GfÖ Arbeitskreis Theorie in der Ökologie 2003: Gene, Bits und Ökosysteme (Hrsg: H. Reuter, B. Breckling, & A. Mittwollen), P. Lang Verlag Frankfurt/M; 19-45

Biologische Risikoforschung zu gentechnisch veränderten Pflanzen in der Landwirtschaft: Das Beispiel Raps in Norddeutschland

Broder Breckling[1], Ulrike Middelhoff[2], Peter Borgmann[3], Gertrud Menzel[1], Ruth Brauner[4], Andreas Born[5], Hendrik Laue[6], Gunther Schmidt[7], Winfried Schröder[7], Angelika Wurbs[8] & Michael Glemnitz[8],

[1] UFT, Abt. 10 (Ökologie), Universität Bremen, Leobener Str, 28357 Bremen, broder@uni-bremen.de, gmenzel@uni-bremen.de

[2]Universität Kiel, Ökologiezentrum, Olshausenstr. 75, uli@ecology.uni-kiel.de

[3]Spezielle Botanik, Universität Osnabrück, Barbarastr. 11, 49076 Osnabrück, Peter.Borgmann@Biologie.Uni-Osnabrueck.de

[4]Öko-Institut e. V., Postfach 6226, 79038 Freiburg, r.brauner@oeko.de

[5]UFT, Abt 12 (Physiogeographie), Leobener Str, Universität Bremen, 28334 Bremen, born@uni-bremen.de

[6]Institut für Umweltphysik, Universität Bremen, Postfach 330 440 28334 Bremen, hlaue@iup.physik.uni-bremen.de

[7]Institut für Umweltwissenschaften (IUW), Hochschule Vechta, Oldenburger Str. 97, 49377 Vechta, gschmidt@iuw.uni-vechta.de, winfried.schroeder@ispa.uni-vechta.de

[8] Zentrum für Agrarlandschafts- und Landnutzungsforschung (ZALF) e.V., Eberswalder Str. 84, 15374 Müncheberg, awurbs@zalf.de, mglemnitz@zalf.de

Abstract

The production of genetically modified (GM) plants became feasable as a result of biotechnological advancement. Oilseed rape is one of the species where genetical modifications have been applied. Admission for these varieties in Europe is sought but not yet given. Biosafety research attempts to analyse potential implications and processes which may result from an introduction and commercialisation of this GM crop in Europe. The paper presents the current state of the joint research project GenEERA (Generic analysis and extrapolation of oilseed rape dispersal), which aims at an extrapolation of potential interaction of GM oilseed rape and conventional crops as well as feral populations and potential hybridisation partners. The paper presents the projects approach to combine information on different integration levels, on the

molecular and eco-physiological level, up to geographical information and remote sensing data in order to estimate potential distribution dynamics on the landscape level for larger regions. The investigation area of the project is Northern Germany. Results which are already obtained concern regional phenological implications, cultivation density by remote sensing and feral population density estimations based on vegetation surveys. It can be expected, that in case of commercialisation cross-pollination between neighbouring fields will take place and that the persistence time of transgenic varieties outside cultivation areas may be in the order of magnitude of decade(s). The approach gives an example, how ecological modelling can be used to combine different information levels to derive conclusions on higher scale.[1]

Keywords: genetically modified organisms (GMO), oilseed rape, biosafety research, ecological risk
Schlüsselworte: genetisch veränderte Organismen, Raps, biologische Sicherheitsforschung, ökologische Risiken

1 Einführung: Die Bedeutung von Raps als Forschungsobjekt in der ökologisch orientierten Risikoforschung

Aus der Kombination und dem Zusammenwirken verschiedener, zuvor getrennt operierender Arbeitsgebiete ergeben sich häufig Innovationen, die aus isolierter Einzelperspektive nicht erreicht werden können. Eine solche Erweiterung des Erkenntnisrahmens wie auch des Nutzungspotenzials folgte beispielhaft aus der Einführung neuer molekularer Arbeitstechniken in die Pflanzenzüchtung. In ebenso großem Maße erweiterten sich durch die Anwendung molekularbiologischer Methoden die Möglichkeiten der biologischen Risikoforschung. Letztere kombiniert ein breites Spektrum biogeographischer, ökologischer, physiologischer und biochemischer Methoden, unter anderem um Aussagen über das Umweltverhalten von gentechnisch veränderten (GV-) Pflanzen zu machen. Während in der gentechnischen Pflanzenzüchtung eine Erweiterung „nach unten“ in den molekularen Bereich hinein stattgefunden hat, integriert die Risikoforschung Erweiterungen in beide Richtungen, „nach unten“ wie auch „nach oben“ und umfasst neben den molekularen ebenso agronomische Ansätze, klassische autökologische und synökologische Methoden und schließt Fernerkundung sowie Regionalstatistik ein und bringt geografische Informationssysteme und ökologischer Modellbildung zur Anwendung. Dieser Beitrag begründet anhand einer Fallstudie zu Raps (*Brassica napus*) die Notwendigkeit für das komplexe Herange-

[1] Der Artikel fasst drei Beiträge zusammen, die im Rahmen der Tagung „Gene, Bits und Ökosysteme“ des Arbeitskreises Theorie in der Ökologie gehalten wurden. Schwerpunkte der Einzelbeiträge waren Fernerkundung, Geografisches Informationssystem und Individuenbasierte Modellierung. Zur Abschätzung des Ausbreitungpotenzials von gentechnisch verändertem Raps wurden diese zu einer Systemanalyse verbunden, die die Bezüge von Prozessen auf unterschiedlichen Skalen und Organisationsebenen thematisiert. Hierzu ist die Kombination verschiedener Methoden erforderlich.

hen der ökologischen Risikoforschung mit der Verschiedenheit der Wirkungsebenen, auf denen durch gentechnisch veränderte Organismen in der Umwelt potenzielle Effekte zu erwarten sind.

Raps wird in weiten Teilen Mitteleuropas, in Kanada, den USA und in Australien angebaut. In Deutschland hat der Rapsanbau in den nördlichen und nordöstlichen Bundesländern seinen Schwerpunkt. Raps trägt als Ölsaat zur menschlichen Ernährung bei und liefert darüber hinaus industriell verwertbare Rohstoffe. Die Entwicklung transgener Rapssorten ist aufgrund der Verbreitung des Rapsanbaus kommerziell interessant, weil transgene Sorten patentrechtlich weitergehend schützbar sind als konventionelle Sorten. Für die Risikoforschung in Mitteleuropa ist Raps von besonderer Bedeutung, da sein Ursprungsgebiet und das anderer Brassicaceae-Arten hier und in Südeuropa angenommen wird (siehe `http://www.mpiz-koeln.mpg.de/pr/garten/schau/BrassicanapusLvarnapus/Rape.html`). Im Gegensatz zu vielen anderen in Mitteleuropa angebauten Kulturpflanzen kommen hier zahlreiche Wildarten vor, mit denen Raps Hybride bilden kann. Für die Biologische Sicherheitsforschung ist eine Abschätzung, welche Rolle Transgene in Wildpopulationen spielen können und wie groß die Interaktionswahrscheinlichkeiten sind, deshalb von besonderem Interesse (siehe `http://www.biosicherheit.de`). Im hier vorgestellten Forschungsansatz, der verschiedene Organisationsebenen einbezieht, wird der Weg beschrieben, der zur Abschätzung der Ausbreitung und Persistenz transgener Konstrukte und damit zur Beurteilung deren biologischen Risikos zurückzulegen ist. Raps ist für dieses Vorhaben in verschiedener Hinsicht besonders bedeutsam. Der Anbau erfolgt auf einem erheblichen Anteil der landwirtschaftlich genutzten Fläche. In Übersee werden transgene Sorten bereits in großem Umfang kommerziell angebaut. In Europa liegen aktuell mehrere Zulassungsanträge vor (siehe `http://www.rki.de/GENTEC/INVERKEHR/INVKLIST.HTM`). deren Genehmigung für den Europäischen Raum erstmals den Anbau einer gentechnisch veränderten Pflanze in ihrer Ursprungsregion ermöglichen würde, in der zahlreiche Interaktionen mit verbreiteten Wildarten zu erwarten sind. Die Funde von transgenem Erbmaterial in mittelamerikanischen Landrassen von Kulturmais (Quist & Chapela, 2001)[2] belegen eindringlich die Intensität und Reichweite solcher Interaktionen.

Am Beispiel von Raps lässt sich für den Europäischen Kontext der Zusammenhang verdeutlichen, den die Analyse zurücklegen muss, wenn sie vom molekularen Ereignis der gentechnischen Transformation bis hin zu großräumigen Folgewirkungen für Biodiversität und Landschaftshaushalt potentiell relevante Effekte ansprechen will. Der Beitrag basiert auf Arbeiten des Projekts GenEERA (Generische Erfassung und Extrapolation der Raps-Ausbreitung), das unter dem Förderkennzeichen 0312637 vom BMBF geför-

[2] Die Untersuchungen an Mais wurden 2 Jahre nach dem 1998 erlassenen Anbauverbot durch die Mexikanische Regierung durchgeführt. Drei weitere Studien des mexikanischen Umweltministeriums belegen, dass in 11 Gemeinden ca. 3-10% aller untersuchten Pflanzen (Landrassen und Wildformen von Mais) gentechnisch veränderte DNA enthalten, in 4 weiteren Gemeinden waren es 20-60% der Pflanzen. Weitere Informationen hierzu unter `http://www.blauen-institut.ch/Pg/pF/all\_pf.html`

dert wird. Beschrieben werden hier neben den konzeptionellen Grundlagen auch einige der bisher erzielten Teilergebnisse.

2 Von der gentechnischen Transformation zur biologischen Risikoforschung

Die Vielfalt der molekularen Abläufe in einer Zelle ist bei weitem nicht vollständig untersucht. Die Entschlüsselung genetischer und physiologischer Zusammenhänge ist aber so weit fortgeschritten, dass in das Erbgut von Organismen beliebige Gensequenzen eingefügt werden können, die weder auf natürlichem Wege noch mit den bisher verfügbaren Methoden der Züchtung dort hinein gelangen könnten. Als transgen wird ein Organismus bezeichnet, wenn in seinem Genom Sequenzen vorhanden sind, die mit Hilfe gentechnischer Methoden bei ihm oder einem seiner Vorfahren eingefügt wurden. Die Gensequenzen können anderen Organismen oder Viren entstammen; auf gentechnischem Wege können aber auch im Organismus bereits vorhandene Gene vervielfältigt oder umgruppiert werden. Ferner ist es möglich, die Expression vorhandener Gene zu unterdrücken sowie synthetische Sequenzen einzufügen. Dazu ist es nicht ausreichend, lediglich die genetische Information des gewünschten Zielgens zu transferieren. Neben regulatorischen Sequenzen wie Start- und Stopsignalen sind noch weitere Bestandteile mit sekundärer Funktionalität erforderlich, um die gewünschte Wirkung einer gentechnischen Transformation zu erzielen.

Die Startsequenzen - sogenannte Promotoren - sorgen dafür, dass Polymerasen, die den Ablesevorgung von Genen bewirken, eine Bindungsstelle für die Einleitung des Ablesevorgans finden. Im Rahmen der gentechnischen Anwendung müssen diese so geartet sein, dass die Zielgene ausreichend häufig und überall im Genom abgelesen werden. Häufig wird z.B. eine Promotorsequenz verwendet, die aus dem Blumenkohl-Mosaikvirus (CaMV) stammt (Brand, 1995). Dieser Teil eines parasitären Genoms ist im Rahmen einer natürlichen Virusinfektion daraufhin ausgelegt, den Zellstoffwechsel einer Wirtspflanze zugunsten der eingedrungenen viralen Gene umzusteuern. Der CaMV-Promotor besitzt in dieser Hinsicht eine wesentlich höhere Wirksamkeit als die natürlicherweise in der Zelle vorkommenden Promotoren. Ohne effizienten Promotor würden Transgene sonst trotz Weitervererbung in der Zelle das erwünschte Genprodukt nicht im angestrebten Umfang bilden.

In vielen Fällen werden zusätzlich Markergene benötigt, um diejenigen Zellen bzw. Organismen selektieren zu können, in denen eine erfolgreiche Transformation stattgefunden hat. Häufig wird eine Antibiotikaresistenz zu diesem Zweck verwendet. Bei einer Antibiotikabehandlung sterben diejenigen Zellen, welche die transgene Sequenz nicht exprimieren. Aus den erfolgreich transformierten Einzelzellen sind schließlich vollständige Pflanzen zu regenerieren. Dies erfolgt mittels Hormonbehandlungen aus einer Gewebekultur der transformierten Zellen.

