

Bayerische Fütterungsstudie der TU München zu Gen-Mais weist Mängel auf

Kritische Stellungnahme zum »Abschlußbericht zum Forschungsvorhaben A/05/12 ,
„Einsatz von transgenem Mais (MON810) bei Milchkühen: Abbau, Transfer sowie
potentielle Interaktionen von DNA und Bt-Protein im Rind“ , TU München, Bayerische
Landesanstalt für Landwirtschaft (LfL) und Wissenschaftszentrum Weihenstephan für
Ernährung, Landnutzung und Umwelt, Heinrich H.D. Meyer, Hubert Spiekers, Frieder
Schwarz, Patrick Gürtler, Vijay Paul, Kerstin Steinke, Wolfgang Preißinger, Christiane
Albrecht, Steffi Wiedemann, 2009«

Dr. Christoph Then

www.scouting-biotechnology.net

erstellt im Auftrag von Greenpeace e.V.

April 2009

GREENPEACE

Inhaltsverzeichnis

Zusammenfassung	1
Vorbemerkung	1
1. Grundlegende konzeptionelle Mängel der Studie	2
1.1 Auswahl und Anzahl der Tiere	2
1.2 Auswahl der Futtermittel	4
1.3 Auswahl der Testverfahren	4
1.3.1 Anmerkungen zu den Untersuchungen auf DNA	4
1.3.2 Anmerkungen zu den Untersuchungen auf Proteine	5
1.3.3 Wichtige Untersuchungen fehlen	6
2. Bewertung der Ergebnisse	6
Schlussfolgerungen	7
Quellen	8

Anlage: Zusammenfassung zum derzeitigen wissenschaftlichen Stand in Bezug auf Futtermittel ausgentechnisch veränderten Pflanzen und der darauf basierenden Milcherzeugung, 14. Januar 2005

Zusammenfassung

Auf Anregung des Bayerischen Landtags wurde ein Fütterungsversuch mit gentechnisch verändertem Mais über einen längeren Zeitraum an Kühen durchgeführt. Die Vorzüge dieser Studie liegen neben ihrer langen Dauer (25 Monate) in ihrer Zielsetzung: Erhebung von Daten zu Leistung und Gesundheit sowie die Nachweisbarkeit von Genen und Eiweißstoffen aus gentechnisch verändertem Mais in tierischem Gewebe. Es gibt aber Mängel in der Planung und Durchführung der Studie, die dazu führen, dass die vorliegenden Ergebnisse nur als vorläufig betrachtet werden können. Allgemeine Aussagen über Risiken für Mensch und Umwelt lassen sich aus der vorliegenden Studie nicht ableiten. Die Aussagen zur Nachweisbarkeit von Genen und Eiweißstoffen aus gentechnisch verändertem Mais müssten in weiteren Studien überprüft werden.

Vorbemerkung

Ein ursprünglicher Auslöser für die Fütterungsversuche an Milchkühen waren Diskussionen um Analyseergebnisse, die im Jahr 2004 öffentlich gemacht wurden. Nach diesen Analysen waren schon im Jahr 2000 erstmals Gensequenzen aus gentechnisch veränderten Pflanzen in der Milch nachgewiesen worden (Greenpeace, 2004a).

Die Analysen waren von der hessischen Milchwirtschaft (Landesvereinigung für Milch und Milcherzeugnisse Hessen e.V.) in Auftrag gegeben worden, sie wurden von unabhängigen Probenziehern (staatliches Amt für Lebensmittelüberwachung, Tierschutz und Veterinärwesen) auf einem landwirtschaftlichen Betrieb in Hessen gezogen. Anschließend wurden die Milchproben an der Technischen Universität München / Weihenstephan analysiert. Dabei fanden sich Spuren von Gen-Mais und Gen-Soja in der Milch (Greenpeace, 2004 b).

Als sich daraus ein Expertenstreit über den Ursprung dieser DNA-Spuren entwickelte und wie diese Ergebnisse zu interpretieren sind, positionierten sich einige Wissenschaftler in einer Art und Weise, die in Wissenschaftlerkreisen eigentlich unüblich ist. Sie erklärten in einer gemeinsamen Stellungnahme vom 14. Januar 2005 u.a.:

„Es ist in der Wissenschaft gesichert und unstrittig, dass die Verfütterung gentechnisch veränderter Futtermittel an Kühe nicht dazu führt, dass sich die Milch dieser Kühe von der Milch solcher Kühe unterscheidet, die mit entsprechenden nicht gentechnisch veränderten Futtermitteln gefüttert wurden.“ (siehe Anlage „Zusammenfassung zum derzeitigen wissenschaftlichen Stand in Bezug auf Futtermittel ausgentechnisch veränderten Pflanzen und der darauf basierenden Milcherzeugung“, 14. Januar 2005)

Diese Erklärung kann so verstanden werden, dass die jetzt vorgelegten Untersuchungen eigentlich überflüssig wären, weil ja schon vorher als gesichert erklärt wurde, dass man keine Veränderungen in der Milch feststellen könne. Unterschrieben wurde diese Erklärung auch von Professor H.D.H. Meyer, der die jetzt vorgelegten Untersuchungen geleitet hat.

