#### JUSTUS-LIEBIG-



#### PRASIDENT

1607-2007

Justus-Liebig-Universität Gießen - Postfach 11 14 40 - 35359 Gießen Dezernat B -Recht, Zentrale Aufgaben, Sicherheit und Angelegenheiten der Studierenden An das Telefon Bundesamt für Verbraucherschutz und Telefax Lebensmittelsicherheit (BVL) E-Mail: 1 Abteilung 4 "Gentechnik" Mauerstraße 39-12 Mauerstr. 39-42 L 10117 Berlin 35390 Gießen, 15.10.2008 10117 Berlin Pr Ludwigstraße 23  $\mathbf{Z}$ Bearbeiter: Az.: B 3.3 -GenTG Freisetzung 17. Okt. 2008 ٧w Freisetz IPAZ-BVL16.doc IT 16526 403 5 | Ref.

#### Vollzug des Gesetzes zur Regelung der Gentechnik (GenTG)

Beantragung der Genehmigung zur Freisetzung gentechnisch veränderter Pflanzen gemäß § 14 Abs. 1 Satz 1 Nr. 1 in Verbindung mit §§ 15 (1) und 16 GenTG

Wood; & Buch

Freisetzung gentechnisch veränderter Gerste auf dem Gelände der Fa. AgroBiotechnikum, Bioinovativ GmbH, Groß Lüsewitz (Kreis Bad Doberan, Mecklenburg-Vorpommern) in den Vegetationsperioden (März-September) der Jahre 2009 und 2010

Sehr geehrte Damen und Herren,

als Anlage sende ich Ihnen die Antragsunterlagen in 6-facher Ausführung für die Genehmigung zur Freisetzung gentechnisch veränderter Pflanzen (Gerste, Hordeum vulgare). Das Original mit der rechtsverbindlichen Unterschrift wird Ihnen über den Dienstweg durch das Hessische Ministerium für Wissenschaft und Kunst (HMWK) zugeleitet.

Der geplante Freisetzungsversuch soll vom Institut für Phytopathologie und Angewandte Zoologie (IPAZ), Heinrich-Buff-Ring 26-32, 35392 Giessen, unter der Projektleitung von in den Jahren 2009-2010 durchgeführt und im Rahmen eines BMBF-geförderten Projektes zur biologischen Sicherheitsforschung wissenschaftlich betreut werden.

Mit freundlichen Grüßen

i.A. Dr. Wilfried Lühs

Anlage (Antrag 6-fach)

# Antrag auf Freisetzung von gentechnisch modifizierter Gerste nach dem Gentechnikgesetz v. 16.12.1993 in seiner novellierten Fassung vom 01.04.2008

Folgende Gesetze und Verordnungen regeln die Freisetzung von GVO:

1. Gesetz zur Regelung der Gentechnik (Gentechnikgesetz – GenTG) zuletzt geändert durch Art. 1 G v. 1.4.2008; I 499,

	auf Freisetzung von gentechnisch modifizierter Gerste na entechnikgesetz v. 16.12.1993 in seiner novellierten Fassı	
	.04.2008	_
	beschreibung des Vorhabens	6
I. Nuizi Petreib	Jeschielbung des vonlabens	2
Betreib	er	٥
	der Freisetzung	
Nurze E	Beschreibung der freizusetzenden Organismen	0
Ort una	Zeitraum der Freisetzung, Größe der Freisetzungsfläche	/
Anzani	der freizusetzenden Organismen	0
Kurze E	Beschreibung der Versuchsdurchführung	0
Zusamr	menfassung der Risikobewertung	0
	aben zum Betreiber und Projektleiter	11
a)	Betreiber	· 11
	ne, Qualifikation und Erfahrung der verantwortlichen Wissenschaftler	11
b)	Projektleiter	11
III. Ang	aben zum Beauftragten für biologische Sicherheit	13
Nan	ne, Qualifikation und Erfahrung der verantwortlichen Wissenschaftler	13
	Beauftragter für biologische Sicherheit (BBS)	13
	sführliche Information zum Vorhaben	14
	erelle Information	
1.	Name und Adresse des Betreibers	14
	Zweck der Freisetzung	14
	Titel des Projekts	14
	rmationen über (A) die Empfänger – oder (B) (falls zutreffend) au	
D. IIIIOI	Iternpflanzen – Hordeum vulgare L	15
1.		15 15
1. 2.	· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·	15
	(a) information uper the Fortphanzung  (b) Form(en) der Fortpflanzung	15
(1) (ii	i) gegebenenfalls spezielle, die Fortpflanzung beeinflussende Faktoren	
(11	ii) Generationsdauer	15
(11		15
•	(b) Kreuzbarkeit mit anderen Kultur- und Wildpflanzenarten	16
ა.	Überlebensfähigkeit	16
	(a) Fähigkeit zur Bildung von Überlebens- oder Dormanzstrukturen:	10
	(b) gegebenenfalls spezielle, die Überlebensfähigkeit beeinflussende	17
	Faktoren:	17
4.	Ausbreitungsfähigkeit	17
	(a) Art und Grad der Ausbreitungsfähigkeit	17
	(b) gegebenenfalls spezielle, die Ausbreitungsfähigkeit beeinflussende	
	Faktoren:	17
5.	Geographische Verbreitung	17
6.	Bei Pflanzen die im/in Mitgliedstaat(en) üblicherweise nicht angebaut	
	werden, Beschreibung des natürlichen Lebensraumes der Pflanze,	
	einschließlich Informationen über natürliche Episiten, Parasiten,	
	Konkurrenten und Symbionten	17
7.	Möglicherweise signifikante Wechselwirkungen der Pflanze mit	
	nichtpflanzlichen Organismen im Ökosystem, in dem sie üblicherweise	
	angebaut wird, einschließlich Informationen über toxische Effekte auf	
	Mensch und Tier oder andere Organismen.	17
C Info	rmationen über die gentechnische Veränderung	19

	1. 2.	Beschreibung der zur genetischen Veränderung angewandten Verfahren Art und Herkunft des verwendeten Vektors	19 19
	2. 3.	Größe, Herkunft (Bezeichnung des Spenderorganismus/der	19
	<b>J</b> .	Spenderorganismen) und geplante Funktion jedes konstituierenden	
			20
ח	Info		22
٠.	1.	Beschreibung der eingeführten oder veränderten Merkmale und	
	• •		22
	2.		23
		a) Größe und Struktur des Inserts und Verfahren zu dessen	
	′,	Charakterisierung, einschließlich Informationen über jegliche in die	
		GVP eingeführte Teile des Vektors oder einen Carrier oder fremde	
			23
	(t	b) bei einer Deletion, Größe und Funktion des/der deletierten Abschnitt(	
	١.	· ·	24
	((	c) Lokalisation des Inserts in den Pflanzenzellen (integriert in nicht	
	•	integrierter Form in: Chromosom, Chloroplasten, Mitochondrien) und	
		· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·	24
	(0		24
	3. `		25
	(a	a) Informationen über die Expression des Inserts und Verfahren für ihre	
	•		25
	(k	b) Pflanzenteile, in denen das eingefügte Insert exprimiert wird (z.B.	
		Wurzeln, Spross, Pollen usw.)	25
	4.	Informationen über Unterschiede zwischen der GVP und der	
		Empfängerpflanze im Hinblick auf	25
	(8	a) Form(en) und/oder Rate der Fortpflanzung:	25
	(k	,	26
	-	,	26
	5.		26
	6.	Fähigkeit zum Transfer des gentechnisch eingefügten oder veränderten	
	_	<b>.</b>	26
	7.	Informationen über toxische, allergene oder schädliche Effekte auf die	
		menschliche Gesundheit und die Umwelt, die durch die gentechnische	^=
	0		27
	8.	Informationen über die Sicherheit der GVP für die Tiergesundheit,	
		insbesondere in Bezug auf toxische, allergene oder sonstige schädliche	
		Effekte auf Grund der genetischen Modifikation, falls die GVP für die	20
	9.		29
	9.	Mechanismen der Wechselwirkung zwischen den GVP und den Zielorganismen (falls zutreffend)	29
	10	,	29 31
			32
			32
			32
F			33
	1.	•	33
	2.	Beschreibung des Ökosystems am Ort der Freisetzung, einschließlich	-
			34
	3.	Vorhandensein geschlechtlich kompatibler, wilder verwandter Arten oder	<b>J</b> ¬T
	٠.		35

					geschutz	ten Bio	otopei	n oder Schutzge	•
_		die betroffe							35
F.				e Freis	etzung	(nur	bei	Anmeldungen	
		tikel 5)							37
		Zweck der							37
	2. 2	Zeitplan für	die Freise	tzung eir	nschließl	ich Zei	tpunk	t(e) und Dauer o	ler
		Freisetzung							37
	3. F	Für die Fre	isetzung a	ngewand	te Metho	oden			37
	4. \	Verfahren z	zur Vorbere	eituna un	d Überw	achun	a des	Freisetzungsgel	ländes
	vor. v	vährend ur	id nach de	r Freisetz	zuna eir	schlie	3lich /	Anbaupraktiken	und
		verfahren							38
		Jngefähre	Anzahl dei	Pflanzei	n (oder F	Pflanze	n nro	$m^2$ )	38
G								hmen, Notfallp	
						3 MIUN	ei 5).		
		Vorgeseher				4			39
	(a)		ıd zu kreuz				_		39
	(D)				g/Verme	idung v	on Po	ollen- oder	
			nverbreitun						39
				tahren zu	ur Behar	idlung	des V	ersuchsbereiche	
		der Freisetz	_						40
					ur Behar	idlung	von G	SVP-Ernten; gep	lante
		Entsorgung							40
	4. E	3eschreibu	ng von Üb	erwachui	ngstechr	niken u	nd –p	länen	40
	5. E	3eschreibu	ng der Not	fallpläne					41
	6. 1	Methoden ι	und Verfah	ren zum	Schutz o	ies Sta	ndort	es	41
H.	Infor	mationen	über die	möglich	en Umv	veltau	swirk	ungen der Fre	isetzuna
		r GVP							42
	Merk	male der G	VP und de						42
		Risikoabscl			J				43
	i.			einer aes	steiaerte	n Pers	istenz	der GVP in	
								erten Invasivität	in
			en Habitate						43
	ii.				le, die de	en GVF	o verli	ehen werden	44
	iii.				•			eren kreuzbarer	
							_	GVP und dieser	
			arten verlie						45
	iv.							Jmweltauswirkur	
	IV.							elwirkungen zwis	
								_	
			-	Silicii, Wi	e Flaua	loren, i	raias	itoiden und Path	_
		(falls zutr	,	/l			1 1		46
	٧.							mweltauswirkun	
								lwirkungen zwis	
								igung von Orgai	nismen,
								bestehen),	
				_		•	-	größen von	
		•		ivoren, S	ymbiont	en (fall	s zutr	effend), Parasite	n und
		Pathoger	nen						47
	vi.	Mögliche	sofort und	oder ver	zögert e	intreter	nde A	uswirkungen au	f die
								ekten und indire	
				-	•			nen resultieren.	

	der GVP arbeiten oder in direkten Kontakt damit kommen oder in die	
	Nähe der GVP-Freisetzung(en) kommen	49
vii.	Mögliche sofort und/oder verzögert eintretende Auswirkungen auf die	
	Tiergesundheit und Konsequenzen für die Nahrungsmittel-/Futterkette,	
	die aus dem Verzehr der GVP und jeglicher davon stammender	
	Produkte resultieren, falls diese als Tierfutter verwendet werden sollen	50
viii.	Mögliche sofort und/oder verzögert eintretende Auswirkungen auf	
	biogeochemische Prozesse, die die Tiergesundheit und Konsequenzen	)
	für die Nahrungsmittel-/Futterkette, die aus potenziellen direkten und	
	indirekten Wechselwirkungen zwischen der GVP und Ziel- und	
_	Nichtzielorganismen in der Nähe der GVP-Freisetzung(en) resultieren	50
ix.	Mögliche sofort und/oder verzögert eintretende, direkte oder indirekte	
	Umweltauswirkungen der bei der GVP angewendeten spezifischen	
	Kultivierungs-, Bearbeitungs- und Erntetechniken, falls diese sich von d	
	bei nicht-GVP angewendeten Techniken unterscheiden	51
	tur	<b>52</b>
VI. Anha	ng l	55
Anhai	ng Ing IIng II	74
	ng III	82
	<del>-</del>	83
		84
		T

#### I. Kurzbeschreibung des Vorhabens

#### **Betreiber**

Die Justus-Liebig-Universität Gießen, vertreten durch den Präsidenten, Ludwigstraße 23, 35390 Gießen, beantragt gemäß § 14 Abs. 1 Satz 1 Nr. 1 in Verbindung mit § 15 Abs. 1 GenTG die Genehmigung zur Freisetzung gentechnisch veränderter Gerstenpflanzen. Die Durchführung und wissenschaftliche Betreuung des Freisetzungsversuchs erfolgt durch das Institut für Phytopathologie und Angewandte Zoologie (IPAZ), Heinrich-Buff-Ring 26-32, 35392 Gießen.

Zweck der Freisetzung

Die Feldstudien beinhalten eine gezielte Evaluation der Interaktionen zwischen den transgenen Gerstenlinien pYW210-9-(4001-4360) bzw. pJH271-Beta-Glu-307 und einem symbiontischen Pilz (Glomus intraradices, kommerzielles Präparat Amykor® Wurzel-Vital). Ein weiteres Ziel ist eine umfassende epidemiologische Aufzeichnung auftretender pilzlicher Krankheiten auf den gentechnisch modifizierten Pflanzen im Vergleich zur/m respektiven Empfängerpflanze (Golden Promise) bzw. Kreuzungselter (Baronesse). pYW210-9-(4001-4360) wurde mit einer 42-kDa Endochitinase (cThEn42(GC)) aus dem bodenbürtigen Mycoparasiten Trichoderma harzianum transformiert, um die Resistenz von Gerste gegenüber den pilzlichen Schaderregern Rhizoctonia solani AG-8 und Rhizoctonia oryzae zu erhöhen. Die Endochitinase steht in pYW210-9-(4001-4360) unter der Kontrolle des konstitutiven Promotors des Ubiquitin-Gens aus Mais und dem Signalpeptid der 33 kDa Chitinase der Gerste. Das Gen wird daher in allen Pflanzenteilen exprimiert. Die Endochitinase bewirkt den Abbau von Chitin, das Bestandteil der Hyphenwänden echter Pilze (Fungi), die entweder Schaderreger oder Symbionten sein können. Somit ist ein Einfluss sowohl auf pilzliche Schaderreger als auch Symbionten denkbar. Die Expression der (1,3-1,4)-β-Glucanase in pJH271-Beta-Glu-307 wird durch den Endosperm-spezifischen Promotor und das Signalpeptid des D Hordein-Gens Hor 3-1 aus Gerste kontrolliert. Die Glucanase wurde durch intragenische Rekombination zweier (1,3-1,4)-β-Glucanasen aus Bacillus amyloliquefaciens und Bacillus macerans generiert. Auf Grund des verwendeten Endosperm-spezifischen Promotors ist die Expression des Gens räumlich und zeitlich auf das sich entwickelnde Korn begrenzt. Die Aktivität des rekombinanten Enzyms bleibt jedoch bis zur Kornkeimung erhalten. Daher sind keine Effekte auf pilzliche Blattpathogene zu erwarten. Dennoch ist von einer räumlich begrenzten Exposition der Glucanase vom keimenden Korn in den Boden auszugehen, was die Besiedlung der Wurzel durch symbiontische und parasitische Pilze beeinflussen könnte.

Mit Hilfe der Freisetzungsversuche können Erkenntnisse über den Wirkungsgrad und über die Spezifität der rekombinanten Proteine gewonnen werden. Die Freisetzungsversuche erlauben auftretende pilzliche Krankheiten in den GVP zu erfassen und epidemiologisch zu bewerten sowie die wichtige Frage nach dem Einfluss der rekombinanten Proteine auf mutualistische Wechselwirkungen von Pflanze und symbiontischem Pilz unter Feldbedingungen zu untersuchen.

Kurze Beschreibung der freizusetzenden Organismen

Bei den freizusetzenden Organismen handelt es sich um gentechnisch veränderte Gerstenpflanzen (*Hordeum vulgare* L.) der Varietät Golden Promise. Auf Grund wiederholter Kreuzungen basiert die Linie pJH271-Beta-Glu-307 auf der Varietät Baronesse. pYW210-9-(4001-4360) wurde mit einer 42-kDa *Endochitinase* (*cThEn42(GC)*) aus dem bodenbürtigen Mycoparasiten *Trichoderma harzianum* transformiert, die unter der Kontrolle eines Promotors des *Ubiquitin*-Gens aus Mais steht und dem Signalpeptid der 33 kDa *Chitinase* der Gerste. Folglich wird das Transgen in allen Pflanzenteilen exprimiert. Der G+C-Gehalt des Gens wurde von 53,3% auf 65,1% erhöht, um die Expression des mikrobiellen Enzyms in der Gerste zu ermöglichen. pJH271-Beta-Glu-307 exprimiert eine (1,3-1,4)-β-Glucanase, die über den aus Gerste isolierten Endosperm-spezifischen Promotor des *D Hordein*-Gens *Hor* 

3-1 und dessen Signalpeptid kontrolliert wird, wodurch die Expression des Gens auf die Phase der Kornentwicklung begrenzt ist. Die Aktivität des rekombinanten Enzyms setzt sich jedoch bis zur Kornkeimung fort. Die (1,3-1,4)- $\beta$ -Glucanase entstand durch intragenische Rekombination zweier (1,3-1,4)- $\beta$ -Glucanasen aus Bacillus amyloliquefaciens und Bacillus macerans. Das Gen entstand durch die Hybridisierung der Aminosäuren 1-12 von B. amyloliquefaciens und der Aminosäuren 13-214 von B. macerans, wobei die Aminosäure 13 aus B. amyloliquefaciens entfernt wurde. Um die Synthese des Gens in Gerste zu gewährleisten, wurde der G+C-Gehalt im kodierenden Bereich des Gens auf 63% erhöht. Dies geschah durch den Austausch von A oder T zu G oder C an der dritten Position von 141 Codons. Das Enzym ist an zwei Stellen glykosyliert, um dessen Hitzestabilität zu erhöhen. Die in pJH271-Beta-Glu-307 exprimierte (1,3-1,4)- $\beta$ -Glucanase besitzt eine Halbwertzeit von 4 h bei 70°C und einem pH Wert von 5,0.

Zur Transformation der Pflanzen wurde der "Agrobacterium-vermittelte Gentransfer" eingesetzt. Bei dieser Art der Übertragung von Erbinformationen auf Pflanzen wird die natürliche Fähigkeit des Bodenbakteriums Agrobacterium tumefaciens genutzt, einen bestimmten Bestandteil von Plasmiden, nämlich die so genannte T-DNA (Transfer-DNA) der Ti-Plasmide, stabil in das Erbout von Pflanzen einzubauen. Man bezeichnet die Plasmide, die eine übertragbare T-DNA besitzen, als "Vektoren". Die aus dem Vektor in das pflanzliche Erbaut stabil eingefügten DNA-Sequenzen werden wie die pflanzeneigene Erbinformation Transformationsprozess werden immer nur wenige vererbt. Beim Ausgangspflanze transformiert. Um diese Zellen von den übrigen unterscheiden zu können. werden sie mit einem "Marker" versehen. Für die oben beschriebenen Linien wurde als Marker das Bar-Gen verwendet. Bei diesem Gen handelt es sich um die Phosphinothricin-Acetyltransferase (PAT), die ebenfalls unter Kontrolle des Promotors des Ubiquitin-Gens (Ubi-1) aus Mais steht. Dieses Markergen ermöglicht transformierten Zellen, auf einem mit dem Herbizid Bialaphos versetzten Medium zu wachsen. Als zusätzliches Markergen wurde in der Linie pJH271-Beta-Glu-307 das synthetische Grün Fluoreszierende Protein (sGFP) verwendet. Da GFP bei einer bestimmten Wellenlänge des Lichts fluoresziert, können transformierte Zellen identifiziert werden. Das Gen steht unter Kontrolle des 35S-Promotors des Blumenkohl-Mosaik-Virus (CaMV). Die Transkription der Endochitinase (cThEn42(GC)), (1,3-1,4)-β-Glucanase und aller Markergene wird durch das Polyadenylierungssignal des Nopalin-Synthase-Gens aus Agrobacterium tumefaciens terminiert. Die Genprodukte des Bialaphos-Resistenzgens, der Phosphinothricin-Acetyltransferase (PAT), und des sGFP sind gut untersucht und es besteht kein Hinweis auf Allergenität. Fütterungsversuche mit Mäusen zeigten keine Toxizität. PAT wurde zudem durch die EPA (Environmental Protection Agency, USA) 1997 von einer Toleranzkennzeichnung für alle landwirtschaftlichen Rohstoffe befreit. Für die in den jeweiligen Gerstenlinien exprimierten Genprodukte, Endochitinase und (1.3-1,4)- $\beta$ -Glucanase, gibt es keine Hinweise auf toxische oder allergene Wirkungen.

Die Endochitinase (cThEn42(GC)) in Linie pYW210-9-(4001-4360) zielt auf eine erhöhte Resistenz gegenüber den pilzlichen Schaderregern Rhizoctonia solani AG-8 und Rhizoctonia oryzae ab, während die auf das sich entwickelnde Korn räumlich und zeitlich begrenzte Expression der (1,3-1,4)- $\beta$ -Glucanase in Linie pJH271-Beta-Glu-307 einen verbesserten Abbau der (1,3-1,4)- $\beta$ -Glucane im Endosperm und Aleuron während der Keimung bewirkt. Diese Modifikation verbessert den Futterwert der Gerstenkörner und die Mälzungseigenschaften im Bierbrauprozess.

#### Ort und Zeitraum der Freisetzung, Größe der Freisetzungsfläche

Die Freisetzung der gentechnisch veränderten Gerstenpflanzen soll auf dem Gelände des AgroBiotechnikums Gemeinde 18184-Thulendorf (Mecklenburg-Vorpommern, Landkreis Bad Doberan) stattfinden. Die Freisetzung erfolgt in der Gemarkung Klein Lüsewitz. Die vorgesehene Versuchsfläche erstreckt sich über die Flure 1 (Flurstücke: 54, 18, 19) und 2 (Flurstücke: 46, 47, 49, 50, 51, 52, 54). Sie hat eine Gesamtfläche von 46,3 ha und befindet sich nördlich der B110 zwischen Rostock und Sanitz. An das Feldstück grenzt im Westen die Ortschaft Sagerheide. In etwa 1 km Entfernung liegt die Ortschaft Groß Lüsewitz, Sanitz ist etwa 3 km entfernt. Der Versuchsumfang beinhaltet maximal 4000 GVP auf einer

Versuchsfläche von ca. 777,6 m² inklusive Mantelsaat. Die Freisetzungsfläche (= mit GVP bestandene Fläche) beträgt 9,6 m² (s. Anhang III).

Die Freisetzung ist für die Vegetationsperiode (März-September) der Jahre 2009-2010 geplant.

#### Anzahl der freizusetzenden Organismen

In den Jahren 2009-2010 werden die zwei transgenen Linien und die respektiven Ausgangspflanzen in einer Aussaatstärke von 300 Körnern/m² ausgesät. Der Freisetzungsversuch wird mit drei randomisierten Wiederholungen pro Linie und Behandlung in einer Spaltanlage durchgeführt. Es werden maximal 4000 transgene Pflanzen pro Jahr angebaut.

#### Kurze Beschreibung der Versuchsdurchführung

Der Freisetzungsversuch wird in einer Spaltanlage mit drei randomisierten Wiederholungen pro Linie und Behandlung durchgeführt. Es werden insgesamt 4 Linien (2 transgene, 2 konventionelle) 3 Behandlungen unterzogen (Gesamtanzahl der Parzellen: 36).

Die Aussaat erfolgt mit in Versuchsarbeiten üblichen Drillmaschinen oder durch andere geeignete Verfahren (einschließlich Handaussaat). Die Drillmaschinen werden nach der Aussaat auf dem Freisetzungsgelände von eventuell noch vorhandenem transgenen Saatgut gereinigt. Dadurch wird eine Verschleppung transgenen Saatguts verhindert.

Der Freisetzungsversuch wird von einem 5 m breiten Randstreifen mit konventioneller Gerste (Sorte Scarlett) umfasst, der wiederum von Schwarzbrache (Breite: 5 m) umgeben ist.

Nach der Beendigung des Versuchs werden die Ähren der GVP und konventionellen Kulturgerste der Parzellen per Hand geerntet. Der Randstreifen mit der konventionellen Gerste wird maschinell geerntet. Geerntete Ähren/Körner werden sofort in entsprechend deklarierte Säcke verpackt und in geschlossenen Behältnissen in zertifizierte S1-Laboratorien verbracht (laut Richtlinie 90/219/EEC).

Nicht benötigtes Saatgut und nicht für Analysen benötigtes Erntegut (auch das aus der Mantelsaat) wird durch Hitzebehandlug inaktiviert.

#### Zusammenfassung der Risikobewertung

Die zwei gentechnisch modifizierten Gerstenlinien pYW210-9-(4001-4360) und pJH271-Beta-Glu-307 unterscheiden sich von konventioneller Gerste durch die Expression einer Endochitinase und einer Phosphinothricin-Acetyltransferase bzw. einer (1,3-1,4)-β-Glucanase, einer Phosphinothricin-Acetyltransferase und eines synthetischen Grün Fluoreszierenden Proteins. Unter nicht selektiven Bedingungen sind die Pflanzen phänotypisch nicht von untransformierten Kontrollpflanzen zu unterscheiden. Chitin und (1,3-1,4)- $\beta$ -Glucane, die Substrate der respektiven, rekombinanten Enzyme der transgenen Gerstenlinien, sind Polysaccharide und Bestandteil der Hyphenwände pflanzenbesiedelnder, pilzlicher Organismen bzw. der Zellwände der Poaceae. Ob Glucane pilzlicher Hyphenwände von der hier beschriebenen (1,3-1,4)-B-Glucanase abgebaut werden können, wurde bisher nicht untersucht. Es ist denkbar, dass beide transgene Linien ein generell verbessertes Abwehrpotenzial gegenüber pilzlichen Schaderregern besitzen, wenngleich im Falle von pJH271-Beta-Glu-307 die Aktivität der (1,3-1,4)-β-Glucanase räumlich und zeitlich auf das sich entwickelnde und keimende Korn begrenzt ist, und somit nur in diesem Bereich interagierende Schaderreger betroffen wären. Dies könnte bei starkem Auftreten von Schaderregern zumindest bei pYW210-9-(4001-4360) zu einem Selektionsvorteil gegenüber konventioneller Gerste führen. Dieser Aspekt soll in den Freisetzungsversuchen evaluiert werden. Ein negativer Effekt könnte die Expression beider Transgene

wurzelbesiedelnde, pilzliche Symbionten ausüben. Sollte die antifungale Wirkung der rekombinanten Enzyme auf pilzliche Symbionten übertragen werden, würden die gentechnisch veränderten Pflanzen mit einem geringeren Wachstum auf nährstoffarmen Böden reagieren. Folgerichtig ist die Analyse der Besiedlung der transgenen Linien ebenfalls Bestandteil der Freisetzungsversuche. Bisherige Untersuchungen in Tabak zeigten keinen Einfluss verschiedener, konstitutiv exprimierter Chitinasen auf die Besiedlung durch den Mykorrhizapilz Glomus mosseae. Neben der Wirkungsspezifität der rekombinanten Proteine kann mit Hilfe der Freisetzungsversuche der Einfluss der modifizierten Pflanzen auf pilzliche Organismen definiert werden.

Direkte Auswirkungen der GVP auf Nichtzielorganismen sind in diesen Feldversuchen unwahrscheinlich. (i) Betrachtet man die Wirkungsweise der Glucanase, spricht deren auf die Kornkeimung begrenzte Expression und hohe Substratspezifität für die (1,3-1,4)-β-Glucane des Endosperms und Aleurons gegen direkte Auswirkungen. (ii) Im Falle der Endochitinase werden Insekten als Nichtzielorganismen angesehen. Auf Grund der Zusammensetzung und/oder des Aufbaus Chitin enthaltender Kompartimente (Exoskelett, peritrophe Membran) ist eine negative Wirkung des Enzyms sehr unwahrscheinlich. (iii) Bisherige Feldversuch in den USA zeigten keine Auffälligkeiten in der Entwicklung und dem Fressverhalten von Schädlingen (z.B. Blattläuse) und Prädatoren (z.B. Marienkäfer) und sonstiger Nichtzielorganismen. (iv) Es handelt sich bei dem Feldversuch um eine Freisetzung von geringem Umfang. Pflanzenteile oder -organe werden nicht in die Nahrungs- oder Futterkette gelangen.

Eine Übertragung in Pflanzen eingeführter Gene auf Organismen anderer Reiche (Horizontaler Gentransfer), insbesondere auf Bodenmikroorganismen kann nicht ausgeschlossen werden, wird aber derzeit als sehr unwahrscheinlich bewertet. Sie beruht auf der Aufnahme von DNA durch Bodenbakterien oder Pilze. Um zur Ausprägung zu gelangen, müsste das Gen in Bakterien übertragen und dort repliziert werden. Da hierzu mindestens vier Schritte notwendig sind, (i) Entlassung des intakten Resistenzgens mit einem "origin of replication" aus der Pflanzenzelle, (ii) Aufnahme durch kompetente Bakterien, (iii) Ringschluss zu einem Plasmid und (iv) Expression des Gens, ist der Gentransfer von Pflanzen auf Bakterien und deren

Ausprägung ein sehr seltenes Ereignis.

Die für die Transformation verwendeten Plasmide (pJH271, pYW210) basieren auf dem Plasmid pBIN 19. Außerhalb der T-DNA des pBIN19 ist ein Kanamycin-Resistenzgen gelegen (nptlll), welches eine Aminoglycosid-3'-Phosphotransferase kodiert. In seltenen Fällen können Vektorsequenzen über die T-DNA hinaus übertragen werden. Southern Blot Analysen zeigten jedoch, dass nptlll weder in seiner Gesamtheit noch in Fragmenten in das Genom der Linien pJH271-Beta-Glu-307 und pYW210-9-(4001-4360) integriert wurde (s. Anhang V und Abschnitt D 2 (a) b)). Daher kann in diesem Fall eine Übertragung des Gens auf Mikroorganismen ausgeschlossen werden

Die fehlende Konkurrenzfähigkeit und folglich fehlende Invasivität der Kulturgerste in natürliche Habitate in Deutschland bewirkt, dass ihr Wachstum und ihre Ausbreitung strikt an ackerbauliche Maßnahmen gebunden sind. Neben der Samenausbreitung ist bei Gerste auch Pollenausbreitung stark reduziert. Gerste ist Selbstbestäuber Selbstbefruchtungsrate von ~99%, was durch die kleistogame Blütenmorphologie unterstützt wird. Als potenzielle Pollenempfänger müssen andere Getreidearten, Elymus sp. und angesehen werden. wenngleich Kreuzbestäubungen unter Bedingungen nur mit Elymus sp. möglich sind, aber kaum stattfinden. Die künstlich oder natürlich erzeugten Hybriden sind jedoch in jedem Fall steril.

Der Aufbau des Feldversuchs beinhaltet Maßnahmen zur Minimierung des Pollenflugs und der Kreuzbestäubung. (i) Die Flora der Versuchsfläche wird vor, während und nach Beendigung der Freisetzung auf mögliche, sexuell kompatible Arten überprüft. Auftretende Arten werden entfernt und durch Hitzebehandlug inaktiviert (ii) Das Versuchsfeld wird von einem 5 m breiten Randstreifen mit konventioneller Gerste (Sorte Scarlett) umfasst, der wiederum von Schwarzbrache umgeben ist (Breite: 5 m). (iii) Daran schließt sich ein 25 m breiter Streifen einer dikotylen Kultur an. (iv) Die konventionelle Gerste des Randstreifens wird nach Versuchende maschinell geerntet und inaktiviert.

Gerste kann durch ihre Samen überdauern bzw. überwintern und im Folgejahr auskeimen. Daher wird die Versuchsfläche während und nach Beendigung der Freisetzung sorgfältig und regelmäßig kontrolliert. Um Durchwuchs im folgenden Jahr eindeutig zu identifizieren, wird die Versuchsfläche mit einer dikotylen Kulturpflanze bestellt. Durchwachsende Gerstenpflanzen werden entfernt und durch Hitzebehandlug inaktiviert bzw. mit einem entsprechenden Herbizid vernichtet. Im Falle von Durchwuchs verlängert sich der Beobachtungszeitraum automatisch um ein Jahr.

Zusammenfassend handelt es sich bei diesem Feldversuch um eine epidemiologische Evaluation pilzlicher Krankheiten an gentechnisch modifizierten Gerstenpflanzen verbunden mit einer für die Sicherheitsforschung relevanten Fragestellung über den Einfluss der rekombinanten Proteine auf symbiontische Pflanze-Pilz Interaktionen. Die Feldversuche sind von geringem Umfang und sorgfältig geplant, um eine Isolation der GVP bestmöglich zu gewährleisten. In der vorab durchgeführten Risikoabschätzung wurden die Auswirkungen auf Mensch und Umwelt als minimal bewertet. Ähnliche seit etwa 8 Jahren in den USA in großem Maßstab mit denselben GVO durchgeführte Feldversuche ergaben keine unerwünschten Auswirkungen auf Menschen und Umwelt.