Sobald der Gesamtorganismus ausgehend von der zellulären Ebene regeneriert ist, beginnen die Untersuchungen seiner Ei-

genschaften. Dies ist notwendig, weil es mit den etablierten gentechnischen Methoden in der Regel noch nicht möglich ist, bei der Einfügung die Position eines Transgens im Genom gezielt zu bestimmen. Daher kann es je nach Insertionsort zu unterschiedlichen Nachbarschaftseffekten (Positionseffekte, z.B. durch Stilllegung vorhandener Gene, veränderte Regulation benachbarter Gene) kommen. Darüber hinaus können sich in dem gentechnisch veränderten Organismus auch auf molekularer Ebene neuartige Interaktionen ergeben. Artfremde Moleküle, die auf Grundlage der gentechnischen Veränderung gebildet werden, können mit den vorhandenen molekularen Komponenten reagieren und so neben den erwünschten auch unerwartete, neue Eigenschaften bedingen (pleiotrope Effekte, Lips, 1998).

Aufgrund der Vielfalt der Verknüpfungen auf der molekularen Ebene ebenso wie zwischen der molekularen und der organismischen Ebene ist die Charakterisierung der Eigenschaften eines transformierten Organismus eine umfangreiche Aufgabe. Den Vorrang hat zunächst die Untersuchung der Stabilität des Transgens auf zellulärer Ebene sowie der Grad seiner Expression in den verschiedenen Organen. Von großer Bedeutung sind für die Pflanzenentwickler aber auch agronomisch relevante Eigenschaften.

Im Rahmen des Zulassungsverfahrens können potenzielle Veränderungen überprüft werden, denen der transgene Organismus im Hinblick auf die Nutzung und auf seine Umweltbeziehungen unterliegt. Der Bereich der Nutzung betrifft die Sicherheit als Nahrungsmittel bzw. für den angestrebten Verwendungszweck, also die Wechselwirkungen, denen der Organismus im Hinblick auf die Anthroposphäre unterliegt. Die Umweltbeziehungen betreffen den Bereich der Wechselwirkungen mit der Ökosphäre, die wir hier schwerpunktmäßig betrachten.

Die Überprüfung agronomisch relevanter Eigenschaften beruht auf Untersuchungsprotokollen und Kriterien, die auch im Rahmen der klassischen Pflanzenzucht angewandt werden. Sie stützt sich im wesentlichen auf die Entwicklung der Pflanzen in zeitlicher (Phänologie) und struktureller Hinsicht (Morphologie). Im Rahmen dieser Prüfungen sollten alle Transformanten mit agronomisch relevanten Störungen entdeckt und ausgeschlossen werden können. Die Erfahrung hat jedoch gezeigt, dass Transformanten mit Eigenschaften, die auf besonders gearteten oder nur unter spezifischen Bedingungen auftretenden Wechselwirkungen basieren, unentdeckt bleiben können. So ist erst seit kurzem für GV-Raps bekannt, dass natürlich auftretende Infektionen mit dem Blumenkohl-Mosaikvirus die transgene Eigenschaft unterdrücken können, wenn diese mit einem CaMV-Promotor reguliert ist (Al-Kaff et al., 2000). Dieser Effekt beruht auf unerwarteten Wechselwirkungen zwischen dem Virus und erbgleichen viralen Gensequenzen im Genom der transgenen Pflanze. Weitere Fälle unerwarteter Wechselwirkungen, die im Rahmen des kommerziellen Anbaus zu erheblichen finanziellen Ausfällen führten, sind für Baumwolle und Soja bekannt. So entwickelte eine herbizidresistente Baumwollsorte unter Klimastress missgebildete Baumwollkapseln (Hagedorn, 1997). Eine ebenfalls herbizidresistente Sojasorte wies auf Grund der gentechnischen Veränderung einen unerwartet hohen Ligningehalt auf, der bei erhöhten Temperaturen zur Spaltung der Stengel

und damit verbunden zu Ertragseinbußen führte (Gertz et al., 1999; Coghlan, 1999).

Noch schwieriger gestaltet sich die Prüfung von möglichen Umweltwirkungen. Zum einen hat die Entwicklung von Untersuchungsprotokollen und Kriterien gerade erst begonnen. Zum anderen gehen die Fragestellungen weit über die Ebenen hinaus, die im Falle der Nutzungsaspekte betroffen sind. Durch das Transgen können Räuber-Beute - bzw. Wirt-Parasit Beziehungen betroffen sein oder die Empfindlichkeit des Organismus gegenüber von Pathogenen. Praktisch kann das gesamte ökologische Gefüge, mit dem der Organismus wechselwirkt, durch das Transgen im zeitlichen bzw. räumlichen Ausprägungsmuster beeinflusst werden. Die Beeinflussung kann von dem Transgen selbst ausgehen, indem dieses die Fertilität oder die Überlebensfähigkeit der Pflanze verändert. Beispielhaft ist dies für *Arabidopsis thaliana*, eine verbreitete Versuchspflanze der Gentechnologie, belegt. In einem Versuch wurde diese entfernte Verwandte von Raps durch die Einführung eines Herbizidresistenzgenes unerwartet so verändert, dass die Pflanzen, die sich sonst ausschließlich selbst befruchten, nun auch von anderen Individuen der eigenen Art befruchtet werden konnten (Bergelson et al., 1998). Die Beeinflussung kann auch auf sogenannten sekundären Effekten beruhen. Diese bestehen darin, dass z.B. veränderte Anbau- oder Nutzungsformen ein verändertes Ausbreitungspotenzial oder veränderte Möglichkeiten des Genflusses zu anderen Populationen mit sich bringen. Dass der Genfluss in andere Arten die möglichen Folgewirkungen potenziert, zeigt beispielhaft eine Untersuchung an Sonnenblumen mit einer gentechnisch eingeführten Insektenresistenz. Nachkommen einer Kreuzung aus transgenen Kultursonnenblumen mit wilden Sonnenblumen wiesen neben der erwarteten Insektenresistenz eine unerwartet erhöhte Samenproduktion auf (Pilson et al., 2002).

Die Überprüfung von GV-Pflanzen erstreckt sich unter Containment-Bedingungen, d.h. im Labormaßstab und im Gewächshaus, zunächst auf die zelluläre und organismische Ebene. Anschließende Freisetzungsversuche zielen auf die Populations- bzw. Schlag-Ebene („Farm-Scale“). Darüber hinausgehende großräumigere Zusammenhänge wie mögliche Wechselwirkungen zwischen verschiedenen Äckern bzw. mit dem umgebenden agrarisch sowie nicht agrarisch genutzten Raum, Ausbreitungs- und Auskreuzungsprozesse sind bisher weniger untersucht. Für eine Beurteilung der Auswirkungen des routinemäßigen Anbaus („Inverkehrbringen“) ist diese Ebene aber letztlich die entscheidende - und auch die am schwersten zu behandelnde. Denn auf großen Skalen kann praktisch nicht experimentiert werden. Aussagen auf dieser Ebene müssen wesentlich aus der synoptischen Extrapolation der untersuchten Teilprozesse abgeleitet werden. Bei transgenen Organismen ergibt sich ein Zusammenwirken bekannter Interaktionen mit einem Gefüge unbekannter Beziehungen. Die Evaluation und Bewertung der beobachtbaren und der potenziell zustandekommenden Resultate ist Gegenstand der biologischen Risikoforschung.

Die Forschungsvorhaben, die das BMBF in diesem Bereich fördert, decken verschiedene Ebenen ab. Darunter sind molekulare Optimierungen der Herstellung transgener Sorten (z.B. die Ent-

wicklung von Transformationsmethoden, die ohne Markergene auskommen), die Untersuchung agronomisch bedeutsamer Eigenschaften der transformierten Pflanzen (z.B. Resistenzeigenschaften einzelner gentechnisch veränderter Sorten) und Nahrungskettenbeziehungen (siehe `www.biosicherheit.de`). Das Projekt GenEERA untersucht als einziges der vom BMBF geförderten Vorhaben eine Fragestellung, die auf eine Abdeckung eines großen Skalenbereichs abzielt und sich nicht mehr im räumlich begrenzten Experiment behandeln lässt, sondern die Zusammenfassung und Extrapolation des Wissens über beteiligte Detailprozesse erfordert, um daraus Implikationen für den Gesamtzusammenhang abzuleiten.
Als Beispiel, an dem ein solcher Weg der Erkenntnisgewinnung exemplarisch durchgeführt werden soll, wurde die Ausbreitung und Persistenz von Transgenen aus GV-Raps gewählt. Für Raps spricht, dass die ökologischen Zusammenhänge besonders bedeutend sind, da Raps im Gegensatz zu vielen anderen gentechnisch bearbeiteten Kulturpflanzen ein nicht vernachlässigbares Verwilderungspotenzial besitzt. Wild wachsende Bestände kommen häufig an Standorten vor, an denen auch verwandte Wildarten zu finden sind.

3 Gentechnische Veränderungen an Raps: Motivation zur Entwicklung herbizidresistenter Sorten

Die zur Zeit in Entwicklung befindlichen bzw. im Ausland für den Anbau zugelassenen gentechnisch veränderten Pflanzen sind überwiegend solche, die monogen transformiert sind, d.h. die ein bestimmtes Protein bilden, das die gewünschte Eigenschaft vermittelt.

Bei Raps (wie auch bei anderen Kulturpflanzen) kann eine Herbizidresistenz dadurch erreicht werden, dass ein bakterielles Gen zur Expression gebracht wird. Durch diese Transformation sollen betriebsökonomische Verbesserungen erreicht werden. Für die Verbraucher bringen sie keine Vorteile. Totalherbizide können normalerweise nur vor dem Auflaufen der ausgesäten Kulturpflanzen angewendet werden. Nur bei herbizidresistenten Pflanzen kann eine Anwendung auch zu späteren Zeitpunkten der Entwicklung erfolgen, wenn der Unkrautbewuchs sich einer Schadensschwelle nähert. Da Raps nach dem Rosettenstadium einen nahezu geschlossenen Bestand bildet, kann er ohnehin konkurrierende Wildkräuter relativ gut überwachsen. Herbizidanwendungen erfolgen deshalb meist nur im frühen Stadium der Kultur. Ein die Bodenstruktur schonender, erosionsmindernder, pflugloser Anbau soll durch Herbizidanwendungen in jedem Entwicklungsstadium der Kulturpflanze erleichtert werden. Nach bisherigen Erfahrungen in Kanada und in den USA werden im allgemeinen jedoch die Aufwandmengen durch die Herbizid-Resistenztechnik kaum reduziert. Der Nutzen der Herbizidresistenz wird für Raps daher nicht als besonders groß eingeschätzt (Augustin et al., 1998).

Ein ökonomisches Interesse an der Vermarktung herbizidresistenzter Kulturpflanzen kann trotz relativ geringen Nutzens für den Anwender aus der Perspektive des Anbieters dadurch begründet sein, dass der Patentschutz für die Komplementärherbizide ausläuft und Nachahmerprodukte auf den Markt gebracht

werden können. Sofern ein Hersteller von Pflanzenschutzmitteln patentgeschützte herbizidresistente Sorten mit anbietet, kann er dieses Saatgut in einem Paket - Handel vertreiben. Der Käufer des Saatgutes kann vertraglich zur Abnahme des hauseigenen Pestizids verpflichtet werden. Vertraglich untersagt werden kann neben der Anwendung von Konkurrenzprodukten auch der Nachbau bzw. die Weitergabe von selbst geerntetem Saatgut.

4 Die Bedeutung von Raps als Wild- und Kulturpflanze im Untersuchungsraum Norddeutschland

Raps ist eine alte Kulturpflanze (Schuster, 1992) und unterscheidet sich in ihrer Ökologie von vielen anderen kultivierten Arten. Raps vereinigt das Genom zweier anderer Pflanzen, Rübsen (*Brassica rapa*) und Kohl (*Brassica oleracea*) (Morinaga, 1934). Trotz der jahrhundertelangen Kultivierung hat Raps viele der typischen Wildpflanzeneigenschaften nicht verloren. Dies betrifft insbesondere die Fähigkeit zur Samenausbreitung, die aufgrund der vergleichsweise geringen Platzfestigkeit der Schoten gegeben ist. Das ursprüngliche Verbreitungsgebiet der Ausgangsarten ist der Mittelmeerraum (Sinskaia, 1928; Schiemann, 1932). Es wird vermutet, dass Raps dort als allotetraploide Pflanze spontan entstanden ist. Dies könnte bei der Kultivierung einer der Ausgangspflanzen erfolgt sein oder möglicherweise auch unabhängig davon beispielsweise als Segetalpflanze.

