Breckling 2003).

Neben den Brutvögeln sind Nahrungsgäste außerhalb der Brutzeit auf den Agrarflächen ein wesentlicher Aspekt, was aber in den bisherigen Konzepten zu einem GVP-Monitoring kaum berücksichtigt wurde (Züghart & Breckling 2003). Hier sind vor allem Gänse, Halbgänse und Schwäne zu nennen, die im Monitoring-Modul „Rastende Gänse und Schwäne“ des DDA erfasst werden (Tab. 16).

Tab. 16: Artenspektrum des Monitorings „Rastende Gänse und Schwäne“ des DDA. Gezählt wird im Winterhalbjahr von September bis März und im Mai (1x pro Monat) (geändert aus DDA 2021d).

Modul „Feldzählung“		Modul „Schlafplatzzählung“	
Arten(gruppe)	Basis-Artenliste	Erweiterte Artenliste	Basis-Artenliste
Schwäne <sup>1</sup>	X	X	X
Gänse (inkl. Brandgänse)	X	X	X
Halbgänse	X	X	
Silberreiher		X	
Graureiher		X	
Kranich		X	X
Kiebitz		X	
Goldregenpfeifer		X	
Gr. Brachvogel		X	
Regenbrachvogel		X	
Kampfläufer		X	
Kornweihe		X	

Das Hauptmodul des Monitorings der Wasservögel auf den Gewässern erscheint aufgrund seiner langjährigen Zeitreihe (seit 1967 standardisiert) und des großen Stichprobenumfangs (1.500 – 3.000 Zählgebiete) sehr gut geeignet, etwaige Effekte auf Populationstrends der Gewässer-Avifauna zu erfassen (vgl. Abb. 5). Zu beachten ist allerdings, dass die Wasservogelzählung den Bestand des Winterhalbjahres erfasst und nicht den Brutbestand. Möglicherweise findet aber eine potentielle Exposition gegenüber GE-Organismen und/oder Produkten auch nur lokal/regional begrenzt statt, so dass nur ein Bruchteil der Zählgewässer betroffen ist. Inwieweit der Stichprobenumfang dann ausreichend statistische Mächtigkeit aufweist, um auch Trends für einzelne ausgewählte Arten und auf lo-

<sup>1</sup> inkl. aller nicht-heimischen Arten und Hybriden

kaler Ebene signifikant nachzuweisen, wurde bisher nicht analysiert und muss offenbleiben.

In einer prospektiven Poweranalyse untersuchten Sudfeldt & Trautmann (2015), inwiefern der Stichprobenumfang des MhB den signifikanten Nachweis eines negativen Trends von acht häufigen Vogelarten aufgrund des Anbaus von GV-Pflanzen ermöglicht. Als Szenarien wurden eine 1 %ige und 3 %ige jährliche Abnahme der jeweiligen Population simuliert, entsprechend der Rote-Liste-Kriterien eines Rückgangs zwischen 5 % und 20 % über 25 Jahre (Südbeck et al. 2007). Ein statistisch gesicherter Nachweis einer 3 %igen Populationsabnahme aufgrund von GVP-Anbau wäre mittels des MhB deutschlandweit möglich für die häufigeren Arten Aas-krähe, Feldsperling und Goldammer. Nicht möglich war in der Regel ein Nachweis auf Länder-ebene, für einen 1 %igen Rückgang der Populationsdichte und für die getesteten, etwas we-niger häufigen Arten (Dorngrasmücke, Jagdfasan, Kiebitz, Klappergrasmücke und Sumpfrohr-sänger). Als Grund geben Sudfeldt & Trautmann (2015) die hohen Fluktuationen der Populationsdynamiken, die zusätzlich noch regional unterschiedlich sein können, und die großen Re-viergrößen einzelner Arten an.

Die Analyse der Ursachen einer Bestandsveränderung, d. h. die Aufdeckung von Ursache-Wirkungsbeziehungen, ist bei einem GE-Monitoring elementar wichtig. Prinzipiell ist das mit den Daten des MhB möglich (Busch et al. 2020). Voraussetzung ist allerdings, dass aussagekräftige Daten nicht nur zur Exposition gegenüber den GE-Organismen und ihren Produkten, sondern auch weiterer relevanter Umweltparameter (z. B. Witterung, Landnutzung, Habitatqualität) in ausreichend räumlicher und zeitlicher Auflösung vorliegen (Busch et al. 2017). Dies ist wichtig, um ausschließen zu können, dass andere Faktoren als die GE-Organismen für den beobachteten Bestandstrend verantwortlich sind. Diese benötigten Umweltparameter stehen für den Agrarraum im Wesentlichen zur Verfügung, für andere Lebensräume jedoch nicht, vor allem nicht in der erforderlichen zeitlichen Auflösung. Des Weiteren liegen manche Parameter, z. B. der Pestizideinsatz, auch nicht in ausreichend räumlicher Auflösung vor (Busch et al. 2017). Eine umfangreiche, systematische Sammlung relevanter Umweltparameter innerhalb der MhB-Flächen wäre daher zukünftig dringend notwendig.

### 5.1.1.3 Fazit

Das Vogelmonitoring ist prinzipiell für ein GE-Monitoring geeignet und einsetzbar, bedarf aber einiger, zum Teil umfangreicher Anpassungen und Erweiterungen.

So ist mit dem derzeitigen Probeflächennetz des MhB nur für wenige Arten ein potenzieller Effekt von GE-Organismen statistisch signifikant nachweisbar (Sudfeldt & Trautmann 2015). Das gilt insbesondere, wenn kurzfristige Effekte (< 10 Jahre) nachgewiesen werden sollen, eine regionale Differenzierung gewünscht ist, die Exposition gegenüber GE-Organismen gering ist und/oder nur geringfügige Effekte auftreten. Insbesondere Populationstrends bei „mittelhäufigen“ Arten mit hohen Fluktuationen und regional unterschiedlichem Auftreten erlaubt die Datenlage des MhB derzeit keine Auswertung auf Länderebene, z. B. bei Rebhuhn oder Wachtel (Sudfeldt & Trautmann 2015). Für ein flächendeckendes GE-Monitoring müsste daher das Probenetz des MhB deutlich erweitert werden, um den Stichprobenumfang zu erhöhen. Die Erhebungen des probeflächen- und gebietsbezogenen Monitorings seltener Brutvögel sind ebenfalls prinzipiell für ein GE-Monitoring nutzbar. Alle nicht über das MhB repräsentativ zu erfassenden Arten könnten über das MsB abgedeckt werden. Dies betrifft insbesondere Arten mit großflächiger Raumnutzung wie die Greifvögel. Idealerweise würde ein begleitendes brut-

biologisches Monitoring angekoppelt. Es existieren bereits einige Greifvogel-Monitoringprogramme (z. B. MEROS 2015, Lang et al. 2019c), die gegebenenfalls in das MsB eingebunden werden könnten. Inwieweit etwaige Effekte von GE-Organismen mit dem MsB-Modul statistisch nachgewiesen werden könnten, wurde bisher noch nicht simuliert. Eine derartige Analyse mittels einer prospektiven Poweranalyse wird dringend empfohlen, um eventuell bestehenden Bedarf an einer Ausweitung des Stichprobenumfangs aufzuzeigen.

Bei potenziellen Effekten von GE-Organismen auf die Avifauna der Gewässer scheint das allgemeine Monitoring der rastenden Wasservögel eine geeignete Basis für eine Überwachung darzustellen. Allerdings wurde auch hier bisher nicht überprüft, inwieweit der Stichprobenumfang der bearbeiteten Gewässer die Analyse statistisch absicherbarer Trends für einzelne Arten ermöglicht, weshalb der Datensatz einer solchen Überprüfung unterzogen werden sollte. Eine Verdichtung der Zählkulisse an Fließgewässern und im urbanen Raum sowie über die Mittwinterzählungen hinaus erscheint ebenfalls notwendig (Grüneberg et al. 2017). Zu berücksichtigen ist auch, dass nur Daten für das Winterhalbjahr vorliegen, also für rastende und durchziehende Arten, und keine vollständigen Monitoringdaten für die Brutperiode existieren. Auch hier kann das MsB ergänzend wichtige Informationen liefern über eine Verdichtung und Ausweitung einzelner Sondermodule wie das Programm „Rastende Gänse und Schwäne“. Auch hier müsste ebenfalls vorher die regionale Verbreitung und Anzahl der Erfassungsflächen überprüft werden, ob die Stichprobenzahl für den Nachweis von (regionalspezifischen) Trends im Rahmen eines GE-Monitoring ausreichend wäre.

## 5.1.2 HNV-Farmland-Monitoring

### 5.1.2.1 Das Programm

Das HNV-Farmland-Monitoring in Deutschland ist ein Monitoringprogramm, welches den Zustand und die Veränderungen der biologischen Vielfalt in der Agrarlandschaft erfassen soll (BfN 2021a). Landwirtschaftsflächen mit hohem Naturwert (high nature value farmland; HNV-Farmland) zeichnen sich durch eine extensive Bewirtschaftung, Vorkommen halbnatürlicher Vegetationstypen und unter anderem ein vielfältig strukturiertes Landnutzungsmosaik aus, wie z. B. artenreiches Magergrünland, extensiv bewirtschaftete Äcker oder Weinberge sowie Brachen (BfN 2021a, Hünig & Benzler 2017). Laut BfN 2021a „[...] verfügen [diese] in der Regel nicht nur über eine höhere Artenvielfalt, sondern beherbergen auch seltene und spezialisierte Tier- und Pflanzenarten [...]“. Das HNV-Farmland-Monitoring wird deutschlandweit seit 2009 auf über 2.000 Stichprobenflächen in einem Vierjahreszeitraum regelmäßig durchgeführt und vom BfN koordiniert (mündliche Kommunikation A. Benzler, Benzler 2009, Hünig & Benzler 2017). Aufgrund der zeitlichen Auflösung der HNV-Farmland-Kartierungen wird alle vier Jahre ein vollständiger Erhebungsdurchgang abgeschlossen (BfN 2021a). Das HNV-Farmland-Monitoring nutzt die 1x1 km großen Flächen der bundesweiten, repräsentativen Stichprobenflächen, welche auch für das MhB vom DDA verwendet werden (Abb. 6; BfN 2021a, Mitschke et al. 2005).

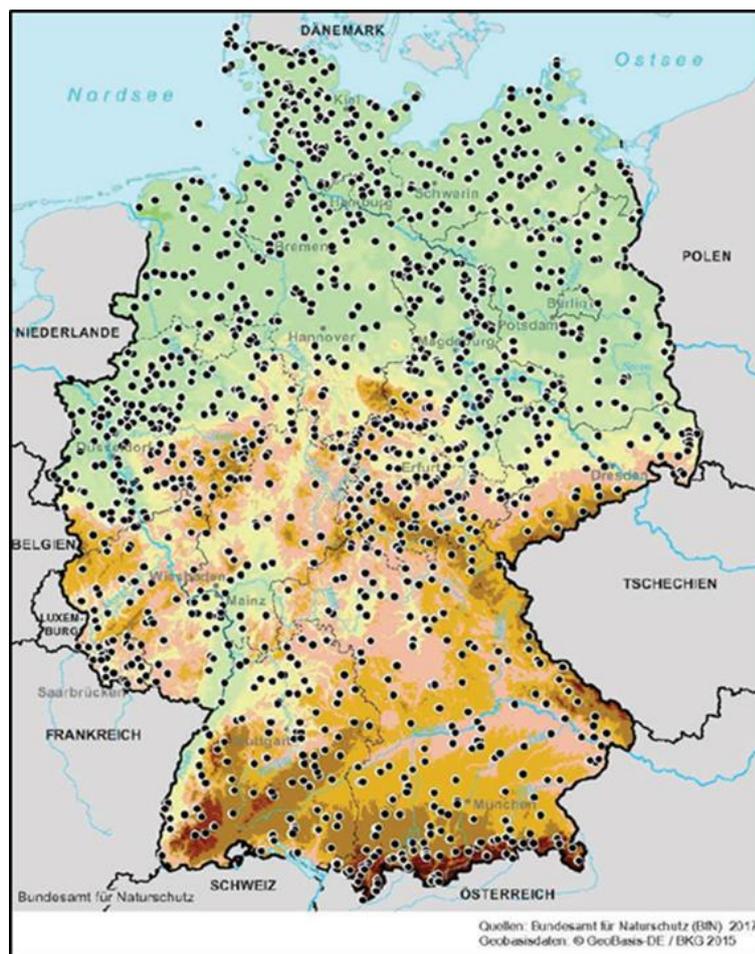


Abb. 6 Verteilung der Stichprobenflächen für das bundesweite HNV-Farmland-Monitoring (aus Hünig & Benzler 2017).

Auf den Probeflächen werden alle landwirtschaftlichen Nutzflächen mit hohem Naturwert und die agrarlandschaftstypischen Biotope und Strukturelemente erfasst, d. h. Offenlandstrukturen innerhalb der Agrarlandschaft, welche eine hohe Arten- oder Strukturvielfalt aufweisen (Tab. 17). „Siedlungen, Wald und nicht landwirtschaftlich genutztes Offenland werden nicht kartiert“ (Hünig & Benzler 2017). Zur Bewertung von Grünland, Ackerland, Brachen sowie Obst- und Rebflächen werden innerhalb der betreffenden Nutzfläche (regionalspezifische) lebensraumtypische Kenntaxa der Flora auf einem definierten Transekt mittels standardisierter Erfassungsanleitungen aufgenommen (BfN 2020, 2021a). Hünig & Benzler schreiben über die Kategorisierung der Landschaftselemente: „Die Bewertung der Landschaftselemente erfolgt nach Kriterien der Struktur- oder Artenvielfalt“ spezifisch für jeden Typ (Tab. 17; Hünig & Benzler 2017). Laut BfN-Homepage stellen „Alle FFH-Lebensraumtypen (LRT) und gesetzlich geschützten Biotope [...], soweit sie als Bestandteile der Agrarlandschaft aufgefasst werden, ebenfalls HNV-Farmland dar [...]“. Sie werden in Anlehnung an die Systematik der FFH-LRT-Bewertung gutachterlich beurteilt (BfN 2021a). Hünig & Benzler (2017) schreiben über die Stichprobenkulisse in einzelnen Bundesländern: „In den Bundesländern Nordrhein-Westfalen und Schleswig-Holstein wird die Stichprobenkulisse für weitergehende Monitoringprogramme genutzt und die Stichprobenflächen werden flächendeckend biotopkartiert“. Die letztendliche Bewertung der HNV-Farmland-Elemente erfolgt über eine Differenzierung in drei Qualitätsstufen (HNV I: äußerst hoher Naturwert; HNV II: sehr hoher Naturwert; HNV III:

mäßig hoher Naturwert). Beim HNV-Farmland-Indikator handelt es sich um einen Flächenindikator und die ermittelte HNV-Farmland-Fläche wird als Anteil der Landwirtschaftsfläche mit hohem Naturwert an der gesamten Agrarlandschaftsfläche Deutschlands bzw. der Bundesländer dargestellt (BfN 2020, 2021a, Hünig & Benzler 2017). Das HNV-Farmland-Monitoring unterliegt einem umfangreichen Qualitätsmanagement, welches die Robustheit und Belastbarkeit der erhobenen Daten sichert (z. B. über Schulungen der KartiererInnen, Kontrollkartierungen, Plausibilitätschecks, Datenmanagement).

Die BfN-Homepage (BfN 2021a) fasst über den HNV-Farmland-Indikator zusammen: „Der HNV-Farmland-Indikator ist inzwischen auf nationaler Ebene in das Indikatorenset der nationalen Strategie zur biologischen Vielfalt und in den Pflanzenschutzindex (PIX) im Nationalen Aktionsplan Pflanzenschutz integriert. Auf Länderebene ist er Teil des Indikatorensets der Länderebene Kernindikatoren (LIKI)“.

Tab. 17: Nutzungs- und Biotoptypen der Agrarlandschaft, welche im Rahmen des HNV-Farmland-Monitorings bewertet werden (geändert nach BfN 2020, 2021a).

<b>Nutzungs- und Biotoptypen der Agrarlandschaft</b>	
Flächentypen	Grünland
	Obstflächen
	Ackerflächen
	Rebflächen
	Brachflächen
	Sonstige Lebensräume des Offenlandes (ges. gesch. Biotope, LRT)
Landschaftselemente	Baumreihen, Baumgruppen, Einzelbäume
	Hecken, Gebüsche, Feldgehölze inkl. Gehölzsäume
	Komplex-Elemente wie Feldraine und Böschungen mit Gehölzen
	Naturstein- und andere Trockenmauern sowie Stein- und Felsriegel, Sand-, Lehm- und Lößwände
	Ruderal- und Staudenfluren sowie Säume, inkl. Hochgrasbestände
	Feuchtgebietselemente: Seggenriede, Röhrichte und Staudenfluren nasser Standorte
	Stehende Gewässer bis 1 ha Größe
	Gräben
	Bäche und Quellen
	Unbefestigte Feldwege / Hohlwege

### 5.1.2.2 Eignung des HNV-Farmland-Monitoring für ein GE-Monitoring

Die bundesweit repräsentativen Stichprobenflächen des HNV-Farmland-Monitorings sind als eine Grundstichprobe mit 1.000 Stichprobenflächen und als Erweiterungsstichprobe mit zusätzlichen 1.637 Stichprobenflächen realisiert (BfN 2021a; vgl. DDA-Vogelmonitoring). Die Stichprobe ist als doppelt geschichtete Stichprobe realisiert, zum einen über die Landnutzung (vgl. Tab. 17), und zum anderen über die Standorttypen (Schröder et al. 2001). Diese Standorttypen bilden Raumklassen mit relativ einheitlichen abiotischen Eigenschaften und decken sich teilweise mit Naturräumen bzw. Naturraumgruppen. Die Erweiterungsstichprobe unterliegt einem zusätzlichen Schichtungskriterium, dem geographischen Länderzuschnitt (BfN 2021a). Damit bildet das HNV-Farmland-Monitoring eine bundesweite, repräsentative Grundlage für die Überwachung etwaiger Zustandsveränderungen in der Agrarlandschaft, welche als gut anwendbar für ein GE-Monitoring erscheint. Die Erweiterungsstichprobe bietet ein zusätzliches Potenzial insbesondere zur Regionalisierung über Auswertungen auf Länderebene. Aufgrund der Schichtung können sich jedoch für einzelne Schichten geringe Stichprobenumfänge ergeben (Hünig & Benzler 2017). Die Zahl der Stichprobenflächen pro Schicht hat eine maßgebende Bedeutung, da dadurch die Wahrscheinlichkeit einen signifikanten Effekt nachzuweisen bestimmt wird.

Ein Rückgang des HNV-Anteils an der Landwirtschaftsfläche konnte statistisch nachgewiesen werden. Der Anteil der Landwirtschaftsfläche mit hohem Naturwert nahm von 2009 bis 2013 um 10 % ab (Benzler et al. 2015). Sowohl der Rückgang des Gesamtwerts als auch der negative Trend bei Grünland, Acker und Brachen waren zwischen 2009 und 2015 signifikant (Hünig & Benzler 2017). Das HNV-Farmland Monitoring kann also einen bestimmten, kontinuierlichen und signifikanten Rückgang der Fläche mit hohem Naturwert auf den landwirtschaftlichen Nutzflächen in Deutschland dokumentieren. Zu beachten ist allerdings, dass es sich hier um einen integrierenden Summen-Indikator handelt (vgl. Tab. 17), also einzelne Biodiversitäts-Daten (außer den Kenntaxa auf den Nutzflächen) nicht systematisch erfasst werden. Bei speziellen Fragestellungen oder Analysen zu einzelnen Tiergruppen fehlt daher die notwendige Erfassungstiefe und Aussagekraft, um diese adäquat abzubilden. Goldberg zeigte 2013, dass auf Grünland eine positive Korrelation zwischen HNV-Wert und der Pflanzen- und Tagfalterdiversität bestand, während jedoch das Vorkommen von Heuschreckenarten nicht deutlich assoziiert war. Inwiefern die HNV-Farmlanddaten mit anderen faunistischen Datensätzen korrelieren, oder nicht, sollte systematisch überprüft werden.

### 5.1.2.3 Fazit

Das HNV-Farmland-Monitoring bietet eine umfangreiche Datenbasis und Potenzial für die verschiedensten Forschungsansätze und Fragen zur biologischen Vielfalt in der Agrarlandschaft (BfN 2021a). Veränderungen im Naturwert von landwirtschaftlichen Nutzflächen können nachgewiesen werden. Als Grundlage für ein GE-Monitoring erscheint die Methode prinzipiell anwendbar, beispielsweise zum Nachweis eines Rückgangs des Anteils von landwirtschaftlichen Flächen mit hohem Naturwert. Für tiefergehende Analysen, z. B. auf der Ebene von Artengruppen, ist der HNV-Summenparameter aber nicht ausreichend. Ein Potenzial des HNV-Farmland Monitorings für das GE-Monitoring liegt in der Verschneidung mit den anderen Monitoringprogrammen des BfN, die auf denselben Probeflächen durchgeführt werden (z. B. das Vogelmonitoring und das Ökosystem-Monitoring). Dies ermöglicht eine weitergehende Analyse von Korrelationen sowie Ursachen-Wirkungs-Analysen, bietet also Synergieeffekte für alle involvierten Monitoringprogramme. Es ist jedoch zu überprüfen, inwieweit der Stichprobenumfang des HNV-Farmland-Monitoring für detailliertere Auswertungen ausreichend ist,

z. B. für Trendanalysen einzelner Kenn taxa, und in welchem Umfang eine Verdichtung der Stichprobenkulisse gegebenenfalls vorgenommen werden sollte.

### 5.1.3 FFH-Monitoring

#### 5.1.3.1 Das Programm

Mit der FFH-Richtlinie (FFH-RL) verpflichten sich die Mitgliedstaaten der Europäischen Union in Art. 11 zur Überwachung (Monitoring) des Erhaltungszustandes der Lebensraumtypen (FFH-RL-Anhang I) und Arten (FFH-RL-Anhänge II, IV und V) von europäischem Interesse (Richtlinie 92/43/EWG des Rates vom 21. Mai 1992 zur Erhaltung der natürlichen Lebensräume sowie der wildlebenden Tiere und Pflanzen). Das Monitoring soll Daten für eine Bewertung des Erhaltungszustandes der Lebensraumtypen und der in den Anhängen der Richtlinie aufgeführten Arten liefern (BfN 2021d). Eine Beurteilung des Erhaltungszustandes der Arten und Lebensraumtypen muss alle sechs Jahre auf der Ebene der biogeografischen Regionen eines Mitgliedsstaates erfolgen. In einem mehrjährigen Abstimmungsprozess haben Bund und Länder sich auf ein gemeinsames Vorgehen beim FFH-Monitoring geeinigt und unter Einbeziehung von Fachpersonen wurden Bewertungsschemata und Erfassungsmethoden für die FFH-Lebensraumtypen und für die Arten nach FFH-RL-Anhängen II und IV erarbeitet (BfN & BLAK 2017a, b, BfN 2021d, Müller et al. 2021, Sachteleben & Behrens 2010, Schnitter et al. 2006).

Die FFH-Arten und -Lebensraumtypen werden in mindestens 63 Stichprobenvorkommen erfasst und das Monitoring erfolgt sowohl innerhalb als auch außerhalb von FFH-Gebieten (BfN 2021d). Die Vorkommen „seltener“ Arten und Lebensraumtypen werden vollständig überwacht. Das Erfassungsintervall wurde art- bzw. lebensraumspezifisch festgelegt (jährlich, drei, zwei oder einmal in sechs Jahren). Das Monitoring basiert auf einer verbundenen Stichprobe, d. h. es werden bei jedem Durchgang dieselben Vorkommen erfasst. Die Anzahl der zu erfassenden Vorkommen wurde nach Areal- bzw. Vorkommensanteil gewichtet auf die beteiligten Bundesländer verteilt (BfN 2021d). Für bestimmte Artengruppen und Lebensraumtypen wird auf bestehende Monitoringsysteme zurückgegriffen (z. B. Bundeswaldinventur, Erfassungen im Rahmen der Wasserrahmenrichtlinie, Fischotter- und Luchsmonitoring in den Ländern). Die Anhang V-Arten sind nicht in das bundesweite FFH-Monitoring einbezogen (BfN 2021d).

Für die Bewertung des Erhaltungsgrades der einzelnen Vorkommen der Lebensraumtypen wird die Qualität der lebensraumtypischen Habitatstrukturen und in der Regel die Anzahl der lebensraumtypischen Pflanzenarten herangezogen sowie die Beeinträchtigungen des Lebensraumes erfasst. Die LRT-spezifische Liste der zu erfassenden Pflanzenarten umfasst Arten der Farn- und Blütenpflanzen, in vielen Fällen auch Arten der Moose und Flechten. „Störungsanzeiger“ wie zum Beispiel Neophyten werden ebenfalls erfasst und bewertet (BfN & BLAK 2017b). Weiterhin gibt es bestimmte Lebensraumtypen, bei denen zusätzlich ausgewählte Gruppen von Tierarten erhoben und bewertet werden. Insgesamt werden in Deutschland 85 LRT des Anhangs I im Rahmen des bundesweiten FFH-Monitorings untersucht (BfN & BLAK 2017b, Müller et al. 2021).

Für das Monitoring der FFH-Arten der FFH-RL-Anhänge II und IV werden die Kriterien „Zustand der Population“, „Habitatqualität“ und „Beeinträchtigungen“ erfasst (BfN 2021d). Die Bewertung des Zustands der Population erfolgt im Allgemeinen über die Populationsgröße und die Trendentwicklung. Je nach Art werden zusätzliche Erfassungen durchgeführt, wie z. B. Untersuchung der Populationsstruktur, Reproduktionsnachweis oder Gesundheitszustand (BfN &

BLAK 2017a, Schnitter et al. 2006). Insgesamt stehen 162 Arten in Deutschland in den Anhängen II und IV (10 Moose, 24 Gefäßpflanzen, 8 Mollusken, 2 Krebse, 10 Libellen, 11 Käfer, 16 Schmetterlinge, 31 Fische, 12 Amphibien, 8 Reptilien, 30 Säugetiere ohne Meeressäuger (BfN & BLAK 2017a). 145 Arten werden über das bundesweite Monitoring bewertet (Müller et al. 2021).

### 5.1.3.2 Eignung des FFH-Monitorings für ein GE-Monitoring

Prinzipiell kann das FFH-Monitoring einen nützlichen Beitrag zu einem GE-Monitoring liefern. Insbesondere die Vegetationskartierungen von lebensraumtypischen Pflanzenarten in den LRT des FFH-RL-Anhang I bieten Detailinformationen zum Zustand und der Entwicklung der Pflanzen-Biodiversität auf den Probeflächen. Zusätzlich sind bei einigen LRT auch Erfassungen zur Fauna vorgesehen: z. B. wird beim LRT „Dystrophe Seen“ im Rahmen des FFH-Monitorings die Libellenfauna aufgenommen, für die diversen Lebensraumtypen der „Fließgewässer“ werden die im Rahmen der Wasserrahmenrichtlinie erhobenen Daten zu Fischen und Makrozoobenthos verwendet, und für den Lebensraumtyp „nicht touristisch erschlossene Höhlen“ werden cavernicole Tierarten (insb. Fledermäuse) berücksichtigt (BfN & BLAK 2017a, b).

Die LRT werden einmal innerhalb eines Berichtszeitraumes (sechs Jahre) erfasst. Für die einzelnen Pflanzen- und Tierarten unterscheiden sich die empfohlenen Erfassungsintervalle beträchtlich und variieren zwischen einer und sechs Erfassungen im Berichtszeitraum. Das heißt, für die LRT und einzelne Arten ist immer erst nach sechs Jahren eine Trendanalyse möglich, während der Rest der Arten häufiger erfasst wird, i. d. R. durchschnittlich ein bis drei Mal in sechs Jahren (vgl. Tab. 18).

Tab. 18: Anzahl der Bestandsüberprüfungen im sechsjährigen Berichtszeitraum des FFH-Monitorings für einzelne Artengruppen (nach BfN & BLAK 2017a). SD: standard deviation (Standardabweichung).

Artengruppe	Mittelwert ± SD	Minimum	Maximum
Moose	1,50 ± 0,55	1	2
Farn/Blütenpflanzen	2,38 ± 1,36	1	6
Mollusken	1,00	1	1
Krebse	2,00	2	2
Libellen	2,56 ± 0,53	2	3
Käfer	1,82 ± 1,54	1	6
Schmetterlinge	2,00 ± 0,39	1	3
Fische	2,57 ± 1,43	2	6
Amphibien	1,50 ± 0,52	1	2
Reptilien	1,25 ± 0,46	1	2
Säugetiere	2,57 ± 1,14	1	6

Anhand der erfassten Daten ist eine statistische Trendanalyse von Zustandsveränderungen (Bestandstrends) auf der Basis der Stichprobenerhebung prinzipiell möglich. Der Stichprobenumfang und die Varianz werden sich jedoch zwischen den einzelnen Lebensraumtypen und FFH-Arten stark unterscheiden, was sich direkt auf die statistische Mächtigkeit der einzelnen Datensätze auswirkt. Sachteleben & Behrens (2010) schätzten mittels einer hypothetischen Berechnung den Stichprobenumfang auf  $n = 105$  zum Nachweis eines 30 %igen Effektes der Bestandsveränderung ein (bei  $p = 0.05$  und 80 % Power), d. h. um einen geringeren Effekt nachzuweisen, würde man theoretisch einen noch größeren Stichprobenumfang benötigen. Mit einer Stichprobengröße des FFH-Monitorings von  $n = 63$  ist laut Sachteleben & Behrens (2010) nur ein 30 %iger Effekt bei einem Signifikanzniveau von  $p = 0.20$  nachweisbar (bei einer Power von 80 %). Die Wahrscheinlichkeit, einen möglichen (GE-)Effekt nachzuweisen, ist daher zumindest für die selteneren Lebensraumtypen und Arten aufgrund des zu geringen Stichprobenumfangs limitiert. Entscheidend ist aber, dass bisher keine Stichprobenabschätzung mit konkret vorliegenden Daten und Varianzen berechnet wurde, so dass die genaue Nachweiswahrscheinlichkeit eines Effektes durch das FFH-Monitoring unklar ist, insbesondere in der Betrachtung einzelner Lebensräume und Arten.

Der Grad der Repräsentativität der erfassten FFH-Lebensräume kann unseres Erachtens nicht exakt eingeschätzt werden, da die Grundgesamtheit und regionale (Flächen)Verteilung der betreffenden Lebensraumtypen und Populationen der Arten nicht genau bekannt sind. Sachteleben & Behrens (2010) schätzen die Repräsentativität aber fachgutachterlich als ausreichend ein. Die Verteilung der FFH-Lebensraumtypen innerhalb der Bundesländer erfolgte proportional zur jeweiligen Gesamtlebensraumfläche und deren Anteile im jeweiligen Bundesland, wodurch sich eine sehr unterschiedliche regionale Verteilung ergibt (Tabelle 4 in Sachteleben & Behrens 2010). Es ist daher zu erwarten, dass bei einer regionalen oder lokalen Betrachtung und Auswertung aufgrund des dann geringeren Stichprobenumfangs die Möglichkeit eines Effektnachweises stark abnimmt.

Der Flächenbezug des bundesweiten FFH-Monitorings dürfte sich vermutlich oft von dem Wirkungsbereich etwaiger Anwendungen von GE-Organismen unterscheiden, da sich die FFH-Lebensräume und Vorkommen geschützter Arten in gewisser Distanz zu den Anwendungsgebieten von GE-Organismen befinden können. Im FFH-Monitoring wird der Erhaltungsgrad eines Vorkommens unter Beachtung der näheren Umgebung erfasst und bewertet (BfN & BLAK 2017a). Für ein GE-Monitoring sind die Daten daher nur anwendbar, wenn die FFH-Lebensräume und erfassten FFH-Artvorkommen den betreffenden Anwendungen von GE-Organismen gegenüber ausreichend exponiert sind, also sich in der Nachbarschaft oder Nähe befinden. Die Anwendbarkeit des FFH-Monitorings für ein GE-Monitoring wird daher stark vom jeweiligen GE-Organismus, seiner möglichen Umweltwirkungen, und den betroffenen Lebensräumen abhängen.

Ein Vorteil des FFH-Monitorings liegt in der gleichzeitigen Erfassung der Habitatqualität und der Beeinträchtigungen, auch wenn diese Daten lediglich semi-quantitativ und in Klassen erhoben werden und damit eher allgemeiner Natur sind. Aber in gewissem Umfang ermöglichen diese Rahmendaten gegebenenfalls eine Analyse der Ursachen von festgestellten Zustandsveränderungen.

### 5.1.3.3 Fazit

Das FFH-Monitoring kann im Rahmen eines GE-Monitorings Anwendung finden, um die Schutzziele geschützter Arten und Lebensräume abzudecken, zumindest derjenigen, welche in Anhang I und IV der FFH-Richtlinie aufgelistet sind. Die Erfassungen und Auswertungen erfolgen systematisch, sowie standardisiert, und liefern somit eine robuste und belastbare Datengrundlage. Die Untersuchungstiefe (Erfassungsintervalle, Anzahl an Fallen bzw. Probenahmen, etc.) erscheint aber teilweise nicht ausreichend, um die Wirkung von GE-Organismen auf FFH-Arten statistisch ausreichend beurteilen zu können; dies müsste gegebenenfalls fallspezifisch analysiert werden und die Erfassungsintensität anhand der entsprechenden Leitlinien angepasst werden (vgl. Materialsammlung zu Erfassungsmethoden für ein Insektenmonitoring: Schuch et al. 2020).

Zu beachten ist auch, dass innerhalb des FFH-Monitorings seltene Lebensraumtypen und Arten erfasst werden, ein Effekt des Anbaus von GE-Kulturpflanzen sich aber eventuell eher in der „Normallandschaft“, d. h. in der intensiv genutzten und nicht geschützten Landschaft, die 90 % der Fläche Deutschlands umfasst, und bei weiter verbreiteten Arten als den seltenen zeigen würde. Bei der Ausbringung anderer GE-Organismen als GE-Kulturpflanzen kann jedoch eine mögliche Exposition von FFH-Lebensraumtypen bzw. –arten von Relevanz sein und muss fallspezifisch überprüft werden (z. B. im Falle der Ausbringung mobiler GE-Organismen).

Offene Fragen bestehen auch bezüglich der vermutlich nicht ausreichenden (regionalen) Repräsentativität der erfassten FFH-Lebensraumtypen. Eine Verdichtung des Stichprobenumfanges wäre sicher generell als auch für die Einbindung in ein GE-Monitoring zu wünschen. Zur Beurteilung in welchem Umfang eine derartige Verdichtung notwendig wäre, sollte eine Stichprobenabschätzung mit konkreten Daten und Varianzen erfolgen.

### 5.1.4 Insektenmonitoring

#### 5.1.4.1 Das Programm

Das Insektenmonitoring befindet sich aktuell in Konzeption und im Aufbau (BfN 2018, BfN 2021e). Das bundesweite Insektenmonitoring soll Aussagen zu häufigen Insekten der Gesamtlandschaft Deutschlands (Säule 1 „Monitoring häufiger Insekten“), wie auch zu seltenen oder geklumpt vorkommenden mittelhäufigen Insekten (Säule 2 „Monitoring seltener Insekten“) ermöglichen (BfN 2019, 2021d). Für das „Monitoring häufiger Insekten“ wird das Netz der bundesweit repräsentativen Stichprobenflächen genutzt (BfN 2021d), das bereits Bestandteil anderer bundesweiter Monitoringprogramme ist oder zukünftig sein soll (HNV-Farmland-Monitoring, Monitoring häufiger Brutvögel, Ökosystem-Monitoring). Neben den häufigen Insekten der Gesamtlandschaft sollen ferner die Arten seltener Lebensräume sowie seltene und gefährdete Insekten, eingeschlossen werden (BfN 2019, 2021d). Für dieses „Monitoring seltener Insekten“ sind spezifische Flächenkulissen erforderlich (BfN 2018). In einem laufenden Forschungs- und Entwicklungsvorhaben werden die konzeptionellen Grundlagen für das geplante bundesweite Insektenmonitoring entwickelt, unter anderem die Anforderungen an das Monitoring analysiert, die Eignung einzelner Insektengruppen überprüft, sowie geeignete Erfassungsmethoden ausgewählt (BfN 2021d, Schuch et al. 2020). Der „einheitliche Methodenleitfaden Insektenmonitoring“ wurde als erster Meilenstein hin zu einem harmonisierten Einstieg in das bundesweite Insektenmonitoring Anfang 2019 vom BfN in enger Zusammenarbeit mit den Landesfachbehörden erarbeitet (BfN 2021d). Neben einer Beschreibung der abgestimmten Zielstellungen und des grundlegenden Aufbaus des Insektenmonitorings enthält er auch Methodenbeschreibungen für drei erste Bausteine des Minimalprogramms der Säule 1

„Monitoring häufiger Insekten“. Weitere Bausteinbeschreibungen sind derzeit in Erarbeitung. Hierbei dient unter anderem auch die „Materialsammlung“ zu Insektenerfassungsmethoden von Schuch et al. als Grundlage, die die gängigen Erfassungsmethoden für verschiedene Insektengruppen und Spinnen zusammenfasst (z. B. Sichtfang, Keschern, Malaisefalle, etc.).

#### **5.1.4.2 Eignung des Insektenmonitorings für ein GE-Monitoring**

Da sich das Insektenmonitoring noch in der Planung und Entwicklung befindet, kann die Eignung für ein GE-Monitoring noch nicht abschließend beurteilt werden. Die bisherigen Konzepte und Richtlinien scheinen aber auch für ein GE-Monitoring äußerst zielführend zu sein. Es werden standardisierte und anerkannte Erfassungsmethoden verwendet und es soll für verschiedene Bausteine der Säule 1 „Monitoring häufiger Insekten“ eine repräsentative Stichprobe in der „Normallandschaft“ auf Basis der existierenden, bundesweiten Stichprobenflächen gezogen werden (je nach Tiergruppe auf Landschaftsebene, Grünland, Acker und/oder Wald, siehe Abb. 7). Des Weiteren ist eine Verschneidung mit den naturschutzfachlichen Monitoringprogrammen der Länder sowie mit den bundesweiten Monitoringprogrammen des BfN geplant. Neben den organisatorischen Vorteilen könnten so erhebliche inhaltliche Synergien zwischen den verschiedenen, auf den betreffenden Flächen durchgeführten Monitoringprogrammen genutzt werden, welche auch weitergehende Auswertungen zu Ursache-Wirkungs-Beziehungen ermöglichen würden. Die Erfassungsbausteine der Säule 2 „Monitoring seltener Insekten“ bilden eine wichtige Ergänzung zur Erfassung der Insekten der Normallandschaft. Hierbei werden nicht nur besonders geschützte und seltene Arten(gruppen) erfasst, sondern auch spezifische, für Insekten und Spinnen bedeutende Lebensräume; beide Aspekte wären durch die Säule 1 „Monitoring häufiger Insekten“ nicht ausreichend abgedeckt (BfN 2021d, Schuch et al. 2020). Die Erfassungsbausteine beider Säulen („Monitoring häufiger Insekten“ und „Monitoring seltener Insekten“) werden entweder einem Minimalprogramm zugeordnet, das bei der angestrebten bundesweiten Umsetzung bundesweit gültige Aussagen ermöglicht, oder einem ergänzenden, optionalen Erweiterungsprogramm, das bei Umsetzung durch mehrere Bundesländer gemeinsame Auswertungen ermöglichen würde (BfN 2021d, Abb. 7).

In der publizierten Materialsammlung (Schuch et al 2020) fehlt bisher eine tiefergehende Behandlung der Repräsentativität der Stichprobenflächen-Auswahl, insbesondere inwieweit der Stichprobenumfang spezieller Lebensraumtypen noch ausreichend repräsentativ für regionale oder lokale Betrachtungen wären. Ebenso wäre eine Poweranalyse für zumindest die hauptsächlichen Indikatorgruppen zu empfehlen (Tagfalter & Widderchen, Heuschrecken, Laufkäfer & bodenlebende Spinnen), um den benötigten Stichprobenumfang zum Nachweis eines Effektes abschätzen zu können (vgl. z. B. Lang 2004, Lang & Bühler 2012, Lang et al. 2016, 2019a) – möglicherweise ist das jedoch bereits Bestandteil der bisher unveröffentlichten Konzepterstellung.

Unklar bleibt auch, ob alle Erfassungen durch Fachpersonen durchgeführt werden sollen, oder mit geschulten Laien im Rahmen eines „Citizen Science“ Projektes (Ludwig et al. 2021), was zusätzliche Organisationsleistungen und Koordination notwendig machen würde. Aber auch dieser Aspekt ist vermutlich Bestandteil der laufenden Konzepterstellung.

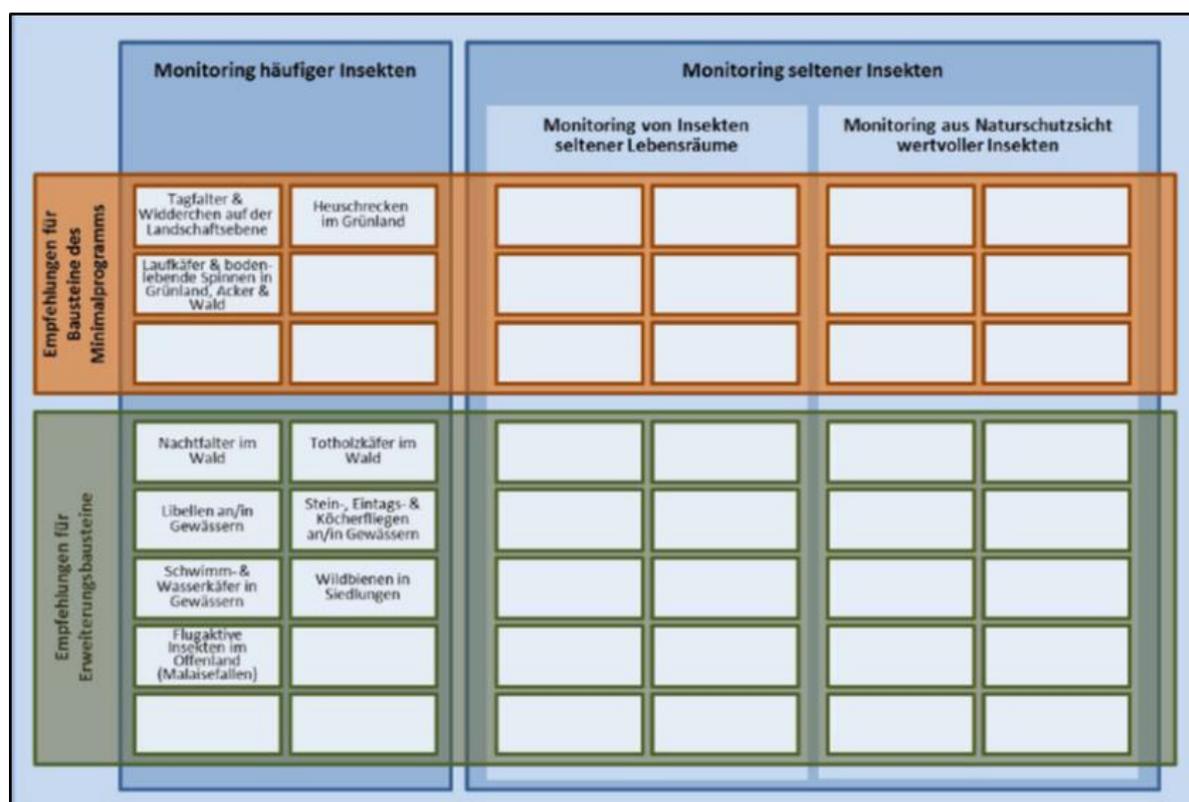


Abb. 7 Schema zum modularen Aufbau des geplanten, bundesweiten Insektenmonitorings (aus BfN 2019).

### 5.1.4.3 Fazit

Das geplante Insektenmonitoring erscheint sehr gut geeignet, um Effekte auf die erfassten Tierarten(gruppen) nachzuweisen, auch im Rahmen eines GE-Monitorings. Durch die Synergieeffekte mit anderen Monitoringprogrammen, die auf denselben Probeflächen durchgeführt werden, wären weitergehende Analysen möglich, die über eine reine Bestandserhebung hinausgehen.

Die geplanten Erweiterungsbausteine werden umgesetzt werden, um auch seltene Lebensräume und Arten abzudecken, und damit das Schutzziel „gefährdete Arten“ ausreichend zu berücksichtigen. Eine (räumliche) Verschneidung des Moduls „Monitoring seltener Insekten“ mit dem FFH-Monitoring seltener Lebensraumtypen und Arten wird aktuell geprüft und berücksichtigt werden, um mögliche Synergien zu nutzen.

Eine Stichprobenabschätzung zur notwendigen Anzahl von Probeflächen sollte unbedingt noch durchgeführt werden, um den Stichprobenumfang abschätzen zu können und letztendlich ausreichend Flächen zum Nachweis eines Effekts zu beproben. Die benötigte Stichprobenzahl ist auch entscheidend für die Frage, ob genügend Fachpersonen zur Bearbeitung der jeweiligen Arten(gruppen) zur Verfügung stünden.

## 5.1.5 Ökosystem-Monitoring

### 5.1.5.1 Das Programm

Das Ökosystem-Monitoring (ÖSM) befindet sich aktuell in der Planung und im Aufbau (BfN 2021b, c). Bisher wurden dafür eine Machbarkeitsstudie (2015), sowie zwei Forschungs- und Entwicklungsvorhaben das sogenannte ÖSM-I von 2016 – 2019 und das ÖSM-II von 2020 –

2023, durchgeführt. Die Ergebnisse des ÖSM-I sind bereits in den BfN-Skripten publiziert worden (Ackermann et al. 2020). Im Rahmen eines umfänglichen Biodiversitätsmonitorings in Deutschland soll mit dem Ökosystem-Monitoring eine vorhandene Datenlücke in der Gesamtlandschaft geschlossen werden (BfN 2021c). Laut der BfN-Homepage (BfN 2021c) beinhaltet „Das Ökosystem-Monitoring [...] die wiederholte, systematische und flächendeckende Erfassung und Bewertung von Biotopen auf den bundesweit repräsentativen Stichprobenflächen [inklusive der FFH-Lebensraumtypen]“. Weiterhin wird der Zustand der Ökosysteme auf den bundesweit repräsentativen Stichprobenflächen, auf welchen bereits das HNV-Farmland-Monitoring, sowie das Monitoring häufiger Brutvögel stattfindet und das Insektenmonitoring geplant ist, untersucht (BfN 2021c). „Der Einfluss von Faktoren wie Landnutzungswandel, Nutzungsdruck, Intensivierung der Landwirtschaft oder dem Klimawandel und damit von wesentlichen Treibern, welche auf die Biodiversität einwirken, soll zukünftig mit dem Ökosystem-Monitoring für die Gesamtlandschaft dokumentiert und bewertet werden“ (BfN 2021c). Das heißt, es soll quantifiziert werden, ob und welche Biotoptypen weiter an Fläche einbüßen, oder ob die Vielfalt unterschiedlicher Strukturen in der Landschaft ab- oder zunimmt, und welche Strukturen (z. B. Kleinstrukturen wie Hecken und Gehölze) davon betroffen sind. Dafür soll bei vielen Biotoptypen das Arteninventar der Flora als ein biotoptypenspezifisches Zusatzmerkmal aufgenommen werden.

Im Zuge des ÖSM-I wurde daher ein bundesweit einheitlicher Kartierschlüssel auf Basis der Roten Liste der Biotoptypen, sowie eine Kartieranleitung zur Erfassung dieser Biotoptypen entwickelt und diese auf 234 bundesweit repräsentativen Stichprobenflächen in größerem Umfang getestet und optimiert (Ackermann et al. 2020, Züghart et al. 2021). Neben der Bilanzierung der verschiedenen Biotoptypen ist auch eine Bilanzierung verschiedenen Nutzungstypen möglich, so dass Trends in der Veränderung der Landnutzung erkannt werden können. Das aktuell laufende und anschließende ÖSM-II soll die bisher entwickelten Methoden optimieren und beinhaltet weitere Kartierungen und Auswertungen (BfN 2021c). Ein wichtiger Baustein des ÖSM-II ist die Evaluierung und Sicherstellung von Synergien mit bereits existierenden Monitoringprogrammen. Ziel des ÖSM-II ist es, anhand einer vollständig erfassten Standortregion ein grundlegendes und praktikables Konzept zum Ökosystem-Monitoring inklusive der Analyse und Evaluierung des Zustandes bzw. der Veränderung von Ökosystemen zu erstellen (BfN 2021c).

#### **5.1.5.2 Eignung des Ökosystem-Monitoring für ein GE-Monitoring**

Das Ökosystem-Monitoring ist eine geeignete Ergänzung zu den anderen, auf den Probeflächen angesiedelten Monitoringprogrammen (Vogelmonitoring, HNV-Farmland-Monitoring, Insektenmonitoring). Es soll bisher fehlende Daten zu Nutzungen und Biotoptypen in der Gesamtlandschaft ergänzen. Das ÖSM ist damit von großem Wert für ein GE-Monitoring, da dadurch auch Veränderungen und Effekte in der „Normallandschaft“ abgedeckt werden. Dies steht im Gegensatz zum FFH-Monitoring, das „nur“ die geschützten und seltenen Lebensräume abdeckt, bzw. das HNV-Farmland-Monitoring, das ausschließlich Flächen mit hohem Naturwert in der Agrarlandschaft berücksichtigt.

Das Ökosystem-Monitoring gewinnt seinen großen Wert unter anderem durch die räumliche Überschneidung und den ergänzenden Daten der Erhebungen und Bewertungen von HNV und FFH-Monitoring. Die Erfassungen des Ökosystem-Monitorings sind grundsätzlich so auf die Erfassungen der HNV-Flächen abgestimmt, dass die HNV-Daten daraus abgeleitet werden können. Auch die Aufnahme des Arteninventars (Pflanzen) im Offenland folgt im Regelfall der

Methodik des HNV-Farmland-Monitorings, idealerweise auf den HNV-Transekten. Diese Überschneidungen des ÖSM mit den etablierten Monitoringprogrammen des Naturschutzes ermöglichen zusätzliche, tiefergehende Analysen zu den Gründen des Rückgangs der biologischen Vielfalt (BfN 2021c).

Die Deckung der Probeflächen mit dem Vogelmonitoring und dem Insektenmonitoring erlaubt potenziell weitergehende Untersuchungen zu den Ursachen von festgestellten Bestandsrückgängen. Somit entstehen aus der räumlichen Überlagerung der verschiedenen Monitoringprogramme Kombinationsmöglichkeiten zwischen den verschiedenen Programmen, die eine Nutzung von Synergien und eine über die jeweilige Grundfragestellung hinausgehende Auswertung der Daten erlauben. So könnten beispielsweise Biotop- und Nutzungstypenkarten (Brachen, Hecken) des ÖSM inklusive Strukturparametern mit Veränderungen des Brutvogelbestandes verschnitten werden, oder der Anteil an Kräutern zur Ursachenanalyse der Veränderung von Insektenbeständen herangezogen werden. Damit liefert das ÖSM einen wertvollen Beitrag zur Aufdeckung von Ursache-Wirkungsbeziehungen, was auch in einem GE-Monitoring höchst relevant ist.

Zu kleinflächig und damit für das ÖSM nicht geeignet sind aber die kleineren Freiflächen des besiedelten Bereichs (Ackermann et al. 2020). Insgesamt erscheinen die besiedelten Flächen im ÖSM-I unterrepräsentiert zu sein. Die Methoden zu Erfassungen im Siedlungsbereich werden aktuell im ÖSM-II überarbeitet und optimiert.

### 5.1.5.3 Fazit

Das Ökosystem-Monitoring kann eine wichtige Grundlage für ein GE-Monitoring bilden. Es generiert Umweltinformationen, die sonst in anderen Monitoring-Programmen extra und separat auf den Stichprobenflächen erhoben werden müssten. Die Verschneidungen der Flächeninformationen des ÖSM mit anderen Monitoringdaten werden zusätzliche Erkenntnisse und Möglichkeiten zur Ursachenforschung der beobachteten Ergebnisse liefern können.

Aufgrund der umfangreichen Qualitätsuntersuchungen und -kontrollen ist gesichert, dass das ÖSM relativ robuste und belastbare Ergebnisse produziert. Die Maßnahmen zur Qualitätssicherung umfassen Schulungen und Beratungen der KartiererInnen, Plausibilitätskontrollen der Kartierungsergebnisse und Doppel(kontroll)-Kartierungen auf denselben Flächen (Ackermann et al. 2020). Zu den spezifischen Auswertemöglichkeiten und ihren Grenzen kann abschließend noch nicht geurteilt werden, diese sind noch Bestandteil des laufenden Forschungsvorhabens ÖSM-II.

Unklar ist noch die Aussagekraft des ÖSM im bebauten Siedlungsbereich. Welche Einflussgrößen auf die biologische Vielfalt im Siedlungsbereich wirken und auf den Stichprobenflächen sinnvoll erhoben werden können, wird momentan ebenfalls noch vertieft untersucht.

## 5.1.6 Nationales Naturerbe

### 5.1.6.1 Das Programm

Das „Nationale Naturerbe“ (NNE) steht laut Metzmacher et al. (2018) für das Programm des Bundes, bundeseigene wertvolle Naturschutzflächen „[...] nicht zu privatisieren, sondern unentgeltlich an Länder, Naturschutzorganisationen oder Stiftungen zur dauerhaften naturschutzfachlichen Sicherung zu übertragen“. Insgesamt handelt es sich hierbei um circa 186.000 Hektar gesamtstaatlich repräsentativer Fläche (Stand: März 2021), wie z. B. ehemals militärisch genutzte Gebiete, Flächen entlang der innerdeutschen Grenze („Grünes Band“),

Treuhandflächen aus dem DDR-Volksvermögen, stillgelegte DDR-Braunkohletagebaue, sowie Flächen der Naturschutzgroßprojekte des Bundes, der Kernzonen der Biosphärenreservate, der Natura 2000-Gebiete, der Naturschutzgebiete > 50 Hektar und Flächen des Biotopverbundes mit bundes- und landesweiter Bedeutung (BfN 2021f, Züghart et al. 2021). Der größte Flächenanteil des Nationalen Naturerbes findet sich in den Bundesländern im Osten Deutschlands (Metzmacher et al. 2018; Abb. 8). Das Nationale Naturerbe ist kein neuer Typ eines Naturschutzgebietes, sondern eine Initiative des Bundes, Flächen mit einem hohen naturschutzfachlichen Schutzwert zu sichern, indem sie in die öffentliche oder beauftragte Hand überführt werden (BMU 2021). Meyer et al. (2020) stellen die Zuständigkeiten für die Flächen des NNE so dar: „Auf einem Teil der Naturerbeflächen, dem sogenannten Naturerbe Bund, übernimmt der Bund selbst die Naturschutzaufgaben und wird hierbei durch den Bundesforst im Zusammenwirken mit dem Bundesamt für Naturschutz (BfN) vertreten“ Züghart et al. (2021) fassen zusammen: „Rund zweidrittel der [NNE-]Flächen sind Waldlebensräume, die zum überwiegenden Teil mittel- bis langfristig dem Prozessschutz unterliegen (Züghart et al. 2021). Viele der im Nationalen Naturerbe gesicherten Gebiete liegen bereits zu großen Teilen in ausgewiesenen Schutzgebieten.“

Momentan besteht das Nationale Naturerbe aus rund 183 Flächen (Abb. 8, Johst & Reiter 2017), die über das Bundesgebiet verteilt sind (DBU 2021). Eine Häufung der Flächen besteht in Nord- und Ostdeutschland. Wie oft welche Flächen einem Monitoring unterzogen werden sollen, ist noch in Diskussion und Ausarbeitung. Für eine Erfolgskontrolle von Naturschutzmaßnahmen im Rahmen einer turnusmäßigen Querschnittsevaluierung wurden drei bis sechs (bzw. neun) Naturerbe-Gebiete je Evaluierungsdurchgang erwogen (Meyer et al. 2020).

Ein Monitoring auf den Naturerbeflächen ist zwar nicht verpflichtend, gleichwohl haben sich die NNE-Flächeneigentümer darauf verständigt, auf freiwilliger Basis ein Monitoring durchzuführen, vornehmlich mit ehrenamtlichen MitarbeiterInnen, das sogenannte „Vereinfachte NNE-Monitoring“ (BMU 2021, Johst & Planek 2020, Meyer et al. 2020, Züghart et al. 2021). Erste Konzepte für dieses Monitoring wurden inzwischen entwickelt, z. B. ein vereinfachtes Waldmonitoring auf der Basis der Bundeswaldinventur (Culmsee 2018, 2020, Schwill et al. 2016, Schwill 2020, Stein & Züghart 2020), ein vereinfachtes Brutvogelmonitoring auf der Grundlage des Moduls „Monitoring häufiger Brutvögel“ des Vogelmonitorings mit anderer Lage und Länge der Transekttrouten (Funkenberg et al. 2020, Sudfeldt et al. 2020), ein vereinfachtes Tagfaltermonitoring (Kühn et al. 2021) und ein sogenanntes Fotomonitoring zur Beobachtung und Dokumentation von Umweltveränderungen (Peinelt et al. 2016, Planek 2020; Schwabe 2020).

In den meisten Naturerbeflächen wurden und werden bereits Monitoringaktivitäten durchgeführt, welche oft als eine Art Basiserfassung verstanden werden, die jedoch in Inhalt und Umfang, sowie den bearbeiteten Lebensräumen beträchtlich variieren (z. B. Funkenberg et al. 2020, Middelschulte 2020, Züghart & Feuring 2020). Auf 49 von 71 Naturerbeflächen der Deutschen Bundesstiftung Umwelt (DBU) liegt inzwischen eine flächendeckende Biotoptypenkartierung nach standardisierten Methoden vor (Culmsee 2020, DBU 2021), was eine profunde Basis für Wiederholungs-Aufnahmen zur Überwachung von Veränderungen bietet. Auf den DBU-Naturerbeflächen wurde auch eine Revierkartierung von wertgebenden Brutvogelarten durchgeführt; eine Wiederholung ist alle fünf Jahre geplant (Culmsee 2020).

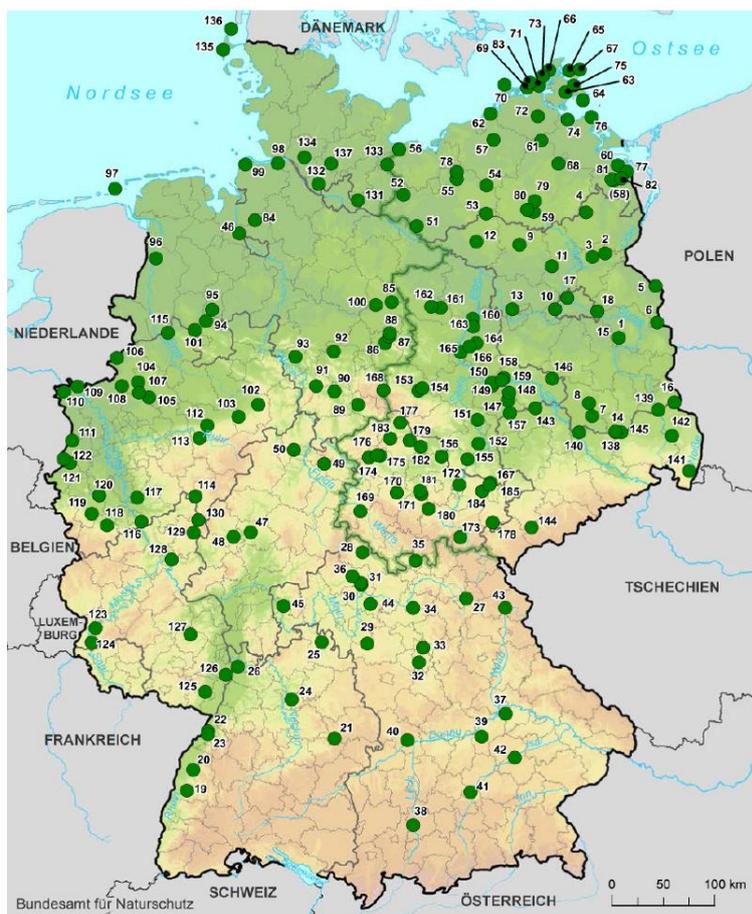


Abb. 8 Die Flächen des Nationalen Naturerbes in Deutschland (verändert aus Johst & Reiter 2017).