In Kenntnis der Erklärung aus dem Jahr 2005 wären andere Rahmenbedingungen für die jetzt vorgelegten Untersuchungen wünschenswert gewesen. Die aktuellen Fütterungsversuche wurden von der Milchwirtschaft gefördert und unter der Leitung von Professor H.D.H. Meyer durchgeführt. Die Veröffentlichung fiel in einen Zeitraum, in dem intensiv über ein Anbauverbot für den gentechnisch veränderten Mais MON810 diskutiert wurde. Gleichzeitig sprach sich der Präsident der TU München, Prof. Dr. Wolfgang Herrmann, ausdrücklich gegen ein Anbauverbot aus und berief sich dabei explizit auf den Fütterungsversuch:

„Gerade wieder hat die weltweit gründlichste und präziseste Studie der TU München in Weihenstephan nachgewiesen, dass die Verfütterung von genverändertem Mais keine Folgen für die Nahrungskette hat.“¹

Es liegt in der Natur wissenschaftlicher Arbeiten, dass es selten gelingt, alle relevanten Fragen in einer Studie zu beantworten. Die nachfolgende Kritik an der Konzeption und Durchführung der Studie sollte nicht zu dem Schluss führen, dass die Ergebnisse der Studie von vorgefassten Meinungen beeinflusst wurden. Die kritische Diskussion verschiedener Details der Studie soll vielmehr dazu dienen, die vorgelegten Ergebnisse besser interpretieren zu können, vorschnelle Verallgemeinerungen zu vermeiden und nachfolgende Untersuchungen anzuregen.

1. Grundlegende konzeptionelle Mängel der Studie

Als Versuchsaufbau wurde eine Unterteilung in zwei Tiergruppen gewählt, von denen eine Gruppe in ihrer Ration gentechnisch veränderten Mais zu fressen bekam. Die andere Gruppe bekam Rationen, die in ihrem Nährwert weitgehend identisch waren, wobei aber konventioneller Mais verfüttert wurde.

Die Studie weist methodische und konzeptionelle Schwächen in mindestens drei Bereichen auf: Die Art und Weise des Austausches der Tiere während des Versuches, die Zusammensetzung der Futtermittel und die Wahl der Testverfahren.

1.1 Auswahl und Anzahl der Tiere

Eines der auffälligsten Probleme ergibt sich dadurch, dass die Tiergruppen von Anfang an relativ klein

¹ Gastkommentar in der Landshuter Zeitung, Seite 2, vom 7. April 2009

waren (18 Tiere je Versuchsgruppe) und dass über den gesamten Versuchszeitraum 50% der Tiere jeder Gruppe ausgewechselt wurden: Jeweils neun Tiere wurden wegen Erkrankungen in jeder Gruppe ersetzt. Ein so hoher Austausch von Tieren (25% der Tiere pro Jahr) ist zwar für landwirtschaftliche Betriebe, die Milch produzieren, typisch. Für wissenschaftliche Untersuchungen ist er jedoch ungewöhnlich.

Durch den hohen Prozentsatz der ausgewechselten Tiere ist es fraglich, ob man hier überhaupt von einem echten Langzeitversuch sprechen kann. Nicht veröffentlicht wurde, wann genau der Wechsel der Tiere stattgefunden hat, und wie lange die zusätzlichen Tiere jeweils im Versuch waren.

Insgesamt nahmen (inklusive der eingewechselten Tiere) 54 Tiere an den Versuchen teil, davon waren nur 18 Tiere über volle 25 Monate im Versuch, davon wurden wiederum nur neun Tiere (über 25 Monate) mit gentechnisch verändertem Mais gefüttert. Das heißt, die eigentlich entscheidende Versuchsgruppe umfasste nur ein Sechstel aller Tiere. Gesundheitliche Effekte, die an diesen neun Tieren zu beobachten gewesen wären, werden in der gewählten Darstellung in der Studie mit den Daten von 18 anderen Tieren verrechnet, die über unterschiedlich lange Zeiträume mit gentechnisch verändertem Mais gefüttert wurden.

Es ist nicht nachvollziehbar, warum nicht die Daten der Kühe, die tatsächlich über den vollen Zeitraum am Versuch teilgenommen haben, separat ausgewertet und veröffentlicht wurden. Ohne diese Daten erscheint eine sinnvolle Bewertung des Versuches nicht möglich. Zwar sind die Versuchsgruppen zu je neun Tieren möglicherweise zu klein, um daraus allgemeine Schlussfolgerungen zu ziehen, doch sind es gerade diese Daten, denen als Ergebnis dieses Versuches die eigentliche Bedeutung zukommt. Unvertretbar erscheint, dass in der bereits erfolgten Publikation (Steinke et al., 2009, Anlage 2 zum Abschlussbericht des Forschungsvorhabens) noch nicht einmal erwähnt wird, dass 50% der Tiere während des Versuches ausgetauscht wurden.