In Deutschland liegt gegenwärtig ein Schwerpunkt des Rapsanbaus in den Bundesländern Schleswig-Holstein, Mecklenburg-Vorpommern und Brandenburg (**Abb. 1**). Aber auch in den übrigen Bundesländern ist der Rapsanbau verbreitet. Raps liefert ein vielfältig einsetzbares Öl, das sowohl in der Nahrungsmittelindustrie als auch für technische Zwecke verwendet werden kann. In Form von Methylester wird Rapsöl darüber hinaus als Kraftstoff genutzt (Bio-Diesel). Seit gut zehn Jahren sind die unverträglichen sekundären Inhaltstoffe Glucosinolat und Erucasäure durch züchterische Bearbeitung in den meisten modernen Rapssorten nur noch in minimalem Anteil enthalten. Seitdem kann Rapsschrot als Futtermittel verwendet werden. Als kultivierte Art wird Raps im Rahmen der Florenkartierung üblicherweise nicht mit erfasst. Über das Ausmaß der Verbreitung von wild wachsendem Raps bzw. dem Grad seiner Einbürgerung lagen bis vor kurzem keine verlässlichen Daten vor. Diese wurden im Kontext der biologischen Sicherheitsforschung und paralleler Projekte erstmalig für größere Raumeinheiten erhoben.

5 Systemanalyse von Ausbreitungsprozessen bei Raps: Skalenübergreifende Betrachtung von Wirkungsbeziehungen

Eine Systemanalyse von Umweltwirkungen muss das Zusammenwirken der wesentlichen Gegebenheiten analysieren, die für das Zustandekommen der jeweiligen Phänomene maßgeblich sind. Zu ermitteln sind also im Hinblick auf das Verbreitungspotenzial von transgenem Raps

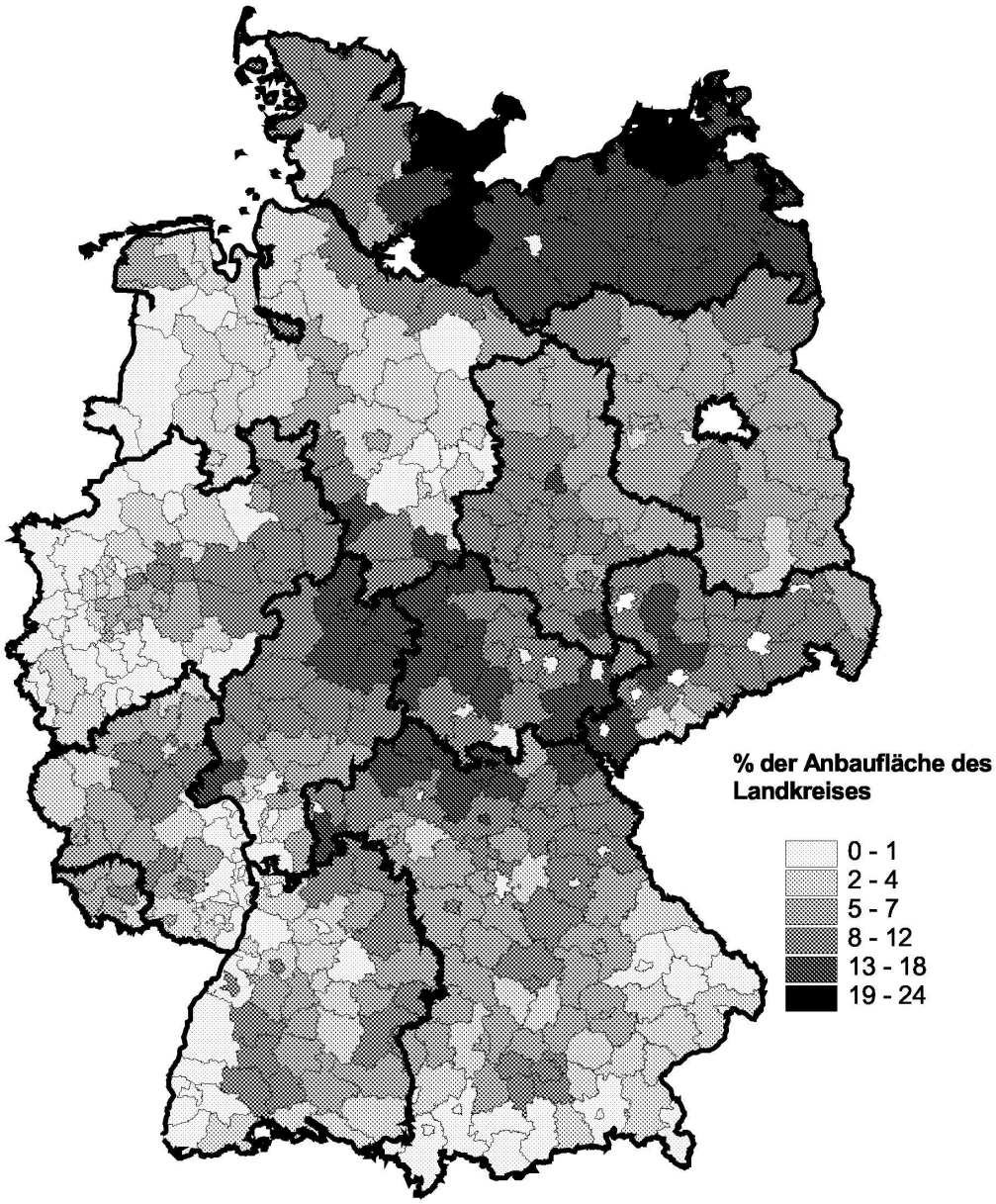

Abb. 1: Die Verbreitung des Rapsanbaus in Deutschland. GIS-Darstellung von R. Misskampf **(Bremen) nach Daten aus Statistik Regional 1999 (in Züghart & Breckling, 2003) .**

diejenigen Faktoren, die für das Vorkommen und die Persistenz von prägender Bedeutung sind. Dazu kann die Analyse der Verbreitung von konventionellem Raps im Zusammenhang mit dem bisherigen Anbau und der Verbreitung von potentiellen Kreuzungspartnern wichtige Grundlagen liefern. Eine entscheidende Frage im Hinblick auf transgenen Raps ist die Möglichkeit des Überdauerns und

der Ausbreitung sowohl im Agrarökosystem als auch darüber hinaus.

Zur Evaluation potenzieller Langzeitwirkungen sind insbesondere die Möglichkeiten genetischer Wechselwirkungen zu betrachten und die Verbreitungsmöglichkeiten im Agraraum und auch darüber hinaus. Diese sind zum einen abhängig von den abiotischen Gegebenheiten, wozu in erster Linie Klima- und Bodenbedingungen zählen. Die Möglichkeit der unerwünschten Persistenz von Transgenen beruht auf diesen Gegebenheiten und ist abzuschätzen. Das betrifft Ackerflächen mit konventionellem Rapsanbau ebenso wie landwirtschaftlichgenutzte Flächen mit anderen Kulturen (Durchwuchs aufgrund vorangegangenen Anbaus von Raps) sowie Brachflächen, Ruderalflächen und Saumbiotope, in denen sich Raps verwildert halten kann. Schließlich ist auch die räumliche Verteilung von mit Raps nahe verwandten Wildarten zu betrachten, um die Intensität genetischer Wechselwirkungen abschätzen zu können.

Das komplexe Wirkungsgefüge lässt sich nur erfassen, wenn Informationen auf verschiedenen Skalenebenen zusammengebracht und in Beziehung gesetzt werden. Als kleinräumig untersuchbare Faktoren spielen insbesondere die ökophysiologischen Eigenschaften von Raps eine Rolle, die Reaktion auf unterschiedliche Umweltbedingungen, Keimfähigkeit und Samenüberdauerung. Im großen Maßstab sind Verbreitung des Anbaus sowie klimatische Variationen als Größen zu nennen, die für einen GVP-Impact zu berücksichtigen sind. Die verschiedenen Ebenen müssen zu einem skalenübergreifenden Gesamtbild verbunden werden. Dazu ist zunächst die systematische Erfassung der Einzelaspekte erforderlich.

Klimatische Rahmenbedingungen

Die klimatischen Rahmenbedingungen sind für den Norddeutschen Raum nicht einheitlich. Im Rahmen der meteorologischen Datenaufnahme des Deutschen Wetterdienstes sind die klimatischen Verläufe in räumlich hinreichend differenzierter Weise erfasst, so dass es möglich ist, für Szenarien entsprechende Kompilationen vorzunehmen. Um die klimatische Variabilität für Extrapolationszwecke zu handhaben, wurden Analysen durchgeführt, die es erlauben, Orte auszuwählen, mit denen eine möglichst weitreichende Raumrepräsentativität erreicht werden kann. Zu den dabei in erster Priorität ermittelten Orten gehört auch der Raum Bremen, der im Schnittbereich verschiedener Einflussfaktoren liegt. Gebiete, die aus klimatischer Sicht ein Maximum der naturräumlichen Variabilität repräsentieren, sind in **Abbildung 2** dargestellt.

Anbausituation

Im Rahmen der Agrarstatistik wird der Rapsanbau quantitativ erfasst. Flächendeckend liegen die Angaben auf Kreisebene aggregiert vor. Der Rapsanbau wird regional unterschiedlich betrieben. Meist ist Raps in eine etwa 4-jährige Fruchtfolge integriert, wobei Getreide als Vor- und Nachfrucht vorkommen. In der Praxis sind häufig Abweichungen zu beobachten, so kommt auch gelegentlich eine Folge Raps - Raps vor. Basierend auf Daten aus einer Erhebungsregion in Brandenburg wurde das Schema in **Tabelle 1** entwickelt.

Sowohl was die agrarstrukturelle Situation (Schlaggrößen) als auch die Betriebsstrukturen betrifft, ist im Norddeutschen Raum ein unterschiedliches Spektrum realisiert. Im allgemeinen sind die einheitlich bewirtschafteten Flächen in den

Tab. 1: Übergangswahrscheinlicheiten Fruchtfolgen (Zeile: aktueller Anbau, Spalte: Wahrscheinlichkeit der Nachfrucht). Die Angaben basieren auf schlagbezogenen Erhebungen einer Testregion Brandenburg. (BRA = Brache, ERB = Erbsen, HAF = Hafer, SGE = Sommergerste, SMA = Silomais, TRI = Triticale, WGE = Wintergerste, WRA = Winterraps, WRO = Winterroggen, WWE = Winterweizen, ZRU = Zuckerrüben, KART = Kartoffeln, SON = Sonderkulturen)

Haupt-	**Vor-Fruchtart**													
Fruchtart	BRA	ERB	HAF	SGE	SMA	TRI	WGE	WRA	WRO	WWE	ZRU	KART	SON	Summe
BRA					0,05	0,2	0,2		0,2	0,2	0,05	0,05	0,05	1
ERB	0,05		0,05		0,1	0,15	0,15	0,05	0,15	0,15	0,05	0,05	0,05	1
HAF	0,05	0,05			0,15	0,1	0,1	0,05	0,1	0,1	0,1	0,15	0,05	1
SGE	0,05				0,3			0,05	0,05	0,05	0,3	0,15	0,05	1
SMA	0,05	0,05	0,05	0,05	0,05	0,15	0,1	0,05	0,15	0,15	0,05	0,05	0,05	1
TRI	0,1	0,05	0,1	0,1	0,1	0,05	0,1	0,1	0,1	0,1		0,05	0,05	1
WGE	0,1	0,15	0,05			0,15		0,3	0,1	0,1			0,05	1
WRA	0,1	0,1		0,1		0,15	0,25		0,15	0,1			0,05	1
WRO	0,1	0,05	0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,05		0,05	0,05	1
WWE	0,1	0,1	0,1		0,15	0,1		0,2		0,05	0,05	0,1	0,05	1
ZRU	0,05	0,05	0,05	0,05		0,2	0,15		0,2	0,2			0,05	1
KART	0,05	0,05	0,05	0,05	0,05	0,15	0,15	0,05	0,15	0,15	0,05		0,05	1
Summe	0,8	0,65	0,55	0,45	1,05	1,5	1,3	0,95	1,45	1,4	0,65	0,65	0,6	

