

BUNDESMINISTERIUM FÜR
GESUNDHEIT UND FRAUEN



Getreide und Gentechnik
Grundlagen aus Naturwissenschaft
und Lebensmittelwissenschaft



Forschungsberichte der
Sektion IV



Band 7/2006

BUNDESMINISTERIUM FÜR
GESUNDHEIT UND FRAUEN



Getreide und Gentechnik
Grundlagen aus Naturwissenschaft
und Lebensmittelwissenschaft

Forschungsberichte der
Sektion IV

Band 7/2006

Impressum:

Herausgeber, Medieninhaber und Hersteller:

Bundesministerium für Gesundheit und Frauen, Sektion IV
Radetzkystraße 2, 1031 Wien

Für den Inhalt verantwortlich:

BL Mag. Ulrich Herzog

Erscheinungstermin: Dezember 2006

Autoren:

Siehe Inhaltsverzeichnis

Druck: Kopierstelle des BMGF, Radetzkystraße 2, 1031 Wien

Bestellmöglichkeiten:

Telefon: +43-1/711 00-4700 DW

Fax: +43-1/715 58 30

E-Mail: broschuerenservice.bmgf@bmgf.gv.at

Internet: <http://www.bmgf.gv.at>

ISBN 3-900019-96-7

Diese Studie/Broschüre ist kostenlos beim Bundesministerium für Gesundheit und Frauen, Radetzkystraße 2, 1031 Wien, erhältlich.

Getreide und Gentechnik

Grundlagen aus Naturwissenschaft und Lebensmittelwissenschaft

von

Helmut Reiner

Pflanze-Lebensmittel-Qualität

Endbericht über die Recherche und Literaturstudie
GZ: 70420/0099-IV/B/12/2006

im Auftrag des Bundesministeriums
für Gesundheit und Frauen, Sektion IV

Wien, Dezember 2006

ENDBERICHT

Stand 4.12.2006

Inhaltsverzeichnis

1. Zusammenfassung.....	3
2. Summary.....	6
3. Einleitung.....	8
4. Allgemeiner Teil: Gräser und Getreide.....	10
4.1. Botanik.....	10
4.2. Pflanzenbau und Züchtung.....	19
4.3. Verarbeitung und Verwendung.....	23
4.4. Gentechnische Veränderungen.....	25
4.5. Lebensmittelsicherheit und Qualität.....	32
4.6. Quellen.....	33
5. Weizen.....	37
5.1. Botanik.....	37
5.2. Pflanzenbau und Züchtung.....	41
5.3. Verarbeitung und Verwendung.....	47
5.4. Gentechnische Veränderungen.....	49
5.5. Lebensmittelsicherheit und Qualität.....	55
5.6. Diskussion.....	56
5.7. Quellen.....	56
6. Gerste.....	59
6.1. Botanik.....	59
6.2. Pflanzenbau und Züchtung.....	62
6.3. Verarbeitung und Verwendung.....	67
6.4. Gentechnische Veränderungen.....	69
6.5. Lebensmittelsicherheit und Qualität.....	71
6.6. Diskussion.....	71
6.7. Quellen.....	72
7. Roggen.....	74
7.1. Botanik.....	74
7.2. Pflanzenbau und Züchtung.....	78
7.3. Verarbeitung und Verwendung.....	81
7.4. Gentechnische Veränderungen.....	84
7.5. Lebensmittelsicherheit und Qualität.....	85
7.6. Diskussion.....	86
7.7. Quellen.....	87
8. Hafer.....	89
8.1. Botanik.....	89
8.2. Pflanzenbau und Züchtung.....	93
8.3. Verarbeitung und Verwendung.....	96
8.4. Gentechnische Veränderungen.....	97
8.5. Lebensmittelsicherheit und Qualität.....	98
8.6. Diskussion.....	99
8.7. Quellen.....	99

9.	Hirse	101
9.1.	Botanik.....	101
9.2.	Pflanzenbau und Züchtung.....	105
9.3.	Verarbeitung und Verwendung.....	108
9.4.	Gentechnische Veränderungen.....	110
9.5.	Lebensmittelsicherheit und Qualität.....	111
9.6.	Diskussion.....	112
9.7.	Quellen.....	112
10.	Mais	115
10.1.	Botanik.....	115
10.2.	Pflanzenbau und Züchtung.....	118
10.3.	Verarbeitung und Verwendung.....	123
10.4.	Gentechnische Veränderungen.....	126
10.5.	Lebensmittelsicherheit und Qualität.....	130
10.6.	Diskussion.....	131
10.7.	Quellen.....	131
11.	Reis	133
11.1.	Botanik.....	133
11.2.	Pflanzenbau und Züchtung.....	135
11.3.	Verarbeitung und Verwendung.....	138
11.4.	Gentechnische Veränderungen.....	139
11.5.	Lebensmittelsicherheit und Qualität.....	141
11.6.	Diskussion.....	142
11.7.	Quellen.....	142
12.	Anhang	144

1. Zusammenfassung

In diesem Bericht wird der aktuelle Stand der Anwendung der Gentechnik bei Weizen, Gerste, Roggen, Hafer, Hirse, Mais und Reis zusammengefasst. Dabei geht es um den Zusammenhang zwischen der Botanik, den Agrar- und Lebensmittelwissenschaft einerseits und der Genetik und Gentechnik andererseits.

In dem **Kapitel "Gräser und Getreide"** werden jene Punkte allgemein behandelt, die in den folgenden Kapiteln für die einzelnen Getreide speziell vorgestellt werden. Sowohl für das allgemeine Kapitel als auch die einzelnen Kapitel über die 7 wichtigen Getreide wurde der gleiche Aufbau gewählt.

- Der erste Punkt der Einteilung beschäftigt sich mit der **Botanik**. Morphologie, Physiologie, Zytologie und Genetik sind wichtige Grundlagen zum Verständnis der Gentechnik. Die wichtigsten Methoden zur genetischen Analyse der Getreidearten werden vorgestellt, insbesondere die Molekularen Marker und die Genetischen Karten. Es werden auch die Methoden der Sequenzierung, die funktionelle Genetik und die Erfassung der Ergebnisse in Datenbanken besprochen.
- Im Kapitel **Pflanzenbau und Züchtung** werden die Anbausysteme erklärt und es wird auf die wichtigsten Unkräuter, Schädlinge und Krankheiten hingewiesen. Die Anbauggebiete zeigen, in welchen Ländern die einzelnen Getreide von Bedeutung sind. Bei jedem Getreide gibt es verschiedene Genotypen und sehr viele Sorten.
- Im Kapitel **Verarbeitung und Verwendung** werden die Herstellungsverfahren der Lebensmittel besprochen und auch auf Futtermittel, Nebenprodukte und die wirtschaftliche Bedeutung eingegangen.
- Im Kapitel **Gentechnische Veränderungen** werden zunächst die Techniken zur Transformation von Pflanzen vorgestellt, es wird auf die einzelnen Gruppen (Herbizid-Resistenz, Insekten-Resistenz, Krankheits-Resistenz usw.) eingegangen und schließlich werden aktuelle gentechnische Veränderungen angeführt.
- Das Kapitel **Lebensmittelsicherheit und Qualität** behandelt auch Fragen des Risk-Assessment.
- Zum Abschluss findet sich jeweils eine kurze **Diskussion**.

Diese Einteilung wird nun auch für die einzelnen Getreidearten gewählt:

Weizen (*Triticum aestivum* und andere *Triticum*-Arten) ist weltweit das wichtigste Brotgetreide. Die Kultur des Brotes ist viele Jahrtausende alt. Die Diskussion um gentechnisch veränderten Weizen und "gentechnisch verändertes" Brot würde eine Grundsatzdiskussion auslösen. In der Lebensmittelkette Weizen gibt es sehr viele Schritte, bei denen Produkte verschiedener Herkunft und Qualitäten gemischt werden und durch Auswahl von Sorten und Lieferanten sogenannte "Weizenklassen" geschaffen werden. Alle Praktiken entlang der Lebensmittelkette müssen daher abgestimmt sein und werden nur dann akzeptiert, wenn sie im Interesse der gesamten Produktionskette sind. Der Weizen hat zudem ein sehr großes Genom und eine sehr komplizierte Zytologie.

Sein Genom ist eigentlich aus drei Genomen zusammengesetzt. Das ideale Zusammenspiel dieser drei Genome ist das Ergebnis von Jahrtausenden bäuerlicher Arbeit mit dem Weizen. Fremdgene und genetische Verunreinigung würden die Kulturpflanze langfristig selbst gefährden. Die Herbizid-Resistenz bei Weizen bringt wenig Zugewinn, während transgene Systeme gegen Pilze noch nicht ausgereift sind. Schließlich ist die klassische Züchtung und der Einsatz der Biotechnologie im Labor (Kartierung und Markergene) beim Weizen inzwischen so erfolgreich, dass der Nutzen gentechnischer Veränderung oft übertroffen wird. Aus diesen Gründen hat transgener Weizen heute global gesehen noch keine Bedeutung.

Gerste (*Hordeum vulgare*) ist das Getreide mit der größten ökologischen Anpassungsfähigkeit und mit einer vielseitigen Anwendung als Lebensmittel, Futtergerste und Braugerste. Die Wertschöpfung bei der Gerste ist aber geringer als beim Weizen, das Spektrum der möglichen gentechnischen Veränderungen wäre aber sehr ähnlich. Die Resistenz gegen Viren und Pilze sind beim Anbau der Gerste wichtig. Diese Probleme konnten aber auch mit Hilfe der Gentechnik noch nicht gelöst werden. Die Zytologie und Genetik sind bei Gerste viel einfacher als beim Weizen. Auch bei der Gerste gilt, dass die Kartierungsprojekte und die Marker sehr viel mehr gebracht haben als gentechnische Veränderungen.

Roggen (*Secale cereale*) hat als Haupthindernis für die Gentechnik eine ausgeprägte Fremdbefruchtung, die jede Koexistenz in einer Landwirtschaft unmöglich macht. Außerdem ist Roggen global betrachtet ein relativ unbedeutendes Getreide, bei dem die großen Investitionen einer Transformation und nachfolgenden Sicherheitsbewertung sich kaum rechnen können. Am Beispiel Triticale, einer Kreuzung aus Weizen und Roggen über die Gattungsgrenze hinweg, wird die Frage der Identität und Integrität eines Kulturpflanzengenoms erörtert.

Hafer (*Avena sativa*) hat als Haupthindernis für die Gentechnik seine nahe Verwandtschaft zu Unkrautarten, insbesondere zum Flughafener (*Avena fatua*). Flughafener ist in den letzten Jahrzehnten ein wichtiges Getreideunkraut geworden und würde jedes Transgen mit hoher Wahrscheinlichkeit aufnehmen. Hafer hat zudem eine sehr komplizierte Zytologie, besteht wie der Weizen aus drei Genomen, ist aber im Vergleich zu diesem relativ unbedeutend. Hafer für Flocken wird importiert und die Entwicklung in den exportierenden Ländern muss weiter beachtet werden. Derzeit ist wahrscheinlich kein transgener Hafer auf dem Weltmarkt.

Hirsen (*Sorghum bicolor*, *Panicum miliaceum* und andere Arten) müssen getrennt nach Sorghum und Millet-Hirsen behandelt werden. Bei Sorghum gibt es das Problem der nahen Verwandtschaft zu *Sorghum halepense* (Aleppo Hirse, Johnson grass), einem weltweit gefürchteten Ackerunkraut, das wie der Flughafener jedes Transgen aufnehmen würde. Die Genetik von *Sorghum bicolor* ist besonders bedeutsam auf Grund derselben Chromosomenzahl wie *Zea mays* und dem hohen Grad an Übereinstimmung von Gensequenzen. Bei den Millet-Hirsen wurde der Umstand thematisiert, dass diese Getreide die Nahrungsgrundlage für viele Menschen in den Trockenzonen und Grenzzonen des Ackerbaues in Afrika und Asien sind. Die Forschungsmittel finden im Bereich der klassischen Agrarwissenschaften einen sehr effizienten Einsatz. Transgene Hirsen, wie etwa transgene Perlhirse (*Pennisetum americanum*), können die dort anstehenden Probleme nicht lösen.

Mais (*Zea mays*) hat global bereits einen sehr großen Anteil an gentechnisch veränderter Anbaufläche. Mais liegt in der Weltermte schon vor dem Weizen, allerdings ist der Anteil von Futtermais und Energie-Mais sehr hoch und der Anteil an Lebensmittel-Mais geringer. Aus Mais werden besonders viele Produkte als Grundstoff für die Lebensmittelindustrie hergestellt, sodass transgene Zutaten schon seit vielen Jahren für Diskussionen sorgen. Beim Mais hat der Anbau transgener Sorten, besonders in den USA und in südlichen Ländern Europas, ein solches Ausmaß erreicht, dass Fragen des Risk-Assessments und des ökologischen Monitorings immer wichtiger werden, sodass bei diesem Getreide auf zahlreiche Berichte verwiesen wird, die vom Bundesministerium für Gesundheit und Frauen (BMGF) und vom Umweltbundesamt (UBA) herausgegeben wurden.

Reis (*Oryza sativa*) ist für über 1 Milliarde Menschen Grundnahrungsmittel in Asien und deshalb sind die Länder Asiens bei der Freisetzung von transgenem Reis besonders vorsichtig. Beim Reis gibt es zahlreiche sehr nahe verwandte Unkräuter, teilweise sogar zur selben Art gehörend (*Oryza sativa* ssp. *spontanea*), die jedes Gen und Transgen aufnehmen und wieder abgeben können. Besondere Probleme hat die Aufnahme der "roten Pigmentierung" im Kulturreis gebracht und jüngst die Auskreuzung oder Vermischung mit einer transgenen Herbizid-Resistenz. Veränderungen der Inhaltsstoffe des Reis zur Verbesserung der Nährstoffversorgung sind nicht sinnvoll, da es ein Grundgesetz der Ernährung ist, dass sie nur auf der Vielfalt an Pflanzennahrung aufbauen kann (food based dietary guidelines). Zum Kapitel Reis wird auch auf eine Arbeit des Autors verwiesen.

2. Summary

This report shows the state of the art and application of biotechnology and genetic engineering of the main cereals: wheat, barley, rye, oats, sorghum, millets, maize and rice. The fundamentals of natural science and food science are explained.

The report is written in German. In a more general chapter botany, cytology and genetics of grasses are discussed. Information is given on crop systems, weeds, pests, genotypes, cultivars and growing areas. There is a chapter on the importance of cereals as food plants, including information on animal feed and by-products. Also discussed are recombinant DNA technology, the main groups of transformations and recent examples of these transformations. Brief remarks are given on food safety and risk-assessment. Each chapter is concluded by a short discussion.

Wheat is worldwide the main bread-cereal and has a history of many thousands of years. Genetic engineering of wheat and transgenic bread would provoke a dispute about basic principles of applying these new technologies. In the food chain of wheat there are many steps in which products of different qualities and countries of origin have to be mixed and by choosing cultivars and suppliers, special wheat classes are defined. All measures in the food chain have to be coordinated and are only accepted when they are in the interest of the whole food chain. Wheat has a very large genome and a complex cytology. Hexaploid wheat is made up of 3 genomes of diploid ancestries. The coaction of these 3 genomes is the result of farmers' work with this crop for many thousands of years. Foreign genes and genetic pollution would endanger the crop itself in the long term. Herbicide resistance does not bring much benefit to wheat and transgenic systems against fungi are not working very well at present. Traditional breeding methods with the help of biotechnology in the lab are very advanced and successful and are doing far better than transforming wheat by genetic engineering.

Barley (*Hordeum vulgare*) has a wide ecological adaptability and a range of utilization such as brewing barley, animal feed and food crop. The value added in the barley chain is lower than for wheat, but the spectrum of transformations would be very similar to those in wheat. Disease resistance against viruses and fungi is very important for barley growing. So far scientists have not been able to solve these problems by genetic engineering, though cytology and genetics of barley are much simpler than in wheat. Mapping and marker systems have brought much progress in barley improvement and genetic engineering approaches have stayed behind.

Rye (*Secale cereale*) is highly cross-pollinating and this is the main constraint for the release of transgenic rye. Coexistence in agriculture would be impossible. On a world scale rye is a minor cereal crop. High investments for transformation and risk-assessment would not be profitable. Triticale, a cross between wheat and rye beyond the genus border, was taken as an example to discuss the question of identity and integrity of a crop genome.

Oats (*Avena sativa*) have some close relatives, which are widespread weeds in cereal crops, mainly wild oats (*Avena fatua*). Wild oats have become a main weed in agriculture and would certainly take up any transgene from the crop. Oats have a very complex cytology, made up of 3 genomes very much like wheat. Compared to wheat the economic importance of oats is very low. Oats for flakes are mainly imported into Austria and the development in the big oat exporting countries has to be watched. At present there are probably no transgenic oats on the world market.

Sorghum and Millets (*Sorghum bicolor*, *Panicum miliaceum* and others)

Sorghum bicolor has a close relative which is one of the worst weeds, called Johnson grass (*Sorghum halepense*). It could take up a transgene and transfer it to other Sorghum crops. There is high interest in sorghum genetics, because *Sorghum bicolor* has the same chromosome number as *Zea mays* and a high degree of synteny. As sorghum is a biofuel plant the pressure to create transgenic herbicide-resistant sorghum or Bt-sorghum could be very high. The group of millets is the staple diet for many people living in the arid zones of Africa and Asia. Agricultural science should focus on improving crops and agricultural practices. Transgenic millets, like transgenic *Pennisetum americanum*, cannot solve the problems in these areas.

Maize (*Zea mays*) is the only cereal with a huge acreage of transgenic cultivars worldwide. In production figures in tons maize has overtaken wheat and with maize the percentage for feed is much higher than for human consumption. A high number of derived food ingredients are produced from maize and this has provoked troublesome discussions for the food industry for many years. Transgenic maize has reached such a dimension, especially in the USA and the southern countries of Europe, that ecological risk assessment has become an increasingly important issue. Maize was taken up in this report just for comparison with the other cereals. For more detailed information, references are made to the abundant literature and publications edited by the Austrian Ministry for Health and Women (BMGF) and the Austrian Federal Environmental Agency (UBA).

Rice (*Oryza sativa*) is a staple food for more than one billion people in Asia and thus there is high precaution about releasing transgenic rice. In rice there are numerous closely related weeds, even belonging to the same species (*Oryza sativa* ssp. *spontanea*), which could serve as a bridge for genes and transgenes. Special problems were created by the accidental integration of a gene for "red pigmentation" in the rice crop and more recently, when transgenic herbicide resistant rice was mingled with the commodity. The genetic pollution of rice is a threat to the crop itself. A great number of genes of different origin would bring rice-breeding into difficulties. The rice genome is sequenced and very densely mapped. Alteration of food composition to improve nutritional quality by means of genetic engineering does not make sense because a basic rule for a healthy diet is that it must be based on a large variety of plant food (food based dietary guidelines). For more details there is a reference to a report on ecology of rice written by the author.

3. Einleitung

Die folgende Studie soll die Fragen der Gentechnik für die einzelnen Getreide im Zusammenhang der gesamten Lebensmittelkette beleuchten. Die Lebensmittelqualität entsteht bei jedem Getreide auf einem langen Herstellungsweg. In der Zeitschrift "Ernährung" hat der Autor in dem Beitrag "Identität, Qualität und Authentizität pflanzlicher Lebensmittel" dieses Prinzip dargestellt (Reiner H. 2001). Der Autor hat weiters praktische Erfahrung bei der Qualitätscharakterisierung von Getreide und speziell über "Geschichte und Identität alternativer Getreidearten" gearbeitet (Reiner 1998).

Im Vegetationsjahr 2001 bot sich im Rahmen eines Projektes mit dem Institut für Naturschutz und Ökologie der Universität Wien die Gelegenheit, ausgewählte Maisfelder in der Steiermark, im Burgenland, in Niederösterreich und Oberösterreich im Hinblick auf mögliche Auswirkungen im Falle des Anbaues von gentechnisch verändertem Mais zu beobachten. Die Landwirte wurden befragt und die landwirtschaftliche Praxis erhoben. Begleitend wurden Vegetation, Schädlinge, Nützlinge und Vogelfauna beobachtet. Schließlich wurden Überlegungen zur Risikoanalyse angestellt. (Dolezel et al. 2002, siehe Kap. Mais)

Im Laufe unserer Arbeiten zeigte es sich immer wieder, dass sehr einfache Zusammenhänge in der Lebensmittelkette darüber entscheiden, ob es bei einer Pflanze gentechnische Veränderung gibt oder nicht, ob diese erfolgreich sein können oder aber in der Praxis keine Chance auf Realisierung haben werden. Die Gründe liegen dabei meist nicht unmittelbar bei Fragen der Gentechnik oder der Genetik, sondern sehr oft in der Botanik der Pflanzen, in der praktischen Landwirtschaft oder in der nachfolgenden Verarbeitung zu Lebensmitteln. Am Beispiel der "Agrarökologie von Reis und Baumwolle" konnte dies bereits in einer vorhergehenden Arbeit aufgezeigt werden (Reiner 2004). Diese Arbeit und zahlreiche weitere Forschungsberichte sind über die Website des BMGF zu bestellen: <http://www.bmgf.gv.at/cms/site/bestellservice.htm>

In dieser Arbeit wird also der Versuch unternommen, botanische, agrar- und lebensmittelwissenschaftliche Grundlagen zur Beurteilung von Fragen im Zusammenhang mit der Gentechnik bei Getreide zu erarbeiten und übersichtlich darzustellen. Die Grundlagen der Biologie und der Genetik werden allerdings vorausgesetzt. Zunächst wird auf die Gräser als botanische Familie und auf das Getreide als Lebensmittel allgemein eingegangen. Dann werden die einzelnen Getreide in der Reihenfolge ihrer Bedeutung für die österreichische Landwirtschaft und Lebensmittelversorgung behandelt.

Der Text soll einen Einstieg in die Thematik geben und eine gute Übersicht vermitteln. Zitiert werden nicht nur neuere Werke, sondern bewusst auch Standardwerke und Lehrbücher der Botanik, der Genetik, des Pflanzenbaues und der Lebensmittelwissenschaften. Im Text wurden oft auch wissenschaftliche englische Ausdrücke in Klammer angeführt, besonders auf dem Gebiet der Genetik und Gentechnik. Wo ein Bezug zur Situation in Österreich gegeben ist, wird darauf besonders eingegangen.

Fragen der Lebensmittelsicherheit und der ökologische Risikoabschätzung stehen hier zwar nicht im Vordergrund, werden aber fallweise angesprochen. Ich danke den Auftraggebern des Bundesministeriums für Gesundheit und Frauen, dass diese Zusammenschau so ermöglicht wurde. Es liegt hier die Erfahrung zu Grunde, dass im Überblick manches viel einfacher und besser zu erkennen ist als in isolierten Fragestellungen.

Im Anhang finden sich folgende **Listen**:

- Liste wichtiger Gene in Getreidearten
- Liste von Genen aus fremden Arten

Viele Kolleginnen und Kollegen haben mir geholfen und in Gesprächen wertvolle Tipps gegeben, bei denen ich mich hiermit bedanken möchte.

- Dipl.-Ing. Robert Kofler (Genetik)
- Dipl.-Ing. Hubert Ebenberger (Korrektur)
- Dipl.-Ing. Erich Stumptner/Firma Anet (Datenbanken)
- Dr. William Gallagher (Englisch)
- Dr. Johannes Walter (Botanik)
- Mag. Marion Dolezel (Gentechnik)

Diese Studie soll den aktuellen Stand der Gentechnik bei den sieben wichtigen Getreiden Weizen, Gerste, Roggen, Hafer, Hirse, Mais und Reis referieren und aus dem Überblick über die gesamte Lebensmittelkette heraus beleuchten. Sie soll den Lesern verständlich machen, warum bei manchen Getreidearten die Gentechnik schon sehr weit fortgeschritten ist und bei anderen praktisch keine gentechnischen Veränderungen in der Praxis zur Anwendung kommen. Die Gründe dafür sind oft recht einfach, finden sich jedoch über die gesamte Lebensmittelkette und sind deshalb oft nicht auf den ersten Blick zu erkennen.

Häufig verwendete Abkürzungen:

BAC: Bacterial Artificial Chromosome

cDNA: complementary DNA

Chr: Chromosom

ESTs: Expressed Sequence Tags

MAS: Marker Assisted Selection

PCR: Polymerase Chain Reaction

QTL: Quantitative Trait Loci

TILLING: Targeted Local Lesions IN Genomes

4. Allgemeiner Teil: Gräser und Getreide

4.1. Botanik

Systematische Einordnung

Alle in dieser Arbeit behandelten Getreide gehören zur botanischen Familie der Gräser (**Poaceae** oder **Gramineae**). Die Familie der Gräser kann in mehrere Triben unterteilt werden. Die Rangstufe des Tribus liegt unterhalb der Familie und Unterfamilie und über der Gattung. Weizen, Roggen und Gerste zählen zum Tribus der **Triticeae**, Hafer zu den **Aveneae** und Reis zu den **Oryzeae**. Die Hirsen werden mehreren Triben zugeordnet. Die wichtige Sorgum-Hirse gehört zu den **Andropogoneae**. Zu diesem Tribus gehört auch der Mais. Viele weitere Hirsen (*Panicum*, *Echinochloa*, *Digitaria* und *Setaria*) zählen zu den **Paniceae**.

Die Gräser werden in Bestimmungsschlüsseln nach ihrem Fruchtstand eingeteilt:

- **Ährengräser:** Die Ährchen sitzen unmittelbar auf der Ährenachse. Dazu gehören folgende Gattungen: *Triticum*, *Hordeum*, *Secale* u.a.
- **Ährenrispengräser:** Beim Umbiegen der Scheinähre ist zu erkennen, dass die Ährchen auf kurzen Stielen sitzen. Zu dieser Gruppe gehören z.B. die Borstenhirse (*Setaria italica*) und einige Gerstenarten (*Hordeum sp.*).
- **Rispengäser:** Die Ährchen sind sehr lang gestielt. Dazu gehören die Sorgum-Hirse (*Sorghum sp.*), die Rispenhirse (*Panicum miliaceum*), der Hafer (*Avena sativa*) und der Reis (*Oryza sativa*).

Innerhalb eines Tribus können Gräser mit verschiedenem Fruchtstand zusammengefasst sein, wie das Beispiel der Rispenhirse (*Panicum*) und der Kolbenhirse (*Setaria* ist ein Ährenrispengras) zeigt, die beide zu den **Paniceae** gehören. (Botanische Grundlagen aus Fischer 1994).

Die Verwandtschaft der Getreide wurden dem Buch "Evolution of Crop Plants" von Simmonds (1986) entnommen. Das grundlegende Werk zur Geschichte der Getreide wurde von Körber-Grohne (1988) verfasst.

Morphologie

Der Spross (engl. shoot) der Getreidepflanzen wird Halm (engl. culm) genannt. Er ist in Knoten (engl. nodes) unterteilt. Im Basalbereich sind die Knoten sehr dicht und dort entspringen Seitenprosse (engl. tillers), die die Bestockung der Getreide möglich machen. Bei jedem Knoten entspringt ein Blatt. Der untere Teil des Blattes ist als Scheide (engl. sheath) ausgebildet, an deren oberen Ende ein Blatthäutchen (engl. ligule) und eventuell Öhrchen (engl. auricles) sind. Dann geht das Blatt in die meist abstehende

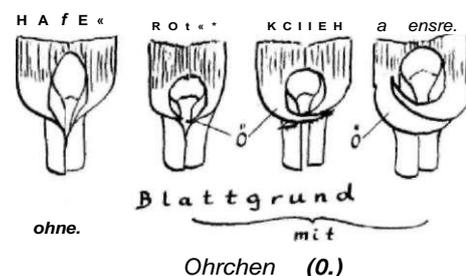


Abbildung 1: Blattöhrchen von Hafer, Roggen, Weizen und Gerste, Quelle: Holzner (1981)

Spreite (engl. blade, lamina) über. Der Spross endet mit der Ähre (engl. ear, spike). Bedingt durch die sehr kurzen Achsenglieder (engl. rachis), sitzen die aus 2-3 Blüten (engl. florets) bestehenden Ährchen (engl. spikelets) dicht gedrängt.

Speziell die Morphologie der Blüte und der Frucht wird von Bushnell et al. (2003) genau beschrieben, da sie für den Infektionsweg von Fusarium Head Blight von großer Bedeutung ist. Weitere Literatur: Fischer 1994, Kirby 2002, siehe Lit. Weizen.). Abbildungen der meisten Getreide wurden dem Werk "Grundriss der Naturgeschichte des Pflanzenreiches" von Beck von Mannagetta (1905) entnommen, die Hirsen dem Standardwerk für Nutzpflanzenkunde von Franke (1997, siehe Lit. Hirsen)

Das Korn ist botanisch eine einsamige Schließfrucht, bei der die Fruchtwand (Pericarp) mit der Samenschale (Testa) verwachsen ist (Karyopse). Es besteht aus dem Embryo und dem Endosperm. Der Embryo ist aus dem Scutellum, dem Ansatz des Sprosses (engl. shoot meristem, plumule) und dem Ansatz der Wurzel (engl. radicle) aufgebaut. Das Scutellum ist ein Gewebe, welches verschiedene Enzyme ins Endosperm abgibt, um die Keimung auszulösen. An diesen embryonalen, meristematischen Geweben können gentechnische Veränderungen vorgenommen werden. Das Endosperm (Mehlkörper) wird von der Aleuronschicht (Protein reiche Zellschicht) umgeben, die ebenfalls der Enzymversorgung dient.

Die Blüte eines Grases besteht aus drei Staubblättern (engl. anther), deren Staubfäden besonders bei den fremdbefruchtenden Arten während der Blüte oft weit herausragen. Der Fruchtknoten ist oberständig und die oft zweiteilige Narbe (engl. stigma) ist deutlich fedrig. Am Grund der Blüte sind zwei winzige Schwellkörper (Lodiculae), die zur Blütezeit anschwellen und die Blüte öffnen.

Die einzelne Blüte wird bedeckt von einer Vorspelze (engl. palea) und einer Deckspelze (engl. lemma). Mehrere Blüten zusammen bilden ein Ährchen, das von Hüllspelzen (engl. glumes) umgeben ist. Die verschiedenen Spelzen (Vorspelzen, Deckspelzen, Hüllspelzen) werden in der Warenkunde des Getreides nicht unterschieden, da sie sich im Mähdrescher bei den meisten sogenannten freidreschenden Getreidearten (Nacktgetreiden) sehr leicht ablösen.

Bei den Spelzgetreiden sitzen die Spelzen so eng am Korn, dass im Mähdrescher die Körner mit den Spelzen anfallen.

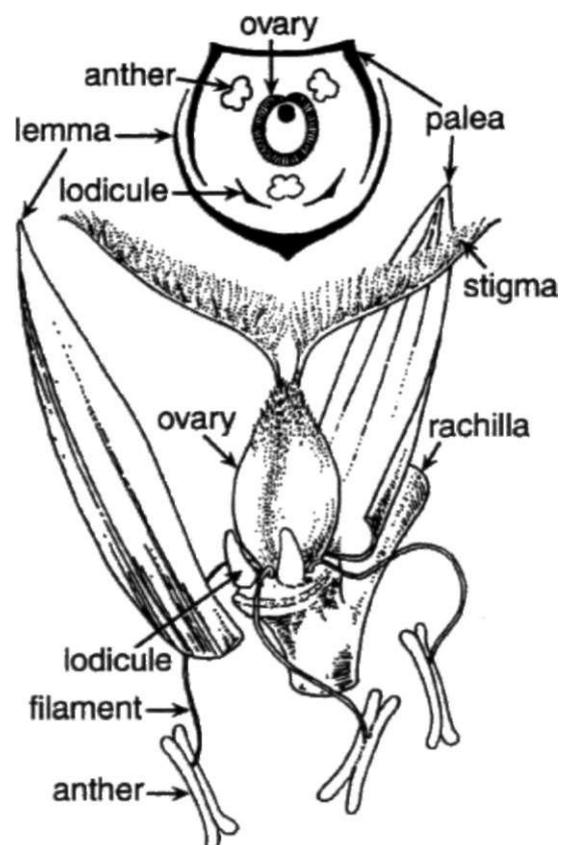


Abbildung 2: Gräserblüte mit englischen Bezeichnungen, Quelle: Leonard, Bushnell (2003), S 47

Auf die genaue botanische Definition nach dem Blütenstand: Ahrengräser, Ährenrispengräser und Rispengräser wurde schon bei der Morphologie eingegangen. Ähren, die eine verdickte Blütenstandsachse besitzen, werden Kolben (z. B. weiblicher Blütenstand des Mais) bezeichnet. Bei der Kolbenhirse (*Setaria italica*), einem Ährenrispengras, und der Sorgum-Hirse, einem Rispengras, sind die Fruchtstände jedoch nur kolbenartig verdichtet.

Physiologie

Nach ihrem Wasserbedarf kann man die Getreide in drei große Gruppen einteilen:

- Die Getreide des vorderen Orients verlangen trockene Sommer; die Wachstumsphase fällt in die relativ feuchte Periode des Winters. Wenn die Getreide weiter nördlich angebaut werden, verschiebt sich die Wachstumsphase in das Frühjahr. Durch den Frost wird hier gleichsam der Winter zur Trockenphase und Ruhephase für die Pflanze. Zu dieser Gruppe gehören alle *Triticeae*.
- Die Getreide, die nur in kurzen Regenzeiten wachsen und dann extrem trockenresistent sein müssen (*Sorghum*, *Pennisetum* u.a. Hirsen) oder durch Flutung am Anfang ihres Wachstums gefördert werden und dann trocken abreifen (*Oryza*).
- Der Mais (*Zea mays*), der eher in einem gärtnerischen Umfeld domestiziert wurde und eine sehr gute Wasserversorgung über die gesamte Wachstumsperiode braucht.

Mais und einige Hirsen sind C4-Pflanzen und können mit Hilfe eines sehr effektiven Stoffwechselsystems eine besonders große Biomasse aufbauen.

Die Speicherproteine der Getreidekörner wurden von Osborne schon im Jahre 1907 charakterisiert. Diese Einteilung ist noch heute sehr hilfreich und hat besondere Bedeutung erlangt, weil die Kartierung der einzelnen Speicherproteine auf den Chromosomen heute vollständig ist und speziell die Genetik der Gliadine des Weizens schon sehr weit fortgeschritten ist.

Tabelle 1: Osborne Fraktionen, entdeckt 1907 von T.B. Osborne

	Albumin in Wasser löslich	Globulin in 0,4 mol/l NaCl löslich	Prolamin in 70%-igem wässrigen Äthanol löslich	Glutelin im Rückstand, teilweise in verdünnter Säure löslich
Weizen	Leukosin	Edestin	Gliadin	Glutenin
Gerste			Hordein	Hordenin
Roggen			Secalin	Secalinin
Hafer		Avenalin	Gliadin	Avenin
Hirse			Kafirin	
Mais			Zein	Zeanin
Reis			Oryzin	Oryzenin

Quelle: Belitz, Grosch 1987

Zytologie

Die Zytologie der Getreide, im Speziellen der Aufbau und die Struktur ihrer Chromosomen, ist eine erste Einführung in die Genetik. Die Anzahl der Chromosomen, ihre Form und die Lage des Centromers - die Verbindungsstelle der beiden Schwester-Chromatiden - kann helfen, Getreide-Arten zu identifizieren (z.B. tetraploider Hartweizen und hexaploider Dinkel) oder Translokationen (Vertauschung von Chromosomen-Stücken) zu erkennen. Die meisten Informationen zur Zytologie der Getreide stammen aus Fischbeck et al. (1985) und aus Odenbach (1997). Die Zytologie schien vor etwa 10 -20 Jahren durch die rasanten Fortschritte der Genetik als Wissenschaftsgebiet etwas in den Hintergrund zu treten. Heute ist sie aber durch moderne Techniken, wie die "Fluorescent in Situ Hybridization" (FISH) oder die "Genomic in Situ Hybridization" (GISH) wieder sehr aktuell geworden. Chromosomen bzw. Gene können mit diesen Techniken angefärbt und lokalisiert werden.

Im Rahmen der Züchtung hat man vor einigen Jahren versucht, in den Weizen Merkmale des Roggens durch Austausch von Chromosomen-Stücken einzubringen. So sind eine Reihe von Weizensorten mit sogenannten Translokationen entstanden. Die bekannteste Translokation ist die 1BL.1RS Translokation. Hier ist der kurze Arm des Chromosoms 1B von Weizen durch den kurzen Arm des Roggenchromosoms 1R ausgetauscht. Das Translokationschromosom 1BL.1RS im Weizen besteht also aus dem langen Arm von Chromosom 1B und dem kurzen Arm des Roggenchromosoms 1R. Translokationen sind für die Wissenschaft von großem Interesse. Die Methodik zur Herstellung von Translokationen ist keine Gentechnik. Es ist jedoch in diesem Zusammenhang interessant, sich Gedanken über die Identität und Integrität eines Genoms zu machen.

Genetik

Einen großen Einfluss auf den Stand der Forschung bei der Genetik der Gräser hat die Größe der Genome.

Tabelle 2: Genomgrößen, Angabe in Mega-Basenpaaren (x 1.000.000), Verhältnis zur Genomgröße von Reis, Chromosomen und Stand der Forschung

Genom	Genomgröße Mbp	Verhältnis zum Reisgenom	Chromosomen	Stand der Forschung
<i>Arabidopsis thaliana</i>	130	0,3	2n = 2x = 10	gesamtes Genom sequenziert
<i>Oryza sativa</i>	430	1	2n = 2x = 24	gesamtes Genom sequenziert
<i>Sorghum bicolor</i>	750	1,7	2n = 2x = 20	Sequenzierung im Gange
<i>Zea mays</i>	2500	5,8	2n = 2x = 20	Sequenzierung im Gange
<i>Hordeum vulgare</i>	5000	11,6	2n = 2x = 14	Vorbereitungen für Sequenzierung im Gange
<i>Secale cereale</i>	8400	19,5	2n = 2x = 14	genetische Karten und ESTs in Bearbeitung
<i>Avena sativa</i>	11.400	26,5	2n = 6x = 42	genetische Karten und ESTs in Bearbeitung
<i>Triticum aestivum</i>	16.000	37,2	2n = 6x = 42	Vorbereitungen für Sequenzierung im Gange

Quelle: aus Gupta, Varshney 2GG4, ergänzt.

So ist z.B. das Genom des Weizens 37 mal größer als jenes von Reis. Das kleinste Genom der Getreide hat der Reis, es enthält ca. 32.000 Gene.

Kartierung der Getreidegenome (Construction of Maps)

Bei der **Kartierung** der Getreidegenome versucht man, bestimmte Merkmale der Getreidepflanze als Gene auf den Chromosomen zu lokalisieren. Schon sehr früh gelang es, einige auffällige botanische Merkmale bestimmten Chromosomen zuzuordnen. Man entdeckte zunächst, dass sich diese botanischen Merkmale meistens gekoppelt vererben, und wusste daher, dass ihre Gene sehr nahe beieinander liegen. Solche Gruppen nannte man Kopplungsgruppen von

Merkmalen (engl: **linkage groups**). Je mehr an der Kartierung solcher Kopplungsgruppen gearbeitet wurde, desto deutlicher wurde es, dass diese Kopplungsgruppen praktisch mit den Chromosomen ident sind. Alle Merkmale einer Kopplungsgruppe liegen auf einem Chromosom und bei sehr enger Kopplung in der Vererbung liegen sie auch auf demselben Chromosom in unmittelbarer Nachbarschaft.

Alle genetischen Karten beruhen auf dem Prinzip der gekoppelten Vererbung von Genen oder Markern. Dieses Prinzip beruht darauf, dass es während der Reduktionsteilung (Meiose) zum "Crossing over" zwischen den homologen Chromosomen kommt. Je näher nun zwei Gene oder Marker beieinander liegen, desto geringer ist die Wahrscheinlichkeit, dass sie durch "Crossing over" voneinander getrennt werden. Man kann daher den genetischen Abstand zwischen zwei Genen oder Markern durch die Wahrscheinlichkeit angeben, dass sie getrennt werden. Zum Beispiel bedeutet 10 cM auf einer genetischen Karte, dass zwei Gene nur in 10 % der Fälle getrennt werden, zu 90% aber miteinander vererbt werden.

Schon sehr früh wurden die Bedeutung sogenannter **molekularer Marker (molecular markers)** bekannt. Molekulare Marker sind Merkmale, die erst durch eine chemische Analyse und Charakterisierung des DNA-Moleküls sichtbar werden. Spaltet z.B. ein spezifisches Enzym die DNA an einer bestimmten Stelle, so kann dieser Ort der Spaltung als ein Merkmal des DNA-Moleküls der Getreideart aufgefasst werden. Dieses Merkmal ist an der Pflanze selbst nicht zu sehen, d.h. es wird am Phänotyp nicht sichtbar. Durch eine chemische Analyse (Elektrophorese u.a. Methoden) kann es als Bande auf einem Gel sichtbar gemacht werden und wie ein phänotypisches sichtbares Merkmal als Marker zur Schaffung einer **genetischen Karte** verwendet werden (**Molecular Map of the Cereal Genome**).

Bei **Physischen Karten (engl. physical maps)** wird die Reihenfolge und die Position von geklonten Fragmenten bestimmt. Es wird mit klar abgegrenzten Bereichen und absoluten Abständen in Basenpaaren gearbeitet. (Der englische Begriff "physical", z.B. "physical geography", wird im Deutschen mit physische Geographie übersetzt.)

Die **Molekularen Marker** sind in ständiger Weiterentwicklung. In einer kurzen Übersicht sollen die wichtigsten Markersysteme und ihr Einsatz für die Kartierung der Getreidegenome erklärt werden.

Enzym-Marker (Isoenzym-Muster): Mit Hilfe der Elektrophorese können Eiweißmoleküle und Enzyme aufgetrennt werden. Die sichtbaren Banden sind sehr oft ein direkter Hinweis auf eine Eigenschaft des Getreides. So sind die Klebereiweißbanden beim Weizen direkt zu erkennen. Oft können einzelne Enzyme, wie z.B. die Peroxidasen oder Amylasen, indirekt auf diese Eigenschaften hinweisen. Solche Markersysteme werden noch immer sehr häufig verwendet.

RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism)

Die extrahierte DNA aus den Getreiden wird mit **Restriktionsenzymen** versetzt. Diese sind aus verschiedenen Bakterien (z.B. *Escherichia coli*, Abk. EcoRI oder *Bacillus amyloliquefaciens*, Abk.: BamHI) und spalten nach ganz bestimmten Sequenzen (EcoRI z.B. nach GAATTC). Man erhält also ein Gemisch bestehend aus verschiedenen DNA Molekülen unterschiedlicher Länge. Diese werden in der Elektrophorese entsprechend ihrer Größe aufgetrennt, mittels einer speziellen Methode (Southern Blotting) auf einen anderen Träger gebracht und dann mit sogenannten **Sonden** (engl. **probes**) sichtbar gemacht. Eine Sonde ist das komplementäre DNA-Stück zur gesuchten Sequenz. Die entstehenden Banden an verschiedenen Stellen sind die "Marker".

AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism)

Diese Methode baut auf der vorigen auf, verwendet aber die **Polymerase-Kettenreaktion (PCR)**. Die mit Restriktionsenzymen verdaute DNA wird mit Hilfe der PCR mengenmäßig vermehrt. Durch die PCR kann jede Gensequenz, die durch zwei **Primer** (Anfangssequenz) erkannt wird, verdoppelt werden, sodass bei x Verdoppelungen theoretisch 2^x DNA Moleküle entstehen. Dadurch wird die DNA bis in den μg -Bereich hinein vermehrt und ist der weiteren Analytik (z.B. mit Elektrophorese) damit sehr gut zugänglich. Vermehrt wird bei AFLP nur jener Bereich, der durch selektive Primer, das sind ca. 20 bp lange DNA Sequenzen, von beiden Seiten begrenzt wird, wobei die beiden Primer nicht mehr als 2000 bp voneinander entfernt liegen dürfen. Nach Auftrennung mit Elektrophorese und Detektion ergeben sich Gele mit vielfältigen Mustern, darunter immer wieder sehr wertvolle "Marker".

Microsatellite Marker (SSR=simple sequence repeats): Ein großer Teil des Genoms besteht aus sich wiederholenden Sequenzmotiven, wie zum Beispiel bei AGAGAGAGAGAGAG = [AG] 7-mal. Diese Sequenzen heißen Mikrosatelliten oder SSRs. Die Anzahl der Wiederholungen dieser kurzen Motive ist äußerst variabel zwischen Individuen einer Art. Wenn man zu beiden Seiten des Mikrosatelliten jeweils einen PCR-Primer entwickelt, erhält man einen der nützlichsten molekularen Marker denn sogenannten Mikrosatelliten-Marker. Dieser Marker wird sehr häufig verwendet, da er verlässlich ist, leicht einzusetzen und genetische Unterschiede sehr gut aufzeigt (polymorph).

SNP (Single Nucleotide Polymorphism): Durch Sequenzieren ganz bestimmter Genom-Abschnitte kann man Unterschiede in der Sequenz zwischen Individuen feststellen (Mutationen, Insertionen, Deletionen). Oft unterscheiden sich die Sequenzen nur in einem einzigen Basenpaar. Hier dient also die DNA-Sequenz direkt als "Marker".

DArT (Diversity Arrays Technology): DArT-Marker sind der jüngste Marker-Typ. Sie basieren auf Hybridisierung von DNA auf Microarrays/Chips. Dadurch können hunderte Marker in einem einzigen Experiment untersucht werden.

Alle hier aufgelisteten Markersysteme können für die **Marker-Assisted-Selection (MAS, deutsch: Marker gestützte Züchtung)** eingesetzt werden, aber auf Grund der schwierigen Durchführung der meisten Markersysteme werden in der praktischen Züchtung nur die Isoenzymmarker und die Mikrosatelliten eingesetzt.

CHROMOSOME 1H(5)

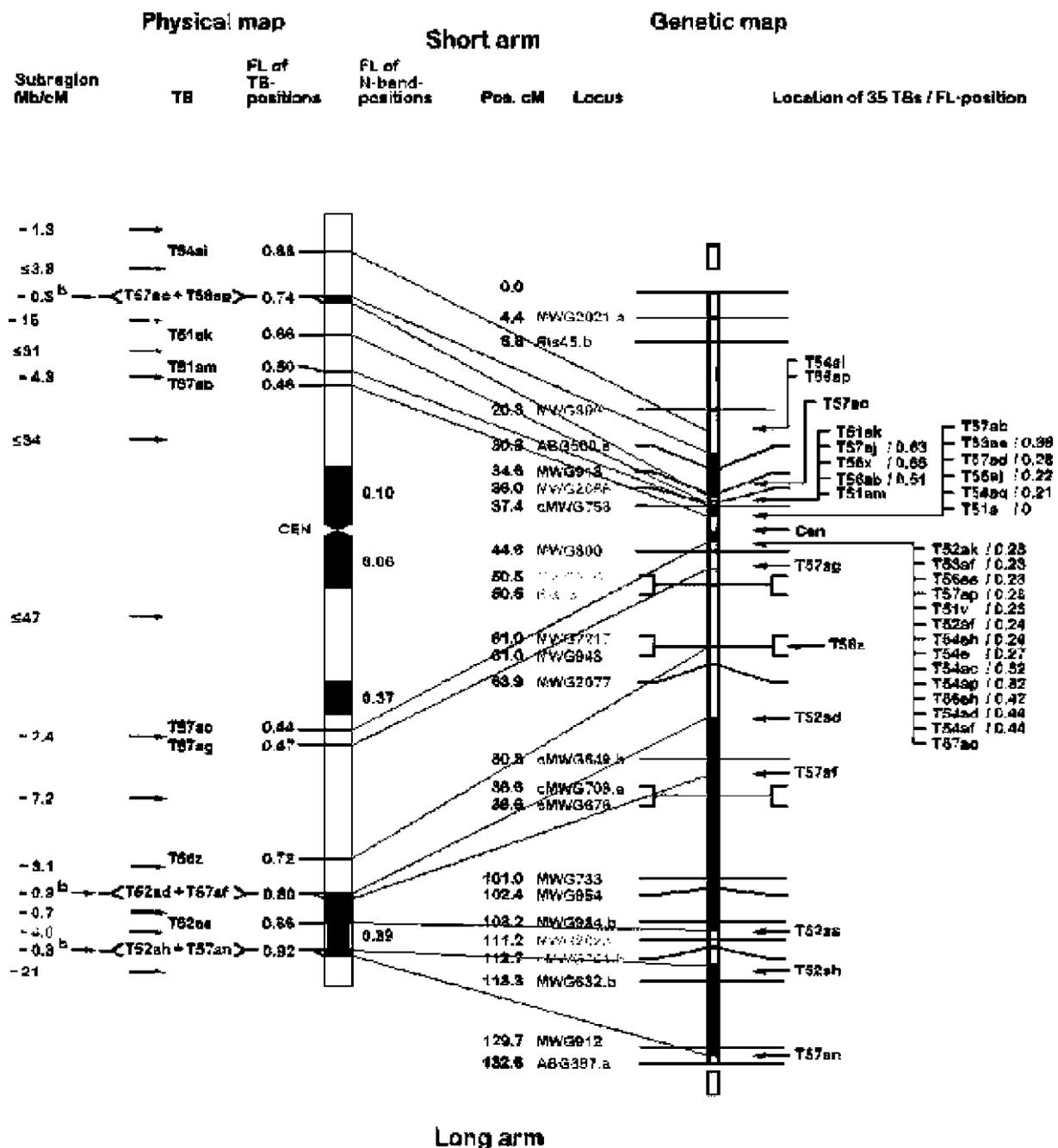


Abbildung 3 zeigt eine physische und eine genetische Karte des Chromosoms 1 der Gerste mit vielen eingezeichneten Markern, Quelle: Website: <http://pgrc.ipk-gatersleben.de/kuenzel/barleymap.html> (abgefragt: Dez.06)

Sequenzierung der Getreidegenome (Sequencing)

Beim Sequenzieren wird die genaue Basenfolge des Getreidegenoms durch chemische Analyse ermittelt. Die chemischen Methoden sind seit vielen Jahrzehnten bekannt. Erst mit Hilfe automatisch arbeitender Analysengeräte und durch Computer-Auswertung können heute ganze Genome sequenziert werden.

Die Getreidegenome sind relativ groß. Reis als kleinstes Genom hat immerhin noch eine Zahl von 430.000.000 Basenpaaren. Das Genom einer Getreidepflanze wird zunächst in kleinere Stücke zerlegt, mit denen die Sequenzierung möglich wird. Die Schwierigkeit besteht nun darin, die Position dieser Stücke im Genom zu finden sind. Dann können die Sequenzen Stück für Stück zu einem gesamten Genom zusammengefügt werden können.

Es gibt zwei Hauptansätze für die Sequenzierung der Gräsergenome:

Whole Genome Shotgun (WGS)

Diese von James C. Venter im "Human Genome Project" angewendete Methode wurde auch bei der Sequenzierung des Reisgenoms und des Arabidopsis - Genoms angewendet. Das gesamte Genom wird in viele Stücke zerlegt, diese werden dann sequenziert und am Ende versucht man, die Sequenzen zusammensetzen. Die Methode ist schnell, jedoch ist die Qualität der Endsequenz nicht verlässlich. (Gupta, Varshney 2004)

Clone by Clone (CBC)

Das zu sequenzierende Genom wird mit Restriktionsenzymen in viele um die 200.000 bp große Stücke zerteilt. Diese Stücke werden nun in das Bakterium *Escherichia coli* eingebracht und können dann als Klone (**clones**) in Kultur gehalten und aufbewahrt werden. Sie sind wie künstliche große Chromosomen (**BACs für Bacterial artificial chromosomes**). Diese geklonten Genom-Stücke stehen nun für die laufende Sequenzierungsarbeit zur Verfügung. Voraussetzung für die Sequenzierung ist das Ordnen der BACs mittels eines genetischen Fingerabdruckes. Man erhält eine physische Karte (physical map) des Getreidegenoms. Diese Methode ist zwar sehr arbeitsintensiv, dafür ist die Endsequenz sehr verlässlich.

Eine große Sammlung solcher DNA-Klone einer Getreidepflanze wird als "DNA-Bibliothek" bezeichnet (**DNA-library**). Die BACs einer Bibliothek decken also das gesamte Genom der Getreidepflanze ab. An den Rändern decken bzw. überschneiden sich die Sequenzen in weiten Bereichen. Alle überlappenden Klone die eine bestimmte Region des Chromosoms abdecken, werden als **Contig** bezeichnet. (Griffiths et al. 2000; Gupta, Varshney 2004).

Besonders interessant sind **cDNA-Sequenzen** (complementary DNA), die bei jeder bei jeder Art zuerst sequenziert werden. Die Information, die die Zelle zur Synthese von Enzymen bzw. Proteinen benötigt, ist beinahe gänzlich in der mRNA (messenger RNA) enthalten. Wird die Sequenz der mRNA mittels Reverse Transcriptase (RT) in DNA übersetzt, spricht man von cDNA. Auf diese Weise kann man genau jenen Abschnitt der DNA klonieren, der einem Gen entspricht.

Dies hat zudem den Vorteil, dass die cDNA viel stabiler als RNA ist. Wenn man nun diese cDNA-Fragmente in Bakterien kloniert, erhält man eine cDNA-Bibliothek

(library). Da man die Sequenz möglichst vieler Gene benötigt, fertigt man in der Praxis cDNA-Librarys von unterschiedlichen Entwicklungsstadien an. Da die cDNAs häufig zu lang für eine vollständige Sequenzierung sind, werden sie oftmals nur von den beiden Enden her sequenziert und man erhält die sogenannten **ESTs**. Diese **Expressed sequence tags (deutsch: exprimierte Sequenzen)** sind heute das wichtigste Instrument der modernen Genom-Analyse geworden. Die darauf basierenden Kartierungen der Getreidegenome werden als **Transcript Genetic Maps** zusammengefasst und weil die konkreten Gene mit ihren Wirkungen in der Genomkarte eingezeichnet sind, ist damit eine **funktionelle Genomanalyse** begründet (**Functional Genomics**). (Griffiths et al. 2000; Varshney et al. 2004)

Eine breite biotechnologische Anwendung haben die im Jahre 1951 im Mais entdeckten springenden Gene (**Transposons**) erlangt. Das **Ac**-Element schneidet sich aus einer bestimmten Stelle des Genoms aus und fügt sich an einer anderen Stelle wieder ein. Dadurch kann ein Gen und sein Genprodukt verändert werden. Beim Mais war dies ein Ausfall der Pigmentierung auf den Körnern. Durch eine weitere Transposition kann die Pigmentierung wieder hergestellt werden. **Ds**-Elemente (von Dissociation) springen nur dann, wenn an einer anderen Stelle ein Ac-Element vorhanden ist. Transposons haben Anwendung gefunden beim Kartieren (**transposon tagging**) und sind Basis für Marker-Systeme (S-SAP, IRAP). Sie werden auch in der Gentechnik eingesetzt, um Transgene an andere Positionen zu bringen und so transgene Selektions-Marker wieder zu entfernen.

Die Genprodukte einer Getreidepflanze werden im Laufe der Entwicklung in unterschiedlichsten Phasen oder bei Angriffen von Insekten und Krankheiten in den verschiedensten Organen der Pflanze gebraucht und abgerufen. Das **Raum-Zeit Muster** der Genexpression (spatio-temporal patterns of gene expression) wird daher in der Genomik immer wichtiger (siehe Website [GABI](#)). Neue Methoden, wie **Super SAGE (Serial Analysis of Gene Expression)** werden zur Lösung solcher Fragen herangezogen. Hier liegt noch eine große Aufgabe der Genomforschung.

Eine Auflistung aller **Genetischen Karten** für Getreide bis zum Jahr 2004 findet sich bei Varshney et al. (2004). Die Karten basieren auf den oben genannten Markersystemen: RFLP, SSR, AFLP usw. Diese Marker können auch miteinander kombiniert werden. Die Karten sind immer das Ergebnis großer Kreuzungsprogramme, in denen zwei elterliche Linien und eine große Nachkommenschaft über viele Jahre untersucht werden. Die Kartierungsprojekte erfordern daher eine kontinuierliche Arbeit mit längerfristiger Perspektive über Jahre. Kartierungsprojekte für Reis, Mais, Gerste usw. werden in den einzelnen Kapiteln vorgestellt.

Das **Internet-Portal** für die Genetik von Gräsern und Getreide (*Triticeae*) ist die Website von **Grain Genes**. Die Website kann durchsucht werden nach Allelen, Genen, Genklassen, Genprodukten, Karten, Markern, Sequenzen, Proteinen und Arten. Sie enthält 1800 Gräser- und Getreidearten und 37.150 Genetische Ressourcen. Es sind 1.497.152 Sequenzen in der Datenbank zu finden. Über den Link "Genomics" kommt man zu allen großen Forschungsinitiativen auf dem Gebiet der Getreide-Genetik. Das Portal [GrainGenes](#) ist eine wichtige Quelle für die vorliegende Arbeit "Getreide und Gentechnik".