Es ist fraglich, ob es von Anfang an eindeutige und ausreichende Kriterien für das Ausscheiden der Tiere aus dem Versuch gegeben hat. Zwar werden allgemeine Angaben für das Ausscheiden der Tiere gemacht (Klauen- und Gelenkerkrankungen, Stoffwechselerkrankungen oder Unfruchtbarkeit), der genaue Grund für das Ausscheiden wird aber nicht erläutert und wissenschaftlich exakt definiert. Bei Spiekers et al. (2009) heißt es dazu lediglich: „Um einen Tieraustausch im Interesse der Aussagefähigkeit des Versuchs möglichst zu vermeiden, wurden alle Tiere soweit vertretbar wieder besamt und falls angezeigt behandelt.“

Unklar bleibt, wie groß der Entscheidungsspielraum während des Versuches tatsächlich war, um Tiere im Versuch zu belassen oder sie zu entfernen. Die Tatsache, dass in beiden Versuchsgruppen die Anzahl der ausgewechselten Tiere identisch war, könnte ein Indiz dafür sein, dass man auch aus nicht genannten Gründen darauf geachtet hat, dass in den Gruppen immer eine möglichst vergleichbare Anzahl von Tieren ausgewechselt wurde.

Der objektiv am besten nachvollziehbare Grund, um Tiere aus einem derartigen Fütterungsversuch zu nehmen, sind Erkrankungen, die so schwerwiegend sind, dass die Tiere aus Tierschutzgründen getötet werden müssen. Dies war bei dem vorliegenden Fütterungsversuch wohl nicht das Kriterium für ein Ausscheiden der Tiere, sonst hätte dies angegeben werden müssen.

Für das möglichst lange Belassen der Tiere im Versuch hätten tatsächlich gute wissenschaftliche Gründe gesprochen: Tiere, die aufgrund verschiedener Ursachen zusätzlichem gesundheitlichem Stress ausgesetzt sind, reagieren möglicherweise anders auf die Verfütterung von gentechnisch verändertem Mais als gesunde Tiere. Ein Beispiel dafür, dass die Reaktion von Säugetieren von verschiedenen Einflüssen abhängen kann, ist die Untersuchung von Finamore et al. (2009), die Immunreaktionen bei Mäusen messen konnten, die gentechnisch veränderten Mais gefressen hatten, wenn die Tiere besonders jung oder besonders alt waren. Bei geschwächten Tieren kann es auch zu

veränderten Reaktionen im Hinblick auf den Abbau von DNA und Proteinen kommen, da sich dadurch u. a. die Durchlässigkeit der Organsysteme (wie die Blut-Euter-Schranke) verändern kann (Brade & Flachowsky, 2005).

Diese Überlegungen sind auch durchaus relevant für die Praxis: In vielen landwirtschaftlichen Betrieben stehen die Kühe aufgrund der hohen Anforderung an ihre Milchleistung gesundheitlich oft unter erheblichem Stress. Verschiedene Überlegungen können dazu führen, dass Tiere trotz längerer Erkrankung und Leistungsabfall durchaus auch über längere Zeit im Bestand verbleiben (zum Beispiel, weil sie einen hohen Zuchtwert haben).

Zu kritisieren ist, dass zwar nach Angabe von Spiekers et al. (2009) zu erwarten war, dass während des Versuches eine relativ hohe Anzahl von Tieren ausscheiden würde, die Tiergruppen jedoch trotzdem so klein waren, dass nach 25 Monaten nur eine relativ geringe Anzahl von Kühen übrig war, die tatsächlich über die gesamte Dauer am Versuch teilgenommen hatten. Dies lag wohl unter anderem daran, dass der Versuch nicht von Anfang an auf 25 Monate angelegt war.

Was zudem versäumt wurde, ist eine Untersuchung der Tiergesundheit der Kälber. Gerade bei einem so langen Versuch, wäre es wichtig gewesen, die Untersuchungen nicht nur auf eine Generation zu beschränken, sondern die Kälber mit einzubeziehen.

Aus wissenschaftlicher Sicht hätte man bei der Vorstellung der Ergebnisse deswegen besser darauf verzichtet, überhaupt Aussagen über Langzeiteffekte und Tiergesundheit zu machen – dafür waren diese Versuche nicht angelegt.

1.2 Auswahl der Futtermittel

In Bezug auf die zur Fütterung eingesetzten Maiskobs hätte man zunächst überprüfen müssen, ob ein derartiges Futtermittel für diesen Versuch überhaupt geeignet ist. Maiskobs werden aus Bestandteilen der Maispflanzen durch Pressung hergestellt. Bei ihrer Herstellung kommt es zum Einsatz von Druck und hoher Temperatur. Dadurch kann sich auch die Struktur und die Verfügbarkeit des Bt-Eiweißes ändern.

Im Versuch wurde aber nicht versucht, die Struktur und Funktionalität des Eiweißes nach der Erhitzung zu überprüfen. Das ist ein erhebliches Problem, weil gerade durch die Maiskobs gewährleistet werden sollte, dass die Kühe ein Futter mit besonders hoher Konzentration an Bt-Toxinen bekommen.