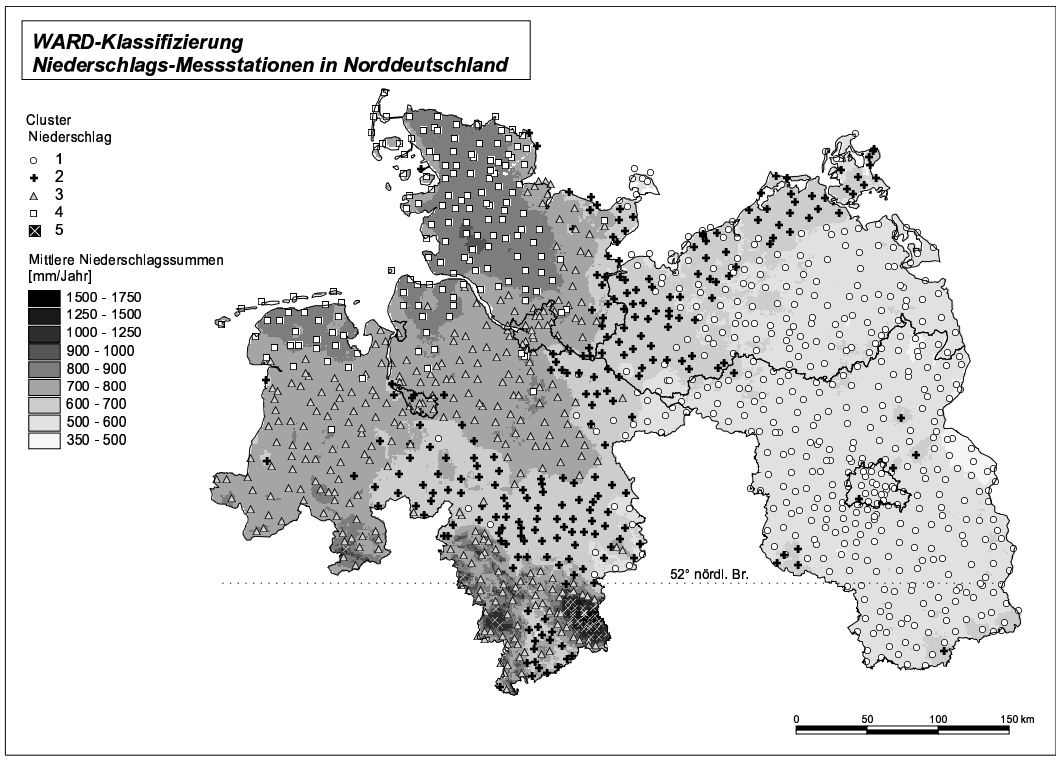

Abb. 2: Auswahl klimatisch repräsentativer Standorte im Norddeutschen Raum.

östlichen Bundesländern größer. Der Rapsanbau variiert naturraumspezifisch und ist in den überwiegend als Grünland genutzten Marschniederungen und in den nicht ackerbaulich bewirtschafteten Mittelgebirgslagen am geringsten. Der Umfang des Anbaus ist entscheidend von agrarpolitischem Einfluss (Agrarsubventionen) abhängig. Deshalb ist es nur schwer möglich, weitere Entwicklungen der Anbausituation vorherzusehen. In den letzten Jahren war der Anbau überwiegend stabil oder hat zugenommen.

Hybridisierungspotenzial

Im Gegensatz zu vielen anderen Kulturpflanzen spielt bei Raps ein möglicher Genaustausch mit Wildarten für die Sicherheitsbeurteilung eine wichtige Rolle. Von Raps ist ein Genfluss zu anderen Arten sogar über Gattungsgrenzen hinweg möglich (siehe Tab. 2). Im Falle eines Anbaus von transgenem Raps ist als Folge potenziell das Auftreten transgener Wildkräuter zu erwarten. In welchem Umfang Genfluss unter Freilandbedingungen tatsächlich vorkommen kann, ist von verschiedenen Faktoren abhängig. Darunter sind neben der genetischen Kompatibilität insbesondere das gemeinsame räumliche Vorkommen und überschneidende Blühfenster zu nennen. In der **Tabelle 2** sind Informationen zum möglichem Genfluss zusammengestellt.

Literatur zur Tabelle 2:
zu *Brassica rapa*: Palmer (1962); Bing et al. (1991, 1996); Jørgensen et al. (1996, 1998); Frello et al. (1995); Warwick et al. (2001)

Tab. 2: Möglichkeiten des Genflusses zwischen Raps und Kreuzungspartnern. Erläuterungen: m = manuelle Handbestäubung, s= spontane freie Bestäubung

Möglichkeiten des Genflusses zwischen Raps ♀ und Kreuzungspartnern ♂ durch manuelle bzw. spontane Bestäubung

	F1-Hybride nachgewiesen	Art der Pollenübertragung	F2-Hybride nachgewiesen	Rückkreuzgeneration nachgewiesen (BC)	Reziproke Kreuzung per Bestäubung möglich (Raps = ♂)	Art in Norddeutschland potenziell verbreitet	Art im Rahmen eigener Erhebungen nachgewiesen
1 *Brassica rapa*	fertil	s	X	X	X	X	X
2 *Brassica juncea*	fertil	s	X	X	X	X	-
3 *Raphanus raphanistrum*	fertil	s	X	X	X	X	X
4 *Hirschfeldia incana*	fertil	s	-	X	X	X	X
5 *Sinapis arvensis*	fertil	m	-	X	-	X	X
6 *Diplotaxis muralis*	fertil	m	-	X	-	X	X
7 *Brassica carinata*	fertil	m	-	X	-	-	-
8 *Sinapis alba*	fertil	m	-	X	-	X	X
9 *Brassica nigra*	fertil	m	-	X	X	X	X
10 *Brassica oleraceae*	fertil	m	X	X	X	X	X
11 *Diplotaxis erucoides*	fertil	m	-	-	-	-	-
12 *Diplotaxis tenuifolia*	steril	m	-	-	-	X	X
13 *Rapistrum rugosum*	steril	m	-	-	-	X	X
14 *Brassica maurorum*	steril	m	-	-	-	-	-
15 *Erucastrum gallicum*	steril	m	-	-	-	X	-
16 *Raphanus sativus*	steril	m	-	-	-	X	X
17 *Brassica tournefortii*	steril	m	-	-	-	-	-
18 *Diplotaxis siifolia*	steril	m	-	-	-	-	-
19 *Brassica fruticulosa*	steril	m	-	-	-	-	-
20 *Diplotaxis catholica*	steril	m	-	-	-	-	-
21 *Eruca sativa*	steril	m	-	-	-	X	-

zu *Brassica juncea*: Bing et al. (1991); Frello et al. (1995); Jørgensen et al. (1996, 1998); Rieger et al. (1999); Warwick et al. (2001)

zu *Raphanus raphanistrum*: Eber et al. (1994); Darmency et al. (1995, 1998); Chévre et al. (1997, 1998, 2000); Rieger et al. (2001)

zu *Hirschfeldia incana*: Harberd (1976); Kerlan et al. (1991); Lefol et al. (1991, 1996b); Eber et al. (1994); M. et al. (1996); Darmency (2001)

zu *Sinapis arvensis*: Inomata (1988); Bing et al. (1991, 1995, 1996); Leckie et al. (1993); Lefol et al. (1996b,a); M. et al. (1996); Inomata (1997); Moyes et al. (1999, 2002)

zu *Diplotaxis muralis*: Shiga (1980); Fan et al. (1985); Ringdahl et al. (1987); Salisbury (1989, 1991); Hyett et al. (1995); Bijral & Sharma (1996b)

zu *Brassica carinata*: Gupta (1997); Getinet et al. (1997)

zu *Sinapis alba*: Bijral et al. (1993)

zu *Brassica nigra*: Heyn (1977); Bing et al. (1991, 1996)

zu *Brassica oleraceae*: Röbbelen (1966); Honma & Summers (1976); Gupta (1997)

zu *Diplotaxis erucoides*: Ringdahl et al. (1987)

zu *Diplotaxis tenuifolia*: Heyn (1977); Ringdahl et al. (1987); Hyett et al. (1995)

zu *Rapistrum rugosum*: Heyn (1977); Valdivia & Badilla (1977)

zu *Brassica maurorum*: Bijral et al. (1995)

zu *Erucastrum gallicum*: Eber et al. (1994); Lefol et al. (1997)

zu *Raphanus sativus*: Gupta (1997)

zu *Brassica tournefortii*: Heyn (1977); Salisbury (1991); Hyett et al. (1993, 1995); Gupta (1997)

zu *Diplotaxis siifolia*: Gupta (1997)

zu *Brassica fruticulosa*: Mattsson (1988); Salisbury (1989)

zu *Diplotaxis catholica*: Bijral & Sharma (1998)

zu *Eruca sativa*: Bijral & Sharma (1996a)

Verwilderung und ruderale Verbreitung von Raps

Die meisten der heutigen Kulturpflanzen sind nicht in der Lage, sich in der Natur außerhalb der Anbauflächen auszubreiten, da sie u.a. durch die Züchtung die Wildeigenschaften verloren haben. Sie können sich nicht gegen die Konkurrenz der Wildpflanzen durchsetzen. Bei Raps hingegen belegen aktuelle Untersuchungen, dass er auch außerhalb von Kulturflächen weit verbreitet ist (Theenhaus et al., 2002; Seybold & Shiga, 1990; Adolphi, 1995). Die Sortenzusammensetzung von Raps, der außerhalb von Kulturflächen vorkommt, ist noch weitgehend unbekannt. Erste Untersuchungen deuten jedoch an, dass eine beachtliche Merkmalsvielfalt gegeben ist. Die von uns im Raum Bremen durchgeführten Erhebungen haben ergeben, dass im Schnitt mit etwa einer Raps-Population pro Quadratkilometer gerechnet werden kann (**Abb. 3**). Interessanterweise gilt dies nicht nur für den ländlichen Raum, sondern auch für urbane Gebiete. Die Diversität in Bezug auf die Kreuzungspartnern ist im urbanen Raum sogar deutlich höher als im ländlichen Raum, so dass diese Areale als Zentren eines möglichen Genaustausches in Betracht gezogen werden müssen. Da die Populationen am einzelnen Standort häufig recht klein sind, sind Prozesse wie genetische Drift

hier vergleichsweise wirksam und begünstigen eine populationsgenetische Differenzierung.

Pollentransfer

Raps gehört zu den fakultativen Fremdbestäubern mit durchschnittlich 2/3 Selbst- und 1/3 Fremdbestäubung. Unter Feldbedingungen wurden Fremdbefruchtungsraten von 5-55 % ermittelt, die sowohl durch Wind wie auch durch Insekten herbeigeführt wurden, wobei bei relativ geringen Windstärken der größte Teil auf Insektenbestäubung zurückzuführen ist (Hedtke, 1976; Timmons et al., 1995). Die leuchtende Farbe, die Nektarien, der starke Duft, die Proterogynie (Vorweiblichkeit) und die nach außen offenen Antheren weisen auf Fremdbefruchtung insbesondere durch Insekten hin (Lamprecht, 1943; Free, 1970; Mesquida & Renard, 1981).

Die Verbreitung genetischen Materials über Pollen erfolgt neben einer Vielzahl von Insekten vor allem durch die blütensteten Honigbienen, die gezielt Sammelorte anfliegen und sich zwischen diesen und ihrem Stock hin und her bewegen. Hierbei sind Aktionsradien von mehreren Kilometern regelmäßig belegt. Bei Honigbienen beträgt der normale Sammelradius 1-2 km, es werden aber auch Flugstrecken von bis zu 14 km zurückgelegt (Eickwort & Ginsberg, 1980) Viele andere, insbesondere kleinere Insekten sind nicht in vergleichbarer Weise standorttreu. Sie werden je nach Umständen vom Wind verdriftet. Ihre Ausbreitungsbiologie ist ausgesprochen heterogen. Einige Insekten nutzen die Luftströmungen auch zur weiträumigen Verbreitung. Für die räumliche Dynamik ist die lokale Verteilung und die Größe der Pollenquellen von Bedeutung. Felder stellen sehr große Pollenquellen dar, die auf dem Wege der Windverdriftung noch über weitere Strecken effektiv sein können. Insbesondere der Pollentransfer von Feld zu Feld kann über diesen Weg erfolgen. Der Transfer von Pollen durch Wind zwischen Feldern und entfernteren Ruderalpopulationen, die häufig nur aus wenigen Individuen bestehen, ist dagegen weniger wahrscheinlich. Untersuchungen hierüber liegen kaum vor. Sofern der Transfer über windverdriftete Insekten erfolgt, ist trotz Verdünnungseffekten über große Distanzen noch ein effektiver Pollentransfer möglich. Denn nach einer Verdriftung können pollenbeladene Insekten im Rahmen der Nektarsuche gezielt die im näheren Umkreis erreichbaren gelben Blüten anfliegen. Versuche, die wir im Jahre 2002 mit männlich sterilen Rapspflanzen durchgeführt haben, unterstützen die Vermutung, dass Rapspollen auch in Gebiete fernab von Rapsanbau und wilden Rapsvorkommen gelangen können. Insgesamt stützen die in der Literatur dokumentierten Transferdistanzen die Erwartung, dass Pollentransfer über mehr als 4 Kilometer unter bestimmten Umständen möglich ist. Dokumentierte Distanzen sind mit den Quellenangaben in **Abbildung 4** zusammengestellt.