Die Erforschung der Genome der **7 Hauptgetreide** zeigt immer deutlicher, wieviel Übereinstimmung es unter den Gräsergenomen gibt. Die meisten Gene finden sich in allen sieben Getreidearten. Es gibt die Kolinearität und Synteny, d.h. eine idente Reihenfolge der Gene zwischen den Getreidearten auf den Chromosomen. Deshalb wurde ein neues Internet-Portal zur Genetik aller Gräser gegründet, mit Namen **Gramene** (Zusammengesetzt aus Gramineae und Gene). Dieses ist vor allem für den Reis und die Hirsen von großer Bedeutung. Für den Mais gibt es die wichtige Datenbank **MaizeGDB** (siehe Websites Mais). Auch die Synteny zu *Arabidopsis thaliana* und anderen Organismen wurden untersucht. Alle diese Datenbanken sind heute gegeneinander verlinkt und dienen der Erforschung der Übereinstimmung der Genome der Getreidepflanzen. Das große Portal für die Genomik aller Organismen ist **NCBI**.

4.2. Pflanzenbau und Züchtung

Anbausysteme

In diesem Abschnitt wird bei den 7 Hauptgetreiden versucht, unter den vielen Aspekten einige herauszugreifen, die einen Bezug zur Gentechnik haben. Die pflanzenbaulichen Voraussetzungen entscheiden nämlich letztlich darüber, ob die Landwirte einen Sinn darin sehen würden, gentechnisch veränderte Sorten überhaupt einzusetzen oder nicht. Es wird von den Landwirten ein Vergleich hergestellt mit der landwirtschaftlichen Praxis unter ganz konkreten Produktionsbedingungen in einem Agrarökosystem und Anbaugebiet, z.B. Anbau von Weizen als Marktfrucht für heimische Mühlen im Weinviertel oder Anbau von Futtergerste für Gerstenschrot für Rinder im oberösterreichischen Alpenvorland. Es wurde daher versucht für diese Arbeit einige Informationen über die landwirtschaftliche Praxis zu bekommen. Wichtige Quellen hierfür sind die Ergebnisse von Betriebsauswertungen, die von Arbeitskreisen über den Marktfruchtbau der Jahre 2004 und 2005 erarbeitet wurden (Janetschek 2005 und 2006). Allgemeine Grundlagen zum Pflanzenbau sind aus dem bekannten Lehrbuch von Geisler G. (1988) entnommen sowie einigen Fachbüchern, die bei den jeweiligen Kulturen zitiert werden.

Die Getreide gehören im Pflanzenbau zu den eher wenig intensiven Kulturen. Der Einsatz an Arbeitszeit und Betriebsmitteln ist im Vergleich zu fast allen anderen Kulturen, wie Ölpflanzen, Wurzel- und Knollenfrüchten, Zuckerrüben, Kartoffeln, Gemüse, Obst, Kräutern und Gewürzen relativ gering. Der Anbau der Getreide erfolgt in Drillsaat, nur Mais wird in Einzelkornsaat angebaut und die Ernte ist voll mechanisiert. Getreidebau kann von einem Betrieb mit nur einer Person bewältigt werden. Deshalb ist auch auf kleinen Flächen und durch kleinere Betriebe Getreidebau möglich. Die Entwicklungsstadien (growth stages) der Getreide können nach dem Schema der Deutschen Biologischen Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft angegeben werden (Website **BBCH-Codes**).

Unkräuter

Unkräuter spielen in dieser Arbeit eine zweifache Rolle. Zum einen haben transgene herbizidresistente Pflanzen den einzigen Zweck, die Unkrautkonkurrenz im Acker mit Hilfe von sogenannten Total-Herbiziden vollkommen auszuschalten. Ein Großteil des Unterwuchses in einem Acker besteht aber aus nicht störenden Pflanzenarten. Man darf streng genommen nur die "Problemunkräuter" heranziehen, wenn man die Systeme gegeneinander aufwiegt. Für das Getreide, mit der Ausnahme Mais, ist die Situation jedenfalls relativ günstig, da es im Vergleich zu vielen Kulturen wenige ausgesprochene Problemunkräuter gibt. Dies ist auch der Grund, warum es bis auf den Mais und einige Ausnahmen, kaum transgene herbizidresistente Getreide gibt.

Zum anderen sind Unkräuter oft die nächsten Verwandten der Kulturpflanzen und ein Auskreuzen der Transgene wäre eine sichere Konsequenz. Der Hafer ist ein Beispiel dafür, dass wegen des nahe verwandten Flughafers eine Freisetzung von transgenem Hafer sehr bedenklich wäre. Ein weiteres Beispiel ist der Unkraut-Reis, der in Reisanbaugebieten zum großen Problem geworden. Auch transgene Sorghum-Hirse wäre wegen der nahen Verwandtschaft zur *Sorghum halepense* sicher ein Problem. Diese Beispiele werden in den jeweiligen Kapiteln noch näher ausgeführt.

Die Unkrautflora im Getreide in unseren Breiten lässt sich in drei großen Gruppen zusammenfassen:

- Unkräuter des Wintergetreides (Winterweizen, Wintergerste, Roggen)
- Unkräuter des Sommergetreides (Sommerweizen, Sommergerste, Hafer)
- Unkräuter im Mais, Sorghum, Rispenhirse (Anbauzeit erst im Mai)

Wichtige Unkräuter werden in den einzelnen Kapiteln behandelt. Die wichtigste Quelle für dieses Kapitel sind die Bücher "Ackerunkräuter" von Holzner, Glauning (2005) und "Unkraut Ökologie und Bekämpfung" von Zwerger, Ammon (2002).

Schädlinge

Die Schädlinge werden aus dem Werk von Zwatz, Cate und Berger (1998) vorgestellt. Grundlagen und systematische Einteilung sind dem Lehrbuch der Phytomedizin (Hoffmann et al. 1985) und aus einigen aktuellen Artikeln in den Zeitschriften "Mais" und "Getreide Magazin" aus dem Theodor Mann Verlag entnommen.

Die **wichtigsten Getreideschädlinge** finden sich in folgender **Systematik (Ordnungen und Familien)** wieder.

Ordnung: Tylenchida sind eine Ordnung der Nematoden (**Fadenwürmer**), dazu gehören die Gattungen ***Ditylenchus*** und ***Anguina***. (deutsch: Alchen), z.B. Weizenälchen (*Anguina tritici*) und das Hafercystenälchen (*Heterodera avenae*)

Ordnung: Thysanoptera (**Thripse**, Fransenflügler): *Haplothrips aculeatus* (Weizenthrips)

- Ordnung: Heteroptera (**Wanzen**), Wanzenstich bei Weizen
 Familie: Schildwanzen: *Eurygaster* sp. (Getreidewanzen)
- Ordnung: Hymenoptera (**Wespen**)
 Familie: Cephidae (Halmwespen) *Cephus pygmaeus*:
 (Getreidehalmwespe)
- Ordnung: Coleoptera (**Käfer**)
 Familie: Elateridae (**Schnellkäfer**), *Agriotes lineatus* und *A. obsurus*)
 Familie: Chrysomelidae (**Blattkäfer**): *Oulema melanopus*
 (Getreidehähnchen auf Weizen)
- Ordnung: Lepidoptera (**Schmetterlinge**)
 Familie: Pyralidae (**Zünsler**), *Ostrinia nubilalis* (Maizünsler), bei Reis:
Chilo suppressalis (stem borer), *Scirpophaga incertulas* (yellow stem
 borer)
 Familie: Noctuidae (**Eulen**), *Agrotis segetum*, *A. ypsilon*
- Ordnung: Diptera (Zweiflügler)
 Familie: Tipulidae (**Schnaken**), Wiesenschnaken (*Tipula palidosa*)
 Familie: Chloropidae (**Halmfliegen**): *Oscinella frit* (Fritfliege) und
Chlorops taeniopus (Getreidehalmfliege).

Besonders sei auf die Website [Agrarservice](#) von Astrid Oldenburg verwiesen, wo man auch Abbildungen dieser Getreideschädlinge findet.

Krankheiten

In den letzten Jahren sind beim Getreide die **Virosen** sehr aktuell geworden. Diese werden durch Blattläuse verbreitet und schwächen besonders Gerste und Weizen sehr stark. Rode (2005) gibt einen Überblick über Vorkommen und Bedeutung der Virosen im Getreide. Eine der bekanntesten Virosen der letzten Jahre ist der **Gelbverzwergungsvirus (BYDV)** der Gerste.

Alle Getreidearten können im Wachstum durch Pilzbefall stark geschwächt werden. Einige Pilzarten finden sich auch in den erntereifen Körnern und bilden dort Giftstoffe (Mycotoxine). **Fusarien-Befall** und **Mycotoxine** sind besonders in Weizen, Gerste und Mais weltweit ein sehr großes Problem. In dem Buch "Fusarium Head Blight of Wheat and Barely" (Leonard, Bushnell 2003) sind viele internationalen Forschungs-Initiativen über dieses Thema zusammengefasst. Beim Mais sind die Fusariosen ein ganz spezielles Problem, auf das dort genauer eingegangen wird. In Österreich hat sich eine Forschergruppe am IFA-Tulln speziell auf dem Gebiet der Phytopathologie und der natürlichen **Resistenzen gegen Fusarien** große Kompetenz erarbeitet. Auf deren Arbeit wird im Kapitel Weizen näher eingegangen. (siehe auch Projekt der [Saatzucht Donau](#))

Eine weitere wichtige Gruppe von Pilzen sind die **Brandpilze** (*Ustilago* sp., *Tilletia* sp.). Diese bilden meist an den reifen Ähren bzw. Körnern dunkle Sporenlager aus, die auf den ersten Blick den Eindruck vermitteln, als wären die Ähren verbrannt. Die Brandpilze sind spezialisiert auf die jeweilige Getreide-Art und werden in den einzelnen Kapiteln erklärt. Die **Rostpilze** (*Puccinia* sp.) haben ihren Namen von den meist rostfarbenen Streifen oder Flecken auf den Blättern und schwächen die Getreidearten durch eine stark verminderte Photosynthese-Leistung. Auch diese Pilze sind hoch spezialisiert auf die viele Jahrtausende alten

Getreide-Arten. Weitere Pilzgruppen sind *Septoria* und Mehltau (*Erysiphe*, Synonym: *Blumeria*).

In dem in Österreich sehr bekannten Standard-Werk "Krankheiten, Schädlinge und Nützlinge im Getreide- und Maisbau" von Zwatz, Cate und Berger (1998) finden sich gute Beschreibungen und Bilder, die ein sicheres Erkennen dieser Krankheiten ermöglichen. Die Phytopathologie ist die große Herausforderung der modernen Agrarwissenschaften. Auf diesem Gebiet müssten sich transgene Pflanzen langfristig beweisen um Akzeptanz zu finden.

Ein Großteil der Kosten für den **Pflanzenschutz** geht auf das Konto der Bekämpfung der genannten Pilze mit Fungiziden. Für die einzelnen Getreidearten wurden Rechnungen den Ergebnissen und Konsequenzen im Marktfruchtbau zitiert. (Janetschek 2005 und 2006)

Anbauggebiete

Im Kapitel Anbauggebiete werden die aktuellen Zahlen (2004) der Statistik der FAO (FAOSTAT) ausgewertet. Die Bedeutung der Getreide in den einzelnen Ländern gibt Hinweise darauf, wie intensiv an einem Getreide wissenschaftlich gearbeitet wird und ob überhaupt ein Interesse an Gentechnik besteht. Ein extremes Beispiel ist der Roggen, der gerade in den wichtigsten Getreideländern der Erde, nämlich USA, China und Australien praktisch ohne wirtschaftliche Bedeutung ist. Die Flächenangaben der Statistik Austria geben Aufschluss über die Bedeutung der jeweiligen Getreideart und eine Karte zeigt die Verbreitung und die Anbauregionen für jede Getreideart in Österreich.

Genotypen und Sorten

Die Züchter verwenden in ihren Zuchtprogrammen hauptsächlich erfolgreiche Sorten, oft aus anderen Ländern. Das Prinzip des **Züchterprivilegs** stellt sicher, dass jede Sorte für weitere Züchtung in weiteren Zuchtprogrammen verwendet werden darf. Ein neuer Eintrag als Sorte in das **Sortenregister** ist aber nur möglich, wenn sich die Sorte von einer Vorläufersorte unterscheidet, einheitlich ist und wenn die neu gezüchteten Merkmale sich stabil vererben. Für gentechnisch veränderte Sorten gilt dieses Züchterprivileg allerdings nicht. Oft greift man in den Zuchtprogrammen auch auf alte Landsorten oder Genotypen aus Genbanken zurück. In diesem Zusammenhang sei auf die **Genbank Linz** hingewiesen mit sehr vielen Einträgen, gerade für die Getreidepflanzen. Die angemeldeten Getreide-Sorten finden sich dann in der Österreichischen Beschreibenden Sortenliste (AGES 2006). Bei Weizen, Roggen, Gerste, Hafer werden praktisch nur Sorten aus dieser Liste in Österreich angebaut. Beim Mais werden gelegentlich auch Sorten aus der EU-Sortenliste (Website) angebaut.

Besonders wertvoll für die **Getreide-Züchtung** ist die Nutzung **Molekulare Marker**. Diese können genauso wie klassische Merkmale dazu verwendet werden, um nach gezielter Kreuzung zweier Linien zu erkennen, in welchen Nachkommen (F1 und F2) die gewünschten elterlichen Merkmale vorhanden sind.

Die Pflanzen mit den gewünschten Merkmalen können dann für die weitere Züchtung selektiert werden (engl.: **marker-assisted selection oder MAS**). Die Anwendung dieser molekularbiologischen Methoden hat der Züchtungs- und der angewandten Getreidezüchtung inzwischen schon so große Fortschritte gebracht, dass sie den Nutzen gentechnischer Veränderungen an Getreidepflanzen derzeit übertrifft. Die Rolle der Genetik für die Züchtung war Gegenstand der 57. Tagung der Pflanzenzüchter in Raumberg/Gumpenstein in der Steiermark vom 21.- 23. Nov. 2006. Die Ergebnisse werden im Laufe des Jahres 2007 in einem Band zusammengefasst werden und bilden einen großen Überblick zum Thema Pflanzenzüchtung und Genomanalyse (Ruckenbauer 2006).

Wichtig ist hier der Hinweis, dass es sich bei den **transgenen Events** nicht um "Sorten" handelt. Mit dem Event wird hier das "Ereignis" der Transformation identifiziert und meist mit einer Buchstaben-Ziffern Kombination benannt. (z.B. MON810). Ein Event kann dann durch Kreuzung und Rückkreuzungsprogramme in viele verschiedenen Maissorten eingebracht werden.

4.3. Verarbeitung und Verwendung

Verfahrensidentität

In diesem Kapitel wird zunächst auf die Vermahlung von Weizen und Roggen eingegangen und auf die Unterschiede. Bei der Weizenvermahlung entstehen Grieße, aus denen sich sehr helles Mehl gewinnen lässt. Bei der Roggenvermahlung fällt schon bei den ersten Vermahlungsstufen relativ viel Mehl an und die Roggenmehle sind daher meist dunkler. Wichtig sind die verschiedenen Schälverfahren für Hafer, Gerste, Dinkel und Hirsen, wobei die Spelzen entfernt werden. Hafer wird wegen des relativ hohen Fettgehaltes thermisch behandelt, um die Lipasen (Fett-abbauende Enzyme) zu inaktivieren. Nicht nur aus Hafer, sondern aus fast allen Getreiden, lassen sich Flocken herstellen. Diese Techniken werden in der Schäl- und Spezialmüllerei perfektioniert. Dazu gehört auch die Reismüllerei. Der Reis wird als Spelzgetreide nicht nur von der Spelze befreit, sondern auch mit speziellen Maschinen poliert. Diese Technik wurde früher auch zur Gewinnung von Perl-Getreide (z.B. aus Gerste) angewendet.

Die Vielfalt an Mühlenprodukten, die im "Mühlenstrom" erarbeitet werden, erklärt auch, warum Müller große Schwierigkeiten mit gentechnisch veränderten Rohstoffen haben. Getrennte Produktströme sind nämlich in einer Mühle sehr schwierig zu realisieren, bedingt durch die pneumatische Förderung zwischen den Passagen und die vielen zu belegenden Vorratszellen. Dies wird vor allem im Kapitel Weizen noch genauer erörtert.

Lebensmittel

Im Kapitel Roggen wird der Begriff der Lebensmittelkette erklärt. Die Identität eines Lebensmittels baut sich über die gesamte Kette auf und jede Qualität entsteht auf einer bestimmten Stufe der Lebensmittelkette. Eine gentechnische

Veränderung kann als ein Merkmal aufgefasst werden, das ganz am Beginn der Lebensmittelkette begründet wird. Eine Abbildung der Lebensmittelkette Roggen- und Schwarzbrot soll dies illustrieren. Beim Nachweis der Identität spricht man von Authentizität. Das Prinzip der Lebensmittelkette lässt sich natürlich auch auf die anderen Getreide umlegen (Reiner 2001). Weizen wird heute vor allem als Kleingebäck konsumiert und drängt das Roggenbrot immer weiter zurück. Rollgerste war in früheren Zeiten ein sehr wichtiges Grundnahrungsmittel. Die Erfindung der Haferflocke bewirkte, dass der Hafer bis in die heutige Zeit als Breispeise und Müsli geschätzt wird. Von den Hirsen wird in Österreich nur mehr die Goldhirse, eine entspelzte Rispenhirse, konsumiert. Global betrachtet sind die Hirsen, "Sorghum" und "Millet", eine sehr wichtige Stütze der Welternährung. Auch Mais ist global betrachtet ein wichtiges Grundnahrungsmittel, in den hoch entwickelten Ländern aber vor allem ein Futtermittel. Aus dem Verwendungsmuster der jeweiligen Getreideart lässt sich auch ableiten, ob eine gentechnische Veränderung vom Konsumenten akzeptiert wird oder nicht.

Futtermittel und Nebenprodukte

Viele Getreide sind heute in erster Linie Futtermittel. Dies gilt vor allem für Mais, Gerste und Hafer. In niederschlagsreicheren Regionen, z.B. Oberösterreich und Steiermark, wird auch Weizen meist für Futter angebaut. Besonders im Kapitel Mais steht der Futteranbau im Vordergrund: Grünfutter, Silomais, Maiskolbenprodukte, Ganzkornsilage, Maisschrot und zahlreiche Nebenprodukte der Maismüllerei (Nass- und Trockenmüllerei).

Die Nebenprodukte der Müllerei sind wichtig als Futtermittel. Speziell beim Weizen fällt sehr viel Weizenkleie, Weizenkeime und Weizenfuttermehl an. Bei der Verarbeitung von Gerste und Hafer sind es die rohfaserreichen Spelzen bzw. Schleifmehle mit hohem Spelzenanteil. Ähnliche Produkte fallen in großen Mengen bei der Reismüllerei an.

Heute wird die Energie-Verwertung der Nebenprodukte und sogar der Getreide selbst immer wichtiger. Neben dem direkten Verbrennen kann eine Vergärung zu Äthanol erfolgen, das als Treibstoff verwendet wird, oder es erfolgt eine Fermentation zu Methan. Maissilage kann unter Luftabschluss direkt zur Methanbildung herangezogen werden. Auch auf diese Verwendung wurde bei den einzelnen Getreiden eingegangen, da hier die Frage der Gentechnik oft in einem anderen Licht gesehen wird.

Wirtschaftliche Bedeutung

Zur Dokumentation der wirtschaftlichen Bedeutung wurden in den jeweiligen Kapiteln die Produktionszahlen von der Website [FAOSTAT](#) herangezogen (Angabe in 1000 T immer nach unten gerundet, für 2005). Weltweit führend im Jahr 2005 ist die Maisernte mit 701 Mill. T gefolgt von Weizen mit 629 Mill. T und Reis mit 618 Mill. T. Danach folgen Gerste, Hirse (Millets und Sorghum), Hafer und zuletzt Roggen.

Für die lokalen Ökonomien in Afrika und Asien haben die Hirsen sehr große Bedeutung. Hirsen liefern im Gegensatz zu den Hauptgetreiden Mais und Weizen überwiegend Basisnahrung und Grundnahrungsmittel. Daher sind sie für die Selbstversorgung und auf den lokalen Märkten viel wichtiger als dies aus der Statistik zu entnehmen ist. Bei Mangel ist das Getreide um vieles mehr wert als bei Überfluss. Mais und Weizen werden global immer mehr entwertet und degradieren zu Futtergetreide oder gar zu Energiepflanzen.

Für Österreich ergibt sich aus dem Bericht der Feldfruchternte 2005 der Statistik Austria eine gute Übersicht. Im Jahr 2005 wurden 4,6 Mill. T Getreide (incl. Mais geerntet). Auf Brotgetreide entfielen 1,6 Mill. T, davon 1,5 Mill. T Weizen und nur 163.700 T Roggen. An Futtergetreide wurde 3 Mill. T. geerntet, der Großteil davon war Körnermais. Das Futtergetreide ist schon fast doppelt so hoch wie das Brotgetreide. Körnermais machte 37,6 % der gesamten Getreideernte aus und lag damit vor dem Weizen mit 31,7 % der gesamten Getreideernte. Gerste hatte nur 19,2 %, Roggen nur 3,6 % und Hafer nur 2,8 % der gesamten Getreideernte.

4.4. Gentechnische Veränderungen

Transgene Techniken

Zur Einleitung wird die Entwicklung der Techniken für die einzelnen Getreide erklärt. Am Anfang beschäftigte sich die Forschung mit Zell- und Gewebekulturen und mit der gentechnischen Veränderung von Protoplasten. Ende der 80er Jahre war die Forschung sehr intensiv und die ersten mittels Partikel-Beschuss gentechnisch veränderten Getreidepflanzen, die auch fortpflanzungsfähig waren, wurden ab 1990 publiziert.

Zum **Einbringen von Fremdgenen** in die Getreidepflanzen werden folgende Methoden angewendet:

- **Partikel-Beschuss:** Particle Gun (weitere Namen für diese Methode: microprojectile bombardment, biolistic method, particle-accelerator). Das Fremdgen wird in ein ringförmiges DNA Molekül (Plasmid) eingebaut. Dieses wird auf Goldpartikel aufgebracht, die mechanisch auf die zu transformierende Zellkultur geschossen werden. Dabei nimmt ein sehr kleiner Prozentsatz der Empfängerzellen die fremde DNA auf.
- Mit Hilfe von **Agrobacterium** (Agrobacterium vermittelt, engl. Agrobacterium-mediated). Bei dieser Methode nutzt man die Fähigkeit des Bakteriums (*A. tumefaciens*) aus, einen Teil seiner DNA in einen Wirtsorganismus einzubringen und in diesem eine Tumorbildung auszulösen.
- Virale Vektoren
- Injektion von Fremd-DNA
- Inkubation in DNA-Lösungen
- Chloroplastentransformation

Brandt (2004) nennt noch einige weitere Verfahren, die aber für Getreide nur eine untergeordnete Rolle spielen.

Die **gentechnische Veränderung** erfolgt immer an einer Zelle oder an wenigen Zellen aus einem größeren Zellverband heraus. Die gentechnische Veränderung an einer Zelle ist **einzigartig** und bei den meisten bisher angewendeten

Methoden **nicht reproduzierbar**. Sie erfüllt daher nicht die Kriterien eines naturwissenschaftlich exakten Versuches und kann streng genommen auch nicht als eine "Technik" bezeichnet werden. Man spricht daher in der Praxis auch von einem **Ereignis (engl. Event)**. Denn es ist reiner Zufall in welchen Bereich des Genoms ein Fremdgen eindringt. Selbst bei Transformationen durch Agrobacterium ist der Ort der Insertion nicht voraussagbar.

Aus dem **Zellhaufen (Kallus)** oder **Gewebeverband** heraus muss dann eine lebensfähige transformierte Zelle einer Getreidepflanze selektiert werden. Meist geschieht dies durch ein transgenes Enzym, das ein Gift im Substrat entgiftet (z.B. durch Transfer einer Phosphat- oder einer Acetyl-Gruppe). Als Gifte dienen anfänglich die in der Mikrobiologie häufig verwendeten Antibiotika und später die bekannten Herbizide. Es kann auch ein nicht giftiges Substrat verwertbar gemacht werden, das die natürliche Pflanze normalerweise nicht verwerten könnte. Dies nennt man positive Selektion (z.B. durch Isomerisierung der Mannose). Die **Selektionsmarkergene** waren immer ein wichtiges Thema in der Risk-Assessment Diskussion.

Es wurden unter anderem beim Getreide folgende **Marker-Gene zur Selektion** verwendet:

Tabelle 3: Markergene zur Selektion

Gen	kodiertes Enzym	Selektionsmedium
<i>nptII</i>	Neomycin-Phospho-Transferase	Antibiotikum Neomycin
<i>hph</i>	Hygromycin-Phospho-Transferase	Antibiotikum Hygromycin
<i>bar</i>	Phosphinothricin-Acetyl-Transferase	BASTA = Glufosinat
<i>epsps</i>	5-Enoylpyruvylshikimat-3-phosphat-Synthase	Round-up = Glyphosat
<i>uidA</i>	Glucuronidase	Benzyl-adenin-N-3-glucuronide
<i>Pmi</i>	Phosphomannose-Isomerase	Mannose

Quelle: Brandt (2004), im Anhang dieser Arbeit findet sich eine Tabelle der wichtigsten Gene.

Reportergene werden verwendet, um den Grad der Expression von Genen zu erfassen, z.B. durch eine Färbung oder eine Fluoreszenz. Von Abbildungen sehr bekannt ist das Reporter-Gen für das "Green Fluorescent Protein" ***gfp*** aus dem Jellyfish (*Aequorea victoria*), einer in Japan entdeckten Qualle.

Heute versucht man, Systeme zu entwickeln, die die Markergene wieder aus der transgenen Pflanze eliminieren. Ein Beispiel ist das Cre//oxP-System. Das Rekombinase-Gen ***cre*** erkennt die Markergene (z.B. *nptII*, *codA*) an den flankierenden ***lox-P*** Sequenzen und entfernt sie aus der transgenen Pflanze. (Brandt 2004)

Gruppen

Den besten Überblick für jede Getreideart bietet eine Auflistung der Gruppen aller möglichen gentechnischen Veränderungen in der Reihenfolge, wie sie aus dem Buch "Transgene Pflanzen" von Peter Brandt (2004) übernommen wurde:

- **Input Traits** sollen Anbau und Produktion der Getreide erleichtern: Resistenzen gegen Herbizide, Insekten, Viren, Pilze, Bakterien, Nematoden, und abiotische Faktoren, wie osmotischer Stress, Salzgehalt oder Schwermetalle im Boden, Kälte und Trockenheit.
- **Output Traits:** Produktqualität, wie Veränderung der Speicherproteine und des Klebereiweißes, Inhaltsstoffe, Aminosäuren oder Produktion von Impfstoffen, männlich sterile Pflanzen für Hybridmechanismen.

Herbizid-Resistenz ist deshalb so verbreitet, weil hier die Marker-Gene ident sind mit den Zielgenen. Die Selektion auf Glufosinat und Glyphosat kann direkt zur Selektion transgener Pflanzen verwendet werden. Da die beiden folgenden Herbizid-Resistenzen für die meisten Getreidepflanzen schon realisiert wurden, sollen sie hier nochmals genauer erklärt werden. Sie beruhen beide auf einem Eingriff in die Biosynthese wichtiger Aminoäuren.

Glufosinat-Toleranz: Am Anfang dieser Entwicklung steht das Herbizid Glufosinat-Ammonium. Die Entwicklung dieses Herbizides geht auf die Fa. Bayer in den 70er Jahren zurück.

Abbildung 4: Formel von Glufosinat

Das Enzym Glutamin-Synthase überträgt in der Pflanze den Ammoniak auf die Glutaminsäure und bildet daraus das Glutamin. Es handelt sich um ein zentrales Enzym auf dem Syntheseweg der wichtigen Aminosäure Glutamin. Die Synthese des Glutamin und damit der Einbau des Ammoniak kann kompetitiv gehemmt werden durch analoge Verbindungen, d.h. Verbindungen, die eine Strukturähnlichkeit mit der Glutaminsäure aufweisen. Glufosinat ist eine Aminosäure, die an das Enzym Glutamin-Synthase gebunden wird und damit das weitere Funktionieren des Enzyms unterbindet. Glufosinat wurde schon sehr früh gefunden als Wirkstoff des Pilzes *Streptomyces viridochromogens*, und zwar als L-Isomeres eines Razemates. Das L-Isomere Glufosinat wurde Phosphinothricin genannt.

Das Herbizid ist vor allem wirksam in photosynthetisch aktivem Gewebe, also über die Blätter (Hock, Fedtk, Schmidt 1995). Die Fa. Bayer vermarktet dieses Herbizid unter dem Handelsnamen Basta erfolgreich vor allem für den Obstbau. Ein Nachteil dieses Herbizides ist die mangelnde Selektivität und deshalb wurden die Produktentwicklungen der transgenen Kulturpflanzen eingeleitet und unter dem Namen Liberty Link schon bei vielen Kulturpflanzen eingeführt. Grundlage der Selektivität ist ein Enzym, das Phosphinothricin **acetyliert** (**Phosphinothricin-Acetyl-Transferase**, Abkürzung: **PAT**) und damit in den transgenen Pflanzen **entgiftet**. Dieses Enzym und auch das Gen dafür (**bar**) wurde in *Streptomyces hygroscopicus* aufgefunden.

Bayer Crop Science hat weltweit Forschungs- und Produktionsstandorte und bearbeitet gentechnische Veränderungen, die auf dem Glufosinat-Ammonium System beruhen, darunter auch den im Sommer 2006 in die Schlagzeilen geratenen transgenen Reis. (Website von [Bayer Crop Science](#))

Glyphosat-Toleranz:

Am Anfang dieser Entwicklung steht das erfolgreiche Herbizid Glyphosat, das unter dem Markennamen "Roundup" als Totalherbizid ein Welterfolg wurde. Es lag daher nahe, für dieses Herbizid eine Selektivität zu suchen.

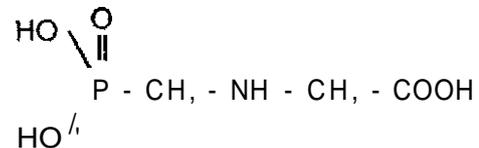


Abbildung 5: Formel von Glyphosat

Durch biochemische Forschung gelang es, den Wirkungsmechanismus zu ergründen. Durch Strukturähnlichkeit von Glyphosat mit dem Phosphoenolpyruvat, einem wichtigen Stoffwechselzwischenprodukt, wird die weitere Umsetzung durch das Synthese-Enzym EPSPS (5-Enolpyruvyl-shikimate-3-phosphat) im Stoffwechsel blockiert. Dieses Enzym ist das Schlüsselenzym für die Bildung zahlreicher primärer Pflanzeninhaltsstoffe (aromatische Aminosäuren: Phenylalanin, Tyrosin und Tryptophan) und zahlreicher sekundärer Pflanzeninhaltsstoffe (z.B. Phenole und Polyphenole). In einem Agrobacterium-Stamm CP4 wurde ein EPSPS gefunden, das diesen Stoffwechselschritt auch in Anwesenheit von Glyphosat durchführen kann. Das Gen für dieses Enzym *epsps* konnte auch in Getreidepflanzen eingebracht werden. Offensichtlich war aber dieses System in dikotylen (zweikeimblättrigen) Pflanzen erfolgreicher als in den monokotylen Gräsern.

Bei den Getreiden ist aber das Unkrautproblem nicht so vordringlich, sodass Herbizid-Resistenzen nie das erste Ziel der Forschung waren. Weitere transgene Herbizid-Toleranzen sind die Toleranz gegen die Herbizide **Dalapon**, **Bromoxynil** und gegen **Sulfonyl-Harnstoff-Verbindungen**.

Insekten-Resistenz

Transgene Insekten-Resistenzen beruhen auf einer Gruppe von Genen aus verschiedenen Stämmen von *Bacillus thuringiensis* (**Bt** bildet sogenannte Cry-Proteine). Bei den meisten Getreiden und vor allem beim Weizen spielen transgene Insektenresistenzen keine Rolle. Große Bedeutung haben die Bt-Transformationen vor allem für den Mais bekommen, wegen des Maiszünslers und des Maiswurzelbohrers (siehe Kapitel Mais). Auch beim Reis gibt es zahlreiche gentechnische Veränderungen mit dem Bt-Toxin und im Sommer 2006 mussten auch Verunreinigungen mit Bt-Toxin in Reislieferungen aus Asien festgestellt werden (siehe Kapitel Reis).

Virus-Resistenz

Wenn transgene Pflanzen das Hüllprotein (**CP Coat Protein**) angreifender Viren enthalten, kann ein gewisser Schutz vor diesen Viren festgestellt werden. Das System wurde bereits in sehr vielen Kulturpflanzen erprobt, konnte aber beim Getreide (z.B. beim Reis) bisher keine langfristigen Erfolge zeigen. Andere

Systeme versuchen die Resistenzen auf RNA-Ebene zu erreichen (Virale Satelliten RNA und Antisense RNA). Die Viren-Erkrankungen der Getreide, speziell bei Weizen, Gerste und Reis sind sehr gravierend und die Forschung beschäftigt sehr intensiv mit diesem Thema, es konnten auf diesem Gebiet aber noch keine wirklich effektiven Mechanismen gefunden werden. (siehe Viren-Krankheiten im Kapitel Gerste: BYDV, BaYMV, BaMVV)

Pilz-Resistenz

Die Abwehr gegen **Pilzinfektionen** ist die größte Herausforderung der Gentechnik bei Getreide. Die großen Fortschritte wurden bisher nicht durch die Schaffung transgener Pflanzen erreicht, sondern durch das Auffinden und Kartieren von Resistenz-Genen und die zunehmende Verwendung von Markern in der Züchtung. Zur Schaffung Pilz-resistenter oder -toleranter transgener Getreidepflanzen wurden bisher folgende Mechanismen versucht, die einer Zusammenstellung aus Brandt (2004) und der Arbeit von Muehlbauer und Bushnell (2003) entnommen sind:

- **Hydrolytische Enzyme:** Viele Pilze haben Chitin in ihren Zellwänden. Exprimiert die Pflanze Chitin abbauende Enzyme (**Chitinasen**) so kann sich der Pilz im Wirtsgewebe nicht ausbreiten. Dasselbe gilt für **beta-1,3-Glucanasen** (Brandt S 156). Ein Beispiel ist die Transformation des Reis gegen den Pilz Rice Blast (*Magnaporthe grisea*). Enzyme, deren Stoffwechselprodukte in der Vakuole aktiv sind, werden Class I Enzyme genannt. Enzyme, die aus der Zelle ausgeschleust werden, sind Class II Enzyme (Brandt 2004).
- **Pathogen Related Proteins (PR-Proteins)** werden in Zusammenhang mit der Abwehrreaktion gegen Pilze synthetisiert. **Osmotin** und **Thaumatococin** sind solche Proteine, oft auch Thaumatin-like Proteins (TLP) genannt. Es gelang die Etablierung einer Pilzresistenz durch Transformation mit einem Gen für ein TLP bei Reis gegen *Rhizoctonia solani* und bei Weizen in Kombination mit einem Chitinase- und einem beta-1,3-Glucanase-Gen gegen *Fusarium graminearum*. In vielen Getreidearten wird bei Infektion durch *Pseudomonas syringae* pv. *syringae* eine Reihe von pflanzlichen Genen zur Expression induziert; dazu gehört im Fall von *Oryza sativa* (Reis) das Gen **Rir1b**, ein Glycin und Prolin-reiches Protein von 11 kDa, das eine erhöhte Resistenz gegen *Magnaporthe grisea* bewirkte. Oldach transformierte Weizen mit einem DNA-Konstrukt, der das fungizide **Ag-AFP** Protein enthält, sodass eine Resistenz gegen *Erysiphe graminis* oder *Puccinia recondita* f.sp. *tritici* erreicht werden konnte (Brandt 2004).
- **Defensine:** niedermolekulare Cystein-reiche antimikrobielle Proteine (bzw. Peptide), z.B. das "Tritin" aus dem Weizen inaktivieren die Ribosomen von eindringenden Pilzen (Typ I Ribosomen inaktivierende Proteine - RIPs). In diesem Fall war die Gerste die Quelle für ein **rip**-Gen, das in Tabak eingeschleust wurde. Für Getreide hat dieses System bisher keine langfristigen Erfolge gehabt. Der Maisbeulenbrand (*Ustilago maydis*) kann einen Virus enthalten, der ein "Killerprotein" **KP4** bildet. Dieses Gen in Weizen bewirkte einen Schutz vor dem Weizensteinbrand (*Tilletia caries*) (Brandt 2004).

- **Phytoalexine** sind niedermolekulare Stoffwechselprodukte, die antimikrobielle Eigenschaften aufweisen und deren Synthese durch die Infektion des Schaderregers erst hervorgerufen wird. Das bekannteste Phytoalexin ist das **Resveratrol** (ein Stilben), mit dem der Wein den Botrytis-Befall abwehrt. Dieses System war in Getreidepflanzen bisher wenig erfolgreich (Brandt 2004).

Es wird eine Reihe von weiteren Systemen diskutiert, die bei der Pilz-Abwehr aktiv werden könnten. Es können in der Pflanze strukturelle Komponenten, wie z.B. Zellwände oder Einlagerung von Schutzsubstanzen in Zellen verstärkt werden. Durch verschiedenen Mechanismen wird die **pathogene Virulenz** der Pilze herabgesetzt. Ein weiterer Mechanismus ist die **Hypersensitivität**. Durch Pilze befallenes Gewebe stirbt dabei so rasch ab, dass auch der Pilz selbst kein Substrat mehr für sein Wachstum findet und sich nicht mehr ausbreitet.

Bakterien-Resistenz

Es wurden eine Reihe von Genen gegen Bakterien-Erkrankungen gefunden. Besonders bekannt wurde das Gen **Xa21** gegen *Xanthomonas oryzae* (rice blight), das in den Reis eingebracht wurde. Ansonsten sind die Bakterien-Erkrankungen bei Getreiden wesentlich weniger gefährlich als die Pilze (Brandt 2004).

Veränderung der Inhaltsstoffe

Die wichtigsten Beispiele bei dieser Gruppe betreffen Verbesserungen der Kleberproteine (high molecular weight glutenin subunits, durch die Gene: **1Ax1**, **1Ax2**, **1Dx5** und **1Dx10**) in Weizen sowie das Einbringen dieser starken Kleberproteine in den Roggen (siehe Kapitel Weizen und Roggen). Bei der Gerste und Mais gibt es Beispiele zur Erhöhung des Lysingehaltes im Eiweiß. Bei Gerste und Roggen gibt es gentechnische Veränderungen zur Herabsetzung des beta-Glucan-Gehaltes bzw. des Pentosan-Gehaltes zugunsten der Stärke für Futterzwecke. Bei Braugerste wurde die Enzymproduktion von alpha-Amylasen erhöht. Große Bekanntheit haben die gentechnischen Veränderungen der Qualitätsmerkmale und Inhaltsstoffe von Reis erlangt: im Reiskorn wird Vitamin A angereichert und neuerdings gibt es auch Varianten mit erhöhtem Eisen-Gehalt (siehe jeweilige Kapitel).

Hybridmechanismus

Bei vielen Getreidepflanzen gibt es natürliche Hybrid-Systeme. Insbesondere beim Mais ist die Herstellung von Hybriden durch Entfahnen sehr einfach. Bei Roggen, Weizen und Reis wurden Pflanzen gefunden, die eine cytoplasmatische männliche Sterilität (cms) aufweisen und bei Weizen werden chemische Hybridisierungs Agentien verwendet (CHA-Hybriden). Transgen-vermittelte männliche Sterilität wurde bisher nicht im größeren Ausmaß verfolgt. Bei ausgeprägten Fremdbefruchtern, wie Roggen, könnte die transgene männliche Sterilität die Gefahr des Auskreuzens herabsetzen.

Jüngste Geschichte und aktuelle Transgene

In diesem Kapitel werden bei den einzelnen Getreidearten aktuelle Fragen kurz angesprochen und Bezug auf die gesetzliche Situation genommen.

Alle für Österreich relevanten Entwicklungen auf dem Gebiet der Grünen Gentechnik finden sich im österreichischen nationalen **GT Register** (auf der Website des BMGF). Eine Auflistung aller in der EU genehmigten und absichtlich freigesetzten bzw. in Verkehr gebrachten gentechnisch veränderten Organismen nach der Richtlinie 90/220/EWG und der aktuellen Richtlinie 2001/18/EG findet man auf der Website des **Joint Research Centers** (JRC). Die Anmeldungen gemäß Teil B und C der oben genannten Richtlinien heißen **SNIF's** (Summary Notifications Information Format) und haben eine Anmelde­nummer (**Notification Number**), zusammengesetzt aus folgenden Abkürzungen, jeweils durch Querstrich getrennt:

- Buchstabe für die Art des Antrages: B für Freisetzungsvorhaben und C für Markteinführungen als Lebens- oder Futtermittel bzw. für industrielle Zwecke.
- für den Staat der Anmeldung, bestehend aus zwei Buchstaben
- für das Jahr der Anmeldung, bestehend aus zwei Ziffern
- fortlaufende Nummer des Antrages
- -CON falls das Dossier vertraulich ist, was zur Folge hat, dass keine ausführliche Information für die Öffentlichkeit zur Verfügung steht.

In der Liste findet sich weiter eine Spalte mit dem Namen des Institutes oder der Firma, welche die Freisetzung bzw. das Inverkehrbringen beantragt hat und eine Spalte mit einem sehr kurzen Projekt-Titel.

Liegt ein Antrag auf eine **Markteinführung** vor (placing on the market of GMOs as or in products), so wird ein eigenes Suchfenster aufgerufen, in dem Folgendes zur weiteren Auswahl steht und in dem mit Stand vom 12. Sept. 2006 folgende Eintragungen zu finden waren:

- **pending** (under directive 2001/18/EC): **Anträge, die in Bearbeitung sind**, das sind neben transgenen Nelken, Raps und Kartoffel, 4 Maisanträge, die im Kapitel Mais aufgelistet sind und dort auch genauer besprochen werden)
- **authorized** (under directive 2001/18/EC): **für den Markt frei gegebenen** gentechnisch veränderte Pflanzen, das ist ein Raps und 3 Mais-Events (auch im Kapitel Mais behandelt).
- **withdrawn**: 9 Anmeldungen wurden **zurückgezogen**, neben 2 Mais-Events auch der LLRice62, ein "Verwandter" des im Sommer 2006 wegen der Verunreinigungen ins Gerede gekommenen LLRice601 (siehe Kapitel Reis).
- **transferred to GM food and feed regulation, in einen anderen Regelungs-Modus übernommen**. Hierbei handelt es sich um die Verordnung EG 1829/2003 - DG Sanco)

Im Regelungsmodus nach Verordnung EG 1829/2003 findet man alle Dossiers mit dem Verwendungszweck als Lebensmittel und Futtermittel, für die bis zum 18. April 2004 kein Risk-Assessment Report vorlag und die somit in die neue Rechtsvorschrift zu überführen waren (siehe **GM Register**). Die Events werden hier mit einem **Identifizier (UID)** eindeutig identifiziert. (z.B. für Bt 11: SYN-BT 011-1). Aktuelle Informationen über den Anbau der transgenen Pflanzen gibt weiters die Website **Transgen** der Deutschen Verbraucher Initiative. Die Datenbanken **Aqbios** und **Aphis** (USDA Animal and Plant Protection Service) und **OGTR** (Australien) enthalten Events in den USA und international.

4.5. Lebensmittelsicherheit und Qualität

Lebensmittelsicherheit

In diesem Kapitel wird jeweils die Lebensmittelkette nochmals im Überblick betrachtet. Beim Weizen wird darauf hingewiesen, dass die spezielle Sortierung nach Proteingehalt und die Zusammenführung und Homogenisierung verschiedener Qualitäten die Identität der Ware definiert. So haben die Anforderungen des Exports zur Bildung von "Weizenklassen" geführt, für deren Qualität alle verantwortlich sind. Gentechnisch verändertes Getreide würde eine Neuordnung dieser alten Struktur erfordern. Die besondere Bedeutung des Weizens als Brotgetreide macht die Aufkäufer und die Konsumenten besonders sensibel. Im Kapitel Roggen wurde am Beispiel von Roggenbrot und Schwarzbrot die Frage der Identität und Authentizität von Lebensmitteln diskutiert. Roggen, Hafer und Hirse sind Lebensmittel, die sehr stark im Reformbereich mit starkem Gesundheitsbezug vermarktet werden. Beim Mais gibt es bereits sehr viele gentechnische Veränderungen. Gerade aus Mais werden aber sehr viele Lebensmittel hergestellt und eine Verunreinigung mit Bt-Toxin oder mit Herbizid-Resistenz-Proteinen wird von den Aufkäufern und Konsumenten abgelehnt und die Industrie sucht gentechnikfreie Rohstoffe.

Dinkel (*Triticum spelta*) und Durum (*Triticum durum*) sind Weizenarten und Bergroggen (*Secale montanum*) ist eine Roggen-Art. Triticale ist aber eindeutig kein Weizen und eindeutig kein Roggen. Das heißt, dass durch die Kreuzung über Gattungsgrenzen eine neue Identität entstanden ist, die auch von der Systematik und Nomenklatur als eigene Gattung und Art erfasst werden muss. Es ist damit aber auch im Triticale die Identität des Weizens und die Roggens als eigenständige Pflanze nicht mehr gegeben. Eine Analogie kann man auch auf gentechnisch veränderte Pflanzen anwenden. Dort sind die Merkmale zwar meist verborgen, eine Herbizid-Resistenz oder ein verändertes Speichereiweiß, sind morphologisch nicht sehr auffällig, aber die Veränderungen begründen umso mehr eine neue Identität und beenden die Identität der alten Art. Dieses Beispiel wurde hier herangezogen, um zu erläutern, was unter Identität einer Nahrungspflanze verstanden werden kann. Dieser Begriff sollte in der Diskussion um transgene Pflanze viel stärker berücksichtigt werden. Dies mag beim jetzigen Stand der Technik noch etwas akademisch wirken, würde aber bei der Einfügung vieler Gene aus den verschiedensten Quellen und bei gezieltem Austausch von Chromosomen oder Chromosomenstücken aus den verschiedensten Gräsern zu ganz praktischen Problemen führen. Die Integrität der Kulturpflanze selbst wäre gefährdet und das Lebensmittel daraus kann nicht mehr "natürlich" sein. Es handelt sich hier um einen Ansatz, der auch aus naturwissenschaftlichen Erwägungen eine ganz grundlegende Ablehnung gentechnisch veränderter Pflanzen als Lebensmittel begründen kann. Die Idee der Biologischen Landwirtschaft hat z.B. eine solche Sichtweise zur Konsequenz.

Risk Assessment

Das Risk-Assessment beschäftigt sich bei den Getreiden hauptsächlich mit den wild vorkommenden nahen Verwandten, in die verschiedene Gene auskreuzen können. Diese Gene sind dann als "genetic pollution" nicht mehr unter Kontrolle.

Besonders bei Gerste, Hafer und Sorgum-Hirse gibt es als nahe Verwandte sehr aggressive Unkrautarten. Beim Reis hat der sogenannte "Rote Reis" jüngst große Probleme gemacht. Diese Themen werden bei den jeweiligen Pflanzen genauer diskutiert. Ein weiteres Thema des Risk Assessment sind Fragen der Resistenzbildung bei Schädlingen und die Interaktionen zwischen Organismen der Fraßketten.

4.6. Quellen

Websites

Agbios-Database

<http://www.aqbios.com>

Agrarservice von Astrid Oldenburg

<http://www.agrarservice.de>

APHIS - des USDA Animal and Plant Health Inspection Service

<http://www.aphis.usda.gov/>

BBCH-Codes: Wachstumsstadien der Kulturpflanzen, unter Veröffentlichungen

<http://www.bba.de>

Bayer Crops Science über Pflanzenschutzmittel

<http://www.bayercropscience.com>

EU-Sortenliste

<http://www.saatgut-oesterreich.at/page.asp/1742.htm>

FAOSTAT enthält eine Datenbank zur weltweiten Agrarstatistik

<http://faostat.fao.org>

GABI

<http://www.gabi.de>

GM Register / EU

http://ec.europa.eu/food/dyna/gm_register/index_en.cfm

Grain Genes

<http://wheat.pw.usda.gov/GG2/index.shtml>

GT Register (Österreich)

<http://www.bmfg.gv.at>

Gramene: A Resource of comparative Grass Genomics

<http://www.gramene.org/>

GT Register, unter Gentechnik / Fachinformation Grüne Gentechnik

<http://www.bmgf.gv.at>

Joint Research Center

<http://biotech.jrc.it/>

<http://gmoinfo.jrc.it/>

NCBI

<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>

Office of the Gene Technology Regulator

<http://www.ogtr.gov.au/gmorec/index/htm>

Saatzucht Donau

<http://www.saatzucht-donau.at>

Statistik Austria, unter: Ergebnisse / Raumwirtschaft / Land- und Forstwirtschaft / Schnellberichte / Feldfruchternte 2005

<http://www.statistik.at/>

Transgen der Deutschen Verbraucher Initiative

<http://www.transgen.de>

Literatur

AGES: Österreichische Beschreibende Sortenliste 2006 Landwirtschaftliche Pflanzenarten (Schriftenreihe 21/2006), Wien 2006

Bajaj Y.P.S. (ed.): Transgenic Crops I, from the Series: Biotechnology in Agriculture and Forestry Volume 46, Springer 2000 (BOKU-Bibl.)

Beck G. von Mannagetta: Grundriß der Naturgeschichte des Pflanzenreiches. - Verlag A. Hölder, Wien 1905

Belitz H.D., Grosch W.: Lehrbuch der Lebensmittelchemie. - 3. Auflage Springer Verlag 1987

Brandt Peter: Transgene Pflanzen Herstellung, Anwendung Risiken und Richtlinien - 2. Auflage, Birkhäuser Basel, Boston, Berlin 2004 (BOKU-Bibl.)

Fischbeck G., Plarre W., Schuster W.: Lehrbuch der Züchtung landwirtschaftlicher Kulturpflanzen Bd. 2 Spezieller Teil, Paul Parey Berlin und Hamburg 1985 (ident mit: Hoffmann, Mudra, Plarre 1985)

Fischer M.A. (hrsg.): Exkursionsflora von Österreich. - Verlag Eugen Ulmer, Stuttgart, Wien 1994

Freeling Michael, Walbot Virginia (eds.): The Maize Handbook. - 1993 (BOKU-Bibl.)

Geisler G.: Pflanzenbau Ein Lehrbuch - Biologische Grundlagen und Techniken der Pflanzenproduktion. - 2.Auflage, Paul Parey Berlin und Hamburg 1988

Griffiths A.J.F., Miller J.H., Suzuki D.T., Lewontin R.C., Gelbart W.M.: An Introduction to Genetic Analysis.- 7 th edition, W.H. Freeman, New York 2000

Gupta P.K., Varshney R.K. (eds.): Cereal Genomics. - Kluwer Academic Publishers, Dordrecht NL (2004) - (Fachbibl.-Bio der BOKU)

Gupta P.K., Varshney R.K.: Cereal Genomics: An Overview IN: Gupta, Varshney (2004)

Hock B., Fedtke C., Schmidt R.R.: Herbizide. Georg Thieme, Stuttgart, New York 1995

Hoffmann W., Mudra A., Plarre W.: Lehrbuch der Züchtung landwirtschaftlicher Kulturpflanzen. - Paul Parey, Berlin, Hamburg 1985

Hoffmann G.M. (hrsg) und Mitarbeiter: Lehrbuch der Phytomedizin. Verlag Paul Parey, Berlin, Hamburg 1985

Holzner W., Glauning J.: Ackerunkräuter Bestimmung Biologie Landwirtschaftliche Bedeutung. - Leopold Stocker Verlag, Graz, 2005 (Abbildungen aus der alten Auflage 1981)

Janetschek Hubert (hrsg.): Marktfruchtbau 2004 Ergebnisse und Konsequenzen der Betriebszweigauswertung in den Arbeitskreisen. - Bundesanstalt für Agrarwirtschaft, Wien September 2005

Janetschek Hubert (hrsg.): Marktfruchtbau 2005 Ergebnisse und Konsequenzen der Betriebszweigauswertung in den Arbeitskreisen. - Bundesanstalt für Agrarwirtschaft, Wien Juli 2006

Körber-Grohne U.: Nutzpflanzen in Deutschland Kulturgeschichte und Biologie, Theiss-Verlag, Stuttgart 1988

Leonard K.J., Bushnell W.R. (eds.): Fusarium Head Blight of Wheat and Barley. St. Paul Minnesota, 2003 - (BOKU-Bibl.)

Muehlbauer G.J., Bushnell Wm. R.: Transgenic Approaches to Fusarium Head Blight Resistance IN: Leonhard, Bushnell (2003)

Odenbach W. (ed.): Biologische Grundlagen der Pflanzenzüchtung. - Parey Buchverlag Berlin 1997

O'Brien L., Henry R.J. (eds.): Transgenic Cereals, AACCC, St.Paul Minnesota, USA (2000) - (Fachbibl. Bio der BOKU)

Raab F., Krumphuber Ch.: Marktfruchtbericht 2004 für Niederösterreich und Oberösterreich - LWK für NÖ und OÖ, 2005

Reiner H.: Geschichte und Identität alternativer Getreidearten IN: Tagungsband: Alternative Getreiderohstoffe - Technologie und ernährungsphysiologische Bedeutung. - Tagung der ÖGE, Wien 1998

Reiner H.: Qualität, Identität und Authentizität pflanzlicher Lebensmittel. - Ernährung Vol 25(1), 16-20 (2001)

Rode S.: Virosen im Getreidebau. - Getreide Magazin 10. Jg. (3) 160-165 (2005)

Ruckenbauer (Red.): Bericht über die 57. Tagung 2006 der Vereinigung der Pflanzenzüchter und Saatgutkaufleute Österreichs. In Raumberg/Gumpenstein (in Gemeinschaft mit der Ges. für Pflanzenzüchtung/Göttingen), wird voraussichtlich Anfang nächsten Jahres erscheinen (2006).

Simmonds N.W.(ed.): Evolution of Crop Plants, Longman Scientific and Technical, UK (1986)

Varshney R.K., Korzun V., Börner A.: Molecular Maps in Cereals Methology and Progress. - IN: Gupta, Varshney 2004

Vasil Indra.K. (ed.): Molecular improvement of cereal crops. Aus der Serie: Advances in Cellular and Molecular Biology of Plants, Vol. 5, Kluwer Academic Publishers, Dortrecht NL (1999) - (BOKU-Bibl.)

Zwatz B., Cate P., Berger H.: Krankheiten, Schädlinge und Nützlinge im Getreide und Maisbau. - 4. Erweiterte Auflage, Wien 1998

Zwarger P., Ammon H.U.: Unkraut Ökologie und Bekämpfung. VU-Agrar und Ulmer Verlag, Stuttgart 2002

5. Weizen

5.1. Botanik

Systematische Einordnung

Die älteste Weizenart ist das Einkorn (*Triticum monococcum*, diploid, $2n = 2x$). Durch spontane Einkreuzung wilder Grasarten (*Aegilops* sp.) entstanden weitere Arten der Gattung *Triticum*, zunächst der Emmer (*Triticum dicoccum*, tetraploid, $2n = 4x$), und daraus der Dinkel (*Triticum spelta*, hexaploid, $2n = 6x$) und unser Saatweizen (*Triticum aestivum*, hexaploid, $2n = 6x$).

Der mit dem Emmer nahe verwandte Hart-Weizen (*Triticum durum*, $2n = 4x$) wird heute noch für Teigwaren angebaut. Eine alte Hartweizenart ist auch der Rau-Weizen (*Triticum turgidum*, $2n = 4x$). Alle hoch entwickelten Arten sind Nacktweizen, bei denen sich das Weizenkorn leicht aus der Spelze ausdreschen lässt. Zu den hexaploiden Weizen ($6x$) gehört auch der Kugel-Weizen, Zwerg-Weizen oder Binkel-Weizen (*Triticum compactum*, $2n = 4x$) (Fischer 1994). Die Geschichte und genetische Entwicklung des Weizens wurde von Salamini et al. (2002) zusammengefasst.

Die aus der heimischen Flora bekannte Quecke (*Elymus repens*) ist ein sehr gefürchtetes Unkraut im Getreidebau, besonders im Weizenanbau. Auf Grund der nahen Verwandtschaft zum Weizen müssen selektive Herbizide gegen die Quecke eingesetzt werden. Es gibt noch einige weitere Vertreter der Gattungen *Elymus* und *Agropyron* in der heimischen Flora. Zusammen mit den Wild- und Kulturarten der Gattungen *Secale* (Roggen), *Hordeum* (Gerste) und *Hordelymus* (Waldgerste) bilden sie den Tribus **Triticeae** und damit eine engere Verwandtschaftsgruppe innerhalb der **Poaceae** (Fischer 1994).

Die Gattung *Aegilops* ist in Österreich nicht vertreten, sie hat in der Schweiz den wild vorkommenden, im Tessin, im Wallis und um Basel eingebürgerten Vertreter *Aegilops cylindrica*. Über die Verwandtschaft und Kreuzbarkeit mit Weizen in der Schweiz haben Guadagnuolo et al. (2001) gearbeitet. Zaharieva und Monneveux (2006) haben, angeregt durch die genetische Verunreinigung von Mais-Landsorten in Mexiko, die mögliche spontane Hybridisierung weiterer in Europa wild vorkommender *Aegilops*-Arten mit Weizen in Betracht gezogen.