1.3 Auswahl der Testverfahren

Es ist positiv, dass im Rahmen der Untersuchungen neue Testverfahren zum Nachweis von DNA und Bt-Protein entwickelt wurden. Die neuen Testverfahren wurden innerhalb des Labors verschiedenen Qualitätschecks unterzogen (Guertler et al., 2009, Anlage 3 zum Abschlussbericht des Forschungsvorhabens). Versäumt wurde jedoch die vergleichende Testung in mehreren Labors (sogenannte Ringversuche), um die Verlässlichkeit und Aussagekraft der Untersuchungsmethoden zu überprüfen. Eine weitere sinnvolle Qualitätskontrolle wäre es gewesen, mit den neuen Untersuchungsverfahren einige der Ergebnisse zu reproduzieren, die bereits veröffentlicht sind, um zu zeigen, dass die Methode mindestens ebenso so gut wie bisherige Testverfahren ist.

1.3.1 Anmerkungen zu den Untersuchungen auf DNA

Es bleibt unklar, warum Publikationen von Versuchen, in denen der Nachweis von spezifischer DNA aus gentechnisch veränderten Pflanzen in tierischem Gewebe bereits geglückt ist, hier nicht als Vergleichsstandard für die Untersuchungsmethode und zur Qualitätssicherung herangezogen wurde. Mazza et al. (2005) konnten einen bestimmten DNA Abschnitt aus gentechnisch verändertem Mais MON810 in tierischem Gewebe vom Schwein nachweisen. Es ist nicht nachvollziehbar, warum diese Publikation nicht einmal erwähnt wird.

Wichtig wäre zudem eine Überprüfung gewesen, ob mit den neuen Methoden Untersuchungsergebnisse reproduziert werden können, bei denen pflanzliche DNA gefunden wurde, die nicht für gentechnisch veränderten Mais typisch ist, sondern ganz allgemein aus den Futtermitteln in tierisches Gewebe verfrachtet wird. Im Vergleich zu spezifischen Bestandteilen aus gentechnisch veränderten Pflanzen wurden DNA Bestandteile, die für Futtermittelpflanzen wie Mais typisch sind, schon öfter in tierischem Gewebe gefunden (Schubbert et al., 1994; 1997; 1998; Klotz et al., 2002; Flachowsky, 2006). Der Nachweis dieser pflanzlichen DNA in tierischem Gewebe wäre ein wichtiger Bestandteil der Qualitätssicherung der neuen Testverfahren gewesen.

Um die hier eingesetzten Methoden korrekt einschätzen zu können, wurden die Untersuchungsergebnisse und Angaben über die Labormethoden an ein Speziallabor für DNA-Analyse weitergegeben. Nach Auskunft des Fachlabors gegenüber Greenpeace entspricht die in Weihenstephan verwendete Methode nicht dem Standard, der vom offiziellen EU-Labor empfohlen wird.² Die offizielle Methode ist demnach wesentlich empfindlicher und wäre eher geeignet gewesen, um die Genabschnitte in der Milch zu finden. Sie kann schon 5-10 Genabschnitte/µl finden. Die Methode aus Weihenstephan wird erst ab 100 Genkopien/µl. fündig. Zudem sei der Genabschnitt, der in Weihenstephan gesucht wurde, zu groß gewählt, die Wahrscheinlichkeit, derartige Genabschnitte zu finden, sei wesentlich geringer als bei der offiziellen Methode: Nach der Weihenstephaner Methode müssen Gene mindestens 206 Basenpaare groß sein, nach der offiziellen Methode genügen bereits 92 Basenpaare. Das bedeutet, dass Genfragmente, die kleiner als 206 Basenpaare sind (weil sie durch die Verdauung weiter abgebaut wurden), nicht entdeckt werden können. So sinkt die Wahrscheinlichkeit eines Nachweises deutlich. Fazit des Labors: Man hätte die neue Methode unbedingt mit der offiziellen Methode vergleichen müssen!

Eine angemessene Berücksichtigung von bereits gelungenen Nachweisen würde außerdem dazu führen, die vorliegenden Untersuchungsergebnisse korrekt zu interpretieren. Die Frage der Nachweisbarkeit pflanzlicher DNA bei Säugetieren ist längst geklärt. Tatsächlich findet man Bruchstücke aus pflanzlicher DNA nach einer Verfütterung von Pflanzen wie Mais sehr wohl im Blut und auch im tierischen Gewebe. Die Frage ist lediglich, ob die derzeitigen Untersuchungsmethoden dazu ausreichen, auch Bestandteile zu finden, die mit einer geringeren statistischen Häufigkeit auftreten, wie dies bei den spezifischen Genabschnitten aus gentechnisch veränderten Pflanzen der Fall ist.