#### Adressen:

Feldversuchsstandort:
AgroBiotechnikum
Biovativ GmbH
18184 Thulendorf
Landkreis Bad Doberan
Mecklenburg-Vorpommern

#### Betreiber:

Justus-Liebig-Universität, der Präsident, Ludwigstrasse 23, 35390 Gießen Ausführend Stelle: Institut für Phytopathologie und Angewandte Zoologie, Heinrich-Buff-Ring 26-32, 35392 Gießen

#### II. Angaben zum Betreiber und Projektleiter

#### a) Betreiber

Justus-Liebig-Universität Gießen, Der Präsident Ludwigstraße 23, 35390 Gießen

Ansprechpartner:
Verwaltung
Dezernat B, Abteilung B 3.3
Ludwigstrasse 23
35390 Gießen
Tel

Prásident der Justus-Liebig-Universität Ludwigstraße 23 D - 35390 Gießen

14.10.08 Datum

· '

#### Name, Qualifikation und Erfahrung der verantwortlichen Wissenschaftler

#### b) Projektleiter

1. Name, Vorname:

Institut für Phytopathologie und Angewandte Zoologie Heinrich-Buff-Ring 26-32 35392 Gießen

101

Sachkunde

2.1. Abschluss eines Studiums der Naturwissenschaften Diplom-Biologe, RWTH Aachen 1981

2.2. Mindestens dreijährige Tätigkeit auf dem Gebiet der Gentechnik, insbesondere Molekularbiologie.

Seit 1990 ununterbrochen tätig in registrierten S1-Genlaboren

2.3. Abschluss einer anderen Aus-, Fort- oder Weiterbildung

2.3.2. Praktische Erfahrungen im Umgang mit Mikroorganismen: Ja

2.4. Fortbildungsveranstaltung zu Sicherheitsmaßnahmen/Arbeitsschutz: Ja

2.4.1. Wurde eine Fortbildungsveranstaltung zu Sicherheitsmaßnahmen und Arbeitsschutz bei gentechnischen Arbeiten besucht? Ja, Fortbildungsveranstaltung gemäß §15 Abs. 4 Satz 2 GenTSV,

Phillips-Universität Marburg, 6.-8.10. 1997

- 2.4.2. Die folgenden Themen wurden behandelt: Gefährdungspotenziale von Organismen unter besonderer Berücksichtigung der Mikrobiologie; Sicherheitsmaßnahmen für gentechnische Laboratorien und Produktionsbereiche; Rechtsvorschriften zu Sicherheitsmaßnahmen für gentechnische Laboratorien und Produktionsbereiche und zum Arbeitsschutz
- 2.5. War der Projektleiter in dieser Eigenschaft mindestens zwei Jahre in einem nach den Richtlinien zum Schutz vor Gefahren durch *in vitro* neukombinierte Nukleinsäuren-registrierten Genlabor tätig? Ja

Projektleiter: RP Giessen, Hessen, 07.01.1998, 32-GT/53o 06.05.02 A-Uni GI 7/97, BBS: RP Giessen, Hessen, 21.05.2004, IVMr46-53r 30.03.UGI 74.12.01

2006-2008 Projektleiter für Freilandversuch mit GVP

3.	Erlaubnis zum Arbeiten mit Krankheitse aufgeführten Bestimmungen vor. Bei o	erregern: Es liegt keir den freizusetzenden	ne Erlaubnis r Organismen I	nach den bestehen
	keine pathogenen Eigenschaften.	1/11/1		

η 1. Ων+ 2008

Datum

Unterşchrift des Projektleiters

#### III. Angaben zum Beauftragten für biologische Sicherheit

#### Name, Qualifikation und Erfahrung der verantwortlichen Wissenschaftler

#### c) Beauftragter für biologische Sicherheit (BBS)

1. Name, Vorname:

Institut für Phytopathologie und Angewandte Zoologie Heinrich-Buff-Ring 26-32 35392 Gießen

Tel



- 2.1. Abschluss eines Studiums der Naturwissenschaften Diplom-Biologe, RWTH Aachen 1991
- 2.2. Mindestens dreijährige Tätigkeit auf dem Gebiet der Gentechnik, insbesondere Molekularbiologie
  Seit 1995 ununterbrochen tätig in registrierten S1-Genlaboren
- 2.3. Abschluss einer anderen Aus-, Fort- oder Weiterbildung
- 2.3.2. Praktische Erfahrungen im Umgang mit Mikroorganismen: ja
- 2.4. Fortbildungsveranstaltung zu Sicherheitsmaßnahmen/Arbeitsschutz: Ja
- 2.4.1. Wurde eine Fortbildungsveranstaltung zu Sicherheitsmaßnahmen und Arbeitsschutz bei gentechnischen Arbeiten besucht? Fortbildungsveranstaltung nach §15 Abs. 2 Satz 1 Nr. 3 GenTSV, Phillips-Universität Marburg, 6.-8.10.1997
- 2.4.2. Die folgenden Themen wurden behandelt: Gefährdungspotenziale von Organismen unter besonderer Berücksichtigung der Mikrobiologie; Sicherheitsmaßnahmen für gentechnische Laboratorien und Produktionsbereiche; Rechtsvorschriften zu Sicherheitsmaßnahmen für gentechnische Laboratorien und Produktionsbereiche und zum Arbeitsschutz
- 2.5. War der Beauftragte in dieser Eigenschaft mindestens zwei Jahre in einem nach den Richtlinien zum Schutz vor Gefahren durch in-vitro neukombinierte Nukleinsäurenregistrierten Genlabor tätig? Projektleiter: RP Giessen, Hessen, 14.02.2000, IVMr46-53r 30.03.UGI 82.12.01, BBS: RP Giessen, Hessen, 28.11.2001, IVMr46-53r 30.03.UGI 55.12.03
- 3. Erlaubnis zum Arbeiten mit Krankheitserregern: Im Aufgabenbereich des Beauftragten für Biologische Sicherheit wird nicht mit Pathogenen gearbeitet.
- 4. Ist der Beauftragte betriebszugehörig? Ja

0 1 (00), 2003

Datum

Unterschrift des/Beauftragten

#### IV. Ausführliche Information zum Vorhaben

#### A. Generelle Information

#### 1. Name und Adresse des Betreibers

Justus-Liebig-Universität Gießen, der Präsident, Ludwigstraße 23, 35390 Gießen (Ansprechpartner: Dr. Wilfried Lühs, Verwaltung, Dez. B, Abt. B 3.3).

#### 2. Zweck der Freisetzung

Der Zweck der Freisetzung ist eine gezielte Evaluation der Besiedlung der transgenen Gerstenlinien pYW210-9-(4001-4360) bzw. pJH271-Beta-Glu-307 durch einen symbiontischen Pilz (*Glomus intraradices*, kommerzielles Präparat Amykor<sup>®</sup> Wurzel-Vital). Ein weiteres Ziel ist eine umfassende epidemiologische Aufzeichnung auftretender pilzlicher Krankheiten auf den gentechnisch modifizierten Pflanzen im Vergleich zur/m respektiven Empfängerpflanze (Golden Promise) bzw. Kreuzungselter (Baronesse).

Die Gerstenlinie pYW210-9-(4001-4360) wurde mit einer DNA kodierend für eine 42-kDa Endochitinase (cThEn42(GC)) aus dem bodenbürtigen Mycoparasiten Trichoderma harzianum transformiert, um das Resistenzpotenzial in dieser Linie gegenüber den pilzlichen Schaderregern Rhizoctonia solani AG-8 und Rhizoctonia oryzae zu erhöhen. In vitro Versuche zeigten, dass das rekombinante Protein das Wachstum beider Pathogene verhindert (Wu 2003). Die Wirkungsweise der Endochitinase beruht auf dem Abbau von Chitin, das Bestandteil pilzlicher Zellwände der Schaderreger. Die Endochitinase steht in pYW210-9-(4001-4360) unter der Kontrolle des konstitutiven Promotors des Ubiquitin-Gens aus Mais und dem Signalpeptid der 33 kDa Chitinase der Gerste. Folglich wird das Transgen Pflanzenteilen exprimiert. Da das Zellwandmaterial pflanzenbesiedelnden Pilzen weit verbreitet ist, ist ein Einfluss der Endochitinase sowohl auf andere pilzliche Schaderreger als auch Symbionten denkbar.

In der Gerstenlinie pJH271-Beta-Glu-307 wird eine (1,3-1,4)- $\beta$ -Glucanase unter Kontrolle des Endosperm-spezifischen Promotors und des Signalpeptids des D Hordein-Gens Hor 3-1 aus Gerste exprimiert. Die Glucanase wurde durch intragenische Rekombination zweier (1,3-1,4)- $\beta$ -Glucanase aus Bacillus amyloliquefaciens und Bacillus macerans generiert. Auf Grund des verwendeten Endosperm-spezifischen Promotors ist die Expression des Gens räumlich und zeitlich auf das sich entwickelnde Korn begrenzt, während die Aktivität des rekombinanten Enzyms bis zur Kornkeimung erhalten bleibt (Horvath et al. 2000). Daher sind keine Effekte auf pilzliche Blattpathogene zu erwarten. Da aber von einer räumlich begrenzten Exposition der Glucanase vom keimenden Korn in den Boden auszugehen ist, könnte die Besiedlung der Wurzel durch symbiontische und antagonistische Pilze beeinflusst werden.

Die Expression antimikrobiell bzw. antifungal wirkender Gene in Kulturpflanzen verfolgt das Ziel, die pflanzliche Abwehrkraft gegenüber Schaderregern zu erhöhen, um letztendlich eine hohe Ertragsstabilität zu erhalten und die Applikation von Pestiziden zu reduzieren. Im Falle der Verwendung von Genen mit geringer Wirkungsspezifität, ist es notwendig, mögliche nachteilige Effekte auf nützliche Organismen zu analysieren. Mit Hilfe des Freisetzungsversuchs können nähere Angaben zum Wirkungsgrad und zur Spezifität der in beiden gentechnisch modifizierten Linien exprimierten, rekombinanten Proteine gemacht werden. Der Freisetzungsversuch erlaubt eine epidemiologische Untersuchung von pilzlichen Krankheiten, die nur unter Feldbedingungen möglich ist, verbunden mit einer für die Sicherheitsforschung relevanten Fragestellung über den Einfluss der rekombinanten Proteine auf symbiontische Pflanze-Pilz Interaktionen.

#### 3. Titel des Projekts

Zur biologischen Sicherheit von gentechnisch verändertem Getreide: Auswirkungen der transgenen Pflanzen auf nützliche pilzliche Mikroorganismen.

# B. Informationen über (A) die Empfänger – oder (B) (falls zutreffend) die Elternpflanzen – Hordeum vulgare L.

#### 1. Vollständiger Name: Hordeum vulgare L.

(a) Familie:

Poaceae (Gramineae)

(b) Gattung

Hordeum

(c) Art:

vulgare

(d) Unterart:

Sorte/Linie:

Zu testende Transfromationsereignisse:

• pYW210-9-(4001-4360) enthält Transgen *cThEn42(GC)*,

• pJH271-Beta-Glu-307 enthält Transgen *(1,3-1,4)-β*-

Glucanase.

Beide Linien sind Nachkommen der herkömmlichen Zuchtlinie Golden Promise, welche zur Insertion der beschriebenen Gene verwendet wurde. pJH271-Beta-Glu-307 wurde über mehrere

Generation mit der Sorte Baronesse gekreuzt.

(e) Trivialbezeichnung:

Sommergerste

#### 2. (a) Information über die Fortpflanzung

#### (i) Form(en) der Fortpflanzung

Gerste ist eine einjährige, diploide (2n=2x=14), selbstbefruchtende Pflanze. Die Reproduktion erfolgt sexuell über Samenproduktion.

Der Blütenstand (Ähre) der Gerste ist aus mehreren an einer Mittelachse (Rachis) versetzt und wechselseitig angeordneten Ährchen aufgebaut. Die Ährchen bestehen aus der kleistogamen, zwittrigen Blüte, welche von Spelzen umgeben ist. Bei der zweizeiligen Sommergerste ist nur das zentrale Ährchen fertil, während die beiden äußeren Ährchen steril sind. Die Ähre blüht innerhalb von zwei-drei Tagen asynchron ab, wobei ein Ährchen im mittleren Drittel der Ähre mit dem Blühen beginnt. Von dort aus schreitet das Blühen nach oben und unten fort.

#### (ii) gegebenenfalls spezielle, die Fortpflanzung beeinflussende Faktoren

Gerste ist Selbstbestäuber mit einer Selbstbefruchtungsrate von ~99%, was durch die kleistogame Blütenmorphologie unterstützt wird. Verbunden mit einer im Vergleich zu fremdbefruchtenden Roggen niedrigen Pollenproduktion (~10%) wird die Auskreuzungwahrscheinlichkeit stark reduziert (Eastham und Sweet 2002). Hammer (1977) sieht vor allem die Empfindlichkeit des Pollens gegenüber Umweltbedingung und der daraus resultierenden, kurzen Lebensfähigkeit als limitierend an. Dennoch ist eine Hybridisierung zwischen unterschiedlichen Gerstensorten möglich. Wind stellt hier das wahrscheinlichste Medium zur Pollenverbreitung dar (Hammer 1975, 1977, Eastham und Sweet 2002).

#### (iii) Generationsdauer

Gerste ist ein annuelles Getreide mit einer Generationszeit von 6-7 Monaten. In Abhängigkeit von der Witterung erfolgt in Deutschland die Aussaat Mitte März/Mitte April.

#### (b) Kreuzbarkeit mit anderen Kultur- und Wildpflanzenarten

Unter dem Gesichtspunkt der Erhöhung der Fremdbefruchtungsrate in Gerste, untersuchten Abdel-Ghani et al. (2004) die Auskreuzungsereignisse von angebauten Landrassen der Gerste (*Hordeum vulgare* L.) und Wildgerste (*H. spontaneum*) in Jordanien. Die Auskreuzungsrate lag bei 0-1,8% ( $\mu$  = 0,34%) und war übereinstimmend mit den Ergebnissen früherer Untersuchungen (Chaudhary et al. 1980, Tammisola 1998, Wagner und Allard 1991). Allerdings führten hohe Niederschlagsmengen und niedrige Temperaturen zu einer wenn auch nicht signifikant erhöhten Auskreuzungsrate (Abdel-Ghani et al. 2004). Unter Verwendung von männlich-sterilen Empfängerpflanzen, konnten Ritala et al. (2002) eine Kreuzbestäubung in einem Abstand von bis zu 50 Metern nachweisen, wobei die Frequenz äußerst gering war. Zu ähnlichen Ergebnissen kamen Wagner und Allard (1991). Allerdings wurde die Auskreuzungsrate von Ritala et al. (2002) durch die Verwendung eines offen abblühenden Gerstentyps als Pollenempfänger und auf Grund des Versuchsaufbaus als überschätzt bewertet.

Eine Hybridisierung zwischen Weizen (Pollenempfänger) und Gerste kommt unter natürlichen Bedingungen nicht vor und ist durch künstliche Bestäubung unter Verwendung spezieller Methoden (z.B. "Embryo rescue") begrenzt möglich, da die Nachkommenschaft männlich steril ist (Fedak 1992, Molnar-Lang und Sutka 1994). Gleiches gilt für Hybridkreuzungen zwischen Gerste und Roggen. Hordeum vulgare L. kann mit Elymus sp. gekreuzt werden bzw. es kommt zu natürlicher intergenerischer Kreuzung zwischen Hordeum sp. und Elymus sp., wobei resultierende Hybride in allen Fällen männlich bzw. komplett steril sind.

Alle bisherigen Daten weisen darauf hin, dass Kulturgerste mit keiner anderen Kulturpflanze und Wildgerstenart unter natürlichen Bedingungen hybridisiert oder entstehende Hybride steril sind (Fedak 1992). Weltweit kommen ca. 25 Hordeum Arten in gemäßigten Klimazonen vor. Einige hiervon sind in Europa vertreten. Beispiele hierfür sind *H. geniculatum*, *H. jubatum* L., *H. marinum*, *H. murinum* ssp. murinum, H. murinum ssp. leporinum, H. murinum ssp. glaucum, H. nodosum L., H. pubiflorum, H. pusillum, H. secalinum, H. hystrix, H. bulbosum, H. bogdannii, H. brevisubulatum, Hordelymus europaeus.

Unter Berücksichtigung der hohen Selbstbefruchtungsrate und der starken Hybridisierungsbarrieren zwischen *Hordeum*-Arten, ist das Risiko der Auskreuzung zwischen Kultur- und Wildgersten sehr gering.

#### 3. Überlebensfähigkeit

#### (a) Fähigkeit zur Bildung von Überlebens- oder Dormanzstrukturen:

Gerste ist ein in gemäßigten Klimaten vorkommendes, annuelles Getreide, deren Reproduktion über Samen erfolgt. Im Anbau wird zwischen sommer- und winterannuellen Sorten unterschieden, die unterschiedliche Anforderung an das Klima (z.B. Kältetoleranz, Trockenstresstoleranz) stellen und somit die Überlebensfähigkeit der Pflanze vorgeben. Daneben haben biotische Faktoren (pilzliche, bakterielle und tierische Schaderreger, Unkräuter und –gräser) starken Einfluss auf die Überlebensfähigkeit. Auf Grund der Züchtung und Selektion auf Ertragsmerkmale und Standortansprüche ist die Gerste als Kulturpflanze außerhalb der landwirtschaftlichen Umgebung gegenüber der einheimischen Flora nicht konkurrenzfähig. Die fehlende Spindelbrüchigkeit der Ähre verhindert zudem die natürliche Samenausbreitung.

Bei winterannuellen Gerstensorten kann Ausfallgetreide überwintern und im folgenden Frühjahr auskeimen. Da der genetische Hintergrund der zu untersuchenden transgenen Pflanzen auf den Sommergersten Baronesse (bei pJH271-Beta-Glu-307) bzw. Golden Promise (pYW210-9-(4001-4360)) basiert, ist die Überwinterungsfähigkeit (bzw. Frosthärte) eingeschränkt. Im Falle von Durchwuchs lassen sich Pflanzen leicht mit Herbiziden oder mechanischen Maßnahmen kontrollieren.

#### (b) gegebenenfalls spezielle, die Überlebensfähigkeit beeinflussende Faktoren:

Die Überlebensfähigkeit der Gerste wird von abiotischen (Klima, Boden, Licht, Wasser usw.) und biotischen Faktoren (pilzliche, bakterielle und tierische Schaderreger, Unkräuter und – gräser) beeinflusst. Diese Einflüsse wirken sortenspezifisch. Gerste ist ein in den gemäßigten Breiten vorkommendes Getreide, dessen Konkurrenzfähigkeit durch die lange Domestikation stark eingeschränkt ist. Eine Ansiedlung außerhalb der landwirtschaftlichen Umgebung ist daher nicht möglich. Auf Grund der Züchtung besitzen heutige Kultursorten keine spindelbrüchigen Ähren, was die Samenausbreitung stark begrenzt.

#### 4. Ausbreitungsfähigkeit

#### (a) Art und Grad der Ausbreitungsfähigkeit

Genetische Informationen können sich über Pollen bzw. Samen verbreiten. Die Ausbreitung durch Pollen und Samen wurde bereits in Abschnitt 2 und 3 ausgeführt. Angemerkt werden muss, dass eine Verbreitung der Gerstensamen durch Vögel und Kleinsäuger vorkommen kann, denen die Körner als Futter dienen.

#### (b) gegebenenfalls spezielle, die Ausbreitungsfähigkeit beeinflussende Faktoren:

Auf Grund der Züchtung besitzen heutige Kultursorten keine spindelbrüchigen Ähren, was die Samenausbreitung stark begrenzt. Folglich ist die Samenausbreitung völlig vom Menschen bzw. ackerbaulichen Kulturmaßnahmen abhängig.

#### 5. Geographische Verbreitung

Gerste (Hordeum vulgare L.) ist geschichtlich unsere älteste Getreideart. Sie wird bereits in prähistorischen Funden nachgewiesen, die älter als 6.000 Jahre sind. Die Gerste stammt ursprünglich aus Ostasien. Sie kann bis weit in die nördlichen Breiten und in die Höhenlagen der Gebirge angebaut werden. Die Züchtung der heutigen Kulturgerstensorten bewirkte, dass deren Kultivierung und Ausbreitung vollkommen vom Menschen abhängig ist. Die Gerstenähren haben in der Regel lange Grannen und sind meist geneigt. Wintergerste wird im Herbst gesät und überwiegend als Futtergetreide verwendet.

Die im Frühjahr gesäte Sommergerste dient in erster Linie als Braugerste für die Bierherstellung. In Deutschland dehnte sich die Anbaufläche für Wintergerste in den letzten Jahrzehnten besonders stark aus. Das liegt an der großen Nachfrage nach Gerste für Futterzwecke. Es wurden hier im Jahr 2000 rund 2,0 Mio. ha Gerste angebaut. Das sind etwa 19% der Ackerfläche.

6. Bei Pflanzen die im/in Mitgliedstaat(en) üblicherweise nicht angebaut werden, Beschreibung des natürlichen Lebensraumes der Pflanze, einschließlich Informationen über natürliche Episiten, Parasiten, Konkurrenten und Symbionten

Gerste wird in Deutschland als Sommer- und Wintergerste angebaut

7. Möglicherweise signifikante Wechselwirkungen der Pflanze mit nichtpflanzlichen Organismen im Ökosystem, in dem sie üblicherweise

### angebaut wird, einschließlich Informationen über toxische Effekte auf Mensch und Tier oder andere Organismen.

Gerste wird von mehreren tierischen Schaderregern (Nematoden. Thripse. Getreideblattläuse, Drahtwürmer, Getreidewickler) befallen. Daneben ist sie Wirtspflanze verschiedener pilzlicher (Brandpilze, Roste. Fusariosen, Mehltau. Blatt-Netzfleckenkrankheiten. Schwarzbeinigkeit, Halmbruchkrankheit, usw.) (Gelbverzwergungsvirus) Erreger. Eine Symbiose geht die Gerste mit arbuskulären Mykorrhizapilzen (z.B. Glomus intraradices, Glomus mosseae, Gigaspora rosea) ein.

In Bezug auf die menschliche Gesundheit ist die Pollenallergie als potenzielle Interaktion zu erwähnen. Gerstenpollen kann, wie andere Pflanzenpollen auch, beim Einatmen allergische Reaktionen bei sensibilisierten Menschen hervorrufen.

#### C. Informationen über die gentechnische Veränderung

#### 1. Beschreibung der zur genetischen Veränderung angewandten Verfahren

#### a) pYW210-9-(4001-4360)

Die Transformationen wurden unter Verwendung von Agrobacterium tumefaciens am "Department of Crop and Soil Sciences" an der Washington State University, Pullman (USA) durchgeführt.

Die Transformation wurde durch Co-Kultivierung unreifer Embryonen mit dem Agrobacterium tumefaciens Stamm AGL-1 durchgeführt. Der verwendete A. tumefaciens Stamm enthielt ein nicht funktionsfähiges ("disarmed") Ti-Plasmid und war transformiert mit pYW210 (s.u., Punkt 2. und VI. Anhang I, Abb. 1+2). Unreife, zygote Embryos (1,5 - 2,5 mm) der Gerstensorte Golden Promise wurden longitudinal halbiert und in Kallus-Induktionsmedium ("callusinduction medium", CIM) (Horvath et al., 2002) bei 24 °C im Dunkeln für zwei Tage inkubiert. Die Embryohälften wurden schließlich mit einer Übernachtkultur von A. tumefaciens versetzt und unter gleichen Bedingungen für zwei weitere Tage co-kultiviert. Die Embryohälften wurden nach der Co-Kultivierung mit LB Medium gewaschen und auf CIM übertragen. Dieses Medium enthielt 200 mg Timentin/I (zur Elemierung von Agrobacterium) und 4 mg Bialaphos/I, um Kalluswachstum zu induzieren und transformierte Zellen zu isolieren. Selektierte Kalli wurden auf spezielles Medium zur Induktion des Sprosswachstum ("shootgeneration medium", SGM) (Horvath et al., 2002) überführt, welches 3 mg Bialaphos/l Medium enthielt, und für einen Monat inkubiert. Die so gewonnen Pflänzchen wurden für einen weiteren Monat auf ein Medium zur Induktion des Wurzelwachstums ("root-generation medium", RGM) übersetzt und die daraus generierten Pflänzchen schließlich in Erde gepflanzt. Die Bezeichnung pYW210-9 verweist auf die Gerstenpflanze 9 der Generation To. die erfolgreich mit pYW210 transformiert wurde (Wu 2003).

#### b) pJH271-Beta-Glu-307

Die Transformationen wurden unter Verwendung von *Agrobacterium tumefaciens* am "Department of Crop and Soil Sciences" an der Washington State University, Pullman (USA) durchgeführt (Horvath et al. 2000, 2002).

Der Ablauf und die Methodik der Transformation waren identisch zu der in Abschnitt C a) beschriebenen.

#### 2. Art und Herkunft des verwendeten Vektors

Tabelle 1: Spezifikation der Plasmide

Sequenzen	pYW210	pJH271
	16509 bp	15110 bp
Gen	cThEn42(GC) (Acc. AY701743)	(1,3-1,4)-β-Glucanase H(A12-M)ΔY13-GC-N
Promotor	pUbi-1	HvHor3
Signalpeptid	HvChi33 (Acc. L34211)	HvHor3
Terminator	nos	nos
Markergen	bar	(1) bar (2) sGFP
Promotor	pUbi-1	(1) pUbi-1 (2) CaMV 35S
Terminator	nos	(1) nos (2) nos

#### a) pYW210-9-(4001-4360)

Die codon-optimierte 42-kDa *Endochitinase cThEn42(GC)* (GenBank accession AY701743) wurde mit einer Nukleotidsequenz ligiert, welche für ein Signalpeptid der 33-kDa Gersten-*Endochitinase* (Hv*Chi33*; GenBank Accession L34211) kodiert.

Das Plasmid pYW210 (Vektorkarte, s. Anhang I) umfasst ein Konstrukt, welches cThEn42(GC) unter der Steuerung eines Ubiquitinpromotors (pYW210) aus Mais (pUbi-1) enthält. Das Plasmid entstammt dem binären Klonierungsvektor pJH260, der wiederum auf pBIN19 basiert (Bevan 1984; Horvath, et al. 2000, Wu 2003).

Das Plasmid pYW210 entstand durch den Verdau von Plasmid pAM100b-HindIII-pUbi-SP(HVChi33)-cThEn42(GC)-nos-NotI mit den Enzymen HindIII und NotI, woraus das Fragment pUbi-SP(HVChi33)-cThEn42(GC)-nos resultierte. Dieses Fragment wurde anschließend in das Plasmid pAM300-HindIII-NotI-RB-LB-pUbi-BAR-nos-EcoRI (verdaut mit HindIII und NotI) kloniert, um Plasmid pAM300-HindIII-pUbi-SP(HVChi33)-cThEn42(GC)-nos-NotI-RB-LB-pUbi-BAR-nos-EcoRI zu erhalten. Durch dessen Verdau mit HindIII und EcoRI konnte das Fragment pUbi-SP(HVChi33)-cThEn42(GC)-nos-RB-LB-pUbi-BAR-nos-isoliert werden, welches in das Plasmid pJH260-LB-HindIII-pUbi-BAR-nos-EcoRI-RB (verdaut mit HindIII und EcoRI) ligiert wurde, um das Plasmid pYW210 mit dem Konstrukt LB-pUbi-SP(HVChi33)-cThEn42(GC)-nos-RB-LB-pUbi-BAR-nos-RB zu erhalten (Wu 2003).

#### b) pJH271-Beta-Glu-307

Der *Agrobacterium*vektor pJH271 wurde für die Transformation der Gerstensorte Golden Promise verwendet, der auf der Grundlage des binären Konierungsvektors pJH2600 basiert, der sich wiederum von pBIN19 ableitet (Bevan 1984, Horvath et al. 2000). Die diversen Klonierungsschritte, um pJH271 zu erhalten, sind detailliert bei Jensen et al. (1998) und Horvath et al. (2000) beschrieben.

# 3. Größe, Herkunft (Bezeichnung des Spenderorganismus/der Spenderorganismen) und geplante Funktion jedes konstituierenden Fragments der für die Insertion vorgesehenen Region

Die Plasmide tragen eine Kombination der folgenden Gene:

Die Vektorkarten und -sequenzen der Donorplasmide pYW210 und pJH271 sind im VI. Anhang I aufgeführt.

Tabelle 2 (s. Seite 21) beschreibt die Art und Herkunft der DNA-Sequenzen in pYW210 und pJH271.

Tabelle 2: Elemente der T-DNA-Fragmente der Plasmide pJH271 und pYW210

	Größe	nente der Plasmide pJH271 und pYW210 Funktion und Herkunft der Sequenz
Kodierungssequenz	Groise	Funktion und Herkuntt der Sequenz
pJH271	40501	D
Ubi-1	1953 bp	Promotor des Mais-Ubiquitin-Gens zusammen mit
		dem 1. Intron (White et al. 1990) zur konstitutiven
0.441/050	1 222 1	Expression des Transgens in allen Pflanzenteilen.
CaMV 35S	209 bp <sup>1</sup>	Promotor des Blumenkohl-Mosaik-Viruses (CaMV) zur
		konstitutiven Expression des sGFP- Markergens (in
		pJH271) in allen Pflanzenteilen.
Signalpeptid <i>Hor-</i> 3	62 bp	Signalpeptid des <i>D Hordein</i> -Gens <i>Hor3-1</i> , welches im
		sich entwickelnden Endosperm exprimiert wird
		(Horvath et al. 2000).
Hor-3	433 bp	Promotor des Endosperm-spezifischen D Hordein-
		Gens Hor3-1 zur gezielten Expression des Transgens
		während der Kornentwicklung (Horvath et al. 2000).
(1,3-1,4)-β-Glucanase	644 bp	Glucanase-Gen, generiert durch intragenische
		Rekombination zweier (1,3-1,4)-β-Glucanasen aus
		Bacillus amyloliquefaciens und Bacillus macerans
		(Borriss et al. 1989, Politz et al. 1993). Die
		Gensequenz wurde auf einen G+C-Gehalt von 63%
		codon-optimiert, um die Expression des mikrobiellen
		Gens in Gerste zu gewährleisten (Jensen et al. 1996).
Bar	557 bp	Phosphinothricin-Acetyltransferase-Gen, isoliert von
		Streptomyces hygroscopius (De Block et al. 1987,
		Thompson et al. 1987). Das Gen dient als Marker für
		die Transformation und vermittelt Resistenz
		gegenüber dem Herbizid Bialaphos (Glufosinat-
·		Ammonium).
sGFP	719 bp	Synthetisches Grün Fluoreszierendes Protein, isoliert
		von Aequorea victoria (Chiu et al. 1996).
nos Term	264-283 bp	Terminationssequenz des Nopalin-Synthase-Gens,
		isoliert von Agrobacterium tumefaciens (Depicker et al.
		1982, Bevan et al. 1983).
pYW210		
Ubi-1	1953 bp	Promotor des Mais-Ubiquitin-Gens zusammen mit
		dem 1. Intron (White et al. 1990) zur konstitutiven
		Expression des Transgens in allen Pflanzenteilen.
Signalpeptid <i>HvChi</i> 33	80 bp	Signalpeptid der 33-kDa Endochitinase der Gerste
		(Kragh et al. 1991).
cThEn42(GC)	1169 bp	42 kDa <i>Endochitinase</i> -Gen, isoliert von <i>Trichoderma</i>
		harzianum mit antifungaler Aktivität (Hayes et al. 1994,
		Lorito et al. 1998). Die Gensequenz wurde auf einen
		G+C-Gehalt von 65,1% codon-optimiert, um die
		Expression des fungalen Gens in Gerste zu
		gewährleisten (Wu 2003).
Bar	557 bp	Phosphinothricin-Acetyltransferase-Gen, isoliert von
		Streptomyces hygroscopius (De Block et al. 1987,
		Thompson et al. 1987). Das Gen dient als Marker für
		die Transformation und vermittelt Resistenz
		gegenüber dem Herbizid Bialaphos (Glufosinat-
	<u> </u>	Ammonium).
T	264-283 bp	Terminationssequenz des Nopalin-Synthase-Gens,
nos Term		
nos term		isoliert von <i>Agrobacterium tumefaciens</i> (Depicker et al. 1982, Bevan et al. 1983).

D. Informationen über die gentechnisch veränderte Pflanze (GVP)

#### 1. Beschreibung der eingeführten oder veränderten Merkmale und Eigenschaften

a) pYW210-9-(4001-4360)

Bei diesem Versuch handelt es sich um ein individuelles Transformationsereignis. Diese beinhalten:

- Ein Gen, das für eine codon-optimierte 42 kDa Endochitinase (cThEn42(GC)) kodiert und dessen Genprodukt in vitro das Wachstum der pilzlichen Schaderreger Rhizoctonia solani AG-8 und Rhizoctonia oryzae hemmt. Dieses Gen wird durch den verwendeten Promotor (Ubiquitin) in allen Pflanzenteilen exprimiert und auf Grund des eingesetzten Signalpeptids (HvChi33) in den Apoplasten sekretiert. Der G+C-Gehalt wurde auf 65,1% erhöht, um die Expression des fungalen Gens in Gerste zu gewährleisten. Bei Kontakt der Endochitinase mit den pilzlichen Myzelien, deren Struktur auf Chitin basiert, erfolgt deren enzymatischer Abbau, und folglich eine effektive Prävention pilzlicher Infektion bzw. Kolonisation (Wu 2003).
- Ein zur Selektion verwendetes Markergen, welches transformierten Pflanzen ermöglicht, auf einem mit dem Herbizid Bialaphos versetzten Medium zu wachsen. Das Gen (*Bar*) kodiert für die Phosphinothricin-Acetyltransferase (PAT) und steht unter Kontrolle des Promotors des *Ubiquitin*-Gens (*Ubi-1*). *PAT* wurde von *Streptomyces hygroscopius* isoliert. Das von *S. hygroscopius* synthetisierte Antibiotikum Bialaphos besteht aus Phosphinothricin (PPT) und zwei L-Arginin-Resten und ist ein Inhibitor der Glutaminsynthetase. Die Behandlung mit Bialaphos führt zu einer toxischen Akkumulation von Ammonium in pflanzlichen Zellen. Pflanzen hingegen, die PAT exprimieren, können die Toxizität durch die Acetylierung der freien NH<sub>2</sub>-Gruppe des PPT verhindern. Erfolgreich transformierte Pflanzenembryos können positiver Selektion durch die Regeneration auf Bialaphos-haltigem Medium ausgesetzt werden. Ausschließlich erfolgreich transformierte Pflanzen sind überlebensfähig (De Block et al. 1987, Thompson et al. 1987).

#### b) pJH271-Beta-Glu-307

Bei diesem Versuch wurde ein individuelles Transformationsereignis verwendet. Dieses beinhaltet:

- Ein Gen, das für eine codon-optimierte (1,3-1,4)-β-Glucanase kodiert. Das Gen wurde durch intragenische Rekombination zweier (1,3-1,4)-β-Glucanase aus Bacillus amyloliquefaciens und Bacillus macerans erzeugt (Borriss et al. 1989, Politz et al. 1993). Beide Glucanasen besitzen die gleiche Substratspezifizität wie jenes Enzym in Gerste, das die Mobilisierung der Stärke und Proteine während der frühen Keimlingsentwicklung fördert. Das Gen steht unter der Kontrolle des Promotors des Endosperm-spezifischen D Hordein-Gens Hor3-1 und dessen Signalpeptid. Daraus resultiert eine zeitlich und räumlich begrenzte Genexpression während der Kornentwicklung. Das Enzym besteht aus den Aminosäuren 1-12 von Bacillus amyloliquefaciens und Aminosäuren 13-214 von Bacillus macerans, in dem Tyr-13 von Bacillus amyloliquefaciens entfernt wurde (Politz et al. 1993, Jensen et al. 1996). Dies bewirkt eine Erhöhung der Halbwertszeit des Enzyms von über 4 Stunden bei 70°C und einem pH 5,0. Innerhalb der Gerstenzelle wird das Enzym an zwei Positionen glykosyliert, was dessen Hitzestabilität zusätzlich unterstützt. Der G+C-Gehalt wurde auf 63% erhöht, um die Funktion des mikrobiellen Gens in der pflanzlichen Zelle zu gewährleisten (Jensen et al. 1996).
- Als Markergen diente ebenfalls Bar (für Details siehe Abschnitt D 1 a).

#### Seite 22a

#### (b) Ausbreitungsfähigkeit

Die wahrscheinlichsten Ausbreitungswege erfolgen über Samen und Pollen. Bei den ausgewählten Gerstenlinien handelt es sich um die  $T_4$  (pYW210-9-(4001-4360)) bzw  $F_7$  Generationen (pJH271-Beta-Glu-307). Die Pflanzen jeder Generation blühten normal und erzeugten Samen. Wissenschaftliches Fachpersonal konnte in bisherigen Gewächshaus- und Feldversuchen an der Washington State University, Pullman (USA) oder an der Justus-Liebig-Universität Gießen keinen Unterschied zwischen gentechnisch modifizierten Linien und der Empfängerpflanze (Golden Promise) bzw. dem Kreunzungselter (Baronesse) in Bezug auf Form und Rate der Ausbreitung beobachten.

Auf die Argumentation des vorherigen Abschnitt verweisend, kann auf Grund der vorgenommen Modifikationen nicht davon ausgegangen werden, dass die transgenen Pflanzen sich in ihrer Ausbreitungsfähigkeit von der Empfängerpflanze bzw. Kreuzungselter unterscheiden.

#### (c) Überlebensfähigkeit

Das Samenkorn ist die Überdauerungs- und Verbreitungsform der Gerste. Das zu verwendende transgene Pflanzenmaterial wurde im Gewächshaus und im Feld seit mehreren Jahren vermehrt. Basierend auf Beobachtung durch wissenschaftliches Fachpersonal sind sowohl Blüte als auch Samenproduktion als normal zu bewerten, so dass die genetische Modifikation auf keine zu den Empfängerpflanzen veränderte Überlebensfähigkeit schließen lässt. In dieser Hinsicht konnten durch die Zerstörung der Freisetzungsversuche in 2006 und 2007 keine Erkenntnisse aus der Freisetzung 67860-0168 in Giessen erzielt werden.

 Als zusätzliches Markergen wurde das synthetische Grün Fluoreszierende Protein (sGFP) verwendet. GFP wurde von Aequorea victoria isoliert und besteht aus 238 Aminosäuren. Die Biolumineszens in A. victoria entsteht durch die Reaktion der Seitenketten von Serin-, Tyrosin- und Glycinresten, wodurch der fluoreszierende Farbstoff gebildet wird (Tsien 1998). Das Gen steht unter Kontrolle eines CaMV 35S Promotors.

#### 2. Informationen über die tatsächlich eingefügten/deletierten Sequenzen

(a) Größe und Struktur des Inserts und Verfahren zu dessen Charakterisierung, einschließlich Informationen über jegliche in die GVP eingeführte Teile des Vektors oder einen Carrier oder fremde DNA, die im GVP bleibt:

Vektorkarten und -sequenzen sind in Anhang I und wesentliche Vektorkomponenten in Tabelle 2 (Abschnitt C3) aufgeführt.

#### a) pYW210-9-(4001-4360)

Für die Transformation wurde die Gerstensorte Golden Promise verwendet. Die resultierenden, transgenen Gerstenlinien wurden unter Verwendung eines für die rekombinante Endochitinase spezifischen Antikörpers in Western Blot Analysen sowie unter Verwendung von Endochitinase-spezifischen Primern in PCR Analysen selektiert. Die Bezeichnung pYW210-9 verweist auf die Gerstenpflanze 9 der Generation  $T_0$  (Primärtransformant), die erfolgreich mit pYW210 transformiert wurde (Wu 2003, S. 58-59, 62-66). Die Linie pYW210-9-(4001-4360) ist ein direkter Nachkomme ( $T_4$  Generation) dieser  $T_0$ -Pflanze.