### 5.1.6.2 Eignung des Monitorings auf den Flächen des Nationalen Naturerbes für ein GE-Monitoring

Das Naturerbe-Monitoring ist momentan noch zu sehr im Fluss und zu heterogen, um großen Mehrwert für ein GE-Monitoring bieten zu können. Züghart et al. (2021) fassen zusammen: „In den letzten fünf Jahren konnten insbesondere mit dem Waldmonitoring und dem Vogelmonitoring praxistaugliche Ansätze für ein organisationsübergreifendes, wissenschaftliches Monitoring zum Nationalen Naturerbe entwickelt werden.“ Diese sind jedoch bei weitem noch nicht in allen NNE-Flächen realisiert. Sobald zukünftig ein systematisches und standardisiertes Monitoring implementiert ist, erscheinen zum momentanen Stand das erwähnte Waldmonitoring und Vogelmonitoring sowie das Tagfaltermonitoring aussichtsvoll, robuste Daten zum Waldzustand und Trends zu häufigen Brutvögeln und der Tagfalterfauna zu generieren. Darüber hinaus existieren jedoch mannigfaltige Monitoringaktivitäten auf den NNE-Flächen, und zum gegenwärtigen Zeitpunkt ist nicht abzuschätzen, welche dieser Aktivitäten in einem größeren Rahmen und einem Großteil der NNE-Flächen realisiert werden können.

Zu beachten ist weiterhin, dass das NNE-Monitoring in schützenswerten Gebieten ausgerichtet wird und nicht in der „Normallandschaft“. Auch das aggregierte Vorkommen der NNE-Flächen in Nord- und Ostdeutschland reduziert ihre bundesweite Repräsentativität. Statistische Aspekte der Datenauswertung wurden im Rahmen des NNE-Monitorings noch nicht behandelt, wären zum momentanen Status quo aber auch verfrüht.

### 5.1.6.3 Fazit

Zum momentanen Zeitpunkt ist das NNE-Monitoring kaum nutzbar für ein GE-Monitoring, zu heterogen sind die Monitoringaktivitäten in den Flächen. Es besteht erheblicher Bedarf an einer Harmonisierung der Umsetzung. Ein Schlüsselkriterium ist, was von den Flächeneigentümern prinzipiell leistbar ist. Es bleibt auch abzuwarten, ob die geplante Einbindung ehrenamtlicher MitarbeiterInnen ein stetiges und langfristiges Monitoring gewährleisten kann, und inwiefern damit statistisch belastbare Aussagen über die Entwicklung der Flächen generiert werden können (Züghart et al. 2021).

Die Flächen des Nationalen Naturerbes sind zu circa 51 % von FFH-Gebieten und zu ca. 41 % von Vogelschutzgebieten (Special Protection Areas) betroffen (Reiter 2017), d. h. hier werden gegebenenfalls schon Erfassungen zur Avifauna und zu FFH-Arten durchgeführt, was eine Abstimmung zwischen den einzelnen Akteuren und Programmen notwendig macht (Sudfeldt et al. 2020). Denkbar wäre z. B. auch die Einrichtung eines repräsentativen Stichprobenmonitorings der FFH-Anhang-Arten auf Flächen des Nationalen Naturerbes (Züghart et al. 2021). Die Aggregation der NNE-Flächen in Nord- und Ostdeutschland sowie die ausschließliche Behandlung von schutzwürdigen Lebensräumen außerhalb der „Normallandschaft“ reduziert die bundesweite Repräsentativität des NNE-Monitorings. Für Regionen in Nord-Ostdeutschland könnte das NNE-Monitoringnetz jedoch eine gute Stichprobenverdichtung zur Überwachung wertvoller und schützenswerter Lebensräume bieten. Ebenso von Vorteil ist die Abdeckung großer Waldanteile, die zu einer Verdichtung der Stichprobe und Daten im Forst, insbesondere naturnaher Waldbereiche, führen wird.

### 5.1.7 Exkurs: Wasserrahmenrichtlinie

#### 5.1.7.1 Die Richtlinie

Die Wasserrahmenrichtlinie (RL 2000/60/EG, WRRL) hat zum Ziel, bis spätestens 2027 für Oberflächengewässer in der Europäischen Union einen guten ökologischen sowie chemischen Zustand zu erreichen. Auch für erheblich veränderte, künstliche Gewässer sowie für Grundwasser sind Zielvorgaben formuliert. Damit sollen eine systematische Verbesserung erreicht und eine weitere Zustandsverschlechterung aller Gewässer in der EU verhindert werden. Auch Ökosysteme wie z. B. Feuchtgebiete, die direkt von Gewässern abhängig sind, sollen damit geschützt werden. Die einzelnen Mitgliedstaaten sorgen für die Überwachung des Zustands der Oberflächengewässer, des Grundwassers und der Schutzgebiete mittels entsprechender Monitoringprogramme zur Erreichung der Ziele (Artikel 8, Richtlinie 2000/60/EG). Dabei sollen – je nach Gewässertyp – unterschiedliche Aspekte in den Programmen überwacht werden, wie z. B. mengenmäßiger, ökologischer und chemischer Zustand, ökologisches Potenzial, sowie schutzgebietspezifische Vorgaben (BMUB & UBA 2016). Hierzu sind auch biologische Komponenten zu erheben (z. B. Gewässerflora und –fauna, siehe Anhang V, RL 2000/60/EG). Für die Umsetzung der Vorgaben der WRRL sind in Deutschland die Bundesländer zuständig.

#### 5.1.7.2 Eignung der WRRL für ein GE-Monitoring

Die Umsetzung der WRRL in den Mitgliedstaaten erfordert die Einrichtung eines Überwachungsmessnetzes zur Überwachung unterschiedlichster gewässerspezifischer Umweltparameter (BMUB & UBA 2016), die prinzipiell auch für ein GE-Monitoring geeignet sind. So werden beispielsweise stoffliche Belastungen der Gewässer und die Wasserqualität (z. B. Nährstoffe, organische Belastungen, spezifische Schadstoffe) überwacht. Bei den biologischen Komponenten ist die Zusammensetzung, Abundanz (z. B. benthische, wirbellose Fauna) bzw.

Altersstruktur (z. B. Fischfauna) bzw. Biomasse (z. B. Phytoplankton) zu überwachen (siehe Anhang V, Richtlinie 2000/60/EG). Diese können – je nach Relevanz – auch in ein GE-Monitoring aufgenommen werden. Aktuell werden bereits im Rahmen der WRRL aufgenommene Daten der Fischfauna teilweise für das FFH-Monitoring verwendet (BfN & BLAK 2017a). Für die in diesem Bericht angeführten Beispiele sind mögliche Anknüpfungspunkte an die WRRL in den jeweiligen Kapiteln angeführt.

## **5.2 Identifikation von Anknüpfungspunkten zur Nutzung von Monitoringkonzepten und -programmen für das GE-Monitoring**

In dieser Priorität sollen Anknüpfungspunkte sowie geeignete Parameter von BfN Monitoringkonzepten und –Programmen des Naturschutzes, die für ein Monitoring von Umweltwirkungen von GE-Organismen relevant sind, identifiziert und deren Auswahl begründet dargelegt werden. Dies kann beispielsweise die Auswahl von entsprechenden Organismengruppen und/oder der erhobenen Parameter betreffen. Die bestehenden Monitoringkonzepte des BfN für Naturschutz werden anhand der ausgewählten Beispiele behandelt. Diese umfassen genom-editierte Tomaten, Apfelbäume, Süßwasserfische, Mikroalgen sowie ein gentechnisch verändertes Virus (siehe Kapitel 3.2).

### **5.2.1 Genom-editierte Tomaten**

Für den Anbau genom-editierter Tomaten wurden folgende, potenzielle Umwelteffekte bzw. Umweltwirkungen identifiziert (vgl. Ings et al. 2006, Lindström et al. 2016, Mallinger et al. 2017):

- Einfluss auf blütenbesuchende Insekten und Nützlinge und deren Interaktion mit genom-editierten Tomaten, insbesondere Wildbienen- und Hummelarten und deren Populationen, aber auch andere Bestäubergruppen wie zum Beispiel Schmetterlinge;
- Erhöhung von Schädlingsdruck und einhergehender Anstieg von Insektizidanwendungen, mit negativem Effekt auf die Biodiversität;
- Veränderung in der Zusammensetzung der Pflanzengesellschaft, inklusive Verwilderung genom-editierter Tomaten.

Daraus ergibt sich ein Monitoringbedarf für:

- Monitoring von Bestäubern (z. B. Wildbienen, Hummeln, Schmetterlinge, Käfer);
- Monitoring von Nützlingen (z. B. Käfer, Schwebfliegen, Netzflügler);
- Monitoring von Pflanzengesellschaften und verwilderter GE-Tomaten.

#### **5.2.1.1 Expositionsraum**

Als Expositionsräume sind beim Anbau genom-editierter Tomaten Gewächshäuser und gegebenenfalls der kommerzielle Freilandanbau von Tomaten in der Landwirtschaft, aber auch weitere Expositionsräume wie Siedlungen, Privatgärten, Umschlagplätze und Verkehrswege zu erwarten. Deshalb sind diejenigen Programme, welche im Rahmen des Stichprobendesigns bundesweit repräsentativer Stichprobenflächen in der „Normallandschaft“ angesiedelt sind, vorrangig geeignet. Das betrifft das Vogelmonitoring, das Insektenmonitoring, das HNV-Farm-land-Monitoring und das Ökosystem-Monitoring.

### 5.2.1.2 Monitoring von Bestäubern und Nützlingen

Vorrangig sollten in einem Monitoring von GE-Tomaten blütenbesuchende Insekten untersucht werden, vor allem Hummeln und Wildbienen. Für das Monitoring von Bestäubern wäre das in Entwicklung befindliche Insektenmonitoring sehr gut geeignet, sowohl um allgemeine Veränderungen der gesamten Insekten-Biodiversität in der „Normallandschaft“ zu überwachen, als auch um Trends spezifischer Indikatoren zu dokumentieren. Die Erfassung von Tagfaltern und Widderchen auf der Landschaftsebene“ ist im Rahmen eines Erfassungsbausteins des Minimalprogramms der 1. Säule, des „Monitoring häufiger Insekten“ bereits vorgesehen (Schuch et al. 2020). Wildbienen sind bisher jedoch lediglich im Rahmen eines Erweiterungsbausteins der 1. Säule benannt, und hier auch nur für den Lebensraumtyp der Siedlungen. Im vereinfachten Monitoring des Nationalen Naturerbes werden auch Tagfalter erfasst werden (Kühn et al. 2021). Innerhalb des NNE werden Wildbienen und Wespen in Brandenburg erfasst (Funkenberg et al. 2020), aber eine systematische und standardisierte Erfassung in allen oder wenigstens den meisten NNE-Flächen existiert bisher nicht. Unter den FFH-Anhangsarten findet sich keine einzige Stechimme (Aculeata), also keine Bienen- oder Wespenart. Ein weiterer Erweiterungsbaustein der 1. Säule, die „Flugaktiven Insekten im Offenland (Erhebung mittels Malaisefallen)“, wäre geeignet, flugaktive Blütenbesucher und Nützlinge wie Käfer, Schwebfliegen oder Netzflügler zu erfassen. Für die Erfassung speziell von blütenbesuchenden Insekten wie Schwebfliegen und Hymenopteren (Bienen, Hummeln, Wespen) sind Methoden mit Lockwirkung aber besser geeignet als die Verwendung von Malaisefallen, z. B. Farbschalen (Schuch et al. 2020). Im Tomatenanbau sind die wichtigsten tierischen Schädlinge, meist in Gewächshäusern, unter anderem Spinn- und Rostmilben, sowie Thripse und Mottenschildläuse. Davon würden sich nur die Thripse in größerem Umfang in Malaisefallen und Farbschalen finden lassen. Weitere Monitoring-Programme des Naturschutzes (FFH, HNV-Farmland-Monitoring, ÖSM) erfassen keine blütenbesuchenden Insekten, Nützlinge oder Schädlinge, zumindest nicht systematisch und flächendeckend.

### 5.2.1.3 Monitoring von Pflanzengesellschaften und verwilderten GE-Tomaten

Für eine Berücksichtigung der Vegetation in der „Normallandschaft“ können das HNV-Farmland-Monitoring und das Ökosystem-Monitoring verwendet werden. Zwar ist der HNV-Indikator ein eher allgemeiner flächenspezifischer Indikator, zeigt also die Veränderung in den Flächenanteilen bezüglich des Naturwertes an. Das Potenzial des HNV-Farmland-Monitorings bietet jedoch die Möglichkeit, die einzelnen Flächenanteile der erfassten Lebensraumtypen sowie qualitative Verschiebungen innerhalb der Typen zu dokumentieren (BfN 2021a). Die dem Bewertungsverfahren zugrundeliegenden Kartierungen lebensraum-typischer Kennpflanzenarten können ergänzende Informationen zur Veränderung in der Habitatqualität wertvoller Landwirtschaftsflächen beitragen (BfN 2021a, Goldberg 2013). In derselben Weise können die Vegetationserhebungen in den Biotoptypen des Ökosystem-Monitorings genutzt werden, wobei das Potential des ÖSM aufgrund der umfangreicheren und detaillierteren Erfassung und Auswertungsmöglichkeiten sowie der Abdeckung der „Normallandschaft“ beträchtlich höher einzuschätzen ist (eine Verschneidung und Abstimmung der Vegetationserfassungen zwischen HNV und ÖSM ist ohnehin vorgesehen). Eine allgemeine Flächenzunahme intensiver Landwirtschaft wird von beiden Monitoringprogrammen indiziert werden können. Laut Kartierschlüssel des HNV würde eine Ackernutzung mit Tomaten aber nur als Kategorie „Sonderkultur, Sonstige“ erfasst werden (BfN 2020) und könnte damit nicht einem etwaigen Tomatenanbau zugeordnet werden. Im ÖSM wird die Feldfrucht bei der Ackernutzung mit

aufgenommen, Tomaten müssen aber handschriftlich ergänzt werden, da sie im Erfassungsbogen nicht explizit vorgegeben sind (Ackermann et al. 2020). Eine feldfruchtspezifische Zuordnung der Indikatoren ist eminent wichtig für Ursache-Wirkungs-Analysen, auch gerade in der Verschneidung mit dem Insekten- und Vogelmonitoring.

Das FFH-Monitoring und das Nationale Naturerbe decken seltene und geschützten Lebensräume und Arten ab und können damit der Berücksichtigung des Schutzzieles gefährdeter Arten und ihre Lebensräume dienen. Allerdings sollten das HNV und das ÖSM Daten zur Feldfruchtnutzung erheben, damit Hinweise auf mögliche kausale Verbindungen zwischen Anbau von GE-Tomaten und eventuellen Trends auf den FFH- und NNE-Flächen analysiert werden können.

#### 5.2.1.4 Fazit

Notwendige Anpassungen und Ergänzungen für ein Monitoring von genom-editierten Tomaten umfassen daher:

- Der Baustein „Wildbienen in Siedlungen“ des „Monitorings häufiger Insekten“ sollte auch außerhalb von Siedlungen eingesetzt werden, mindestens im Agrarraum und in Offenlandbiotopen;
- systematische Wildbienenerfassung auf den Flächen des NNE;
- Erfassung der flugaktiven, blütenbesuchenden Insekten mit zusätzlichem Einsatz von Farbschalen;
- Zurverfügungstellung und Analyse der originalen Kartierdaten der Pflanzenerfassungen des HNV-Farmland-Monitorings und ÖSM;
- flächen- und standortgenaue Aufnahme der relevanten Feldfrüchte im HNV-Farmland-Monitoring und/oder ÖSM (oder zumindest Flächenanteile der Feldfrüchte innerhalb eines Stichprobenquadrates) zur Ermöglichung einer kulturartenbezogenen Auswertung;
- Berücksichtigung von verwilderten Feldfrüchten (wie z. B. Tomaten) in den Kartierschlüsseln von HNV-Farmland-Monitoring und ÖSM;
- Prüfung, ob die bei einem zu erwartenden Freilandanbau von genom-editierten Tomaten exponierten Lebensräume ausreichend und repräsentativ in den bundesweiten repräsentativen Stichprobenflächen vertreten sind, auch um eine regionale bzw. lokale Analyse zu ermöglichen;
- prospektive Abschätzung des notwendigen Stichprobenumfangs zum statistischen Nachweis definierter Effektgrößen (regional und lebensraumspezifisch);
- Prüfung der Berücksichtigung relevanter Monitoringaspekte bei Freilandanbau von GE-Tomaten im Rahmen eines allgemeinen Biodiversitäts-Monitorings.

#### 5.2.2 Genom-editierte Apfelbäume

Für den Anbau genom-editierter Apfelbäume wurden folgende, potenzielle Umwelteffekte identifiziert (vgl. Fischer et al. 2014, Johnston et al. 2015, Lindström et al. 2016, Mallinger et al. 2017):

- Auskreuzung und Weitergabe der GE-Eigenschaft in verwandte Wildapfelarten (*Malus* spp.) und Hybridisierungen mit anderen Gattungen wie *Pyrus* oder *Sorbus*, mit anschließender Verdrängung ursprünglicher Arten;

- Indirekte Umweltwirkungen durch eine Zunahme bzw. Intensivierung von genom-editierten Apfelkulturflächen, z. B. Abnahme der Wildbienen-Populationen und weiterer Blütenbesucher durch den Einsatz kommerzieller Honigbienenvölker, und nachfolgender Kaskadeneffekte auf die Zusammensetzung der Pflanzengesellschaften;
- vermehrter Pestizideinsatz bei einem Resistenzdurchbruch des Zielorganismus oder einem intensivierten und flächenmäßig zunehmenden Anbau von genom-editierten Apfelplantagen mit negativen Folgen auf die Biodiversität.

Daraus ergibt sich ein Monitoringbedarf für:

- Monitoring von verwilderten Apfelbäumen, Wildapfel und potenziellen Kreuzungspartnern;
- Monitoring von Pflanzengesellschaften;
- Monitoring von blütenbesuchenden Insekten, v. a. von Wildbienen;
- allgemeines Biodiversitäts-Monitoring (inklusive höhere Trophie-Ebenen).

#### 5.2.2.1 Expositionsraum

Bei einer beabsichtigten bzw. unbeabsichtigten Verbreitung genom-editierter Apfelbäume und Apfelsamen kann potenziell die gesamte Fläche betroffen sein. Als Expositionsräume kommen daher beim Anbau genom-editierter Apfelbäume neben den eigentlichen Anbaugebieten auch Siedlungsgebiete und private Gärten, Lagerungsorte, Umschlagplätze, Transportwege, Handelslokalitäten, Naturschutzgebiete und geschützte Biotope in Frage. Deshalb können bezüglich der Abdeckung des Expositionsraumes alle erwähnten Monitoringprogramme des Naturschutzes von Belang sein.

#### 5.2.2.2 Monitoring von Apfelbäumen und Kreuzungspartnern

Grundvoraussetzung für die Abschätzung der Expositionswege und der betroffenen Flächen ist das Monitoring von verwilderten, genom-editierten *Malus*-Arten und die etwaige Hybridisierung mit Wildverwandten. Anknüpfungspunkte für ein Monitoring genom-editierter Apfelbäume bestehen hier hauptsächlich im FFH- und Ökosystem-Monitoring. Im Ökosystem-Monitoring werden die schützenswerten Biotoptypen (inklusive der FFH-Lebensraumtypen) in den Flächen der bundesweiten repräsentativen Stichprobenflächen erfasst. Dies umfasst auch die Kategorien „Verkehrs- und Lagerflächen“ sowie „Bebauung und Siedlungsgrün“, so werden auch das Arteninventar und die Vegetationsdeckung entlang von Gleiskörpern erfasst (Ackermann et al. 2020). Eine Aufnahme des Gehölzarteninventars ist für alle Wälder sowie einige Gehölzbestände (ÖSM-Typengruppe „Feldgehölze, Gebüsche, Hecken und Gehölzkulturen“) vorgesehen. Darunter fallen auch Obstplantagen und Streuobstbestände. In weiteren möglichen Lebensräumen wie z. B. Siedlungsgebieten oder Verkehrswegen sind aber Einzelbäume, Baumgruppen und Hecken bisher nicht berücksichtigt, so wie insgesamt die Berücksichtigung der Siedlungsfläche und des dort einzusetzenden Kartierschlüssels noch im laufenden Forschungsvorhaben ÖSM-II in Bearbeitung ist (Ackermann et al. 2020).

Im Rahmen des FFH-Monitorings ist für die Bearbeitung der Waldlebensraumtypen die Erfassung des lebensraumtypischen Arteninventars durchzuführen, also auch und insbesondere die Gehölzarten. Zusätzlich soll das Vorhandensein neophytischer Gehölze aufgenommen werden, womit eventuell bestimmte GE-Hybride abgedeckt werden könnten. In mehreren FFH-Wald-Lebensraumtypen werden auch explizit die Vorkommen von Wildapfel (*Malus sylvestris*)

ris), Wildbirne (*Pyrus pyraster*) und Mehlbeeren (*Sorbus* spp.) dokumentiert (z. B. in Orchideen-Kalk-Buchenwäldern, Sternmieren-Eichen-Hainbuchenwäldern, Eichen-Hainbuchenwäldern, Hartholzauenwäldern, Schlucht- und Hangmischwäldern, Moorwäldern, Kiefernwäldern, montanen Fichtenwäldern, u. a. m.). Außerhalb der Wald-Lebensraumtypen ist jedoch im FFH-Monitoring die Erfassung von Gehölzen die Ausnahme (außer in subkontinentalen peripannonischen Gebüschern, Buchsbaumgebüschern und Wacholderbeständen).

Im Konzept zum Waldmonitoring des Nationalen Naturerbe ist die Aufnahme der Baumartenzusammensetzung vorgesehen (Schwill et al. 2016). Mehlbeeren (*Sorbus* spp.) sind in der Kartierliste aufgeführt, nicht jedoch Wildapfel und Wildbirne.

### 5.2.2.3 Monitoring von Pflanzengesellschaften

Für ein Monitoring der Vegetation in der „Normallandschaft“ böte das Ökosystem-Monitoring geeignete Möglichkeiten, insbesondere in Kombination mit dem FFH-Monitoring, analog wie oben für die Aufnahme der Gehölze beschrieben. Das FFH-Monitoring umfasst die speziell geschützten Lebensraumtypen, während das ÖSM weitere Lebensräume in der „Normallandschaft“ abdeckt. Von Belang ist hier insbesondere die Erfassung von Gehölzbeständen und Obstkulturen im Rahmen des Ökosystem-Monitorings (siehe oben, Ackermann et al. 2020).

### 5.2.2.4 Monitoring von blütenbesuchenden Insekten

Für das Monitoring von blütenbesuchenden Insekten (Bestäubern), v. a. der Wildbienen, bietet das Insektenmonitoring vielfältige Anknüpfungspunkte. Wildbienen sind aber bisher nur als Ergänzungsbaustein der 1. Säule aufgelistet, und nur für den Lebensraumtyp des Siedlungsbereiches (BfN 2019, 2020b, 2021e). Damit wären große Expositionsräume genom-edierter Apfelbäume nicht abgedeckt. Der negative Wirkungsbereich von im Obstbau kommerziell eingesetzten Honigbienen auf die Wildbienenfauna wird auf 600 – 1.100 Meter um die eingesetzten Bienenstöcke eingeschätzt (Henry & Rodet 2018), deshalb wäre eine Erfassung in und nahe Obstbauflächen besonders relevant. Die Erfassung einer weiteren Bestäubergruppe, den „Tagfaltern & Widderchen auf der Landschaftsebene“, ist im Grundprogramm der 1. Säule des „Monitoring häufiger Insekten“ für alle Stichprobenflächen innerhalb eines 1,5 km langen Transekts vorgesehen (Abb. 7, BfN 2019, 2020b). Ein vereinfachtes Tagfaltermonitoring ist ebenfalls auf den Flächen des Nationalen Naturerbes geplant (Kühn et al. 2021). Ein weiterer Erweiterungsbaustein des Insektenmonitorings, die „Flugaktiven Insekten im Offenland (Malaisefallen)“, wären geeignet, zusätzliche flugaktive Blütenbesucher wie Käfer, Schwebfliegen oder Netzflügler zu erfassen. Für die Erfassung speziell von blütenbesuchenden Insekten wie Schwebfliegen und Hymenopteren (Bienen, Hummeln, Wespen) sind Methoden mit Lockwirkung aber besser geeignet als die Malaisefallen, wie z. B. Farbschalen (Schuch et al. 2020). Innerhalb des Nationalen Naturerbes werden Wildbienen und Wespen in Brandenburg erfasst (Funkenberg et al. 2020), aber eine systematische und standardisierte Erfassung in allen oder wenigstens den meisten NNE-Flächen existiert bisher nicht.

### 5.2.2.5 Biodiversitäts-Monitoring

Im HNV-Farmland-Monitoring ist die Erfassung von Gehölzen in den Kartierschlüsseln nicht vorgesehen. Allerdings werden „Obstflächen“ inklusive einer Erfassung der Pflanzen-Kennarten aufgenommen, sofern eine landwirtschaftliche Nutzung (inkl. Brachen) vorliegt (BfN 2020). Sind Obstbestände eingezäunt und werden nicht landwirtschaftlich genutzt, so werden sie nicht erfasst (BfN 2020). Anhand der HNV-Daten sind so Flächenänderungen und Naturschutzwert der Obstflächen mit hohem Naturschutzwert analysierbar, und wären daher im

Rahmen eines allgemeinen Biodiversitätsmonitorings für Obstkulturen einsetzbar, um z. B. eine Flächenabnahme naturschutzfachlich wertvoller Obstanbauflächen aufzudecken, oder auch um eine Abnahme des Naturschutzwertes innerhalb dieser Obstbestände anzuzeigen. Fast alle bisher vorgeschlagenen Module des Insektenmonitorings wären ebenso direkt in ein allgemeines Biodiversitätsmonitoring im Obstbau integrierbar (Heuschrecken, Laufkäfer & Spinnen, Nachtfalter, Totholzkäfer). Zu einem solchen Biodiversitätsmonitoring könnte auch das Vogelmonitoring wertvolle Daten liefern. Generell werden im „Monitoring häufiger Brutvögel“ alle vorkommenden Brutvögel erfasst, aber bestimmte Arten sind speziell relevant für Obstflächen mit hohem Naturschutzwert (z. B. Hochstammanlagen, Streuobstwiesen) und sollten priorisiert werden. Die umfangreichere Indikatorenliste (32 Arten) von Sudfeldt & Trautmann (2015) bietet hier eine gute Grundlage. Arten mit spezifischen Indikatorwert für naturnahe Obstanbauflächen sollten aber besonders berücksichtigt werden, wie beispielsweise Steinkauz, Kleiber, Wendehals, Grauschnäpper, Gartenbaumläufer, Gartenrotschwanz, Meisenarten sowie Grünspecht und andere Spechte. Das Modul „Spechte“ des „Monitoring seltener Brutvögel“ könnte hier prinzipiell in ein Monitoring von Obstbaukulturen integriert werden. Kleinsäuger sind in den nationalen Monitoringprogrammen des Naturschutzes bisher nur im Anhang IV der FFH-Richtlinie berücksichtigt (BfN & BLAK 2017a). Von den vier aufgeführten Kleinsäugerarten (Feldhamster, Baumschläfer, Haselmaus, Waldbirkenmaus) ist im Obstbau nur die Haselmaus (*Muscardinus avellanarius*) zu berücksichtigen (Braun & Dieterlen 2005, Doerpinghaus et al. 2005).

#### 5.2.2.6 Fazit

Notwendige Anpassungen und Ergänzungen für ein Monitoring genom-editierter Apfelbäume umfassen:

- Spezielle Berücksichtigung von Wildapfelbäumen (*Malus sylvestris*) und ihren potenziellen Kreuzungspartnern in der Aufnahme des Arteninventars der verschiedenen Lebensraumtypen des Ökosystem-Monitorings und des FFH-Monitorings;
- Aufnahme von Wildapfel und Wildbirne in die Artenliste des Waldmonitoringkonzeptes des Nationalen Naturerbes;
- spezielle Berücksichtigung von Lebensraumtypen mit einer erhöhten Wahrscheinlichkeit des Auftretens genom-editierter Apfelbäume;
- Prüfung, ob bei einem Anbau genom-editierter Apfelbäume die exponierten Lebensräume ausreichend und repräsentativ in den bundesweiten repräsentativen Stichprobenflächen vertreten sind, auch um eine regionale bzw. lokale Analyse zu ermöglichen;
- prospektive Abschätzung des notwendigen Stichprobenumfangs zum statistischen Nachweis definierter Effektgrößen (regional und lebensraumspezifisch);
- räumliche Ausweitung des Bausteins „Wildbienen in Siedlungen“ des „Monitorings häufiger Insekten“, auch außerhalb von Siedlungen, mit besonderem Fokus auf Obstanbauflächen;
- systematische Wildbienenenerfassung auf den Flächen des Nationalen Naturerbes;
- Erfassung der flugaktiven blütenbesuchenden Insekten z. B. mittels Einsatzes von Farbschalen;
- Einrichtung eines speziellen „Biodiversitäts-Monitoring“ für den Obstanbau unter Zusammenführung der Monitoringprogramme des Naturschutzes;

- Anpassung und Erweiterung der Monitoringprogramme für ein Biodiversitätsmonitoring auf Obstflächen, z. B. durch besondere Berücksichtigung indikatorischer Vogelarten des „Monitoring häufiger Brutvögel“ und Integrierung des Moduls „Spechte“ des „Monitoring seltener Brutvögel“.

### 5.2.3 Genom-editierte Süßwasserfische (Regenbogenforelle, Karpfen)

Aufgrund der genom-editierten Eigenschaft einer Wachstumssteigerung für das Fallbeispiel genom-editierte Süßwasserfische wurden folgende potenzielle Umwelteffekte identifiziert (vgl. Hänfling et al. 2005, Maceda-Veiga et al. 2017, Unger & Palm 2017, Vilizzi et al. 2015):

- Verdrängung anderer Fischarten;
- Hybridisierung mit wildlebenden Fischarten;
- Übertragung von Fischkrankheiten und Parasiten;
- Veränderung des Gewässerhabitats (Wasserqualität, Makrophyten, Eutrophierung);
- Veränderung der aquatischen Artengemeinschaften über Nahrungsketten- und Habitateffekte.

Daraus ergibt sich ein Monitoringbedarf für:

- Monitoring der Fischfauna (genom-editierte Fische, autochthone Fischfauna, mögliche Hybriden);
- Monitoring der Besatzzahlen genom-editierter Fische;
- Monitoring von Fischparasiten und -krankheiten;
- Monitoring der aquatischen Habitatqualität;
- Monitoring der aquatischen Artengemeinschaft.

#### 5.2.3.1 Expositionsraum

Die Erfahrungen zeigen, dass Zuchtfische regelmäßig aus den Zuchtbecken und Aquakulturanlagen entweichen (z. B. Føre & Thorvaldsen 2021, Lindberg et al. 2009), so dass es sehr wahrscheinlich ist, dass auch genom-editierte Fische in die freie Wildbahn gelangen werden (unbeabsichtigte Ausbringung). Zusätzlich ist der absichtliche Besatz genom-editierter Fische in natürlichen Gewässern durch Angler und Angelvereine zu berücksichtigen. Da entkommene, genom-editierte Fischarten verschiedenste Gewässertypen besiedeln könnten, sind als möglicher Expositionsraum für die angeführten Beispiele prinzipiell alle Typen von Gewässerlebensräumen in Süßgewässern zu berücksichtigen, jeweils abhängig von den spezifischen Habitatansprüchen der jeweiligen Art und dem veränderten GE-Merkmal.

#### 5.2.3.2 Monitoring der Fischfauna, der Besatzzahlen und der Parasiten/Krankheiten

In keinem Monitoring des Naturschutzes unter Beteiligung des BfN ist eine Erfassung der Fischfauna vorgesehen, mit Ausnahme des FFH-Monitorings. Im FFH-Monitoring werden 32 Arten der Fische und Rundmäuler und ihre Lebensräume erhoben. Erfassung und Bewertung erfolgen je nach Fischart in zwei- bis sechsjährigen Intervallen und nach den Methodenrichtlinien von BfN & BLAK (2017a). Zum Teil wird an den Probestellen der WRRL oder über Fischaufstiegsreusen erfasst, oder auch auf Erhebungen des fischereilichen Monitorings zur Umsetzung der WRRL und Fangstatistiken der Berufsfischer zurückgegriffen. Im Allgemeinen werden Abundanz, Altersstruktur und gegebenenfalls Reproduktionsparameter aufgenommen.

Viele der FFH-Fischarten werden über Elektrofischung nach dem fiBS-Handbuch (fischbasiertes Bewertungssystem) erfasst und bewertet (Dieckmann et al. 2005, VDFF 2009). Die für das Fallbeispiel relevanten Arten Bachforelle, Regenbogenforelle und Karpfen werden im FFH-Monitoring nicht erfasst. Nur bei den beiden Störarten (*Acipenser oxyrinchus* und *A. sturio*) werden im Rahmen des FFH-Monitorings auch Flüchtlinge aus Teichanlagen dokumentiert. Laut fiBS-Handbuch (VDFF 2009) soll die Regenbogenforelle als nicht-autochthone Art bei sonstigen fischereilichen Bestandserhebungen nicht mit aufgenommen werden, wird aber im Rahmen der Gewässerzustandsbewertung nach EU-WRRRL trotzdem mitgezählt (z. B. Völker & Gause 2019).

Zum Teil werden die Populationen von FFH-Fischarten, z. B. beim Lachs, durch Besatzmaßnahmen unterstützt und der Erfolg dieser Maßnahme kontrolliert (BfN & BLAK 2017a). Die Erfassung des Besatzes anderer Fischarten ist im FFH-Monitoring jedoch nicht vorgesehen. Besatzmaßnahmen wurden im Zusammenhang mit der fischbasierten Fließgewässerbewertung (fiBS) als möglicher, zu erfassender Faktor diskutiert (VDFF 2009). Das Problem besetzter Fische besteht allerdings darin, dass sie überwiegend nicht von den originär im Gewässer vorkommenden Individuen differenzierbar sind und sich damit etwaige Besatzeinflüsse im Allgemeinen nicht näher quantifizieren lassen (VDFF 2009). Je nach GE-Merkmal könnten aber genom-editierte Fische optisch bzw. phänotypisch identifizierbar sein. Eine ungefähre Quantifizierung des beabsichtigten und unbeabsichtigten Besatzes könnte theoretisch über die gesammelten Zahlen der Angler bzw. Angelvereine und eventuell Informationen aus Aquakulturen erhoben werden, dies dürfte aber sehr aufwändig und mühsam sein.

Ein Monitoring der Einschleppung und Verbreitung von Fischparasiten und –krankheiten ist in keinem der Monitoringprogramme des Naturschutzes vorgesehen. Auch im FFH-Monitoring wird der Gesundheitszustand der Fische nicht erhoben, unserem Wissen nach auch nicht in anderen fischereilichen Bestandserfassungen (abgesehen vom Schadstoff-Monitoring der Fischmonitoring-Programme der Bundesländer).

### 5.2.3.3 Monitoring der Habitatqualität

Im FFH-Monitoring werden die im Anhang I aufgelisteten und geschützten Lebensraumtypen der Fließ- und Binnengewässer erhoben (BfN & BLAK 2017b). Üblicherweise wird die Anzahl und Deckung lebensraumtypischer, aquatischer Pflanzenarten zur Bewertung der Vollständigkeit des lebensraumtypischen Arteninventars herangezogen, was neben den aquatischen Gefäßpflanzen auch Arten der Armleuchteralgen (Characeae) und Gelbgrünen Algen (Xanthophyceae), im Lebensraumtyp „Fließgewässer mit flutender Wasservegetation“ auch Rotalgen (Rhodophyta) umfasst (BfN & BLAK 2017b). Unter dem Aspekt „Beeinträchtigungen“ werden des weiteren Deckungsanteile von Störungsanzeigern (z. B. Ruderalarten, Nitrophyten, Neophyten) erfasst (BfN & BLAK 2017b). Teilweise werden auch Hypertrophierungszeiger an der Hydrophytenvegetation gesondert erfasst bzw. ausgewertet. Bei der Erfassung der Flussperl- und Bachmuschel wird die Habitatqualität bzw. Gewässergüte über den Parameter Nitratgehalt (oder alternativ die chemische Gewässer-Güteklasse) aufgenommen (BfN & BLAK 2017a). Die Erfassungen erfolgen einmal innerhalb eines Berichtszeitraumes (6 Jahre), bei den Libellen alle drei Jahre. Für die geschützten Gewässer-Lebensraumtypen der FFH-Richtlinie kann das FFH-Monitoring gut verwendbare Informationen für ein GE-Monitoring zur (lebensraumtypischen) Habitatqualität über die indikatorischen Arten der aquatischen Vegetation und Störungsanzeiger beisteuern. Eine Einschränkung bei der Erfassung der FFH-Arten ist, dass die Bewertungen der Habitatqualität i. d. R. nur sehr grob in drei Qualitäts-Klassen vorgenommen

werden und die Beeinträchtigungen der Habitatqualität meist über ExpertInnenvotum erfolgen und nicht durch direkte Messungen von Daten (BfN & BLAK 2017a).

Im Ökosystem-Monitoring werden die Biotoptypengruppen „Fließende Gewässer“ sowie „Stehende Gewässer“ und ihre Untereinheiten erfasst (Ackermann et al. 2020). Es werden Eutrophieanzeiger an Anlandungen erfasst, aber keine Unterwasservegetation. Die Bewertung der (Fließ)Gewässer erfolgt nach verschiedenen Beeinträchtigungsstufen bzw. dem Verbauungsgrad: „natürlich und naturnah“, „anthropogen mäßig beeinträchtigt“, „anthropogen stark beeinträchtigt“, „anthropogen erheblich verändert“, sowie Fließgewässer rein „technischer Art“. Insofern könnten Wechsel des Biotoptyps hier Rückschlüsse auf Verschlechterungen allgemeiner Art geben, zumindest im Rahmen der groben Bewertungskategorien (Ackermann et al. 2020).

Im HNV-Farmland-Monitoring sind Fließgewässer und größere Stillgewässer in den beobachteten „Nutz- und Lebensraumflächen“ generell nicht berücksichtigt, jedoch die Lebensraumtypen „Bäche und Quellen“ sowie „Stehende Kleingewässer (bis 1 ha)“ (Hünig & Benzler 2017). Die Unterwasservegetation wird aber nicht erfasst und die Qualität der Verlandungszone mittels dreier Qualitätsklassen eingeschätzt (BfN 2020): „nicht oder wenig gestört“; „gut ausgebildete Typen der Verlandungsvegetation“; „Ufer- und Verlandungsvegetation nur fragmentarisch ausgebildet oder stark gestörtes Gewässer“. Für ein GE-Monitoring liefert daher das HNV-Farmland-Monitoring für den Großteil der Gewässer keine Daten und ist für den berücksichtigten Rest in der Untersuchungstiefe zu wenig detailliert.

Auch im Rahmen der WRRL werden regelmäßig stoffliche Belastungen (Nährstoffe, organische Belastungen, spezifische Schadstoffe) der Gewässer und die Wasserqualität ermittelt. Diese Daten wären wertvolle Informationen, um die Wasser- und Habitatqualität im Rahmen eines GE-Monitorings abzuschätzen.

#### **5.2.3.4 Monitoring der aquatischen Artengemeinschaft**

Durch genom-editierte Fische können möglicherweise Kaskadeneffekte verursacht werden, die sich über Nahrungskettenbeziehungen bis hin zu höheren Trophie-Ebenen wie den Amphibien und der Avifauna auswirken. In den geschützten Gewässer-Lebensraumtypen des FFH-Monitorings können Effekte auf die Zusammensetzung der aquatischen Gefäßpflanzen und Algen festgestellt werden (s. o. Monitoring der Habitatqualität). Im Lebensraumtyp „Dystrophe Seen“ (LRT 3160) werden im Rahmen des FFH-Monitorings auch Erhebungen der Libellenfauna durchgeführt (alle drei Jahre). Ansonsten wird für die Bewertung des lebensraumtypischen Arteninventars der Fließgewässer-Typen neben den Fischarten (s. o. Monitoring der Fischfauna) auch die im Rahmen der ökologischen Zustandsbewertung zur WRRL erhobenen Daten zum Makrozoobenthos genutzt (BfN & BLAK 2017b). In FFH-Stillgewässern werden jedoch keine faunistischen Daten zu Fischen und Makrozoobenthos berücksichtigt. Nahrungsketteneffekte lassen sich auch im Rahmen des FFH-Monitorings geschützter Tierarten überwachen, z. B. bei aquatischen Mollusken, Krebsen, Wasserkäfern, Libellen, Amphibien und Sumpfschildkröten (BfN & BLAK 2017a). Dabei werden teilweise auch (semi-quantitativ) Begleitgruppen, die als Indikatoren für einen lebensraumtypisch guten oder schlechten Zustand angesehen werden, erfasst, wie z. B. weitere Arten der Schnecken und Muscheln.

Im Insektenmonitoring sind die empfohlenen Module „Libellen an/in Gewässern“, „Stein-, Eintags- & Köcherfliegen an/in Gewässern“ und „Schwimm- und Wasserkäfer in Gewässern“ sehr gut geeignet, um Verschiebungen in der Artenzusammensetzung sowie Nahrungsketteneff-

fekte nachzuweisen (BfN 2019). Der Vorteil dieser Erhebungen wäre, dass sie auf Stichprobenflächen der Gesamtlandschaft durchgeführt werden und damit nicht „nur“ geschützte Lebensräume und geschützte Arten wie im FFH-Monitoring repräsentieren. Eine Implementierung dieser Module zu Gewässerorganismen wäre äußerst wertvoll für ein GE-Monitoring. Zum gegenwärtigen Zeitpunkt besteht jedoch noch kein Konzept zum Design und der Durchführung der Erfassungen in der Fläche. Berücksichtigt werden sollte, inwieweit diese Daten auch über bereits bestehende Monitoringprogramme wie z. B. die WRRL bezogen werden können (BfN 2019).

Die Zusammensetzung der Fischfauna kann bis zur Trophie-Ebene der Wasservogel Auswirkungen haben (z. B. Maceda-Veiga et al. 2017), was prinzipiell gut mit dem Modul „Wasservogelzählung“ des Vogelmonitorings für ein GE-Monitoring abgedeckt ist. Zusätzliche Daten zur Wasservogelfauna generiert das Zusatzmodul „Rastende Gänse und Schwäne“, welches aber intensiviert und verdichtet werden muss, z. B. durch die Berücksichtigung von Höcker- und Neozoen (Rostgans, Nilgans), durch die Erfassung des Bruterfolges (bei Brutvögeln) und durch eine Verdichtung des Stichprobenumfangs. Insgesamt werden i. d. R. nur Daten zu rastenden Wasservögeln erhoben, Brutdaten zum Frühjahr/Sommer fehlen daher generell.

Auch außerhalb der NATURA 2000-Gebietskulisse der FFH-Richtlinie unterliegen weitere Lebensräume einem besonderen, europaweiten Schutz, wie die Vogelschutzgebiete (SPA – "Special Protected Areas") auf Basis der in Anhang I genannten Vogelarten der EU-Vogelschutzrichtlinie (Richtlinie 2009/147/EG). Erhaltungsziele und Managementmaßnahmen von Vogelschutzgebieten und FFH-Gebieten werden auf Länderebene in den dafür zu erstellenden Managementplänen formuliert. Je nach Gebiet kann in diesen Managementplänen das Monitoring von Vogelarten (und anderer Tiergruppen) sowie der Wasserqualität festgeschrieben sein.

Im Rahmen der Erhebung des ökologischen Gewässerzustandes gemäß WRRL erfolgen Erfassungen von Makrophyten und Phytobenthos, Phytoplankton, Makrozoobenthos und Fischfauna. Diese Daten sind wertvolle Informationen, um etwaige Nahrungsketteneffekte im Rahmen eines GE-Monitorings abzuschätzen.

In den Flächen des Nationalen Naturerbes sind geschützte Gewässer und Vogelschutzgebiete enthalten (z. B. Johst & Reiter 2017). Eine systematische und regelmäßige Aufnahme der Wasserqualität oder ein Wasservogelmonitoring ist hier bisher nicht geplant. Im NNE-Monitoring sollen bevorzugt Daten der Monitoringprogramme des Bundes und der Länder genutzt werden, deren Stichprobenflächen sich in der Gebietskulisse befinden, wie z. B. das „Monitoring häufiger Brutvögel“, das HNV-Farmland-Monitoring, die Bundeswaldinventur sowie das Wasserrahmenrichtlinien-Monitoring, das FFH-Monitoring und die FFH-Zustandskontrolle „Erfassung von Urzeitkrebse“ (Züghart et al. 2021).

### 5.2.3.5 Fazit

Da genom-editierte Fischarten prinzipiell die gesamte Struktur und Artengemeinschaft eines Gewässers bzw. des betreffenden Ökosystems ändern können, und es im Rahmen dieser Analyse nicht vorherzusehen ist, welche Parameter dies betreffen wird, muss ein diesbezügliches GE-Monitoring zwingend auf den Schlussfolgerungen einer vorherigen, fallspezifischen Risikoanalyse aufbauen. Notwendige Anpassungen und Ergänzungen für ein generelles Monitoring genom-edierter Süßwasserfische umfassen darüber hinaus:

- Systematische Erfassung von Regenbogenforelle, Bachforelle und Karpfen, der autochthonen Fischfauna und von möglichen Hybriden (Bestandszahlen, Altersstruktur, evtl. weitere Merkmale), insofern dies nicht durch bestehende fischereiliche Monitoringprogramme bereits abgedeckt wird;
- Monitoring von Besatzzahlen und Flüchtlingen von GE-Fischen, sofern dies methodisch möglich und praktikabel ist;
- Monitoring der Einschleppung und Verbreitung von Fischparasiten und –Krankheiten;
- Monitoring der Wasserqualität (Nährstoffe, organische Belastungen, spezifische Schadstoffe) von Fließ- und Stillgewässern (evtl. über Nutzung der Daten des Monitorings der Wasserrahmenrichtlinie);
- Monitoring der aquatischen Vegetation in Fließ- und Stillgewässern, inklusive Algenarten, im Ökosystem-Monitoring (Synergien mit Wasserrahmenrichtlinie prüfen);
- Ausweitung des Monitorings in die „Normallandschaft“ im Rahmen des Ökosystem- und Insektenmonitorings, unter Berücksichtigung der geplanten Module „Libellen an/in Gewässern“, „Stein-, Eintags- & Köcherfliegen an/in Gewässern“ und „Schwimm- und Wasserkäfer in Gewässern“, gegebenenfalls Verschneidung mit der Wasserrahmenrichtlinie.
- für alle aufgeführten Punkte muss geprüft werden, inwieweit und in welchem Umfang diese Daten bereits in anderen Programmen des Bundes und der Länder erhoben werden, ob die Daten für ein GE-Monitoring geeignet und ausreichend bzw. verfügbar sind;
- Ausweitung der Wasservogelzählung auf die Brutperiode, gegebenenfalls mit einem speziellen Zusatzmodul, das eine definierte Indikatorengruppe der Schwimm- und Tauchenten umfasst (d. h. einzelne Vertreter der Säger, Schwäne, Gänse, Schwimmenten, Tauchenten und von Neozoen);
- Abschätzung des notwendigen Stichprobenumfangs zum statistischen Nachweis definierter Effektgrößen für alle oben aufgeführten Monitoringmodule (regional und lebensraum-spezifisch).

#### 5.2.4 Genom-editierte Mikroalgen

Für das Fallbeispiel der genom-editierten Mikroalgen *Chlamydomonas* sp. (Grünalgen) und *Nannochloropsis* sp. (Stramenopiles) wurden folgende potenzielle Umwelteffekte identifiziert:

- Verbreitung und Etablierung der GE-Algen in natürlichen Gewässern;
- Veränderung der Zusammensetzung aquatischer Lebensgemeinschaften;
- Nahrungsketteneffekte und Effekte auf höhere Trophie-Ebenen.

Daraus ergibt sich ein Monitoringbedarf für:

- eine Basiserhebung des Ausgangszustandes vor Ausbringung von GE-Mikroalgen (Referenzzustandserhebung) und anschließende regelmäßige Überwachung in den möglichen Expositionsräumen;
- Monitoring der aquatischen Habitatqualität;
- Monitoring der aquatischen Artengemeinschaft.

#### **5.2.4.1 Expositionsraum**

GE-Mikroalgen können an unterschiedlichen Stellen der Produktionskette in die Umwelt gelangen. Folgende Herstellungsschritte bei der Produktion von Mikroalgen sind für eine beabsichtigte oder unbeabsichtigte Ausbringung in die Umwelt von Bedeutung: die Kultivierung, die Ernte und Verarbeitung, die Abfallentsorgung und die Verwendung des Endprodukts. Aufgrund ihrer Morphologie und Biologie ist die Ausbreitung von Mikroalgen in die Umwelt bei der Kultivierung in offenen Anlagen unvermeidbar. Spezifische Auflagen zur Verhinderung der Ausbreitung müssen im Rahmen der Zulassung festgelegt werden. Die jeweiligen Expositionsräume sind daher von diesen Auflagen bzw. den jeweiligen Produktionsstandorten abhängig.

#### **5.2.4.2 Monitoring von Mikroalgen**

Eine Erfassung und ein Monitoring von Mikroalgen existieren bisher in den Programmen des Naturschutzes nicht.

#### **5.2.4.3 Monitoring der aquatischen Habitatqualität**

Die Einschätzung zur Überwachung der Habitat- und Wasserqualität ist analog zu dem bei GE-Süßwasserfischen besprochenen Punkt „Monitoring der aquatischen Habitatqualität“ zu sehen. Für die geschützten Gewässer-Lebensraumtypen der FFH-Richtlinie kann das FFH-Monitoring gut verwendbare Informationen für ein GE-Monitoring zur (lebensraumtypischen) Habitatqualität über die indikatorischen Arten der aquatischen Vegetation und Störungsanzeigern beisteuern. Eine Einschränkung bei der Erfassung der FFH-Arten ist, dass die Bewertungen der Habitatqualität i. d. R. nur grob in drei Qualitäts-Klassen vorgenommen werden und die Beeinträchtigungen der Habitatqualität meist über ExpertInnenvotum erfolgen und nicht durch direkte Messungen von Daten (BfN & BLAK 2017a). An Algen werden – nur für bestimmte Lebensraumtypen – einzelne Arten der Armeleuchteralgen, Gelbgrünen Algen und Rotalgen erfasst. Das ÖSM lässt gewisse Rückschlüsse zu Verschlechterungen allgemeiner Art für die Fließ- und Stillgewässer in der „Normallandschaft“ zu, allerdings nur im Rahmen der groben Bewertungs-Kategorien des ÖSM. Außerdem werden in bestimmten Gewässertypen des ÖSM Armeleuchteralgen (Characeen) erfasst (Ackermann et al. 2020). Die im Rahmen der WRRL erfassten Daten zu stofflichen Belastungen der Gewässer (Nährstoffe, organische Belastungen, spezifische Schadstoffe), der Wasserqualität sowie der Vegetations- und Fauna-Erfassungen sollten für ein GE-Monitoring genutzt werden.

#### **5.2.4.4 Monitoring der aquatischen Artengemeinschaft**

Zur Überwachung möglicher durch Mikroalgen verursachter Effekte auf Nahrungsketten und höhere Trophie-Ebenen gelten analog die bei den GE-Süßwasserfischen besprochenen Punkten unter „Monitoring der aquatischen Artengemeinschaft“. Im Rahmen des FFH-Monitorings lassen sich negative Nahrungsketteneffekte für die geschützten Arten des Anhangs II und IV überwachen, ebenso wie für die aquatischen Gefäßpflanzen und bestimmte Algenarten innerhalb der geschützten Gewässer-Lebensraumtypen des Anhangs I. In der „Normallandschaft“ des Insektenmonitoring wären die geplanten Module „Libellen an/in Gewässern“, „Stein-, Eintags- & Köcherfliegen an/in Gewässern“ und „Schwimm- und Wasserkäfer in Gewässern“ sehr gut geeignet, um Verschiebungen in der Artenzusammensetzung sowie Nahrungsketteneffekte nachzuweisen. Auswirkungen auf die Wasservogel-Fauna können mit dem Modul „Wasservogelzählung“ des Vogelmonitorings für ein GE-Monitoring abgedeckt werden, mit der Einschränkung, dass in der „Wasservogelzählung“ die Rastbestände und keine Brutbestände erfasst werden. Zusätzlich kann das Erweiterungsmodul „Gänse und Schwäne“ berücksichtigt

werden. Im Monitoring der Wasserrahmenrichtlinie wird regelmäßig der ökologische Gewässerzustand durch Erfassungen von Makrophyten & Phytobenthos, Phytoplankton, Makrozoobenthos und Fischfauna ermittelt. Diese Daten sind wertvolle Zusatzinformationen, um etwaige Nahrungsketteneffekte innerhalb eines GE-Monitorings aufzudecken.

#### 5.2.4.5 Fazit

Da genom-editierte Mikroalgen prinzipiell die gesamte Struktur und Artengemeinschaft des Gewässers bzw. des betreffenden Ökosystems ändern können, und es nicht vorherzusehen ist, welche Parameter dies betreffen wird, muss ein diesbezügliches GE-Monitoring zwingend auf den Schlussfolgerungen einer vorherigen, fallspezifischen Risikoanalyse aufbauen. Notwendige Anpassungen und Ergänzungen für ein generelles Monitoring genom-editierter Mikroalgen entsprechen weitgehend den bereits bei den GE-Süßwasserfischen angeführten Aspekten und umfassen:

- Monitoring von Mikroalgen in Still- und Fließgewässern;
- Monitoring der aquatischen Vegetation in Fließ- und Stillgewässern, inklusive Algenarten;
- Erweiterung des Monitorings in der „Normallandschaft“ im Rahmen des Ökosystem- und des Insektenmonitorings, d. h. Erfassung der Unterwasservegetation in allen Gewässertypen und Implementierung der geplanten Module „Libellen an/in Gewässern“, „Stein-, Eintags- & Köcherfliegen an/in Gewässern“ und „Schwimm- und Wasserkäfer in Gewässern“;
- für alle aufgeführten Punkte muss geprüft werden, inwieweit und in welchem Umfang diese Daten bereits in anderen Programmen des Bundes und der Länder erhoben werden, ob die Daten für ein GE-Monitoring geeignet und ausreichend sowie verfügbar wären, insbesondere das Programm der Wasserrahmenrichtlinie;
- Ausweitung der Wasservogelzählung auf die Brutperiode, gegebenenfalls mit einem speziellen Zusatzmodul, das eine definierte Indikatorengruppe der Schwimm- und Tauchenten umfasst (d. h. einzelne Vertreter der Säger, Schwäne, Gänse, Schwimmenten, Tauchenten und von Neozoen).
- Abschätzung des notwendigen Stichprobenumfangs zum statistischen Nachweis definierter Effektgrößen für alle oben aufgeführten Monitoringmodule (regional und lebensraum-spezifisch).

#### 5.2.5 Gentechnisch verändertes Citrus Tristeza Virus

Für das Fallbeispiel des gentechnisch veränderten Citrus Tristeza Virus wurden folgende potenzielle Umwelteffekte identifiziert:

- unbeabsichtigte Wirkungen der gebildeten Defensin-Proteine auf die Physiologie der behandelten Bäume;
- bei Verbreitung des CTV-SoD Agens durch CTV-kompetente Vektoren auch etwaige Wirkungen der Defensin-Proteine auf die Physiologie infizierter Pflanzenarten;
- eventuell nachteilige Auswirkungen des transgenen Produktes (Defensin) auf Nichtzielorganismen (z. B. über Exposition in Früchten, Samen oder anderen Pflanzenteilen).

Daraus ergibt sich ein naturschutzfachlicher Monitoringbedarf für:

- Monitoring des GV-Virus;
- Monitoring von Nichtzielorganismen (Schädlinge und Nützlinge);

- Monitoring der allgemeinen Biodiversität.

#### 5.2.5.1 Expositionsraum

Aufgrund der von der EFSA (2017) für CTV-SoD durchgeführten Evaluierung wird angenommen, dass durch Samen und Erntegut (geerntete Früchte und Verarbeitungsprodukte wie Saft) keine Umweltexposition gegeben ist (USDA-APHIS 2020). Für eine beabsichtigte bzw. unbeabsichtigte Ausbringung in die Umwelt wären daher die Kultivierung absichtlich inokulierter Orangenbäume, die Kultivierung von Orangenbäumen mit unabsichtlich inokuliertem Pfropfmateriale und die unbeabsichtigte bzw. nicht genehmigte Verbringung von infizierten Ablegern als Pfropfmateriale zu berücksichtigen. Falls in Europa vorkommende Vektoren oder Verbreitung durch behandeltes Pflanzenmateriale doch eine Ausbreitung von CTV ermöglichen, wären die Expositionswege Ernte und Verarbeitung sowie Abfallentsorgung ebenfalls zu beachten. Um zusätzliche Umwelteffekte außerhalb der Anwendungsgebiete hervorrufen zu können, müssten sich GV-Viren aus den behandelten Plantagen in die umgebenden Ökosysteme ausbreiten, entweder über Früchte, Pflanzenmateriale oder tierische Vektoren. In diesem Fall wären alle Expositionsräume, in welchen die betreffenden Vektoren auftreten können, zu berücksichtigen (vgl. Kapitel 3.2.5).

#### 5.2.5.2 Monitoring des GV-Virus

Die für Europa relevanten CTV-Stämme sowie relevante Wirtspflanzen müssen identifiziert und deren Vorkommen sowie Verbreitung (auch außerhalb von Anbaugebieten) erfasst werden. Dies betrifft auch die Überprüfung des Vorkommens des CTV-Virus in unterschiedlichen Pflanzenmaterialien. Potenziell sollte dabei auch die Infektiosität bzw. Pathogenität des CTV, sowie mögliche Resistenzen gegenüber dem HLB-Erreger berücksichtigt werden. Eine Erfassung und ein Monitoring von CTV-Stämmen existiert bisher weder in den Programmen des Naturschutzes noch in jenen der agrarischen Pflanzenschutzdienste.

#### 5.2.5.3 Monitoring von Nichtzielorganismen

In Bezug auf nachteilige Wirkungen auf Nichtzielorganismen des GV-Virus sind derzeit viele Aspekte noch ungeklärt, wie z. B. Informationen über relevante CTV-Stämme in Europa, Vorkommen des Virus in Pflanzenmaterialien, sowie Effekte des GV-Virus auf unterschiedliche Organismengruppen der jeweiligen (Orangen)kulturen (siehe 3.2.5). Dies trifft auch auf mögliche nachteilige Effekte des GV-Virus auf Nichtzielorganismen zu. Die Abklärung einer möglichen Exposition relevanter Organismen (Bakterien, Pilze, höhere Organismengruppen) mit den exprimierten Defensinen des GV-Virus ist Voraussetzung für die Auswahl und Festlegung von Organismen und Parametern für das Monitoring. In der vorliegenden Risikobewertung aus den USA gibt es dazu keine ausreichenden Daten (USDA-APHIS 2020, siehe 3.2.5). Eine Reihe von in den USA in Orangenkulturen vorkommenden Nichtziel(schad)organismen wurden beschrieben, wie z. B. Zitrusminiermotten, Schildläuse, weiße Fliegen, Zitruschmierläuse, Käfer, Zitrusmilben und Nematoden. Verwandte Arten könnten in Europa als Nichtzielorganismen – je nach Obstkultur - in Betracht kommen und müssten im Rahmen eines Monitorings berücksichtigt werden.