Eine weitere Frage betrifft den Eintrag von Stäuben aus dem gentechnisch veränderten Mais in die Milch. Derartige Einträge sind grundsätzlich zu erwarten (Phipps et al., 2003) und könnten unter Praxisbedingungen dazu führen, dass die Fütterung mit gentechnisch veränderten Futterpflanzen auch noch in der Milch nachgewiesen werden kann. Es wäre wichtig gewesen, diesen Eintrag nachzuweisen und in der Produktionskette zu verfolgen. So hätte man nicht nur die neuen Testmethoden überprüfen können, sondern auch Aussagen darüber machen können, wie häufig dieser Eintrag zu beobachten ist.

² <http://gmo-crl.jrc.ec.europa.eu/>

1.3.2 Anmerkungen zu den Untersuchungen auf Proteine

Auch im Hinblick auf die Nachweisverfahren für das Bt-Eiweiß müssen die vorgelegten Daten kritisch hinterfragt werden. Es gibt derzeit keine in Ringversuchen validierten Testmethoden für den Nachweis des Toxins. Auch die hier angewandten Verfahren wurden nicht von anderen Labors überprüft. Zwar ist das Prinzip des Nachweisverfahrens, der ELISA Test, wissenschaftlicher Standard. Doch führen kleine Abweichungen in den Messprotokollen leicht zu sehr unterschiedlichen Ergebnissen (Crespo et al., 2009). Vor diesem Hintergrund hätten die Messungen auf den Nachweis des Bt-Toxins vergleichend mit verschiedenen Protokollen und unter Beteiligung mehrerer Labore durchgeführt werden müssen. Die hier neu entwickelte Methode ist interessant und möglicherweise tatsächlich geeignet, um derartige Messungen durchzuführen, das vorliegende Ergebnis sollte derzeit aber nur als vorläufig interpretiert werden.

1.3.3 Wichtige Untersuchungen fehlen

Um festzustellen, ob die Verfütterung von gentechnisch veränderten Pflanzen im tierischen Gewebe nachweisbar ist, wäre es naheliegend gewesen, nicht nur nach den Proteinen selbst zu suchen, sondern auf Antikörper zu testen, die ggf. vom Tier in Kontakt mit den Bt-Toxinen gebildet werden können. Derartige Antikörper werden vom tierischen Immunsystem gebildet, wenn die Tiere in Kontakt mit fremden Eiweißstoffen geraten (Kroghsbo et al., 2008). Sie wären auch dann noch nachweisbar, wenn das Protein bereits wieder abgebaut wurde und wären ein zusätzlicher und wesentlicher Indikator dafür, ob das Eiweiß aus diesen Pflanzen mit dem Immunsystem der Tiere in Kontakt gekommen ist.

Unklar ist, wie die inneren Organe untersucht wurden. Es findet sich beispielsweise kein Hinweis auf die üblichen histologischen (mikroskopischen) Untersuchungen. Die Aussage, dass die inneren Organe untersucht wurden, wird im Hinblick auf gesundheitliche Risiken nicht konkretisiert.

Nachdem die Säure-Basen Werte (NSBA) im Harn zwischen den Versuchsgruppen deutlich unterschiedlich waren, wären Untersuchungen der Pansenorganismen, die für Wiederkäuer eine besondere Bedeutung haben, naheliegend gewesen. Möglicherweise haben diese unterschiedlichen Werte ihre Ursache in einer veränderten Zusammensetzung der Pansenflora. Für das Säure-Basengleichgewicht sind die Verdauungsvorgänge im Pansen von besonderer Bedeutung. Auch nach dem Wortlaut der Anlage 1 zum Abschlussbericht des Fütterungsversuches konnte das Auftreten einer latenten Pansenazidose nicht mit Sicherheit ausgeschlossen werden (Spiekers et al., 2009, Seite 82).

Bei den Blutwerten wurden die gängigen Parameter gewählt, mit denen u. a. die Leistungsgerechtigkeit der Fütterung beurteilt werden kann. Von diesen Parametern ist bekannt, dass sie sich oft erst dann verändern, wenn bereits klinische Symptome vorhanden sind. Sie sind deswegen zur detaillierten Untersuchung der Tiergesundheit nur begrenzt geeignet.

2. Bewertung der Ergebnisse

Wegen den dargelegten methodischen Mängel in der Konzeption und der Durchführung der Untersuchung sowie der fehlenden Daten ist eine abschließende Interpretation der vorliegenden Ergebnisse schwierig.

Auffällig ist aber, dass die Zahl der medizinischen Behandlungen bei den Tieren, die mit gentechnisch veränderten Mais gefüttert wurden, durchweg höher war, als bei den Vergleichstieren: Sowohl die Zahl der Behandlungen von Krankheiten, die die Fortpflanzung (Reproduktion) betreffen, als auch von

Krankheiten der Gliedmaßen und des Stoffwechsels war bei den Tieren, die mit gentechnisch verändertem Mais gefüttert wurden, höher als bei der Vergleichsgruppe. (Anlage 1, Tabelle 70, Seite 87).