Die **meisten gentechnischen Veränderungen** werden am Weichweizen (*Triticum aestivum*) vorgenommen. Es gibt 2 Formen des Weichweizens: Den bei uns verbreiteten Winterweizen (in der SNIF Datenbank vereinfacht: engl. **wheat**, vollständig winter wheat) und den in Nordeuropa, England und Kanada verbreiteten Sommerweizen (in der SNIF Datenbank: engl. **spring wheat**)

Morphologie und Physiologie

Die jungen Pflanzen erkennt man an den im Gegensatz zur Gerste dicht bewimperten Blattohrchen (Auricula). Wie bei allen Getreiden umschließt das Blatt im unteren Teil den Halm und endet mit einem Blatthütchen (Ligula), das

beim Weizen etwa 1 mm lang ist. Entscheidend ist die Phase des Ährenschiebens, wobei die zu Beginn von der Blattscheide geschützte junge Ähre erstmals sichtbar wird. Der Weizen ist in dieser Phase von allen anderen Getreiden leicht zu unterscheiden, da er das letzte Getreide beim Ährenschieben ist. Roggen und Gerste sind einige Wochen früher dran. Entscheidend für den Ertrag des Weizens ist das oberste Laubblatt, das sogenannte Fahnenblatt (flag leaf), das einen großen Teil der Photosyntheseleistung übernimmt. Pilzkrankheiten auf dem Fahnenblatt mindern daher den Ertrag. Etwa Anfang Juni blüht der Weizen, wobei die Staubblätter sichtbar werden. Da die Narbe der Weizenblüte bereits reift bei geschlossener Blüte, so erfolgt meist Selbstbefruchtung. Fremdbefruchtung ist aber auch möglich. Die Ähre lagert nun die Reservestoffe ein. In dieser Phase wird der Unterschied zwischen Grannenweizen und Kolbenweizen deutlich. Beim Grannenweizen ist die Deckspelze mit einer langen Granne verlängert, während sie beim Kolbenweizen fehlt oder sehr kurz ausgebildet ist.



Abbildung 6: (1) Weizenähre, (2) und (3) Ährchen von grannenlosem Weizen bzw. begranntem Weizen, (4) Blüte mit Narbe und drei Staubblättern, (5) Korn, Quelle: Beck von Mannagetta (1905)

Weizen ist keine C4-Pflanze; sie hat also nicht den optimierten Stoffwechsel für heißes Klima. Domestiziert in den Trockengebieten des Nahen Osten, zeichnet er sich vor allem durch Trockenresistenz aus und dies hat ihm in vielen Teilen der Erde große Vorteile gebracht. Bei *Triticum aestivum* löst sich das Korn sehr leicht von der Spelze. Es gibt jedoch in der Gattung *Triticum* einige Spelzgetreide, wie z.B. Dinkel, Emmer und Einkorn, bei denen diese Ablösung nur sehr schwer geht. Die Botanik des Weizens ist zusammengefasst bei Kirby (2002).

Zytologie

Der Saatweizen besteht aus drei doppelten Chromosomensätzen mit je $2n = 2x = 14$ Chromosomen: AA, BB und DD; zusammen ergeben sich $2n = 6x = 42$ Chromosomen. Das Zählen und Ordnen der Chromosomen ist entsprechend aufwändig.

AA: Einkorn (*Triticum monococcum*),

AABB: Rau-Weizen (*Triticum turgidum*), Emmer (*Triticum dicoccum*) und Hartweizen (*Triticum durum*)

AABBDD: Dinkel (*Triticum spelta*) und Saat-Weizen (*Triticum aestivum*)

Molekularbiologische Untersuchungen haben gezeigt, dass das AA Genom des Saatweizens von *Triticum urartu* stammt, das BB Genom wahrscheinlich von *Aegilops speltoides* und das DD Genom von *Aegilops tauschii*.

Die zusammengehörenden Chromosomen A1 und A1, B1 und B1, C1 und C1 sind jeweils zueinander **homolog**. In homozygoten Individuen sind die homologen Chromosomen sogar chemisch ident, das heißt sie haben exakt dieselbe Basensequenz.

Triticum aestivum ist aus drei Weizen- bzw. nahe verwandten Gräser-Genomen aufgebaut, und so sind sich alle Chromosomen, z.B. der 1er Gruppe, also A1, B1 und D1, sehr ähnlich. Man nennt sie daher **homöolog** (auch homoeolog) zueinander (engl. **homeologous**). Die Chromosomen des Weizens bilden also jeweils homöologe Gruppen: die 1er Gruppe, die 2er Gruppe usw. bis zur 7er Gruppe. Jede Gruppe besteht bei vollem Chromosomensatz aus sechs homöologen Chromosomen, jeweils die beiden Chromosomen eines Genoms zueinander homolog. In *Triticum aestivum* sind also alle Gene zumindest in sechsfacher Ausführung vorhanden.

Bei der Meiose müssen sich die homologen Chromosomen miteinander paaren, damit sichergestellt ist, dass nach Aufteilung der Chromosomen auf die beiden Tochterzellen

von jedem Chromosom eines vorhanden ist. Nur so kann die gesamte genetische Information weitergegeben werden. Es ist nun speziell bei Weizen sehr interessant, dass immer die homologen Chromo-

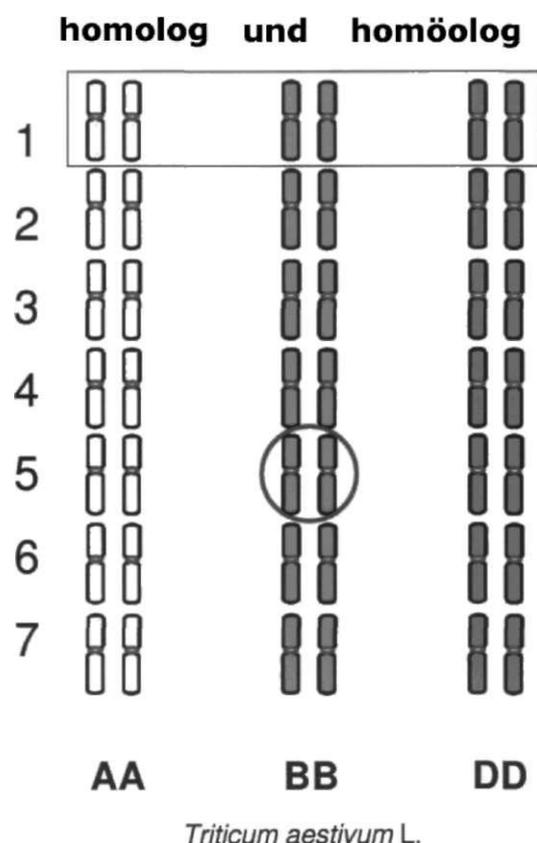


Abbildung 7: Die drei Chromosomensätze des Weizens: A, B und D Genom; zwei benachbarte Chromosomen sind zueinander homolog, zu den Chromosomen der anderen beiden Genome sind sie homöolog. (homo = gleich, homöo = ähnlich),
 Quelle: Lelley 2005 (Lit.Roggen)

somen zueinander finden, obwohl es ja bei den beiden anderen Chromosomenpaaren der anderen Reihen sehr ähnliche Chromosomen gibt, mit denen ja auch eine Paarung stattfinden könnte. Für diese sichere Zuordnung der homologen Chromosomen zueinander ist ein Gen auf Chromosom 5B - Langer Arm verantwortlich: **ph = pairing homologous**. Dieses Gen verhindert also die Paarung homöologer Chromosomen. Wegen dieser komplexen Zytologie des Weizens sind gentechnische Veränderungen relativ schwierig. Insbesondere das Einbringen von Fremdgenen in das Wirtsgenom mit Partikelbeschuss ist nicht berechenbar.

Monosomie Lines: Bei jeder homöologen Reihe kann ein Chromosom fehlen. Fehlt dieses Chromosom, so kann man erahnen, zu welchen Merkmalen die Gene eines bestimmten Chromosoms beigesteuert haben. Die 21 Monosomic Lines zeigen z.B. unterschiedlichste Ährenausprägung. Fehlt z.B. Chromosom 3D, so ist die Ähre stark gestaucht. Fehlt Chromosom 5A, so ist die Ähre sehr lang ausgeprägt.

Nulli Tetrasomic Lines: Wenn bei einer homöologen Reihe beide homologen Chromosomen fehlen (Nullisomische Linien), so ist die Vitalität und Fertilität der Weizenpflanze stark eingeschränkt. Das fehlende Chromosomenpaar kann durch die Verdoppelung eines anderen homöologen Chromosomenpaaren ersetzt werden. Z.B. fehlen bei der Nulli Tetrasomic Line N6DT6A beide 6D Chromosomen und es sind die 6A Chromosomen viermal vorhanden.

Genetik

Da der hexaploide Weizen aus 3 Genomen besteht, ist die Gesamtgröße des Genoms mit Abstand die größte unter allen Getreide-Arten: 16.000 Mbp (Megabasenpaare) = 16 Milliarden Basenpaare. Dies ist in etwa das 37-fache des Reisgenoms und das 123-fache des Genoms von *Arabidopsis thaliana*.

Die Sequenzierung des Weizengenomes wird wahrscheinlich nicht vor 2011 abgeschlossen sein. Diskutiert werden verschiedene Ansätze: Man kann jedes der drei Weizengenome einzeln sequenzieren, also zum Beispiel das Genom von *Triticum urartu*. Am Vielversprechendsten erscheint jedoch der Ansatz mittels Flow-Cytometrie BAC-Libraries für Chromosomen oder sogar Chromosomarme anzufertigen. Dies hat den Vorteil, dass das ganze Weizengenom in 42 diskrete Einheiten unterteilt werden kann, was die Kooperation der vielen internationalen Laboratorien erleichtert. Durch die kombinierten Anstrengungen kanadischer, amerikanischer und japanischer Universitäten und Institutionen sind bereits mehr als 800.000 Weizen ESTs verfügbar, von denen angenommen wird, dass sie einen Großteil der Weizengene abdecken. Zahlreich BAC-Librarys wurden für Weizen angefertigt, manche davon Genom spezifisch (zB.: AA) andere Chromosomen- oder Chromosomen-Arm spezifisch (zB.: 3B oder 1BS).

Varshney et al. (2004, allg.Lit) listen eine Reihe von genetischen Karten des Weizens auf, meistens für einzelne homöologe Gruppen. Mehrere Karten wurden mit Hilfe von RFLP-Markern und SSR-Markern erstellt. Für neuere Karten wurden mehrere Marker verwendet, z.B. wurden mit Nachkommen einer Kreuzung der Sorten Arina x Forno mit Hilfe von RFLP-Markern und SSR-Markern 396 Loci kartiert (Paillard et al. 2003). Die Karten werden vor allem von Genetikern und

Züchtern verwendet. Mit Hilfe von 1235 Mikrosatelliten-Markern wurde eine Consensus-Map erstellt. Für diese Karte wurden die Mikrosatelliten-Marker von 4 genetischen Karten in eine vereint. Eine weitere besonders erwähnenswerte Karte lokalisierte die Position von rund 7000 ESTs auf 101 Weizendeletionslinien. Es wird damit möglich, die Position von rund 6000 Weizengenen grob in 101 Regionen einzugrenzen.

Inzwischen sind sehr viele Gene und **QTLs (Quantitative Trait Loci)** für wichtige agronomische Merkmale, insbesondere für Resistenzen gegen Krankheiten, auf den Karten eingezeichnet. Bei Jahoor et al. (2004, allg Lit) finden sich z.B. die Resistenzgene **Pm1, Pm2, Pm3** gegen den Mehltau (*Blumeria graminis* f.sp. *tritici*). Gegen den Gelbrost (*Puccinia striiformis* f.sp. *tritici*) gibt es die Resistenzgene **Yr5, Yr7, Yr 9, Yr10** usw. und gegen den Braunrost (*Puccinia triticina*) gibt es die Resistenzgene **Lr1, Lr9, Lr10** usw. Von allen diesen Genen ist der nächstliegende Marker bekannt und natürlich auch das Chromosom.

Bürstmayr et al. (2003) fanden, dass zwei Genregionen wichtig sind für die Resistenz gegen Ährenfusariose: Ein QTL auf Chromosom 3B (**Qfhs.ndsu-3BS**), der die Ausbreitung des Pilzes behindert, und ein QTL auf Chromosom 5A (**Qfhs.ifa-5A**), der das Eindringen des Pilzes ins Pflanzengewebe verhindert. Beide QTLs konnten mit SSR-Markern eingegrenzt werden.

Auch die Gene der **Kleberproteine (HMW-Glutenine)** sind heute bekannt, sie befinden sich alle auf den drei Chromosomen der homöologen Gruppe 1 (Gene: **1Ax1, 1Ax2, 1Dx5** und **1Dx10**). Gliadine finden sich auf den Chromosomen der homöologen Gruppen 1 und 6.

Die Erforschung des Genoms des Weizens ist inzwischen so weit fortgeschritten, dass sie der praktischen Pflanzenzüchtung wertvolle Dienste leisten kann. Insbesondere die auf Marker gestützte Selektion kann die vielen kartierten Merkmale gut nutzen.

5.2. Pflanzenbau und Züchtung

Anbausysteme

Winterweizen wird schon im Oktober angebaut, Sommerweizen im März. Entscheidend für den Erfolg des Weizenanbaues ist die Wahl des Standortes und die Stickstoffgaben. Die Produktion von Qualitätsweizen erfolgt im Trockengebiet und zielt auf einen hohen Proteingehalt ab. Bei Weizenanbau im Feuchtgebiet kommt es mehr auf den Kornertrag an. Der Stickstoff wird entsprechend den Ertragserwartungen in 3 Gaben verabreicht (im Frühjahr, beim Schossen und nach dem Ährenschieben). Weizen, der unter dem ÖPUL-Programm (Österreichisches Programm für umweltgerechte Landwirtschaft) angebaut wird, wird in der Stickstoff-Gabe limitiert. Die Betriebszweigauswertungen im Marktfruchtbau zeigen, dass die Ausgaben für Dünger relativ hoch sind, meist über 100 €/ha. Die Ausgaben für Pflanzenschutz sind deutlich geringer. Der größte Posten beim Pflanzenschutz sind die Fungizide mit ca. 20 €/ha. Im Trockengebiet ist wegen der niedrigen Erzeugerpreise und der zusätzlichen

Ausgaben ein Fungizideinsatz nicht kostendeckend. In den Feuchtgebieten ist ein relativ hohen Einsatz von Fungiziden notwendig, er liegt bei 50 €/ ha.
(Janatschek 2006, allg Lit)

Unkräuter

Durch neue Kulturmaßnahmen wird auch die Unkrautflora immer beeinflusst. Die klassischen vom Müller gefürchteten Raden und Wicken sind heute im Getreide selten zu finden. Problemunkräuter sind heute das Klettenlabkraut (*Galium aparine*) und die Ackerwinde (*Convolvulus arvensis*), die den Weizen oft dicht umwachsen, und die Ackerdistel (*Cirsium arvense*), die besonders im biologischen Anbau Probleme macht. Unter anderen Klimabedingungen ändert sich die Unkraut-zusammensetzung, in Deutschland (Drews 2005) werden z.B. häufig erwähnt: Ackerfrauenmantel (*Aphanes arvensis*), Sardischer Hahnenfuss (*Ranunculus sardous*) oder die Ackergänsedistel (*Sonchus arvensis*). Stark zugenommen haben im Weizen auch die Ungräser. Infolge der Züchtung niedrig wüchsiger Sorten kann heute der Windhalm (*Apera spica-venti*) besonders in feuchten Jahren die Weizenfelder dicht überwachsen. Neu in Ausbreitung ist auch der Ackerfuchsschwanz (*Alopecurus arvensis*) und verschiedene Trespen (*Bromus* sp.), die teilweise starke natürlich entwickelte Herbizid-Resistenzen aufweisen (Balgheim 2006 und Petersen 2006). Ein altes Unkraut der Weizenfelder ist die Quecke (*Elymus repens*), die mit dem Weizen auch botanisch nahe verwandt ist und mit ihren Wurzelstückchen kaum mehr aus den Äckern wegzubringen ist. Selektive Herbizide gegen die Gräser zu finden, die den Weizen schonen, ist wesentlich schwieriger als das Auffinden von Herbiziden gegen dikotyle (zweikeimblättrige) Unkräuter. Für die Fragestellung von eventuellen transgenen herbizidresistenten Weizen wären also vor allem die Ungräser zu beachten.

Immer wieder tauchen neue Unkräuter, sogenannte Neophyten, aus fernen Anbaugebieten auf und können zu "Problemunkräutern" werden. Im Unterwuchs des Getreides sind aber auch viele "Unkräuter", die diesen Namen kaum verdienen. Sie sind nur unbedeutende Nährstoffkonkurrenten und leisten sogar einen kleinen Beitrag zur Bodendeckung.

Für Herbizide sind in den Arbeitskreisen Marktfruchtbau (Janatschek 2006, allg. Teil) folgende Ausgaben zu finden: Winterweizen 28 €/ha und Durum 32 €/ha. Diese Ausgaben sind ungefähr die Hälfte der Ausgaben bei Soja, Mais oder Sonnenblume. Das wichtigste Mittel zur Steuerung der Unkrautsituation ist die Fruchtfolge, gefolgt von einer Reihe von Kulturmaßnahmen (Drews 2005). Zum Beispiel werden beim Striegeln im Frühjahr die dikotylen Unkräuter ausgeschaltet und die besondere Bestockungsfähigkeit des Weizens wird genutzt, da eine leicht verletzte Weizenpflanze umso besser bestockt. Die Ausgaben für Herbizide sind also relativ gering und zusätzlich besteht die Möglichkeit der mechanischen Unkrautbekämpfung. In den Getreidebaugebieten Österreichs ist eine Herbizidspritzung im Getreide im Frühjahr am Ende der Bestockungsphase üblich. Immer mehr Anbauer kommen aber bereits ohne diese Herbizid-Behandlung aus.

Schädlinge

Allgemeine Aussagen über die Schädlingssituation sind sehr schwierig, da die Dynamik der Schädlinge und vor allem der Befallszeitpunkt nicht vorherzusagen sind. Folgende Schädlinge treten beim Weizen gelegentlich auf (aus Zwatz et al. 1998):

Getreidehähnchen (*Oulema melanopus*): Die Larven und die Käfer der Getreidehähnchen machen einen streifigen Fensterfraß auf den Fahnenblättern des Getreides, der sich oft über die ganze Spreite ausdehnt. Man sieht dunkle Kotflecken und Larven, die mit dem eigenen Kot bedeckt sind und aussehen wie Schnecken. Die Getreidehähnchen überwintern als ausgewachsene Käfer im Boden und gehen Ende April, Anfang Mai auf die Getreidepflanzen.

Getreidewanzen (*Eurygaster maura*, *Aelia acuminata*): Wanzenstichige Weizenkörner weisen helle Flecken mit dunklem Mittelpunkt auf - dieser ist die Einstichstelle der Wanze. Das daraus gemahlene Weizenmehl verliert seine Backqualität, da der Speichel der Wanzen Stoffe enthält, die den Kleber abbauen. Im Anbaujahr 2003 gab es große Probleme mit wanzenstichigem Weizen in Österreich. In folgenden Jahren gab es jedoch keine größeren Probleme mehr.

Weizenthrips (*Haplothrips aculeatus*): Der Fraß der Thripse führt vor allem zu Vergilbung der Ährenspitzen, Fleckigkeit der Spelzen, unregelmäßigen Bräunungen und zu tauben Ähren. Die erwachsenen Tiere sind schwarz mit schmalen Fransenflügeln. Die Larven sind in Gestalt sehr ähnlich, jedoch auffallend zinnoberrot.

Gelegentlich kommen **weitere Schädlinge** auf Weizen vor:

- Blattläuse im Weizen (*Macrosiphum dirhodum*)
- Sattelmücke (*Haplodiplosis equestris*)
- Gelbe Weizenhalmfliege (*Chlorops pumilionis*, Synonym: *Chlorops taeniopus*)
- Getreidehalmwespe (*Cephus pygmaeus*)
- Getreideblattwespen (*Dolerus gonager*, *Dolerus hamatodis*)
- Stockälchen (*Ditylenchus dispaci*)
- Getreidegallmücken (*Contarinia tritici*, *Sitodiplosis mosellana*)

(siehe auch Website von [Bayer Crop Science](#))

In den Ergebnissen der Arbeitskreise Marktfruchtbau (Janetschek 2006, allg. Teil) war jedenfalls beim Kostenpunkt Insektizide für Winterweizen nur 2 €/ha und für Durum nur 3 €/ha verzeichnet. Ein Einsatz von Insektiziden gegen Getreideschädlinge ist eher die Ausnahme. Die meisten Anbaujahre vergehen ohne größere Insektenschäden. Ein Kompendium der Pestizide findet sich auf der Website von [Alan Wood](#).

Krankheiten

Die Krankheiten des Weizens sind im Buch von Zwatz et al. (1998) zusammengefasst:

Steinbrand des Weizens (*Tilletia caries*): Die Sporen des Pilzes sind meist schon in den Bärtchen des Weizenkornes und infizieren die Getreidekörner schon bei der Keimung. Die Pilzhyphen breiten sich in der ganzen Weizenpflanze aus. In den heranreifenden Ähren werden dann alle Körner in Brandbutten umgewandelt. Jede Brandbutte besteht aus bis zu 4 Millionen Brandsporen. Bei der maschinellen Ernte werden die Brandsporen im Mähdrescher zerstäubt und infizieren erneut das Erntegut. In feuchteren und kühleren Gebieten Österreichs ist auch der verwandte **Zwergsteinbrand** des Weizens bekannt (*Tilletia controversa*). Die Sporen des Pilzes verbleiben im Boden. Das Erntegut des Steinbrandes ist nicht zu verwenden, da die Sporenmasse stinkt (daher auch der Name Weizenstinkbrand, engl. **stinking smut**).

Flugbrand des Weizens (*Ustilago tritici*): Hier bildet sich das Sporenlager schon während der Blüte des Weizens und die Sporen werden wie Pollen mit dem Wind auf andere Weizenpflanzen übertragen. Der Pilz überwintert als knorriges Pilzgeflecht im Korn, dem äußerlich dieser Befall nicht anzumerken ist.

Septoria des Weizens (*Septoria tritici*, Synonym: *Mycosphaerella graminicola*): Septoria ist eine Pilzerkrankung, kenntlich an den von Blattadern begrenzten braunen Streifen mit gelber Randzone mit schwarzen kleinen Punkten (Sporenlager). Septoria ist im Trockengebiet kein großes Problem. Es gibt auch eine Art der Septoria, die vor allem an den Spelzen sichtbar wird: Spelzbräune (*Septoria nodorum*). *Septoria tritici* war z.B. in Deutschland in den vergangenen Jahren in nahezu allen Anbaugebieten die Krankheit mit der stärksten Befallsausbreitung (Müller 2005).

Mehltau am Weizen (*Erysiphe graminis*, synonym: *Blumeria graminis* f.sp.*tritici*, engl. powdery mildew): Diese Pilzinfektion ist an den kleinen, weißen ausstrahlenden, etwas filzigen Überzügen an den Blättern zu erkennen. Im fortgeschrittenen Stadium sind kleine, schwarzbraune kugelige Fruchtkörper zu erkennen. Diese Pilzinfektion findet sehr früh im Jahr statt und ist daher auch in eher trockenen Gebieten ein Problem.

Blattdürre des Weizens (*Helminthosporium tritici-repentis*, Synonym: *Drechslera tritici-repentis*): Blattdürre wird in Fachjournalen häufig abgekürzt als **DTR**. Sie ist eine Pilzerkrankung, kenntlich an den verstreuten, länglich-ovalen gelbbraunen Flecken mit einem dunklen Punkt. Die Blattdürre hatte über Jahre in Deutschland in der Befallsausbreitung nach Septoria und Mehltau den dritten Platz (Müller 2005).

Ährenfusariose (*Fusarium culmorum* und *Fusarium* sp., engl: scab, Fusarium Head Blight - FHB): tritt in Österreich vor allem unter regenreichen Bedingungen außerhalb des pannonischen Klimabereichs im Feuchtgebiet auf. Die Ährchen scheinen etwas lichter und sind manchmal rosa gefärbt. Der Befall ist meist an Schmachtkörnern zu erkennen und in den befallenen Ähren bilden sich Mycotoxine. Die Resistenz gegen Fusarien (*Fusarium culmorum*, *F. graminearum* und *F. avenaceum*) in Weizen ist ein laufendes Forschungsgebiet des

Interuniversitären Forschungszentrums für Agrobiotechnologie (IFA) in Tulln mit zahlreichen Publikationen der Gruppe um Hermann Bürstmayr (Buerstmayr et al. 2000, Buerstmayr et al. 2003). Auch an der Universität Hohenheim bei Stuttgart wird an der Entwicklung von FHB-resistenten Sorten gearbeitet (Wilde, Miedaner 2006)

Rostkrankheiten des Weizens (*Puccinia* sp.)

- **Schwarzrost** (*Puccinia graminis*, engl. **black stem rust**): Auf Halmen und Blattscheiden erscheinen bis 1 cm lange Sporenlager in langen Reihen und sind von den Resten der spaltförmig aufgerissenen Epidermis umgeben.
- **Braunrost** (*Puccinia triticina*, *Puccinia reconditata* f.sp.*tritici*, engl. **leaf rust**): Auf der Blattoberseite finden sich rostbraune, runde Sporen-Flecken, auf der Blattunterseite schwarzbraune längliche Sporen-Flecken.
- **Gelbrost** (*Puccinia striiformis* f.sp. *tritici*, engl. yellow rust, **stripe rust**): Vornehmlich auf der Blattoberseite erscheinen leuchtend gelbe Sporenlager, die streifenförmig und perlschnurartig angeordnet sind.

Pilzkrankheiten sind insgesamt gesehen beim Weizen ertragsentscheidend. Die zahlreichen Arten, die den Weizen in fast allen Stadien befallen können, behindern gerade im Wachstum die Photosynthese erheblich. Die Pilze leben von den Primär-Stoffwechselprodukten der Photosynthese und schwächen die Pflanzen. Eine transgene Pilzresistenz wird von der Forschung jedenfalls angestrebt, weil dies das wichtigste Merkmal für einen hohen und stabilen Ertrag wäre. Bisher konnten aber noch keine durchschlagenden Erfolge erzielt werden. Die Ansätze dazu werden im Kapitel "Gentechnische Veränderungen" behandelt.

In den niederschlagsreicheren Gebieten Österreichs (Oberösterreich, Steiermark) wird auch in den meisten Fällen Ende Mai, Anfang Juni und zu Beginn des Ährenschiebens eine so genannte "Abreifenspritzung" durchgeführt. Diese soll sehr breit gegen die Pilzkrankheiten Septoria, Mehltau, Fusarien und Rost wirken. In den pannonischen Getreidebaugebieten setzt nur eine Minderheit der Betriebe Fungizide ein. Diese Spritzung wird eher als eine Art Versicherung durchgeführt. (Fungizid-Spritzmittel sind z.B. Triazole)

Anbaugebiete

Die großen Weizenzonen der Erde sind:

- Steppen der Ukraine und Russlands; Ausläufer im Osten mit Kasachstan und dem sibirischen Russland und Ausläufer im Westen mit dem Donauraum: Russische Föderation (22,9 Mill. ha), Kasachstan (11,7 Mill. ha), Ukraine (5,5 Mill. ha), Rumänien (2,2 Mill. ha) und Ungarn (1,1 Mill. ha).
- Nordamerikanische Great Plains in den USA (20,2 Mill. ha) und in Kanada (9,8 Mill. ha)
- Südamerikanische Pampa in Argentinien (5,7 Mill. ha)
- Weizengürtel Australiens (13,7 Mill. ha)
- Maritim geprägtes westliches Europa mit Frankreich (5,2 Mill. ha), Deutschland, England, Dänemark u.a.
- Mediterrane geprägte Weizenanbaugebiete: Türkei (9,3 Mill. ha), Italien, Spanien u.a.
- Zentral- und Nord-Indien (26,6 Mill. ha) und Pakistan (8,2 Mill. ha)
- Zentral- und Nord-China (21,6 Mill. ha)

(Quelle FAOSTAT, allg Websites, Zahlen 2004 abgerundet)
 In diesen Zahlen sind Durum-Weizen und die verschiedensten Arten der Gattung *Triticum* zusammengefasst.

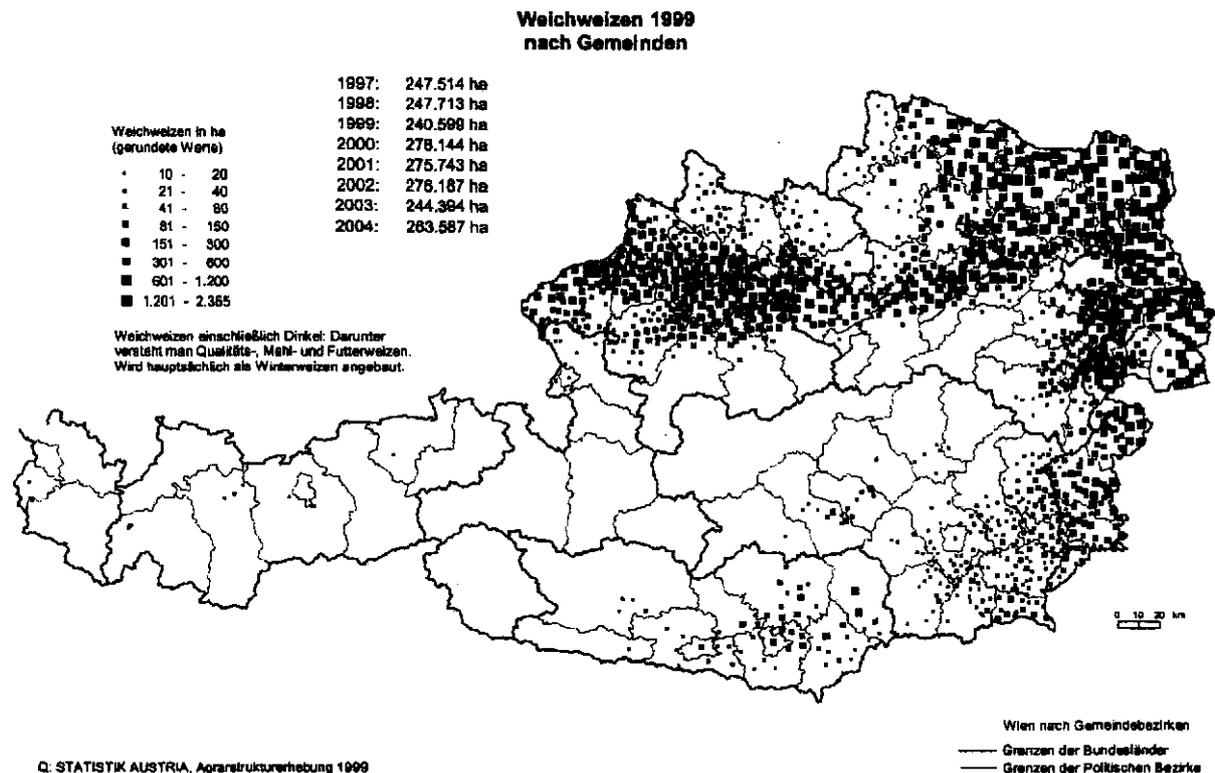


Abbildung 8: Weichweizen in Österreich 1999 nach Gemeinden, Quelle: Statistik Austria, AGES Beschreibenden Sortenliste 2006, allg.Lit.

Genotypen und Sorten

Viele Weizensorten werden durch Einkreuzungsprogramme aus Genbankmaterial gezüchtet. Die Arbeit der Genbanken wurde beim Weizen also immer schon sehr hoch geschätzt. In der Sammlung der Österreichischen Genbanken (allg. Websites) in Linz finden sich z.B. 1180 Eingänge unter "*Triticum*", darunter sehr viele alte Arten, Landsorten und Linien von Ritzlhofer, Sipbachzeller, Bartweizen, Alststeirer, Loosdorfer, Dickkopf, Austro Bankut, Dinkel und viele andere.

Weizen ist in vielen Anbaugebieten der Erde die **Hauptkultur**, die Züchtung und das Sortenwesen sind überall hoch entwickelt und dieses Getreide wird nicht vernachlässigt wie die Hirse. Jedes Land hat Züchter und ökologisch angepasste Sorten. Die fundierte Erforschung der **Gen-Umwelt-Interaktion** (G x E - Interaction), die meist direkt in den jeweiligen Anbaugebieten erfolgt, ist die Grundlage dafür. Die erfolgreichen Weizensorten in Österreich sind daher meist auch aus Österreichischer Züchtung. Bekannte Weizenzüchter sind die Probstdorfer Saatzucht (jetzt Saatzucht Donau) mit den Sorten Capo, Josef, Atrium, Ludwig und die Saatzucht Edelfhof mit den Sorten Edison, Estevan, Emerino, Eurofit, Exklusiv und Exquisit. In Österreich werden die Sorten ganz speziell auf ihre Eignung für die jeweiligen großen Anbauregionen (pannonisches Trockengebiet, Alpenvorland, Wald- und Mühlviertel, Steiermark, Südburgenland) getestet. In den Trockengebieten werden jene Sorten bevorzugt, die sehr gute

Kleber bilden und in den Feuchtgebieten wird eher auf den Ertrag geachtet. Die regionale Anpassung ist also bei der Kulturpflanze Weizen sehr stark ausgeprägt und dieser Umstand ist von größter Bedeutung hinsichtlich möglicher gentechnischer Veränderungen.

Frankreich, Italien, Deutschland, Großbritannien, die USA, Kanada, Australien usw. haben auch jeweils ihre Weizensorten aus eigenen Zuchtprogrammen. Eine "Globalisierung" ist beim Weizen sehr viel schwieriger als bei anderen Kulturpflanzen. Die großen Weizenproduzenten in Asien arbeiten an eigenen Zuchtprogrammen. So hat z.B. die Republik Kasachstan mit der sechst größten Weizenfläche der Erde ein eigenes Zuchtprogramm, das ganz bewusst auch auf eigene alte Weizensorten aufbaut.

Eine direkte Folge dieser großen Kontinuität in den hoch entwickelten Weizen-Ländern ist die Herausbildung von "**Weizenklassen**" für den Handel. Für bestimmte Anwendungen wurden bestens geeignete Weizensorten gezüchtet, die in Gruppen zusammengefasst werden und eine "Klasse" bilden. Sie werden nach einem Qualitätsprogramm angebaut. Dadurch erhält man große, homogene Partien mit klar definierten Merkmalen. Bekannt sind die US-Weizenklassen: Hard Red Winter (HRW), Hard Red Spring (HRS), Soft Red Winter (SRW) und Soft White (SW). Auch Kanada und Australien haben solche Weizenklassen für den Weltmarkt. Österreich hat über die Jahre den "Österreichischen Qualitätsweizen" aufgebaut, der sich heute als "Klasse" für den Export nach Italien bewährt hat. Der Einsatz von Gentechnik würde die Definition der Handelsklassen ändern (Reiner 1999).

Technisch lässt sich beim Weizen heute auch **Hybrid-Saatgut** gewinnen. Es gibt Systeme, die auf die Cytoplasmatische Männliche Sterilität aufbauen (CMS-Hybriden) und Hybride, die durch Behandlung mit einem Gametozid (Chemisches Hybridisierungs Agens = CHA-Hybride, z.B. "Genesis") gewonnen werden. Ein Problem ist allerdings die geringe Pollenschüttung des Weizens, da dieser ja überwiegend selbstbefruchtend ist. Hybrid-Weizen haben sich international bisher nicht durchsetzen können, weil der Standard der konventionellen Sorten schon sehr hoch ist. Außerdem lässt sich der Proteingehalt bei den auf Ertrag abzielenden Hybriden nur sehr schwer auf dem hohen erforderlichen Niveau halten (Cisar, Cooper 2002).

5.3. Verarbeitung und Verwendung

Verfahrensidentität

Die Weizenmüllerei ist eines der ältesten und am höchsten entwickelten Verfahren der Lebensmittelindustrie. Der geerntete Weizen wird in den Lagerhäusern übernommen und vorgereinigt, wobei Schmutz und Unkrautsamen entfernt werden. Die gereinigte Ware gelangt dann im Rahmen des Rohstoffhandels in die Mühlen, wo eine gründliche Annahmekontrolle erfolgt. In der Mühle findet eine nochmalige Reinigung statt und die einzelnen Weizenpartien werden je nach Proteingehalt und anderen Qualitätsmerkmalen in Rohwarenzellen gegeben. Daraus werden vom Müller je nach Aufgabenstellung Weizen unterschiedlicher Herkunft und Proteingehalte abgerufen und gemischt.

Diese Mischvorgänge sind der wichtigste Schritt für die Erarbeitung der verschiedenen Qualitäten und haben besondere Bedeutung im Zusammenhang mit Fragen der Gentechnik.

Vor dem eigentlichen Mahlvorgang gibt es zunächst nochmals einen Reinigungsschritt, die sogenannte "Mühlenreinigung". Danach wird das Weizenkorn in Schrotwalzen aufgebrochen, wobei die Schalenteile absplittern und als Kleie abgetrennt werden. In Sichern fällt das feine Mehl durch Siebe und wird gewonnen. Die groben Grießteile werden in Grießputzmaschinen von noch anhaftenden feinen Kleieteilen befreit und dann auch fein vermahlen. Alles was durch Mahlung gewonnen wird, ist die "Ausmahlung" und bzw. die Ausbeute der Müllerei. Bei hoher Ausmahlung gelangen viele Kleieteile in das Mehl, wodurch das Mehl dunkler, reicher an Ballaststoffen und reicher an Mineralstoffen wird. Die Mineralstoffe werden in mg/100 g angegeben und sind Grundlage für die Einteilung der Mehle in die Typen W 480, W 700 und W 1600.

Durch verschiedene andere Verfahren lassen sich sehr viele weitere Produkte herstellen: Weizenflocken, Weizenstärke, thermisch behandelte Weizenprodukte, Teigwaren, Bulgur, Couscous, Weizenflocken, Gluten u.a.

Lebensmittel

Der Weizen ist das wichtigste Brotgetreide und wird heute in Österreich hauptsächlich als Kleingebäck konsumiert (Semmel, Kipferl, feine Backwaren). Weizenkleingebäck hat das reine Roggenbrot zum Frühstück abgelöst. Brote werden meist als Weizenmischbrote angeboten mit einem Roggenanteil von 10-50% auf Mehl gerechnet. Brot galt immer als Grundnahrungsmittel mit einer besonderen Bedeutung und Symbolik.

Futtermittel und Nebenprodukte

Besonders in den niederschlagsreicheren Ackerbaugebieten Österreichs wird viel Futterweizen angebaut. Dabei steht nicht der Proteingehalt im Vordergrund, sondern der Ertrag. Es gibt Sorten, die dafür besonders geeignet sind. Grob geschroteter Weizen ist ein begehrtes Futter für Mastschweine, Ferkel, Legehennen und Masthühner. Wichtig sind auch die Nebenprodukte der Müllerei. Dazu gehören vor allem die Weizenkleie, Weizenkeime und Weizenfuttermehl. Weizen wird auch zur Energiegewinnung direkt verheizt; er ist rieselfähig und kann wie die Holz-Pellets kontinuierlich in einem Brenner zudosiert werden. Ein Nebenprodukt der Gewinnung von Alkohol aus Weizen ist die Schlempe. Da die Inlandserzeugung von Weizen den Absatz weit übersteigt, wird die Energiegewinnung aus Weizen in Zukunft weiter wachsen.

Wirtschaftliche Bedeutung

In einer Arbeit über den Österreichischen Qualitätsweizen hat der Autor (Reiner 1999) die wichtigsten großen Weizenanbaugebiet der Welt beschrieben, die den Weizen als Handelsklasse exportieren. "Klassenweizen" sind Produkte, für die Qualitätsrichtlinien einheitlich für eine große Vermarktungsregion festgelegt werden; das heißt es würden auch Fragen der gentechnischen Veränderung einheitlich festgelegt werden.

Österreich musste noch in den 60er Jahren Weizen aus Nordamerika importieren. Mitte der 70er Jahre konnte die Selbstversorgung erreicht werden. Heute wird in Österreich 1,4 Mill. T Weizen produziert (Sommer-Weizen, Winter-Weizen, Durum und Dinkel im Jahr 2005). Ein kleiner Teil davon sind Dinkel und Durumweizen für Teigwaren. Besonders begehrt ist Weizen mit hohem Klebergehalt > 15 %, der auch nach Italien exportiert wird. (Statistik Austria 2005, Website allg. Teil)

Nach der Produktionsmenge gerechnet ist China inzwischen der weltgrößte Weizenproduzent mit 64 Mill. T, gefolgt von Indien mit 59 Mill. T und den USA mit 24 Mill. T. Der wichtigste Weizenproduzent in Europa ist Russland mit 16 Mill. T. Deutschland und Italien haben über 6 Mill. T, Frankreich über 5 Mill. T Weizen. (Website FAOSTAT, allg. Teil) Die wichtigsten Exportländer weltweit sind aber nach wie vor die USA, Kanada und Australien.

5.4. Gentechnische Veränderungen

Transgene Techniken

Eine fortpflanzungsfähige transgene Weizenpflanze konnte erstmals durch Partikel-Beschuss gewonnen werden (Vasil et al. 1992). Der Kallus, so werden die beschossenen Zellen genannt, konnte in den Anfängen nur sehr kurz in Kultur gehalten werden und man versuchte verschiedene Gewebe durch Beschuss zu transformieren: Embryos aus Mikrosporen (Pollengewebe), Meristemgewebe aus dem Spross, Gewebe aus der Blattbasis und nicht ausdifferenziertes Gewebe aus dem heranwachsenden Embryonen. Die genetische Analyse machte klar, dass in den ersten transgenen Weizen 5 bis 15 Kopien der Fremdgene aufgenommen worden waren, teilweise in ganz verschiedenen Regionen des Genoms (Shewry, Jones 2005).

Der erste Bericht über eine Transformation mittels *Agrobacterium* stammt von Cheng et al. (1997) mit der Weizensorte 'Bobwhite'. Andere Labors versuchten die *Agrobacterium*-Transformation mit verschiedenen Weizensorten Nordamerikas. Für Europa interessant sind die Transformationen des Sommerweizens 'Cadenza' und 'Florida' (Wu et al. 2003).

Besondere Fortschritte brachte der Einsatz von Promotoren (Steuerungsgenen) aus monokotylen Pflanzen. **Ubi1** ist ein Promotor aus Mais und **Act1** ein Promotor aus Reis und beide arbeiten sehr gut im Weizen. Sie ersetzen heute den Promotor aus dem früher sehr häufig verwendeten Blumenkohl-Mosaik-Virus (**CaMV35**). Weiters wurden neue Selektionsmarker entwickelt, die nach dem positiven Prinzip arbeiten, d.h. nur jene Pflanzen werden ausgelesen, die den

Zucker Mannose verwerten können und daher als Zellkultur auf einem Medium rascher anwachsen. Dafür muss die transgene Pflanze eine Phospho-Mannose-Isomerase (Gen: *pmi*) besitzen, die die Mannose in den Stoffwechsel aufnehmen kann. Einige Ansätze, Getreidepflanzen ohne Markergene zu bekommen, wurden im allgemeinen Kapitel schon besprochen.

Mehrere in den USA angemeldete Events von Herbizidresistenz bei Weizen (mit dem Zielenzym Acetolactat-Synthase = ALS) sind **nicht durch rekombinante** Techniken entstanden, sondern durch chemisch induzierte Mutation. Trotzdem werden diese Events in der Datenbank [Agbios](#) aufgelistet.

- AP205CL von BASF Inc.
- AP602CL von BASF Inc
- BW255-2 von BASF Inc
- BW238-3 von BASF Inc
- SWP965001 von Cyanamid Crop Protection
- Teal 11A von BASF Inc

Diese Datenbank wird als "Biotech Crop Database" und als "GM Database" bezeichnet, es wird aber im Eingangsstatement eigens darauf verwiesen, dass auch Pflanzen mit "novel traits that have been produced by more traditional methods such as accelerated mutagenesis" aufgenommen wurden. Dieses Beispiel zeigt erneut den unterschiedlichen Sprachgebrauch bzw. unterschiedliche Auffassungen im Englischen und im Deutschen auf.

Transgene Gruppen

Herbizidresistenzen

Glufosinat: Sehr viele Transformationen betreffen die Glufosinat-Toleranz, wobei diese gentechnischen Veränderungen vor allem wegen der Funktion des bar-Gens als Selektionsmarker durchgeführt wurden.

Glyphosat: Dieses Herbizid wurde bei Weizen deutlich weniger oft als Selektionsmarker verwendet.

Einige ältere Transformationen von Weizen haben eine Resistenz gegen das Herbizid **Dalapon**, einen Chlorigen Kohlenwasserstoff, der heute als Pflanzenschutzmittel nicht mehr in Verwendung ist (Website von [Alan Wood](#)). Wie bei allen Getreiden ist das Unkrautproblem beim Weizen aber nicht vordringlich, sodass Herbizid-Resistenz von der Nachfrage her nie das vordringlichste Ziel war, sondern eher von der Angebotsseite her gefördert wird.

Insektenresistenzen

Auch Insekten-Resistenz ist nicht ein vordringliches Forschungsziel beim Weizen. Im Kapitel Schädlinge wurde ausgeführt, dass der Schädlingsbefall sehr schwer prognostizierbar ist. Die Reduktion der Fusarien- und Mycotoxinbelastung, die beim Bt-Mais angestrebt wird, kann nicht auf den Weizen umgelegt werden.

Pilzresistenzen

Die prinzipiellen Techniken für transgene Pilzresistenz wurden schon im allgemeinen Teil behandelt. Man versucht sogenannte Pathogenesis-Related-Proteins (PR-Proteine, die in "Familien" gegliedert wurden) einzubringen. Bei Weizen wurden Versuche durchgeführt mit Thaumatin-like Proteins (TLP = PR-5), mit Chitinase (PR-3) und mit beta-1,3-Glucanase (PR-2). Diese lösen die Zellwände oder Sporen der angreifenden Pilze auf. Weitere Systeme, die Pilze abzuwehren, sind ein Ag-AFP Protein und Ribosomen-Inaktivierende Proteine (RIPs). In den veröffentlichten Anmeldungen über die Freisetzungen (SNIFs) sind diese Proteine allerdings nie genau identifiziert.

Tilletia: Ein Team um Christof Sautter hat an der ETH-Zürich in der Schweiz einen transgenen Weizen mit Toleranz gegen den Weizen-Stinkbrand (*T. caries*) entwickelt. Das aktive Transgen ist **kp4**. Kp steht für "killing protein" und ist aus einem Virus, der den Beulenbrand (*Ustilago maydis*) von Mais befällt und damit abwehrt. Um diesen transgenen Weizen gibt es in der Schweiz bereits jahrelang Diskussionen (Schlaich et al. 2006).

Puccinia: Ein Team um Beat Keller an der Universität Zürich arbeitet an Resistenzen gegen verschiedene Rostpilze. (*P. triticina*, syn. *P. recondita*, engl. leaf rust). Die Klonierung des Gens **Lr10** war ein großer Erfolg und dieses Gen soll nun die Rost-Resistenz in Weizen weiter stärken (Feuillet et al. 2003).

Fusarium: Die Fortschritte bei der Entwicklung transgener Fusarien-Resistenz sind bei Muehlbauer und Bushnell (2003) ausführlich diskutiert. Ein Gen für ein Thaumatin Like Protein (TLP) in Kombination mit einem Chitinase- und einem Glucanase-Gen soll gegen *Fusarium graminearum* wirksam sein. Transgene Fusarien-Resistenz wurde von der Fa. Syngenta entwickelt und derzeit versucht man dieses System zur Marktreife zu führen. Ab dem Jahr 2002 gibt es mehrere Freisetzungsanträge in Großbritannien und Deutschland. (B/GB/02/R34/03, B/GB/02/R34/4, B/DE/03/151, B/DE/03/152). Aus Spanien gibt es einen Freisetzungsantrag aus dem Jahre 2004 (B/ES/04/08-CON: Pilzresistenz im Feldversuch (Transformation Events used: FR3173 und FR3177). Angaben betreffend die eingebrachten Gene beschränken sich z.B. bei der Deutschen Freisetzung B/DE/03/151 und B/DE/03/152 auf "Fusarium Resistant Gene" (**frg**-Gene with *pmi* Marker-Gene). Der Überblick über die B-Notifikationen zeigt die Bedeutung der Pilzresistenz.

Erysiphe (Blumeria): Auch gegen den Mehltau wurden schon einige transgene Ansätze entwickelt. Die Schweizer Forschergruppe fand gegen Mehltau das Gen **Pm3b** (Genfakten der ETH Zürich Website).

Produktqualitäten

Die wichtigsten Qualitätseigenschaften von Weizen sind die **Kleberproteine**. (high molecular weight glutenin subunits HMW-GS). Wenn die Gene **1Ax1**, **1Ax2**, **1Dx5** und **1Dx10** aus kleberstarken Sorten in Weizensorten mit schwachen Klebereigenschaften in mehrfachen Kopien zusätzlich eingebracht werden, so können diese wesentlich verbessert werden. In den Versuchen wurden die Gene in den neuen Sorten gut exprimiert und wurden auch stabil

vererbt. Es handelt sich hier um gentechnische Veränderungen, bei denen das Hauptmerkmal nicht über die Artgrenzen geht, sondern aus derselben Art, jedoch aus einer anderen Sorte stammt. Die Empfängerpflanzen scheinen dies eher zu tolerieren. Die Selektionsmarker (z.B. das bar-Gen) sind natürlich trotzdem in der transgenen Pflanze vorhanden. Es gelangen aber schon Transformationen, wo der Selektionsmarker auf anderen Chromosomen lag und so durch Kreuzungsprogramme wieder entfernt werden konnte.

Mit dieser gentechnischen Veränderung will man versuchen die negative Korrelation zwischen Ertrag und Kleberqualität zu durchbrechen. Weizensorten mit sehr hohem Ertrag haben ja tendenziell einen viel schwächeren Kleber. Solche Versuche wurden bereits in vielen Ländern durchgeführt, darunter USA, United Kingdom, Argentinien und China (Shewry, Jones 2005). Einige dieser Freisetzungen finden sich in der weiter unten stehenden Tabelle.
(B/GB/97/R29/1-CON; B/ES/98/21; B/GB/01/R8/4; B/ES/01/17-CON)

Andere Gentechnische Veränderungen können die Proteinmuster des Weizens im Hinblick auf die **Aminosäure-Zusammensetzung** zum Ziel haben und beispielsweise Zeine oder Albumine verstärkt einbringen (Hoisington 2002).

Hybride haben sich beim Weizen noch nicht durchsetzen können und so werden auch **transgene Hybridsysteme** nicht mit Nachdruck weiter verfolgt. In den Anfängen gab es Freisetzungen von Plant Genetic Systems mit transgenen Hybridsystemen (B/BE/97/V2) (Hoisington 2002).

Den besten Überblick über die Gruppen von transgenem Weizen erhält man über die Datenbank Agbios. Da die meisten gentechnischen Veränderungen von Weizen aus den USA kommen. Darunter findet sich ein gegen Glyphosat tolerante Weizen. Die Freisetzungen in der Datenbank des Joint Research Center (allg.Websites) sind im nächsten Kapitel aufgelistet. Bei der Auswertung der **Gruppen** fällt auf, dass im Zeitraum von 1993 bis 1999 die Freisetzungen der Gruppe Herbizid-Resistenz die Mehrzahl sind, während im Zeitraum 2000 bis 2005 besonders viele aus der Gruppe Pilz-Resistenz zu finden sind.

Jüngste Geschichte

Tabelle 4: Freisetzungen von gentechnisch veränderten Weizen 1993 bis 1999, die nach Teil B der Richtlinie 2001/18/EG in der Europäischen Union zur Freisetzung von gentechnisch veränderten Weizen von den Mitgliedstaaten gemeldeten Anträge

Freisetzung	Firma	gentechnische Veränderung
B/GB/93/R11/1	New Farm Crops	Markersystem
B/GB/94/R5/5CON	Nickerson Biocem	Stärke Biosynthese, Glufosinat Toleranz
B/GB/94/R19/3	AgrEvo UK Crop Protection	Glufosinat Toleranz
B/GB/95/R11/2	New Farm Crops	Markersystem
B/GB/95/R11/3-CON	New Farm Crops	Pilz Toleranz, Glufosinat Toleranz
B/ES/96/11-CON	Compania Navarra	Stärke Biosynthese, Glufosinat Toleranz
B/ES/97/42	Compania Navarra	Stärke Biosynthese, Synthese von Glycogen bildenden Enzymen
B/BE/97/V2	Plant Genetic Systems	Männliche Sterilität/Restauration. der männlichen Sterilität
B/GB/97/R29/1-CON	John Innes Centre	Verbesserung der Backqualität, Glufosinat Toleranz
B/BE/98/W3	Monsanto Europe NV/SA	Pilz Resistenz (<i>Fusarium</i> sp.)
B/ES/98/21	Consejo Superior de Investigaciones Cient.	High Molecular Weight Glutenin
B/IT/99/31 (<i>T. durum</i>)	Istituto Sperimentale per la Cerealicoltura	Glufosinat Toleranz
B/IT/99/32 (<i>T. durum</i>)	Istituto Sperimentale per la Cerealicoltura	Genexpression, Glufosinat Toleranz
B/IT/99/33 (<i>T. durum</i>)	Istituto Sperimentale per la Cerealicoltura	Verteilung der Speichermetaboliten, Glufosinat Toleranz
B/ES/99/39	Inst. de Agricultura Sostenible	Verbesserung der Backqualität, Glufosinat Toleranz
B/ES/99/41	Istituto Nacional de Investigaciones Agrarias y Aliment.	Dalapon Toleranz
B/GB/99/R5/14-CON	Biogemma UK Ltd.	Stärke Biosynthese, Glufosinat Toleranz
B/GB/99/R5/16-CON	Biogemma UK Ltd.	Herbizid Toleranz

Quelle: Joint Research Center (allg. Websites), verkürzt, abgefragt am 4.7.2006

Aktuelle Transgene

Tabelle 5: Freisetzungen von gentechnisch veränderten Weizen 2000 bis 2005, die nach Teil B der Richtlinie 2001/18/EG in der Europäischen Union zur Freisetzung von gentechnisch veränderten Weizen von den Mitgliedstaaten gemeldeten Anträge

Freisetzung	Firma	Gentechnische Veränderung
B/GB/G1/R8/4	Institute of Arable Crops Research	High Molecular Weight Glutenin
B/ES/G1/17-CON	Biogemma UK, Nickerosn Sur	Verbesserung der Backqualität
B/DE/G2/143	Syngenta Seeds	Mannose Selektions Marker, Pilz Resistenz (<i>Fusarium</i> sp.)
B/IT/G2/G8	Istituto Sperimentale per la Cerealicoltura	Pilz Resistenz, Glufosinat Toleranz
B/ES/G2/16	Institut de Recerca i Tecnologia Agroalimentaries (IRTA)	verbesserte Ammonium Assimilation, Glutamin Synthase
B/ES/G2/17	Instituto Nacional de Investigaciones Agrarias y Alimentarias INIA (MAPA)	Dalapon Toleranz
B/GB/G2/R36/1	IACR - Long Ashton Research Station / Bristol	Stärke Biosynthese, verminderte Saccharosebildung
B/GB/G2/R34/G3	Syngenta Seeds	Pilz Resistenz (<i>Fusarium</i> sp.)
B/GB/G2/R34/4	Syngenta Seeds	Pilz Resistenz (<i>Fusarium</i> sp.)
B/DE/G3/151	Syngenta Seeds	Pilz Resistenz (<i>Fusarium</i> sp.)
B/DE/G3/152	Syngenta Seeds	Pilz Resistenz (<i>Fusarium</i> sp.)
B/IT/G4/G2	Metapontum Agrobios	Genstabilität und Vererbarkeit eines Transgens
B/ES/G4/G8-CON	Instituto de Agricultura Sostenible, Consejo Superior	Pilz Resistenz im Feldversuch

Quelle: Joint Research Center, verkürzt, abgefragt am 28.11.2006

Bis zum Stand 11.5.06 fand sich folgende Länderaufteilung für die Freisetzungen: Belgien 2, Deutschland 3, Spanien 9, Großbritannien 12, Italien 5. Insgesamt ergeben sich 31 Events. Weiters sei darauf hingewiesen, dass sich drei Freisetzungen auf *Triticum durum* beziehen.

In der Datenbank Agbios (Allg. Websites) werden die in den USA freigesetzten Events aufgelistet. Darunter findet sich der gegen Glyphosat tolerante Weizen MON71800. (Roundup Ready wheat). Verschiedene Events gegen Herbizide (Sulfonylharnstoffe und Imdidazolinone), die die Acetolactat-Synthase (ALS) hemmen, wurden nicht durch rekombinante Techniken gewonnen und sind daher nicht transgen.

5.5. Lebensmittelsicherheit und Qualität

Lebensmittelsicherheit

Die meisten Konsumenten lehnen Brot und Gebäck aus gentechnisch veränderten Rohstoffen heute ab. Brot und Gebäck, das als "gentechnisch verändert" gekennzeichnet werden müsste, ist aus der heutigen Perspektive nur schwer vorstellbar. Brot hat eine viele Jahrtausende-alte Kultur. Brot mit gentechnisch veränderten Rohstoffen wäre nur denkbar, wenn es in der Einstellung zur Gentechnik in Landwirtschaft und Lebensmittelherstellung einen vollkommen Umschwung geben würde.