Die Erfassung pflanzensaugender Insektenvektoren des CTV ist dabei von besonderer Relevanz, da diese jedenfalls einer Exposition des GV-Virus unterlägen. Die potenziellen Insektenvektoren für das CTV sind Blattflöhe (Psylloidea) und Blattläuse (Aphidoidea).

Ein Monitoring von „Schädlingen“ ist in keinem der Monitoringprogramme des Naturschutzes vorgesehen, zumindest nicht systematisch und flächendeckend. Ein Erweiterungsbaustein der

1. Säule des Insektenmonitorings, die „Flugaktiven Insekten im Offenland (Malaisefallen)“, wäre jedoch geeignet, bestimmte flugaktive „Nützlinge“ der Käfer, Schwebfliegen oder Netzflügler zu erfassen; zu prüfen wäre, inwiefern auch Blattflöhe und Blattläuse, sowie gegebenenfalls relevante Nichtzielorganismen mittels Malaisefallen ausreichend gefangen und dokumentiert werden könnten.

#### 5.2.5.4 Monitoring der allgemeinen Biodiversität

Bei einem Resistenzdurchbruch des CTV könnte eine damit verbundene Steigerung des Pestizideinsatzes zur Kontrolle des CTV negative Folgen für die Biodiversität nach sich ziehen, was durch ein Monitoring der allgemeinen Biodiversität überwacht werden sollte. Fast alle bisher vorgeschlagenen Module des Insektenmonitorings (Heuschrecken, Laufkäfer und Spinnen, Nachtfalter) sind direkt in ein allgemeines Biodiversitätsmonitoring im Obstbau integrierbar (BfN 2019, Schuch et al. 2020). Zu einem derartigen Biodiversitätsmonitoring kann auch das Vogelmonitoring wertvolle Daten beisteuern. Generell werden im „Monitoring häufiger Brutvögel“ alle vorkommenden Brutvögel erfasst, aber bestimmte Arten können speziell relevant für naturnahe Obstbauflächen oder angrenzende Flächen relevant sein (vgl. Sudfeldt & Trautmann 2015). Auch Kleinsäuger spielen für Obstkulturen eine Rolle, allerdings sind in den nationalen Monitoringprogrammen des Naturschutzes bisher nur vier Kleinsäuger-Arten im Anhang IV der FFH-Richtlinie berücksichtigt (BfN & BLAK 2017a).

#### 5.2.5.5 Fazit

Die Herausforderung bei der Einschätzung der Umweltwirkungen des gentechnisch veränderten CTV-SoD besteht darin, dass für eine Reihe möglicher Wirkungshypothesen, wie z. B. eine nachteilige Auswirkung des transgenen Defensin auf Ziel- bzw. Nichtzielorganismen, oder eine eventuelle Weiterverbreitung auf andere CTV-Wirtspflanzen als Orangenbäume, keine öffentlich zugänglichen Risikobewertungsdaten vorliegen. Daher ist es momentan noch unklar, welcher spezielle Monitoringbedarf bei einem Anbau in Europa tatsächlich bestehen würde. Grundlegende relevante Aspekte eines Monitorings sind die Überwachung von CTV-Stämmen bzw. möglicher Insektenvektoren des CTV in relevanten Wirtspflanzen in Europa. Entsprechende Basisdaten hinsichtlich des Vorkommens der verschiedenen CTV-Stämme in Pflanzenarten in Europa vor Freisetzung des GV-Virus fehlen (siehe 3.2.5).

Aufgrund der unklaren Situation kann derzeit nicht abschließend evaluiert werden, welche Programme des Naturschutzes vorrangig Anknüpfungspunkte für ein GE-Monitoring des CTV bieten würden. Am vielversprechendsten erscheinen hier jedoch das Insektenmonitoring und das Ökosystem-Monitoring. Die Grundmodule des Insektenmonitorings decken die allgemeinen Indikatoren der Insekten-Biodiversität ab. Aufbauend auf einer Risikobewertung müssen dann gegebenenfalls Erweiterungsbausteine eingerichtet werden, z. B. zur Abundanz und Verbreitung betroffener Nichtzielorganismen oder möglicher Vektoren des CTV. Das FFH-Monitoring ist zudem ein geeignetes Instrument, um etwaige Effekte auf geschützte Lebensräume und Arten der FFH-Richtlinie zu überwachen. Generell sollten die Vernetzung und die Nutzung von Synergien der verschiedenen Monitoringprogramme des Naturschutzes oberste Priorität beim Design des Monitorings eines GV- bzw. GE-Virus sein, wie dies auch für ein übergreifendes Biodiversitätsmonitoring in Deutschland gefordert wird (Züghart et al. 2021). Wie bei den anderen erwähnten Monitoringprogrammen auch, ist daher die Einbettung eines GE-Monitoring für CTV-SoD in die bundesweite Stichprobenauswahl und in das Ökosystem-Monitoring von entscheidender Bedeutung, ebenso wie die Abschätzung der Repräsentativität und der statistischen Mächtigkeit der geplanten Stichprobe.

## 6 Priorität 4: Darstellung der Anforderungen an ein Monitoring von Umweltwirkungen von GE-Organismen

In den vorherigen Prioritäten des Vorhabens wurden die spezifischen Aspekte hinsichtlich Umweltwirkungen und Expositionsräume von GE-Organismen anhand von Fallbeispielen ausgearbeitet (Priorität 1), sowie die Anknüpfungspunkte von bestehenden GVO-Monitoringkonzepten für diese Fallbeispiele identifiziert (Priorität 2). Zudem wurden Anknüpfungspunkte zur Nutzung von allgemeinen Monitoringkonzepten und -programmen des Naturschutzes für das Monitoring von GE-Organismen ausgearbeitet und vorgeschlagen (Priorität 3).

In dieser Priorität sollen die Anforderungen für ein Monitoring von Umweltwirkungen von GE-Organismen dargestellt werden. Die Formulierung dieser Anforderungen erfolgt aufbauend auf den Ergebnissen aus den vorherigen Prioritäten, den darin angeführten Fallbeispielen sowie den Empfehlungen aus dem Fachgespräch. Dabei werden folgende Fragen ausgearbeitet:

- Was sind allgemeine und spezielle Anforderungen an ein Monitoring von GE-Organismen?
- Welche Empfehlungen können für ein Monitoring von GE-Organismen formuliert werden?

### 6.1 Allgemeine Anforderungen an das Monitoring von GE-Organismen

Derzeit unterliegen genom-editierte Organismen in der Europäischen Union den rechtlichen Vorgaben von gentechnisch-veränderten Organismen, insbesondere hinsichtlich einer verpflichtenden Risikobewertung im Rahmen des Zulassungsverfahrens und einem nachgelagerten Monitoring. Demnach ist ein Monitoring von GE-Organismen jenem von GVO gleichzustellen, d. h. ein fallspezifisches Monitoring, basierend auf den Annahmen für Umweltwirkungen aus der Risikobewertung, sowie ein allgemeines Monitoring unvorhergesehener negativer Umwelteffekte. Die Techniken der Genom-Editierung ermöglichen ein breites Spektrum an Veränderungen des Genoms, sowie die Veränderung einer Vielzahl an Organismen(gruppen). Der Einsatz von GE-Organismen ist somit nicht mehr nur auf den landwirtschaftlichen bzw. kommerziellen Bereich (z. B. im Agrarraum) beschränkt, sondern kann auch in nicht-landwirtschaftlichen bzw. privaten Räumen sowie weiteren Umweltmedien (z. B. Gewässer) stattfinden. Alle diese Aspekte stellen eine zusätzliche Herausforderung für das Monitoring dar. Zudem ist der Nachweis von GE-Organismen mit einigen (technischen) Herausforderungen verbunden, insbesondere in Bezug auf die spezifischen Nachweismethoden, die u. a. für die Dokumentation der Verbreitung von GE-Organismen in unterschiedlichen Umweltmedien bzw. den Nachweis einer Umweltexposition wesentlich sind (siehe 3.3).

In jenen Fällen, in denen bei gleichen Organismen gleiche Merkmale mit Genom-Editierung erzielt wurden (z. B. feuerbrandresistenter Apfelbaum, wachstumsgesteigerte Fische) konnten keine spezifischen neuen Umweltwirkungen, Wirkräume oder Expositionspfade im Vergleich zur klassischen Gentechnik identifiziert werden. Unterschiede aufgrund eines unterschiedlichen Wirkmechanismus (GE versus GV) sind derzeit nicht absehbar und wären nur aufgrund unbeabsichtigter Effekte der Veränderung des Genoms möglich. Bei vielen der aktuellen GE-Anwendungen kommt es zu keiner Expression neuer bzw. neuartiger Proteine, wodurch etwaige nachteilige Effekte durch den Konsum dieser Proteine durch Nichtzielorganismen bzw. Nahrungsketteneffekte nicht berücksichtigt werden müssen. Dennoch sind grundlegende physiologische Veränderungen im veränderten Organismus aufgrund unbeabsichtigter Effekte im Genom (z. B. off-target Effekte) möglich, die Auswirkungen auf die Nah-

rungsketten haben können. Allerdings zeigen die gewählten Beispiele, dass sich neue Wirkpfade und –räume aus der Anwendung neuer, bisher nicht veränderter Organismen bzw. Organismengruppen (z. B. Mikroalgen) und deren spezifische biologische Merkmale bzw. kommerzielle Nutzungsabsichten und Produktionsweisen ergeben können. Dabei ist zu berücksichtigen, dass der Großteil dieser GE-Anwendungen sich derzeit noch in einem proof-of-concept Stadium befindet und somit Informationen über die genetischen und phänotypischen Veränderungen sehr eingeschränkt vorliegen. Da Genom-Editierung zunehmend eine größere Eingriffstiefe ins Genom von Organismen ermöglicht, können auch simultane Veränderungen mehrerer Gene bzw. Allele oder mittels klassischer Züchtung schwer zugängliche Merkmale (z. B. physiologische Merkmale) verändert werden (sogenanntes „Multiplexing“, Eckerstorfer et al. 2021 und Referenzen darin). Daher ist davon auszugehen, dass bei technisch komplexeren GE-Anwendungen auch komplexere Umweltwirkungen in Zukunft zu erwarten sind, die auch im Monitoring entsprechend Berücksichtigung finden müssen.

Allgemeine Aspekte des Monitorings, die auch für das Monitoring von GE-Organismen relevant sind, umfassen (siehe auch Züghart et al. 2011):

- Eine wissenschaftlich-basierte Risikobewertung inklusive der Identifizierung möglicher nachteiliger Effekte sowie der Formulierung von Risikohypothesen sind die Grundlage für das Monitoring. Zum derzeitigen Zeitpunkt ist allerdings nicht klar, ob und in welcher Form die Risikobewertung auch für bestimmte Mutagenesetechniken beibehalten wird (EC 2021). Entsprechende Auswirkungen auf das Monitoring müssen dann berücksichtigt werden.
- Die Antragsteller von GE-Organismen müssen einen Monitoringplan zur Überprüfung der Annahmen der Risikobewertung hinsichtlich des Auftretens nachteiliger Effekte (fallspezifisches Monitoring) und für die allgemeine Überwachung zur Überprüfung von Effekten, die nicht in der Risikobewertung vorhergesehen wurden bzw. die schwer vorhersagbar sind (z. B. komplexe, seltene oder Langzeiteffekte) vor der Zulassung zum Inverkehrbringen von GE-Organismen unterbreiten.
- Die Nutzung und Zurverfügungstellung von Ergebnissen aus der wissenschaftlichen Forschung (biosafety research) und vorangegangenen Versuchen im Freiland (Teil B, Richtlinie 2001/18/EG) muss sichergestellt sein.
- Standardisierte Monitoringmethoden müssen für die jeweiligen Organismen(gruppen) bzw. spezifischen Wirkräume und Merkmale entwickelt werden, um vergleichbare Ergebnisse zu erhalten.
- Der Referenzzustand der Umwelt vor Ausbringung des GE-Organismus muss bekannt sein bzw. entsprechende Referenzräume ohne Umweltexposition des GE-Organismus müssen verfügbar sein.
- Monitoringzeiträume müssen an die spezifischen Risikohypothesen angepasst werden, damit auch indirekte und Langzeiteffekte (z. B. bei GE-Bäumen) erkannt werden können.
- Die Monitoringräume müssen der Umweltexposition des jeweiligen GE-Organismus entsprechen. Dabei sollten jene Räume bevorzugt werden, wo am ehesten Umwelteffekte zu erwarten sind bzw. die Exposition am größten ist.
- Das Monitoring in und um Schutzgebiete(n) ist entsprechend auszugestalten, um (auch langfristige) negative Effekte von GE-Organismen auf die jeweiligen Schutzobjekte rechtzeitig erfassen zu können.

- Spezifische Schutzziele müssen im Rahmen des Monitorings von GE-Organismen berücksichtigt werden (z. B. alte Kultursorten, autochthone Populationen, Ökosystemleistungen etc.)
- Neue wissenschaftliche Informationen und Erkenntnisse bezüglich des GE-Organismus oder seiner nachteiligen Effekte auf die Umwelt müssen zeitgerecht in die Risikobewertung sowie das Monitoring einfließen können.

Zusätzlich sind folgende allgemeine Aspekte für ein zukünftiges Monitoring von GE-Organismen zu beachten:

Die Möglichkeit eines Nachweises des Vorkommens und der Verbreitung von GE-Organismen in unterschiedlichen Umweltmedien (Wasser, Land, Luft) muss vor dem Ausbringen in die Umwelt sichergestellt sein. Dazu ist das Vorhandensein bzw. die Entwicklung spezifischer Nachweismethoden für GE-Organismen vonnöten. In bestimmten Fällen kann dabei auch die Anwendung einer phänotypischen Nachweismethode erste Hinweise auf das Vorhandensein von GE-Organismen in der Umwelt hilfreich sein. Diese muss jedoch durch eine spezifische molekularbiologische Nachweismethode ergänzt werden (insbesondere bei Anwendungen mit SNVs). Bezüglich Empfehlungen für den Nachweis von GE Organismen sei auf Ribarits et al. (2021a, b) verwiesen.

Die Ausdehnung des möglichen Wirkraumes über den Agrarraum hinaus. Während bis dato vorrangig landwirtschaftliche Kulturpflanzen gentechnisch verändert wurden, deren Wirkraum sich auf landwirtschaftliche Räume sowie angrenzende natürliche und naturnahe Habitate erstreckt, sind bei GE-Organismen auch nicht-landwirtschaftliche bzw. private Räume, z. B. Siedlungsbereich, Privatgärten, sowie aquatische Habitate als mögliche Wirkräume zu berücksichtigen.

Je nach GE-Organismus ist ein Monitoring von Still- und Fließgewässern, sowie deren aquatische Organismen (Flora & Fauna) miteinzubeziehen. Hier kann die Nutzung des Monitorings im Rahmen der Wasserrahmenrichtlinie empfohlen werden. Das bundesweite Monitoring des ökologischen Zustandes von Oberflächengewässern erfolgt gemäß den Vorgaben der Europäischen Union 2000/60/EG, die Zuständigkeit liegt bei den Bundesländern für Wasserwirtschaft, und dem Bund für Bundeswasserstrassen (Bund-Länder-Mischfinanzierung). Das WRRM-Monitoring umfasst stoffliche Belastungen (Nährstoffe, organische Belastungen, spezifische Schadstoffe), Wasserqualität (chemisch-physikalische Parameter), Makrophyten, Phytobenthos, Phytoplankton, Makrozoobenthos, sowie die Fischfauna. So werden z. B. bereits Daten zur Fischfauna teilweise fürs FFH-Monitoring verwendet.

Viele mögliche Anwendungen von GE-Organismen zielen auf agronomische und kommerziell wichtige Merkmale ab, wie z. B. Krankheitsresistenzen. Daher sind in einem Monitoring diese agrarischen Aspekte miteinzubeziehen, wie beispielsweise die Erfassung von Schaderregern, das mögliche Auftreten von Resistenzen, Pestizidanwendungen etc. Eine Einbeziehung und Nutzung des Agrarmonitorings sowie die Nutzung der flächendeckenden Landnutzungsdaten (Agrarstatistik, Fernerkundung) wird daher empfohlen. Derzeit ist ein bundesweites Monitoring der biologischen Vielfalt in Agrarlandschaften, Verbundprojekt „Mon-ViA“ des Bundesministeriums für Ernährung und Landwirtschaft in Planung bzw. Entwicklung. Dabei sollen die Lebensraumvielfalt und Insekten in Agrarlandschaften, Bodenmikroorganismen und Regenwürmer in landwirtschaftlichen Böden, relevante Organismengruppen für Agrarökosysteme berücksichtigt werden, sowie blütenbesuchende Insekten und Bestäubungsleistungen, Schäd-

linge und Nützlinge sowie funktionelle Gemeinschaften der Bodenbiota. Beispiele für Monitoringmodule sind: Honigbienen und Hummeln, Parasitoide, weitere Nützlinge, Biodiversität der Kleingewässer, Beikräuter und Schaderreger im landwirtschaftlichen Wein- und Apfelanbau.

Bei GE-Anwendungen werden vermehrt nicht nur (Kultur)Pflanzen als Zielorganismen ausgewählt, z. B. für die Vermittlung einer Krankheitsresistenz (z. B. feuerbrandresistente Obstbaumkulturen), sondern auch der Einsatz veränderter Viren (GV oder GE) im Obstbau diskutiert bzw. durchgeführt (siehe Fallbeispiel CTV-SoD). In diesem Fall ist ein allgemeines Biodiversitätsmonitoring in Sonderkulturen, z. B. im Obstanbau, das die Erfassung Wirbelloser und Organismen höherer Trophie-Ebenen umfasst, zu empfehlen.

Die Vernetzung und Nutzung von Synergien bestehender Monitoringprogramme des Naturschutzes ist ein wesentlicher Aspekt beim Monitoring von Umweltwirkungen von GE-Organismen. Dies sollte oberstes Ziel beim Design eines GE-Monitorings sowie auch für ein allgemeines Biodiversitätsmonitoring in Deutschland sein (z. B. auch die Berücksichtigung der Wasserrahmenrichtlinie). Die zu nutzenden Synergien beziehen sich auf die Infrastruktur, die verwendeten Umweltparameter und Methoden, die Erhebung von Daten zu Umweltparametern und anderen Einflussgrößen, dem Erhebungsdesign und der Flächenkulisse.

Die Nutzung bundesweit gleicher Stichprobenflächen für unterschiedliche Monitoringprogramme (ÖSM, MhB, HNV-Farmland- bzw. Insektenmonitoring) sowie die Integration eines GE-Monitorings in die bundesweite Stichprobenauswahl. Ein GE-Monitoring sollte auf den bundesweit repräsentativen Stichprobenflächen (derzeit auf > 2.000 Probeflächen) stattfinden und repräsentativ für die verschiedenen Landnutzungs- und Standorttypen in Deutschland sein. Auf diesen Flächen findet derzeit auch das HNV-Farmland-Monitoring, sowie das Monitoring häufiger Brutvögel statt. Die Einbeziehung des Ökosystem- und Insektenmonitoring ist geplant. Vor jeglichem Monitoring von Umweltwirkungen muss jedoch eine prospektive Stichprobenabschätzung („Power-Analyse“) durchgeführt werden, um die Größe des statistisch nachweisbaren Effektes vor Beginn des Monitorings festzulegen, und gegebenenfalls die erforderliche Probeflächenzahl anzupassen.

## 6.2 Spezielle Anforderungen an das Monitoring von GE-Organismen

In diesem Bericht wurden Fallbeispiele von GE-Organismen ausgewählt und exemplarisch dafür die Anforderungen an ein Monitoring formuliert. Bei den gewählten Fallbeispielen handelt es sich nicht um Produkte, für die bereits eine Bewertung der Umweltwirkungen im Rahmen einer Zulassungsprüfung verfügbar ist. Drei der fünf Fallbeispiele sind derzeit noch in Entwicklung, wobei zum jetzigen Zeitpunkt nicht abgeschätzt werden kann, ob diese Produkte jemals Marktreife erreichen werden. Die GABA-Tomate ist derzeit nur in Japan erhältlich, allerdings wurde auch dafür keine Risikobewertung durchgeführt. Das GV-Virus wurde in den USA von den zuständigen Behörden geprüft, hier liegen eingeschränkt Daten zur Umweltsicherheit vor. Dennoch wurde für diese Beispiele, für die zurzeit noch keine Informationen zu Umweltrisiken aus der Risikobewertung vorliegen, eine Evaluierung verfügbarer Monitoringprogramme durchgeführt, da diese jedenfalls für das allgemeine Monitoring im Rahmen der „general surveillance“ von Bedeutung sind.

Die in diesem Bericht genannten Vorschläge für das Monitoring von Umweltwirkungen für die Fallbeispiele stellen somit Vorschläge dar, die – je nach Ergebnissen der Risikobewertung und dem aktuellen Stand der Forschung – spezifiziert, sowie um weitere Umweltwirkungen ergänzt werden müssen, sobald entsprechende Daten und Informationen verfügbar sind.

### 6.2.1 Genom-editierte Tomaten

Anwendungen von Genom-Editierung bei Tomaten legen derzeit den Fokus auf die Produktqualität, agronomisch relevante Merkmale sowie der Toleranz gegenüber biotischen und abiotischen Faktoren. Das gewählte Fallbeispiel beschreibt eine inhaltsstofflich veränderte Tomate mit erhöhtem Gehalt an GABA, die 2021 in Japan auf den Markt gebracht wurde (siehe auch 3.2.1). Da diese Tomate keiner Zulassung als GVO in Japan unterliegt, ist derzeit auch keine Risikobewertung für dieses Produkt verfügbar.

#### 6.2.1.1 Monitoring möglicher Wirkräume

Ein Anbau der GABA-Tomate kann entweder im geschützten Anbau (Glashaus oder Foliengewächshaus, für Frischtomaten) oder im Freiland (für die Verarbeitung bzw. zur Eigennutzung) erfolgen. Demnach unterscheiden sich auch mögliche Expositionspfade bzw. Wirkräume. In Mitteleuropa erfolgt der kommerzielle Tomatenanbau vorrangig im geschützten Anbau, bei dem wenig Interaktion mit der Umwelt erfolgt (z. B. Substratkultur). Unbeabsichtigter Umweltkontakt kann jedoch z. B. über das Entweichen eingesetzter Hummel- oder Nützlingsvölker bzw. über die Entsorgung der Pflanzen nach dem Anbau (z. B. Kompost, Klärschlamm) erfolgen.

Hingegen ist im Freilandanbau eine Vielzahl von betroffenen Wirkräumen möglich. Hierbei sind entweder kommerzieller Anbau im Freiland zu berücksichtigen, aber vor allem auch der private Gartenbau und Nutzflächen ohne kommerzielle Nutzung, auch im Siedlungsbereich. Somit erweitern sich die möglichen Wirkräume der GE-Tomate, da neben Flächen des Ackerbaus (Agrarökosysteme) auch gartenbauliche Flächen und deren angeschlossenen Ökosysteme betroffen sein können. Allerdings ist eine generelle Erweiterung der Tomaten-Anbaufläche aufgrund des spezifischen GE-Merkmals vorerst nicht zu erwarten.

Ein Monitoring der GABA-veränderten GE-Tomate muss daher vor allem folgenden möglichen Wirkräumen Rechnung tragen:

- Glashäuser, Foliengewächshäuser sowie deren Umfeld (im Falle unbeabsichtigter Ausbringung)
- Kompostflächen (kommerziell/privat), Klärschlammausbringungsflächen, Umschlagplätze, sowie weitere mögliche Verwilderungsflächen von GE-Tomaten
- Transportwege zu Biogas/Kompostier-/sonstigen Entsorgungsanlagen
- Kommerzielle Gartenbauflächen und deren Umfeld
- Private (Klein-)Gärten und Anbauflächen (in Siedlungsräumen, städtischer Bereich)
- Gartenbaubetriebe/Baumschulen/Lagerflächen bei Zwischenhändlern (kommerzieller Vertrieb)

#### 6.2.1.2 Monitoring möglicher Umweltwirkungen

Der pflanzeigene Inhaltsstoff GABA ist an einer Vielzahl von Stoffwechselforgängen (z. B. Signalwegen für Wachstum und Entwicklung, Stress- und Abwehrreaktionen mit biotischen und abiotischen Stressoren) beteiligt. Die genaue regulatorische Rolle von GABA in Pflanzen ist noch nicht vollständig geklärt. Somit können mögliche Umweltwirkungen einer Genom-Editierung des GABA-Gehaltes in Tomatenpflanzen zum jetzigen Zeitpunkt nicht abschließend

bewertet werden. Die relevanten Umweltwirkungen für die GE-Tomate sowie die entsprechenden Monitoringthemen, Bezugsräume, Indikatoren und Zeithorizonte, sowie verfügbare und notwendige Monitoringprogramme sind im Tab. 32 zu entnehmen.

## **6.2.2 Genom-editierte Apfelbäume**

Genom-Editierung bei Apfelbäumen zielt derzeit vor allem auf kommerziell relevante Krankheiten ab, wie Feuerbrand oder Apfelschorf. Das in diesem Bericht gewählte Beispiel des feuerbrandresistenten GE-Apfelbaums ist allerdings in einem sehr frühen proof-of-concept Forschungsstadium. Daher ist derzeit ein sehr geringer Wissensstand bezüglich der Wirksamkeit und Stabilität des Merkmals und der Umweltwirkungen der GE-Apfelbäume gegeben. Generell fehlen in der EU Erfahrungen mit der Risikobewertung und dem Monitoring von Bäumen (z. B. aus Feldversuchen). Allerdings wurde das GE-Merkmal der Feuerbrandresistenz in Apfelbäumen bereits zuvor mittels Cisgenese erzielt, wodurch eingeschränkt Informationen aus der wissenschaftlichen Literatur vorliegen (siehe Greiter et al. 2015).

### **6.2.2.1 Monitoring möglicher Wirkräume**

Mögliche Wirkräume von GE-Apfelbäumen umfassen einerseits die Einsatz- bzw. Anbaugelände, andererseits muss aufgrund der Möglichkeit der Verwilderung sowie Hybridisierung mit wildverwandten Arten in Mitteleuropa ein Monitoring von feuerbrandresistenten GE-Apfelbäumen folgenden Wirkräumen Rechnung tragen (siehe auch 3.2.2):

- Anbaugelände (kommerzielle Apfelplantagen, Streuobstwiesen);
- Private Obstgärten und Streuobstwiesen;
- öffentliche Räume (Naschgärten, Parks etc.);
- Transport- und sonstige Verbreitungswege, Umschlagplätze;
- Natürliche/naturnahe Habitats in und außerhalb von Anbaugeländen.

### **6.2.2.2 Monitoring möglicher Umweltwirkungen**

Greiter et al. (2015) beschreiben die speziellen Merkmale von transgenen Bäumen im Vergleich zu herkömmlichen gentechnisch veränderten Pflanzen. Diese sind generell auch für GE-Bäume von Relevanz. Dazu zählt vor allem die potenzielle Langlebigkeit von Bäumen sowie damit verbundene Aspekte wie verzögerter Blühzeitpunkt, Reproduktion sowie Verbreitungsfähigkeit, langfristige Interaktionen im Ökosystem, aber auch der geringe Domestizierungsgrad und die hohe genetische Diversität (Greiter et al. 2015). Diesen Aspekten sollte auch ein Monitoring von GE-Apfelbäumen Rechnung tragen. Die relevanten Umweltwirkungen für die GE-Apfelbäume und entsprechende Monitoringthemen, Bezugsräume, Indikatoren und Zeithorizonte, sowie verfügbare und notwendige Monitoringprogramme sind Tab. 33 zu entnehmen.

## **6.2.3 Genom-editierte Süßwasserfische (Regenbogenforelle, Karpfen)**

Bei der Genom-Editierung von Süßwasserfischen stehen derzeit kommerziell interessante Merkmale wie die Wachstumssteigerung im Vordergrund. In den USA bzw. Kanada ist bereits ein wachstumsgesteigerter gentechnisch veränderter Lachs zugelassen. In der EU sind Leitlinien für die Risikobewertung für GV-Fische vorhanden. Daher liegen – wenn auch eingeschränkt – Informationen zu möglichen Umweltwirkungen von GE-Fischen vor. Da (GE-)Süßwasserfische als Top-Prädatoren an der Spitze der Nahrungskette in heimischen Gewässern stehen, haben sie ein besonders hohes Potenzial für negative Umwelteffekte. Zudem ist ein

Monitoring ihrer Verbreitung in natürlichen und naturnahen Gewässern sowie etwaige Nahrungsketteneffekte zu berücksichtigen.

#### **6.2.3.1 Monitoring möglicher Wirkräume**

Beim Monitoring möglicher Wirkräume von GE-Süßwasserfischen ist zu beachten, dass neben einer Ausbringung in Aquakulturanlagen auch eine beabsichtigte Ausbringung in natürliche bzw. naturnahe Gewässer (z. B. als Besatzfisch in der Angelfischerei) möglich ist. Auch das unbeabsichtigte Entkommen von Fischen aus Aquakulturanlagen, z. B. in Folge von Extremwetterereignissen oder als Austrag durch Prädatoren ist zu berücksichtigen. Somit muss ein Monitoring nicht nur die jeweiligen Nutzräume, sondern auch potenziell betroffene natürliche und naturnahe Ökosysteme umfassen.

#### **6.2.3.2 Monitoring möglicher Umweltwirkungen**

Aufgrund ihrer Position als Top-Prädatoren in heimischen Gewässern können wachstumsgesteigerte GE-Süßwasserfische nachteilige Effekte auf die natürlichen Lebensgemeinschaften ausüben (z. B. über Nahrungsketten- bzw. Verdrängungseffekte). Dabei sind auch Auswirkungen auf mögliche Schutzziele (z. B. autochthone Fischpopulationen) aufgrund von Hybridisierungseffekten zu berücksichtigen. Umweltwirkungen für die GE-Süßwasserfische sowie entsprechende Monitoringthemen, Bezugsräume, Indikatoren und Zeithorizonte, sowie verfügbare und notwendige Monitoringprogramme sind Tab. 34 im Anhang zu entnehmen.

### **6.2.4 Genom-editierte Mikroalgen**

Mikroalgen werden für eine Vielzahl an kommerziellen Anwendungen mittels Transgenese sowie Mutagenesetechniken beforscht, wenn auch eine kommerzielle Nutzung derzeit noch nicht absehbar ist (siehe 3.2.4). Das gewählte Beispiel beschreibt GE-Mikroalgen mit erhöhter Produktivität von Triglyceriden bei gleichzeitig hoher Biomasseproduktivität bzw. mit verbesserter fotosynthetischer Produktivität. Mikroalgen stellen aufgrund ihrer geringen Größe, ihrer Ausbreitungsfähigkeit auch über die Luft und der Fähigkeit, ungeeignete Bedingungen zu tolerieren (z. B. über Dormanz-Stadien) besondere Anforderungen an ein Monitoring. Erfahrungen mit der Umweltrisikobewertung bei Freisetzung von GV-Mikroalgen liegen derzeit aus Australien und den USA vor.

#### **6.2.4.1 Monitoring möglicher Wirkräume**

Neben der beabsichtigten Ausbringung von Mikroalgen in offenen Teichen, Becken oder Anlagen (z. B. „raceway ponds“), ist vor allem auch ein unbeabsichtigtes Vorkommen in natürlichen und naturnahen Standorten zu berücksichtigen. Bei offener Kultivierung ist eine uneingeschränkte Verbreitung von Mikroalgen in die Umwelt unvermeidbar, wenn auch nicht gewünscht (siehe 3.2.4). Die jeweiligen Wirkräume sind daher vom jeweiligen Produktionstyp und -standort abhängig.

#### **6.2.4.2 Monitoring möglicher Umweltwirkungen**

Die ökologische Bedeutung von Mikroalgen als Basis der Nahrungsnetze in Gewässern rechtfertigt ein rigoroses Monitoring der Verbreitung bei der Kultivierung von GE-Mikroalgen, sowie eine Überwachung möglicher Umweltwirkungen in naturnahen und natürlichen Gewässern. Die hohe Dynamik von Algengesellschaften in natürlichen Gewässern erschweren die Beurteilung nachteiliger Umwelteffekte in-situ. Für die spezifischen Umweltrisiken spielt die Biologie der jeweiligen Art, das GE-Merkmal, sowie der Produktionsform eine wesentliche Rolle. Daher ist eine Erhebung des Ausgangszustandes vor Ausbringung von GE-Mikroalgen in

möglichen Wirkräumen daher unbedingt notwendig. Ein laufendes Monitoring von Schlüsselarten (sogenannte „keynote species“), die die Diversität und Ökosystemfunktionen in natürlichen Gewässern repräsentieren, sowie die Auswirkungen auf spezifische Schutzziele in natürlichen Gewässern (Ökosystemleistungen wie z. B. Reinigungsleistung, Versorgungsleistung) sollten im Monitoring berücksichtigt werden. Zu den spezifischen Monitoringthemen, sowie verfügbaren und notwendigen Monitoringprogrammen von GE-Mikroalgen siehe Tab. 35 im Anhang.

## **6.2.5 Gentechnisch verändertes Citrus Tristeza Virus**

Das Fallbeispiel des GV-Virus soll als Beispiel für die Anwendung von gentechnisch-veränderten bzw. genom-editierten Viren in der Umwelt dienen. Anwendungsbeispiele für GE-Viren in der Umwelt werden zurzeit theoretisch diskutiert, allerdings werden derzeit vorrangig Methoden der klassischen Gentechnik zur Veränderung von Viren angewandt. Für das gewählte Fallbeispiel liegen Informationen zur Bewertung von Umweltauswirkungen aus den USA vor (siehe 3.2.5).

### **6.2.5.1 Monitoring möglicher Wirkräume**

Mögliche Wirkräume des GV-Virus ergeben sich aus der beabsichtigten Ausbringung in:

- Kultivierung absichtlich inokulierter Orangenbäume;
- Kultivierung von Orangenbäumen mit unabsichtlich inokuliertem Pfropfmaterial;
- Unbeabsichtigte bzw. ungenehmigte Verbringung von infizierten Ablegern als Pfropfmaterial.

Zudem sind eine mögliche unbeabsichtigte Ausbringung und Verbreitung, z. B. über Vektoren, Früchte oder Samen zu berücksichtigen. Unsicherheiten bestehen hier aus den vorliegenden Informationen, z. B. hinsichtlich der Übertragbarkeit des CTV-SoD durch relevante Vektoren in Europa, sowie aufgrund fehlender experimenteller Daten zur Übertragbarkeit in Samen und Früchten. Sofern eine Möglichkeit zur weiteren Verbreitung von CTV-SoD durch in Europa vorkommende Vektoren oder Auswirkungen durch behandeltes Pflanzenmaterial besteht, ist auch zu berücksichtigen:

- Ernte und Verarbeitung;
- Abfallentsorgung;
- Verwendung der produzierten Früchte.

### **6.2.5.2 Monitoring möglicher Umweltwirkungen**

Ein Monitoring möglicher Umweltwirkungen des GV-Virus muss, neben den beabsichtigten, vor allem die möglichen unbeabsichtigten Verbreitungswege in die Umwelt berücksichtigen. Hierzu sind derzeit noch wenig Informationen für Europa verfügbar. Da Insektenvektoren hier eine große Rolle spielen, ist auf diese ein besonderes Augenmerk zu legen. Ein Monitoring der Verbreitung des GV-Virus sollte daher im Vordergrund stehen. Auch mögliche Resistenzdurchbrüche des Pathogens sind zu berücksichtigen. Zu den konkreten Monitoringthemen sowie verfügbaren und notwendigen Monitoringprogrammen siehe Tab. 36.

### 6.3 Empfehlungen für das Monitoring von GE-Organismen

Empfehlungen für notwendige Anpassungen für das Monitoring der unterschiedlichen Beispiele von GE-Organismen sind in den untenstehenden Tabellen (Tab. 19, Tab. 20, Tab. 21) zusammengefasst.

Tab. 19: Empfehlungen für das Monitoring von GE-Tomaten.

Monitoring-Thema	Notwendige Anpassungen
GABA-Gehalt, Stoffwechselprodukte (sek. Inhaltsstoffe)	Analytik der Nachweismethode und entsprechendes Monitoring etablieren, Biosafety Research, Risikobewertungsdaten
Anbau	Agrarstatistik anpassen (Statistiken des Bundes und der Länder; Pflanzenschutzdienste); Standortregister
Vorkommen verwilderte GE-Tomaten	Gezielte Nachsuche nach GE-Tomaten; Berücksichtigung der Feldfrucht „Tomate“ in den Kartierschlüsseln von ÖSM und HNV-Farmland
Auskreuzung in andere Kultursorten	Analytik etablieren, genetisches „Screening“ von kompatiblen Kultursorten. Aber: kein Naturschutz-Thema
Bestäuber	Spezielle Erfassung von <i>Bombus terrestris</i> ; Anpassung der Monitoringprogramme „Wildbienen“ und „Schmetterlinge“ auf Flächen außerhalb des Agrarraumes; zusätzliche Erfassung von flugaktiven & blütenbesuchenden Insekten; Einbindung der NNE-Flächen in ein Wildbienen-Monitoring
Nichtzielorganismen (Nützlinge)	Etablierung eines Erfassungsprogrammes von „Nützlingen“ im Agrarraum (ggf. im Rahmen eines „Agrarmonitorings“)
Pflanzengesellschaften	Anpassung der Protokolle zur Vegetationsaufnahme an den Siedlungsraum und Verkehrswege
Biodiversität (höhere Trophieebenen)	Anpassung des zu erfassenden Artenspektrums der Avifauna an den betreffenden Agrarraum
Krankheiten, Schädlinge, Pestizidanwendungen	Geplantes „Agrarmonitoring“ auch in Gartenbauflächen etablieren; Einbeziehung der Pflanzenschutzdienste der Länder

Tab. 20: Empfehlungen für das Monitoring von GE-Obstbaumkulturen.

GE-Organismus	Monitoring-Thema	Notwendige Anpassungen
GE-Apfelbäume CTV-SoD-Orangenbäume	Anbau Obstbauplantagen, Intensivierung Obstanbau, Pestizideinsatz	„Agrarstatistik“ anpassen (Statistiken des Bundes und der Länder; Pflanzenschutzdienste); Standortregister
	Biodiversität (Obstbau)	Allgemeines Monitoring der Biodiversität im Obstanbau: Auswahl und Anpassung des zu erfassenden Artenspektrums an den betreffenden Bezugsraum mit besonderer Berücksichtigung der Avifauna

GE-Organismus	Monitoring-Thema	Notwendige Anpassungen
	Resistenzentwicklung (Zielorganismen)	Monitoring von <i>Erwinia amylovora</i> (Feuerbrand); Monitoring von Vektoren & Erreger der Grünfleckenkrankheit; Analytik der Nachweismethode entwickeln; Monitoring Antibiotikaeinsatz; „Agrarmonitoring“ überprüfen und ggf. einbinden und anpassen unter Einbeziehung der Pflanzenschutzdienste der Länder
GE-Apfelbäume	Vorkommen verwilderte GE Apfelbäume	Analytik der Nachweismethode und entsprechendes Monitoring etablieren; Anpassung der Kartierschlüssel von ÖSM, HNV-Farmland, FFH und NNE
	Auskreuzung des GE-Merkmals in wildverwandte Gehölzarten	Analytik der Nachweismethode und entsprechendes Monitoring etablieren; Berücksichtigung von Wildapfelbäumen ( <i>Malus sylvestris</i> ) und potenziellen Kreuzungspartnern; Einbeziehung von Siedlungsbereichen sowie von Umschlagsplätzen und Verkehrswegen
	Bestäuber	Spezielle Erfassung von Honigbiene ( <i>Apis mellifera</i> ), Erdhummel ( <i>Bombus terrestris</i> ); Abdeckung von Obstbauflächen; Anpassung der Monitoringprogramme „Wildbienen“ und „Schmetterlinge“ auf Flächen außerhalb des Agrarraumes; zusätzliche Erfassung von flugaktiven & blütenbesuchenden Insekten; Einbindung der NNE-Flächen in ein Wildbienen-Monitoring
	Pflanzengesellschaften	Anpassung der Protokolle zur Vegetationsaufnahme an den Siedlungsraum und Verkehrswege
	Nichtzielorganismen (Nützlinge)	Etablierung eines Erfassungsprogrammes von „Nützlingen“ im Agrarraum (ggf. im Rahmen eines „Agrarmonitorings“)

Tab. 21: Empfehlungen für das Monitoring von GE-Süßwasserfischen und GE-Mikroalgen.

GE-Organismus	Monitoring-Thema	Notwendige-Anpassungen
GE-Fische	Vorkommen und Verbreitung von GE-Fischen in natürlichen Gewässern	GE-Nachweismethode unklar, ggfs. Analytik zu etablieren; Anpassung FFH-Monitoring; Überprüfung und Einbeziehung der WRRL; Erfassung von „Flüchtlings“ aus den Zuchtanlagen
	Hybridisierung GE-Wildtyp	GE-Nachweismethode unklar, ggfs. Analytik zu etablieren; Überprüfung und Einbeziehung der WRRL
	Verdrängung heimischer (autochthoner) Fischarten	Fisch-Monitoring; Identifikation relevanter Arten; Überprüfung und Einbeziehung der WRRL
	Parasiten, Krankheiten	Parameter „Parasiten& Krankheiten in das Fischmonitoring mit aufnehmen; evtl. stichprobenartige Kontrollen; Monitoring Medikamenteneinsatz
	Intensivierung Aquakulturproduktion	Anpassung/Auswertung Aquakulturstatistik
GE-Mikroalgen	Verbreitung und Etablierung von GE-Algen	Analytik der Nachweismethode und entsprechendes Monitoring etablieren

Priorität 4: Darstellung der Anforderungen an ein Monitoring von Umweltwirkungen von GE-Organismen

<b>GE-Organismus</b>	<b>Monitoring-Thema</b>	<b>Notwendige-Anpassungen</b>
	Transfer GE Merkmal auf Wildtyp	Analytik der Nachweismethode und entsprechendes Monitoring etablieren
	Algengesellschaften	Einrichten eines Algenmonitoring
GE-Fische & GE-Mikroalgen	Biodiversität (aquatischer Artengemeinschaften)	Einbeziehung und Anpassung von Indikatoren im Insekten-, Wasservogel- und FFH Monitoring (FFH-Arten und FFH-Lebensraumtypen); Monitoring der aquatischen Vegetation im ÖSM inklusive der Algen; Anpassung der VDI 4333-1 „Amphibien“; Überprüfung und Einbeziehung der WRRL
	Aquatische Habitatqualität/Wasserqualität	Einbeziehung der FFH-Gewässertypen (Habitatqualität, Beeinträchtigungen); Erfassung der Unterwasservegetation im ÖSM; Überprüfung und Einbeziehung der WRRL

## 7 Schlussfolgerungen

Das Monitoring genom-editierter Organismen muss sich sowohl an den biologischen Merkmalen des jeweiligen Organismus, seinem zu erwartenden Verhalten in der Umwelt, an den eingebrachten bzw. veränderten Merkmalen und deren Auswirkungen auf die Biologie und Ökologie, sowie den spezifischen Anbau-, Produktions- oder Kultivierungsformen orientieren. Die in diesem Bericht diskutierten genom-editierten Organismen wurden mittels neuer molekularbiologischer Techniken (z. B. CRISPR/Cas) bearbeitet, wobei vor allem sogenannte „knock-outs“ einiger weniger Gene durchgeführt wurden. Die bearbeiteten Merkmale dieser Organismen umfassen vorrangig kommerziell wichtige Charakteristika wie Krankheitsresistenzen, Wachstums- und Produktivitätssteigerungen oder veränderte Produktqualität. Die beispielhaft diskutierten genom-editierten Organismen und deren Merkmale werden auch durch klassische Methoden der Gentechnik (z. B. Transgenese) bearbeitet (z. B. Krankheitsresistenz in Apfelbäumen, Wachstumssteigerung bei Fischen, fotosynthetische Effizienz bei Mikroalgen). Allerdings wurden bisher derartige GE- oder GV-Organismen noch nicht für die kommerzielle Verwendung zugelassen. Im Fall einer Marktzulassung von GE-Organismen muss nach aktueller Gesetzgebung ein Monitoring der Umweltwirkungen dieser Organismen etabliert werden. Für dieses Monitoring stehen bisher nur Erfahrungswerte, Monitoringkonzepte und -methoden für GV-Pflanzen, die in Agrarlebensräumen ausgebracht werden, zur Verfügung. Es besteht also noch Forschungs- und Entwicklungsbedarf für das Monitoring von GE- oder GV-Organismen, die keine typischen GV-Feldfrüchte wie Mais, Raps oder Soja sind bzw. andere veränderte Merkmale aufweisen. Diese Situation kann sich jedoch mit zunehmendem Kenntniserwerb und wissenschaftlichem Fortschritt ändern, auch abhängig von der Frage, ob Organismen, die mit neuen genomischen Techniken hergestellt wurden, einer Regulierung unterliegen. Daher sind möglicherweise erst in Zukunft Anwendungen genom-editierter Organismen zu erwarten, bei welchen weitreichende und komplexe genomische bzw. phänotypische Veränderungen durchgeführt werden (z. B. veränderte Morphologie, Produktion neuartiger Inhaltsstoffe) und die wesentlich höhere Anforderungen an das Monitoring von Umweltwirkungen stellen.

Unabhängig von der verwendeten molekularbiologischen Technik zeigt diese Studie, dass schon die genetische Veränderung anderer Organismengruppen und Merkmale als bisher neue Anforderungen an das Monitoring stellen kann. Diese beziehen sich vorrangig auf mögliche neue Wirkräume dieser Organismen (z. B. Obstplantagen, private Gärten, Wälder) sowie neuer Ausbreitungspfade (z. B. Luft bei Mikroalgen). Zudem müssen andere Indikatoren als für Feldfrüchte ausgewählt werden (z. B. zusätzliche Bestäubergruppen) und die Zeiträume des Monitorings für mehrjährige Organismen (z. B. Obstkulturen, Fische) entsprechend angepasst werden.

Für die bearbeiteten Beispiele von GE-Organismen stellen folgende Aspekte eine besondere Herausforderung für das Monitoring dar:

- Die private Nutzung von GE-Organismen. Sofern GE-Organismen im Privatbereich (z. B. in privaten Gärten) in die Umwelt gelangen, stellen sich rechtliche Fragen hinsichtlich der Zutritts- und Monitoringmöglichkeit von Privatgrundstücken. Hier ist eine Einbindung von Privatpersonen bzw. die Mitwirkung von Eigentümern (z. B. über Citizen Science), sowie eine Aufnahme von Privatflächen in das Monitoring zu beachten.
- Das Monitoring von GE-Pflanzen, bei denen Nachzucht bzw. Nachbau möglich, sowie Saatguttausch üblich ist (z. B. GE-Tomate). Hier stellt sich die Rückverfolgbarkeit des Saatguts

und des Anbaus als Herausforderung dar.

- Das Monitoring des Imports von in der EU nicht-zugelassenen GE-Organismen. Nicht zugelassene, in Drittländern am Markt befindliche GE-Organismen können in der EU illegal auf den Markt gelangen und sich in der Umwelt verbreiten. Ein Screening von GE-Anwendungen, die in Drittländern vermarktet werden, ist daher notwendig. Zudem ist ein Monitoring von Warenflüssen und Vermarktungswegen notwendig, sofern Daten über die Zulassung von GE-Organismen aus Drittländern verfügbar sind, um einen möglichen illegalen Import erfassen zu können. Dazu müssen jedoch auch entsprechende Zielgruppen in das Monitoring eingebunden werden, wie z. B. Vertrieb, Fachhandel, bzw. Pflanzenzüchter.
- Das Vorhandensein einer analytischen Nachweismöglichkeit des jeweiligen GE-Organismus. Neben spezifischen molekularbiologischen Nachweismöglichkeiten ist auch die Anwendbarkeit und Praktikabilität phänotypischer Nachweismethoden zu prüfen.
- Die Abgrenzung von Wirk- und Monitoringräumen. In Gewässern ist aufgrund der Mobilität aquatischer Organismen bzw. Verdünnungseffekten der Nachweis nachteiliger Umwelteffekte eine besondere Herausforderung. Hier ist eine Raumabgrenzung für das Monitoring sowie die Auswahl und Festlegung von entsprechenden Referenzräumen (ohne die Anwesenheit von GE-Organismen) vonnöten. Dies kann jedoch aufgrund der Vernetzung von Halterungsanlagen und natürlichen Gewässerabschnitten problematisch sein kann.
- Die Erstellung bzw. Führung eines Registers (z. B. Anbauregister, Produktionsregister) wird auch für nicht landwirtschaftliche GE-Kulturen (z. B. Kulturen des Obstbaus bzw. Gartenbaus) sowie jegliche Produktionsstätten von GE-Organismen (z. B. Aquakulturanlagen für GE-Fische) für die Nachvollziehbarkeit und das Monitoring möglicher Eintrittswege dieser Organismen in die Umwelt empfohlen

## Literaturverzeichnis

- Abrahamian P., Hammond R. W., Hammond J. (2020). Plant Virus-Derived Vectors: Applications in Agricultural and Medical Biotechnology. *Annual review of virology* 7 (1), doi: 10.1146/annurev-virology-010720-054958
- Ackermann W., Fuchs D., Tschiche J. (2020). Ökosystem-Monitoring auf bundesweit repräsentativen Stichprobenflächen (ÖSM-I). BfN-Skripten 586. 94 S. + Anhang
- Aden C., Schmidt G., Schröfer W. (2007). Ein Webbasiertes Geografisches Informationssystem für das Monitoring gentechnisch veränderter Organismen. In: Breckling B. Dolek M., Lang A., Reuter H., Verhoeven R., (2007): GVO-Monitoring vor der Umsetzung. Veröffentlichung zur Tagung vom 28. und 29. November 2006 im Bundesamt für Naturschutz. *Naturschutz und Biologische Vielfalt* 49: 97-112
- Adiego-Pérez B., Randazzo P., Daran J. M., Verwaal R., Roubos J. A., Daran-Lapujade P., van der Oost J. (2019). Multiplex genome editing of microorganisms using CRISPR-Cas. *FEMS microbiology letters* 366 (8), doi: 10.1093/femsle/fnz086
- Adler W, Oswald K., Fischer R. (1994). *Exkursionsflora von Österreich. Bestimmungsbuch für alle in Österreich wildwachsenden sowie die wichtigsten kultivierten Gefäßpflanzen mit Angaben über ihre Ökologie und Verbreitung.* Verlag Eugen Ulmer Stuttgart und Wien. ISBN 3-8001-3461-6
- Agapito-Tenfen S. Z., Okoli A. S., Bernstein M. J., Wikmark O. G., Myhr A. I. (2018). Revisiting Risk Governance of GM Plants: The Need to Consider New and Emerging Gene-Editing Techniques. *Frontiers in Plant Science* 9: 1874, doi: 10.3389/fpls.2018.01874
- Agroscope (2016). Feldversuch mit cisgenen Apfelbäumen bewilligt. <https://www.agroscope.admin.ch/agroscope/de/home/aktuell/medieninformationen/medienmitteilungen.msg-id-61583.html>; Zugriff am 10.12.2021
- Agroscope (2018). Cisgene Kartoffeln mit verbesserter Resistenz gegen Kraut- und Knollenfäule. <https://www.agroscope.admin.ch/agroscope/de/home/themen/umwelt-ressourcen/biosicherheit/gv-pflanzen/protectedsite/projekte/cisgene-kartoffeln-kraut-und-knollenfaeule.html>; Zugriff am 10.12.2021
- AHTEG (2020). Study on risk assessment: Application of Annex I of decision CP 9/13 to living modified fish. Ad Hoc Technical Expert Group on Risk Assessment and Risk Management. Convention on Biological Diversity. CBD/CP/RA/AHTEG/2020/1/3
- Ajjawi I., Verruto J., Aqai M., et al. (2017). Lipid production in *Nannochloropsis gaditana* is doubled by decreasing expression of a single transcriptional regulator. *Nature Biotechnology* 35, 647-652, doi: 10.1038/nbt.38651
- Altemimi A., Lakhssassi N., Abu-Ghazaleh A., Lightfoot D. A. (2017). Evaluation of the antimicrobial activities of ultrasonicated spinach leaf extracts using RAPD markers and electron microscopy. *Archives of Microbiology* 199 (10): 1417-29
- Alvarez S., Rohrig E., Solís D., Thomas M. H. (2016). Citrus Greening Disease (Huanglongbing) in Florida: Economic Impact, Management and the Potential for Biological Control. *Agricultural Research* 5 (2), doi: 10.1007/s40003-016-0204-z
- Andersson M., Turesson H., Nicolía A. et al. (2017). Efficient targeted multiallelic mutagenesis in tetraploid potato (*Solanum tuberosum*) by transient CRISPR-Cas9 expression in protoplasts. *Plant Cell Reports* 36: 117-128, doi: 10.1007/s00299-016-2062-3
- Anguelov R., Dumont Y., Lubuma J. (2012). Mathematical modeling of sterile insect technology for control of anopheles mosquito. *Computers and Mathematics with Applications* 64: 374–389, doi: 10.1016/j.camwa.2012.02.068

- APHIS (2021). Petitions for Determination of Nonregulated Status. Animal and Plant Health Inspection Service; U.S. Department of Agriculture <https://www.aphis.usda.gov/aphis/ourfocus/biotechnology/permits-notifications-petitions/petitions/petition-status>; Zugriff am 09.03.2021
- AquaBounty (2010). Environmental Assessment for AquaAdvantage® Salmon. Submitted to the Center for Veterinary Medicine US Food and Drug Administration. [https://cban.ca/wp-content/uploads/AAS\\_EA-redacted.pdf](https://cban.ca/wp-content/uploads/AAS_EA-redacted.pdf); Zugriff am 01.03.2021
- AquaBounty (2021). Our farms. <https://aquabounty.com/>; Zugriff am 10.02.2021
- Arazoe T. (2020). Development of genome-editing technologies for plant pathogenic fungi. *Journal of General Plant Pathology* 86 (6), doi: 10.1007/s10327-020-00956-w
- Arpaia S., De Cristofaro A., Guerrieri E., et al. (2011). Foraging activity of bumblebees (*Bombus terrestris* L.) on *Bt*-expressing eggplants. *Arthropod-Plant Interactions* 5: 255-261, doi: 10.1007/s11829-011-9144-5.
- Arpaia S., Battafarano R., Chen L.-Y., et al. (2012). Assessment of transgene flow in tomato and potential effects of genetically modified tomato expressing Cry3Bb1 toxins on bumblebee feeding behavior. *Annals of Applied Biology* 161: 151-160, doi:10.1111/j.1744-7348-2012.00559.x
- Baek K., Kim D. H., Jeong J., et al. (2016). DNA-free two-gene knockout in *Chlamydomonas reinhardtii* via CRISPR-Cas9 ribonucleoproteins. *Scientific Reports* 6: 30620, doi: 10.1038/srep30620
- Bao A., Chen H., Chen L. et al. (2019). CRISPR/Cas9-mediated targeted mutagenesis of GmSPL9 genes alters plant architecture in soybean. *BMC Plant Biology* 19:131, doi: 10.1186/s12870-019-1746-6
- Baranski R., Klimek-Chodacka M., Lukasiewicz A. (2019). Approved genetically modified (GM) horticultural plants: A 25-year perspective. *Folia Horticulturae* 31 (1): 3-49, doi: 10.2478/fhort-2019-0001
- Barclay H. J. (2021). Mathematical Models for using sterile insects. Chapter 2.5. In: Dyck V. A., Hendrichs J., Robinson A. S. (Eds): *Sterile Insect Technique. Principles and Practice in Area-Wide Integrated Pest Management*. CRC Press. Taylor & Francis Group
- Basu S., Rabara R. C., Negi S., Shukla P. (2018). Engineering PGPMOs through Gene Editing and Systems Biology: A Solution for Phytoremediation? *Trends in Biotechnology* 36 (5), doi: 10.1016/j.tibtech.2018.01.011
- Baudrot V., Lang A., Stefanescu C., et al. (2020). Extension of the spatially and temporally explicit “briskaR-NTL” model to assess potential adverse effects of *Bt*-maize pollen on non-target Lepidoptera at landscape level. *EFSA Supporting Publications* 18, doi: 10.2903/sp.efsa.2021.EN-6443
- BCH [Biosafety Clearing House] (2007). Modified organism. Non-flowering apple tree, modified for resistance to fungi. Biosafety Clearing House. <http://bch.cbd.int/database/record.shtml?documentid=40317>; Zugriff am 10.03.2021
- BCH [Biosafety Clearing House] (2012a). Modified organism. Cisgenic apple trees with scab resistance. Biosafety Clearing house. <http://bch.cbd.int/database/record.shtml?documentid=103938>; Zugriff am 10.03.2021
- BCH [Biosafety Clearing House] (2012b). Field trial with scab resistant cisgenic apples. Risk Assessment. Biosafety Clearing house. <http://bch.cbd.int/database/record.shtml?documentid=103937>; Zugriff am 10.03.2021
- BCH [Biosafety Clearing House] (2016). Modified Organism. Cisgenic apples modified for elevated anthocyanin levels. Biosafety Clearing House. <http://bch.cbd.int/database/record.shtml?documentid=110609>; Zugriff am 10.03.2021
- Beacham T. A., Sweet J. B., Allen M. J. (2017). Large-scale cultivation of genetically modified microalgae: A new era for environmental risk assessment. *Algal Research* 25: 90-100, doi: 10.1016/j.algal.2017.04.028