Die körperliche Kondition war bei den Tieren, die konventionellen Mais gefressen hatten, in der zweiten Laktationsperiode signifikant höher als bei den Tieren, die gentechnisch veränderten Mais gefressen hatten. Bei den Kühen, die gentechnisch veränderten Mais gefressen hatten, war die mittlere Lebendmasse niedriger (Anlage 1, Abbildung 23, Seite 58), die mittlere Körperkondition (Anlage 1, Abbildung 25, Seite 60) und die mittlere Rückenfettdichte (Anlage 1, Abbildung 27, Seite 63) geringer.

Während die veröffentlichten Blutwerte eher unauffällig sind, liegen wie bereits erwähnt, Indizien dafür vor, dass das Säure-Basen Gleichgewicht bei der Tiergruppe mit dem gentechnisch veränderten Mais im Vergleich zur anderen Gruppe latent gestört war (NSBA Werte, Anlage 1, Seite 81, 82). Die Ursache dafür wurde aber nicht näher untersucht. Zudem traten signifikante Unterschiede in der Zusammensetzung der Milchinhaltstoffe (Lactose, Glukose, Eiweiß- und Fettgehalt) auf. Für die Interpretation dieser Befunde wäre aber eine Darstellung der Daten von den Tieren essentiell, die tatsächlich über 25 Monate am Versuch teilnahmen.

In der Studie von Spiekers et al. (2009) heißt es dazu nur sehr allgemein (Seite 7):

„Auf Grund der beschränkten Tierzahl und dem erforderlichen Tieraustausch über die gewählte lange Versuchsdauer ergeben sich teils Unterschiede in den Leistungsdaten, die aus den kaum vermeidbaren Unterschieden zwischen Tiergruppen und der normalen Streuung im Versuch erklärbar sind. Für die eigentliche Versuchsfrage der Beeinträchtigung von Leistung, Gesundheit und Stoffwechsel sind diese jedoch von geringer Relevanz.“

Noch fragwürdiger ist die Schlussfolgerung in Steinke, 2009:

„Feeding of Bt-maize over a period of 25 months had no effects on the performance and metabolic parameters in this study. The statistical differences between isogenic and transgenic fed dairy cows (milk protein, milk fat and glucose) in the 1st lactation were not confirmed in the 2nd lactation and are probably due to individual or physiological differences between animals.“³

In dieser Publikation von Steinke et al. (2009) werden erstens nicht alle relevanten Daten genannt und zweitens wird verschwiegen, dass 50% der Tiere ausgetauscht wurden – obwohl das eine naheliegende Ursache dafür ist, dass manche der signifikanten Unterschiede aus der ersten Laktationsperiode in der zweiten Laktationsperiode wieder verschwunden waren.

Ein generelles Versäumnis ist, dass man sich im Vorfeld des Versuchs nur oberflächlich mit der Frage auseinandergesetzt hat, wie durch das in den Pflanzen produzierte Bt-Toxin unerwartete Effekte verursacht werden könnten. In der Einleitung auf Seite 3 der Anlage 1 (Spiekers et al., 2009) wird der Wirkmechanismus des Bt-Toxins auf eine Weise dargestellt, die man (zumindest teilweise) als überholt ansehen muss. Vielmehr ist davon auszugehen, dass bei der Wirkung des Bt-Toxins u.a. Wechselwirkungen mit der Darmflora der betroffenen Tiere auftreten (Broderick et al., 2006 und 2009). Diese neueren Veröffentlichungen legen nahe, dass der Wirkmechanismus der Bt-Toxine insgesamt bisher nicht ausreichend verstanden wurde und die Wirksamkeit des Giftes von verschiedenen Faktoren abhängig ist. Dies kann auch seine möglichen Auswirkungen auf Säugetiere betreffen. Zu deren Untersuchung hätte man aber einen spezifischeren Versuchsaufbau wählen müssen.

³ Übersetzung durch den Autor: „Eine Verfütterung von Bt-Mais über einen Zeitraum von 25 Monaten hatte keine Effekte auf die Performance und die Stoffwechselfparameter in dieser Studie. Die in der ersten Laktationsperiode gefundenen statistischen Unterschiede zwischen den mit isogenem und transgenem Mais gefütterten Milchkühen (Milcheiweiß, Milchfett und Glukose) wurden in der zweiten Laktationsperiode nicht gefunden und gehen wahrscheinlich auf individuelle oder physiologische Unterschiede zwischen den Tieren zurück.“

Schlussfolgerungen

Die vorliegenden Untersuchungsergebnisse sind methodisch und in ihrem Ergebnis interessant, sind aber für eine tatsächliche Beantwortung der Fragen nach der Tiergesundheit und der Nachweisbarkeit von DNA und Bt-Eiweiß aus gentechnisch verändertem Mais nicht ausreichend.

Zur Untersuchung der Tiergesundheit war der Versuchsaufbau und Versuchsablauf nur eingeschränkt geeignet. Die vorgelegten Analysemethoden bezüglich des DNA- und Eiweißnachweises sollten in Ringversuchen validiert und ihre Verlässlichkeit anhand von Ergebnissen überprüft werden, die von anderen Autoren bereits veröffentlicht wurden.