Oberflächlich betrachtet handelt es sich beim Weizen um ein Massenprodukt. In der Lebensmittelkette aber wird deutlich, dass es gerade beim Weizen durch die hoch entwickelte Qualitätscharakterisierung eine große Vielfalt von Produkten gibt und dass die Qualität erst durch Zusammenführung und Mischung aus verschiedensten Qualitäten und Herkünften entsteht, wie dies im Kapitel Verfahren ausgeführt wurde. Diese Mischvorgänge in den Lagerhäusern und Mühlen sind die wichtigsten Schritte für die Erarbeitung der verschiedenen Produkte. Besonders bei der Entstehung von Weizenklassen müssen die Waren sorgfältig sortiert und gemischt werden. Die Weizenproduktion ist auch oft auf den Export ausgerichtet, wie in den USA, Kanada und Australien, wodurch die Akzeptanz in den Empfängerländern große Bedeutung erhält. In dieser Entstehung der Qualität über die ganze Lebensmittelkette hinweg liegt der wichtigste Grund, warum es in naher Zukunft am Markt wahrscheinlich keinen transgenen Weizen geben wird.

Risk Assessment

Die Auskreuzungsproblematik ist beim Weizen weniger problematisch, obwohl es auch hier einige verwandte Gräser, wie z.B. die Gattung *Aegilops* gibt. Wie bei allen Kulturpflanzen ist bei der Risikoabschätzung viel stärker auf den Schutz der Kulturpflanze selbst zu achten. Nimmt das hexaploide Genom Transgene auf und gelangen diese in die Züchtungsarbeit und in die Saatgutvermehrung so wird sehr bald die Übersicht verloren gehen und die Sorten-Identität nicht mehr genau dokumentierbar sein. Die meisten Fremdgene führen ja nicht zu einer sichtbaren Ausprägung. Die Geschichte der im Vergleich dazu sehr einfachen Translokationen zwischen Roggen und Weizen kann hier als eine Warnung dienen. Die wissenschaftliche Diskussion muss sich auch mit jenen Genen befassen, bei denen Gene aus derselben Art, aber aus einer anderen Sorte mit Hilfe der Gentechnik eingebracht werden. Viele andere Gene, wie z.B. die Selektionsmarker und die Steuerungsgene sind ja trotzdem transgen. Grundlagen zum Risk-Assessment im Weizenanbau für die Schweiz hat Köchlin (1999) zusammengestellt.

5.6. Diskussion

Für den Pflanzenbau des Weizens drängt sich kein Problem auf, das ausschließlich mit Hilfe der Gentechnik zu lösen wäre. Die mäßigen Ausgaben für Herbizide und die Möglichkeit der mechanischen Unkrautbekämpfung würden wahrscheinlich eine transgene Weizensorte nicht rentabel machen. Die Schädlingssituation ist kaum vorhersehbar und berechenbar, jedenfalls nicht in dem Zeitraum der benötigt wird, um einen gegen Insekten resistenten Weizen zu züchten. Agronomisch wäre eine Pilz-Resistenz das vordringlichste Problem. Transgene Systeme gegen Pilze sind aber auch beim Weizen noch nicht ausgereift und außerdem würden sie nur gegen bestimmte Pilzarten (*Fusarium*, *Blumeria*) wirksam sein. Wenn gegen die anderen Pilze (z.B. *Septoria*) trotzdem gespritzt werden muss, sind die gentechnischen Veränderungen nicht sinnvoll. Allein aus diesen Gründen würden transgene Weizenpflanzen für die österreichischen Anbauggebiete wenig bringen.

Beim Weizen wird die klassische Züchtung sehr ernst genommen und funktioniert auf hohem Niveau. Die meisten Probleme können mit ihr gelöst werden. Die Unterstützung durch die Biotechnologie im Labor ist dabei sehr wertvoll und übertrifft bisher die Erfolge, die durch Gentechnische Veränderung erreicht werden konnten.

Den größten Einfluss auf die Frage der Gentechnik hat aber beim Weizen die "Klassenbildung". Denn dieses Prinzip legt jene Sorten fest, die für eine Klasse zugelassen sind und die für die Klasse geeignet sind, mit dem Ziel, diese Klasse gut vermarkten und auch exportieren zu können. In solche Klassen würden derzeit sicher keine transgenen Weizen aufgenommen werden.

5.7. Quellen

Websites

Alan Wood Website
<http://www.alanwood.net/>

Agbios-Database
<http://www.agbios.com>

Bayer Crops Science
<http://www.bayercropscience.de>

Genfakten der ETH Zürich Website
<http://www.genfakten.ethz.ch>

Literatur

Anderson O.D., Blechl A.E.: Transgenic Wheat. - IN: O'Brien, Henry (2000), allg. Lit.

Balgheim R.: Ackerfuchsschwanz Herbizidresistenz verhindern und Wirkstoffe erhalten. - Getreide Magazin 11. Jg. (4), S 228-233 (2006)

Buerstmayr H., Steiner B., Lemmens M., Ruckenbauer P.: Resistance to Fusarium Head Blight in Winter Wheat. Heritability and Trait Association. Crop Science 40: 1012-1018 (2000)

Buerstmayr H., Steiner B., Hartl L., Griesser M., Angerer N., Lengauer D., Miedaner T., Schneider B., Lemmens M.: Molecular Mapping of QTLs for Fusarium head blight resistance in spring wheat. II Resistance to fungal penetration and spread. - Theor Appl Genet 107, 503-508 (2003)

Cheng M., Fry J.E., Pang S.Z., Zhou H.P., Hironaka C.M., Duncan D.R., Conner T.W., Wan Y.C.: Genetic transformation of wheat mediated by *Agrobacterium tumefaciens*. - Plant Physiology 115, 971-980 (1997)

Cisar G., Cooper D.B.: Hybrid Wheat. - IN: Curtis et al. (2002)

Curtis B.C., Rajaram S., Macpherson H.Gomez: Bread Wheat Improvement and Production. - FAO, Rom 2002

Drews S.: Unkrautkontrolle im ökologischen Winterweizenanbau. - Verlag Dr. Köster, Diss. Univ. Bonn, Januar 2005

Feuillet C., Travella S., Stein N., Albar L., Nublát A., Keller B.: Map-based isolation of the leaf rust resistance gene *Lrlü* from hexaploid wheat (*Triticum aestivum*) genome. - Proc.Natl.Acad.Sci. (USA) 100: 15253-8 (2003)

Fischer M. (hrsg): Exkursionsflora von Österreich. - Verlag Eugen Ulmer 1994

Guadagnuolo R., Savova-Bianchi D., Felber F.: Gene flow from Wheat (*Triticum aestivum* L.) to jointed goatgrass (*Aegilops cylindrica* Host), as revealed by RAPD and microsatellite markers. - TAG 103: 1-8 (2001)

Hoisington D., Bohorova N., Fennel S., Khairallah M., Pellegrineschi A., Ribaut J.M.: The application to biotechnology to wheat improvement. IN:Curtis et al, pp 175-198 (2002)

Kirby E.J.M.: Botany of the wheat plant. - IN: Curtis et al (2002)

Köchlin Florianne (eds.): Weizenanbau in der Schweiz. - aus: Zukunftsmodell Schweiz - eine Landwirtschaft ohne Gentechnik, Blauen-Institut Basel, S 26-38 (1999)

Muehlbauer G.J., Bushnell W.R.: Transgenic Approaches to Fusarium Head Blight Resistance. - IN: Leonhard K.J., Bushnell W.R. (2003)

Müller Martin: Fungizideinsatz im Weizen. - Getreide Magazin Heft 2, S 108-117 (2005)

Paillard S., Schnurbusch T., Winzeler M., Messmer M., Sourdille P., Abderhalden O., Keller B., Schachermayr G.: An integrative genetic linkage map of winter wheat (*Triticum aestivum*). - Theor. Appl. Genet. 107: 1235-1242 (2003)

Petersen J.: Trespen im Getreidebau. - Getreidemagazin Jg. 11(4) 234-238 (2006)

Reiner H.: Österreichischer Qualitätsweizen. - Bericht für Probstdorfer Saatzucht, Präsidentenkonferenz der Landwirtschaftskammern Österreichs und Erzeugergemeinschaft Qualitätsgetreide Austria, nicht veröffentlicht (1999)

Salamini F., Özkan H., Brandolini A., Schäfer-Pregl R., Martin W.: Genetics and Geography of Wild Cereal Domestication in the Near East. - Nature Reviews in Genetics Vol 3 S 430-441, June 2002

Schlaich T., Urbaniak B.M., Malgras N., Ehler E., Birrer C., Meier L., Sautter C.: Increased field resistance to *Tilletia caries* provided by a specific antifungal virus gene in genetically engineered wheat. - Plant Biotechnology Journal 4(1) 63-75 (2006)

Shewry P.R., Jones H.D.: Transgenic wheat: Where do we stand after the first 12 years ? - Ann. Appl. Biol. 147, 1-14 (2005)

Vasil V., Castillo A.M., Fromm M.E., Vasil I.K.: Herbicide resistant fertile transgenic wheat plants obtained by microprojectile bombardment of regenerable embryonic callus. - Bio-Technology 10, 667-674 (1992)

Vasil I.K., Vasil V.: Transgenic Cereals: *Triticum aestivum* (wheat). - IN: Vasil ed. (1999), allg. Lit.

Wilde, F. and Miedaner T.: Selection for *Fusarium* head blight resistance in early generations reduces deoxynivalenol (DON) content in grain of winter and spring wheat. - Plant Breeding, Band 125, S. 96-98 (2006)

Wu H., Sparks C., Amoah B., Jones H.D.: Factors influencing successful Agrobacterium-mediated genetic transformation of wheat. - Plant Cell Reports 21, 659-668 (2003)

Zaharieva M., Monneveux P.: Spontaneous hybridization between bread wheat (*Triticum aestivum* L.) and its wild relatives in Europe. - Crops Science 46(2) 512-527 (2006)

Zwatz B., Cate P., Berger H.: Krankheiten, Schädlinge und Nützlinge im Getreide und Maisbau. - 4. Erweiterte Auflage, Wien (1998)

6. Gerste

6.1. Botanik

Systematische Einordnung

Die Wildgerste (*Hordeum spontaneum*) stammt aus dem "Fruchtbaren Halbmond" und gilt als Vorfahre unserer Kulturgerste (*Hordeum vulgare*). Die ersten domestizierten Gersten waren zweizeilig. Die mehrzeiligen (vierzeiligen und sechszeiligen) Gersten haben sich später daraus entwickelt. Eine Entstehungsgeschichte (Phylogenie) der Kulturgersten findet man bei Fischbeck (1985). Bei den **Zweizeiligen Gersten (*Hordeum vulgare* ssp. *distichon*)** sind die Seitenährchen zwar im Ansatz vorhanden, aber verkümmert und unfruchtbar.

Die häufigste Wildgerste in Österreich ist die **Mäuse-Gerste (*Hordeum murinum*)**, die z.B. in Wien in großer Zahl an Straßenrändern und trockenen Böschungen vorkommt und schon auf den ersten Blick als naher Verwandter unserer Kulturgerste zu erkennen ist. Diese Wildgerste ist in allen Bundesländern vertreten. Die **Mähnen-Gerste (*Hordeum jubatum*)** ist nur im Osten Österreichs zu finden und unterscheidet sich durch sehr lange Grannen (6-9 cm). Eine Besonderheit ist die im Seewinkel auf salzigen Ruderalstellen vorkommende **Salz-Gerste (*Hordeum hystrix*)**. Sie ist nahe mit der nur unbeständig in Kärnten eingeschleppten **Strand-Gerste (*Hordeum marinum*)** verwandt (Fischer 1994, allg.Lit).

Der Schritt von der Wildpflanze zur Kulturpflanze der Gerste erfolgte im Nahen Osten (Domestikationszentrum). Dort gibt es zahlreiche Wildarten. Auf der Website des Botanischen Gartens von Jerusalem können z.B. die noch heute in Israel vorkommenden Arten der Gattung ***Hordeum*** gefunden werden: *H. bulbosum*, *H. geniculatum*, *H. glaucum*, *H. marinum*, *H. secalinum* und *H. spontaneum*. Diese Wildarten bilden eine große Vielfalt an genetischer Variabilität und spielen eine sehr große Rolle bei der Suche nach Resistenzgenen und in der Pflanzenzüchtung. Nach Kreuzung mit *H. bulbosum* können z.B. die Chromosomen von *H. bulbosum* wieder abgestoßen werden und es bleibt eine haploide Gerstenpflanze, die mit Hilfe von Colchizin wieder diploid gemacht wird.

Morphologie und Physiologie

Die jungen Gerstenpflanzen sind von den anderen Getreidearten an den sehr langen Blattohrchen (Auricula) gut unterscheidbar. Diese sind sichelförmig gebogen und umfassen den Halm. Das Blatt der Gerste umschließt im unteren Teil den Halm in Form einer Blattscheide und endet mit einem Blatthütchen (Ligula). Bei Wintergersten ist die Blattscheide oft behaart.

Die Gerste ist am Feld durch die besonders langen Grannen zu erkennen. Gerstenpflanzen haben die niedrigste Wuchshöhe von allen Getreidearten, bei der Reife neigen sich die Ähren stark und werden vom Wind bewegt. Durch die fein gezähnten Grannen entsteht dabei ein glänzender und schillernder Eindruck.

Auf jeder Seite der Ähre sind auf einem Nodium (auf einer bestimmten Höhe) der Ähre drei Ährchen befestigt. Sind alle drei fertil, ergibt dies eine sechszeilige Gerste, sind nur zwei fertil, so ist die Gerste vierzeilig. Bei einer zweizeiligen Gerste gibt es nur eine fruchtbare Blüte auf jeder Seite, woraus jeweils nur ein Gerstenkorn entsteht. Die unterschiedliche Anzahl der Zeilen trägt natürlich sehr viel zur genetischen Variabilität bei der Gerste bei.

Bei der Gerste sind die Spelzen mit dem Korn fest verwachsen. Neben bespelzten Formen sind auch Nacktgersten bekannt, die sich aber im Anbau nur langsam durchsetzen können. Hier lösen sich die Spelzen viel leichter vom Korn ab.

Gerste ist überwiegend selbstbefruchtend. Eine sehr gute Beschreibung der Botanik der Gerste findet man einem Beitrag von Steinberger Josef im Jahrbuch der Bundesanstalt für Pflanzenbau und Samenprüfung, Wien (1972).

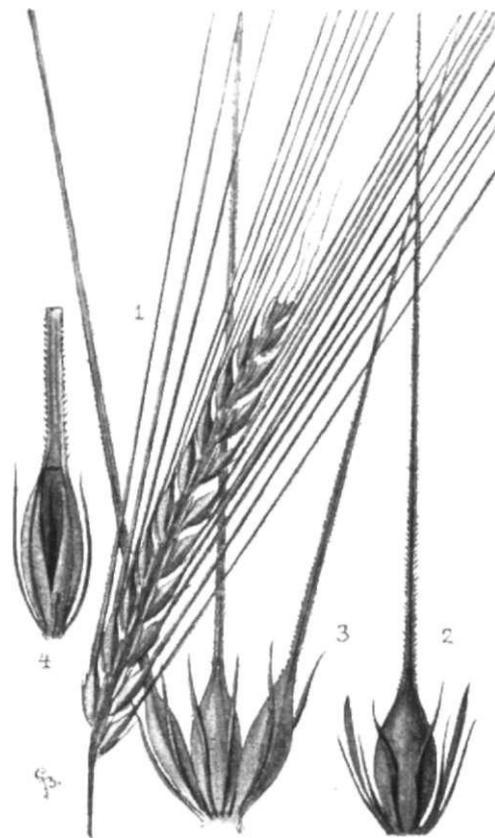


Abbildung 9: (1) Gerstenähre, (2) nur ein fruchtbare Ährchen mit den zwei fehl geschlagenen ergibt eine zweizeilige Gerste, (3) drei neben-einander stehende fruchtbare Ährchen ergeben eine sechszeilige Gerste, (4) Frucht mit abgeschnittener Granne, Quelle: Beck von Mannagetta (1905)

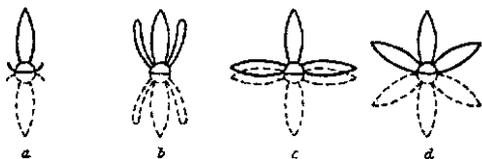


Abbildung 10: (a) und (b) zweizeilige (c) vier zeilige und (d) sechszeilige Gerste, Quelle: Steinberger 1972

Zytologie

Die Kulturgerste und ihre Wildformen haben alle $2n = 2x = 14$ Chromosomen. In der Gattung *Hordeum* gibt es aber auch viele polyploide Arten. Die 7 Chromosomen messen in der mitotischen Metaphase 6 - 8 um und werden durch verschiedene Bänderungen, die Anwesenheit von Satelliten, sowie an Hand der Lage des Centromers differenziert. Die Chromosomen 2,3,4 und 6 entsprechen den Weizenchromosomen mit derselben Zahl, d.h. sie sind homöolog zu den Chromosomen des Weizens. Die drei restlichen Gerstenchromosomen wurden so umbenannt, dass sie zu den Weizenchromosomen mit derselben Zahl homöolog sind:

- altes Gersten-Chromosom 1 umbenannt auf 7H
- altes Gersten-Chromosom 5 umbenannt auf 1H
- altes Gersten-Chromosom 7 umbenannt auf 5H

Mit molekularbiologischen Methoden lassen sich diese Übereinstimmung (Synteny und Kolinearität) mit den Chromosomen des Weizens und unter Berücksichtigung einiger Translokationen auch mit denen des Roggens nachweisen.

Die Zytologie der Gerste ist bedingt durch den diploiden Chromosomensatz wesentlich einfacher als die des Weizens. Zytologie und Genetik sind daher bei dieser Getreideart sehr weit fortgeschritten (Fischbeck 1985 und Graner, Altschmied 2001).

Genetik

Das Genom der Gerste ist mit 5000 Mbp (Megabasenpaaren) = 5 Milliarden Basenpaaren relativ groß innerhalb der *Poaceae*, aber das kleinste innerhalb der *Triticeae*, der engeren Verwandtschaft rund um Weizen und Roggen. Die Genetik ist daher innerhalb der *Triticeae* bei der Gerste am weitesten fortgeschritten. Auf Grund der Größe des Gerstengenoms sind derzeit erst die Vorbereitungsarbeiten für die Sequenzierung im Gange, wie z.B. die Erarbeitung einer physischen BAC-Karte.

Die Erforschung des Gerstengenoms ist ein besonderer Schwerpunkt am Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK) in Gatersleben (Graner, Altschmied 2001). Neueste Forschungen beschäftigen sich mit der Verteilung der Gene im Gerstengenom (Thiel et al. 2003, Varshney et al. 2006). Die Fortschritte in der Genomik der Gerste sind auf der Website von [GABI](#) zusammengefasst.

Wie bei allen Gräsern bilden die repetitiven Elemente auch bei Gerste den Hauptanteil des gesamten Genoms mit ca. 90 %, wobei 8 % allein das zur Zeit intensiv erforschte BARE-1 Element. Die Sequenzierung erster BAC-Klone deutet darauf hin, dass es Regionen mit hoher und mit niedriger Gendichte gibt. Die Regionen mit hoher Gendichte haben bis zu fünf Gene pro 100.000 bp, während der erwartete Durchschnitt im Genom etwa um den Faktor 10 niedriger liegt (Garner, Altschmied 2001).

Am IPK-Gatersleben wird neben der Gerstengenbank und der Wartung einer Kartierungspopulation eine umfangreiche 300.000 Klone umfassende BAC-Bibliothek der Gerste untersucht. Diese Bibliothek wurde von der Clemson Universität in den USA von der Arbeitsgruppe von Wing begonnen und repräsentiert sechs Genomäquivalente. Ein wichtiges Ziel ist der Aufbau einer umfassenden EST-Sammlung (Expressed Sequence Tags = expimierte Sequenzen). Es können so auch Gene aus den verschiedenen Geweben und Entwicklungsstadien der Gerste eingefangen werden. Mittlerweile sind um die 380.000 Gersten ESTs verfügbar, die nach Schätzungen mehr als 50 % der gesamten Gerstengene abdecken.

Weiters wird auch an der Entwicklung EST-basierter Oligonucleotid-Arrays (Chips) zur schnellen Identifizierung von genetischen Ressourcen gearbeitet. An der Univ. of California ist mittlerweile der Barley1 Gene Chip erhältlich, der mehr als 21.000 Gene repräsentiert und ein simultanes Monitoring erlaubt (Website [Barley Base](#)). Ein weiteres Gebiet der modernen Gersten-Genetik ist die Sequenzierung von Gensequenzen, die sich auch im Reisgenom finden, um die

Kolinearität zwischen Gerste und Reis weiter zu untersuchen (Graner, Altschmied 2001, [GABI Website](#)).

In der Datenbank [Grain Genes](#) (allg. Teil) findet sich eine Auflistung von 52 Gersten-Genkarten, die seit dem Jahr 1991 aufgebaut werden. Als Beispiel sei die aus 127 Mikrosatelliten (SSR) entstandene Genkarte der Kreuzungen aus Igri x Franka und aus Septoe x Morex aus dem Jahr 2003 genannt. Mit Hilfe neuester Marker Technologie (DArT) wurde die dichteste genetische Karte von Gerste erstellt, die 2900 Loci umfasst. Auf der Website der Univ. of Davis / California findet sich eine weitere [Physische Karte](#) der Gerste.

Bei der Gerste ist das Auffinden von Genen und QTLs zur Krankheitsresistenz schon sehr weit entwickelt. Jahoor et al. (2004) bilden eine Karte aller sieben Gerstenchromosomen ab mit den Genorten für die verschiedensten Resistenzen: **Mira**, **Mla**, **Mik** und **MLnn** sind z.B. Resistenzgene gegen Mehltau (Mildew) und liegen auf dem kurzen Arm von Chromosom 1 (1HS). Verschiedene **Rph**-Gene bewirken eine Resistenz gegen den Braunrost (*Puccinia hordei*) und **Rpg**-Gene eine Resistenz gegen den Scharzrost (*Puccinia graminis*). Für alle diese Krankheiten konnte auch eine Reihe von QTLs gefunden werden, die eine Resistenz bewirken und die Marker-unterstützte Selektion (MAS) ermöglichen.

Auf der Website [Gersten Modell](#) des IPK-Gatersleben kann man die wichtigsten Gene der Gerste, sowie deren Auswirkungen auf die Morphologie der Gerste studieren. Auf der Website [Barley World](#) sind neben der Genetik auch andere wertvolle Informationen über die Gerste zu finden.

6.2. Pflanzenbau und Züchtung

Anbausysteme

Die Gerste ist das Getreide mit der größten ökologischen Anpassungsfähigkeit. Diese resultiert vor allem aus der relativ kurzen Vegetationszeit. Gerste reift daher auch in Grenzlagen des Getreidebaus, wie Gebirgslagen oder im Norden Europas. Entsprechend haben sich auch bei Gerste besonders viele Ökotypen entwickelt. Die beiden wichtigsten Gruppen sind Wintergerste und Sommergerste.

Das Saatbett wird für Gerste sehr sorgfältig vorbereitet. Wintergerste wird Mitte bis Ende September angebaut, damit die Pflanzen vor dem Winter ausreichend Zeit zur Bestockung haben. Die Sommergerste kann in Österreich sehr früh, schon Anfang März angebaut werden. Auf nährstoffarmen Böden ist eine Düngung im Frühjahr zweckmäßig. Zum Schossen der Pflanzen und zum Ährenschieben wird nochmals gedüngt, vor allem für Futtergerste. Bei Braugerste muss die Stickstoff-Düngung vorsichtig dosiert werden, da Braugerste keinen zu hohen Eiweißgehalt haben darf. Die Wintergerste ist die erste Getreideart, die schon Anfang Juni "umfärbt" und abreift. In den österreichischen Getreideanbaugebieten wird sie vor allen anderen Getreiden schon im Juni gedroschen.

Unkräuter

Die Unkrautproblematik bei der Gerste ist sehr ähnlich wie im Weizenanbau. In den Ergebnissen der Betriebszweigauswertung Marktfruchtbau (Janetschek 2004, allg. Lit.) waren daher auch die Herbizidkosten sowohl bei Wintergerste als auch bei Sommergerste etwa vergleichbar mit den Kosten für Weizen: Wintergerste ca. 28 €/ha und Sommergerste ca. 24,41 €/ha.

Schädlinge

Die tierischen Schädlinge im Gerstenanbau entsprechen weitgehend denen beim Weizen. Bruno Zwatz (1988, allg. Lit) nennt die wichtigsten Schädlinge der Gerste in Österreich:

- **Fritfliege:** (*Oscinella frit*)
- **Brachfliege:** (*Delia coarctata*)
- **Drahtwürmer:** (*Agriotes lineatus*, *A. obscurus*)

Auf der Website von Astrid Oldenburg (allg. Teil) sind noch einige weitere Schädlinge der Gerste zu finden: **Weizengallmücke** (*Contarinia tritici*), **Sattelmücke** (*Haplodiplosis marginata*) und **Getreidehähnchen** (*Oulema* sp.) In Nordeutschland sind auch Schnaken (*Tipula* sp.) als Gerstenschädlinge aufgetreten. Ihre Larven fressen an den Wurzeln. Die verschiedensten Schädlinge treten in der Gerste sehr sporadisch auf, sodass sie am besten mit Insektiziden bekämpft werden. Die Ausgaben für Insektizide waren jedenfalls in den Betriebsauswertungen mit ca. 4 €/ha für Wintergerste und 2 €/ha für Sommergerste (Janetschek 2004) relativ gering. Gerste eignet sich daher auch für den biologischen Anbau.

Krankheiten

Das große Alter dieser Kulturpflanze bedingt eine ganze Reihe von gefährlichen Krankheiten, die denen bei Weizen sehr ähnlich sind; teilweise handelt es nur um Patho-Varietäten, die auf Gerste spezialisiert sind. Sie wurden von Bruno Zwatz et al. (1998) in einem gut bebilderten Werk vorgestellt.

Gelbverzwergungsvirus der Gerste = Barley Yellow Dwarf Virus (BYDV):

Dieses Virus wird durch verschiedene saugende Blattlausarten auf die Gerste übertragen und führt zum Vergilben der Blätter schon im jungen Stadium. In Österreich waren die Infektionen im Jahre 2002 besonders dramatisch und führten zu großen Verlusten im Gerstenanbau (Zahn 2004). Es gibt ein natürliches Resistenz-Gen gegen das Virus (**Yd2**). Heute sind zwei weitere Viren bekannt, die für Symptome der **Gelbmosaikvirose** verantwortlich sind: **Barley Yellow Mosaic Virus (BaYMV)** und **Barley Mild Mosaic Virus (BaMMV)**. (Rode S. 2005, allg. Lit)

Flugbrand der Gerste (*Ustilago nuda*): Wie beim Flugbrand des Weizens bildet sich das Sporenlager bei diesem Pilz schon beim Ährenschieben und während der Blüte aus. Die Sporen werden wie Pollen mit dem Wind auf andere

Gerstenpflanzen übertragen. Eine Übertragungsgefahr auf Weizen gibt es allerdings nicht (Zwatz et al. 1998).

Streifenkrankheit der Gerste (*Helminthosporium gramineum*, Synonym: *Drechslera graminea*, Synonym: *Pyrenophora graminea*, engl. **barley leaf stripe**): Die Streifenkrankheit entspricht der Helminthosporium-Blattdürre beim Weizen. Die Blätter zeigen lange, graubraune bis rotbraune Streifen und schlitzten häufig auf. Die Ähren bilden keine Körner aus und bleiben in der Blattscheide stecken. Die Bekämpfung erfolgt durch Beizung. (Zwatz et al. 1998)

Netzfleckenkrankheit der Gerste (*Pyrenophora teres*, Synonym: *Drechslera teres*, Synonym: *Helminthosporium teres*, engl. **net blotch**): Die ersten Symptome zeigen sich an den Blättern junger Pflanzen und zwar in Form brauner Flecken mit netzförmiger Zeichnung. Die Netzfleckenkrankheit stört im Gegensatz zur Streifenkrankheit die Ährenausbildung nicht, deshalb entstehen durch diese Krankheit auch kümmerliche Körner mit Braunverfärbung und eine qualitative Beeinträchtigung des Erntegutes. Diese Krankheit wird durch Beizung des Saatgutes unter Kontrolle gehalten (Zwatz et al. 1998).

Braunfleckigkeit der Gerste (*Helminthosporium sativum*, Synonym: *Cochliobolus sativus*, heute: *Drechslera sorokiniana*, engl. **leaf spot, common root rot**): An Gerste äußert sich dieser Befall durch punktförmige, braune Flecken mit geflammter Zeichnung, vor allem an Blattspreiten, aber auch an Blattscheiden und Halmen (Zwatz et al. 1988, Astrid Oldenburg WebSite, allg. Teil).

Eine relativ neue Blattfleckenkrankheit ist die **Sprenkelkrankheit**. Sie wird durch den Pilz *Ramularia collo-cygni* verursacht. Diese Pilzerkrankung beginnt mit kreisrunden Flecken auf den Blättern, die ziemlich gleichmäßig "versprenkelt" sind, endet aber letztlich auch mit schweren Blattnekrosen (Balz et al 2005).

Rhynchosporium Blattkrankheit (*Rhynchosporium secalis*, engl. **scald of barley**) Auf Blättern finden sich anfangs durch Zellkollaps wässrige, blaugrüne Flecke, die aussehen wie eine Verbrühung (engl. to scald = Verbrühen) (siehe Astrid Oldenburg, allg. WebSites)

Mehltau auf Gerste (*Blumeria graminis* f.sp. *hordei*, altes Synonym: *Erysiphe graminis* DC, engl. **powdery mildew**): An den untersten Blättern werden weiße, filzige Überzüge sichtbar. Die Blätter werden sehr geschwächt und die Ertragseinbuße ist sehr groß. Der Echte Mehltau der Gerste gedeiht unter vergleichsweise trockenen Bedingungen (Zwatz et al. 1998). Eine Arbeitsgruppe um Ralf Hückelhoven an der Universität Gießen beschäftigt sich mit den Mechanismen der Resistenz und Anfälligkeit der Gerste gegen den Mehltau und es wurden auch transgene Pflanzen geschaffen um die Wirkung von Genen zu testen (Schultheiss et al. 2005).

Auf der Gerste kommen auch alle **Rostkrankheiten** (*Puccinia* sp.) mit sehr ähnlichen Symptomen wie beim Weizen vor:

- **Zwergrost, Braunrost** (*Puccinia hordei*, engl. leaf rust, brown rust, dwarf rust)
 - **Gelbrost** (*Puccinia striiformis*, engl. stripe rust, yellow rust)
 - **Schwarzrost** (*Puccinia graminis*, engl. stem rust, black rust)
- (siehe Astrid Oldenburg WebSite)

Die Rostkrankheiten bei der Gerste sind genetisch bereits sehr gut untersucht und eine Reihe von Resistenzgenen und QTLs für Resistenzen sind bekannt.

Wichtig für die Gerste ist auch der **Schneeschnitzel (Typhula-Fäule, engl. snow rot)**, hervorgerufen durch den Pilz *Typhula filata* und *Typhula incarnata*. Unter dem Schnee bekommen die Blätter der Wintergerste zitronengelbe Blätter (siehe Oldenburg Astrid WebSite, allg.Websites).

Alle diese Krankheiten müssen bei der Zulassung neuer Sorten in Betracht gezogen werden. Bei der Sommergerste kommen allerdings einige von diesen Krankheiten nicht vor, insbesondere die viröse Gelbverzwergung, der Schneeschnitzel und die Typhula-Fäule (AGES, Beschreibende Sortenliste 2006, allg.Teil).

Pflanzenschutz

In den Ergebnissen der Betriebszweigauswertung Markfruchtbau (Janetschek 2004, allg. Lit.) waren die Kosten für Fungizide mit ca. 33 €/ ha in der Wintergerste die höchsten von allen Getreidearten. Winterweizen hatte Fungizidkosten von 25 €/ ha. Sommergerste schnitt bei den Fungizidkosten mit unter 8 €/ ha wesentlich günstiger ab. Die Fungizidausgaben waren aber wesentlich höher als die Ausgaben für Insektizide. Die Resistenz gegen Pilze und die Einsparung der Fungizide könnten also am ehesten das Argument für gentechnisch veränderte Gerste werden.

Anbauggebiete

Weltweit ist die Gerste vor allem wegen ihrer großen ökologischen Anpassungsfähigkeit ein sehr bedeutendes Getreide. Das wichtigste Gerstenanbauland der Welt ist die Russische Föderation mit 9,5 Mill. ha. Australien, Ukraine und Kanada haben jeweils knapp über 4 Mill. ha. Die Gerste wird sowohl in mediterranen Ländern angebaut (Türkei 3,4 Mill. ha, Spanien 3,1 Mill. ha und Marokko 2,3 Mill. ha) als auch im Norden Europas (Norwegen 147.000 ha, Finnland 565.000 ha). Weitere Gerstenanbauländer sind Deutschland mit 1,9 Mill. ha, gefolgt von Frankreich mit 1,6 Mill. ha und Polen mit 1,0 Mill. ha. Gerste ist ein wichtiges Futtergetreide und Rohstoff für Bier. Bemerkenswert ist, dass die USA mit 1,6 Mill. ha kein bedeutendes Gerstenland ist und dass der Gerstenanbau Chinas mit 785.000 ha beinahe unbedeutend ist, insbesondere wenn man bedenkt, dass hier Tibet mit eingerechnet ist, wo die Gerste ein Grundnahrungsmittel ist. In den USA und China werden für die Fütterung eiweißreiche Leguminosen, wie die Sojabohne, bevorzugt. Tropische Länder, wie Kongo oder Nigeria, und Länder in besonders trockenen Zonen der Erde, wie Mali oder Niger, haben überhaupt keinen Gerstenanbau. Im Agrarsystem dieser Länder hat die Hirse eine vergleichbare Funktion (FAOSTAT aus dem Jahr 2004, allg. Teil).

Im Jahr 2005 wurden in Österreich insgesamt 191.740 ha Gerste angebaut, davon waren 73.072 ha Wintergerste und 118.668 ha Sommergerste. Der Gerstenanbau deckt sich mit den großen Ackerbaugebieten in Österreich.

(Niederösterreich 113.571 ha, Oberösterreich 42.425 ha) In der Steiermark ist er wegen des großen Bedarfs an Futtergerste mit 10.903 ha auch relativ hoch. (Statistik Austria: Feldfruchternte 2005)

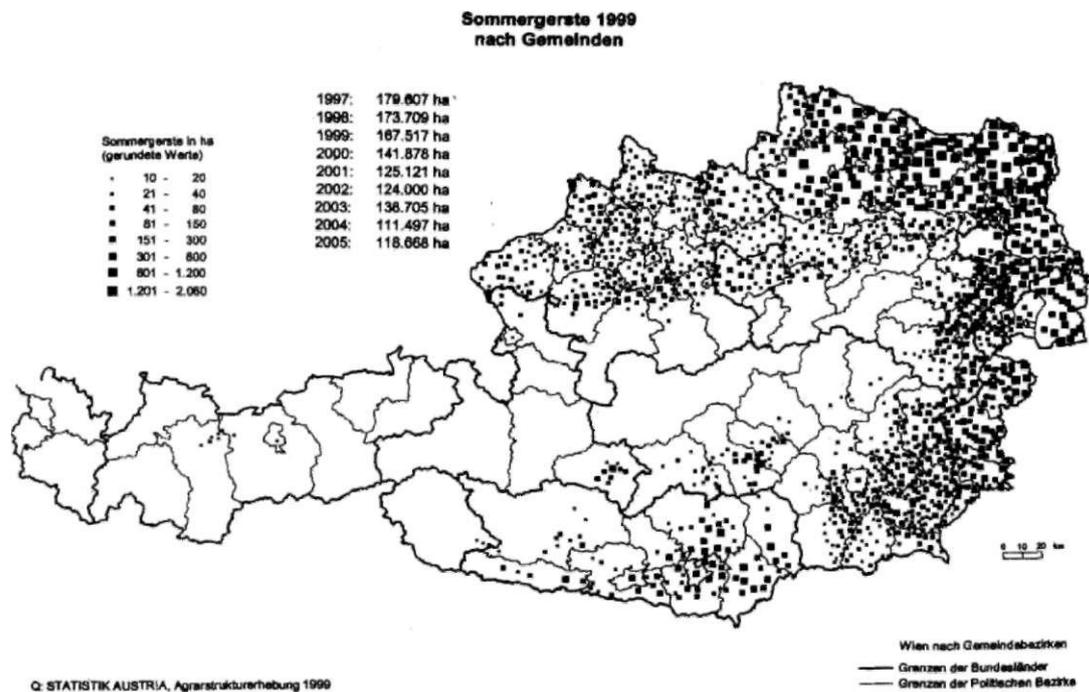


Abbildung 11: Sommergerste in Österreich 1999 nach Gemeinden, Quelle: Statistik Austria, AGES Beschreibenden Sortenliste 2006

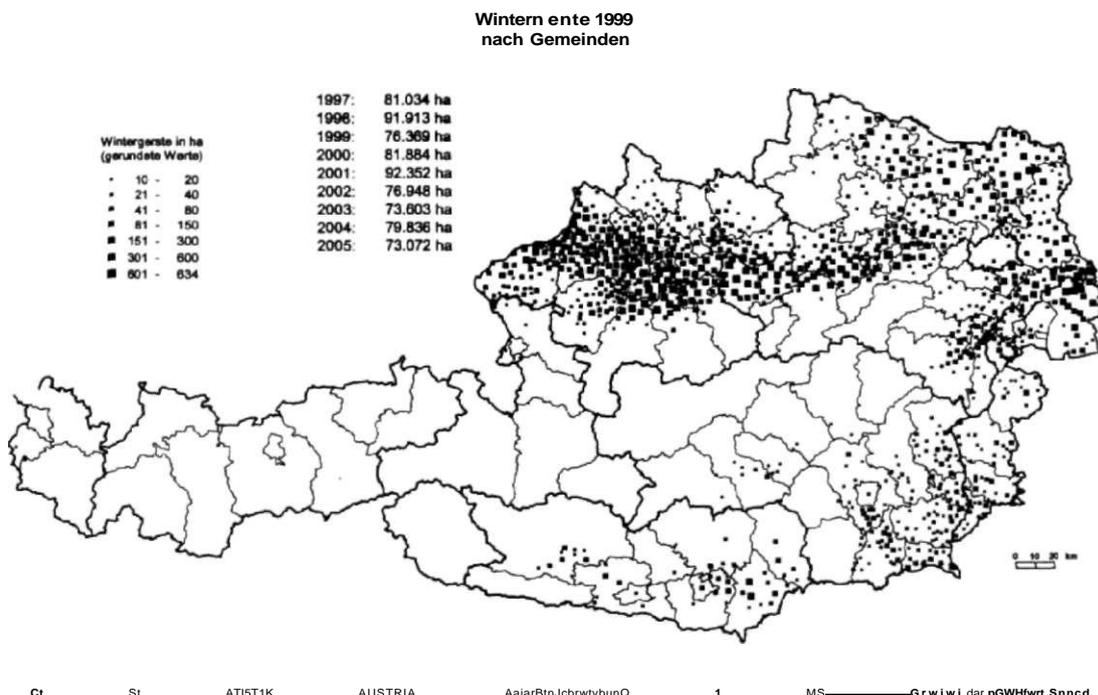


Abbildung 12: Wintergerste in Österreich 1999 nach Gemeinden, Quelle: Statistik Austria, AGES Beschreibenden Sortenliste 2006, (allg.Lit)

Genotypen

Genetische Ressourcen der Gerste (Website) sind ein Forschungsschwerpunkt des IPK-Gatersleben. Dort besteht schon seit langem in der Genbank eine große Gersten-Sammlung und schon in den frühen 80er Jahren wurden von Helmut Knüpffer eine Gersten-Datenbank aufgebaut (European Barley List). Diese Sammlung umfasst heute 14.000 Herkünfte von Wildformen, Landrassen und Kultursorten und ist die Grundlage für Kartierungsprojekte und die weitere Erforschung des Gerstengenoms.

Auch in der Genbank in Linz gibt es 796 Einträge für "Hordeum", die neben jüngeren Vergleichsorten auch viele alte Landsorten enthalten, unter anderem aus der Sammlung von Prof. Erwin Mayr aus der ehemaligen Landesanstalt für Pflanzenzucht und Samenprüfung in Rinn in Tirol. Damit verfügen die österreichischen Genbanken über Gerstensorten aus den unterschiedlichsten Agrarökosystemen. Die wissenschaftliche Bedeutung dieser Sammlung würde eine bessere Dotierung durch die öffentliche Hand rechtfertigen.

Sorten

Die sehr häufig als Braugerste angebaute Sommergerste ist immer zweizeilig. Etwa 75 % der in Österreich angebauten Wintergerste ist ebenfalls zweizeilig, die restlichen 25 % sind mehrzeilig. In der Österreichischen Sortenliste befinden sich nur 16 mehrzeilige Gerstensorten (AGES, Beschreibende Sortenliste 2006, allg. Teil). Nacktgerstensorten setzen sich in Österreich nicht durch. In der Österreichischen Sortenliste findet sich weder unter den Sommergersten noch unter den Wintergersten eine Nacktgerste. Neuerdings gibt es ein Hybrid-System auf CMS-Basis und Sorten, die vor der Markteinführung stehen.

6.3. Verarbeitung und Verwendung**Verfahrensidentität**

Gerste fällt bei der Ernte mit Spelze an. **Futtergerste** wird geschrotet und der Gerstenschrot mit relativ hohem Rohfasergehalt kann direkt an Masttiere verfüttert werden. **Braugerste** ist der Rohstoff für die Mälzereien. Braugerste muss sehr gut gereinigt sein und muss vor allem einen niedrigen Eiweißgehalt von unter 11,5 % haben. Sie muss die volle Keimfähigkeit behalten. Beim Mälzen lässt man die Gerste ankeimen und stoppt den Keimungsvorgang nach einigen Tagen. Dabei haben sich im beginnenden Keimungsvorgang bereits Zucker (Maltose) aus der Stärke gebildet und die dafür notwendigen Enzyme sind aktiviert. Diese "diastatische Kraft" ist ein wichtiges Qualitätskriterium der Braugerste. Die Gerste wird dann gedarrt und man erhält das **Gerstenmalz**. Auch Gerstenmalz muss die volle Enzymaktivität haben, ist aber durch das Darren getrocknet und wird so zu einem lagerfähigen und handelsfähigen Produkt. Zum Brauen dunkler Biere wird dunkleres Malz verwendet. Ein Großteil der Gerstenfläche in Österreich ist Futtergerste und Braugerste.

Lebensmittel

Früher hatte die Gerste eine besonders große Bedeutung als Lebensmittel. Sie wurde bzw. wird in Mühlen entspelzt und geschmiegelt. Das Produkt **Rollgerste** war ein wichtiges Grundnahrungsmittel und wurde vor allem in Suppengerichten, wie Gersten- und Bohnensuppen verwendet. Diese Nutzung der Gerste ist fast verschwunden. Die Wertschätzung einer vielfältigen Getreidenahrung ist der wichtigste Beitrag zur Ernährungssicherheit in den verschiedenen Ländern der Erde (Reiner 1998).

An und Braugerste und Futtergerste werden so unterschiedliche Qualitätsansprüche gestellt, dass es keine einheitlichen Zuchtziele geben kann. Für das Lebensmittel Rollgerste ist z.B. der hohe ernährungsphysiologische Wert von beta-Glucanen hervorzuheben (1-3 und 1-4 beta-Glucane im Verhältnis 30 : 70). Diese sind lösliche Ballaststoffe.

Futtermittel und Nebenprodukte

Die Gerste ist das wichtigste Futtergetreide für Mastschweine, Ferkel, Mastgeflügel und Legehennen. In der Futtergerste ist der hohe Gehalt an beta-Glucanen allerdings ungünstig. Vor allem durch den Spelzenanteil ist der Rohfasergehalt der Gerste mit 53 g/kg Trockensubstanz für Sommergerste bzw. 57g/kg Trockensubstanz für Wintergerste wesentlich höher als der von Weizen, aber immer noch viel niedriger als der von Hafer. Der Energiegehalt im Vergleich zu Futterweizen ist dadurch deutlich niedriger. Für die Fütterung ist auch der relativ niedrige Gehalt an der Aminosäure Lysin zu erwähnen. Der Ausgleich solcher Aminosäure-Defizite könnte ebenfalls Gegenstand gentechnischer Veränderungen werden. (Jerock et al. 1993)

Wirtschaftliche Bedeutung

Die Bedeutung der Gerste weltweit resultiert aus ihrer dreifachen Nutzung als Futtergetreide, Braugerste und als Nahrungspflanze und dies in den unterschiedlichsten Agrarökosystemen. Obwohl sie in keiner der großen Getreideanbauzonen der Erde das wichtigste Getreide darstellt, wird sie vor allem durch die "Bierkultur" in der gesamten "Westlichen Welt" praktisch in allen Ländern mit gemäßigttem Klima angebaut. In vielen Ländern ist die Gerste aber auch ein unverzichtbares Grundnahrungsmittel. Sie wird in den Hochlagen Tibets und in den Trockengebieten der Mongolei angebaut. Ihre wirtschaftliche Bedeutung als Lebensmittel darf daher nicht außer Acht gelassen werden.

6.4. Gentechnische Veränderungen

Transgene Techniken

Die erste Transformation bei Gerste wurde von Wan und Lemaux (1994) veröffentlicht. Sie wurde an der University of California in Berkeley, Department of Plant and Microbial Biology in der Arbeitsgruppe von Peggy Lemaux durchgeführt. Diese erste Transformation mit Partikel-Beschuss von Zellkulturen bei der Gerste brachte den Anschluss an die bereits durchgeführten Transformationen bei den führenden Kulturpflanzen Reis, Mais und Weizen. Ebenfalls im Jahr 1994 berichtete eine finnische Gruppe um Anneli Ritala über die gelungene Transformation durch Partikel-Beschuss auf die Sprossachse von unreifen Embryonen (Lemaux et al. 1999).

Schon bald gelang es auch durch Agrobacterium vermittelte Transformationen durchzuführen (Tingay et al. 1997). Die weiteren Verbesserungen der Methodik konzentrierten sich vor allem auf die richtige Vorbereitung der Gewebe für die Transformationen. Man verwendet Gewebekulturen, unreife Embryonen, reife Embryonen, Mikrosporen und Sprossmeristem. Selektionsmarker waren vor allem das **bar**-Gen (Resistenz gegen Phosphinothricin), das **hph**-Gen (Resistenz gegen Hygromycin), **nptII** (Resistenz gegen Neomycin) und das Reporter-Gen **uidA** (GUS).

Neuere Techniken versuchen, die Selektionsmarker wieder zu eliminieren. Ist der Selektionsmarker auf einem anderen Chromosom, kann er durch Kreuzungsprogramme wieder entfernt werden. Eine weitere Methode nutzt das Prinzip der Transposons aus, wodurch Gensequenzen gezielt in andere Regionen des Genoms versetzt werden können. Im Labor von Peggy Lemaux in Berkeley wurde mit Hilfe von Transposons aus Mais (Ac-Activator und Ds-Dissociation) eine sehr große Zahl von transgenen Gerstenpflanzen erzeugt, die jeweils nur eine Kopie an verschiedenen Orten und keine Selektionsmarker mehr enthalten. Durch nachfolgende Kreuzungsprogramme konnte auch nachgewiesen werden, in welchen Bereichen des Genoms die Kopien inseriert worden waren (Koprek et al. 2001).

Gruppen

Transgene **Herbizid-Resistenz** hat bei der Gerste aus agronomischen Gründen keine Priorität, allerdings enthalten viele transgene Gersten noch die Basta-Herbizidresistenz, da diese ja als Selektionsmarker bei der Herstellung gedient hat. Auch transgene **Insekten-Resistenzen** sind schwer vorstellbar. Es ist derzeit kein Beispiel für eine Bt-Gerste bekannt.

Die wichtigste Gruppe dürfte jene der transgenen **Krankheits-Resistenzen** werden. Gegen die erwähnten **Virosen (BYDV, BaYMV und BaMVV)** haben sich noch keine erfolgreichen Systeme durchgesetzt. Erfolge mit dem Hüllprotein (coat protein) gelangen bisher nicht. Viele Arbeiten beschäftigen sich aber mit **Pilz-Resistenzen**. Anfänglich wurden große Hoffnungen auf das Gen für die Resveratrol-Synthese aus dem Wein (*Vitis vinifera*) gesetzt. Gegen den **Mehltau**

(*Blumeria graminis ssp. hordei*) könnte die dauerhafte Expression von Abwehrproteinen (RAC/ROP Protein Familie) aus Mais wirksam sein.

Das Enzym Lipoxigenase (**Lox**) oxidiert hochungesättigte Fettsäuren zu Oxidationsprodukten, z.B. die Jasmonsäure (jasmonic acid - JA). Solche Oxidationsprodukte werden vermehrt beim Angriff von Insekten gebildet und spielen eine Rolle im Abwehrsystem. Die Verbindungen werden unter dem Namen "**Oxylipine**" zusammengefasst. Die Resistenz beruht eigentlich auf einer Überempfindlichkeitsreaktion: Am Infektionsort stirbt das Pflanzengewebe vollständig ab, es bilden sich Nekrosen und die Schaderreger werden so isoliert. Eine Arbeitsgruppe an der Technischen Universität Braunschweig (Sharma et al. 2006) transformierte die Gerste derart, dass sich diese Lipoxigenase (LOX) und die Oxylipine vermehrt in Chloroplasten bilden und dieses Abwehrsystem so erstmals in monokotylen Pflanzen arbeiten kann.

In der Schweiz arbeitet die Gruppe um Beat Keller an einer Resistenz der Gerste gegen den **Zwergrost (*Puccinia hordei*, engl. leaf rust)**. Auf Chromosom 3HS wurden eine Gruppe von Genen um **Rph7** identifiziert, die eine starke Resistenz gegen den Zwergrost begründet. Ein solches Gen soll mittels Agrobacterium in die Gerste zusätzlich eingebracht werden, um die Abwehr gegen den Zwergrost noch weiter zu erhöhen.

Die Gruppe der transgenen **Produktqualitäten** untergliedert sich in Futtergerste und Braugerste. In der Futtergerste wurde versucht, das Aminosäurespektrum zu Gunsten der Aminosäure **Lysin** zu erhöhen. In der Braugerste spielen die Enzyme eine wichtige Rolle. Transgene Gerste mit stärkerer **Enzymproduktion** von alpha-Amylase und beta-Amylase (Diastatische Enzyme) sollten den Mälzungsprozess und den Brauprozess erleichtern. Es wurden zusätzliche Gene für diese Enzyme in Gerste transformiert, um eine besonders hohe Expression speziell in der Aleuronschicht der keimenden Gerste zu bewirken (Jacobsen et al. 2000).

Jüngste Geschichte und aktuelle Transgene

Es finden sich in der Joint Research Center Datenbank keine Anträge auf Inverkehrbringen (nach C) von transgener Gerste und sehr wenig laufende Freisetzungen für Forschungs- und Produktentwicklung (nach B). Die Genomforschung im Labor bei Gerste ist aber sehr intensiv.

Tabelle 6: Freisetzungen transgener Gerste nach Teil B der Richtlinie 2001/18/EG

Freisetzung	Firma	Gentechnische Veränderung
B/FI/96/4MB	Boreal Plant Breeding	Marker System, Monitoring der Gen-Introgression
B/FI/97/3MB	Boreal Plant Breeding	Marker System, Monitoring der Gen-Introgression
B/GB/98/R29/2-CON	John Innes Centre	Eingeschaften der Mälzung
B/GB/01/R29/3	John Innes Centre	Eingeschaften der Mälzung, Phytasee

B/IS/04/01	ORF Liftaekni hf	Feldversuch mit einem Marker-Gen
B/DE/05/168	Justus Liebig Universität	biologische Sicherheit von gentechnisch verändertem Getreide

Quelle: Joint Research Center, (allg.Websites) verkürzt, abgefragt am 28.11.2006

6.5. Lebensmittelsicherheit und Qualität

Lebensmittelsicherheit und HACCP

Bei Verwendung transgener Braugerste müsste die gentechnische Veränderungen auf dem Etikett gekennzeichnet werden. In der Lebensmittelkette Gerste-Malz-Bier würde dies zu großen Schwierigkeiten führen. Gentechnisch veränderte Futtergerste würde die Frage der Gentechnik bei Futtermitteln und damit bei tierischen Lebensmitteln aufwerfen, da Gerste in der heimischen Landwirtschaft sehr viel für hofeigene Fütterung genutzt wird. Der wichtigste Input für die Gerstenqualität, sei es Futter- oder Braugerste, ist die genau abgestimmte Stickstoff-Versorgung für die betreffende Sorte. Der potentielle Nutzen einer gentechnischen Veränderung könnte nie den Effekt dieser einfachen Kulturmaßnahme erzielen.

Ökologisches Risk Assessment

Bei Risikoabschätzung steht die Frage der Auskreuzungen von transgenen Gerstensorten mit der in Europa sehr häufig vorkommenden wildwachsenden Art *Hordeum murinum* im Vordergrund. Gerste ist überwiegend selbstbefruchtend und in einer Arbeit von Bianchi et al. (2002) konnten in Hybridisierungsversuchen auch keine Kreuzungen zwischen den Arten entdeckt werden. Trotzdem stellen alle wildwachsenden Gersten-Arten langfristig eine Gefahr für genetische Verunreinigung dar.

6.6. Diskussion

Die wissenschaftlichen Aktivitäten in der Erforschung der Gerste decken sich gut mit der Bedeutung der Gerste in den einzelnen Ländern. Die Genomforschung bei der Gerste ist wegen der dargelegten Ausgangssituation mit dem einfachen Chromosomensatz und den sieben Grund-Chomosomen der *Triticeae* sehr hoch entwickelt. Im Kontrast dazu gibt es sehr wenig gentechnische Veränderungen und angemeldete Freisetzungen. Dies liegt vor allem daran, dass die einfachsten Transgene, nämlich die Herbizid-Resistenzen, bei der Gerste ökonomisch wenig bringen und dass die ökonomisch bedeutsamen Viren- und Pilzresistenzen noch nicht so hoch entwickelt sind.

Die Gerste ist ein Beispiel dafür, dass die hoch entwickelte Genomforschung (functional genomics), die zahlreiche Gene identifizieren konnte und Marker für wichtige agronomische Merkmale finden konnte, mehr Fortschritte brachte als die gentechnische Veränderung. Sollte eine gentechnische Veränderung bei der Gerste kommen, dann wäre dies wohl die transgene Resistenz gegen Pilze zur

Einsparung von Fungiziden. Kombiniert mit anderen guten Sorteneigenschaften wäre dies wohl am ehesten ein Argument für transgene Gerste.