Am "Department of Crop and Soil Sciences" der Washington State University, Pullman (USA) wurden PCR - und Western Blot Analysen an Blättern von  $T_0$  Pflanzen durchgeführt (Wu 2003, S. 58-59, 62-66). Direkte  $T_2$  Nachkommen der positiv getesteten  $T_0$  Pflanze pYW210-9 wurden mittels PCR individuell getestet. Die Körner der PCR-positiven Pflanzen wurden geerntet. Die Identifikation homozygoter Pflanzen erfolgte über einen Enzymaktivitätsassay. Mit Hilfe diese Assays konnten transgene Körner identifiziert und folglich auch die Homozygotie von  $T_2$  Pflanzen bestimmt werden (unpublizierte Resultate; s. Details in Anhang IV).

#### b) pJH271-Beta-Glu-307

Für die Transformation wurde die Gerstensorte Golden Promise verwendet. Am "Department of Crop and Soil Sciences" der Washington State University, Pullman (USA) wurden die Transgenen Nachkommenschaften näher charakterisiert. Im Jahr 1998 konnten 10 transgene Gerstenlinien (271.0.1 bis 271.0.10) regeneriert werden und anhand der reifen  $T_1$  Körner konnte deren (1,3-1,4)- $\beta$ -Glucanase-Aktivität mittels Zymogramm und Enzymaktivitätsassay bestimmt werden. Segregationsanaylsen der  $T_2$  Körner ergab eine Vererbung den Mendelschen Vererbungsgesetzen folgend (Horvath et al. 2000). Die für die Feldversuche vorgesehene Linie (271.0.6) wurde 1999 erstmal im Feld angebaut und über mehrere Jahre mit cv. Baronesse gekreuzt. Die zu verwendende Linie ist die F7.

Zusätzlich wurden weitere Sequenzen, die innerhalb der T-DNA liegen, in die pflanzliche Zelle transferiert. Die Endochitinase-exprimierende Linie (pYW210-9-(4001-4360) enthält die pBIN19 Sequenzen 5928-6777 und 9140-9421. Die Beta-Glucanase-exprimierende Linie (pJH271-Beta-Glu-307) enthält die pBIN19 Sequenzen 5928-6768 und 9209-9421 Die T-DNA enthält an Position 6043-6190, bzw. 9260-9421, die linke, bzw. die rechte Randsequenz, die für ihre Integration in das pflanzliche Genom benötigt werden. Die Nukleotide 6191-6321 und 6623-6917 umfassen Teile des *lacZ*-Gens aus *E. coli*, die in Pflanzen nicht funktional sind. Die Nukleotide 6322-6622 umfassen Teile (den Ursprung der

Replikation) des *E. coli*-Phagen M13, die in Pflanzen nicht funktional sind. Die Nukleotide 8953-9259 umfassen den Promotor des *Nos*-Gens (*Nopalin-Synthase*) aus *Agrobacterium tumefaciens*, der aber auf Grund der diversen Klonierungsschritte nur fragmentarisch in den Nukleotiden 9140-9421 von pYW210 und 9209-9421 von pJH271 vorliegt (vgl. Anhang I, Abb. 5, Frisch et al. 1995).

Solange keine genaue Analyse der in die Pflanze integrierten Sequenz durchgeführt worden ist, muss der Risikoabschätzung zugrunde gelegt werden, dass der gesamte Vektor integriert ist. Der Vektor pBIN19 wurde vollständig sequenziert (Anhang I, Abbildung 5; Frisch et al. 1995). Auf Grund der Sequenz ergeben sich folgende Teilstücke außerhalb der T-DNA: Die Nukleotide 1-618 umfassen den oriV, den Ursprung der Replikation des Plasmids pRK2 aus E. coli. Die Nukleotide 693-964 umfassen ein nicht funktionales Teilstück des kilA-Gens aus Klebsiella aerogenes. Die Nukleotide 965-1315 und 2086-3078 umfassen das nptIII-Gen aus Streptococcus faecalis. In dieses Gen ist das "transposable element" IS1 zwischen den Positionen 1316-2085 inseriert, was aber die Funktionalität nicht beeinträchtigt, denn es vermittelt mit dem Plasmid transformierten E. coli und A. tumefaciens Kanamycinresistenz und dient in den Bakterien als selektierbarer Marker; ist jedoch nicht in Pflanzen funktional. Die Nukleotide 3079-4560 umfassen das trfA-Gen des Plasmids pRK2, das für zwei Proteine, die für die Replikation des Plasmids in Bakterien, jedoch nicht in Pflanzen, notwendig sind. Die Nukleotide 4561-5603, 9434-10617 umfassen das tetA-Gen des Plasmids pRK2, das nicht funktional ist, da es zwischen den Positionen 6043-9421 durch die T-DNA unterbrochen ist. Die Nukleotide 10610-10988 umfassen den ColE1 ori, den Ursprung der Réplikation von dem Plasmid ColE1. Die Nukleotide 10982-11765 umfassen Teile des traF-Gens, die den oriT des Plasmids RP4 aus E. coli enthalten, der für triparentale Paarungen benötigt wird, in Pflanzen jedoch nicht funktional ist. Die Nukleotide 619-692, 5604-6042, 9422-9433 und 11766-11777 umfassen Bereiche, die keine Homologien zu bisher bekannten Seguenzen aufweisen.

Um die Übertragung des *nptlll*-Gens in seiner Gesamtheit bzw. in Fragmenten auszuschließen, wurden Southern Blot Analysen durchgeführt (Southern 1975; s. Ergebnisse in Anhang V). Die genomische DNA von vier Pflanzen der Linien pYW210-9-(4001-4360) bzw. fünf Pflanzen der Linie pJH271-Beta-Glu-307 wurden auf eine Nylonmembran geblottet. Die für die Hybridisierung verwendete Sonde basiert auf einem PCR-Produkt, welches die kodierenden Bereiche des *nptlll*-Gens (Position 965-1315 + 2086-3078) und des inserierten "transposable element" IS1 (Position 1316-2085) komplett umfasst. Auf Grund fehlender Hybridisierungssignale in den transgenen Linien wird eine Integration des *nptlll*-Gens in das Genom der Linien pYW210-9-(4001-4360) und pJH271-Beta-Glu-307 ausgeschlossen.

(b) bei einer Deletion, Größe und Funktion des/der deletierten Abschnitt(e):

entfällt

# (c) Lokalisation des Inserts in den Pflanzenzellen (integriert in nicht integrierter Form in: Chromosom, Chloroplasten, Mitochondrien) und Verfahren zu seiner Bestimmung

Bei sexuellen Kreuzungen folgt die Vererbung der (1,3-1,4)- $\beta$ -Glucanase den Mendelschen Vererbungsgesetzen (Segregationsanalyse der  $T_2$ ). Es wird gefolgert, dass die inserierten Gene in die Zellkern-Chromosomen integriert werden (Horvath et al. 2000). Das rekombinante Enzym Endochitinase wird seit mehreren Generationen stabil in allen Pflanzen der Linie pYW210-9-(4001-4360) exprimiert. Es wird gefolgert, dass die inserierten Gene in die Zellkern-Chromosomen integriert werden.

- (d) Anzahl der Kopien des Inserts:
- a) pYW210-9-(4001-4360)

Es wurden keine Analysen zur Bestimmung der Kopienzahl der *Endochitinase* durchgeführt. Auf Grund von Erfahrungen besitzen durch Agrobakterien erstellte transgene Pflanzen 1-5 Kopien des Inserts.

b) pJH271-Beta-Glu-307

Die Kopienzahl in mit pJH271 erstellten Pflanzen ergab eine Kopienzahl von 1-4 (Horvath et al. 2000).

#### 3. Informationen über die Expression des Inserts

- (a) Informationen über die Expression des Inserts und Verfahren für ihre Charakterisierung:
- a) pYW210-9-(4001-4360)

Die Quantifizierung des rekombinanten Proteins wurde mittels Aktivitätsassay an einzelnen Körnern durchgeführt (s. Anhang IV und Abschnitt D 2 (a) a)). Dabei wurde ein durchschnittlicher Enzymgehalt von 6 g·kg<sup>-1</sup> Saatgut gemessen (unpublizierte Resultate).

b) pJH271-Beta-Glu-307

Die für die Versuche ausgewählte, transgene Gerstenlinie (271.0.6) wurde mittels des Zymogramm-Plattenassays charakterisiert. Der Enzymgehalt im Korn betrug 900 mg·kg<sup>-1</sup> (Horvath et al. 2000, 2002)

- (b) Pflanzenteile, in denen das eingefügte Insert exprimiert wird (z.B. Wurzeln, Spross, Pollen usw.)
- a) pYW210-9-(4001-4360)

Die Endochitinase (*cThEn42(GC)*) steht unter der Kontrolle des von Mais isolierten Promotors des *Ubiquitin-*Gens. Das Enzym wurde mittels des Aktivitätsassays (s. Anhang IV und Abschnitt D 2 (a) a)) in Wurzeln, Blättern und Körnern nachgewiesen und es muss davon ausgegangen werden, dass es ebenfalls in der Ähre exprimiert wird. Die Untersuchungen in Wurzeln und Blättern hatten rein qualitativen Charakter und wurden nicht quantitativ evaluiert. Es muss aber davon ausgegangen werden, dass die Gehalte an rekombinantem Enzym in diesen Pflanzenteilen im Wesentlichen den Gehalten der Körner entsprechen.

b) pJH271-Beta-Glu-307

Unter Verwendung eines Konstrukts zur Transformation von Gerste bei welchem GFP unter Kontrolle des Promotors des *Hor3-1*-Gens stand, konnten Cho et al. (2002) die Endospermspezifische Expression von GFP zeigen. Die (1,3-1,4)- $\beta$ -Glucanase steht unter der Kontrolle des Promotors und Signalpeptids des gleichen Endosperm-spezifischen *D Hordein*-Gens *Hor3-1*. Daraus resultiert eine zeitlich und räumlich begrenzte Expression während der Kornentwicklung (Horvath et al. 2000).

- 4. Informationen über Unterschiede zwischen der GVP und der Empfängerpflanze im Hinblick auf
- (a) Form(en) und/oder Rate der Fortpflanzung:

Die sexuelle Reproduktion von Gerste erfolgt über Samen. Da die beabsichtigte Wirkung der rekombinanten Endochitinase (cThEn42(GC)) auf eine Erhöhung des Resistenzpotenzials der transformierten Gerste gegenüber zweier pilzlicher Phytopathogene abzielt, ist ein Einfluss auf die Fortpflanzung unwahrscheinlich.

Im Falle der mit (1,3-1,4)- $\beta$ -Glucanase transformierten Pflanzen, ist auf Grund der Verwendung des Promotors die Expression des Transgens zeitlich und räumlich auf das sich entwickelnde Korn beschränkt, während die Aktivität des rekombinanten Enzyms bis zur Kornkeimung erhalten bleibt (Horvath et al. 2000). Da die Funktion des Transgens in einer verbesserten Nutzung der (1,3-1,4)- $\beta$ -Glucane des Endosperms und Aleurons während der Kornkeimung besteht, ist nicht davon auszugehen, dass die genetische Veränderung einen Einfluss auf die Fortpflanzung hat.

Die hier beschriebenen Linien haben mehrere Sexualzyklen in Gewächshaus- und Feldversuchen durchlaufen. Basierend auf Beobachtung durch wissenschaftliches Fachpersonal unterscheiden sich die transgenen Linien pYW210-9-(4001-4360) und pJH271-Beta-Glu-307 nicht in Bezug auf Blühen und Samenbildung im Vergleich zu der für die Transformation bzw. Kreuzung verwendeten Kulturgersten Golden Promise und Baronesse. Diese Angaben basieren auf in den USA durchgeführten Untersuchungen.

#### (b) Ausbreitungsfähigkeit

Die wahrscheinlichsten Ausbreitungswege erfolgen über Samen und Pollen. Bei den ausgewählten Gerstenlinien handelt es sich um die  $T_4$  (pYW210-9-(4001-4360)) bzw  $F_7$  Generationen (pJH271-Beta-Glu-307). Die Pflanzen jeder Generation blühten normal und erzeugten Samen. Wissenschaftliches Fachpersonal konnte in bisherigen Gewächshaus- und Feldversuchen an der Washington State University, Pullman (USA) oder an der Justus-Liebig-Universität Gießen keinen Unterschied zwischen gentechnisch modifizierten Linien und der Empfängerpflanze (Golden Promise) bzw. dem Kreunzungselter (Baronesse) in Bezug auf Form und Rate der Ausbreitung beobachten.

Auf die Argumentation des vorherigen Abschnitt verweisend, kann auf Grund der vorgenommen Modifikationen nicht davon ausgegangen werden, dass die transgenen Pflanzen sich in ihrer Ausbreitungsfähigkeit von der Empfängerpflanze bzw. Kreuzungselter unterscheiden.

#### (c) Überlebensfähigkeit

Das Samenkorn ist die Überdauerungs- und Verbreitungsform der Gerste. Das zu verwendende transgene Pflanzenmaterial wurde im Gewächshaus und im Feld seit mehreren Jahren vermehrt. Basierend auf Beobachtung durch wissenschaftliches Fachpersonal sind sowohl Blüte als auch Samenproduktion als normal zu bewerten, so dass die genetische Modifikation auf keine zu den Empfängerpflanzen veränderte Überlebensfähigkeit schließen lässt. In dieser Hinsicht konnten durch die Zerstörung der Freisetzungsversuche in 2006 und

In dieser Hinsicht konnten durch die Zerstörung der Freisetzungsversuche in 2006 und 2007 keine Erkenntnisse aus der Freisetzung 67860-0168 in Giessen erzielt werden.

#### 5. Genetische Stabilität des Inserts

Die zu verwendenden Linien wurden 1998 (pJH271-Beta-Glu-307) bzw. 2000 (pYW210-9-(4001-4360)) erstellt. Mehrere Generationen Selbstbefruchtung mit stabiler Expression der beiden Enzyme weisen auf eine stabile Integration des Inserts in das pflanzliche Genom hin.

## 6. Fähigkeit zum Transfer des gentechnisch eingefügten oder veränderten Materials von GVP in andere Organismen

Die Pollenverbreitung ist die realistischste Form des Transfers von genetischem Material auf andere Organismen. Auf die Wahrscheinlichkeiten der Genübertragung über Gerstenpollen auf verwandte Wildarten sowie andere Gräser unter Berücksichtigung der Kreuzbestäubung bzw. Auskreuzungsmöglichkeit wurde bereits in Abschnitt B 2 eingegangen.

Bodenmikroorganismen stellen eine andere Gruppe von Nichtzielorganismen dar, bei denen ein Gentransfer in Erwägung gezogen werden muss. Um zur Ausprägung zu gelangen, müssten die Gene in Bakterien übertragen und dort repliziert werden. Da hierzu mindestens vier Schritte notwendig sind, (i) Entlassung des intakten Resistenzgens mit einem "origin of replication" aus der Pflanzenzelle, (ii) Aufnahme durch kompetente Bakterien, (iii) Ringschluss zu einem Plasmid und (iv) Expression des Gens, ist der Gentransfer von Genen von Pflanzen auf Bakterien und deren Ausprägung ein seltenes Ereignis. Bisherige Untersuchungen belegen. dass die Wahrscheinlichkeit auch unter optimierten Laborbedingungen sehr gering ist und ein horizontaler Gentransfer unter Feldbedingungen nicht nachgewiesen werden konnte (Nielsen et al. 1997, Gebhard and Smalla 1998).

Ein Gentransfer auf Menschen und Nutztiere ist praktisch ausgeschlossen, da keine pflanzlichen Bestandteile des Feldversuchs in die Nahrungs- bzw Futterkette gelangen werden.

# 7. Informationen über toxische, allergene oder schädliche Effekte auf die menschliche Gesundheit und die Umwelt, die durch die gentechnische Veränderung hervorgerufen werden

Keine pflanzlichen Bestandteile des Feldversuchs werden in die menschliche oder tierische Nahrungskette gelangen. Eine schädliche oder toxische Auswirkung der genetischen Modifikation auf den Menschen kann nicht angenommen werden, da die bewirkte Veränderung (a) auf einer erhöhten Degradation von Chitin beruht, die wiederum Resistenz gegenüber den pilzlichen Phytopathogenen *Rhizoctonia solani* AG-8 und *R. oryzae* vermitteln soll, bzw. (b) auf einen verbesserten Abbau von  $\beta$ -Glucanen im Endosperm und Aleuron des Gerstenkorns abzielen.

Auf mögliche Auswirkung der Endochitinase (cThEn42(GC)) und (1,3-1,4)- $\beta$ -Glucanase auf pilzliche und bakterielle Organismen sowie Insekten wird in Abschnitt D 9 eingegangen. Da sowohl Chitin als auch Glucane Bestandteile der Zellwände bzw. des Exoskeletts dieser Organismen darstellen, sind Wechselwirkungen mit invasiven Organismen denkbar. Die Wechselwirkungen mit symbiontischen Organismen (Mykorrhizapilzen, kommerzielles Produkt Amykor® Wurzel-Vital) soll im Rahmen dieser Studien untersucht werden.

Basierend auf mündlichen Mitteilungen wissenschaftlichen Fachpersonals gab es in bisherigen Gewächshaus- und Feldversuchen in den USA keine Hinweise auf negative Auswirkungen auf Menschen und Umwelt.

Für die beiden in den jeweiligen Gerstenlinien exprimierten Genprodukte, Endochitinase und (1,3-1,4)- $\beta$ -Glucanase, gibt es keine Hinweise auf toxische oder allergene Wirkungen. Ein Vergleich der Aminosäuresequenz mit einer Allergen-Datenbank ergab keine Sequenzhomologien > 36% bzw. > 31% zu bekannten Allergenen und keine Übereinstimmungen von mehr als 4 aufeinander folgenden Aminosäuren. Es wurden keine Homologien zu Toxinen gefunden.

Das Bar-Gen bzw. dessen Genprodukt (Phosphinothricin-Acetyltransferase, PAT) wurde nach umfangreichen Sicherheitsuntersuchungen als nicht gesundheitsgefährdend eingeordnet. PAT besitzt keine N-Glykosylierungstellen und das Enzym besitzt keine Ähnlichkeit (Identität war < 35%) und keine Homologien von mehr als 8 konsekutiven Aminosäuren zu Allergenen oder Toxinen. Intravenöse Injektion (bis 10 mg/kg Körpergewicht) von PAT in Mäuse zeigte keinerlei toxische Symptome. Das Enzym ist

hitzestabil. Die Enzymaktivität wird allerdings ab einer Temperatur von 60°C und 10 minütiger Exposition inaktiviert (Herouet et al. 2005). Das PAT Enzym wurde durch die EPA (Environmental Protection Agency) von einer Toleranzkennzeichnung für alle ladwirtschaftlichen Rohstoffe befreit (EPA 1997).

Das *sGFP*-Gen wurde von Chiu et al. (1996) beschrieben. Sicherheitsuntersuchungen ergaben keine toxischen Effekte in Fütterungsversuchen mit Mäusen (1 mg aufgereinigtes GFP/Tag über 26 Tage). Der Vergleich des Proteins mit Aminosäuresequenzen bekannter Allergene ergab keine Homologien > 4 konsekutiver Aminosäuren. Das Protein zeigt keine Stabilität gegenüber Verdauungsprozessen in Mensch und Tier, was seine potenzielle Allergenität unwahrscheinlich macht. Transformierte Zebrafische und Mäuse, die konstitutiv *GFP* exprimierten, waren gesund (Higashijima et al. 1997, Hadjantonakis et al. 1998). Dies deckt sich im Falle der Mäuse mit den Ergebnissen aus den Fütterungsversuchen (Richards et al. 2003).

Zusätzlich wurden weitere Sequenzen, die innerhalb der T-DNA liegen, in die pflanzliche Zelle transferiert. Die Endochitinase-exprimierende Linie (pYW210-9-(4001-4360)) enthält die pBIN 19 Sequenzen 5928-6777 und 9140-9421. Die Beta-Glucanase-exprimierende Linie (pJH271-Beta-Glu-307) enthält die pBIN 19 Sequenzen 5928-6768 und 9209-9421 Die T-DNA enthält an Position 6043-6190 bzw. 9260-9421 die linke bzw. die rechte Randsequenz, die für ihre Integration in das pflanzliche Genom benötigt werden. Die Nukleotide 6191-6321 und 6623-6917 umfassen Teile des *lac*Z-Gens aus *E. coli*, die in Pflanzen nicht funktional sind. Die Nukleotide 6322-6622 umfassen Teile (den Ursprung der Replikation) des *E. coli*-Phagen M13, die in Pflanzen nicht funktional sind. Die Nukleotide 8953-9259 umfassen den Promotor des *Nos*-Gens (*Nopalin-Synthase*) aus *Agrobacterium tumefaciens*, der aber auf Grund der diversen Klonierungsschritte nur fragmentarisch in den Nukleotiden 9140-9421 von pYW210 und 9209-9421 von pJH271 vorliegt (vgl. Anhang II, Abb. 5, Frisch et al. 1995).

Die für die Erstellung der Linien pJH271-Beta-Glu-307 und pYW210-9-(4001-4360) verwendeten Plasmide (pJH271 bzw. pYW210) basieren auf dem Plasmid pBIN19. Außerhalb der T-DNA des pBIN19 ist ein Kanamycin-Resistenzgen gelegen (nptlll), welches Aminoglycosid-3'-Phosphotransferase kodiert. seltenen Fällen In Vektorsequenzen über die T-DNA hinaus übertragen werden. Da das nptIII-Gen unter Kontrolle eines bakteriellen Promotors steht, sollte es in Pflanzen nicht exprimiert werden. Southern Blot Analysen zeigten, dass npt/// weder in seiner Gesamtheit noch in Fragmenten in das Genom der Linien pJH271-Beta-Glu-307 und pYW210-9-(4001-4360) integriert wurde (s. Anhang V und Abschnitt D 2 (a) b)). Da keine genaue Analyse zur Integration der restlichen außerhalb der T-DNA liegenden Sequenzen in das Pflanzengenom der beiden Linien durchgeführt wurde, wird der Risikoabschätzung zugrunde gelegt, dass diese Sequenzen integriert sind. Der Vektor pBIN19 wurde vollständig sequenziert (Anhang II, Abbildung 5; Frisch et al. 1995). Auf Grund der Sequenz ergeben sich folgende Teilstücke außerhalb der T-DNA: Die Nukleotide 1-618 umfassen den oriV, den Ursprung der Replikation des Plasmids pRK2 aus E. coli. Die Nukleotide 693-964 umfassen ein nicht funktionales Teilstück des kilA-Gens aus Klebsiella aerogenes. Die Nukleotide 3079-4560 umfassen das trfA-Gen des Plasmids pRK2, das für zwei Proteine, die für die Replikation des Plasmids in Bakterien, jedoch nicht in Pflanzen, notwendig sind. Die Nukleotide 4561-5603, 9434-10617 umfassen das tetA-Gen des Plasmids pRK2, das nicht funktional ist, da es zwischen den Positionen 6043-9421 durch die T-DNA unterbrochen ist. Die Nukleotide 10610-10988 umfassen den ColE1 ori, den Ursprung der Replikation von dem Plasmid ColE1. Die Nukleotide 10982-11765 umfassen Teile des traF-Gens, die den oriT des Plasmids RP4 aus E. coli enthalten, der für triparentale Paarungen benötigt wird, in Pflanzen jedoch nicht funktional ist. Die Nukleotide 619-692, 5604-6042, 9422-9433 und 11766-11777 umfassen Bereiche, die keine Homologien zu bisher bekannten Sequenzen aufweisen.

- 8. Informationen über die Sicherheit der GVP für die Tiergesundheit, insbesondere in Bezug auf toxische, allergene oder sonstige schädliche Effekte auf Grund der genetischen Modifikation, falls die GVP für die Verwendung in Tierfutter vorgesehen ist
- Keine pflanzlichen Bestandteile des Feldversuchs werden in die menschliche oder tierische Nahrungskette gelangen.

### 9. Mechanismen der Wechselwirkung zwischen den GVP und den Zielorganismen (falls zutreffend)

Die Feldstudien ermöglichen eine epidemiologische Aufzeichnung auftretender pilzlicher Krankheiten auf den gentechnisch modifizierten Pflanzen und den/m entsprechenden Empfängerpflanzen (Golden Promise) bzw. Kreuzungselter (Baronesse). Zielorganismen sind folglich alle auftretenden pilzlichen Schaderreger.

Die möglichen Wechselwirkungen zwischen pilzlichen Organismen und den zu verwendenden transgenen Linien basieren auf der Eigenschaft der Transgene, Chitin oder Glucane zu hydrolisieren und somit invasive, pilzliche Organismen an der Infektion und Besiedlung pflanzlichen Gewebes zu hindern.

Chitin ist ein aus N-Acetylglucosaminen aufgebautes Polysaccharid. Es ist Bestandteil pilzlicher Hyphenwände und kann durch Chitinasen abgebaut werden. *In vitro* Versuche mit axenischen Pilzkulturen von *Rhizoctonia solani* AG-8, *R. oryzae* und *Gaeumannomyces graminis* zeigten, dass die zur Transformation verwendete *Endochitinase* (*cThEn42(GC)*) die pilzliche Entwicklung hemmt und in höheren Konzentrationen auch verhindert. Von einer generellen, antifungalen Wirkung der Endochitinase kann nicht ausgegangen werden, da das Wachstum von drei *Fusarium* sp. (*F. culmorum*, *F. graminearum*, *F. pseudograminearum*) nicht beeinflusst war (Wu 2003). Dennoch ist eine Wechselwirkung mit anderen pilzlichen Schaderregern nicht auszuschließen.

(1,3-1,4)-β-Glucane sind Polysaccharide in Zellwänden Höherer Pflanzen der Familie der Poaceae und hier im speziellen der Gramineen (Planas 2000). Hier ist sie verstärkt in den Zellwänden des Endosperms von Getreide zu finden. Diese  $\beta$ -Glucane unterscheiden sich Glucanen bakterieller und pilzlicher Zellwänden. Die enzymatische Depolymerisierung von (1,3-1,4)- $\beta$ -Glucanen wird von verschiedenen  $\beta$ -Glucanasen durchgeführt, unter denen die (1,3-1,4)-β-Glucanasen (EC 3.2.1.73) das aktivste Enzym darstellen. (1.3-1.4)-\(\beta\)-Glucanasen besitzen eine strikte Substratspezifizität für die Spaltung L-1,4 glykosidischer Bindungen 3-O-substituierter Glukopyranoseeinheiten. Die Endprodukte Hydrolyse von Gerste  $\beta$ -Glucanen sind Trisaccharide (3-O- $\beta$ -Cellobiosyl-D-Glukopyranose) und Tetrasaccharide (3-O-β-Cellotriosyl-D-Glukopyranose). Neben Pflanzen gibt es auch einige Bakterien, welche (1,3-1,4)- $\beta$ -Glucanasen sekretieren. In Bacillus sp. haben diese Enzyme die gleiche Substratspezifizität wie jene Glucanasen in Gerste, die für die Mobilisierung von Stärke und Proteinen im Endosperm während der frühen Kornkeimung benötigt werden (Borriss et al. 1989, Jensen et al. 1996, Planas 2000). Bakterielle und weder eine (1.3-1.4)-β-Glucanasen besitzen Aminosäuresequenzebene noch ähnliche dreidimensionale Enzymstrukturen, was ihre unterschiedlich evolutionäre Entwicklung, obgleich ihrer gleichartigen Substratspezifizität, belegt (Planas 2000).

Die (1,3-1,4)- $\beta$ -Glucanase, mit welcher Golden Promise transformiert wurde, basiert auf einer intragenischen Rekombination eines Gens von *Bacillus amyloliquefaciens* und *Bacillus macerans*. Das Gen enthält die Aminosäuren 1-12 von *B. amyloliquefaciens* und 13-214 von *B. macerans*, wobei Tyr 13 von *B. amyloliquefaciens* entfernt wurde. Dies bewirkt eine

erhöhte Hitzestabilität des Enzyms von mehr als 4 h bei 70°C und pH 5,0 (Borriss et al. 1989, Politz et al. 1993, Jensen et al. 1996).

Nach heutigem Wissen ist ein Einfluss auf pilzliche (und bakterielle) Organismen nicht auszuschließen. Einige Fakten wirken allerdings limitierend auf mögliche Interaktionen zwischen dem rekombinanten Enzym und nicht-pflanzlichen Organismen: (a) Die Kontrolle des Transgens durch den D *Hordein*-Promotor begrenzt seine Expression auf das Endosperm. (b) Die Expression des rekombinanten Enzyms ist zeitlich auf die Kornentwicklung und -keimung reduziert. (c) Das rekombinante Enzym besitzt eine hohe Substratspezifizität für die (1,3-1,4)- $\beta$ -Glucane des Endosperms und Aleurons.

Gemäß dem Bescheid des Bundesamtes für Verbraucherschutz und Lebensmittel-Sicherheit (BVL, Berlin, vom 03. April 2006; Az. 6786-01-0168), erfolgte am 25.04.2006 (s. Zwischenbericht 2006) die Durchführung der Freisetzung der gentechnisch veränderten Gerste auf dem Versuchsgelände des Instituts für Phytopathologie und Angewandte Zoolgie der Universität Gießen im Alter Steinbacher Weg 44, 35394 Gießen, Flur/Flurstück 15/75/2 (s. den Versuchsplan Abbildung 1). Dieses Vorhaben wurde am 28.03.2007 unter der gleichen Bedingung wiederholt.

Bei der Ernte wurden die transgenen Pflanzen sowie die nicht-transgenen Elternpflanzen mit Hilfe eines Spatens aus dem Boden gehoben und anschließend mit Wasser sorgfältig und vorsichtig von anhaftender Erde an der Wurzeln noch auf dem Versuchsfeld befreit. Junges Wurzelmaterial wurde schließlich in verschließbare Reaktionsgefäße überführt. Pro Parzelle wurden sechs Pflanzenwurzeln geerntet. Eine Hälfte des Probenmaterials wurde sofort in flüssigem Stickstoff zur molekularen Analysen schockgefroren. Die andere Hälfte wurde für die zytologischen Untersuchungen in einer Fixierlösung aufbewahrt.

#### **DNA-Extrakte aus Wurzel**

Aus dem Wurzelmaterial von 3 Pflanzen (pro Parzelle) wurde separat die DNA extrahiert und bis zur weiteren Untersuchung mittels Polymerasenkettenreaktion bei -20°C aufbewahrt.

#### Polymerasekettenreaktion (PCR)

Die PCR wurde sowohl mit den universellen Primern NS5 (5'- AAC TTA AAG GAA TTG ACG GAA G-3') und der rDNA Internal Transcribed Spacers (ITS4: 5'- CTC CGC TTA TTG ATA TGC T-3') als auch mit Gerste ubiquitin-primer (Hv-Ubi60deg-rev 5'-CAG TAG TGG CGG TCG AAG TG-3'; Hv-Ubi60deg-fwd 5'-ACC CTC GCC GAC TAC AAC AT-3) als Kontrolle durchgeführt. Dieses Amplikon dient als Matrix zur Bestimmung der Untergruppen unter Verwendung AM spezifischer Primer (VANS1fwd 5'-GTCTAGTATAATCGTTATACAGG-3'; NS31 fwd 5'- TTGGAGGGCAAGTCTGGTGCC und AM1rev 5'-GTTTCCCGTAAGGCGCCCGAA-3').

#### Mikroskopische Untersuchungen

Die Besiedlung der Wurzel mit AM Pilzen wurde ermittelt. Es wurden 100 Wurzelsegmente pro Wiederholung untersucht Zur Visualisierung des Pilzes wurde der Farbstoff WGA-Alexa Fluor 488 bzw. Trypan Blau verwendet. Bonitierung erfolgte nach den folgenden Kriterien:

- 1. Gesamtverpilzung (Besiedlungsgrad %, Intensität der Mykorrhizierung %
- 2. intraradikale Hyphen
- 3. Arbuskeln
- 4. Vesikel

Eine kurze Zusammenfassung der erzielten Ergebnissen erfolgt in D.13.

#### 10. Mögliche signifikante Wechselwirkungen mit Nichtzielorganismen

Nichtzielorganismen, bei denen eine Wechselwirkung mit den transgenen Linien denkbar wäre, sind tierische Organismen, welchen Gerstenkörner oder –pflanzen als Futter dienen sowie bodenbürtige Bakterien und mykosymbiontische Organismen.

Da die gentechnische Modifikation auf einer verstärkten Expression einer Endochitinase (cThEn42(GC)) bzw. einer  $(1,3-1,4)-\beta$ -Glucanase beruht, ist eine Wechselwirkung mit Säugetieren unwahrscheinlich.

Für mögliche signifikante Wechselwirkungen der rekombinanten (1,3-1,4)- $\beta$ -Glucanase mit Nichtzielorganismen gilt das bereits im vorhergehenden Abschnitt erwähnte.

Chitin ist als Bestandteil pilzlicher Hyphenwände auch in Mykorrhizapilzen anzutreffen. Chitin ist ein Polysaccharid, das aus mehreren N-Acetylglucosaminen besteht. Somit ist die konstitutive Expression der Endochitinase in den transgenen Pflanzen potenziell schädigend für invasive Organismen.

Bisherige Untersuchungen belegen keinen antifungalen Effekt von Chitinasen bei der Mykorrhizierung:

- Verschiedener Chitinasen (Klasse III) zeigten eine erhöhte Transkription in *Medicago truncatula* während der Besiedlung durch *Glomus intraradices* (Salzer et al. 2000).
- Die konstitutive Überexpression verschiedener Chitinasen (Klasse I, II, III) unter Kontrolle des *CaMV* 35S Promotors in Tabakwurzeln zeigte keine Unterschiede im Besiedlungsverhalten von *Glomus mosseae* im Vergleich zur Wurzelbesiedlung von Kontrollpflanzen (Vierheilig et al. 1995).

Dennoch sind Wechselwirkungen mit pilzlichen Symbionten nicht auszuschließen. Die Feldversuche haben das Ziel, mögliche Wechselwirkungen zu identifizieren.

Wechselwirkungen mit Insekten sind aus mehreren Gründen unwahrscheinlich:

- Das Exoskelett bzw. die Kutikula der Insekten besteht zwar aus bis zu 40% Chitin, jedoch ist Chitin nicht in der äußersten Schicht des Integuments, der Epikutikula, vorhanden.
- Das Chitin der inneren Schichten der Kutikula (Exo-, Endokutikula) ist eng mit Proteinen verbunden und folglich ist der Zugang für Chitinasen eingeschränkt. So sind auch vornehmlich Proteasen in die Häutung der Insekten involviert.
- Die peritrophe Membran des Verdauungskanals der Insekten enthält ebenfalls Chitin.
   Sie besteht aber durchschnittlich nur zu 3-13% aus Chitin während Proteine,
   Glykoproteine und Proteoglykane die Hauptbestandteile darstellen (Merzendorf und Zimoch 2003).
- Herbivore Insekten sind in allen Ökosystemen ständig mit pflanzlichen Chitinasen konfrontiert, die sich jedoch nicht schädigend auswirken.
- Basierend auf mündlichen Mitteilungen wissenschaftlichen Fachpersonals zeigten bisherige Feldversuch in den USA keine Auffälligkeiten in der Entwicklung und dem Fressverhalten von Schädlingen (z.B. Blattläuse) und Prädatoren (z.B. Marienkäfer)

Bodenmikroorganismen stellen eine andere Gruppe von Nichtzielorganismen dar, bei denen ein Gentransfer in Erwägung gezogen werden muss. Bisherige Untersuchungen konnten keinen horizontalen Gentransfer mit nicht-homologer DNA unter Feldbedingungen nachweisen. Das Fazit dieser Untersuchungen war, dass die Wahrscheinlichkeit eines solchen Gentransfers als sehr gering eingestuft werden muss (Nielsen et al. 1997, Gebhard and Smalla 1998).

In dieser Hinsicht konnten durch die Zerstörung der Freisetzungsversuche in 2006 und 2007 keine Erkenntnisse aus der Freisetzung 67860-0168 in Gießen erzielt werden.