- Benzler A. (2009). The implementation of the HNV farmland indicator in Germany. *Rural Evaluation News* 2: 4-5
- Benzler A., Fuchs D., Hünig C. (2015). Methodik und erste Ergebnisse des Monitorings der Landwirtschaftsflächen mit hohem Naturwert in Deutschland. *Natur und Landschaft* 90: 309-316
- Berhorn F., Dröschmeister R., Graef F., Züghart W. (2006). Anforderungen an die Flächenauswahl im Bereich GMO-Monitoring und Einbezug von Konzepten und Daten bestehender Umweltbeobachtungsprogramme. In: Graef F., Züghart W., Fritsche B. (Hrsg.): *Monitoring-Workshop: Raum- und Flächenauswahl für das GVO-Monitoring*. Internationale Naturschutzakademie Insel Vilm, 28. November bis 1. Dezember 2005. BfN-Skripten 189: 3-14
- Bertheau Y. (2019). New breeding techniques: Detection and identification of the techniques and derived products. In *Encyclopedia of Food Chemistry*; Elsevier Science BV: Amsterdam, The Netherlands; 320-336
- Bewg W. P., Ci D., Tsai C.-J. (2018). Genome Editing in Trees: From Multiple Repair Pathways to Long-Term Stability. *Frontiers in Plant Science* 9: 1732, doi: 10.3389/fpls.2018.0173
- BfN [Bundesamt für Naturschutz] (2017). Hintergrundpapier zu Neuen Techniken. Neue Verfahren in der Gentechnik: Chancen und Risiken aus Sicht des Naturschutzes. Bundesamt für Naturschutz. [https://www.bfn.de/fileadmin/BfN/agrogentechnik/Dokumente/17-07-13\\_Hintergrundpapier\\_Neue\\_Techniken\\_end\\_online\\_barrierefrei\\_01.pdf](https://www.bfn.de/fileadmin/BfN/agrogentechnik/Dokumente/17-07-13_Hintergrundpapier_Neue_Techniken_end_online_barrierefrei_01.pdf); Zugriff am 01.03.2021
- BfN [Bundesamt für Naturschutz] (2018). Pressemitteilung „Insektenrückgang: Bundesweites Monitoring soll Antworten liefern.“ [https://www.bfn.de/presse/pressearchiv/2018/detailseite.html?tx\\_ttnews%5Btt\\_news%5D=6457&cHash=3c038135fee46b5fcfaa3931673277ab](https://www.bfn.de/presse/pressearchiv/2018/detailseite.html?tx_ttnews%5Btt_news%5D=6457&cHash=3c038135fee46b5fcfaa3931673277ab); Zugriff am 05.07.2021
- BfN [Bundesamt für Naturschutz] (2019). Einheitlicher Methodenleitfaden „Insektenmonitoring“. 49 S. [https://www.bfn.de/fileadmin/BfN/monitoring/Dokumente/Methodenleitfaden\\_Insektenmonitoring\\_2019.pdf](https://www.bfn.de/fileadmin/BfN/monitoring/Dokumente/Methodenleitfaden_Insektenmonitoring_2019.pdf); Zugriff am 19.05.2021
- BfN [Bundesamt für Naturschutz] (2020). Erfassungsanleitung für den HNV-Farmland-Indikator. Version 11, Stand 2020. 58 S. [https://www.bfn.de/fileadmin/BfN/monitoring/Dokumente/Erfassungsanleitung\\_HNV\\_V11\\_2020\\_barrierefrei.pdf](https://www.bfn.de/fileadmin/BfN/monitoring/Dokumente/Erfassungsanleitung_HNV_V11_2020_barrierefrei.pdf); Zugriff am 09.07.2021
- BfN [Bundesamt für Naturschutz] (2021a). Monitoring von Landwirtschaftsflächen mit hohem Naturwert. <https://www.bfn.de/monitoring-von-landwirtschaftsflaechen-mit-hohem-naturwert>; Zugriff am 18.11.2021
- BfN [Bundesamt für Naturschutz] (2021b). Pressemitteilung „Ökosystem-Monitoring – Die Entwicklung unserer Landschaft beobachten“. <https://www.bfn.de/themen/biologische-vielfalt/nationale-strategie/projekt-des-monats/oekosystem-monitoring.html>; Zugriff am 16.07.2021
- BfN [Bundesamt für Naturschutz] (2021c). Ökosystem-Monitoring. <https://www.bfn.de/oekosystem-monitoring/>; Zugriff am 18.11.2021
- BfN [Bundesamt für Naturschutz] (2021d). Monitoring FFH-Richtlinie. <https://www.bfn.de/monitoring-ffh-richtlinie>; Zugriff am 19.11.2021
- BfN [Bundesamt für Naturschutz] (2021e). Insektenmonitoring. <https://www.bfn.de/insektenmonitoring>; Zugriff am 19.11.2021
- BfN [Bundesamt für Naturschutz] (2021f). Nationales Naturerbe. <https://www.bfn.de/nationales-naturerbe>; Zugriff am 22.11.2021
- BfN [Bundesamt für Naturschutz] (2022a). Vogelmonitoring. <https://www.bfn.de/vogelmonitoring>; Zugriff am 12.01.2022
- BfN [Bundesamt für Naturschutz] (2022b). Rastende Wasservögle. <https://www.bfn.de/rastende-wasservoegel>; Zugriff am 12.01.2022

- BfN [Bundesamt für Naturschutz], BLAK [Bund-Länder-Arbeitskreis] (2017a). Bewertungsschemata für die Bewertung des Erhaltungsgrades von Arten und Lebensraumtypen als Grundlage für ein bundesweites FFH-Monitoring. Teil I: Arten nach Anhang II und IV der FFH-Richtlinie (mit Ausnahme der marinen Säugetiere). BfN-Skripten 480. 374 S.
- BfN [Bundesamt für Naturschutz], BLAK [Bund-Länder-Arbeitskreis] (2017b). Bewertungsschemata für die Bewertung des Erhaltungsgrades von Arten und Lebensraumtypen als Grundlage für ein bundesweites FFH-Monitoring. Teil II: Lebensraumtypen nach Anhang I der FFH-Richtlinie (mit Ausnahme der marinen und Küstenlebensräume). BfN-Skripten 481. 242 S.
- BIO Austria (2020). Produktionsrichtlinien. Stand April 2020. <https://www.bio-austria.at/d/bauern/bio-austria-produktionsrichtlinien/>; Zugriff am 27.1.2021
- BioFlor (2021). Datenbank biologisch-ökologischer Merkmale der Flora von Deutschland. [https://www.ufz.de/bioflor/taxonomie/taxonomie.jsp?ID\\_Taxonomie=1920](https://www.ufz.de/bioflor/taxonomie/taxonomie.jsp?ID_Taxonomie=1920); Zugriff am 17.05.2021
- Bioland (2020). Bioland Richtlinien. Fassung vom 24. November 2020. Bioland e.V. Verband für organisch-biologischen Landbau. <https://www.bioland.de/richtlinien>
- BLAG KliNa [Bund/Länder-Arbeitsgemeinschaft Klima, Energie, Mobilität – Nachhaltigkeit] (Hrsg.) (2014). 5. Erfahrungsbericht 2014 zu umweltbezogenen Nachhaltigkeitsindikatoren. [https://www.blag-klina.de/documents/5EB\\_Anhang\\_Kennblaetter.pdf](https://www.blag-klina.de/documents/5EB_Anhang_Kennblaetter.pdf); Zugriff am 05.07.2021
- Blaustein R. A., Lorca G. L., Teplitski M. (2018). Challenges for Managing *Candidatus Liberibacter* spp. (Huanglongbing Disease Pathogen): Current Control Measures and Future Directions. *Phytopathology* 108 (4), doi: 10.1094/PHYTO-07-17-0260-RVW
- BLfL [Bayrische Landesanstalt für Landwirtschaft] (2021). Tomaten – Krankheiten, Schädlinge und physiologische Störungen. <https://www.lfl.bayern.de/ips/kleingarten/019401/index.php>; Zugriff am 17.05.2021
- Blitzer E. J., Gibbs J., Park M. G., Danforth B. N. (2016). Pollination services for apple are dependent on diverse wild bee communities. *Agriculture, Ecosystems and Environment* 221: 1-7; doi: 10.1016/j.agee.2016.01.004
- BMEL [Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft] (2021). Aquakulturstatistik. Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft. <https://www.bmel-statistik.de/ernaehrung-fischerei/fischerei/aquakultur/>; Zugriff am 26.02.2021
- BMU [Bundesministerium für Umwelt, Naturschutz, Bau und nukleare Sicherheit] (2021). Nationales Naturerbe. <https://www.bmu.de/themen/natur-biologische-vielfalt-arten/naturschutz-biologische-vielfalt/gebietsschutz-und-vernetzung/nationales-naturerbe/>; Zugriff am 17.07.2021
- BMUB [Bundesministerium für Umwelt, Naturschutz, Bau und nukleare Sicherheit], UBA [Umweltbundesamt] (2016). Die Wasserrahmenrichtlinie – Deutschlands Gewässer 2015. Bonn, Dessau. 148 S.
- BMUB [Bundesministerium für Umwelt, Naturschutz, Bau und nukleare Sicherheit] (Hrsg.) (2019). Indikatorenbericht 2019 der Bundesregierung zur Nationalen Strategie zur biologischen Vielfalt. 119 S. [https://www.bmu.de/fileadmin/Daten\\_BMU/Download\\_PDF/Naturschutz/nbs\\_indikatorenbericht\\_2019\\_bf.pdf](https://www.bmu.de/fileadmin/Daten_BMU/Download_PDF/Naturschutz/nbs_indikatorenbericht_2019_bf.pdf); Zugriff am 05.07.2021
- Botanischer Informationsknoten Bayern (2020). Steckbriefe zu den Gefäßpflanzen Bayerns. *Malus sylvestris*. [http://daten.bayernflora.de/de/info\\_pflanzen.php?taxnr=3582](http://daten.bayernflora.de/de/info_pflanzen.php?taxnr=3582); Zugriff am 12.03.2021
- Böll S., Schmidt B.R., Veith M., et al. (2013). Anuran amphibians as indicators of changes in aquatic and terrestrial ecosystems following GM crop cultivation: a monitoring guideline. *BioRisk* 8: 39-51

- Böttiger P., Schmidt K., Wilhelm R., et al. (2007): Fragebögen als Bestandteil des Monitoring im Agrar-Ökosystem. In: Breckling B., Dolek M., Lang A., et al. (2007): GVO-Monitoring vor der Umsetzung. Veröffentlichung zur Tagung vom 28. und 29. November 2006 im Bundesamt für Naturschutz. Naturschutz und Biologische Vielfalt 49: 123-138
- Brämick U. (2020). Jahresbericht zur Deutschen Binnenfischerei und Binnenaquakultur 2019. Erstellt im Auftrag der obersten Fischereibehörden der Bundesländer. <https://www.bmel-statistik.de/fileadmin/daten/DFB-0510100-2019.pdf>
- Brandes D. (2002). Die Hafenflora von Braunschweig. Zoologisch-Botanische Datenbank. Institut für Botanik. [https://www.zobodat.at/pdf/Brandes-Dietmar\\_22\\_2002\\_0001-0023.pdf](https://www.zobodat.at/pdf/Brandes-Dietmar_22_2002_0001-0023.pdf); Zugriff am 29.09.2021
- Brandes D. (2003). Die aktuelle Situation der Neophyten in Braunschweig. Braunschweiger Naturkundliche Schriften 6: 705-760. [https://leopard.tu-braunschweig.de/receive/dbbs\\_mods\\_00001537](https://leopard.tu-braunschweig.de/receive/dbbs_mods_00001537); Zugriff am 29.09.2021
- Brandes D. (2007). Die Neophyten der Elbufer im Raum Magdeburg. Braunschweiger Naturkundliche Schriften 7: 821-842
- Brandes D. (2016). Die spontane Flora der Straßen von Braunschweig – Hohe Artenzahl und unerwartete Florendynamik im lokalen Maßstab. Braunschweiger Naturkundliche Schriften 14: 57-89
- Branthôme F.-X. (2021). Japan: breeders launch genome edited tomato. Tomato News SAS. [http://www.tomatonews.com/en/japan-breeders-launch-genome-edited-tomato\\_2\\_1236.html](http://www.tomatonews.com/en/japan-breeders-launch-genome-edited-tomato_2_1236.html); Zugriff am 08.03.2021
- Braun M., Dieterlen F. (Hrsg.) (2005). Die Säugetiere Baden-Württembergs. Band 2. Insektenfresser (Insectivora), Hasentiere (Lagomorpha), Nagetiere (Rodentia), Raubtiere (Carnivora), Paarhufer (Artiodactyla). Verlag Eugen Ulmer, Stuttgart. 704 S.
- Breckling B. (2006): Ökologische Befunde zur Flächenauswahl für ein Monitoring gentechnisch veränderter Organismen mit einer Fallbeispiel-Darstellung für Raps. In: Graef F., Züghart W., Fritsche B. (Hrsg.), Monitoring-Workshop: Raum- und Flächenauswahl für das GVO-Monitoring. Internationale Naturschutzakademie Insel Vilm, 28. November bis 1. Dezember 2005. BfN-Skripten 189: 111-142.
- Breckling B., Dolek M., Lang A., et al. (Hrsg.) (2007). GVO-Monitoring vor der Umsetzung. Veröffentlichung zur Tagung vom 28. und 29. November 2006 am Bundesamt für Naturschutz, Bonn. Naturschutz und Biologische Vielfalt 49, Bonn-Bad Godesberg. 242 S.
- Breckling B., Reuter H., Middelhoff U., et al. (2011). Risk indications of genetically modified organisms (GMO): Modelling environmental exposure and dispersal across different scales. Oilseed rape in Northern Germany as an integrated case study. Ecological Indicators 11 (4): 936-941
- Brlansky R. (2006). Stem pitting citrus tristeza. Citrus Industry, October 2006. <https://crec.ifas.ufl.edu/media/crecifasufledu/extension/extension-publications/2006/Oct-2006-citrus-tristeza.pdf>; Zugriff am 19.01.2022
- Bühler C. (2006): Biodiversitätsmonitoring Schweiz: Vorteile einer rasterbasierten Stichprobe. In: Graef F., Züghart W., Fritsche B. (Hrsg.), Monitoring-Workshop: Raum- und Flächenauswahl für das GVO-Monitoring. Internationale Naturschutzakademie Insel Vilm, 28. November bis 1. Dezember 2005. BfN-Skripten 189: 143-158.
- Bühler C. (2007): Wunsch und Wirklichkeit - Wie lässt sich ein GVO-Monitoring kosteneffizient realisieren? In: Breckling B., Dolek M., Lang A., Reuter H., Verhoeven R. (Hrsg): GVO-Monitoring vor der Umsetzung. Veröffentlichung zur Tagung vom 28. und 29. November 2006 im Bundesamt für Naturschutz. Naturschutz und Biologische Vielfalt 49: 57-69

- Bull J. J., Smithson M. W., Nuismer S. L. (2018). Transmissible Viral Vaccines. *Trends in Microbiology* 26 (1): 6-15
- Bundesinformationszentrum Landwirtschaft (2020). Äpfel. <https://www.landwirtschaft.de/landwirtschaftliche-produkte/wie-werden-unsere-lebensmittel-erzeugt/pflanzliche-produkte/aepfel/>; Zugriff am 09.03.2021
- Bundesregierung Deutschland (Hrsg.) (2017). Deutsche Nachhaltigkeitsstrategie. Evers-frank Berlin GmbH, 12359 Berlin. 260 S. <https://www.bundesregierung.de/breg-de/suche/deutsche-nachhaltigkeitsstrategie-neuaufgabe-2016-730826>; Zugriff am 05.07.2021
- Bundschuh M., Bundschuh R., Hilbeck A., et al. (2015). Abschätzung von GVO Effekten auf aquatische Ökosysteme. Unveröffentlichter Bericht an das BfN, Bonn. Auftragsnummer Az. Z1.3 – 544 11 – 12/12. 150 S.
- Bundschuh R., Kuhn U., Bundschuh M., et al. (2016). Prioritizing stream types according to their potential risk to receive crop plant material-A GIS-based procedure to assist in the risk assessment of genetically modified crops and systemic insecticide residues. *Science of the Total Environment* 547: 226-233
- Busch M., Trautmann S., Katzenberger J., Dröschmeister R. (2017). Datenverfügbarkeit zur Ursachenanalyse von Bestandsveränderungen bei Indikatorvogelarten. *Vogelwarte* 55: 356-357
- Busch M., Katzenberger J., Trautmann S., et al. (2020). Drivers of population change in common farmland birds in Germany. *Bird Conservation International* 30: 335-354
- Butler S. J., Vickery J. A., Norris K. (2007). Farmland biodiversity and the footprint of agriculture. *Science* 315: 381-384
- Calyxt (2021). Calyxt Harvests High-Fiber Wheat Field Trials; Calyxt Inc.; <https://calyxt.com/calyxt-harvests-high-fiber-wheat-field-trials/>; Zugriff am 30.11.2020
- Cane J. H., Tepedino V. J. (2016). Gauging the effect of Honey Bee pollen collection on native bee communities. *Conservation Letters* 10: 205-210, doi: 10.1111/conl.12263
- Carrasco L., Papes M., Lochner E.N., et al. (2021). Potential regional declines in species richness of tomato pollinators in North America under climate change. *Ecological Applications* 31: e02259. 10.1002/eap.2259
- Carvalho A. d. O., Gomes V. M. (2011). Plant defensins and defensin-like peptides - biological activities and biotechnological applications. *Current Pharmaceutical Design* 17 (38), doi: 10.2174/138161211798999447
- Cejas D., López-López A., Muñoz I., et al. (2019). Unveiling introgression in bumblebee (*Bombus terrestris*) populations through mitogenome-based markers. *Animal Genetics*, doi: 10.1111/age.12874
- Centre for Tropical Livestock Genetics and Health (n. i.). Tackling global challenges through genetic improvements in tropical livestock. <https://www.ctlgh.org/>; Zugriff am 27.11.2020
- Cerier S. (2019). African farmers look to genetic engineering in fight against plant diseases and pests. Genetic Literacy Project. <https://geneticliteracyproject.org/2019/04/29/african-farmers-look-to-genetic-engineering-in-fight-against-plant-diseases-and-pests/>; Zugriff am 13.12.2021
- Chamberlain D. E., Freeman S. N., Vickery J. A. (2007). The effects of GMHT crops on bird abundance in arable fields in the UK. *Agriculture, Ecosystems & Environment* 118: 350-356
- Chapman D. S., White S. M., Hooftman D. A. P., Bullock J. M. (2015). Inventory and review of quantitative models for spread of plant pests for use in pest risk assessment for the EU territory. NERC Centre for Ecology and Hydrology, UK. External Scientific Report. EFSA Supporting Publication: EN-795, doi: 10.2903/sp.efsa.2015.EN-795

- Char S. N., Yang B. (2020). Genome editing in grass plants. *aBIOTECH* (2020) 1: 41-57, doi: 10.1007/s42994-019-00005-x
- Charrier A., Vergne E., Dousset N., et al. (2019). Efficient targeted mutagenesis in apple and first time edition of pear using the CRISPR-Cas9 system. *Frontiers in Plant Science* 10: 40
- Chaudhary J., Alisha A., Bhatt V., et al. (2019). Mutation Breeding in Tomato: Advances, Applicability and Challenges. *Plants* 8 (5): 128, doi: 10.3390/plants8050128
- Checucci A., diCenzo G. C., Ghini V. et al. (2018): Creation and Characterization of a Genomically Hybrid Strain in the Nitrogen-Fixing Symbiotic Bacterium *Sinorhizobium meliloti*. *ACS Synthetic Biology* 7 (10): 2365–237, doi: 10.1021/acssynbio.8b00158
- Chen H. L., Li S. S., Huang R., Tsai H. J. (2008). Conditional production of a functional fish growth hormone in the transgenic line of *Nannochloropsis oculata* (Eustigmatophyceae). *Journal of Phycology* 44 (3): 768-76, doi: 10.1111/j.1529-8817.2008.00508.x
- Cheng Q., Dong L., Su T. et al. (2019). CRISPR/Cas9-mediated targeted mutagenesis of GmLHY genes alters plant height and internode length in soybean. *BMC Plant Biology* 19: 562, doi: 10.1186/s12870-019-2145-8
- Chhalliyil P., Ilves H., Kazakov S. A., et al. (2020). A real-time quantitative PCR method specific for detection and quantification of the first commercialized genome-edited plant. *Foods* 9: 1245
- Cleveland B. M., Yamaguchi G., Radler L. M., Shimizu M. (2018). Editing the duplicated insulin-like growth factor binding protein-2b gene in rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*). *Scientific Reports* 8: 16054
- Cleves P. A., Tinoco A. I., Bradford J., et al. (2020). Reduced thermal tolerance in a coral carrying CRISPR-induced mutations in the gene for a heat-shock transcription factor. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 117 (46): 28899-28905, doi: 10.1073/pnas.1920779117
- COGEM (2019). No rose without thorns. Implications of a product-based regulatory system for GM crops in the European Union. COGEM Policy Report. CGM/191010-01. [www.cogem.nl](http://www.cogem.nl); Zugriff am 08.09.2021
- Cohen J. (2019a). China's CRISPR push in animals promises better meat, novel therapies, and pig organs for people. *Science*. <https://www.science.org/content/article/china-s-crispr-push-animals-promises-better-meat-novel-therapies-and-pig-organs-people>; Zugriff am 13.12.2021
- Cohen J. (2019b). To feed its 1.4 billion, China bets big on genome editing of crops. *Science*. <https://www.sciencemag.org/news/2019/07/feed-its-14-billion-china-bets-big-genome-editing-crops>; Zugriff am 13.12.2021
- Colbach N., Clermont-Dauphin C., Meynard J.-M. (2001a). GeneSys: A model of the influence of cropping systems on gene escape from herbicide tolerant rapeseed crops to rape volunteers. I. Temporal evolution of a population of rapeseed volunteers in a field. *Agriculture, Ecosystems and Environment* 83 (3): 235-253
- Colbach N., Clermont-Dauphin C., Meynard J.-M. (2001b). GeneSys: a model of the influence of cropping system on gene escape from herbicide tolerant rapeseed crops to rape volunteers: II. Genetic exchanges among volunteer and cropped populations in a small region. *Agriculture, Ecosystems and Environment* 83 (3): 255-270
- Colbach N., Dürr C., Gruber S., Pekrun C. (2008). Modelling the seed bank evolution and emergence of oilseed rape volunteers for managing co-existence of GM and non-GM varieties. *European Journal of Agronomy* 28 (1): 19-32

- Cowx I. G., Bolland J. D., Nunn A. D., et al. (2010). Defining environmental risk assessment criteria for genetically modified fishes to be placed on the EU market. Technical Report submitted to EFSA. EFSA Supporting Publications 7 (11): 264, doi: 10.2903/sp.efsa.2010.EN-69
- Creagh B. (2018). Transparency in science: Talking about the potential of gene editing for conservation. ECOS, CSIRO; <https://ecos.csiro.au/gene-editing/>; Zugriff am 13.12.2021
- Crispo M., Mulet A. P., Tesson L. et al. (2015). Efficient Generation of Myostatin Knock-Out Sheep Using CRISPR/Cas9 Technology and Microinjection into Zygotes. Public Library of Science ONE, doi: 10.1371/journal.pone.0136690
- CSS, ENSSER, VDW (2019). Gene Drives – A report on their Science, applications, social aspects, ethics and regulations. Pp 341. <https://ensser.org/publications/2019-publications/gene-drives-a-report-on-their-science-applications-social-aspects-ethics-and-regulations/>; Zugriff am 03. 03. 2021
- CTNBio (n.i.). Comissão Técnica Nacional de Biossegurança Ministerio da Ciencia, Tecnologia, Inovacoes e Comunacacoes. Brazil. <http://ctnbio.mctic.gov.br/liberacao-comercial#/liberacao-comercial/consultar-processo>; Zugriff am 19.01.2022
- Culmsee H. (2018). Naturnähe-Monitoring in Wäldern des DBU-Naturerbes. BfN-Skripten 494: 19-23
- Culmsee H. (2020). Konzept und Umsetzung des Monitorings auf DBU-Naturerbeflächen. BfN-Skripten 587: 89-99
- Cyranoski, D. (2015). Gene-edited 'micropigs' to be sold as pets at Chinese institute. Nature 526: 18; doi: 10.1038/nature.2015.18448
- Da Graça J. V., Douhan G. W., Halbert S. E., et al. (2016). Huanglongbing: An overview of a complex pathosystem ravaging the world's citrus. Journal of Integrative Plant Biology 58 (4): 373-87
- Dafni A., Kevan P., Gross C. L., Goka K. (2010). *Bombus terrestris*, pollinator, invasive and pest: An assessment of problems associated with its widespread introductions for commercial purposes. Applied Entomology and Zoology 45 (1): 101-113
- Daniel A. (2019). We need policy on new breeding technologies. The Standard Group Center. <https://www.standardmedia.co.ke/commentary/article/2001333855/we-need-policy-on-new-breeding-technologies>; Zugriff am 13.12.2021
- Daszczuk A., Dessalegne Y., Drenth I. et al. (2014). *Bacillus subtilis* Biosensor Engineered to Assess Meat Spoilage. ACS Synthetic Biology 3 (12): 999–1002, doi: 10.1021/sb5000252
- DBU [Deutsche Bundesstiftung Umwelt] (2021). DBU Naturerbe. <https://www.dbu.de/naturerbe/>; Zugriff am 22.11.2021
- DDA [Dachverband Deutscher Avifaunisten] (2011). Bundesweite Rotmilanerfassung 2011/2012. Leitfaden für die Geländearbeit. [http://www.dda-web.de/downloads/surveyplaners/rotmilan\\_leitfaden\\_d.pdf](http://www.dda-web.de/downloads/surveyplaners/rotmilan_leitfaden_d.pdf); Zugriff am 07.12.2019
- DDA [Dachverband Deutscher Avifaunisten] (2021a). Das Monitoring der häufigen Brutvögel (MhB). <https://www.dda-web.de/index.php?cat=monitoring&subcat=mhb&subsubcat=programm>; Zugriff am 17.11.2021
- DDA [Dachverband Deutscher Avifaunisten] (2021b). Monitoring seltener Brutvögel. Hintergrund und Ziele des Monitorings seltener Brutvögel (MsB) in Deutschland. <https://www.dda-web.de/index.php?cat=monitoring&subcat=msb&subsubcat=programm>; Zugriff am 17.11.2021
- DDA [Dachverband Deutscher Avifaunisten] (2021c). Die Wasservogelzählung – Ausgangspunkt und Basis des Monitorings rastender Wasservögel in Deutschland. <https://www.dda-web.de/index.php?cat=monitoring&subcat=mrw&subsubcat=vwz>; Zugriff am 17.11.2021

- DDA [Dachverband Deutscher Avifaunisten] (2021d). Das Monitoring „Rastende Gänse und Schwäne“ – eine wichtige Ergänzung abseits von Gewässern. <https://www.dda-web.de/index.php?cat=monitoring&subcat=mrw&subsubcat=gus>; Zugriff am 17.11.2021
- De Azambuja T., Reiter R. (2006). Produktion von Forellen nach Vorgaben von Ökoverbänden. Schriftenreihe der Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft. [https://www.lfl.bayern.de/mam/cms07/publikationen/daten/schriftenreihe/p\\_19792.pdf](https://www.lfl.bayern.de/mam/cms07/publikationen/daten/schriftenreihe/p_19792.pdf); Zugriff am 10.03.2021
- DECHEMA (2016). Mikroalgen-Biotechnologie. Gegenwärtiger Stand, Herausforderungen, Ziele. DECHEMA Gesellschaft für Chemische Technik und Biotechnologie, Fachgruppe „Algenbiotechnologie“, Frankfurt am Main, <https://dechema.de/Gremien+und+Netzwerke/Biotechnologie/Gremien/Algenbiotechnologie.html?highlight=Algenbiotechnologie>; Zugriff am 08.03.2021
- Der Spiegel (2007). Verbotene Leuchtfische in Deutschland aufgetaucht. <https://www.spiegel.de/wissenschaft/mensch/gentechnik-verbotene-leuchtfische-in-deutschland-aufgetaucht-a-472468.html>; Zugriff am 01.11.2021
- DFO Canada (2013). Summary of the Environmental and Indirect Human Health Risk Assessment of AquAdvantage® Salmon. DFO Canada, Science Advisory Secretariat. Science Response 2013/023. <https://waves-vagues.dfo-mpo.gc.ca/Library/361091.pdf>; Zugriff am 12.05.2021
- Diekmann M., Dußling U., Berg R. (2005). Handbuch zum fischbasierten Bewertungssystem für Fließgewässer (FIBS). 1. Auflage
- Dobrovidova O. (2019). Russia joins in global gene-editing bonanza. *Nature News* 14.5.2019, [https://www.nature.com/articles/d41586-019-01519-6?utm\\_source=fbk\\_nnc&utm\\_medium=social&utm\\_campaign=naturenews&sf212647145=1](https://www.nature.com/articles/d41586-019-01519-6?utm_source=fbk_nnc&utm_medium=social&utm_campaign=naturenews&sf212647145=1); Zugriff am 13.12.2021
- Doeringhaus A., Eichen C., Gunnemann H., et al. (2005). Methoden zur Erfassung von Arten der Anhänge IV und V der Fauna-Flora-Habitat-Richtlinie. *Naturschutz und Biologische Vielfalt* 20. 449 S.
- Dolezel M. (2006). Raum- und Flächenauswahl in österreichischen Konzepten zum ökologischen Monitoring von GVO. In: Graef F., Züghart W., Fritsche B. (Hrsg.), *Monitoring-Workshop: Raum- und Flächenauswahl für das GVO-Monitoring*. Internationale Naturschutzakademie Insel Vilm, 28. November bis 1. Dezember 2005. BfN-Skripten 189: 97-109
- Doron L., Segal N., Shapira M. (2016). Transgene Expression in Microalgae – from tools to applications. *Frontiers in Plant Science* 7: 505, doi.10.3389/fpls.2016.00505
- Dos Santos Fernandes de Araujo R., Lusser M., Sanchez Lopez J., Avramides M. (2019). Brief on Algae Biomass Production. The European Commission's Knowledge Centre for Bioeconomy. European Commission. <https://ec.europa.eu/jrc/en/publication/brochures-leaflets/brief-algae-biomass-production>; Zugriff am 11.03.2021
- Dröschmeister R. (2006). Konzept der geschichteten Zufallsstichprobe für bundesweites Biodiversitätsmonitoring. In: Graef F., Züghart W., Fritsche B. (Hrsg.), *Monitoring-Workshop: Raum- und Flächenauswahl für das GVO-Monitoring*. Internationale Naturschutzakademie Insel Vilm, 28. November bis 1. Dezember 2005. BfN-Skripten 189: 159-180
- Duensing N., Sprink T., Parrott W. A., et al. (2018). Novel Features and Considerations for ERA and Regulation of Crops Produced by Genome Editing. *Frontiers in Bioengineering and Biotechnology* 6: 79, doi: 10.3389/fbioe.2018.00079
- Đureje L., Macholán M., Baird S. J. E., Piálek J. (2012). The mouse hybrid zone in Central Europe: from morphology to molecules. *Folia Zoologica* 61 (3–4): 308-318
- EC [European Commission] (2001). Directive 2001/18/EC of the European Parliament and of the Council of 12 March 2001 on the deliberate release into the environment of genetically modified organisms and repealing Council Directive 90/220/EC. *Official Journal of the European Communities* L106: 1-39

- EC [European Commission] (2020). EU Fruit and Vegetables Market Observatory. Tomato subgroup. AGRI.G2 - F&V – 2020 Working Document. [https://ec.europa.eu/info/food-farming-fisheries/farming/facts-and-figures/markets/overviews/market-observatories/fruit-and-vegetables\\_en#tomatoes](https://ec.europa.eu/info/food-farming-fisheries/farming/facts-and-figures/markets/overviews/market-observatories/fruit-and-vegetables_en#tomatoes); Zugriff am 11.03.2021
- EC [European Commission] (2021). Study on the status of new genomic techniques under Union law and in light of the Court of Justice ruling in Case C-528/16. European Commission. [https://ec.europa.eu/food/plants/genetically-modified-organisms/new-techniques-biotechnology/ec-study-new-genomic-techniques\\_de](https://ec.europa.eu/food/plants/genetically-modified-organisms/new-techniques-biotechnology/ec-study-new-genomic-techniques_de); Zugriff am 11.3.2021
- EC [European Commission] (2022). Deliberate release of GMOs into the environment Register of Directive 2001/18/EC [https://webgate.ec.europa.eu/fip/GMO\\_Registers/](https://webgate.ec.europa.eu/fip/GMO_Registers/); Zugriff am 18.07.2022
- ECDC [European Centre for Disease Prevention and Control] (2022). Vector distribution modelling. European Centre for Disease Prevention and Control. <https://www.ecdc.europa.eu/en/all-topics-z/disease-vectors/prevention-and-control/vector-distribution-modelling>; Zugriff am 19.01.2022
- Eckerstorfer M. F., Dolezel M., Heissenberger A., Miklau M., Reichenbecher W., Steinbrecher R. A., Waßmann F. (2019a). An EU Perspective on Biosafety Considerations for Plants Developed by Genome Editing and Other New Genetic Modification Techniques (nGMs). *Frontiers in Bioengineering and Biotechnology* 7: 31, doi: 10.3389/fbioe.2019.00031
- Eckerstorfer M. F., Engelhard M., Heissenberger A., Simon S., Teichmann H. (2019b). Plants Developed by New Genetic Modification Techniques-Comparison of Existing Regulatory Frameworks in the EU and Non-EU Countries. *Frontiers in Bioengineering and Biotechnology* 7: 26, doi: 10.3389/fbioe.2019.00026
- Eckerstorfer M. F., Dolezel M., Greiter A., Miklau M., Heissenberger A., Steinbrecher R. (2020). Risk assessment of plants developed by new genetic modification techniques (nGMs). Biosafety Considerations for Plants developed by Genome Editing and other new Genetic Modification Techniques (nGMs) and Considerations for their Regulation, Final report of the R&D project (FKZ: 3516 89 0400; lot1), BfN-Skripten 592. 205 S.
- Eckerstorfer M. F., Grabowski M., Lener M., Engelhard M., Simon S., Dolezel M., Heissenberger A., Lüthi C. (2021). Biosafety of Genome Editing Applications in Plant Breeding: Considerations for a Focused Case-Specific Risk Assessment in the EU. *BioTech* 10: 10, doi: 10.3390/biotech10030010
- EEA-BfN-FOEN (2013). Steps towards a Comprehensive Post Market Environmental Monitoring of Genetically Modified Organisms. A position paper of the European Network of the Heads of Environment Protection Agencies (EPA) and the European Network of the Heads of Nature Conservation Agencies (ENCA). <https://www.encanetwork.eu/interestgroups/gmo>; Zugriff am 19.01.2022
- EFSA [European Food Safety Authority] (2010). Guidance on the environmental risk assessment of genetically modified plants. *The EFSA Journal* 8 (11): 1879
- EFSA [European Food Safety Authority] (2011a). Guidance on the risk assessment of genetically modified microorganisms and their products intended for food and feed use. *EFSA Journal* 9 (6): 2193
- EFSA [European Food Safety Authority] (2011b). Guidance on the Post-Market Environmental Monitoring (PMEM) of genetically modified plants. *EFSA Journal* 9 (8): 2316
- EFSA [European Food Safety Authority] (2012). Scientific Opinion addressing the safety assessment of plants developed through cisgenesis and intragenesis. *EFSA Journal* 10 (2): 2561
- EFSA [European Food Safety Authority] (2012). Scientific Opinion supplementing the conclusions of the environmental risk assessment and risk management recommendations for the cultivation of the genetically modified insect resistant maize Bt11 and MON 810. *EFSA Journal* 10 (12): 3016
- EFSA [European Food Safety Authority] (2013). Guidance on the environmental risk assessment of genetically modified animals. *EFSA Journal* 11 (5): 3200

- EFSA [European Food Safety Authority] (2016). Guidance to develop specific protection goals options for environmental risk assessment at EFSA, in relation to biodiversity and ecosystem services. *EFSA Journal* 14 (6):4499
- EFSA [European Food Safety Authority] (2017). Scientific Opinion on the pest categorisation of *Citrus tristeza virus* (non-European isolates). *EFSA Journal* 15 (10): 5031
- EFSA [European Food Safety Authority] (2018). Guidance on the characterisation of microorganisms used as feed additives or as production organisms. *EFSA Journal* 16 (3): 5206
- EFSA [European Food Safety Authority] (2021). Gentechnisch veränderte Tiere. <https://www.efsa.europa.eu/de/topics/topic/genetically-modified-animals>; Zugriff am 10.02.2021
- EFSA [European Food Safety Authority] (2022). Open EFSA portal. <https://open.efsa.europa.eu/>; Zugriff am 18.07.2022
- EFSA Scientific Committee (2016). Guidance to develop specific protection goals options for environmental risk assessment at EFSA, in relation to biodiversity and ecosystem services. *EFSA Journal* 14 (6): 4499
- EFSA Scientific Committee (2020). Scientific Opinion on the evaluation of existing guidelines for their adequacy for the microbial characterisation and environmental risk assessment of microorganisms obtained through synthetic biology. *EFSA Journal* 18 (10): 6263.
- EG [Europäische Gemeinschaft] (2001). Richtlinie 2001/18/EG des Europäischen Parlaments und des Rates vom 12. März 2001 über die absichtliche Freisetzung genetisch veränderter Organismen in die Umwelt und zur Aufhebung der Richtlinie 90/220/EWG des Rates. *OJ L* 106, 17.4.2001, 1-39
- EG [Europäische Gemeinschaft] (2009). Richtlinie 2009/41/EG des Europäischen Parlaments und des Rates vom 6. Mai 2009 über die Anwendung genetisch veränderter Mikroorganismen in geschlossenen Systemen. *OJ L* 125, 21.5.2009, 75-97
- EK [Europäische Kommission] (2012a). Merkblatt Karpfen. Fischerei und Aquakultur in Europa. Nr. 56
- EK [Europäische Kommission] (2012b). Merkblatt Forelle. Fischerei und Aquakultur in Europa. Nr. 57
- Ellens K. W., Levac D., Pearson C., et al. (2019). Canadian regulatory aspects of gene editing technologies. *Transgenic Research* 28: 165-168, doi: 10.1007/s11248-019-00153-2
- Ellison E. E., Nagalakshmi U., Gamo M. E., et al. (2020). Multiplexed heritable gene editing using RNA viruses and mobile single guide RNAs. *Nature Plants* 6 (6), doi: 10.1038/s41477-020-0670-y
- EMODnet (2022). Human Activities – making use of our oceans. European Marine Observation and Data Network (EMODnet). <https://www.emodnet-humanactivities.eu>; Zugriff am 19.01.2022
- Enamala M. K., Enamala S., Chavali M., et al. (2018). Production of biofuels from microalgae - A review on cultivation, harvesting, lipid extraction, and numerous applications of microalgae. *Renewable Sustainable Energy Reviews* 94: 49-68
- ENEA [Italian National Agency for New Technologies, Energy and Sustainable Economic Development] (2021). Sustainable Development and Innovation of the Agro-Industrial System. <https://www.enea.it/en/research-development/new-technologies/sustainable-development-and-innovation-of-the-agro-industrial-system>; Zugriff am 10.12.2021
- ENGL [European Network of GMO Laboratories] (2019). Detection of food and feed plant products obtained by new mutagenesis techniques. 26 March 2019 (JRC116289): 1-17. <https://gmo-crl.jrc.ec.europa.eu/doc/JRC116289-GE-report-ENGL.pdf>; Zugriff am 01.12.2022

- ENGL - European Network of GMO Laboratories (2020). Evaluation of the scientific publication: "A Real-Time Quantitative PCR Method Specific for Detection and Quantification of the First Commercialized Genome-Edited Plant" In: *Foods* 9: 1245 <https://gmo-crl.jrc.ec.europa.eu/ENGL/docs/ENGL%20Evaluation%20of%20the%20scientific%20publication%2002-10-2020.pdf>; Zugriff am 30.11.2022
- Entine J., Felipe M. S. S., Groenewald J. H. et al. (2021). Regulatory approaches for genome edited agricultural plants in select countries and jurisdictions around the world. *Transgenic Research*, doi: 10.1007/s11248-021-00257-8
- EPA [Environmental Protection Agency] (2022). Environmental Protection Agency. New Zealand Government. Genetically Modified Organisms – field tests. <https://www.epa.govt.nz/industry-areas/new-organisms/gm-field-tests/>; Zugriff am 18.07.2022
- Eriksson D., Custers R., Edvardsson Bjornberg K. et al. (2020a). Options to Reform the European Union Legislation on GMOs: Scope and Definitions. *Trends in Biotechnology*, doi: 10.1016/j.tibtech.2019.12.002
- Eriksson D., Custers R., Edvardsson Bjornberg K., et al. (2020b). Options to Reform the European Union Legislation on GMOs: Risk Governance. *Trends in Biotechnology*, doi: 10.1016/j.tibtech.2019.12.016
- Eriksson D., Custers R., Edvardsson Bjornberg K., et al. (2020c). Options to Reform the European Union Legislation on GMOs: Postauthorization and Beyond. *Trends in Biotech*, doi: 10.1016/j.tibtech.2019.12.015
- Espley R. V., Bovy A., Bava C., et al. (2013). Analysis of genetically modified red-fleshed apples reveals effects on growth and consumer attributes. *Plant Biotechnology Journal*, doi: 10.1111/pbi.12017
- Evogene (2018). Evogene and TMG Announce Collaboration to Develop Nematode Resistant Soybean through Genome Editing. [https://www.evogene.com/press\\_release/evogene-and-tmg-announce-collaboration-to-develop-nematode-resistant-soybean-through-genome-editing/](https://www.evogene.com/press_release/evogene-and-tmg-announce-collaboration-to-develop-nematode-resistant-soybean-through-genome-editing/); Zugriff am 13.12.2021
- EUBIA (2021). European Biomass Industry Association, [www.eubia.com](http://www.eubia.com); Zugriff am 11.03.2021
- Eurostat (2021). Dauerkulturen zur menschlichen Ernährung nach Fläche. Äpfel. <https://ec.europa.eu/eurostat/databrowser/view/tag00120/default/table?lang=de>; Zugriff am 09.03.2021
- Fan D., Liu T., Li C. et al. (2015). Efficient CRISPR/Cas9-mediated Targeted Mutagenesis in *Populus* in the First Generation. *Scientific Reports* 5: 12217, doi: 10.1038/srep12217
- Farhat S., Jain N., Singh N., et al. (2019). CRISPR-Cas9 directed genome engineering for enhancing salt stress tolerance in rice. *Seminars in Cell & Developmental Biology* 96: 91-9, doi: 10.1016/j.semcdb.2019.05.003
- Faria C. A., Wäckers F. L., Pritchard J., et al. (2007). High susceptibility of *Bt* maize to aphids enhances the performance of parasitoids of lepidopteran pests. *PLoS ONE* 2(7), doi: 10.1371/journal.pone.0000600
- FAO (2019). Glossary of phytosanitary terms. International Standard for Phytosanitary Measures (ISPM 05). International Plant Protection Convention (IPPC). FAO, Rome, Italy. <https://www.ippc.int/en/>; Zugriff am 29.11.2022
- FAO Fisheries & Aquaculture (2012a). *Cyprinus carpio* (Linnaeus, 1758). Cultured Aquatic Species Information Programme. [http://www.fao.org/fishery/en/culturedspecies/cyprinus\\_carpio/en](http://www.fao.org/fishery/en/culturedspecies/cyprinus_carpio/en); Zugriff am 01.03.2021
- FAO Fisheries & Aquaculture (2021b). *Oncorhynchus mykiss* (Walbaum, 1792). Cultured Aquatic Species Information Programme. [http://www.fao.org/fishery/en/culturedspecies/oncorhynchus\\_mykiss/en](http://www.fao.org/fishery/en/culturedspecies/oncorhynchus_mykiss/en); Zugriff am 01.03.2021

- Faure J. D., Napier J. A. (2018). Europe's first and last field trial of gene-edited plants? *Elife* 7: e42379, doi:10.7554/eLife.42379
- Fawley K. P., Fawley M. W. (2007). Observations on the Diversity and Ecology of Freshwater *Nannochloropsis* (Eustigmatophyceae), with Descriptions of New Taxa. *Protist* 158 (3): 325-336; doi: 10.1016/j.protis.2007.03.003
- Färber B., Bartel A., Dolezel M., et al. (2020). Pilotstudie 4 – Umweltdaten der Aquakultur. Umweltbundesamt Report REP-0715, Umweltbundesamt Wien
- FDA [Food and Drug Administration] (2020). AquAdvantage Salmon Factsheet. <https://www.fda.gov/animal-veterinary/animals-intentional-genomic-alterations/aquadvantage-salmon-fact-sheet>; Zugriff am 10.02.2021
- Felinks B., Benkwitz S., Mann S., et al. (2006). Einrichtung eines statistisch auswertbaren Probenflächendesigns für ein naturschutzfachliches Monitoring im Einflussbereich eines aktiven Tagebaus. In: Graef F., Züghart W., Fritsche B. (Hrsg.), Monitoring-Workshop: Raum- und Flächenauswahl für das GVO-Monitoring. Internationale Naturschutzakademie Insel Vilm, 28. November bis 1. Dezember 2005. BfN-Skripten 189: 181-198
- Fernandez-Pozo N., Menda N., Edwards J. D., et al. (2015). The Sol Genomics Network (SGN) from genotype to phenotype to breeding. *Nucleic Acids Research* 43 (database issue): D1036-41
- Feurty A., Cornille A., Shykoff J., et al. (2017). Crop-to-wild gene flow and its fitness consequences for a wild fruit tree: Towards a comprehensive conservation strategy of the wild apple in Europe. *Evolutionary Applications* 10 (2): 180-188, doi: 10.1111/eva.12441
- Fiebig C., Altenbeck P., Brünen-Nieweiler C., et al. (2007): GVO-Monitoring und Einbindung in bestehende Überwachungsprogramme in Nordrhein-Westfalen (NRW). In: Breckling B., Dolek M., Lang A., Reuter H., Verhoeven R. (Hrsg): GVO-Monitoring vor der Umsetzung. Veröffentlichung zur Tagung vom 28. und 29. November 2006 im Bundesamt für Naturschutz. *Naturschutz und Biologische Vielfalt* 49: 151-161
- Finck M., Seitz H., Beissmann H. (2007). Fortschritte in der Standardisierung und Harmonisierung von Methoden für das GVO-Monitoring. *Naturschutz und Biologische Vielfalt* 49: 71-81
- Fischer T. C., Malnoy M., Hofmann T., et al. (2014). F1 hybrid of cultivated apple (*Malus x domestica*) and European pear (*Pyrus communis*) with fertile F2 offspring. *Molecular Breeding* 34: 817-828, doi 10.1007/s11032-014-0077-4
- Flachowsky H., Hanke M.-V. (2006). Welche Risiken sind beim Anbau von gentechnisch veränderten Apfelbäumen zu erwarten? Forschungsreport 1/2006. [http://www.pflanzenforschung.de/biosicherheit/pdf/dokumente/forschungsreport\\_apfel\\_0106.pdf](http://www.pflanzenforschung.de/biosicherheit/pdf/dokumente/forschungsreport_apfel_0106.pdf); Zugriff am 01.03.2021
- Flade M., Grüneberg C., Sudfeldt C., Wahl J. (2008). Birds and Biodiversity in Germany – 2010 Target. DDA, NABU, DRV, DO-G, Münster. 31 S. [https://www.dda-web.de/downloads/texts/publications/birds\\_biodiversity\\_and\\_the\\_2010\\_target\\_in\\_germany\\_ebook.pdf](https://www.dda-web.de/downloads/texts/publications/birds_biodiversity_and_the_2010_target_in_germany_ebook.pdf); Zugriff am 19.01.2022
- FloraWeb (2021). Online-Informationsangebot des Bundesamtes für Naturschutz (BfN) über die wildwachsenden Pflanzenarten, Pflanzengesellschaften und die natürliche Vegetation Deutschlands. <https://www.floraweb.de/pflanzenarten/artenhome.xsql?suchnr=24088&>; Zugriff am 17.05.2021
- Flores M., Saha S., Hosmani P. S., et al. (2017). Community portal for the Citrus greening disease resources. Citrus Greening Solutions. <https://www.citrusgreening.org/>; Zugriff am 29.11.2022
- Folimonova S. Y. (2012). Superinfection exclusion is an active virus-controlled function that requires a specific viral protein. *Journal of Virology* 86 (10), doi: 10.1128/JVI.00310-12

- Føre H. M., Thorvaldsen T. (2021). Causal analysis of escape of Atlantic salmon and rainbow trout from Norwegian fish farms during 2010–2018. *Aquaculture* 532, doi: 10.1016/j.aquaculture.2020.736002
- Fraiture M.-A., Herman P., Taverniers I., et al. (2015). Current and new approaches in GMO detection: challenges and solutions. *BioMed Research International* 392872, doi: 10.1155/2015/392872
- Franzaring J., Wedlich K., Fangmeier A., et al. (2016). Exploratory study on the presence of GM oilseed rape near German oil mills. *Environmental Science and Pollution Research* 23: 23300–2330, doi: 10.1007/s11356-016-7735-5
- Friedrichs S., Takasu Y., Kearns P., et al. (2019). Meeting report of the OECD conference on “Genome Editing: Applications in Agriculture—Implications for Health, Environment and Regulation”. *Transgenic Research* 28: 419-463, doi: 10.1007/s11248-019-00154-1
- Fritsche S., Poovaiah C., MacRae E., Thorlby G. (2018). A New Zealand Perspective on the Application and Regulation of Gene Editing. *Frontiers in Plant Science* 9:1323, doi: 10.3389/fpls.2018.01323
- Funkenberg T., Müller J., Wichmann M., et al. (2020). Monitoring in Sielmanns Naturlandschaften Brandenburg. *BfN-Skripten* 587: 109-116
- Gakpo J. O. (2019). Gene editing could save Ghana’s cocoa from extinction, scientists say. Alliance for Science. <https://geneticliteracyproject.org/2019/06/19/gene-editing-could-save-ghanas-cocoa-from-extinction-scientists-say/>; Zugriff am 13.12.2021
- Gao Y., Wu H., Wang Y. et al. (2017). Single Cas9 nickase induced generation of NRAMP1 knockin cattle with reduced off-target effects. *Genome Biology* 18 (13), doi: 10.1186/s13059-016-1144-4
- Gao R., Feyissa B. A., Croft M., Hannoufa A. (2018). Gene editing by CRISPR/Cas9 in the obligatory outcrossing *Medicago sativa*. *Planta* 247 (4): 1043-1050, doi: 10.1007/s00425-018-2866-1
- Garcia J. L., de Vicente M., Galan B. (2017). Microalgae, old sustainable food and fashion nutraceuticals. *Microbial Biotechnology* 10 (5): 1017-1024, doi:10.1111/1751-7915.12800
- Garming H., Dirksmeyer W., Bork L. (2018). Entwicklungen des Obstbaus in Deutschland von 2005 bis 2017: Obstarten, Anbauregionen, Betriebsstrukturen und Handel. Thünen Working Paper 100. Johann Heinrich von Thünen Institut. [https://literatur.thuenen.de/digbib\\_extern/dn059917.pdf](https://literatur.thuenen.de/digbib_extern/dn059917.pdf); Zugriff am 10.03.2021
- Gatica-Arias A. (2020). The regulatory current status of plant breeding technologies in some Latin American and the Caribbean countries. *Plant Cell, Tissue and Organ Culture* 141, 229-242, doi: 10.1007/s11240-020-01799-1
- González M. N., Massa G. A., Andersson M. et al. (2020). Reduced Enzymatic Browning in Potato Tubers by Specific Editing of a Polyphenol Oxidase Gene via Ribonucleoprotein Complexes Delivery of the CRISPR/Cas9 System. *Frontiers in Plant Science* 10: 1649, doi: 10.3389/fpls.2019.01649
- Gelinsky E. (2019). Welche Pflanzen, die mit Hilfe der neuen gentechnischen Verfahren entwickelt wurden befinden sich bereits im Anbau? Sind in der Entwicklungspipeline? Im Auftrag des Bundesamts für Umwelt (BAFU). Unveröffentlichter Bericht.
- Genetic Literacy Project (2020). Global Gene Editing Regulation Tracker. <https://crispr-gene-editing-regs-tracker.geneticliteracyproject.org/>; Zugriff am 15.07.2020
- Genetic Literacy Project (2021). United States: Animals. Gene edited animals regulated as drugs and subject to extensive safety testing. Science Literacy Project. <https://crispr-gene-editing-regs-tracker.geneticliteracyproject.org/united-states-animals/>; Zugriff am 10.12.2021
- Gerlach B., Dröschmeister R., Langgemach T., et al. (2019). Vögel in Deutschland – Übersichten zur Bestandssituation. DDA, BfN, LAG VSW, Münster, 68 S.

- Gibbons D. W., Bohan D. A., Rothery P., et al. (2006). Weed seed resources for birds in fields with contrasting conventional and genetically modified herbicide-tolerant crops. *Proceedings of the Royal Society B* 273: 1921-1928
- Gillund F. T., Nordgaard L., Bohn T., et al. (2013). Selection of nontarget testing organisms for ERA of GM potato with increased resistance to Late Blight. *Potato Research* 56: 293-324, doi: 10.1007/s11540-013-9245-x
- Glofish (2021). <https://www.glofish.com/glofish.aspx>; Zugriff am 22.02.2021
- Goldberg R. (2013). Wie aussagekräftig ist die deutsche Erfassungsmethode für High-Nature-Value-Grünland (HNV)? Ein Test mit Blütenpflanzen, Heuschrecken und Tagfaltern in Sachsen. *Naturschutz und Landschaftsplanung* 45 (5): 140-147
- Gosterit A., Baskar V. C. (2016). Impacts of commercialization on the developmental characteristics of native *Bombus terrestris* (L.) colonies. *Insects Sociaux* 63: 609-614, doi: 10.1007/s00040-016-0507-x
- Goulson D. (2003). Effects of introduced bees on native ecosystems. *Annual Reviews of Ecology, Evolution and Systematics* 34: 1-26, doi: 10.1146/annurev.ecolsys.34.011802.132355
- Goulson D., Hughes W. O. H. (2015). Mitigating the anthropogenic spread of bee parasites to protect wild pollinators. *Biological Conservation* 191: 10-19, doi: 10.1016/j.biocon.2015.06.023
- Gouveia L., Oliveira A. C. (2009). Microalgae as a raw material for biofuels production. *Journal of Industrial Microbiology and Biotechnology* 36: 269-274, doi: 10.1007/s10295-008-0495-6
- Government of Canada (2022). Plants with Novel Traits Which Are Under Review or Have Been Approved for Confined or Unconfined Release in Canada. <https://inspection.canada.ca/plant-varieties/plants-with-novel-traits/approved-under-review/eng/1300208455751/1300208520765>; Zugriff am 27.06.2022
- Graef F., Züghart W., Hommel B., et al. (2005). Methodological scheme for designing the monitoring of genetically modified crops at the regional scale. *Environmental Monitoring and Assessment* 111 (1-3): 1-26, doi: 10.1007/s10661-005-8044-5
- Graef F., Züghart W., Fritsche B. (Hrsg.) (2006a). Monitoring-Workshop Raum- und Flächenauswahl für das GVO Monitoring. BfN-Skripten 189
- Graef F., Züghart W., Hommel B., et al. (2006b) Methodisches Schema für die räumliche Planung des GVP-Monitorings unter Einbezug regionaler Flächen- und Messnetz-Information am Beispiel Brandenburg. In: Graef F., Züghart W., Fritsche B. (Hrsg.), Monitoring-Workshop: Raum- und Flächenauswahl für das GVO-Monitoring. Internationale Naturschutzakademie Insel Vilm, 28. November bis 1. Dezember 2005. BfN-Skripten 189: 53-68
- Gramazio P., Takayama M., Ezura H. (2020). Challenges and Prospects of New Plant Breeding Techniques for GABA Improvement in Crops: Tomato as an Example. *Frontiers in Plant Science* 11: 577980, doi: 10.3389/fpls.2020.577980
- Gratacap R. L., Wargelius A., Edvardsen R. B., Houston R. D. (2019). Potential of genome editing to improve aquaculture breeding and production. *Trends in Genetics* 35 (9), doi: 10.1016/j.tig.2019.06.006
- Gregoire M. C. (2017). Notice of Intent to Prepare an Environmental Impact Statement for Permit for Release of Genetically Engineered Citrus tristeza virus. Department of Agriculture; Animal and Plant Health Inspection Service [Docket No. APHIS-2017-0018]. [https://www.aphis.usda.gov/brs/fedregister/BRS\\_20170410.pdf](https://www.aphis.usda.gov/brs/fedregister/BRS_20170410.pdf); Zugriff am 16.02.2022
- Greiter A., Heinze B., Eckerstorfer M., et al. (2015). Transgene Bäume. Spezielle Anforderungen an die Umweltrisikoaabschätzung sowie mögliche Auswirkungen auf den österreichischen Wald in seinen Wirkungen und Funktionen. REP-506. Umweltbundesamt, Wien.