Allgemeine Schlussfolgerungen, wie beispielsweise die Behauptung, dass sich DNA und Proteine aus gentechnisch veränderten Pflanzen grundsätzlich nicht in Produkten von Tieren finden lassen, die mit diesen gentechnisch veränderten Pflanzen gefüttert wurden, lassen sich durch die vorliegenden Untersuchungen ebenso wenig belegen wie die Behauptung, dass sich bei Kühen bei einer Verfütterung des gentechnisch veränderten Maises MON810 keinerlei Auswirkungen auf deren Stoffwechsel gezeigt hätten. Chronische, subklinische negative Effekte bei Kühen, die gentechnisch veränderten Mais gefressen haben, können durch diese Studie nicht mit Sicherheit ausgeschlossen werden. Diese Effekte können sich ggf. unter Praxisbedingungen (gestörte Tiergesundheit, nicht leistungsgerechte Fütterung) wesentlich deutlicher zeigen. Leider war der Versuchsaufbau nicht dazu geeignet, diese Fragen zu untersuchen.

Korrekterweise lässt sich nur sagen, dass unter den gewählten Versuchsbedingungen keine Anzeichen für eine akute Gesundheitsschädigung der Tiere zu beobachten waren. und dass es mit den neuen Testmethoden nicht gelungen ist, Eiweiße oder DNA nachzuweisen, die für gentechnisch veränderte Pflanzen spezifisch sind.

Positiv kann auch vermerkt werden, dass mit diesen Versuchen deutlich gemacht wurde, dass bisher nur wenige aussagekräftige Langzeituntersuchungen vorliegen, anhand derer die Auswirkungen von gentechnisch verändertem Mais auf die Tiergesundheit beurteilt werden könnten.

Quellen

Brade W. & Flachowsky G., 2005, Rinderzucht und Milcherzeugung, Empfehlungen für die Praxis, Landbauforschung Völkenrode, Bundesanstalt für Landwirtschaft FAL, Sonderheft 289

Broderick N.A., Raffa K.F., Handelsman J., 2006, Midgut bacteria required for *Bacillus thuringiensis* insecticidal activity: PNAS 103(41): 15196-15199

Broderick N.A., Robinson C.J., McMahon M.D., Holt J. Handelsman J. & Raffa K.F., 2009, Contributions of gut bacteria to *Bacillus thuringiensis*-induced mortality vary across a range of Lepidoptera. BMC Biology 7: 11.

Crespo A.L.B., Spencer T.A., Nekl E., Pusztai-Carey M., Moar W.J., Blair D.S., 2008, Comparison and Validation of Methods To Quantify Cry1Ab Toxin. *Bacillus thuringiensis* for Standardization of Insect Bioassays: Applied and Environmental Microbiology, 74: 130–135.

Finamore A., Roselli M., Britti S., Monastra G., Ambra R., Turrini A., and E. Mengheri, 2008, Intestinal

and Peripheral Immune Response to MON810 Maize Ingestion in Weaning and Old Mice, *J. Agric. Food Chem.*, 56 (23), pp 11533–11539

Flachowsky G., 2006, Zum Einsatz von Futtermitteln aus gentechnisch veränderten Pflanzen (GVP) in der Tierernährung, *Tierärztliche Umschau* 61, 591-600.

Greenpeace, 2004 a, „Wie kommen die Gene in die Milch?“ erhältlich bei Greenpeace; online in aktualisierter Fassung von 2009 unter http://www.greenpeace.de/themen/gentechnik/lebensmittel/artikel/wie_kommen_die_gene_in_die_milch/

Greenpeace, 2004 b, „Gempflanzen hinterlassen Spuren in der Milch“, erhältlich bei Greenpeace

Guertler P., Paul V., Albrecht C., Meyer H.H.D., 2009, Sensitive and highly specific quantitative real-time PCR and ELISA for recording a potential transfer of novel DNA and Cry1Ab protein from feed into bovine milk. *Analytical and Bioanalytical Chemistry* 393: 1629-1638; Anlage 3 zum Abschlussbericht des Forschungsvorhabens

Klotz A., Mayer J., Einspanier R., 2002, „Degradation and possible carry over of feed DNA monitored in pigs and poultry“, *Eur Food Res. Technol.*, 214: 271-275.

Kroghsbo S., Madsen C., Poulsen M., 2008, Immunotoxicological studies of genetically modified rice expressing PHA-E lectin or Bt toxin in Wistar rats. *Toxicology*, 245: 24-34.

Mazza R., Soave M., Morlacchini M., Piva G. & Marocco A., 2005, Assessing the transfer of genetically modified DNA from feed to animal tissues, *Transgenic Res.* 14, 775-784

Phipps R.H., Deaville E.R., and Maddison B.C., 2003, „Detection of transgenic and endogenous plant DNA in rumen fluid, duodenal digesta, milk, blood and feces of lactating dairy cows“, *J. Dairy Sci.*, 86 p 4070-4078.