6.7. Quellen

Websites

BarleyBase: Daten zum Barleyl GenChip
<http://www.barleybase.org/>

BarleyWorld: (informationen rund um die Gerstengenetik)
<http://www.barleyworld.org/>

Botanischer Garten von Jerusalem:
<http://www.botanic.co.il>

GABI Website
<http://www.gabi.de/>
http://www.gabi.de/21seiten/documents/GABI_Progress_Report.pdf

Genbank Linz
<http://www.genbank.at>

Genetische Ressourcen der Gerste
<http://barley.ipk-gatersleben.de/>

Gersten Modell: die wichtigsten Gene der Gerste
<http://mansfeld.ipk-gatersleben.de/bucksorlin/model/geruest.html>

Physische Karte der Gerste
<http://phymap.ucdavis.edu:8080/barley/index.jsp>

Literatur

Balz T., Tiedemann A., Kirch G., Luckhard J. : *Ramularia collo-cygni* und PLS-Flecken bei Gerste. - Getreide Magazin S 84-89, Heft 2 (2005)

Bianchi DS, Keller-Senften J, Felber F: Isozyme variation of *Hordeum murinum* in Switzerland and test of hybridization with cultivated barley. - Weed Research Vol. 42 , p 325 (2002)

Fischbeck G. : Gerste (*Hordeum vulgare* L.) IN: Hoffmann, Mudra, Plarre (1985), allg. Lit

Graner A., Altschmied L.: Gerste - Ein Modell zur Erforschung komplexer Getreidegenome. GenomXPress (Information aus der deutschen Genomforschung Heft 3 (2001)

- Jacobsen J.V., Matthews P.M., Abbott D.C., Wang M.B., Waterhouse P.M.: Transgenic Barley. - IN: O'Brien, Henry, S 88 (2000)
- Jahoor A, Eriksen L., Backes G: QTLs and genes for disease resistance in barley and wheat. - IN: Gupta, Varshney (2004), allg. Lit
- Jeroch H., Flachowski G. Weißbach F.: Futtermittelkunde. - Gustav Fischer 1993
- Koprek T., Rangel S., McElroy D., Louwse J.D., Williams-Carrier R.E., Lemaux P.G.: Transposon mediated single copy gene delivery leads to increased transgene expression stability in barley. - Plant Physiology 125(3) 1354-1362 (2001)
- Lemaux Peggy G., Myeong-je Cho, Zhang Shibo, Bregitzer Phil: Transgenic Cereals: *Hordeum vulgare* L. (barley). - IN: Vasil I.K.: S 255 (1999) siehe allg.Lit.
- Schultheiss H. et al. und R. Huckelhoven: Ectopic expression of constitutively activated RACB in barley enhances susceptibility of powdery mildew and abiotic stress. - Plant Physiology 139(1): 353-362 (2005)
- Sharma V.K., Monostori T., Gobel C., Hansch R., Bittner F., Wasternack C., Feussner I., Mendel R., Hause B. und Schulze J.: Transgenic barley plants overexpressing a 13-lipoxygenase to modify oxylipin signature. - Phytochemistry 67(3): 264-276 (2006)
- Steinberger J.: Klassifikation und Identifikation in Österreich zugelassener Gerstensorten (*Hordeum vulgare* L.) Jahrbuch 1971 der Bundesanstalt für Pflanzenbau und Samenprüfung in Wien S 172-208 (1972)
- Thiel T., Michalek W., Varshney R.K., Graner A.: Exploiting EST databases for the development of cDNA derived microsatellite markers in barley (*Hordeum vulgare* L.). - Theor Appl. Genet 106: 441-422 (2003)
- Tingay S., McElroy, Kalla R, Fieg S, Wang M., Thornton S, Brettell R: *Agrobacterium tumefaciens*-mediated barley transformation. Plant Journal 11: 1369-1376 (1997)
- Varshney RK , Grosse I ,Hahnel U , Siefken R , Prasad M , Stein N , Langridge P, Altschmied L, Graner A: Genetic mapping and BAC assignment of EST-derived SSR markers shows non-uniform distribution of genes in the barley genome. Theor Appl Genet., 113(2):239-250, 2006.
- Wan, Y, Lemaux P.G.: Generation of large numbers of independently transformed fertile barley plants. - Plant Physiology 104, 37-48 (1994)
- Zahn Volker: Gelbverzwergungsvirus der Gerste, Bessere Prognose durch neue Analysenmethode. - Getreide Magazin 9(2), S 104-107 (2004)
- Zwatz B., Cate P., Berger H.: Krankheiten, Schädlinge und Nützlinge im Getreide und Maisbau. - 4. Erweiterte Auflage, Wien 1998

7. Roggen

7.1. Botanik

Systematische Einordnung

Der **Roggen (*Secale cereale*)** gehört mit Weizen und Gerste zur engeren Verwandtschaft der *Triticeae*. Das Genzentrum des Roggens liegt im Iran um die Stadt Täbris. In der Geschichte des Getreidebaues im fruchtbaren Halbmond des Nahen Ostens war der Roggen zunächst nur eine Begleitpflanze von Weizen und Gerste. Der Ausdruck "Unkraut" wäre für den Roggen nicht passend, da bei der Ernte des Getreides einfach einige dunklere Körner mit dabei waren, die auch mit verarbeitet wurden. Mengkorn wurde sogar noch bis ins 19. Jh. angebaut. Mit der Wanderung des Getreides nach Europa kam der Getreidebau in kühlere Lagen und dort wurde aus dem Weizenfeld einfach ein Roggenfeld und das ehemalige "Unkraut" war zur Hauptkultur geworden. Ein bekannter Versuch zeigt, dass Weizenkörner und Roggenkörner im Verhältnis 1 : 1 angebaut, durch Nachbau der Ernte auf sandigen Böden in kühlem Klima über mehrere Generationen am Ende nur mehr einen reinen Roggenbestand bilden. Der Aufstieg des urzeitlichen Metall- und Salzbergbaues in den Alpen ging daher mit der Ausweitung des Roggenanbaues einher (Miedaner 1997, Steinberger 1975).

Im weiteren Umkreis des Entstehungsgebietes von Roggen gibt es noch heute einige weitere Arten der Gattung ***Secale***: *S. sylvestre*, *S. montanum*, *S. africanum* und *S. ancestrale* (Steinberger 1975). Als Elternarten des Kulturroggens werden *S. montanum* und *S. vavilovii* angesehen.

Triticale wird botanisch als eigene Gattung geführt mit dem Namen: *Triticale rimpaii* oder *X Triticosecale* Wittmack, benannt zu Ehren des berühmten Deutschen Roggenzüchters Wilhelm Rimpau, der im 19. Jh. durch die Züchtungsmethode der Massenauslese die moderne Roggenzüchtung begründet hat. Triticale ist ein so genanntes Gattungshybrid, also eine Kreuzung aus zwei Gräserarten, die den verschiedenen Gattungen *Triticum* und *Secale* angehören. Triticale war schon um 1900 bekannt, wurde aber erst in den 60er Jahren erfolgreich gezüchtet. Auf die Genetik wird später noch genauer eingegangen.

Morphologie

Die Roggenpflanze, heute meist ein Wintergetreide, ist schon als Jungpflanze am Acker leicht zu erkennen, da die Blätter am Blattspreitengrund sich kaum berühren. Das Ährenschieben des Roggens erfolgt lange vor dem des Weizens und die Pflanze überragt mit ihrer Wuchshöhe von über einem Meter, Weizen und Gerste. Dieses Merkmal weist auf das vergleichsweise geringe Alter der Kulturpflanze hin. Die Ähre neigt sich dann und die Roggenfelder schillern im Juni im Wind, da die Grannen bei jedem Windstoß verschiedene grau-blaue Farbspiele zeigen. In dieser Phase erfolgt das Pollenschütten und die Fremdbestäubung durch den Wind. Erntereif ist der Roggen in Österreich einige Wochen vor dem Weizen (Reiner 2005).

Der Blütenstand des Roggens ist eine Ähre, an deren Spindel jeweils kleine ungestielte Ährchen sitzen. Die Ährchen sind meist zweiblütig und sitzen links und rechts abwechselnd auf der Spindel auf. Die Länge der Ähren schwankt zwischen 8 und 20 cm. Die ganz außen liegenden Hüllspelzen sind beim Roggen kürzer als bei Weizen und Hafer. Die Deckspelze (Lemma) jeder Blüte ist 5 nervig und der mittlere Nerv endet in einer 8 cm langen, borstigen Granne, an der man den Roggen sofort erkennt. Die Vorspelze (Palea) ist fast so lang wie die Deckspelze, aber sehr dünnhäutig und ohne Granne. Wie bei allen Getreideblüten sieht man im Inneren jeder Blüte die drei Staubbeutel (Antheren) und die federförmige Narbe. Besonders auffällig sind die weit aus den Ährchen des Roggens herausragenden Antheren, ein Merkmal das mit der ausgeprägten Fremdbefruchtung dieser Pflanze zusammenhängt. Die Morphologie des Roggens und die verschiedenen Sortenmerkmale wurden von Josef Steinberger (1975) im Rahmen einer Serie "Identifizierung und Beschreibung von Getreidearten" dargestellt.



Physiologie

Ein wichtiges Merkmal des Roggens ist seine Selbststerilität. Der Roggen ist daher streng auf Fremdbefruchtung angewiesen. Die Inkompatibilität bedeutet, dass die Pollen nicht auf der Narbe derselben Pflanze auskeimen können. Dies wird durch zwei

Gene (S und Z) gesteuert. Die Fremdbefruchtung der Pflanze wird deutlich, indem die Staubfäden gut sichtbar sind und weit aus der Blüte herausragen. Die Pollen werden vom Wind über weite Distanzen getragen.

Abbildung 13: (1) Roggenähre (2) Ährchen mit zwei Blüten und einer dritten verkümmerten (3) der Stempel mit den Lodiculae (4) Roggenkörner (5) Roggenkorn im Längsschnitt, Quelle: Beck von Mannagetta (1905)

Zytologie

Roggen hat $2n = 2x = 14$ Chromosomen. Die Roggenchromosomen werden folgendermaßen bezeichnet:

1R, 2R, 3R, 4R, 5R, 6R, 7R. Durch Anfügen von L bzw. S kann man angeben, ob ein Genort sich auf dem langen Arm (L für long) oder dem kurzen Arm (S für short) befindet.

Am Beispiel der Roggenchromosoms sollen einige Daten zu Gewicht und Größe der Chromosomen erläutert werden: Das haploide Roggen-Genom enthält 8,3 pg DNA (1 Picogramm = 10^{-12} g). Das Gewicht der DNA kann mit Hilfe der Mikro-Densitometrie über die Lichtabsorption in einem Flowzytometer gemessen werden. 1 pg DNA hat etwa eine Länge von 30 cm und enthält ca. 1000 Mbp. Sind

alle DNA-Moleküle, also alle Chromosomen, wie ein Faden ausgezogen, so würde dies einer Gesamtlänge des Roggengenoms von 249 cm entsprechen ($8,3 \text{ pg} \times 30 \text{ cm} = 249 \text{ cm}$). Aufgeteilt auf 7 Chromosomen sind dies durchschnittlich 35,6 cm DNA per Roggenchromosom. Die Durchschnittslänge der abgebildeten Metaphase-Chromosomen, gemessen im Lichtmikroskop, ist ca. 60 pm. Somit besteht zwischen der Länge des Metaphasenchromosoms und der Länge der darin eingeschlossenen DNA ein Packungsverhältnis von 1 zu 6000. Die DNA-Moleküle sind mehrfach spiralig gewunden, sodass sie schon im Lichtmikroskop als Stäbchen sichtbar werden (Lelley 2005).



Abbildung 14: Die 14 Chromosomen des diploiden Chromosomensatzes von Roggen, Quelle: Univ.Prof. Dr. Lelley /BOKU

In diesem Zusammenhang soll die **Zytologie von Triticale**, einer Kreuzung aus Weizen und Roggen (*Triticum aestivum* X *Secale cereale*) näher erläutert werden. Beim Triticale kommt zum gesamten Weizengenom zusätzlich ein Satz des Roggengenoms hinzu. Ist Triticale aus einem hexaploiden Weizen entstanden, so ist er octoploid: AA, BB, DD und RR. Die homöologen Gruppen haben sich einfach um einen Satz Roggenchromosomen erweitert. Wurde tetraploider Weizen bei der Kreuzung verwendet, so ist der entstandene Triticale hexaploid: AA, BB, RR. Fachleute der Pflanzenzüchtung erkennen sehr genau, welche morphologischen Eigenschaften vom Weizen stammen und welche vom Roggen. Der Beginn der Triticale-Züchtung war sehr schwierig, weil nicht alle Elternsorten zusammenpassen. Heute gibt es mehr Erfahrung über die Kreuzungseignung (combining ability) der Weizen und Roggenlinien, die für Triticale geeignet sind. Zudem sind die Triticalesorten homogen, stabil und ertragreich. Am Beispiel von Triticale ergeben sich interessante Überlegungen zur Identität und Integrität von Kulturpflanzen und Lebensmitteln, die in dem allgemeinen Kapitel näher ausgeführt wurden.

Genetik

Das Genom des Roggens liegt mit 8.400 Mbp (Megabasenpaaren = 8,4 Milliarden Basenpaaren) zwischen dem der Gerste und dem des Hafers. Es ist fast 20 mal größer als das Genom des Reis.

In Deutschland wird besonders intensiv an der Erforschung des Roggengenoms gearbeitet. So wurden die ersten Kartierungen des Roggens 1994 von der Universität Hannover mittels RFLP-Markern durchgeführt. Korzun et al. (2001) publizierten eine Karte mit Hilfe von 139 RFLP-, 19 Isoenzym- und 13 Mikrosatelliten-Markern. Durch Vergleich mit den besser kartierten Genomen von Weizen und Gerste soll die Kartierung im Roggen noch genauer werden. Mittlerweile sind in Grain Genes (allg. Websites) 11 genetische Karten für Roggen

verfügbar, wobei die von Khlestkina et al. (2004) bereits 99 Mikrosatelliten-Marker beinhaltet.

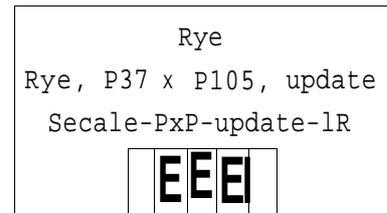
Für Roggen wurden bereits zwei BAC-Bibliotheken angefertigt, eine von der Universität Adelaide in Australien für das gesamte Roggengenom und eine spezifisch für den kurzen Arm des Roggenchromosoms 1 (1RS) von einer Arbeitsgruppe um Dr. Dolezel in Tschechien (unter Anwendung der Flow-Cytometrie). Auf der Universität Szczecin in Polen wurden QTLs des Roggens studiert. Durch die Bemühungen einer Forschergruppe aus Albany in den USA sind mittlerweile 9.100 Roggen ESTs verfügbar (Kofler 2006).

Es scheint aber, dass man mit der Kartierung des Roggengenoms eher darauf wartet bis Reis, Gerste und Weizen noch besser bekannt wird, um die Übereinstimmung (Synteny oder Kolinearität) unter den Gräsergenomen als Informationsquelle noch besser nutzen zu können.

Immerhin sind aber schon sehr viele agronomisch wichtige Roggen-Gene bekannt. Eine Aufstellung findet sich bei Altpeter und Korzun (2006):

- **ct1** und **ct2** codieren für geringe Pflanzenhöhe auf Chromosom 7R
- **Gpil** kodiert das Enzym Glucosephosphat-Isomerase auf Chromosom 1R
- **Pgd3** kodiert das Enzym Phosphogluconat-Dehydrogenase auf Chromosom 1R
- **Lr-a** auf **6R** und **Lr-b**, **Lr-g** auf 1R codieren eine Rostresistenz
- **Pr3**, **Pr4** und **Pr5** codieren eine Rostresistenz auf 1R
- **Rfg1** stellt die Fertilität wieder her, auf 4R
- **Sec2** und **Sec5** sind Secaline (Roggengliadine) auf 2R

In GrainGenes erhält man noch weitere Informationen über Roggen-Gene. Im Suchfenster Browse GrainGenes ist im Feld Class *Gene* einzugeben und das Suchwort *Secale* einzugeben. Man erhält dann 137 Gene. Die Gene **S** auf Chromosom 1R und **5S** auf Chromosom 5R codieren z.B. gemeinsam mit dem Gen **Z** auf Chromosom 2R für die Selbst-Inkompatibilität (Selbststerilität) des Roggens. Als Eingangsportal sei auch auf die Website Roggen Genetik hingewiesen.



[39]

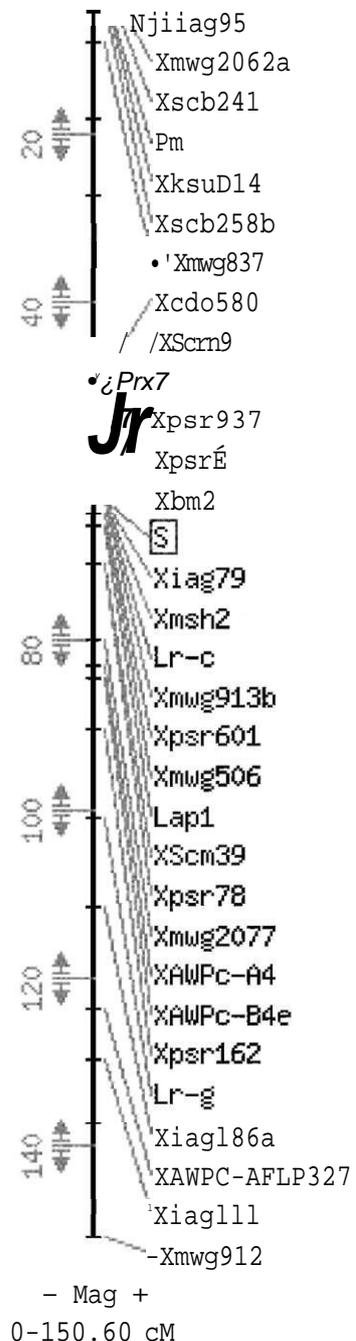


Abbildung 15: Ausschnitt aus Chromosom 1 von Roggen mit dem Gen S für Selbststerilität, Quelle: Grain Genes

7.2. Pflanzenbau und Züchtung

Anbausysteme

Roggen wird in unseren Breiten meist als Wintergetreide angebaut. Seine Winterhärte ist sehr gut ausgeprägt, er hält Wintertemperaturen von bis zu minus 25 °C aus. Allerdings kann bei länger dauernder Schneedecke der Schneeschimmel (*Fusarium nivale*) auftreten. Die Ansprüche an Boden und Klima sind geringer als bei Weizen und so ist ein Anbau auf sauren Böden, auf Sandböden, auch in sommertrockenen und kühlen Lagen möglich. Roggen ist selbstverträglich und kann über viele Jahrzehnte auf derselben Fläche angebaut werden. Die Saatzeit ist Ende September, Anfang Oktober. Noch vor dem Winter soll die Bestockung abgeschlossen sein. Die Stickstoff-Düngung soll beim Roggen mäßig gehalten werden, nur Futterroggen kann im Frühjahr etwas mehr mit Stickstoff gedüngt werden. Beim Roggen ist ein gutes und wärmeres Wetter über 12 °C während der Blütezeit von Vorteil um die Pollenverbreitung zu fördern. Die Ernte erfolgt in Österreich vor der Weizenernte in der Gelbreife. Roggen sollte wegen der hohen Auswuchsgefahr nie zu lange am Feld belassen werden. (Geisler 1988, allg.Lit)

Unkräuter

In Roggen kommen die meisten Unkräuter des Wintergetreides vor (z.B. Windhalm *Apera spica-venti*, Rispengräser (*Poa trivialis* und andere) und Trespen (*Bromus* sp.). Problemverunkrautung, z.B. mit Klettenlabkraut oder Ackerwinde, ist aber selten. Roggen und Triticale sind nämlich sehr konkurrenzstarke Getreide und viele Unkräuter sind einfach nicht bekämpfungswürdig. In den letzten Jahren hat sich allerdings eine früher relativ seltene Unkrautart, der Ackerfuchsschwanz (*Alopecurus myosuroides*) verstärkt in Roggenfeldern gezeigt. Er hat im Gegensatz zum Wiesenfuchsschwanz (*Alopecurus pratensis*) eine sehr schmale Ährenrispe und ist einjährig. Das Aufkommen von Unkräutern im Roggenanbau ist meist sehr gering. Ein transgener, herbizidresistenter Roggen würde daher kaum Sinn machen.

Schädlinge

Schädlinge und Krankheiten haben beim Roggen nicht jene Bedeutung wie bei anderen Getreidearten. Weil diese Kulturpflanze relativ jung ist, sind Schädlinge und Krankheiten nicht so spezialisiert. An Insektenschädlingen werden von Zwatz (1998) genannt:

- **Gallmücke** (Gattungen: *Contarinia* oder *Sitodiplosis*),
- **Halmwespe** (*Cephus pygmaeus*) und
- **Fritfliege** (*Oscinella frit*), die ja schon bei Weizen und Gerste besprochen wurden.

Ihr Auftreten und die Dynamik des jeweiligen Schädling sind aber sehr schwer vorherzusagen. Eine gentechnische Veränderung aus diesem Grund ist daher beim Roggen aus heutiger Sicht nicht denkbar.

Krankheiten

Roggen kann oft in abgeschwächter Form die beim Weizen genannten Krankheiten mit ähnlichen Symptomen aufweisen, insbesondere die **Rostkrankheiten**, das sind **Schwarzrost** (*Puccinia graminis*) und **Braunrost** (*Puccinia triticina*). Folgende Krankheiten sind dem Werk von Zwatz entnommen (Zwatz 1998).

Schwarzbeinigkeit (*Gaeumannomyces graminis*, Synonym *Ophiobolus graminis*): Sie befällt neben Weizen und Gerste auch den Roggen. Die ganze Pflanze kann von dem Pilzmycel durchwachsen sein. Sie ist dann ausgebleicht und von schwarzen Sporen überwuchert und stirbt ab, sodass man sie ohne Widerstand aus der Erde ziehen kann.

Halmbruchkrankheit: (*Pseudocercospora herpotrichoides*): Sie ist hauptsächlich an Weizen und Gerste zu finden, gelegentlich auf Roggen. Am Fuß des Stängels bilden sich dunkelwandige Augenflecken. Der Stängel kann an dieser Stelle brechen. Der Saftstrom in die Pflanze ist gänzlich unterbrochen.

Eine weitere Pilzerkrankung, die bei Roggen auftreten kann, ist der **Schneeschnitz** (*Fusarium nivale*). Unter der Schneedecke bildet sich an den Blättern der jungen Roggenpflänzchen ein dickes Mycelgeflecht. Der Schneeschnitz bestimmt u.a. die Anbaugrenze des Getreides im Alpenvorland.

Eine typische Roggenkrankheit ist der **Roggenstengelbrand** (*Turburcinia occulta*): Vor dem Ährenschieben gibt es entlang des Stängels Geweberisse. An den Ähren tritt dann ein Brand auf. Überall sind Sporen zu sehen. Die Infektion der Pflanzen erfolgt an keimenden Roggenpflanzen.

Mutterkorn (*Claviceps purpurea*): Es bildet sich an Stelle eines Kornes ein blaugraues, dunkelviolettes Sporenlager (Sklerotium) aus. Diese Sklerotien werden mitsamt der Ähre geerntet und mitgedroschen und gelangen so in das Erntegut. Sie enthalten die giftigen Mutterkornalkaloide. Dies führte im Mittelalter zu Lebensmittelvergiftungen, die große Landstriche betrafen. Mutterkorn ist durch die gute Mühlenreinigung fast vollkommen verschwunden.

Durch den Hybridroggen ist das Mutterkorn aber wieder aktuell geworden. Die Pollenbildung dürfte bei nicht perfekt funktionierenden Restorer-Systemen (Wiederherstellung der Fruchtbarkeit im F1-Saatgut) doch geschwächt sein und der Mutterkornpilz findet günstigere Voraussetzungen. Die Mühlen als Aufkäufer brauchen eine strenge Qualitätskontrolle, damit Mutterkorn nicht in die Verarbeitung gelangt; im Notfall müsste Mutterkorn herausgereinigt werden (Münzing 2004).

Anbauggebiete

Roggen kann bis in hohe geographische Breiten angebaut werden und verträgt im Gegensatz zu Hafer auch Trockenheit. Sein Anbauschwerpunkt liegt daher auch im **kontinentalen Osten Europas**: Russische Föderation mit 1,8 Mill. ha und Polen mit 1,5 Mill. ha. Weitere wichtige Anbauländer in Europa sind die Ukraine, Finnland, Lettland, Litauen, Schweden und Dänemark. Global gesehen sind dies eher die Randzonen des Getreidebaus und so kommt es, dass wichtige Getreideanbauländer wie China nur 322.000 ha, die USA nur 121.000 ha und Australien nur 37.000 ha Roggen anbauen. (FAOSTAT, allg. Website)

Österreich hat in zweifacher Weise Anteil an den Roggenanbaugebieten. Es liegt ganz am westlichen Rande des großen Osteuropäischen Roggenanbaugebietes, dessen Zentrum Russland ist, andererseits findet sich Roggenanbau aber auch in Grenzlagen des Getreidebaus im Gebirge. Wichtigste Anbauggebiete sind das Mühlviertel, das Waldviertel, das südliche Niederösterreich (Bucklige Welt), das Mittlere Burgenland und die nördliche Oststeiermark. Diese Gebiete sind auch bekannt für das gute Bauernbrot. Es gibt dort noch Mühlen mit angeschlossener Schwarzbrotbäckerei. Insgesamt wurden im Jahr 2005 in Österreich 42.847 ha Roggen angebaut, wobei innerhalb der letzten 10 Jahre ein Rückgang von ca. 10.000 ha zu verzeichnen war. Interessant ist die vollkommen gegenläufige Verteilung des Anbaus von **Triticale**: Hier liegt der überwiegende Schwerpunkt des Anbaues im Oberösterreichischen Alpenvorland, im Innviertel und im Mühlviertel, also im Grenzbereich zum Grünland, wo sich Rindermastbetriebe finden. Die reinen Ackerbauggebiete Österreichs haben wenig Triticale. Im Jahr 2005 betrug die Fläche 39.452 ha. Diese Fläche hat sich in den letzten 10 Jahren fast verdoppelt.

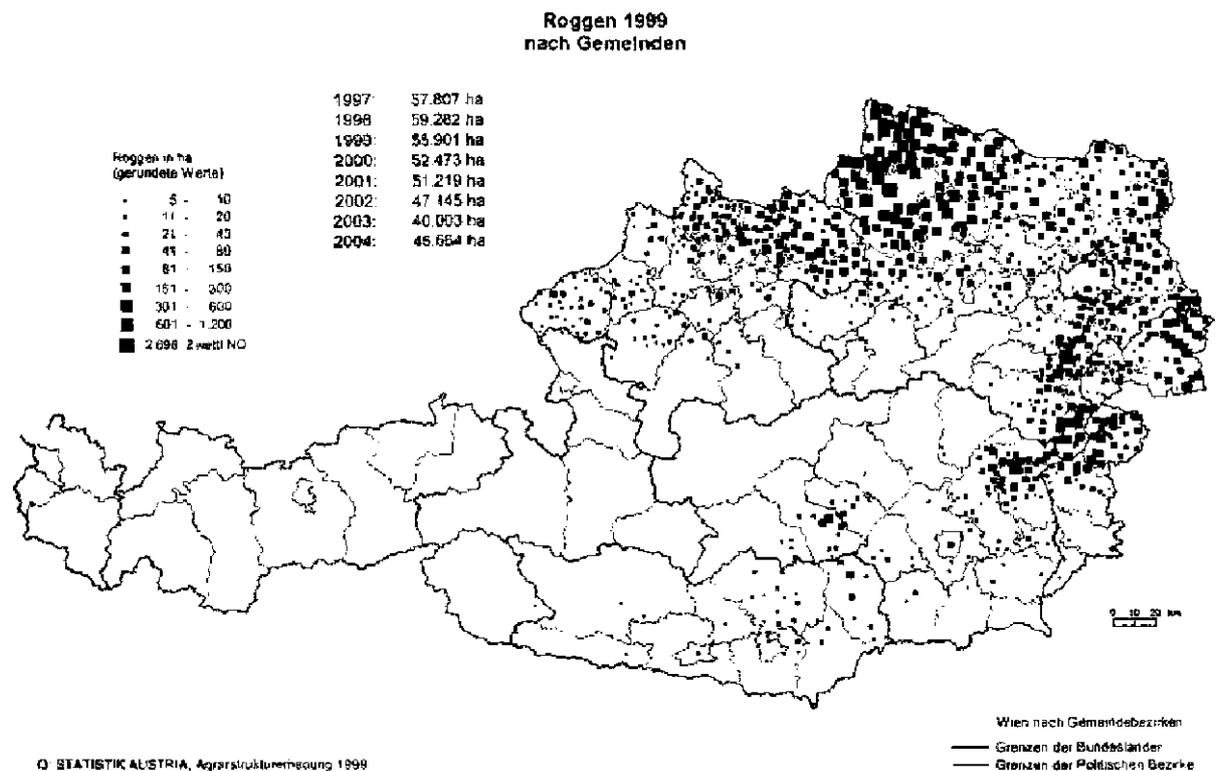


Abbildung 16: Roggen in Österreich 1999 nach Gemeinden, Quelle: Statistik Austria, Beschreibenden Sortenliste 2006

Genotypen

Wegen der ausgeprägten Fremdbefruchtung und Windbestäubung haben sich alle Roggensorten einer großräumigen Anbauregion in früheren Zeiten recht einheitlich ausgebildet und so entstanden bekannte Landsorten in jeder Region. Im Mühlviertel hat die alte Roggensorte 'Schlägler', die besonders winterhart und langstrohig ist, noch heute sehr große Bedeutung. In Tirol bezieht die Bäckerei Ruetz von Landwirten die alte Roggensorte 'Chrysanth Hanser'. (Reiner 2005) In der Genbank in Linz finden sich derzeit 86 Einträge für genetische Ressourcen von Roggen, worunter auch einige alte Roggensorten aus den Alpen besonders erwähnenswert sind, wie der 'Lungauer Tauernroggen' oder der 'Oberkärntner' Roggen.

Sorten

Obwohl der Roggen global gesehen nur geringe Bedeutung hat, wird in einigen Roggenländern intensiv an der Züchtung neuer Sorten gearbeitet. Beim Roggen sind Deutschland, Polen und auch Österreich wichtige Züchterländer.

Der bekannteste Roggenzüchter in Österreich ist die Saatzucht Edelhof. Gezüchtet wurden dort die bewährten Roggensorten Eho Kurz und Elect. Andere bekannte Roggensorten in Österreich sind derzeit Nikita, Amilo und Kier. Beim Roggen gibt es bereits Hybridsaatgut, derzeit die bekanntesten Sorten 'Picasso' und 'Avanti'. Im Jahr 2004 wurden schon 750 T Roggenhybridsaatgut in Österreich in Verkehr gebracht. Hybrid-Saatgut hat bei ausgeprägten Fremdbefruchtern auch den Vorteil, dass die Sorten viel homogener aufgebaut sind als reine Populationssorten (AGES 2006, allg. Teil).

Die kommerzielle Hybridroggen-Saatgutproduktion basiert weltweit auf dem in Hohenheim gefundenen Pampa (P)-Cytoplasma, das zuverlässig und umweltstabil eine cytoplasmatisch-männliche Sterilität (CMS) induziert. Zur Wiederherstellung der Pollenfertilität in der Hybride sind effektive Restorergene erforderlich, um eine ausreichende Bestäubung und eine möglichst geringe Infektion mit dem Mutterkornpilz (*Claviceps purpurea*) zu gewährleisten. (Uni-Hohenheim-Miedaner-Roggenprojekt)

7.3. Verarbeitung und Verwendung

Verfahrensidentität

Der Keimling des Roggens löst sich relativ leicht ab und wird meist schon in einer Scheuermaschine abgetrennt, bei vorsichtiger Reinigung kann auch der Keimling in ein Vollkornmehl hinein genommen werden. Das Korn wird bei der Vermahlung durch eine Abfolge fein geriffelter Walzen aufgebrochen und liefert bei der Vermahlung im Vergleich zum Weizen sehr viel feines Mehl, das nach jeder Passage abgeseibt wird. Man wählt daher auch Walzen mit möglichst großem Durchmesser und der Walzenspalt wird sehr eng eingestellt (Flachmüllerei). In der Roggenmüllerei fallen keine großkörnigen Bestandteile aus dem Endosperm (sogenannte Grieße) an, wie dies beim Weizen der Fall ist. Es sind daher auch

keine Grießputzmaschinen im Einsatz. In Österreich werden beim **Roggenmehl** traditionell die **Typen** R 500 (Weißroggenmehl) oder Vorschussmehl, R 960 (gängigstes Roggenmehl) und R 2500 (Schwarzroggenmehl) angestrebt. Der Vollkornroggen wäre etwa Type 1900. (Type = Aschegehalt in mg/100g oder geteilt durch 1000 bei Angabe in %). Je mehr Schälenteile das Roggenmehl enthält, desto dunkler wird das daraus gebackene Schwarzbrot.

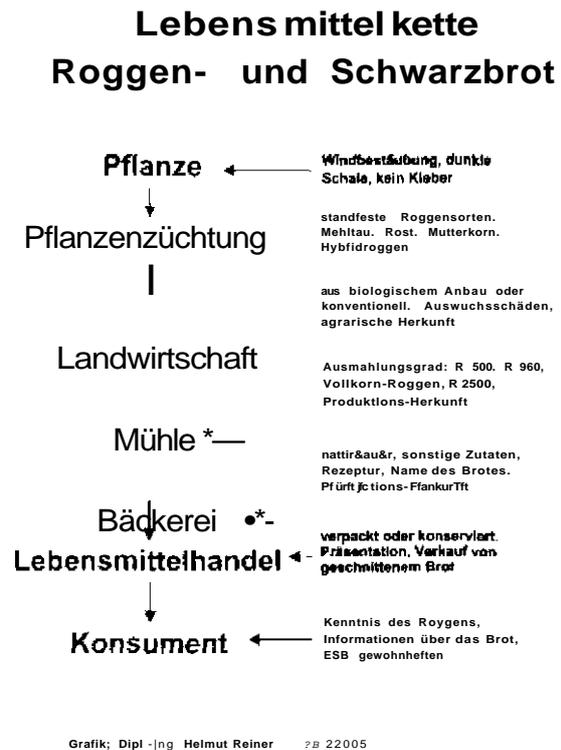
Neben verschiedenen Anforderungen an Geruch, Farbe, Freiheit von Verpilzung durch Fusarien oder Mutterkorn, interessiert den Müller und den Bäcker vor allem die **Enzymaktivität** des Roggens bzw. des Roggenmehles. Diese wird bei der Annahme des Roggens in der Mühle mittels Schnellmethode als Fallzahl bestimmt. Das Roggenkorn tendiert nämlich dazu, besonders bei feuchtem Erntewetter, noch auf der Mutterpflanze die Keimung einzuleiten und dabei alle Enzyme zu aktivieren. Ein solches Korn ist nicht mehr in derselben Weise zu verarbeiten. Allerdings führen enzymeschwache Mehle zu trockenbackenen Broten. Die Müller haben die Möglichkeit Roggenpartien abzumischen und die Enzym-Aktivität wird in der Ausgangskontrolle im Mühlenlabor zur Sicherheit nochmals mit einem Amylograph kontrolliert. Die Auswuchsgefährdung des Roggens ist als größtes Qualitätsproblem genetisch verankert, wurde aber bisher nie mit Gentechnik in Verbindung gebracht.

Die Verarbeitung des Roggens in der Bäckerei stützt sich vor allem auf die Milchsäuregärung. Beim Anteigen finden die Milchsäurebakterien ein geeignetes Substrat vor und wandeln einen Teil der Kohlenhydrate in Milchsäure um. Es entsteht ein **Sauerteig** mit deutlich abgesenktem pH-Wert von 4,3 bis 4,5. Dabei werden die Inhaltsstoffe und auch die in der Schale enthaltenen Farbpigmente des Roggens aufgeschlossen, was zur Dunkelfärbung des Teiges und nach dem Backen zur charakteristisch gefärbten Kruste führt. Roggenbrote werden bei hoher Hitze gebacken (Reiner 2005).

Lebensmittel

Roggen- und Schwarzbrot ist in Österreich zum **Frühstück** und zur Jause sehr beliebt. Es ist durch den hohen Gehalt an Pentosanen sehr **ballaststoffreich**. Roggenbrot hat ein sehr ländliches und rustikales Image, oft mit starkem regionalem Bezug. Unter solchen Rahmenbedingungen wäre eine gentechnische Veränderung des Roggens nicht günstig. Der Roggenanbau ist flächenmäßig seit dem 2. Weltkrieg außerdem stark zurückgegangen und das Sortiment der Bäckereien stützt sich auch bei dunklen Broten oft nicht auf den Roggen, sondern verwendet Weizenmehle mit dunklen Malzmehlen.

Am Beispiel von Roggen und Schwarzbrot kann die **Lebensmittelkette** und die Begriffe **Qualität, Identität und Authentizität** von Lebensmitteln gut erklärt werden. Zahlreiche Qualitätsmerkmale entstehen auf den verschiedenen Stufen der Lebensmittelkette: Schnittbrot, Kastenbrot, Natursauer, Name des Brotes, Ausmahlungsgrad, Produktionsherkunft der Mühle, Anbauverfahren, biologisch, traditionelle Landsorte, Hybridsorte, botanische Identität, agrarische Herkunft, Anbauregion usw. Die Gesamtheit aller dieser Merkmale macht die Identität des Roggenbrot aus, bei Nachweis der Identität spricht man von Authentizität. Die Qualität des Roggenbrot kann so in einem erweiterten Kontext gesehen werden. Eine gentechnische Veränderung wäre jedenfalls auch unter diese Merkmale einzuordnen (Reiner 2001 allg. Lit.; Reiner 2005).



Futtermittel und Nebenprodukte

In kühleren Regionen wird Roggen gelegentlich als **Mastfutter** verwendet, besonders wenn die Qualität bedingt durch Auswuchsschäden nicht für die Mülerei ausreichend ist. Im Waldviertel wurde Roggenschrot auch in der Stiermast eingesetzt und in Deutschland wird Roggenschrot in der Schweine- und Geflügelmast verwendet. Ein eigener Anbau als Futterroggen ist aber eher selten - es ist letztlich eine Preisfrage, ob Roggenschrot den Weizen- oder Gerstenschrot ersetzen kann. In den meisten Anbaugebieten Österreichs wird die Futtergerste vorgezogen und heute der Futterroggen durch **Triticale** fast ganz ersetzt.

Zunehmend interessant wird auch die **Verfütterung** von **Schnittroggen** und Schnitt-Triticale als Grünfütter und als Silage. Eine sehr interessante Website zur Anwendung des Roggens in der Fütterung wird durch das Roggenforum aus Bergen in Deutschland betreut. Durch die Möglichkeit der **Biogasgewinnung** aus Schnittroggen und Schnitt-Triticale sind die klassischen Verwertungsmuster von Roggen alle im Umbruch. Für die Biogasgewinnung werden die Pflanzen in der Teigreife geschnitten und dann vorsiliert. Danach erfolgt die Methangärung in einer Biogasanlage. Besonders Triticale zeigt hier sehr gute Ausbeuten. Durch die Verwendung des Roggens als Energiepflanze könnten sich neue Fragestellungen bezüglich der Gentechnik ergeben.

Roggen hat einige interessante Nebennutzungen: **Roggenstroh** wurde früher verwendet zum Decken von Häusern. Im Waldviertel gibt es eine Anlage, um aus blühenden Pflanzen, die **Roggen-Pollen** zu gewinnen, die dann für die

Pharmazeutische Industrie Verwendung finden. Eine **Roggendestillerie** stellt im Waldviertel Roggen-Whisky her.

Wirtschaftliche Bedeutung

Die vergleichsweise **geringen Forschungs-Aktivitäten** sowohl in der Genetik als auch in der Gentechnik des Roggens haben ihren Grund vor allem darin, dass Roggen global gesehen ein eher unbedeutendes Getreide ist. Der Roggen hat sich bei der Wanderung von Weizen und Gerste nach Nordwesten erst sehr spät als eigenständiges Getreide herausgebildet und blieb immer eine Kultur in weniger begünstigten Anbaugebieten. So kommt es, dass die wichtigsten Getreideanbauländer der Erde in der Produktion weit hinter Österreich mit seinen 96.730 T zurück liegen (USA 73.360 T, China 61.880 T, Australien 17.740 T). Der Roggen hat seinen Anbauschwerpunkt eher im Osten Europas: Polen produzierte 1,2 Mill. T und die Russische Föderation produzierte 1,0 Mill. T. Weitere wichtige Produzenten in Europa sind die Ukraine, Deutschland, Weißrussland, Schweden, Finnland, Dänemark, Norwegen, Lettland und Litauen. Global gesehen steuert der Roggen aber nur wenige Prozent der gesamten Weltgetreideernte bei (FAOSTAT, allg.Lit).

7.4. Gentechnische Veränderungen

Transgene Techniken

Über die ersten Versuche mit transgenen Roggenpflanzen berichten Castillo und Casas (1999). Das Ziel war es, eine transgene Herbizid-Resistenz beim Roggen zu erreichen. Es wurde unter der Leitung von Indra Vasil an der Universität von Florida in Gainesville das Anfang der 90er Jahre übliche System der Basta-Resistenz in den Roggen eingebracht (siehe allgemeines Kapitel). Die Publikation über den Erfolg mit ersten fertilen transgenen Roggenpflanzen stammt von Castillo et al. aus dem Jahr 1994.

Auch bei Triticale gelang es, fortpflanzungsfähige transgene Pflanzen zu bekommen. Darüber berichten Zimny et al. (1995). Die transgenen Triticale-Pflanzen enthalten das *bar*-Gen zur Selektion und das *uidA*-Gen als Reporter für eine effektive Transformation. Die Fremdgene waren zufällig in allen drei Chromosomensätzen A, B und R zu finden (Barcelo et al. 1999).

Gruppen

Herbizid-Resistenzen werden beim Roggen wegen der ausschließlichen Fremdbefruchtung nicht weiter verfolgt. Andere Zuchtziele, die möglicherweise mit Gentechnik erreicht werden könnten, sind **Krankheits-Resistenzen**. Hier werden die Rostkrankheiten (*Puccinia* sp.), die Weißährigkeit (*Fusarium culmorum*) und Mehltau (*Erysiphe graminis*) genannt. Denkbar wären noch transgene männlich sterile Roggenhybriden und Beimischung von nicht-transgenen Pollenspendern, also synthetische Roggensorten. Bei der Gruppe

Produktqualität wäre ein Absenken des Pentosan-Gehaltes (nicht verdauliche Kohlenhydrate) für Futterzwecke denkbar. Das Einbringen der Kleberproteine aus Weizen in den Roggen wurde bereits durchgeführt und wird nachfolgend noch genauer erklärt.

Aktuelle Transgene

Das Roggeneiweiß hat nicht die guten Backfähigkeit des Klebereiweißes, dessen Genetik beim Weizen ja schon ausführlich behandelt wurde. Es wurde daher versucht, die Eigenschaften des Weizenklebers mittels transgener Techniken in den Roggen einzubringen. Die Methoden zur Entwicklung transgener Roggenpflanzen sind ja bereits ausgetestet. Altpeter et al. (2004) erreichten nun an der Universität von Florida in Gainesville die stabile Expression wichtiger Weizenkleberproteine in transgenem Roggen. Die Gene **1Dx5** und **1Dy10** kodieren für die hochmolekularen Glutenin-Untereinheiten (high-molecular-weight glutenin subunits = HMWG). Damit wurden erstmals die Speicherproteine des Roggens gentechnisch verändert. Die gentechnisch veränderten Roggenmehle werden nun backtechnisch ausgetestet. Ergebnisse wurden in Cereal Chemistry von Wieser et al. (2005) veröffentlicht. Markzulassung wurde allerdings für diese Produkte auch in den USA noch nicht erreicht.

7.5. Lebensmittelsicherheit und Qualität

Lebensmittelsicherheit

Im Kapitel über das Lebensmittel Roggenbrot wurde die Lebensmittelkette erläutert und die Begriffe Identität und Authentizität am Beispiel von Roggenbrot erklärt. Eine gentechnische Veränderung wäre in diesem Sinne eben auch als eine Qualität des Roggenbrotes aufzufassen. Fragen der Identität und Authentizität spielen heute bei der Beurteilung der Qualität aller Lebensmittel eine immer größere Rolle. Dies führt zu einer grundsätzlichen Diskussion in Zusammenhang mit der Gentechnik (Reiner 2001 allg. Lit.; Reiner 2005). Im Zusammenhang mit der botanischen Identität ist auch das Beispiel "Triticale" sehr interessant, um sich Gedanken zu machen über den Begriff der Identität und Integrität einer Getreideart (siehe Kapitel Lebensmittelsicherheit im allgemeinen Teil).

Insbesondere für die Verarbeitungsstufe der Müllerei wäre es ein besonderes Problem, wenn es gentechnisch veränderten Roggen gäbe. Dies beträfe nicht nur die Hauptprodukte des Mühlenstromes (Roggenmehl R 960), sondern auch die Nebenprodukte, die als gentechnisch verändert extra geführt werden müssten. Viele kleinere Mühlen arbeiten auch heute noch kombiniert, das heißt Weizen und Roggen werden in einer Mühle vermahlen. Durch den Staub und die Kleie würde es überall zu Vermischungen mit Mehl aus transgenen Rohstoffen kommen.

Ökologisches Risk Assessment

Beim Roggen ist wohl die Fremdbefruchtung und der weite Pollenflug der wichtigste Grund, dass es in der Praxis in absehbarer Zukunft keinen Einsatz von gentechnisch veränderten Sorten geben wird. Dies gilt auch für Triticale. Diskutiert wurde allerdings die Möglichkeit, männlich-sterile, transgene Roggenpflanzen mit nicht transgenen Bestäubern als Verbundsorte zu kombinieren. Solche Ansätze wurden aber noch nicht in der Praxis versucht.

Gelegentlich wird der Umstand, dass bei der Züchtung von Triticale über Gattungsgrenzen hinweg Gene ausgetauscht werden, als Argument verwendet, die Schaffung von gentechnisch veränderten Pflanzen zu relativieren. Die Kreuzungen zur Schaffung von Triticale sind keine Gentechnik, weil die Zusammenstellung der Gene nicht manipuliert wird. Das Verfahren gehört zur Gruppe der cytologischen Techniken und ist am ehesten vergleichbar mit einer künstlichen Polyploidisierung.

7.6. Diskussion

Die Frage der Identität der Nahrungspflanzen und der Qualität der daraus hergestellten Lebensmittel ist eine grundsätzliche Diskussion in Zusammenhang mit der Gentechnik und wurde eingangs im allgemeinen Kapitel am Beispiel von Roggen- und Schwarzbrot erläutert. Triticale ist nicht durch Gentechnik entstanden, ist aber ein interessantes Fallbeispiel, sich über Identität einer Nahrungspflanze und die Integrität eines Genoms Gedanken zu machen.

Die ausgeprägte Fremdbefruchtung und der weite Pollenflug des Roggens schließen einen Einsatz von gentechnisch veränderten Sorten in der Praxis aus. Dies gilt auch für Triticale. Roggen war in den Anfängen des Getreidebaus ein Begleitkraut und ist daher noch nicht so lange den verschiedensten Schädlingen und Krankheiten ausgesetzt. Dies ist auch einer der Gründe, warum die Gruppe der transgenen Krankheits-Resistenzen beim Roggen nicht aktuell werden wird. Das Auftreten von Krankheiten und Schädlingen ist viel zu sporadisch und unberechenbar, um gentechnische Veränderungen in dieser Richtung zu rechtfertigen. Das Problem Mutterkorn ist durch klassische Maßnahmen über die gesamte Lebensmittelkette relativ gut in den Griff zu bekommen.

Abschließend muss aber die relativ geringe globale Bedeutung des Roggens als der wichtigste Grund angesehen werden, dass sich eine aufwändige und verantwortungsbewusste Entwicklung von transgenen Roggensorten voraussichtlich nicht rechnen kann.

7.7. Quellen

Websites

Genbank in Linz

<http://www.genbank.at>

Roggenforum

<http://www.roggenforum.de>

Roggen Genetik

<http://www.desicca.de/Rye%20gene%20map/index.html>

Uni-Hohenheim-Miedaner-Roggenprojekt

<http://www.uni-hohenheim.de/i3ve/00217110/02925041.htm>

Literatur

Altpeter, F., Popelka, J.C. and H. Wieser.: Stable expression of 1Dx5 and 1Dy10 high-molecular-weight glutenin subunit genes in transgenic rye, drastically increases the polymeric glutenin fraction in rye flour. *Plant Molecular Biology* 54: 783-792 (2004)

Altpeter F., Korzun V.: Rye; IN: *Biotechnology in Agriculture and Forestry Vol. 59. Title: Transgenic Crops IV*", ed. E.C. Pua and M.R. Davey; wird im Springer Verlag erscheinen, noch nicht erschienen 2006

Barcelo P., Rasco-Gaunt S., Becker D., Zimny J.: *Transgenic Cereals: Triticale and Tritordeum*. - IN: Vasil I.K. (1999), allg. Lit.

Castillo Ana M., Casas Ana M.: *Transgenic Cereals: Secale cereale and Sorghum bicolor* (rye and sorghum) IN: Vasil I.K. (1999) allg. Lit.

Castillo A.M., Vasil V., Vasil I.K.: Rapid production of fertile transgenic plants of rye (*Secale cereale* L.) *Bio/Technology* 12: 1366-1371 (1994)

Khlestkina EK et al.: Mapping of 99 new microsatellite-derived loci in rye (*Secale cereale* L.) including 39 expressed sequence tags. - *Theoretical and Applied Genetics* 109:725-732 (2004)

Kofler Robert: persönliche Mitteilungen zur Genetik des Roggens, Okt. 2006

Korzun V., Malyshev S., Voylokov A.V., Börner A.: A genetic map of rye (*Secale cereale* L.) combining RFLP, isozyme, microsatellite and gene loci. - *Theor. Appl. Genet.* 102: 709-717 (2001)

Lelley T.: Skriptum zur Übung: Zuchtmethodik und quantitative Genetik in der Pflanzenzüchtung (Cytologie der Kulturpflanzen) an der Universität für Bodenkultur, Wintersemester 2005/2006

Miedaner Thomas: Roggen vom Unkraut zur Volksnahrung. - DLG Verlag Frankfurt/Main 1997

Münzing K., Pottebaum R., Wolf K.: Mutterkorn im Roggen und Konsequenzen für die Mühle. - Getreidetechnologie 58(6) 349-356 (2004)

Reiner H.: Der Roggen, das altbewährte Getreide. - Österreichische Bäckerzeitung Jg. 100 (12), S 1-4 (2005)

Steinberger Josef: Beitrag zur Identifizierung und Beschreibung von Roggensorten, S 113-150, Jahrbuch 1974 der Bundesanstalt für Pflanzenbau und Samenprüfung Wien (1975)

Wieser H., Seilmeier W., Kieffer R., Altpeter F.: Flour protein composition and functional properties of transgenic rye lines expressing HMW subunit genes of wheat. - Cereal Chemistry 82(5) 594-600 (2005)

Zimny J., Becker D., Brettschneider R., Lörz H.: Fertile transgenic triticales (x Triticosecale Wittmack). Mol Breeding 1: 155-164 (1995)

8. Hafer

Wichtige Quellen für diese Zusammenfassung sind 2 Forschungsarbeiten, die am IFA Tulln unter der Leitung von Herrn Univ.-Prof. Dr. Bürstmayr durchgeführt wurden (Achleitner 2004 und Krenn 2004) sowie praktische Erfahrung aus der Schälmüllerei.

8.1. Botanik

Systematische Einordnung

Der Hafer (*Avena sativa*) ist ein Rispengras. Bei den Rispengräsern sind die Ährchen lang gestielt oder, wenn kurz gestielt, dann an langen Ästen und Zweigen stehend. In der größeren Verwandtschaft, im **Tribus der Aveneae**, finden sich zahlreiche Gattungen mit in Österreich heimischen Grasarten, wie *Helictotrichon* (Staudenhafer), *Avenula* (Wiesenhafer), *Arrhenaterum* (Glatthafer), *Trisetum* (Goldhafer), *Deschampsia* (Rasenschmieele), *Avenella* (Drahtschmieele), *Anthoxanthum* (Ruchgras), *Holcus* (Honiggras) und viele andere (Fischer 1994, allg. Lit.).

Der Hafer war ähnlich wie der Roggen zunächst ein **Unkraut** in Weizen und Gerste. Beim Vordringen des Hafers in kühlere Regionen hat sich seine Feuchtigkeits- und Kälteresistenz bewährt und er konnte sich als eigenständige Kulturpflanze durchsetzen. Der Kulturhafer (*Avena sativa*) ist also wahrscheinlich in unseren Breiten entstanden, sein Vorläufer (*Avena sterilis*) ist erst mit dem Anbau von Weizen und Gerste in den Donaauraum gekommen. Die nächsten Verwandten sind heute noch wichtige Unkraut-Hafer (*Avena fatua* und *Avena nuda*). Diese nahe Verwandtschaft spielt auch für die Einkreuzung von Fremdgenen eine sehr große Rolle und wird deshalb im Kapitel Unkräuter und beim Risk Assessment noch näher behandelt (Holden 1986).

Genutzt wird auch noch der Byzantinische Hafer (*Avena byzantina*), eine Haferart des sommertrockenen und heißen Mediterran-Klimas. Im Mittelmediterranen Raum und in den südlichen USA, wird der Byzantinische Hafer als Grünfutter zur Beweidung angebaut (Körber-Grohne 1995, allg. Teil).

Morphologie

Der Hafer ist das wichtigste heimische Rispen-Getreide mit einer 15 - 30 cm allseits wändigen **Rispe** (engl. panicle), wobei die Rispenäste leicht herabhängen. Noch ausgeprägter als bei Ährengräsern bedingt die Morphologie von Rispengräsern, dass nicht alle Haferkörner einer Ernte gleich groß sind. Die oberen Rispenstufen bilden nämlich vollere Körner aus, als die unteren Rispenstufen. Auch innerhalb eines Ährchens sind die Außenkörner kleiner als die Innenkörner. Die Ährchen haben maximal 3 fertile Blüten. Ganz außen wird jedoch kein Korn oder aber nur ein sehr kleines Korn ausgebildet (Reiner L., 1983).

Das Korn wird mit der fest anhaftenden Vorspelze und der ebenfalls fest anhaftenden oft kurz begranneten Deckspelze geerntet. Die sehr langen Hüllspelzen fallen schon bei der Ernte weg. Der Hafer ist daher, wie auch Gerste und Dinkel, ein Spelzgetreide. Der Spelzenanteil macht etwa 25 - 30 % des Gesamtkorngewichtes aus, was bei der Berechnung der Ausbeute in der Hafermüllerei von großer Bedeutung ist. Es gibt auch Nackthafer, wo auch die Vorspelze und die Deckspelze bereits bei der Ernte abfallen. Das Haferkorn ist länglich und hat eine besonders ausgeprägte Furche. Die Haare des Bärtchens sind wesentlich länger als bei anderen Getreiden und bilden beim Schälens einen juckenden Staub.

Abbildung 17: (1) Haferrispe, (2) Ährchen, (3) Blüte nach Wegnahme der Spelzen, (4) Frucht von der Spelze umhüllt (5) Frucht ohne Spelze (6) der mittlere Teil des Blattes mit einem weißen Blatthäutchen und dem Halmknoten, Quelle: Beck von Mannagetta (1905)



Physiologie

Hafer ist überwiegend ein Selbstbefruchter. Fremdbefruchtung kommt aber zu einem kleinen Prozentsatz vor, sodass auch Kreuzungen mit Unkrauthafer möglich sind.

Im Gegensatz zu den anderen, bei uns angebauten, Getreiden hat der Hafer deutlich höhere Ansprüche an die Wasserversorgung. Die gute Wasserversorgung sollte jedoch in die Wachstumsphase fallen. Bei der Abreife ist, wie auch bei den anderen Getreiden, eine trockene Witterung günstig, um Verpilzung der Körner zu vermeiden. Wenn Hafer unter Trockenbedingungen angebaut werden soll, müssen Sorten mit "Dürreresistenz" gezüchtet und ausgewählt werden. Diese Stress-Toleranz ist u.a. auch ein Ziel gentechnischer Veränderungen.

Hafer wird fast ausschließlich als Sommergetreide angebaut. In der österreichischen Sortenliste finden sich nur 2 Winterhafer-Sorten (aus Geisler 1988 allg.Lit; Reiner L. 1983; AGES 2006 allg.Lit)

Zytologie

Avena-Arten kommen in drei **Polyploidie-Stufen** vor: diploid, tetraploid und hexaploid. Die Vorfahren des Kulturhafers sind diploid und tetraploid. Die Kulturhafer (*A. sativa*, *A. byzantina*) und die beiden wichtigsten Hafer-Unkräuter (*A. fatua* und *A. sterilis*) sind alle hexaploid: $x = 7$, $2n = 6x = 42$. Man spricht

auch von allohexaploid, da sich die drei homöologen Chromosomensätze wie beim Weizen wahrscheinlich aus verschiedenen diploiden Vorfahren zusammensetzen. Die Vorfahren sind jedoch nicht so eindeutig identifiziert wie beim Weizen. Vermutlich handelt es sich bei den drei Einzelgenomen des Hafers um *A. strigosa* für AA und DD, und *A. ventricosa* für CC.

Die Zusammensetzung der Hafer-Chromosomen lautet daher **AACCDD**. Die Chromosomen werden nach der Stellung des Centromers eingeordnet:

A Genom (auch A_s - Genom genannt):

Chr 1 und 2 sind Satellitenchromosomen (SAT)

Chr 3 und 4 haben ein medianes Centromer (M) = metazentrisch

Chr 5 und 6 haben ein submedianes Centromer (SM) = submetazentrisch

Chr 7 hat ein subterminales Centromer (ST)

C und D Genom:

Die 14 Chromosomen (2 x 7 Chromosomen) von C und D werden nach demselben Schema, also auch nach der Stellung des Centromers geordnet.

Besonders die Satellitenchromosomen (SAT-Chromosomen sind Chr 1, Chr 2 und Chr 8) sind wichtig für die Bestimmung der Hafergenome. Ihre Anzahl und das Größenverhältnis zu anderen Chromosomen kann variieren. Wichtig für die Haferforschung sind auch eine Reihe von Nullisomen-Linien, bei denen jeweils ein Chromosomenpaar fehlt und Monosomen-Linien, bei denen ein Chromosom fehlt.

Die **Chromosomenpaarung bei der Meiose** ist beim hexaploiden Hafer regelmäßig. Bei Kreuzungsversuchen mit tetraploiden und hexaploiden Haferarten ist aber die Bildung der Bivalenten oft unregelmäßig und gestört. Wie beim Weizen, der ebenfalls 42 Chromosomen hat, so muss es auch beim Hafer eine Ordnung geben, die die Paarung der homologen Chromosomen organisiert und die Paarung der homöologen verhindert. Beim Hafer ist diese Frage noch nicht geklärt. Wichtige Arbeiten zur Zytologie des Hafers stammen vor allem von Rajhathy und Thomas und sind bei Fischbeck (1985) zusammengefasst.