- Grohmann L., Keilwagen J., Duensing N., et al. (2019). Detection and Identification of Genome Editing in Plants: Challenges and Opportunities. *Frontiers in Plant Science* 10: 236, doi: 10.3389/fpls.2019.00236
- Grüneberg C., Dröschmeister R., Fuchs D., et al. (2017). Vogelschutzbericht 2013: Methoden, Organisation und Ergebnisse. *Naturschutz und Biologische Vielfalt* 157
- Grüneberg C., Karthäuser C. (2019). Verbreitung und Bestand des Rotmilans *Milvus milvus* in Deutschland – Ergebnisse der bundesweiten Kartierung 2010-2014. *Vogelwelt* 139: 101-116
- Guiry, M. D., Guiry, G. M. (2022). AlgaeBase. Worldwide electronic publication, National University of Ireland, Galway. <https://www.algaebase.org>; Zugriff am 16. 02. 2022
- Habekotté B. (1997). A model of the phenological development of winter oilseed rape (*Brassica napus* (L.)). *Field Crops Research* 54 (2-3): 127-136, doi: 10.1016/S0378-4290(97)00043-9
- Hahn M., Brühl C. A. (2016). The secret pollinators: an overview of moth pollination with a focus on Europe and North America. *Arthropod-Plant Interactions* 10: 21-28, doi: 10.1007/s11829-016-9414-3
- Hamilton M. L., Warwick J., Terry A., et al. (2015). Towards the industrial production of omega-3 long chain polyunsaturated fatty acids from a genetically modified diatom *Phaeodactylum tricornutum*. *PLoS One* 10: e0144054, doi: 10.1371/journal.pone.0144054
- Hänfling B., Bolton P., Harley M., Carvalho G. R. (2005). A molecular approach to detect hybridisation between crucian carp (*Carassius carassius*) and non-indigenous carp species (*Carassius* spp. and *Cyprinus carpio*). *Freshwater Biology* 50: 403-417, doi: 10.1111/j.1365-2427.2004.01330.x
- Hao G., Stover E., Gupta G. (2016). Overexpression of a Modified Plant Thionin Enhances Disease Resistance to Citrus Canker and Huanglongbing (HLB). *Frontiers in Plant Science* 7: 1078, doi: 10.3389/fpls.2016.01078
- Harper S. J., Cowell S. J., Dawson W. O. (2018). Bottlenecks and complementation in the aphid transmission of citrus tristeza virus populations. *Archives of Virology* 163 (12), doi: 10.1007/s00705-018-4009-1
- Hasegawa K. (2020). Invasions of rainbow trout and brown trout in Japan: a comparison of invasiveness and impact on native species. *Ecology Freshwater Fish* 29: 419-428, doi: 10.1111/eff.12534
- HCB [Haut Conseil de Biotechnologies] (2017). Scientific opinion on new plant breeding techniques. [http://www.hautconseildesbiotechnologies.fr/sites/www.hautconseildesbiotechnologies.fr/files/file\\_fields/2018/01/11/publicationtraductionanglaise-171201aviscsnpbtfinale.pdf](http://www.hautconseildesbiotechnologies.fr/sites/www.hautconseildesbiotechnologies.fr/files/file_fields/2018/01/11/publicationtraductionanglaise-171201aviscsnpbtfinale.pdf); Zugriff am 19.01.2022
- Health Canada (1999). ARCHIVED - Suppressed Polygalacturonase Activity Flavr Savr™ Tomato. <https://www.canada.ca/en/health-canada/services/food-nutrition/genetically-modified-foods-other-novel-foods/approved-products/suppressed-polygalacturonase-activity-flavr-savr-tomato.html>; Zugriff am 01.03.2021
- Heidrich-Riske, H. (2004). Bericht zur Durchführung der Ziehung einer räumlichen Stichprobe. In: Hünig, C., Benzler, A. (2017): Das Monitoring der Landwirtschaftsflächen mit hohem Naturwert in Deutschland. BfN-Skripten 476: Anhang 1
- Henley W. J., Litaker R. W., Novoveská L., et al. (2013). Initial risk assessment of genetically modified (GM) microalgae for commodity-scale biofuel cultivation. *Algal Research* 2: 66-77, doi: 10.1016/j.algal.2012.11.001
- Henry M., Rodet G. (2018). Controlling the impact of the managed honeybee on wild bees in protected areas. *Scientific Reports* 8: 9308, doi:10.1038/s41598-018-27591-y

- Hertz A. (2021). Insektenmonitoring. Parasitoide und andere Nützlinge. Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft. Julius-Kühn-Institut für Biologischen Pflanzenschutz. <https://www.agrarmonitoring-monvia.de/trendmonitoring/insektenmonitoring/parasitoide-und-andere-nuetzlinge/>; Zugriff am 10.05.2021
- High Level Group of Scientific Advisors (2017). New techniques in agricultural biotechnology. Scientific Advice Mechanism (SAM). [https://ec.europa.eu/info/publications/new-techniques-agricultural-biotechnology\\_en](https://ec.europa.eu/info/publications/new-techniques-agricultural-biotechnology_en); Zugriff am 18.02.2021
- Higuchi K., Kazeto Y., Ozaki Y. (2019). Targeted mutagenesis of the ryanodine receptor by Platinum TALENs causes slow swimming behaviour in Pacific Bluefin tuna (*Thunnus orientalis*). Scientific Reports 9: 13871, doi: 10.1038/s41598-019-50418-3
- Hilbeck H., Meier M., Benzler A. (2007): Auswahl von Indikatororganismen für ein GVO-Monitoring von herbizid-resistentem Mais. In: Breckling B., Dolek M., Lang A., Reuter H., Verhoeven R. (Hrsg): GVO-Monitoring vor der Umsetzung. Veröffentlichung zur Tagung vom 28. und 29. November 2006 im Bundesamt für Naturschutz. Naturschutz und Biologische Vielfalt 49: 45-56
- Hilbeck A., Meier M., Benzler A. (2008). Identifying indicator species for post release monitoring of genetically modified, herbicide resistant crops. Euphytica 164: 903-912
- Hilbeck A., Weiss G., Oehen B., et al. (2014). Ranking matrices as operational tools for the environmental risk assessment of genetically modified crops on non-target organisms. Ecological Indicators 36: 367-381, doi: 10.1016/j.ecolind.2013.07.016
- Hilbeck A., Bundschuh R., Bundschuh M., et al. (2017). Procedure to select test organisms for environmental risk assessment of genetically modified crops in aquatic systems. Integrated Environmental Assessment Management 13: 974-979, doi: 10.1002/ieam.1965
- Holst-Jensen A., Spilsberg B., Arulandhu A. J., et al. (2016). Application of whole genome shotgun sequencing for detection and characterization of genetically modified organisms and derived products. Analytical and Bioanalytical Chemistry 408 (17): 4595-4614, doi: 10.1007/s00216-016-9549-1
- Hölzer C., Hemmer C. (2019). Hummeln und Mauerbienen im Einsatz der Landwirtschaft. Stiftung für Mensch und Umwelt, Berlin. 42 S. [https://www.deutschland-summt.de/files/media\\_ds/pdfs/2019/Hummeln%20und%20Mauerbienen%20im%20Einsatz%20der%20Landwirtschaft.pdf](https://www.deutschland-summt.de/files/media_ds/pdfs/2019/Hummeln%20und%20Mauerbienen%20im%20Einsatz%20der%20Landwirtschaft.pdf); Zugriff am 28.09.2021
- Hötker H. (2006). Konzept zur Erfassung der Aivifauna in Zählgebieten. In: Graef F., Züghart W., Fritsche B. (Hrsg.), Monitoring-Workshop: Raum- und Flächenauswahl für das GVO-Monitoring. Internationale Naturschutzakademie Insel Vilm, 28. November bis 1. Dezember 2005. BfN-Skripten 189: 217-234
- Hui Z. (2019). Gene edit expands soybean planting in China. Global Times. <https://www.global-times.cn/content/1156698.shtml>; Zugriff am 13.12.2021
- Hull R. (1986). The potential of plant viral nucleic acids in gene transfers. Swiss Biotech 3: 35
- Hünig C., Benzler A. (2017). Das Monitoring der Landwirtschaftsflächen mit hohem Naturwert in Deutschland. BfN-Skripten 476
- Huser B. J., Bajer P. G., Kittelson S., et al. (2021). Changes to water quality and sediment phosphorus forms in a shallow, eutrophic lake after removal of common carp (*Cyprinus carpio*), Inland Waters, doi: 10.1080/20442041.2020.1850096
- Ikeda M., Matsuyama S., Akagi S., et al. (2017). Correction of a Disease Mutation using CRISPR/Cas9-assisted Genome Editing in Japanese Black Cattle. Scientific Reports 7 (1): 17827, doi: 10.1038/s41598-017-17968-w

- ILRI [International Livestock Research Institute] (n.i.). Livestock Genetics, ILRI Kenya & Ethiopia. <https://www.ilri.org/research/programs/livestock-genetics>; Zugriff am 13.12.2021
- Ings T. C., Ward N. L., Chittka L. (2006). Can commercially imported bumblebees outcompete their native conspecifics? *Journal of Applied Ecology* 43: 940-948, doi: 10.1111/j.1365-2664.2006.01199.x
- Ings T. C., Ings N. L., Chittka L., Rasmont P. (2010). A failed invasion? Commercially introduced pollinators in Southern France. *Apidologie* 41: 1-13, doi: 10.1051/apido/2009044
- Innovative Genomics Institute (n.i.). Genome editing of the staple crop cassava to eliminate toxic cyanogen production. <https://innovativegenomics.org/projects/genome-editing-staple-crop-cassava-eliminate-toxic-cyanogen-production/>; Zugriff am 13.12.2021
- ISAAA [International Service for the Acquisition of Agribiotech Applications] (2021). GMO Approval Database. <https://www.isaaa.org/gmapprovaldatabase/crop/default.asp?CropID=28&Crop=Apple>; Zugriff am 10.03.2021
- Jabed A., Wagner S., McCracken J., et al. (2012). Targeted microRNA expression in dairy cattle directs production of  $\beta$ -lactoglobulin-free, high-casein milk. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 109 (42): 16811-16816, doi: 10.1073/pnas.1210057109
- Janssen G. (2019). Der Wildapfel (*Malus sylvestris*) - eine schutzbedürftige Kostbarkeit alter Wälder in Schleswig-Holstein. *Natur- und Landeskunde* 126: 15-28
- Jeon S., Lim J. M., Lee H. G. et al. (2017). Current status and perspectives of genome editing technology for microalgae. *Biotechnology Biofuels* 14 (10): 267, doi: 10.1186/s13068-017-0957-z
- Jiang W., Brueggeman A. J., Horken K. M., et al. (2014). Successful transient expression of Cas9 and single guide RNA genes in *Chlamydomonas reinhardtii*. *Eukaryotic Cell* 13 (11): 1465-9, doi: 10.1128/EC.00213-14
- JKI (2021). Wirkstoffranking Apfel 2019. Julius-Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen. <https://papa.julius-kuehn.de/index.php?menuid=54&reporeid=347>; Zugriff am 11.03.2021
- Johnston P., Santillo D., van der Sterren M., van Bekkem H. (2015). Ecological pest management and alternative control for the most important diseases and pests in apples. Greenpeace Netherlands, NDSM-Plein 32, 1033 WB Amsterdam. <https://www.greenpeace.to/greenpeace/?p=1928>; Zugriff am 19.01.2022
- Johst A., Planek J. (2020). Erste Schritte für ein organisationsübergreifendes Monitoring für Flächen des Nationalen Naturerbes. *BfN-Skripten* 587: 13-20
- Johst A., Reiter K. (2017). Das Nationale Naturerbe. Naturschätze für Deutschland. Bundesministerium für Umwelt, Naturschutz und nukleare Sicherheit (Hrsg.), Berlin. [https://www.naturstiftung-david.de/fileadmin/Medien/Downloads/NNE/Nationales\\_Naturerbe\\_BMUB.pdf](https://www.naturstiftung-david.de/fileadmin/Medien/Downloads/NNE/Nationales_Naturerbe_BMUB.pdf); Zugriff am 11.03.2022
- Jouanin A. (2019). Wheat can be made gluten safe for people with coeliac disease by using gene editing. Wageningen University & Research. <https://www.wur.nl/en/newsarticle/Wheat-can-be-made-gluten-safe-for-people-with-coeliac-disease-by-using-gene-editing.htm>; Zugriff am 29.11.2022
- JRC [Joint Research Centre] (2004). Notification report B/NL/04/02. Deliberate Release and Placing on the EU Market of GMOs – GMO Register. [https://gmoinfo.jrc.ec.europa.eu/gmp\\_report.aspx?CurNot=B/NL/04/02](https://gmoinfo.jrc.ec.europa.eu/gmp_report.aspx?CurNot=B/NL/04/02); Zugriff am 10.03.2021
- JRC [Joint Research Centre] (2010). Notification report B/NL/10/05. Deliberate Release and Placing on the EU Market of GMOs – GMO Register. [https://gmoinfo.jrc.ec.europa.eu/gmp\\_report.aspx?CurNot=B/NL/10/05](https://gmoinfo.jrc.ec.europa.eu/gmp_report.aspx?CurNot=B/NL/10/05); Zugriff am 10.03.2021

- JRC [Joint Research Centre] (2014). Microalgae-based products for the food and feed sector: an outlook for Europe. Joint Research Centre Scientific and Policy Reports, doi: 10.2791/3339
- JRC [Joint Research Centre] (2015). Definition of minimum performance requirements for analytical methods of GMO testing: 1-24. [https://gmo-crl.jrc.ec.europa.eu/doc/MPR%20Report%20Application%2020\\_10\\_2015.pdf](https://gmo-crl.jrc.ec.europa.eu/doc/MPR%20Report%20Application%2020_10_2015.pdf); Zugriff am 10.11.2021
- JRC [Joint Research Centre] (2020). GMO Register - Deliberate Release and Placing on the EU Market of GMOs. JRC GMO database (part B). <https://gmoinfo.jrc.ec.europa.eu>; Zugriff am 25.11.2020
- Kamp J., Frank C., Trautmann S., et al. (2021). Population trends of common breeding birds in Germany 1990–2018. *Journal of Ornithology* 162: 1-15
- Kappe A., Seifert T., Bräuer G. (2006). Occurrence of *Atractolytocestus huronensis* (Cestoda, Caryophyllaeidae) in German pond-farmed common carp *Cyprinus carpio*. *Diseases of Aquatic Organisms* 70: 255-259
- Katzenberger J. (2019). Verbreitungsbestimmende Faktoren und Habitateignung für den Rotmilan *Milvus milvus* in Deutschland. *Vogelwelt* 139: 117-128
- Kaur N., Shivani, Pandey A., Tiwari S. (2016). Provitamin A Enrichment for Tackling Malnutrition. In: Mohandas S., Ravishankar K. V. (eds.) *Banana: Genomics and Transgenic Approaches for Genetic Improvement*, doi: 10.1007/978-981-10-1585-4\_19
- Kawall K., Cotter, J., Then C. (2020). Broadening the GMO risk assessment in the EU for genome editing technologies in agriculture. *Environmental Sciences Europe* 32: 106
- Khan M. I., Shin J. H., Kim J. D. (2018). The promising future of microalgae: current status, challenges, and optimization of a sustainable and renewable industry for biofuels, feed, and other products. *Microbial Cell Factories* 17: 36, doi: 10.1186/s12934-018-0879-x
- Kim S., Kerns S. J., Ziesack M., et al. (2018). Quorum Sensing can be repurposed to promote Information Transfer between Bacteria in the Mammalian Gut. *ACS Synthetic Biology*, doi: 10.1021/acssynbio.8b00271
- Kinnersley A., Turano F. (2000). Gamma Aminobutyric Acid (GABA) and Plant Response to Stress. *Critical Reviews in Plant Sciences* 19 (6): 778-509
- Kishimoto K., Washio Y., Yoshiura Y. et al. (2018). Production of a breed of red sea bream *Pagrus major* with an increase of skeletal muscle mass and reduced body length by genome editing with CRISPR/Cas9. *Aquaculture* 495: 415-427, doi: 10.1016/j.aquaculture.2018.05.055
- Komen J., Tripathi L., Mkoko B. et al. (2020). Biosafety Regulatory Reviews and Leeway to Operate: Case Studies from Sub-Saharan Africa. *Frontiers in Plant Sciences*, doi: 10.3389/fpls.2020.00130
- Koppert (2022). Koppert Kulturpflanzen. <https://www.koppertbio.de/kulturpflanzen/>; Zugriff am 19.01.2022
- Kost T. D., Gessler C., Jänsch M., et al. (2015). Development of the First Cisgenic Apple with Increased Resistance to Fire Blight. *PLoS ONE* 10(12): e0143980
- Krens F. A., Salentijn E. M. J., Schaart J. G., et al. (2012). Current Progress in Trans- and Cisgenic Apple and Strawberry Breeding. *Acta Horticulturae* (941): 37-48, doi:10.17660/ActaHortic.2012.941.2
- Krens F. A., Schaart J. G., van der Burgh A. M., et al. (2015). Cisgenic apple trees; development, characterization, and performance. *Frontiers in Plant Science* 6: 286
- Ku H.-K., Ha S.-H. (2020). Improving Nutritional and Functional Quality by Genome Editing of Crops: Status and Perspectives. *Frontiers in Plant Science* 11: 577313, doi: 10.3389/fpls.2020.577313

- Kuhlmann M. (2006). Auswahl repräsentativer Standorte für ein GVP-Pollenmonitoring auf mesoskali- ger Ebene. In: Graef F., Züghart W., Fritsche B. (Hrsg.), Monitoring-Workshop: Raum- und Flächenauswahl für das GVO-Monitoring. Internationale Naturschutzakademie Insel Vilm, 28. No- vember bis 1. Dezember 2005. BfN-Skripten 189: 199-215
- Kühn E., Musche M., Harpke A., et al. (2020). Tagfalter-Monitoring Deutschland: Jahresauswertung 2019. Oedipus 38: 6-40
- Kühn E., Musche M., Harpke A., Settele J. (2021): Anleitung für das Tagfaltermonitoring auf Flächen des Nationalen Naturerbes (NNE-Tagfaltermonitoring). Tagfalter-Monitoring Deutschland (TMD), Helmholtz-Zentrum für Umweltforschung, Halle (Saale). [https://www.naturschutz- flaechen.de/fileadmin/Medien/Downloads/NNE\\_Infoportal/Monitoring/Handbuch\\_Tagfalter- monitoring\\_WEB.pdf](https://www.naturschutz- flaechen.de/fileadmin/Medien/Downloads/NNE_Infoportal/Monitoring/Handbuch_Tagfalter- monitoring_WEB.pdf); Zugriff am 22.11.2021
- Kunz F., Dröschmeister R., Trautmann S., Wahl J. (2020). Monitoring häufiger Brutvögel: Erfolgreicher Start ins digitale Zeitalter. Der Falke 67, Heft 12: 31-35
- Kunz F., Katzenberger J. (2021). Ergebnisse der Rotmilan Schlafplatzzählung 2021. Dachverband Deutscher Avifaunisten, Münster. 3 S. [https://www.dda-web.de/downloads/publications/rot- milan\\_spz\\_ergebnisse\\_2021.pdf](https://www.dda-web.de/downloads/publications/rot- milan_spz_ergebnisse_2021.pdf); Zugriff am 08.07.2021
- Kurtz C. B., Millet Y. A., Puurunen M. K. et al. (2019). An engineered *E. coli* Nissle improves hyperam- monemia and survival in mice and shows dose-dependent exposure in healthy humans Science Translational Medicine 11, doi: 10.1126/scitranslmed.aau7975
- Laible G., Cole S.-A., Brophy B., et al. (2020). Holstein Friesian dairy cattle edited for diluted coat color as adaption to climate change. BioMed Central Genomics 22: 856, doi: 10.1101/2020.09.15.298950
- Land schafft Leben (2021). Tomate. <https://www.landschaftleben.at/lebensmittel/tomate>; Zugriff am 09.03.2021
- Landwirtschaftskammer Salzburg (2014). Bäuerliche Fischereiwirtschaft. Grundlagen – Planung – Rechtsfragen – Fischküche. Ein Praxisratgeber der Landwirtschaftskammer Salzburg.
- Lang A. (2004). Monitoring the impact of *Bt* maize on butterflies in the field: estimation of required sample sizes. Environmental Biosafety Research 3: 55-66
- Lang A. (2006). Wo, wie viel und wie oft? Aspekte der Erfassung von Insekten und Spinnen für ein GVO- Monitoring. In: Graef F., Züghart W., Fritsche B. (Hrsg.), Monitoring-Workshop: Raum- und Flächenauswahl für das GVO-Monitoring. Internationale Naturschutzakademie Insel Vilm, 28. No- vember bis 1. Dezember 2005. BfN-Skripten 189: 235-250
- Lang A., Seitz H., Berhorn F., et al. (2006). Standardisierte Erhebungsmethoden für Schmetterlinge (Lepidoptera) im Rahmen eines Monitorings für gentechnisch veränderte Organismen (GVO) – Stand und Perspektiven. Gefahrstoffe - Reinhaltung der Luft 66: 315-318
- Lang A., Dolek M., Theißen B. (2008). Praxistest der VDI Richtlinie 4330 Blatt 13 (GVO Monitoring Schmetterlinge). Vergleichende Erhebung der Lepidopterenfauna in Feldrainen unterschiedlicher Agrarräume Deutschlands. Unveröffentlichtes Gutachten im Auftrag des BfN. 39 S.
- Lang A., Dolek M., Theißen B., Zapp A. (2011). Are adult Crambid Snout Moths (Crambinae) and larval stages of Lepidoptera suitable tools for an environmental monitoring of transgenic crops? Implica- tions of a field test. Insects 2: 400-411
- Lang A., Bühler C. (2012). Estimation of required sampling effort for monitoring the possible effects of transgenic crops on butterflies: lessons from long-term routine monitoring schemes in Switzerland. Ecological Indicators 13: 29-36
- Lang A., Theißen B., Dolek M. (2013). Standardised methods for the GMO monitoring of butterflies and moths: the whys and hows. BioRisk 8: 15-38

- Lang A., Bühler C., Roth T, Dolek M. (2014). Nutzungsmöglichkeiten des Tagfalter-Monitorings Deutschland (TMD) für das Monitoring der Umweltwirkungen gentechnisch veränderter Pflanzen. Fachliche Anforderungen an eine GVO-Monitoring von Tagfaltern. BfN-Skripten 383
- Lang A., Bühler C., Dolek M., et al. (2016): Estimating sampling efficiency of diurnal Lepidoptera in farmland. *Journal of Insect Conservation* 20: 35-48
- Lang A., Kallhardt F., Lee M.S., et al. (2019a). Monitoring environmental effects on farmland Lepidoptera: Does necessary sampling effort vary between different bio-geographic regions in Europe? *Ecological Indicators* 102: 791-800
- Lang A., Lee M., Dolek M., et al. (2019b). Laboratory tests with Lepidoptera to assess non-target effects of *Bt* maize pollen: Analysis of current studies and recommendations for a standardised design. *Environmental Sciences Europe* 31(1): 39-49
- Lang A., Wichmann F., Brinckmeier C., et al. (2019c). Der Rotmilan im Biosphärengebiet Schwarzwald. Erfassung der Brutreviere im Jahr 2018. *Naturschutz südlicher Oberrhein* 10: 17-30.
- Lang A., Dolek M., Lee M. S., et al. (2020). Selection of non-target Lepidoptera species to test *Bt* maize effects in the laboratory: which species and how to breed them? *BioRisk* 15: 45-65
- Lantschner M. V., de la Vega G., Corley J. (2018). Predicting the distribution of harmful species and their natural enemies in agriculture, livestock and forestry systems: an overview. *International Journal of Pest Management* 65 (3): 190-206, doi: 10.1080/09670874.2018.1533664
- Ledford H. (2017). Geneticists enlist engineered virus and CRISPR to battle citrus disease. *Nature* 545 (7654): 277-278, doi: 10.1038/545277a
- Ledford H. (2019). Gene-edited animal creators look beyond US market. Added statement from the Food and Drug Administration. <https://www.nature.com/articles/d41586-019-00600-4>; Zugriff am 13.12.2021
- Lee D., Lloyd N. D. R., Pretorius I. S., Borneman A. R. (2016). Heterologous production of raspberry ketone in the wine yeast *Saccharomyces cerevisiae* via pathway engineering and synthetic enzyme fusion. *Microbial Cell Factories* 15: 49, doi: 10.1186/s12934-016-0446-2
- Lee J., Kim D.-H., Lee K. (2020). Current Approaches and Applications in Avian Genome Editing. *International Journal of Molecular Sciences*. 21: 3937, doi: 10.3390/ijms21113937
- Li T., Yang X., Yu Y., et al. (2018). Domestication of wild tomato is accelerated by genome editing. *Nature Biotechnology* 36 (12), doi: 10.1038/nbt.4273
- Liang Z. C., Liang M.-H., Jiang J.-G. (2020). Transgenic microalgae as bioreactors, *Critical Reviews in Food Science and Nutrition*. 60 (19): 3195-3213, doi: 10.1080/10408398.2019.1680525
- Liang Z., Zhang K., Chen K., Gao C. (2014). Targeted Mutagenesis in *Zea mays* Using TALENs and the CRISPR/Cas System. *Journal of Genetics and Genomics* 41 (2) 63-68, doi: 10.1016/j.jgg.2013.12.001
- Lieke T., Meinelt T., Hoseinifar S. H., et al. (2020). Sustainable aquaculture requires environmental-friendly treatment strategies for fish diseases. *Reviews in Aquaculture* 12, 943-965, doi: 10.1111/raq.12365
- LIKI [Länderinitiative Kernindikatoren] (2021). Ansprechpartner der LIKI. <http://www.lanuv.nrw.de/liki/>; Zugriff am 09.07.2021
- Lin H., Lee Y. K. (2017). Genetic engineering of medium-chain-length fatty acid synthesis in *Dunaliella tertiolecta* for improved biodiesel production. *Journal of Applied Phycology* 29: 2811-2819
- Lindberg M., Rivinoja P., Eriksson L. O., Alanara A. (2009). Post-release and pre-spawning behaviour of simulated escaped adult rainbow trout *Oncorhynchus mykiss* in Lake Övre Fryken, Sweden. *Journal Fish Biology* 74: 691-698

- Lindström S. A. M., Herbertsson L., Rundlöf M., et al. (2016). Experimental evidence that honeybees depress wild insect densities in a flowering crop. *Proceedings of the Royal Society B* 283: 20161641, doi: 10.1098/rspb.2016.1641
- Liu G., Qu Y. (2019). Engineering of filamentous fungi for efficient conversion of lignocellulose: Tools, recent advances and prospects. *Biotechnology Advances* 37 (4): 519-529, doi: 10.1016/j.biotechadv.2018.12.004
- Lövei G., Lang A., Ferrante M., Bacle V. (2021). Can the growing of transgenic maize threaten protected Lepidoptera in Europe? *Insect Science* 28: 1159-1168, doi: 10.1111/1744-7917.12849
- Lubian L. M., Montero O., Moreno-Garrido I., et al. (2000). *Nannochloropsis* (Eustigmatophyceae) as source of commercially valuable pigments. *Journal of Applied Phycology* 12 (3/5): 249-255, doi: 10.1023/A:1008170915932
- Ludwig H. (2020). Auf dem Weg zum bundesweiten Insektenmonitoring. *Mitteilungen der Deutschen Gesellschaft für Allgemeine und Angewandte Entomologie* 22: 89-92
- Ludwig H., Grunewald R., Bernd A., Züghart W. (2021). Citizen Science und Insekten. Welchen Beitrag kann bürgerschaftliches Engagement für das Insektenmonitoring leisten? *BfN-Skripten* 578: 63 S.
- Lyzenga W. J., Harrington M., Bekkaoui D., et al. (2019). CRISPR/Cas9 editing of three CRUCIFERIN C homoeologues alters the seed protein profile in *Camelina sativa*. *BMC Plant Biology* 19: 292, doi: 10.1186/s12870-019-1873-0
- MacDonald K. (2019). Gene modified chickens 'lay medicines'. BBC Scotland. <https://www.bbc.com/news/uk-scotland-47022070>; Zugriff am 15.11.2020
- Maceda-Veiga A., López R., Green A. J. (2017). Dramatic impact of alien carp *Cyprinus carpio* on globally threatened diving ducks and other water birds in Mediterranean shallow lakes. *Biological Conservation* 212: 74-85
- Mallinger R. E., Gaines-Day H. R., Gratton C. (2017). Do managed bees have negative effects on wild bees? A systematic review of the literature. *PLoS ONE* 12 (12): e0189268, doi: 10.1371/journal.pone.0189268
- Malnoy M., Viola R., Jung M.-H., et al. (2016). DNA-free genetically edited grapevine and apple protoplast using CRISPR/Cas9 ribonucleoproteins. *Frontiers in Plant Science* 7: 1904
- Masehela T. S., Terrapon H., Winker H., Maphisa D. (2016). An assessment of land use patterns for Genetically Modified crops in South Africa 2016: Technical Report Volume 1: GMO Monitoring & Research. South African National Biodiversity Institute, Newlands, Cape Town. Report Number: SANBI/GMO2016/2016/Vol1/A
- McKie R. (2016). Gene editing could create medicines and self-fertilising crops. But are we facing another GM food-style furore? <https://www.theguardian.com/science/2016/feb/07/gene-editing-fertilising-crops-medicines-but-is-it-safe>; Zugriff am 26.11.2020
- Meeme V. (2019). African scientists urge use of gene editing to improve crops. Alliance for Science, Ithaca NY. <https://allianceforscience.cornell.edu/blog/2019/09/african-scientists-urge-use-gene-editing-improve-crops/>; Zugriff am 13.12.2021
- Meier M. S., Hilbeck A. (2005). Faunistische Indikatoren für das Monitoring der Umweltwirkungen gentechnisch veränderter Organismen (GVO) – Verfahren zur Beurteilung und Auswahl. *Naturschutz und Biologische Vielfalt* 29. Bonn-Bad Godesberg. 137 S.
- Menz J., Modrzejewski D., Hartung F., et al. (2020). Genome Edited Crops Touch the Market: A View on the Global Development and Regulatory Environment. *Frontiers in Plant Science* 11: 586027, doi: 10.3389/fpls.2020.586027

- MEROS [Monitoring European Raptors and Owls] (2015). Monitoring Greifvögel und Eulen Europas. Förderverein für Ökologie und Monitoring von Greifvogel- und Eulenarten e. V. <https://www.greifvogelmonitoring.de>; Zugriff am 26.07.2021
- Mertens S., Gallone B., Steensels J., et al. (2019). Reducing phenolic off-flavors through CRISPR-based gene editing of the FDC1 gene in *Saccharomyces cerevisiae* x *Saccharomyces eubayanus* hybrid lager beer yeasts. PLoS ONE 14 (1): e0209124, doi: 10.1371/journal.pone.0209124
- Metje-Sprink J., Sprink T., Hartung F. (2020). Genome-edited plants in the field. Current Opinion in Biotechnology 61: 1-6, doi: 10.1016/j.copbio.2019.08.007
- Metzing D., Garve E., Matzke-Hajek G. (2018). Rote Liste und Gesamtartenliste der Farn- und Blütenpflanzen (Tracheophyta) Deutschlands. In: Metzing D., Hofbauer N., Ludwig G., et al. (Bearb.): Rote Liste der gefährdeten Tiere, Pflanzen und Pilze Deutschlands. Band 7: Pflanzen. Bonn (Bundesamt für Naturschutz). Naturschutz und Biologische Vielfalt 70 (7): 13-358
- Metzmacher A., Mann T., Finck P. (Hrsg.) (2018). Das Nationale Naturerbe. Flächenmanagement auf Naturerbeflächen. Beiträge der Tagung „Flächenmanagement auf Naturerbeflächen“ des Bundesamts für Naturschutz vom 23.-27. Oktober 2017 an der Internationalen Naturschutzakademie (INA) Insel Vilm. BfN-Skripten 494
- Meyer F., Glaser T., Lieneweg H. et al. (2020). Evaluierung des Nationalen Naturerbes. Inhaltliche und konzeptionelle Grundlagen. BfN-Skripten 569. 145 S. + Anhang
- Miao C., Xiao L., Hua K., et al. (2018). Mutations in a subfamily of abscisic acid receptor genes promote rice growth and productivity. Proceedings of the National Academy of Sciences 115 (23) 6058-6063, doi: 10.1073/pnas.1804774115
- Middelhoff U., Hildebrandt J., Breckling B. (2006). Die Ökologische Flächenstichprobe als Instrument eines GVO-Monitoring. BfN-Skripten 172
- Middelhoff U., Hildebrandt J., Breckling B. (2007). GVO-Monitoring mit Instrumenten des Biodiversitätsmonitorings. Naturschutz und Biologische Vielfalt 49: 173-184
- Middelhoff U., Reuter H., Breckling B. (2011). GeneTraMP, a spatio-temporal model of the dispersal and persistence of transgenes in feral, volunteer and crop plants of oilseed rape and related species. Ecological Indicators 11 (4): 974-988
- Middelschulte A. (2020). Monitoring der NNE-Flächen in den UNESCO-Biosphärenreservaten Flusslandschaft Elbe M-V sowie Schaalsee. BfN-Skripten 587: 101-108
- Miller L., Jameel A. L. (2020). Making real a biotechnology dream: nitrogen-fixing cereal crops. Voigt Lab's work could eventually replace cereal crops' need for nitrogen from chemical fertilizers. Massachusetts Institute of Technology MIT News, January 10, 2020. <https://news.mit.edu/2020/making-real-biotechnology-dream-nitrogen-fixing-cereal-crops-0110>; Zugriff am 30.11.2020
- Mimee M., Tucker A. C., Voigt C. A., Lu T. K. (2016). Programming a Human Commensal Bacterium, *Bacteroides thetaiotaomicron*, to Sense and Respond to Stimuli in the Murine Gut Microbiota. Cell Systems 2 (3): 214, doi: 10.1016/j.cels.2016.03.007
- Miro A., Sabás I., Ventura M. (2018). Large negative effect of non-native trout and minnows on Pyrenean lake amphibians. Biological Conservation 218: 144-153
- Miro A., Ventura M. (2020). Introduced fish in Pyrenean high mountain lakes: impact on amphibians and other organisms, and conservation implications. 19<sup>th</sup> congress of the Iberian-Association of Limnology. Limnetica 39: 283-297
- Mitchell N. (2017). Cane toads to get the Crispr treatment - The Science Show. <https://www.abc.net.au/radionational/programs/scienceshow/cane-toads-to-get-the-crispr-treatment/9161942#transcript>; Zugriff am 13.12.2021

- Mitschke A., Sudfeldt C., Heidrich-Riske H., Dröschmeister R. (2005). The new monitoring of common breeding birds in the wider countryside of Germany – monitoring sites, field method and preliminary results. *Vogelwelt* 126: 127-140
- Modrzejewski D., Hartung F., Sprink T., et al. (2019). What is the available evidence for the range of applications of genome editing as a new tool for plant trait modification and the potential occurrence of associated off-target effects: a systematic map? *Environmental Evidence* 8: 27, doi: 10.1186/s13750-019-0171-5
- Modrzejewski D., Hartung F., Sprink T., et al. (2020). Übersicht über Nutz- und Zierpflanzen, die mittels neuer molekularbiologischer Techniken für die Bereiche Ernährung, Landwirtschaft und Gartenbau erzeugt wurden – marktorientierte Anwendungen (Version 20.03.2020) [https://www.bmel.de/SharedDocs/Downloads/DE/\\_Landwirtschaft/Gruene-Gentechnik/NMT\\_Uebersicht-Zier-Nutzpflanzen.pdf?\\_\\_blob=publicationFile&v=3](https://www.bmel.de/SharedDocs/Downloads/DE/_Landwirtschaft/Gruene-Gentechnik/NMT_Uebersicht-Zier-Nutzpflanzen.pdf?__blob=publicationFile&v=3); Zugriff am 29.11.2022
- Motomura K., Sano K., Watanabe S. et al. (2018) Synthetic Phosphorus Metabolic Pathway for Biosafety and Contamination Management of Cyanobacterial Cultivation. *ACS Synthetic Biology* 7 (9): 2189–2198, doi: 10.1021/acssynbio.8b00199
- Müller C., Ellwanger G., Ssymank A., et al. (2021). Der nationale Bericht 2019 zu Lebensraumtypen und Arten der FFH-Richtlinie - ein Überblick über die Ergebnisse. *Natur und Landschaft* 96: 129-138, doi: 10.17433/3.2021.50153889.129-138
- N.N. (2017). Japan starts growing genome-edited rice plants outdoors in national first. The Mainichi - Japan's National Daily since 1922. <https://mainichi.jp/english/articles/20170603/p2a/00m/0na/002000c>; Zugriff am 13.12.2021
- N.N. (2022). *Solanum pennellii* Genome Project. Forschungszentrum Jülich & IBMG, RWTH Aachen University. [https://www.plabipd.de/project\\_spenn/start.ep](https://www.plabipd.de/project_spenn/start.ep); Zugriff am 19.01.2022
- Nagel M. (2006). Methodik der Schaderregerüberwachung - Befallserhebungen in Mecklenburg-Vorpommern. In: Graef F., Züghart W., Fritsche B. (Hrsg.), *Monitoring-Workshop: Raum- und Flächenauswahl für das GVO-Monitoring*. Internationale Naturschutzakademie Insel Vilm, 28. November bis 1. Dezember 2005. BfN-Skripten 189: 69-76
- Nakayasua M., Akiyama R., Lee H. J. et al. (2018). Generation of  $\alpha$ -solanine-free hairy roots of potato by CRISPR/Cas9 mediated genome editing of the St16DOX gene. *Plant Physiology and Biochemistry* 131: 70-77, doi: 10.1016/j.plaphy.2018.04.026
- National Academies of Sciences (2018). A Review of the Citrus Greening Research and Development Efforts Supported by the Citrus Research and Development Foundation: Fighting a Ravaging Disease. Washington, D.C: National Academies Press, doi: 10.17226/25026
- Naduthodi M. I. S., Barbosa M. J., van der Oost J. (2018). Progress of CRISPR-Cas Based Genome Editing in Photosynthetic Microbes. *Biotechnology Journal* 13 (9), doi: 10.1002/biot.201700591
- Nepomuceno A. L., Fuganti-Pagliarini R., Felipe M. S. et al. (2019). Brazilian biosafety law and the new breeding technologies. *Frontiers of Agricultural Science and Engineering*, doi: 10.15302/J-FASE-2019301
- Nishizawa T., Nakajima N., Tamaoki M., et al. (2016). Fixed-route monitoring and a comparative study of the occurrence of herbicide-resistant oilseed rape (*Brassica napus* L.) along a Japanese roadside. *GM Crops & Food* 7 (1): 20-37, doi: 10.1080/21645698.2016.1138196
- Nonaka S., Arai C., Takayama M. et al. (2017). Efficient increase of  $\gamma$ -aminobutyric acid (GABA) content in tomato fruits by targeted mutagenesis. *Scientific Reports* 7: 7057, doi: 10.1038/s41598-017-06400-y

- Norero D. (2018). Top 15 advances on GM crops and gene editing in Latin America during 2017. Alliance for Science. <https://gmoanswers.com/article-top-15-advances-gm-crops-and-gene-editing-latin-america-during-2017>; Zugriff am 29.11.2022
- Nuismer S. L., Bull J. J. (2020). Self-disseminating vaccines to suppress zoonoses. *Nature Ecology & Evolution* 4 (9), doi: 10.1038/s41559-020-1254-y
- OECD (2008). Consensus Document on compositional considerations for new varieties of Tomato: Key food and feed nutrients, toxicants and allergens. OECD Environment, Health and Safety Publications. Series on the Safety of Novel Foods and Feeds, No. 17. ENV/JM/MONO(2008)26
- OECD (2016). Consensus Document on the biology of tomato. Series on Harmonisation of Regulatory Oversight in Biotechnology, No. 63. ENV/JM/MONO(2016)53
- OECD (2017). Safety Assessment of Transgenic Organisms in the Environment, Volume 7: OECD Consensus Documents, Harmonisation of Regulatory Oversight in Biotechnology, OECD Publishing, Paris, doi: 10.1787/9789264279728-en
- OECD (2019). Consensus document on the biology of apple (*Malus domestica* Borkh.) OECD Environment, Health and Safety Publications. Series on Harmonisation of Regulatory Oversight in Biotechnology No. 66. NV/JM/MONO(2019)30
- OECD (2020). Developments in OECD Delegation on the Safety Assessment of Novel Foods and Feeds, April 2019 – March 2020. Series on the Safety of Novel Foods and feeds No. 32. ENV/JM/MONO(2020)11
- OGTR [Office of the Gene Technology Regulator] (n. i.). Dealings involving an Intentional Release (DIR) of GMOs into the environment are dealings with GMOs, which can take place outside of containment facilities. Australian government. <https://www.ogtr.gov.au/what-weve-approved/dealings-involving-intentional-release>; Zugriff am 13.12.2021
- OGTR [Office of the Gene Technology Regulator] (2018). Ongoing monitoring of the safety of GM crops in Australia. OGTR Factsheet, September 2018. [www.ogtr.gov.au](http://www.ogtr.gov.au); Zugriff am 17.05.2021
- OGTR [Office of the Gene Technology Regulator] (2019). The Biology of *Nannochloropsis oceanica* Suda & Miyashita (a microalga). Australian Government. Office of the Gene Technology Regulator. [www.ogtr.au](http://www.ogtr.au); Zugriff am 05.03.2021
- OGTR [Office of the Gene Technology Regulator] (2020). Limited and controlled release of microalgae genetically modified for increased production of fatty acids. Official Gene Technology Regulator. Licence Application No. DIR 169. <https://www1.health.gov.au/internet/ogtr/publishing.nsf/Content/DIR169>; Zugriff am 05.03.2021
- Oh J.-H., van Pijkeren J.-P. (2014). CRISPR–Cas9-assisted recombineering in *Lactobacillus reuteri*. *Nucleic Acids Research* 42 (17): e131, doi: 10.1093/nar/gku623
- Okanagan Specialty Fruits Inc. (2014). Okanagan Specialty Fruits Inc.'s Petition (10-161-01p) for Determination of Non-regulated Status of Non-browning Arctic™ Apple Events GD743 and GS784. Plant Pest Risk Assessment. [https://www.aphis.usda.gov/brs/aphisdocs/10\\_16101p\\_fpra.pdf](https://www.aphis.usda.gov/brs/aphisdocs/10_16101p_fpra.pdf); Zugriff am 10.03.2021
- Okanagan Specialty Fruits Inc. (2021). Arctic apples. <https://arcticapples.com/our-apples/>; Zugriff am 10.03.2021
- Parrott W. (2018). Outlaws, old laws and no laws: the prospects of gene editing for agriculture in United States. *Physiologia Plantarum* 164: 406–411, doi:10.1111/ppl.12756
- Pascher K., Gollmann G. (1997). Ökologische Risikoabschätzung von Freisetzungen gentechnisch veränderter Organismen für die spezielle Situation in Österreich. Studie im Auftrag des Bundeskanzleramtes, Sektion VI, Wien. Forschungsberichte 4/97, 152 S.

- Pascher K., Moser D., Traxler A., et al. (2007). Untersuchungsdesign zur Erfassung der Biodiversität in österreichischen Ackerbaugebieten. In: Breckling B., Dolek M., Lang A., Reuter H., Verhoeven R. (2007): GVO-Monitoring vor der Umsetzung. Veröffentlichung zur Tagung vom 28. und 29. November 2006 im Bundesamt für Naturschutz. Naturschutz und Biologische Vielfalt 49: 33-43
- Pascher K., Hainz-Renetzeder C., Gollmann G., Schneeweiss G. M. (2017). Spillage of viable Seeds of Oilseed Rape along Transportation Routes: Ecological Risk Assessment and Perspectives on Management Efforts. *Frontiers in Ecology and Evolution* 5: 104, doi: 10.3389/fevo.2017.00104
- Pascher K., Hainz-Renetzeder C., Sachslehner L., et al. (2020). BINATS II – Erfassung der Biodiversität in den österreichischen Ackerbaugebieten anhand der Indikatoren Landschaftsstruktur, Gefäßpflanzen, Heuschrecken, Tagfalter und Wildbienen. 2. Erhebungsdurchgang 2017/18 nach zehn Jahren. Studie im Auftrag des Bundesministeriums für Landwirtschaft, Regionen und Tourismus (BMLRT) sowie des Bundesministeriums für Soziales, Gesundheit, Pflege und Konsumentenschutz (BMSGPK). Wien. Endbericht, 150 S.
- Patel V. K., Soni N., Prasad V., et al. (2019). CRISPR-Cas9 System for Genome Engineering of Photosynthetic Microalgae. *Molecular Biotechnology* 61 (8), doi: 10.1007/s12033-019-00185-3
- Patinvoh R. J., Susu A. A. (2014). Mathematical Modelling of Sterile Insect Technology for Mosquito control. *Advances in Entomology* 2: 180-193, doi: 10.4236/ae.2014.24027
- Pech R. P., Hood G. M., Singleton G. R., et al. (1999). Models for Predicting Plagues of House Mice (*Mus domesticus*) in Australia. In Singleton G. R., Hinds L. A., Leirs H., Zhang Z. (Hrsg.): Ecologically-based Management of Rodent Pests: 81-112. Australian Centre for International Agricultural Research: Canberra. ACIAR Monograph No. 59: 494. [https://www.aciar.gov.au/sites/default/files/legacy/node/323/ecologically\\_based\\_rodent\\_management\\_part\\_1\\_19909.pdf](https://www.aciar.gov.au/sites/default/files/legacy/node/323/ecologically_based_rodent_management_part_1_19909.pdf); Zugriff am 11.03.2022
- Peichl L., Theenhaus A. (2006). Fallspezifische und allgemeine Beobachtung ökologischer Folgen bei Anbau von gentechnisch verändertem Raps. In: Graef F., Züghart W., Fritsche B. (Hrsg.), Monitoring-Workshop: Raum- und Flächenauswahl für das GVO-Monitoring. Internationale Naturschutzakademie Insel Vilm, 28. November bis 1. Dezember 2005. BfN-Skripten 189: 77-96
- Peinelt N., Kathke S., Höning L., et al. (2016). Handbuch Fotomonitoring auf Flächen des Nationalen Naturerbes. (Hrsg. Naturstiftung David 2016). [https://www.naturschutzflaechen.de/fileadmin/Medien/Downloads/NNE\\_Infoportal/Monitoring/Handbuch\\_Fotomonitoring.pdf](https://www.naturschutzflaechen.de/fileadmin/Medien/Downloads/NNE_Infoportal/Monitoring/Handbuch_Fotomonitoring.pdf)
- Pelz-Stelinski K. S., Killiny N. (2016). Better Together: Association With '*Candidatus Liberibacter Asiaticus*' Increases the Reproductive Fitness of Its Insect Vector, *Diaphorina citri* (Hemiptera: Liviidae). *Annals of the Entomological Society of America* 109 (3): 371-76, doi: 10.1093/aesa/saw007
- Peng L., Fu D., Chu H. et al. (2020). Biofuel production from microalgae: a review. *Environmental Chemistry Letters* 18, 285-297, doi: 10.1007/s10311-019-00939-0
- Perleberg C., Kind A., Schnieke A. (2017). Genetically engineered pigs as models for human disease. *Disease Models & Mechanisms* 11(1), doi: 10.1242/dmm.030783
- Perry J. N., Devos Y., Arpaia S., et al. (2010). A mathematical model of exposure of non-target Lepidoptera to *Bt*-maize pollen expressing Cry1Ab within Europe. *Proceedings of the Royal Society B – Biological Sciences* 277: 1417-1425, doi: 10.1098/rspb.2009.2091
- Planek J. (2020). Fotomonitoring auf Naturerbeflächen. BfN-Skripten 587: 73-78
- Poliner E., Pulman J. A., Zienkiewicz K., et al. (2018a). A toolkit for *Nannochloropsis oceanica* CCMP1779 enables gene stacking and genetic engineering of the eicosapentaenoic acid pathway for enhanced long-chain polyunsaturated fatty acid production. *Plant Biotechnology Journal* 16: 298-309

- Poliner E., Takeuchi T., Du Z.-Y., et al. (2018b). Nontransgenic marker-free gene disruption by an episomal CRISPR system in the oleaginous microalga, *Nannochloropsis oceanica* CCMP1779. *ACS Synthetic Biology* 7: 962-968
- Rademacher J. (2006). Flächenauswahl bei der Integrierenden Ökologischen Dauerbeobachtung (IÖDB) und der Ökologischen Umweltbeobachtung (ÖUB) in Brandenburg. In: Graef F., Züghart W., Fritsche B. (Hrsg.), *Monitoring-Workshop: Raum- und Flächenauswahl für das GVO-Monitoring*. Internationale Naturschutzakademie Insel Vilm, 28. November bis 1. Dezember 2005. BfN-Skripten 189: 43-51
- Ramadugu C., Keremane M. L., Halbert S. E., et al. (2016). Long-Term Field Evaluation Reveals Huanglongbing Resistance in Citrus Relatives. *Plant Disease* 100 (9): 1858-69, doi: 10.1094/pdis-03-16-0271-re
- Ramezani B., Haan I., Osterhaus A., Claassen E. (2016). Vector-based genetically modified vaccines: Exploiting Jenner's legacy. *Vaccine* 34 (50), doi: 10.1016/j.vaccine.2016.06.059
- Ramputh A.-I., Bown A. W. (1996). Rapid Gamma-aminobutyric Acid Synthesis and the Inhibition of Growth and Development of Oblique-Banded Leaf-Roller Larvae. *Plant Physiology* 111: 1349-1352, doi: 10.1104/pp.111.4.1349
- Rao S., Fujimura T., Matsunari H., et al. (2015). Efficient modification of the myostatin gene in porcine somatic cells and generation of knockout piglets. *Molecular Reproduction and Development* 83 (1): 61-70, doi: 10.1002/mrd.22591
- Reeves R. G., Voeneky S., Caetano-Anollés D., et al. (2018). Agricultural research or a new bioweapon system? *Science* 362 (6410): 35-37
- Regalado A. (2017). First Gene Drive in Mammals Could Aid Vast New Zealand Eradication Plan. *MIT Technology Review*. <https://www.technologyreview.com/2017/02/10/5666/first-gene-drive-in-mammals-could-aid-vast-new-zealand-eradication-plan/>; Zugriff am 13.12.2021
- Reim S., Proft A., Heinz S., et al. (2015). Pollen movement in a *Malus sylvestris* population and conclusions for conservation measures. *Plant Genetic Resources* 15: 1-9, doi: 10.1017/S1479262115000301
- Reiter K. (2017). Das Nationale Naturerbe - Idee, Umsetzung, Ausblick. *DNT Journal* 2017: 47-59
- Ren S.-L., Li Y.-H., Zhou Y.-T., et al. (2016). Effects of *Candidatus Liberibacter asiaticus* on the fitness of the vector *Diaphorina citri*. *Journal of Applied Microbiology* 121 (6): 1718-26, doi: 10.1111/jam.13302
- Reuter W., Cotter J. (2015). An analysis of pesticides in European apple orchards. Green-peace International Science Unit, Exeter (GB). <https://www.greenpeace.to/greenpeace/?p=1928>; Zugriff am 19.01.2022
- Ribarits A., Eckerstorfer M. F., Simon S., Stepanek W. (2021a). Genome-Edited Plants: Opportunities and Challenges for an Anticipatory Detection and Identification Framework. *Foods* 10 (2): 430
- Ribarits A., Narendja F., Stepanek W., Hohegger R. (2021b). Detection Methods Fit-for-Purpose in Enforcement Control of Genetically Modified Plants Produced with Novel Genomic Techniques (NGTs). *Agronomy* 11: 61, doi: 10.3390/agronomy11010061
- Ribarits A., Stepanek W., Hohegger R., et al. (2022). Analyse von Nachweismethoden für genom-editierte und klassische GV-Pflanzen, Bundesamt für Naturschutz. BfN-Skripten 622, doi: 10.19217/skr622
- Ritala A., Häkkinen S. T., Toivari M., Wiebe M. G. (2017). Single Cell Protein-State-of-the-Art, Industrial Landscape and Patents 2001-2016. *Frontiers in Microbiology* 8: 2009, doi: 10.3389/fmicb.2017.02009

- Römbke J., Jänsch S., Roß-Nickoll M., Toschki A. (2014). Nutzungsmöglichkeiten der Boden-Dauerbeobachtung der Länder für das Monitoring der Umweltwirkungen gentechnisch veränderter Pflanzen. BfN-Skripten 369
- Roßberg D., Harzer U. (2015). Erhebungen zur Anwendung von Pflanzenschutzmitteln im Apfelanbau. Journal für Kulturpflanzen 67: 85-91, doi: 10.5073/JFK.2015.03.01
- Ruf A., Beylich A., Blick T., et al. (2013). Soil organisms as an essential element of a monitoring plan to identify the effects of GMO cultivation. Requirements – Methodology – Standardisation. BioRisk 8: 73-87
- Rural Industries Research & Development Corporation (2016). Gene editing. Australian government Rural Industries Research & Development Corporation. ISBN 978-1-74254-882-1. <https://www.agrifutures.com.au/wp-content/uploads/publications/16-036.pdf>; Zugriff am 13.12.2021
- Sachteleben J., Behrens M. (2010). Konzept zum Monitoring des Erhaltungszustandes von Lebensraumtypen und Arten der FFH-Richtlinie in Deutschland. Ergebnisse des F+E-Vorhabens "Konzeptionelle Umsetzung der EU-Vorgaben zum FFH-Monitoring und Berichtspflichten in Deutschland" BfN-Skripten 278: 180 S.
- Saha S., Hosmani P. S., Villalobos-Ayala K., et al. (2017). Improved annotation of the insect vector of citrus greening disease: biocuration by a diverse genomics community. Database: The Journal of Biological Databases and Curation, doi: 10.1093/database/bax032
- Sakaguchi K., Yoneda M., Sakai N. et al. (2019). Comprehensive Experimental System for a Promising Model Organism Candidate for Marine Teleosts. Scientific Reports 9: 4948, doi: 10.1038/s41598-019-41468-8
- Salava H., Thula S., Mohan V., et al. (2021). Application of Genome Editing in Tomato Breeding: Mechanisms, Advances, and Prospects. International Journal of Molecular Sciences 22: 682, doi: 10.3390/ijms22020682
- Samy A. M., Elaagip A. H., Kenawy M. A., et al. (2016). Climate Change influences on the global potential distribution of the mosquito *Culex quinquefasciatus*, Vector of West Nile Virus and Lymphatic filariasis. PLOS One 11 (10): e0163863, doi: 10.1371/journal.pone.0163863
- Sanchez M. A., Cid P., Navarrete H., et al. (2016). Outcrossing potential between 11 important genetically modified crops and the Chilean vascular flora. Plant Biotechnology Journal 14: 625-637, doi: 10.1111/pbi.12408
- Santillán Martínez M. I., Bracuto V., Koseoglou E. et al. (2020). CRISPR/Cas9-targeted mutagenesis of the tomato susceptibility gene PMR4 for resistance against powdery mildew. BMC Plant Biology 20: 284, doi: 10.1186/s12870-020-02497-y
- SCBD [Secretariat of the Convention on Biological Diversity] (2016). Guidance on risk assessment of living modified organisms and monitoring in the context of risk assessment. UNEP/CBD/BS/COP-MOP/8/8/Add.1. 14 September 2016. <https://www.cbd.int/doc/meetings/bs/mop-08/official/bs-mop-08-08-add1-en.pdf>; Zugriff am 10.03.2021
- SCBD [Secretariat of the Convention on Biological Diversity] (2020). Study on risk assessment: application of Annex I of Decision CP 9/13 to living modified fish. Report for the Secretariat of the Convention on Biological Diversity, UN Environment Programme. Prepared by Sweet, J. B. CBD/CP/RA/AHTEG/2020/1/3.19. February 2020. <https://www.cbd.int/doc/c/71a2/866c/17c10d9ba2dc23ebbca43f44/cp-ra-ahteg-2020-01-03-en.pdf>; Zugriff am 01.03.2021
- Schafer M. G., Ross, A. A., Londo, J. P., et al. (2011). The Establishment of Genetically Engineered Canola Populations in the U.S. PLoS ONE, doi: 10.1371/journal.pone.0025736

- Schindler M., Diestelhorst O., Härtel S., et al. (2013). Monitoring agricultural ecosystems by using wild bees as environmental indicators. *BioRisk* 8: 53-71, doi: 10.3897/biorisk.8.3600
- Schmidt H., Radinger J., Teschlade D., Stoll S. (2020). The role of spatial units in modelling freshwater fish distributions: comparing a subcatchment and river network approach using MaxEnt. *Ecological Modelling* 418, doi: 10.1016/j.ecolmodel.2020.108937
- Schmeller D., Bauch B., Henle K. (2007). Welche Ergebnisse des EU-Projektes EuMon sind relevant für das GVO-Monitoring? In: Breckling B., Dolek M., Lang A., Reuter H., Verhoeven R. (Hrsg.): GVO-Monitoring vor der Umsetzung. Veröffentlichung zur Tagung vom 28. und 29. November 2006 im Bundesamt für Naturschutz. *Naturschutz und Biologische Vielfalt* 49: 163-172
- Schnitter P., Eichen C., Ellwanger G., et al. (2006). Empfehlungen für die Erfassung und Bewertung von Arten als Basis für das Monitoring nach Artikel 11 und 17 der FFH-Richtlinie in Deutschland. *Berichte des Landesamtes für Umweltschutz Sachsen-Anhalt (Halle), Sonderheft 2*: 1-370
- Schönenberger N., D'Andrea L. (2012). Surveying the occurrence of subsynchronous glyphosate-tolerant genetically engineered *Brassica napus* L. (Brassicaceae) along Swiss railways. *Environmental Sciences Europe*, 24 (1): 1-8, doi: 10.1186/2190-4715-24-23
- Schröder W., Schmidt G. (2013). Supporting monitoring effects of genetically modified organisms by GIS-technologies and geodata – an overview. *BioRisk* 8: 111-120, doi: 10.3897/biorisk.8.4038
- Schröder W., Schmidt G., Pesch R., et al. (2001). Konkretisierung des Umweltbeobachtungsprogrammes im Rahmen eines Stufenkonzeptes der Umweltbeobachtung des Bundes und der Länder – Teilvorhaben 3. – Vechta. <https://www.umweltbundesamt.de/publikationen/konkretisierung-des-umweltbeobachtungsprogrammes-im>; Zugriff am 19.01.2022
- Schröder W., Schmidt G., Zipperle J. (2006). Geodaten, Messdaten und Analyseabläufe zur Messflächenauswahl bei unterschiedlichen Skalen. Überlegungen zum GVO-Messnetz in Baden-Württemberg. In: Graef F., Züghart W., Fritsche B. (Hrsg.), *Monitoring-Workshop: Raum- und Flächenauswahl für das GVO-Monitoring*. Internationale Naturschutzakademie Insel Vilm, 28. November bis 1. Dezember 2005. *BfN-Skripten* 189: 29-41
- Schuch S., Ludwig H., Wesche K. (2020). Erfassungsmethoden für ein Insektenmonitoring. Eine Materialsammlung. *BfN-Skripten* 565. 84 S. + 49 S. Anhang „Einheitlicher Methodenleitfaden „Insektenmonitoring““ [https://www.bfn.de/fileadmin/BfN/monitoring/Dokumente/Methodenleitfaden\\_Insektenmonitoring\\_2019.pdf](https://www.bfn.de/fileadmin/BfN/monitoring/Dokumente/Methodenleitfaden_Insektenmonitoring_2019.pdf); Zugriff am 15.07.2021
- Schuler L., Züst D., Vybiral D., Hau P. (2019). GM Food Regulations in the EU. Reference Module in Food Science, doi: 10.1016/B978-0-08-100596-5.22609-7
- Schulze J., Brodmann P., Oehen B., Bagutti C. (2015). Low-level impurities in imported wheat are a likely source of feral transgenic oilseed rape (*Brassica napus* L.) in Switzerland. *Environmental Science and Pollution Research International* 22 (21): 16936-16942, doi: 10.1007/s11356-015-4903-y
- Schulze J., Frauenknecht T., Brodmann P., Bagutti C. (2014). Unexpected diversity of feral genetically modified oilseed rape (*Brassica napus* L.) despite a cultivation and import ban in Switzerland. *PLoS ONE* 9 (12), e114477, doi: 10.1371/journal.pone.0114477
- Schwabe M. (2020). Dokumentation der Nationalparkentwicklung – Erfahrungen mit dem Fotomonitoring im Müritz-Nationalpark. *BfN-Skripten* 587: 79-88
- Schwill S. (2020). Waldmonitoring auf Flächen der NABU-Stiftung Nationales Naturerbe – Erste Auswertungen. *BfN-Skripten* 587: 21-27
- Schwill S., Schleyer E., Planek J. (2016). *Handbuch Waldmonitoring auf Flächen des Nationalen Naturerbes*. Naturstiftung David (Hrsg.). 15 S. [https://www.naturstiftung-david.de/fileadmin/Medien/Downloads/NNE\\_Infoportal/Monitoring/Handbuch\\_Wald-monitoring.pdf](https://www.naturstiftung-david.de/fileadmin/Medien/Downloads/NNE_Infoportal/Monitoring/Handbuch_Wald-monitoring.pdf); Zugriff am 17.07.2021

- Selle K., Klaenhammer T. R., Barrangoua R. et al. (2015). CRISPR-based screening of genomic island excision events in bacteria. *PNAS* 112 (26): 8076–8081, doi: 10.1073/pnas.1508525112
- Sester M., Darmency H., Colbach N. (2012). Contribution of groundkeepers vs. weed beet to gene escape from sugar beet (*Beta vulgaris* spp.). Consequences for growing genetically modified sugar beet – A modelling approach. *Field Crops Research* 135: 46-57, doi: 10.1016/j.fcr.2012.06.019
- Settele J., Züghart W. (2013). GMO environmental impact monitoring (Editorial). *BioRisk* 8: 1-2, doi: 10.3897/biorisk.8.5949
- Shelp B. J., Bown A. W., Faure D. (2006). Extracellular g-Aminobutyrate Mediates Communication between Plants and Other Organisms. *Plant Physiology* 142: 1350-1352
- Sim S. B., Kauwe A. N., Ruano R. E. Y., et al. (2019). The ABCs of CRISPR in Tephritidae: developing methods for inducing heritable mutations in the genera *Anastrepha*, *Bactrocera* and *Ceratitis*. *Insect Molecular Biology* 28 (2): 277-289, doi: 10.1111/imb.12550
- Simon S., Otto M., Engelhard M. (2018). Scan the horizon for unprecedented risks. *Science* 362 (6418), doi: 10.1126/science.aav7568
- Simke A. (2021). You May Find Salt-Tolerant Rice Growing In The Ocean By 2021. *Forbes Media*. <https://www.forbes.com/sites/ariellasimke/2020/02/21/you-may-find-salt-tolerant-rice-growing-in-the-ocean-by-2021/?sh=2e9948174133>; Zugriff am 30.11.2020
- Skilbrei O. T., Heino M., Svåsand T. (2015). Using simulated escape events to assess the annual numbers and destinies of escaped farmed Atlantic salmon of different life stages from farm sites in Norway. *ICES Journal of Marine Science* 72: 670-685, doi: 10.1093/icesjms/fsu133
- Smit J. T., Zeegers T., Slikboer L. (2021). Richtlijn plaatsing honingbijkasten op heideterreinen van defensie. EIS Kenniscentrum Insecten. Rapportnummer EIS2021-05. 30 S. [https://www.bestuivers.nl/Portals/5/Smit\\_etal\\_2021\\_Richtlijn\\_honingbijkasten\\_defensie\\_EIS2021-05.pdf](https://www.bestuivers.nl/Portals/5/Smit_etal_2021_Richtlijn_honingbijkasten_defensie_EIS2021-05.pdf); Zugriff am 10.05.2021
- Sovova T., Kerins G., Demnerová K., Ovesná J. (2017). Genome Editing with Engineered Nucleases in Economically Important Animals and Plants: State of the Art in the Re-search Pipeline. *Current Issues of Molecular Biology* 21: 41-62, doi: 10.21775/cimb.021.041
- Spicer A., Molnar A. (2018). Gene editing of microalgae: scientific progress and regulatory challenges in Europe. *Biology* 7 (21), doi: 10.3390/biology7010021
- Statistisches Bundesamt (2021). Betriebe, Anbauflächen, Erträge und Erntemengen von Gemüse. <https://www.destatis.de/DE/Themen/Branchen-Unternehmen/Landwirtschaft-Forstwirtschaft-Fischerei/Obst-Gemuese-Gartenbau/Tabellen/betriebe-anbau-erntemenge-gemuese.html>; Zugriff am 03.03.2021
- Steffan-Dewenter I., Tscharrntke T. (2000). Resource overlap and possible competition between honeybees and wild bees in central Europe. *Oecologia* 122: 288-296, doi: 10.1007/s004420050034
- Stein S., Züghart W. (2020). Naturerbeflächen des Bundes: Erfahrungen mit der Umsetzung des Waldmonitorings. *BfN-Skripten* 587: 29-36
- Stotz H. U., Thomson J., Wang Y. (2009). Plant defensins. Defense, development and application. *Plant Signaling & Behavior* 4 (11): 1010-1012, doi: 10.4161/psb.4.11.9755
- Südbeck P., Bauer H.-G., Boschert P., et al. (2007). Rote Liste der Brutvögel Deutschlands – 4. Fassung, 30.11.2007. *Berichte zum Vogelschutz* 44: 23-81
- Sudfeldt C., Dröschmeister R., Grüneberg C., et al. (2007). Vögel in Deutschland – 2007. DDA, BfN, LAG VSW, Münster. 40 S.
- Sudfeldt C., Dröschmeister R., Grüneberg C., et al. (2008). Vögel in Deutschland – 2008. DDA, BfN, LAG VSW, Münster. 46 S.