#### 11. Mögliche Wechselwirkungen mit der abiotischen Umgebung

Definiert man die abiotische Umgebung als Umweltfaktoren (z.B. Klima, Atmosphäre, Boden, Wasser, Wärme, Temperatur usw.), die nicht direkt durch Lebewesen beeinflusst werden, so werden keine Auswirkungen auf die verschiedenen Parameter erwartet.

Es ist davon auszugehen, dass physikalische und chemische Prozesse des Proteinabbaus bzw. der Blattzersetzung des modifizierten Pflanzenmaterials dem der Empfängerpflanze bzw. Kreuzungselter (Golden Promise, Baronesse) entspricht.

Basierend auf mündlichen Mitteilungen wissenschaftlichen Fachpersonals konnten in bisherigen Feldversuchen an der Washington State University, Pullman (USA) keine Unterschiede im Abbau des gentechnisch veränderten Pflanzenmaterials im Vergleich zum Pflanzenmaterial der Empfängerpflanze beobachtet werden. Diese Beobachtungen sind rein qualitativ und beruhen nicht auf einer quantitativen Auswertung. Sie sind möglich, da nach den Richtlinien des "Animal and Plant Health Inspection Service – APHIS" dem Anbau von modifizierten Pflanzen in den USA eine Schwarzbrache folgt.

#### 12. Beschreibung der Nachweis- und Identifizierungsverfahren für die GVP

Die gentechnisch veränderten Pflanzen sind mit mehreren Methoden identifizierbar:

- PCR, Western Blots und genomische Southern Blots zum Nachweis der Transgene.
- Enzymassay für die Aktivität der (1,3-1,4)-β-Glucanase (Horvath et al. 2000) und der Endochitinase (cThEn42(GC)).

#### 13. Gegebenenfalls Informationen über frühere Freisetzungen der GVP

Die beiden hier verwendeten transgenen Pflanzen wurde seit 1999 (pJH271-Beta-Glu-307) bzw. seit 2004 (pYW210-9-(4001-4360)) an der Washington State University, Pullman (USA) im Feld angebaut. Für das Jahr 2005 wurden folgende Aktenzeichen für die Freisetzungsversuche durch die "Animal and Plant Health Inspection Service – APHIS" der Vereinigten Staaten von Amerika vergeben:

- Release Notification No. 05-035-13n (Th42-2) für pYW210-9-(4001-4360)
- Release Notification No. 05-035-14n (di 04-029-02n) für pJH271-Beta-Glu-307

Dieselben Transformationsereignisse wurden im Jahr 2006 und 2007 in Gießen auf dem Feld der Universität angebaut: Bescheid des BVL, Berlin, vom 03. April 2006: Az. 6786-01-0168.

Zusammemfassung der erzielten Ergebnisse:

1. Eine erfolgreiche Besiedlung von trangenen wie nicht-transgenen Elternpflanzen (Kontrollpflanzen) mit Mykorrhizapilzen unter Freiland- und

Gewächshausbedingungen konnte durch mikroskopische Analysen nachgewiesen werden.

- 2. Durch molekulare Analyse konnte die Mykorrhizierung auch quantitativ analysiert und bestätigt werden.
- 3. Hinweise auf eine gestörte Wechselwirkung von Wirtspflanze mit Mykorrhiza-Pilzen wurden nicht erhalten.
- 4. Eine AM-spezifische Analyse und Quantifizierung der Verpilzung unter Verwendung des NS5/ITS4-Amplikon wird noch durchgeführt werden.
- 5. Hinsichtlich der Vermeidung von Durchwuchs wurde das generative Pflanzenmaterial (Ährenstroh) der Versuchsfläche und der Mantelsaat geerntet und durch Autoklavieren inaktiviert. Bei Kontrollen im Abstand von zwei Wochen konnte kein Durchwuchs beobachtet werden.

#### E. Informationen über den Ort der Freisetzung

Alle dazu benötigten Kartenübersichten sind in Anhang zu finden (VI. Anhang II).

#### 1. Lage und Größe der Freisetzungsfläche

Die Versuchsfläche befindet sich auf den Flächen des AgroBiotechnikums Gemeinde 18184 Thulendorf (Mecklenburg-Vorpommern, Landkreis Bad Doberan).

Die Freisetzung erfolgt in der Gemarkung Klein Lüsewitz, Gemeinde 18184 Thulendorf. Die vorgesehene Versuchsfläche erstreckt sich über die Flure 1 und 2 (Flurstücke s.u.). Sie hat eine Gesamtfläche von 46,3 ha und befindet sich nördlich der B110 zwischen Rostock und Sanitz. An das Feldstück grenzt im Westen die Ortschaft Sagerheide. In etwa 1 km Entfernung liegt die Ortschaft Groß Lüsewitz, Sanitz ist etwa 3 km entfernt.

Die Versuchsfläche liegt aufgrund ihrer topographischen Lage nicht im Überschwemmungsgebiet. Die Versuchsfläche grenzt im Osten an das FFH Gebiet "Billenhäger Forst". In allen anderen Richtungen ist sie von Ackerland umgeben.

Der Versuchsumfang beinhaltet maximal 4000 GVP auf einer Versuchsfläche von ca. 777,6 m² inklusive Mantelsaat. Die Freisetzungsfläche (= mit GVP bestandene Fläche) beträgt 9,6 m² (s. Anhang III).

Kreis: Bad Doberan

Gemarkung: Klein Lüsewitz, Gemeinde 18184 Thulendorf

Flur: 1 und 2

Flurstück: 54, 18, 19 (Flur 1) und 46, 47, 49, 50, 51, 52, 54 (Flur 2)

Schlag: 3/12

Schlaggröße: 46,3 ha

Eigentümer: Land Mecklenburg

Pächter:

Bewirtschaftendender Betrieb:

#### Geographische, geologische und bodenkundliche Eigenschaften

Bodenart: lehmiger Sand Bodenzahl/Ackerzahl: 42

natürliche Standorteinheit D3b2 (Bodenform Sandtieflehm-Braunstaugley).

#### Geplante Erschließungen oder Geländeumwidmungen

Es sind keine Erschließungen oder Geländeumwidmungen geplant.

#### Umfang der ortsansässigen Bevölkerung

Gemeinde Thulendorf (Hohenfelde, Klein Lüsewitz, Neu Fienstorf, Neu Thulendorf, Sagerheide und Thulendorf): 524 Einwohner.

Gemeinde Sanitz (Groß Freienholz, Gubkow, Hohen Gubkow, Horst, Klein Freienholz, Klein Wehnendorf, Neu Kokendorf, Neu Wendorf, Niekrenz, Oberhof, Reppelin, Sanitz, Toitendorf, Vietow, Wendfeld, Wendorf, Groß Lüsewitz): 5884 Einwohner.

#### Wirtschaftliche Tätigkeiten der ortsansässigen Bevölkerung, die sich auf die natürlichen Ressourcen des Gebietes stützen

Landwirtschaft, Forstwirtschaft, Pflanzenzüchtung

2. Beschreibung des Ökosystems am Ort der Freisetzung, einschließlich Klima, Flora und Fauna

#### Klimatische Merkmale des Gebietes

Das Gebiet zählt zum Ostseeküstenklima mit einer Jahresdurchschnittstemperatur von 6,9°C und einem mittleren Niederschlagsniveau von 580-640 mm. Die vorherrschende Windrichtung geht von West nach Ost.

Jahresniederschlag: 580 – 640 mm Jahresdurchschnittstemperatur: 6,9 °C

Höhe über NN: 15 m.

### Vorhandene Pflanzen- und Tiergesellschaften einschließlich Nutzpflanzen, Nutztieren und wandernden Arten

Das Versuchsgelände ist Ackerland. Die Ackerflächen in der Umgebung der Fläche besitzen etwa die gleiche natürliche Standorteinheit und Bodenart und werden ebenfalls ackerbaulich genutzt. Der Ackerbau umfasst Getreide (etwa 50 %), Silomais, Kartoffeln und Raps.

Wildlebende Tiere wie Kaninchen, Hasen, Rehe, Schwarzwild und Vögel (ortsfeste und ziehende: Saatkrähen, Wildtauben, Wildgänse, Mäusebussarde, Spatzen, Kohlmeisen und andere Finkenvögel sowie Kraniche) treten im Ökosystem auf. Insekten wie Wildbienen und Hummeln kommen in natürlichen Populationen vor, darüber hinaus auch Bienenvölker in jährlich variierender Anzahl. Am Standort typische Unkräuter sind Weißer Gänsefuß (*Chenopodium album*), Acker-Hellerkraut (*Thlaspi arvense*), Flohknöterich (*Polygonum persicaria*), Hirtentäschel (*Capsella bursa pastoris*), Gemeiner Windenknöterich (*Fallopia convolvus*) und Purpurrote Taubnessel (*Lamium purpureum*). Diese Angaben wurden durch eine Standorterfassung im Juni 2003 durch Mitarbeiter der Universität Rostock erhoben (FINAB e.V., 2003).

den Standorten Sanitz/Groß Lüsewitz und geschützte Arten an Thulendorf/Klein Lüsewitz (Angaben nach Biovativ, gemäß Datenabfragen beim Landesamt für Naturschutz und Geologie, Mecklenburg-Vorpomern (LUNG), siehe auch ergänzende Information im Anhang II Karte 7): Kraniche, Fischotter. Bachneunauge, Weißstorch. Überwinternde Feldgänse, Marderhund, Kammmolch, Laubfrosch (Hyla arborea), Moorfrosch (Rana arvalis), Rotbauchunke. Knoblauchkröte (Pelobates fuscus), Wechselkröte (Bufo viridis), Wasserfrosch (Rana esculenta), Grasfrosch (Rana temporaria) Amphibien.

Wie bereits in Abschnitt H iv+V beschrieben, ist die Beeinträchtigen der Tiergesundheit auszuschliessen

In Abhängigkeit der Bewirtschaftung leben in den Feldfluren Feldhasen, Feldmäuse, Füchse, Marder, Dachse sowie verschiedene Kleinsäuger und Insekten.

Nach Abschluss des Versuches ist eine weitere ackerbauliche Nutzung vorgesehen. Bisherige Fruchtfolge:

2003/04	Winterraps
2004/05	Winterweizen
2005/06	Kartoffeln
2006/07	Winterweizen + Sommergerste
2007/08	Tritticale + Sommergerste

## 3. Vorhandensein geschlechtlich kompatibler, wilder verwandter Arten oder Kulturpflanzen

Der kommerzielle Anbau von Gerste im Umkreis der geplanten Freisetzungsfläche ist ca. 50 m entfernt. Damit können Wechselwirkungen zwischen Freisetzung und kommerziellem Anbau praktisch ausgeschlossen werden.

Bisher wurden keine Wildgerstenarten dort beobachtet (mündliche Mitteilung des die Fläche bewirtschaftenden Landwirts).

## 4. Nähe zu offiziell anerkannten geschützten Biotopen oder Schutzgebieten, die betroffen werden können

## Nähe zu Gebieten, die zum Zwecke der Trinkwassergewinnung geschützt werden

Der Schlag 3/12 und die benachbarten Flächen des Schlages 3/14 befinden sich in der Trinkwasserschutzzone III der Warnow.

### Nähe zu Gebieten, die aus Umweltgründen geschützt werden

Auf dem Schlag und den Nachbarfeldstücken befinden sich Kleinbiotope in Form von Senken (Söllen), Kleingewässer, Kleingehölzen und naturnahe Feldhecken, teilweise mit Wasser gefüllt (siehe Tabelle unten). Eine Beeinträchtigung der Biotope ist nicht zu erwarten.

Der Schlag 3/12 grenzt an der Ostseite an das FFH Gebiet "Billenhäger Forst". Die kleinstmögliche Entfernung zwischen der Freisetzungsfläche und diesem FFH-Gebiet beträgt 25 m. Durch die beantragte Freisetzung wird das angrenzende FFH Gebiet nicht beeinträchtigt, da es sich um einen Laubmischwaldkomplex mit einer Vielzahl von unterschiedlichen Laubwaldgesellschaften handelt und das Schutzziel der Erhalt und teilweise die Entwicklung eines Waldkomplexes mit mehreren Waldlebensraumtypen darstellt.

Bemerkung: Das Flurstück selbst grenzt genau an ein FFH Gebiet. Allerdings gibt es zwischen Ackerfläche und dem benachbarten FFH Gebiet noch einen etwa 25 m breiten Grasstreifen, der zum beantragten Flurstück gehört. Damit konnen wir nur im Abstand von 25 m Versuche anlegen.

Im Umkreis von 5 km befinden sich keine Naturschutzgebiete, Nationalparks oder Biosphärenreservate.

Auf der zur Verfügung stehenden Fläche und im Umfeld von 500 m befinden sich keine geschützten Gebiete nach § 23, §24, §25.

### Liste der Schutzgebiete

BNatSchG	Nummer	Entfernung (m)	Himmelsrichtung
Natura 2000 -	DE 1840-302		Osten
Vorschlagsgebiet	,		
§30 Biotope:			
Naturnahe	07557	Ca. 500	Norden
Feldhecke			
Soll	07554	Auf der Fläche	Norden
Naturnahe	07539	Ca. 500	Nordwesten
Feldgehölze			
Soll	07536	Ca. 400	Nordwesten
Soll	07534	Ca. 200	Westen
Stehendes	07525	Ca. 400	Westen
Kleingewässer			
einschl.			
Ufervegetation			
Soll	07550	Auf der Fläche	Norden
Soll	07543	Auf der Fläche	Norden
Naturnahe	07565	Ca. 500	Nordosten
Feldhecke			
Soll	07564	Ca. 500	Nordosten
Soll	07567	Ca. 550	Nordosten
Soll	07562	Ca. 550	Osten
Soll	07537	Auf der Fläche	Osten
Soll	07522	Ca. 100	Westen
Soll	07529	Auf der Fläche	Mitte
Soll	07523	Auf der Fläche	Süden
Soll	07521	Ca. 100	Süden
Naturnahe	07518	Ca. 200	Süden
Feldhecke			
Naturnahe Bruch-,	07516	Ca. 400	Süden
Sumpf- und			
Auwälder			
Soll	07510	Ca. 450	Süden

## F. Informationen über die Freisetzung (nur bei Anmeldungen gemäß Artikel 5)

### 1. Zweck der Freisetzung

Die Feldstudien umfassen eine gezielte Evaluation von Interaktionen zwischen den transgenen Linien und dem symbiontischen Pilz *Glomus intraradices* (kommerzielles Präparat Amykor® Wurzel-Vital). Ein zweites Ziel ist eine umfassende epidemiologische Aufzeichnung auftretender, pilzlicher Organismen bzw. sichtbarerer Krankheiten auf gentechnisch modifizierten Pflanzen und der/m entsprechenden Empfängerpflanze (Golden Promise) und Kreuzungselter (Baronesse).

Mit Hilfe dieser Feldstudien können nähere Angaben zum Wirkungsgrad und zur -spezifizität der rekombinanten Proteine gemacht und der Einfluss der modifizierten Linie auf pilzliche Organismen definiert werden.

Es wird ein randomisierter Versuchsaufbau eingerichtet mit drei Wiederholungen pro Genotyp und Behandlung (s. Anhang III).

## 2. Zeitplan für die Freisetzung einschließlich Zeitpunkt(e) und Dauer der Freisetzung(en)

Die Freisetzung ist während der normalen Anbausaison (Ende März/Anfang April – August/September) für Sommergerste in Deutschland für das Jahr 2009-2010 vorgesehen.

### 3. Für die Freisetzung angewandte Methoden

Der Freisetzungsversuch wird in einer Spaltanlage mit drei randomisierten Wiederholungen pro Linie und Behandlung durchgeführt. Es werden insgesamt 4 Linien (2 transgene, 2 konventionelle) 3 Behandlungen unterzogen (Gesamtanzahl der Parzellen: 36).

Behandlung 1: Ausbringung des Mykorrhizapilzes *Glomus intraradices* mittels des kommerziellen Produkts Amykor® Wurzel-Vital (Fa. Amykor, Wolfen). Das Trägermaterial ist Blähton. Die Aufwandmenge ist 50 ml/m². Zusätzlich wird das Produkt in gleicher Aufwandmenge unter das für die Behandlung vorgesehene Saatgut gemischt und mit dem Saatgut gedrillt.

Behandlung 2: Trägermaterial (Blähton ohne Mykorrhizapilz).

Behandlung 3: Kontrolle.

Der Blähton mit und ohne Mykorrhizapilz wird unmittelbar vor der Aussaat per Hand ausgestreut und eingearbeitet.

Die Aussaat erfolgt mit in Versuchsarbeiten üblichen Drillmaschinen oder durch andere geeignete Verfahren (einschließlich Handaussaat). Die Drillmaschinen werden nach der Aussaat auf dem Versuchsgelände von eventuell noch vorhandenem transgenen Saatgut gereinigt. Dadurch wird eine Verschleppung transgenen Saatguts verhindert.

Das Versuchsgelände wird von einem 5 m breiten Randstreifen mit konventioneller Gerste (Sorte Scarlett) umfasst, der wiederum von Schwarzbrache (Breite: 5 m) umgeben ist.

Nach der Beendigung des Versuchs werden die Ähren der GVP und konventionellen Kulturgerste der Parzellen per Hand geerntet. Der Randstreifen mit der konventionellen Gerste wird maschinell geerntet. Geerntete Ähren/Körner werden sofort in entsprechend deklarierte Säcke verpackt und in geschlossenen Behältnissen in zertifizierte S1-Laboratorien verbracht (laut Richtlinie 90/219/EEC).

Nicht benötigtes Saatgut und nicht für Analysen benötigtes Erntegut (auch das aus der Mantelsaat) wird durch Hitzebehandlug inaktiviert.

## 4. Verfahren zur Vorbereitung und Überwachung des Freisetzungsgeländes vor, während und nach der Freisetzung, einschließlich Anbaupraktiken und Ernteverfahren

Nach Aberntung der Vorfrucht wird eine Stoppelbearbeitung durchgeführt, die anschließende Grundbodenbearbeitung (Pflug, Grubber oder sonstiges Gerät) wird im Herbst oder Frühjahr vorgenommen. Im Frühjahr erfolgt die Saatbettbereitung mit praxisüblichen, dafür geeigneten Maschinen bzw. Werkzeugen oder Werkzeugkombinationen. Welche konkret eingesetzt werden, hängt vom Bodenzustand und den Witterungsverhältnissen ab.

Im Verlauf des Pflanzenwachstums wird erneut einmal gedüngt. Unkrautdruck wird mit einem Herbizid entgegengewirkt, Schädlingsdruck wird mit Insektiziden behoben.

Das Pflanzenwachstum wird wöchentlich protokolliert. Während der Vegetationsperiode werden zu verschiedenen Zeiten Proben genommen.

Nach der Beendigung des Versuchs erfolgt eine Stoppelbearbeitung (Scheibenegge), mit der ein erneutes Auskeimen des Ausfallkorns angeregt wird. Der erneute Gerstenaufwuchs wird noch im selben Jahr mit Roundup behandelt. Im nächsten Frühjahr werden aufgelaufene Gerstenpflanzen in den Versuchsparzellen bonitiert und es wird in der Folgefrucht ein Herbizid zu deren Vernichtung eingesetzt. Im Folgejahr werden auf der Freisetzungsfläche andere Kulturpflanzen als Gerste angebaut, so dass eventuell austreibende Durchwuchspflanzen sicher erkannt und gegebenenfalls abgetötet werden können.

Die für den Freisetzungsversuch verwendete Fläche rotiert in den beiden Anbaujahren auf dem Freisetzungsgelände, sodass in jedem Versuchsjahr nur ein Teil des gesamten Freisetzungsgeländes tatsächlich für den Anbau gentechnisch veränderter Gerste genutzt wird. Die Versuchsfläche wird nach Beendigung der Freisetzungsversuche ein Jahr überwacht. Während der Vegetationszeit der Folgekultur erfolgen 4-wöchentliche Kontrollen. Möglicherweise auflaufende Durchwuchspflanzen werden mechanisch, manuell oder chemisch bekämpft.

### 5. Ungefähre Anzahl der Pflanzen (oder Pflanzen pro m²)

Der Versuchsplan sieht eine Aussaatdichte von 300 Körnern pro m² vor (300 Pflanzen pro Parzelle). Der Versuchsplan ist in Anhang III aufgeführt. Es werden maximal 4000 GVP angebaut.

# G. Informationen über Überwachung, Kontrollmaßnahmen, Notfallplan und Entsorgung (Nur für Anmeldungen gemäß Artikel 5)

### 1. Vorgesehene Vorsichtsmaßnahmen

### (a) Abstand zu kreuzbaren Pflanzenarten

Gerste ist Selbstbestäuber mit einer Selbstbefruchtungsrate von ~99%, was durch die kleistogame Blütenmorphologie unterstützt wird. Verbunden mit einer im Vergleich zu fremdbefruchtenden Roggen niedrigen Pollenproduktion (~10%) werden Fremdbestäubungsund Auskreuzungswahrscheinlichkeiten stark reduziert (Eastham und Sweet 2002). Dennoch ist eine Hybridisierung zwischen unterschiedlichen Gerstensorten über Windbestäubung möglich (Eastham und Sweet 2002, Hammer 1975, 1977).

Unter Berücksichtigung der Ergebnisse von Wagner und Allard (1991) bzw. Ritala et al. (2002) (siehe Abschnitt B2a(ii)) werden die Versuchsparzellen einen Abstand von mindestens 35 m zu möglichen Pollenempfängern im Feld einhalten.

In Abschnitt B 2 (b) wurden bereits die möglichen Pollenempfänger diskutiert. Auch wenn eine Hybridisierung ein sehr seltenes Ereignis darstellt und unter natürlichen Bedingungen die Hybridnachkommen steril sind, wird die Freisetzungsfläche zur benachbarten Vegetation abgegrenzt. Wie bereits erwähnt, werden die Versuchsparzellen auf einer Breite von 5 m mit konventioneller Gerste bepflanzt, an die sich ein vegetationsloser Bereich von 5 m Breite anschließt.

Als potenzielle Pollenempfänger müssen andere Getreidearten, *Elymus* sp. und Wildgersten angesehen werden (Fedak 1992). Von diesen drei Gruppen können die beiden Ersteren auf der Versuchsfläche auftreten und werden daher während der Versuchperiode 2009-2010 mechanisch und chemisch kontrolliert.

#### (b) Verfahren zur Minimierung/Vermeidung von Pollen- oder Samenverbreitung

#### Pollenverbreitung:

Folgende Maßnahmen werden getroffen, um die Pollenausbreitung zu minimieren:

- Das Versuchsfeld wird auf eine Breite von 5 m mit konventioneller Gerste (Sorte Scarlett) umgeben sein, an die ein 5 m breiter, vegetationsloser Streifen folgt. Die bepflanzten Randstreifen fungieren als Pollenfallen. Der Randstreifen mit der konventionellen Gerste wird nach Abschluss der Versuche wie GVP behandelt.
- Die Versuchsfläche wird vor und während der Freisetzung auf potenzielle Pollenempfänger untersucht.

Der Versuchsplan ist in Anhang III dargestellt.

#### Samenverbreitung:

Das höchste Risiko der Samenverbreitung besteht während der Aussaat und der Ernte.

- Das gesamte Saatgut wird in zertifizierten S1-Labors gelagert.
- Konventionelles und GV Saatgut wird entweder mit einer Zürn 150 Parzellen Präzisionssämaschine (Typ Hege 80) gedrillt – dann wird die Sämaschine nach der Aussaat einer Linie/Kultursorte gereinigt. Diese Sämaschine wurde für solche Versuche konzipiert. Oder es erfolgt die Aussaat per Hand, dann ist keine Reinigugn notwendig.
  - Die Ähren der GVP und konventionellen Kulturgerste werden per Hand geerntet, bevor sie die volle Reife erreichen, um das Ausfallen von Körnern zu vermeiden.

- Geerntete Ähren/Körner werden sofort in entsprechend deklarierte Säcke verpackt, in geschlossenen Behältnissen gelagert und thermisch inaktiviert, sofern sie nicht für weitere Versuchszwecke benötigt werden.
- Auf der Parzelle verbleibende Ähren werden mit der Hand geerntet. Der Randstreifen mit der konventionellen Gerste wird maschinell geerntet. Alle Körner werden in Säcke verpackt und thermisch inaktiviert.
- Auf der Versuchsfläche wird ein nicht-selektives Herbizid eingesetzt und nach der Applikation zurückbleibendes, totes Pflanzenmaterial wird zerkleinert und in den Boden eingearbeitet. In der Regel ist dies einen Monat nach der Herbizidbehandlung abgeschlossen.

## 2. Beschreibung der Verfahren zur Behandlung des Versuchsbereiches nach der Freisetzung

Hier gilt das bereits im vorherigen Abschnitt erwähnte.

Im folgenden Versuchsjahr wird die Versuchsfläche mit einer Kulturpflanze bestellt, in der Durchwuchs eindeutig identifiziert werden kann. Durchwachsende Gerstenpflanzen werden entfernt und thermisch inaktiviert bzw. mit einem entsprechenden Herbizid vernichtet.

Alle als potenzielle Pollenempfänger angesehenen Gräser (Getreidearten, *Elymus* sp. und Wildgersten) werden vor und während der Freisetzung der GVP mechanisch und chemisch kontrolliert. Die Versuchsfläche wird regelmäßig auf diese Gräser kontrolliert.

## 3. Beschreibung der Verfahren zur Behandlung von GVP-Ernten; geplante Entsorgungsverfahren

Die Ähren der GVP und konventionellen Kulturgerste der Parzellen werden per Hand geerntet, bevor sie die volle Reife erreichen, um das Ausfallen von Körnern zu vermeiden. Geerntete Ähren/Körner werden sofort in entsprechend deklarierte Säcke verpackt, in geschlossenen Behältnissen gelagert und, sofern nicht für weitere Versuchszwecke benötigt, thermisch inaktiviert. Für Versuchszwecke benötigtes Saatgut wird in zertifizierten S1-Laboratorien gelagert und eindeutig als gentechnisch verändertes Saatgut gekennzeichnet (laut Richtlinie 90/219/EEC). Alle Analysen werden ausschließlich in autorisierten und für Arbeiten mit GVO zugelassenen Laboratorien durchgeführt.

Auf der Parzelle verbleibende Ähren werden mit der Hand geerntet. Der Randstreifen mit der konventionellen Gerste wird maschinell geerntet. Alle Körner werden in Säcke verpackt und thermisch inaktiviert. Abschließend wird auf der Versuchsfläche ein nicht-selektives Herbizid eingesetzt. Nach der Applikation zurückbleibendes, totes Pflanzenmaterial wird zerkleinert und in den Boden eingearbeitet. In der Regel ist dies einen Monat nach der Herbizidbehandlung abgeschlossen.

Alle Pflanzen des Randstreifens werden nach Ende des Feldversuchs als GVP behandelt.

## 4. Beschreibung von Überwachungstechniken und -plänen

Die Versuchsfläche wird während der Freisetzungsversuche wöchentlich und im Jahr nach Beendigung der Versuche vierwöchentlich überwacht. Diese Überwachung dient der Identifikation potenzieller Pollenempfänger (Wildgersten, *Elymus* sp. alle Getreidearten) bzw. von Durchwuchspflanzen und deren umgehende Vernichtung durch thermisches Inaktivieren oder Herbizidapplikation.

Durchwachsende Gerstenpflanzen bzw. potenzielle Pollenempfänger sind einfach zu identifizieren und werden sofort entfernt und thermisch inaktiviert.

### 5. Beschreibung der Notfallpläne

Der Feldversuch kann durch klimatische Bedingungen und mutwillige Zerstörung geschädigt werden.

- a) Klimatische Bedingungen (Hagel, Unwetter usw.):
- i) Beschädigungen vor der Blüte:
  - partielle Zerstörung: Der Versuch würde fortgeführt, beschädigte Pflanzen eingesammelt und vernichtet.
  - Vollständige Zerstörung: Der Versuch würde komplett mit einem nicht-selektiven Herbizid behandelt, das nach der Applikation zurückbleibende, tote Pflanzenmaterial zerkleinert und in den Boden eingearbeitet.
- ii) Beschädigung nach der Blüte:
  - partielle Zerstörung: Der Versuch würde fortgeführt, beschädigte Pflanzen eingesammelt und vernichtet.
  - Vollständige Zerstörung: Der Versuch würde komplett mit einem nicht-selektiven Herbizid behandelt, das nach der Applikation zurückbleibende, tote Pflanzenmaterial zerkleinert und in den Boden eingearbeitet. Die Versuchsfläche stünde für ein Jahr unter Beobachtung, um durchwachsende Gerste zu vernichten.
- b) Mutwillige Zerstörung:

Hier gilt das gleiche wie das oben bereits erwähnte.

In jedem Fall würden die zuständigen Behörden umgehend unterrichtet.

### 6. Methoden und Verfahren zum Schutz des Standortes

Das Versuchsgelände ist mit einem Zaun umgeben, um die Zugänglichkeit der Versuchsfläche zu beschränken. Zudem ist der Versuchsstandort während der täglichen Arbeitszeiten unter Aufsicht von Mitarbeitern der biovativ GmbH, um das Betreten durch unbefugte Personen zu verhindern.

## H. Informationen über die möglichen Umweltauswirkungen der Freisetzung der GVP

### Merkmale der GVP und der Freisetzung

Hier eine Zusammenfassung der Information aus den bisherigen Abschnitten.

Für die Freisetzung sind 2 gentechnisch veränderte Organismen vorgesehen.

Organismus	Familie: Poaceae (Gramineae)
Organismus	Familie: Poaceae (Gramineae) Gattung Hordeum
;	
	Art: vulgare Unterart:
	Sorte/Linie: Nachkomme einer herkömmlichen Zuchtlinie von
	Golden Promise bzw Baronesse, welche zur
	Insertion der beschriebenen Gene verwendet
	wurde bzw. als Kreuzungselter diente. Es werden
	zwei Transformationsereignisse getestet:
	• pYW210-9-(4001-4360)
	• pJH271-Beta-Glu-307
	Trivialbezeichnung: Sommergerste
Modifikation	1 <b>cThEn42(GC)</b> Endochitinase, Gen aus <i>Trichoderma harzianum</i> ,
Modifikation	dessen Genprodukt in vitro das Wachstum von
	Rhizoctonia solani AG-8 und R. oryzae hemmt.
	Trinzodonia solani Tro-o ana Tr. oryzao nomini.
	2. (1,3-1,4)-β-Glucanase
	Gen mit verbesserter Substratspezifiztät für (1,3-1,4)-β-
	Glucane im keimenden Korn.
	1
	3. Bar Phosphinothricin-Acetyltransferase (PAT), Gen aus
	Streptomyces hygroscopius, das Toleranz gegenüber
	dem Herbizid Bialaphos vermittelt.
	4. <b>sGFP</b> Synthetisches Grün Fluoreszierendes Protein, isoliert
	von Aequorea victoria.
Freisetzung	Der Versuchsumfang beinhaltet maximal 4000 GVP auf einer
3	Versuchsfläche von ca. 777,6 m² inklusive Mantelsaat. Die
	Freisetzungsfläche (= mit GVP bestandene Fläche) beträgt 9,6 m² (s.
	Anhang III).
Dauer	Die Versuche werden zwischen März und Ende September 2009-2010
	stattfinden.
Beendigung	Nach Beendigung des Versuchs werden die Ähren der GVP und
	konventionellen Gerste der Parzellen per Hand bzw. der Randstreifen mit
	der konventionellen Gerste wird maschinell geerntet. Alle Körner werden in
	Säcke verpackt und, sofern nicht für weitere Versuchszwecke benötigt,
	verbrannt.
	Abschließend wird auf der Versuchsfläche ein nicht-selektives Herbizid
	eingesetzt. Nach der Applikation zurückbleibendes, totes Pflanzenmaterial
	wird zerkleinert und in den Boden eingearbeitet. In der Regel ist dies einen
	Monat nach der Herbizidbehandlung abgeschlossen.
	Evt. durchwachsende Gerste wird in den folgenden Monaten und im darauf
	folgenden Jahr vernichtet.

In seltenen Fällen können Vektorsequenzen über die T-DNA hinaus übertragen werden. Da keine genaue Analyse der in die Pflanze integrierten Sequenz durchgeführt worden ist, wird der Risikoabschätzung zugrunde gelegt, dass der gesamte Vektor integriert ist. Außerhalb

der T-DNA des pBIN19 liegt ein Kanamycin-Resistenzgen (nptlll), welches eine Aminoglycosid-3'-Phosphotransferase kodiert. Da das nptlll-Gen unter Kontrolle eines bakteriellen Promotors steht, sollte es in Pflanzen nicht exprimiert werden. Eine Auswirkung des Gens auf den pflanzlichen Stoffwechsel ist daher nicht zu erwarten. Ferner enthält die T-DNA das lacZ-Gen aus E. coli und Teile (Ursprung der Replikation) des E. coli-Phagen M13, die nicht in Pflanzen funktional sind. Der in der T-DNA lokalisierte Promotor des Nos-Gens (Nopalin-Synthase) aus Agrobacterium tumefaciens liegt auf Grund der diversen Klonierungsschritte nur fragmentarisch vor und ist folglich nicht funktional.

### 1. Risikoabschätzung

Zur Einschätzung der potenziellen unerwünschten Einflüsse auf die menschliche Gesundheit und die Umwelt durch die in diesem Antrag beschriebenen, gentechnisch veränderten Gerstenpflanzen wurde eine Bewertung aller möglichen direkten und indirekten, kurzfristig und langfristig, sofortigen und verzögerten Auswirkungen durchgeführt.

Es muss darauf hingewiesen werden, dass es sich bei dem vorliegenden Freisetzungsantrag um Feldversuche mit geringem Umfang handelt, deren Zweck die Untersuchung des Einflusses einer Endochitinase (cThEn42(GC)) und einer (1,3-1,4)-β-Glucanase als gentechnisch veränderte Merkmale zweier Gerstenlinien (pYW210-9-(4001-4360), pJH271-Beta-Glu-307) auf die Entwicklung phytopathogener Schaderreger und eines bodenbürtigen Mycosymbionten (*Glomus intraradices*, kommerzielles Präparat Amykor® Wurzel-Vital) im Vergleich zu zwei konventionellen Gerstensorten (Empfängerpflanze bzw. Kreuzungselter) ist. Die Versuche der Jahre 2009-2010 laufen unter gewöhnlichen landwirtschaftlichen Bedingungen ab. Gegen Ende der Feldversuche werden alle Pflanzen geerntet und für nachfolgende Laboranalysen in eindeutig deklarierten Behältnissen aufbewahrt bzw. vernichtet. Somit wird gewährleistet, dass keine Bestandteile der GVP in die Nahrungs- oder Tierfutterkette gelangen. Grundsätzlich ist davon auszugehen, betrachtet man die Modifikationen in den GVP, deren Eigenschaften und den Versuchsaufbau, dass potenziell denkbare Auswirkungen räumlich und zeitlich auf das Versuchsfeld begrenzt sind und als kurzfristig anzusehen sind.

Die Risikoabschätzung für transgene Pflanzen, die auch Sequenzen außerhalb der T-DNA übernommen haben könnten, unterscheidet sich von der Risikoabschätzung derjenigen Pflanzen, die ausschließlich Integration der T-DNA aufweisen, dahingehend, dass die Anwesenheit des *nptIII*-Gens in Betracht gezogen werden muss. Das *nptIII*-Gen wurde vom EFSA GMO Panel 2004 der Gruppe III zugeordnet (Anonymous 2004). Diese Gruppe enthält Antibiotika-Resistenzgene, deren relevante Antibiotika in der Humanmedizin von Bedeutung sind. Das *nptIII*-Gen verleiht nicht nur Resistenz gegen Kanamycin und Neomycin, sondern auch gegen Amikacin. Amikacin stellt ein wichtiges Reserveantibiotikum von therapeutischer Bedeutung dar. Unter Berücksichtigung, dass, wenn überhaupt, (a) nur wenige transgene Pflanzen das *nptIII*-Gen tragen, (b) die Wahrscheinlichkeit eines horizontalen Gentransfers von Pflanzen-DNA auf Mikroorganismen sehr gering ist und (c) auf der Freisetzungsfläche kein Selektionsdruck mit Antibiotika vorhanden ist, muss davon ausgegangen werden, dass es zu keiner signifikanten Erhöhung der Gesamtfrequenz dieses Resistenzmechanismus bei Mikroorganismen kommen wird.