Die Hauptblütezeit von Kulturraps liegt Ende April bis Anfang Mai. Im Rahmen phänologischer Erhebungen u.a. des Deutschen Wetterdienstes werden die Blühtermine aufgezeichnet und wurden von uns im Hinblick auf die Abhängigkeit von Witterungsverläufen ausgewertet. Eine Extrapolation für den Norddeutschen Raum zeigt die **Abbildung 5**.

Viele der Kreuzungspartner blühen außerhalb dieses Zeitraumes wesentlich später im Jahr. Dieser Umstand ist bei der Abschätzung von Gentransfer-

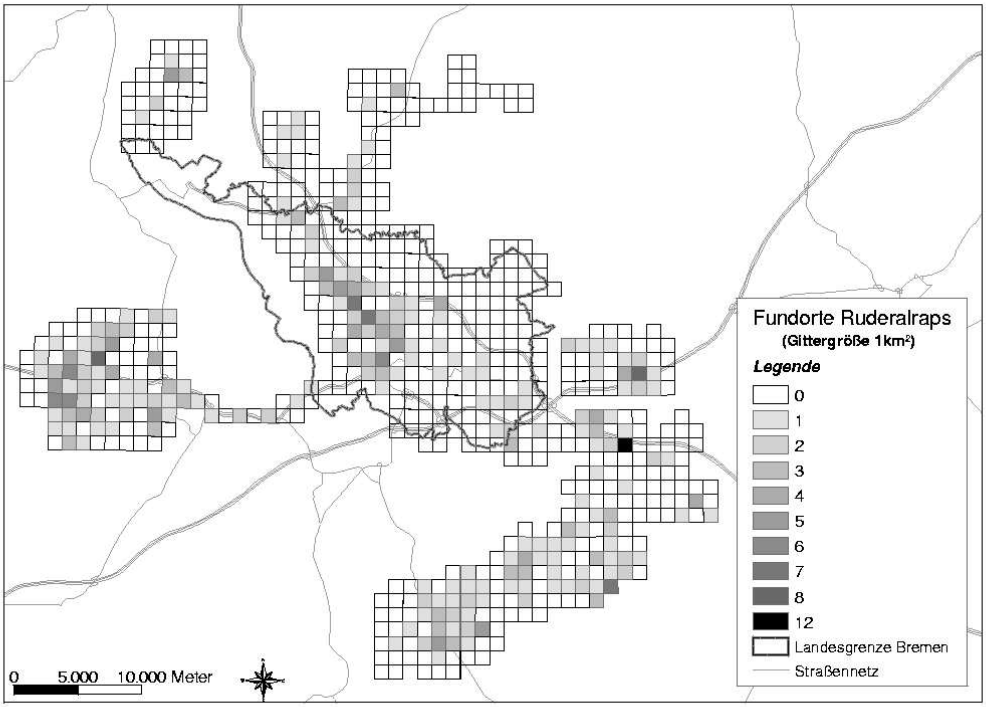

Abb. 3: Vorkommen von verwildertem Raps in Bremen und Umgebung im Jahr 2002. Die untersuchte Fläche wurde mit einem Raster von 1 km Kantenlänge hinterlegt.

Wahrscheinlichkeiten zu berücksichtigen. Durch die zeitlichen Differenzen der Hauptblühphasen ist aber keine vollständige genetische Isolation gegeben.

Es ist regelmäßig zu beobachten, dass Raps, der außerhalb von Kulturflächen wächst, praktisch das ganze Jahr über bis zum ersten Frost blüht. Dies hängt damit zusammen, dass die Keimung von Rapssamen das ganze Jahr über erfolgen kann (Schlink, 1994). Insbesondere an Ruderalstandorten oder auf Randstreifen mit gestörter Bodenoberfläche tritt Raps häufig auf. Ferner ist zu berücksichtigen, dass nicht nur der im Frühjahr blühende Winterraps kultiviert wird, sondern auch Sommerraps, der wesentlich später blüht. Als Gründüngung sind ferner Saatgutmischungen gebräuchlich, in denen Raps, Rübsen oder Senf-Arten enthalten sein können. Diese blühen als Nachfrucht häufig erst spät im Jahr. Als Gründünger angebaute Pflanzen werden nicht geerntet sondern stehen gelassen und zur Bodenverbesserung untergepflügt.
Die gegebenen Zusammenhänge lassen also erwarten, dass Rapspollen während der gesamten Vegetationsperiode zur Verfügung stehen kann, wenn auch in geringerer Menge als während der Hauptblütezeit des kultivierten Winterrapses.

Ausfallraps und die Überdauerung im Boden

Für die Persistenz von Raps auf Kulturflächen und darüber hinaus ist die Verbreitung über Samen von großer Bedeutung. Bei der Ernte geht in beachtlichem Umfang Erntegut verloren (vgl. Pekrun, 1994; Lutman, 1993). Die auf einem Rapsacker nach der Ernte verbleibende

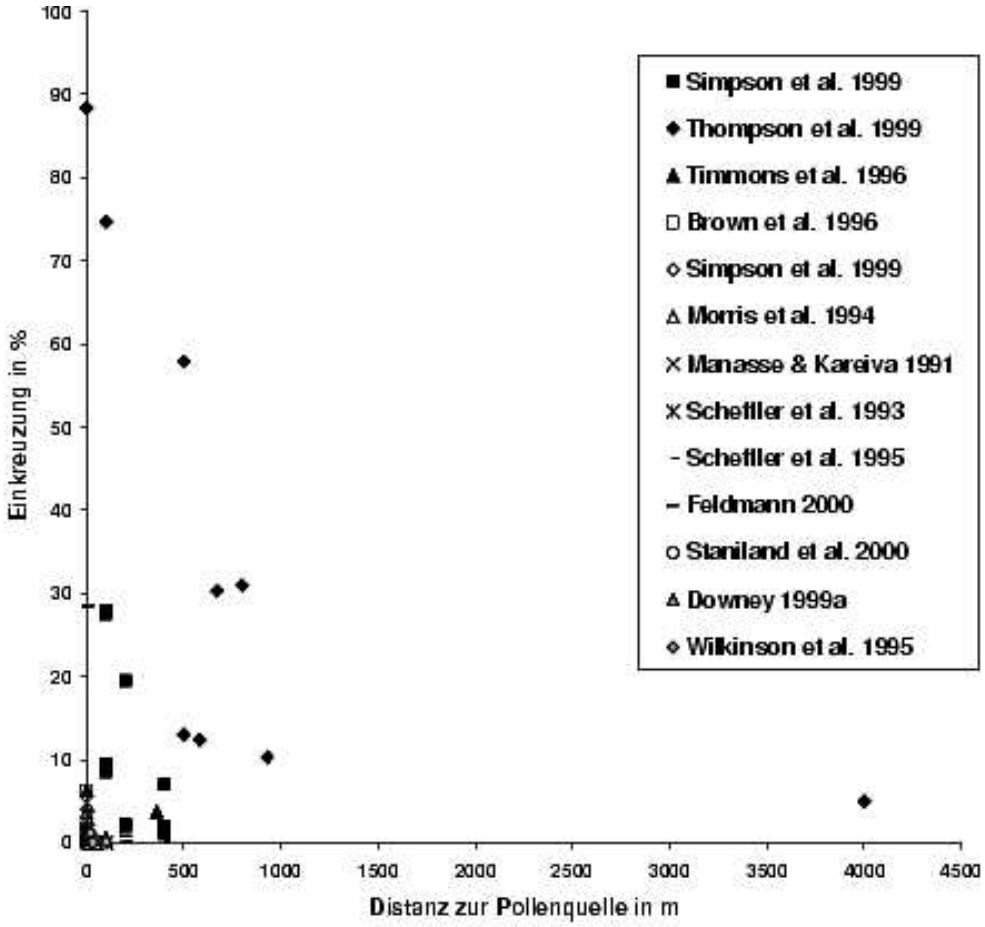

Abb. 4: In der Literatur dokumentierte Pollentransfer-Distanzen. Zu beachten ist, dass die Entfernungen nicht unter direkt vergleichbaren Bedingungen ermittelt wurden. Sowohl das experimentelle Design, die Größe der Pollenquellen und weitere Gegebenheiten variieren, so dass die Angaben nicht als Bestimmung einer Maximalgrenze interpretiert werden können, sondern überwiegend Einzelfälle dokumentieren. Der Nachweis eines erfolgten Pollentransfers kann besonders gut mit Pflanzen durchgeführt werden, die selbst keinen Pollen bilden. Diese erzeugen nur dann Samen, wenn sie aus externer Pollenquelle befruchtet werden.

Anzahl von Samen ist oft höher als die Aussaatmenge. Der größere Teil der Samen keimt aus und kann in Folgekulturen unerwünschten Durchwuchs bilden. Diesen zu bekämpfen ist Teil der Kulturmaßnahmen in der Fruchtfolge und wird mechanisch oder durch den Einsatz von Herbiziden durchgeführt. Wird im Zuge der Bodenbearbeitung der Rapssamen in den Boden eingearbeitet, kann dieser in sekundäre Dormanz eintreten. In entsprechenden Versuchen wurde ermittelt, dass im Freilandexperiment ein gewisser Teil der Samen noch nach 15 Jahren keimfähig war (Schlink, 1994). Raps besitzt damit ein erhebliches Überdauerungspotenzial. Überdauerung in der Samenbank ist Voraussetzung dafür, dass

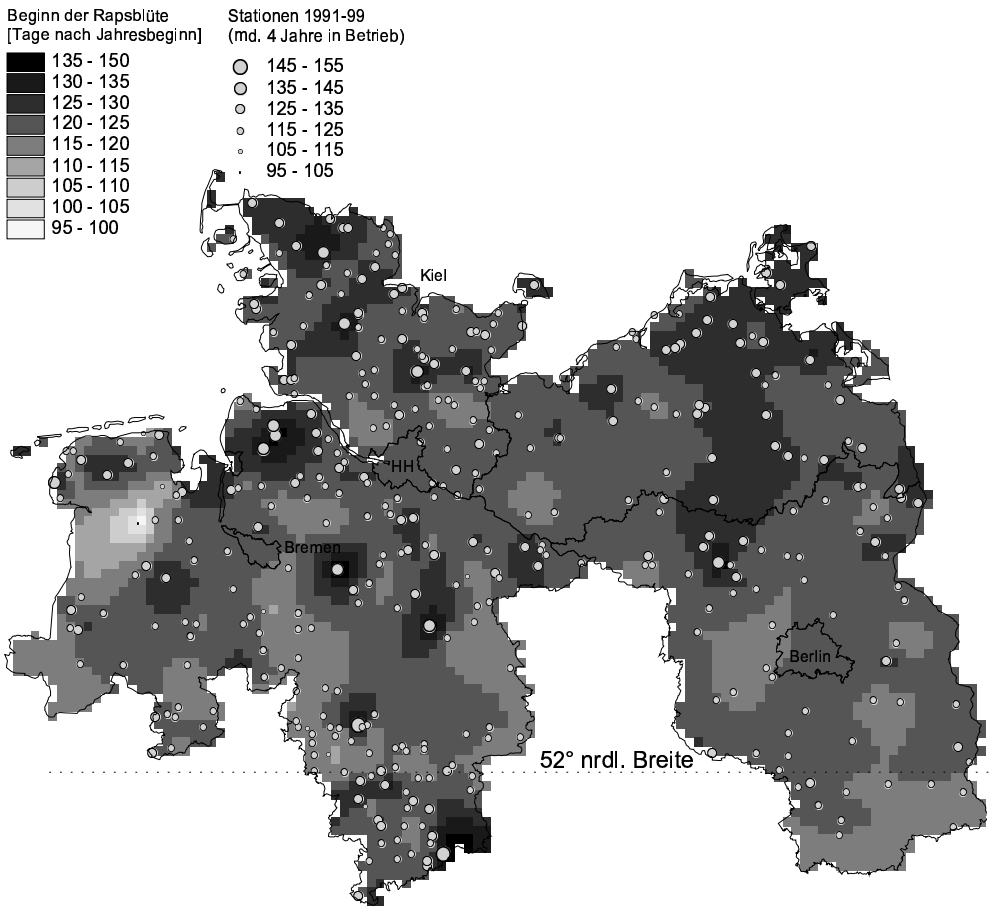

Abb. 5: Blühtermine von Kulturraps: Beginn der Rapsblüte — Mittelwerte der Jahre 1991 – 1999

Raps mit Bodenaushub, Kompostmaterial und auch im Rahmen von Transportverlusten eine weite Verbreitung findet. Dies erklärt, warum Raps auch auf Flächen angetroffen werden kann, auf denen nie Raps kultiviert wurde und die von Kulturflächen weit entfernt sind.