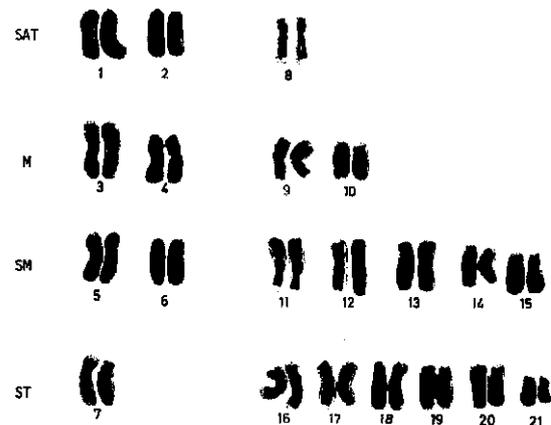


Abbildung 18: Karyotyp von Hafer, Quelle: Fischbeck (1985)

Genetik

Das Genom des Hafers ist wegen des hexaploiden Chromosomensatzes sehr groß. Es enthält 11.400 Mbp (Megabasenpaare) = 11,4 Milliarden Basenpaare. Dies bedeutet, dass das Genom 26,5 x größer ist als jenes des Reis. Es gibt keine Initiativen zur Sequenzierung des Hafergenoms. Für Hafer sind um die 7000 ESTs verfügbar, zur Verfügung gestellt von der Univ. von Minnesota in den USA und von der Universität Goteborg (Brautigam et al. 2005).

Mittlerweile gibt es einige genetische Karten für Hafer. Diese sind über GrainGenes und Gramene (beide allg. Websites) leicht zu erreichen. Die jüngste und umfangreichste genetische Karte für Hafer stammt aus Ottawa in Kanada und besteht aus 1139 molekularen Markern (Wight et al. 2003). Sie basiert auf Kreuzungen einer gegen Kronen-Rost resistenten Linie mit einer nicht resistenten Sorte. Eine weitere Karte beruht auf der Kreuzung von Kanota x Ogle. Die Nachkommen wurden mit 510 Markern untersucht (Zhu und Kaepler 2003).

Wegen des großen Genoms, der nicht vollständig geklärten Zytologie und der vergleichsweise geringen ökonomischen Bedeutung, wird die Genetik des Hafers nicht mit dem gleichen Einsatz erforscht, wie bei den anderen Getreidearten, obwohl gerade die Zytologie, die Chromosomenpaarung, die genetischen Beziehungen zu den wilden verwandten Arten und die vielen interessanten Merkmale, die den Übergang von den Wildpflanzen zu den Kulturpflanzen dokumentieren, beim Hafer ganz besonders interessant wären.

Heute kann man auch versuchen, mit genetischen Methoden die noch offenen zytologischen Fragen zu klären. Cheng-Dao, Li et al. (2000) haben die Satelliten-DNA, das sind nicht kodierende oftmalige Wiederholungen einzelner Motive, von *Avena sativa* und verwandten Haferarten untersucht. Das Motiv ASS49 konnte dazu verwendet werden, die diploiden und tetraploiden Vorläufer zu identifizieren. Demnach könnte das A Genom eher aus *Avena canariensis* (AcAc) als aus *Avena stigosa* (AsAs) stammen.

Inhaltsstoffe

Das Haferkorn hat neben der Stärke einen sehr hohen Gehalt an **beta-Glucanen**. Die beta-glycosidische Bindung kann von den menschlichen Verdauungsenzymen nicht angegriffen werden und so haben diese Kohlenhydrate den Charakter löslicher Ballaststoffe. In der Alltagssprache werden sie als "Haferschleim" bezeichnet. Hafer hat daher eine große Heilwirkung bei Magen-Darm-Erkrankungen. Auch einige andere Polysaccharide aus Pentose, die **Pentosane** (Xylane und Arabinane) wirken mit am Komplex der Schleimstoffe des Hafers.

Eine weitere Besonderheit des Hafers unter den Getreiden ist der besonders hohe **Fettgehalt** des vollen Haferkorns von etwa 7 % (Weizen und Gerste liegen bei nur 2%) und der hohe Gehalt an mehrfach ungesättigten Fettsäuren. Allerdings muss der Hafer gedämpft werden, um die Fett abbauenden Enzyme, die **Lipasen**, zu inaktivieren. Ein Vergleich der Osborne-**Proteinfractionen** des Hafers mit jenen der anderen Getreide ist interessant: Albumin- und Globulingehalte liegen weit über jenen von Weizen und Gerste. Prolamin (der Alkohol lösliche Teil, auch Gliadin genannt) ist nur in geringem Prozentsatz enthalten und der Glutelin-Gehalt (Avenin) ist wieder viel höher als jener von Gerste und Weizen. Insgesamt ist der hohe Eiweißgehalt des Hafers von 14,9 % sehr positiv und die hohe Wertigkeit dieses Eiweißes ist hervorzuheben (Kühnau, Ganßmann 1976).

8.2. Pflanzenbau und Züchtung

Anbausysteme

Aus dem Standardwerk über Hafer von Reiner et al. (1983) seien einige Eckdaten über den Pflanzenbau genannt. Hafer wird in unseren Breiten vor allem als Sommergetreide etwa Mitte bis Ende März in Drillsaat angebaut. Die Wachstumsstadien des Hafers werden gegliedert in Keimung, Keimtriebentwicklung, Bestockung, Schossen, Rispenziehen, Blüte und Kornbildung. Wesentlich ist eine gute Bestockung, bei der sich die Pflanze ausbreitet und neigt, die Blätter sind in dieser Phase spiralförmig. Nebentriebe entwickeln sich weiter. Das Ertragspotential ist umso größer je umfangreicher sich die angelegten Rispenäste verzweigen und je mehr Zeit für die Bildung der Körner bei guter Wasserversorgung bleibt. Bevor die ersten Körner totreif sind beginnt die Haferernte, denn Hafer neigt zum Ausfallen der Körner. Hafer sollte trocken abreifen, damit die Körner nicht von Pilzen befallen werden.

Unkräuter

Das größte Hindernis für eine Freisetzung von transgenem Hafer sind wohl die vielen Unkraut-Haferarten, d.h. Unkräuter aus der Gattung *Avena*. In Österreich ist der **Flughafer (*Avena fatua*)** seit etwa 1990 im Sommer-Getreide zum beinahe wichtigsten "Ungras" aufgestiegen. Flughafer ist ein sehr Konkurrenzstarkes, raschwüchsiges Ungras mit hohem Nährstoffaneignungsvermögen. Flughafer dürfte erst im Zuge der Landwirtschaft entstanden sein. Flughafer und Kulturhafer haben wohl die gleiche Stammform, die sehr großwüchsige Hafer-Art ***Avena sterilis***, die auf offenem Boden in Südeuropa vorkommt (bei uns als Ziergras in Trockensträußen). Der Flughafer ist mit seinen kleinen Früchten offenbar eine Anpassung an den Getreidebau, da diese ungefähr gleich groß und schwer sind wie die der Kulturformen und daher schwer voneinander zu trennen sind. Die Früchte fallen vor der Getreideernte ab und gelangen in den Ackerboden. Es ist der Mühe Wert, Flughafer händisch zu entfernen, da die Früchte keine sehr lange Keimfähigkeit haben. Die Früchte des Flughafers verbreiten sich meist durch landwirtschaftliche Geräte, sodass der deutsche Namen eher irreführend ist (Holzner, Glauning 2005, allg.Lit).

In Australien sind die verschiedenen **Wildhafer (wild oats)** ebenfalls ein Problem. Informationen darüber findet man auf der Website von [Weed Management](#) aus Australien. Neben *Avena fatua* und *Avena sterilis* ssp. *ludoviciana* findet sich dort auch *Avena barbata*.

Schädlinge

Bei Reiner L. (1983) werden vor allem das **Getreidehähnchen**, Drahtwürmer, und Milben genannt, die aber auch bei vielen anderen Getreiden vorkommen können. Drei weitere **Schädlinge des Hafers** sind:

Das **Getreidezystenälchen** oder die **Hafernematode** (*Heterodera avenae*) ist als weiße, stecknadelgroße Zyste an den Wurzeln zu erkennen. Die Zysten schwächen die Pflanzen so stark, dass die Blätter des Hafers vergilben und sich zu Boden neigen. Die Zysten überwintern im Boden und verseuchen ein Feld für mehrere Jahre. Auf die Bekämpfung des Flughafers ist auch deshalb zu achten, da er in der Fruchtfolge ein Wirt für die Hafernematode ist.

Die **Fritfliege** (*Oscinella frit*) kann den Hafer in einem Jahr durch mehrere Generationen schädigen. Bei Frühbefall frisst die Larve an den jungen Herzblättern, die man dann leicht herausziehen kann. Eine zweite Generation von Larven frisst an den reifenden Körnern.

Auch verschiedene **Blattläuse** können den Hafer sehr stark schädigen. Die Blattläuse schwächen die Pflanze durch den Entzug von Assimilaten, sie übertragen aber auch den Gelbverzwergungsvirus (BYDV).

Krankheiten

Da der Hafer in feuchten Gebieten relativ gut gedeiht, so muss hier besonders auf die Freiheit von Verpilzung und Mycotoxinen geachtet werden. Folgende Krankheiten werden bei Reiner L. (1983) genannt:

Haferkronenrost (*Puccinia coronata*, engl. crown rust): Man sieht kleine rötliche Sommersporenlager an Blättern, Halmen und Rispen. Kurz vor der Ernte sind die Sommersporenlager kranzartig von schwarzen Wintersporenlagern umgeben. Ein Resistenzgen dagegen ist bekannt. Es kann auch Schwarzrost (*Puccinia graminis avenae*) auftreten. Beide Rost-Krankheiten werden bei der Sortenzulassung durch die AGES bonitiert.

Haferflugbrand (*Ustilago avenae*): Nach dem Erscheinen der Rispen entwickeln sich anstelle von Körnern schwarze Brandsporen in den Ährchen. Die Sporen verstäuben und befallen andere Körner. Das Hafersaatgut kann gegen Flugbrand gebeizt werden.

Echter Mehltau (*Erysiphe graminis*): Echter Mehltau verursacht weiße Pusteln auf der Blattoberseite. Mehltau wird bei der Sortenzulassung durch die AGES bonitiert.

Hoher Halmbruch an Hafer (*Septoria avenae*): An Blättern und auf den Halmen werden braune Flecken sichtbar. Die Halme sind durch den Pilz so geschwächt, dass sie umknicken.

Von der AGES wird noch die **Streifenkrankheit** (*Pyrenophora avenae*, engl. leaf stripe) beim Hafer bonitiert. (Nebenfruchtform: *Drechslera avenae*, Synonym: *Helminthosporium avenae*.). Die Symptome sind schmale, durch die Blattnervatur begrenzte rötlich-braune Nekrosen.

Auf der Website von Astrid Oldenburg, einer Agrar-Beraterin in Norddeutschland, einem sehr wichtigen Hafer-Anbaugebiet, kann man die Unterscheidung der beiden Krankheiten: Braunfleckenkrankheit und Streifenkrankheit mittels Abbildungen gut unterscheiden.

Anbaubereiche

Früher wurde Hafer praktisch von jedem Landwirtschaftsbetrieb angebaut wegen des Pferdefutters. Als Marktfrucht hat sich der Hafer aber eher in feuchten und kühlen Gebieten durchsetzen können. In Österreich war dies vor allem das Alpenvorland und das Mühl- und Waldviertel. Große Hafermühlen finden sich in Hörbranz in Vorarlberg und in Ebelsberg bei Linz. Der wichtigste Hafierzüchter ist im Waldviertel und dort wird auch Hafer für die Industrie angebaut.

International gesehen hat der Hafer als einziges Getreide einen Schwerpunkt auch in nördlicheren Ländern. Die Russische Föderation baut 3,3 Mill. ha Hafer, Kanada 1,3 Mill. ha. und Polen 519.000 ha Hafer. In Finnland (372.000 ha) und Schweden (230.000 ha) macht der Hafer einen großen Teil der Ackerfläche aus. Aber auch in den südlicheren Ländern gibt es große Haferflächen, dort mit Schwerpunkt in den Mittelgebirgen (z. B. Appenin in Italien). Für die Verarbeitung als Industriehafer werden konstante und gute Qualitäten gebraucht. Deshalb greifen die Verarbeiter meist auf Ware der Hauptexportländer zurück: Kanada exportiert 1,3 Mill. T, Schweden und Finnland je 400.000 T, Australien 250.000 T ([FAOSTAT](#), allg. Websites).

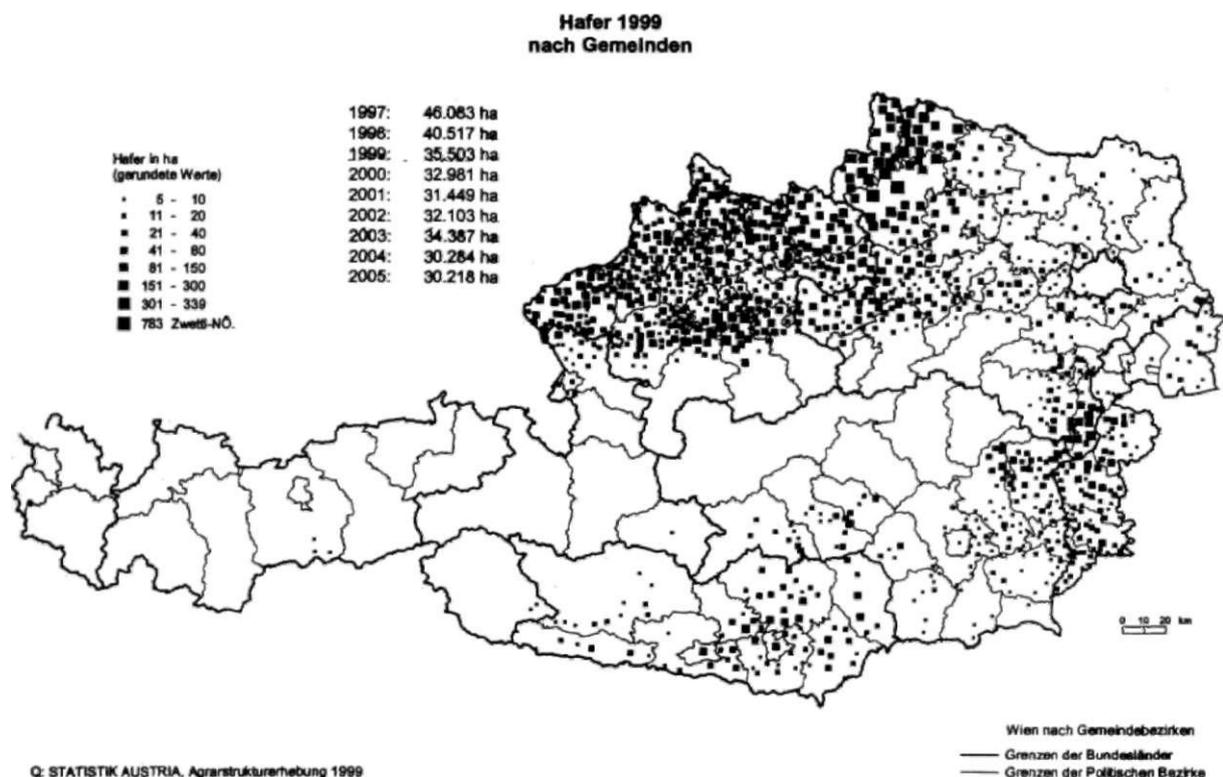


Abbildung 19: Hafer in Österreich 1999 nach Gemeinden, Quelle: Statistik Austria, AGES Beschreibenden Sortenliste 2006 (allg.Lit)

Genotypen

Am IFA-Tulln wurde ein großes Hafersortiment untersucht (Achleitner 2004, Krenn 2004).

Eine neue Sortengruppe sind die Nackthafer, bei denen Deck- und Vorspelze nicht so fest am Korn haften, sodass die Körner bei den üblichen Mähdreschereinstellungen bereits im Mähdrescher entspelzt anfallen. Weiters unterscheidet man beim Hafer Gelb-, Weiß- und Schwarzhafer.

Sorten

In der österreichischen Sortenliste (AGES 2006, allg. Lit.) sind im bespelzten Sortiment 19 Gelbhafer-Sorten, ein Schwarz-Hafer und 2 Weißhafer gelistet, dazu neuerdings 2 Winterhafersorten. Der wichtigste und traditionsreichste Zuchtbetrieb für Hafer in Österreich ist die Saatzucht Edelhof (siehe Website) unter der wissenschaftlichen Leitung von Frau Dipl.Ing. Zechner. Es finden sich dort die Hafersorten: Efosos, Expander, Expo, Escudino, Espresso, Effektiv, Eugen, Edelprinz, Explorer und Edmund.

8.3. Verarbeitung und Verwendung

Verfahrensidentität

Hafer wird in der menschlichen Ernährung überwiegend als Haferflocke konsumiert. In der Hafermüllerei wird zunächst die Spelze des Hafers mit Steinen gelöst und abgesiebt. Danach wird das Haferkorn zur Inaktivierung der Lipasen in einem Dämpfer behandelt. In einem Grützeschneider wird das Korn in Stückchen zerschnitten (Grütze = sehr grober Grieß) und in einer Flockierwalze nach nochmaliger Dämpfung zur Haferflocke platt gewalzt. Werden ganze Haferkörner gewalzt, entstehen so genannte Großblattflocken. In Österreich arbeiten noch die Hafermühlen Strobl in Linz Ebelsberg und Rupp in Hörbranz in Vorarlberg.

Ein wichtiges Produkt ist auch das Hafermehl, das speziell der Feinbäckerei guten Absatz findet. Seit einigen Jahren kommt Hafermark und Haferkleie auf den Markt, Produkte die besonders viel beta-Glucan enthalten.

Lebensmittel

Hafer kann zwar nicht zum Brotbacken verwendet werden, war aber immer schon eine ganz besonders wichtige Breispeise. Die Erfindung der Haferflocken, eines der ersten Convenience-Produkte auf dem Getreidesektor, hat dem Hafer ganz neue Konsummöglichkeiten eröffnet. Durch sie wurde die Müsli- und Cerealien Ernährungskultur, also die Verwendung des Getreides als Breinahrung in unsere Zeit herüber gerettet. Durch berühmte Ärzte und

Ernährungswissenschaftler, wie Bircher-Benner und Kollath, wurde der Wert des Hafers für die gesunde Ernährung schon sehr früh erkannt. Auch dieses Image des Hafers wäre im Falle eines Inverkehrbringens von transgenem Hafer zu berücksichtigen.

Es wurde schon auf die speziellen Inhaltsstoffe des Hafers hingewiesen. Die abnehmende Bedeutung des Hafers in unserer Ernährung ist ein sehr großer Verlust und global ein großes Problem der Ernährungssicherheit. Gerade solche Defizite können durch die Gentechnik nicht wett gemacht werden kann.

Futtermittel und Nebenprodukte

Aus dem hohen Nährstoffgehalt - besonders Stärke, Fett und Protein - des Hafers, wird deutlich, warum dieses Getreide früher für schwer arbeitende Pferde so wichtig war. Der Futterwert des Hafers wird natürlich wesentlich durch den Spelzenanteil bestimmt, der etwa 25 - 30 % des Gesamtkorngewichtes erreicht (Geisler 1988, allg.Lit). Wiederkäuer können die Rohfaser des Hafers gut aufschließen. Hafer wird in Österreich überwiegend innerbetrieblich verwendet. Durch die steigende Anzahl von Reitpferden gibt es wieder eine etwas höhere Nachfrage nach Hafer.

Wirtschaftliche Bedeutung

Die Haferproduktion am Weltmarkt beträgt fast 24 Millionen Tonnen und ist nur geringfügig höher als die Weltproduktion von Roggen. Hafer hat daher wirtschaftlich gesehen keine sehr große Bedeutung, weswegen auch die Investitionen in die gentechnische Veränderung des Hafers gering sind. In Österreich wurden 2005 128.432 T Hafer produziert.

8.4. Gentechnische Veränderungen

Transgene Techniken

Die erste erfolgreiche Transformation von Hafer gelang an der Universität von Minnesota mittels Teilchen-Beschuss und ist von Somers et al. (1992) dokumentiert.

Es wurde die klassische Transformation auf Herbizidtoleranz gegen das Herbizid Phosphinothricin (PPT) durchgeführt. Aus drei Versuchen konnten 111 transgene Haferpflanzen mit Hilfe des *bar*-Gens und des *uidA*-Gens ausselektiert werden. Bis zu 20 Kopien waren integriert worden. Coexpression der β -Glucuronidase (GUS) auf Grund des inserierten *uidA*-Gens war in 38% der 111 transgenen Pflanzen festzustellen. Die beiden inserierten Gene *bar* und *uidA* wurden stabil vererbt.

Dieses Team arbeitete weiter an der Verbesserung der Transformationstechnik. Es wurden reife embryonale Gewebekulturen angezüchtet und diese dann mit Partikel-Beschuss transformiert (Tobert et al. 1998). Alle diese Arbeiten sind in einem größeren Review zusammengefasst (Somers 1999). Diese Arbeiten am Department of Agronomy and Plant Genetics der Universität von Minnesota in St. unter Paul Somers sind auch deshalb hervorzuheben, weil hier konsequent weiter daran gearbeitet wurde, die Genetik der Transformation auch aufzuklären. Verschiedene Transformations-Ereignisse bei Hafer wurden genau untersucht, um zu vergleichen wo die Fremd-DNA jeweils inseriert worden war (Makarevitch et al. 2003)

Gruppen

Die verschiedenen bereits vorgestellten **Herbizid-Resistenzen** wurden wegen des Flughafers-Problems nicht mehr intensiv weiter verfolgt, was beim Risk-Assessment noch genauer diskutiert wird. In der Datenbank Crop Science finden sich noch einige weitere Gruppen von gentechnischen Veränderungen in Hafer:

Ein Gen aus Gerste (**HVA1**) vermittelt in transgenem Hafer eine **Toleranz gegen osmotischen Stress**, das ist Trockentoleranz und Salz-Toleranz. In diesem transgenen Hafer finden sich neben dem *HVA1-Gen*, der Selektionsmarker *bar* und das Reporter-Gen GUS. Diese Arbeiten von Oraby et al. (2005) wurden an der Michigan State Universität in East Lansing durchgeführt.

Pilz-Resistenz soll dadurch erreicht werden, dass ein alpha-Hordothionin (HTH), ein Protein das gegen Pilze wirksam ist und das normalerweise nur im sich entwickelnden Endosperm vorkommt, leicht verändert wird (**Hth2-Gen**) und dann so in den Hafer (oder auch die Gerste) eingebracht wird, sodass auch in den Blättern und anderen Geweben des Hafers ein Schutz vor Pilzen erreicht werden kann. Dieses Projekt wird von Kaeppler Heidi und Mitarbeiter/innen am Department of Agronomy der Universität von Wisconsin in Madison durchgeführt (Fu et al. 2003).

Eine Fragestellung für die Gentechnik wäre auch die **Kälteresistenz** von Hafer. Hafer ist ein Sommergetreide und Winterhafersorten sind bisher eine Ausnahme.

8.5. Lebensmittelsicherheit und Qualität

Lebensmittelsicherheit

Da der Hafer für Speisezwecke, das sind Haferflocken und Hafermehle, großteils importiert wird, muss speziell die weitere Entwicklung der Gentechnik beim Hafer in den Hauptexportländern (Kanada, USA, Australien, Polen, Finnland und Schweden) beachtet werden. Derzeit dürfte es beim Hafer keine gentechnischen Veränderung oder Verunreinigungen in der Lebensmittelkette geben.

Ökologisches Risk Assessment

Das Risk-Assessment beim Hafer ist stark durch die Problematik des Flughafers (*Avena fatua*) dominiert. Dies wurde schon sehr früh als große Gefahr erkannt. Das analoge Beispiel Reis und Unkrautreis zeigt, dass diese Vorsicht sehr berechtigt war. Einige Transformationen zur Toleranz gegen osmotischen Stress und zur Pilz-Resistenz werden auf Amerikanischen Universitäten durchgeführt. An Kommerzialisierungen ist dabei zunächst aber nicht gedacht, sodass auch das Risk Assessment hier noch nicht so aktuell ist.

8.6. Diskussion

Die genetische Erforschung des Hafers ist weit hinter der Erforschung der anderen Getreide zurück. Dies liegt vor allem in der komplizierten Zytologie der Pflanze, die genau wie der Weizen aus drei Genomen aufgebaut ist, deren Herkunft und Identität aber viel schwerer zu fassen ist. Die gentechnische Veränderung des Hafers ist technisch heute kein Problem, die nahe verwandten Unkräuter aus der Gattung *Avena* machen die Freisetzung von transformiertem Hafer aber viel zu gefährlich. Besonders der Flughafers (*Avena fatua*) ist dem Kulturhafer so ähnlich, dass ein wechselseitiger Genaustausch mit Sicherheit eintreten würde. Zudem ist die globale Bedeutung des Hafers in den letzten Jahrzehnten stark zurückgefallen. Die Wertschöpfung in der Haferzüchtung ist entsprechend gering und der Anbau wird nicht weiter intensiviert. Aus all diesen Gründen ist beim Hafer in näherer Zukunft keine Vermarktung der Gentechnik zu erwarten.

8.7. Quellen

Websites

Astrid Oldenburg: Agrarservice

<http://www.agrarservice.de/getreidekrank/inhalt.htm>

Saatzucht Edelhof

<http://saatzucht.edelhof.at/page.asp/1264.htm>

Weed Management

<http://weedman.horsham.net.au/index.html>

Literatur

Achleitner Andreas: Analyse der genetischen Diversität in einem Hafersortiment (*Avena sativa* L.) unterschiedlicher geographischer Herkunft mit Hilfe von AFLP Fingerabdrücken. - Dipl.-Arb. an der Univ. für Bodenkultur, Wien 2004

Brautigam M et al.: Generation and analysis of 9792 EST sequences from cold acclimated oat, *Avena sativa*." BMC Plant Biol. 5: 18. (2005)

Cheng-Dao Li, Rossnagel Brian G., Scoles G.J.: Tracing the Phylogeny of the Hexaploid Oat *Avena sativa* with Satellite DNAs. - Crop Science 40: 1755-1763 (2000)

Fischbeck G.: Hafer (*Avena spec.*) IN: Hoffmann, Mudra, Plarre (1985), allg. Lit

Fu J.M., Skadsen R.W., Kaeppler H.F.: Expression of an altered antimicrobial hordothionin gene in barely and oat. - Plant Biotechnology and beyond, Proceeding of the 10th IAPTC and B-Congress, Orlando Florida, June 2002, Abstract aus Crop Science Database 2003

Holden J.H.W.: Oats (*Avena spp.*) IN: Simmonds (1986), allg. Lit

Krenn Nicola: Agronomische und qualitative Eigenschaften eines internationalen Hafersortiments unter mitteleuropäischen Anbaubedingungen. - Dipl.-Arb. an der Univ. für Bodenkultur, Wien 2004

Kühnau J., Ganßmann W.: Hafer Ein Element der modernen Ernährung. - Umschau Verlag Frankfurt am Main 1976

Makarevitch I., Svitashv S.K., Somers D.A.: Complete sequence analysis of transgene loci from plants transformed via microprojectile bombardment. - Plant Molecular Biology 52(2): 421-432 (2003)

Oraby et al: Barley HVA1 Gene Confers Salt Tolerance in R3 Transgenic Oat. - Crop Sci; 45: 2218-2227 (2005)

Reiner L. u.a.: Hafer aktuell. - DLG Verlag, Frankfurt am Main 1983

Somers David A., Rines H.W., Gu Weining, Kaeppler Heidi F., Bushnell W.R.: Fertile Transgenic Oat Plants. - ??? Nature ??? Biotechnology 10: 1589 - 1594 (1992)

Somers D.A.: Transgenic Cereals - *Avena sativa* (oat), S 317-339, IN: Vasil I.K. (ed.) 1999

Tobert K.A., Rines H.W., Somers D.A.: Transformation of Oat using mature embryo-derived tissue cultures. - Crop Science 38: 226-231 (1998)

Wight CP et al.: A molecular marker map in 'Kanota' x 'Ogle' hexaploid oat (*Avena spp.*) enhanced by additional markers and a robust framework. - Genome 46:28-47 (2003)

Zhu, S., Kaeppler H. F.: A genetic linkage map for hexaploid, cultivated oat (*Avena sativa* L.) based on an intraspecific cross 'Ogle/MAM17-5. - Theor Appl Genet. 107(1): 26-35.(2003)

9. Hirse

9.1. Botanik

Systematische Einordnung

Der Begriff Hirse bezieht sich in erster Linie auf die bei uns als Lebensmittel bekannte Rispenhirse (*Panicum miliaceum*). Im weiteren Sinn sind aber alle kleinkörnigen Gräser als Körnerfrüchte damit gemeint. Prof. Sakamoto (1993) von der Universität Kyoto hat über Jahrzehnte die Hirsen dieser Welt erforscht und ihre Systematik in einem Überblicksartikel erklärt. Die wichtigsten ca. 20 Hirse-Arten können folgenden Gruppen (botanisch Triben) zugeordnet werden: *Andropogoneae*, *Chlorideae*, *Festuceae*, *Maydeae* und *Paniceae*.

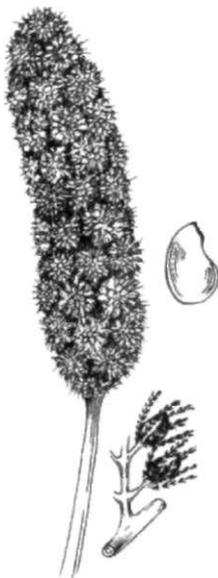
Panicum miliaceum

Die **Rispenhirse** gehört zum Tribus der Paniceae. Der deutsche Name Rispenhirse bezieht sich auf den Gegensatz zur ebenfalls im deutschen Sprachraum heimischen Kolbenhirse. Beide Hirsen waren schon in der Pfahlbauzeit (um 2500 v. Chr.) nördlich der Alpen ein verbreitetes Getreide. Im englischen Sprachraum wird sie als **proso millet**, broom corn millet, hog millet oder white millet bezeichnet. Besonders wichtig wurde die Rispenhirse im Laufe des Mittelalters. Die Rispenhirse ist die einzige Hirse, die heute noch für Lebensmittel in Österreich angebaut und verarbeitet wird (Reiner 1998).



Abbildung 20: Rispenhirse

Quelle: Franke (1997)



Setaria italica

Die **Kolbenhirse** hatte bis ins Mittelalter gleich große Bedeutung wie die Rispenhirse. Ihr deutscher Name ist Fenk, Fench oder Fennich, aus dem lateinischen panicum (Verwechslungsgefahr mit dem wissenschaftlichen Namen der Rispenhirse). Im englischen Sprachraum wird diese Hirse: **foxtail millet** genannt (der Blütenstand gleicht einem "Fuchsschwanz"). Die Pflanze sieht zwar ganz anders aus als die Rispenhirse, die Körner sind aber sehr ähnlich und können leicht verwechselt werden. Die fast anliegenden Vor- und Deckspelzen sind bei der Kolbenhirse nicht glatt, sondern durch kleine wellige Querrippen und Buckel fein strukturiert. Diese Hirse wird heute praktisch nur mehr als Vogelfutter genutzt (Reiner 1998).

Abbildung 21: Kolbenhirse,
Quelle: Franke (1997)

Sorghum bicolor

Sorghum-Hirse wird südlich der Sahara angebaut und hat sich in fünf Hauptgruppen ausdifferenziert. Schon vor unserer Zeitrechnung hat sich Sorghum-Hirse nach Indien und Asien ausgebreitet und ist schon seit der Antike im ganzen Mittelmeerraum bekannt. Im Mittelalter hatte diese Hirse in den südlichen Ländern Europas große Bedeutung und bei der Einführung des Mais im 16. Jh. war die "Mohrenhirse" überall bekannt und wurde mit der neu eingeführten Pflanze verglichen. Sorghum-Hirse ist die in der Anbaufläche weltweit wichtigste Hirse, da sie nicht nur für Ernährung, sondern auch als Futter-, Rohstoff- und Energiepflanze intensiv genutzt wird. Für diese Zwecke wird das Sudangras sehr geschätzt, *S. sudanense*. Die Zuckerhirse (*S. bicolor* var. *dochna* oder var. *saccharatum*) hat 7 bis 15 Prozent Saccharose im Halm. Daraus kann Zucker gewonnen werden (Franke 1997).



Abbildung 22: Sorghum-Hirse, Quelle: Franke (1997)

Pennisetum americanum

(Synonyme: *Pennisetum glaucum*, *Pennisetum typhoideum*), englisch: **pearl millet**, deutsch: Perlhirse oder Rohrkolbenhirse. Die Namen beziehen sich auf die perlartigen Körner mit ca. 5 mm Durchmesser bzw. die Ähnlichkeit des Kolbens mit dem des Rohrkolbens (*Typha* sp.), der bei uns am Rande von Gewässern vorkommt. Die Perlhirse ist zusammen mit der Sorghum-Hirse das wichtigste Getreide in Afrika, Arabien und Indien.



Abbildung 24: Perl-Hirse, Quelle: Franke (1997)

Eleusine coracan

englisch: **African millet**, deutsch: Fingerhirse, in Teilen Zentralafrikas und Südindiens ist sie das bis zu einem Meter hoch und hat einen Fruchtstand, der aus 5 - 7 Einzelähren besteht, die sich wie die Finger einer Hand zusammenfügen (Sakamoto 1993, Franke 1997).



Abbildung 23: Finger-Hirse, Quelle: Franke (1997)

Morphologie

Die Hirsen zeigen alle Übergangsformen von den Rispen zu den Ährengräsern. Die ausgeprägteste Rispe hat die **Rispenhirse** (*Panicum miliaceum*). Die **Kolbenhirse** (*Setaria italica*) ist ein Ährenrispengras, d.h. dass die Ährchen auf

sehr kurzen Stielen sitzen, also eine sehr gestauchte Rispe vorhanden ist, was auf den ersten Anschein aussieht wie eine Ähre.

Die **Sorghum-Hirse** (*Sorghum bicolor*) hat terminal stehende, kompakte oder mehr lockere Rispen von 10 - 60 cm Länge, deren zahlreiche Ästchen je zwei Ährchen tragen, das obige mit einer zwittrigen das untere mit 2 männlichen zum Teil sterilen Blüten. Oberflächlich sieht der Blütenstand meist auch einem Kolben ähnlich. Die Sorghum-Hirse kann auffallend hoch werden bis zu 5 m und ähnelt ihrer Verwandtschaft entsprechend sehr dem Mais.

Die **Perlhirse** (*Pennisetum americanum*) ist ein Ährenrispengras, dessen Spindel zahllose kurze Rispenäste mit zweiblütigen Ährchen trägt. Die untere Blüte ist wie bei Sorghum männlich, die obere zwittrig und bringt das Hirsekorn hervor. Hier ist die Kolbenform noch ausgeprägter.

Physiologie

Das herausragendste Merkmal der Hirsen ist wohl ihre besondere Trockenresistenz. In Afrika und Amerika wird die Sorghum-Hirse dort angebaut, wo es für den Mais zu heiß und zu trocken ist. Physiologische Untersuchungen haben gezeigt, dass der Stoffwechsel der Sorghum-Hirse bei 38 °C noch optimal arbeitet und die Blätter erst bei 46 °C Schaden nehmen (Godwin, Gray 2000).

Die Perlhirse liefert noch bei 180 mm Niederschlag Ernten von 2 - 10 dt/ha und wird daher bis in die Randgebiete der südlichen Sahara bzw. in trockensten Gebieten Indiens angebaut. Bei Bewässerung steigen die Erträge erheblich an (Franke 1997).

Hirsen können in eine Art Trocken- und Hitzestarre verfallen. Ihr Stoffwechsel und Wasserbedarf wird dann minimiert und wenn die Trocken- und Hitzeperiode vorüber ist, werden die Lebensvorgänge wieder beschleunigt. Weniger adaptierte Pflanzen verdursten und sterben ab.

Zytologie

Entsprechend der breit gestreuten systematischen Zuordnung der verschiedenen Hirsen, sind die Chromosomenzahlen sehr verschieden. Die Perlhirse (*Pennisetum americanum*) hat nur $2n = 2x = 14$ Chromosomen, die Kolbenhirse (*Setaria italica*) $2n = 2x = 18$ Chromosomen. Die Rispenhirse (*Panicum miliaceum*) ist tetraploid mit $2n = 4x = 36$ Chromosomen. Die höchsten Chromosomenzahlen haben die hexaploiden Arten Japanische Hirse (*Echinochloa frumentacea*) und Fonio-Hirse (*Digitaria exilis*) mit $2n = 6x = 54$ Chromosomen. Sorghum-Hirse (*Sorghum bicolor*) ist verwandt mit dem Mais und hat auch dieselbe Chromosomenzahl wie der Mais mit $2n = 2x = 20$. Es gibt auch eine weite Übereinstimmung (Synteny) der Reihenfolge der Gene. Um Verwechslungen vorzubeugen, werden die Linkage Groups (Chromosomen) bisher bei *Sorghum bicolor* mit den Buchstaben A bis J bezeichnet. Derzeit wird die Nomenklatur der Sorghum-Chromosomen überarbeitet. In der Gattung

Sorghum gibt es allerdings auch tetraploide Arten, insbesondere die Unkraut-Art *Sorghum halepense* ist tetraploid (Sakamoto 1993).

Genetik

Wegen der Bedeutung von Sorghum-Hirse als Kulturpflanze und wegen der großen Übereinstimmung (Synteny) des Genoms mit dem von Mais und von Zuckerrohr (*Saccharum officinarum*) wird die Genetik von *Sorghum bicolor* sehr intensiv bearbeitet. Synteny bedeutet, dass die Reihenfolge der Gene auf den Chromosomen in Sorghum und Mais über weite Bereiche ident ist. Die Websites [CGGC The University of Georgia](#) und [Plant Genome Mapping Laboratory](#) zeigen eine große Übereinstimmung. Gene auf der Maiskarte findet man in derselben Reihenfolge auch bei Sorghum-Hirse.

Das Genom von *Sorghum bicolor* hat 750 Mill. Basenpaare und hat damit nur 1/3 der Größe des Mais-Genoms, was bei der nahen Verwandtschaft der beiden Arten sehr bemerkenswert ist. Nur Reis mit 430 Mill. Basenpaaren ist wesentlich kleiner. Allein schon aus diesem Grund ist die Genetik von *Sorghum bicolor* von großem Interesse und eignet sich besonders für vergleichende Genomstudien. Die Sequenzierung des Sorghum-Genoms wird vom [DOE Joint Genome Institute](#) (siehe Website) organisiert und gefördert. Es gibt auch Überlegungen nur die genreichen Regionen des Sorghum-Genoms mittels Methylation-Filtration-Technik zu sequenzieren. Dabei werden die genreichen und die genarmen Regionen anhand des Methylierungsgrades getrennt, wobei die genreichen Regionen einen geringeren Methylierungsgrad aufweisen.

Für Sorghum-Hirse gibt es bereits einige Gen-Karten, worunter eine Karte mit 2926 kombinierten Markern (AFLP, RFLP und SSR) besonders zu erwähnen wäre. Sie wurde von der A&M Universität College Station, Texas erarbeitet (Menz 2002). An der Universität von Arizona wurde an einer physischen Karte von *Sorghum bicolor*, basierend auf BACs gearbeitet (Klein et al. 2000). Aktuelle Informationen zur Genetik von *Sorghum bicolor* findet man in der [Sorghum Database](#) und auf der Website des [CGGC The University of Georgia](#). Um die Forscherin Patricia E. Gamble Klein (A&M Universität College Station, Texas) wurde ein Sorghum-Team aufgebaut. Grundlage dieser Arbeiten ist eine große, 40.000 Einträge umfassende Sorghum-Sammlung. Es wird weiter an der Kartierung, an der Sequenzierung, an der Entwicklung von Microarrays/Chips, an der Übereinstimmung mit dem Reisgenom und an der genetischen Vielfalt von Zuchtmaterial gearbeitet.

Am Department of Genetics der Universität von Georgia arbeitet eine Gruppe in Bennetzen's Lab an der Genetik von Tef (*Eragrostis tef*), finger millet (*Eleusine indica*) und foxtail millet (*Setaria italica*). Das Potential für Verbesserungen der Sorten mit klassischer Züchtung ist bei diesen "minor cereals" besonders hoch und diese bekommt durch den Einsatz von Marker-unterstützter Selektion (MAS) neue Impulse (Ghebru et al. 2002). Es gibt zahlreiche weitere Hirsen, an deren Genetik wohl weniger Interesse besteht, die aber doch für die Erforschung der Gräser-Genome insgesamt sehr interessant sind.

9.2. Pflanzenbau und Züchtung

Anbausysteme

Aus verschiedenen Gründen soll Sorgum in Österreich wieder vermehrt angebaut werden. Neben der reinen Körnernutzung von *Sorghum bicolor* ist auch an eine Nutzung von Sudangras (*Sorghum sudanense*) und von Kreuzungen *S. bicolor* x *S. sudanense* für Silonutzung oder als Energiepflanze gedacht. *Sorghum bicolor* wird in unseren Breiten erst Mitte Mai angebaut. Prüller et al. (2000) geben eine gute Anleitung für den Anbau von Sorgum-Hirse in Österreich. Auch in den südlichen Ländern Europas, z.B. im Nachbarland Italien, spielt Sorgum-Hirse eine große Rolle und ist nach der Getreideernte zusammen mit dem reifenden Mais häufig auf den Feldern zu sehen.

Wichtiger für Österreichs Landwirtschaft und Lebensmittel ist aber die Rispenhirse (*Panicum miliaceum*). Auch sie wird nach dem Mais in Drillsaat angebaut, viele Pflanzenschutzmaßnahmen lehnen sich an den Maisanbau an. Die Ernte erfolgt mit dem Mähdescher unter Verwendung entsprechender Siebe. Das Erntegut muss getrocknet werden.

Die vielen Hirse-Arten Afrikas und Asiens sind geprägt durch unterschiedliche Anbausysteme. Viele Faktoren sind beim Hirse-Anbau entscheidend, in erster Linie sind dies: Anbauzeitpunkt, Klima, Versorgung mit tierischem Dünger, Regen, Bewässerungsmöglichkeit, Erntemethoden, Aufarbeitung der Ernte und Nahrungskultur. Infolge dessen muss das ganze Landwirtschafts-System (farming system) beachtet werden und dies kann auch sehr effektiv sein, wenn nach einfacher Statistik der ha-Ertrag zunächst wenig rentabel erscheint. Im Buch "Advances in small millets" werden viele dieser Anbau-Systeme erklärt (Riley et al. 1994).

Unkräuter

Die Kulturpflanze Sorgum-Hirse hat eine nächst verwandte Art, die eines der gefürchtetsten Unkräuter weltweit ist, die Aleppo-Hirse (***Sorghum halepense***, engl. Johnson grass). Sie hat lange, unterirdisch kriechende, schuppige, bis über 1 cm dicke Ausläufer, die nach dem Zerteilen regenerationsfähig sind, ähnlich wie die Quecke (*Elymus repens*), nur ist diese Aleppo-Hirse eine sehr große und konkurrenzstarke Pflanze. Sie ist inzwischen auch in Österreich vereinzelt als Unkraut aufgetaucht, wirklich gefährlich ist sie aber bisher nur in heißeren Ländern geworden (Abbildung bei Holzner, Glauning 2005, allg. Teil). Die Aleppo-Hirse ist der wichtigste Grund, warum eine Transformation auf Herbizid-Resistenzen von Sorgum-Hirschen nicht möglich ist. Sie würde jedes Transgen aufnehmen und wieder an die Kulturhirsen abgeben (Schmidt, Bothma 2006).

Auch verschiedene Arten der Gattung *Setaria* sind sehr häufige Unkräuter: die Gelbe Borstenhirse (*Setaria pumila*), die Grüne Borstenhirse (*Setaria viridis*) und die Kletten Borstenhirse (*Setaria verticillata*). Eine sehr häufige Unkraut-Hirse in Österreich ist die Hühnerhirse (*Echinochloa crus-galli*), verwandt mit Kultur-Hirschen der Gattung *Echinochloa* aus Indien und Japan. Gerade bei den Hirschen wird es

deutlich, dass es fast bei jedem Kultur-Getreide ein entsprechendes, sehr nahe verwandtes, Unkraut gibt. Der Grund dafür liegt darin, dass die Kulturpflanzen sehr alt sind und sich in der langen Zeit viele Unkraut-Varianten entwickeln konnten.

In Sorgum-Feldern gibt es auch Unkraut-Arten, die die Wurzeln der Sorgum-Hirse parasitieren, das witchweed (*Striga hermonthica* und *Striga asiatica*). In der großen genetischen Variabilität von Sorgum finden sich aber viele Sorten, die gegen diesen pflanzlichen Parasiten resistent sind. Der Resistenzmechanismus ist jedoch unbekannt.

Schädlinge

Godwin, Gray (2000) nennen die wichtigsten Schädlinge für die Sorgum-Hirse. Unter den Schmetterlingen (Lepidopteren) machen die Falter heliothis (*Heliothis armigera*) und der yellow stem borer (*Chilo partellus*) ähnliche Schadbilder wie der Zünsler beim Mais. Weiters gibt es die Fliegen (Dipteren) *Stenodiplosis sorghicola* (engl. midge) und *Atherigona soccata* (engl. shoot fly). Sorgum-Hirse und Baumwolle konkurrieren um dieselben Anbauflächen und haben auch teilweise ähnliche Schädlingspopulationen.

Krankheiten

Sorgum-Hirse ist wie der Roggen anfällig auf einige Arten der Pilzgattung *Claviceps* (Mutterkorn, engl. ergot). *Claviceps sorghi* und *C. africana* sind über die ganzen Tropen verbreitet und verursachen große Schäden, genau wie beim Roggen speziell bei Hybriden. Auch diverse Virus-Erkrankungen schwächen Sorgum: Johnson Grass Mosaic Virus (JGMV) und Maize Dwarf Mosaic Virus (MDMV) (Godwin, Gray 2000).

In der Übersicht von Grover Anil und Pental Deepak (2003) aus Neu Delhi werden die wichtigsten fünf Probleme (constraints) jeder Kulturpflanze, d.h. die Hauptgründe für einen möglichen transgenen Lösungsansatz für die verschiedenen Kulturpflanzen, durch Befragung erfasst und zusammengestellt:

Für ***Pennisetum typhoides*** ergaben sich für Indien folgende Probleme:

- *Sclerospora graminicola* Downey mildew (eine Mehltau-Art), speziell in Einweg-Hybriden
- *Claviceps microcephala* - ergot: eine Art Mutterkorn
- *Tolyposporium penicillariae* - smut: ein Getreidebrand
- *Puccinia penniseti* - rust: ein Rost
- *Pyricularia setariae* - blast, verwandt mit dem rice blast

Alle von Grover Anil und Pental Deepak (2003) befragten gaben an, dass der Mehltau das wichtigste Problem wäre und schlugen als Züchtungsziel eine breitere Resistenz (horizontale Resistenz) gegen Mehltau vor.

Anbauggebiete

Die für unseren Markt wichtige **Rispenhirse** (*Panicum miliaceum*) wird vor allem in den nördlichen Bundesstaaten der USA und in Kanada angebaut. In den USA fand sich in den Bundesstaaten: Colorado, Nebraska und Süd-Dakota im Jahr 2005 eine Fläche von etwa 600.000 acres (= 243.000 ha). **Rispenhirse** (*Panicum millicaceum*) und **Kolbenhirse** (*Setaria italica*) sind alte Kulturpflanzen Eurasiens.

Der japanische Genetiker Sakamoto (1993) hat einen Überblick über die Entstehung und die Verbreitung der Hirsen auf der Erde gegeben. Die heute wichtigsten Hirsen stammen alle aus der Zone südlich der Sahara: die **Sorgum-Hirse** (*Sorghum bicolor*) und die **Peri-Hirse** (*Pennisetum americanum*). Diese Hirsen haben besonders in den Ländern Westafrikas und südlich der Sahara noch heute eine besonders große wirtschaftliche Bedeutung. Sie wurden auch als einzige zu Weltwirtschaftspflanzen (Anbau in den USA, in Brasilien, China, Indien und Australien). Andere Hirsen Afrikas haben nur mehr lokale Bedeutung. Wegen ihrer Rolle als Grundnahrungsmittel sind sie jedoch besonders wichtig, z.B. **Tef** (*Eragrostis abyssinica*) in Äthiopien oder **Kodo-Millet** in Indien (*Paspalum scrobiculatum*).

Der Statistik der FAO (FAOSTAT, allg. Websites) sind die Anbauggebiete der einzelnen Arten nicht zu entnehmen, da alle Hirse-Arten (außer Sorgum) zusammengefasst werden als "Millets". Auf die wirtschaftliche Bedeutung der "Millets" im Allgemeinen kann jedoch in einem der folgenden Kapitel noch genauer eingegangen werden.

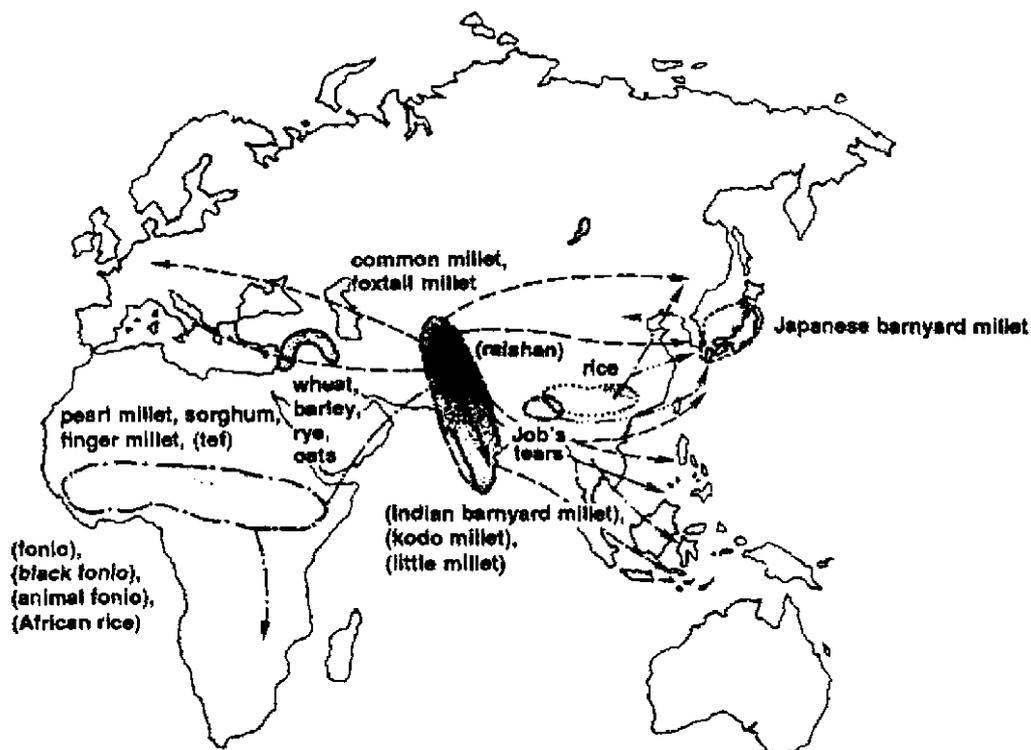


Abbildung 25: Herkunft und Verbreitungsrouten von Hirsen in Afrika und Eurasien, die Hirsen in Klammer werden nur dort angebaut, wo sie auch heimisch sind, Quelle: Sakamoto (1993)

Genotypen

Wegen des großen Alters der Kultur-Hirschen gibt es eine fast unüberschaubare genetische Vielfalt. Besonders ***Sorghum bicolor*** hat sehr viele Nutzungsformen. Neben denen, die schon bei der Systematik angesprochen wurden (z.B. die Zuckerhirse: *Sorghum bicolor ssp. dochna*) sei besonders auf die vielen Varianten mit pigmentierten Körnern hingewiesen. Neben weißkörnigen Varianten mit durchsichtigem Pericarp gibt es Sorghum-Hirschen mit gelbem und braunem Pericarp. Die große genetische Vielfalt in den Sortensammlungen, z.B. des ICRISAT in Indien wird derzeit wissenschaftlich untersucht (Abu Assar et al. 2005).

Sorten

Die Saatzucht Gleisdorf hat heute Sorten der **Rispenhirse** (*Panicum miliaceum*) im Programm, die auf alte Sorten in der Steiermark zurückgehen: die gelbkörnige 'Kornberger Mittelfrühe' und die rotkörnige 'Lisa'. Bei **Sorghum-Hirschen** wird in Österreich z.B. die Sorte 'Alföldi' empfohlen, für Futter-, Silo- oder Energiepflanze werden andere Sorten vorgezogen (Prüller et al. 2006). Bei *Sorghum bicolor* gibt es bereits Hybriden am Markt, ebenso bei Perlhirse (*Pennisetum americanum*). Diese Hybriden liefern z.B. einen Ertrag von 40-50 dt/ha, während mit frei abblühenden Sorten im Durchschnitt nur 10-12 dt/ha Ertrag zu erzielen ist (Grover Anil and Deepak Pental 2003). Bei den Hirschen ist durch die klassischen Zuchtmethoden, wie schon weiter oben erwähnt, noch ein sehr großer Ertrags-Zuwachs zu erreichen und die wissenschaftsbasierte Züchtung sollte besonders auch in den Ländern Afrikas gefördert werden.

9.3. Verarbeitung und Verwendung

Verfahrensidentität

Unsere wichtigste **Speise-Hirse** (*Panicum miliaceum*) hat nach der Ernte noch fest anhaftende Spelzen. Mittels Schmirgel-Schälung (abrasive dehulling) werden nun diese Spelzen und die Schale des Hirsekornes entfernt. Es fällt eine ungenießbare, sehr kieselsäurereiche und Tannin-reiche Spelz- und Schälkleie an. Vor einigen Jahren sind Reformhausprodukte aufgetaucht, bei denen dieses Produkt mitsamt dem ganzen Hirsekorn in einer so genannten Zentrofan-Mühle zu feinem "Braunhirsemehl" weiter verarbeitet wurde (Münzing 2004). Auch die **Sorghum-Hirse** muss als Nahrungsmittel vorher entspelzt und geschmirgelt werden und es gibt dafür eine eigens entwickelte Müllerei. Die verschiedensten Hirschen Afrikas werden traditionell bearbeitet und sind sehr ballaststoffreiche Lebensmittel.

Lebensmittel

In Österreich und in Europa erhält man nur mehr die geschälten Körner der Rispenhirse (*Panicum miliaceum*) als Lebensmittel. Sie kommt in den Handel als **Gelb- oder Goldhirse** und hat über Jahre einen stabilen Markt. Sie wird in der Küche verwendet als Beilage, für Aufläufe, Schnitten, Laibchen oder als Brei. Die Goldhirse wird großteils aus den USA importiert, es kommt aber auch Ware aus Österreich auf den Markt.

Bedeutung haben einige antinutritive **Inhaltsstoffe** der Hirsen. Sorgum-Hirsens sind z.B. sehr reich an Tanninen und Gerbstoffen. Einige Sorten können auch hohe Werte eines Blausäure-Glycosides mit Namen Dhurrin enthalten.

Die Bedeutung der Hirsen für die **globale Ernährung** kann nicht überschätzt werden. Während die meisten Hauptgetreide sich in den verschiedenen Agrarökosystemen sehr häufig austauschen lassen - sie stammen ja meist aus dem vorderen Orient - haben die Hirsen in Afrika und Asien eine besondere Anpassung an extreme Trockengebiete und sind daher für die Ernährungssicherung in vielen Teilen der Erde unverzichtbar.

Futtermittel und Nebenprodukte

Sorgum-Hirse soll auch in Österreich wieder mehr als Futterpflanze und Energiepflanze genutzt werden. Zu erwähnen ist die sehr verbreitete Nutzung der Kolbenhirse (*Setaria italica*) als Vogelfutter. Immer wieder werden Hirsen aus aller Welt als Vogelfutter und sogar als Zierpflanze eingeschleppt. Wegen der teilweise zu hohen Gehalte an Tannin für die Fütterung, werden die Sorten auf geringen Tanningehalt selektiert.

Wirtschaftliche Bedeutung

Sorghum bicolor ist nahe verwandt mit dem Mais, die wichtigste Pflanze für die Äthanol-Produktion in den USA und noch näher mit dem Zuckerrohr, die wichtigste Pflanze für Treibstoff weltweit. Sorgum-Hirse steht hinter diesen Pflanzen an dritter Stelle. Sodass auch die Energiewirtschaft heute an Sorgum-Hirse interessiert ist (siehe Website Sorghum Growers). Dies lenkt davon ab, dass die Hirsen zu den wichtigsten Lebensmittelpflanzen der Erde gehören.

Die Hirse-Statistik der FAO (FAOSTAT, allg. Websites) wird getrennt geführt für "Sorghum" und "Millets", wobei unter dem letzten Begriff alle kleinkörnigen Getreide zusammengefasst werden, neben den Gattungen *Panicum* und *Setaria*, auch *Pennisetum*, *Eleusine* u.a. Das wichtigste Hirse-Land der Welt ist Indien mit 9,1 Mill. ha Sorgum-Hirse und 9,8 Mill. ha Millet-Hirsens. Gleich darauf folgen die Länder Afrikas, besonders Nigeria, Sudan, und Niger haben besonders viel Sorgum-Hirse; Nigeria, Niger, Sudan, Mali und Burkina Faso führen die Länder mit Millet-Hirsens an. Sorgum-Hirse ist aus den oben genannten Gründen auch in

Amerika wichtig, die USA haben 2,6 Mill. ha und Mexiko 1,8 Mill. ha. Unter den Millet-Hirschen ist die wichtigste Hirse die Perlhirse (*Pennisetum americanum*), deren Anbauzahlen in der Hirse-Statistik der FAO aber nicht eigens erhoben werden.