## i. Wahrscheinlichkeit einer gesteigerten Persistenz der GVP in landwirtschaftlichen Habitaten bzw. einer gesteigerten Invasivität in natürlichen Habitaten

Gerste ist eine annuelle Kulturpflanze und ist nicht-invasiv in natürliche Habitate in Deutschland. Auf Grund von Züchtung und Selektion auf Ertragsmerkmale und Standortansprüche ist die Kulturgerste außerhalb der landwirtschaftlichen Umgebung

gegenüber einheimischer Flora nicht konkurrenzfähig. Die fehlende Spindelbrüchigkeit der Ähre verhindert zudem die natürliche Samenausbreitung. Obgleich durchwachsende Gerste im konventionellen Gerstenanbau vorkommt, ist dies unter der Versuchsdurchführung im Rahmen dieses Freisetzungsantrags eingeschränkt. Es ist keine gesteigerte Persistenz und Invasivität auf Grund der genetischen Veränderungen in den feizusetzenden, transgenen Gerstenlinien zu erwarten. Frühere Versuche in den USA mit den hier beschriebenen, transgenen Gerstenlinien haben keine Auffälligkeiten in diesen Merkmalen gezeigt.

Die gentechnischen Modifikationen der Gerstenlinien umfassen zum einen die Markergene Bar, welches die Phosphinothricin-Acetyltransferase (PAT) kodiert und Toleranz gegenüber dem Herbizid Bialaphos vermittelt, und sGFP, welches das Grün Fluoreszierende Protein kodiert. Zum zweiten enthalten diese Gerstenlinien entweder eine 42-kDa Endochitinase (cThEn42(GC)), welche *in vitro* das Wachstum von *Rhizoctonia solani* AG-8 und *R. oryzae* beeinträchtigt oder eine (1,3-1,4)- $\beta$ -Glucanase, die einen verbesserten Abbau von (1,3-1,4)- $\beta$ -Glucanen während der Kornkeimung verleiht.

Bei den beschriebenen Feldversuchen handelt sich um Studien mit GVP von geringem Umfang in Kombination mit einer Durchführung unter "Guter Experimenteller Praxis". Dies hat folgende Konsequenzen für den Versuchsablauf:

- Das Freisetzungsareal wird vor der Freisetzung mit einem nicht-selektiven Herbizid behandelt bzw. Unkräuter und Ungräser werden mechanisch entfernt.
- Während der Versuchsperiode unterliegt die Versuchsfläche regelmäßiger Beobachtung, um Unkräuter und Ungräser zu kontrollieren.
- Das Versuchsfeld umgibt ein 5 m breiter Randstreifen mit konventioneller Kulturgerste, um Parzellenrandeffekte zu minimieren. Gleichzeitig dienen diese Pflanzen als Pollenfalle.
- Die Ähren der GVP und konventionellen Kulturgerste der Parzellen werden per Hand geerntet, bevor sie die volle Reife erreichen, um das Ausfallen von K\u00f6rnern zu vermeiden. Geerntete \u00e4hren/K\u00f6rner werden sofort in entsprechend deklarierte S\u00e4cke verpackt, in geschlossenen Beh\u00e4ltnissen in zertifizierten S1-Laboratorien gelagert und, sofern nicht f\u00fcr weitere Versuchszwecke ben\u00f6tigt, thermisch inaktiviert.
- Auf den Parzellen verbleibende Ähren werden mit der Hand geerntet. Der Randstreifen mit der konventionellen Gerste wird maschinell geerntet. Die Körner werden in Säcke verpackt und thermisch inaktiviert.
- Abschließend wird auf der Versuchsfläche ein nicht-selektives Herbizid eingesetzt. Nach der Applikation zurückbleibendes, totes Pflanzenmaterial wird zerkleinert und in den Boden eingearbeitet. In der Regel ist dies einen Monat nach der Herbizidbehandlung abgeschlossen.
- Um der Gefahr des Durchwuchs im folgenden Jahr zu begegnen, wird die Versuchsfläche mit einer entsprechenden Kulturpflanze bestellt. Durchwachsende Gerstenpflanzen werden identifiziert, entfernt und thermisch inaktiviert bzw. mit einem entsprechenden Herbizid vernichtet.

Zusammenfassend sei angemerkt, dass die Wahrscheinlichkeit einer erhöhten Persistenz oder Invasivität dieser Gerstenpflanzen auf Grund der Freisetzung als sehr gering angesehen werden muss.

ii. Selektionsvor- und -nachteile, die den GVP verliehen werden

Die Gerstenpflanzen verfügen auf Grund der gentechnischen Veränderungen über Gene, die ihnen Toleranz gegenüber dem Herbizid Bialaphos verleihen, pJH271-Beta-Glu-307 exprimiert zusätzlich ein sGFP. Mit sGFP transformierte Zellen fluoreszieren grün unter Anregungen durch Licht einer bestimmten Wellenlänge. Es ist nicht davon auszugehen, dass die Expression der Gene einen Selektionsvor- oder -nachteil in den transgenen Pflanzen bewirken. Neben dieser Herbizidtoleranz besitzen die Gerstenlinien ein antifungal wirkendes Enzym (cThEn42(GC)), welches in vitro das Wachstum von Rhizoctonia solani AG-8 und R. oryzae hemmt, oder eine (1,3-1,4)-β-Glucanase, die einen verbesserten Abbau von (1,3-1,4)-β-Glucanen während der Kornkeimung ermöglicht. Die Endochitinase steht unter Kontrolle eines Promotors des Ubiquitin-Gens aus Mais sowie dem Signalpeptid einer 33kDa Chitinase aus Gerste und wird daher in allen Pflanzenteilen exprimiert. Die Glucanase steht unter Kontrolle eines Endosperm-spezifischen Promotors des D Hordein-Gens. Daher ist das rekombinante Enzym nur während der Kornentwicklung und- keimung nachweisbar. Beide Gene vermitteln in den modifizierten Gerstenlinien einen möglichen Selektionsvorteil durch eine mögliche antifungale Wirkungsweise, die die Entwicklung phytopathogener Schaderreger auf der Pflanze einschränkt. Ein Selektionsnachteil muss erwogen werden, sollten die Transgene antifungales Potenzial gegenüber symbiontischen Pilzen entwickeln.

Da keine genaue Analyse der in die Pflanze integrierten Sequenz durchgeführt worden ist, wird der Risikoabschätzung zugrunde gelegt, dass der gesamte Vektor pBIN19 integriert ist. Die potenziell integrierten Sequenzen außerhalb und innerhalb der T-DNA der beiden Transformationsereignisse sind in Pflanzen nicht funktional und vermitteln folglich keine Selektionsvor- und –nachteile.

Ein Selektionsvor- bzw. -nachteil war in jedem Fall unter Feldbedingungen und im Gewächshaus in den USA bisher nicht erkennbar.

PCR Analysen zeigten die Integration der Gene in die transgenen Gerstenlinien. Enzymaktivitätsassays belegten, dass diese Enzyme seit mehreren Generationen in den Pflanzen exprimiert werden. Es ist daher wahrscheinlich, dass für die Pflanzen aus der Modifikation kein Umweltnachteil resultiert.

## iii. Potenzial für Gentransfer zu denselben oder anderen kreuzbaren Pflanzenarten unter den Anbaubedingungen der GVP und diesen Pflanzenarten verliehene Selektionsvor- und -nachteile

Gerste ist Selbstbestäuber mit einer Selbstbefruchtungsrate von ~99%, was durch die kleistogame Blütenmorphologie unterstützt wird. Verbunden mit einer im Vergleich zu fremdbefruchtenden Roggen niedrigen Pollenproduktion (~10%) wird die Auskreuzungwahrscheinlichkeit stark reduziert (Eastham und Sweet 2002). Hammer (1977) sieht vor allem die Empfindlichkeit des Pollens gegenüber Umweltbedingung und der daraus resultierenden, kurzen Lebensfähigkeit als limitierend an. Dennoch ist eine Hybridisierung zwischen unterschiedlichen Gerstensorten möglich. Wind stellt hier das wahrscheinlichste Medium zur Pollenverbreitung dar (Hammer 1975, 1977, Eastham und Sweet 2002).

Unter Berücksichtigung der Ergebnisse von Wagner und Allard (1991) bzw. Ritala et al. (2002) (siehe Abschnitt B 2 a (ii)) wird die Freisetzungsfläche einen Abstand von mindestens 35 m zu möglichen Pollenempfängern einhalten, was mögliche Hybridisierungen sehr unwahrscheinlich macht.

Auch wenn Hybridisierung ein sehr seltenes Ereignis darstellt, wird das Versuchsfeld zur benachbarten Vegetation abgegrenzt. Die gesamte Versuchsanordnung mit Randstreifen aus konventioneller Gerste (Sorte Scarlett), Schwarzbrache und dikotyler Kultur isoliert das Versuchsfeld und dient als Pollenfalle, was den ohnehin geringen Pollenflug insgesamt minimiert.

Die zur Vermehrung im S1-Bereich des Gewächshauses der Versuchsstation angebauten Gersten (in Gießen) besitzen einen Mindestabstand von 50 m zu den Versuchsparzellen. In Abschnitt B 2 (b) wurden bereits die möglichen Pollenempfänger diskutiert. Als potenzielle Pollenempfänger müssen andere Getreidearten, *Elymus* sp. und Wildgersten angesehen

werden (Fedak 1992). Alle bisherigen Daten weisen darauf hin, dass Kulturgerste mit keiner anderen Kulturpflanze unter natürlichen Bedingungen hybridisiert und künstlich erzeugte Hybride männlich bzw. komplett steril sind. Hordeum vulgare L. kann mit Elymus sp. gekreuzt werden bzw. es kommt zu natürlicher intergenerischer Kreuzung zwischen Hordeum sp. und Elymus sp., wobei resultierende Hybride in allen Fällen männlich bzw. komplett steril sind. Unter Berücksichtigung der hohen Selbstbefruchtungsrate und der starken Hybridisierungsbarrieren zwischen Hordeum-Arten, ist das Risiko der Auskreuzung in Wildgersten sehr gering (Fedak 1992). Von den drei genannten Pflanzengruppen können die beiden Ersteren auf der Versuchsfläche auftreten und werden daher vor, während und nach den Versuchperioden kontrolliert. Im Anschluss wird eine dikotyle Kultur auf der Versuchsfläche angebaut, um durchwachsende Gerstenpflanzen frühzeitig zu erkennen. Durchwuchs wird sofort entfernt und verbrannt. Sollte im Jahr nach Beendigung der Versuche durchwachsende Gerste auftreten, verlängert sich der Beobachtungszeitraum um ein Jahr.

Zusammenfassend ist der Gentransfer zu denselben oder anderen kreuzbaren Pflanzenarten durch die kleistogame Blüte und die geringe Pollenproduktion der Gerste, den fehlenden Hybridisierungspartner, den Versuchsaufbau mit Randstreifen aus konventioneller Gerste und einer dikotylen Kultur in Kombination mit der Distanz zu benachbarten Getreidekulturen (~ 50m) als sehr gering zu bewerten. Somit muss auch die Übertragung von Selektionsvor- und –nachteilen auf diese Arten als minimal angesehen werden.

iv. Mögliche sofort und/oder verzögert eintretende Umweltauswirkungen, resultierend aus direkten oder indirekten Wechselwirkungen zwischen der GVP und Zielorganismen, wie Prädatoren, Parasitoiden und Pathogenen (falls zutreffend)

Ziel ist eine umfassende, epidemiologische Aufzeichnung auftretender, pilzlicher Krankheiten auf gentechnisch modifizierten Pflanzen und den/m entsprechenden Empfängerpflanzen und Kreuzungselter. Zudem soll der Einfluss der GVP auf einen Mycosymbionten (*Glomus intraradices*)untersucht werden. Mit Hilfe der Freisetzungsversuche können nähere Angaben zum Wirkungsgrad und zur –spezifizität der rekombinanten Proteine gemacht werden, um den Einfluss der rekombinanten Proteine in den modifizierten Linien auf pilzliche Organismen zu definieren.

Die beabsichtigten Effekte der Modifizierungen sind folgende:

- Eine erhöhte Resistenz gegenüber den pilzlichen Schaderregern Rhizoctonia solani AG-8 und R. oryzae (pYW210-9-(4001-4360)). Die Endochitinase ThEn42 wurde aus dem mycoparasitischen Pilz Trichoderma harzianum isoliert und vermittelte in Tabak und Kartoffel eine erhöhte Resistenz gegenüber Rhizoctonia solani, Alternaria alternata, A. solani und Botrytis cinerea (Lorito et al. 1998). In vitro Versuche belegten ein durch die Endochitinase gehemmtes Wachstum von Rhizoctonia solani AG-8, R. oryzae und Gaeumannomyces graminis (Wu 2003).
- Eine verbesserte Mobilisierung von Kohlenhydraten und stickstoffhaltigen Verbindungen aus Stärke und Proteinen des Endosperms und Aleurons während der Samenkeimung (bei der Linie pJH271-Beta-Glu-307) erhöht den Futterwert des Korns bzw. verbessert dessen Mälzungseigenschaften im Brauprozess (Jensen et al. 1998, Horvath et al. 2002).

Die möglichen Wechselwirkungen zwischen pilzlichen Organismen und den zu verwendenden transgenen Linien basieren auf der Bedeutung der rekombinanten Enzyme, Chitin und  $(1,3-1,4)-\beta$ -Glucane zu hydrolisieren. Chitin ist Bestandteil des Exoskeletts und peritrophen Membran von Insekten bzw. der Zellwände pilzlicher Organismen.  $(1,3-1,4)-\beta$ -

Glucane sind Polysaccharide in Zellwänden höherer Pflanzen der Familie der Poaceae und hier im speziellen der Gramineen.

Eine direkte Wechselwirkung der Endochitinase in pYW210-9-(4001-4360) ist folglich mit invasiven, pilzlichen Organismen denkbar. Auf Grund der verwendeten Promotoren (*Ubi-1*) sind etwaige Wechselwirkungen in allen Pflanzteilen möglich. Sollte die Schädigung der Pflanze durch pilzliche Schaderreger verhindert oder reduziert werden, würden die transgenen Pflanzen eine verbesserte Entwicklung und höhere Überlebensfähigkeit im Vergleich zu nicht-modifizierten Pflanzen besitzen.

Eine direkte Wechselwirkung von pJH271-Beta-Glu-307 wäre nur dann wahrscheinlich, wenn das rekombinante Enzym die Glucane der Zellwände antagonistischer Pilze und Bakterien hydrolisieren könnte. Allerdings müssten phytopathogene Erreger das sich entwickelnde oder keimende Korn befallen, da das Transgen unter dem Endosperm-spezifischen Promotor des *D Hordein*-Gens steht. D.h. die Expression des rekombinanten Enzyms ist zeitlich und räumlich begrenzt. Zieht man zusätzlich die Substratspezifizität in Betracht ist eine direkte Wechselwirkung eher unwahrscheinlich.

Sollten die transgenen Gerstenkörner in geringerem Umfang geschädigt werden, hätte dies einen erhöhten Aufgang im Vergleich zu nicht-modifizierten Pflanzen zur Folge. Das Transgen hätte aber keinen Einfluss auf die weitere Pflanzenentwicklung.

Eine indirekte Wechselwirkung wäre in beiden Fällen eine im Vergleich zu nicht-modifizierten Pflanzen erhöhte Überlebensfähigkeit nach dem Befall durch antagonistische Organismen. Es ist aber unwahrscheinlich, dass die modifizierten Gerstenlinien diese erhöhte Überlebensfähigkeit zeigen, wenn konventionelle Gerstensorten gezielt mit Fungiziden gegen auftretende Schaderreger behandelt werden.

v. Mögliche sofort und/oder verzögert eintretende Umweltauswirkungen, resultierend aus direkten oder indirekten Wechselwirkungen zwischen der GVP und Nichtzielorganismen (unter Berücksichtigung von Organismen, bei denen Wechselwirkungen mit Zielorganismen bestehen), einschließlich Auswirkungen auf die Populationsgrößen von Kompetitoren, Herbivoren, Symbionten (falls zutreffend), Parasiten und Pathogenen

Nichtzielorganismen (im Sinne unserer Versuchsziele), bei denen eine Wechselwirkung eintreten könnte, sind in der Fauna zu finden und umfassen herbivore Insekten, denen Pflanzenorgane und Samen als Futter dienen, und symbiontische Pilze und Bakterien. Da der tierische Organismus weder Glucane noch Chitin enthält, sind keine Wechselwirkungen zwischen GVP und Kleinsäugetieren/Vögeln nach dem Fressen der GV Körner und GVP zu erwarten.

#### a) Direkte Wechselwirkungen

Eine direkte Wechselwirkung von pJH271-Beta-Glu-307 auf Nichtzielorganismen besitzt die gleiche geringe Wahrscheinlichkeit wie direkte Wechselwirkung mit Zielorganismen.

- Die Expression des rekombinanten Enzyms ist auf Grund des verwendeten des Endosperm-spezifischen Promotors des D Hordein-Gens zeitlich und räumlich auf das sich entwickelnde oder keimende Korn begrenzt.
- Die (1,3-1,4)-β-Glucanase besitzen eine strikte Substratspezifizität für die Spaltung L-1,4 glykosidischer Bindungen 3-O-substituierter Glukopyranoseeinheiten. Das rekombinante Enzym basiert auf zwei (1,3-1,4)-β-Glucanasen von Bacillus amyloliquefaciens und Bacillus macerans, welches die gleiche Substratspezifizität wie Gersten-Glucanasen hat, die für die Mobilisierung von Stärke und Proteinen im Endosperm und Aleuron während der frühen Kornkeimung benötigt werden (Borriss et al. 1989, Jensen et al. 1996, Planas 2000).

- Die zu verwendende transformierte Gerstenlinie wurde bereits in Feldversuchen in den USA freigesetzt, in denen keine schädliche Auswirkung auf Nichtzielorganismen beobachtet wurde.
- Es handelt sich bei dem vorliegenden Freisetzungsantrag um Feldversuche mit geringem Umfang, und keine Pflanzenbestandteile und -organe gelangen in die Nahrungs- oder Futterkette.

Eine direkte Wechselwirkung der pYW210-9-(4001-4360) auf herbivore Insekten ist aus folgenden Gründen sehr unwahrscheinlich:

- Das Exoskelett bzw. die Kutikula der Insekten besteht zwar aus bis zu 40% Chitin, jedoch ist Chitin nicht in der äußersten Schicht des Integuments, der Epikutikula, vorhanden.
- Das Chitin der inneren Schichten der Kutikula (Exo-, Endokutikula) ist eng mit Proteinen verbunden und folglich ist der Zugang für Chitinasen begrenzt. So sind auch vor allem Proteasen in die Häutung der Insekten involviert.
- Die peritrophe Membran des Verdauungskanals der Insekten enthält ebenfalls Chitin.
   Sie besteht aber durchschnittlich nur zu 3-13% aus Chitin während Proteine,
   Glykoproteine und Proteoglykane die Hauptbestandteile darstellen (Merzendorf und Zimoch 2003).
- Herbivore Insekten sind ständig mit pflanzlichen Chitinasen konfrontiert, die sich nicht schädigend auswirken.
- Basierend auf mündlichen Mitteilungen wissenschaftlichen Fachpersonals zeigten bisherige Feldversuch in den USA keine Auffälligkeiten in der Entwicklung und dem Fressverhalten von Schädlingen (z.B. Blattläuse) und Prädatoren (z.B. Marienkäfer)

Bisherige in der Literatur beschriebene Untersuchungen belegen keinen antifungalen Effekt der Chitinasen bei der Mykorrhizierung:

- Verschiedener Chitinasen (Klasse III) zeigten eine erhöhte Transkription in *Medicago truncatula* während der Besiedlung durch *Glomus intraradices* (Salzer et al. 2000).
- Die konstitutive Überexpression verschiedener Chitinasen (Klasse I, II, III) unter Kontrolle des *CaMV* 35S Promotors in Tabakwurzeln zeigte keine Unterschiede im Besiedlungsverhalten von *Glomus mosseae* im Vergleich zur Wurzelbesiedlung von Kontrollpflanzen (Vierheilig et al. 1995).

Dennoch sind Wechselwirkungen mit pilzlichen Symbionten nicht auszuschließen. Die Folge einer Wechselwirkung wäre eine beeinträchtige oder verhinderte Symbiose. Die Feldversuche haben das Ziel mögliche Wechselwirkungen zu identifizieren.

Die eingefügten Gene stammen von natürlich vorkommenden Organismen; die Endochitinase (cThEn42) von dem ubiquitär auftretenden Bodenpilz Trichoderma harzianum und die (1,3-1,4)- $\beta$ -Glucanase von Bacillus amyloliquefaciens und Bacillus macerans. Letzteres wurde durch intragenische Rekombination erstellt, was aber nicht in einer veränderten Substratspezifizität resultierte. Die G+C-optimierte Gensequenz der Endochitinase und (1,3-1,4)- $\beta$ -Glucanase bedeutet keine Veränderung in der Aminosäuresequenz und folglich ist eine veränderte Enzymwirkung unwahrscheinlich.

#### b) Indirekte Wechselwirkungen

Indirekte Wirkungen auf Grund der Modifikation der Gerstenpflanzen sind ebenfalls als sehr unwahrscheinlich einzustufen:

• Ein horizontaler Gentransfer in Darmbakterien des Menschen oder Nutztiere ist unwahrscheinlich, da keine Pflanzenorgane oder Körner in die Nahrungs- oder

Futterkette gelangen werden und es sich um einen Feldversuch von geringem Umfang handelt.

- Bisherige Untersuchungen konnten keinen horizontalen Gentransfer mit nichthomologer DNA unter Feldbedingungen nachweisen. Um zur Ausprägung zu gelangen, müssten die Gene in Bakterien übertragen und dort repliziert werden. Da hierzu mindestens vier Schritte notwendig sind, (i) Entlassung des intakten Resistenzgens mit einem "origin of replication" aus der Pflanzenzelle, (ii) Aufnahme durch kompetente Bakterien, (iii) Ringschluss zu einem Plasmid und (iv) Expression des Gens, ist der Gentransfer von Genen von Pflanzen auf Bakterien und deren Ausprägung ein seltenes Ereignis. Nielsen et al (1997) und Gebhard and Smalla (1998) stuften die Wahrscheinlichkeit als sehr gering ein. Auf Grund des begrenzten Versuchsumfangs ist ein horizontaler Gentransfer sehr unwahrscheinlich. Obwohl die Transgene in ihrem G+C-Gehalt, bzw im Falle der (1,3-1,4)-β-Glucanase zusätzlich durch intragenische Rekombination verändert wurde, wurde ihre Substratspezifizität nicht modifiziert. Die ursprünglichen Gene leiten sich von Genen ab, die in der Natur weit verbreitet sind.
- Exsudate aus Wurzeln bzw. keimenden K\u00f6rnern stellen zwar Quellen f\u00fcr die Exposition der rekombinanten Enzyme in den Boden dar. Aber wie bereits erw\u00e4hnt sind die Gene in der Natur weit verbreitet und die Genproduktsequenzen zeigen keine Homologien zu bekannten Allergenen oder Toxinen (vgl. Abschnitt D 7).
- Von den außerhalb der T-DNA liegenden und potenziell integrierbaren Sequenzen muss das nptlll-Gen in Betracht gezogen werden. Das nptlll-Gen wurde vom EFSA GMO Panel der Gruppe III zugeordnet (Anonymous 2004). Diese Gruppe enthält Antibiotika-Resistenzgene, deren relevante Antibiotika in der Humanmedizin von Bedeutung sind. Das nptlll-Gen verleiht nicht nur Resistenz gegen Kanamycin und Neomycin, sondern auch gegen Amikacin. Amikacin stellt ein wichtiges Reserveantibiotikum von therapeutischer Bedeutung dar. Southern Blot Analysen zeigten, dass nptlll weder in seiner Gesamtheit noch in Fragmenten in das Genom der Linien pJH271-Beta-Glu-307 und pYW210-9-(4001-4360) integriert wurde (s. Anhang V und Abschnitt D 2 (a) b)).

Zusammenfassend muss man die Wahrscheinlichkeit von direkt, indirekt, sofort oder verzögert eintretenden Auswirkungen auf Nichtzielorganismen als sehr gering einstufen. Allerdings müssen die Auswirkungen auf symbiontische Pilze erwogen werden und werden daher im Rahmen der Feldversuche untersucht. Es muss aber angemerkt werden, sollten Wechselwirkungen eintreten, sind diese auf Grund des geringen Versuchsumfangs, und dessen zeitlich begrenzter Durchführung, von kurzer Dauer. Die bisherigen Feldversuche in den USA geben keinen Anlass, von Auswirkungen auf Nichtzielorganismen auszugehen.

vi. Mögliche sofort und/oder verzögert eintretende Auswirkungen auf die menschliche Gesundheit, die aus potenziellen direkten und indirekten Wechselwirkungen zwischen der GVP und Personen resultieren, die mit der GVP arbeiten oder in direkten Kontakt damit kommen oder in die Nähe der GVP-Freisetzung(en) kommen

Da die Feldversuche in sehr begrenztem Umfang durchgeführt werden und keine Pflanzenteile oder –organe in die Nahrungskette gelangen, kann von keinen direkten Auswirkungen auf die menschliche Gesundheit ausgegangen werden.

Das Bar-Gen bzw. dessen Genprodukt (Phosphinothricin-Acetyltransferase, PAT) wurde nach umfangreichen Sicherheitsuntersuchungen als nicht gesundheitsgefährdend eingeordnet. PAT besitzt keine N-Glykosylierungstellen und weder das gesamte Enzym noch kurze Aminosäuresequenzen zeigten Homologien zu Allergenen oder Toxinen. Intravenöse Injektion (bis 10 mg/kg Körpergewicht) von PAT in Mäuse zeigte keinerlei toxische Symptome. Das Enzym ist hitzestabil. Die Enzymaktivität wird allerdings ab einer

Temperatur von 60°C und 10 min Exposition inaktiviert (Herouet et al. 2005). Das PAT Enzym wurde durch die EPA (Environmental Protection Agency) von einer Toleranzkennzeichnung für alle ladwirtschaftlichen Rohstoffe befreit (EPA 1997).

Das *sGFP*-Gen wurde von Chiu et al. (1996) beschrieben. Sicherheitsuntersuchungen ergaben keine toxischen Effekte in Fütterungsversuchen mit Mäusen (1 mg aufgereinigtes GFP/Tag über 26 Tage). Der Vergleich des Protein mit Aminosäuresequenzen bekannter Allergene ergab keine Homologien > 4 konsekutiver Aminosäuren. Das Protein zeigt keine Stabilität gegenüber Verdauungsprozessen in Mensch und Tier, was seine potenzielle Allergenität unwahrscheinlich macht. Transformierte Zebrafische und Mäuse, die konstitutiv *GFP* exprimierten, waren gesund (Higashijima et al. 1997, Hadjantonakis et al. 1998), was sich im Falle der Mäuse mit den Ergebnissen aus den Fütterungsversuchen deckt (Richards et al. 2003).

cThEn42(GC) und  $(1,3-1,4)-\beta$ -Glucanase:

Beide Gene kodieren für Enzyme die im menschlichen Körper nicht vorkommen. Es gibt keine Berichte einer allergenen oder toxischen Wirkung dieser Enzyme. Zudem zeigen beide Enzyme keine Homologien zu bekannten bzw. in Datenbanken veröffentlichten Toxinen und Allergenen (vgl. Abschnitt D 7).

Es gibt keinen wissenschaftlichen Grund die indirekten Auswirkungen der modifizierten Gerstenlinien auf die menschliche Gesundheit anders zu betrachten als die Auswirkungen des Anbaus konventioneller Kulturgersten. In Bezug auf die menschliche Gesundheit ist die Pollenallergie als potenzielle Interaktion denkbar. Gerstenpollen kann, wie andere Pflanzenpollen auch, beim Einatmen zu allergischen Reaktionen bei sensibilisierten Menschen hervorrufen. Allerdings besteht kein Anhaltspunkt von einer erhöhten Allergenität durch transgenen im Vergleich zu nicht-modifizierten Gerstenpollen auszugehen.

Zusammenfassend muss man die Wahrscheinlichkeit von direkt, indirekt, sofort oder verzögert eintretenden Auswirkungen auf die menschliche Gesundheit, verursacht durch direkte oder indirekte Wechselwirkung zwischen Personen und den im Antrag beschriebenen modifizierten Gerstenlinien, durch Arbeiten an oder direkten Kontakt mit diesen GVP, oder durch Aufenthalt in der Nähe der GVP-Freisetzung, als sehr gering einstufen. Die bisherigen Feldversuche in den USA zeigen keine Auswirkungen auf die menschliche Gesundheit.

vii. Mögliche sofort und/oder verzögert eintretende Auswirkungen auf die Tiergesundheit und Konsequenzen für die Nahrungsmittel-/Futterkette, die aus dem Verzehr der GVP und jeglicher davon stammender Produkte resultieren, falls diese als Tierfutter verwendet werden sollen

Die Feldversuche werden in sehr begrenztem Umfang durchgeführt und keine Pflanzenteile oder –organe werden in die Nahrungs- oder Futterkette gelangen.

viii. Mögliche sofort und/oder verzögert eintretende Auswirkungen biogeochemische Prozesse, die die Tiergesundheit und Konsequenzen für die Nahrungsmittel-/Futterkette, die aus potenziellen direkten und Wechselwirkungen zwischen der GVP und Ziel- und Nichtzielorganismen in der Nähe der GVP-Freisetzung(en) resultieren

Auf mögliche sofort und/oder verzögert eintretende Umweltauswirkungen, resultierend aus potenziellen direkten und indirekten Wechselwirkungen zwischen der GVP und Ziel- und Nichtzielorganismen wurde bereits in Abschnitt H iv + v eingegangen. Da jede Art dieser Auswirkungen als gering eingestuft wird, gibt es keinen Grund anzunehmen, dass die GVP über direkte oder indirekte Auswirkungen biogeochemische Prozesse in der Weise

verändern, die die Tiergesundheit beeinträchtigen oder Konsequenzen für die Nahrungs-/Futterkette haben.

Lediglich der Einfluss auf pilzliche Symbiosen wurde nicht ausgeschlossen. Zentraler Punkt des Freisetzungsantrags ist allerdings, die GVP-Symbiont Interaktionen unter Verwendung des Präparats Amykor® Wurzel-Vital (Produkt enthält den Symbiont *Glomus intraradices*) zu untersuchen. Aber auch hier muss angemerkt werden, dass, auf Grund des räumlich und zeitlich sehr begrenzten Freisetzungsversuchs, die potenziell auftretenden Wechselwirkungen zu eher vorübergehenden als nachhaltigen Auswirkungen führen.

Es ist davon auszugehen, dass physikalische und chemische Prozesse des Proteinabbaus bzw. der Blattzersetzung des modifizierten Pflanzenmaterials dem der Empfängerpflanze (Golden Promise) bzw. dem des Kreuzungselters (Baronesse) entspricht.

In bisherigen Feldversuchen an der Washington State University, Pullman (USA) konnten keine Unterschiede im Abbau des gentechnisch veränderten Pflanzenmaterials im Vergleich zum Pflanzenmaterial der/s Empfängerpflanze/Kreuzungselters beobachtet werden. Diese Beobachtungen sind möglich, da nach den Richtlinien des "Animal and Plant Health Inspection Service – APHIS" der USA einem Anbau gentechnisch modifizierter Pflanzen eine Schwarzbrache folgt.

ix. Mögliche sofort und/oder verzögert eintretende, direkte oder indirekte Umweltauswirkungen der bei der GVP angewendeten spezifischen Kultivierungs-, Bearbeitungs- und Erntetechniken, falls diese sich von den bei nicht-GVP angewendeten Techniken unterscheiden

Die Techniken zur Bestandesführung und Ernte unterscheiden sich nicht zwischen GVP und nicht-GVP.

### V. Literatur

Abdel-Ghani, A.H., Parzies, H.K., Omary, A., and Geiger, H.H. (2004). Estimating the outcrossing rate of barley landraces and wild barley populations collected from ecologically different regions of Jordan. Theoretical and Applied Genetics 109: 588-595

Anonymous (2004). Opinion of the Scientific Panel on Genetically Modified Organisms on the use of antibiotic resistance genes as marker genes in genetically modified plants. EFSA Journal 48: 1-18

Bevan, M., Barnes, W.M., and Chilton, M.-D. (1983). Structure and transcription of the nopaline systhase gene region of T-DNA. Nucleic Acids Research 11: 369-385

Bevan, M. (1984). Binary *Agrobacterium* vectors for plant transformation. Nucleic Acids Research 12: 8711-8721.

Borriss, R., Olsen, O., Thomsen, K.K., and von Wettstein, D. (1989). Hybrid Bacillus endo-(1,3-1,4)- $\beta$ -glucanases: Construction of recombinant genes and molecular properties of the gene products. Carlsberg Research Communications 54: 41-54

Chaudhary, H.R., Jana, S., and Acharya, S.N. (1980). Outcrossing rates in barley populations in the Canadian prairies. Canadian Journal of Genetics and Cytology 22: 353-360

Chiu, W-L., Niwa, Y., Zeng, W., Hirano, T., Kobayashi, H., and Sheen, J. (1996). Engineered GFP as a vital reporter in plants. Current Biology 6: 325–330

Cho, M.-J., Choi, H.-W., Jiang, W., Ha, C.D., and Lemaux, P.G. (2002). Endosperm-specific expression of green fluorescent protein driven by the hordein promoter is stably inherited in transgenic barley (*Hordeum vulgare*) plants. Physiologia Plantarum 115: 144-154

De Block, M., Botterman, J., Vandewiele, M., Dockx, J., Thoen, C., Gossele, V., Rao Movva, N., Thompson, C., Van Montagu, M., and Leemans, J. (1987). Engineering herbicide resistance in plants by expression of a detoxifying enzyme. EMBO Journal 6: 2513-2518

Depicker, A., Stachel, S., Dhaese, P., Zambryski, P., and Goodman, H.M. (1982). Nopaline synthase: transcript mapping and DNA sequence. Journal of Molecular and Applied Genetics 1: 561-573

Eastham, K. and Sweet, J. (2002). Gentically modified organisms (GMOs): The significance of gene flow through pollen transfer. Environmental Issue Report 28, European Environment Agency, Copenhagen

EPA (Environmental Protection Agency, 1997). Phosphinothricin acetyltransferase and the genetic material necessary for its production in all plants – exemption from the requirement of a tolerance on all raw agricultural commodities. Federal Register 70, pp. 17717-17720

Fedak, G. (1992). Intergenric hybrids with Hordeum. Barley: Genetics, Biochemistry, Molecular Biology and Biotechnology. Shewry, P.R., ed., Wallingford, UK, pp. 45-70

Frisch, D.A., Harris-Haller, L.W., Yokubaitis, N.T., Thomas, T.L., Hardin, S.H., and Hall, T.C. (1995). Complete sequence of the binary vector Bin19. Plant Molecular Biology 27: 405-409

Gebhard, F. and Smalla, K. (1998) Transformation of Acinetobacter sp. BD413 by transgenic sugar beet DNA. Applied and Environmental Microbiology 64: 1550-1554

Hadjantonakis, A. K., Gertsenstein, M., Ikawa, M., Okabe, M., and Nagy, A. (1998). Generating green fluorescent mice by germline transmission of green fluorescent ES cells. Mechanisms of Development 76: 79–90

Hammer, K. (1975). Die Variabilität einiger Komponenten der Allogamieneigung bei der Kulturgerste (*Hordeum vulgare* L.s.l.). Kulturpflanze 23: 167-180

Hammer, K. (1977). Fragen der Eignung des Pollens der Kulturgerste (*Hordeum vulgare* L.s.l.) für die Windbestäubung. Kulturpflanze 25: 13-23

Hayes, C.K., Klemsdal, S., Lorito, M., Di Pietro, A., Peterbauer, C., Nakas, J.P., Tronsmo, A., and Harman, G.E. (1994). Isolation and sequence of an endochitinase-encoding gene from a cDNA library of Trichoderma harzianum. Gene 138: 143-148

Herouet, C., Esdaile, D.J., Mallyon, B.A., Debruyne, E., Schulz, A., Currier, T., Hendrickx, K., van der Klis, R.-J., and Rouan, D. (2005). Safety evaluation of the phosphinothricin acetyltransferase proteins encoded by the *pat* and *bar* sequences that confer tolerance to glufosinate-ammonium herbicide in transgenic plants. Regulatory Toxicology and Pharmacology 41: 134-149.