- Sudfeldt C., Dröschmeister R., Flade M., et al. (2009). Vögel in Deutschland – 2009. DDA, BfN, LAG VSW, Münster. 68 S.
- Sudfeldt C., Dröschmeister R., Langgemach T., Wahl J. (2010). Vögel in Deutschland – 2010. DDA, BfN, LAG VSW, Münster. 54 S.
- Sudfeldt C., Dröschmeister R., Frederking W., et al. (2013). Vögel in Deutschland – 2013. DDA, BfN, LAG VSW, Münster. 64 S.
- Sudfeldt C., Dröschmeister R., Wahl J., et al. (2012a). Vogelmonitoring in Deutschland. Programme und Anwendungen. Naturschutz & Biologische Vielfalt 119: 257 S.
- Sudfeldt C., Bairlein F., Dröschmeister R., et al. (2012b). Vögel in Deutschland – 2012. DDA, BfN, LAG VSW, Münster
- Sudfeldt C., Trautmann S. (2015). Eignung des bundesweiten Vogelmonitorings für die Erfassung schädlicher Auswirkungen eines GVP-Anbaus auf die Biodiversität. BfN-Skripten 416. 115 S.
- Sudfeldt C., Trautmann S., Busch M., Wahl J. (2020). Das Monitoring von Brutvögeln auf Flächen des Nationalen Naturerbes. BfN-Skripten 587: 51-68.
- Sukopp U., Schmitz U. (2013). How to track genetically modified (GM) plants in the field? The VDI standard method of floristic mapping of GM plants as an efficient tool. BioRisk 8: 89-110, doi: 10.3897/biorisk.8.4035
- Sukopp U., Weddeling K. (2007). Fachliche Anforderungen an die Überwachung der Umweltwirkungen gentechnisch veränderter Organismen (GVO) bei Freisetzungen (Monitoring nach Teil B der RL 2001/18/EG). In: Breckling B., Dolek M., Lang A., Reuter H., Verhoeven R. (Hrsg.): GVO-Monitoring vor der Umsetzung. Veröffentlichung zur Tagung vom 28. und 29. November 2006 im Bundesamt für Naturschutz. Naturschutz und Biologische Vielfalt 49: 185-206
- Sun L., Ke F., Nie Z., et al. (2019). Citrus Genetic Engineering for Disease Resistance: Past, Present and Future. International Journal of Molecular Sciences 20: 5256, doi: 10.3390/ijms20215256
- Sun Y. (2017). Generation of High-Amylose Rice through CRISPR/Cas9-Mediated Targeted Mutagenesis of Starch Branching Enzymes. Front Plant Sci, doi: 10.3389/fpls.2017.00298
- Suzuki H., Nunome M., Kinoshita G., et al. (2013). Evolutionary and dispersal history of Eurasian house mice *Mus musculus* clarified by more extensive geographic sampling of mitochondrial DNA. Heredity 111: 375-390, doi: 10.1038/hdy.2013.60
- Szyjka S. J., Mandal S., Schoepp N. G., et al. (2017). Evaluation of phenotype stability and ecological risk of a genetically engineered alga in open pond production. Algal Research 24 (A): 378-386
- Tait-Burkard C., Doeschl-Wilson A., McGrew M. J., et al. (2018). Livestock 2.0 – genome editing for fitter, healthier, and more productive farmed animals. Genome Biology (19): 204, doi: 10.1186/s13059-018-1583-1
- Test Biotech (2021). CRISPR-Tomate' in Japan zugelassen. Breites Spektrum an ungeklärten Risiken. <https://www.testbiotech.org/aktuelles/crispr-tomate-in-japan-zugelassen>; Zugriff am 20.01.2021
- Teufel J., Stamer A., Bergleiter S. (2004). Ökologische Fischproduktion. Struktur, Entwicklung, Probleme, Politischer Handlungsbedarf. Geschäftsstelle Bundesprogramm ökologischer Landbau in der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE). Bonn. <https://www.oeko.de/oekodoc/246/2005-005-de.pdf>; Zugriff am 10.03.2021
- The Fish Site (2018). Gene edited tilapia secure GMO exemption. <https://thefishsite.com/articles/gene-edited-tilapia-secures-gmo-exemption>; Zugriff am 13.12.2021
- The Fish Site (2020). Can CRISPR edit sea lice out of salmon aquaculture? <https://thefishsite.com/articles/can-crispr-edit-sea-lice-out-of-salmon-aquaculture>; Zugriff am 15.11.2020

- Then C., Bauer-Pankus A. (2021). Risk assessment of GE plants in the EU: Taking a look at the 'dark side of the moon'. [www.testbiotech.org](http://www.testbiotech.org); Zugriff am 20.01.2021
- The Roslin Institute (2018). Gene-edited pigs are resistant to billion-dollar virus, study finds. <https://www.ed.ac.uk/roslin/news-events/latest-news/archive/2018/gene-edited-pigs-resistant-billion-dollar-virus>; Zugriff am 15.11.2020
- The Roslin Institute (2019). Gene-edited chicken cells resist bird flu virus. <https://www.ed.ac.uk/roslin/news-events/latest-news/archive/2019/gene-edited-chicken-cells-resist-bird-flu-virus>; Zugriff am 15.11.2020
- Tian Y., Chen K., Li X. (2020). Design of high-oleic tobacco (*Nicotiana tabacum* L.) seed oil by CRISPR-Cas9-mediated knockout of NtFAD2-2. *BMC Plant Biology* 20: 233, doi: 10.1186/s12870-020-02441-0
- Torres J. M., Sánchez C., Ramírez M. A., et al. (2001). First field trial of a transmissible recombinant vaccine against myxomatosis and rabbit hemorrhagic disease. *Vaccine* 19 (31), doi: 10.1016/S0264-410X(01)00184-0
- Toschki A., Jänsch S., Roß-Nickoll M., et al. (2015). Possibilities of using the German Federal States' permanent soil monitoring program for the monitoring of potential effects of genetically modified organisms (GMO). *Environmental Sciences Europe* 27: 1-13, doi: 10.1186/s12302-015-0057-2
- Trautner J. (Hrsg.) (1992). Arten- und Biotopschutz in der Planung. Methodische Standards zur Erfassung von Tierartengruppen. – BVDL-Tagung Bad Wurzach, 9.–10. Nov. 1991. – Ökologie in Forschung und Anwendung 5, Verlag Josef Margraf, Weikersheim. 252 S.
- Tripathi L. Otang Ntui V., Tripathi J. N. (2018). Application of genetic modification and genome editing for developing climate-smart banana. *Food and Energy Security*, doi: 10.1002/fes3.168
- Turlings T. C., Jeanbourquin P. M., Held M., Degen T. (2005). Evaluating the induced odour emission of a *Bt* maize and its attractiveness to parasitic wasps. *Transgenic Research* 14: 807-816, doi: 10.1007/s11248-005-0008-6
- Turnbull C., Lillemo M., Hvoslef-Eide T. A. K. (2021). Global Regulation of Genetically Modified Crops amid the Gene Edited Crop Boom - A Review. In: *Frontiers in Plant Science* 12: 630396, doi: 10.3389/fpls.2021.630396
- Unger P., Palm H. W. (2017). Parasite risk of maricultured rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss* Walbaum, 1792) in the Western Baltic Sea, Germany. *Aquaculture International* 25: 975-989; doi 10.1007/s10499-016-0096-8
- Universidad de Costa Rica (2022). GE Rice. <http://www.ucrea.ucr.ac.cr/en/proyectos-vigentes/arroz-y-edicion-de-genomas/>; Zugriff am 28.06.2022
- University Groningen (2012). Food Warden. <http://2012.igem.org/Team:Groningen>; Zugriff am 20.01.2022
- University of California (2022). The C.M. Rick Tomato Genetics Resource Center (TGRC), Department of Plant Sciences, University of California at Davis. <https://tgrc.ucdavis.edu/>; Zugriff am 19.01.2022
- University of Guelph (2021). Research Projects. University of Guelph. <http://www.uoguelph.ca/mbiotech/research-projects/opportunities/archive-using-crispr-reduce-animal-stress>; Zugriff am 10.12.2021
- US EPA [US Environmental Protection Agency] (2013). TSCA Experimental Release Applications (TERAs) for five intergeneric strains of photosynthetic green algae *Scenedesmus dimorphus*, R-13-0003 through R-13-0007 <https://www.epa.gov/regulation-biotechnology-under-tsca-and-fifra/tsca-experimental-release-applications-teras-five>; Zugriff am 09.03.2021

- USDA-APHIS [US Department of Agriculture – Animal and Plant Health Inspection Service] (2020). Environmental Impact Statement. Southern Gardens Citrus Nursery, LLC Permit to Release Genetically Engineered Citrus Tristeza Virus, June 2020. <https://www.regulations.gov/docket/APHIS-2017-0018/document>; Zugriff am 12.03.2021
- USDA APHIS [US Department of Agriculture – Animal and Plant Health Inspection Service] (2021). Petitions for Determination of Nonregulated Status. Biotechnology Regulatory Services. <https://www.aphis.usda.gov/aphis/ourfocus/biotechnology/regulatory-processes/permits/>; Zugriff am 09.03.2021
- Van der Vlugt C. J. B. (2020). Horizon Scan of Synthetic Biology Developments for Microorganisms with application in the Agri-Food sector. EFSA supporting publication: EN-1664: 22, doi: 10.2903/sp.efsa.2020.EN-1664
- VDI [Verein Deutscher Ingenieure] (2006a). Nr. 4330 Blatt 1: Beobachtungen ökologischer Wirkungen gentechnisch veränderter Organismen - Gentechnisch veränderte Pflanzen - Grundlagen und Strategien
- VDI [Verein Deutscher Ingenieure] (2006b). Nr. 4330 Blatt 4: Monitoring der Wirkungen von gentechnisch veränderten Organismen (GVO) - Pollenmonitoring - Biologische Pollensammlung mit Bienenvölkern
- VDI [Verein Deutscher Ingenieure] (2006c). Nr. 4330 Blatt 5: Monitoring der Wirkungen gentechnisch veränderter Organismen (GVO) - Leitfaden zur Entnahme und Aufarbeitung von Pflanzenproben für die molekularbiologische Analytik
- VDI [Verein Deutscher Ingenieure] (2006d). Nr. 4330 Blatt 7: Monitoring der Wirkungen gentechnisch veränderter Organismen (GVO) - Qualitative Verfahren zum Nachweis gentechnisch modifizierter Nukleinsäuren in der Umwelt
- VDI [Verein Deutscher Ingenieure] (2007). Nr. 4330 Blatt 3: Monitoring der Wirkungen gentechnisch veränderter Organismen (GVO) - Pollenmonitoring. Technische Pollensammlung mit Pollenmassenfilter (PMF) und Sigma-2-Sammler
- VDI [Verein Deutscher Ingenieure] (2008). Nr. 4330 Blatt 9: Monitoring der Wirkungen gentechnisch veränderter Organismen (GVO) - Erfassung der Diversität von Farn- und Blütenpflanzen – Vegetationsaufnahmen
- VDI [Verein Deutscher Ingenieure] (2010). Nr. 4330 Blatt 13: Monitoring der Wirkung gentechnisch veränderter Organismen (GVO) - Standardisierte Erfassung von Schmetterlingen (Lepidoptera) - Transektmethode, Lichtfang und Larvalerfassung
- VDI [Verein Deutscher Ingenieure] (2013). Nr. 4331 Blatt 2: Monitoring der Wirkungen gentechnisch veränderter Organismen (GVO) - Verfahren zur Extraktion von Nukleinsäuren aus Böden zur Analyse von mikrobiellen Gemeinschaften und Nachweis transgener DNA - Qualitätsanforderungen und Anwendungsbeispiele. Zurückgezogen
- VDI [Verein Deutscher Ingenieure] (2014a). Nr. 4331 Blatt 1: Monitoring der Wirkungen von gentechnisch veränderten Organismen (GVO) - Wirkung auf Bodenorganismen
- VDI [Verein Deutscher Ingenieure] (2014b). Nr. 4333 Blatt 1: Monitoring der Wirkungen des Anbaus gentechnisch veränderter Organismen (GVO) - Standardisierte Erfassung von Amphibien
- VDI [Verein Deutscher Ingenieure] (2015). Nr. 4330 Blatt 11: Monitoring der Wirkungen gentechnisch veränderter Organismen (GVO) - Immunchemischer Nachweis von insektiziden *Bt*-Proteinen gentechnisch veränderter Kulturpflanzen aus Bodenproben und Pflanzenmaterial aus Ernterückständen
- VDI [Verein Deutscher Ingenieure] (2016). Nr. 4332 Blatt 1: Monitoring der Wirkungen des Anbaus gentechnisch veränderter Organismen (GVO) - Standardisierte Erfassung von Wildbienen

- VDI [Verein Deutscher Ingenieure] (2019). Nr. 4330 Blatt 10: Monitoring der Wirkungen von gentechnisch veränderten Organismen (GVO) - Floristische Kartierung von gentechnisch veränderten Pflanzen (GVP), ihren Kreuzungspartnern und Kreuzungsprodukten
- VDFF [Verband Deutscher Fischereiverwaltungsbeamter und Fischereiwissenschaftler e.V.] (2009). Handbuch zu fiBS. 2. Auflage: Version 8.0.6. Hilfestellungen und Hinweise zur sachgerechten Anwendung des fischbasierten Bewertungsverfahrens fiBS. 41 S. [http://www.gewaesser-bewertung.de/files/fibs-handbuch\\_2009.pdf](http://www.gewaesser-bewertung.de/files/fibs-handbuch_2009.pdf); Zugriff am 23.07.2021
- Veillet F., Perrot L., Chauvin L., et al. (2019). Transgene-Free Genome Editing in Tomato and Potato Plants Using *Agrobacterium*-Mediated Delivery of a CRISPR/Cas9 Cytidine Base Editor. *International Journal of Molecular Sciences* 20: 402, doi: 10.3390/ijms20020402
- Velthuis H. H. W., van Doorn A. (2006). A century of advances in bumblebee domestication and the economic and environmental aspects of its commercialization for pollination. *Apidologie* 37: 421-451, doi: 10.1051/apido:2006019
- Verhoeven R., Reuter H., Middelhoff U., Breckling B. (2007). Ein Informationssystem für das Monitoring von gentechnisch veränderten Organismen (GVO). In: Breckling B., Dolek M., Lang A., et al. (Hrsg): GVO-Monitoring vor der Umsetzung. Veröffentlichung zur Tagung vom 28. und 29. November 2006 im Bundesamt für Naturschutz. *Naturschutz und Biologische Vielfalt* 49: 83-96
- Vilizzi L., Tarkan A. S., Copp G. H. (2015). Experimental evidence from causal criteria analysis for the effects of common carp *Cyprinus carpio* on freshwater ecosystems: a global perspective. *Reviews in Fisheries Science & Aquaculture* 23: 253-290, doi: 10.1080/23308249.2015.1051214
- Villarino M. E. (2017). With genome editing, plant breeding gets a boost. CIAT – International Centre for Tropical Agriculture; <https://blog.ciat.cgiar.org/with-genome-editing-plant-breeding-gets-a-boost/#>; Zugriff am 28.06.2022
- Vogt I., Wohner T., Richter K., et al. (2013). Gene-for-gene relationship in the host-pathogen system *Malus x robusta* 5-*Erwinia amylovora*. *New Phytologist* 197 (4): 1262-1275, doi: 10.1111/nph.12094
- Völker F., Gause S. (2019). Ergebnisse der Befischungen zur Beurteilung der EU-WRRL-Qualitätskomponente Fische für das Jahr 2019. Gewässerzustandsbewertung nach EU-WRRL – Teil Fische. Jahresbericht 2019. Landesamt für Umwelt, Landwirtschaft und Geologie, Freistaat Sachsen. <https://publikationen.sachsen.de/bdb/artikel/34982/documents/54403>
- Wageningen University (2019). Xylencer: Silencing *Xylella fastidiosa*; Research iGEM 2019. [https://2019.igem.org/Team:Wageningen\\_UR/Design](https://2019.igem.org/Team:Wageningen_UR/Design); Zugriff am 11.12.2022
- Wahl J., Dröschmeister R., Langgemach T., Sudfeldt C. (2011). Vögel in Deutschland – 2011. DDA, BfN, LAG VSW, Münster. 76 S.
- Wahl J., Dröschmeister R., Gerlach B., et al. (2015). Vögel in Deutschland – 2014. DDA, BfN, LAG VSW, Münster. 76 S.
- Wahl J., Dröschmeister R., König C., et al. (2017). Vögel in Deutschland – Erfassung rastender Wasservögel. DDA, BfN, LAG VSW, Münster.
- Wahl J., Busch M., Dröschmeister R., et al. (2020). Vögel in Deutschland – Erfassung von Brutvögeln. DDA, BfN, LAG VSW, Münster. 56 S. [https://www.bfn.de/sites/default/files/BfN/service/Dokumente/vid-2019\\_-\\_erfassung\\_von\\_brutvoegeln.pdf](https://www.bfn.de/sites/default/files/BfN/service/Dokumente/vid-2019_-_erfassung_von_brutvoegeln.pdf)
- Wang Q., Lu Y., Xin Y., et al. (2016). Genome editing of model oleaginous microalgae *Nannochloropsis* spp. By CRISPR/Cas9. *Plant Journal* 88 (6): 1071-1081
- Wang X., Niu Y., Zhou J., et al. (2018). CRISPR/Cas9-mediated MSTN disruption and heritable mutagenesis in goats causes increased body mass. *Animal Genetics*, doi: 10.1111/age.12626

- Watanabe K., Kobayashi A., Endo M. et al. (2017). CRISPR/Cas9-mediated mutagenesis of the dihydroflavonol-4-reductase-B (DFR-B) locus in the Japanese morning glory *Ipomoea (Pharbitis) nil*. *Science Reports* 7: 10028, doi: 10.1038/s41598-017-10715-1
- Wedlich K. V., Franzaring J., Fangmeier A. (2016). Entwicklung und Erprobung eines Konzepts für ein Monitoring von für den Import zugelassenem transgenem Raps nach Richtlinie 2001/18/EG. *BfN-Skripten* 430
- Weintraub K. (2019). Meet the pigs that could solve the human organ transplant crisis. *MIT technology review*. <https://www.technologyreview.com/2019/11/01/132110/meet-the-pigs-that-could-solve-the-human-organ-transplant-crises/>; Zugriff am 25.11.2020
- WESO (2022). *fischlexikon*; WESO Software GmbH; <https://www.fischlexikon.eu/index.php>; Zugriff am 19.01.2022
- Westrich P. (2019). *Die Wildbienen Deutschlands*. 2. Auflage. Ulmer Verlag, Stuttgart. 824 S.
- Whelan A. I., Gutti P., Lema M. A. (2020). Gene Editing Regulation and Innovation Economics. *Frontiers in Bioengineering and Biotechnology*, doi: 10.3389/fbioe.2020.00303
- Whitehorn P. R., Tinsley M. C., Brown M. J. F., Goulson D. (2013). Investigating the impact of deploying commercial *Bombus terrestris* for crop pollination on pathogen dynamics in wild bumblebees. *Journal of Apicultural Research* 52: 149-157, doi: 10.3896/IBRA.1.52.3.06
- Wijffels R. H. (2015). The need and risks of using transgenic microalgae for the production of food, feed, chemicals and fuels. In: *Biosafety and the Environmental Uses of Microorganisms*, OECD Conference Proceedings, doi: 10.1787/9789264213562-en
- Wilke A. B. B., Marrelli M. T. (2015). Paratransgenesis: a promising new strategy for mosquito vector control. *Parasites & Vectors* 8: 342, doi: 10.1186/s13071-015-0959-2
- Wildeman A. G. (1988). Regulation of SV40 early gene expression. *Biochemistry and Cell Biology = Biochimie et biologie cellulaire* 66 (6), doi: 10.1139/o88-067.
- Wilkinson D. M., Koumoutsaris S., Mitchell E. A. D., Bey I. (2012). Modelling the effect of size on the aerial dispersal of microorganisms. *Journal of Biogeography* 39: 89-97, doi: 10.1111/j.1365-2699.2011.02569.x
- Wisz M. S., Pottier J., Kissling W. D. et al. (2013). The role of biotic interactions in shaping distributions and realised assemblages of species: implications for species distribution modelling *Biol. Rev.* 88: 15-30, doi: 10.1111/j.1469-185X.2012.00235.x
- Xie D., Jackson E. N., Zhu Q. (2015). Sustainable source of omega-3 eicosapentaenoic acid from metabolically engineered *Yarrowia lipolytica*: from fundamental research to commercial production. *Applied Microbiology and Biotechnology* 99:1599–1610, doi: 10.1007/s00253-014-6318-y
- Xu T, Li Y, Shi Z, et al. (2015). Efficient genome editing in *Clostridium cellulolyticum* via CRISPR-Cas9 nickase. *Applied Environmental Microbiology* 81: 4423-4431, doi: 10.1128/AEM.00873-15
- Xu J., Hua K., Lang Z. (2019). Genome editing for horticultural crop improvement. *Horticulture Research* 6: 113, doi: 10.1038/s41438-019-0196-5
- Yadav R., Kumar V., Baweja M., Shukla P. (2018). Gene editing and genetic engineering approaches for advanced probiotics: A review. *Critical Reviews in Food Science and Nutrition* 58 (10), doi: 10.1080/10408398.2016.1274877
- Yang C., Powell C. A., Duan Y., et al. (2016). Mitigating citrus huanglongbing via effective application of antimicrobial compounds and thermotherapy. *Crop Protection* 84, doi: 10.1016/j.cropro.2016.03.013
- Yu W., Wang L., Zhao R. et al. (2019). Knockout of SIMAPK3 enhances tolerance to heat stress involving ROS homeostasis in tomato plants. *BMC Plant Biology* 19: 354, doi: 10.1186/s12870-019-1939-z

- Zhang J., Zhang H., Botella J. R., Zhu J.-K. (2017). Generation of new glutinous rice by CRISPR/Cas9-targeted mutagenesis of the *Waxy* gene in elite rice varieties. *Journal of Integrative Plant Biology* 60 (5), doi: 10.1111/jipb.12620
- Zhang X.-F., Zhang S., Guo Q., et al. (2018). A New Mechanistic Model for Viral Cross Protection and Superinfection Exclusion. *Frontiers in Plant Science*, doi: 10.3389/fpls.2018.00040
- Zhao J., Lai L., Ji W., Zhou K. (2019). Genome editing in large animals: current status and future prospects. *National Science Review* 6: 402-420, doi: 10.1093/nsr/nwz013
- Zhong Z., Niu P., Wang M., et al. (2016). Targeted disruption of *sp7* and *myostatin* with CRISPR-Cas9 results in severe bone defects and more muscular cells in common carp. *Scientific Reports* 6: 1-14, doi: 10.1038/srep22953
- Zhou J., Li D., Wang G., Wang F., et al. (2019). Application and future perspective of CRISPR/Cas9 genome editing in fruit crops. *Journal of Integrative Plant Biology* 62 (3): 269-286, doi: 10.1111/jipb.12793
- Zipperle J. (2006). Anforderungen an die Flächenauswahl im Bereich GMO-Monitoring und Einbezug von Konzepten und Daten bestehender Umweltbeobachtungsprogramme. In: Graef F., Züghart W., Fritsche B. (Hrsg.), *Monitoring-Workshop: Raum- und Flächenauswahl für das GVO-Monitoring*. Internationale Naturschutzakademie Insel Vilm, 28. November bis 1. Dezember 2005. BfN-Skripten 189: 15-28
- Zou X., Jiang X., Xu L. et al. (2017). Transgenic citrus expressing synthesized cecropin B genes in the phloem exhibits decreased susceptibility to Huanglongbing. *Plant Molecular Biology* 93:341–353, doi: 10.1007/s11103-016-0565-5
- Zsögön A., Cermak T., Voytas D., Pereira Peres L. E. (2016). Genome editing as a tool to achieve the crop ideotype and *de novo* domestication of wild relatives: Case study in tomato. *Plant Science* 256: 120-130, doi: 10.1016/j.plantsci.2016.12.012
- Züghart W., Breckling B. (2003). Konzeptionelle Entwicklung eines Monitorings von Umweltwirkungen transgener Kulturpflanzen. Teil 1 und 2. UBA-Texte 50/30, Umweltbundesamt, Berlin
- Züghart W., Benzler A., Berhorn F., et al. (2005). Monitoring der Wirkungen gentechnisch veränderter Organismen auf Natur und Landschaft nach Marktzulassung. *Natur und Landschaft* 80 (7): 307-312
- Züghart W., Benzler A. (2008). Monitoring der Umweltwirkungen gentechnisch veränderter Organismen – eine Herausforderung. In: Breckling, B., Dolek, M., Lang, A., Reuter, H., Verhoeven R. (Hrsg.): *GVO-Monitoring vor der Umsetzung*. Naturschutz und Biologische Vielfalt 49: 7-18
- Züghart W., Benzler A., Berhorn F., et al. (2008). Determining indicators, methods and sites for monitoring potential adverse effects of genetically modified plants to the environment: the legal and conceptual framework for implementation. *Euphytica* 164 (3): 845-852, doi: 10.1007/s10681-007-9475-6
- Züghart W., Raps A., Wust-Saucy A.G., et al. (2011). Monitoring of Genetically Modified Organisms. A policy paper representing the view of the National Environment Agencies in Austria and Switzerland and the Federal Agency for Nature Conservation in Germany. Technical Report REP-0305. Umweltbundesamt GmbH, Vienna/Austria. 56 S., doi: 10.13140/2.1.3579.2164
- Züghart W., Beismann H., Schröder W. (2013). Tools for a scientifically rigorous and efficient monitoring of genetically modified organisms (GMOs) – VDI Guidelines to ensure high quality of GMO-monitoring data. *BioRisk* 8: 3-13
- Züghart W., Feuring C. (2020). Wolfsmonitoring auf den Naturerbeflächen des Bundes. BfN-Skripten 587: 117-122

- Züghart W., Reiter K., Metzmacher A. (Hrsg.) (2021). Monitoring auf Flächen des Nationalen Naturerbes. Beiträge der Tagung „Erfahrungsaustausch zu Monitoringkonzepten auf Flächen des Nationalen Naturerbes“ des Bundesamts für Naturschutz vom 01. - 04. Juli 2019 an der Internationalen Naturschutzakademie (INA) Insel Vilm. BfN-Skripten 587. 139 S.
- Zünd J., Wüst-Saucy A.G., Züghart W., Bühler C. (2019). Monitoring of Spontaneous Populations of Genetically Modified Plant Species in the Environment - Experiences and Recommendations for the Design of a Monitoring Programme. Technical Report prepared for the joint EPA ENCA Interest Group on Genetically Modified Organisms (IG GMO). <https://www.encanetwork.eu/interest-groups/gmo>; Zugriff am 30.11.2022

## Abbildungsverzeichnis

Abb. 1	Formate (A), Erscheinungsjahr (B), Raumbezug (C) und behandelte GVO (D) in den Monitoringkonzepten und Richtlinien unter Mitwirkung des BfN .....	95
Abb. 2:	Prozentualer Anteil behandelter Nichtzielorganismen in den Monitoringkonzepten und Richtlinien unter Mitwirkung des BfN .....	96
Abb. 3:	Konzept für eine Selektionsmatrix zur Auswahl aquatischer Indikatoren.....	117
Abb. 4:	Räumliche Verteilung der Probeflächen des Monitorings häufiger Brutvögel in Deutschland.....	126
Abb. 5:	Zählgebiete im Rahmen des Monitorings rastender Wasservögel in Deutschland.....	128
Abb. 6:	Verteilung der Stichprobenflächen für das bundesweite HNV-Farmland-Monitoring.....	133
Abb. 7:	Schema zum modularen Aufbau des geplanten, bundesweiten Insektenmonitorings .....	141
Abb. 8:	Die Flächen des Nationalen Naturerbes in Deutschland .....	145

## Tabellenverzeichnis

Tab. 1:	Genom-editierte Organismen in der EU sowie UK, Schweiz und Norwegen.....	17
Tab. 2:	Genom-editierte Organismen in den USA.....	19
Tab. 3:	Genom-editierte Organismen in Kanada .....	22
Tab. 4:	Genom-editierte Organismen in Zentral- und Südamerika .....	22
Tab. 5:	Genom-editierte Organismen in Australien.....	24
Tab. 6:	Genom-editierte Organismen in Neuseeland .....	25
Tab. 7:	Genom-editierte Organismen in Japan .....	25
Tab. 8:	Genom-editierte Organismen in China .....	26
Tab. 9:	Genom-editierte Organismen in Russland .....	27
Tab. 10:	Genom-editierte Organismen in Indien .....	27
Tab. 11:	Genom-editierte Organismen in Afrika.....	28
Tab. 12:	Überblick über GE-Merkmale bei Tomaten auf Basis von Überblicksarbeiten zur Anwendung von Genom-Editierung bei Pflanzen .....	33
Tab. 13:	Länder mit gesetzlichen Verpflichtungen für das Monitoring von GVO bei Freisetzung in die Umwelt sowie kontaktierte Institutionen.....	93
Tab. 14:	Ergänzungsbedarf der Monitoringkonzepte und Richtlinien unter Mitwirkung des BfN.....	122
Tab. 15:	Die aktuellen Module des Monitorings seltener Brutvögel in den Bundesländern Deutschland .....	127
Tab. 16:	Artenspektrum des Monitorings „Rastende Gänse und Schwäne“ des DDA. ...	130
Tab. 17:	Nutzungs- und Biotoptypen der Agrarlandschaft, welche im Rahmen des HNV-Farmland-Monitorings bewertet werden.....	134
Tab. 18:	Anzahl der Bestandsüberprüfungen im sechsjährigen Berichtszeitraum des FFH-Monitorings für einzelne Artengruppen .....	137
Tab. 19:	Empfehlungen für das Monitoring von GE-Tomaten.....	170
Tab. 20:	Empfehlungen für das Monitoring von GE-Obstbaumkulturen.....	170
Tab. 21:	Empfehlungen für das Monitoring von GE-Süßwasserfischen und GE-Mikroalgen.....	171
Tab. 22:	Ergebnisse der Literaturrecherche zu genom-editierten Pflanzen.....	218
Tab. 23:	Ergebnisse der Literaturrecherche zu genom-editierten Tieren .....	241
Tab. 24:	Ergebnisse der Literaturrecherche zu genom-editierten Mikroorganismen .....	251
Tab. 25:	GVO-Monitoring-Konzepte und Richtlinien unter Mitwirkung des BfN .....	254
Tab. 26:	Konzeptionelle Arbeiten zum GVO-Monitoring unter Mitwirkung des BfN. ....	268
Tab. 27:	Monitoring von GE Tomaten: Übertragbarkeit der GVO-Monitoring-Studien unter Mitwirkung des BfN. ....	271

Tab. 28:	Monitoring von GE Apfelbäume: Übertragbarkeit der GVO-Monitoring-Studien unter Mitwirkung des BfN.....	273
Tab. 29:	Monitoring von GE Fische: Übertragbarkeit der GVO-Monitoring-Studien unter Mitwirkung des BfN. ....	275
Tab. 30:	Monitoring von GE Mikroalgen: Übertragbarkeit der GVO-Monitoring-Studien unter Mitwirkung des BfN.....	276
Tab. 31:	Monitoring von GV Citrus-Tristeza-Virus: Übertragbarkeit der GVO-Monitoring-Studien unter Mitwirkung des BfN. ....	277
Tab. 32:	Zusammenfassung der Monitoringthemen, -räume, -indikatoren und –dauer, sowie existierende und weitere einzubindende Monitoringprogramme bzw. Richtlinien für <b>GE-Tomaten</b> (Inhaltsstoffverändert) und ihre mögliche Berücksichtigung in existierenden nationalen GVO- bzw. Naturschutz-Monitoringprogrammen des BfN. ....	279
Tab. 33:	Zusammenfassung der Monitoringthemen, -räume, -indikatoren und -dauer, sowie existierende und weitere einzubindende Monitoringprogramme bzw. Richtlinien für <b>GE-Äpfelbäume</b> (krankheitsresistent) und ihre mögliche Berücksichtigung in existierenden nationalen GVO- bzw. Naturschutz-Monitoringprogrammen des BfN.....	282
Tab. 34:	Zusammenfassung der Monitoringthemen, -räume, -indikatoren und -dauer, sowie existierende und weitere einzubindende Monitoringprogramme bzw. Richtlinien für <b>GE-Süßwasserfische</b> (Wachstumssteigerung) und ihre mögliche Berücksichtigung in existierenden nationalen GVO- bzw. Naturschutz-Monitoringprogrammen des BfN. ....	284
Tab. 35:	Zusammenfassung der Monitoringthemen, -räume, -indikatoren und -dauer, sowie existierende und weitere einzubindende Monitoringprogramme bzw. Richtlinien für <b>GE-Mikroalgen</b> (Inhaltsstoffverändert) und ihre mögliche Berücksichtigung in existierenden nationalen GVO- bzw. Naturschutz-Monitoringprogrammen des BfN. ....	286
Tab. 36:	Zusammenfassung der Monitoringthemen, -räume, -indikatoren und -dauer, sowie existierende und weitere einzubindende Monitoringprogramme bzw. Richtlinien für <b>GV-Viren</b> (Citrus-Tristeza-Virus CTV-SoD) und ihre mögliche Berücksichtigung in existierenden nationalen GVO- bzw. Naturschutz-Monitoringprogrammen des BfN. ....	288

## Abkürzungsverzeichnis

Abkürzung	Erklärung
ALS	Acetylactat-Synthase
BCH	Biosafety Clearing House
BfN	Bundesamt für Naturschutz
Bt	<i>Bacillus thuringiensis</i>
CBI	confidential business information (vertrauliche Geschäftsinformationen)
CRISPR cms1	CRISPR mit cms1 Nuklease
CRISPR cpf1	CRISPR mit cpf1 Nuklease
CRISPR/Cas	Clustered Regularly Interspaced Short Palindromic Repeats-CRISPR associated Protein, CRISPR mit Cas Nuklease
DBU	Deutsche Bundesstiftung Umwelt
DDA	Dachverband Deutscher Avifaunisten
ECDC	European Centre for Disease Prevention and Control
EFSA	European Food Safety Authority (Agentur für Lebensmittelsicherheit der EU)
ENGL	European Network of GMO Laboratories (Europäisches Netzwerk der GVO Laboratorien)
EuGH	Europäischer Gerichtshof
FAO	Food and Agriculture Organization of the United Nations
FFH-RL	Fauna-Flora-Habitat-Richtlinie
fiBS	fischbasiertes Bewertungssystem
GABA	gamma-aminobutyric acid (gamma-Aminobuttersäure)
GE	genom-editiert
GFP	green fluorescent protein (grün fluoreszierendes Protein)
GV	gentechnisch verändert
GVO	gentechnisch veränderter Organismus
GVP	gentechnisch veränderte Pflanze
GWAS	genome wide association study (genom-weite Assoziationsstudien)

Abkürzung	Erklärung
HLB	Huanglongbing (Grünfleckenkrankheit, Citrus Greening Disease)
HNV-farmland	High nature value farmland (Landwirtschaftsflächen mit hohem Naturwert)
IGFBP	insulin-like growth factor-binding protein
InDels	insertions and deletions (Einfügungen und Löschungen)
LRT	Lebensraumtyp
MhB	Monitoring häufiger Brutvögel
MPR	Minimum performance requirements (Minimale Leistungsanforderungen)
MsB	Monitoring seltener Brutvögel
n. i.	not indicated (nicht angeführt)
NNE	Nationales Naturerbe
ODM	oligo-directed mutagenesis (Oligonukleotid gerichtete Mutagenese)
OECD	Organisation for Economic Co-operation and Development (Organisation für wirtschaftliche Zusammenarbeit und Entwicklung)
ÖFS	Ökologische Flächenstichprobe
ÖSM	Ökosystem-Monitoring
PAPA	Panel Pflanzenschutzmittel-Anwendung
pers. Komm.	persönliche Kommunikation
PG	Polygalacturonase
PNT	plant with novel traits (Pflanze mit neuartigen Merkmalen)
PPO	Polyphenoloxidase
QTL	quantitative trait locus
RNAi	RNA-Interferenz
SD	standard deviation (Standardabweichung)
SDN	Site-directed nuclease (ortsgerichtete Nuklease)
SIT	Sterilen Insekten Technik
SNV	single nucleotide variant (Einzelnukleotidvariante)
SoD	Defensin aus Spinat ( <i>Spinacia oleracea</i> )

<b>Abkürzung</b>	<b>Erklärung</b>
TAG	Triacyl-Glycerol
TALEN	Transcription activator-like effector nucleases (transkriptionsaktivatorartige Effektor nukleasen)
US EPA	United States Environmental Protection Agency
USDA-APHIS	United States Department of Agriculture - Animal and Plant Health Inspection Service
VDI	Verein Deutscher Ingenieure
WGS	whole genome sequencing (Ganzgenomsequenzierung)
WRRL	Wasserrahmenrichtlinie
ZFN	zinc-finger nucleases (Zinkfingernukleasen)

## A Anhang Tabellen

Tab. 22: Ergebnisse der Literaturrecherche zu genom-editierten Pflanzen

Taxon	Technik	Merkmalskategorie 1	Merkmalskategorie 2	Merkmal	Literaturquelle
Acker-Hel- lerkraut	CRISPR	Produktqualität	Produktqualität	erhöhter Ölgehalt in Samen	Gelinsky (2019)
Alfalfa	TALEN, SDN-1	Produktqualität	Futtermittelqualität	Verringerter Ligningehalt	USDA (2017) in Modrzejewski et al. (2019, 2020)
Alfalfa	Intra- genese	Produktqualität	Futtermittelqualität	Verringerter Ligningehalt	Gelinsky (2019)
Apfel	Cisgenese	Produktqualität	Lebensmittelqualität	Regulierung der Anthocyane (roter Farbstoff)	Gelinsky (2019)
Apfel	CRISPR	biotische Stresstoleranz	Krankheitsresistenz	Resistenz gegen Mehltau, Feuerbrand	Malnoy et al. (2016) in Bewg et al. (2018)
Apfel, Birne	CRISPR	agronomisch relevantes Merkmal	Reproduktion/Züchtung	früherer Blühzeitpunkt	Charrier et al. (2019)
Erdbeere	CRISPR, SDN-1	agronomisches Merkmal	Wachstumseigenschaften	Antherenentwicklung	Martin-Pizarro et al. (2019) in Xu et al. (2019)
Erdbeere	CRISPR	Produktqualität	Lebensmittelqualität	Anthocyanbiosynthese	Xing S. et al. (2018) in Xu et al. (2019)
Erdnuss	TALEN	Produktqualität	Lebensmittelqualität	höhere Gehalt an Ölsäure	Wen et al. (2018) in Sprink et al. (2020)

<b>Taxon</b>	<b>Technik</b>	<b>Merkmalskategorie 1</b>	<b>Merkmalskategorie 2</b>	<b>Merkmal</b>	<b>Literaturquelle</b>
Erdnuss	ODM	Produktqualität	Lebensmittelqualität	Aflatoxin-frei	Gelinsky (2019)
Gurke	CRISPR, SDN-1	agronomisch relevantes Merkmal	Wachstumseigenschaften	Nur weibliche Blüten	Hu et al. (2017) in Modrzejewski et al. (2019, 2020)
Gurke	CRISPR, SDN-1	biotische Stresstoleranz	Virusresistenz	Resistenz gegen Cucumber Vein Yellowing-Virus, Potyviren, Zucchini Yellow Mosaic Virus, Papaya Ring Spot Mosaic Virus	Chandrasekaran et al. (2016) in Modrzejewski et al. (2019, 2020), Eckerstorfer et al. (2020)
Hanf	CRISPR	Produktqualität	Produktqualität	veränderter Ölgehalt	Gelinsky 2019
Hirse	CRISPR, SDN-1	Produktqualität	Lebensmittelqualität	Verbesserte Verdaulichkeit des Korneiweiß und veränderter Lysingehalt	Li et al. (2018) in Modrzejewski et al. (2020)
Kaffee	CRISPR	Produktqualität	Produktqualität	koffeinfreier Kaffee	Gelinsky 2019
Karotte	CRISPR	Produktqualität	Biosynthesewege	veränderte Anthocyanbiosynthese	Klimek-Chodacka et al. (2018) in Xu et al. (2019)
Kartoffel	CRISPR	agronomisches Merkmal	Wachstumseigenschaften	Sprossmorphogenese	Wang. et al. (2015) in Xu et al. (2019)
Kartoffel	TALEN	Produktqualität	Produktqualität	Reduzierte Schwarzfleckigkeit	USDA (2016), in Modrzejewski et al. (2019), Ku & Ha (2020)
Kartoffel	TALEN SDN-1	Produktqualität	Lebens- und Futtermittelqualität	Reduktion Glycoalkaloide	Sawai et al. (2014) in Modrzejewski et al. (2019)

<b>Taxon</b>	<b>Technik</b>	<b>Merkmalskategorie 1</b>	<b>Merkmalskategorie 2</b>	<b>Merkmal</b>	<b>Literaturquelle</b>
Kartoffel	CRISPR SDN-1	Produktqualität	Lebens- und Futtermittelqualität	Glycoalkaloid-frei, Solanin-frei	Nakayasu et al. (2018) in Modrzejewski et. al (2019, 2020), Ku & Ha (2020), Xu et al. (2019)
Kartoffel	CRISPR, TALEN	Produktqualität/ industrielles Merkmal	Produktqualität	Zuckermetabolismus	Ma et al. (2017) in Xu et al. (2019)
Kartoffel	CRISPR	Produktqualität/ industrielles Merkmal	Produktqualität	Stärkebiosynthese Knollenqualität	Andersson et al. (2018), Kusano et al. (2018), Andersson et al. (2017) in Xu et al. (2019), Ku & Ha (2020)
Kartoffel	CRISPR	Produktqualität	Produktqualität	reduzierte Bräunung	Gonzalez et al. (2020) in Ku & Ha (2020)
Kartoffel	TALEN	Produktqualität	Produktqualität	Reduktion Glycoalkaloide	Yasumoto et al. (2019) in Ku & Ha (2020)
Kartoffel	TALEN	Produktqualität	Produktqualität	Reduzierter Zuckergehalt in Knollen	Clasen et al. (2016) in Ku & Ha (2020)
Kartoffel	TALEN	Produktqualität	Produktqualität	reduzierte Bräunung	In Ku & Ha (2020)
Kartoffel	ODM	biotische Stresstoleranz	Pilzresistenz	Resistenz gegen Phytophthora infestans	Gelinsky (2019)
Kartoffel	CRISPR SDN-1	biotische Stresstoleranz	Virusresistenz	Resistenz gegen Potato Virus Y (PVY)	Makhotenko et al. (2019) in Modrzejewski et al. (2020)
Kartoffel	CRISPR SDN-1	biotische Stresstoleranz	Virusresistenz	Resistenz gegen Potato Virus Y (PVY)	Zhan et al. (2019) in Modrzejewski et al. (2020)

<b>Taxon</b>	<b>Technik</b>	<b>Merkmalskategorie 1</b>	<b>Merkmalskategorie 2</b>	<b>Merkmal</b>	<b>Literaturquelle</b>
Kartoffel	Cisgene-seRNAi	biotische Stresstoleranz	Krankheitsresistenz	Resistenz gegen Phytophthora infestans, Resistenz gegen Kartoffelzystenmatoden	Gelinsky (2019)
Kartoffel	CRISPR SDN-1	industrielles Merkmal	Produktqualität	Verbesserte Stärkequalität	Kusano et al. (2018) cited in Modrzejewski et al. (2019, 2020), Eckerstorfer et al. (2020)
Kartoffel	CRISPR SDN-1	abiotische Stresstoleranz	Salztoleranz		Makhotenko et al. (2019) in Modrzejewski et al. (2020)
Kartoffel	CRISPR SDN-1	züchtungsrelevantes Merkmal	Wachstumseigenschaften	Selbstkompatible Kartoffeln	Ye et al. (2018) in Modrzejewski et al. (2020)
Kartoffel	CRISPR SDN-1	züchtungsrelevantes Merkmal	Wachstumseigenschaften	Selbstkompatible Kartoffeln	Enciso-Rodriguez et al. (2019) in Modrzejewski et al. (2020)
Kohl	CRISPR SDN-1	andere Merkmale	Wachstumseigenschaften	Selbstkompatibilität, männliche Sterilität	Ma et al. (2019) in Modrzejewski et al. (2020)
Kohl	CRISPR	agronomisch relevantes Merkmal	Wachstumseigenschaften	Zwergwuchs, GA-Antwort	Lawrenson et al. (2015) cited in Xu et al. (2019)
Leindotter	CRISPR SDN-1	Produktqualität	Lebens- und Futtermittelqualität	Höherer Ölsäure- und $\alpha$ -Linolensäuregehalt, weniger langkettige Fettsäuren	Ozseyhan et al. (2018) cited in Modrzejewski et al. (2019, 2020), Eckerstorfer et al. (2020), Ku & Ha (2020)
Leindotter	CRISPR SDN-1	Produktqualität	Lebens- und Futtermittelqualität	Höherer Ölsäuregehalt, geringerer Fettsäuregehalt (mehrfach ungesättigte Fettsäuren)	Jiang et al. (2017) cited in Modrzejewski et al. (2019, 2020), Eckerstorfer et al. (2020), Ku & Ha (2020)

Taxon	Technik	Merkmalskategorie 1	Merkmalskategorie 2	Merkmal	Literaturquelle
Leindotter	CRISPR SDN-1	Produktqualität	Lebens- und Futtermittelqualität	Höherer Ölsäuregehalt, geringerer Fettsäuregehalt	Morineau et al. (2017) cited in Modrzejewski et al. (2019, 2020), Eckerstorfer et al. (2020), Ku & Ha (2020)
Leindotter	CRISPR SDN-1	Produktqualität	Lebens- und Futtermittelqualität	Veränderte Fettsäurenprofil und reduzierter Ölgehalt	Aznar-Moreno et al. (2017) cited in Modrzejewski et al. (2019, 2020), Eckerstorfer et al. (2020), Ku & Ha (2020)
Leindotter	CRISPR SDN-1	Produktqualität	Lebens- und Futtermittelqualität	Höherer Ölsäuregehalt, geringerer Fettsäuregehalt	Rothamsted Research (2019) cited in Modrzejewski et al. (2019, 2020), Eckerstorfer et al. (2020)
Leindotter	CRISPR SDN-1	Produktqualität	Futtermittelqualität	verändertes Aminosäure- und Fettsäureprofil	Lyzenga et al. (2019)
Löwenzahn	CRISPR	industrielles Merkmal	Wachstumseigenschaften	Höhere Biomasse der Wurzeln, Pfahlwurzeln, Erhöhter Kautschuk- und Inulingehalt	Wiegand et al. (2019) in Modrzejewski et al. (2020)
Mais	CRISPR SDN-1	agronomisch relevantes Merkmal	Wachstumseigenschaften	Frühe Blüte unter Langtagbedingungen	Huang et al. (2018) in Modrzejewski et al. (2019, 2020)
Mais	CRISPR/Cpf1/Cms1	agronomisch relevantes Merkmal	Ertragssteigerung	Verbesserte Fotosynthese-Effizienz	Gelinsky (2019)
Mais	CRISPR SDN-1	Produktqualität	Produktqualität	Wachsmais, veränderte Stärkezusammensetzung	USDA (2015) in Modrzejewski et al. (2019, 2020)
Mais	CRISPR SDN-1	Produktqualität	Produktqualität	Wachsmais, veränderte Stärkezusammensetzung	Qi et al. (2018) in Modrzejewski et al. (2019, 2020)

<b>Taxon</b>	<b>Technik</b>	<b>Merkmalskategorie 1</b>	<b>Merkmalskategorie 2</b>	<b>Merkmal</b>	<b>Literaturquelle</b>
Mais	CRISPR SDN-1	Produktqualität	Lebens- und Futtermittelqualität	Erhöhter Zuckergehalt in Körnern	Dong et al. (2019) in Modrzejewski et al. (2020)
Mais	CRISPR SDN-1	Produktqualität	Lebens- und Futtermittelqualität	Reduzierung Phytinsäure	Liang et a. (2014) in Eckerstorfer et al. (2020), Ku & Ha (2020)
Mais	Meganukleasen, SDN-1	Produktqualität	Produktqualität	Höherer Stärkegehalt in Blättern und Stängel	Modrzejewski et al. (2019)
Mais	CRISPR	Produktqualität	Produktqualität	Reduzierter Zeingehalt (Protein)	Qi et al. (2016) in Ku & Ha (2020)
Mais	CRISPR (Cis-genese) SDN-3	biotische Stresstoleranz	Pilzresistenz	Resistenz gegen Blattfleckenkrankheit (Northern Leaf Blight)	USDA (2017) in Modrzejewski et al. (2019, 2020)
Mais	CRISPR	biotische Stresstoleranz	Krankheitsresistenz	Virusresistenz (Maize lethal necrosis disease)	Gelinsky (2019)
Mais	CROPS OS™	industrielles Merkmal	Produktqualität	Ethanolgehalt (E+™ )	Gelinsky (2019)
Mais	CRISPR SDN-1	abiotische Stresstoleranz	Trockentoleranz		Njuguna (2018) in Modrzejewski et al. (2019, 2020)
Mais	CRISPR SDN-3	abiotische Stresstoleranz	Trockentoleranz		Chilcoat et al. (2017), Shi et al. (2017) in Modrzejewski et al. (2020), Eckerstorfer et al. (2020)

Taxon	Technik	Merkmalskategorie 1	Merkmalskategorie 2	Merkmal	Literaturquelle
Mais	CRISPR	abiotische Stresstoleranz	Trockentoleranz		Gelinsky (2019)
Mais	CRISPR SDN-1	züchtungsrelevantes Merkmal	Wachstumseigenschaften	Männliche Sterilität	Xie et al. (2018) in Modrzejewski et al. (2019, 2020), Eckerstorfer et al. (2020)
Mais	CRISPR SDN-1	züchtungsrelevantes Merkmal	Wachstumseigenschaften	Männliche Sterilität	Chiou et al. (2019), Li et al. (2017), Chen et al. (2018) in Modrzejewski et al. (2019, 2020), Eckerstorfer et al. (2020)
Mais	TALEN SDN-1	züchtungsrelevantes Merkmal	Wachstumseigenschaften	Haploideninduktion	Kelliher et al. (2017) in Modrzejewski et al. (2019, 2020), Eckerstorfer et al. (2020)
Mais	CRISPR SDN-1	züchtungsrelevantes Merkmal	Wachstumseigenschaften	Haploideninduktion	Kelliher T et al. (2019) in Modrzejewski et al. (2020)
Mais	CRISPR SDN-1	züchtungsrelevantes Merkmal	Wachstumseigenschaften	Haploideninduktion	Wang et al. (2019), Zhong et al. (2019) in Modrzejewski et al. (2020)
Mais	ZFN SDN-3	andere Merkmale	Produktqualität, Herbizidtoleranz	Reduzierte Phytatproduktion, Herbizidtoleranz	USDA (2010), Shukla (2009), in Modrzejewski et al. (2019, 2020), Eckerstorfer et al. (2020), Ku & Ha (2020)
Pappel	CRISPR	Produktqualität		keine Blütenbildung/Infertilität	Elorriaga et al. (2018) in Bewg et al. (2018)
Pappel	CRISPR	industrielles Merkmal	Produktqualität	sekundäre Zellwandsynthese	Shen et al. (2018) in Bewg et al. (2018)
Pappel	CRISPR	industrielles Merkmal	Produktqualität	verringertes Ligningehalt bzw Phenylpropanoid Polymere	Wan et al. 2017, Wang et al. 2017, Xu et al. 2017, Yang et al. 2017 in Bewg et al. (2018)

<b>Taxon</b>	<b>Technik</b>	<b>Merkmalskategorie 1</b>	<b>Merkmalskategorie 2</b>	<b>Merkmal</b>	<b>Literaturquelle</b>
Pappel	CRISPR	andere Merkmale	Wachstumseigenschaften	verstärkte Verzweigung und Knospenwuchs	Muhr et al. 2018 in Bewg et al. (2018)
Physalis	CRISPR	agronomisch relevantes Merkmal	Wachstumseigenschaften	Fruchtgröße, Vorerntefruchtfall, Invasivität	Gelinsky (2019)
Pilz	CRISPR SDN-1	Produktqualität	Produktqualität	Geringere Bräunung	Waltz, E. (2016) in Ku & Ha (2020)
Raps	CRISPR SDN-1	agronomisch relevantes Merkmal	Ertragssteigerung	Schotenfestigkeit zur Reduktion des Samenverlusts bei der Ernte	Braatz et al. (2017) in Modrzejewski et al. (2019, 2020); Eckerstorfer et al. (2020)
Raps	CRISPR SDN-1	agronomisch relevantes Merkmal	Ertragssteigerung	Mehr Samen pro Schote (multi-ocular seeds), höheres Samengewicht	Yang et al. (2018) in Modrzejewski et al. (2019, 2020)
Raps	CRISPR SDN-1	agronomisch relevantes Merkmal	Wachstumseigenschaften	Erzeugung nicht gelappter Blätter	Hu et al. (2018) in Modrzejewski et al. (2020)
Raps	CRISPR SDN-1	agronomisch relevantes Merkmal	Wachstumseigenschaften	Frühe Blüte	Jiang et al. (2018) in Modrzejewski et al. (2020)
Raps	CRISPR	agronomisch relevantes Merkmal	Ertragssteigerung	erhöhter Ertrag (Trait C3004)	Gelinsky (2019)
Raps	CRISPR, TALEN	agronomisch relevantes Merkmal	Morphologie/ Entwicklung	Blattmorphologie, Blühzeitpunkt	Hu et al. (2018), Murovec et al. (2018) in Xu et al. (2019)

<b>Taxon</b>	<b>Technik</b>	<b>Merkmalskategorie 1</b>	<b>Merkmalskategorie 2</b>	<b>Merkmal</b>	<b>Literaturquelle</b>
Raps	ODM	agronomisch relevantes Merkmal	Herbizidtoleranz		Gocal et al. (2015); Ruiter et al. (2003) in Modrzejewski et al. (2019, 2020), Eckerstorfer et al. (2020)
Raps	CRISPR SDN-1	Produktqualität	Produktqualität	Veränderte Fettsäure-zusammensetzung (mehr Ölsäuregehalt)	Okuzaki et al. (2018) in Modrzejewski et al. (2019, 2020), Ku & Ha (2020)
Raps	CRISPR	Produktqualität	Lebens- und Futtermittelqualität	erhöhter Ölgehalt	Gelinsky (2019)
Raps	Meganuklease	Produktqualität	Lebens- und Futtermittelqualität	reduzierter Gehalt an gesättigten Fettsäuren	Gelinsky (2019)
Raps	CRISPR SDN-1	biotische Stresstoleranz	Pilzresistenz	Resistenz gegen Sclerotinia sclerotiorum	Sun et al. (2018) in Modrzejewski et al. (2020)
Raps	CRISPR	biotische Stresstoleranz	Krankheitsresistenz		Gelinsky (2019)
Reis	CRISPR SDN-1	agronomisch relevantes Merkmal	Ertragssteigerung	Veränderte Kornanzahl pro Rispe	Shen et al. (2016); Wang et al. (2019) in Modrzejewski et al. (2019, 2020), Eckerstorfer et al. (2020)
Reis	CRISPR SDN-1	agronomisch relevantes Merkmal	Ertragssteigerung	Korngröße/ erhöhtes Korngewicht/Tausendkorngewicht	Li et al. (2016); Xu et al. (2016); Hu (2018); Shen et al. (2017); Miao et al. (2019); Ji et al. (2017, 2019); Chiou et al. (2019); Ma et al. (2019); Zhou et al. (2019) in Modrzejewski et al. (2019, 2020), Eckerstorfer et al. (2020)
Reis	CRISPR SDN-1	agronomisch relevantes Merkmal	Wachstumseigenschaften	Höhere Pflanzenhöhe, stärkere Bestockung, aufrechte Rispen, mehr Biomasse	Li et al. (2016); Lu et al. (2018); Liao et al. (2018); Shen et al. (2017) in Modrzejewski et al. (2019, 2020), Eckerstorfer et al. (2020)

<b>Taxon</b>	<b>Technik</b>	<b>Merkmalskategorie 1</b>	<b>Merkmalskategorie 2</b>	<b>Merkmal</b>	<b>Literaturquelle</b>
Reis	CRISPR SDN-1	agronomisch relevantes Merkmal	Wachstumseigenschaften	Frühe Blüte	Zeng et al. (2018), Cui et al. (2019) in Modrzejewski et al. (2020)
Reis	CRISPR SDN-1	agronomisch relevantes Merkmal	Wachstumseigenschaften	Verbesserte Bestockung, verringerte Pflanzenhöhe	Butt et al. (2018) in Modrzejewski et al. (2020)
Reis	CRISPR SDN-1	agronomisch relevantes Merkmal	Ertragssteigerung	Regulierung des Pollenwachstums	Liu et al. (2016), in Modrzejewski et al. (2019, 2020), Eckerstorfer et al. (2020)
Reis	TALEN SDN-1	agronomisch relevantes Merkmal	Lagereigenschaften	Langlebigkeit und Überlebensfähigkeit des Saatguts	Ma et al. (2015) in Modrzejewski et al. (2019, 2020), Eckerstorfer et al. (2019)
Reis	CRISPR SDN-1	agronomisch relevantes Merkmal	Ertragssteigerung	Kornertrag, Regulierung der Saatgutentwicklung	Yuan et al. (2017) in Modrzejewski et al. (2019, 2020)
Reis	CRISPR SDN-1	agronomisch relevantes Merkmal	Ertragssteigerung	Längere Rispen	Xu et al. (2016) in Modrzejewski et al. (2019, 2020), Eckerstorfer et al. (2020)
Reis	Base Editor SDN-1	agronomisch relevantes Merkmal	Wachstumseigenschaften	Geringere Pflanzenhöhe	Lu et al. (2017) in Modrzejewski et al. (2019, 2020), Eckerstorfer et al. (2020)
Reis	CRISPR SDN-1	agronomisch relevantes Merkmal	Wachstumseigenschaften	Geringere Pflanzenhöhe	Wang et al. (2017) in Modrzejewski et al. (2019, 2020), Eckerstorfer et al. (2020)
Reis	CRISPR SDN-1	agronomisch relevantes Merkmal	Ertragssteigerung	Verbesserte Stickstoffnutzungseffizienz	Lu et al. (2018) in Modrzejewski et al. (2019, 2020)