9.4. Gentechnische Veränderungen

Transgene Techniken

Die meisten Versuche gentechnischer Veränderungen wurden mit *Sorghum bicolor* durchgeführt. Casas et al. (1993) gelang es fortpflanzungsfähige transgene *Sorghum bicolor* Pflanzen, durch Partikel-Beschuss herzustellen. Über den Beginn der Transformationen berichten Rathus und Godwin (2000).

Lambe et al. (2000) berichten über ihre Versuche die Perl-Hirse (*Pennisetum glaucum*) zu transformieren. Ausgangsprodukt waren Sorten von der Elfenbeinküste. Zunächst wurden Plasmide vorbereitet mit dem Antibiotika-Resistenz-Gen *nptII* zur Selektion unter Hygromycin B und mit dem Herbizid-Resistenz-Gen *bar* zur Selektion unter Phosphinothricin. Die Transformation wurde mittels Teilchen-Beschuss durchgeführt. Es konnten einige Pflanzen aus transgenem Gewebe regeneriert werden. Das GUS Reporter-Gen zeigte, dass einige der transgenen Perl-Hirschen stabil waren. Es wurde aber bereits bei diesen Versuchen angemerkt, dass die Methylierung der DNA die Expression der Fremdgene auch wieder still legen kann (gene silencing).

Gruppen

Folgende Gruppen von Transformationen fanden sich bei den Hirschen:

Um ein Auskreuzen in wilde Populationen von *Sorghum* zu verhindern wurden die transgenen Pflanzen mit einem Merkmal für **cytoplasmatische männliche Sterilität** (sogenannte A3 Hybride) kombiniert. Die Pollenspenderpflanzen sollen dann nicht transgen sein. So werden keine transgenen Pollen gebildet.

Anfang der 80er Jahre wurden Versuche gemacht, ein Chitinase-Gen in *Sorghum bicolor* einzubringen als Schutz gegen Fusarien-Pilze. (stalk rot, shooty stripe and charcoal rot). Gegen den "spotted stem borer" (*Chilo partellus*) wurde ein **Bt-Sorghum** mit einem cry1Ac-Toxin entwickelt. Die Erhöhung des **Lysin-Gehaltes** war bei Sorghum-Hirse genau wie bei Mais ebenfalls schon das Ziel von gentechnischen Veränderungen.

Eine transgene Perl-Hirse (*Pennisetum glaucum*) soll geschützt sein durch das *pin*-Gen gegen die Mehltau-Pilz *Sclerospora graminicola*.

9.5. Lebensmittelsicherheit und Qualität

Lebensmittelsicherheit

Da unter "Hirschen" alle Kleinkörnigen Getreide zusammengefasst werden, so sind sie für den Laien schwer zu unterscheiden. Die Hirsepflanzen, die Hirsekörner und ihre Inhaltsstoffe sind aber doch sehr verschieden, sodass es wichtig ist, immer die botanische Identität der jeweiligen Hirschen und eventuelle Beimischungen exakt abzuklären. Dies erfordert sehr viel warenkundliche Erfahrung. Im mangelnden Wissen über die Qualität der Hirschen als Lebensmittel liegt schon eine Gefahrenquelle für die Lebensmittelqualität.

Wichtig für die Absicherung der Nahrungsmittelversorgung und für die Lebensmittelsicherheit ist die Erforschung der verschiedenen Hirschen in den jeweiligen Ländern. Die Organisation CIRAD ist eine Plattform für die Agrarforschung in den Ländern des Südens.

Risk Assessment

Transgene Sorgum-Hirschen könnten am ehesten als Energie-, Gründüngungs- oder Futterpflanzen über die Hintertür in die österreichische Landwirtschaft gelangen. Den Überblick über diesen Saatgutmarkt kann man nur sehr schwer behalten - man denke nur an die Variante Grünschnitt-Sorgum mit einer Kreuzung von *S. bicolor* x *S. sudanense* und die vielen Gründüngungsmischungen. Die Furcht vor einer transgenen Aleppo-Hirse (*Sorghum halepense*) ist wohl das dominierende Thema und beunruhigt sicher auch die Befürworter der Grünen Gentechnik, besonders in wärmeren Klimaten, wo diese Art zu den "Unverwüstlichen" zählt. Diese Problematik wurde in einer Dissertation von Schmidt und Bothma (2006) in Südafrika bearbeitet, betreut vom Institute for Risk Research in der Türkenschanzstr. in Wien.

Für die Trockengebiete dieser Erde, vor allem in Afrika, im vorderen Orient und in Indien sind die Hirschen das wichtigste Potenzial. Es ist ein Versäumnis der modernen Pflanzenzüchtung und der Getreidewissenschaften, das Interesse den Hauptgetreiden und ihrer gentechnischen Veränderung zuzuwenden, anstatt die Pflanzenwissenschaften gezielt der Agronomie der Hirschen zu widmen. Durch Anwendung der klassischen Züchtung mit unterstützender Arbeit in Genetik-Labors ließen sich viele der Hirschen zu ertragreichen und konkurrenzstarken Kulturpflanzen weiterentwickeln, die an die lokale Situation gut angepasst sind.

Den Publikationen ist zu entnehmen, dass hier Generationen von Forschungsprojekten in die falsche Richtung gegangen sind. Einige der in diesem Kapitel zitierten Forschungsprojekte sind ein Beispiel dafür. Die klassische Herbizidresistenz in die Perlhirse (*Pennisetum americana*) einzubringen, ist wohl nicht nur sinnlos, sondern bei der Knappheit der finanziellen Ressourcen, im Sinne der Ernährungssicherung sogar kontraproduktiv. Die Hirschen sind ein Beispiel dafür, dass der Forschungsaufwand im Feld und im Labor ein Vielfaches sein müsste und dass jene Probleme Gegenstand der Genetik und Biotechnologie

werden sollten, die für die Getreideproduktion wirklich relevant sind. Wird das Risk Assessment in einem globalen Kontext gesehen, so bedroht die Gentechnik jedenfalls die Ernährungssicherheit anstatt sie nachhaltig zu verbessern.

9.6. Diskussion

Die Selektion auf Trocken-Resistenz ist bei diesen Getreiden wohl ausgeschöpft. Hirsen können in eine Art "Trockenstarre" verfallen ohne abzusterben. Perlhirse kann 180 mm Jahresniederschlag überleben mit geringstem Ertrag. Dies mit transgenen Methoden weiter zu treiben ist sicher nicht sinnvoll. Immer bleibt das Wasser der wichtigste Einflussfaktor für den Ertrag. Herbizid-Resistenz ist für Hirsen ganz besonders abzulehnen, da sie ja selbst zu Herbizid-resistenten Unkräutern werden können, bzw. sich mit diesen kreuzen können. *Sorghum halepense* ist dafür eine sehr deutliche Warnung und erinnert an das Problem der Verunreinigungen von Reis mit transgenem Unkraut-Reis. Derzeit ist die Insektenresistenz gegen den "spotted stem borer" (*Chilo partellus*) ein aktuelles Thema. Zu Fragen der Veränderungen der Produktqualität sei sinngemäß auf das Kapitel Reis verwiesen.

Die wichtigste Aussage im Kapitel Hirsen ist wohl die, dass die Forschung sich um jene Arten, Typen und Sorten kümmern muss, die in einem Ökosystem (Biom) die Nahrung liefern. Die Ernährung der Welt hängt in keiner Weise davon ab, ob die 30 wichtigsten Kulturpflanzen (darunter die Getreide Weizen, Mais, Gerste) mit Hilfe der Gentechnik in ihrem Ertrag um einige Prozent gesteigert werden können. Die Sicherheit der Lebensmittelversorgung eines Landes basiert auf der Entwicklung des ländlichen Raumes und Schaffung optimaler Voraussetzungen für jene Kulturpflanzen, die dort die Nahrung produzieren können. Diese Kulturpflanzen müssen das erste Interesse der Gesellschaft, der Wissenschaft und des Bildungssystems sein. Dies ist nicht der Weizen im Mittleren Westen der USA, nicht die Sojabohne in Brasilien und nicht die Tomate im südlichen Spanien, sondern es sind die verschiedenen Hirsen südlich der Sahara, die große Vielfalt an Hülsenfrüchten in Indien und hunderte verschiedene Gemüsearten- und -sorten in den Kleingärten Afrikas. Für die Wertschätzung dieser Vielfalt wurde schon sehr früh der Begriff "Food First" geprägt.

Wer diese Zusammenhänge sieht muss wohl zugeben, dass die Gentechnik in diesem Kontext im Kampf gegen den Hunger nicht nur sinnlos, sondern vielmehr kontraproduktiv ist. Denn die Ressourcen werden genau auf jene Dinge gelenkt, die nicht die erste Aufgabenstellung sind. Die Hirsen führen uns dies mit aller Deutlichkeit vor Augen.

9.7. Quellen

Websites

CIRAD
<http://www.cirad.fr>

CGGC The University of Georgia
<http://cggc.aqtec.uqa.edu/>

DOE Joint Genome Institute
<http://www.igj.doe.gov/sequencing/why/CSP2006/sorghum.html>

Sorghum Growers
<http://www.sorghumgrowers.com>

Plant Genome Mapping Laboratory
<http://www.plantgenome.uqa.edu>

Sorghum Database
<http://alqodon.tamu.edu/sorghumdb.html>

Literatur

Abu Assar A.H. et al.: Genetic Variation in Sorghum Germplasm from Sudan, ICRISAT, and USA Assessed by Simple Sequence Repeats SSRs. - Crop. Science 45: 1636-1644 (2005)

Casas A.M. et al.: Transgenic sorghum plants via microprojectile bombardment. Proc. Natl. Acad. Sci. (USA) 90: 11212-11216 (1993)

Franke W.: Nutzpflanzenkunde Nutzbare Gewächse der gemäßigten Breiten. Subtropen und Tropen. - Thieme, Stuttgart 1997

Godwin I.D., Gray S.J.: Overcoming productivity and quality constraints in sorghum: the role for genetic engineering. IN: O'Brien, Henry 2000

Lambe P., Dinant M., Deltour R.: Transgenic Pearl Millet (*Pennisetum glaucum*). - IN: Baijai (2000)

Menz M.A., Klein R.R., Mullet J.E., Obert J.A., Unruh N.C., Klein P.E.: A high-density map of *Sorghum bicolor* (L.) Moench based on 2926 AFLP, RFLP and SSR markers. - Plant Mol. Biol. 48: 483-499 (2002)

Rathus C., Godwin I.D.: Transgenic Sorghum (*Sorghum bicolor*). - IN: Baijai (2000)

Reiner H.: Geschichte und Identität alternativer Getreidearten. - IN: Alternative Getreiderohstoffe - Technologie und Ernährungsphysiologische Bedeutung - Tagungsband der Österreichischen Gesellschaft für Ernährung, Wien 1998

Ghebru B., Schmidt R.J., Bennetzen J.L.: Genetic diversity of Eritrean sorghum landraces assessed with Simple Sequence Repeat (SSR) Markers. Theor. Appl. Genet. 105: 229-236 (2002)

Grover Anil and Deepak Pental: Breeding objectives and requirements for proceeding transgenics for major field crops of India. - Current Science Vol. 84 (3) 310-320 (2003)

Munzing Klaus: Zu Risiken und Nebenwirkungen bei "Braunhirse". -
Ernährungsumschau 51(12) 496-499 (2004)

Prüller Martin, Hietz Marianne, Safer Christine.: Wieder im Kommen: Sorghum. -
Unser Land (Agrarmagazin der RWA), S 30-32, Mai (2006)

Riley K.W., Gupta S.C., Seetharam A., Mushonga J.N. (eds.): Advances in Small
Millets. - International Science Publisher, New York 1994

Sakamoto Sadao: Millets in the World and their Food Culture. - Farming Japan,
Vol. 27 -4, pp 10-18, August 1993

Schmidt M., Bothma G.: Risk assessment of transgenic sorghum in Africa: crop
to crop gene flow in *Sorghum bicolor* (L.) Moench. - Crop Science 46(2) 790-798
(2006) - eine entsprechende Dissertation wurde in Wien betreut vom Institute of
Risk Research in der Türkenschanzstr.

10. Mais

Da es beim Mais besonders viele gentechnische Veränderungen gibt und in den letzten Jahren zahlreiche Publikationen dazu erschienen sind, muss sich dieser Beitrag auf die wichtigsten Punkte beschränken mit dem hauptsächlichsten Ziel, einen großen Überblick zu geben und einen Vergleich mit den anderen Getreidearten zu ermöglichen. Besonders sei auf weitere Broschüren der Serie Forschungsberichte des Bundesministeriums für Gesundheit und Frauen (Website [BMGF Bestellservice \(http://www.bmgf.gv.at/cms/site/bestellservice.htm\)](http://www.bmgf.gv.at/cms/site/bestellservice.htm)) und die Monographien des Umweltbundesamtes (UBA) hingewiesen, die einen starken Bezug zur laufenden Diskussion in Österreich haben. Insbesondere in der neuen Studie von Pascher und Dolezel (2005) über die Koexistenz von gentechnisch veränderten, konventionellen und biologisch angebauten Kulturpflanzen in der österreichischen Landwirtschaft, wird der Mais ausführlich behandelt.

10.1. Botanik

Systematische Einordnung

Der Mais wird zusammen mit Sorgum-Hirse zu den *Andropogoneae* gezählt. Die beiden Pflanzen haben große Ähnlichkeit, nur dass beim Mais die überragende Ähre nur aus männlichen Blüten besteht, während bei Sorgum dort die Körner ausgebildet werden. Bei der ersten Einführung des Mais aus Amerika hat dies die Menschen verwundert und der Mais wurde zunächst als eine Sorgum-Art angesehen (spanisch: panica). Die Blätter beider Pflanzen sind sehr breit und unterscheiden sich von allen anderen Getreiden. Der Charakter der Mais-Pflanze hebt sich sehr stark von dem der anderen Getreidearten ab. Mais wurde nicht in den Trockengebieten des vorderen Orients domestiziert, sondern in einem "gärtnerischen Feldbau" der Indianer Nordamerikas.

Morphologie

Der Mais hat getrennt geschlechtliche Blüten. Die männlichen Blüten sind auf einem eigenen Blütenstand angeordnet. Dieser Blütenstand ragt weit hinaus und wird als Fahne (engl. tassel) bezeichnet. Die weiblichen Blütenstände sind in den Achseln von Blättern. Da die getrennt geschlechtlichen männlichen und weiblichen Blüten auf einer Pflanze sind, nennt man die Pflanze einhäusig (monözisch).

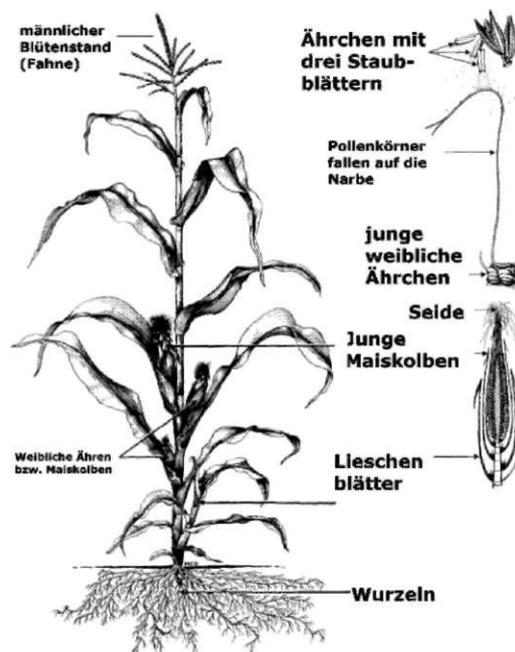


Abbildung 26: Maispflanze mit beschrifteten Detailzeichnungen, Quelle: Neuffer, Coe, Wessler (1997), neu beschriftet

Physiologie

Der Mais hebt sich auch in seiner Physiologie von den anderen Getreidearten stark ab. Er ist eine so genannte C4-Pflanze, deren erstes Stoffwechselprodukt der Photosynthese eine Verbindung mit vier Kohlenstoff-Atomen ist. Solche Pflanzen können besonders viel Blattmasse bilden. Mais hat einen auffällig großen Fruchtstand und braucht für das Wachstum viel Sonne, aber im Gegensatz zu den anderen Getreiden wesentlich mehr Wasser. Die Pollenbildung beim Mais ist besonders stark und die Pollenausbreitung sehr weiträumig. Wegen ihrer großen Bedeutung in Zusammenhang mit der Auskreuzungs-Problematik ist sie in vielen Studien gut dokumentiert (Pascher, Dolezel 2005).

Zytologie

Der Mais hat $2n = 2x = 20$ Chromosomen. Die **doppelte Befruchtung** führt wie bei allen Getreiden zu einem triploiden Endosperm. In der Eizelle befinden sich 2 Kerne der mütterlichen Pflanze, durch die Befruchtung kommt ein Kern aus dem Pollenschlauch dazu. Dadurch wird das Endosperm des Mais triploid. Das Keimgewebe ist aber diploid (Pascher, Dolezel 2005). Eine zytologisch besonders interessantes Phänomen beim Mais ist, dass bestimmte Stellen des Chromosoms sich gleichsam mobilisieren und zu anderer Stellen bewegen können. Als Barbara McClintock versuchte, dieses Merkmal zu kartieren und dies nicht gelang, hatte sie die "jumping genes" oder **Transposons** entdeckt.

Genetik

Mais hat innerhalb der Getreide ein eher kleines Genom von 2.500 Mbp (Megabasenpaaren) = 2,5 Milliarden Basenpaare. Seine Größe ist nur etwa 1/6 der Genomgröße des Weizens, aber immerhin noch fast 6 mal größer als das Genom von Reis. Das Maisgenom wird auf 50.000 Gene geschätzt, ein Großteil des Genoms sind repetitive Sequenzen. Zudem liegt beim Mais eine große Wertschöpfung in der Züchtung. Die Kartierung des Maisgenoms ist daher unter allen Getreidepflanzen nach dem Reis am weitesten fortgeschritten. Herausragend ist das seit vielen Jahren erfolgreich laufende Projekt zur Erstellung einer Maizemap/Maisgenkarte in den USA.

Grundlage dafür war zunächst die Erforschung zahlreicher Mutanten von Mais, die seit vielen Jahren an der Columbia Universität von Missouri erforscht werden. Die Forschungsarbeit von Jahrzehnten wurde in dem Bildband: "The Mutants of Maize" (Neuffer et al. 1997) zusammengestellt. Darin wird zunächst die Maize Genetics Community vorgestellt. Einer der führenden Wissenschaftler war Prof. Edward Coe. Auf Farbtafeln sind die auf den 10 Chromosomen kartierten Mutationen des Mais abgebildet. In den letzten Kapiteln des Buches findet sich eine Auflistung der wichtigen Mais-Gene.

Die neueren Ergebnisse der Kartierung sind nun über **Internet-Datenbanken** zugänglich. Dieses Projekt begann 1998 als Kooperation der Universitäten von Missouri-Columbia, Arizona und Georgia. In der Maize Genetics and Genomics Database (siehe Websites) kann man jedes der 10 Chromosomen aufrufen und bekommt eine Liste aller Genorte (Loci), aller bekannten Gene und der Detailkarten für das jeweilige Chromosom. Die Orientierung auf dem jeweiligen Chromosom wird erleichtert durch die Unterteilung in Regionen (Bins), die nummeriert sind.

Durch die Zusammenarbeit mehrerer Amerikanischer Institute (u.a. Stanford, Arizona Genomic Institute) sind mittlerweile mehr als eine Million ESTs verfügbar. Diese werden zur Zeit vom Maize Full Length cDNA Project zu 30.000 vollständigen Maisgenen zusammengefügt. Auch die gesamte Sequenzierung des Maisgenoms ist geplant.

Ein Beispiel soll die Kartierung der **Pigmentbildung** in Maiskörnern zeigen. Diese resultiert aus den Pigmenten im Pericarp (Schale) und jenen im Endosperm. Auf Chromosom 1 am kurzen Arm findet man das Gen: **pericarp color (pl)**. Es ist verantwortlich für die Pigmentierung im Pericarp. Bei der Ausprägung *pl-rr* ist das Pericarp rot und die Spindel des Mais ebenfalls, bei der Ausprägung *p1-wr* ist das Pericarp weiß und die Spindel rot, bei *p1-rw* ist das Pericarp rot und die Spindel weiß und *p1-ww* zeigt einen Kolben, bei dem sowohl das Pericarp (also die Körner) und die Spindel weiß sind. Auf Chromosom 6 am langen Arm ist das bekannte Gen: **yellow endosperm1 (yl)** für die gelbe Färbung des Endosperms (also des Mehlkörpers). In der Ausprägung *Y1* ist die Bildung der Carotinoide aktiv und das Maiskorn ist gelb (Polenta-Mais). In der Ausprägung *y1* ist die Bildung der Carotinoide nicht aktiv und das Endosperm ist weiß (Weißmais).

Es ist sehr interessant, in dieser Datenbank noch weitere wichtige Gene des Mais zu suchen: **al colorless, sul sugary, prl red, sh1 shrunken** oder **wxl waxy**. Mit Hilfe des Maize GDB Tutorials findet man sich gut zurecht. Die Chromosomen-Karte wird eingeblendet und auf den Chromosomen kann man sich mit Hilfe des **Bin Konzeptes** orientieren. Jedes Chromosom wird in 100 Segmente aufgeteilt mit ca. 20 centiMorgan Länge, die durch so genannte Core Marker (Orientierungs-Marker) lokalisiert sind. Die erste Stelle vor dem Komma ist gleich der Nummer des Chromosoms zugeordnet, die beiden Stellen nach dem Komma sind die 100 Segmente. Bin 2.03 bedeutet z.B., dass der Locus auf Chromosom 2 ist und nach dem 3. Orientierungs-Marker (umc6a) liegt.

Durch diese Datenbank wird es dem Benutzer erst deutlich, wie weit die Kartierung der Genome der wichtigen Getreidepflanzen inzwischen schon fortgeschritten ist. Was gentechnische Veränderungen betrifft, ist es heute eine Minimalanforderung, dass die Lokalisation der Transgene und eventueller weiterer Kopien in diesen Karten bekannt ist.

10.2. Pflanzenbau und Züchtung

Anbausysteme

Der Anbau des Mais erfolgt in unserem Klima etwa Anfang Mai, da der Mais eine Bodentemperatur von 9 - 10 °C zur Keimung benötigt. Je nach Temperatur kann die Auflaufdauer 6 - 35 Tage betragen. Das Saatgut ist in dieser Zeit Pilzen und Schädlingen ausgesetzt und wird deshalb immer gebeizt. Im Jugendstadium sind Temperaturen von mehr als 10 °C wichtig, im Juli in der Zeit des Schossens und Rispschiebens ist eine gute Wasserversorgung von besonderer Bedeutung. Die Blüte des männlichen Blütenstandes (das Pollenschütten) beginnt Anfang Juli bis Anfang August. Danach erfolgt die Blüte des weiblichen Blütenstandes. Der Aufbau der Stärke des Maiskornes wird vor allem durch die Sonnenscheindauer und die relative Luftfeuchtigkeit beeinflusst. Die Reifung geht über die Milchreife, zur Teigreife und Trockenreife. Im Herbst ist eine trockene Witterung wichtig, damit keine Verpilzung auftritt und die Trocknungskosten für Körnermais nicht zu hoch werden. In Österreich muss Körnermais praktisch überall abgetrocknet werden.

Die Anbausysteme für Grünmais, Silomais und Körnermais unterscheiden sich wesentlich und gentechnische Veränderungen wären natürlich nur für bestimmte Anbausysteme sinnvoll und geeignet. Bt-Mais käme wohl nur für Körnermais und bei Verwendung als Körnermaissilage in Frage, nicht aber für Grünmais oder Silomais. Die Ergebnisse der Arbeitskreise wurden beim Mais einmal für das Feuchtgebiet Steiermark und Oberösterreich und einmal für das Trockengebiet Niederösterreich und Burgenland zusammengenommen. Die Deckungsbeiträge im Feuchtgebiet sind deutlich höher, was hauptsächlich auf die höhere Marktleistung, also den Verkaufserlös und weniger auf die Anbaukosten zurückgeht. Es wird angeraten, nicht zu hohe Reifezahlen zu wählen - im Feuchtgebiet Oberösterreichs nicht über FAO Reifezahl 270 bis 290 - damit die Trocknungskosten nicht zu stark zu Buche schlagen. Diese Faktoren sind wesentlich beim Anbau von Körnermais (Janetschek 2005, allg. Teil).

Unkräuter

Im klassischen Pflanzenbau gehört der Mais zu den Hackfrüchten und hat daher eine ganz spezielle, sehr stark ausgeprägte Unkrautflora, die am ehesten vergleichbar ist mit der von Kartoffeln, Zuckerrüben oder verschiedenen Gemüse-Arten. Die Unkrautbekämpfung unterscheidet sich daher grundlegend vom Getreide. Es werden spezielle Herbizide eingesetzt. Eine mechanische Unkrautbekämpfung ist sehr praktisch zwischen den Reihen, aber weil das Striegeln (drüberfahren mit dem Striegel, was die Bestockung beim Getreide fördert) beim Mais auf Grund der Empfindlichkeit der jungen Maispflanze nicht möglich ist, muss in den Reihen händisch gehackt werden. Dies verursacht beispielsweise beim Anbau von Bio-Mais sehr viele Arbeitsstunden.

Bedingt durch die über Jahrzehnte eingesetzten Mais-Herbizide, haben sich ganz spezielle "Maisunkräuter" herausgebildet, die oft gleichsam selektiert sind in ihrer

Lebensweise auf "große Ähnlichkeit zum Mais" (vor allem C4 Pflanzen). Besonders angepasst an den Maisanbau sind viele Unkraut-Hirsen. Die Hühner-Hirse (*Echinochloa crus-galli*), Kletten-Borstenhirse (*Setaria verticillata*), die Grüne Borstenhirse (*Setaria viridis*) und die Fuchsrote Borstenhirse (*Setaria pumila*). Sehr konkurrenzstarke Unkräuter sind der sehr hochwüchsige Weiße Gänsefuß (*Chenopodium album*) und der eher niedrig wachsende Bastard-Gänsefuß (*Chenopodium hybridum*) und einige Amarant-Arten (*Amaranthus retroflexus* und *A. powellii*). Weitere niederwüchsige, aber oft flächendeckende Unkräuter sind die Vogelmiere (*Stellaria media*), Ehrenpreis-Arten (*Veronica sp.*), das Bingelkraut (*Mercurialis annua*) und das Franzosenkraut (*Galinsoga sp.*).

In der Steiermark haben sich in den letzten Jahren auch zahlreiche z.T. neu eingeschleppte Pflanzen als Unkräuter im Mais breit gemacht: Schwarzer Nachtschatten (*Solanum nigrum*), Stechapfel (*Datura stramonium*), Traubenkraut (*Ambrosia artemisifolia*), Samtpappel (*Abutilon theophrastii*), Dreiteilige Zweizahn (*Bidens tripartitus*) und die Giftbeere (*Nicandra physalodes*) (Holzner, Glauning 2005, allg. Teil).

Schädlinge

Der **Drahtwurm** ist die Larve des Schnellkäfers (*Agriotes lineatus*) und ist der gefährlichste Schädling, wenn Mais auf umgebrochenem Grünland angebaut wird. Infolge der drei- bis fünfjährigen Entwicklungsdauer vom Drahtwurm zum Schnellkäfer muss bei jedem Wiesenumbruch mit der Anwesenheit von unterschiedlich alten Drahtwurmstadien gerechnet werden. Diese greifen den Mais sofort nach der Keimung an, bohren sich an der Basis von außen bis an das Herzblatt vor, zerstören den Vegetationskegel und können so den Mais bis zum Totalausfall schädigen.

Die Larven der **Fritfliege** (*Oscinella frit*) verursachen an den jungen Pflanzen Fraßschäden. Die Fliege selbst ist nur etwa 2 mm groß. Die Symptome des Schadens sind auffällige Blattverwicklungen und Einrisse im Blatt. Die Fritfliege entwickelt durchschnittlich drei Generationen im Jahr. Die weißen vier mm langen Larven fressen mit ihren kräftigen Mundhaken das Pflanzengewebe. Die erwachsenen Maden verwandeln sich in rotbraune Tönnchenpuppen, aus denen nach kurzer Zeit wieder die Fliegen schlüpfen.

Der **Maiszünsler** (*Ostrinia nubilalis*) gehört zu den **Schmetterlingen** (**Lepidoptera**) in die Gruppe der *Pyralidae* (Zünsler), gemeinsam mit verschiedenen Motten. Der Zünsler stammt eigentlich aus Europa und war dort als ein recht unspezifischer Schädling an dickstängeligen Pflanzen bekannt. Im Jahr 1917 wurden er nach Nordamerika verschleppt und dort zum wichtigsten Maisschädling mit bis zu vier Generationen im Jahr. Daher stammt auch der englische Name: European Corn Borer (häufig verwendet: ECB). In Südeuropa ist der Zünsler im Mais besonders gefährlich, weil er mehrer Generationen in einem Anbaujahr hat.

Die **Zünsler** fliegen im Juni und beginnen etwa Ende des Monats mit der Eiablage. Das Weibchen legt 20 - 30 Eier auf der Blattunterseite ab. Die Legeperiode erstreckt sich bis in den August. Die geschlüpften Raupen bohren sich in die Stängel ein, fressen das Mark und fressen am heranwachsenden

Maiskolben. Bei der Ernte befindet sich die Raupe meist im Unterteil des Stängels und überwintert im Maisstroh. Das Häckseln des Maisstrohs zerstört die Winterquartiere der Larven und durch tiefes Einpflügen kommen die Larven im nächsten Jahr nicht mehr bis an die Oberfläche. Da in den intensiven Körnermaisbaugebieten Österreichs, z.B. in der Steiermark, der knappe Ackerboden immer sehr sorgfältig bestellt wird, wurde der Zünsler nie wirklich zum großen Problem. In der Studie von Dolezel et al. (2002) wurde über das langjährige Monitoring-Programm des Bundesamtes für Landwirtschaft (BFL) berichtet und die grundlegenden Voraussetzungen der Zünslerproblematik ausführlich diskutiert. Auch die Studie von Müller (2001) beschäftigt sich mit diesem Thema.

Die Grundlagen über Schädlinge sind aus Zwatz et al. (1998, siehe allg.Lit) und aus eine Vorläuferstudie von Dolezel et al. (2002), mit einem Beitrag von Gertrude Just über trophische Wirksysteme. Dabei wird auch auf die vielen Nützlinge eingegangen, insbesondere auf die Blattlausräuber. (Larven der Marienkäfer, *Coccinella sp.* und Larven der Florfliege, *Chrysoperla sp.*)

Viel größere Aufmerksamkeit hat aber inzwischen der **Maiswurzelbohrer** (*Diabrotica virgifera*, engl. Corn Root Worm, Abkürzung: CRW) bekommen. Es handelt sich dabei um einen **Käfer (Coleopteren)**. Dieser Maisschädling wurde in den 90er Jahren aus dem Mittleren Westen der USA durch den Jugoslawien-Krieg eingeschleppt und hat sich seither in Europa kontinuierlich Richtung Westen vorgearbeitet, und zwar vor allem entlang frequentierter Flugrouten. Die Larven fressen an den Wurzeln, die Pflanzen knicken leicht um und können sich aber wieder aufrichten (Gänsehals). Auch die Käfer fressen an den Blättern und ganz besonders an den Narbenfäden.

In Österreich wurde ein **Monitoring-Programm mit Pheromonfallen** (Sexuallockstoffe für die Männchen) aufgebaut, in denen das erste Mal am 10. Juli 2002 im Seewinkel Käfer entdeckt wurden. Peter Cate (2004) hat die Ausbreitung des Maiswurzelbohrers in den ersten Jahren dokumentiert. Besonders der Seewinkel im Burgenland wurden viele Käfer gezählt, die Schäden waren aber anfänglich relativ gering. Vidal und Moeser (2005) aus Göttingen haben einen großen Überblick über die weitere Ausbreitung des Käfers in Europa gegeben. Auf EU-Ebene koordinierte Maßnahmen, wie z.B. die Verpflichtung zum Fruchtwechsel und der Einsatz von Boden-Insektiziden, konnten die Ausbreitung besonders in Frankreich stark eindämmen, sodass die Autoren ihren Beitrag mit den Worten schließen: "Der Käfer wird sich über weite Teile Europas ausbreiten, aber er wird auf verschiedene Maßnahmen treffen, die ihn wirksam kontrollieren können. Die Landwirte werden vorbereitet sein".

Krankheiten

Auslöser des **Beulenbrandes** ist der Pilz *Ustilago maydis*. Kranke Pflanzen sind in fast jedem Maisbestand anzutreffen. Es entstehen beulenartige Anschwellungen an den oberirdischen Pflanzenteilen. Bevorzugt tritt die Krankheit an Kolben und Stängeln, seltener an Rispen und Blättern auf. Die Beulen, anfangs von einer weißgrauen Oberhaut, erscheinen zuerst als eine feuchte, schmierige, schwarze Masse. Letztlich trocknet diese aus und lässt den pulverigen Sporenhalt ausstäuben.

Auslöser des **Kopfbrandes** ist der Pilz *Sphacelotheca reilana*. Kranke Pflanzen zeigen zunächst eine Beule wie beim Beulenbrand, die aber bald aufreißt und einen zerrissenen und zerfransten Eindruck macht. Befallen wird vor allem die männliche Rispe. Durch Rispendurchwuchs aus den Brandbeulen bzw. faserige Rispenreste der brandigen Sporenmasse entstehen typische, bizarre Strukturen.

Auslöser der **Blattfleckenkrankheit** ist der Pilz *Helminthosporium turcicum*. Auf den Blättern entstehen lange nekrotische Flecken. Im Pannonicum ist die Krankheit von untergeordneter Bedeutung, sie hat ihren Schwerpunkt eher im Alpenvorland, im Mostviertel und in Oberösterreich. Auch bei der Bekämpfung dieser Krankheit ist das tiefe Einpflügen des Strohs sehr wichtig.

Fusariosen an Kolben und Stängel werden ausgelöst durch Pilze der Gattungen *Fusarium* und *Giberella*. Befallen die Fusarien den Kolben, so finden sich im Erntegut Mycotoxine (z.B. Zearalenon), die zu Gesundheitsstörungen bei Zucht- und Muttertieren führen können. Der Mycotoxin-Gehalt in Getreide war gerade in den letzten Jahren durch die Festsetzung niedriger Grenzwerte ein großes Thema. Der ökonomische Schaden eines Züßlerbefalles geht heute oft weniger auf das Konto des Ertragsausfalles, als vielmehr auf das Konto einer Wertminderung der Ernteware, falls hohe Mycotoxin-Gehalte nachgewiesen werden (Grundlagen über die Krankheiten des Mais ebenfalls aus Zwatz et al. 1998, siehe allg. Teil).

Pflanzenschutz

Interessant sind die Ergebnisse der Betriebsauswertungen der Arbeitskreise, die in der Broschüre Marktfruchtbau (Janetschek 2004 und 2005, allg. Teil) vorgestellt werden: Die Pflanzenschutzkosten beim Mais gehen fast ausschließlich auf die Herbizid-Kosten mit ca. 56 €/ha zurück. Bei den Getreiden Weizen und Gerste sind die Herbizidkosten nur etwa die Hälfte, stattdessen schlagen die Fungizide dort mehr zu Buche. Im Durchschnitt waren alle Pflanzenschutzkosten beim Mais über die Jahre sogar etwas niedriger als die der meisten Getreide und wesentlich niedriger als die Pflanzenschutzkosten bei Raps oder Zuckerrübe.

Die Maisherbizide sollen daher hier noch ein eigenes Thema sein: Am meisten verbreitet war in den Arbeitskreisen Mischungen der Produkte SL 950 und Pardner. Weitere Herbizide, die zum Einsatz kamen waren Bromoxynil-Produkte, Lido SC, Mais-Banvel, Callisto Turbo, Lido Turbo und Zintan Gold Pack (siehe Tabelle 9, Herbizidwahl bei Körnermais 2004, Raab und Krumphuber 2005, siehe allg. Teil).

Anbaugebiete

Mais stammt zunächst aus tropischen Breiten in Amerika und konnte sich in Europa nur in den südlichen Ländern adaptieren. Auch der hohe Wasserbedarf des Mais erklärt sein Verbreitungsmuster (Poebene, Südtirol, Steiermark u.a.). In Europa ist er dann nach Norden gewandert und hat sich an das etwas kühlere

Klima anpassen können. Im Norden Europas reift er aber nicht aus und kann nur als Grünfutter oder Silomais genutzt werden. Als Getreide kann natürlich nur der Körnermais aufgefasst werden. Gentechnische Veränderungen beim Mais sind daher nur in den eigentlichen Körnermais-Anbauländern, also eher im südlichen Teil Europas von Interesse. Das wichtigste Land in Europa ist Rumänien mit 3,1 Mill. ha, danach die Ukraine mit 2,3 Mill. ha gefolgt von Frankreich mit 1,8 Mill. ha sowie Serbien und Montenegro mit 1,2 Mill. ha. Das wichtigste Maisanbauland der Welt sind die USA mit 29,7 Mill. ha, gefolgt von China, Brasilien, Mexiko, Indien, Nigeria, Indonesien und Südafrika (Zahlen FAOSTAT aus 2004, allg. Teil).

Österreich hatte im Jahr 2005 eine Körnermaisbaufläche von 167.226 ha, wobei Niederösterreich beim Körnermais mit 49.742 ha vor der Steiermark und Oberösterreich mit je ca. 40.000 ha lag. Die typischen Maisregionen in Österreich liegen in der Steiermark und im niederösterreichischen bzw. oberösterreichischen Alpenvorland. Körnermais hat aber auch im Nordöstlichen Flach- und Hügelland (Weinviertel) und im Burgenland eine sehr große Bedeutung. In der Studie von Dolezel et al (2002) sind die Anbauggebiete von Mais in Österreich noch etwas näher beschrieben.

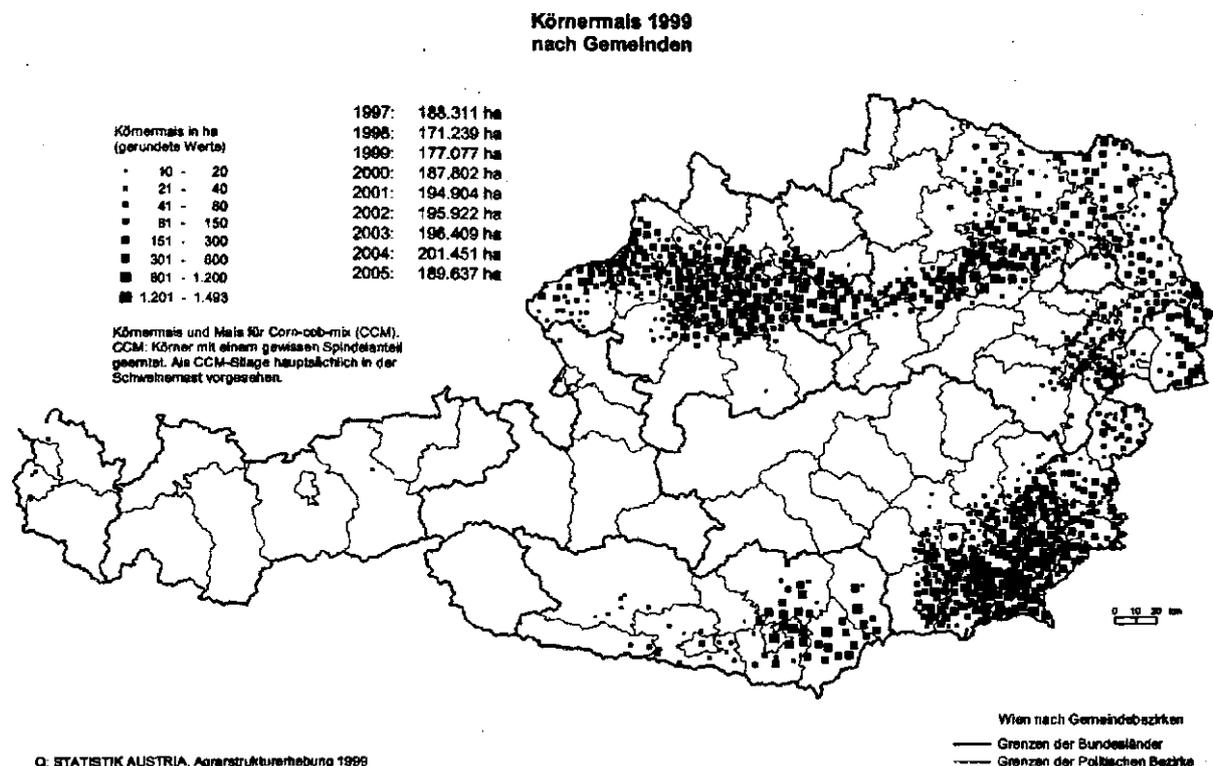


Abbildung 27: Körnermais in Österreich 1999 nach Gemeinden, Quelle: Statistik Austria, AGES Beschreibenden Sortenliste 2006 (allg. Lit.)

Genotypen

Beim Mais gibt es weltweit eine sehr große Zahl von Genotypen und Sorten, die sich aber sehr stark auf die verschiedenen Kornarten, wie Zahnmais, Hartmais und auf die Reifezahl beziehen. Besonders wichtig aber ist es, die genetischen Ressourcen von **Spezialmais** zu erhalten (Hallauer 2001). Spezialmais-Typen sind z.B. Popcorn-Mais, **Polenta-Mais** oder auch **Weißmais**, der in Vorarlberg als **Riebel-Mais** sehr viel verwendet wird. Der Autor hat bei einem Projekt

"Riebelmais in Vorarlberg: Kulturgeschichte, Herkünfte, Verwendung" mitgearbeitet (Dietrich, Reiner 2006). Auch in der Genbank der Arche-Noah finden sich einige Weißmais-Typen, die besonders erhaltungswürdig sind. Weißmais spielt weltweit eine sehr große Rolle als Grundnahrungsmittel, besonders in Afrika in den Ländern Äthiopien, Zimbabwe, Tanzania, Kenya, Malawi und Zambia. Weißmais ist traditionell der Lebensmittelmals, gelber und oranger Mais ist der Futtermals.

Sorten

Mais-Sorten sind im Gegensatz zu Weizen-Sorten in weiten Teilen Europas einsetzbar, allein abhängig von der Reifezahl. Beim Mais hat sich daher eine besonders große Variabilität betreffend das Merkmal Reifezahl herausgebildet. Die **Reifezahl** bedeutet die Anzahl der Tage von der Aussaat bis zur Gelbreife des Mais. Frühreife Sorten (200 - 250 Tage) können auch in Gebirgstälern angebaut werden; in wärmeren Regionen, wie im Osten Österreichs oder im Süden Europas, wählt man spät reifende Sorten (360 bis 470 Tage). In der Österreichischen Sortenliste finden sich Reifezahlen von 200 bis 470, das Mittelfeld liegt zwischen 260 und 350 (AGES 2006, allg.Lit).

Beim Mais kann sehr leicht **Hybridsaatgut** erzeugt werden. Bei der Herstellung von Hybridsaatgut müssen zuerst männlich sterile Pflanzen erzeugt werden, was beim Mais durch einfaches Entfahnen der Pflanze erfolgen kann. Mais war die erste Pflanze, bei der schon in den 50er Jahren überwiegend Hybridsaatgut am Markt war. Maissaatgut ist für den Landwirt also relativ teuer und umgekehrt für die Saatgutwirtschaft rentabel. Es muss ca. 120 €/ ha ausgegeben werden (bei Weizen nur zwischen 60 und 70 €/ ha). Die Maiszüchtung und der Saatgutmarkt sind daher beim Mais sehr dynamisch. In der Österreichischen Sortenliste (AGES 2006, allg. Teil) finden sich aktuell über 150 Maissorten aus den verschiedensten Ländern, darunter Körnermais und Silomais. Im Marktfruchtbericht für 2004 werden für Oberösterreich und Niederösterreich einige besonders erfolgreiche Sorten genannt: DK315, Texxud, Saxxoo, DKC4626, DKC3617, DKC5143. Die vielen Maiszüchter sind auf einer Website des Maskomitees Deutschland zusammengestellt. Eine eigene Züchtung in Österreich betreibt die Saatzucht Gleisdorf in der Steiermark.

10.3. Verarbeitung und Verwendung

Verfahrensidentität

Prinzipiell kann Mais mit **zwei müllerischen Verfahren** weiter verarbeitet werden. Durch **Nassvermahlung** wird die Stärke gewonnen, wobei als Nebenprodukt die Maiskeime anfallen, aus denen auch Maiskeimöl gewonnen wird. Mit Hilfe der **Trockenmüllerei** werden Maismehl, Maisgrieß und Polenta gewonnen (Reiner 2006).

Aus Maismehl wird **Fladenbrot** gebacken und **Maisgrieß** wird für Brei und **Riebel** verwendet. Die gelb pigmentierten Grieße heißen **Polenta**. Sie stammen aus Südtirol und dem Trentino und sind heute wieder sehr beliebte Mais-Beilagen

zu vielen Gerichten. Ursprünglich wurde in der Maismüllerei mehr Weißmais verwendet, dessen Verarbeitung zu Mehl hatte auf der ganzen Erde große Bedeutung. Noch heute ist Weißmais in vielen Ländern Afrikas ein Grundnahrungsmittel (Reiner 2006).

Gelb pigmentierte Sorten werden auch verwendet zur Herstellung von **Corn-Flakes**. Bei der Herstellung von Corn-Flakes wird der Mais entkeimt, dann wird ein sehr grober Grieß (Grits) gemahlen, der in Koch- und Flockenanlage zu Corn-Flakes verarbeitet wird. Zur Herstellung von **Pop Corn** werden ebenfalls eigene Sorten verwendet mit relativ dampfdichter Kornschale. Der beim Erhitzen entstehende Dampfdruck baut sich auf, das Korn platzt und die austretende Stärke verkleistert und erstarrt (Hallauer 2001).

Lebensmittel

Aus Mais werden folgende Lebensmittelgrundstoffe hergestellt: **Maisstärke** wird meist durch Nassvermahlung von Mais, Auswaschen mit Wasser und Trocknen der Stärke gewonnen. Aus dem Mais können etwa 60 % Stärke gewonnen werden. Bei diesem Verfahren fallen auch 10 % **Maiskeime** an, die getrocknet werden und aus denen das **Maiskeimöl** durch Extraktion gewonnen wird. Aus der Maisstärke werden wieder weitere Produkte hergestellt, wie die **Modifizierten Stärken** und durch Verzuckerung **Glucosesirup**. Glucosesirup findet sich in sehr vielen Backwaren und Füllungen.

Beim **Gemüsemais** oder **Zuckermais** werden die unreifen Maiskörner bzw. Sorten mit verzögerter Stärkebildung vor der Gelbreife geerntet. Diese Maisprodukte werden vor allem als Mais Kornsalate, als Gemüsebeilage oder auch auf Pizza konsumiert. Auf den Markt kommt dieser Mais als Frischgemüse, Tiefkühlgemüse oder Konservengemüse. Für Mais als Gemüse werden heute ganz spezielle Maissorten gezüchtet. Bei Gemüsemais ist die Bekämpfung des Maiszünslers besonders wichtig. Der transgene Bt 11 Mais von Syngenta ist für Gemüse- und Süßmais bestimmt. Diese gentechnischen Veränderungen betreffen daher warenkundlich auch das Gemüse und nicht das Getreide (Reiner 2001).

Futtermittel und Nebenprodukte

Als wichtigste Futterpflanze ist der Mais ein wesentlicher Faktor für die Qualität tierischer Lebensmittel. Seit dem BSE-Problem werden für Futtermittel immer strengere Kriterien angelegt, die in der Forderung gipfeln, dass nur das verfüttert werden darf, was auch als Lebensmittel zugelassen wäre. Der Mais kann praktisch in allen Wachstumsstadien als Futterpflanze genutzt werden. Zunächst kann der Mais als **Grünfutter** abgemäht werden. Wird der Mais später geerntet, so wird mit einem **Maishäcksler** (corn chopper) geerntet. Für die Herstellung von **Silomais** wird die ganze Pflanze vor der Gelbreife geerntet. Das Erntegut wird in einem Silo der Milchsäurefermentation überlassen, genau wie bei der Sauerkrautherstellung. Es entsteht **Maissilage**, die sich als Futter sowohl für Mastriinder als auch für Milchkühe besonders gut eignet. Die **Maiskolbenprodukte** sind jene Ernteprodukte, bei denen der Kolben mitgeerntet wird,

heute vor allem **Corn Cob Mix** (Korn Spindel Mix). Dieses Ernteprodukt wird vor allem in der Schweinemast verwendet.

Unter die eigentliche "Getreideernte" fallen die **Körnermais-Produkte**. Beim Dreschen werden alle Teile des Kolbens entfernt, sodass nur die Maiskörner anfallen. Die Ernte erfolgt mit einem Mähdrescher zur Gelbreife der Körner. Da die Ernte sehr spät erfolgt, oft bis hinein in den November und die Körner eine relativ hohe Feuchtigkeit haben, so muss das Erntegut haltbar gemacht werden. Dafür gibt es zwei Möglichkeiten:

- **Ganzkornsilage oder Maiskornsilage:**
Das ganze Korn wird einsiliert und einer Milchsäuregärung überlassen. Es entsteht Körnermaissilage. Diese wird in der Statistik als Körnermais geführt. Der Vorteil ist, dass der geerntete Körnermais nicht getrocknet werden muss.
- **Trockenmais:**
Die Maiskörner werden getrocknet und sind dann wie Weizen, Gerste oder Roggen lagerfähig und damit eine Handelsware (eine "Marktfrucht"). Für die Verfütterung wird dann meist **Maisschrot** hergestellt, der auch im **Mischfutter** Verwendung findet.

Es muss noch erwähnt werden, dass es viele Maisfuttermittel gibt, die Nebenprodukte der Maisverarbeitungsverfahren sind. **Maiskleberfutter** (maize gluten feed) ist das Eiweiß, das nach Auswaschen der Stärke aus dem Korn übrig bleibt, mit einem Eiweißgehalt von 21 - 23 %. **Maiskeimschrot** (maize germ meal) ist der Extraktionsschrot der Maiskeime, der nach der Gewinnung von Maiskeimöl übrig bleibt, mit einem Eiweißgehalt von ca. 60%. Sie alle wären von einer gentechnischen Veränderung natürlich speziell betroffen und das Vorhandensein von Bt-Toxin in diesen Produkten wäre immer eine Frage für die Futtermittelkette (Reiner 2001).

Wirtschaftliche Bedeutung

Mais ist in der Erntemenge mit 701 Mill. T im Jahr 2005 weltweit inzwischen auf die erste Stelle aufgerückt vor Weizen und Reis. Österreich hatte im Jahr 2005 eine Körnermais-Ernte von 1,7 Mill. T, dabei entfielen auf die wichtigen Bundesländer Niederösterreich, Steiermark und Oberösterreich jeweils etwas über 400.000 T. Der Maisanbau wird in Österreich sehr wichtig genommen und liefert das Grundeinkommen vieler Landwirtschaftsbetriebe (Statistik Austria, 2006 allg.Websites).

Immer größere Bedeutung bekommt der Mais auch als Energiepflanze. Mais kann als ganze Pflanze geerntet, in Flachsilos siliert und in großen Biogastanks zur Erzeugung von **Methan** genutzt werden. Dieses wird dann meist in Gasmotoren zur Erzeugung von elektrischer Energie verbrannt. Körnermais kann natürlich auch verzuckert werden und dann zu **Äthanol** weiter vergoren werden. Diese beiden Energienutzungen werden den Markt für Mais in Zukunft stark beeinflussen (siehe Website: [Maiskomitee Deutschland](#)).

10.4. Gentechnische Veränderungen

Transgene Techniken

Über die ersten Transformationen von Mais berichten Armstrong et al. (2000). In den späten 80er Jahren wurden Versuche gemacht mit transgenen Protoplasten von Mais und transgenen Zellkulturen. Gordon-Kamm et al. beschrieben 1990 den ersten fertilen transgenen Mais, der mit Hilfe von Partikel-Beschuss von embryonalen Zellkulturen entwickelt worden war. Die Methoden wurden im Laufe der 90er Jahre laufend verbessert. Ende der 90er Jahre gab es die ersten Berichte über Transformationen mittels *Agrobacterium*. 10 Jahre nach den ersten erfolgreichen Transformationen wurden im Jahr 1999 bereits 11,1 Mill. ha transgener Mais auf der Erde angebaut.

Gruppen

Beim Mais werden folgende Gruppen von Transformationen seit Beginn intensiv bearbeitet:

Herbizid-Resistenz: Die Herbizid-Resistenzen stehen an erster Stelle, weil die Gene gleich bei der Selektion der transformierten Pflanzen verwendet werden konnten. Deshalb gab es die **Glyphosat-** und die **Glufosinat-**Toleranz schon ganz zu Beginn der Transformationstechnik. Dazu kommt, dass das Unkrautproblem beim Mais viel schwerwiegender ist, als bei den anderen Getreiden. Der Grund liegt darin, dass der Mais wegen seiner Herkunft aus wärmeren Gegenden in Amerika erst im Mai ausgesät werden kann, also in einer Jahreszeit, in der der Unkrautdruck besonders groß ist. Beide transgenen Herbizid-Resistenzen sind heute in Verwendung; ihre Wirkungsweise wurde im allgemeinen Teil dieser Arbeit genau erklärt. Beide Systeme haben heute in der EU eine Marktzulassung erreicht.

Insekten-Resistenz: Der **Maiszünsler** (*Ostrinia nubilalis*) ist der wichtigste Maisschädling in den USA und gab den ersten Anstoß für die Produktentwicklung von Insekten-resistentem transgenem Mais. Ein Gen für die Toxin-Bildung von ***Bacillus thuringiensis* (Bt)** wird in den Mais eingebracht. Der Mais exprimiert dann das Toxin in verschiedenen Pflanzenteilen und die Larven des Zünslers sterben nach dem Fraß am Mais ab. Es handelt sich um ein kristallines Protein mit Namen **Cry1A(b)**. Das Protein entstammt dem Stamm *B. thuringiensis* ssp. *kurstaki* und wirkt speziell gegen Lepidopteren (Schmetterlinge). Die ökologischen Aspekte dieser Gruppe von Transgenen werden in vielen Publikationen diskutiert.

Die Zünsler-Thematik hat in den letzten Jahren an Aktualität verloren und ist auch in Österreich aus bereits dargelegten Gründen heute nicht mehr so aktuell. Das neue Auftreten des **Maiswurzelbohrers** (*Diabrotica virgifera*) hat aber den Bt-Mais wieder ins Gespräch gebracht. Es wurde in *B. thuringiensis* subsp. *kumamotoensis* das Protein bzw. das Gen **cry3Bb1** gefunden, das gegen Coleopteren (Käfer) gut wirkt. Einige Events tragen nun dieses Gen bzw. auch

die Gene beider Bt-Toxine, um gegen den Maiszünsler und den Maiswurzelbohrer einsetzbar zu sein.

Produkt-Qualität: Einige gentechnische Veränderungen betreffen die Produktqualität. Mais hat von Natur aus einen relativ niedrigen Gehalt an der Aminosäure Lysin. Transgener Mais soll dieses Defizit für die Tierfütterung ausgleichen. In Entwicklung ist der Event Mais LY038 und Kreuzungen mit anderen Events (Mais LY038xMON810).

Energie-Pflanzen: Eine thermostabile Alpha-Amylase erleichtert die Umwandlung der Stärke zu Zuckern, eine Voraussetzung für die Herstellung von Bio-Äthanol. Solche transgene Mais-Sorten sind ausschließlich für die Züchtung von Energiepflanzen gedacht.

Häufig gibt es bei Pflanzen gentechnische Veränderungen, die eine **männliche Sterilität** zum Ziel haben. Eine solche gentechnische Veränderung macht beim Mais weniger Sinn, da die Hybrid-Saatgutproduktion relativ einfach durch Entfahnen der Saatgut produzierenden Reihen erreicht werden kann.

Den besten Überblick über die Gruppen von transgenem Mais erhält man über die Datenbank des Joint Research Center und über das neue GM Register (Community Register on GM Food and Feed) der EU. Die vielen gentechnischen Veränderungen in den USA und weltweit finden sich auf der Website Agbios (siehe allg. Teil).

Jüngste Geschichte

Um die aktuellen transgenen Events beim Mais richtig einordnen zu können, ist es sinnvoll, die jüngste Geschichte der Markteinführungen und der politischen und gesetzgeberischen Meilensteine Revue passieren zu lassen. Aus den beiden europäischen Chemie-Riesen Höchst und Ciba-Geigy entwickelten sich durch fortlaufende Acquisitions und Fusionen jene Firmen, die heute die gentechnischen Veränderungen bei Mais in Händen halten. Die wiederholten Namensänderungen resultieren vor allem aus den Ausgliederungen der Agrobereiche aus den Pharmazie- und Chemiebereichen und lassen auf den ersten Blick nicht erkennen, dass hinter diesen Produktentwicklungen eine sehr große Kontinuität steht (Quellen: Websites der Firmen mit Stand September 2006).