Higashijima, S., Okamoto, H., Ueno, N., Hotta, Y., and Eguchi, G. (1997). High-frequency generation of transgenic zebra fish which reliably express GFP in whole muscles or the whole body by using promoters of zebra fish origin. Developmental Biology 192: 289–299

Horvath, H., Huang, J., Wong, O., Kohl, E., Okita, T., Kannangara, C.G., and von Wettstein, D. (2000). The production of recombinant proteins in transgenic barley grains. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America 97: 1914-1919

Horvath, H., Huang, J.T., Wong, O.T., and von Wettstein, D. (2002). Experiences with genetic transformation of barley and characteristics of transgenic plants. Barley Science. G.A. Slafer, J.L. Moliua-Cayo, R. Savin, J.L. Araus and J. Ramagosa, eds. The Harworth Press, New York, pp. 143-176

Jensen, L.G., Olsen, O., Kops, O., Wolf, N., Thomsen, K.K., and von Wettstein, D. (1996). Transgenic barley expressing a protein-engineered, thermostable (1,3-1,4)- $\beta$ -glucanase during germination. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America 93: 3487-3491

Jensen, L.G., Politz, O., Olsen, O., Thomsen, K.K., and von Wettstein, D. (1998). Inheritance of a codon-optimized transgene expressing heat stable  $(1,3-1,4)-\beta$ -glucanase in scutellum and aleurone of germinating barley. Hereditas 129: 215-225

Kragh, K.M., Jacobsen, S., Mikkelsen, J.D., and Nielsen, K.A. (1991). Purification and characterization of three chitinases and one β-1,3-glucanase accumulating in the medium of cell suspension cultures of barley (Hordeum vulgare L.). Plant Science 76: 65-77

Lorito, M., Woo, S.L., Fernandez, I.G., Colucci,G., Harman, G.E. Pintor-Toro, J.A., Filippone, E., Muccifora, S., Lawrence, C.B., Zoina, A., Tuzun, S., and Scala, F. (1998). Gene from mycoparasitic fungi as a source for improving plant resistance to fungal pathogens. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America 95: 7860-7865.

Merzendorfer, H. and Zimoch, L. (2003). Chitin metabolism in insects: structure, function and regulation of chitin synthases and chitinases. Journal of Experimental Biology 206: 4393-4412

Molnár-Láng, M. and Sutka, J. (1994). The effect of temperature on seeds set and embryo development in reciprocal crosses of wheat and barley. Euphytica 78: 53-58

Nielsen, K.M., van Elsas, J.D., and Smalla, K. (1997). Transformation of *Acinetobacter* sp. strain BD413(pFG4 $\Delta$ nptll) with transgenic plant DNA in soil microcosms and Effects of kanamycin on selection of transformants. Applied and Environmental Microbiology 66: 1237-1242

Planas, A. (2000). Bacterial (1,3-1,4)- $\beta$ -glucanase: structure, function and protein engineering. Biochimica et Biophysica Acta 1543: 361-382

Politz, O., Simon, O., Olsen, O., and Borriss, R. (1993). Determinants for the enhanced thermostability of hybrid  $(1,3-1,4)-\beta$ -glucanases. European Journal of Biochemistry 216: 829-834

Richards, H.A., Han, C.-T., Hopkins, R.G., Failla, M.L., Ward, W.W., and Stewart, Jr., C.N. (2003). Safety assessment of recombinant green fluorescent protein orally administered to weaned rats. Journal of Nutrition 133: 1909-1912

Ritala, A., Nuutila, A.M., Aikasalo, R., Kauppinen, V., and Tammisola, J. (2002). Measuring gene flow in the cultivation of transgenic barley. Crop Science 42: 278–285

Salzer, P., Bonanomi, A., Beyer, K., Vogeli-Lange, R., Aeschbacher, R.A., Lange, J., Wiemken, A., Kim, D., Cook, D.R., and Boller, T. (2000). Differential expression of eight chitinase genes in *Medicago truncatula* roots during mycorrhiza formation, nodulation, and pathogen infection. Molecular Plant-Microbe Interactions 13: 763-777

Southern, E.M. (1975). Detection of specific sequences among DNA fragments separated by gel electrophoresis. Journal of Molecular Biology 98: 503-517

Tammisola, J. (1998) Transgene flow in barley cultivation. In: Past, Present and Future Considerations in Risk Assessment when using GMOs. de Vries, G., ed. Workshop Proceedings, Leeuwenhorst Congress Centre, Netherlands

Thompson, C.J., Moval, N.R., Tizard, R., Crameri, R., Davies, J.E., Lauwereys, M., and Botterman, J. (1987). Characterization of the herbicide-resistance gene bar from Streptomyces hygroscopicus. EMBO Journal 6: 2519-2523

Tsien, R.Y. (1998). The green fluorescent protein. Annual Review in Biochemistry 67: 509-544

Vierheilig, H., Alt, M., Lange, J., Gut-Rella, M., Wiemken, A., and Boller, T. (1995). Colonization of transgenic tobacco constitutively expressing pathogenesis-related proteins by the vesicular-arbuscular mycorrhizal fungus *Glomus mosseae*. Applied and Environmental Microbiology 61: 3031-3034

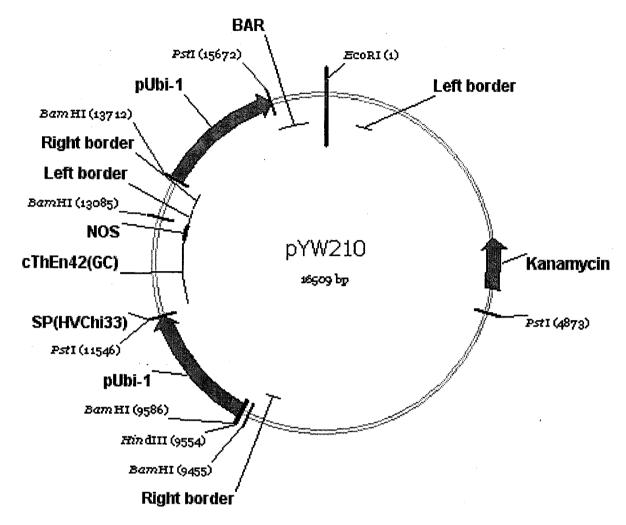
Wagner, D.B. and Allard, W.B. (1991). Pollen migration in predominantly self-fertilising plants: Barley. Journal of Heredity 82: 392–404.

White, J., Chang, S.-Y.P., Bibb M.J., and Bibb, M.J. (1990). A cassette containing the bar gene of Streptomyces hygroscopicus: a selectable marker for plant transformation. Nucleic Acids Research 18: 1062

Wu, Y. (2003). Transformation of barley for resistance to Rhizoctonia root rot. Ph.D. thesis. Washington State University, Department of Plant Pathology

VI. Anhang I

## Abbildung 1: Vektorkarte: pYW210



## Abbildung 2: Vektorsequenz pYW210

			ACAACGTCGT		
			CAGCACATCC		
			GATCGCCCTT		
			CTTTCTTCCC		
			CTAAATCGGG		
			CGACCCCAAA		
			CCTGATAGAC		
			AGTGGACTCT		
			TTCTTTTGAT		
			GGATTTTCGC		
			CTCAGGGCCA		
			AAAAGAAAAA		
			GTTGTCTAAG		
			AGCCAACAGC		
			AGGCAGCCCA		
751	CGGGAGAGCC	GTTGTAAGGC	GGCAGACTTT	GCTCATGTTA	CCGATGCTAT
801	TCGGAAGAAC	GGCAACTAAG	CTGCCGGGTT	TGAAACACGG	ATGATCTCGC
851	GGAGGGTAGC	ATGTTGATTG	TAACGATGAC	AGAGCGTTGC	TGCCTGTGAT
901	CAAATATCAT	CTCCCTCGCA	GAGATCCGAA	TTATCAGCCT	TCTTATTCAT
951	TTCTCGCTTA	ACCGTGACAG	GCTGTCGATC	TTGAGAACTA	TGCCGACATA
1001	ATAGGAAATC	GCTGGATAAA	GCCGCTGAGG	AAGCTGAGTG	GCGCTATTTC
1051	TTTAGAAGTG	AACGTTGACG	ATATCAACTC	CCCTATCCAT	TGCTCACCGA
			GAAGTTCCGA		
1151	CGGCTGATCG	ACCCCAGATC	TGGGGCTGAG	AAAGCCCAGT	AAGGAAACAA
			ATCCCCGGA		
			CCACGCCAGG		
			CAAACACTAA		
			CAGGCGGTAA		
			CACGGTTCCG		
			CGACAGGATC		
			GCAGTTCCGC		
			TAGCAGAGCG		
			CCGTCGCCGC		
			CTCCAGAATA		
			CCAGATTCCC		
			CCGGCAACGC		
			GGCTCCACGA		
			GTCCTCCTGT		
			CGCCGAATGC		
			TTTTTCTCCT		
			CAGGGCCGAC		
			GCCGTCGAAT		
			ATCGGCAGTT		
			CAAGTGCGTC		
			GGCTGCTGAA		
			AATGCACCAG		
			CGCAACTCTT		
			GGTGGAATCC		
			ACGGCTCCCG		
			GACAGCTTGC		
			AAACAGCACG		
			TCTTGCCACG		
			AGGTGCCCAA		
			CGACAGGCAT		
			CCAGGTCCTG		
			GGGGTGCGCT		
<b>∇</b> QU1	TGCCACACCA	GTTCGTCATC	GTCGGCCCGC	AGCTCGACGC	CGGTGTAGGT

```
2851 GATCTTCACG TCCTTGTTGA CGTGGAAAAT GACCTTGTTT TGCAGCGCCT
2901 CGCGCGGAT TTTCTTGTTG CGCGTGGTGA ACAGGGCAGA GCGGGCCGTG
2951 TCGTTTGGCA TCGCTCGCAT CGTGTCCGGC CACGGCGCAA TATCGAACAA
3001 GGAAAGCTGC ATTTCCTTGA TCTGCTGCTT CGTGTGTTTC AGCAACGCGG
3051 CCTGCTTGGC CTCGCTGACC TGTTTTGCCA GGTCCTCGCC GGCGGTTTTT
3101 CGCTTCTTGG TCGTCATAGT TCCTCGCGTG TCGATGGTCA TCGACTTCGC
3151 CAAACCTGCC GCCTCCTGTT CGAGACGACG CGAACGCTCC ACGGCGGCCG
3201 ATGGCGCGGG CAGGGCAGGG GGAGCCAGTT GCACGCTGTC GCGCTCGATC
3251 TTGGCCGTAG CTTGCTGGAC CATCGAGCCG ACGGACTGGA AGGTTTCGCG
3301 GGGCGCACGC ATGACGGTGC GGCTTGCGAT GGTTTCGGCA TCCTCGGCGG
3351 AAAACCCCGC GTCGATCAGT TCTTGCCTGT ATGCCTTCCG GTCAAACGTC
3401 CGATTCATTC ACCCTCCTTG CGGGATTGCC CCGACTCACG CCGGGGCAAT
3451 GTGCCCTTAT TCCTGATTTG ACCCGCCTGG TGCCTTGGTG TCCAGATAAT
3501 CCACCTTATC GGCAATGAAG TCGGTCCCGT AGACCGTCTG GCCGTCCTTC
3551 TCGTACTTGG TATTCCGAAT CTTGCCCTGC ACGAATACCA GCGACCCCTT
3601 GCCCAAATAC TTGCCGTGGG CCTCGGCCTG AGAGCCAAAA CACTTGATGC
3651 GGAAGAAGTC GGTGCGCTCC TGCTTGTCGC CGGCATCGTT GCGCCACATC
3701 TAGGTACTAA AACAATTCAT CCAGTAAAAT ATAATATTTT ATTTTCTCCC
3751 AATCAGGCTT GATCCCCAGT AAGTCAAAAA ATAGCTCGAC ATACTGTTCT
3801 TCCCCGATAT CCTCCTGAT CGACCGGACG CAGAAGGCAA TGTCATACCA
3851 CTTGTCCGCC CTGCCGCTTC TCCCAAGATC AATAAAGCCA CTTACTTTGC
3901 CATCTTCAC AAAGATGTTG CTGTCTCCCA GGTCGCCGTG GGAAAAGACA
3951 AGTTCCTCTT CGGGCTTTTC CGTCTTTAAA AAATCATACA GCTCGCGCGG
4001 ATCTTTAAAT GGAGTGTCTT CTTCCCAGTT TTCGCAATCC ACATCGGCCA
4051 GATCGTTATT CAGTAAGTAA TCCAATTCGG CTAAGCGGCT GTCTAAGCTA
4101 TTCGTATAGG GACAATCCGA TATGTCGATG GAGTGAAAGA GCCTGATGCA
4151 CTCCGCATAC AGCTCGATAA TCTTTTCAGG GCTTTGTTCA TCTTCATACT
4201 CTTCCGAGCA AAGGACGCCA TCGGCCTCAC TCATGAGCAG ATTGCTCCAG
4251 CCATCATGCC GTTCAAAGTG CAGGACCTTT GGAACAGGCA GCTTTCCTTC
4301 CAGCCATAGC ATCATGTCCT TTTCCCGTTC CACATCATAG GTGGTCCCTT
4351 TATACCGGCT GTCCGTCATT TTTAAATATA GGTTTTCATT TTCTCCCACC
4401 AGCTTATATA CCTTAGCAGG AGACATTCCT TCCGTATCTT TTACGCAGCG
4451 GTATTTTCG ATCAGTTTTT TCAATTCCGG TGATATTCTC ATTTTAGCCA
4501 TTTATTATTT CCTTCTCTT TTCTACAGTA TTTAAAGATA CCCCAAGAAG
4551 CTAATTATAA CAAGACGAAC TCCAATTCAC TGTTCCTTGC ATTCTAAAAC
4601 CTTAAATACC AGAAAACAGC TTTTTCAAAG TTGTTTTCAA AGTTGGCGTA
4651 TAACATAGTA TCGACGGAGC CGATTTTGAA ACCACAATTA TGGGTGATGC
4701 TGCCAACTTA CTGATTTAGT GTATGATGGT GTTTTTGAGG TGCTCCAGTG
4751 GCTTCTGTGT CTATCAGCTG TCCCTCCTGT TCAGCTACTG ACGGGGTGGT
4801 GCGTAACGGC AAAAGCACCG CCGGACATCA GCGCTATCTC TGCTCTCACT
4851 GCCGTAAAAC ATGGCAACTG CAGTTCACTT ACACCGCTTC TCAACCCGGT
4901 ACGCACCAGA AAATCATTGA TATGGCCATG AATGGCGTTG GATGCCGGGC
4951 AACAGCCCGC ATTATGGGCG TTGGCCTCAA CACGATTTTA CGTCACTTAA
5001 AAAACTCAGG CCGCAGTCGG TAACCTCGCG CATACAGCCG GGCAGTGACG
5051 TCATCGTCTG CGCGGAAATG GACGAACAGT GGGGCTATGT CGGGGCTAAA
5101 TCGCGCCAGC GCTGGCTGTT TTACGCGTAT GACAGTCTCC GGAAGACGGT
5151 TGTTGCGCAC GTATTCGGTG AACGCACTAT GGCGACGCTG GGGCGTCTTA
5201 TGAGCCTGCT GTCACCCTTT GACGTGGTGA TATGGATGAC GGATGGCTGG
5251 CCGCTGTATG AATCCCGCCT GAAGGGAAAG CTGCACGTAA TCAGCAAGCG
5301 ATATACGCAG CGAATTGAGC GGCATAACCT GAATCTGAGG CAGCACCTGG
5351 CACGGCTGGG ACGGAAGTCG CTGTCGTTCT CAAAATCGGT GGAGCTGCAT
5401 GACAAAGTCA TCGGGCATTA TCTGAACATA AAACACTATC AATAAGTTGG
5451 AGTCATTACC CAATTATGAT AGAATTTACA AGCTATAAGG TTATTGTCCT
5501 GGGTTTCAAG CATTAGTCCA TGCAAGTTTT TATGCTTTGC CCATTCTATA
5551 GATATATTGA TAAGCGCGCT GCCTATGCCT TGCCCCCTGA AATCCTTACA
5651 ATATATTCAA GGCAATCTGC CTCCTCATCC TCTTCATCCT CTTCGTCTTG
5701 GTAGCTTTTT AAATATGGCG CTTCATAGAG TAATTCTGTA AAGGTCCAAT
5751 TCTCGTTTTC ATACCTCGGT ATAATCTTAC CTATCACCTC AAATGGTTCG
5801 CTGGGTTTAT CGCACCCCG AACACGAGCA CGGCACCCGC GACCACTATG
```

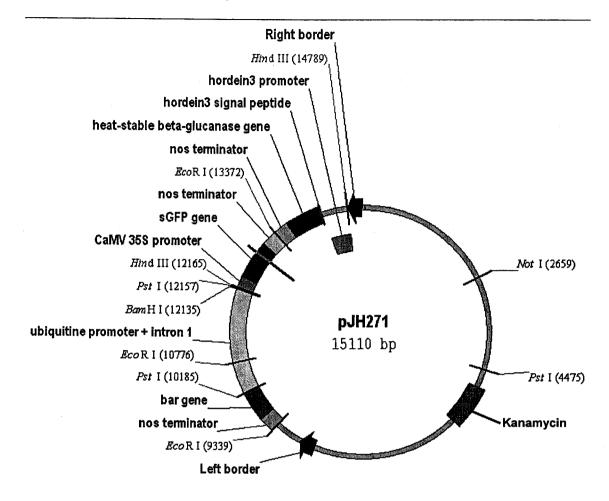
	CCAAGAATGC				
	TGCCCCGACG				
	CACTGCCCGG				
	TCAATGCTTC				
6051	CCCGATCCCG	GCAATGGCAA	GGACTGCCAG	CGCTGCCATT	TTTGGGGTGA
6101	GGCCGTTCGC	GGCCGAGGGG	CGCAGCCCCT	GGGGGGATGG	GAGGCCCGCG
6151	TTAGCGGGCC	GGGAGGGTTC	GAGAAGGGGG	GGCACCCCCC	TTCGGCGTGC
6201	GCGGTCACGC	GCACAGGGCG	CAGCCCTGGT	TAAAAACAAG	GTTTATAAAT
6251	ATTGGTTTAA	<b>AAGCAGGTTA</b>	AAAGACAGGT	TAGCGGTGGC	CGAAAAACGG
6301	GCGGAAACCC	TTGCAAATGC	TGGATTTTCT	GCCTGTGGAC	AGCCCCTCAA
6351	ATGTCAATAG	GTGCGCCCCT	CATCTGTCAG	CACTCTGCCC	CTCAAGTGTC
6401	AAGGATCGCG	CCCCTCATCT	GTCAGTAGTC	GCGCCCTCA	AGTGTCAATA
6451	CCGCAGGGCA	CTTATCCCCA	GGCTTGTCCA	CATCATCTGT	GGGAAACTCG
6501	CGTAAAATCA	GGCGTTTTCG	CCGATTTGCG	AGGCTGGCCA	GCTCCACGTC
6551	GCCGGCCGAA	ATCGAGCCTG	CCCCTCATCT	GTCAACGCCG	CGCCGGGTGA
6601	GTCGGCCCCT	CAAGTGTCAA	CGTCCGCCCC	TCATCTGTCA	GTGAGGGCCA
6651	AGTTTTCCGC	GAGGTATCCA	CAACGCCGGC	GGCCGCGGTG	TCTCGCACAC
6701	GGCTTCGACG	GCGTTTCTGG	CGCGTTTGCA	GGGCCATAGA	CGGCCGCCAG
6751	CCCAGCGGCG	AGGGCAACCA	GCCCGGTGAG	CGTCGCAAAG	GCGCTCGGTC
	TTGCCTTGCT				
	CTTGATGGAG				
	CGTTTTAGCG				
	CATCATGACC				
	GGGCGAGGAT				
	AGCCAGAGTT				
	GGCCAGCTCG				
	CCTGGCCGAC				
	GCCTTTTCCT				
	AGGTGGGCTG				
				AGCCTCGCAG	
7351	CCGTTGAGCA				
	GCTCGCGGGT				
	TACACCAAGG				
	GCGAAAAAGG				
	GGGTTATGCA				
	AGGTATCCGG				
	TCCAGGGGGA				
7701	TCTGACTTGA	GCGTCGATTT	TTGTGATGCT	CGTCAGGGGG	GCGGAGCCTA
7751	TGGAAAAACG	CCAGCAACGC	GGCCTTTTTA	CGGTTCCTGG	CCTTTTGCTG
	GCCTTTTGCT				
	ACCGTATTAC				
	ACCGAGCGCA				
7951	CGCCAGAGAG	GCCGAGCGCG	GCCGTGAGGC	TTGGACGCTA	GGGCAGGGCA
8001	TGAAAAAGCC	CGTAGCGGGC	TGCTACGGGC	GTCTGACGCG	GTGGAAAGGG
8051	GGAGGGGATG	TTGTCTACAT	GGCTCTGCTG	TAGTGAGTGG	GTTGCGCTCC
8101	GGCAGCGGTC	CTGATCAATC	GTCACCCTTT	CTCGGTCCTT	CAACGTTCCT
	GACAACGAGC				
	GCTCGAACGC				
	CGCAACAGCG				
	GGCATCGCTG				
	AGCTGATTGT				
	TCGCAGAGGA				
	CGGTCGCGTG				
	CCTGCCTGAA				
	TCGGCTCTCG				
	CAGTGCGTCG				
	GCTGCTGAAC				
	ACGCCGACCT				
	CTGCAACTTT				
					GACCAGCGGA
COOL	J. J. CHILL IN				

8851	GGCTGGTCCG		GTGAAACCCA		
8901	CTGAGCACTG	TCGCGCTCGA	CGCTGTCGGC		TTATGCCGGT
8951	GCTGCCGGGC	CTCCTGCGCG	ATCTGGTTCA	CTCGAACGAC	GTCACCGCCC
9001	ACTATGGCAT	TCTGCTGGCG	CTGTATGCGT	TGGTGCAATT	TGCCTGCGCA
9051	CCTGTGCTGG	GCGCGCTGTC	GGATCGTTTC	GGGCGGCGGC	CAATCTTGCT
9101	CGTCTCGCTG	GCCGGCGCCA	GATCTGGGGA	ACCCTGTGGT	TGGCATGCAC
9151	ATACAAATGG	ACGAACGGAT	AAACCTTTTC	ACGCCCTTTT	AAATATCCGA
9201	TTATTCTAAT	AAACGCTCTT	TTCTCTTAGG	TTTACCCGCC	AATATATCCT
9251	GTCAAACACT	GATAGTTTAA	ACTGAAGGCG	GGAAACGACA	ATCTGATCAT
9301	GAGCGGAGAA	TTAAGGGAGT	CACGTTATGA	CCCCCGCCGA	TGACGCGGGA
9351	CAAGCCGTTT	TACGTTTGGA	ACTGACAGAA	CCGCAACGTT	GAAGGAGCCA
9401	CTCAGCCGCG	GGTTGTGGAG	CTCCACCGCG	GTGGCGGCCG	CTCTAGAACT
9451	AGTGGATCCC	CCCTGGCGAA	AGGGGGATGT	GCTGCAAGGC	GATTAAGTTG
9501	GGTAACGCCA	GGGTTTTCCC	AGTCACGACG	TTGTAAAACG	ACGGCCAGTG
9551		ATGCGGCTCC		TAGAGGATCC	TAATGAGCAT
9601			AATTACCACA	TATTTTTTTT	GTCACACTTG
9651			TCTTTATACA		CTTTACTCTA
9701			ACTACAATAA		TTAGAGAATC
9751	ATATAAATGA		ATGGTCTAAA		
9801	AACAGGACTC	TACAGTTTTA		GTGCATGTGT	TCTCCTTTTT
9851	TTTTGCAAAT	AGCTTCACCT		TCATCCATTT	TATTAGTACA
9901	TCCATTTAGG	GTTTAGGGTT		ATAGACTAAT	TTTTTTAGTA
					TAAAACTCTA
9951		ATTCTATTTT		TTAAGAAAAC	
10001		TTTATTTAAT		TAAAATAGAA	
10051	TGACTAAAAA			AAATTAAAA	
			AGATAATGCC		
	CGAGTCTAAC				GTCGGGCCAA
	GCGAAGCAGA			•	
10251			ACTTGCTCCG		
10301	CGTGGCGGAG		GAGCCGGCAC		
10351	TCTCACGGCA		GGGGGATTCC		CTCCTTCGCT
10401	TTCCCTTCCT		AATAAATAGA		ACACCCTCTT
10451	TCCCCAACCT		GGAGCGCACA		
10501	CCAAATCCAC		CTCCGCTTCA	AGGTACGCCG	
10551	cccccccc	CTCTCTACCT	TCTCTAGATC	GGCGTTCCGG	TCCATGGTTA
10601	GGGCCCGGTA	GTTCTACTTC	TGTTCATGTT	TGTGTTAGAT	CCGTGTTTGT
10651	GTTAGATCCG	TGCTGCTAGC	GTTCGTACAC		
10701	ACACGTTCTG	ATTGCTAACT	TGCCAGTGTT		GAATCCTGGG
10751	ATGGCTCTAG	CCGTTCCGCA	GACGGGATCG	ATTTCATGAT	TTTTTTTGTT
10801	TCGTTGCATA	GGGTTTGGTT	TGCCCTTTTC	CTTTATTTCA	ATATATGCCG
10851	TGCACTTGTT	TGTCGGGTCA	TCTTTTCATG	CTTTTTTTTG	TCTTGGTTGT
10901	GATGATGTGG	TCTGGTTGGG	CGGTCGTTCT	AGATCGGAGT	AGAATTAATT
10951	CTGTTTCAAA	CTACCTGGTG	GATTTATTAA	TTTTGGATCT	GTATGTGTGT
11001	GCCATACATA	TTCATAGTTA	CGAATTGAAG	ATGATGGATG	GAAATATCGA
11051	TCTAGGATAG	GTATACATGT	TGATGCGGGT	TTTACTGATG	CATATACAGA
11101	GATGCTTTTT	GTTCGCTTGG	TTGTGATGAT	GTGGTGTGGT	TGGGCGGTCG
11151	TTCATTCGTT	CTAGATCGGA	GTAGAATACT	GTTTCAAACT	ACCTGGTGTA
11201	TTTATTAATT	TTGGAACTGT	ATGTGTGTGT	CATACATCTT	CATAGTTACG
11251	AGTTTAAGAT	GGATGGAAAT	ATCGATCTAG	GATAGGTATA	CATGTTGATG
11301	TGGGTTTTAC	TGATGCATAT	ACATGATGGC	ATATGCAGCA	TCTATTCATA
	TGCTCTAACC		ATCTATTATA		
	ATTATTTTGA		CTTGGATGAT		
	GTGGATTTTT		CTTCATACGC		CTTGGTACTG
	TTTCTTTTGT		CCTGTTGTTT		
	GAGGCCCGAG		GCCATCGTGG		
	CTCGCCATGG				
	CTACTTCACC				
	TGGTCGCGTC				
	GCCGACGGCA				
TIROI	CTACGACGAC	GACTCCTGGA	ACGACGTCGG	GAACAACGCG	TACGGCTGCG

11851	TGAAGCAGCT	CTTCAAGCTG	AAGAAGGCCA	ACCGCAACCT	CAAGGTGATG
11901	CTCTCCATCG	GGGGCTGGAC	CTGGTCCACC	AACTTCCCGT	CCGCCGCCAG
11951	CACCGACGCC	AACCGCAAGA	ACTTCGCCAA	GACGGCCATC	ACCTTCATGA
12001	AGGACTGGGG	CTTCGACGGG	ATCGACGTCG	ACTGGGAGTA	CCCCGCCGAC
12051	GACACCCAGG	CCACCAACAT	GGTGCTCCTG	CTCAAGGAGA	TCCGCTCCCA
12101	GCTCGACGCC	TACGCCGCGC	AGTACGCCCC	GGGCTACCAC	TTCCTCCTCT
12151	CCATCGCCGC	CCCCGCCGGC	CCGGAGCACT	ACTCCTTCCT	GCACATGTCC
		AGGTGCTCGA			
		AGCAGCTACT			
		CAACTCCTCC			
		GGGGGGTGCC			
		GCCTTCGAGA			
		CGGCAGCTGG			
		GCGCCACGGT			
		CCCAGCAGCA			
		CAAGGTCTCC			
		AGGCCTCCGC			
		CGCGCCCTCG			
		CTCCCAGTAC			
		CCCGATCGTT			
		TGCCGGTCTT			
		ATGTAATAAT			
		ATGATTAGAG			
		ATAGCGCGCA			
		TAGATCGGGC			
		TGAAAAGAAA			
		AAGTTGTCTA			
		CCAGCCAACA			
		ACAGGCAGCC			
		GCGGCAGACT			
		AGCTGCCGGG			
	CGGCCAATCT	ATTCGAGCTC			
13501	<del>-</del>	· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·		GCCAGATCTG	
		GCACATACAA			
13551		CCGATTATTC			
		TCCTGTCAAA			
	CGATGACGGG	TCATGAGCGG			
				TGTCTAAGTT	TATCTATCTT
		TTTTTTTTCA	CACTTGTTTG		
	TATACATATA		ACTCTACGAA		TATAGTACTA
	CAATAATATC		AGAATCATAT	AAATGAACAG	TTAGACATGG
	TCTAAAGGAC		TTTGACAACA	+ +	
	TTTAGTGTGC		CTTTTTTTT	GCAAATAGCT	TCACCTATAT
	AATACTTCAT		AGTACATCCA		AGGGTTAATG
	GTTTTTATAG		TTAGTACATC		TATTTTAGCC
		GAAAACTAAA		AGTTTTTTTA	
		ATAGAATAAA		TAAAAATTAA	
	TTTAAGAAAT		AAGGAAACAT		TCGAGTAGAT
	AATGCCAGCC		CGTCGACGAG	TCTAACGGAC	
		CGTCGCGTCG			
		TCTGGACCCC		TCCGCTCCAC	
		CGGCATCCAG			
		GGCGGCCTCC			
		CCACCGCTCC			
		CCCTCCACAC			
		CACAACCAGA			
		ACGCCGCTCG			CTACCTTCTC
		TTCCGGTCCA	TGGTTAGGGC	CCGGTAGTTC	TACTTCTGTT
	CATGTTTGTG		GTTTGTGTTA		GCTAGCGTTC
14801	GTACACGGAT	GCGACCTGTA	CGTCAGACAC	GTTCTGATTG	CTAACTTGCC

14851	AGTGTTTCTC	TTTGGGGAAT	CCTGGGATGG	CTCTAGCCGT	TCCGCAGACG
14901	GGATCGATTT	CATGATTTTT	TTTGTTTCGT	TGCATAGGGT	TTGGTTTGCC
14951	CTTTTCCTTT	ATTTCAATAT	ATGCCGTGCA	CTTGTTTGTC	GGGTCATCTT
15001	TTCATGCTTT	TTTTTGTCTT	GGTTGTGATG	ATGTGGTCTG	GTTGGGCGGT
15051	CGTTCTAGAT	CGGAGTAGAA	TTAATTCTGT	TTCAAACTAC	CTGGTGGATT
15101	TATTAATTTT	GGATCTGTAT	GTGTGTGCCA	TACATATTCA	TAGTTACGAA
15151	TTGAAGATGA	TGGATGGAAA	TATCGATCTA	GGATAGGTAT	ACATGTTGAT
15201	GCGGGTTTTA	CTGATGCATA	TACAGAGATG	CTTTTTGTTC	GCTTGGTTGT
15251	GATGATGTGG	TGTGGTTGGG	CGGTCGTTCA	TTCGTTCTAG	ATCGGAGTAG
15301	AATACTGTTT	CAAACTACCT	GGTGTATTTA	TTAATTTTGG	AACTGTATGT
15351	GTGTGTCATA	CATCTTCATA	GTTACGAGTT	TAAGATGGAT	GGAAATATCG
15401	<b>ATCTAGGATA</b>	GGTATACATG	TTGATGTGGG	TTTTACTGAT	GCATATACAT
15451	GATGGCATAT	GCAGCATCTA	TTCATATGCT	CTAACCTTGA	GTACCTATCT
15501	ATTATAATAA	ACAAGTATGT	TTTATAATTA	TTTTGATCTT	GATATACTTG
15551	GATGATGGCA	TATGCAGCAG	CTATATGTGG	ATTTTTTAG	CCCTGCCTTC
15601	ATACGCTATT	TATTTGCTTG	GTACTGTTTC	TTTTGTCGAT	GCTCACCCTG
15651	TTGTTTGGTG	TTACTTCTGC	AGATGAGCCC	AGAACGACGC	CCGGCCGACA
15701	TCCGCCGTGC	CACCGAGGCG	GACATGCCGG	CGGTCTGCAC	CATCGTCAAC
15751	CACTACATCG	AGACAAGCAC	GGTCAACTTC	CGTACCGAGC	CGCAGGAACC
15801	GCAGGAGTGG	ACGGACGACC	TCGTCCGTCT	GCGGGAGCGC	TATCCCTGGC
15851	TCGTCGCCGA	GGTGGACGGC	GAGGTCGCCG	GCATCGCCTA	CGCGGGCCCC
15901	TGGAAGGCAC	GCAACGCCTA	CGACTGGACG	GCCGAGTCGA	CCGTGTACGT
15951	CTCCCCCGC	CACCAGCGGA	CGGGACTGGG	CTCCACGCTC	TACACCCACC
16001	TGCTGAAGTC	CCTGGAGGCA	CAGGGCTTCA	AGAGCGTGGT	CGCTGTCATC
16051	GGGCTGCCCA	ACGACCCGAG	CGTGCGCATG	CACGAGGCGC	TCGGATATGC
16101	CCCCGCGGC	ATGCTGCGGG	CGGCCGGCTT	CAAGCACGGG	AACTGGCATG
16151	ACGTGGGTTT	CTGGCAGCTG	GACTTCAGCC	TGCCGGTACC	GCCCCGTCCG
16201	GTCCTGCCCG	TCACCGAGAT	CTGATGACCC	GGGTACCGAG	CTCGAATTTC
16251	CCCGATCGTT	CAAACATTTG	GCAATAAAGT	TTCTTAAGAT	TGAATCCTGT
16301	TGCCGGTCTT	GCGATGATTA	TCATATAATT	TCTGTTGAAT	TACGTTAAGC
16351	ATGTAATAAT	TAACATGTAA	TGCATGACGT	TATTTATGAG	ATGGGTTTTT
16401	ATGATTAGAG	TCCCGCAATT	ATACATTTAA	TACGCGATAG	AAAACAAAAT
16451	ATAGCGCGCA	AACTAGGATA	AATTATCGCG	CGCGGTGTCA	TCTATGTTAC
16501	TAGATCGGG				