Ausbreitungsdynamiken und Verbreitungsschätzung

Für die Extrapolation von Ausbreitungsdynamiken ist eine Abschätzung des quantitativen Zusammenwirkens der beteiligten Prozesse erforderlich. Soweit bezüglich einiger Prozesse Informationslücken bestehen, müssen diese durch vorläufige Abschätzungen geschlossen werden. Die dadurch bedingten Unsicherheiten im Hinblick auf das Gesamtergebnis sind dann zu diskutieren und im Rahmen von weiterführenden Untersuchungen zu schließen. Folgende Teilprozesse sind grundlegend für den Ausbreitungsprozess insgesamt:

- Kultivierungsdichte von Raps
  - räumliche Verteilung und Häufigkeit des Rapsanbaus
  - Kulturtechnik des Anbaus, Fruchtfolgen

- Verbreitung von Transgensequenzen durch Pollen
  - Pollentransfer durch Wind und Insekten
  - Beeinflussung des Pollentransfers durch klimatische Einflüsse
  - Beeinflussung des Pollentransfers durch Anbaudichte und Landschaftsstruktur
- Verbreitung von Transgensequenzen durch Samen
  - Häufigkeit und Verbreitung von Raps als Durchwuchs
  - Häufigkeit und Verbreitung von Raps außerhalb von Kulturflächen
  - Vorkommen, Persistenz und Reproduktionserfolg außerhalb von Kulturflächen
  - Überdauerungsfähigkeit von Samen außerhalb von Kulturflächen
  - Einbürgerungstendenzen (Bildung permanenter Vorkommen)
- Persistenz von Transgensequenzen in Wildpopulationen und Kreuzungspartnern
  - Häufigkeit und Verbreitung von Kreuzungspartnern
  - Distanzen zwischen Rapsvorkommen und Kreuzungspartnern
  - Häufigkeit und Dispersion von Metapopulationen (intermittierende Vorkommen)

Die Vielfältigkeit der räumlichen Bedingungen im Landschaftsmaßstab führt zu vielfältigen lokalen Ausprägungen von Merkmalskombinationen. Deshalb ist es sinnvoll, nicht nur mit mittleren Erwartungswerten zu arbeiten sondern in Form von Szenarien auch die potenzielle Variabilität des Zusammenwirkens zu analysieren. Die Schätzung der Verbreitung von Raps kann für den im Projektrahmen behandelten Gesamtraum Informationen auf verschiedenen Skalen nutzen. Aus den Satellitendaten lässt sich eine differenzierte Regionalisierung des Rapsanbaus ermitteln. Die räumliche Auflösung erlaubt es, für die Skala des gesamten Untersuchungsraumes näherungsweise die Intensität der Pollenverbreitung zu schätzen, indem ausgehend von den detektierten Rapsfeldern und den Windverhältnissen die Pollenverbreitung modelliert wird. Diese lässt sich als Verdriftung von Pollen mit dem Wind bzw. durch Verdriftung pollentragender Insekten beschreiben. Anhaltspunkte für Transportweiten und Transferdichten sind aus kleinräumigen empirischen Untersuchungen zu gewinnen. Einen ersten Eindruck einer solchen Darstellung liefert die **Abbildung 6**.

Die Saatgutverluste auf Rapsäckern lassen sich anhand der Regionalisierung des Rapsanbaus hochrechnen. Eine flächenhafte Darstellung von Transportverlusten ist dagegen schwieriger. Der kleinräumige Transport vom Acker zu lokalen Sammelstellen wird nach unserem Kenntnisstand für den größeren Teil der Transportverluste maßgeblich sein. Diese lassen sich als korreliert mit der Rapsanbaudichte und dem Wegenetz darstellen. Transportverluste im Rahmen des Ferntransports sind schwer abschätzbar. Der Ferntransport in geschlossenen Tankwagen lässt entlang der Fahrstrecke kaum Verluste erwarten, ebensowenig der Transport größerer Chargen mit der Bahn bzw. mit Binnenschiffen, die ebenfalls in geschlossenen Tanks durchgeführt werden. Schätzungen der

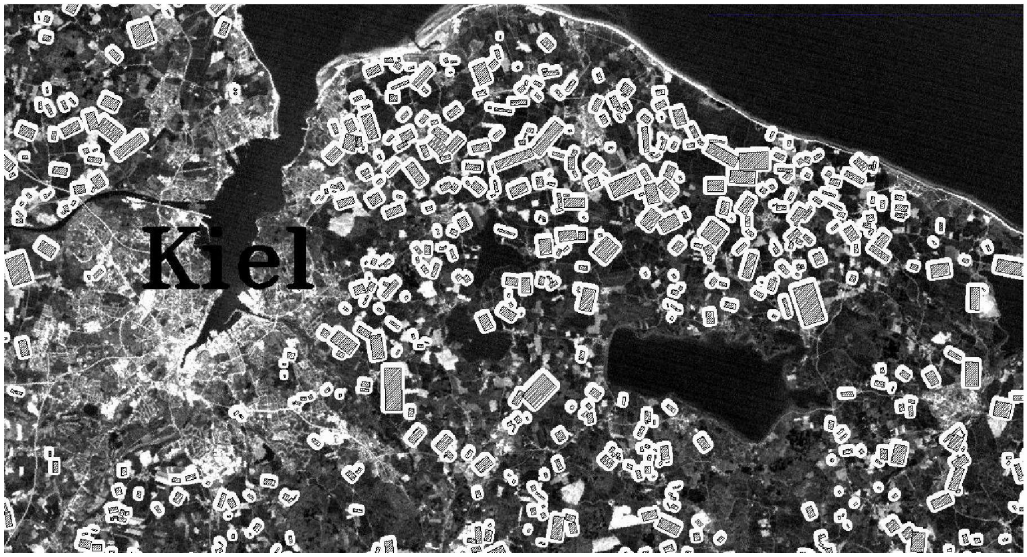

Abb. 6: Landsat 7 ETM+ (Enhanced Thematic Mapper)-Aufnahme vom 2. Mai 2001, Kiel mit Umgebung. Die schaffierten Rechtecke stellen detektierte Rapsfelder dar und die weißen Flächen einen 200 m Buffer um diese.

Verbreitung von verwilderten Rapspopulationen müssen sich wesentlich auf Kartierungen stützen. Für den Bremer Raum wurden solche Erhebungen durchgeführt, wobei die Auswahl der kartierten Areale so vorgenommen wurde, dass ein möglichst weites Spektrum unterschiedlicher Landschaftstypen mit erfasst wurde. Zusätzlich erfolgte eine genaue Standortcharakterisierung. Auf dieser Basis lassen sich vorläufige Anhaltspunkte gewinnen, mit welchen Populationsdichten im Gesamtraum zu rechnen ist (**Abb. 3**).

Individuenbasierte Simulation als Syntheseinstrument und Grundlage für ein Scaling-up

Die Einzelinformationen zu den genannten Teilprozessen lassen sich in einem weiteren Schritt nicht nur in räumlicher Hinsicht miteinander verknüpfen, sondern auch bezüglich ihrer zeitlichen Dynamik. Sie werden dazu in einem kleinräumigen Modell miteinander verknüpft. Teilprozesse wie Pflanzenentwicklung, Pollen- und Samentransfer sowie Anbaumanagement und Häufigkeiten von Störungsereignissen werden integriert. Um einen wesentlichen Teil der Merkmalsvariabilität im gegebenen Kulturraum abzubilden, werden die Teilprozesse jeweils für typische Kombinationen der Einflussfaktoren:

- räumliche Strukturierung (Schlaggrößen, Ruderalflächen, Transportwegedichte)
- Landnutzung und Anbaupraxis
- Verbreitung von ruderalem Raps und Kreuzungspartnern sowie
- klimatischen Einflüssen auf Phänologie der Entwicklung sowie Pollentransfer

in dem kleinräumigen Modell simuliert. Sofern dieses in Form von geeigneten Szenariobedingungen durchgeführt wird, lassen sich dynamische

Aspekte nachvollziehen und die resultierenden Ausbreitungs- und Persistenzraten in geostatistischem Analogieschluss großräumig übertragen.
Sofern in das Modell bzw. in die Extrapolation unterschiedliche Anbauszenarien bzw. erreichbare Marktanteile für GV-Raps aufgenommen werden, lässt sich eine Abschätzung von Interaktionsfrequenzen durchführen. Auf der Basis der bisher vorliegenden Kenntnisse sind bereits einige Schlussfolgerungen ableitbar:

- Die vorhandenen Informationen zum Pollentransfer lassen erwarten, dass es zu nicht unerheblicher Verdriftung von Pollen zwischen Rapsfeldern kommen wird. Dies wird zunächst zu einer Ausbreitung von Transgenen auf auch auf Nachbarfelder führen. Je nach verwendeter Sorte können sich Resistenzen im Durchwuchs wiederfinden, die bei späterem erneuten Rapsanbau verstärkt und weiterverbreitet werden können. Schliesslich können sich mehrere Transgene in Einzelpflanzen akkumulieren (gene-stacking).

- Eine lokale längerfristige Präsenz von Transgenen in ruderalen Populationen ist als sehr wahrscheinlich anzunehmen. Nach der vorläufigen Auswertung von Kartierungsergebnissen kann davon ausgegangen werden, dass sich in urban geprägten Gebieten mindestens eine längerfristig persistierende Population von wild wachsendem Raps auf etwa 100 km^2 findet (Menzel/Breckling in Vorb. Haeupler et al. (2003)). Dies entspricht einem mittleren Abstand der Populationen von ca. 10 km. Den großflächigen Anbau von Raps sowie die weit verbreiteten unbeständigen wildwachsenden Vorkommen hinzugenommen kann daher mit großer Wahrscheinlichkeit mit einer längeren Persistenz von Transgenen in der Kulturlandschaft ebenso wie auch im urbanen Raum gerechnet werden. Als Untergrenze für eine Persistenz ist die Zeit der Überdauerung in der Samenbank anzusetzen. Genauere Ergebnisse werden die aktuell durchgeführten Modellrechnungen liefern. Es ist damit zu rechnen, dass Zeiträume, die für den Übergang des transgenen Materials auf Wildarten zur Verfügung stehen, unabhängig von der Zeit des Anbaus transgener Sorten in der Größenordnung von Dekaden liegen.

Insgesamt ist beim gegenwärtigen Stand der Entwicklung festzustellen, dass zu wichtigen Bereichen Informationen verfügbar sind, die sinnvoll aufeinander beziehbare Näherungen ermöglichen. Für mehrere Rapsanbauregionen Australiens liegen Datensätze vor, die bereits bei einem einmaligen Anbau eines Genotypes dessen Ausbreitung über mehr als 3 km Entfernung von den jeweiligen Ursprungsfeldern belegen (Rieger et al., 2002). Aus dem kanadischen Raum, wo trangener Raps bereits seit mehreren Jahren großflächig angebaut wird, ist bekannt, dass sich die Transgene weiter als erwünscht ausgebreitet haben und in Einzelpflanzen akkumulieren können (Beckie et al., 2001). Der Europäische Naturraum ist wesentlich kleinräumigerer gegliedert und bietet eine höhere Vielfalt lokaler Variabilität. Die Abschätzung der Ausbreitung und Persistenz von Raps-Transgenen für den norddeutschen Raum ermöglicht eine erste Quantifizierung der zu erwartenden Reichweite und Dauer wichtiger ökologischer Interaktionen.