Höchst und Schering bilden im Jahr 1994 die Firma AgrEvo. Diese Firma übernimmt im Jahre 1996 die Belgische Biotechnologie-Firma Plant Genetic Systems (PGS). Durch Fusion von AgrEvo und Rhône-Poulenc Agro wurden im Jahre 2000 der Konzern Aventis Crop Science gegründet, der im Jahre 2002 zu **Bayer Crop Science** wurde. Diese Firmen haben vor allem an der Entwicklung der **Basta-Resistenz** und am **Liberty-Link-System** gearbeitet.

Ciba-Geigy und Sandoz schlossen sich 1996 zur Firma Novartis zusammen. In dieser Zeit wurde sehr stark die Markteinführung eines **Bt-Maises** versucht. Im November 2000 wurde durch Zusammenschluss von Novartis Agribusiness und Zeneca Agrochemicals der Konzern **Syngenta** gegründet.

Monsanto besteht schon seit 1901 und vermarktete seit 1976 das Herbizid **Roundup**. Nach der Übernahme verschiedener Biotechnologiefirmen und Züchter bringt Monsanto 1997 **YieldGard** Corn Borer resistenten Mais auf den Markt. Im Jahre 1998 wird im Mais dieses Merkmal noch kombiniert mit der Roundup Ready Technologie. 2003 und 2004 kommen unter der Marke YieldGard weitere Roundup Ready-Bt-Mais-Sorten auf den Markt. Auch die in den letzten Jahren in Europa kommerzialisierten Mais-Events gehören in diese Entwicklungslinie.

Tabelle 7: Freisetzungen von transgenem Mais in der EU nach Ländern

Indirekt zeigt diese Tabelle auch die Bedeutung, die der Mais in den jeweiligen Ländern ganz allgemein hat.

Land	Corn	Maize
Österreich		1
Belgien	1	27
Tschechien		1
Deutschland		23
Dänemark		1
Spanien	8	154
Finnland		
Frankreich		267
Großbritannien		7
Griechenland		6
Ungarn		17
Irland		
Island		
Italien		98
Niederlande		13
Norwegen		
Polen		2
Portugal		14
Schweden		1
Summe	9	632
Summe Corn und Maize		741

Quelle: Datenbank des Joint Research Center (Stand der Abfrage: 12. Sept. 2006: Total number of summary notifications circulated mit Stand 11.5.2006)

Aktuelle Transgene

Sorten mit den folgenden Events sind in der Produktentwicklung. Es gibt jeweils für die beiden wichtigen Herbizide **Glufosinat** und **Glyphosat** eine Zulassung, beim Glufosinat kombiniert mit dem Bt-Toxin. Nach der Zulassung der transgenen **Mais-Events** beginnen die Entwicklungen **transgener Maissorten**, die im Rahmen dieser Arbeit nicht genauer recherchiert werden konnten.

Tabelle 8: Aktuell sind nach den Verordnungen EG Nr 258/97 sowie EG Nr. 1829/2003 folgende Events zugelassen:

Transformat Event	Firma	Datum der Zulassung	Bestimmung
Bt11	Syngenta Seeds BV	19.5.2004	Süßmais, frisch oder in Dosen
NK603	Monsanto Europe S.A.	26.10.2004	Lebensmittel und Lebensmittelzutaten
MON863	Monsanto Europe S.A.	13.1.2006	Lebensmittel und Lebensmittelzutaten
GA21	Monsanto Europe S.A.	13.1.2006	Lebensmittel und Lebensmittelzutaten
DAS1507	Pioneer Overseas Corporation	3.3.2006	Lebensmittel und Lebensmittelzutaten

Quelle: GM Register der EU (Community Register of GM Food and Feed)

Jene **Mais-Events**, die in den letzten Jahren häufig im Gespräch waren, sollen hier zur Übersicht kurz charakterisiert werden. Dazu kommen noch zahlreiche Kombinationen von Events, wie z.B. NK603 X Mon 810.

- **T 25** Liberty Link (Basta-Resistenz) von Bayer Crops Science
- **Bt 176** von Syngenta, neben Bt-Toxin Cry1A(b) eine Glufosinat-Toleranz
- **Bt 11** von Syngenta, Bt-Toxin Cry1A(b)
- **Mais 59122** von Pioneer ist ein Bt-Mais (Cry34Ab1, Cry35Ab1) mit Glufosinat-Toleranz
- **Mais 1507** Bt-Mais (Cry1F) und Glufosinat-Toleranz
- **NK 603** ist ein Glyphosat (Round-Up) toleranter Mais mit dem EP4-EPSPS.
- **Mon 810** von Monsanto ist ein Bt-Mais (Cry1Ab)
- **Mon 863** von Monsanto ist ein Bt-Mais mit dem Cry3b1 Protein, Resistenze gegen den Maiswurzelbohrer, auch kombiniert mit Mon 810.
- **LY 038** und eine Kreuzung LY038xMON810 ist ein Mais mit erhöhtem Lysingehalt.
- **Mais 3272** ist ein Mais mit einer thermostabilen Alpha-Amylase, für Bioethanol aus Maisstärke.
- **GA 21** ist ein Glyphosat (Round-Up) toleranter Mais mit dem EP4-EPSPS

Die Anbaufläche von transgenem Mais hat inzwischen weltweit über 20 Mill. ha im Jahr (2005) erreicht. In den USA wurden im Anbaujahr 2005 von 30,1 Mill. ha Mais 17,1 Mill. ha transgener Mais angebaut. Mit 55 % war dies mehr als die Hälfte der Anbaufläche. In Spanien wurden im Jahr 2005 an transgenem Mais 53.000 ha angebaut. Immer noch liegt der Schwerpunkt der Gentechnik beim Mais aber in den USA (Transgen, allg.Websites).

10.5. Lebensmittelsicherheit und Qualität

Lebensmittelsicherheit

Häufig wird bei der Beurteilung von transgenem Mais nur jener Mais in Betracht gezogen, der in einer Gegend für die Landwirte der Haupterwerb ist. Diese Arbeit hat aber aufgezeigt, dass die Kulturpflanze Mais besonders vielfältige Nutzungsformen hat, die alle in die Überlegungen mit einbezogen werden müssen. Mais wird z.B. sehr häufig als Gemüse konsumiert und Weißer Mais oder Gelber Polenta-Mais könnten für die Trockenmüllerei angebaut werden.

In Trockengebieten angebaute Mais gelangt in die Stärkeindustrie und die Produktwege verzweigen sich dort sehr stark, sodass eine große Zahl von Lebensmitteln eine GMO-Zutat hätte. Diese GMO-Zutaten sind zwar meist nur wenige Prozent (im Falle von Maisstärke, Maiskeimöl oder Glucosesirup), würden aber den Lebensmittelherstellern dauernd Schwierigkeiten bereiten. Die Stärke-Industrie wehrt sich besonders gegen transgenen Mais, weil eine IP-Produktion von Gentechnik-freiem Mais "in Koexistenz" mit transgenem Mais sehr viel Aufwand ist (Hallauer 2001).

Fragen der Koexistenz im Falle eines Anbaus von gentechnisch veränderten, konventionellem und biologisch angebauten Mais werden in der Studie von Pascher und Dolezel (2005) erläutert. Relevante Fragen hierbei sind der Abstand der Maisfelder und Grenzwerte für Verunreinigungen im Saatgut.

Schließlich ist das Bt-Protein auch in der Eiweißfraktion direkt in Lebensmitteln nachweisbar. Dies war auch in jüngster Zeit immer wieder ein Thema der Rückverfolgbarkeit und eine Herausforderung für die produzierenden Firmen. Beispiele waren die Rückholaktion für die Mais-Tacos aus Mexiko.

Ökologisches Risk Assessment

Der auf großen Flächen angebaute Silomais und Körnermais gelangt zur Blüte und transgene Pollen verunreinigen Maisfelder in einem weiten Umkreis. Auch bei den Silomaispflanzen wird das Endosperm transgen. Außerdem können nicht geerntete oder stehen gelassene Kolben und ausgefallene Körner oder absichtlich als Gründüngung ausgebrachte Reste von Saatgut oder Nachbau in den Anbau gelangen. Obwohl dies eher selten stattfindet, wäre durch die große Maisfläche in Österreich hier eine weitere Quelle für Vermischung gegeben. Der Anbau von transgenem Mais verursacht also sowohl durch seine Pollenschüttung als auch durch transgene Körner große Probleme.

Gegenstand des Ökologischen Risk-Assesement sind vor allem die Wechselwirkungen des Bt-Maises mit sogenannten Nicht-Ziel Organismen, dies sind Organismen im Ökosystem Maisfeld. Ein Handbuch für Monitoring (Müller 2001) und eine ausführliche Diskussion ökologischer Effekte auf Nichtziel-Organismen (Dolezel et al. 2005) beschäftigen sich eingehend mit diesen Fragen.

10.6. Diskussion

Das am stärksten bearbeitete Merkmal ist die Resistenz von Bt-Mais gegen den Maiszünsler. Der Maiszünsler kann aber durch eine Reihe von Maßnahmen eines sorgfältigen Pflanzenbaues in Grenzen gehalten werden. Die gentechnische Veränderung von Pflanzen mit dem Ziel, Insekten-Resistenzen zu schaffen ist prinzipiell sehr schwierig, da Insektenschädlinge eine nicht voraussehbare Dynamik haben. Der seit den frühen 90er Jahren sich ausbreitende Maiswurzelbohrer kann inzwischen auch durch Monitoring und sofortige Quarantäne-Maßnahmen sehr effektiv eingedämmt werden.

Die transgenen Maispflanzen enthalten in allen Pflanzenteilen in den Eiweißfraktionen das Bt-Protein und das Bt-Gen, das in allen Lebensmitteln nachweisbar wäre. Dies wird weder von der Lebensmittel-Industrie noch von den Konsumenten gewünscht. Es ist nicht zu rechtfertigen, dass alle Lebensmittel das Bt-Toxin enthalten, mit dem einzigen Grund, das Zünsler-Problem zu vermeiden.

Eine neue Entwicklung der letzten Jahre ist die verstärkte Nutzung des Mais als Energiepflanze zur Produktion von Biogas oder Bioäthanol. Die "Nachwachsenden Rohstoffe" wurden schon als "Einfallstor für die Gentechnik in der Landwirtschaft" bezeichnet, weil hier vordergründig keine direkten Probleme der Lebensmittelsicherheit drohen. Die großen ökologischen Probleme durch Einkreuzen von Transgenen werden aber indirekt auch den Lebensmittelsektor betreffen.

10.7. Quellen

Websites

BMGF Bestellservice

<http://www.bmgf.gv.at/cms/site/bestellservice.htm>

GM Register

http://ec.europa.eu/food/dyna/gm_register/index_en.cfm

Joint Research Center - Datenbank

<http://gmoinfo.jrc.it/>

Maiskomitee Deutschland

<http://www.maiskomitee.de>

Maizemap/Maisgenkarte

<http://www.maizemap.org/maps.htm>

Maize Genetics and Genomics Database

<http://maizegdb.org/>

Maize Full Length cDNA Project

<http://www.maizecdna.org/>

Literatur

Armstrong C.L., Spencer T.M., Stephens M.A., Brown S.M.: Transgenic Maize. - pp 115- 152 IN: O'Brien, Henry (2000), siehe allg.Lit.

Cate Peter: Maiswurzelbohrer in Österreich Erfahrungen aus Monitoring und Kontrolle. - Mais Jg. 32 (2) 44-45 (2004)

Dietrich R., Reiner H.: Riebelmais in Vorarlberg: Kulturgeschichte, Herkünfte und Verwendung", ÖFAV, Studie im Auftrag der Vorarlberger Landesregierung, Lauterach, Wien, 2006

Dolezel M., Pascher K., Just G., Reiner H.: Abschätzung von Umweltauswirkungen exemplarisch ausgewählter Pflanzen auf unterschiedliche Standorte in Österreich als Resultat möglicher Freisetzen (Anmerkng: Marille, Mais und Raps). - Forschungsbericht hrsg. vom Bundesministerium für Soziale Sicherheit und Generationen, Sektion VII (2002)

Dolezel M., Heissenberger A., Gaugitsch H.: Ecological effects of genetically modified Maize with insect resistance and/or herbicide tolerance. - Forschungsbericht der Sektion IV des Bundesministeriums für Gesundheit und Frauen (BMGF - Österreich), Band 6 / 2005

Freeling Michael, Walbot Virginia (eds.): The Maize Handbook. - Springer Verlag NewYork 1996 (Fachbibl.-Bio der BOKU)

Gordon-Kamm W.J. et al. and P. Lemaux (1990): Transformation of maize cells and regeneration of fertile transgenic plants. - The Plant Cell 2, 603-618 (1990)

Hallauer Arnel R. (hrsg.): Specialty Corns - Boca Raton CRC Press 2001

Müller Werner: Handbuch zu Monitoring und Resistenzmanagement für Bt-Mais. - Monographien des Umweltbundesamtes (UBA - Österreich) Bd. 144, Wien 2001

Neuffer M.G., Coe E.H., Wessler S.R.: Mutants of Maize. - Cold Spring Harbor Laboratory Press 1997 (Fachbibl.-Bio der BOKU)

Pascher K., Dolezel M.: Koexistenz von gentechnisch veränderten, konventionellen und biologisch angebauten Kulturpflanzen in der österreichischen Landwirtschaft. (Anm: Mais, Raps, Zuckerrübe) - Forschungsbericht der Sektion IV des Bundesministeriums für Gesundheit und Frauen (BMGF - Österreich),

Band 2 / 2005

Reiner H.: Warenstrom Mais - Ausarbeitung für einen Kunden, Mai (2001)

Reiner H.: Maismehl und Maisbrot. - Österreichische Bäckerzeitung Jg. 101 (18), S 1-4 (2006)

Vidal S., Moeser J.: Der Westliche Maiswurzelbohrer in Europa Neue Erkenntnisse und Strategien. - Mais Jg. 32(3) 92-93 (2005)

11. Reis

Das Kapitel Reis wird hier als eine Zusammenfassung bzw. Wiederholung der Vorläuferstudie des Autors der vorliegenden Arbeit präsentiert (Reiner 2004). Diese Studie hatte die Agrarökologie von Reis und Baumwolle zum Gegenstand, auch mit dem Ziel, die Grüne Gentechnik besser beurteilen zu können. Die einzelnen Kapitel sind daher hier kurz gehalten und nur neu hinzu gekommene Literatur wird zitiert, insbesondere Arbeiten über die im Jahr 2004 abgeschlossene Sequenzierung des Reis-Genoms.

11.1. Botanik

Systematische Einordnung

Der Reis (*Oryza sativa*) gehört zum Tribus der *Oryzeae*. Zur Gattung *Oryza* gehören 20 gut bearbeitete wilde Arten, die meist in Asien vorkommen, und zwei Kulturreisarten, *Oryza sativa* in Asien und *Oryza glaberrima* in West-Afrika.

Viele wilde Reispflanzen "weedy rice" sind widerstandsfähige Unkräuter im Kulturreis. Diesem Problem ist ein eigenes Kapitel gewidmet. Besonders die rot pigmentierten Unkraut-Reisarten sind Ursache des **Red Rice-Problems**. Im Erntegut sind rot pigmentierte Körner, sodass beim Verkauf Preisabschläge für den Anbauer die Folge sind.

In der größeren Verwandtschaft der *Oryzeae* findet sich auch eine in Österreich heimische Grasart: die **Reisquecke (*Leersia oryzoides*)**. Sie ist ein seltener Schlammbewohner der Flussufer und kommt z.B. im Norden Niederösterreichs an der Thaya vor.

Die wilden Reisarten sind auch eine wichtige genetische Ressource bei der Suche nach Resistenz-Genen und anderen Genen. So wurde z.B. ein Gen für die männliche Sterilität (MS) in der Art *Oryza rufipogon* aufgefunden.

Morphologie

Das Besondere an der Reispflanze ist, dass ihre Morphologie ganz darauf eingestellt ist, sowohl im Trockenen als auch im Wasser zu überleben. Die Sprossachse hat einen Hohlraumssystem (Aerenchym), das bis zur Wurzel hinunter reicht und der Luftversorgung dient. Die Reisblüte hat im Gegensatz zu den Blüten anderer Getreidearten 6 Staubblätter.



Abbildung 28: (1) Reisrispe, (2) Reisblüte mit 6 Staubbeuteln (3) Reiskorn mit Spelze, Quelle: Beck von Mannagetta (1905)

Physiologie

Reis ist überwiegend ein Selbstbefruchter (self pollination). Es gibt aber auch 1 - 4 % Fremdbefruchtung, was für die Kreuzungen mit den Unkraut-Reisarten von großer Bedeutung ist.

Zytologie

Alle Arten der Gattung *Oryza* haben entweder $2n = 2x = 24$ oder als tetraploide Arten $2n = 4x = 48$ Chromosomen. Die Kulturreisarten sind diploid mit dem Genom AA für *Oryza sativa* und A^aA^a für *Oryza glaberrima*. Die Reischromosomen werden von 1 bis 12 durchnummeriert, wobei 1 das längste Chromosom ist und 12 das kürzeste.

Genetik

Das Reisgenom ist das kleinste unter allen Getreidearten, gehört aber auch allgemein zu den Pflanzen mit einem sehr kleinen Genom. Der Reis hat nur 430 Mbp (430 Millionen Basenpaare). Das genaue Ergebnis der Sequenzierung ergab sogar nur 389 Mbp. Nur wenige Pflanzen haben ein noch kleineres Genom, wie z.B. die wichtige Modellpflanze der Genetiker, der Ackerschmalwand (*Arabidopsis thaliana*) mit nur 125 Mbp. Der Ackerschmalwand ist eine wild wachsende Brassicacee auf mageren Äckern, die auch in Österreich häufig vorkommt.

Die Kartierung des Reisgenomes ist inzwischen sehr genau. Im Jahr 1978 wurde mit dem Merkmal "sugary endosperm" eine Genkarte erstellt, die erstmals 12 Kopplungsgruppen (linkage groups) ergab, die damit schon die 12 Chromosomen widerspiegeln (heutige Gen-Namen: *sug1* und *sug2*). Schon um 1985 gab es eine genetische Karte von 119 Genen, die aber meist nur morphologische Mutanten betrafen mit wenig Wert für die praktische Züchtung.

In Japan hat das Landwirtschaftsministerium (MAFF) im Jahr 1991 ein großes Projekt zur Analyse des Reisgenoms gestartet mit dem Namen "Rice Genome Research Program" (RGP). Während der ersten Phase des Projektes 1991 - 1997 wurde eine sehr dichte Kopplungskarte mit Hilfe von 3000 DNA-Markern erstellt. In der Zwischenzeit sind mehr als 10 genetische Karten verfügbar, die meist über Gramene (allg. Websites) zugänglich sind.

Das Projekt zur Sequenzierung aller 12 Reis-Chromosomen, das "International Rice Genome Sequencing Project" (IRGSP Website), wurde von einem sehr großen Forschungskonsortium durchgeführt, an dem insgesamt 10 Länder beteiligt waren. Das führende Land Japan hat dabei die Sequenzierung von 6 Chromosomen übernommen. Die Genom-Sequenz der Reis-Sorte 'Nipponbare' wurde im Dezember 2004 abgeschlossen und im August 2005 vom IRGSP in der Zeitschrift Nature veröffentlicht.

Das Genom des Reis hat 37.544 Gene, davon viele in doppelter oder mehrfacher Kopie. Ungefähr 71 % dieser Gene sind homolog mit jenen von *Arabidopsis thaliana*, deren Sequenzierung schon im Jahre 2000 abgeschlossen worden war. 2.859 Gene fanden sich nicht in *Arabidopsis thaliana*, könnten aber immer noch in anderen monokotylen und dikotylen Pflanzen zu finden sein. Ein hoher Prozentsatz von Genen stammt von Transposons und Retrotransposons ab.

Alle Ergebnis-Daten dieser Sequenzierung finden sich auf der Website des [IRGSP](#).

Inzwischen ist das gesamte Reis-Genom über die Datenbanken [Gramene/Reis](#) und neuerdings auch über [NCBI](#) (siehe allgemeine Websites) zugänglich. Man kann alle Chromosomen anklicken und die Gesamte DNA- Sequenz ablesen. Chromosom 6 von Reis hat z.B. über 31 Mill. Basenpaare. Clickt man auf einen Teil des Chromosoms, wird die Position angezeigt und folgende Informationen zu diesem DNA-Abschnitt können direkt abgelesen werden:

- Basensequenz
- Aminosäure-Sequenz
- Gene
- Funktion der Gene
- Introns und Exons
- Transposons und andere repetitive Elemente
- Genetische Marker

Interessant in [Grame](#) ist auch ein Zugang über die Biochemie (Biochemical Pathways - Search for all the rice pathways on starch metabolism). Man findet den Kohlenhydrat-Biosyntheseweg in Japonica-Typen mit allen daran beteiligten Enzymen. Man kann nun direkt diese Enzyme anklicken und hat im Überblick alle Gene, die an der jeweiligen Biosynthese beteiligt sind.

Die Entwicklungen auf dem Gebiet der Reisgenomforschung sind mit der abgeschlossenen Sequenzierung noch lange nicht am Ende. Es muss nun die Funktion jedes Genes verstanden werden, wie ein Gen die dreidimensionale Struktur der Proteine kodieren kann und, wie der Zeitpunkt der Expression und die Koordinierung mit anderen Genen erfolgt. Diese jüngsten Bemühungen bedienen sich unter anderem der neuen Techniken des TILLING (Targeted local lesions in genomes), der QTL-Analysen (Quantitative Trait Loci Analysen) und den vielen neuen Möglichkeiten der Bioinformatik. Die abgeschlossene Sequenzierung des Reisgenoms ist aber jedenfalls ein wichtiger Meilenstein in der Getreide-Genomik und wird die Erforschung und die Züchtung der Getreide weiter beschleunigen.

11.2. Pflanzenbau und Züchtung

Anbausysteme

Beim Reis unterscheidet man Nassreisanbau, mit dem ungefähr 73 % der Welternte erwirtschaftet wird. Für die globale Ernährungssicherheit ist vor allem der Trockenreisanbau sehr wichtig. Der Nassreis wird in Asien direkt ins Wasser gepflanzt, oder in so genannten "puddled soil" gesät. Angekeimte Körner können auch direkt ins Wasser gesät werden. Heute erfolgt aber auch Drillsaat auf trockenen Boden, wobei später gewässert wird. Das Puddling kann heute noch

mit Maschinen durchgeführt werden, da bei dieser Saatbettbereitung der rote Reis nicht aufkommt. Die wichtigste Maßnahme im Nassreisanbau ist das Fluten bzw. Trockenlegen der Reisfelder.

Unkräuter

Das Flutungssystem ist auch das wichtigste Werkzeug zur Unkrautregulierung im Reis und die beste Methode zur Bekämpfung des Roten Reis. Roter Reis ist ein Unkraut in den Reiskulturen. Es handelt sich botanisch um dieselbe Art wie der Kulturreis und unterscheidet sich nur auf Unterart-Niveau (*Oryza sativa* ssp *spontanea*, auch *O. sativa* f. *sylvatica*). Das Red Rice Problem kann daher nicht durch selektive Unkrautbekämpfung gelöst werden. Die Ernteware ist durchsetzt mit leicht pigmentierten roten Körnern, was zu erheblichen Preisabschlägen beim Verkauf führt. Der rote Reis hat typische Unkraut-Eigenschaften, wie Ausfallen der Früchte und längere Keimruhe. Sowohl in den USA als auch in Europa gibt es Projekte, die sich mit diesem Problem befassen. Neben dem "Roten Reis" werden in den USA häufig folgende Unkräuter im Reis genannt: barnyardgrass (*Echinochloa crus-galli*), morningglory (*Calystegia* sp.), joint vetch (*Aeschynomene* sp.) und hemp sesbania (*Sesbania exaltata*).

Schädlinge

Weltweit gibt es zahlreiche, je nach Anbaugebiet sehr verschiedene Insekten, die auf Reisfeldern als Schädlinge auftreten. Besonders in Europa haben die räumlich weit auseinander liegenden Reis-Anbaugebiete ganz unterschiedliche Probleme.

In den USA werden u.a. folgende Schädlinge für den Reis genannt:

- Rice water weevil - Rüsselkäfer (*Lissorhoptrus oryzophilus*)
- Rice stink bug - Stinkwanzen (*Oebalus pugnax*)
- Army worms - *Pseudaecia unipuncta*
- Rice stalk borer - *Chilo plejadellus*
- Leafhopper - *Macrostelus facifrons*

In der Vorläuferstudie über Reis (Reiner 2004) sind weitere Schädlinge und Nützlinge aufgelistet, die in den Reisanbaugebieten Asiens vorkommen. Die Bt-Transformationen zielen vor allem auf die verschiedenen Stalkborer und Stemborer-Arten ab (siehe auch Website über Pests des International Rice Research Institutes).

Krankheiten

Die wichtigsten Reiskrankheiten sind, wie bei den meisten anderen Getreiden die Pilze:

Fusarium moniliforme (Synonym: *Giberella fujikuroi*): Keimlinge und Jungpflanzen zeigen gelbe Verfärbung. Der Pilz scheidet das Pflanzenhormon

Giberellinsäure aus. Die Krankheit findet man in Asien und heute auch in Kalifornien.

Rice Blast wird verursacht durch den Pilz *Pyricularia grisea* (*teleomorph: Magnaporthe grisea*). Rice Blast ist die wichtigste Reiskrankheit auf der Erde. Ein deutliches Symptom ist das Reißen (blast) der Reis-Halme.

Rice Sheath Blight: wird verursacht durch den Pilz *Thanatephorus cucumeris*. (Nebenfruchtform: *Rhizoctonia solani*) Der Pilz ist nahe verwandt mit dem Verursacher der entsprechenden Kartoffelkrankheit. Im Reis verursacht der Pilz vor allem ein Ausbleichen der Blattscheiden (engl. sheath), wobei sich häufig ein schlangenförmiges Muster ausbildet. Diese Krankheit ist in den Reisanbaugebieten der USA bedeutend.

In der Vorläuferarbeit (Reiner 2004) wird dieses Kapitel noch etwas genauer ausgeführt. Die Pilzerkrankungen des Reis wären ja wiederum die ersten Ziele (target traits) für eventuelle gentechnische Veränderungen.

Pflanzenschutz

Die traditionelle und sehr effektive Unkrautbekämpfung im Reis ist das Fluten und Trockenlegen der Reisfelder, wobei die an die Trockenheit angepassten Unkräuter bzw. die aquatischen Unkräuter bekämpft werden. Der Einsatz von Totalherbiziden in gefluteten Reisfeldern ist mit großen Problemen verbunden. Zur Unkrautbekämpfung in Reis wurden auch Schnecken und Enten bereits erfolgreich eingesetzt.

Anbaugebiete

Das größte geschlossene Reisanbaugebiet liegt in der Provinz Hubei in China. Schon im 3. Jahrtausend v.Chr. ist Reisanbau in China, Thailand und Indien nachgewiesen. Der Reisanbau breitete sich über ganz Asien und weiter über die ganze Erde aus. Nach Amerika kam der Reis direkt aus Madagaskar. Das erste Reisland in den USA war das küstennahe Sumpfbereich in South Carolina und der Mündungsbereich des Mississippi. Mit Hilfe moderner Vermessungstechnik und mit Planiermaschinen konnten später weite Gebiete in den Bundesstaaten Louisiana und Missouri in Reisanbaugebiet umgewandelt werden. In Europa findet Reisanbau nur in den Mündungs-Deltas der ins Mittelmeer fließenden großen Flüsse, wie Po, Rhone und Guadalquivir statt und damit nur in den Ländern Italien, Frankreich, Spanien, Portugal und Griechenland. Auf der Welt gibt es 153 Mill. ha Reisanbau (Zahl 2005). Die größten Flächen haben China mit 28 Mill. ha und Indien mit 42 Mill. ha (Zahlen FAOSTAT 2004, allg.Websites).

Genotypen

Für die Verwendung des Reis haben sich Sortengruppen herausgebildet. Wichtigste Kriterien sind das Aussehen und die Kocheigenschaften.

Langkornreis gehört zur Sortengruppe "Indica", mit dem Beispiel Basmati-Reis. Rundkornreis gehört zur Sortengruppe "Japonica", mit dem Beispiel Risotto Reis. Weitere Sortengruppen sind der Klebreis und der Duftreis. Duftreis (wie z.B. Basmati-Reis) bildet 2-Acetyl-1-Pyrrolin. Das dafür verantwortliche Gen ist eine begehrtes Objekt der Forschung.

Sorten

Während in traditionellen Reisanbauländern, wie z.B. Laos die Vielfalt an frei abblühenden Landsorten noch sehr groß ist, geht beim Reis die genetische Erosion sehr rasch voran. Es gibt aber bereits ein großes Bewusstsein zur Erhaltung alter Reis-Sorten. Die Herstellung von Hybrid-Reis ist bereits in den 70er Jahren nach Auffinden einer männlich-sterilen Reissorte durch den Forscher Yuan Longping in China gelungen. China wurde mit dieser Entdeckung führend in der Hybrid-Technik bei Reis. Heute (2004) ist die Hälfte der Reisanbaufläche Chinas Hybrid-Reis. Auch in Vietnam, Indien, Philippinen wird der Prozentsatz an Hybrid-Reis immer größer.

11.3. Verarbeitung und Verwendung

Verfahrensidentität

Reis wird als Spelzgetreide mit der Spelze geerntet und dann gehandelt (bezeichnet als Cargo Reis, Paddy Reis, engl. rough rice). Nach der Entfernung der Spelzen in der Reismühle erhält man den Braunen Reis oder Naturreis. Dieser Reis kann dann noch mit Schmirgelschälern zum Verkaufsprodukt geschliffener oder polierter Reis verarbeitet werden, wobei sehr viel Reiskleie anfällt, die eigentlich die wertvollsten Inhaltsstoffe des Reises, aber auch leicht verderbliches Fett enthält. Die Ausbeute an schönen, ganzen Reiskörnern wird als "head-rice" bezeichnet. Am Markt finden sich weiters Parboiled-Reis und vorgekochter oder precooked Reis (Vorwerck 1982, Wilkinson, Champagne 2004).

Lebensmittel

Reis ist in den Industrieländern Europas im Laufe des 20. Jhs. zur wichtigsten Getreidebeilage geworden und hat andere Getreidebeilage- und Breispeisen, wie etwa die Hirsen, fast vollständig verdrängt.

Da in Europa die Ernährung relativ vielfältig ist und der Reis-Konsum eher untergeordnet ist, so hatte das Schleifen und Polieren des Reises in unserer Ernährungskultur nicht so negative Auswirkungen wie in Asien, wo dies zu Vitamin B1 (Thiamin) - Mangel führte, dessen voll ausgeprägte Symptome Beri-Beri sind. Zunehmend wird aber für eine gesunde Ernährung Naturreis empfohlen. In Frühstücks-Cerealien, Suppen, Baby-Nahrung, Tiefkühlgerichten, Puddings, Desserts, Crackers, Snacks, Reiskuchen und Süßwaren findet man

heute verarbeiteten Reis, vor allem Reismehl, Reisflocken und Puffreis. In Italien kamen jüngst Pasta aus Reis auf den Markt, die auch für Konsumenten mit Zöliakie geeignet sind und die an die traditionellen asiatischen Reismudeln anknüpfen. Überhaupt muss die große Bedeutung von Reis als Diät-Lebensmittel hervorgehoben werden. In unserer Gesellschaft sind Magen-Darm Erkrankungen und Reizdarm sehr häufig und Reis-Gerichte versprechen hier die beste Linderung. Einen sehr guten Überblick über die Bedeutung von Reis als Lebensmittel gibt das "Große Buch vom Reis" aus der Teubner Edition (Lampe 1997).

Futtermittel und Nebenprodukte

Die Nebenprodukte der Reismüllerei sind wertvolle Futtermittel, ihr Transport über weitere Entfernungen ist allerdings nicht rentabel, weshalb Reis-Schleifmehl in Österreich nicht als Futtermittel eingesetzt wird. Ein wichtiges Nebenprodukt der Herstellung von Speise-Reis (Head Rice) ist der Bruchreis, der früher sehr häufig in der Bierbrauerei Verwendung fand.

Wirtschaftliche Bedeutung

Gemessen nach der Produktionsmenge ist Reis mit 618 Mill. T das dritt wichtigste Getreide der Welt nach Mais und Weizen. China produziert 180 Mill. T und Indien 128 Mill. T. Exportiert wird vor allem von Indien und den USA. In Italien werden 1,5 Mill. T Reis produziert und in Spanien 900.000 T. Österreich importiert jährlich ca. 30.000 bis 40.000 T Reis und hat einen Reiskonsum von ca. 4 kg / Kopf und Jahr (Website der Statistik Austria 2006).

11.4. Gentechnische Veränderungen

Transgene Techniken

Die ersten Transformationen von Reis wurden in den späten 80er Jahren an Reisprotoplasten ausprobiert. Bei Datta (1999) findet sich eine Tabelle der Transformationen zwischen 1988 und 1996 mit der Protoplasten-Methode. Es wurden vor allem Herbizid-Resistenzen in Japonica-Sorten eingebracht. Ab 1991 wurden die Methoden mit Teilchen-Beschuss von Kallusgewebe (particle bombardment, biolistic method) entwickelt. 1996 gelang es, das Resistenzgen *Xa21* mit Partikelbeschuss erfolgreich in eine Japonica-Sorte einzubringen. Über die erste Transformation mit *Agrobacterium tumefaciens* berichteten 1992 Chan et al. (siehe auch Upadhyaya et al. 2000)

Gruppen

Die bei uns bekanntesten Transformationen von Reis betreffen vor allem **Qualitätsmerkmale**, an erster Stelle den "Golden Rice". Im Labor von Ingo Potrykus in der Schweiz wurden Schlüsselenzyme für die Vitamin A Biosynthese in die Reispflanze eingebracht. Die Phytoen-Synthase aus *Narcissus pseudonarcissus* bildet im Endosperm des Reis das Phytoen, das ein wichtiger Vorläufer von Provitamin A ist. In ähnlicher Weise versucht man heute den Eisengehalt zu erhöhen durch Einbringen eines Ferritin-Gens aus der Sojabohne. Puroindolin-Gene (*pinA* und *pinB*) sollen die Kornhärte verändern, sodass sich bessere Vermahlungseigenschaften ergeben.

Wissenschaftlich bemerkenswert ist die Transformation des Reis mit einer **Krankheits-Resistenz**. Sehr früh wurde die Resistenz gegen Bacterial Blight (*Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae*) in der afrikanischen Wildreisart *Oryza longistaminata* aufgefunden (*Xa21*). Eine Forschergruppe in den USA konnte im Jahr 1994 den Genlocus auf Chromosom 11 aufklären, das Gen ausschneiden und in *Escherichia coli* vermehren. Es handelte sich damals um das erste geklonte Gen für eine definierte Krankheitsresistenz bei Pflanzen. Das Gen *Xa21* konnte dann mittels Partikelbeschuss in die Reissorte Taipei eingebracht werden. (Reiner 2004) In der Datenbank Gramene (Website, allg. Teil) kann man heute ein Übersichtsblatt über dieses Gen einsehen.

Am intensivsten wird schon seit 1991 an der Einführung der **Herbizid-Toleranz** gegen Basta gearbeitet. (siehe allg. Teil: das *bar* Gen codiert das PAT-Protein, das Basta entgiftet). Von der Fa. Bayer Crop Science wurde in den letzten Jahren ein transgener Glufosinat toleranter Reis entwickelt. Es liegt eine Anmeldung für das Inverkehrbringen dieses Reises in der EU vor (Notification C/GB/03/M5/3). Dieser LLRice62 ist ein Liberty Link Produkt.

Aktuelle Transgene

Alle Anmeldungen zur Freisetzung von transgenem Reis für Versuche in Europa kommen aus Spanien und beziehen sich auf Herbizid-resistenten Reis (Liberty Link = Glufosinat toleranter Reis mit *bar*-Gen, exprimiert PAT und entgiftet Phosphinothricin, Event LLRICE62, siehe allgemeines Kapitel). Die meisten stammen aus dem Jahr 2003 (Publikation 24.6.03) vom "Institut de Recerca y Tecnologia Agroalimentaries" (IRTA, siehe auch Website) und von Crop Design N.V. Als Projekt-Titel ist immer sehr allgemein angegeben: "Reis mit höherem Ertrag". Alle Anmeldungen sind als Confidential gekennzeichnet: B/ES/03/16-CON bis B/ES/03/33-CON. Zwei Anmeldungen aus demselben Institut etwas später (B/ES/03/37) und 2 Jahre später (B/ES/05/24) sprechen als Projekt-Titel das aktuelle Rote-Reis-Problem an: Isolations-Abstände und Barrieren um den Gentransfer zwischen transgenen und nicht-transgenen Reispflanzen derselben Sorte zu verhindern und Erforschung der Gen-Introgression in den Roten Reis. Diese Anmeldung ist nicht als vertraulich gekennzeichnet. Eine Anmeldung aus dem Jahr 2006 (B/ES/06/41) vom 24.4.06 widmet sich nun ausschließlich der Gen-Introgression in den Roten Reis. (von der Website des JRC, siehe allg. Teil). Diese Freisetzungs-Anmeldungen zeigen, wie wichtig das Thema "Roter Reis" geworden ist.

Jüngste Geschichte

Im August 2006 wurde die Öffentlichkeit dadurch überrascht, dass Reis-Importe aus den USA mit einem nicht zugelassenen Liberty Link Reis (LL 601) verunreinigt sein sollen. Probenahmen der zuständigen Behörden in der EU und auch in Österreich bestätigten diesen Verdacht. Die beanstandeten Reislieferungen wurden vom Markt genommen. Mit zwei Entscheidungen im September und Oktober 2006 hat die Europäische Kommission angeordnet, dass Lieferungen von US-Langkornreis nur eingeführt werden dürfen, wenn ein Analysenzertifikat vorgelegt wird, welches bestätigt, dass in diesen Lieferungen keine Verunreinigungen mit LL Reis 601 enthalten sind. Die Mitgliedstaaten müssen solche Importe kontrollieren.

11.5. Lebensmittelsicherheit und Qualität

Lebensmittelsicherheit

Der Reis ist in Asien für 1 Milliarde Menschen ein Grundnahrungsmittel und deshalb sind speziell die asiatischen Staaten sehr vorsichtig mit der Einführung von transgenem Reis. Obwohl schon Hunderte Transformationen durchgeführt wurden, wird keine davon für wert befunden, das große Risiko einer Freisetzung von transgenem Reis einzugehen. Es geht hier vor allem um den Schutz der Integrität der Reispflanze selbst. Eine Verunreinigung mit den verschiedensten nicht mehr zu überblickenden Transgenen in den vielen Stufen der Herstellung würde nämlich die gesamte Saatgutherstellung und die Lebensmittelkette Reis in große Schwierigkeiten bringen. Die Verantwortlichen in China, Japan, den Philippinen, Indonesien usw. sind sich dieser Problematik sicher bewusst. Daher die große Vorsicht bei der Freisetzung von transgenem Reis.

Ökologisches Risk Assessment

Beim Risk-Assessment von Reis steht das Thema "Roter Reis" sicher an erster Stelle. Die Problematik wurde in der Vorgängerstudie schon ausführlich behandelt. Anfänglich war das Rote-Reis-Problem ein Hauptargument für die Einführung von transgenem Herbizid resistentem Reis. Heute ist jedem klar, dass das System der transgenen Herbizid-Resistenz in Reis allein schon wegen des "Roten Reis" eine Fehlentwicklung war. Der "Rote Reis" ist geradezu ein Modell für die Gefährlichkeit von gentechnischen Veränderungen in einem Ökosystem. Man wird daran erinnert, dass transgener Herbizid resistenter Hafer gleich von Anfang an nicht weiter bearbeitet wurde aus der berechtigten Furcht heraus, das Transgen könnte in den Flughäfer (*Avena fatua*) übergehen. Beim Reis wäre ein solches Szenario noch ungleich gefährlicher.

11.6. Diskussion

Das Rote-Reis-Problem ist für einen transgenen Herbizid-resistenten Reis ein Ausschluss-Kriterium und muss eigentlich in der weiteren Diskussion gar nicht mehr weiter angesprochen werden.

Einige weitere wichtige Erwägungsgründe zum transgenen Reis sind Folgende:

Die Krankheits- und Schädlings-Situation bei Reis ist global gesehen so vielfältig und ändert sich mit einer so starken und nicht voraussehbaren Dynamik, dass ein transgener Ansatz vom Prinzip her nicht funktionieren kann. Dieser Umstand wird noch dadurch verschärft, dass sich der Reis sowohl in einem Trocken-Ökosystem als auch in einem Nass-Ökosystem bewähren muss.

Es gibt anscheinend ausreichend Systeme zur Schaffung konventioneller männlicher Sterilität, sodass transgen vermittelte männliche Sterilität nicht gebraucht wird. Der Reis ist ein konkretes Beispiel dafür, dass die intensive Erforschung in der Genetik mit biotechnologischen Methoden im Labor, markerunterstützte Selektion bei der Züchtung und die wissenschaftliche Erforschung der Krankheiten und Schädlinge mit dem Ziel ihrer Bekämpfung so erfolgreich sind, dass der Nutzen gentechnischer Veränderungen eigentlich in den Schatten gestellt wird.

Alle Aktivitäten, die das Lebensmittel Reis "in seiner Qualität" mit transgenen Methoden unter Veränderung der Inhaltsstoffe "verbessern" wollen sind nicht sinnvoll. Das Grundgetreide für mehr als 1 Milliarde Menschen wurde von den Bauern über viele Jahrtausende in seiner Zusammensetzung optimiert und auch in sehr vielen Richtungen gezüchtet (Langkorn, Rundkorn, Klebreis usw.). Die moderne (europäische) Verarbeitungskultur entfernt durch Polieren des Reis ein nährstoffreiches Schleifmehl und reduziert damit den Thiamin-Gehalt (Vit B1) von 410 auf 60, den Riboflavin-Gehalt (Vit B2) von 91 auf 32 und den Niacin-Gehalt von 5.200 auf 1.300 µg/100 g (Souci, Fachmann, Kraut 1994., Vorwerck 1982) und will dann einen transgenen Reis mit Vitamin A anreichern und ihn in die Länder Asiens zurückbringen.

Es ist ein Grundgesetz der Ernährung, dass sie nur auf der Vielfalt an Pflanzennahrung aufbauen kann (food based dietary guidelines). In kleinen Hausgärten können die Menschen eine Vielzahl von Gemüse, Kräutern und Obst anbauen, die alle sehr reich an Vitamin A sind und eine ausbalancierte Nährstoffzusammensetzung garantieren. Dies wären wohl die geeigneten Mittel gegen die Unter- bzw. Mangelernährung in Asien und Afrika. Transgener Reis ist in diesem Zusammenhang sogar eher kontraproduktiv.

11.7. Quellen

Hier sind nur Quellen zur Gentechnik zitiert, die in der Vorläuferstudie (Reiner 2004) noch nicht berücksichtigt wurden.

Websites

Gramene/Reis

http://www.gramene.org/Oryza_sativa/

IRGSP:

<http://rgp.dna.affrc.go.jp/IRGSP/>

<http://rgp.dna.affrc.go.jp/IRGSP/Build3/build3.html>

IRTA

<http://www.irta.es/enq/index.html>

Pests

<http://www.knowledgebank.irri.org/IPM/commonpests/CommonPests.htm>

Statistik Austria: Versorgungsbilanz 2004/2005

<http://www.statistik.at/>

Literatur

Chan M.T., Chanq H.H., Ho S.L., Tanq W.F., Yu S.M.: Agrobacterium mediated production of transgenic rice plants expressing a chimeric amylase promoter/ beta-glucuronidase gene. - Plant Mol. Biol. 22: 491-506 (1993)

Datta Swapan K.: Transgenic Cereals *Oryza sativa* (rice). - IN: Vasil I.K., S 149-187 (1999)

International Rice Genome Sequencing Project (IRGSP): The map-based sequence of the rice genome. - Nature 436, pp 793-800 (2005)

Lampe K., Witzigmann E., Khoo T., Teubner C.: Das große Buch vom Reis. - Teubner Edition, Füssen 1997

Reiner H.: Agrarökologie von Reis und Baumwolle - Kurzstudie, Grundlagen zur Beurteilung der Grünen Gentechnik. - Bundesministerium für Gesundheit und Frauen, Forschungsberichte der Sektion IV Band 6 /2004

Upadhyaya N.M. et al.: Transgenic Rice IN: O'Brien, Henry R.J., S 28-87 (2000)

Vorwerck K.: Chemische Zusammensetzung und physikalische Eigenschaften von Reis in den verschiedenen Bearbeitungsstufen. - Getreide, Mehl, Brot 36, 176-178 (1982)

Wilkinson H.C., Champagne E.T.: Value-added rice products in today's market. - Cereal Foods World. - Vol 49, No 3, pp134-138 (2004)

12. Anhang

Tabelle 9: ausgewählte natürliche Gene im Getreide (zusammengestellt aus der Literatur)

Gene/Proteine				
Gen/Protein - Abk	Gen - Name	Pflanzen- Art	Bedeutung	Literatur
1Ax1	HMW-GS high molecular weight	Weizen	ein Kleberprotein in Weizen	Hoisington (2002)
1Ax2	HMW-GS high molecular weight	Weizen	ein Kleberprotein in Weizen	Hoisington (2002)
1Dx10	HMW-GS high molecular weight	Weizen	ein Kleberprotein in Weizen	Hoisington (2002)
1Dx5	HMW-GS high molecular weight	Weizen	ein Kleberprotein in Weizen	Hoisington (2002)
a1	anthocyaninless aleurone	Mais	farblose Aleuronschicht, keine Anthocyanbildung	Neuffer et. al.(1997), S 213
Ac	activator	Mais	Transposon-System in Mais, Aktivator des springenden Elements	Griffiths (2000)
bad2	betaine aldehyde dehydrogenase2	Reis	Gene auf Chromosom 8 für Duftreis	Bradbury et al. 2005
ct1	dwarfing gene	Roggen	für geringe Pflanzenhöhe auf Chr 7R	Altpeter und Korzun (2006)
ct2	dwarfing gene	Roggen	für geringe Pflanzenhöhe auf Chr 5R	Altpeter und Korzun (2006)
Ds	dissociation	Mais	Transposon-System in Mais, springendes Element in Mais	Griffiths (2000)
gpi1	glucosephosphat isomerase	Roggen	Enzym: Glucosephosphat Isomerase auf Chr 1R	Altpeter und Korzun (2006)
Lr10	leaf rust resistance	Weizen	natürliches Resistenz-Gen gegen Puccinia triticina (P. recondita)	Feuillet (2003)
Lr-a	leaf rust resistance	Roggen	Resistenz gegen den Braunrost	Altpeter und Korzun (2006)
Lr-b	leaf rust resistance	Roggen	Resistenz gegen den Braunrost	Altpeter und Korzun (2006)
Lr-g	leaf rust resistance	Roggen	Resistenz gegen den Braunrost	Altpeter und Korzun (2006)
Mla	powdery mildew resistant	Gerste	bewirkt eine Resistenz gegen Mehltau in der Gerste (Blumeria graminis)	Jahoor A. (2004)
Mlk	powdery mildew resistant	Gerste	bewirkt eine Resistenz gegen Mehltau in der Gerste (B. graminis)	Jahoor A. (2004)
MLnn	powdery mildew resistant	Gerste	bewirkt eine Resistenz gegen Mehltau in der Gerste (B. graminis)	Jahoor A. (2004)
Mira	powdery mildew resistant	Gerste	bewirkt eine Resistenz gegen Mehltau in der Gerste (B. graminis)	Jahoor A. (2004)
P1	pericarp color	Mais	Perikarp rot, Spindel rot, Aleuronschicht farblos	Neuffer 1997, S 71
p1-rr	red pericarp and cob	Mais	Perikarp rot, Spindel rot,	Neuffer 1997, S 71
p1-rw	red pericarp and white cob	Mais	Perikarp rot, Spindel farblos	Neuffer 1997, S 71
p1-wr	colorless pericarp and red cob	Mais	Perikarp farblos, Spindel rot,	Neuffer 1997, S 71
p1-ww	colorless pericarp and white cob	Mais	Perikarp farblos, Spindel weiß	Neuffer 1997, S 71
pgd3	phosphogluconat dehydrogenase	Roggen	Enzym: Phosphogluconat Dehydrogenase auf Chr 1R	Altpeter und Korzun (2006)
ph1	pairing homologous	Weizen	Homologe Chromosomenpaarung	Lelley (2006)
Pm3b	powdery mildew resistance	Weizen	natürliches Resistenz-Gen gegen Mehltau	Genfakten ETH Zürich Website
pr1	red aleurone	Mais	rote Aleuronschicht	Neuffer et. al.(1997), S 275
Pr3	puccinia resistance	Roggen	Rostresistenz auf Chr 1R	Altpeter und Korzun (2006)
Pr4	puccinia resistance	Roggen	Rostresistenz auf Chr 1R	Altpeter und Korzun (2006)
Pr5	puccinia resistance	Roggen	Rostresistenz auf Chr 1R	Altpeter und Korzun (2006)
Qfhs.ifa-5A	fusarium resistant	Weizen	verhindert das Eindringen von Fusarium culmorum in Weizen	Buerstmayr (2003)
Qfhs.ndsu-3BS	fusarium resistant	Weizen	behindert die Ausbreitung von Fusarium	Buerstmayr (2003)

Gene/Proteine				
Gen/Protein - Abk	Gen - Name	Pflanzen- Art	Bedeutung	Literatur
			culmorum in Weizen	
Rfg	restoration of fertility	Roggen	Wiederherstellung der Fertilität auf Chr 4R	Altpeter und Korzun (2006)
RIP	ribosome inactivating protein	Gerste	inaktivieren die Ribosomen von eindringenden Pilzen	Brandt (2004) S 160
Rirlb	resistance magnaporthe grisea	Reis	Glycin und Prolin-reiches Protein von 11 kDa, wird sekretiert	Brandt (2004) S 159
Rpg	resistance puccinia graminis	Gerste	bewirkt eine Resistenz gegen Black Rust (Puccinia graminis)	Jahoor A. (2004)
Rph	resistance puccinia hordei	Gerste	bewirkt eine Resistenz gegen Brown Rust (Puccinia hordei)	Jahoor A. (2004)
Rph7	resistance puccinia hordei 7	Gerste	Resistenz gegen Leaf Rust (Zwergrost)	Group Beat Keller
S	self-fertility	Roggen	Selbststerilitäts-System	Altpeter und Korzun (2006)
S5	self-fertility	Roggen	Selbststerilitäts-System	Altpeter und Korzun (2006)
Sec1	secalin, rye protein	Roggen	Speichereiweiß des Roggens auf Chromosom 1RS	Mitteilung Robert Kofler
Sec2	secalin, rye protein	Roggen	Speichereiweiß des Roggens auf Chr 2R	Altpeter und Korzun (2006)
Sec5	secalin, rye protein	Roggen	Speichereiweiß des Roggens auf Chr 2R	Altpeter und Korzun (2006)
shi	shrunken endosperm	Mais	geschumpftes Endosperm	Neuffer et. al.(1997), S 284
sui	sugary endosperm	Mais	Endosperm geschrumpft und durchsichtig, süß in der Milchreife	Neuffer et. al.(1997), S 287
sugi	sugary endosperm-1	Reis	Mutante mit runzeligem, durchsichtigem und hartem Endosperm	Gramene Portal (2006)
sug2	sugary endosperm-2	Reis	weniger runzelig, zuckerhaltige Mutante, hoher Gesamtzucker	Gramene Portal (2006)
WAK	wall associated kinase	Reis	bewirkt abiotische und biotische Stress-Toleranz	Website von Peggy Lemaux
wx1	waxy endosperm	Mais	wachsiges Endosperm	Neuffer et. al.(1997), S 298
Xa21	xanthomonas resistance	Reis	Resistenz gegen Xanthomonas oryzae (Bacterial Blight)	Reiner (2004)
yi	yellow endosperm	Mais	gelbes Endosperm	Neuffer et. al.(1997)
Yd2	yellow dwarf virus resistant	Gerste	natürliches Resistenz-Gen gegen den Virus BYDV	Jacobsen (2000)
Z	self-fertility	Roggen	Selbststerilitäts-System	Altpeter und Korzun (2006)

Tabelle 10: Beispiele für Gene, die aus fremden Arten in Getreidepflanzen eingebracht wurden (zusammengestellt aus der Literatur)

Gene/Proteine				
Gen/Protein - A Uff Abk	Gen - Name	Pflanzen-Art	Bedeutung	Literatur
1Dx5	gluten protein fraction	Weizen	wurden transformiert in Roggen, um Klebereigenschaften auszubilden	Altpeter und Korzun (2006)
1Dy10	gluten protein fraction	Weizen	wurden transformiert in Roggen, um Klebereigenschaften auszubilden	Altpeter und Korzun (2006)
actini	moncot promotor	Reis	Promotor aus Reis, geeignet als Promotor in Monokotylen	Upadhyaya et al. (2000)
Ag-AFP	Antifungal Protein aus Aspergillus	Pilz	toxische Wirkung gegen Pilze (Erysiphe und Puccinia)	Brandt (2004) S 159
bad2	betaine aldehyde dehydrogenase2	Reis	gene on chromosome 8 of rice for frangrance	Bradbury et al. (2005)
bar	phosphinothricin-acetyl-transferase (PAT)	Pilz	Herbizid-Toleranz gegen Phosphinothricin und Bialaphos (BASTA)	Brandt (2004) S 35
CaMV35S	Cauliflower Mosaic Virus	Virus	Promoter (Steuerungsgen) aus dem Blumenkohl Mosaik Virus	Upadhyaya et al. (2000)
cre	recombinase gene	Phage	Recombinase-Gen zur Schaffung Markergen freier Transformationen	Brandt (2004)
CryIA(b)	B.t. ssp. kurstaki toxin	Bakterium	aus Bacillus thuringiensis, Stamm ssp. kurstaki, gegen Maiszünler	SNIF Anträge
Cry3Bb1	B.t. ssp. kumamotoensis toxin	Bakterium	aus Bacillus thuringiensis, Stamm kumamotoensis, gegen Maiswurzelwurm	SNIF Anträge
cTP	chloroplast targeting protein	Arabidopsis	Lenkt die Insertionsselle in die Chloroplasten DNA	Sharma et al. (2006)
epsps	5-enoylpyruvyl-shikimat-3-phosphat-synthase	Transgen	Herbizid-Toleranz gegen Glyphosat	Brandt (2004) S 35
gfp	green fluorescent protein	Qualle	aus Aequorea victoria, bewirkt Fluoreszenz	Upadhyaya et al. (2000)
hph	hygromycin-phosphat-transferase	Bakterium	Antibiotika-Resistenzgen, entgiftet Hygromycin	Brandt (2004) S 35
hth2	alpha hordothionin	Gerste	Gen leicht verändert, Schutz vor Pilzen in den Blättern im Hafer	Fu et al. (2003)
hvai	osmotic stress tolerance	Gerste	Toleranz gegen osmotischen Stress im Hafer	Oraby et al. (2005)
kp4	killer protein	Virus	wirksam gegen Weizenstinkbrand (Tilletia caries)	Schlauch et al. (2006)
lox	lipoxygenase	verschiedene	ein Enzym, das die mehrfachungesättigten Fettsäuren zu Oxylipinen oxydiert	Sharma et al (2006)
Lr10	leaf rust resistance	Weizen	natürliches Resistenz-Gen gegen Puccinia triticina (P. recondita)	Feuillet (2003)
luxAB	luciferase	Insekt	aus der Fire Fly (Photinus pyralis)	Upadhyaya et al. (2000)
nptII	neomycin-phosphat-transferase	Bakterium	Antibiotika-Resistenzgen, entgiftet Kanamycin, Parodomycin und Neomycin	Brandt (2004) S 35
Pm3b	powdery mildew resistance	Weizen	natürliches Resistenz-Gen gegen Mehltau	Keller Beat / Zürich
Pmi	phosphomannose-isomerase	Bakterium	positive Selektion unter Mannose	Brandt (2004) S 35
ubii	moncot promotor	Reis	Promotor aus Reis, geeignet als Promotor in Monokotylen	Upadhyaya et al. (2000)
uidA	glucuronidase	Bakterium	positive Selektion unter benzyl-adenin-N-3-glucuronide	Brandt (2004) S 35



Abgesehen von den derzeit auf den Markt gebrachten gentechnisch veränderten Maislinien werden gentechnische Veränderungen auch an anderen wichtigen Getreidearten diskutiert und erprobt.

In der vorliegenden Studie wird der aktuelle Stand der Anwendung der Gentechnik bei Weizen, Gerste, Roggen, Hafer, Hirse, Reis und auch Mais zusammengefasst. Dabei wird entlang der Lebensmittelkette der Zusammenhang zwischen Botanik sowie den Agrar- und Lebensmittelwissenschaften einerseits und der Genetik und Gentechnik andererseits untersucht.

**Bestelltelefon:
01/711 00-4700**