## Abbildung 3: Vektorkarte: pJH271-Beta-Glu-307



## Abbildung 4: Vektorsequenz pJH271

1	CATCGGCGGG	GGTCATAACG	TGACTCCCTT	AATTCTCCGC	TCATGATCAG
51	ATTGTCGTTT			TCAGTGTTTG	
101		AACCTAAGAG		TTATTAGAAT	AATCGGATAT
151	TTAAAAGGGC	GTGAAAAGGT	TTATCCGTTC	GTCCATTTGT	ATGTGCATGC
201	CAACCACAGG	GTTCCCCAGA	TCTGGCGCCG	GCCAGCGAGA	CGAGCAAGAT
251	TGGCCGCCGC	CCGAAACGAT	CCGACAGCGC	GCCCAGCACA	GGTGCGCAGG
301	CAAATTGCAC	CAACGCATAC		GAATGCCATA	
351		AGTGAACCAG		AGGCCCGGCA	GCACCGGCAT
401	AATCAGGCCG	ATGCCGACAG	CGTCGAGCGC	GACAGTGCTC	AGAATTACGA
451	TCAGGGGTAT	GTTGGGTTTC	ACGTCTGGCC	TCCGGACCAG	CCTCCGCTGG
501	TCCGATTGAA	CGCGCGGATT	CTTTATCACT	GATAAGTTGG	TGGACATATT
551	ATGTTTATCA	GTGATAAAGT	GTCAAGCATG	ACAAAGTTGC	AGCCGAATAC
601	AGTGATCCGT	GCCGCCCTGG	ACCTGTTGAA	CGAGGTCGGC	GTAGACGGTC
651	TGACGACACG	CAAACTGGCG	GAACGGTTGG	GGGTTCAGCA	GCCGGCGCTT
701	TACTGGCACT	TCAGGAACAA	GCGGGCGCTG	CTCGACGCAC	TGGCCGAAGC
751	CATGCTGGCG	GAGAATCATA	CGCATTCGGT	GCCGAGAGCC	GACGACGACT
801	GGCGCTCATT	TCTGATCGGG	AATGCCCGCA	GCTTCAGGCA	GGCGCTGCTC
851	GCCTACCGCG	ATGGCGCGCG	CATCCATGCC	GGCACGCGAC	CGGGCGCACC
901	GCAGATGGAA	ACGGCCGACG	CGCAGCTTCG	CTTCCTCTGC	GAGGCGGGTT
951	TTTCGGCCGG	GGACGCCGTC	AATGCGCTGA	TGACAATCAG	CTACTTCACT
1001	GTTGGGGCCG	TGCTTGAGGA	GCAGGCCGGC	GACAGCGATG	CCGGCGAGCG
1051	CGGCGGCACC	GTTGAACAGG	CTCCGCTCTC	GCCGCTGTTG	CGGGCCGCGA
1101	TAGACGCCTT	CGACGAAGCC	GGTCCGGACG	CAGCGTTCGA	GCAGGGACTC
1151	GCGGTGATTG	TCGATGGATT	GGCGAAAAGG	AGGCTCGTTG	TCAGGAACGT
1201	TGAAGGACCG	AGAAAGGGTG	ACGATTGATC	AGGACCGCTG	CCGGAGCGCA
1251	ACCCACTCAC	TACAGCAGAG	CCATGTAGAC	AACATCCCCT	CCCCCTTTCC
1301	ACCGCGTCAG	ACGCCCGTAG	CAGCCCGCTA	CGGGCTTTTT	CATGCCCTGC
1351	CCTAGCGTCC	AAGCCTCACG	GCCGCGCTCG	GCCTCTCTGG	CGGCCTTCTG
1401	GCGCTCTTCC	GCTTCCTCGC	TCACTGACTC	GCTGCGCTCG	GTCGTTCGGC
1451	TGCGGCGAGC	GGTATCAGCT	CACTCAAAGG	CGGTAATACG	GTTATCCACA
1501	GAATCAGGGG	ATAACGCAGG	AAAGAACATG	TGAGCAAAAG	GCCAGCAAAA
1551	GGCCAGGAAC	CGTAAAAAGG	CCGCGTTGCT	GGCGTTTTTC	CATAGGCTCC
1601		CGAGCATCAC			
1651		GACTATAAAG			
1701		CCTGTTCCGA		TACCGGATAC	CTGTCCGCCT
1751	TTCTCCCTTC	GGGAAGCGTG		GCTGCATAAC	
1801		GCGATTTTTT			
	CAGGATTTTG				
	CGTCAGCCGG				
	CTTCTTCACT				
	CTCTGCGAGG				
	ATGGCTGATG				
	GTACTGCCTT				
	CCGGCATGAG				
	ATCACGGGCG				
	TGGCGACCTG				
	ACCCGCGCAC				
	AAGATCGAAG				
	CCGCCCGAGG				
	GTGCGCGTGA				
	CTTCGCGGAG				
	GCCTTTGCGA				
	CGTCTATGGC				
	GACACCGCGG				
	ACTGACAGAT				
	CGCGGCGTTG				
2801	GCTGGCCAGC	CTCGCAAATC	GGCGAAAACG	CCTGATTTTA	CGCGAGTTTC

	CCACAGATGA			
	CTTGAGGGGC			
	AGGGGCAGAG		ACCTATTGAC	
	CTGTCCACAG			
	CGGCCACCGC	TAACCTGTCT	TTTTAAACCA	
	ACCTTGTTTT	TAACCAGGGC	GCGCGTGACC	
	AAGGGGGGTG		 CCGGCCCGCT	
	TCCCATCCCC			
	AAAATGGCAG			
	GGGATGGGCG		 	
	AGGTGCTGGC			
	GGCCTGGGTG			
	CTTCATGGCG			
	TCGCGGGTGC			
	TTGAGGTGAT			
	TTTACAGAAT			
	AGAGGATGAA			
	CTGATAAGAT		 GATATCGCCG	
	TTTCAGGGGG		 	
	GGGCAAAGCA			
	AACCTTATAG		 TGGGTAATGA	
	TTGATAGTGT			
	CCACCGATTT		GTCCCAGCCG	
	TGCCTCAGAT	<del>-</del>		
	GATTACGTGC			
	CCGTCATCCA			
	CCCAGCGTCG			
	CCGGAGACTG			
	CGACATAGCC		 CGCAGACGAT	
	CCCGGCTGTA		GGCCTGAGTT	
	CGTAAAATCG			
	TCCAACGCCA		 TTTCTGGTGC	
	GAGAAGCGGT		 ATGTTTTACG	
	CAGAGATAGC		TTGCCGTTAC	
	GTCAGTAGCT CACCTCAAAA			
	CATAATTGTG			
	CTTTGAAAAC			
	ATGCAAGGAA			
	GGTATCTTTA			
	ATGAGAATAT			
	AAAAGATACG		GGTATATAAG	
	AAAATGAAAA		 	
	ACCTATGATG			
	GCTGCCTGTT		ACGGCATGAT	
	ATCTGCTCAT	,	 TTTGCTCGGA	
	GATGAACAAA			
	GCTCTTTCAC			
	ACAGCCGCTT			
	GTGGATTGCG			
	GCTGTATGAT			
	CCCACGGCGA			
	AGTGGCTTTA			
	CATTGCCTTC			
	ATGTCGAGCT			
	ATAAAATATT			
	GCAACGATGC			
	TGTTTTGGCT			
	GCTGGTATTC			
	GCCAGACGGT			
2001		J	 	

```
5851 GACACCAAGG CACCAGGCGG GTCAAATCAG GAATAAGGGC ACATTGCCCC
 5901 GGCGTGAGTC GGGGCAATCC CGCAAGGAGG GTGAATGAAT CGGACGTTTG
 5951 ACCGGAAGGC ATACAGGCAA GAACTGATCG ACGCGGGGTT TTCCGCCGAG
 6001 GATGCCGAAA CCATCGCAAG CCGCACCGTC ATGCGTGCGC CCCGCGAAAC
 6051 CTTCCAGTCC GTCGGCTCGA TGGTCCAGCA AGCTACGGCC AAGATCGAGC
 6101 GCGACAGCGT GCAACTGGCT CCCCCTGCCC TGCCCGCGCC ATCGGCCGCC
 6151 GTGGAGCGTT CGCGTCGTCT CGAACAGGAG GCGGCAGGTT TGGCGAAGTC
 6201 GATGACCATC GACACGCGAG GAACTATGAC GACCAAGAAG CGAAAAACCG
 6251 CCGGCGAGGA CCTGGCAAAA CAGGTCAGCG AGGCCAAGCA GGCCGCGTTG
 6301 CTGAAACACA CGAAGCAGCA GATCAAGGAA ATGCAGCTTT CCTTGTTCGA
 6351 TATTGCGCCG TGGCCGGACA CGATGCGAGC GATGCCAAAC GACACGGCCC
 6401 GCTCTGCCCT GTTCACCACG CGCAACAAGA AAATCCCGCG CGAGGCGCTG
 6451 CAAAACAAGG TCATTTTCCA CGTCAACAAG GACGTGAAGA TCACCTACAC
 6501 CGGCGTCGAG CTGCGGGCCG ACGATGACGA ACTGGTGTGG CAGCAGGTGT
 6551 TGGAGTACGC GAAGCGCACC CCTATCGGCG AGCCGATCAC CTTCACGTTC
 6601 TACGAGCTTT GCCAGGACCT GGGCTGGTCG ATCAATGGCC GGTATTACAC
 6651 GAAGGCCGAG GAATGCCTGT CGCGCCTACA GGCGACGGCG ATGGGCTTCA
 6701 CGTCCGACCG CGTTGGGCAC CTGGAATCGG TGTCGCTGCT GCACCGCTTC
 6751 CGCGTCCTGG ACCGTGGCAA GAAAACGTCC CGTTGCCAGG TCCTGATCGA
 6801 CGAGGAAATC GTCGTGCTGT TTGCTGGCGA CCACTACACG AAATTCATAT
 6851 GGGAGAAGTA CCGCAAGCTG TCGCCGACGG CCCGACGGAT GTTCGACTAT
 6901 TTCAGCTCGC ACCGGGAGCC GTACCCGCTC AAGCTGGAAA CCTTCCGCCT
6951 CATGTGCGGA TCGGATTCCA CCCGCGTGAA GAAGTGGCGC GAGCAGGTCG
7001 GCGAAGCCTG CGAAGAGTTG CGAGGCAGCG GCCTGGTGGA ACACGCCTGG
7051 GTCAATGATG ACCTGGTGCA TTGCAAACGC TAGGGCCTTG TGGGGTCAGT
7101 TCCGGCTGGG GGTTCAGCAG CCAGCGCTTT ACTGGCATTT CAGGAACAAG
7151 CGGGCACTGC TCGACGCACT TGCTTCGCTC AGTATCGCTC GGGACGCACG
7201 GCGCGCTCTA CGAACTGCCG ATAAACAGAG GATTAAAATT GACAATTGTG
7251 ATTAAGGCTC AGATTCGACG GCTTGGAGCG GCCGACGTGC AGGATTTCCG
7301 CGAGATCCGA TTGTCGGCCC TGAAGAAGC TCCAGAGATG TTCGGGTCCG
7351 TTTACGAGCA CGAGGAGAAA AAGCCCATGG AGGCGTTCGC TGAACGGTTG
7401 CGAGATGCCG TGGCATTCGG CGCCTACATC GACGGCGAGA TCATTGGGCT
7451 GTCGGTCTTC AAACAGGAGG ACGGCCCCAA GGACGCTCAC AAGGCGCATC
7501 TGTCCGGCGT TTTCGTGGAG CCCGAACAGC GAGGCCGAGG GGTCGCCGGT
7551 ATGCTGCTGC GGGCGTTGCC GGCGGGTTTA TTGCTCGTGA TGATCGTCCG
7601 ACAGATTCCA ACGGGAATCT GGTGGATGCG CATCTTCATC CTCGGCGCAC
7651 TTAATATTC GCTATTCTGG AGCTTGTTGT TTATTTCGGT CTACCGCCTG
7701 CCGGGCGGGG TCGCGGCGAC GGTAGGCGCT GTGCAGCCGC TGATGGTCGT
7751 GTTCATCTCT GCCGCTCTGC TAGGTAGCCC GATACGATTG ATGGCGGTCC
7801 TGGGGGCTAT TTGCGGAACT GCGGGCGTGG CGCTGTTGGT GTTGACACCA
7851 AACGCAGCGC TAGATCCTGT CGGCGTCGCA GCGGGCCTGG CGGGGGCGGT
7901 TTCCATGGCG TTCGGAACCG TGCTGACCCG CAAGTGGCAA CCTCCCGTGC
7951 CTCTGCTCAC CTTTACCGCC TGGCAACTGG CGGCCGGAGG ACTTCTGCTC
8001 GTTCCAGTAG CTTTAGTGTT TGATCCGCCA ATCCCGATGC CTACAGGAAC
8051 CAATGTTCTC GGCCTGGCGT GGCTCGGCCT GATCGGAGCG GGTTTAACCT
8101 ACTTCCTTTG GTTCCGGGGG ATCTCGCGAC TCGAACCTAC AGTTGTTTCC
8151 TTACTGGGCT TTCTCAGCCC CAGATCTGGG GTCGATCAGC CGGGGATGCA
8201 TCAGGCCGAC AGTCGGAACT TCGGGTCCCC GACCTGTACC ATTCGGTGAG
8251 CAATGGATAG GGGAGTTGAT ATCGTCAACG TTCACTTCTA AAGAAATAGC
8301 GCCACTCAGC TTCCTCAGCG GCTTTATCCA GCGATTTCCT ATTATGTCGG
8351 CATAGTTCTC AAGATCGACA GCCTGTCACG GTTAAGCGAG AAATGAATAA
8401 GAAGGCTGAT AATTCGGATC TCTGCGAGGG AGATGATATT TGATCACAGG
8451 CAGCAACGCT CTGTCATCGT TACAATCAAC ATGCTACCCT CCGCGAGATC
8501 ATCCGTGTTT CAAACCCGGC AGCTTAGTTG CCGTTCTTCC GAATAGCATC
8551 GGTAACATGA GCAAAGTCTG CCGCCTTACA ACGGCTCTCC CGCTGACGCC
8601 GTCCCGGACT GATGGGCTGC CTGTATCGAG TGGTGATTTT GTGCCGAGCT
8651 GCCGGTCGGG GAGCTGTTGG CTGGCTGGTG GCAGGATATA TTGTGGTGTA
8701 AACAAATTGA CGCTTAGACA ACTTAATAAC ACATTGCGGA CGTTTTTAAT
8751 GTACTGGGGT GGTTTTCTT TTCACCAGTG AGACGGGCAA CAGCTGATTG
8801 CCCTTCACCG CCTGGCCCTG AGAGAGTTGC AGCAAGCGGT CCACGCTGGT
```

```
8851 TTGCCCCAGC AGGCGAAAAT CCTGTTTGAT GGTGGTTCCG AAATCGGCAA
 8901 AATCCCTTAT AAATCAAAAG AATAGCCCGA GATAGGGTTG AGTGTTGTTC
 8951 CAGTTTGGAA CAAGAGTCCA CTATTAAAGA ACGTGGACTC CAACGTCAAA
 9001 GGGCGAAAAA CCGTCTATCA GGGCGATGGC CCACTACGTG AACCATCACC
 9051 CAAATCAAGT TTTTTGGGGT CGAGGTGCCG TAAAGCACTA AATCGGAACC
 9101 CTAAAGGGAG CCCCCGATTT AGAGCTTGAC GGGGAAAGCC GGCGAACGTG
 9151 GCGAGAAAGG AAGGGAAGAA AGCGAAAGGA GCGGGCGCCA TTCAGGCTGC
 9201 GCAACTGTTG GGAAGGGCGA TCGGTGCGGG CCTCTTCGCT ATTACGCCAG
 9251 CTGGCGAAAG GGGGATGTGC TGCAAGGCGA TTAAGTTGGG TAACGCCAGG
 9301 GTTTTCCCAG TCACGACGTT GTAAAACGAC GGCCAGTGAA TTCCCGATCT
 9351 AGTAACATAG ATGACACCGC GCGCGATAAT TTATCCTAGT TTGCGCGCTA
 9401 TATTTTGTTT TCTATCGCGT ATTAAATGTA TAATTGCGGG ACTCTAATCA
 9451 TAAAAACCCA TCTCATAAAT AACGTCATGC ATTACATGTT AATTATTACA
 9501 TGCTTAACGT AATTCAACAG AAATTATATG ATAATCATCG CAAGACCGGC
 9551 AACAGGATTC AATCTTAAGA AACTTTATTG CCAAATGTTT GAACGATCGG
 9601 GGAAATTCGA GCTCGGTACC CGGGTCATCA GATCTCGGTG ACGGGCAGGA
 9651 CCGGACGGGG CGGTACCGGC AGGCTGAAGT CCAGCTGCCA GAAACCCACG
 9701 TCATGCCAGT TCCCGTGCTT GAAGCCGGCC GCCCGCAGCA TGCCGCGGGG
 9751 GGCATATCCG AGCGCCTCGT GCATGCGCAC GCTCGGGTCG TTGGGCAGCC
 9801 CGATGACAGC GACCACGCTC TTGAAGCCCT GTGCCTCCAG GGACTTCAGC
 9851 AGGTGGTGT AGAGCGTGGA GCCCAGTCCC GTCCGCTGGT GGCGGGGGGA
 9901 GACGTACACG GTCGACTCGG CCGTCCAGTC GTAGGCGTTG CGTGCCTTCC
 9951 AGGGGCCCGC GTAGGCGATG CCGGCGACCT CGCCGTCCAC CTCGGCGACG
10001 AGCCAGGGAT AGCGCTCCCG CAGACGGACG AGGTCGTCCG TCCACTCCTG
10051 CGGTTCCTGC GGCTCGGTAC GGAAGTTGAC CGTGCTTGTC TCGATGTAGT
10101 GGTTGACGAT GGTGCAGACC GCCGGCATGT CCGCCTCGGT GGCACGGCGG
10151 ATGTCGGCCG GGCGTCGTTC TGGGCTCATC TGCAGAAGTA ACACCAAACA
10201 ACAGGGTGAG CATCGACAAA AGAAACAGTA CCAAGCAAAT AAATAGCGTA
10251 TGAAGGCAGG GCTAAAAAAA TCCACATATA GCTGCTGCAT ATGCCATCAT
10301 CCAAGTATAT CAAGATCAAA ATAATTATAA AACATACTTG TTTATTATAA
10351 TAGATAGGTA CTCAAGGTTA GAGCATATGA ATAGATGCTG CATATGCCAT
10401 CATGTATATG CATCAGTAAA ACCCACATCA ACATGTATAC CTATCCTAGA
10451 TCGATATTTC CATCCATCTT AAACTCGTAA CTATGAAGAT GTATGACACA
10501 CACATACAGT TCCAAAATTA ATAAATACAC CAGGTAGTTT GAAACAGTAT
10551 TCTACTCCGA TCTAGAACGA ATGAACGACC GCCCAACCAC ACCACATCAT
10601 CACAACCAAG CGAACAAAAA GCATCTCTGT ATATGCATCA GTAAAACCCG
10651 CATCAACATG TATACCTATC CTAGATCGAT ATTTCCATCC ATCATCTTCA
10701 ATTCGTAACT ATGAATATGT ATGGCACACA CATACAGATC CAAAATTAAT
10751 AAATCCACCA GGTAGTTTGA AACAGAATTC TACTCCGATC TAGAACGACC
10801 GCCCAACCAG ACCACATCAT CACAACCAAG ACAAAAAAA GCATGAAAAG
10851 ATGACCCGAC AAACAAGTGC ACGGCATATA TTGAAATAAA GGAAAAGGGC
10901 AAACCAAACC CTATGCAACG AAACAAAAA AATCATGAAA TCGATCCCGT
10951 CTGCGGAACG GCTAGAGCCA TCCCAGGATT CCCCAAAGAG AAACACTGGC
11001 AAGTTAGCAA TCAGAACGTG TCTGACGTAC AGGTCGCATC CGTGTACGAA
11051 CGCTAGCAGC ACGGATCTAA CACAAACACG GATCTAACAC AAACATGAAC
11101 AGAAGTAGAA CTACCGGGCC CTAACCATGG ACCGGAACGC CGATCTAGAG
11151 AAGGTAGAGA GGGGGGGGG GGGAGGACGA GCGGCGTACC TTGAAGCGGA
11201 GGTGCCGACG GGTGGATTTG GGGGAGATCT GGTTGTGTGT GTGTGCGCTC
11251 CGAACACAC GAGGTTGGGG AAAGAGGGTG TGGAGGGGGT GTCTATTTAT
11301 TACGGCGGC GAGGAAGGA AAGCGAAGGA GCGGTGGGAA AGGAATCCCC
11351 CGTAGCTGCC GTGCCGTGAG AGGAGGAGGA GGCCGCCTGC CGTGCCGGCT
11401 CACGTCTGCC GCTCCGCCAC GCAATTTCTG GATGCCGACA GCGGAGCAAG
11451 TCCAACGGTG GAGCGGAACT CTCGAGAGGG GTCCAGAGGC AGCGACAGAG
11501 ATGCCGTGCC GTCTGCTTCG CTTGGCCCGA CGCGACGCTG CTGGTTCGCT
11551 GGTTGGTGTC CGTTAGACTC GTCGACGGCG TTTAACAGGC TGGCATTATC
11601 TACTCGAAAC AAGAAAATG TTTCCTTAGT TTTTTTAATT TCTTAAAGGG
11651 TATTTGTTTA ATTTTTAGTC ACTTTATTTT ATTCTATTTT ATATCTAAAT
11701 TATTAAATAA AAAAACTAAA ATAGAGTTTT AGTTTTCTTA ATTTAGAGGC
11751 TAAAATAGAA TAAAATAGAT GTACTAAAAA AATTAGTCTA TAAAAACCAT
11801 TAACCCTAAA CCCTAAATGG ATGTACTAAT AAAATGGATG AAGTATTATA
```

```
11851 TAGGTGAAGC TATTTGCAAA AAAAAAGGAG AACACATGCA CACTAAAAAG
11901 ATAAAACTGT AGAGTCCTGT TGTCAAAATA CTCAATTGTC CTTTAGACCA
11951 TGTCTAACTG TTCATTTATA TGATTCTCTA AAACACTGAT ATTATTGTAG
12001 TACTATAGAT TATATTATTC GTAGAGTAAA GTTTAAATAT ATGTATAAAG
12051 ATAGATAAAC TGCACTTCAA ACAAGTGTGA CAAAAAAAT ATGTGGTAAT
12101 TTTTTATAAC TTAGACATGC AATGCTCATT AGGGGATCCT CTAGAGTCGA
12151 CCTGCAGGCA TGCAAGCTTC CACTGACGTA AGGGATGACG CACAATCCCA
12201 CTATCCTTCG CAAGACCCTT CCTCTATATA AGGAAGTTCA TTTCATTTGG
12251 AGAGGACACG CTGAAATCAC CAGTCTCTCT CTACAAATCT ATCTCTCTCT
12301 ATTTTCTCCA TAATAATGTG TGAGTAGTTC CCAGATAAGG GAATTAGGGT
12351 TCTTATAGGG TTTCGCTCAC GTGTTGAGAT GGTGAGCAAG GGCGAGGAGC
12401 TGTTCACCGG GGTGGTGCCC ATCCTGGTCG AGCTGGACGG CGACGTAAAC
12451 GGCCACAAGT TCAGCGTGTC CGGCGAGGGC GAGGGCGATG CCACCTACGG
12501 CAAGCTGACC CTGAAGTTCA TCTGCACCAC CGGCAAGCTG CCCGTGCCCT
12551 GGCCCACCT CGTGACCACC TTCACCTACG GCGTGCAGTG CTTCAGCCGC
12601 TACCCCGACC ACATGAAGCA GCACGACTTC TTCAAGTCCG CCATGCCCGA
12651 AGGCTACGTC CAGGAGCGCA CCATCTTCTT CAAGGACGAC GGCAACTACA
12701 AGACCCGCGC CGAGGTGAAG TTCGAGGGCG ACACCCTGGT GAACCGCATC
12751 GAGCTGAAGG GCATCGACTT CAAGGAGGAC GGCAACATCC TGGGGCACAA
12801 GCTGGAGTAC AACTACAACA GCCACAACGT CTATATCATG GCCGACAAGC
12851 AGAAGAACGG CATCAAGGTG AACTTCAAGA TCCGCCACAA CATCGAGGAC
12901 GGCAGCGTGC AGCTCGCCGA CCACTACCAG CAGAACACCC CCATCGGCGA
12951 CGGCCCGTG CTGCTGCCCG ACAACCACTA CCTGAGCACC CAGTCCGCCC
13001 TGAGCAAAGA CCCCAACGAG AAGCGCGATC ACATGGTCCT GCTGGAGTTC
13051 GTGACCGCCG CCGGGATCAC TCTCGGCATG GACGAGCTGT ACAAGTAAGA
13101 GCTCGAATTT CCCCGATCGT TCAAACATTT GGGAATAAAG TTTCTTAAGA
13151 TTGAAATCCT GTTGCCGGTC TTGCGATGAT TATCATATAA TTTCTGTTGA
13201 ATTACGTTAA GCATGTAATA ATTAACATGT AATGCATGAC GTTATTTATG
13251 AGATGGGTTT TTATGATTAC ACTCCCCCAA TTATACATTT AATACGCGAT
13301 AGAAAACAAA ATATAGCGCG CAAACTAGGA TAAATTATCG CGCGCGGTGT
13351 CATCTATGTT ACTAGATCGG GAATTCCCGA TCTAGTAACA TAGATGACAC
13401 CGCGCGCGAT AATTTATCCT AGTTTGCGCG CTATATTTTG TTTTCTATCG
13451 CGTATTAAAT GTATAATTGG GGGAGTGTAA TCATAAAAAC CCATCTCATA
13501 AATAACGTCA TGCATTACAT GTTAATTATT ACATGCTTAA CGTAATTCAA
13551 CAGAAATTAT ATGATAATCA TCGCAAGACC GGCAACAGGA TTTCAATCTT
13601 AAGAAACTTT ATTCCCAAAT GTTTGAACGA TCGGGGAAAT TCGAGCTCTC
13651 AGTTGCTGGT GTACTTGACC CAGTCGTACT CGGCGTAGAG CGGGTTGGCG
13701 CCGTTGTAGC TGCCGAGCCA GTCGTCGACG CCGGTGCCGT TCCAGAGGTT
13751 CATCATGATC TTGCCCGGGG TGCTCGGGAT GTTGGCGGTG GCGGTGTGCT
13801 TGAGGACGCC GTCGACGTAC CACTTGATGT AGCCCGGCTG CCAGTCGAAG
13851 GCGTAGGTGT GGAAGCCCTT GCTGGCGTCG AAGCCGAGGC TGATGACCTT
13901 CTCGTGGCCG CCGACGCCGT TGGTGTAGTA GTTGAACTGG ACCTTGGTGG
13951 TGTCCTTGCC GAGGAACTCG ATGTCGATCT CGTCCCACTG GGTGCCGTGG
14001 GCCGGCCGG TGTAGGTGAA GAAGCTGCTG ACGATGCCGG TGTTCTTGGC
14051 CGGCTTCATG CTGACCTCGT AGAGGCCGTA GCCGTAGATG TTGGTGCTGC
14101 GGTACTCGGC GCAGTCGAAC TTGTTGTAGG CGCTGCTGGT GAGGCCGAGC
14151 TTGAGCTTGC CGTCGTTGGT GAAGTTGACG TTGTTGGCGC GCCAGGTGCA
14201 GTTGAAGACG CCGCCGTTGC TGTAGCCGTC GGCCTTCTCC CAGGTGCTCG
14251 GGTTGAAGCT GTTGAACGGC TCGAAGAAGC TGCCGCCGGT CTGAGCGGTG
14301 GTGAGAGCCA CGAGGGCGAC GATTACCGCC ACAAAGAGGA CCAGCCGCTT
14351 AGCCATCTCG GTGGACTGTC AATGAATTGA TCTCTAGTTT TGTGGTTCTC
14401 GGTGTTCTCG GTGATGATGA GATTGTGGAG ATTGGCTGGG CTTTTATAGG
14451 GACGAGGTGA AGATTCCGGA CCATGGCTAT GTGCACGGCT GTGTTAGTTA
14501 GCCTAAGAAG AAACACGGGA AGAACAAAAT CGGTTGGACA AGTGCAGTTT
14551 GCCAACACA AAGAAATTGG ATAAGCAAGG AGGAATTGGA GCTTTGCAAA
14601 ACAGTTTTTT TGGACGGTCT GCTAAAGCCG CGTAATCGGC TTAATCCTAG
14651 TTCTGGGGTA CTGTTTGCTG AAGCGTGGAC GTTTGTATCT TGGTCTGTTC
14701 TCTTCATCTA CGAGAAGTGA TTATTGTTCT GGGGTTTTGG CAGAATATGT
14751 GTCTGTTAGC CATTGCTGGC AAATCGGCGG GCACTCGAAG CTTCGTCATC
14801 GGCGGGGTC ATAACGTGAC TCCTTAATTC TCCGCTCATG ATCAGATTGT
```

14851	CGTTTCCCGC	CTTCAGTTTA	AACTATCAGT	GTTTGACAGG	ATATATTGGC
14901	GGGTAAACCT	AAGAGAAAAG	AGCGTTTATT	<b>AGAATAATCG</b>	GATATTTAAA
14951	AGGGCGTGAA	AAGGTTTATC	CGTTCGTCCA	TTTGTATGTG	CATGCCAACC
15001	ACAGGGTTCC	CCAGATCTGG	CGCCGGCCAG	CGAGACGAGC	AAGATTGGCC
15051	GCCGCCCGAA	ACGATCCGAC	AGCGGGGTAC	CGAGCTCGAA	TTAATTCGAG
15101	CTCGGTACCC				

## Abbildung 5: Sequenz des "Broad host range" Plasmids pBIN 19 (GenBank Accession U09365)

Frisch, D.A., Harris-Haller, L.W., Yokubaitis, N.T., Thomas, T.L., Hardin, S.H., and Hall, T.C. (1995). Complete sequence of the binary vector Bin 19. Plant Molecular Biology 27: 405-409

1 - 618 693 - 964 965 - 1315 1316 - 2085 2086 - 3078 3079 - 4560 4561 - 5603 6043 - 6190 6191 - 6321 63226622 6623 - 6917 6918 - 7058 7059 - 7500 7501 - 7756 7757 - 7968 7969 - 8952	oriV kilA NPTIII gene transposable element IS1 NPTIII gene trfA tetA T-DNA left border lacl M13 ori lacZ lacl geneIII Nos terminator ocd NPTII gene	GenBank Accession Number M20134 GenBank Accession Number M62846 GenBank Accession Number V01547 GenBank Accession Number X58999 GenBank Accession Number V01547 GenBank Accession Number X00713 GenBank Accession Number L13842 GenBank Accession Number J01825 GenBank Accession Number J01636 GenBank Accession Number X02513 GenBank Accession Number X02513 GenBank Accession Number V00604 GenBank Accession Number V00604 GenBank Accession Number V00087 GenBank Accession Number V00618
7501 – 7756 7757 - 7968	Nos terminator ocd	GenBank Accession Number V00087 GenBank Accession Number X07435

1	CCGGGCTGGT	TGCCCTCGCC	GCTGGGCTGG	${\tt CGGCCGTCTA}$	TGGCCCTGCA
51	AACGCGCCAG	AAACGCCGTC	GAAGCCGTGT	GCGAGACACC	GCGGCCGCCG
101	GCGTTGTGGA	TACCTCGCGG	AAAACTTGGC	CCTCACTGAC	AGATGAGGGG
151	CGGACGTTGA	CACTTGAGGG	GCCGACTCAC	CCGGCGCGGC	GTTGACAGAT
201	GAGGGCAGG	CTCGATTTCG	GCCGGCGACG	TGGAGCTGGC	CAGCCTCGCA
251	AATCGGCGAA	AACGCCTGAT	TTTACGCGAG	TTTCCCACAG	ATGATGTGGA
301	CAAGCCTGGG	GATAAGTGCC	CTGCGGTATT	GACACTTGAG	GGGCGCGACT
351	ACTGACAGAT	GAGGGGCGCG	ATCCTTGACA	CTTGAGGGGC	AGAGTGCTGA
401	CAGATGAGGG	GCGCACCTAT	TGACATTTGA	GGGGCTGTCC	ACAGGCAGAA
451	AATCCAGCAT	TTGCAAGGGT	TTCCGCCCGT	TTTTCGGCCA	CCGCTAACCT
501	GTCTTTTAAC	CTGCTTTTAA	ACCAATATTT	ATAAACCTTG	TTTTTAACCA
551	GGGCTGCGCC	CTGTGCGCGT	GACCGCGCAC	GCCGAAGGGG	GGTGCCCCC
601	CTTCTCGAAC	CCTCCCGGCC	CGCTAACGCG	GGCCTCCCAT	CCCCCAGGG
651	GCTGCGCCCC	TCGGCCGCGA	ACGGCCTCAC	CCCAAAAATG	GCAGCGCTGG
701	CAGTCCTTGC	CATTGCCGGG	ATCGGGGCAG	TAACGGGATG	GGCGATCAGC
751	CCGAGCGCGA	CGCCCGGAAG	CATTGACGTG	CCGCAGGTGC	TGGCATCGAC
801	ATTCAGCGAC	CAGGTGCCGG	GCAGTGAGGG	CGGCGGCCTG	GGTGGCGGCC
851	TGCCCTTCAC	TTCGGCCGTC	GGGGCATTCA	CGGACTTCAT	GGCGGGGCCG
901	GCAATTTTTA	CCTTGGGCAT	TCTTGGCATA	GTGGTCGCGG	GTGCCGTGCT
951	CGTGTTCGGG	GGTGCGATAA	ACCCAGCGAA	CCATTTGAGG	TGATAGGTAA
1001	GATTATACCG	AGGTATGAAA	ACGAGAATTG	GACCTTTACA	GAATTACTCT
1051	ATGAAGCGCC	ATATTTAAAA	AGCTACCAAG	ACGAAGAGGA	TGAAGAGGAT
1101	GAGGAGGCAG	ATTGCCTTGA	ATATATTGAC	AATACTGATA	AGATAATATA
1151	TCTTTTATAT	AGAAGATATC	GCCGTATGTA	AGGATTTCAG	GGGGCAAGGC
1201	ATAGGCAGCG	CGCTTATCAA	TATATCTATA	GAATGGGCAA	AGCATAAAAA
1251	CTTGCATGGA	CTAATGCTTG	AAACCCAGGA	CAATAACCTT	ATAGCTTGTA
1301	AATTCTATCA	TAATTGGGTA	ATGACTCCAA	CTTATTGATA	GTGTTTTATG
1351	TTCAGATAAT	GCCCGATGAC	TTTGTCATGC	AGCTCCACCG	ATTTTGAGAA
1401	CGACAGCGAC	TTCCGTCCCA	GCCGTGCCAG	GTGCTGCCTC	AGATTCAGGT

1451	TATGCCGCTC	AATTCGCTGC	GTATATCGCT	TGCTGATTAC	GTGCAGCTTT
1501	CCCTTCAGGC	GGGATTCATA	CAGCGGCCAG	CCATCCGTCA	TCCATATCAC
1551	CACGTCAAAG	GGTGACAGCA	GGCTCATAAG	ACGCCCCAGC	GTCGCCATAG
1601	TGCGTTCACC	GAATACGTGC	GCAACAACCG	TCTTCCGGAG	ACTGTCATAC
1651	GCGTAAAACA	GCCAGCGCTG	GCGCGATTTA	GCCCCGACAT	AGCCCCACTG
1701	TTCGTCCATT	TCCGCGCAGA	CGATGACGTC	ACTGCCCGGC	TGTATGCGCG
1751	AGGTTACCGA	CTGCGGCCTG	AGTTTTTTAA	GTGACGTAAA	ATCGTGTTGA
		CATAATGCGG			
		TGATTTTCTG			
		TGCCATGTTT			
		TGATAGACAC			
		AATCAGTAAG			
		CGTCGATACT			
		TTTTCTGGTA			
		GTCTTGTTAT			
		GGAAGGAAAT			
		ACTGATCGAA			
		CTAAGGTATA			
		ACGGACAGCC			GATGTGGAAC
		CATGATGCTA			TGTTCCAAAG
		TTGAACGGCA		AGCAATCTGC	TCATGAGTGA
		GTCCTTTGCT	CGGAAGAGTA	TGAAGATGAA	CAAAGCCCTG
	AAAAGATTAT		GCGGAGTGCA	TCAGGCTCTT	TCACTCCATC
		ATTGTCCCTA			GCTTAGCCGA
		TTACTGAATA			TGCGAAAACT
2751	GGGAAGAAGA	CACTCCATTT	AAAGATCCGC	GCGAGCTGTA	TGATTTTTTA
2801	AAGACGGAAA	AGCCCGAAGA	GGAACTTGTC	TTTTCCCACG	GCGACCTGGG
2851	AGACAGCAAC	ATCTTTGTGA	AAGATGGCAA	AGTAAGTGGC	TTTATTGATC
2901	TTGGGAGAAG	CGGCAGGGCG	GACAAGTGGT	ATGACATTGC	CTTCTGCGTC
2951	CGGTCGATCA	GGGAGGATAT	CGGGGAAGAA	CAGTATGTCG	AGCTATTTTT
3001	TGACTTACTG	GGGATCAAGC	CTGATTGGGA	GAAAATAAAA	TATTATATTT
3051	TACTGGATGA	ATTGTTTTAG	TACCTAGATG	TGGCGCAACG	ATGCCGGCGA
3101	CAAGCAGGAG	CGCACCGACT	TCTTCCGCAT	CAAGTGTTTT	GGCTCTCAGG
3151	CCGAGGCCCA	CGGCAAGTAT	TTGGGCAAGG	GGTCGCTGGT	ATTCGTGCAG
3201	GGCAAGATTC	GGAATACCAA	GTACGAGAAG	GACGGCCAGA	CGGTCTACGG
3251	GACCGACTTC	ATTGCCGATA	AGGTGGATTA	TCTGGACACC	AAGGCACCAG
		TCAGGAATAA			
		GAGGGTGAAT			
		ATCGACGCGG			
3451	CAAGCCGCAC	CGTCATGCGT	GCGCCCGCG	AAACCTTCCA	GTCCGTCGGC
		AGCAAGCTAC			
		GCCCTGCCCG			CGTTCGCGTC
		GGAGGCGGCA			
		TGACGACCAA			
		AGCGAGGCCA			
		GGAAATGCAG		TCGATATTGC	
		GAGCGATGCC			
		AAGAAAATCC		GCTGCAAAAC	
		CAAGGACGTG		ACACCGGCGT	
		ACGAACTGGT			
		GGCGAGCCGA		GTGTTGGAGT GTTCTACGAG	
		GTCGATCAAT			
		TACAGGCGAC		ACACGAAGGC	
		TCGGTGTCGC		TTCACGTCCG	
				CTTCCGCGTC	
		GTCCCGTTGC		TCGACGAGGA	
		GCGACCACTA		ATATGGGAGA	
		ACGGCCCGAC		CTATTTCAGC	
		GCTCAAGCTG		GCCTCATGTG	<b></b>
4401	TCCACCCGCG	TGAAGAAGTG	GCGCGAGCAG	GTCGGCGAAG	CCTGCGAAGA