Bei der Einführung der verschiedenen transgenen Pflanzen besteht die einzige Möglichkeit zur Abschätzung des Risikopotenzials in der modellgestützten Zusammenführung der einzelnen Wirkungsketten und deren großflächiger Extrapolation. Die ökologischen Folgewirkungen abzuschätzen bevor ein großflächiges Inverkehrbringen erfolgt, stellt eine zentrale wissenschaftliche Herausforderung für die Entscheidungsfindung über mögliche Zulassungen und einen zentralen Beitrag der biologischen Risikoforschung für den verantwortlichen Umgang mit neuen technologischen Möglichkeiten dar.

6 Zusammenfassung: Identifikation der Schlüsselprozesse und offene Fragen

Aufgrund der Tatsache, dass in Raps eingebrachte Transgene sich durch verwilderte Populationen und durch genetische Wechselwirkung mit verwandten Wildarten sich in der Umwelt etablieren können, lässt sich Raps als eine Schlüsselart für die biologische Risikoforschung ansehen. Der Prozess der Verbreitung von Transgenen in der Umwelt erfolgt hauptsächlich durch Pollen und Samen. Pollen können von Feld zu Feld oder von und zu wild wachsenden Populationen außerhalb der Anbauflächen transportiert werden. Bei der Verbreitung über Samen sind als Schlüsselprozesse Saatgutverluste auf Anbauflächen mit anschließendem Durchwuchs zu nennen. Ferner tragen Verluste von Saatgut beim Transport zur Verbreitung von Transgenen in der Umwelt bei.

Viele der nicht kultivierten Rapspopulationen sind ephemer, d.h. sie sind nach kurzer Zeit wieder verschwunden, oft schon bevor es zur Ausbildung von Samen kommt. Aber an geeigneten Standorten ist auch eine längerfristige Etablierung zu beobachten, ferner ist zu bedenken, dass auch an Standorten mit häufigen Störungen aufgrund der langen Überdauerungsfähigkeit der Samen im Boden Rapspflanzen an Standorten mit zerstörten Populationen in Folgejahren wieder in Erscheinung treten können und Raps so intermittierende Vorkommen bildet.

Aufgrund des aktuellen Wissensstandes muss es als wahrscheinlich gelten, dass im Falle des Anbaus von transgenem Raps ein Übergang auf die kreuzbaren Wildarten erfolgen kann. Ob und in welchem Umfang dies geschieht, kann derzeit nur auf Grund von plausiblen Annahmen und empirischen Detailuntersuchungen extrapoliert werden. Hier bestehen die relativ größten Kenntnislücken. Welche ökologischen Eigenschaften unter Freilandbedingungen zustandegekommene Hybride haben werden und welches Ausbreitungspotenzial diese besitzen werden, ist zur Zeit nicht absehbar. Die Eigenschaften eines transgen herbizidresistenten Hederichs ließen sich auch nicht allein durch Rückkreuzung mit einer bestimmten Kultursorte von Raps bestimmen. Zugrundezulegen wäre der Möglichkeitsraum, der durch die hohe Variabilität wild wachsender Populationen mit einem weiten Eigenschaftsspektrum gespannt ist. Der Problemaufriss verdeutlicht die Notwendigkeit der weiter zu führenden detaillierten Erforschung von Einzelprozessen, um ihr Zusammenwirken genauer spezifizieren zu können.

References

Adolphi, K., 1995. Neophytische Kultur- und Anbaupflanzen als Kulturflüchtlinge

des Rheinlandes. Martina Galunder-Verlag, Wiehl.

Al-Kaff, N. S., Kreike, M. M., Covey, S. N., Pitcher, R., Page, A. M. & Dale, P. J., 2000. Plants rendered herbicide-susceptible by cauliflower mosaic virus-elicited suppression of a 35S promotor-regulated transgene. *Nature Biotechnology 18* pp. 995 – 999.

Augustin, C., Becker, R., Gottwald, R., Hedtke, C., Honermeier, B., Lentzsch, P., Patschke, K., Ulrich, A., Ulrich, K. & Wirth, S., 1998. Ökologische Auswirkungen der Einführung der Herbizidresistenz(HR)-Technik bei Raps und Mais.- Gutachten für das Ministeriums für Umwelt, Naturschutz und Raumordnung (MUNR) des Landes Brandenburg. Eigenverlag.

Beckie, H. J., Hall, M. L. & Warwick, S. I., 2001. Impact of herbicide-resitant crops as weeds in Canada. *British Crop Protection Council - Weeds* pp. 135–142.

Bergelson, J., Purrington, C. B. & Wichmann, G., 1998. Promiscuity in transgenic plants. *Nature 395*:25.

Bijral, J. S. & Sharma, T. R., 1996a. Cytogenetics of intergeneric hybrids between Brassica napus L. and Eruca sativa Lam. *Cruciferae Newsletter Eucarpia 18*:12 – 13.

Bijral, J. S. & Sharma, T. R., 1996b. Intergeneric hybridisation between *Brassica napus* and *Diplotaxis muralis*. *Cruciferae Newsletter Eucarpia 18*:10 – 11.

Bijral, J. S. & Sharma, T. R., 1998. Production and cytology of intergeneric hybridization between *Brassica napus* and *Diplotaxis catholica*. *Cruciferae Newsletter. Eucarpia 20*:15.

Bijral, J. S., Sharma, T. R., Gupta, B. B. & Singh, K., 1995. Interspecific hybrids of Brassica maurorum with Brassica crops, and their cytology. *Cruciferae Newsletter. Eucarpia 17*:18 – 19.

Bijral, J. S., Sharma, T. R. & Kanwal, K. S., 1993. Morphocytogenetics of *Brassica napus* L. x *Sinapis alba* L. sexual hybrids. *Indian J. Genet. Pl. Breed. 51*:476 – 478.

Bing, D., Downey, R. K. & Rakow, G. F. W., 1991. Potential of gene transfer among oilseed Brassica and their weedy relatives. In *GCIRC Rapeseed Congress*, pp. 1022 – 1027.

Bing, D. J., Downey, R. K. & Rakow, G. F. W., 1995. An evaluation of the potential of intergeneric gene transfer between *Brassica napus* and *Sinapis arvensis*. *Plant Breeding 114*:481 – 484.

Bing, D. J., Downey, R. K. & Rakow, G. F. W., 1996. Hybridisations among *Brassica napus*, *B . rapa* and *B. juncea* and their two weedy relatives *B. nigra* and *Sinapis arvensis* under open pollination conditions in the field. *Plant Breeding 115*:470 – 473.

Brand, P., 1995. Transgene Pflanzen - Herstellung, Anwendung, Risiken und Richtlinien. Birkhäuser - Basel, Boston, Berlin.

Brown, A. P., Brown, J., Thill, D. C. & Brammer, T. A., 1996. Gene transfer between canola (*Brassica napus*) and related weed species. *Cruciferae Newsletter 18*:36 – 37.

Chévre, A., Eber, F., Baranger, A., Hureau, G., Barret, P., Picault, H. & Renard, M., 1998. Characterization of backcross generations obtained under field conditions from oilseed rape wild radish F1 interspecific hybrids: an assessment of transgene dispersal. *Theoretical and Applied Genetics 97* pp. 90 – 98.

Chévre, A. M., Eber, F., Baranger, A. & Renard, M., 1997. Gene flow from transgenic crops. *Nature 389*:924.

Chévre, A. M., Eber, F., Darmency, H., Fleury, A., Picault, H., Letanneur, J. C. & Renard, M., 2000. Assessment of interspecific hybridization between transgenic oilseed rape and wild radish under normal agronomic conditions. *Theoretical and Applied Genetics 100*:1233 – 1239.

Coghlan, A., 1999. Splitting headache. *New Scientist 2215*:25.

Darmency, H., 2001. Gene flow between *B. napus* and *Hirschfeldia incana*. In *European Science Foundation Meeting of a Working Group on: Interspecific gene flow from oilseed rape to weedy species*, p. 18. June 2001, Rennes, France.

Darmency, H., Fleury, A. & Lefol, E., 1995. Effect of transgenic release on weed biodiversity: Oilseed rape and wild radish. In *Proceedings of Brighton Crop Protection Conference - Weeds*, pp. 433 – 438.

Darmency, H., Lefol, E. & Fleury, A., 1998. Spontaneous hybridization between oilseed rape and wild radish. *Molecular Ecology 7*:1467 – 1473.

Downey, R. K., 1999. Gene flow and rape - the Canadian experience. In Lutmann, P. J. W. (ed.), *Gene Flow and Agriculture: Relevance for Transgenic Crops. BCPC Symposium Proceedings No. 72*, pp. 95–100.

Eber, F., Chévre, A. M., Baranger, A., Vallee, P., Tanguy, X. & Renard, M., 1994. Spontaneous hybridization between a male sterile oilseed rape and two weeds. *Theoretical and Applied Genetics 88*:362 – 368.

Eickwort, G. C. & Ginsberg, H. S., 1980. Foraging and mating behavior in Apoidea. *Ann. Rev. Ent. 25*:421 – 446.

Fan, Z., Tai, W. & Stefanson, B. R., 1985. Male sterility in *Brassica napus* L-associated with an extra chromosome. *Canadian Journal of genetics and cytosoles 27*:467 – 471.

Feldmann, S., 2000. Begleitforschung zur Freisetzung herbizidresistenter, transgener Rapspflanzen 1995 - 1999. Ein Beitrag zur biologischen Sicherheitsforschung - Endbericht. In für Ökologie, N. L. (ed.), *Nachhaltiges Niedersachsen 13 - Dauerhaft umweltgerechte Entwicklung*, pp. 1 – 57.

Free, J. B., 1970. Insect Pollination of Crops. Academic Press, London.

Frello, S., Hansen, K. R., Jensen, J. & Jorgensen, R. B., 1995. Inheritance of rapeseed (*Brassica napus*)-specific RAPD markers and a transgene in the cross *B. juncea* x (*B. juncea x B. napus*). *Theor. Appl. Gent. 91*:236 – 241.

Gertz, J., Vencill, W. & Hill, N., 1999. Tolerance of transgenic soybean (Glycine max) to heat stress. In *Brittish Crop Protection Conference, 15-18 November 1999 - Weeds, Proceedings of an International Conference*, pp. 835 – 840. Brighton.

Getinet, A., Rakow, G. F. W., Raney, J. P. & Downex, R. K., 1997. Glucosinolate content in interspecific crosses of *Brassica carinata* with *B. juncea* and *B. napus*. *Plant Breeding 116*:39 – 46.

Gupta, S. K., 1997. Production of interspecific and intergeneric hybrids in Brassica and Raphanus. *Cruciferea Newsletter Eucarpia 19*:21 – 22.

Haeupler, H., Loos, G. H. & Sarrazin, 2003. Monitoring von herbizidresistentem Raps – Populationsbiologische Untersuchungen an verwilderten Populationen von Raps im östlichen Westfalen. In Umweltbundesamt (ed.), *Monitoring von gentechnisch veränderten Pflanzen: Instrument einer vorsorgenden Umweltpolitik*. 13. Juni 2002 im Bundespresseamt, Berlin. UBA Texte 23.

Hagedorn, C., 1997. Boll drop problems in roundup-resistant cotton. *Crop and Soil Environmental News 12*.

Harberd, D. J., 1976. Cytotaxonomic studies of Brassica and realted genera. In Vaughan, J., Macleod, A. J. & Jones, B. M. G. (eds.), *The biology and chemistry of the Cruciferea*, pp. 47 – 68. Academic Press, London.

Hedtke, C., 1976. Bleibt uns der Raps als gute Trachtpflanze erhalten? Entwicklungen beim Rapsanbau und Bewertung des Trachtwertes verschiedener Sorten. *die biene 135/2*:11 – 13.

Heyn, F. W., 1977. Analysis of unreduced gametes in the Brassiceae by crosses between species and ploidy levels. *Zeitschrift für Pflanzenzüchtung 78*:13 – 30.

Honma, S. & Summers, W. L. abd Inomata, N., 1976. Intergeneric Interspecific hybridization between *Brassica napus* L. (Napobrassica group) and *B. oleracea* L. (Botrytis group). *Journal of American Society of Horticultural Science 101*:299 – 302.

Hyett, J. H., Brown, J. S. & Salisbury, P. A., 1993. Wide hybridisation of rapeseed - update. In *Proceedings of 9th Australian Research Assembly on Brassicas*, pp. 143 – 145. October 1993, Wagga Wagga, Australia.

Hyett, J. H., Brown, J. S., Salisbury, P. A. & Ballinger, D. J., 1995. Introducing wild genes for blackleg resistance into canola. In *Proceedings of 10th Australian Research Assembly on Brassicas*, pp. 36 – 37. September 1995, Struan, Australia.