Schubbert R., Lettmann C., and Doerfler W., 1994, Ingested foreign (phage M13) DNA survives transiently in the gastrointestinal tract and enters the bloodstream of mice, *Molecular Genetics and Genomics* 242, 495-504.

Schubbert R., Renz D., Schmitz B., and Doerfler W., 1997, Foreign (M13) DNA ingested by mice reaches peripheral leukocytes, spleen, and liver via the intestinal wall mucosa and can be covalently linked to mouse DNA, *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA* 94, 961-966.

Schubbert R., Hohlweg U., Renz D., and Doerfler W., 1998, On the fate of orally ingested foreign DNA in mice: chromosomal association and placental transmission to the fetus, *Molecular Genetics and Genomics* 259, 569-576.

Spiekers H., Meyer H.H.D., Schwarz F.J., Steinke K., Preißinger W., Albrecht C., Gürtler P, Paul V., Wiedemann, S., 2009, Auswirkungen eines langfristigen Einsatzes von gentechnisch verändertem Mais (MON810) in der Milchviehfütterung auf Leistungs- und Stoffwechselformparameter – Versuchsbericht – Teil: Fütterungsversuch. (2009), Manuskript, Anlage 1 zum Abschlussbericht des Forschungsvorhabens

Steinke K., Paul V., Gürtler P., Preißinger W., Wiedemann S., Albrecht C., Spiekers H., Meyer H.H.D., Schwarz F.J., 2009, Effects of long-term feeding of genetically modified maize (Bt-maize, MON810) to dairy cows on performance and metabolic parameters. *Proceedings of the Society of Nutrition Physiology* 18 (2009) 110, Anlage 2 zum Abschlussbericht des Forschungsvorhabens

Zusammenfassung
zum derzeitigen wissenschaftlichen Stand in Bezug auf Futtermittel aus gentechnisch veränderten Pflanzen und der darauf basierenden Milcherzeugung

Kein Übergang von gentechnisch veränderten Komponenten aus Tierfutter in Milch

DNA ist Bestandteil der täglichen Nahrung. Gentechnisch veränderte DNA verhält sich im Verdauungsprozess der Milchkuh genauso wie nicht gentechnisch veränderte Pflanzen-DNA. Es ist in der Wissenschaft gesichert und unstrittig, dass die Verfütterung gentechnisch veränderter Futtermittel an Kühe nicht dazu führt, dass sich die Milch dieser Kühe von der Milch solcher Kühe unterscheidet, die mit entsprechenden nicht gentechnisch veränderten Futtermitteln gefüttert wurden. Anders lautende Studien liegen nicht vor.

In wissenschaftlichen Fütterungsstudien, die nach international anerkanntem Standard durchgeführt wurden, konnten in der Milch keine Komponenten (weder als gentechnisch veränderte DNA noch als resultierendes Protein) aus der gentechnischen Veränderung der Futtermittel nachgewiesen werden. Die Futtermittel hierbei waren in der EU zugelassene gentechnisch verändertes Soja bzw. gentechnisch veränderter Mais. Die heutigen Untersuchungsmethoden für genetisches Material sind in der Lage, kleine Fragmente der DNA auch in sehr geringen Mengen zuverlässig nachzuweisen.

Die Frage des Eintrags gentechnisch veränderten Materials von außen in die Rohmilch, d. h. nicht durch Verfütterung, muss außer Betracht bleiben, da dieser bei der Gewinnung der Milch zu vermeiden ist.¹

gez.

Prof. Dr. Ralf Einspanier
Freie Universität Berlin,
Institut für Veterinär-Biochemie

Prof. Dr. Gerhard Flachowsky
Bundesforschungsanstalt für Landwirtschaft,
Braunschweig, Institut für Tierernährung

Prof. Dr. Knut J. Heller
Bundesforschungsanstalt für Ernährung und
Lebensmittel, Kiel
Institut für Mikrobiologie

Prof. Dr. Gerhard Jahreis
Friedrich-Schiller-Universität Jena,
Biologisch-Pharmazeutische Fakultät,
Institut für Ernährungswissenschaften

Prof. Dr. Klaus-Dieter Jany
Bundesforschungsanstalt für Ernährung und
Lebensmittel Karlsruhe,
Molekularbiologisches Zentrum

Prof. Dr. Dr. Heinrich H.D. Meyer
Technische Universität München,
Wissenschaftszentrum Weihenstephan für Ernährung,
Landnutzung und Umwelt, Lehrstuhl für
Physiologie

¹ Der Nachweis von Spuren gentechnisch veränderter Futtermittel in Milchproben, die im Auftrag der Hessischen Landesvereinigung für Milch und Milcherzeugnisse untersucht wurden, führt nicht zu einer abweichenden Betrachtung. Es handelt sich um private, nicht unter wissenschaftlichen Bedingungen gezogene Proben. Die Untersuchungsergebnisse sind aufgrund mangelnder Qualitätssicherung bei der Probengewinnung wissenschaftlich nicht verwertbar. Der Auftraggeber wurde darüber zeitnah informiert.