<b>Taxon</b>	<b>Technik</b>	<b>Merkmalskategorie 1</b>	<b>Merkmalskategorie 2</b>	<b>Merkmal</b>	<b>Literaturquelle</b>
Reis	CRISPR SDN-1	agronomisch relevantes Merkmal	Wachstumseigenschaften	Regulation der Samenruhe, Spaltöffnungen, Pflanzenwachstum, abiotische Stresstoleranz und Blattseneszenz	Huang et al. (2018) in Modrzejewski et al. (2019, 2020)
Reis	CRISPR SDN-1	agronomisch relevantes Merkmal	Wachstumseigenschaften	Rotfärbung des Reis	Zhu et al. (2019) in Modrzejewski et al. (2020)
Reis	CRISPR SDN-1	agronomisch relevantes Merkmal	Wachstumseigenschaften	Erhöhte Blattspreizung (erhöhter Blattflächenindex)	Qu et al. (2019) in Modrzejewski et al. (2020)
Reis	CRISPR Base Editor	agronomisch relevantes Merkmal	Wachstumseigenschaften	Frühe Reife	Li et al. (2017) in Eckerstorfer et al. (2020)
Reis	CRISPR SDN-1	agronomisch relevantes Merkmal	Ertragssteigerung	Samengröße, Samengewicht	Ji et al. (2017) in Modrzejewski et al. (2019)
Reis	CRISPR SDN-1	agronomisch relevantes Merkmal	Ertragssteigerung	Erhöhte Samenbildung	Qian et al. (2017) in Modrzejewski et al. (2019), Eckerstorfer et al. (2019)
Reis	CRISPR	agronomisch relevantes Merkmal	Ertragssteigerung	verbesserte Fotosyntheseleistung, erhöhte Biomasse	Gelinsky (2019)
Reis	CRISPR SDN-2	agronomisch relevantes Merkmal	Herbizidtoleranz		Li et al. (2016); Sun et al. (2016); Butt et al. (2017); Wang et al. (2015) in Modrzejewski et al. (2019, 2020), Eckerstorfer et al. (2020)
Reis	ODM base editor	agronomisch relevantes Merkmal	Herbizidtoleranz		Okuzaki et al. (2004); Shimatani et al. (2017, 2018); Li et al. (2018) in Modrzejewski et al. (2019, 2020)

<b>Taxon</b>	<b>Technik</b>	<b>Merkmalskategorie 1</b>	<b>Merkmalskategorie 2</b>	<b>Merkmal</b>	<b>Literaturquelle</b>
Reis	TALEN SDN-1	Produktqualität	Lebens- und Futtermittel- qualität	Duftreis	Shan et al. (2015); Shen et al. (2017) in Modrzejewski et al. (2019, 2020), Eckerstorfer et al. (2020), Ku & Ha (2020)
Reis	CRISPR SDN-1	Produktqualität	Produktqualität	Veränderter Stärkegehalt (erhöhter Amylosegehalt)	Sun et al. (2017); Han et al. (2018); Fei et al. (2019) in Modrzejewski et al. (2019, 2020), Eckerstorfer et al. (2020), Ku & Ha (2020)
Reis	CRISPR SDN-1	Produktqualität	Produktqualität	Veränderter Stärkegehalt (erhöhter Amylosegehalt)	Pérez et al. (2019) in Modrzejewski et al. (2020)
Reis	CRISPR SDN-1	Produktqualität	Lebens- und Futtermittel- qualität	Reduzierung gesundheits- schädlicher Inhaltsstoffe (Ar- sengehalt)	Ye et al. (2017); Wang et al. (2017) in Modrzejewski et al. (2019, 2020)
Reis	CRISPR SDN-1	Produktqualität	Lebens- und Futtermittel- qualität	Veränderte Fettsäurezusam- mensetzung	Abe et al. (2018) in Modrzejewski et al. (2019, 2020)
Reis	CRISPR SDN-1	Produktqualität	Lebens- und Futtermittel- qualität	Reduzierung gesundheits- schädlicher Inhaltsstoffe (Cä- siumgehalt)	Nieves-Cordones et al. (2017) in Modrzejewski et al. (2019, 2020)
Reis	CRISPR SDN-1	Produktqualität	Lebens- und Futtermittel- qualität	Reduzierung gesundheits- schädlicher Inhaltsstoffe (Cad- miumgehalt in Pflanzen)	Tang et al. (2017) in Modrzejewski et al. (2019, 2020)
Reis	CRISPR SDN-1	Produktqualität	Produktqualität	Wachsreis	Zhang et al. (2018) in Modrzejewski et al. (2019, 2020)

<b>Taxon</b>	<b>Technik</b>	<b>Merkmalskategorie 1</b>	<b>Merkmalskategorie 2</b>	<b>Merkmal</b>	<b>Literaturquelle</b>
Reis	CRISPR	Produktqualität	Produktqualität	erhöhter Proteingehalt	Gelinsky (2019)
Reis	CRISPR	Produktqualität	Produktqualität	Pro(anthocyanidin)gehalt	Zhu et al. (2019) in Ku & Ha (2020)
Reis	ODM	biotische Stresstoleranz	Krankheitsresistenz		Gelinsky 2019
Reis	CRISPR SDN-1	biotische Stresstoleranz	Pilzresistenz	Resistenz gegen Reisbräune	Wang et al. (2016) in in Modrzejewski et al. (2020), Eckerstorfer et al. (2020)
Reis	CRISPR SDN-1	biotische Stresstoleranz	Pilzresistenz	Resistenz gegen Reisbräune, früheres Ährenschieben	Zhou et al. (2018). Li et al. (2019) in Modrzejewski et al. (2020)
Reis	CRISPR SDN-1	biotische Stresstoleranz	Bakterienresistenz	Resistenz gegen Bakterienbrand	Zhou et al. (2015, 2018); Liao et al. (2018); Blanvillain-Baufumé et al. (2017); USDA (2014); Li et al. (2012); Wang et al. (2017); Xie et al. (2017), Li et al. (2019) in Modrzejewski et al. (2019, 2020), Eckerstorfer et al. (2020)
Reis	TALEN SDN-1	biotische Stresstoleranz	Bakterienresistenz	Resistenz gegen das Pathogen Xoc RS105	Cai et al. (2017) in Modrzejewski et al. (2019, 2020)
Reis	CRISPR SDN-1	biotische Stresstoleranz	Virusresistenz	Resistenz gegen das Reis-Tungro-sphärische Virus	Macovei et al. (2018) in Modrzejewski et al. (2019, 2020)
Reis	CRISPR SDN-1	biotische Stresstoleranz	Virusresistenz	Resistenz gegen den schwarzgestreiften Reiszwergevirus (southern rice black-streaked dwarf virus)	Zhang et al. (2019) in Modrzejewski et al. (2020)

<b>Taxon</b>	<b>Technik</b>	<b>Merkmalskategorie 1</b>	<b>Merkmalskategorie 2</b>	<b>Merkmal</b>	<b>Literaturquelle</b>
Reis	?	biotische Stresstoleranz	Krankheitsresistenz		Xie et al. (2019) in Sprink et al. (2020)
Reis	CRISPR SDN-1	abiotische Stresstoleranz	Salztoleranz		Duan et al. (2016); Zhang et al. (2019) in Modrzejewski et al. (2019, 2020), Eckerstorfer et al. (2020)
Reis	Cisgenese	abiotische Stresstoleranz	Salztoleranz		Gelinsky (2019)
Reis	CRISPR	abiotische Stresstoleranz	Trockentoleranz		Gelinsky (2019)
Reis	CRISPR SDN-1	züchtungsrelevantes Merkmal	Wachstumseigenschaften	Männliche Sterilität	Lee et al. (2016); Li et al. (2016); Shi et al. (2018); Xie et al. (2017); Zhou et al. (2016); Zou et al. (2017); Barman et al. (2019) in Modrzejewski et al. (2019, 2020), Eckerstorfer et al. (2020)
Reis	CRISPR SDN-1	züchtungsrelevantes Merkmal	Wachstumseigenschaften	Männliche Sterilität	Shen et al. (2019) Modrzejewski et al. (2019, 2020), Eckerstorfer et al. (2020)
Reis	CRISPR SDN-1	züchtungsrelevantes Merkmal	Wachstumseigenschaften	Asexuelle Reproduktion	Khanday et al. (2019) in Modrzejewski et al. (2020)
Reis	CRISPR SDN-1	agronomisch relevantes Merkmal	Wachstumseigenschaften	frühe Reife	Li et al. (2017) in Modrzejewski et al. (2019, 2020), Eckerstorfer et al. (2020)
Rübsen	CRISPR	agronomisch relevantes Merkmal	Wachstumseigenschaften	Blüte, früher Blühzeitpunkt	Murovec et al. (2018), Sun et al. (2013) in Xu et al. (2019)
Salat	CRISPR SDN-1	Produktqualität	Produktqualität, Lebens- und Futtermittelqualität	Erhöhter Ascorbinsäuregehalt (Vitamin C), verbesserte Toleranz gegenüber Oxidationsstress	Zhang et al. (2018) in Modrzejewski et al. (2020)

<b>Taxon</b>	<b>Technik</b>	<b>Merkmalskategorie 1</b>	<b>Merkmalskategorie 2</b>	<b>Merkmal</b>	<b>Literaturquelle</b>
Salat	CRISPR SDN-1	Produktqualität	Produktqualität	Verlangsamte Bräunung der Blätter	in Modrzejewski et al. (2020)
Salat	CRISPR	Produktqualität	Metabolismus	Verminderte Brassinosteroidantwort	Woo et al. (2015) in Xu et al. (2019)
Senf	CRISPR	andere Merkmale	abiotischer Stress	Wurzelhaarentwicklung (unter Stress)	Kirchner et al. (2017, 2018) in Xu et al. (2019)
Sojabohne	CRISPR SDN-1	agronomisch relevantes Merkmal	Wachstumseigenschaften/Ertragseigenschaften	Späte Blüte unter Kurztagbedingungen, erhöhte Schoten- und Samenanzahl pro Pflanze	Cai et al. (2018, 2019) in Modrzejewski et al. (2019, 2020)
Sojabohne	CRISPR SDN-1	agronomisch relevantes Merkmal	Wachstumseigenschaften	Veränderte Blattstiellänge	In Modrzejewski et al. (2020)
Sojabohne	CRISPR SDN- 1	agronomisch relevantes Merkmal	Wachstumseigenschaften	Aufbau der Pflanze, Plastochron Länge	Bao et al. (2019)
Sojabohne	CRISPR SDN-1	agronomisch relevantes Merkmal	Wachstumseigenschaften	Pflanzengröße und Internodium-Länge	Cheng et al. (2019)
Sojabohne	CRISPR	agronomisch relevantes Merkmal	Ertragssteigerung	Ertragssteigerung	Gelinsky (2019)
Sojabohne	CRISPR SDN-2	agronomisch relevantes Merkmal	Herbizidtoleranz		Li et al. (2015) Modrzejewski et al. (2019, 2020)
Sojabohne	CRISPR SDN-3	agronomisch relevantes Merkmal	Herbizidtoleranz		Chilcoat et al. (2017) in Modrzejewski et al. (2019, 2020)

Taxon	Technik	Merkmalskategorie 1	Merkmalskategorie 2	Merkmal	Literaturquelle
Sojabohne	CRISPR-Cms1	agronomisch relevantes Merkmal	Herbizidtoleranz		Gelinsky (2019)
Sojabohne	CRISPR SDN-1	Produktqualität	Lebens- und Futtermittelqualität	Hoher Ölsäuregehalt, geringer Linolsäuregehalt	Al Amin et al. (2019) in Modrzejewski et al. (2020)
Sojabohne	CRISPR	Produktqualität	Lebens- und Futtermittelqualität	erhöhter Proteingehalt (als Einsatz in Aquakulturen als Fischfutter)	Gelinsky (2019)
Sojabohne	CRISPR SDN-1	Produktqualität	Lebens- und Futtermittelqualität	Veränderte Inhaltsstoffe	Gelinsky (2019)
Sojabohne	CRISPR Cms1	Produktqualität	Lebens- und Futtermittelqualität	verändertes Protein- und Aminosäureprofil, verbesserte Verdaulichkeit, niedriger Gehalt an Trypsin Inhibitoren	Gelinsky (2019)
Sojabohne	TALEN	Produktqualität	Lebens- und Futtermittelqualität	Weniger mehrfach ungesättigte Fettsäuren	Haun et al. (2014); Demorest et al. (2016) in Eckerstorfer et al. (2020), Ku & Ha (2020)
Sojabohne	ODM?	biotische Stresstoleranz	Krankheitsresistenz		Gelinsky (2019)
Sojabohne	CRISPR	biotische Stresstoleranz	Nematodenresistenz		Gelinsky (2019)
Sojabohne	CRISPR SDN-1	abiotische Stresstoleranz	Trocken- und Salztoleranz		USDA (2017) in Modrzejewski et al. (2019, 2020)

<b>Taxon</b>	<b>Technik</b>	<b>Merkmalskategorie 1</b>	<b>Merkmalskategorie 2</b>	<b>Merkmal</b>	<b>Literaturquelle</b>
Sojabohne	CRISPR	biotische Stresstoleranz	Arthropodenresistenz	Resistenz gegen die südliche Stinkwanze ( <i>Netera viridula</i> )	Gelinsky (2019)
Tabak	Meganuklease SDN-1	industrielles Merkmal	Produktqualität	Reduzierter Nikotingehalt	USDA (2011) in Modrzejewski et al. (2019), Gelinsky (2019), Ku & Ha (2020)
Tabak	CRISPR SDN- 1	industrielles Merkmal	Produktqualität	Erhöhter Ölgehalt im Samenöl	Tian et al. (2020)
Tabak	CRISPR SDN-1	industrielles Merkmal	Produktqualität	Reduzierter Nikotingehalt	Schachtsiek et al. (2019) in Modrzejewski et al. (2020)
Tomate	CRISPR SDN-1	agronomisch relevantes Merkmal	Ertragssteigerung	Schnellere Fruchtreife	Ito et al. (2015); Wang et al. (2019) in Modrzejewski et al. (2019, 2020)
Tomate	TALEN SDN-1	agronomisch relevantes Merkmal	Wachstumseigenschaften	Größere Keimlinge	Lor et al. (2014) in Modrzejewski et al. (2019, 2020)
Tomate	CRISPR SDN-1	agronomisch relevantes Merkmal	Wachstumseigenschaften	Zwergwuchs	Tomlinson et al. (2019) in Modrzejewski et al. (2020)
Tomate	CRISPR SDN-1	agronomisch relevantes Merkmal	Wachstumseigenschaften	Frühe Blüte	Soyk et al. (2017) in Modrzejewski et al. (2019, 2020), Eckerstorfer et al. (2020)
Tomate	CRISPR SDN-1	agronomisch relevantes Merkmal	Wachstumseigenschaften	Leichtere Trennung der Frucht vom Stiel	USDA (2018) in Modrzejewski et al (2019, 2020), Gelinsky (2019)

<b>Taxon</b>	<b>Technik</b>	<b>Merkmalskategorie 1</b>	<b>Merkmalskategorie 2</b>	<b>Merkmal</b>	<b>Literaturquelle</b>
Tomate	CRISPR SDN-1	agronomisch relevantes Merkmal	Ertragssteigerung	Fruchtgröße	Rodríguez-Leal et al. (2017) in Modrzejewski et al. (2019, 2020), Eckerstorfer et al. (2019)
Tomate	CRISPR SDN-1	agronomisch relevantes Merkmal	Ertragssteigerung	Stark verzweigte Blütenstände und Bildung sehr vieler Blüten	Rodríguez-Leal et al. (2017) in Modrzejewski et al. (2020), Eckerstorfer et al. (2020)
Tomate	CRISPR SDN-1, SDN-3	agronomisch relevantes Merkmal	Wachstumseigenschaften	Fruchtfarbe (gelb, orange, pink)	Hayut et al. (2017); Dahan-Meir et al. (2018); D'Ambrosio et al. (2018); Deng et al. (2018) in Modrzejewski et al. (2019, 2020), Eckerstorfer et al. (2020); Xu et al. (2019)
Tomate	CRISPR	agronomisch relevantes Merkmal	Wachstumseigenschaften	Gibberellin Antwort und Zwergwuchs	Tomlinson et al. (2019) in Xu et al. (2019)
Tomate	CRISPR	agronomisch relevantes Merkmal	Wachstumseigenschaften	reduzierte Pollenentwicklung	Chen et al. (2018) in Xu et al. (2019)
Tomate	CRISPR	agronomisch relevantes Merkmal	Wachstumseigenschaften	veränderte Locule-Anzahl	Rodríguez-Leal et al. (2017) in Xu et al. (2019)
Tomate	CRISPR	agronomisches Merkmal?	Wachstumseigenschaften	"jointless" keine Abszission, Verzweigung	Roldan et al. (2017), Soyk et al. (2017) in Xu et al. (2019)
Tomate	CRISPR	agronomisches Merkmal?	Produktqualität	erhöhter Lycopengehalt	Soyk et al. (2017) in Xu et al. (2019)
Tomate	CRISPR	agronomisches Merkmal	Wachstumseigenschaften	Blütenarchitektur	Xu et al. (2016) in Xu et al. (2019)
Tomate	ZFN	agronomisches Merkmal	Wachstumseigenschaften	Pflanzenarchitektur	Hilioti et al. (2016) in Xu et al. (2019)

<b>Taxon</b>	<b>Technik</b>	<b>Merkmalskategorie 1</b>	<b>Merkmalskategorie 2</b>	<b>Merkmal</b>	<b>Literaturquelle</b>
Tomate	CRISPR	agronomisches Merkmal	Wachstumseigenschaften	verzögerte Fruchtreifung	Ito et al. (2015) in Xu et al. (2019), Ku & Ha (2020)
Tomate	TALEN	agronomisches Merkmal	Wachstumseigenschaften, Ertragssteigerung	GA Antwort und größere Pflanzen	Lor et al. (2014) in Xu et al. (2019)
Tomate	CRISPR	agronomisches Merkmal	Wachstumseigenschaften	Blattmorphologie	Brooks et al. (2014) in Xu et al. (2019)
Tomate	CRISPR	agronomisches Merkmal	Wachstumseigenschaften	Blattseneszenz	Ding et al. (2018) in Xu et al. (2019)
Tomate	CRISPR SDN-1	agronomisch relevantes Merkmal	Herbizidtoleranz		Danilo (2019) in Modrzejewski et al. (2020)
Tomate	CRISPR SDN-1	Produktqualität	Produktqualität	Kernlose Früchte	Klap et al. (2017) in Modrzejewski et al. (2019, 2020), Eckerstorfer et al. (2020)
Tomate	CRISPR SDN-1	Produktqualität	Produktqualität	Kernlose Früchte	Ueta et al. (2017) in Modrzejewski et al. (2019, 2020), Eckerstorfer et al. (2020)
Tomate	CRISPR SDN-1	Produktqualität	Lebens- und Futtermittelqualität	Erhöhung gesundheitsfördernder Inhaltsstoffe (Erhöhter GABA-Gehalt)	Lee et al. (2018) Modrzejewski et al. (2019, 2020)
Tomate	CRISPR SDN-1	Produktqualität	Lebens- und Futtermittelqualität	Erhöhung gesundheitsfördernder Inhaltsstoffe (Erhöhter GABA-Gehalt)	Nonaka et al. (2017) in Modrzejewski et al. (2019, 2020), Ku & Ha (2020)

<b>Taxon</b>	<b>Technik</b>	<b>Merkmalskategorie 1</b>	<b>Merkmalskategorie 2</b>	<b>Merkmal</b>	<b>Literaturquelle</b>
Tomate	CRISPR SDN-1	Produktqualität	Lebens- und Futtermittelqualität	Erhöhter Lycopin-Gehalt, Fruchtreife, Ethylen Produktion	Li et al. (2018) in Modrzejewski et al. (2019, 2020), Ku & Ha (2020)
Tomate	CRISPR SDN-1	Produktqualität	Produktqualität	Längere Lagerung bei Zimmertemperatur	Yu et al. (2017) in Modrzejewski et al. (2019, 2020), Ku & Ha (2020)
Tomate	CRISPR	Produktqualität	Lebensmittelqualität	Gesundheitsfördernder Inhaltsstoff ( $\gamma$ -Aminobuttersäure GABA)	Li et al. (2018) in Ku & Ha (2020)
Tomate	CRISPR	Produktqualität	Lebensmittelqualität	Fruchtentwicklung, Reifung	Wang R. et al. (2019), Yang et al. (2017) in Xu et al. (2019)
Tomate	CRISPR	Produktqualität	Lebensmittelqualität	Zellwand, Fruchtfarbe, Festigkeit	Wang D. et al. (2018) in Xu et al. (2019)
Tomate	CRISPR	Produktqualität	Lebensmittelqualität	reduzierte Ethylen Produktion, verzögerte Fruchtentwicklung (Reife)	Hu et al. (2019), Ito et al (2017), Jung et al. (2018) in Xu et al. (2019), Ku & Ha (2020)
Tomate	CRISPR	Produktqualität	Lebensmittelqualität	Zellwand	Boase et al. (2018) in Xu et al. (2019)
Tomate	CRISPR	Produktqualität	Lebensmittelqualität	Redox-Regulierung	Kakeshpour et al. (2018) in Xu et al. (2019)
Tomate	CRISPR	Produktqualität	Lebensmittelqualität	Fruchtreifung, Lycopingehalt, Ethylen und Carotenoid Biosynthese	Li et al. (2018) in Xu et al. (2019), Ku & Ha (2020)
Tomate	CRISPR	Produktqualität	Lebensmittelqualität	Fruchtmetabolismus, Reife verringerte Oxalsäure	Gago et al. (2017) in Xu et al. (2019), Ku & Ha (2020)

<b>Taxon</b>	<b>Technik</b>	<b>Merkmalkategorie 1</b>	<b>Merkmalkategorie 2</b>	<b>Merkmal</b>	<b>Literaturquelle</b>
Tomate	CRISPR TA-LEN	Produktqualität	Lebensmittelqualität	Erhöhte Anthocyan Biosynthese	Cermak et al. (2015) in Xu et al. (2019) and Ku & Ha (2020)
Tomate	CRISPR SDN-1	biotische Stresstoleranz	Pilzresistenz	Resistenz gegen Mehltau	Nekrasov et al. (2017) in Modrzejewski et al. (2019, 2020), Eckerstorfer et al. (2020)
Tomate	CRISPR SDN-1	biotische Stresstoleranz	Virusresistenz	Virusresistenz (Tomato Yellow Leaf Virus)	Mahfouz et al. (2017) in Modrzejewski et al. (2019, 2020)
Tomate	CRISPR SDN-1	biotische Stresstoleranz	Bakterienresistenz	Krankheitsresistenz gegen verschiedene Pathogene (P. syringae, P. capsici, Xanthomonas spp.)	Toledo et al. (2016) in Modrzejewski et al. (2019, 2020)
Tomate	CRISPR SDN-1	biotische Stresstoleranz	Bakterienresistenz	Resistenz gegen Blatt- und Fruchtfleckenkrankheit	Ortigosa et al. (2019) in Modrzejewski et al. (2020)
Tomate	CRISPR SDN-1	biotische Stresstoleranz	Pilzresistenz	Resistenz gegen Mehltau	Santillán Martínez et al. (2020)
Tomate	CRISPR	biotische Resistenz	Virusresistenz	Virusresistenz (yellow leaf curl virus)	Tashkandi et al. (2018) in Xu et al. (2019)
Tomate	CRISPR	biotische Resistenz	Virusresistenz	Toleranz gegen Fusarium	Prihatna et al. (2018) in Xu et al. (2019)
Tomate	CRISPR	abiotische Stresstoleranz	Trockentoleranz	Trockenstresstoleranz	Wang et al. (2017) in Xu et al. (2019)
Tomate	CRISPR	abiotische Stresstoleranz	Kältetoleranz	Kältetoleranz	Li et al. (2018) in Xu et al. (2019)

<b>Taxon</b>	<b>Technik</b>	<b>Merkmalskategorie 1</b>	<b>Merkmalskategorie 2</b>	<b>Merkmal</b>	<b>Literaturquelle</b>
Tomate ( <i>S. pimpinellifolium</i> )	CRISPR	Produktqualität	Lebensmittelqualität	erhöhter Vitamin C Gehalt	Li et al. (2018) in Ku & Ha (2020)
Walderdbeere	CRISPR SDN-1	agronomisches Merkmal	Wachstumseigenschaften	schnellere Keimlingsentwicklung	Zhou et al. (2018) in Modrzejewski et al. (2019, 2020)
Wassermelone	CRISPR	agronomisches Merkmal	Herbizidtoleranz	ALS Resistenz	Tian et al. (2018) in Xu et al. (2019)
Wein	Cisgenese	biotische Stresstoleranz	Pilzresistenz		Gelinsky (2019)
Wein	Transgrafting	biotische Stresstoleranz	Bakterienresistenz	Resistenz gegen Rebstock Krankheit (Pierce disease)	Gelinsky (2019)
Wein	CRISPR	Produktqualität	veränderter Biosynthese	veränderte Weinsäurebiosynthese	Ren et al. (2016) in Bewg et al. (2018), Ku & Ha (2020)
Wein	CRISPR	biotische Stresstoleranz	Krankheitsresistenz	Resistenz gegen Mehltau, Feuerbrand	Malnoy et al. (2016) in Bewg et al. (2018)
Weizen	Base Editor	agronomisch relevantes Merkmal	Herbizidtoleranz		Zhang et al. (2019) in Modrzejewski et al. (2020)
Weizen	CRISPR	Produktqualität	Lebensmittelqualität	Geringer Glutengehalt	Sánchez-León et al. (2018) in Ku & Ha (2020)
Weizen	CRISPR	Produktqualität	Lebensmittelqualität	Erhöhter Proteingehalt und Gewicht	Zhang et al. (2018) in Ku & Ha (2020)

Taxon	Technik	Merkmalskategorie 1	Merkmalskategorie 2	Merkmal	Literaturquelle
Weizen	TALEN SDN-1	biotische Stresstoleranz	Pilzresistenz	Resistenz gegen Mehltau	USDA (2015) in Modrzejewski et al. (2019),
Weizen	CRISPR SDN-1	biotische Stresstoleranz	Pilzresistenz	Resistenz gegen Mehltau	Zhang et al. (2017) in Modrzejewski et al. (2019, 2020)
Weizen	ODM	biotische Stresstoleranz	Krankheitsresistenz		Gelinsky 2019
Weizen	CRISPR	biotische Stresstoleranz	Krankheitsresistenz		Gelinsky 2019
Weizen	CRISPR SDN-1	züchtungsrelevantes Merkmal	Wachstumseigenschaften	Männliche Sterilität, Hybridweizen	Singh et al. (2018); Okada et al. (2019) in Modrzejewski et al. (2020); Gelinsky (2019)
wilde Tomate ( <i>S. pimpinellifolium</i> )	CRISPR	agronomisches Merkmal	Wachstumseigenschaften	Entwicklung und Pflanzenarchitektur (de novo Domestikation)	Zsögön et al. (2017) in Xu et al. (2019) and Ku & Ha (2020)
Zitrone	CRISPR	biotische Stresstoleranz	Bakterienresistenz	Resistance gegen Zitrusfruchtkrebs	Jia H, et al. (2017) in Modrzejewski et al. (2019), Eckerstorfer et al. (2019)
Zitrus (Grapefruit, Orange)	CRISPR	biotische Stresstoleranz	Krankheitsresistenz	Resistenz gegen Zitrusfruchtkrebs	Jia et al. (2016, 2017), Peng et al. (2017) in Bewg et al. (2018)
Zitrus (Orange)	CRISPR	biotische Stresstoleranz	Krankheitsresistenz	Resistenz gegen Huanglongbin (Zitrusgrünkrankheit)	Zhang et al. (2018)
Zuckerrohr	TALEN SDN-1	industrielles Merkmal	Produktqualität	Reduktion von Lignin	Jung et al. (2016), Kannan et al. (2018) in Modrzejewski et al. (2019), Eckerstorfer et al. (2019)

Tab. 23: Ergebnisse der Literaturrecherche zu genom-editierten Tieren (? = unbekannt, GD = Gene Drive)

Taxon	Art	Technik	Merkmalskategorie 1	Merkmalskategorie 2	Merkmal	Literaturquelle
Amphibien	Kröte (cane toad) <i>Rhinella marina</i>	?	Umweltwirkung		toxinfrei	Mitchell (2017)
Fisch	Atlantischer Lachs <i>Salmo salar</i>	CRISPR	proof of concept		Pigmentierung	Edvardsen et al. (2014) in Gratacap et al. (2019)
Fisch	Atlantischer Lachs <i>Salmo salar</i>	CRISPR	Zucht/Haltung	Fortpflanzung	Sterilität	Wargelius et al. (2016) in Gratacap et al. (2019)
Fisch	Atlantischer Lachs <i>Salmo salar</i>	CRISPR	Produktqualität	Lebensmittelqualität	Omega-3 Stoffwechsel	Datsomor et al. (2019) in Gratacap et al. (2019)
Fisch	Atlantischer Lachs <i>Salmo salar</i>	CRISPR	Zucht/Haltung	Krankheitsresistenz	Resistenz gegen Seeläuse	The Fish Site (2020)
Fisch	Brasse <i>Abramis</i> sp.	?	Produktqualität	Lebensmittelqualität	Fleischqualität	Kishimoto et al. (2018)
Fisch	gelber Wels <i>Pelteobagrus fulvidraco</i>	ZFN	Zucht/Haltung	Produktivität	Muskelwachstum	Dong et al. (2011) in Sovova et al. (2017)
Fisch	Getüpfelter Gabelwels <i>Ictalurus punctatus</i>	CRISPR	Zucht/Haltung	Produktivität	Muskelwachstum	Khalil et al. (2017) in Gratacap et al. (2019)
Fisch	Getüpfelter Gabelwels <i>Ictalurus punctatus</i>	CRISPR	Zucht/Haltung	Immunität		Elaswad et al. (2018) & Qin et al (2016) in Gratacap et al. (2019)

Taxon	Art	Technik	Merkmalskategorie 1	Merkmalskategorie 2	Merkmal	Literaturquelle
Fisch	Getüpfelter Gabelwels <i>Ictalurus punctatus</i>	CRISPR	Zucht/Haltung	Fortpflanzung	Sterilität	Elaswad et al. (2018) & Qin et al (2016) in Gratacap et al. (2019)
Fisch	Goldbrasse <i>Sparus aurata</i>	CRISPR	Zucht/Haltung	Produktivität	Muskelwachstum	Kishimoto et al. (2018) in Gratacap et al. (2019)
Fisch	Graskarpfen <i>Ctenopharyngodon idella</i>	CRISPR	Zucht/Haltung	Krankheitsresistenz	Virusresistenz	Ma et al. (2018) in Gratacap et al. (2019)
Fisch	Karpfen <i>Cyprinus carpio</i>	CRISPR	Zucht/Haltung	Produktivität	Wachstumssteigerung	Zhong et al (2016) in Gratacap et al. (2019)
Fisch	Makrele <i>Scomber</i> sp.	?	Zucht/Haltung	Verhalten	langsamere Bewegung, geringere Aggressivität	Higuchi et al. (2019)
Fisch	Nil-Tilapia <i>Oreochromis niloticus</i>	CRISPR	Zucht/Haltung	Reproduktion		Li et al. (2014), Li et al. (2015), Jiang et al. (2016), Jiang et al. (2017), Feng et al (2015) & Zhang et al. (2014) in Gratacap et al. (2019)
Fisch	Nil-Tilapia <i>Oreochromis niloticus</i>	CRISPR	Zucht/Haltung	Reproduktion	Geschlechtsumwandlung	Xie et al. (2016) in Gratacap et al. (2019)
Fisch	Neunauge <i>Lethenteron morii</i>	CRISPR	proof of concept	Pigmentierung		Zu et al. (2016) in Gratacap et al. (2019)
Fisch	Regenbogenforelle <i>Oncorhynchus mykiss</i>	CRISPR	Zucht/Haltung	Produktivität	Wachstumssteigerung	Cleveland et al. (2018) in Gratacap et al. (2019)

Taxon	Art	Technik	Merkmalskategorie 1	Merkmalskategorie 2	Merkmal	Literaturquelle
Fisch	Rohu Karpfen <i>Labeo rohita</i>	CRISPR	Zucht/Haltung	Immunität		Chakrapani et al. (2016) in Gratacap et al. (2019)
Fisch	Wels <i>Silurus meridionalis</i>	CRISPR	Zucht/Haltung	Keimzellenentwicklung		Li et al. (2016) in Gratacap et al. (2019)
Fisch	Thunfisch <i>Thunnus</i> sp.		Zucht/Haltung	Verhalten	langsamere Bewegung, geringere Aggressivität	Higuchi et al. (2019)
Fisch	Tilapia <i>Oreochromis niloticus</i>		Zucht/Haltung	Produktivität	Wachstumssteigerung	Gratacap et al. (2019)
Insekt	Mittelmeerfruchtfliege <i>Ceratitis capitata</i>	GD (CRISPR)	Populationskontrolle		Infertilität, verzerrtes Geschlechterverhältnis in der Population	KaramiNejadRanjabar et al. (2018) in CSS, ENSEER & VDW (2019)
Insekt	Stechmücke <i>Culex quinquefasciatus</i>	GD (CRISPR)	Populationskontrolle		Weibliche Sterilität	DARPA (2017) & BBSRC (2018) in CSS, ENSEER & VDW (2019)
Insekt	Kirschessigfliege <i>Drosophila suzukii</i>	GD (MEDEA)	Populationskontrolle, proof of concept		Fluoreszenz Augenfarbe	Buchman et al. (2018) in CSS, ENSEER & VDW (2019)
Insekt	Frucht-, Bohrflye (Tephritidae)					Sim et al. (2019)
Mollusken	Pazifische Auster <i>Crassostrea gigas</i>	CRISPR	Zucht/Haltung	Produktivität	Wachstumssteigerung	Yu et al. (2019) in Gratacap et al. (2019)

Taxon	Art	Technik	Merkmalskategorie 1	Merkmalskategorie 2	Merkmal	Literaturquelle
Reptilien			proof of concept			Genetic Literacy Project (2021)
Säugetier	Hund <i>Canis</i> sp.	CRISPR	Produktqualität		Muskelwachstum	Zou et al. (2015) in Zhao et al. (2019)
Säugetier	Maus <i>Mus musculus</i>	GD (CRISPR)	proof of concept		Fellfarbe	Grunwald et al. (2019) in CSS, ENSEER & VDW (2019)
Säugetier	Maus <i>Mus musculus</i>	GD (T-Haplotyp)	Populationskontrolle		„tochterlose“ Population	Leitschuh et al. (2018) in CSS, ENSEER & VDW (2019)
Säugetier	Maus <i>Mus musculus</i>	GD (CRISPR)	Populationskontrolle		„tochterlose“ Population	GeneDriveFiles (2017) in CSS, ENSEER & VDW (2019)
Säugetier	Maus <i>Mus musculus</i>	GD (CRISPR/X-shredder)	Populationskontrolle		Weibliche Sterilität	McFarlane et al. (2018) in CSS, ENSEER & VDW (2019)
Säugetier	Pferd <i>Equus</i> sp.	?	Produktqualität		Muskelentwicklung	Norero (2018)
Säugetier	Ratte <i>Rattus norvegicus</i>	GD (CRISPR/Xshredder)	Populationskontrolle		Weibliche Sterilität	McFarlane et al. (2018) in CSS, ENSEER & VDW (2019)
Säugetier	Rind <i>Bos</i> sp.	TALEN, SDN-1	Zucht/Haltung	Produktivität	Muskelwachstum	Proudfoot et al. (2015) in Kwall et al. (2020)
Säugetier	Rind <i>Bos</i> sp.	TALEN, SDN-3	Zucht/Haltung		Hornlosigkeit	Carlson et al. (2016) in Kwall et al. (2020)

Taxon	Art	Technik	Merkmalskategorie 1	Merkmalskategorie 2	Merkmal	Literaturquelle
Säugetier	Rind <i>Bos</i> sp.	ZNF, SDN-3	Zucht/Haltung	Krankheitsresistenz	Mastitis-Resistenz	Liu et al. (2014) in Kawall et al. (2020)
Säugetier	Rind <i>Bos</i> sp.	TALEN, SDN-3	Zucht/Haltung	Krankheitsresistenz	geringere TBC-Anfälligkeit	Wu et al. (2015) in Kawall et al. (2020)
Säugetier	Rind <i>Bos</i> sp.	CRISPR, SDN-3	Zucht/Haltung	Krankheitsresistenz	geringere TBC-Anfälligkeit	Gao et al. (2017) in Kawall et al. (2020)
Säugetier	Rind <i>Bos</i> sp.		Zucht/Haltung	Krankheitsresistenz	Resistenz gegen „bovine respiratory disease“	Genetic Literacy Project (2021)
Säugetier	Rind <i>Bos</i> sp.	ZFN	Produktqualität	Lebensmittelqualität	Beta-Lactoglobulin in Milch (Allergenreduktion)	Yu et al. (2011) & Wei (2015) in Sovova et al. (2017)
Säugetier	Rind <i>Bos</i> sp.	ZFN	Zucht/Haltung	Produktivität	Muskelwachstum	Luo et al. (2014) in Sovova et al. (2017)
Säugetier	Rind <i>Bos</i> sp.	ZFN	Zucht/Haltung	Krankheitsresistenz	Mastitis-Resistenz	Liu et al. (2014) in Sovova et al. (2017)
Säugetier	Rind <i>Bos</i> sp.	TALEN	Zucht/Haltung		Hornlosigkeit	Tan et al. (2013) in Sovova et al. (2017)
Säugetier	Rind <i>Bos</i> sp.	TALEN	Zucht/Haltung	Produktivität	Muskelwachstum	Proudfoot et al. (2015) in Sovova et al. (2017)
Säugetier	Rind <i>Bos</i> sp.	TALEN	Produktqualität	Lebensmittelqualität	Beta-Lactoglobulin in Milch (Allergenreduktion)	Wei et al. (2015) in Sovova et al. (2017)

Taxon	Art	Technik	Merkmalskategorie 1	Merkmalskategorie 2	Merkmal	Literaturquelle
Säugetier	Rind <i>Bos</i> sp.	TALEN	Zucht/Haltung		Hornlosigkeit	Tan et al. (2013) in Sovova et al. (2017)
Säugetier	Rind <i>Bos</i> sp.	ZFN	Zucht/Haltung	Krankheitsresistenz	Bakterienresistenz gegen „Mannheimia“	Shanthalingam et al. (2016) in Tait-Burkard (2018)
Säugetier	Rind <i>Bos</i> sp.		Zucht/Haltung		Hitzetoleranz	Genetic Literacy Project (2021)
Säugetier	Rind <i>Bos</i> sp.		Zucht/Haltung	Fortpflanzung	nur männliche Nachkommen	Genetic Literacy Project (2021)
Säugetier	Rind <i>Bos</i> sp.	CRISPR	Zucht/Haltung		Hitzetoleranz	Laible et al. (2020)
Säugetier	Rind <i>Bos</i> sp.		Zucht/Haltung	Krankheitsresistenz	Resistenz gegen „east coast fever“	ILRI (n.i.)
Säugetier	Schaf <i>Ovis</i> sp.	CRISPR, SDN-1	Zucht/Haltung	Produktivität	Muskelwachstum	Crispo et al. (2015) & Wang et al. (2016a) in Kawall et al. (2020)
Säugetier	Schaf <i>Ovis</i> sp.	TALEN, SDN-1	Zucht/Haltung	Produktivität	Muskelwachstum	Proudfoot et al. (2015) in Kawall et al. (2020)
Säugetier	Schaf <i>Ovis</i> sp.	CRISPR, SDN-1	Zucht/Haltung	Produktivität	Wolle, Haarlänge	Li et al. (2017) in Kawall et al. (2020)
Säugetier	Schaf <i>Ovis</i> sp.	ZFN	Zucht/Haltung	Produktivität	Muskelwachstum	Zhang et al. (2014a) in Sovova et al. (2017)
Säugetier	Schaf <i>Ovis</i> sp.	TALEN	Zucht/Haltung	Produktivität	Muskelwachstum	Proudfoot et al. (2015) in Sovova et al. (2017)

Taxon	Art	Technik	Merkmalskategorie 1	Merkmalskategorie 2	Merkmal	Literaturquelle
Säugetier	Schaf <i>Ovis sp.</i>	CRISPR	Zucht/Haltung	Produktivität	Muskelwachstum	Han et al. (2014) & Crispo et al. (2015) in Sovova et al. (2017)
Säugetier	Schwein <i>Sus sp.</i>	TALEN, SDN-1	Zucht/Haltung	Produktivität	Muskelwachstum	Jin-Dan et al. (2017) in Kawall et al. (2020)
Säugetier	Schwein <i>Sus sp.</i>	CRISPR, SDN-1	Zucht/Haltung	Krankheitsresistenz	Virusresistenz (Porcine Reproductive and Respiratory Syndrome)	Burkard et al. (2017), Burkard et al. (2018) & Whitworth et al. (2016) in Kawall et al. (2020)
Säugetier	Schwein <i>Sus sp.</i>	CRISPR/Cas9, SDN-2	Zucht/Haltung	Krankheitsresistenz	Resistenz gegen Afrikanische Schweinepest	Xie et al. (2018) in Kawall et al. (2020)
Säugetier	Schwein <i>Sus sp.</i>	CRISPR/Cas9, SDN-1	Zucht/Haltung	Krankheitsresistenz	Virusresistenz (Transmissible gastroenteritis virus)	Whitworth et al. (2019) in Kawall et al. (2020)
Säugetier	Schwein <i>Sus sp.</i>	CRISPR/Cas9, SDN-3	Zucht/Haltung	Krankheitsresistenz	Virusresistenz (Transmissible gastroenteritis virus)	Hubner et al. (2018) in Kawall et al. (2020)
Säugetier	Schwein <i>Sus sp.</i>	ZFN	Zucht/Haltung	Krankheitsresistenz	Resistenz gegen Afrikanische Schweinepest	Lillico et al. (2013) in Sovova et al. (2017)
Säugetier	Schwein <i>Sus sp.</i>	ZFN	Zucht/Haltung	Produktivität	Muskelwachstum	Huang et al. (2014a) & Qian et al. (2015) in Sovova et al. (2017)
Säugetier	Schwein <i>Sus sp.</i>	TALEN	Zucht/Haltung	Krankheitsresistenz	Resistenz gegen Afrikanische Schweinepest	Carlson et al. (2012) & Lillico et al. (2013) in Sovova et al. (2017)

Taxon	Art	Technik	Merkmalkategorie 1	Merkmalkategorie 2	Merkmal	Literaturquelle
Säugetier	Schwein <i>Sus sp.</i>	CRISPR	Zucht/Haltung	Produktivität	Muskelwachstum	Wang et al. (2015a) in Sovova et al. (2017)
Säugetier	Schwein <i>Sus sp.</i>		Produktqualität	Lebensmittelqualität	Reduktion Ebergeschmack	Sonstegard et al. (2016) in Tait-Burkard et al. (2018)
Säugetier	Schwein <i>Sus sp.</i>				Sterilität	Park et al. (2017) in Tait-Burkard et al. (2018)
Säugetier	Schwein <i>Sus sp.</i>		Zucht/Haltung	Krankheitsresistenz	Virusresistenz (Porcine Reproductive and Respiratory Syndrome)	Genetic Literacy Project (2021)
Säugetier	Schwein <i>Sus sp.</i>		Zucht/Haltung	Fortpflanzung	Kastrationsfrei	Genetic Literacy Project (2021)
Säugetier	Schwein <i>Sus sp.</i>				Stresstoleranz	University of Guelph (2021)
Säugetier	Schwein <i>Sus sp.</i>		Produktqualität	Größe	kleinere Körpergröße (micropig)	Cyranoski (2015)
Säugetier	Ziege <i>Capra sp.</i>	CRISPR, SDN-1	Zucht/Haltung	Produktivität	Muskelwachstum	He et al. (2018) in Kawall et al. (2020)
Säugetier	Ziege <i>Capra sp.</i>	CRISPR, SDN-1	Zucht/Haltung	Produktivität	Wolle, Haarlänge	Wang et al. (2016b) in Kawall et al. (2020)
Säugetier	Ziege <i>Capra sp.</i>	ZFN	Produktqualität	Lebensmittelqualität	beta-Lactoglobulin in Milch (Allergenreduktion)	Xiong et al. (2013) & Song et al. (2015) in Sovova et a. (2017)

Taxon	Art	Technik	Merkmalskategorie 1	Merkmalskategorie 2	Merkmal	Literaturquelle
Säugetier	Ziege <i>Capra</i> sp.	TALEN	Produktqualität	Lebensmittelqualität	beta-Lactoglobulin in Milch (Allergenreduktion)	Cui et al. (2015) in Sovova et al. (2017)
Säugetier	Ziege <i>Capra</i> sp.	TALEN	Produktqualität	Lebensmittelqualität	humanes Lactoferrin in Milch (Anreicherung)	Cui et al. (2015) in Sovova et al. (2017)
Säugetier	Ziege <i>Capra</i> sp.	CRISPR	Zucht/Haltung	Produktivität	Muskelwachstum	Ni et al. (2014) & Wang et al. (2015c) in Sovova et al. (2017)
Säugetier	Ziege <i>Capra</i> sp.	CRISPR	Produktqualität	Lebensmittel-qualität	beta-Lactoglobulin in Milch (Allergenreduktion)	Ni et al. (2014) in Sovova et al. (2017)
Säugetier	Ziege <i>Capra</i> sp.	CRISPR	Zucht/Haltung	Produktivität	Wolle, Haarlänge	Wang et al. (2015c) in Sovova et al. (2017)
Vogel	Huhn <i>Gallus</i> sp.	CRISPR, SDN-1	Produktqualität	Lebensmittel-qualität	Allergenreduktion im Ei	Oishi et al. (2016) in Kawall et al. (2020)
Vogel	Huhn <i>Gallus</i> sp.	TALEN, SDN-1	Produktqualität	Lebensmittel-qualität	Allergenreduktion im Ei	Park et al. (2014) in Kawall et al. (2020)
Vogel	Huhn <i>Gallus</i> sp.	CRISPR	Produktqualität	Lebensmittel-Qualität	Humanes Interferon beta in Eiweiß	Oishi et al. (2018) in Lee et al. (2020)
Vogel	Huhn <i>Gallus</i> sp.		Zucht/Haltung	Fortpflanzung	Weibliche Sterilität	Taylor et al. (2017) in Tait-Burkard et al. (2018)

Taxon	Art	Technik	Merkmalskategorie 1	Merkmalskategorie 2	Merkmal	Literaturquelle
Vogel	Huhn <i>Gallus</i> sp.	CRISPR	Zucht/Haltung	Krankheitsresistenz	Resistenz gegen Leukosevirus	Koslová et al. (2020) in Lee et al. (2020)
Vogel	Huhn <i>Gallus</i> sp.	D10A-Cas9-nickase	Zucht/Haltung	Produktivität	Muskelwachstum/Muskelmasse	Kim et al. 2020 in Lee et al. (2020)
Vogel	Huhn <i>Gallus</i> sp.	CRISPR	Zucht/Haltung		GFP Marker im Geschlechtschromosom	Lee et al. 2019 in Lee et al. (2020)
Vogel	Huhn <i>Gallus</i> sp.	CRISPR	Zucht/Haltung	Produktivität	Verringerung des Brustfettanteiles	Park et al. (2019) in Lee et al. (2020)
Vogel	Wachtel <i>Coturnix</i> sp.	CRISPR	Zucht/Haltung	Produktivität	Muskelwachstum/Muskelmasse	Lee et al. (2020) in Lee et al. (2020)
Vogel	Wachtel <i>Coturnix</i> sp.	CRISPR	Zucht/Haltung		Federfarbe	Lee et al. (2019) in Lee et al. (2020)

Tab. 24: Ergebnisse der Literaturrecherche zu genom-editierten Mikroorganismen (B = Bakterien, V = Viren, P = Pilze, A = Algen, ? = unbekannt, GV = gentechnisch verändert)

Taxon	Mikroorganismus	Technik	Merkmalskategorie 1	Merkmalskategorie 2	Merkmal	Literaturquelle
<i>Nannochloropsis gaditana</i>	A	CRISPR	industrielle Anwendung	Biotreibstoffproduktion	Verdoppelte Produktion der Lipidmenge	Ajjawi et al. (2017)
<i>Chlamydomonas reinhardtii</i>	A	CRISPR	industrielle Anwendung	Metabolitenproduktion und verbesserte Photosynthese	Gesteigerte Zeaxanthinproduktion, verbesserte Fotosyntheseleistung	Baek et al (2016)
<i>Cyanobacterium (Synechococcus elongatus)</i>	B	GV, CRISPR	Industrielle Anwendung	Biotreibstoffproduktion	Biocontainment-Methode für Bakterienkulturen	Motomura et al. (2018)
<i>Bacillus subtilis</i>	B	GV	Produktqualität	Biosensoren	Biosensor für Verderb	Daszczuk et al. (2014)
<i>E. coli, Salmonella typhimurium</i>	B	GV	Tierfutterzusatz	Futtermittelqualität	Synthetisches Microbiom	Kim et al. (2018)
<i>Sinorhizobium meliloti</i>	B	Replicon-Insertion	Agronomische Anwendung	Ertragssteigerung	Gesteigerte symbiotische Düngerleistung	Checucci et al. (2018)
<i>Bacteroides thetaiotaomicron</i>	B	GV, CRISPR	Produktqualität Lebensmittelzusatz	Krankheitsdetektion	Biosensor für Pathogene, Beeinflussung des Darmmikrobioms	Mimee et al. (2016)
<i>E. coli</i> (Nissle1917)	B	GV, CRISPR?	Produktqualität	Lebens- / Futtermittelqualität bzw. -zusatz	Probiotikum, Hyperammonämie-Regulierung	Kurtz et al. (2019)

Taxon	Mikroorganismus	Technik	Merkmalskategorie 1	Merkmalskategorie 2	Merkmal	Literaturquelle
Rhizobacteria ( <i>Bradyrhizobium elkanii</i> , <i>Sinorhizobium</i> sp., <i>Rhizobium</i> spp.)	B	Cas9/sgRNA System	verschiedene Umweltsanwendungen	Phytoremediation und Pflanzenwachstum	Schwermetall-Remediation im Boden und Verbesserung des Pflanzenwachstums plant growth-promoting microorganisms (PGPMOs)	Basu et al. (2018)
<i>Lactobacillus reuteri</i> , <i>Streptococcus thermophilus</i>	B	CRISPR	Produktqualität	positive Gesundheitseffekte durch probiotische Beeinflussung des Verdauungstrakts	Verbesserung der Eigenschaften als Starterkulturen; Entwicklung von MAGE Systemen für Metabolic Engineering	Oh & van Pijkeren (2014), Selle et al. (2015)
<i>Clostridium cellulolyticum</i>	B	CRISPR (SDN-3)	Industrielle Anwendung	erneuerbare Rohstoffe aus Holz (Holzabbauende Bakterien)	Produktion von industriell nutzbaren Stoffen (u.a. Laktat, Acetat, Ethanol und Wasserstoff)	Patel et al. (2019)
GV-Symbionten in Mosquito	B	GV	Umweltsanwendung/Gesundheit	Vektorkontrolle	Expression von Effektor-Molekülen (verringerte Kompetenz, Fortpflanzung) - Paratransgenese	Wilke & Marrelli (2015)
Hefe ( <i>Saccharomyces cerevisiae</i> )	P	GV	Produktqualität	Lebensmittelqualität	Verbesserte Brauhefe (Himbeergeschmack)	Lee et al. (2016), Ritala et al. (2017)
Hefe ( <i>Saccharomyces cerevisiae</i> x <i>Saccharomyces eubayanus</i> hybrid)	P	CRISPR	Produktqualität	Lebensmittelqualität	Verbesserte Brauhefe (Biergeschmack)	Mertens et al. (2018), Patel et al. (2019)
Hefe ( <i>Yarrowia lipolytica</i> )	P	GV, evtl. CRISPR	industrielle Anwendung	"metabolic engineering" durch multiple Transgenese	Lipidproduktion: Höherer Gehalt an Omega-3-Fettsäuren	Xie et al. (2015)

Taxon	Mikroorganismus	Technik	Merkmalskategorie 1	Merkmalskategorie 2	Merkmal	Literaturquelle
Holzabbauende Pilze	P	CRISPR, SDN-3 via HDR	Industrielle Anwendung	Verbesserte Produktion von Lignozellulasen aus holzabbauende Bakterien	erhöhte Produktion von lignozellulolytischen Enzymen ( <i>T. reesei</i> , <i>N. crassa</i> and <i>M. thermophila</i> ), erneuerbare Rohstoffe aus Holz	Liu & Qu (2019)
Phage Carrier Bacterium/Lysogenic Phage	V	GV	Umwelt/biotische Stresstoleranz	Bakterienresistenz	Virale Biokontrolle für ein pathogenes Bakterium ( <i>Xylella fastidiosa</i> ) in Olivenkulturen (Phagentherapie)	Wageningen University (2019)
Citrus Tristeza Virus CTV	V	GV	Umwelt/biotische Stresstoleranz	Bakterienresistenz	Verringerte Suszeptibilität gegenüber Citrus Greening Disease in Zitrusfrüchten	Ledford (2017), Gregoire (2017)
Virus-Anwendungen als übertragbare Impfstoffe	V	GV	(Veterinär)medizinische Anwendungen in der Umwelt	attenuierte Viren als übertragbare Impfstoffe gegen Zoonosen und Tierkrankheiten	Immunisierung wildlebender Kaninchenpopulationen durch Freisetzung eines übertragbaren viralen Impfstoffs (Myxomatose und rabbit hemorrhagic disease (RHD))	Torres et al. (2001), Bull et al. (2018)
Virus-Anwendungen zur GE von Pflanzen (HEGAAS)	V	CRISPR	evtl. Umwelt/agronomische Anwendung	neue Methodik des Genome Editing in Pflanzen	Erhöhung der GE Effizienz in Pflanzen durch Verwendung von tobacco rattle virus (TRV) Vektoren	Ellison et al. (2020), Nuismer & Bull (2020)

Tab. 25: GVO-Monitoring-Konzepte und Richtlinien unter Mitwirkung des BfN. Publ. = wissenschaftlich Publikation

Nr.	Hrsg.	Jahr	Titel	Typ	Kategorie	Inhalt	Raum- bezug	Schutz- Ziele	Prüfpunkt	Organismen (Gruppe)	Referenz	Publ.
1	BfN	2005	Monitoring der Wirkungen gentechnisch veränderter Organismen auf Natur und Landschaft	Wissenschaftliche Publikation	Konzept	Allgemein; Recht	Gesamtfläche	Biodiversität; Boden; Wasser	Bt-Toxine; Artvorkommen; Abundanz	Flora & Fauna; Mikroorganismen	Züghart et al. (2005)	Siehe Referenz
2	BfN	2005	Faunistische Indikatoren für das Monitoring der Umweltwirkungen gentechnisch veränderter Organismen (GVO)	Forschungsbericht	Konzept	Indikatorenauswahl	Agrarraum	Biodiversität	Artvorkommen; Abundanz	Insekten	Meier & Hilbeck (2005)	Hilbeck et al. (2008), Hilbeck et al. (2014), Hilbeck et al. (2017)
3a	BfN	2006 a	Monitoring-Workshop: Raum- und Flächenauswahl für das GVO-Monitoring	Tagungsband	Konzept	Allgemein	Gesamtfläche	Biodiversität; Boden; Wasser	Artvorkommen; Abundanz; Vorkommen transgener Pflanzen	Flora; Fauna; Mikroorganismen	Berhorn et al. (2006)	-

Nr.	Hrsg.	Jahr	Titel	Typ	Kategorie	Inhalt	Raum- bezug	Schutz- Ziele	Prüfpunkt	Organismen (Gruppe)	Referenz	Publ.
3b	BfN	2006 b	Monitoring- Workshop: Raum- und Flächenaus- wahl für das GVO-Monito- ring	Tagungs- band	Konzept	Flächenaus- wahl; Mess- netzplanung	Wald; Grünland; Fließge- wässer	Wasser; Biodiversi- tät	Artvorkom- men;	3b	BfN	2006b
3c	BfN	2006c	Monitoring- Workshop: Raum- und Flächenaus- wahl für das GVO-Monito- ring	Tagungs- band	Konzept	Flächenaus- wahl; Mess- netzplanung	Gesamtflä- che	-	-	-	Schröder et al. (2006)	-
3d	BfN	2006 d	Monitoring- Workshop: Raum- und Flächenaus- wahl für das GVO-Monito- ring	Tagungs- band	Konzept	Flächenaus- wahl;	3d	BfN	2006d	Monitoring- Workshop: Raum- und Flächenaus- wahl für das GVO-Monito- ring	Tagungs- band	Konzept
3e	BfN	2006 e	Monitoring- Workshop: Raum- und Flächenaus- wahl für das GVO-Monito- ring	Tagungs- band	Konzept	Flächenaus- wahl; Mess- netzplanung	Agrarraum	Biodiversi- tät; Boden; Landwirt- schaft	-	-	Graef et al. (2006)	-

Nr.	Hrsg.	Jahr	Titel	Typ	Kategorie	Inhalt	Raum- bezug	Schutz- Ziele	Prüfpunkt	Organismen (Gruppe)	Referenz	Publ.
3f	BfN	2006f	Monitoring- Workshop: Raum- und Flächenaus- wahl für das GVO-Monito- ring	Tagungs- band	Praxis	Schädlings Monitoring	Agrarraum	Pflanzen- schutz	Vorkommen; Abundanz	Kohlflye; Maiszünsler; diverse Käfer; Viren; Bakte- rien; Pilze	Nagel (2006)	-
3g	BfN	2006 g	Monitoring- Workshop: Raum- und Flächenaus- wahl für das GVO-Monito- ring	Tagungs- band	Methodik;			3g	BfN	2006g	Monito- ring-Work- shop: Raum- und Flächen- auswahl für das GVO-Mo- nitoring	Tagungs- band
3h	BfN	2006 h	Monitoring- Workshop: Raum- und Flächenaus- wahl für das GVO-Monito- ring	Tagungs- band	Konzept	Flächenaus- wahl; Mess- netzplanung	Agrar- raum; Ackerflä- chen; Feld- ränder; Grünland; Biotope	Biodiversi- tät	Vorkommen; Abundanz	Vegetation; Insekten; Vö- gel: Boden- fauna	Dolezel (2006)	-
3i	BfN	2006i	Monitoring- Workshop: Raum- und Flächenaus- wahl für das GVO-Monito- ring	Tagungs- band	Konzept	Theorie	Gesamtflä- che	Biodiversi- tät	Biodiversität; Landwirt- schaft	-	Breckling (2006)	-