Inomata, N., 1988. Intergeneric hybridisation between *Brassica napus* and *Sinapis arvensis* and their crossability. *Cruciferae Newsletter 13*:22 – 23.

Inomata, N., 1997. Hybrid progenies of the cross in *Brassica napus* x *Sinapis arvensis*. *Cruciferae Newsletter 19*:23 – 24.

Jørgensen, R. B., Andersen, B., Hauser, T. P., Landbo, L., Mikkelsen, T. & Østergård, H., 1998. Introgression of crop genes from oilseed rape (*Brassica napus*) to related wild species - an avenue for the escape of engineered genes. *Acta Horticulturae 459*:211 – 217.

Jørgensen, R. B., Andersen, B., Landbo, L. & Mikkelsen, T. R., 1996. Spontaneous hybridization between oilseed rape (*Brassica napus*) and weedy relatives. *Acta Horticulturae 407*:193 – 200.

Kerlan, M. C., Chevre, A. M., Eber, F., Botterman, J. & DeGreef, W., 1991. Risk assessment of gene transfer from transgenic rapeseed to wild species in optimal conditions. In *Proceedings of GCIRC 8th International Rapeseed Congress*, pp. 1028 – 1033. Saskatoon, Canada.

Lamprecht, H., 1943. Brassica - Futterpflanzen. In Roemer, T. & Rudorf, W. (eds.), *Handbuch der Pflanzenzüchtung. Bd. 3*, pp. 438 – 467. Verlag Paul Parey, Berlin.

Leckie, D., Smithson, A. & Crute, I., 1993. Gene movement from oilseed rape to weedy populations - a component of risk assessment for transgenic cultivars. *Aspects of Applied Biology 35*:61 – 66.

Lefol, E., Danielou, V. & Darmency, H., 1996a. Predicting hybridization between transgenic oilseed rape and wild mustard. *Field Crops Research 45*:153 – 161.

Lefol, E., Danielou, V., Darmency, H., Kerlan, M. C., Vallee, P., Chevre, A. M., Renard, M. & Reboud, X., 1991. Escape of engineered genes from rapeseed to wild Brassiceae. In *Proceedings of Brighton Crop Protection Conference - Weeds*, pp. 1049 – 1056.

Lefol, E., Fleury, A. & Darmency, H., 1996b. Gene dispersal from transgenic crops. II Hybridization between oilseed rape and the wild hoary mustard. *Sexual Plant Reproduction 9*:189 – 196.

Lefol, E., Séguin-Swartz, G. & R. Keith, D., 1997. Sexual hybridisation in crosses of cultivated Brassica species with the crucifers *Erucastrum gallicum* and *Raphanus raphanistrum*: Potential for gene introgression. *Euphytica 95*:127–139.

Lips, J., 1998. Pleiotrope Effekte und genetische Stabilität transgener Pflanzen. In Schütte, G., Heidenreich, B. & Beusman, V. (eds.), *Nutzung der Gentechnik im Agrarsektor der USA - die Diskussion von Versuchsergebnissen und Szenarien zur Biosicherheit*, pp. 121 – 156. Umweltbundesamt Deutschland, UBA-Texte 47/98.

Lutman, P. J. W., 1993. The occurrence and persistence of volunteer oilseed rape (Brassica napus). *Aspects of Applied Biology 35*:29–36.

M., C. A., Eber, F., Baranger, A., Kerlan, M. C., Barret, P., Festoc, G. & P., V., 1996. Interspecific Gene Flow as a Component of Risk Assessment for Transgenic Brassicas. In *ISHS Acta Horticulturae 407 ISHS Brassica Symposium - IX Crucifer Genetics Workshop*. Publication date 1 April.

Manasse, R. & Kareiva, P., 1991. Quantifying the Spread of Recombinant Genes and Organisms. In LR, G. (ed.), *Assessing ecological risks of biotechnology*, pp. 215 – 231. Boston.

Mattsson, B., 1988. Interspecific crosses within the genus Brassica and some related genera. *Sveriges Utsadesforen Tidskr. 98*:187 – 212.

Mesquida, J. & Renard, M., 1981. Le colza, principales caractéristiques botaniques et biologiques. *Bul. Tech. Apic. 8*:119 – 130.

Morinaga, T., 1934. On the chromosome number of Brassica juncea and *Brassica napus* , on the hybrid between the two, and an offspring line of the hybrid. *Jpn. J. Genet. 9*:161 – 163.

Morris, W. F., Kareiva, P. M. & Raymer, P. L., 1994. Do barren zones and pollen traps reduce gene escape from transgenic crops? *Ecological Applications 4*:157 – 165.

Moyes, C. L., Lilley, J., Casais, C. & Dale, P. J., 1999. Gene flow from oilseed rape to *Sinapis arvensis*: Variation at the population level. In *Gene Flow and Agriculture: Relevance for Transgenic Crops*, pp. 143 – 148. BCPC Symposium Proceedings No. 72, April 1999, Keele, UK.

Moyes, C. L., Lilley, J. M., Casais, C. A., Cole, S. G., Haeger, P. D. & Dale, P. J., 2002. Barriers to gene flow from oilseed rape (*Brassica napus*) into populations of *Sinapis arvensis*. *Molecular Ecology 11*:103 – 112.

Palmer, T. P., 1962. Population structure, breeding system, interspecific hybridisation and alloploidy. *Heredity 17*:278 – 283.

Pekrun, C., 1994. Untersuchungen zur sekundären Dormanz bei Raps (*Brassica napus* L.). Cuvillier Verlag Göttingen. Zugl.: Diss. Univ. Göttingen.

Pilson, D., Snow, A., Rieseberg, L. & Alexander, H., 2002. Fittness and population effects of gene flow from transgenic sunflower to wild *Helianthus annus*. In *Proceedings of Gene Flow Workshop, 5-6 March 2002, Ohio State University.* `http://www.biosci.ohio-state.edu/~lspencer/gene-flow.htm`.

Quist, D. & Chapela, I. H., 2001. Transgenic DNA introgressed into traditional maize landraces in Oaxaca, Mexico. *Nature 414*:541 – 543.

Rieger, M., A., Lamond, M., Preston, C., Powles, S. B. & Roush, R. T., 2002. Pollen-mediated movement of herbicide resistance between commercial canola fields. *Science 296*:2386 – 2388.

Rieger, M. A., Potter, T. D., Preston, C. & Powles, S. B., 2001. Hybridisation between *Brassica napus* L. and *Raphanus raphanistrum* L. under agronomic field conditions. *Theoretical and Applied Genetics 103*:555 – 560.

Rieger, M. A., Preston, C. & Powles, S. B., 1999. Risks of gene flow from transgenic herbicideresistant canola (*Brassica napus*) to weedy relatives in southern Australian cropping systems. *Australian Journal of Agricultural Research 50*:115 – 128.

Ringdahl, E. A., McVetty, P. B. E. & Sernyk, J. L., 1987. Intergeneric hybridization of Diplotaxis ssp. with *Brassica napus*: a source of new CMS systems? *Can. J. Plant Sci. 67*:239 – 243.

Röbbelen, G., 1966. Beobachtungen bei interspezifischen Brassica - Kreuzungen, insbesondere über die Entstehung matromorpher F1 - Pflanzen. *Angewandte Botanik 39*:205 – 221.

Salisbury, P. A., 1989. Potential utilization of wild crucifer germplasm in oilseed Brassica breeding. In *Proc. ARAB 7the Workshop*, pp. 51 – 53. Toowoomba, Queensland, Australia.

Salisbury, P. A., 1991. Genetic variability in Australian wild crucifers and its potential utilisation in oilseed Brassica species. PhD Thesis, University of Melbourne, 205 pp.

Scheffler, J. A., Parkinson, R. & Dale, P. J., 1995. Evaluating the effectiveness of isolation distances for field plots of oilseed rape (Brassica napus) using herbicide-resitance transgene as a selection marker. *Plant Breeding 114*:317 – 321.

Scheffler, J. A., Parkinson, R. & Dale P, J., 1993. Frequency and distance of pollen dispersal from transgenic oilseed rape (*Brassica napus*). *Transgenic Research 2*:356 – 364.

Schiemann, E., 1932. Entstehung der Kulturpflanzen. Handb. Vererbwis., Lfg. 15.

Schlink, S., 1994. Ökologie der Keimung und Dormanz von Körnerraps (*Brassica napus* L.) und ihre Bedeutung für eine Überdauerung im Boden. Dissertationes Botanicae 222, Gebrüder Bornträger, Berlin, Stuttgart. Zugl.: Diss. Univ. Göttingen, 1994.

Schuster, W., 1992. Ölpflanzen in Europa. DLG-Verlag, Frankfurt.

Seybold, S.and Philippi, G. & Shiga, T., 1990. Die Farn- und Blütenpflanzen Baden-Württembergs. Ulmer-Verlag.

Shiga, T., 1980. Male sterility and cytoplasmic differentiation. In Tsunoda, S., Hinata, K. & Gomez-Campo, C. (eds.), *Brassica Crops and Wild Allies, Biology and Breeding*, pp. 205 – 234. Japan Scientific Societies Press, Tokyo.

Simpson, E. C., Norris, C. E., Law, J. R., Thomas, J. E. & Sweet, J. B., 1999. Gene flow in genetically modified herbizide tolerant oilseed rape (*Brassica napus*) in the UK. In Lutmann, P. J. W. (ed.), *Gene Flow and Agriculture: Relevance for Transgenic Crops. BCPC Symposium Proceedings No. 72*, pp. 75 – 81.

Sinskaia, E. N., 1928. The oleiferous plants and root crops of the family Cruciferae. *Bull. Appl. Bot. Genet. Pl. Breed. 19*:1 – 64.

Staniland, B. K., McVetty, E, P. B., Friesen, L. F., Yarrow, S., Freyssinet, G. & Freyssinet, M., 2000. Effectiveness of border areas in confining the spread of transgenic Brassica napus pollen. *Canadian Journal of Plant Science 80*:521–526.

Theenhaus, A., Zeitler, R., von Brackel, W., Botsch, H.-J., Baumeister, W. & Peichl, L., 2002. Langzeitmonitmonitoring möglicher Auswirkungen gentechnisch veränderter Pflanzen auf Pflanzengesellschaften - Konzeptentwicklung am Beispiel von Raps (*Brassica napus*). *Z. Umweltwissenschaften und Schadstoffforschung 14*.

Thompson, C. E., Squire, G., Mackay, G. R., Bradshaw, J. E., Crawford, J. & Ramsay, G., 1999. Regional patterns of gene flow and ist consequence for GM oilseed rape. In Lutmann, P. J. W. (ed.), *Gene Flow and Agriculture: Relevance for Transgenic Crops. BCPC Symposium Proceedings No. 72*, pp. 95–100.

Timmons, A. M., Charters, Y. M., Crawford, J. W., Burn, D., Scott, S. E., Dubbels, S. J., Wilson, N. J., Robertson, A., O'Brien, E. T., Squire, G. R. & Wilkinson, M. J., 1996. Risks from transgenic crops. *Nature 380*:487.

Timmons, A. M., O'Brien, E. T., Charters, Y. M., Dubbels, S. J. & Wilkinson, M. J., 1995. Assessing the risks of wind pollination from fields of genetically modified *Brassica napus ssp. oleifera*. *Euphytica 85*:417 – 423.

Valdivia, V. A. & Badilla, M. E., 1977. Artificial and natural crosses between rapeseed (*Brassica napus* L.) and wild and cultivated cruciferous. *Agricultura Tecnica (Chile) 37*:25 – 30.

Warwick, S., Seguin-Swartz, G., Beckie, H., Legere, A. & Simard, M.-J., 2001. Gene flow between *Brassica napus* and different Canadian weeds. In *European Science Foundation Meeting of a Working Group on: Interspecific gene flow from oilseed rape to weedy species, June 2001.*

Wilkinson, M. J., Timmons, A. M., Charters, Y., Dubbels, S., Robertson, A., Wilson, N., Scott, S., O'Brien, E. & Lawson, H. M., 1995. Problems of Risk Assessment With Genetically Modified Oilseed Rape. In *Brighton crop protection conference -weeds-*, p. 1035.

Züghart, W. & Breckling, B., 2003. Konzeptionelle Entwicklung eines Monitoring von Umweltwirkungen transgener Kulturpflanzen. In Umweltbundesamt (ed.), *Monitoring von gentechnisch veränderten Pflanzen: Instrument einer vorsorgenden Umweltpolitik*. 13. Juni 2002 im Bundespresseamt, Berlin. UBA Texte 23.