4451	GTTGCGAGGC	AGCGGCCTGG	TGGAACACGC	CTGGGTCAAT	GATGACCTGG
4501	TGCATTGCAA	ACGCTAGGGC	CTTGTGGGGT	CAGTTCCGGC	TGGGGGTTCA
4551	GCAGCCAGCG	CTTTACTGGC	ATTTCAGGAA	CAAGCGGGCA	CTGCTCGACG
4601	CACTTGCTTC	GCTCAGTATC	GCTCGGGACG	CACGGCGCGC	TCTACGAACT
4651	GCCGATAAAC	AGAGGATTAA	AATTGACAAT	TGTGATTAAG	GCTCAGATTC
4701	GACGGCTTGG	AGCGGCCGAC	GTGCAGGATT	TCCGCGAGAT	CCGATTGTCG
4751	GCCCTGAAGA	AAGCTCCAGA	GATGTTCGGG	TCCGTTTACG	AGCACGAGGA
4801	GAAAAAGCCC	ATGGAGGCGT	TCGCTGAACG	GTTGCGAGAT	GCCGTGGCAT
4851	TCGGCGCCTA	CATCGACGGC	GAGATCATTG	GGCTGTCGGT	CTTCAAACAG
4901	GAGGACGGCC	CCAAGGACGC	TCACAAGGCG	CATCTGTCCG	GCGTTTTCGT
4951	GGAGCCCGAA	CAGCGAGGCC	GAGGGGTCGC	CGGTATGCTG	CTGCGGGCGT
5001		TTTATTGCTC		TCCGACAGAT	TCCAACGGGA
5051		TGCGCATCTT		GCACTTAATA	TTTCGCTATT
5101	CTGGAGCTTG	·	CGGTCTACCG	CCTGCCGGGC	GGGGTCGCGG
		CGCTGTGCAG		TCGTGTTCAT	
			ATTGATGGCG		
		GTGGCGCTGT		ACCAAACGCA	
		CGCAGCGGGC		CGGTTTCCAT	
			GCAACCTCCC		TCACCTTTAC
		CTGGCGGCCG		GCTCGTTCCA	
5451			ATGCCTACAG		
			AGCGGGTTTA		
5551				TTCCTTACTG	
		CGACTCGAAC			
5601			CAGCCGGGGA		
			TACCATTCGG		
5701			TCTAAAGAAA		
			TCCTATTATG		
5801			CGAGAAATGA		
5851			TATTTGATCA		
5901			CCCTCCGCGA		
5951			TTCCGAATAG		
6001			CTCCCGCTGA		
6051			TTTTGTGCCG		
6101			TATATTGTGG		
		TAACACATTG		TAATGTACTG	
6201			GCAACAGCTG		
6251			CGGTCCACGC		
			TCCGAAATCG		
			GTTGAGTGTT		
			ACTCCAACGT	•	
			CGTGAACCAT		
			ACTAAATCGG		
			AGCCGGCGAA		
			GCCATTCAGG		
6651	GCGATCGGTG	CGGGCCTCTT	CGCTATTACG	CCAGCTGGCG	AAAGGGGGAT
6701	GTGCTGCAAG	GCGATTAAGT	TGGGTAACGC	CAGGGTTTTC	CCAGTCACGA
6751	CGTTGTAAAA	CGACGGCCAG	TGAATTCGAG	CTCGGTACCC	GGGGATCCTC
6801	TAGAGTCGAC	CTGCAGGCAT	GCAAGCTTGG	CGTAATCATG	GTCATAGCTG
6851	TTTCCTGTGT	GAAATTGTTA	TCCGCTCACA	ATTCCACACA	ACATACGAGC
6901	CGGAAGCATA	AAGTGTAAAG	CCTGGGGTGC	CTAATGAGTG	AGCTAACTCA
		GTTGCGCTCA		TCCAGTCGGG	AAACCTGTCG
7001	TGCCAGCTGC	ATTAATGAAT	CGGCCAACGC	GCGGGGAGAG	GCGGTTTGCG
7051	TATTGGGCCA	AAGACAAAAG	GGCGACATTC	AACCGATTGA	GGGAGGGAAG
7101	GTAAATATTG	ACGGAAATTA	TTCATTAAAG	GTGAATTATC	ACCGTCACCG
7151	ACTTGAGCCA	TTTGGGAATT	AGAGCCAGCA	AAATCACCAG	TAGCACCATT
7201	ACCATTAGCA	AGGCCGGAAA	CGTCACCAAT	GAAACCATCG	ATAGCAGCAC
7251	CGTAATCAGT	AGCGACAGAA	TCAAGTTTGC	CTTTAGCGTC	AGACTGTAGC
7301	GCGTTTTCAT	CGGCATTTTC	GGTCATAGCC	CCCTTATTAG	CGTTTGCCAT
7351	CTTTTCATAA	TCAAAATCAC	CGGAACCAGA	GCCACCACCG	GAACCGCCTC
7401	CCTCAGAGCC	GCCACCCTCA	GAACCGCCAC	CCTCAGAGCC	ACCACCCTCA

```
7451 GAGCCGCCAC CAGAACCACC ACCAGAGCCG CCGCCAGCAT TGACAGGAGG
 7501 CCCGATCTAG TAACATAGAT GACACCGCGC GCGATAATTT ATCCTAGTTT
 7551 GCGCGCTATA TTTTGTTTTC TATCGCGTAT TAAATGTATA ATTGCGGGAC
 7601 TCTAATCATA AAAACCCATC TCATAAATAA CGTCATGCAT TACATGTTAA
 7651 TTATTACATG CTTAACGTAA TTCAACAGAA ATTATATGAT AATCATCGCA
 7701 AGACCGGCAA CAGGATTCAA TCTTAAGAAA CTTTATTGCC AAATGTTTGA
 7751 ACGATCGGGG ATCATCCGGG TCTGTGGCGG GAACTCCACG AAAATATCCG
 7801 AACGCAGCAA GATATCGCGG TGCATCTCGG TCTTGCCTGG GCAGTCGCCG
 7851 CCGACGCCGT TGATGTGGAC GCCGGGCCCG ATCATATTGT CGCTCAGGAT
 7901 CGTGGCGTTG TGCTTGTCGG CCGTTGCTGT CGTAATGATA TCGGCACCTT
 7951 CGACCGCCTG TTCCGCAGAG ATCCCGTGGG CGAAGAACTC CAGCATGAGA
 8001 TCCCCGCGCT GGAGGATCAT CCAGCCGGCG TCCCGGAAAA CGATTCCGAA
 8051 GCCCAACCTT TCATAGAAGG CGGCGGTGGA ATCGAAATCT CGTGATGGCA
 8101 GGTTGGGCGT CGCTTGGTCG GTCATTTCGA ACCCCAGAGT CCCGCTCAGA
 8151 AGAACTCGTC AAGAAGGCGA TAGAAGGCGA TGCGCTGCGA ATCGGGAGCG
 8201 GCGATACCGT AAAGCACGAG GAAGCGGTCA GCCCATTCGC CGCCAAGCTC
 8251 TTCAGCAATA TCACGGGTAG CCAACGCTAT GTCCTGATAG CGGTCCGCCA
 8301 CACCCAGCCG GCCACAGTCG ATGAATCCAG AAAAGCGGCC ATTTTCCACC
 8351 ATGATATTCG GCAAGCAGGC ATCGCCATGG GTCACGACGA GATCATCGCC
 8401 GTCGGGCATG CGCGCCTTGA GCCTGGCGAA CAGTTCGGCT GGCGCGAGCC
 8451 CCTGATGCTC TTCGTCCAGA TCATCCTGAT CGACAAGACC GGCTTCCATC
 8501 CGAGTACGTG CTCGCTCGAT GCGATGTTTC GCTTGGTGGT CGAATGGGCA
 8551 GGTAGCCGGA TCAAGCGTAT GCAGCCGCCG CATTGCATCA GCCATGATGG
 8601 ATACTTTCTC GGCAGGAGCA AGGTGAGATG ACAGGAGATC CTGCCCCGGC
 8651 ACTTCGCCCA ATAGCAGCCA GTCCCTTCCC GCTTCAGTGA CAACGTCGAG
 8701 CACAGCTGCG CAAGGAACGC CCGTCGTGGC CAGCCACGAT AGCCGCGCTG
 8751 CCTCGTCCTG CAGTTCATTC AGGGCACCGG ACAGGTCGGT CTTGACAAAA
 8801 AGAACCGGGC GCCCTGCGC TGACAGCCGG AACACGGCGG CATCAGAGCA
 8851 GCCGATTGTC TGTTGTGCCC AGTCATAGCC GAATAGCCTC TCCACCCAAG
 8901 CGGCCGGAGA ACCTGCGTGC AATCCATCTT GTTCAATCAT GCGAAACGAT
 8951 CCAGATCCGG TGCAGATTAT TTGGATTGAG AGTGAATATG AGACTCTAAT
 9001 TGGATACCGA GGGGAATTTA TGGAACGTCA GTGGAGCATT TTTGACAAGA
 9051 AATATTTGCT AGCTGATAGT GACCTTAGGC GACTTTTGAA CGCGCAATAA
 9101 TGGTTTCTGA CGTATGTGCT TAGCTCATTA AACTCCAGAA ACCCGCGGCT
 9151 GAGTGGCTCC TTCAACGTTG CGGTTCTGTC AGTTCCAAAC GTAAAACGGC
 9201 TTGTCCGCG TCATCGGCGG GGGTCATAAC GTGACTCCCT TAATTCTCCG
 9251 CTCATGATCA GATTGTCGTT TCCCGCCTTC AGTTTAAACT ATCAGTGTTT
 9301 GACAGGATAT ATTGGCGGGT AAACCTAAGA GAAAAGAGCG TTTATTAGAA
 9351 TAATCGGATA TTTAAAAGGG CGTGAAAAGG TTTATCCGTT CGTCCATTTG
 9401 TATGTGCATG CCAACCACAG GGTTCCCCAG ATCTGGCGCC GGCCAGCGAG
 9451 ACGAGCAAGA TTGGCCGCCG CCCGAAACGA TCCGACAGCG CGCCCAGCAC
 9501 AGGTGCGCAG GCAAATTGCA CCAACGCATA CAGCGCCAGC AGAATGCCAT
 9551 AGTGGGCGGT GACGTCGTTC GAGTGAACCA GATCGCGCAG GAGGCCCGGC
 9601 AGCACCGGCA TAATCAGGCC GATGCCGACA GCGTCGAGCG CGACAGTGCT
 9651 CAGAATTACG ATCAGGGGTA TGTTGGGTTT CACGTCTGGC CTCCGGACCA
 9701 GCCTCCGCTG GTCCGATTGA ACGCGCGGAT TCTTTATCAC TGATAAGTTG
 9751 GTGGACATAT TATGTTTATC AGTGATAAAG TGTCAAGCAT GACAAAGTTG
 9801 CAGCCGAATA CAGTGATCCG TGCCGCCCTG GACCTGTTGA ACGAGGTCGG
 9851 CGTAGACGGT CTGACGACAC GCAAACTGGC GGAACGGTTG GGGGTTCAGC
 9901 AGCCGCCCT TTACTGCCAC TTCAGGAACA AGCGGCCGCT GCTCGACGCA
 9951 CTGGCCGAAG CCATGCTGGC GGAGAATCAT ACGCATTCGG TGCCGAGAGC
10001 CGACGACGAC TGGCGCTCAT TTCTGATCGG GAATGCCCGC AGCTTCAGGC
10051 AGGCGCTGCT CGCCTACCGC GATGGCGCGC GCATCCATGC CGGCACGCGA
10101 CCGGGCGCAC CGCAGATGGA AACGGCCGAC GCGCAGCTTC GCTTCCTCTG
10151 CGAGGCGGT TTTTCGGCCG GGGACGCCGT CAATGCGCTG ATGACAATCA
10201 GCTACTTCAC TGTTGGGGCC GTGCTTGAGG AGCAGGCCGG CGACAGCGAT
10251 GCCGCCGAGC GCGCCGCAC CGTTGAACAG GCTCCGCTCT CGCCGCTGTT
10301 GCGGGCCGCG ATAGACGCCT TCGACGAAGC CGGTCCGGAC GCAGCGTTCG
10351 AGCAGGGACT CGCGGTGATT GTCGATGGAT TGGCGAAAAG GAGGCTCGTT
10401 GTCAGGAACG TTGAAGGACC GAGAAAGGGT GACGATTGAT CAGGACCGCT
```

10451	GCCGGAGCGC	AACCCACTCA	CTACAGCAGA	GCCATGTAGA	CAACATCCCC
10501	TCCCCCTTTC	CACCGCGTCA	GACGCCCGTA	GCAGCCCGCT	ACGGGCTTTT
10551	TCATGCCCTG	CCCTAGCGTC	CAAGCCTCAC	GGCCGCGCTC	GGCCTCTCTG
10601	GCGGCCTTCT	GGCGCTCTTC	CGCTTCCTCG	CTCACTGACT	CGCTGCGCTC
10651	GGTCGTTCGG	CTGCGGCGAG	CGGTATCAGC	TCACTCAAAG	GCGGTAATAC
10701	GGTTATCCAC	AGAATCAGGG	GATAACGCAG	GAAAGAACAT	GTGAGCAAAA
10751	GGCCAGCAAA	AGGCCAGGAA	CCGTAAAAAG	GCCGCGTTGC	TGGCGTTTTT
10801	CCATAGGCTC	CGCCCCCTG	ACGAGCATCA	CAAAAATCGA	CGCTCAAGTC
10851	AGAGGTGGCG	AAACCCGACA	GGACTATAAA	GATACCAGGC	GTTTCCCCCT
10901	GGAAGCTCCC	TCGTGCGCTC	TCCTGTTCCG	ACCCTGCCGC	TTACCGGATA
10951	CCTGTCCGCC	TTTCTCCCTT	CGGGAAGCGT	GGCGCTTTTC	CGCTGCATAA
11001	CCCTGCTTCG	GGGTCATTAT	AGCGATTTTT	TCGGTATATC	CATCCTTTTT
11051	CGCACGATAT	ACAGGATTTT	GCCAAAGGGT	TCGTGTAGAC	TTTCCTTGGT
11101	GTATCCAACG	GCGTCAGCCG	GGCAGGATAG	GTGAAGTAGG	CCCACCCGCG
11151	AGCGGGTGTT	CCTTCTTCAC	TGTCCCTTAT	TCGCACCTGG	CGGTGCTCAA
11201	CGGGAATCCT	GCTCTGCGAG	GCTGGCCGGC	TACCGCCGGC	GTAACAGATG
11251	AGGGCAAGCG	GATGGCTGAT	GAAACCAAGC	CAACCAGGAA	GGGCAGCCCA
11301	CCTATCAAGG	TGTACTGCCT	TCCAGACGAA	CGAAGAGCGA	TTGAGGAAAA
11351	GGCGGCGGCG	GCCGGCATGA	GCCTGTCGGC	CTACCTGCTG	GCCGTCGGCC
11401	AGGGCTACAA	AATCACGGGC	GTCGTGGACT	ATGAGCACGT	CCGCGAGCTG
11451	GCCCGCATCA	ATGGCGACCT	GGGCCGCCTG	GGCGGCCTGC	TGAAACTCTG
11501	GCTCACCGAC	GACCCGCGCA	CGGCGCGGTT	CGGTGATGCC	ACGATCCTCG
11551	CCCTGCTGGC	GAAGATCGAA	GAGAAGCAGG	ACGAGCTTGG	CAAGGTCATG
11601	ATGGGCGTGG	TCCGCCCGAG	GGCAGAGCCA	TGACTTTTTT	AGCCGCTAAA
11651			ATTGCCAAGC	ACGTCCCCAT	GCGCTCCATC
11701	AAGAAGAGCG			TACATCACCG	ACGAGCAAGG
11751	CAAGACCGAG	CGCCTTTGCG	ACGCTCA		

## Anhang II

## Kartenmaterial zum Freisetzungsgelände und der Umgebung

#### Karte 1

"Versuchsfeld - Standort Thulendorf" und Umgebung, Maßstab

### Karte 2

"Versuchsfeld – Standort Thulendorf" und Umgebung, Maßstab 1:40000

### Karte 3 (Detail)

"Versuchsfeld – Standort Thulendorf" und Umgebung, Maßstab 1:17000

### Karte 4 (Flurkarte)

"Versuchsfeld – Standort Thulendorf" und Umgebung, Maßstab 1:17000

### Karte 5 (FHH)

"Versuchsfeld – Standort Thulendorf" und Umgebung, Maßstab 1:17000

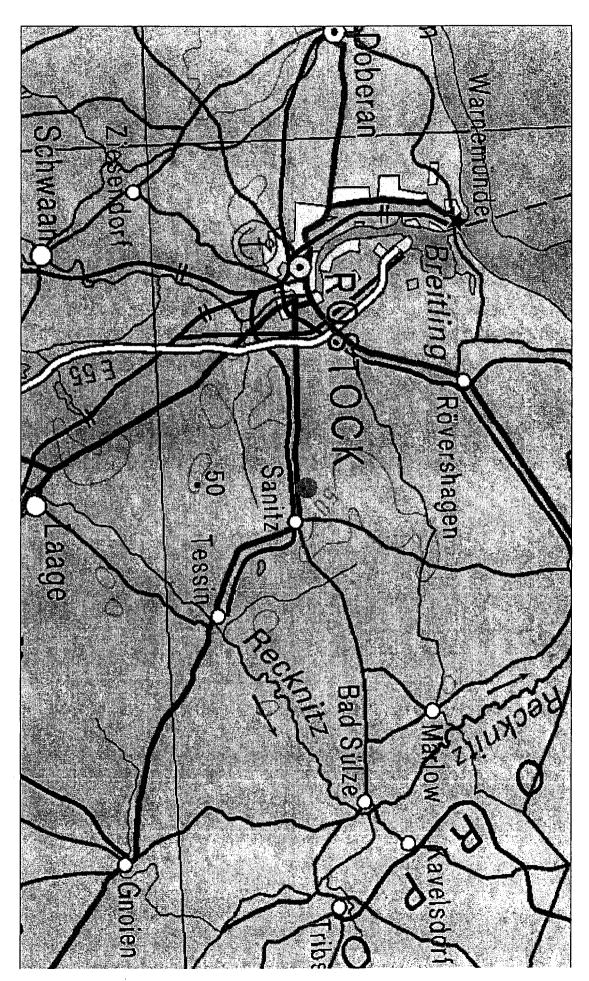
### Karte 6

Umgebung des Versuchsfeldes mit Biotop .Maßstab 1:2000

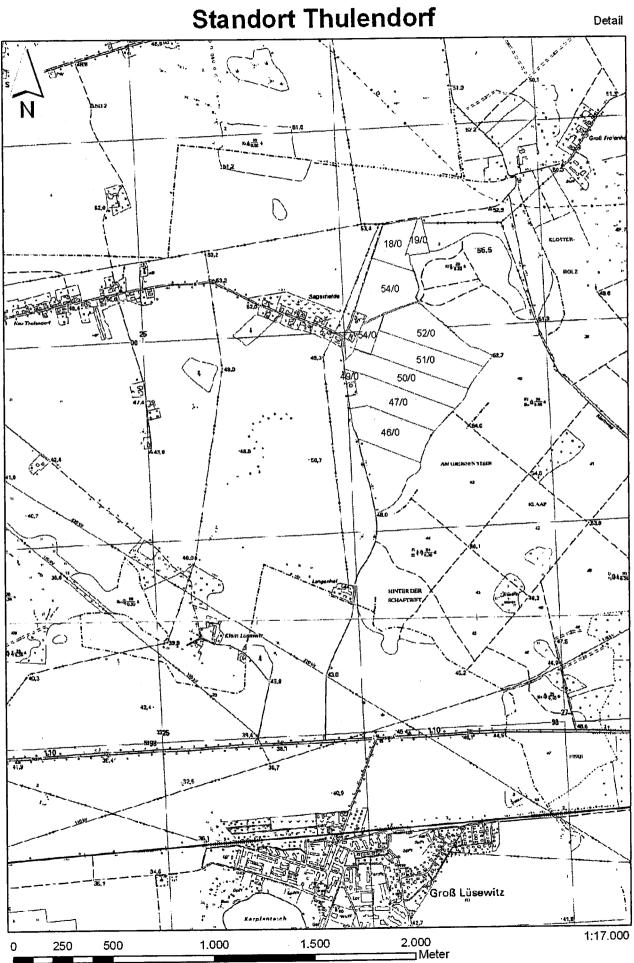
### Karte 7

Gesetzlich geschützte Arten an den Standorten Sanitz/Groß Lüsewitz und Thulendorf/Klein Lüsewitz.

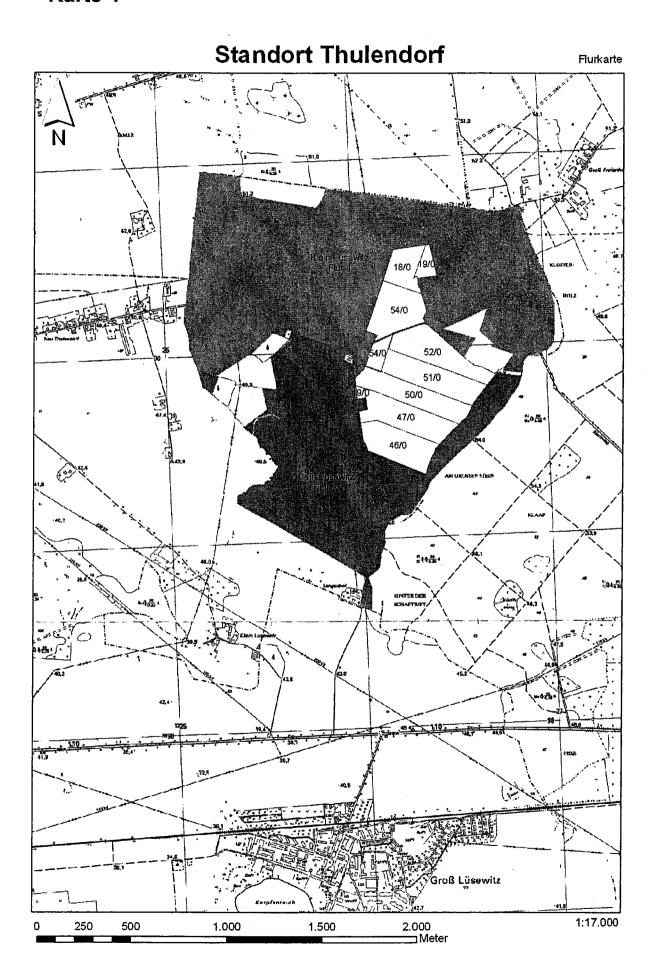
## Karte 1



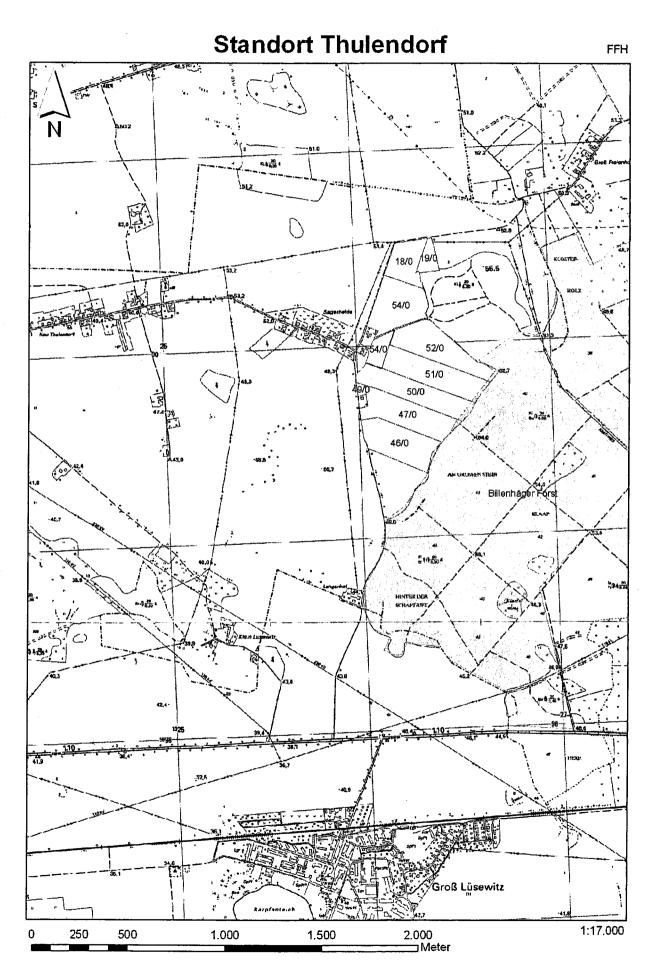
Karte 3



Karte 4



Karte 5



Karte 6 **Standort Thulendorf** Biotope °07**5**66 07**6**69 N :8 07553 07**6**27. 07524 18/0 19/0 7050 07684 52/0 0753 07529 50/0 07504 0**6**501 07**6**05 47/0 07**5**23 07511 F 0 24 07502 46/0 07563 08860 08942 08935

250

500

1.000

1.500

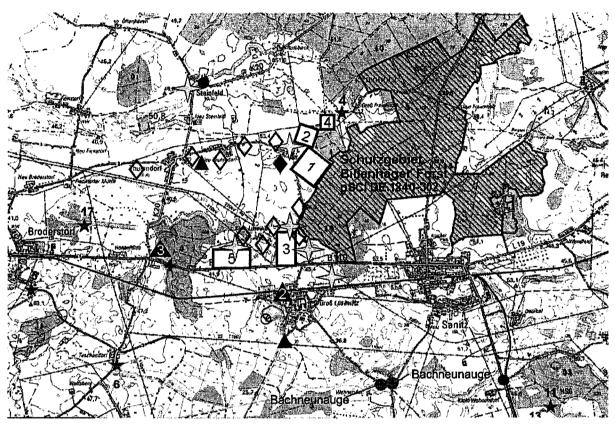
Groß Lüsewitz

2.000 \_\_\_\_Meter 1:17.000

80

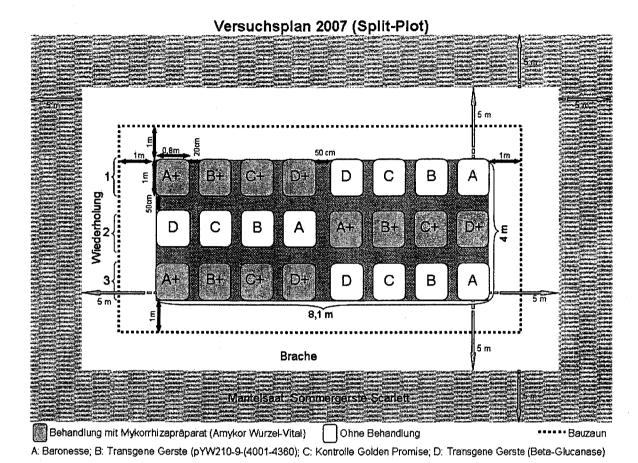
## Karte7

Nachweise für Arten nach Anhängen der FFH-RL im Bereich der Vorhabensflächen nach Datenabfrage beim Landesamt für Umwelt, Naturschutz und Geologie, Mecklenburg-Vorpommern. Die ungefähre Lage der Vorhabensflächen ist mit Quadraten markiert. Auch die Lage der Nachweisorte ist nur ungefähr wiedergegeben.



- [3] Lage der bisher genehmigten Vorhabensflächen (Nr. 1 bis 5)
- Pflanzenarten Anhang II und IV FFH-Richtlinie, Nachweis Nr 4: Berg-Wohlverleih, Arnika montatana, von 1920 (inzwischen erloschen)
- Fischotter, Lutra lutra, Nachweise von 2005 O kein Nachweis 🖢 Todfund
- ▲ Weißstorch, Ciconia ciconia , Nachweise von 2004, ▲ Horstpaar mit 2 💩 3 Jungen
- Bachneunauge, Lampetra planeri, Nachweise 1996, 1997
- Rotbauchunke, Bombina bombina, Nachweise von 1996, 1997
- ▲ Kammmolch, *Triturus cristatus*, Nachweis 1999
- Wasserfrosch, Grasfrosch, Moorfrosch, Erdkröte, Laubfrosch, Teichmolch, Knoblauchkröte, Wechselkröte Nachweise 1996, 1999

## **Anhang III**



### Abbildung 6: Aufbau des Feldversuchs

Der Freisetzungsversuch basiert auf einer randomisierten Spaltanlage mit drei Wiederholungen pro Prüfglied (Baronesse, Golden Promise, pYW210-9-(4001-4360), pJH271-Beta-Glu-307) und Behandlung. Der Boden der Parzellen A1-A4, B1-B4, C1-C4 wird mit dem kommerziellen Mykorrhizapräparat (Amykor® Wurzel-Vital) vor Versuchsbeginn behandelt. Unterschiede in der pflanzlichen Entwicklung, Pathogenese und Epidemiologie werden einerseits zwischen den transgenen Linien und deren Elternpflanzen bzw. zwischen behandelten (A1-A4, B1-B4, C1-C4) und Kontrollparzellen (D1-D4, E1-E4, F1-F4) evaluiert. Die Parzellen besitzen eine Größe von 0,8 m² und sind von einem 5 m breiten Randstreifen umgeben, der mit einer Kulturgerstensorte bepflanzt ist. Dieser Randstreifen wird von einem 5 m breiten Streifen Schwarzbrache umgeben. Der Abstand zwischen den Parzellen und zum Randstreifen beträgt 0,5 m. Der Freisetzungsversuch inklusive des Randstreifens mit konventioneller Gerste hat eine Grundfläche von 777,6 m² inklusive Mantelsaat m² (= Versuchsfläche). Das Versuchsfeld (= Fläche aller Parzellen mit transgener und konventioneller Gerste) hat eine Grundfläche von 4 m x 12,4 m = 49,6 m², während die Freisetzungsfläche (= mit GVP bestanden Fläche) 9,6 m² einnimmt.

## **Anhang IV**

# Zusammenfassung der Methode zur Messung der cThEn42(GC)-Aktivität in der Linie pYW210-9-(4001-4360)

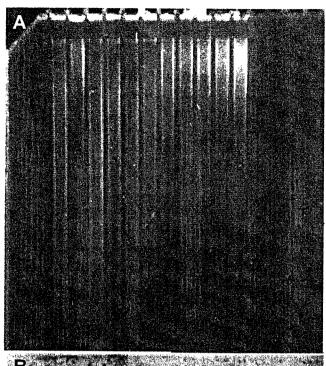
T<sub>2</sub> Einzelpflanzen als direkte Nachkommen der T<sub>0</sub> Pflanze pYW210-9 wurden mittels PCR auf das Vorhandensein des Transgens cThEn42(GC) überprüft. Homozygote Pflanzen wurden schließlich mittels eines Enzymaktivitätsassays unter Verwendung von 20 Körnern der positiv getesteten T2 Pflanzen selektiert. Die rekombinanten Endochitinasen (cThEn42(GC)) besitzen eine höhere Aktivität pro Gewichtseinheit Pflanzenmaterial aks die pflanzlichen Chitinasen. Folglich wird das Substrat 4-Methylumbelliferyl-β-D-N,N',N"triacetylchitotrioside (MUTC) schneller von cThEn42(GC) hydrolisiert. Das Substrat beginnt nach der Hydrolyse zu fluoreszieren, was bei einer Wellenlänge von 360/455 nm (Anregung/Emission) fotometrisch gemessen werden kann. Die Quantifizierung der Messdaten erfolgte über eine Standardkurve, deren Einzelwerte die Hydrolyse des Substrats durch definierte Mengen der rekombinanten Endochitinase cThEn42(GC) repräsentieren. Die Analysebedingungen wurden so abgestimmt, dass eine Hydrolyse des Substrats (MUTC) durch pflanzliche Chitinasen unter dem Detektionsminimum lag. Die Elternpflanze Golden Promise diente bei den Messungen als Kontrolle. Die Linie pYW210-9-(4001-4360) basiert letztendlich auf einer T<sub>2</sub> Pflanze (direkter Nachkomme der T<sub>0</sub> Pflanze pYW210-9). In allen 20, aus dieser Pflanze hervorgegangen, (T<sub>3</sub>) Samen konnte mittels der Enzymaktivitätsmessung die rekombinante Endochitinase nachgewiesen werden und folglich wurde diese Pflanze als homozygot bewertet (unpublizierte Resultate).

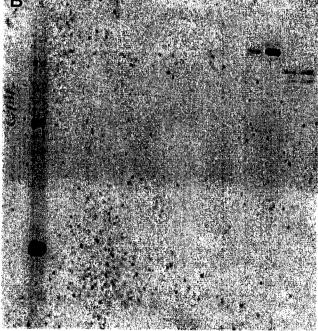
### Protokoll

- 50 mg gemahlene Körner in 500 μl 50 mM Na-Acetatpuffer (pH 5,5; enthält 100 μg/ml BSA) überführen.
- 2. Probe vortexen und für vier Stunden bei Raumtemperatur inkubieren.
- 3. Probe vortexen und für 10 Minuten bei 13.000 UPM zentrifugieren.
- 4. Ein Aliquot des Überstandes mit 50 mM Na-Acetatpuffer (pH 5,5; enthält 100 μg/ml BSA) 1:25 verdünnen.
- 5. 5 μl der Vedünnung zu 45 μl 50 mM Na-Acetatpuffer (pH 5,5; enthält 100 μg/ml BSA und 0,5 μg 4- Methylumbelliferyl-β-D-N, N', N"-triacetylchitotrioside [Sigma, Cat. 5639]) geben und gut mischen. Die Reaktion sollte in einer schwarzen 96 Well Mikrotiterplatte stattfinden.
- 6. Für 10 Minuten bei Raumtemperatur und in Dunkelheit inkubieren.
- 7. 50 µl 0,3 M Glycin/NaOH-Puffer (pH 10,6) zufügen, um die Reaktion zu stoppen.
- 8. Proben bei einer Wellenlänge von 360/455 nm (Anregung/Emission) fotometrisch guantifizieren.

## Anhang V

## Abbildung 7: Southern Blot Analyse des nptlll-Gens





1 - 1 kb ladder

2 - Golden Promise

3 - Baronesse

4 - pYW210-9-(4001-4360)

5 - pYW210-9-(4001-4360)

6 - pYW210-9-(4001-4360)

7 - pYW210-9-(4001-4360)

8 - pJH271-Beta-Glu-307

9 - pJH271-Beta-Glu-307

10 - pJH271-Beta-Glu-307

11 - pJH271-Beta-Glu-307

12 - pJH271-Beta-Glu-307

13 - pYW210 - 1 Kopie

14 - pYW210 - 10 Kopien

15 - pJH271 - 1 Kopie

16 - pJH271 - 10 Kopien

Die genomische DNA ausgewählter Pflanzen wurde mit HindIII (Proben 2, 4, 5, 6, 7) oder EcoRI (Proben 3, 8-12) verdaut und auf einem 0,8%igen TAE-Gel aufgetrennt. Die Plasmide wurden mit HindIII (pYW210; Proben 13, 14) oder Notl (pJH271; Proben 15, 16) linearisiert (A). Die verdaute DNA wurde auf eine Nylonmembran geblottet und mit einer nptlll-spezifischen Sonde hybridisiert (B). Zur Sondensynthese verwendete Primer (5'-GGCATTCTTGGCATAGTGGT-3', 5'-ACTTGATGCGGAAGAAGTCG-3') liegen außerhalb der nptlll-Sequenzen und amplifizierten die gesamten nptIII-Region (inkl. des inkorporierten transposable element IS1-Elements). Als "Template" diente das Plasmid pYW210, welches auf pBIN19 basiert. Die Sonde wurde nach radioaktiver Markierung des nptlll-Amplikons mit dem Blot hybridisiert.

2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16