Nr.	Hrsg.	Jahr	Titel	Typ	Kategorie	Inhalt	Raum- bezug	Schutz- Ziele	Prüfpunkt	Organismen (Gruppe)	Referenz	Publ.
3j	BfN	2006j	Monitoring- Workshop: Raum- und Flächenaus- wahl für das GVO-Monito- ring	Tagungs- band	Konzept	Flächenaus- wahl; Mess- netzplanung	Gesamtflä- che	Biodiversi- tät	Biodiversität	Flora; Vögel; Tagfalter	Bühler (2006)	-
3k	BfN	2006 k	Monitoring- Workshop: Raum- und Flächenaus- wahl für das GVO-Monito- ring	Tagungs- band	Konzept	Flächenaus- wahl; Mess- netzplanung	Gesamtflä- che	Biodiversi- tät	Vorkommen; Abundanz	Vögel	Dröschmei- ster (2006)	-
3l	BfN	2006l	Monitoring- Workshop: Raum- und Flächenaus- wahl für das GVO-Monito- ring	Tagungs- band	Praxis	Flächenaus- wahl; Mess- netzplanung	Biotope	Wasser; Biodiversi- tät	Vorkommen; Abundanz	Laufkäfer; Landschne- cken	Felinks et al. (2006)	-
3m	BfN	2006 m	Monitoring- Workshop: Raum- und Flächenaus- wahl für das GVO-Monito- ring	Tagungs- band	Konzept; Theorie	Flächenaus- wahl; Mess- netzpla- nung; Statis- tik	Gesamtflä- che	Biodiversi- tät	Pollen	<i>Brassica na- pus; Zea mays</i>	Kuhlmann (2006)	-

Nr.	Hrsg.	Jahr	Titel	Typ	Kategorie	Inhalt	Raum- bezug	Schutz- Ziele	Prüfpunkt	Organismen (Gruppe)	Referenz	Publ.
3n	BfN	2006 n	Monitoring- Workshop: Raum- und Flächenaus- wahl für das GVO-Monito- ring	Tagungs- band	Konzept; Praxis	Flächenaus- wahl; Mess- netzplanung	Gesamtflä- che	Biodiversi- tät	Vorkommen; Abundanz	Vögel	Hötker (2006)	-
3o	BfN	2006 o	Monitoring- Workshop: Raum- und Flächenaus- wahl für das GVO-Monito- ring	Tagungs- band	Konzept; Praxis	Flächenaus- wahl; Statis- tik	Agrar- raum; Feldränder	Biodiversi- tät	Vorkommen; Abundanz	Insekten; Spinnen	Lang (2006)	-
4	BfN	2006	Die Ökologi- sche Flächen- stichprobe als Instrument ei- nes GVO-Mo- nitoring	For- schungs- bericht	Konzept	Flächenaus- wahl; Mess- netzplanung	Ackerflä- chen; Feld- ränder; Grünland; Gewässer; Biotope	Biodiversi- tät; Boden; Gewässer; Pflanzen- schutz	Artvorkom- men; A- bundanz; Aus- breitungs- und Verwilde- rungspoten- tial; Nahrungs- netzeffekte; Verbreitung von Transge- nen	Blütenpflan- zen; Tagfalter; Laufkäfer; Brutvögel; u.a.	Middelhoff et al. (2006)	-

Nr.	Hrsg.	Jahr	Titel	Typ	Kategorie	Inhalt	Raum- bezug	Schutz- Ziele	Prüfpunkt	Organismen (Gruppe)	Referenz	Publ.
5	VDI	2006	Monitoring der Wirkungen des Anbaus gentechnisch veränderter Organismen (GVO) - Grundlagen und Strategien	Methodenrichtlinie; wissenschaftliche Publikation	Konzept	Schutzgüter; Schutzziele	Agrarraum	Biodiversität; Boden; Wasser; Luft; Funktion	-	-	VDI 4330 Blatt 1	Schröder & Schmidt (2013)
6	VDI	2006	PCR zum Nachweis von gentechnisch veränderten Nukleinsäuren	Methodenrichtlinie	Methodik	DNA-Extraktion; DNA-Nachweis	Gesamtfläche	Boden; Lebensmittel; Biodiversität	DNA; 35S/pat; pSSUAra/bar; p35S/nptII	Pflanzen	VDI 4330 Blatt 7	-
7	VDI	2006	Pollenmonitoring - Biologische Pollensammlung	Methodenrichtlinie	Methodik	Pollensammlung	Gesamtfläche	Biodiversität	Pollen; Abundanz; Häufigkeit; Deposition; Ausbreitung	Pflanzen	VDI 4330 Blatt 4	-
8a	BfN	2007 a	GVO-Monitoring vor der Umsetzung	Tagungsband	Konzept; Praxis	Erfassung von Indikatoren; Flächenauswahl; Messnetzplanung	Agrarraum	Biodiversität	Vorkommen; Abundanz	Pflanzen; Tagfalter; Heuschrecken; Habitat Struktur	Pascher et al. (2007)	-
8b	BfN	2007 b	GVO-Monitoring vor der Umsetzung	Tagungsband	Konzept	Auswahl von Indikatoren	Agrarraum	Biodiversität	Vorkommen; Abundanz	Schmetterlinge	Hilbeck et al. (2007)	-

Nr.	Hrsg.	Jahr	Titel	Typ	Kategorie	Inhalt	Raum- bezug	Schutz- Ziele	Prüfpunkt	Organismen (Gruppe)	Referenz	Publ.
8c	BfN	2007c	GVO-Monitoring vor der Umsetzung	Tagungsband	Konzept	Auswahl von Indikatoren; Flächenauswahl; Messnetzplanung	Agrarraum	Biodiversität	Vorkommen; Abundanz	-	Bühler (2007)	-
8d	BfN	2007d	GVO-Monitoring vor der Umsetzung	Tagungsband	Konzept	Datenbank	Gesamtfläche	-	-	-	Verhoeven et al. (2007)	-
8e	BfN	2007e	GVO-Monitoring vor der Umsetzung	Tagungsband	Konzept	Datenbank; GIS	Gesamtfläche	-	-	-	Aden et al. (2007)	-
8f	BfN	2007f	GVO-Monitoring vor der Umsetzung	Tagungsband	Konzept	Datenerhebung; Statistik	Gesamtfläche	Biodiversität; Pflanzenschutz; Boden	Pflanzenproduktion; Pflanzenkrankheiten	Schädlinge; Nützlinge, Unkräuter	Böttinger et al. (2007)	-
8g	BfN	2007g	GVO-Monitoring vor der Umsetzung	Tagungsband	Konzept; Praxis	Flächenauswahl; Messnetzplanung	Agrarraum	Biodiversität	Vorkommen; Abundanz	Vegetation; Pollen; DNA	Fiebig et al. (2007)	-
8h	BfN	2007h	GVO-Monitoring vor der Umsetzung	Tagungsband	Konzept	Monitoring	Gesamtfläche	Biodiversität	-	-	Schmeller et al. (2007)	-
8i	BfN	2007i	GVO-Monitoring vor der Umsetzung	Tagungsband	Konzept; Theorie	Monitoring	Gesamtfläche	Biodiversität	-	-	Sukopp & Weddeling (2007)	-

Nr.	Hrsg.	Jahr	Titel	Typ	Kategorie	Inhalt	Raumbezug	Schutzziele	Prüfpunkt	Organismen (Gruppe)	Referenz	Publ.
9	VDI	2007	Pollenmonitoring - Technische Pollensammlung	Methodenrichtlinie	Methodik	Pollensammlung	Gesamtfläche	Luft; Biodiversität	Pollen; Abundanz; Häufigkeit; Deposition; Ausbreitung	Pflanzen	VDI 4330 Blatt 3	-
10	BfN	2008	Determining indicators, methods and sites for monitoring potential adverse effects of genetically modified plants to the environment	Wissenschaftliche Publikation	Konzept	Allgemein; Recht	Gesamtfläche	Biodiversität; Boden; Wasser	Bt-Toxine; Artvorkommen; Abundanz	Flora & Fauna; Mikroorganismen;	Züghart et al. (2008)	Siehe Referenz
11	BfN	2008	Praxistest der VDI Richtlinie 4330 Blatt 13 (GVO Monitoring Schmetterlinge)	Forschungsbericht; wissenschaftliche Publikation	Methodik	Erfassung von Schmetterlingen (Lepidoptera)	Feldränder	Biodiversität	Artvorkommen; Abundanz; Adulte und Larven	Schmetterlinge	Lang et al. (2008)	Lang et al. (2011)
12	VDI	2008	Erfassung der Vegetation	Methodenrichtlinie	Methodik	Vegetationsaufnahme	Gesamtfläche	Biodiversität	Abundanz; Häufigkeit; Artvorkommen	Pflanzen	VDI 4330 Blatt 9	-

Nr.	Hrsg.	Jahr	Titel	Typ	Kategorie	Inhalt	Raumbezug	Schutz-Ziele	Prüfpunkt	Organismen (Gruppe)	Referenz	Publ.
13	VDI	2010	Monitoring der Wirkungen gentechnisch veränderter Organismen (GVO). Standardisierte Erfassung von Schmetterlingen	Methodenrichtlinie; wissenschaftliche Publikation	Methodik; Konzept	Erfassung von Schmetterlingen (Lepidoptera)	Ackerflächen; Feldränder; Grünland; Biotope	Biodiversität	Artvorkommen; Abundanz; Adulte und Larven	Schmetterlinge	VDI 4330 Blatt 13	Lang et al. (2013); Lang et al. (2006)
14	UBA, BfN, BAFU	2011	Monitoring of Genetically Modified Organisms	Positionspapier	Konzept	Allgemein	Gesamtfläche	Biodiversität; Boden; Wasser	-	-	Züghart et al. (2011)	-
15	BioRisk	2013	GMO environmental impact monitoring	Wissenschaftliche Publikation	Konzept	Allgemein	Gesamtfläche	Biodiversität; Boden; Wasser; Luft	-	-	Züghart et al. (2013)	siehe Referenz
16	VDI	2013	Extraktion von Nucleinsäuren (DNA, RNA) aus Böden	Methodenrichtlinie	Methodik; Konzept	DNA-Extraktion; Probenahme	Agrarraum	Boden; Biodiversität	DNA; RNA	Mikroorganismen	VDI 4331 Blatt 2	-

Nr.	Hrsg.	Jahr	Titel	Typ	Kategorie	Inhalt	Raumbezug	Schutzziele	Prüfpunkt	Organismen (Gruppe)	Referenz	Publ.
17	VDI	2014	Erfassung der Bodenorganismen	Methodenrichtlinie; wissenschaftliche Publikation	Methodik; Konzept; Theorie	Erfassung der Bodenfauna; Mikroorganismen; Auswahl von Indikatoren	Agrarraum	Boden; Biodiversität	Artvorkommen; Abundanz; Aktivität	Insecta: Arachnida; Gastropoda; Myriapoda; Collembola; Isopoda; Enchyträen; Lumbricidae; Nematoda; Mikroorganismen	VDI 4331 Blatt 1	Ruf et al. (2013)
18	VDI	2014	Standardisierte Erfassung von Amphibien	Methodenrichtlinie; wissenschaftliche Publikation	Methodik; Konzept	Erfassung von Amphibien; Flächenauswahl	Gewässer; Agrarraum	Wasser; Biodiversität	Artvorkommen; Abundanz; Missbildungen; Adulte und Larven	Froschlurche (Anura)	VDI 4333 Blatt 1	Böll et al. (2013)
19	BfN	2014	Nutzungsmöglichkeiten der Boden-Dauerbeobachtung der Länder für das Monitoring der Umweltwirkungen gentechnisch veränderter Pflanzen	Forschungsbericht; wissenschaftliche Publikation	Konzept	Erfassung der Bodenfauna	Acker; Grünland; Forst; Biotope	Boden; Biodiversität	Artvorkommen; Abundanz	Regenwürmer: Enchyträen; Mikroorganismen	Römbke et al. (2014)	Toschki et al. (2015)

Nr.	Hrsg.	Jahr	Titel	Typ	Kategorie	Inhalt	Raum- bezug	Schutz- Ziele	Prüfpunkt	Organismen (Gruppe)	Referenz	Publ.
20	BfN	2014	Nutzungsmöglichkeiten des Tagfalter-Monitorings Deutschland (TMD) für das Monitoring der Umweltwirkungen gentechnisch veränderter Pflanzen	Forschungsbericht; wissenschaftliche Publikation	Konzept; Methodik	Erfassung von adulten Tagfaltern	Gesamtfläche	Biodiversität	Artvorkommen; Abundanz	Tagfalter	Lang et al. (2014)	Lang et al. (2016)
21	BfN	2015	Eignung des bundesweiten Vogelmonitorings für die Erfassung schädlicher Auswirkungen eines GVP-Anbaus auf die Biodiversität	Forschungsbericht	Methodik; Konzept	Erfassung der Avifauna	Ackerflächen; Feldränder; Grünland; Biotope	Biodiversität	Artvorkommen; Abundanz	Vögel	Sudfeldt & Trautmann (2015)	-
22	VDI	2015	Nachweis insektizider <i>Bt</i> -Proteinen aus Boden und Pflanzen	Methodenrichtlinie	Konzept; Methodik	DNA-Extraktion; DNA-Nachweis; Probenahme	Gesamtfläche	Biodiversität; Boden	DNA; <i>Bacillus thuringiensis</i> ( <i>Bt</i> )	Pflanzen	VDI 4330 Blatt 11	-

Nr.	Hrsg.	Jahr	Titel	Typ	Kategorie	Inhalt	Raum- bezug	Schutz- Ziele	Prüfpunkt	Organismen (Gruppe)	Referenz	Publ.
23	VDI	2015	Probenahme von Pflanzen für molekularbiologische Analyse	Methodenrichtlinie	Methodik	Probenahme; DNA-Extraktion	Gesamtfläche	Biodiversität	GVO; Hybride; Abundanz; Anteil; DNA	Pflanzen	VDI 4330 Blatt 5	-
24	VDI	2016	Standardisierte Erfassung von Wildbienen	Methodenrichtlinie; wissenschaftliche Publikation	Methodik; Konzept; Flächenauswahl	Erfassung von Wildbienen (Hymenoptera)	Agrarraum	Biodiversität	Artvorkommen; Abundanz	Wildbienen (Hymenoptera)	VDI 4332 Blatt 1	Schindler et al. (2013)
25	BfN	2016	Abschätzung von GVO-Effekten auf aquatische Ökosysteme	Forschungsbericht; wissenschaftliche Publikation	Konzept	Risikobewertung; Gewässer-Monitoring; Flächenauswahl; Auswahl von Indikatoren; Ökotox	Fließgewässer	Wasser	Vorkommen von transgenem Pflanzenmaterial	-	Bundschuh et al. (2015)	Bundschuh et al. (2016)

Nr.	Hrsg.	Jahr	Titel	Typ	Kategorie	Inhalt	Raum- bezug	Schutz- Ziele	Prüfpunkt	Organismen (Gruppe)	Referenz	Publ.
26	BfN	2016	Entwicklung und Erprobung eines Konzepts für ein Monitoring von für den Import zugelassenem transgenem Raps nach Richtlinie 2001/18/EG	Forschungsbericht; wissenschaftliche Publikation	Konzept; Methodik	Raps-Monitoring	Industrieflächen; Verkehrswege	Biodiversität	Vorkommen transgener Pflanzen; Herbizid-Resistenz	<i>Brassica napus</i>	Wedlich et al. (2016)	Franzaring et al. (2016)
27	VDI	2019	Floristische Kartierung von gentechnisch veränderten Pflanzen (GVP), ihren Kreuzungspartnern und Kreuzungsprodukten	Methodenrichtlinie; wissenschaftliche Publikation	Methodik; Konzept; Theorie	Flächenauswahl; Erfassung von Gefäßpflanzen	Agrarraum; Industrieflächen; Verkehrswege	Biodiversität	Artvorkommen; Abundanz; Auskreuzung	Pflanzen; Vegetation; <i>Brassica</i> sp.; <i>Triticum</i> sp.; <i>Linum</i> sp.	VDI 4330 Blatt 10	Sukopp & Schmitz (2013)

Nr.	Hrsg.	Jahr	Titel	Typ	Kategorie	Inhalt	Raum- bezug	Schutz- Ziele	Prüfpunkt	Organismen (Gruppe)	Referenz	Publ.
28	BAFU, BfN, Hinter- mann & We- ber	2019	Monitoring of Spontaneous Populations of Genetically Modified Plant Species in the Environ- ment	For- schungs- bericht; Metho- denricht- linie	Konzept; Methodik	Messnetz- planung; Flä- chenaus- wahl; Statis- tik; Auswahl von Indika- toren; Erfas- sung von Gefäßpflan- zen; Kon- trolle von Agrarpro- dukten	Agrar- raum; In- dustrieflä- chen; Ver- kehrswege	Biodiversi- tät	Vorkommen transgener Pflanzen; Her- bizidresistenz	<i>Brassica na- pus</i>	Zünd et al. (2019)	-

Tab. 26: Konzeptionelle Arbeiten zum GVO-Monitoring unter Mitwirkung des BfN. Die Berücksichtigung verschiedener Aspekte eines GVO-Monitorings sind mit folgenden Symbolen gekennzeichnet: „✓“ = abgedeckt; „(✓)“ = teilweise abgedeckt; „-“ = nicht abgedeckt. Die Tagungsbände (3, 8) wurden nicht berücksichtigt, ebenso wenig diejenigen VDI-Richtlinien, die spezifisch Methoden beschreiben und keine Konzepte zum Monitoring enthalten. Nummern in Klammern (Nr.) entsprechen der Nummerierung in Tabelle 25. Abkürzungen: BDF = Bodendauerbeobachtungsflächen; CSM = case-specific monitoring; GS = general surveillance; GV = gentechnisch verändert; GVO = gentechnisch veränderter Organismus; GVP = gentechnisch veränderte Pflanze; HT = herbizidtolerant; IR = insektenresistent; NTO = Nichtzielorganismus

Nr.	Studie	Zielsetzung	GVO	Raumbezug	Persistenz, Verwilderung, Auskreuzung	Raumkonzept, Messflächenplanung	Exposition	Indikator(en)	Einbindung bestehender Monitorings	Bemerkungen
(2)	Meier & Hilbeck (2005)	Monitoring	HR-Raps, HT/IR-Mais (Kartoffel, Zuckerrübe)	Agrarlandschaft, Acker	-	-	✓	Insekten (v.a. Käfer, Schmetterlinge), Vögel (v.a. 1 Art)	-	Inklusive ausführlicher „Steckbriefen“ zu Indikatorarten (NTO)
(2)	Hilbeck et al. (2008)	Monitoring	HT-Mais	Agrarlandschaft, Acker	-	-	✓	Schmetterlinge (Lepidoptera)	-	NTO Liste mit 55 Beikräutern und 7 Schmetterlingsarten
(2)	Hilbeck et al. (2014)	Risikoabschätzung	IR-Mais	Acker (inkl. Feldrand)	-	-	✓	Insekten, Spinnentiere, Bodenfauna	-	NTO Liste mit 15 Herbivoren, 10 Bestäubern, 17 räuberische Nützlinge, 9 Bodenorganismen
(10)	Züghart et al. (2008)	Monitoring	GVP (hpts. Mais, Raps, Zuckerrübe, Kartoffel)	Gesamtfläche (v.a. Agrarlandschaft, Acker)	✓	-	✓	Diverse Gruppen	(✓)	Behandlung allgemeiner Kriterien und Voraussetzungen für ein GVO-Monitoring.
(13)	VDI 4330, Blatt 13.	Monitoring	(IR-Mais)	Acker inkl. Feldrand	-	✓	(✓)	Schmetterlinge (Lepidoptera)	-	Liste mit Arten, die für eine Larvalerfassung geeignet sind

Nr.	Studie	Zielsetzung	GVO	Raumbezug	Persistenz, Verwilderung, Auskreuzung	Raumkonzept, Messflächenplanung	Exposition	Indikator(en)	Einbindung bestehender Monitorings	Bemerkungen
(14)	Züghart et al. (2011)	Monitoring	GVP (hpts. Mais, Raps, Zuckerrübe, Kartoffel)	Gesamtfläche	✓	-	✓	-	(✓)	Formulierung prinzipieller Eckpunkte zur Umsetzung eines GVP-Monitorings; separate Berücksichtigung von CSM und GS
(17)	VDI 4331 Blatt 1	Monitoring	GVP	Agrarlandschaft	-	✓	✓	Bodenfauna	-	Ableitung und Dokumentation geeigneter Indikatoren unter den Bodenorganismen (gruppen)
(18)	VDI 4333 Blatt 1	Monitoring	GVP	Agrarlandschaft (Gewässer)	-	✓	✓	Amphibien	-	Fokus auf Erdkröte und Grasfrosch sowie auf den einzelnen GVP-Acker
(19)	Römbke et al. (2014)	Monitoring	IR-Mais	v.a. Acker (und Grünland, Wald)	-	✓	✓	Bodenfauna (Collembolen, Lumbriciden, Enchytraeen)	-	Nutzung der Bodendauerbeobachtung (BDF) und der Bo-Info-Datenbank
(20)	Lang et al. (2014)	Monitoring	GVP	Agrarlandschaft	-	✓	-	Tagfalter (Lepidoptera)	-	Studie anhand der Daten von Schweizer Monitoringprogrammen
(21)	Sudfeldt & Trautmann (2015)	Monitoring	GVP (Raps, Mais, Kartoffel)	Agrarlandschaft	-	✓	✓	Vögel	✓	Liste mit 32 Indikator-Arten
(24)	VDI 4332 Blatt 1	Monitoring	GVP	Agrarlandschaft, Acker	-	✓	✓	Wildbienen	-	

Nr.	Studie	Zielsetzung	GVO	Raumbezug	Persistenz, Verwilderung, Auskreuzung	Raumkonzept, Messflächenplanung	Exposition	Indikator(en)	Einbindung bestehender Monitorings	Bemerkungen
(25)	Bundschuh et al. (2015)	Risikoabschätzung	IR-Mais	Fließgewässer	-	(✓)	✓	aquatische Organismen (v.a. Trichoptera, Plecoptera, Ephemeroptera, Coleoptera)	-	Studie enthält ökotoxikologische Laborexperimente
(25)	Hilbeck et al. (2017)	Risikoabschätzung	IR-Mais	Sandgeprägte Tieflandbäche (= Gewässertyp F14)	-	-	✓	aquatische Insekten, Krebstiere (1 Art), Mollusca (1 Art)	-	NTO-Liste mit 7 Arten und 1 Gattung.
(26)	Wedlich et al. (2016)	Monitoring	Raps	Transportwege, Verarbeitungsstätten	✓	✓	✓	Ruderalraps	-	Nimmt Bezug auf VDI-Richtlinie 4330, Blatt 10 (27); inkl. Pilotstudie im Feld.
(27)	VDI 4330 Blatt 10	Monitoring	GVP	Acker, Transportwege, Verarbeitungsstätten	✓	✓	-	GVP und Kreuzungspartner	-	Liste von Kreuzungspartnern für Raps, Weizen und Lein
(28)	Zünd et al. (2019)	Monitoring	Raps	Transportwege, Verarbeitungsstätten	✓	✓	✓	Ruderalraps	-	Enthält grundsätzliche Entscheidungsbäume und Fließdiagramme, die auf ein Monitoringkonzept für andere GVP übertragbar sind.

Tab. 27: GE Tomaten: Übertragbarkeit der GVO-Monitoring-Studien unter Mitwirkung des BfN. Kategorien: „✓“ = größtenteils übertragbar; „(✓)“ = teilweise übertragbar; „≠“ = wenig bis nicht übertragbar; kein Eintrag = nicht zutreffend. Nicht aufgelistete Studien (vgl. Nummerierung in Tabelle 25) sind für das Fallbeispiel GE Tomaten nicht relevant. Die Tagungsbände (3, 8) sowie diejenigen Publikationen, die mit den zugrundeliegenden BfN-Studien weitgehend deckungsgleich sind, werden ebenfalls nicht behandelt.

Nr.	Studie	Raumkonzept, Messflächen- planung	Exposition	Indikator(en)	Bemerkungen
(2)	Meier & Hilbeck (2005)		≠	≠	Konzept der Indikatoren-Selektion anwendbar, nicht jedoch die Resultate, da andere Kultur (Mais, Raps); präsentierte Steckbriefe zur Biologie der Indikatorarten bieten nützliche Information.
(2)	Hilbeck et al. (2008)		≠	≠	Zu sehr auf Herbizide und krautige Pflanzen fokussiert.
(2)	Hilbeck et al. (2014)		(✓)	≠	Prinzipielles Vorgehen zur Auswahl von Indikatorarten übertragbar, die Indikatorarten selber aber nicht.
(10)	Züghart et al. (2008)	(✓)	(✓)	(✓)	Grundsätzliche Überlegungen und Voraussetzungen für ein GVO-Monitoring werden dargestellt, konkrete Handlungsanweisungen für ein Monitoring von GE-Tomaten aber nicht.
(12)	VDI 4330 Blatt 9			✓	Methodisches Vorgehen im Feld zur Erfassung der Vegetation (Farn- und Blütenpflanzen).
(13)	VDI 4330 Blatt 13	(✓)	(✓)	✓	Liste mit Indikatorarten, die für eine Larvalerfassung geeignet sind. Die Arbeit (11) in Tabelle A ist Bestandteil der Studie (13).
(14)	Züghart et al. (2011)		(✓)	(✓)	Behandlung allgemeiner Kriterien und Voraussetzungen für ein GVO-Monitoring sowie die Beziehung zur GVO-Risikoanalyse. Detaillierte Behandlung von Case-specific Monitoring und General Surveillance.

Nr.	Studie	Raumkonzept, Messflächen- planung	Exposition	Indikator(en)	Bemerkungen
(20)	Lang et al. (2014)	✓		(✓)	
(24)	VDI 4332 Blatt 1	✓	(✓)	✓	Mit einem Verzeichnis der Wildbienenarten der Ackerlandschaft Mitteleuropas.
(26)	Wedlich et al. (2016)	(✓)	(✓)	≠	In der Studie wird (Ruderal-)Raps behandelt, was nicht direkt auf den Anbau von GE-Tomaten übertragbar ist. Die Konzepte zur Festlegung eines Untersuchungsgebietes und der Erfassung von verwilderten Populationen sind prinzipiell auf ein Monitoring von GE-Tomaten anwendbar.
(27)	VDI 4330 Blatt 10	(✓)			Beschreibung des prinzipiellen Vorgehens mit Erfassungsmethodik zur Erfassung verwilderter GVP.
(28)	Zünd et al. (2019)	✓	✓	≠	In der Studie wird (Ruderal-)Raps bei Import behandelt, was nicht direkt auf den Anbau von GE-Tomaten übertragbar ist. Die generellen Konzepte zur Festlegung eines Untersuchungsgebietes und einer Erfassung von verwilderten Populationen sind aber auch auf ein Monitoring von GE-Tomaten anwendbar. Insbesondere sind die konzeptionellen Entscheidungsbäume und Fließdiagramme zur Exposition und Vorkommen sowie die Konzeption und Planung eines Monitorings auf das Fallbeispiel GE-Tomaten übertragbar.

Tab. 28: GE Apfelbäume: Übertragbarkeit der GVO-Monitoring-Studien unter Mitwirkung des BfN. Kategorien: „✓“ = größtenteils übertragbar; „(✓)“ = teilweise übertragbar; „≠“ = wenig bis nicht übertragbar; kein Eintrag = nicht zutreffend. Nicht aufgelistete Studien (vgl. Nummerierung in Tabelle 25) sind für das Fallbeispiel GE Apfelbäume nicht relevant. Die Tagungsbände (3, 8) sowie diejenigen Publikationen, die mit den zugrundeliegenden BfN-Studien weitgehend deckungsgleich sind, werden ebenfalls nicht behandelt.

Nr.	Studie	Raumkonzept, Messflächenplanung	Exposition	Indikator(en)	Bemerkungen
(2)	Meier & Hilbeck (2005)		(✓)	≠	Konzept der Indikatoren-Selektion anwendbar, nicht jedoch die Resultate, da andere Kultur (Mais, Raps); präsentierte Steckbriefe zur Biologie der Indikatorarten bieten nützliche Information.
(2)	Hilbeck et al. (2008)		≠	≠	Zu sehr auf Mais, Herbizide und krautige Pflanzen fokussiert.
(2)	Hilbeck et al. (2014)		(✓)		Prinzipielles Vorgehen zur Auswahl von Indikatorarten übertragbar, die Indikatorarten (für Mais) selber aber nicht.
(7)	VDI 4330, Blatt 4		(✓)		Nur falls Pollen von GV-Apfelbäumen detektierbar ist.
(10)	Züghart et al. (2008)	(✓)	(✓)	(✓)	Grundsätzliche Überlegungen und Voraussetzungen für ein GVO-Monitoring werden dargestellt, konkrete Handlungsanweisungen für ein Monitoring von GE-Apfelbäumen aber nicht.
(12)	VDI 4330 Blatt 9			✓	Methodisches Vorgehen im Feld zur Erfassung der Vegetation (Farn- und Blütenpflanzen).
(13)	VDI 4330 Blatt 13	(✓)	(✓)	✓	Liste mit Indikatorarten, die für eine Larvalerfassung geeignet sind. Die Arbeit (11) in Tabelle A ist Bestandteil der Studie (13).

Nr.	Studie	Raumkonzept, Messflächen- planung	Exposition	Indikator(en)	Bemerkungen
(14)	Züghart et al. (2011)		(✓)	(✓)	Behandlung allgemeiner Kriterien und Voraussetzungen für ein GVO-Monitoring sowie die Beziehung zur GVO-Risikoanalyse. Detaillierte Behandlung von Case-specific Monitoring und General Surveillance.
(20)	Lang et al. (2014)	✓		(✓)	Mit Monitoringdesign und Simulationen zur Feststellung eines GVP-Effektes.
(21)	Sudfeldt & Trautmann (2015)	(✓)	(✓)	(✓)	GV-Mais und Agrarlandschaft im Fokus. Die präsentierte Indikatorenliste muss mit den Arten für Obstanbauflächen ergänzt bzw. ersetzt werden. Mit Simulationen zur Entdeckung eines GVP-Effektes.
(24)	VDI 4332 Blatt 1	✓	(✓)	✓	Mit einem Verzeichnis der Wildbienenarten der Ackerlandschaft Mitteleuropas.
(26)	Wedlich et al. (2016)	(✓)	(✓)	≠	In der Studie wird (Ruderal-)Raps behandelt, was nicht direkt auf den Anbau von GE-Apfelbäumen übertragbar ist. Die Konzepte zur Festlegung eines Untersuchungsgebietes und der Erfassung von verwilderten Populationen sind aber prinzipiell auf ein Monitoring von GE-Apfelbäumen anwendbar.
(27)	VDI 4330 Blatt 10	(✓)			Beschreibung des prinzipiellen Vorgehens mit Erfassungsmethodik zur Erfassung verwilderter GVP.
(28)	Zünd et al. (2019)	✓	✓	≠	In der Studie wird (Ruderal-)Raps bei Import behandelt, was nicht direkt auf den Anbau von GE-Apfelbäumen übertragbar ist. Die generellen Konzepte zur Festlegung eines Untersuchungsgebietes und einer Erfassung von verwilderten Populationen sind aber auch auf ein Monitoring von GE-Apfelbäumen anwendbar. Insbesondere sind die konzeptionellen Entscheidungsbäume und Fließdiagramme zur Exposition und Vorkommen sowie die Konzeption und Planung eines Monitorings auf das Fallbeispiel GE-Apfelbäume übertragbar.

Tab. 29: GE Fische: Übertragbarkeit der GVO-Monitoring-Studien unter Mitwirkung des BfN. Kategorien: „✓“ = größtenteils übertragbar; „(✓)“ = teilweise übertragbar; „≠“ = wenig bis nicht übertragbar; kein Eintrag = nicht zutreffend. Nicht aufgelistete Studien (vgl. Nummerierung in Tabelle 25) sind für das Fallbeispiel GE Fischen nicht relevant. Die Tagungsbände (3, 8) sowie Publikationen, die sich mit den zugrundeliegenden BfN-Studien decken, werden hier ebenfalls nicht behandelt.

Nr.	Studie	Raumkonzept, Messflächenplanung	Exposition	Indikator(en)	Bemerkungen
(2)	Hilbeck et al. (2017)		(✓)	(✓)	Prinzipielles Vorgehen zur Auswahl von Indikatorenarten übertragbar, die Indikatorenarten selber aber nicht unbedingt, da sich die Fallstudie nur auf einen Fließgewässertyp, die Exposition gegenüber GVP-Material und auf eine Risikoanalyse bezieht.
(10)	Züghart et al. (2008)	(✓)	(✓)	(✓)	Grundsätzliche Überlegungen und Voraussetzungen für ein GVO-Monitoring von GV Pflanzen werden dargestellt, konkrete Handlungsanweisungen für ein Monitoring von GE Fischen aber nicht.
(14)	Züghart et al. (2011)		(✓)	(✓)	Behandlung allgemeiner Kriterien und Voraussetzungen für ein GVO-Monitoring sowie die Beziehung zur GVO-Risikoanalyse. Detaillierte Behandlung von Case-specific Monitoring und General Surveillance.
(18)	VDI 4333 Blatt 1	(✓)	≠	(✓)	Erfassungsmethoden zu den Froschlurchen und teilweise Monitoringdesign übertragbar, aber nur Stillgewässer und stark auf den Agrarraum fokussiert.
(25)	Bundschuh et al. (2015)	✓	≠	≠	Austrag von GV-Pflanzenmaterial in Fließgewässer, Exposition bzgl. <i>Bt</i> -Mais, Selektionsmatrix zur prinzipiellen Priorisierung des Bezugsraumes übertragbar.
(28)	Zünd et al. (2019)	✓	✓	≠	In der Studie wird (Ruderal-)Raps bei Import behandelt, was nicht direkt auf das Monitoring von GE-Fischen übertragbar ist. Die generellen Konzepte zur Festlegung eines Untersuchungsgebietes und einer Erfassung von verwilderten Populationen sind aber auch auf ein Monitoring von GE-Fischen anwendbar. Insbesondere sind die konzeptionellen Entscheidungsbäume und Fließdiagramme zur Exposition und Vorkommen sowie die Konzeption und Planung eines Monitorings übertragbar.

Tab. 30: GE Mikroalgen: Übertragbarkeit der GVO-Monitoring-Studien unter Mitwirkung des BfN. Kategorien: „✓“ = größtenteils übertragbar; „(✓)“ = teilweise übertragbar; „≠“ = wenig bis nicht übertragbar; kein Eintrag = nicht zutreffend. Nicht aufgelistete Studien (vgl. Nummerierung in Tabelle 25) sind für das Fallbeispiel GE Mikroalgen nicht relevant. Die Tagungsbände (3, 8) sowie Publikationen, die sich mit den zugrundeliegenden BfN-Studien decken, werden hier ebenfalls nicht behandelt.

Nr.	Studie	Raumkonzept, Mess- flächenplanung	Exposition	Indikator(en)	Bemerkungen
(2)	Hilbeck et al. (2017)		(✓)	(✓)	Prinzipielles Vorgehen zur Auswahl von Indikatorenarten übertragbar, die Indikatorenarten selber aber nicht unbedingt, da sich die Fallstudie nur auf einen Fließgewässertyp, die Exposition gegenüber GVP-Material und auf eine Risikoanalyse bezieht.
(10)	Züghart et al. (2008)	(✓)	(✓)	(✓)	Grundsätzliche Überlegungen und Voraussetzungen für ein GVO-Monitoring von GV-Pflanzen werden dargestellt, konkrete Handlungsanweisungen für ein Monitoring von GE Fischen aber nicht.
(14)	Züghart et al. (2011)		(✓)	(✓)	Behandlung allgemeiner Kriterien und Voraussetzungen für ein GVO-Monitoring sowie die Beziehung zur GVO-Risikoanalyse. Detaillierte Behandlung von Case-specific Monitoring und General Surveillance.
(18)	VDI 4333 Blatt 1	(✓)	≠	(✓)	Erfassungsmethoden zu den Froschlurchen und teilweise Monitoringdesign übertragbar, aber nur Stillgewässer und stark auf den Agrarraum fokussiert.
(25)	Bundschuh et al. (2015)	✓	≠	≠	Austrag von GV-Pflanzenmaterial in Fließgewässer, Exposition bzgl. <i>Bt</i> -Mais; Selektionsmatrix zur prinzipiellen Priorisierung des Bezugsraumes übertragbar.
(28)	Zünd et al. (2019)	✓	✓	≠	In der Studie wird (Ruderal-)Raps bei Import behandelt, was nicht direkt auf das Monitoring von GE-Mikroalgen übertragbar ist. Die generellen Konzepte zur Festlegung eines Untersuchungsgebietes und einer Erfassung von verwilderten Populationen sind aber auch auf ein Monitoring von GE-Mikroalgen anwendbar. Insbesondere sind die konzeptionellen Entscheidungsbäume und Fließdiagramme zur Exposition und Vorkommen sowie die Konzeption und Planung eines Monitorings übertragbar.

Tab. 31: GV Citrus-Tristeza-Virus: Übertragbarkeit der GVO-Monitoring-Studien unter Mitwirkung des BfN. Kategorien: „✓“ = größtenteils übertragbar; „(✓)“ = teilweise übertragbar; „≠“ = wenig bis nicht übertragbar; kein Eintrag = nicht zutreffend. Nicht aufgelistete Studien (vgl. Nummerierung in Tabelle 25) sind für das Fallbeispiel GV Citrus-Tristeza-Virus nicht relevant. Die Tagungsbände (3, 8) sowie diejenigen Publikationen, die mit den zugrundeliegenden BfN-Studien weitgehend deckungsgleich sind, werden ebenfalls nicht behandelt.

Nr.	Studie	Raumkonzept, Messflächen- planung	Exposition	Indikator(en)	Bemerkungen
(2)	Meier & Hilbeck (2005)		(✓)	≠	Konzept der Indikatoren-Selektion anwendbar, nicht jedoch die Resultate, da andere Kultur (Mais, Raps); präsentierte Steckbriefe zur Biologie der Indikatorarten bieten nützliche Information.
(2)	Hilbeck et al. (2008)		≠	≠	Zu sehr auf Mais, Herbizide und krautige Pflanzen fokussiert.
(2)	Hilbeck et al. (2014)		(✓)	≠	Prinzipielles Vorgehen zur Auswahl von Indikatorarten übertragbar, die Indikatorarten (Mais!) selber aber nicht.
(10)	Züghart et al. (2008)	(✓)	(✓)	(✓)	Grundsätzliche Überlegungen und Voraussetzungen für ein GVO-Monitoring werden dargestellt, konkrete Handlungsanweisungen für ein Monitoring von Obstbäumen mit GV Citrus-Tristeza-Virus aber nicht.
(14)	Züghart et al. (2011)		(✓)	(✓)	Behandlung allgemeiner Kriterien und Voraussetzungen für ein GVO-Monitoring sowie die Beziehung zur GVO-Risikoanalyse. Detaillierte Behandlung von Case-specific Monitoring und General Surveillance.
(26)	Wedlich et al. (2016)	(✓)	(✓)	≠	In der Studie wird (Ruderal-)Raps behandelt, was nicht direkt auf den Anbau von Obstbäumen mit GV Citrus-Tristeza-Virus übertragbar ist. Die Konzepte zur Festlegung eines Untersuchungsgebietes und der Erfassung von verwilderten Populationen sind aber prinzipiell auf ein anderes Monitoring anwendbar.

Nr.	Studie	Raumkonzept, Messflächen- planung	Exposition	Indikator(en)	Bemerkungen
(27)	VDI 4330 Blatt 10	(✓)			Beschreibung des prinzipiellen Vorgehens mit Erfassungsmethodik zur Erfassung verwilderter GVP.
(28)	Zünd et al. (2019)	(✓)	(✓)	≠	In der Studie wird (Ruderal-)Raps bei Import behandelt, was nicht direkt auf den Anbau von Obstbäumen mit GV Citrus-Tristeza-Virus anwendbar ist. Die generellen Konzepte zur Festlegung eines Untersuchungsgebietes und einer Erfassung von verwilderten Populationen sind aber übertragbar. Insbesondere sind die konzeptionellen Entscheidungs-bäume und Fließdiagramme zur Exposition und Vorkommen sowie die Konzeption und Planung eines Monitorings auf das Fallbeispiel Obstbäume mit GV Citrus-Tristeza-Virus übertragbar.

Tab. 32: Zusammenfassung der Monitoringthemen, -räume, -indikatoren und –dauer, sowie existierende und weitere einzubindende Monitoringprogramme bzw. Richtlinien für **GE-Tomaten** (Inhaltsstoff-verändert) und ihre mögliche Berücksichtigung in existierenden nationalen GVO- bzw. Naturschutz-Monitoringprogrammen des BfN. Der Zeitbezug berücksichtigt die Möglichkeit von Umwelteffekten auch nach Beendigung des Anbaus bzw. nach dem Ende der Zulassungsperiode.

Monitoringthema	Raumbezug	Indikatoren	Zeitbezug (Dauer)	Existierende Monitoringprogramme	Weitere einzubindende Programme bzw. Richtlinien
Monitoring des GABA-Gehaltes von GE-Tomaten	Anbauflächen in Glashäusern, Folien-gewächshäusern, Freilandanbauflächen von: Kommerziellen Gartenbaubetriebe, Baumschulen Private (Klein-)Gärten und Anbauflächen (in Siedlungsräumen, städtischer Bereich)	GABA-Gehalt in unterschiedlichen Pflanzenteilen bzw. Wachstumsstadien	Während der Anbausaison		
Monitoring relevanter Stoffwechselprodukte (z. B. sekundärer Pflanzeninhaltsstoffe)	näheres Umfeld (z. B. 2-3 km)	Spezifischer Inhaltsstoff	Während der Anbausaison		
Monitoring von Nichtzielorganismen (v.a. Nützlinge)		z. B. räuberische Arthropoden (z. B. Käfer, Wanzen), Marienkäfer, Schwebfliegen, Netzflügler, Florfliegen, Parasitoiden, Spinnen	Während der Anbausaison	Biodiversitäts-Monitoring (Insektenmonitoring)	„Agrarmonitoring“ (in Planung, z. B. für Parasitoiden und Nützlinge)
Monitoring von Bestäubern		Erdhummel (B. terrestris), weitere Gruppen (z. B. Wildbienen, Schmetterlinge, Käfer)	Während der Anbausaison	Insektenmonitoring, NNE-Monitoring (punktuell)	VDI 4332-1 „Wildbienen“, VDI 4330-13 „Schmetterlinge“,
Monitoring der Pflanzengesellschaften		Blütenpflanzen	Über die Anbausaison hinaus (mehrjährig)	Ökosystem-Monitoring, FFH-Monitoring	VDI 4330-9 „Farn- und Blütenpflanzen“

Monitoringthema	Raumbezug	Indikatoren	Zeitbezug (Dauer)	Existierende Monitoringprogramme	Weitere einzubindende Programme bzw. Richtlinien
Monitoring von Krankheiten und Schädlingen und Pestizidanwendungen	Anbau- und Gartenbauflächen (privat/kommerziell)	Krankheiten, Schädlinge, PSM Einsatz	Während der Anbausaison		„Agrarmonitoring“: Monitoring der Pflanzenschutzdienste der Länder; Nationaler Aktionsplan Pflanzenschutz (NAP)
Monitoring höherer Trophieebenen (z. B. Vögel) bzw. der Biodiversität	Weiteres Umfeld von Anbau- und Gartenbauflächen (privat/kommerziell)	typ. Vogelarten des Agrarraumes	Über die Anbausaison hinaus (mehrjährig)	Biodiversitäts-Monitoring (Vogelmonitoring, FFH-Monitoring)	
Monitoring der Verwildерung von GE-Tomaten	Umgebung aktueller Anbaugelbiete (1 km Radius) Aufgelassene Anbaugelbiete Kompostflächen (kommerziell/privat), Klärschlammausbringungsflächen, Umschlagplätze Transport/Verkehrswege (z. B. zu Biogas/Kompostier-/sonstigen Entsorgungsanlagen) Lagerflächen (z. B. bei Zwischenhändlern) weitere mögliche Verwildерungsflächen von Tomaten (z. B. Flussufer, Gärten)	Verwilderte (GE-)Tomatenpflanzen	Über die Anbausaison hinaus (mehrjährig)	HNV-Farmland- bzw. Ökosystem-Monitoring	VDI 4330-9 „Farn- und Blütenpflanzen, VDI 4330-10 „Kartierung von GVP“, VDI 4330-5 „Molekularbiologische Analytik“
Monitoring der Umweltstresstoleranz der GE- Tomate (bei Freilandanbau)	Freilandflächen im privaten bzw. kommerziellen Gartenbau	Feldfrucht (GE-Tomate)	Über die Anbausaison hinaus, mehrjährig (z. B. Überwinterungsfähigkeit)		„Agrarmonitoring“

Monitoringthema	Raumbezug	Indikatoren	Zeitbezug (Dauer)	Existierende Monitoringprogramme	Weitere einzubindende Programme bzw. Richtlinien
Monitoring möglicher Auskreuzungen in andere Kultursorten	Agrarraum, Regionen mit Gartenbau (inkl. städtische Regionen)	Feldfrucht (andere Tomatensorten)	Während der Anbausaison		VDI 4330-10 „Kartierung von GVP“, VDI 4330-5 „Molekularbiologische Analytik“
Monitoring des Anbaus der GE- Tomaten	Agrarraum, Regionen mit Gartenbau (inkl. städtische Regionen)	Feldfrucht (GE- Tomaten)	Mehrjährig (während der gesamten Zulassungsperiode)	Ökosystemmonitoring, HNV-Farmland-Monitoring	„Agrarmonitoring“

Tab. 33: Zusammenfassung der Monitoringthemen, -räume, -indikatoren und -dauer, sowie existierende und weitere einzubindende Monitoringprogramme bzw. Richtlinien für **GE-Apfelbäume** (krankheitsresistent) und ihre mögliche Berücksichtigung in existierenden nationalen GVO- bzw. Naturschutz-Monitoringprogrammen des BfN. Der Zeitbezug berücksichtigt die Möglichkeit von Umwelteffekten auch nach Beendigung des Anbaus bzw. nach Ende der Zulassungsperiode

Monitoringthema	Raumbezug	Indikatoren	Zeitbezug (Dauer)	Existierende Monitoringprogramme	Weitere einzubindende Programme bzw. Richtlinien
Monitoring des Vorkommens von verwilderten GE- Apfelbäumen	Natürliche/naturnahe Habitate in und außerhalb von Anbaubereichen Umschlagplätze, Transport- und sonstige Verbreitungswege	GE-Apfelbäume	Über die Zulassungsperiode hinaus (langfristig) aufgrund der langen Lebensdauer von Apfelbäumen und der Möglichkeit der Hybridisierung mit wildverwandten Arten	FFH-Monitoring, Ökosystem-Monitoring, NNE Waldmonitoring	VDI 4330-9 „Farn- und Blütenpflanzen, VDI 4330-10 „Kartierung von GVP“, VDI 4330-5 „Molekularbiologische Analytik“
Monitoring der Auskreuzung der Feuerbrandresistenz in wildverwandte (z.T. auch naturschutzrechtlich geschützte) Arten, Pflanzengesellschaften	Wie oben	GE-Hybride mit Wildapfelarten (Malus spp., Malus sylvestris), Pyrus sp., Sorbus sp.)	Wie oben	Ökosystem-Monitoring, FFH-Monitoring	Wie oben
Monitoring der Verbreitung des Zielorganismus (Erwinia amylovora) zur Erkennung eines möglichen Resistenzdurchbruchs (bzw. anderer Schaderreger)	Kommerzielle Apfelplantagen, Streuobstwiesen, Private Obstgärten, Streuobstwiesen öffentliche Räume	Erwinia amylovora Befall/Verbreitung Weitere Schaderreger im kommerziellen Apfelanbau	Wie oben		„Agrarmonitoring“: Monitoring der Pflanzenschutzdienste der Länder (Krankheiten, Schädlinge)

Monitoringthema	Raumbezug	Indikatoren	Zeitbezug (Dauer)	Existierende Monitoringprogramme	Weitere einzubindende Programme bzw. Richtlinien
Monitoring von Bestäubern	Kommerzielle Apfelplantagen, Streuobstwiesen, Private Obstgärten, Streuobstwiesen öffentliche Räume	Kommerziell eingesetzte Bestäuber (Honigbiene, Erdhummel) Blütenbesuchende Insekten (z. B. Wildbienen, Schmetterlinge, Schwebfliegen)	Wie oben	Biodiversitäts-Monitoring (Insektenmonitoring, FFH-Monitoring)	VDI 4332-1 „Wildbienen“, VDI 4330-13 „Schmetterlinge“
Monitoring von Pflanzengesellschaften	Außerhalb von Anbaubereichen	Blütenpflanzen	Wie oben	Ökosystem-Monitoring, FFH-Monitoring	VDI 4330-9 „Farn- und Blütenpflanzen,
Monitoring der Intensivierung von Apfelanbauflächen sowie des Pestizideinsatzes	Kommerzielle Apfelplantagen, Streuobstwiesen, Private Obstgärten, Streuobstwiesen öffentliche Räume	Ausgewählte Biodiversitäts-Indikatoren Pestizideinsatz GE-Apfelanbaufläche	Wie oben	Biodiversität-Monitoring (z. B. Insektenmonitoring, Vogelmonitoring, FFH-Monitoring), HNV-Farmland-Monitoring	„Agrarmonitoring“ (in Planung, z. B. Parasitoiden und Nützlinge), Pflanzenschutzdienste der Länder; Nationaler Aktionsplan Pflanzenschutz (NAP)
Monitoring unbeabsichtigter Effekte (z. B. durch Stoffwechseleränderungen) auf die Biodiversität	In und außerhalb von Anbaubereichen (1-3 km Umkreis)	Ausgewählte floristische/faunistische Biodiversitäts-Indikatoren	Wie oben	Biodiversitäts-Monitoring (Insektenmonitoring, Vogelmonitoring, FFH-Monitoring)	VDI 4332-1 „Wildbienen“, VDI 4330-13 „Schmetterlinge“

Tab. 34: Zusammenfassung der Monitoringthemen, -räume, -indikatoren und -dauer, sowie existierende und weitere einzubindende Monitoringprogramme bzw. Richtlinien für **GE-Süßwasserfische** (Wachstumssteigerung) und ihre mögliche Berücksichtigung in existierenden nationalen GVO- bzw. Naturschutz-Monitoringprogrammen des BfN. Der Zeitbezug berücksichtigt die Möglichkeit von Umwelteffekten auch nach Beendigung des Anbaus bzw. nach Ende der Zulassungsperiode. WRRL = Monitoring gemäß Wasserrahmenrichtlinie (Richtlinie 2000/60/EG)

Monitoringthema	Raumbezug	Indikatoren	Zeitbezug (Dauer)	Existierendes Monitoringprogramm	Weitere einzubindende Programme bzw. Richtlinien
Monitoring des Vorkommens von GE-Süßwasserfischen in heimischen Binnengewässern (z. B. aufgrund unbeabsichtigten Entkommens aus Aquakulturanlagen)	Aquakulturanlagen Angelteiche Natürliche, naturnahe Binnengewässer (Flüsse bzw. Stillgewässer) in der Umgebung von Produktionsstätten Transport- und Verladestätten	GE-Karpfen, GE-Regenbogenforelle	Über die Zulassungsperiode hinaus (langfristig) aufgrund der Möglichkeit des Entkommens aus Aquakulturanlagen sowie der Hybridisierung mit wildverwandten Arten	FFH-Monitoring	WRRL
Monitoring von Änderungen der Zusammensetzung und Struktur aquatischer Artengemeinschaften in Binnengewässern (z. B. aufgrund von Nahrungsketteneffekten)	Wie oben	Ausgewählte Organismen unterschiedlicher Trophieebenen (Makrozoobenthos, aquat. Invertebraten, Fische, Amphibien, Wasservögel)	Wie oben	FFH-Monitoring, Insektenmonitoring, Vogelmonitoring	VDI 4333-1 „Amphibien“, WRRL
Monitoring der Verdrängung heimischer (autochthoner) Fischarten in Binnengewässern	Wie oben	z. B. Karpfen, Bachforelle ( <i>S. trutta fario</i> ), weitere heimische Arten	Wie oben	FFH-Monitoring	WRRL

Monitoringthema	Raumbezug	Indikatoren	Zeitbezug (Dauer)	Existierendes Monitoringprogramm	Weitere einzubindende Programme bzw. Richtlinien
Monitoring aquatischer Habitat(qualität) und Nährstoffgehalte	Wie oben	z. B. Makrophyten, Libellen, Störungsanzeiger, Nitratgehalt, chem. Gewässer-Güteklasse	Wie oben	FFH-Monitoring, Ökosystem-Monitoring	WRRL
Monitoring der Hybridisierung heimischer (autochthoner) Fische mit GE-Fischen	Wie oben	Potenzielle Hybriden, wie z. B. GE-Regenbogenforelle x Bachforelle (autochthone Populationen); GE x Wildtyp Karpfen	Wie oben		WRRL
Monitoring von Parasiten bzw. Krankheiten heimischer (autochthoner) Fische	Aquakulturbetriebe, Angelteiche	Ausgewählte, relevante Krankheitserreger, Einsatz von Antibiotika	Wie oben		
Monitoring der Intensivierung der Aquakulturproduktion (Binnengewässer)	Aquakulturbetriebe, Angelteiche	Aquakultur-Intensitätsstufen, Besatzzahlen	Wie oben		Aquakulturstatistik des BMEL (BMEL 2021)

Tab. 35. Zusammenfassung der Monitoringthemen, -räume, -indikatoren und -dauer, sowie existierende und weitere einzubindende Monitoringprogramme bzw. Richtlinien für **GE-Mikroalgen** (Inhaltsstoff-verändert) und ihre mögliche Berücksichtigung in existierenden nationalen GVO- bzw. Naturschutz-Monitoringprogrammen des BfN. Der Zeitbezug berücksichtigt die Möglichkeit von Umwelteffekten auch nach Beendigung des Anbaus bzw. nach Ende der Zulassungsperiode. WRRL = Monitoring gemäß Wasserrahmenrichtlinie (Richtlinie 2000/60/EG)

Monitoringthema	Raumbezug	Indikatoren	Zeitbezug (Dauer)	Existierende Monitoringprogramme	Weitere einzubindende Programme bzw. Richtlinien
Verbreitung und Etablierung von GE-Mikroalgen	Natürliche und naturnahe Still- und Fließgewässer (Seen, Flüsse, Bäche, Klein- und Kleinstgewässer, z. B. Tümpel) in der Umgebung von Produktionsstätten, bzw. Transportwegen Süß-, bzw. Brackwasser, marine Gewässer	GE-Mikroalgen	Über den Zulassungszeitraum hinaus (langfristig) aufgrund der Möglichkeit der uneingeschränkten Verbreitung in der Umwelt (abhängig von der Persistenz, Dormanz der jeweiligen Art)		WRRL
Transfer von genetischem Material auf Wildtyp-Mikroalgen (nur <i>Chlamydomonas</i> sp.)	Wie oben	Wildtyp-Mikroalgen (-gesellschaften)	Wie oben		

Monitoringthema	Raumbezug	Indikatoren	Zeitbezug (Dauer)	Existierende Monitoringprogramme	Weitere einzubindende Programme bzw. Richtlinien
Negative Auswirkungen auf die Biodiversität bzw. Ökosystemleistungen durch: Veränderung der Zusammensetzung aquatischer, biotischer Gemeinschaften, Habitaten bzw. Nahrungsnetzen Verdrängung heimischer Phytoplanktonarten Produktion toxischer Stoffe, Verursachung von Algenblüten	Wie oben	(Mikro)Algengesellschaften aquatische Lebensgemeinschaften einzelne Arten unterschiedlicher Trophieebenen	Wie oben	FFH-Monitoring, Insektenmonitoring, Vogelmonitoring, Ökosystem-Monitoring	WRRL, VDI 4333-1 „Amphibien“

Tab. 36: Zusammenfassung der Monitoringthemen, -räume, -indikatoren und -dauer, sowie existierende und weitere einzubindende Monitoringprogramme bzw. Richtlinien für **GV-Viren** (Citrus-Tristeza-Virus CTV-SoD) und ihre mögliche Berücksichtigung in existierenden nationalen GVO- bzw. Naturschutz-Monitoringprogrammen des BfN. Der Zeitbezug berücksichtigt die Möglichkeit von Umwelteffekten auch nach Beendigung des Anbaus bzw. nach Ende der Zulassungsperiode.

Monitoringthema	Raumbezug	Indikatoren	Zeitbezug (Dauer)	Existierende Monitoringprogramme	Weitere einzubindende Programme bzw. Richtlinien
Erfassung der Verbreitung und Etablierung des CTV-SoD (über tierische Vektoren bzw. infizierte Früchte und Samen, Pflanzenmaterial-Pfropfung) außerhalb von Anwendungsgebieten Verbreitung des GV-Virus auf andere Wirtspflanzen	Einsatzgebiete (Zitrusfruchtanbau) und angrenzende Habitate Anbauggebiete ohne CTV-SoD-Anwendung Transport- und Handelswege	CTV-Stämme (auch CTV-SoD) Bäume (mögliche Wirtspflanzen), Früchte, Samen) CTV-Vektoren (z. B. Blattläuse <i>Toxoptera citricida</i> , <i>Aphis gossypii</i> , weitere Vektoren) Natürliche Wirtspflanzen (z. B. <i>Citrus</i> sp., <i>Poncirus</i> sp., <i>Fortunella</i> sp.) sowie mögliche Hybriden	Über den Zulassungszeitraum hinaus (langfristig) aufgrund der möglicherweise unkontrollierbaren Verbreitung des Virus	Keine vorhanden	“Agrarmonitoring”: Pflanzenschutzdienste der Länder (Krankheiten, Schädlinge), Nationaler Aktionsplan Pflanzenschutz (NAP), VDI 4330-10 „Kartierung von GVP“
Veränderte Infektiosität bzw. Pathogenität	Einsatzgebiete (inokulierte Zitrusfruchtkulturen)	(europäische) CTV-Stämme	Wie oben	Keine vorhanden	Wie oben
Effekte auf Zielorganismen (z. B. Resistenzentwicklung)	Einsatzgebiete (inokulierte Zitrusfruchtkulturen)	HLB-Erreger ( <i>Liberibacter asiaticus</i> , <i>L. africanus</i> ) Vektoren des Pathogens (z. B. Blattflöhe)	Wie oben	Insektenmonitoring	“Agrarmonitoring” (in Planung, z. B. Parasitoide und Nützlinge), Nationaler Aktionsplan Pflanzenschutz (NAP), VDI 4332-1 „Wildbienen“, VDI 4330-13 „Schmetterlinge“

Monitoringthema	Raumbezug	Indikatoren	Zeitbezug (Dauer)	Existierende Monitoringprogramme	Weitere einzubindende Programme bzw. Richtlinien
Effekte auf Nichtzielorganismen und die Biodiversität im Zitrusfruchtanbau	Einsatzgebiete und angrenzende Habitate außerhalb	Pilze, gram-positive Bakterien Aphiden, Blattflöhe, ausgewählte tierische Schaderreger (z. B. Zitrusminiermotte, Schildläuse, weiße Fliegen, Schmierläuse, wurzelassoziierte Käfer, Zitrusmilben, Nematoden) Ausgewählte Nützlinge in Zitrusfruchtkulturen	Wie oben	Insektenmonitoring	Wie oben



Die „BfN-Schriften“ sind eine seit 1998 unperiodisch erscheinende Schriftenreihe in der institutionellen Herausgeberschaft des Bundesamtes für Naturschutz (BfN) in Bonn. Sie sind kurzfristig erstellbar und enthalten u.a. Abschlussberichte von Forschungsvorhaben, Workshop- und Tagungsberichte, Arbeitspapiere oder Bibliographien. Viele der BfN-Schriften sind digital verfügbar. Printausgaben sind auch in kleiner Auflage möglich.

**DOI 10.19217/skr711**